



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 104463840 A

(43) 申请公布日 2015. 03. 25

(21) 申请号 201410514074. 7

(22) 申请日 2014. 09. 29

(71) 申请人 北京理工大学

地址 100081 北京市海淀区中关村南大街 5 号

(72) 发明人 杨健 刘新新 王涌天 艾丹妮 刘越

(74) 专利代理机构 北京理工大学专利中心 11120

代理人 仇蕾安

(51) Int. Cl.

G06T 7/00(2006. 01)

A61B 6/03(2006. 01)

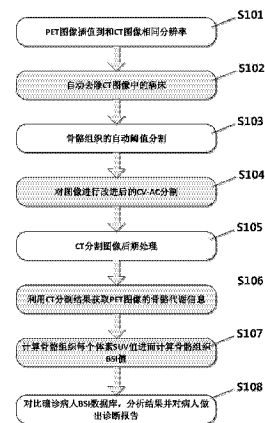
权利要求书1页 说明书5页 附图3页

(54) 发明名称

基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法

(57) 摘要

本发明提出了一种基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,实现对 PET/CT 骨骼影像的全自动分析辅助医生对发热待查病人进行诊断;第一步:PET 影像的无损插值;第二步:自动去除 CT 影像中的病床;第三步:CT 影像的全自动骨骼分割;第四步:通过 CV 活动轮廓区域最优化活动轮廓模型对全身 CT 影像进行骨骼分割;第五步:CT 分割影像后期处理;第六步:获取 PET 影像中骨骼组织信息;第七步:骨骼组织 SUV 值及其 BSI 值计算;分别计算骨骼、骨髓和骨皮质的标准摄取值 (SUV),并利用该值计算病人骨骼、骨髓和骨皮质的 BSI 值;第八步:基于 BSI 值得到诊断:利用 SUV 和 BSI 与现有确诊病人数据库中的 SUV 和 BSI 比较,并做出诊断报告。



1. 基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,其特征在於,包括以下步骤:

第一步:PET 影像的无损插值:利用最临近插值方法对 PET 影像进行插值,把 PET 影像插值成和 CT 影像相同分辨率;

第二步:自动去除 CT 影像中的病床:根据病床不会在 PET 设备中成像的原理,利用对 PET 影像进行高斯模糊全自动生成病人身体的蒙版影像,通过蒙版运算全自动去除 CT 影像中的病床;

第三步:CT 影像的全自动骨骼分割:利用自动阈值分割获取骨骼的初始轮廓和最佳骨骼分割阈值;

第四步:通过 CV 活动轮廓区域最优化活动轮廓模型对全身 CT 影像进行骨骼分割,分割过程中利用连通域对骨骼初始轮廓分块分割,然后利用骨骼分割阈值对骨骼分割结果进一步分割得到骨髓和骨皮质两部分;

第五步:CT 分割影像后期处理:利用特征筛选去除分割结果中被误认为骨髓的脊髓组织;

第六步:获取 PET 影像中骨骼组织信息:利用 CT 影像骨骼分割的结果与无损插值后的 PET 影像进行蒙版运算得到 PET 影像中骨骼、骨髓和骨皮质的组织代谢信息;

第七步:骨骼组织 SUV 值及其 BSI 值计算:分别计算骨骼、骨髓和骨皮质的标准摄取值(SUV),并利用该值计算病人骨骼、骨髓和骨皮质的 BSI 值;

第八步:基于 BSI 值得到诊断:利用 SUV 和 BSI 与现有确诊病人数据库中的 SUV 和 BSI 比较,并做出诊断报告。

2. 如权利要求 1 所述的基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,其特征在於,第一步中将一个 PET 像素插值为 $n \times n$ 个灰度值相同的像素,如果与之对应的 CT 图像既有骨骼组织也有非骨骼组织,则通过蒙板运算将插值后的 PET 图像分成两部分,即将一个原始 PET 像素按照比例分割成两部分,同时不改变 PET 图像原始信息。

3. 如权利要求 1 或 2 所述的基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,其特征在於,第四步中对 CT 分割影像进行连通域运算,计算连通域的数量 n ,并对连通域编码,去除连通域小于 10 的噪点连通域,把计算得到的单个连通域最外围轮廓线作为 CV 活动轮廓方法的初始轮廓。

基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法

技术领域

[0001] 本发明涉及一种基于 PET/CT 影像的发热待查 (Fever of Unknown Origin, FUO) 计算机辅助诊断方法,适合于临床发热待查疾病的诊断与治疗。

