

文章编号:1007-2780(2019)11-1091-13

基于 U-Net 的多图谱标签融合算法

芦 玥, 马 瑜*, 王 慧, 王 原

(宁夏大学 物理与电子电气工程学院, 宁夏 银川 750021)

摘要:为有效提高海马体多图谱分割算法的精度,将 U-Net 卷积神经网络用于海马体 MR 多图谱分割的标签融合。算法在图谱选择阶段,计算互信息、梯度相似性选择图谱,避免周围组织结构对图谱选择的干扰,选择与目标图谱更贴合的浮动图像组。在预处理阶段,提取以海马体为中心的感兴趣区域有效降低数据规模。在配准过程中,利用重采样代替粗配准环节,减少了“粗”配准环节所需时间,再采用具有良好的平滑性、连续性和拓扑保持性的微分同胚 Demons 精配准算法。在标签融合阶段,提出基于深度学习理论改进的 U-Net 多图谱 MRI 海马体分割算法。实验结果表明,改进的算法分割精度较于传统算法平均提高了 5%,算法时间缩短了 50% 左右。改进后的基于 U-Net 的多图谱海马体分割算法对目标图像海马体的分割具有高精度、高效率的特点。

关键词:海马体;多图谱;标签融合;U-Net

中图分类号:TP391.4 **文献标识码:**A **doi:**10.3788/YJYXS20193411.1091

Multi-atlaslabel fusion based on U-Net

LU Yue, MA Yu*, WANG Hui, WANG Yuan

(School of Physics and Electronic-Electrical Engineering, Ningxia University,
Yinchuan 750021, China)

Abstract: In order to effectively improve the accuracy of multi-atlas segmentation algorithm of hippocampus, U-Net convolutional neural network is applied to label fusion of multi-atlas. The algorithm in the atlases selection performs mutual information and gradient similarity calculation, avoids the interference of the surrounding tissue structure on the atlas selection, selects the floating image group which is more suitable for the target map. In the pre-processing stage, extracting the region of interest centered on hippocampus can effectively reduce the size of data. In the registration process, re-sampling is used instead of the coarse registration, which reduces the time, and then uses the diffeomorphic demons algorithm, which has good smoothness, continuity and topological retentiveness. In the label fusion stage, an improved U-Net network based on deep learning theory for multi-atlas MRI

收稿日期:2019-07-12;修订日期:2019-09-12.

基金项目:宁夏自然科学基金(No.NZ16009);宁夏高等学校科学研究项目(No.NGY2016015);2018 年宁夏研究生教育教学改革研究与实践项目(No.YJG201811);宁夏大学研究生创新研究项目(No.GIP2019060)

Supported by Natural Science Foundation of Ningxia Hui Autonomous Region(No. NZ16009); Ningxia Higher Education Research Project(No.NGY2016015); Ningxia Postgraduate Education Teaching Reform Research and Practice Project in 2018(No.YJG201811); Ningxia University Graduate Innovation Research Project(No.GIP2019060)

* 通信联系人, E-mail:495400199@qq.com

hippocampal segmentation algorithm is proposed. The experimental results show that the segmentation accuracy of the improved algorithm is about 5% higher than that of the traditional algorithm, the algorithm time is reduced by about 50%. The improved U-Net network based multi-atlas hippocampal segmentation algorithm has the characteristics of high precision and high efficiency for segmentation of the hippocampus in target image.

Key words: hippocampus; multi-atlas; label fusion; U-Net

1 引言

人体脑组织主要包括有基底核与大脑皮层两部分,由一系列的神经核团组成的基底核位于大脑的深部,大脑皮层由覆盖于端脑平面的灰质以及皮层深部的白质组成。磁共振成像(Magnetic Resonance Imaging, MRI)可清晰地分辨脑部灰质、白质及其余各神经功能核团,其对比度特性丰富,细节精确,成为了医学临床中对脑功能研究、脑组织疾病预测、病灶确定及手术前中期辅助干预的主要手段。海马体主要负责人类的记忆、学习、情感控制以及空间方向定位。同时,许多神经系统疾病,如阿尔兹海默病、颞叶癫痫、精神分裂症以及抑郁症等,都与海马体形态体积的改变有关。通过对脑部磁共振像的海马体分割,实现海马体的精确分割并对海马体进行形态研究与体积的测量,对许多神经系统疾病的研究及进行分析诊断有着重要的意义。

人脑海马体形状、大小不规则,边缘模糊,难与其相邻组织进行区分,因此传统图像分割算法在海马体分割问题上,有着结果不理想、精确度下降等问题,同时,虽然手动分割的精确度较高,但耗时费力,缺乏重复性^[1]。

众多学者在半自动与全自动分割海马体的方法上做了大量的研究^[2], Jack、Bentley 等将阈值法与边界跟踪法结合应用,对海马结构进行了人机交互的半自动分割,验证了其精度和可重复性,结果证明这种方法具有较高的精度和可重复性^[3]。Ashton 等应用主动轮廓模型(Active Contour Model)即 Snakes 模型^[4],实现海马区的分割,此算法对目标起始轮廓的精度、位移不敏感^[5]。Kelemen 等提出了一种弹性变形表面模型(Elastically Deformable Surface Model),将弹性变形表面模型作为已分割图像的模型,能实现对海马体的自动三维图像分割,用弹性变形表面模

型进行海马体分割,具有自动、快速、精确的特点,应用前景广阔^[6]。最近几年,基于模型分割已经成为热点,比如, Cremers 提出用高斯函数训练数据然后用其作为模型^[7], Zhang^[8]应用密度和几何信息来控制在水平集下的曲线演化, Dambreville 提出的卷积核碎片分析对几何动态边界引进形状优先^[9]。然而,这些先前的工作通常需要人工获得训练数据,而且需要做多次参数评估,这些都加大了算法的运算代价,在分割精度上也有待提高。

