江苏大学学报(自然科学版)
JOURNAL OF JIANGSU UNIVERSITY(Natural Science Edition)
2017 年 7 月
July 2017
第 38 卷 第 4 期
Vol. 38 No. 4
doi: 10.3969/j.issn.1671 -7775.2017.04.013

基于空间特征联合核稀疏表示的脑肿瘤提取方法

刘定一[1], 刘亚军[2], 詹天明[3]
(1. 三江学院 计算机科学与工程学院, 江苏 南京 210012; 2. 东南大学 计算机科学与工程学院, 江苏 南京 210000; 3. 江苏大学 计算机科学与通信工程学院, 江苏 镇江 212013)

摘要: 为了提高融合多序列 MR 图像应用于脑肿瘤提取时分割区域的准确性,基于核稀疏表示分类方法,联合多序列 MR 图像中的空间结构和灰度特征信息,提出一种空间特征联合的脑肿瘤核稀疏表示分类方法. 首先构建各个类别的子字典,再用邻域滤波核稀疏表示方法对多序列脑 MR 图像进行分类,该邻域滤波核可以有效地将灰度特征与空间结构结合起来提高脑肿瘤提取的准确性. 对国际数据库 MICCAI BraTS 提供的临床和仿真数据进行分割. 结果表明:与稀疏表示分类方法相比,所提出的基于空间特征联合核稀疏表示的脑肿瘤提取方法由于增加了空间结构信息,所得的提取准确率提高了 5% ~6%.

关键词: 脑肿瘤提取; 多序列核磁共振图像; 核稀疏表示; 邻域核; 空间特征联合
中图分类号: TP391.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1671 -7775(2017)04 -0449 -06
引文格式: 刘定一,刘亚军,詹天明. 基于空间特征联合核稀疏表示的脑肿瘤提取方法[J]. 江苏大学学报(自然科学版),2017,38(4):449 -454.

Brain tumor extraction based on spatial-feature combining kernel sparse representation

LIU Dingyi[1], *LIU Yajun*[2], *ZHAN Tianming*[3]
(1. College of Computer Science and Engineering, Sanjiang University, Nanjing, Jiangsu 210012, China; 2. School of Computer Science and Engineering, Southeast University, Nanjing, Jiangsu 210000, China; 3. School of Computer Science and Communication Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang, Jiangsu 212013, China)

Abstract: To improve the brain tumor extraction accuracy by multisequence MR image, the spatial-feature combining kernel sparse representation (KSR) was proposed to connect spatial structure information and intensity feature information for brain tumor extraction. The sub-dictionary of each label was built, and the neighboring filtering kernel based on KSR was applied to extract brain tumor from MSMR images. The spatial information and the intensity feature information were combined in the proposed method to improve the accuracy of brain tumor extraction. The clinical and simulation data from MICCAI BraTS dataset were divided by the proposed method. The results show that compared with sparse representation method, the proposed brain tumor extraction method based on spatial-feature kernel sparse representation can increase the brain tumor extraction accuracy by 5% ~6% due to the introducing of spatial structure information.

收稿日期: 2016 -08 -07
基金项目: 国家自然科学基金青年科学基金资助项目(61502206); 江苏省自然科学基金青年基金资助项目(BK20150523); 江苏省博士后基金资助面上项目(1402094C); 江苏大学科研启动基金资助项目(14JDG041)
作者简介: 刘定一(1983—),男,江苏靖江人,实验师(sjldyldy@163.com),主要从事计算机图像分析与高性能计算研究.
刘亚军(1953—),女,江苏南京人,教授(zgzswan@sina.com),主要从事计算机高性能计算与大数据分析研究.

Key words: brain tumor extraction; multi-sequence magnetic resonance image; kernel sparse representation; neighboring filtering kernel; spatial-feature combining

颅内肿瘤又称“脑瘤”,是神经外科最常见的疾病.在临床检查中,医学成像方式已成为脑肿瘤主要诊断方式[1].目前用于脑肿瘤检查和诊断的成像方式主要有核磁共振成像(MRI)、CT 成像、PET 成像以及 SPECT 成像等方式.每一种成像方式都有它特殊的成像机理,并在脑肿瘤检查和诊断中发挥各自的作用.目前临床上常用于脑肿瘤检查和诊断的成像方式是核磁共振成像.该成像方式对人体没有电离辐射损伤,且对软组织有较好的分辨率,因此非常适合用于人脑成像.