背景技术

[0002] 发热待查 (Fever of Unknown Origin, FUO) 是指发热持续 3 周以上,体温多次超过 38.3℃,经过至少 1 周深入细致的检查仍不能确诊的一组疾病。虽然在诊断技术方面有很多新进展,但是发热待查依然是一个主要的医学问题,有多达 51% 的未确诊病例。在确诊的病人中,有三个主要的类别,分别是感染性疾病、恶性肿瘤和非感染性炎症。氟代脱氧葡萄糖 (Fluoro-18-fluoro-2-deoxy-D-glucose, FDG) 是 2-脱氧葡萄糖的氟代衍生物,FDG 不仅在恶性组织中聚集,同时也会在感染性疾病和炎症组织中聚集。由于这个原因,FDG PET 或 FDG PET/CT 在发热待查的病因诊断中具有很大的优势。很多发热待查的确诊病人在 FDG PET 影像中都能发现骨骼代谢过盛的现象,在感染性疾病、恶性肿瘤和非感染性炎症病人中具有不同的骨骼代谢水平。现今,分析骨骼代谢水平最常用的方法是选取一块骨骼区域,并划取感兴趣的区域。这种方法会导致不可避免的测量误差,尤其是当病人代谢活度增加为弥散式或分布不均匀时。

[0003] PET-CT 将 CT 与 PET 融为一体,由 CT 提供病灶的精确解剖定位,而 PET 提供病灶详尽的功能与代谢等分子信息,具有灵敏、准确、特异及定位精确等特点,一次显像可获得全身各方位的断层影像,可一目了然的了解全身整体状况,达到早期发现病灶和诊断疾病的目的。PET 与 CT 两种不同成像原理的设备同机组合,不是其功能的简单相加。而是在此基础上进行影像融合,融合后的影像既有精细的解剖结构又有丰富的生理。生化功能信息能为确定和查找肿瘤及其它病灶的精确位置定量、定性诊断提供依据,并可用 X 线对核医学影像进行衰减校正。PET/CT 设备在发热待查诊断过程中普遍存在以下问题:

[0004] PET/CT 设备只能为医生提供病人全身的 PET 和 CT 配准影像,对生成的影像进行具体量化分析的工具有限,只能对医生手动划出的感兴趣区域进行量化分析。对感兴趣区域勾画的过程繁琐且耗时,这极大地增加了医生的负担并延长了病人诊断的时间。同时,由于人为勾画的原因,在不同时间和地点,即使相同的医生操作也可能获得不同的诊断结果,诊断过程不具有重复性。如果病灶组织不集中,弥散性分布或者分布不均匀,医生很难根据划取有限范围的感兴趣区域对病人进行准确诊断。

[0005] 如前所述,现有利用 PET/CT 设备诊断发热待查病人存在着一些问题。而 FUO 计算机辅助诊断技术,可以有效地弥补这些问题。该技术利用 PET/CT 设备融合解剖影像和功能影像的特点,从 CT 影像中获取骨骼的解剖结果信息和空间位置信息,然后利用这些信息获取 PET 影像中的骨骼组织的 FDG 代谢信息。通过实验,我们发现发热待查病人的骨骼代谢水平要明显高于正常人。通过分析骨骼组织的 FDG 代谢信息,可以实现对发热待查病人的全自动诊断。在该技术的引导下,医生能够快速对发热待查病人进行筛选和诊断,从而可以有效的减少发热待查病人诊断时间,提高发热待查诊断效率,实现快速确诊快速治疗。

[0006] 近年来,PET/CT 影像的自动量化分析成为人们研究的热点,而 CT 影像骨骼分割技术是实现自动量化分析的关键。国外大量的学者对基于 CT 影像的骨骼分割技术展开了研究,提出了很多 CT 影像的骨骼分割方法,但是目前的重建方法存在几个方面的缺陷:

[0007] 1. 目前的骨骼分割方法都是针对提取骨骼轮廓而设计的,骨髓相比骨皮质 CT 值较低,现有方法很难准确分割全身骨髓组织。

[0008] 2. 现有的 CT 影像骨骼分割方法都是针对某一块骨骼而设计的,算法的适应性和强壮型比较差,分割全身骨骼时都不能取得很好地分割效果。

[0009] 3. 由于成像原理的差异,PET 影像的分辨率远低于 CT 影像。在 PET/CT 影像的自动分析过程中,需要保持 PET 所有信息不丢失的情况下对 CT 影像进行无损插值。