自 2012 年起,卷积神经网络在图像分类和图像识别检测方面被广泛应用并取得了巨大的成就,而全卷积神经网络(Fully Convolutional Networks, FCN)^[10]将神经网络的图像级别分类扩展到像素级别的分类。FCN 既可以接受任意大小的输入图像而不用要求训练图像和测试图像具有相同尺寸,又实现网络的高效性。

U-Net 网络^[11]借鉴了 FCN 的设计思想和相关方法实现语义分割,更加适合用于医学图像的分割。本文对 U-Net 网络的卷积层数及网络架构进行优化改进,将其应用到多图谱的标签融合分割中,进一步提高海马体分割的精度及效率。

2 图像预处理

2.1 颅骨剔除

人脑 MRI 中背景和非脑组织占有较大比重,容易造成配准的误差,人体大脑 MRI 如图 1 所示。剔除脑壳是重要的预处理工作,本文利用 Bauer^[12]提出的 Brain Surface Extractor(BSE)算法剔除脑壳,克服了传统 BET 算法运算时间长的缺点,并可以有效剔除影响配准精确度的脑壳与背景部分。BSE 算法利用高斯拉普拉斯边缘检测算子(Laplacian of Gaussian, LoG)基于二阶导数的边缘检测方法,将高斯平滑滤波器和拉普拉

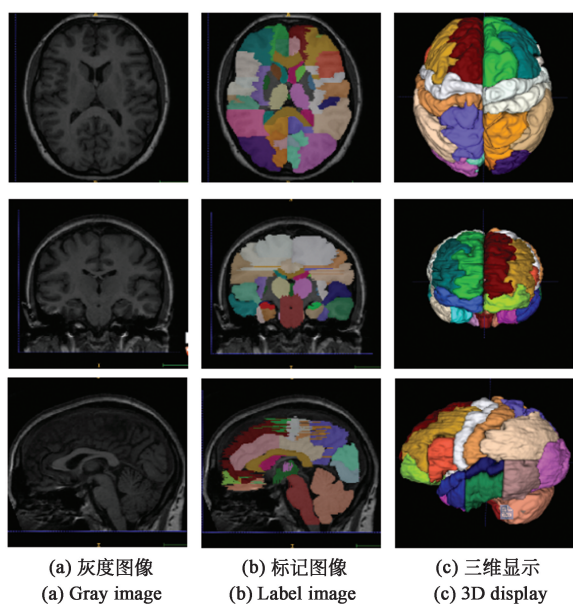


图 1 人体大脑 MRI

Fig.1 Human brain MRI

斯锐化滤波器相结合,首先对图像进行高斯平滑滤波,在平滑图像的同时降低噪声,然后计算拉普拉斯 (Laplacian) 二阶导数,通过零交叉 (Zero crossings) 获得图像或物体的边缘,最后根据形态学知识在不改变脑部内部结构的同时将颅骨剔除。人脑 MRI 图像如图 2 所示,剔除颅骨后的人脑 MRI 图像如图 3 所示。

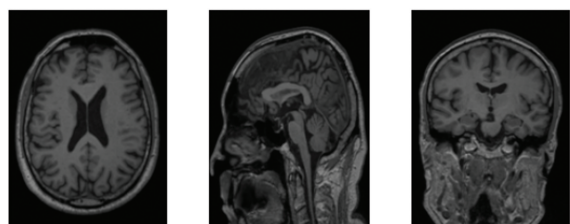


图 2 人脑 MR 图像

Fig.2 Human brain MR images

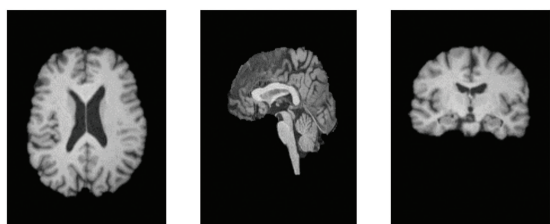


图 3 剔除颅骨后的人脑 MR 图像

Fig.3 Human brain MR images after skull-stripping

2.2 提取待分割组织 ROI

在脑部 MRI 中,海马只是众多脑部核团之一。实验中发现,在图谱选择过程中,相似的解剖结构会对图谱的选择造成影响,从而干扰图谱选择结果。通过分析图谱选择算法及其误差,发现影响分割效果的一个重要因素是感兴趣区域的选取。对于原始的图谱选择算法,其计算空间往往是整个图谱,图谱选择效果欠缺。海马体是一个较复杂的结构,事实上,即使两幅图谱比较相似,但受到周围体素或者其他相似组织的影响,海马体的相似性也可能较小,从而影响海马的提取。医学图像提取感兴趣区域 (Region of Interest, ROI) 是指在专家手工标记的标签图像中找到海马体所在区域,即感兴趣的结构,以此结构为中心,利用包围盒算法获得一个完全包含该结构的最大连通区域,并根据此区域提取图像块,利用该图像块进行后续的配准、分割等操作。因此,针对上述问题,本文采用基于 ROI 的图谱选择算法,与传统算法不同的是,不再利用整个图谱图像进行互信息相似性计算,而是在利用包围盒算法提取 ROI 之后,计算图谱的互信息、梯度相似性选择图谱。

本文在配准之前粗略地提取 ROI,两个图库分别为 $50 \times 63 \times 60$ 和 $60 \times 74 \times 67$ 的立方体箱。本文图库 1 以灰度图 a01、标记图 a01-seg 为参考图像,对图谱进行以参考图像为基准的重采样操作。参考图像的尺寸大小为 $189 \times 233 \times 179$,体素间距是 $1 \times 1 \times 1$,图像中心为 $98 \times 134 \times 72$ 。例如,当图谱 a01 的尺寸大小、体素间距、图像中心分别为 $189 \times 233 \times 179$ 、 $1 \times 1 \times 1$ 、 $97 \times 135 \times 70$,则重采样后 a01 具有和参考图像一样的