随着核磁共振成像的发展,研究发现可通过调节参数绘制人脑内部各种不同类型的影像.不同参数所成的像对应不同的序列,这些不同序列图像常常被结合起来组成多序列图像,并用于脑部病变区域的分割和提取[2].目前常用于脑肿瘤检查和诊断的图像序列有 T1 权重图像(T1 序列)、T2 权重图像(T2 序列)、T1 增强序列图像(T1C 序列)和液体衰减反转恢复序列图像(FLAIR 序列).图 1 显示了这 4 个序列图像.

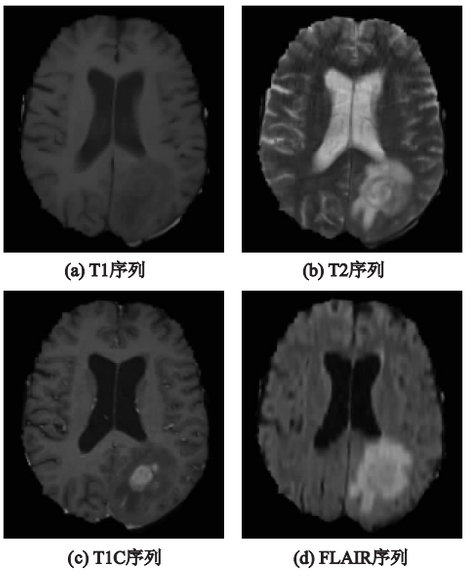


图 1 多序列脑核磁共振图像

从图 1 可见,脑肿瘤和脑组织在不同序列图像中所呈现的状态是不一样的.在 T1 序列中,肿瘤区域与组织区域的区分度不是很清晰,但脑组织间的区分度较高.在 T2 序列中,肿瘤区域与脑脊液区域的灰度值较近,在图像中呈高亮度特点.在 T1C 序列中,肿瘤区域中的活跃部分呈高亮度信号,而被活跃部分包围的坏死部分呈现低亮度信号,肿瘤周边的水肿区域的灰度与组织中的灰质的灰度比较接近.而在 FLAIR 序列中,肿瘤及其水肿区域则整体呈现高亮度信号.

由于每个序列图像在肿瘤区域所呈现出的状态不一致且很难在某一个序列图像中将肿瘤区域与其他区域进行区分,因此联合多序列图像对脑肿瘤进行提取是现在临床研究的热点[3-4].目前,很多机器学习的方法[5-8]被广泛应用于多序列核磁共振图像的脑肿瘤提取中.这些方法通过对手动标记的样本进行训练得到模型参数,再用分类模型对剩下的样本进行测试,从而得到每个样本所属的类别.由于有人工标记的样本指导,最终的脑肿瘤提取结果比较符合预期.但是传统的机器学习方法在应用到脑肿瘤提取时需要对肿瘤中的坏死区域和活跃区域、水肿区域以及三类脑组织分别选择各自的训练样本.而测试样本的分类结果是属于各个子类,因此要实现肿瘤区域提取则需要将肿瘤中的坏死区域和活跃区域相加.虽然该方法能得到脑肿瘤的提取结果,但并不符合临床需求.

为在临床上直接满足肿瘤整体提取的需求,稀疏表示分类方法已经被成功应用到这一任务中[9].该方法首先用各个类别中选取的训练样本构建包含肿瘤区域、水肿区域以及脑组织区域的字典.测试样本可以用字典中所有原子的线性组合表示,且其系数向量需满足稀疏性约束.通过求解模型,计算出测试样本在各个子字典上的表示残差即可实现分类的目的.该方法的主要问题是只对单一的样本进行分类,未考虑图像中的空间结构信息.而对医学图像而言,空间结构信息对目标提取的准确性非常重要.

文中拟提出一种空间特征联合的脑肿瘤核稀疏表示分类方法.首先将肿瘤区域、水肿以及脑组织中的训练样本所在的图像块拉成向量建立具有鉴别性的字典,再用邻域滤波核稀疏表示方法对多序列脑 MR 图像进行分类,该邻域滤波核可以有效地将灰度特征与空间结构结合起来,以提高脑肿瘤提取的准确性.