[0010] 4. 现有评价 PET 影像的指标主要是感兴趣区域的平均值,这种指标很难处理不均匀病灶组织和弥散性病灶组织。为了更准确的分析 PET/CT 影像,必须引入新的评价指标。

[0011] PET-CT 的核心是融合,影像融合是指将相同或不同成像方式的影像经过一定的变换处理使它们的空间位置和空间坐标达到匹配,影像融合处理系统利用各自成像方式的特点对两种影像进行空间配准与结合,将影像数据注册后合成为一个单一的影像。但是,现有的 PET/CT 融合影像的分析方法很有限,主要依靠医生观察和分析有限的感兴趣区域,因而主观性较强。临床诊断过程往往需要医生具备较强的专业知识和大量的操作经验。基于 PET/CT 的发热待查 (FUO) 计算机辅助诊断技术可以实现快速准确的 PET/CT 影像的量化分析,可以有效辅助医生对发热待查病人的诊断。Chan 和 Vese 于 2001 年提出了一种经典的基于区域的水平集活动轮廓模型——Chan-Vese (CV) 模型,它成功地克服了上述基于边界的水平集活动轮廓模型的缺点。为了实现 FUO 辅助诊断技术,基于 CV 活动轮廓模型本发明提出了一种适用于全身骨骼分割的方法,用于分割 CT 骨骼影像,获取 PET 骨骼组织代谢信息,进而实现全自动的骨骼组织代谢信息分析和发热待查病人的诊断。同时,该技术引入了骨扫描指数 (Bone Scan Index) 的评价指标,极大地提高了发热待查病人的诊断准确率。

发明内容

[0012] 本发明提出了一种基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,实现对 PET/CT 骨骼影像的全自动分析辅助医生对发热待查病人进行诊断,为针对诊断发热待查疾病提供了一种便利的工具。

[0013] 该基于 PET/CT 影像的发热待查计算机辅助诊断方法,包括以下步骤:

[0014] 第一步:PET 影像的无损插值:利用最临近插值方法对 PET 影像进行插值,把 PET 影像插值成和 CT 影像相同分辨率;

[0015] 第二步:自动去除 CT 影像中的病床:根据病床不会在 PET 设备中成像的原理,利用对 PET 影像进行高斯模糊全自动生成病人身体的蒙版影像,通过蒙版运算全自动去除 CT 影像中的病床;

[0016] 第三步:CT 影像的全自动骨骼分割:利用自动阈值分割获取骨骼的初始轮廓和最佳骨骼分割阈值;

[0017] 第四步:通过 CV 活动轮廓区域最优化活动轮廓模型对全身 CT 影像进行骨骼分割,分割过程中利用连通域对骨骼初始轮廓分块分割,然后利用骨骼分割阈值对骨骼分割结果进一步分割得到骨髓和骨皮质两部分;

[0018] 第五步 :CT 分割影像后期处理 :利用特征筛选去除分割结果中被误认为骨髓的脊髓组织 ;

[0019] 第六步 :获取 PET 影像中骨骼组织信息 :利用 CT 影像骨骼分割的结果与无损插值后的 PET 影像进行蒙版运算得到 PET 影像中骨骼、骨髓和骨皮质的组织代谢信息 ;

[0020] 第七步 :骨骼组织 SUV 值及其 BSI 值计算 :分别计算骨骼、骨髓和骨皮质的标准摄取值 (SUV), 并利用该值计算病人骨骼、骨髓和骨皮质的 BSI 值 ;

[0021] 第八步 :基于 BSI 值到诊断 :利用 SUV 和 BSI 与现有确诊病人数据库中的 SUV 和 BSI 比较, 并做出诊断报告。

[0022] 本发明的有益效果 :

[0023] 1、利用改进后的 CV 活动轮廓算法, 加入骨骼限制项, 骨骼组织分割精度高, 算法强壮型明显提高 ;

[0024] 2、基于 PET/CT 影像, 利用 CT 影像分割得到的骨骼空间结构信息获取 PET 影像中的骨骼代谢信息, PET 影像骨骼信息提取准确度高 ;

[0025] 3、引入骨扫描指数最为疾病诊断评估指标, 极大地增加了病人诊断的准确度, 可以发现弥漫性和非均匀性的病灶组织 ;

[0026] 4、实现了全身 CT 影像的骨骼全自动分割和 PET 影像骨骼信息的全自动提取, 完全不需要医生操作, 缩短了病人诊断时间, 并具有可重复性 ;