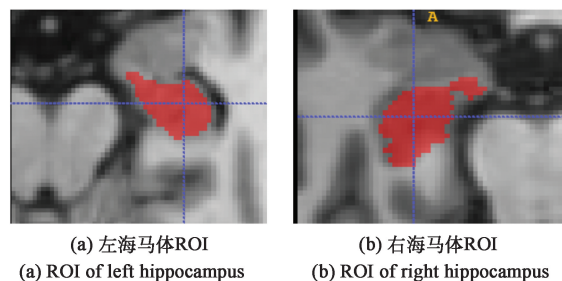


图 4 以左、右海马体为中心提取 ROI

Fig.4 Extracting ROI centered on the left and right hippocampus

大小、间距、图像中心,能够有效减少图谱配准运行时间,改善配准的精度。图 4(a)是以左海马体为中心初次提取 ROI,图 4(b)是以右海马体为中心初次提取 ROI,大小为 $50 \times 63 \times 60$ 的灰度图谱及对应的标记图像图谱块。

2.3 图谱选择

MAS 中,Aljabar 等人^[13]在研究中发现,MRI 的分割精确度并不随图谱数量的增多而提高。典型的 MAS 算法的计算时间是与图谱的数量线性相关的,因此从大量的图谱中选择合适的图谱子集可以有效提高算法速度。其次,通过排除可能误导分割的无用图谱,可提高最终分割的准确性。

本文采用归一化互信息(Normalized Mutual Information, NMI)与图像梯度计算相结合对待分割 MRI 与其他 MRI 进行相似性计算,NMI 源于信息熵的概念,用来度量两个变量之间相互关联的程度。互信息可以描述不同系统之间的相关性,互信息值越大,表示系统之间的相关性越大,或一个系统包含另一个系统的信息越多。在人脑 MRI 分割中,由于各图谱图像都包含有相同的脑结构解剖信息,所以当两幅图像的空间位置一致时,对应像素灰度的互信息值最大。运用 NMI 来度量 3D ROI 的相似度值,其公式如下:

$$K_{NMI}(a, b) = (H(a) + H(b)) / H(a, b), \quad (1)$$

$$H(a) = - \sum_{i=1}^k P(i_a) \log_2(P(i_a)), \quad (2)$$

$$H(b) = - \sum_{i=1}^k P(i_b) \log_2(P(i_b)), \quad (3)$$

其中: a, b 分别表示两幅 MR 图像, i_a, i_b 分别表示 a 与 b 的像素值, k 为总的像素个数。

图像梯度算法考虑到每个像素邻域的灰度变化,利用一阶或二阶导数计算邻域像素值的变化规律,当图像中某一邻域灰度值变化较大时,该邻域一定有较大的梯度值,即该邻域具有边缘特征,否则邻域灰度值变化小,图像较平滑。

以 NMI 与梯度相结合来计算目标图像与图谱图像的相似度,选择与目标图像最相似的图谱作为最终的融合图谱,Awate^[14]等人 2012 年的研究表明,选择图谱的最佳数量为 10 个左右。由此本文将从两个图库中分别选择 10 幅相似度最高的图谱图像。

3 多图谱配准

基于多图谱分割算法的两个关键步骤分别是图像配准与图像融合。精确的配准结果使得变形后的图谱图像对应的标记图像与待分割图像中的海马体在形状、体积、大小方面更相似。

3.1 重采样原理

由于 3D 医学图像数据规模大,图像间的配准过程所需时间过长,传统“粗精”混合的配准方法不能同时达到高精度、高效率的要求。所以本文利用重采样的方法代替“粗”配准阶段^[15],重采样过程包括输入图像、变换和校对,图像的空间坐标通过变换进行映射以便生成一个新的图像。重采样使图谱图像和目标图像有相同的空间采样点和采样点空间距离,同时减少了“粗”配准环节所需时间。进行重采样后,调整了浮动图像和参考图像采样点不一致的问题,并且图像的尺寸大小得到矫正,为后续进行非刚性配准做好准备。图 5 是一个简单重采样的原理图,重采样涉及从原始图像中提取像素的位置、插值灰度级,并将其重定位到校正图像中的近似矩阵坐标位置。如图 5 所示,第一行是原图像素空间采样点、采样空间大小示意图,第二行是对图像像素进行重采样,改变原点坐标且采样空间大小为原来的两倍的图示。

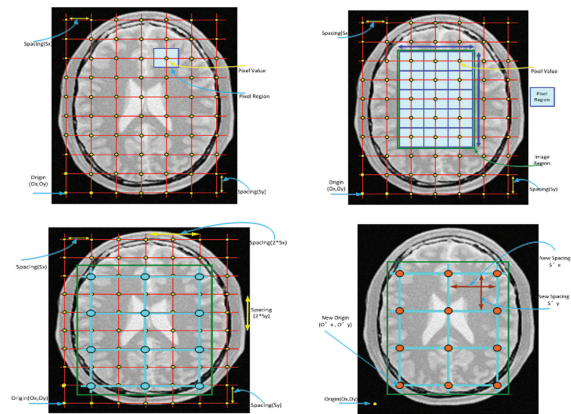


图 5 重采样原理示意图

Fig.5 Schematic diagram of resampling

3.2 微分同胚 Demons 算法

以重采样结果取代刚性配准环节,并以提取的 ROI 作为微分同胚 Demons 配准对象,大幅度缩短配准时间。微分同胚是可逆的光滑映射,微

分同胚 Demons 算法^[16],能够保证图像的拓扑结构在配准前后保持不变,光滑且连续,并防止引入形变折叠,对大小形变都适用,在缺少可用的空间变换信息时,是很好的配准框架。

微分同胚 Demons 算法,将 Demons 的变换空间利用公式 $c \leftarrow s \circ \exp(u)$ 转换到微分同胚变换空间(李群)中来优化目标能量函数。微分同胚 Demons 算法的目标能量函数为:

$$E_s^{\text{corr}}(u) \approx \frac{1}{2|\Omega_p|} \sum_{p \in \Omega_p} \left\| \begin{bmatrix} F(p) - M \circ s(p) \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} J_p \\ \frac{\sigma_i(p)}{\sigma_x} \end{bmatrix} u(p) \right\|^2, \quad (4)$$

