



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 103479398 A

(43) 申请公布日 2014. 01. 01

(21) 申请号 201310423058. 2

(22) 申请日 2013. 09. 16

(71) 申请人 华南理工大学

地址 510640 广东省广州市天河区五山路
381 号

(72) 发明人 林春漪 周建华 高永振 陈秋彬
姚若河 黄庆华

(74) 专利代理机构 广州市华学知识产权代理有
限公司 44245

代理人 蔡茂略

(51) Int. Cl.

A61B 8/08 (2006. 01)

权利要求书4页 说明书8页 附图4页

(54) 发明名称

一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的
检测方法

(57) 摘要

本发明公开了肝组织微结构的检测方法, 步骤为: (1) 获取肝组织区域连续 P 帧超声回波射频 RF 信号, 解调得到 RF 信号的 B 型图; (2) 在 B 型图上选择感兴趣区域 ROI, 获取感兴趣区域内超声回波射频 RF 信号; (3) 获取感兴趣区域 ROI 内每个射频流的 Higuchi 的 FD 特征; (4) 计算每个射频流的功率谱; (5) 分别对 FD 特征和功率谱作平均处理; (6) 提取功率谱特征; (7) 使用一个预先训练好的神经网络模型, 将平均处理后的 Higuchi 分形特征及功率谱特征输入到神经网络, 根据输出检测肝组织微结构变化。具有检测方法简单及准确度高的优点, 检测结果与肝组织的其他参数信息结合可作为判断早期肝纤维化的定量参考信息。



1. 一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,包括以下步骤:

(1) 使用超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域,获取肝组织区域的连续 P 帧超声回波射频 RF 信号,解调某一帧得到超声回波射频 RF 信号的 B 型图;

(2) 在 B 型图上选择感兴趣区域 ROI,获取感兴趣区域 ROI 内每一像素点同一空间位置的连续 P 帧超声回波射频 RF 信号,形成数据长度为 P 帧的 RF 时间序列的射频流;

(3) 获取感兴趣区域 ROI 内的每个射频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征;

(4) 对每个射频流进行快速傅里叶变换,计算每个射频流的功率谱;

(5) 将区域 ROI 所有射频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征和功率谱分别作平均处理;

(6) 针对平均处理后的功率谱,提取功率谱特征;

(7) 使用一个预先训练好的神经网络模型,将步骤 (5) 中平均处理后的 Higuchi 分形特征及步骤 (6) 中的功率谱特征输入到预先训练好的神经网络模型中,根据神经网络模型的输出确定肝组织微结构是否发生变化及判断变化程度。

2. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,所述步骤 (2) 中 B 型图区域 ROI 的大小 $M1 \times M2$,其中 $M1$ 为区域 ROI 横向上的像素点个数, $M2$ 为区域 ROI 竖向上的像素点个数;在区域 ROI 上包含有 $M1 \times M2$ 个数据长度为 P 的 RF 时间序列射频流。

3. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,所述步骤 (3) 中射频流 Higuchi 分形维数 FD 特征获取过程如下:

(3-1) 首先对每个射频流的时间序列 $\{x(m)\}$ 进行相位空间重构,将它在某些固定的时间延迟点的值作为新维处理,得到某个多维空间的一点:

$$x_m^k = \{x(m), x(m+k), \dots, x(m + \lfloor (N-m)/k \rfloor k)\}, \quad m=1, 2, \dots, k;$$

其中 $\lfloor (N-m)/k \rfloor$ 为相位空间的维数,它是一个整数, m 为起始时间, k 为固定延迟, N 为该序列的总长;其中 $N = P$;

(3-2) 计算时间序列 x_m^k 的平均长度 L_m^k 为:

$$L_m^k = \frac{\sum_{i=1}^{\lfloor (N-m)/k \rfloor} |x(m+ik) - x(m+(i-1)k)| (N-1)}{\lfloor (N-m)/k \rfloor};$$

得到平均长度和 $L(k)$ 为:

$$L(k) = \sum_{m=1}^k L_m^k, \quad L(k) \propto k^{-D};$$

(3-3) 画出 $f(k)$ 图像,其中 $f(k)$ 为:

$$f(k) = \ln\left(\frac{1}{k}\right) - \ln(L(k));$$

选取 $k_{\min}$ 和 $k_{\max}$, 得 $f(k)$ 图像的斜率即为射频流的分形维数 FD。

4. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,所述步骤 (4) 中每个射频流的功率谱通过以下方式得到:首先对每个射频流施以等长

的汉宁窗或汉明窗,然后补零至长度为 1024,最后做快速傅里叶变化得到 $F(f)$, 计算其功率谱 ;其中每个射频流的功率谱 $R(f)$ 为 :

$$R(f) = F(f) \cdot F^*(f) / P。$$

5. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,所述步骤 (6) 中提取的平均处理后的射频流的功率谱 $R_{ROI}(f)$ 的功率谱特征包括低频段能量积分 S1、低中频段能量积分 S2、高中频段能量积分 S3、高频段能量积分 S4、归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit ;