1 稀疏表示分类器与核稀疏表示分类器

设由训练样本构建的字典为 $\boldsymbol{D}=[\boldsymbol{D}_1,\boldsymbol{D}_2,\cdots,$

$\boldsymbol{D}_k]$，其中 k 表示类别个数，$\boldsymbol{D}_i$ 表示第 i 个类别的子字典：$\boldsymbol{D}_i=[\boldsymbol{d}_{i1},\boldsymbol{d}_{i2},\cdots,\boldsymbol{d}_{in_i}]$，$n_i$ 是该子字典中训练样本的个数. 给定测试样本 $\boldsymbol{y}$，其可以由字典中所有原子的稀疏线性组合表示，即

$$\boldsymbol{y}=\alpha_{11}\boldsymbol{d}_{11}+\alpha_{12}\boldsymbol{d}_{12}+\cdots+\alpha_{1n_1}\boldsymbol{d}_{1n_1}+\cdots+\alpha_{k1}\boldsymbol{d}_{k1}+\alpha_{k2}\boldsymbol{d}_{k2}+\cdots+\alpha_{kn_k}\boldsymbol{d}_{1n_k},\tag{1}$$

可写为

$$\boldsymbol{y}=\boldsymbol{D}\boldsymbol{\alpha},\tag{2}$$

式中 $\boldsymbol{\alpha}$ 为稀疏表示系数向量，其值可通过求解最小化问题得到，即

$$\min\frac{1}{2}\|\boldsymbol{y}-\boldsymbol{D}\boldsymbol{\alpha}\|_2^2+\lambda\|\boldsymbol{\alpha}\|_1,\tag{3}$$

式中 λ 为调节 $\boldsymbol{\alpha}$ 稀疏度的参数. $\boldsymbol{y}$ 的类别可通过与它在每个子字典上线性组合的残差求得，即

$$L(\boldsymbol{y})=\underset{i}{\operatorname{argmin}}\|\boldsymbol{y}-\boldsymbol{D}_i\boldsymbol{\alpha}_i\|_2.\tag{4}$$

当数据集不是线性可分时，稀疏表示分类器的分类效果将会显著下降. 对于线性不可分的情况，一般使用核方法将数据投影到高维特征空间，使得数据在高维特征空间内线性可分. 基于这一思想，LIU J. J. 等[10]提出核稀疏表示分类方法. 设 φ 是特征映射函数，将测试样本和字典都映射到高维特征空间：$\boldsymbol{y}\rightarrow\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{y})$ 和 $\boldsymbol{D}=[\boldsymbol{D}_1,\boldsymbol{D}_2,\cdots,\boldsymbol{D}_k]\rightarrow\boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{D})=[\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{D}_1),\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{D}_2),\cdots,\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{D}_k)]$，与式(3)类似，核稀疏表示分类方法需求解最小化问题，即

$$\min_{\alpha}\frac{1}{2}\|\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{y})-\boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{D})\boldsymbol{\alpha}\|_2^2+\lambda\|\boldsymbol{\alpha}\|_1,\tag{5}$$

而 $\boldsymbol{y}$ 的分类结果可由下式决定，即

$$L(\boldsymbol{y})=\underset{i}{\operatorname{argmin}}\|\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{y})-\boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{D}_i)\boldsymbol{\alpha}_i\|_2.\tag{6}$$

由于 $\boldsymbol{\varphi}$ 是隐式函数，在实际应用中常用核函数的方式来表示高维特征的内积形式，即

$$K(\boldsymbol{y}_i,\boldsymbol{y}_j)=\langle\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{y}_i),\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{y}_j)\rangle.\tag{7}$$

通过式(7)的转化，核稀疏表示的分类方法可以直接使用核方程无需再考虑如何表示特征映射方程 $\boldsymbol{\varphi}$. 将式(7)带入到(5)中，最小化问题可以表示为

$$\min_{\boldsymbol{\alpha}}\frac{1}{2}\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Q}\boldsymbol{\alpha}-\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{p}+\lambda\|\boldsymbol{\alpha}\|_1+C,\tag{8}$$

式中：$C=(1/2)K(\boldsymbol{y},\boldsymbol{y})$ 为常数；$\boldsymbol{Q}$ 为矩阵，且 $\boldsymbol{Q}_{i,j}=K(\boldsymbol{d}_i,\boldsymbol{d}_j)$；$\boldsymbol{p}$ 为向量，且 $\boldsymbol{p}_i=K(\boldsymbol{d}_i,\boldsymbol{y})$. 同理，分类准则可表示为

$$L(\boldsymbol{y})=\underset{i}{\operatorname{argmin}}\boldsymbol{\alpha}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Q}\boldsymbol{\alpha}_i-2\boldsymbol{\alpha}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{p}.\tag{9}$$