其中,变形场 u 是一个稠密速度场:

$$u(p) = - \frac{F(p) - M \circ s(p)}{\|J_p\|^2 + \frac{\sigma_i^2(p)}{\sigma_x^2}} J_p^T, \quad (5)$$

式中: $\sigma_i(p) = |F(p) - M \circ s(p)|$ 为图像局部噪声大小, σ_x 表示 c, s 之间不确定程度,对 $\|u(p)\|$ 有如下约束: $\|u(p)\| \leq \frac{\sigma_x}{2}$ 。 J_p 是微分同胚 Demons 力:基于 Thirion 的原始 Demons 力,即 $J_p = - {}^T_p F$; 基于 Gauss-Newton 优化算法的 Demons 力,即 $J_p = - {}^T_p (M \circ s(p))$; 对称 Demons 力 (Symmetric Demons), $J_p = - \frac{1}{2} ({}^T_p F + {}^T_p (M \circ s(p)))$ 可以改进算法的计算效率。

微分同胚 Demons 算法的实现过程:

$$\text{Step1: 用 } u(p) = - \frac{F(p) - M \circ s(p)}{\|J_p\|^2 + \frac{\sigma_i^2(p)}{\sigma_x^2}} J_p^T$$

计算更新 Demons 力 u ;

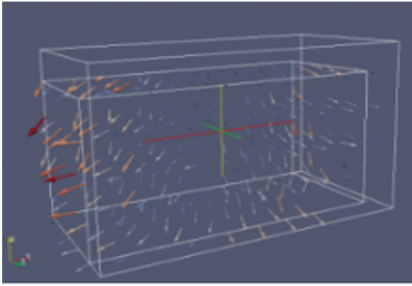


图 6 待配准图像映射到目标图像的变形域

Fig.6 Deformation domain of the registration image to the target image

Step2:对 u 进行流体正则化,即 $u \leftarrow K_{\text{fluid}} u$;

Step3:利用牛顿方法计算李群得到的 $\exp(u)$,计算 $c \leftarrow s \circ \exp(u)$;

Step4:对 s 进行扩散正则化, $s \leftarrow K_{\text{diff}} s$ 。

如图 6 所示,为微分同胚 Demons 配准产生的一个形变场的示意图。

4 基于 U-Net 改进的标签融合算法

图像融合是指将待分割图像的若干标记图像数据进行有效信息的最大限度提取,综合成一个高质量的图像。采用融合技术对若干形变后的标记图像进行融合,能有效提取每个配准后的图谱图像中的有用信息,融合获得最具代表性的结果,所得的清晰准确的综合图像作为待分割图像最终分割的海马体,可有效提高算法整体的精确度。

常用的融合算法有多数投票表决法 (Majority Voting, MV)^[17]按照少数服从多数的准则决定最终的融合标记值,它是一种最简单最直接的融合方法。加权表决法 (Weighted Voting Method, WV)^[18]根据图谱与目标图像的相似性分配权重,分割精度优于多数表决方法。Warfield 等人提出的 STAPLE (Simultaneous Truth and Performance Level Estimation)^[19]算法将每一个图谱看作一个弱分类器,利用 EM 算法计算每一个图谱的权重系数,加权平均后得到分割结果。另外基于非局部均值的块加权方法 (Patch-based Method, PBM) 算法^[20]等较为常见,本文采用改进的 U-Net 网络图谱融合算法实现海马体分割。

4.1 U-Net 网络

U-Net 网络是基于 FCN 的设计思想和相关方法,在语义分割上更加简单明确,适合用于医学图像的分割。在 ISBI Cell Tracking Challenge 2015 上, U-Net 网络取得了最优分割效果。在该任务中,训练集中只有 30 幅 512×512 果蝇第一龄幼虫腹神经 (VNC) 的电镜图像,针对该数据集的平均交并比 (Intersection over Union, IOU) 比第二名算法超出 31%, 在其他数据集上也要普遍比第二名高 10% 以上。

U-Net 在结构上左右对称,形似英文字母 “U”。一条为压缩路径,另一条为扩展路径。U-Net 为了能精准地定位,收缩路径上提取出来的高像素特征会在上采样 (Upsampling) 过程中与

新的特征图 (Feature map) 进行结合, 以最大程度地保留前面下采样 (Downsampling) 过程一些重要的特征信息。而为了能使网络结构能更高效地运行, 结构中没有全连接层 (Fully Connected layers), 这样可以很大程度上减少需要训练的参数, 并得益于特殊的 U 形结构可以很好地保留图片中的所有信息。

4.2 改进 U-Net 网络

U-Net 网络中, 压缩路径的结构和卷积结构相同, 每两个 3×3 的卷积层后会跟一个 2×2 的最大池化层 (步长为 2), 并且每个卷积层后面采用 ReLU 激活函数来对原始图片进行下采样操作, 在每个下采样的过程中, 将特征通道数加倍。扩张路径中的每一步都包括上采样, 每一步会有一个 2×2 的卷积层 (激活函数也是 ReLU) 和一个两个 3×3 的卷积层。与此同时, 每一步的升采样都会加入来自相对应收缩路径的特征图。在最后一层, 本文采用将网络输出的特征图输入到分类子网络, 用 Softmax 函数将特征图谱映射到目标的类别数目上。最终, U-Net 的整个网络一共有 23 层卷积层。左侧是传统的 CNN 架构, 每经过卷积层和池化层, 特征图的尺寸就会缩小。在右侧则加入了反卷积层进行上采样, 用于扩大特征图的尺寸。左右两侧的特征通过 Skip 连接进行通道堆叠。图 7 为改进后的 U-Net 网络结构示意图。Softmax 函数如式 (6) 所示:

$$\sigma(z)_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}}, \quad (6)$$

其中 $j = 1, \dots, K$ 。

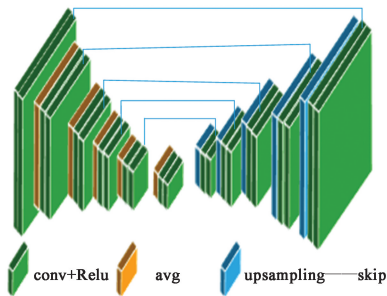


图 7 改进后的 U-Net 网络结构示意图

Fig.7 improved U-Net network structure diagram

U-Net 展现出了良好的特性, 并且十分适合于生物医学领域, 由于医学影像相对较少, 因此本文进行了数据预处理的增强, 使 U-Net 能够发挥

的更加出色, 本文将 MRI 数据集在改进的 U-Net 上进行训练, 以半监督学习方式对网络进行监督, 使用训练后的模型对 MRI 数据进行融合。根据海马体的目标图像, 利用浮动图像对标记图像进行融合, 融合结果即最终分割结果。U-Net 网络对输入图像及其相应的浮动图像采用随机梯度下降法进行训练。参数更新如式 (7) 所示:

$$\theta_{n+1} = \theta_n - \eta \frac{\partial}{\partial \theta_n} J(\theta_n). \quad (7)$$