所述低频段能量积分 S1 为 :

$$S1 = \int_{f1}^{f2} R_{ROI}(f) dt ;$$

所述低中频段能量积分 S2 为 :

$$S2 = \int_{f3}^{f4} R_{ROI}(f) dt ;$$

所述高中频段能量积分 S3 为 :

$$S3 = \int_{f4}^{f5} R_{ROI}(f) dt ;$$

所述高频段能量积分 S4 为 :

$$S4 = \int_{f5}^{f6} R_{ROI}(f) dt ;$$

其中 $[f1, f2]$ 落在频带内的低频段, $[f3, f4]$ 落在频带内的低中频段, $[f4, f5]$ 落在频带内的高中频段, $[f5, f6]$ 落在频带内的高频段 ;

所述归一化功率谱通过以下方式获取 :首先求得每个射频流功率谱的最大值 Max, 按照以下公式对每个射频流功率谱作归一化处理, 归一化功率谱 $R_0(f)$ 为 :

$$R_0(f) = 10 \cdot \lg \frac{R_{ROI}(f)}{Max} ;$$

以基于最小二乘法的直线拟合, 得到归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit :

$$midbandfit = \frac{\sum_{f1}^{f6} R_0(f)}{P}。$$

6. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于:所述步骤 (7) 中的神经网络模型为三层 BP 神经网络模型,该神经网络有 n 个输入层节点、H 个隐藏层的节点和 3 个输出节点组成 ;所述 BP 神经网络模型学习算法步骤如下 :

(7-1) 初始化所有的权值 W 为小的随机值 ;

(7-2) 输入样本值 x_i , $i = 1, 2, \dots, n$, 通过作用函数 $f^{(1)}$ 计算得到隐藏层输出值 z_j , $j = 1, 2, \dots, H$, 将此隐藏层输出作为输入送入下一层, 然后通过作用函数 $f^{(2)}$ 得到神经网络模型的输出值 y_l , $l = 1, 2, 3$;

其中隐藏层输出值 z_j 为 :

$$z_j = f^{(1)}\left(\sum_{i=1}^n W_{ji} \cdot x_i + b^{(1)}\right), \quad j=1,2,\dots,H;$$

神经网络模型的输出值 y_l 为：

$$y_l = f^{(2)}\left(\sum_{j=1}^H W_{jl} \cdot z_j + b^{(2)}\right), \quad j=1,2,\dots,H, \quad l=1,2,3;$$

其中 $f^{(1)}$ 为 Sigmoid 函数, $f^{(2)}$ 采用线性函数, $b^{(1)}$ 和 $b^{(2)}$ 分别为隐藏层和输出层的偏置；

(7-3) 设定终止条件；

(7-4) 达到终止条件前,根据 LMS 算法更新权值；

(7-5) 达到终止条件,停止。

7. 根据权利要求 6 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于:所述步骤 (7-4) 中根据 LMS 算法更新权值的步骤如下：

(7-4-1) 对于网络的每个输出节点,计算它的误差 $\varepsilon_l = d_l - y_l, l = 1, 2, 3, d_l$ 为输出期望值, $y_l, l = 1, 2, 3$ 为神经网络模型输出节点的输出值；

(7-4-2) 对于网络的每个隐藏节点,计算它的误差 $\varepsilon_j = d_j - z_j, j = 1, 2, \dots, H; z_j$ 为神经网络模型隐藏层的第 j 个节点输出值, d_j 为神经网络模型隐藏层的第 j 个节点的输出期望值；

(7-4-3) 更新每一层的网络权值, $W_{ij} \leftarrow W_{ij} + \Delta W_{ij}, \Delta W_{ij} = \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i, i = 1, 2, \dots, n, j = 1, 2, \dots, H; W_{jl} \leftarrow W_{jl} + \Delta W_{jl}, \Delta W_{jl} = \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j, j = 1, 2, \dots, H, l = 1, 2, 3$; 其中 W_{ij} 为输入神经元 i 到隐含神经元 j 之间的权值, W_{jl} 为隐含神经元 j 到输出神经元 l 之间的权值; ΔW_{ij} 为隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, ΔW_{jl} 为输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值；

(7-4-4) 修改权值更新法则,增加动量项,使第 L 次迭代时的权值更新部分依赖于第 $L-1$ 次迭代时的更新: $\Delta W_{ij}(L) = \alpha \Delta W_{ij}(L-1) + \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i, i = 1, 2, \dots, n, j = 1, 2, \dots, H; \Delta W_{jl}(L) = \alpha \Delta W_{jl}(L-1) + \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j, j = 1, 2, \dots, H, l = 1, 2, 3$;