2　空间特征联合的脑肿瘤提取方法

设多序列脑图像 $\boldsymbol{I}=\{\boldsymbol{I}^{\mathrm{T1}},\boldsymbol{I}^{\mathrm{T2}},\boldsymbol{I}^{\mathrm{T1C}},\boldsymbol{I}^{\mathrm{FLAIR}}\}$，首先将训练样本在各个序列图像中的邻域提取出来，再将每个序列的邻域块转为向量形式，再将 4 个序列的向量相结合得到训练样本在多序列图像中的特征，即

$$\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x})=[\boldsymbol{v}_{\mathrm{T1}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{T2}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{T1C}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{FLAIR}}(\boldsymbol{x})],\tag{10}$$

式中 $\boldsymbol{v}_{\mathrm{T1}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{T2}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{T1C}}(\boldsymbol{x}),\boldsymbol{v}_{\mathrm{FLAIR}}(\boldsymbol{x})$ 分别为训练样本 $\boldsymbol{x}$ 在不同序列图像中的邻域块组成的向量. 按照该方法将所有的训练样本都转变为特征向量形式，通过合并可以组成用于测试样本表示的字典. 在得到该字典后，可以核稀疏表示分类方法对测试样本进行分类. 传统的核稀疏表示分类方法大都采用高斯核函数，该核函数可以度量数据间的相似性，但无法体现图像的空间结构信息. 但在脑肿瘤提取的问题中，像素在空间中的分布是具有一定的相关性的. 在众多核函数中，邻域滤波核[10]的特点是在特征空间中计算相邻像素的空间相似性，因此非常适合脑肿瘤的提取. 设 Ω 是图像的一个块，其大小为 $\omega\times\omega\times\omega$，该图像块中的像素表示为 $\boldsymbol{x}^m$，$m=1,2,\cdots,\omega^3$. 邻域滤波可表示为

$$\boldsymbol{NF}(\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x})))=\frac{1}{\sum_m\boldsymbol{w}^m}\sum_{m=1}^{\omega^3}\boldsymbol{w}^m\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}^m)),\tag{11}$$

式中 $\boldsymbol{w}^m=\exp(-\gamma_0\|\boldsymbol{x}-\boldsymbol{x}^m\|_2^2)$，其核函数表示为

$$\boldsymbol{K}_{NF}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_i),\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_j))=\langle\boldsymbol{NF}(\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_i))),\boldsymbol{NF}(\boldsymbol{\varphi}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_j)))\rangle=\frac{\sum_{m=1}^{\omega^3}\sum_{n=1}^{\omega^3}\boldsymbol{w}_i^m\boldsymbol{w}_j^n\boldsymbol{K}(\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_i^m),\boldsymbol{v}(\boldsymbol{x}_j^n))}{\sum_m\boldsymbol{w}_i^m\sum_n\boldsymbol{w}_j^n}.\tag{12}$$

将邻域滤波核带入式(8)中，通过求解如下最优化问题可得到分类系数 $\boldsymbol{\alpha}$，即

$$\min_{\boldsymbol{\alpha},\boldsymbol{u}}\frac{1}{2}\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Q}\boldsymbol{\alpha}-\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{p}+\lambda\|\boldsymbol{u}\|_1,\ \text{s.t. }\boldsymbol{u}=\boldsymbol{\alpha}.\tag{13}$$

根据文献[10]，可用 ADMM 方法求解式(13)，其迭代过程为

$$\begin{cases}(\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)},\boldsymbol{u}^{(t+1)})=\operatorname{argmin}_{\boldsymbol{\alpha},\boldsymbol{u}}\dfrac{1}{2}\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Q}\boldsymbol{\alpha}-\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{p}+\lambda\|\boldsymbol{u}\|_1+\dfrac{\mu}{2}\|\boldsymbol{\alpha}-\boldsymbol{u}-\boldsymbol{d}^{(t)}\|_2^2,\\ \boldsymbol{d}^{(t+1)}=\boldsymbol{d}^{(t)}-(\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}-\boldsymbol{u}^{(t+1)}),\end{cases}\tag{14}$$