[0027] 5、可以对通过分割得到的骨骼影像进一步做分割, 得到骨髓和骨皮质的影像, 对病人骨骼代谢异常变化具有更高的灵敏度 ;

[0028] 6、基于 PET/CT 的发热待查诊断方法不仅适用于发热待查, 同时适用于癌症骨转移等会引起骨骼组织代谢异常的疾病, 具有更广泛的适用性。

附图说明

[0029] 图 1 是本发明所提出的工作流程图 ;

[0030] 图 2 是本发明所采用的 PET 插值方法示意图 ;

[0031] 图 3 是本发明所提出的自动去除 CT 影像病床方法和分割结果示意图 ;

[0032] 图 4 是本发明所提出的改进后 CV 活动轮廓分割方法对肋骨的分割结果示意图 ;

[0033] 图 5 是本发明所提出的全身 CT 灰度直方图高斯拟合示意图。

具体实施方式

[0034] 下面结合附图对本发明作进一步介绍。

[0035] 附图 1 为重建流程图, 诊断包括以下几个步骤 :

[0036] 步骤 S101, CT 原始断层影像的分辨率为 $A \times A$, PET 原始断层影像的分辨率为 $B \times B$, 由于成像原理的不同, CT 图像分辨率远远高于 PET 图像分辨率 ($A > B$)。在提取 PET 体素之前, 需要把 PET 影像和 CT 影像转换成相同分辨率。因为把 CT 影像分辨率降低到 PET 影像分辨率会严重影响到 CT 骨骼分割的精度, 所以我们选择把 PET 影像分辨率从 $B \times B$ 插值到 $A \times A$ 。为了最大限度的保持 PET 影像的所有信息, 我们采用最近邻插值方法进行插值。该方法把一个 PET 像素插值为 $n \times n$ 个灰度值相同的像素, 如果与之对应的 CT 图像既有骨骼组织也有非骨骼组织, 通过蒙版运算可以把插值后的 PET 图像分成两部分, 这相当于把一

个原始 PET 像素按照比例分割成两部分,同时不改变 PET 图像原始信息,如附图 2。

[0037] 步骤 S102,在断层成像过程中, PET 不会对不含放射性核素的病床成像,利用 PET 这个特性可以自动去除 CT 影像中的病床。对 PET 影像进行低阈值分割,病人身体部分值为 1,非病人身体部分值为 0。然后对阈值分割影像做高斯模糊处理,消除身体内部的小空洞。最后,把经过高斯处理的 PET 二值影像作为蒙版和 CT 分割影像做蒙版运算,达到去除病床的目的,如附图 3。

[0038] 步骤 S103,人体组织主要分三种,软组织、脂肪和骨骼,不同组织对应 CT 影像中的不同灰度值。CT 影像直方图进行高斯拟合成三个高斯曲线叠加,三个高斯峰分别代表软组织、肌肉和骨骼。但是,在全身扫描的 CT 影像中,由于骨骼组织占人体的比例较小,在 CT 影像的灰度直方图上骨骼的高斯峰完全淹没在软组织峰中,骨骼高斯拟合准确度非常低。所以我们首先拟合两个高斯曲线,

[0039] 分别对应脂肪峰和软组织峰,拟合函数 $y(x)$ 如下:

$$[0040] \quad y(x) = A_s e^{-\left(\frac{x-B_s}{c_s}\right)^2} + A_f e^{-\left(\frac{x-B_f}{c_f}\right)^2} \quad (1)$$

[0041] 其中,s 代表软组织,f 代表脂肪组织。CT 灰度直方图的高斯拟合利用 Levenberg - Marquardt 方法实现。附图 5 中显示了软组织、脂肪高斯拟合的结果图。然后计算软组织峰高斯函数的波峰位置 b 。然后利用下面的方程式计算骨骼分割全局阈值 Threshold:

[0042] $Threshold = b + \omega \times (b - 1000)$ (2) 其中 b 为软组织的高斯波峰横坐标, ω 是权重系数。利用阈值 Threshold 对 CT 影像做阈值分割,获得身体骨骼的二值影像。