其中 $\Delta W_{ij}(L)$ 表示第 L 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, $\Delta W_{ij}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值; $\Delta W_{jl}(L)$ 表示第 L 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值, $\Delta W_{jl}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值; α 为动量因子, $\eta^{(1)}$ 为输入层和隐藏层之间学习率, $\eta^{(2)}$ 为隐藏层和输出层之间学习率。

8. 根据权利要求 7 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于:所述 BP 神经网络包含有 8 个输入层节点和 8 个隐藏层节点;即 n 为 8, H 为 8, 所述输入样本 x_i 分别为平均处理后的 Higuchi 分形特征、低频段能量积分 S1、低中频段能量积分 S2、高中频段能量积分 S3、高频段能量积分 S4 以及归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit。

9. 根据权利要求 8 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于:所述步骤 (7) 中,神经网络输出状态为 $y_1 = 1, y_2 = 0, y_3 = 0$ 时,判断肝组织微结构正常;输出状态为 $y_1 = 0, y_2 = 1, y_3 = 0$ 时,判断肝组织轻度微结构改变;输出状态为 $y_1 = 0, y_2 = 0, y_3 = 1$ 时,判断肝组织微结构重度改变。

10. 根据权利要求 1 所述的基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,其特征在于,所述步骤(1)中采用 128 阵元宽频线阵超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域,超声波的传播受到肝组织微结构的作用,回波由同一线阵探头接收,经过射频放大和时间增益补偿,再经过 A/D 转换、延时合成,进而获取超声回波射频 RF 信号。

一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法

技术领域

[0001] 本发明涉及一种超声医学技术领域,特别涉及一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法。

背景技术

[0002] 肝脏组织是一个具有弹性的随机分布的不均匀散射体,其基本单位是肝小叶,肝小叶之间由少量结缔组织分隔,肝纤维化后肝小叶遭破坏以及结缔组织的比例增加,导致正常肝组织与肝纤维化组织的微结构存在显著差异,这种微结构的差异导致了肝弹性的不同,因此通过对肝组织微结构的检测,观察肝组织微结构是否发生变化,以作为医生判断肝纤维化时的一种依据。

[0003] 超声组织定征是观察组织微结构的最有前景的技术,传统的用于肝组织的超声组织定征主要有以下两类方法:

[0004] 第一种方法是使用 B 超图像灰度的统计方法,主要采用 B 超图像灰度纹理法和统计模型法,该方法中由于使用了超声图像灰度,因此受超声诊断仪的型号、TGC 的调整等成像参数的影响很大,导致不同仪器的检查结果一致性差。

[0005] 第二种方法是使用同一帧背散射回波 RF 信号的频谱分析方法,具体做法是采用宽频超声探头,获取某一帧射频信号,选取感兴趣区,对感兴趣区内的声束逐条频谱分析,提取谱参量,实验表明不同组织之间、同一组织不同病变状态的谱参量存在差异。已广泛应用于动物实验及初步的人体临床实验(比如前列腺癌、甲状腺癌、乳腺癌,肝等的识别),研究已经证实其谱参量能有效反映组织微结构的构成和特征。但肝组织是非浅表器官,在体检查时超声波传播所经历的路径受生物体的个体差异影响较大,且其同一条回波声束的谱分析需要深度衰减补偿,这些因素都影响了定征精度。

发明内容

[0006] 本发明的目的在于克服现有技术的缺点与不足,提供一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,该方法能够检测出肝组织微结构是否发生变化,与其他肝组织的参数信息进行结合后可以作为医生判断早期肝纤维化时的定量参考信息。具有检测方法简单及准确度高的优点。

[0007] 本发明的目的通过下述技术方案实现:一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,包括以下步骤:

[0008] (1) 使用超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域,获取肝组织区域的连续 P 帧超声回波射频 RF 信号,解调某一帧得到超声回波射频 RF 信号的 B 型图;

[0009] (2) 在 B 型图上选择感兴趣区域 ROI,获取感兴趣区域 ROI 内每一像素点同一空间位置的连续 P 帧超声回波射频 RF 信号,形成数据长度为 P 帧的 RF 时间序列的射频流;

[0010] (3) 获取感兴趣区域 ROI 内的每个射频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征;

[0011] (4) 对每个射频流进行快速傅里叶变换,计算每个射频流的功率谱;

[0012] (5) 将区域 ROI 所有射频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征和功率谱分别作平均处理；

[0013] (6) 针对平均处理后的功率谱，提取功率谱特征；

[0014] (7) 使用一个预先训练好的神经网络模型，将步骤 (5) 中平均处理后的 Higuchi 分形特征及步骤 (6) 中的功率谱特征输入到预先训练好的神经网络模型中，根据神经网络模型的输出确定肝组织微结构是否发生变化及判断变化程度。