式中 $\mu>0$ 是参数. $\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}$ 和 $\boldsymbol{u}^{(t+1)}$ 的解为

$$\begin{cases}\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}=(\boldsymbol{Q}+\mu I)^{-1}(\boldsymbol{p}+\mu(\boldsymbol{u}^{(t)}+\boldsymbol{d}^{(t)})),\\ \boldsymbol{u}^{(t+1)}=soft(\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}-\boldsymbol{d}^{(t)},\dfrac{\lambda}{\mu}),\end{cases}\tag{15}$$

其中 $soft(\cdot,\tau)$ 是软阈值方程，即

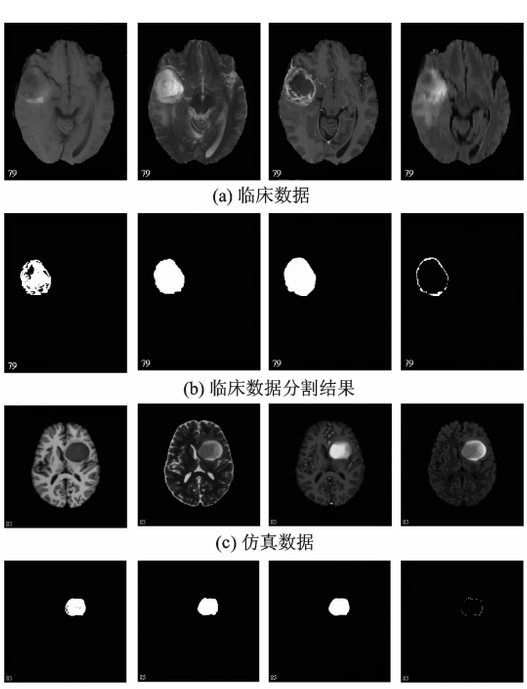
$$y\leftarrow\operatorname{sign}(y)\max\{|y|-\tau,0\}.$$

基于核稀疏表示分类的脑肿瘤提取算法步骤如下：① 根据训练样本及其在多序列脑图像中的小邻域构建字典；② 提取测试样本在多序列脑图像中的特征向量；③ 选取邻域滤波核；④ 计算矩阵 $\boldsymbol{Q}$ 和向量 $\boldsymbol{p}$；⑤ 迭代计算 $\boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}$ 和 $\boldsymbol{u}^{(t+1)}$ 直到收敛；⑥ 由式(9)计算测试样本的特征向量在不同子类中的表示残差；⑦ 根据残差最小原则对测试样本进行分类.

3 试验结果与分析

2013 年国际会议 MICCAI 发起的挑战之一脑肿瘤分割中的数据被用于验证文中方法的有效性. 文中测试了其中 10 组数据，其中 5 组是临床数据，5 组仿真数据. 每个数据都包含 T1，T2，T1C，FLAIR 这 4 种序列图像. 不失一般性，参数选择如下：$\omega=3$，$\mu=10^{-3}$，$\lambda=10^{-4}$，收敛条件 $\varepsilon=\|\alpha^{(t+1)}-\alpha^{(t)}\|_2^2/\|\alpha^{(t)}\|^2\leqslant 0.001$.

图 2 为两组脑肿瘤数据的分割结果.