[0043] 步骤 S104,对 CT 分割影像进行连通域运算,计算连通域的数量 n ,并对连通域编码,去除连通域小于 10 的噪点连通域。把计算得到的单个连通域最外围轮廓线作为 CV 活动轮廓方法的初始轮廓。把 CT 影像按照连通域分块进行分割可以尽可能的避免无用计算,极大地提高分割算法的计算效率。然后利用改进的 CV 活动轮廓算法对 CT 影像进行分割,如附图 4。Chan and Vese 在 Mumford-Shah (MS) 模型基础上提出了一个简化的分割模型(简称 CV 模型)。但是全身 CT 影像包含全身骨骼,骨骼结构复杂,分割算法面对不同骨骼结构和对比度需要保持较高的分割结果。为满足我们对 CT 骨骼影像分割需求,我们在 CV 模型的基础上进行针对性改进,为 CV 模型加入了骨骼灰度限制项,对于任意曲线变量 C 定义如下的“拟合能量函数”:

[0044]

$$F_1(C) + F_2(C) = \int_{\text{inside}(C)} |I(x) - c_1|^2 + \omega \times |I(x) - \text{Threshold}|^2 dx + \int_{\text{outside}(C)} |I(x) - c_2|^2 + \omega \times |\text{Threshold} - I(x)|^2 dx \quad (3)$$

[0045] (2) 式中 C 是任意曲线变量, c_1 和 c_2 是依赖于 C 的常数,它们分别是曲线 C 内部、外部区域的灰度平均值, Threshold 是步骤 S103 中的全局骨骼阈值, ω 是骨骼灰度限制项的权重系数。附图 4 中对改进后的 CV 模型和原始 CV 模型的肋骨分割效果进行了对比,如图所示改进后的 CV 模型对背景复杂的 CT 影像具有很好地适应性。

[0046] 步骤 S105, CT 分割影像后期处理:在分割过程中脊柱位置有一部分脊髓会被误分

为骨髓。在分割得到骨髓组织中,筛选排除位于身体中间脊柱以外的骨髓组织。因为误分脊髓相比骨髓在形状和实心度方面都有明显差异,利用该特征筛选可以准确去除分割结果中被误认为骨髓的脊髓组织。;

[0047] 步骤 S106,利用步骤 S105 的 CT 影像分割结果提取插值后的 PET 影像中的骨骼组织部分,获得 PET 影像中的骨骼组织代谢信息。

[0048] 步骤 S107,利用提取到的骨骼代谢 PET 影像计算骨骼组织体素 SUV 值,并利用该值计算病人骨骼代谢的 BSI 值。

[0049] 计算骨骼组织体素的 SUV_{bw} ,计算公式如下:

$$[0050] \quad SUV_{bw} = \frac{\text{tissue concentration}(MBq/mL)}{\text{injected dose}(MBq)/\text{body weight}(g)} \quad (4)$$

[0051] SUV_{bw} 是经过体重校正的 SUV。统计骨组织体素总数,计算所有骨组织体素的 SUV 平均值,然后统计骨骼组织体素的 SUV 值分布,计算 SUV 值大于 1.2 的骨组织体素比例,即骨扫描指数值。

[0052] 步骤 S108,对步骤 S107 的结果进行统计,对病人做出疾病诊断报告:病人骨骼组织的 BSI 值越高病人患病的几率越大,统计分析确诊病人 BSI 值数据库,获取 BSI 最佳阈值。对比病人骨骼组织的 BSI 值和 BSI 最佳阈值,高于 BSI 最佳阈值病人患病可能性高,低于 BSI 最佳阈值病人患病可能性低,这可以辅助医生对发热待查病人进行诊断。

[0053] 虽然参考优选实施例对本发明进行描述,但以上所述实例并不构成本发明保护范围的限定,任何在本发明的精神及原则内的修改、等同替换和改进等,均应包含在本发明的权利要求保护范围内。