4.3 基于 U-Net 网络改进融合的 MAS 算法流程图

实验主要流程包括:

- (1) 对图像进行预处理, 将所有图像进行颅骨剔除, 再根据海马体的位置提取 ROI, 减小图像块包含的信息, 提高整个流程的效率。
- (2) 相似性计算, 利用互信息及梯度选择 10 幅最接近目标图像的磁共振图像作为浮动图像。
- (3) 对待分割图像与图谱图像的标记图像分别进行重采样及微分同胚 Demons 配准, 使得所有图像的灰度值和对比度处于同一水平。
- (4) 分别对每组的 10 个图谱图像的海马体分割结果进行融合, 获得一个与金标准最为接近、最精确的海马体分割结果。
- (5) 绘制各算法所得海马体的 Dice 相似性测度^[24]值盒状图, 直观展示各算法的融合精度。

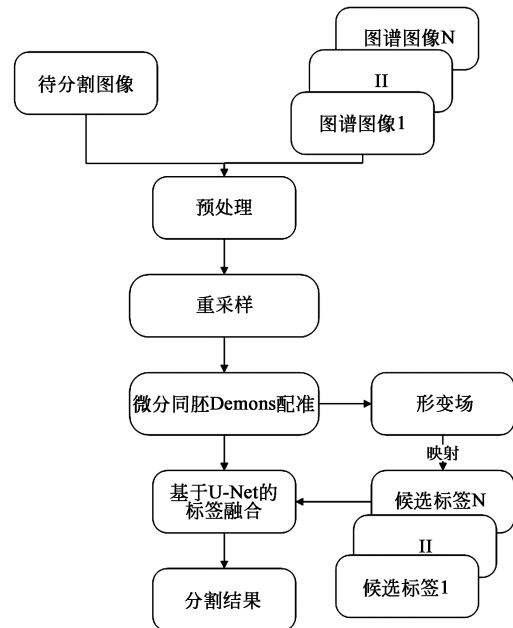


图 8 实验流程图

Fig.8 Flowchart of experiment

5 实验结果与分析

本文采用基于 U-Net 的多图谱标签融合算法,实现人脑 MRI 中海马体的自动分割。本次实验采用两个人脑磁共振数据库分别进行实验,图库 1 来自于伦敦帝国理工学院医学脑部研究数据库 (Brain-development. Brain atlases)^[21],包含了 20 个图谱图像样本,其对应的标签图像标记了 67 个脑部结构。图库二来自于 ADNI(The Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative, ADNI)包含 124 个 T1-MR 样本的子库(The Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative)^[22]。两组实验结果进行比较实验,采用重采样及微分同胚对图像进行配准后,分别使用 MV 算法、WV 算法、STAPLE 算法、PBM 算法及改进算法对标记图像进行融合。本文实验所需的软件工具包括 Cmake 跨平台编译器、Visual Studio 2010 集成开发环境、ITK(Insight segmentation and Registration Toolkit)图像分析工具库^[23]、ITK SNAP 医学图像可视化软件、anaconda、Pycharm、MATLAB 等。

在实现海马体的分割后,需采用合适的评价方法对相关算法的性能及有效性进行评价。本文采用 Dice 相似性测度^[24]对最终分割结果与金标准的重叠率进行比较,对实验结果实现定量分析。

此外,5 种比较算法都将分别进行 10 组实验,并绘制各实验结果的盒状图,直观显示不同算法分割结果数据间的差异,预处理图谱选择阶段中选取 10 幅最优质磁共振图像,同时选取合适的目标图像,实验中共 300 个配准结果,50 个最终分割结果。

实验结果如图 9 所示,分别为图库 1、图库 2 目标图像左海马体的金标准(专家手动分割结果)与本文方法分割结果比较图;第一列之第三列图形分别为轴状位、矢状位、冠状位海马体切片图。(a)、(c)白色图形为目标图像的金标准,(b)、(d)红白相间图形为分割结果与金标准的结果重叠比较图,其中红色区域为两者重合区域,白色区域为两者非重合区域。由于图库图像标准不同,为更清楚表示图像特征本文分别取图库一左海马体取 $x=17, y=42, z=23$ 截面,图库二左海马体取 $x=22, y=25, z=26$ 截面,下同。将分割结果与 MV、WV、STAPLE、PBM 标签融合方法进行

了分析对比。

图 9 为图库 1、2 中专家手动分割海马体与分割结果的比较图,白色区域为专家手动分割,红色区域为实验结果重叠部分,从图 9(b)、(d)可以看出实验结果与金标准重合部分较多,图库 1 出现过分割现象,图库 2 分割结果良好。