(a) 临床数据

(b) 临床数据分割结果

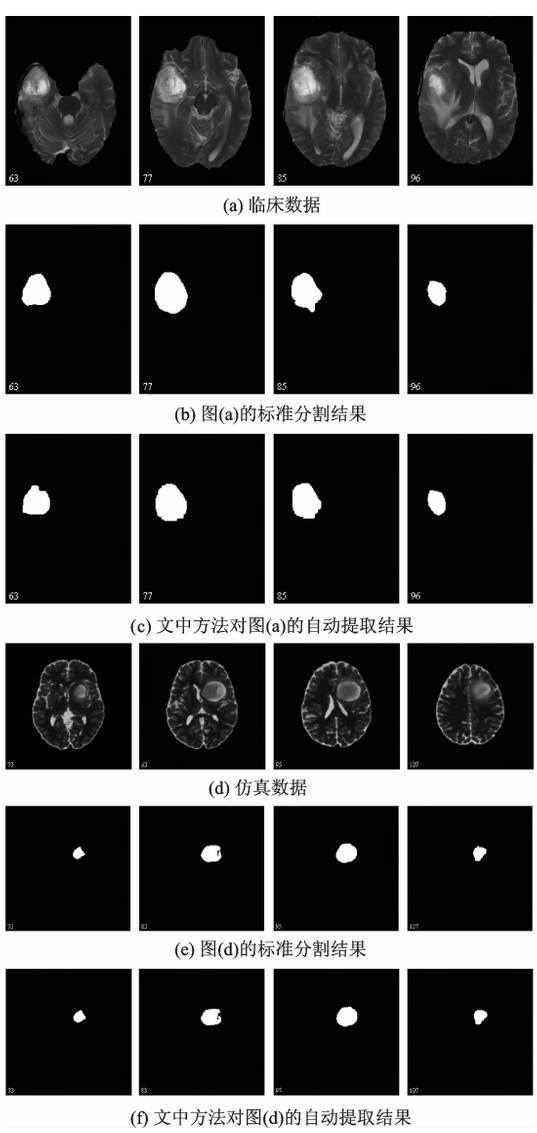
(c) 仿真数据

(d) 仿真数据分割结果

图 2 稀疏表示分类方法和核稀疏表示分类方法的肿瘤提取结果对比

图 2a，2c 分别显示了一组临床数据和仿真数据的某一帧图像，从左到右则分别为 T1，T2，T1C，FLAIR 序列图像. 从图中可见肿瘤区域、水肿区域以及脑组织在这 4 种不同序列图像中的灰度特征是不同的. 图 2b，2d 为图 2a，2c 对应的脑肿瘤提取结果，从左到右分别为稀疏表示分类方法、文中方法的提取结果、数据库中给出的手动提取结果以及文中方法与手动提取结果的差异图像. 从对应的脑肿瘤提取结果中可见文中方法所得结果优于稀疏表示分类方法的结果，主要原因是文中方法通过核方法有效地将空间结构信息引入到提取准则中，使得肿瘤和水肿的提取结果都呈块状结构，这体现了肿瘤在图像中所呈现的真实状态.

图 3 为文中方法在临床数据和仿真数据中不同帧的提取结果，以展示文中方法在三维数据中提取脑肿瘤的表现.



(a) 临床数据

(b) 图(a)的标准分割结果

(c) 文中方法对图(a)的自动提取结果

(d) 仿真数据

(e) 图(d)的标准分割结果

(f) 文中方法对图(d)的自动提取结果

图 3 文中方法与手动提取结果对比

图 3a,3d 分别展示临床数据和仿真数据的 T2 序列图像,每行显示了对应图像的 4 个不同帧. 图 3b,3e 显示了数据库给出的脑肿瘤手动提取结果,图 3c,3f 则显示了文中方法所得的脑肿瘤区域的提取结果. 从图中可见文中方法所得的三维提取结果与手动提取结果非常接近,这表明文中方法可以有效地在多序列三维核磁共振数据中较准确地提取脑肿瘤.

为定量分析和比较,采用 Jaccard 指标[11]来衡量脑肿瘤的提取结果. Jaccard 指标越高表明提取结果越接近手动提取结果. 表 1 显示了稀疏表示分类方法(SRC)、传统核稀疏表示分类方法(KSRC)以及文中所提出的基于邻域滤波核表示分类方法的 Jaccard 指标.

表 1　不同方法在临床数据和仿真数据中提取脑肿瘤的 Jaccard 指标

数据	数据集	Jaccard 指标		
		SRC	KSRC	文中方法
临床	Case 1	0.74	0.84	0.87
	Case 2	0.74	0.80	0.83
	Case 3	0.66	0.76	0.88
	Case 4	0.63	0.75	0.79
	Case 5	0.68	0.78	0.83
	平均值	0.69	0.78	0.84
仿真	Case 1	0.90	0.91	0.97
	Case 2	0.87	0.90	0.92
	Case 3	0.83	0.84	0.90
	Case 4	0.79	0.85	0.90
	Case 5	0.83	0.87	0.93
	平均值	0.84	0.87	0.92

由表 1 可见,3 种方法在临床数据和仿真数据中的平均 Jaccard 指标为 0.69,0.78,0.84 以及 0.84,0.87,0.92. 从结果可见由于通过核函数将数据中低维空间映射到高维空间,采用核稀疏表示分类方法的分割结果更好,而与传统的核稀疏表示分类方法相比,邻域滤波核稀疏表示方法因结合了图像的空间结构信息,因而其提取结果更加准确.

