

# 人脑核磁共振影像海马体结构检测与分割 (华为)

## 项目概要介绍

codeRunner 团队  
2018 年 4 月

## 目录

1. 前言.....	3
2. 创意描述.....	3
3. 功能简介.....	3
4. 特色综述.....	4
5. 开发工具与技术.....	4
6. 应用对象.....	5
7. 应用环境.....	5
8. 结语.....	5

## 1. 前言

阿尔茨海默病 (Alzheimer disease) 是一种起病隐匿的进行性发展的神经系统退行性疾病。临床上以记忆障碍、失语、失用、失认、视空间技能损害、执行功能障碍以及人格和行为改变等全面性痴呆表现为特征，病因迄今未明。阿兹海默症的早期临床表现为脑部海马体萎缩，医生可通过核磁共振技术对患者脑部进行三维造影，继而基于影像分析进行诊断以及相关治疗方案的设计。在判断海马体是否萎缩时，医生通常需要对海马体结构进行分割，并进行形状和体积分析。而海马体尺寸小、形状不规则且因人而异，在核磁共振影响下与周边结构组织对比度低，不具备多年临床经验的影像科医生难以进行精准分割。

## 2. 创意描述

我们的创意有如下几点：

- (1) 我们使用来自多个队列的广泛和可变的训练集；
- (2) 我们的训练标签部分来自 FreeSurfer 算法的输出；
- (3) 我们包含合成数据并使用强大的数据增强方案；
- (4) 我们描述了说明性的结果，并展示了与 FreeSurfer 进行广泛的定性和定量队列范围比较。

## 3. 功能简介

用户提供人脑医学影像数据，对数据预处理之后，通过训练好的模型得出结果，标记出海马体的位置。

## 4: 特色综述

- 通过华为提供的数据集进行训练，实现快速海马体分割的软件
- 使用深度学习，并借鉴了其他现有高效的优秀的方法
- 优化了普通的分割算法以获得较快的运算速度
- 图像的处理以及海马体的分割算法可推广到其他借助人工智能对医学影像的处理

## 5: 开发工具与技术

### ➤ 图像显示工具

图像显示工具	版本号
ITK-SNAP	3.6.0

### ➤ 开发平台

开发环境	版本号
Anaconda	1.7.0

### ➤ 开发工具

开发工具	版本号
Vscode	1.22.2

### ➤ 使用语言

语言
Python

### ➤ 使用库函数

库函数
numpy、nibabel、pandas、tqdm、tensorflow、tensorlayer

## 6: 应用对象

阿兹海默症的早期临床表现为脑部海马体萎缩，医生可通过核磁共振技术对患者脑部进行三维造影，继而基于影像分析进行诊断以及相关治疗方案的设计。在判断海马体是否萎缩时，医生通常需要对海马体结构进行分割，并进行形状和体积分析。然而海马体尺寸小、形状不规则并因人而异，且在常规核磁共振影像下与周边组织结构对比度低，边界不清晰甚至不连续。非具备多年临床经验的影像科医生难以进行精准分割。我们通过训练机器深度学习海马体的分布规律，实现人脑海马体结构的检测与分割，协助医生的诊断。

## 7: 应用环境

系统	Linux/MacOS/Windows7/Windows10
环境	Anaconda、Tensorflow
语言	Python

## 8: 结语

人脑核磁共振影像海马体结构检测与分割（华为）将深度学习和医学相结合，以协助医生诊断，帮助更多患者尽早得出诊断为主旨。将原本繁琐的海马体分割过程变得迅速准确，减少人类复杂重复的操作，实现了人工智能的切实意义。

在这一个月里面，我们分析了各方面的问题，做到了现在的成果。技术上遇到很多没有经历过的问题，通过查阅资料、翻看论文、寻找教程，找到了实现的方向。团队成

员融入了这个研究的氛围，在研究中不断成长自我。

谢谢！