(a) 图库 1 专家手工分割的左海马体

(a) Experts manual segmentation of hippocampus in database 1



(b) 图库 1 分割结果切片比较图

(b) Slice comparison graph of segmentation result in database 1



(c) 图库 2 专家手工分割的左海马体

(c) Experts manual segmentation of hippocampus in database 2



(d) 图库 2 分割结果切片比较图

(d) Slice comparison graph of segmentation result in database 2

图 9 海马体分割结果与金标准切片比较图

Fig.9 Comparison slices of hippocampus segmentation results with gold label

不同融合方法的融合结果在提取感兴趣区域的图像块中的示意图,如图 10 所示。

图 10 分别为图库 1 中专家手动分割切片、MV、WV、STAPLE、PBM 及本文算法各分割结果在感兴趣区域图像块中的展示结果。

图 11 为图库 2 中专家手动分割切片结果、MV、WV、STAPLE、PBM 及本文算法各分割结果在感兴趣区域图像块中的展示结果。



(a) 专家手工分割的左海马体

(a) Segmented manually of left hippocampus by experts



(b) MV 融合方法分割的左海马体

(b) Segmentation of left hippocampus by MV fusion method



(c) WV 融合方法分割的左海马体

(c) Segmentation of left hippocampus by WV fusion method



(d) STAPLE 融合方法分割的左海马体

(d) Segmentation of left hippocampus by STAPLE fusion method



(e) PBM 融合方法分割的左海马体

(e) Segmentation of left hippocampus by PBM fusion method



(f) 本文算法分割的左海马体

(f) Segmentation of left hippocampus by our algorithm

图 10 专家手工分割及各算法分割人脑左海马体结构的结果(图库 1)

Fig.10 Artificial segmentation of left hippocampal structure by experts and segmentation results by various algorithms (database 1)



(a) 专家手工分割的左海马体

(a) Segmented manually of left hippocampus by experts



(b) MV 融合方法分割的左海马体

(b) Segmentation of left hippocampus by MV fusion method



(c) WV 融合方法分割的左海马体

(c) Segmentation of left hippocampus by WV fusion method



(d) STAPLE 融合方法分割的左海马体

(d) Segmentation of left hippocampus by STAPLE fusion method



(e) PBM 融合方法分割的左海马体

(e) Segmentation of left hippocampus by PBM fusion method



(f) 本文算法分割的左海马体

(f) Segmentation of left hippocampus by our algorithm

图 11 专家手工分割及各算法分割人脑左海马体结构的结果(图库 2)

Fig.11 Artificial segmentation of left hippocampal structure by experts and segmentation results by various algorithms (database 2)



(a) MV 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(a) Comparison slices of hippocampus segmentation results by MV with gold label



(b) WV 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(b) Comparison slices of hippocampus segmentation results by WV with gold label



(c) STAPLE 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(c) Comparison slices of hippocampus segmentation results by STAPLE with gold label



(d) PBM 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(d) Comparison slices of hippocampus segmentation results by PBM with gold label



(e) 本文算法与专家手工分割左海马体结构对比
(e) Comparison slices of hippocampus segmentation results by our algorithm with gold label

图 12 各融合算法与专家分割结果对比(白色表示专家手工分割,红色表示各算法分割结果,图库 1)

Fig.12 Comparison slices of hippocampus segmentation results by various algorithms with gold label (White represents expert manual segmentation and red represents segmentation results of each algorithm. database 1)



(a) MV 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(a) Comparison slices of hippocampus segmentation results by MV with gold label



(b) WV 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(b) Comparison slices of hippocampus segmentation results by WV with gold label



(c) STAPLE 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(c) Comparison slices of hippocampus segmentation results by STAPLE with gold label



(d) PBM 融合方法与专家手工分割左海马体结构对比

(d) Comparison slices of hippocampus segmentation results by PBM with gold label



(e) 本文算法与专家手工分割左海马体结构对比
(e) Comparison slices of hippocampus segmentation results by our algorithm with gold label

图 13 各融合算法与专家分割结果对比(白色表示专家手工分割,红色表示各算法分割结果,图库 2)

Fig.13 Comparison slices of hippocampus segmentation results by various algorithms with gold label (White represents expert manual segmentation and red represents segmentation results of each algorithm. database 2)

图 12 为图库 1 中各融合算法与金标准的对比图,可以看出 MV 算法分割结果不佳,分割出的海马体结构出现了不连续的现象,分割结果不完整,与金标准相差较大,WV 算法海马体结构边缘超出专家手工分割海马体结构的边缘,出现过分割的现象。STAPLE 算法在海马体边缘部分未重叠部分较多,边缘分割较差,PBM 算法在传统方法切片比较中最优,但本文算法在细节处相较于传统算法更优。

图 13 为图库 2 中各融合算法与专家手动分割海马体切片比较图,可以看出 MV 分割效果较差,与金标准比较重叠部分相对较少,WV 分割结果出现过分割现象,STAPLE 融合方法分割的海马体,边缘结构较模糊,PBM 融合方法分割结果与金标准比较接近,但本文算法相较于传统算法效果更优。

本文利用相似性测度值(Dice)评价分割结果与金标准的重叠程度,判断融合算法的优劣,Dice 值取值在 0~1 之间,Dice 值越接近 1 就表示融合结果与专家手动分割结果相似度越高,分割越准确,融合算法越好。基于 U-Net 网络得到的分割结果与目标图像的金标准进行相似性测度,并与 MV、WV、STAPLE、PBM 算法进行对比,结果如表 1 所示。

表 1 不同融合方法的分割结果与金标准的 Dice 值(图库 1)

Tab.1 Dice values comparing the segmentation results of different fusion methods with the gold label (database 1)

各方法 Dice 值	左海马	右海马
MV	0.829 4	0.820 8
WV	0.846 5	0.852 2
STAPLE	0.848 5	0.846 8
PBM	0.852 0	0.864 2
本文算法	0.887 0	0.876 1

表 1 和表 2 分别显示了图库 1、图库 2 中 MV、WV、STAPLE、PBM 和本文融合方法分割人脑 MR 图像左、右海马体结构同金标准的相似性测度 Dice 值。由表可知,本文算法对两个图库人脑 MR 图像的分割结果与 MV、WV、STAPLE、PBM 融合方法相比,均有一定程度的提高。利用本文算法对图

表 2 不同融合方法的分割结果与金标准的 Dice 值(图库 2)

Tab.2 Dice values comparing the segmentation results of different fusion methods with the gold label (database 2)