表 2 列出文中方法与几种经典的脑肿瘤提取方法在 Dice 指标(dice similarity coefficient, D_{DSC}),阳性预测值(positive predictive value, P_{PPV})和敏感度(S_{SEN})方面的对比结果. 这 3 个指标值越高说明提取结果越准确.

由表 2 可见,文中方法的提取结果的 *DSC* 值和 *PPV* 值在仿真数据和临床数据上都高于其他几个方法的指标,而敏感度值也接近最优值. 对比试验结果表明文中方法的脑肿瘤提取结果略优于已有的经典脑肿瘤提取方法.

表 2　文中方法与经典方法的比较结果

数据	方法	D_{DSC}	P_{PPV}	S_{SEN}
仿真	文中方法	0.93	0.97	0.94
	LIPC	0.92		
	Zikic	0.91		
	Bauer	0.87		
临床	文中方法	0.88	0.89	0.85
	LIPC	0.86		
	CNNs	0.88	0.88	0.80
	Zhao	0.83	0.77	0.89

4　结　论

1) 所提出的基于核稀疏表示分类的脑肿瘤提取方法不仅适用于多序列脑核磁共振图像的脑肿瘤提取,还适用于多模态脑图像的脑肿瘤提取.

2) 文中通过应用邻域滤波核可以将当前样本与其邻域样本的相关性用于分类准则中,使得测试样本的分类结果不仅体现其特征信息同时也体现其空间结构信息.

3) 临床数据和仿真数据的测试结果显示采用核稀疏表示分类方法较稀疏表示分类方法提取准确率提高了 5% ~6%,但核稀疏表示分类方法的运行时间较长.

参考文献(References)

[1] GORDILLO N, MONTSENY E, SOBREVILLA P. State of the art survey on MRI brain tumor segmentation[J]. Magnetic Resonance Imaging, 2013, 31(8): 1426 - 1438.

[2] 詹天明,詹永照,冯灿. 时间维信息的4D多发性硬化损伤区域分割方法[J]. 江苏大学学报(自然科学版), 2015, 36(5):566 - 572.
ZHAN T M, ZHAN Y Z, FENG C. 4D MS lesion segmentation method based on temporal information[J]. Journal of Jiangsu University(Natural Science Edition), 2015, 36(5): 566 - 572. (in Chinese)

[3] MAJUMDER P, KSHIRSAGAR V P. Brain tumor segmentation and stage detection in brain MR images with 3D assessment[J]. International Journal of Computer Applications, 2013, 84(15): 16 - 19.

[4] TUSTISON N J, SHRINIDHI K L, WINTERMARK M, et al. Optimal symmetric multimodal templates and concatenated random forests for supervised brain tumor segmentation (simplified) with ANTsR[J]. Neuroinformatics, 2015,13(2):209 - 225.

[5] JIANG J, WU Y, HUANG M Y, et al. 3D brain tumor

segmentation in multimodal MR images based on learning population- and patient-specific feature sets[J]. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2013, 37(7/8): 512 - 521.

[6] BAUER S, NOLTE L P, REYES M. Fully automatic segmentation of brain tumor images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization[C]// Proceedings of the 14th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention. Heidelberg: Springer Verlag, 2011: 354 - 361.

[7] MEIER R, BAUER S, SLOTBOOM J, et al. Patient-specific semi-supervised learning for postoperative brain tumor segmentation[J]. Lecture Notes in Computer Science, 2014, 8673: 714 - 721.

[8] ZHANG N, RUAN S, LEBONVALLET S, et al. Kernel feature selection to fuse multi-spectral MRI images for brain tumor segmentation[J]. Computer Vision and Image Understanding, 2011, 115(2): 256 - 269.

[9] ZHAN T M, GU S H, FENG C, et al. Brain tumor segmentation from multispectral MRIs using sparse representation classification and Markov random field regularization[J]. International Journal of Signal Processing, Image Processing and Pattern Recognition, 2015, 8(9): 229 - 238.

[10] LIU J J, WU Z B, WEI Z H, et al. Spatial-spectral kernel sparse representation for hyperspectral image classification[J]. IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing, 2013, 6(6): 2462 - 2471.

[11] ZHAN T M, ZHANG J, XIAO L, et al. An improved variational level set method for MR image segmentation and bias field correction[J]. Magnetic Resonance Imaging, 2013, 31(3): 439 - 447.

(责任编辑 梁家峰)