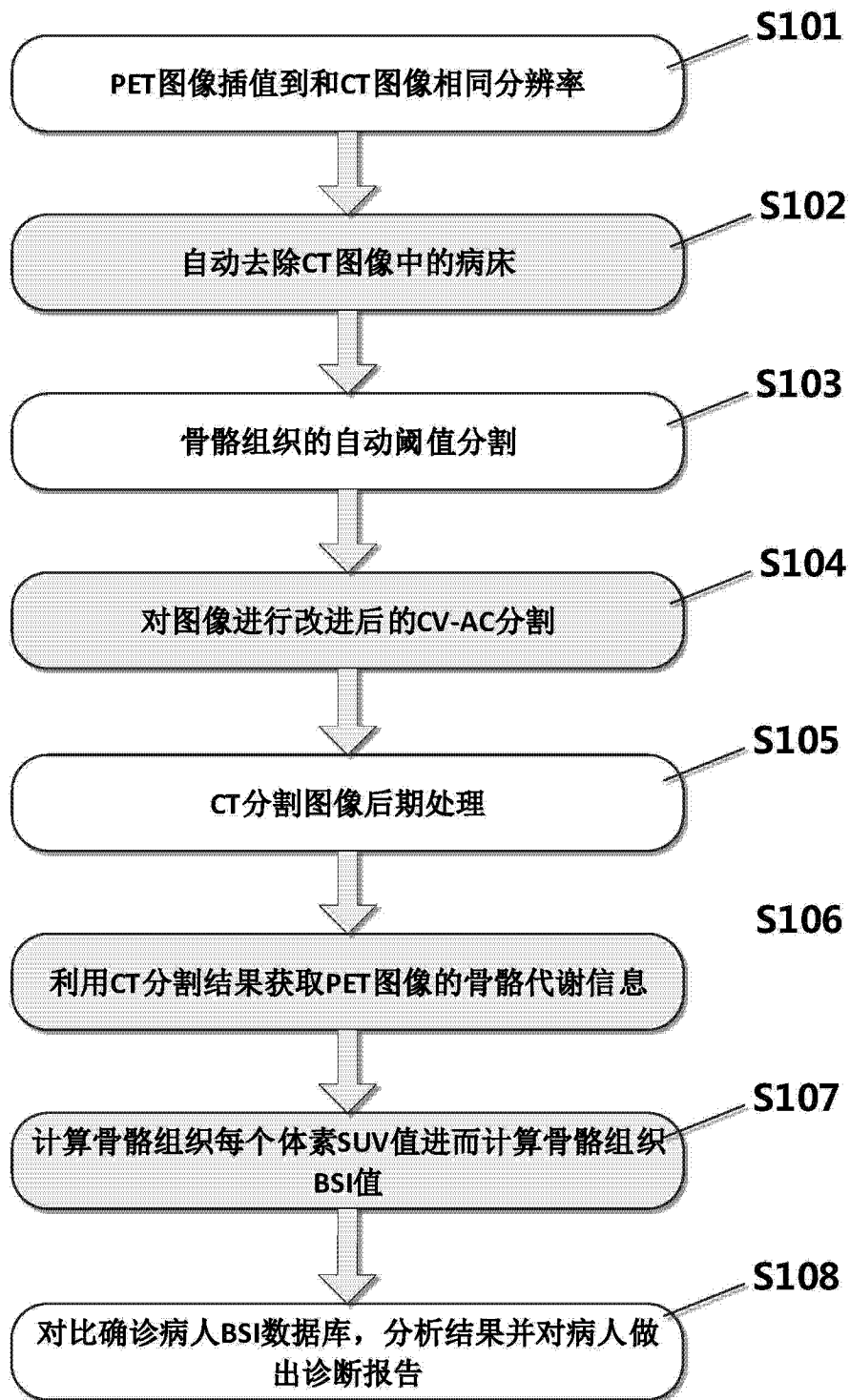


图 1

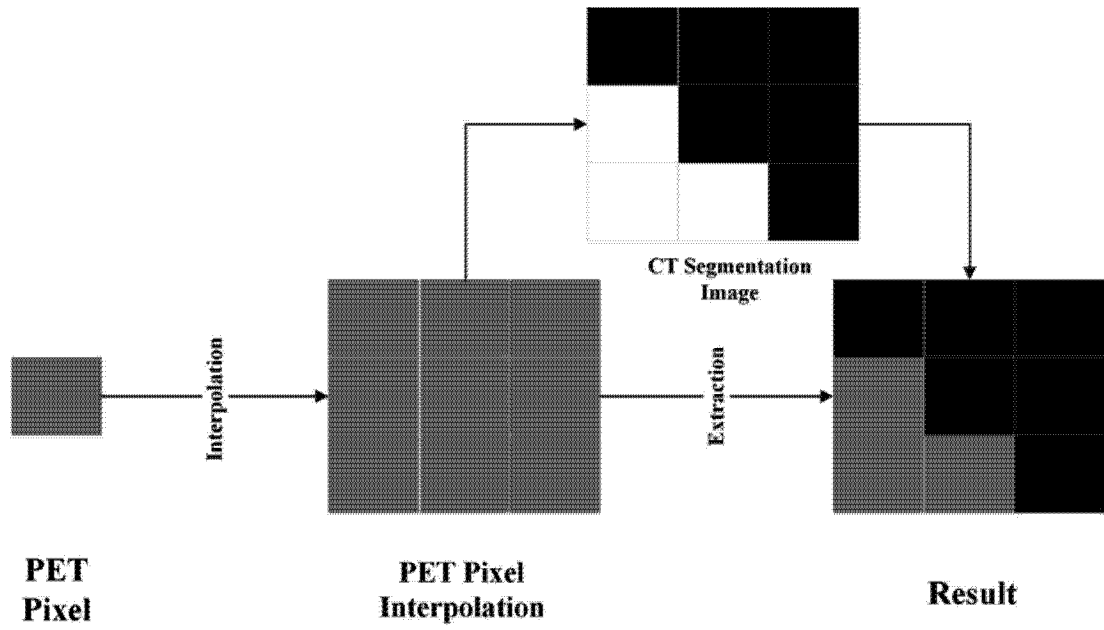