各方法 Dice 值	左海马	右海马
MV	0.829 8	0.823 2
WV	0.852 7	0.856 5
STAPLE	0.842 5	0.858 4
PBM	0.867 3	0.872 2
本文算法	0.891 5	0.904 9

库 1 进行海马体分割的实验,分割精度相比于 4 种算法分别提高了约 0.1,0.08,0.07,0.05,本文算法对图库 2 进行海马体分割的实验,分割精度相比于 4 种算法分别提高了约 0.09,0.07,0.06,0.04。本文算法的分割结果与金标准相似度最高,分割结果最好。由于图表仅为一组数据实验结果,不能清楚直观地表现出各算法的稳定性,因此将所有实验结果绘制盒状图,如图 14、15 所示。

盒状图分别显示了各算法分割结果相似性测度值 Dice 值的最小值(min)、下四分位数、中位数、上四分位数、最大值(max)以及异常点,盒状图能反映多组数据的整体特性。图 14(a)为图库 1 中各算法左海马体分割的 10 组数据盒装图,从图中可以看出,MV 算法效果较差,最小值 0.78,最大值 0.85,均值 0.83,数据不集中,算法对不同目标图像分割不稳定。WV 算法最大值 0.86,最小值 0.8,均值 0.84,下四分位较 MV 相对低,上四分位较 MV 高,说明 WV 数据低精度较多,海马体间 Dice 值相差较大。STAPLE 算法 Dice 值出现异常点,上四分位较高说明分割精度较高。PBM 算法整体较稳定,最大值 0.87,最小值 0.83,均值 0.85,分割精度均匀分布,算法较稳定。本文算法整体精度提高,分割精度稳定,最大值 0.88,最小值 0.84,算法整体性能都有提高。图 14 (b)为图库 1 右海马体各融合算法盒状图,本文算法相较各传统算法整体精度提高,稳定性提高。图 15 显示了图库 2 中各融合算法左右海马体 Dice 值的盒状图,由盒状图可以看出本文所提算法分割精度相比于其他算法都有一定程度的提高,且数据相对稳定,具有良好的性能。

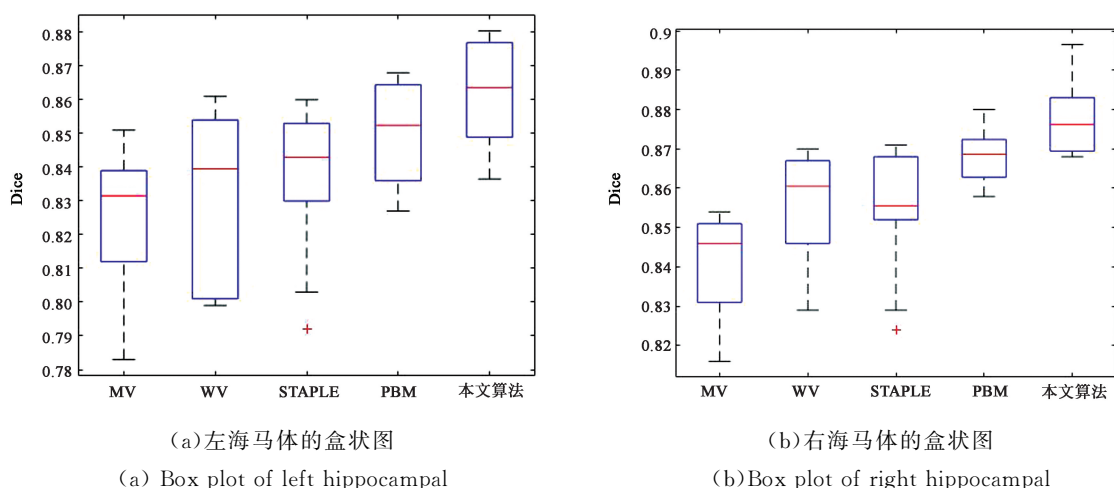


图 14 各融合算法左、右海马体的盒状图(图库 1)

Fig.14 Left and right hippocampal box plots of each fusion algorithm (database 1)

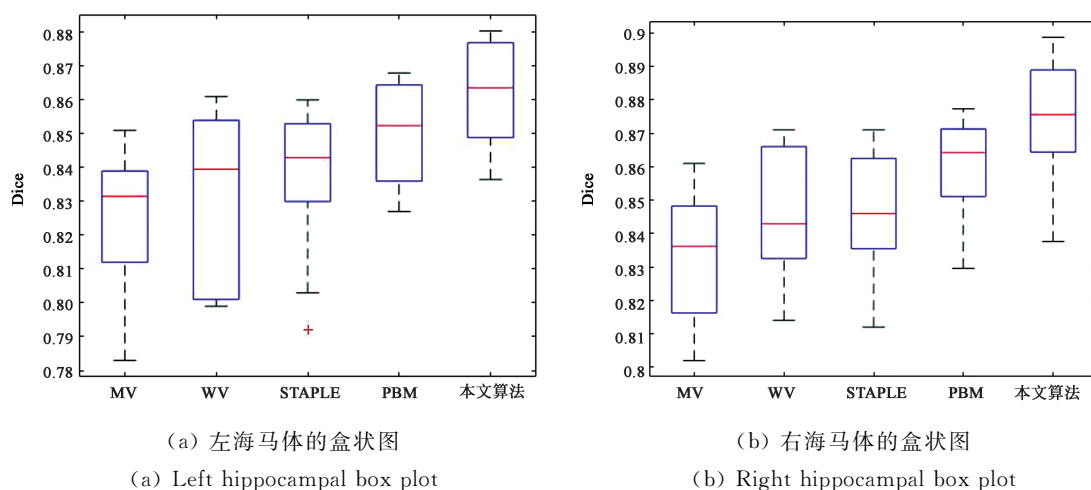


图 15 各融合算法左、右海马体的盒状图(图库 2)。

Fig.15 Left and right hippocampal box plots of each fusion algorithm (database 2)

6 结 论

为提高多图谱 MR 海马体分割算法精度,本文提出一种基于 U-Net 网络改进的多图谱医学图像分割融合算法。在图谱选择阶段,利用提取感兴趣区域之后的图谱块进行图谱筛选,将筛选出的图谱用作浮动图像进行后续的配准、分割。

参 考 文 献:

- [1] HOGAN R E, MARK K E, CHOUDHURI I, *et al.* Magnetic resonance imaging deformation-based segmentation

在配准阶段,使用重采样代替“粗配准”减少配准算法所需时间,并利用微分同胚 Demon 算法进行“精配”实现图谱图像与目标图像的契合。在融合阶段,U-Net 网络的加入确保了网络的监督学习,确保精度的同时提高分割算法效率。实验结果表明,本文算法相比于 MV、WV、STAPLE 和 PBM 在分割精度上提高了 5%~10% 左右,与金标准更接近。

- of the hippocampus in patients with mesial temporal sclerosis and temporal lobe epilepsy [J]. *Journal of Digital Imaging*, 2000, 13(S1): 217-218.
- [2] SHATTUCK D W, MIRZA M, ADISETIYO V, *et al.* Construction of a 3D probabilistic atlas of human cortical structures [J]. *Neuroimage*, 2008, 39(3): 1064-1080.
 - [3] JACK C R JR, BENTLEY M D, TWOMEY C K, *et al.* MR imaging-based volume measurements of the hippocampal formation and anterior temporal lobe: validation studies [J]. *Radiology*, 1990, 176(1): 205-209.
 - [4] KASS M, WITKIN A, TERZOPOULOS D. Snakes: active contour models [J]. *International Journal of Computer Vision*, 1988, 1(4): 321-331.
 - [5] ASHTON E A, BERG M J, PARKER K J, *et al.* Segmentation and feature extraction techniques, with applications to MRI head studies [J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 1995, 33(5): 670-677.
 - [6] KELEMEN A, SZEKELY G, GERIG G. Elastic model-based segmentation of 3-D neuroradiological data sets [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 1999, 18(10): 828-839.
 - [7] CREMERS D. Dynamical statistical shape priors for level set-based tracking [J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2006, 28(8): 1262-1273.
 - [8] ZHANG H Z, MORROW P, MCCLEAN S, *et al.* Contour detection of labelled cellular structures from serial ultrathin electron microscopy sections using GAC and prior analysis [C]//*Proceedings of the 2008 1st Workshops on Image Processing Theory, Tools and Applications*. Sousse: IEEE, 2008.
 - [9] DAMBREVILLE S, RATHI Y, TANNENBAUM A. A framework for image segmentation using shape models and kernel space shape priors [J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2008, 30(8): 1385-1399.
 - [10] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [C]//*Proceedings of 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. Boston: IEEE, 2015.
 - [11] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation [C]//*Proceedings of the 18th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Munich: Springer, 2015: 234-241.
 - [12] SHATTUCK D W, LEAHY R M. BrainSuite: an automated cortical surface identification tool [J]. *Medical Image Analysis*, 2002, 6(2): 129-142.
 - [13] ALJABAR P, HECKEMANN R A, HAMMERSA, *et al.* Multi-atlas based segmentation of brain images: atlas selection and its effect on accuracy [J]. *Neuroimage*, 2009, 46(3): 726-738.
 - [14] AWATE S P, ZHU P H, WHITAKER R T. How many templates does it take for a good segmentation?: error analysis in multiatlas segmentation as a function of database size [C]//*Proceedings of the 2nd International Workshop on Multimodal Brain Image Analysis*. Nice: Springer, 2012: 103-114.
 - [15] 夏瑞, 马瑜, 王文娜, 等. 基于重采样改进的多图谱分割算法[J]. 计算机工程与设计, 2018, 39(8): 2587-2592, 2659.
XIA R, MA Y, WANG W N, *et al.* Multi-atlas segmentation algorithm based on resampling [J]. *Computer Engineering and Design*, 2018, 39(8): 2587-2592, 2659. (in Chinese)
 - [16] VERCAUTEREN T, PENNEC X, PERCHANT A, *et al.* Diffeomorphic demons: efficient non-parametric image registration [J]. *Neuroimage*, 2009, 45(1 Suppl): S61-S72.
 - [17] HUO J, WANG G H, WU Q M J, *et al.* Label fusion for multi-atlas segmentation based on majority voting [C]//*Proceedings of the 12th International Conference Image Analysis and Recognition*. Niagara Falls: Springer, 2015: 100-106.
 - [18] WU G R, WANG Q, ZHANG D Q, *et al.* A generative probability model of joint label fusion for multi-atlas based brain segmentation [J]. *Medical Image Analysis*, 2014, 18(6): 881-890.
 - [19] WARFIELD S K, ZOU K H, WELLS W M. Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE): an algorithm for the validation of image segmentation [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2004, 23(7): 903-921.
 - [20] COUPÉ P, MANJÓN J V, FONO V, *et al.* Patch-based segmentation using expert priors: application to hippocampus and ventricle segmentation [J]. *NeuroImage*, 2011, 54(2): 940-954.

- [21] Brain-Development. Brain atlases [EB/OL]. <http://biomedic.doc.ic.ac.uk/brain-development/>.
- [22] Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative. [EB/OL]. <http://adni.loni.usc.edu>.
- [23] JOHNSON H J, MCCORMICK M M, IBANEZ L. *The ITK Software Guide Book 1: Introduction and Development Guidelines* [M]. Kitware, Inc., 2015.
- [24] LIU H, YAN M, SONG E M, *et al.* Label fusion method based on sparse patch representation for the brain MRI image segmentation [J]. *IET Image Processing*, 2017, 11(7): 502-511.

作者简介:



芦 玥(1995—),女,宁夏青铜峡人,硕士研究生,2017 年于山东科技大学获得学士学位,主要从事模式识别与图像处理方向的研究。E-mail: 495400199@qq.com



马 瑜(1974—),男,宁夏西吉人,工学博士,教授,硕士生导师,2013 年于西北工业大学获得博士学位,主要从事计算机视觉与模式识别方向的研究。E-mail: mayu95@163.com