图 2

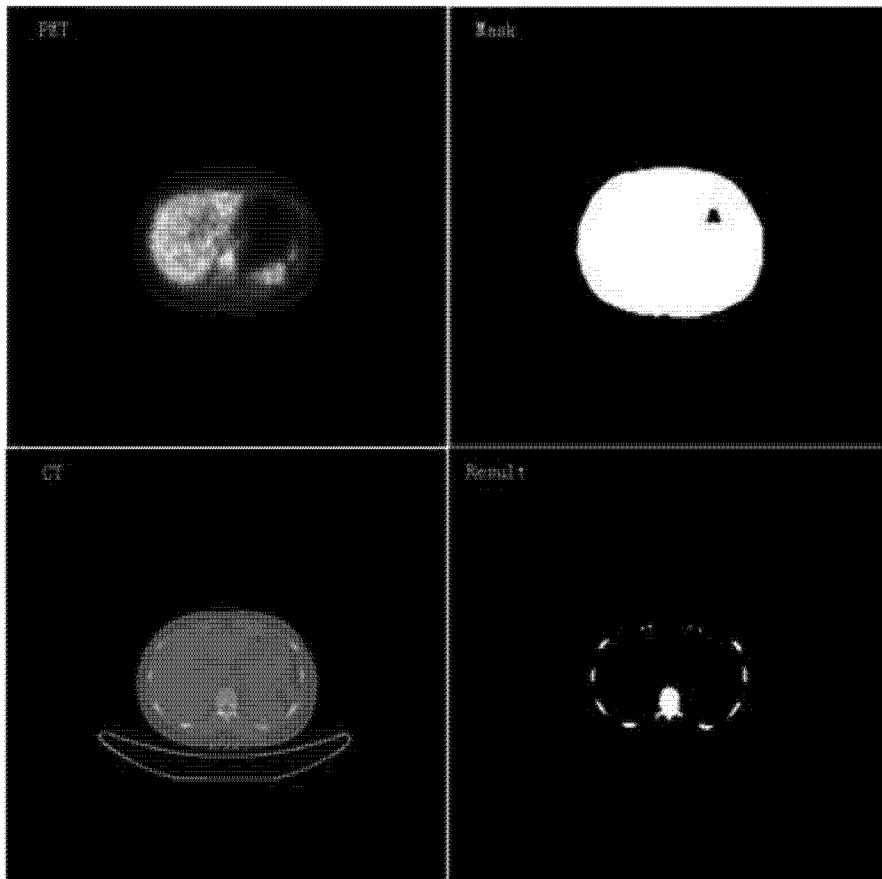


图 3

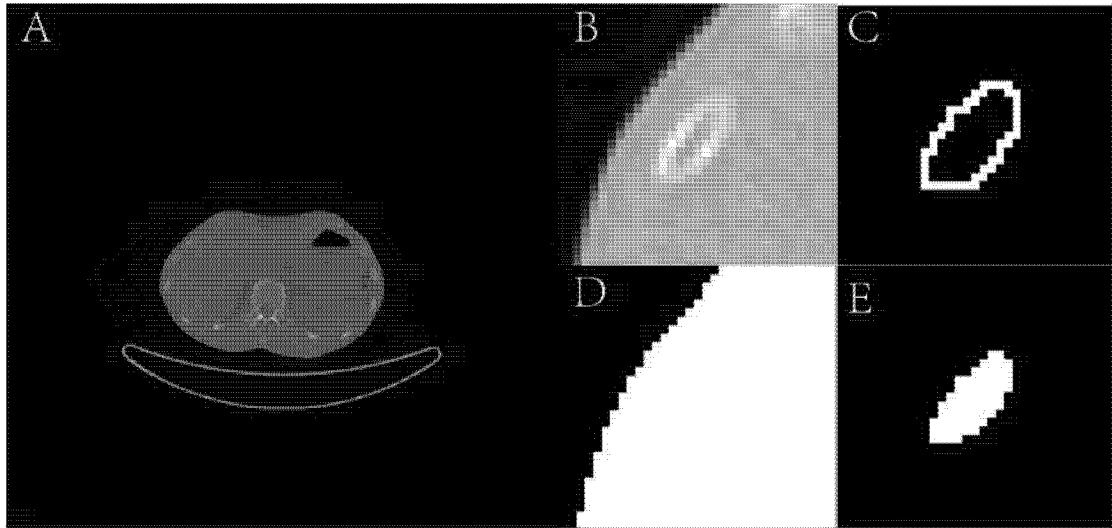


图 4

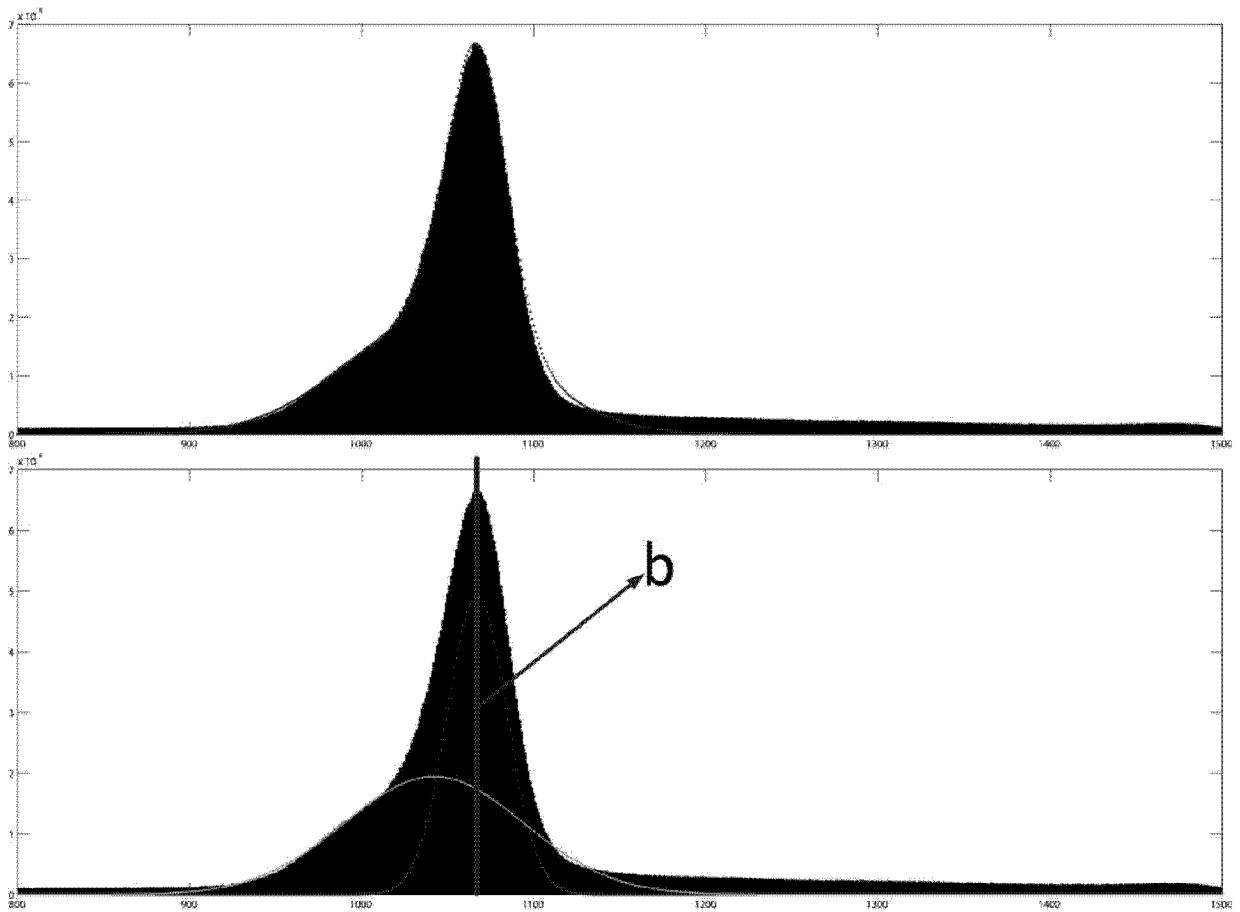


图 5