[0015] 优选的，所述步骤 (2) 中 B 型图区域 ROI 的大小 $M1 \times M2$ ，其中 $M1$ 为区域 ROI 横向上的像素点个数， $M2$ 为区域 ROI 竖向上的像素点个数；在区域 ROI 上包含有 $M1 \times M2$ 个数据长度为 P 的 RF 时间序列射频流。

[0016] 优选的，所述步骤 (3) 中射频流 Higuchi 分形维数 FD 特征获取过程如下：

[0017] (3-1) 首先对每个射频流的时间序列 $\{x(m)\}$ 进行相位空间重构，将它在某些固定的时间延迟点的值作为新维处理，得到某个多维空间的一点：

[0018]

$$x_m^k = \{x(m), x(m+k), \dots, x(m + \lfloor (N-m)/k \rfloor k)\}, \quad m=1, 2, \dots, k;$$

[0019] 其中 $\lfloor (N-m)/k \rfloor$ 为相位空间的维数，它是一个整数， m 为起始时间， k 为固定延迟， N 为该序列的总长；其中 $N = P$ ；

[0020] (3-2) 计算时间序列 x_m^k 的平均长度 L_m^k 为：

[0021]

$$L_m^k = \frac{\sum_{i=1}^{\lfloor (N-m)/k \rfloor} |x(m+ik) - x(m+(i-1)k)| (N-1)}{\lfloor (N-m)/k \rfloor};$$

[0022] 得到平均长度和 $L(k)$ 为：

$$[0023] \quad L(k) = \sum_{m=1}^k L_m^k, \quad L(k) \propto k^{-D};$$

[0024] (3-3) 画出 $f(k)$ 图像，其中 $f(k)$ 为：

$$[0025] \quad f(k) = \ln\left(\frac{1}{k}\right) - \ln(L(k));$$

[0026] 选取 $k_{\min}$ 和 $k_{\max}$ ，得 $f(k)$ 图像的斜率即为射频流的分形维数 FD。

[0027] 优选的，所述步骤 (4) 中每个射频流的功率谱通过以下方式得到：首先对每个射频流施以等长的汉宁窗或汉明窗，然后补零至长度为 1024，最后做快速傅里叶变化得到 $F(f)$ ，计算其功率谱；其中每个射频流的功率谱 $R(f)$ 为：

$$[0028] \quad R(f) = F(f) \cdot F^*(f) / P.$$

[0029] 优选的，所述步骤 (6) 中提取的平均处理后的射频流的功率谱 $R_{ROI}(f)$ 的功率谱特征包括低频段能量积分 $S1$ 、低中频段能量积分 $S2$ 、高中频段能量积分 $S3$ 、高频段能量积分 $S4$ 、归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit；

[0030] 所述低频段能量积分 $S1$ 为：

$$[0031] \quad S1 = \int_{f1}^{f2} R_{ROI}(f) df;$$

[0032] 所述低中频段能量积分 S2 为：

$$[0033] \quad S2 = \int_{f3}^{f4} R_{ROI}(f) df ;$$

[0034] 所述高中频段能量积分 S3 为：

$$[0035] \quad S3 = \int_{f4}^{f5} R_{ROI}(f) df ;$$

[0036] 所述高频段能量积分 S4 为：

$$[0037] \quad S4 = \int_{f5}^{f6} R_{ROI}(f) df ;$$

[0038] 其中 [f1, f2] 落在频带内的低频段, [f3, f4] 落在频带内的低中频段, [f4, f5] 落在频带内的高中频段, [f5, f6] 落在频带内的高频段；

[0039] 所述归一化功率谱通过以下方式获取：首先求得每个射频流功率谱的最大值 Max, 按照以下公式对每个射频流功率谱作归一化处理, 归一化功率谱 $R_0(f)$ 为：

$$[0040] \quad R_0(f) = 10 \lg \frac{R_{ROI}(f)}{Max} ;$$

[0041] 以基于最小二乘法的直线拟合, 得到归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit：

$$[0042] \quad midbandfit = \frac{\sum_{f1}^{f6} R_0(f)}{P} .$$

[0043] 优选的：所述步骤 (7) 中的神经网络模型为三层 BP 神经网络模型, 该神经网络有 n 个输入层节点、H 个隐藏层的节点和 3 个输出节点组成；所述 BP 神经网络模型学习算法步骤如下：

[0044] (7-1) 初始化所有的权值 W 为小的随机值；

[0045] (7-2) 输入样本值 x_i , $i = 1, 2, \dots, n$, 通过作用函数 $f^{(1)}$ 计算得到隐藏层输出值 z_j , $j = 1, 2, \dots, H$, 将此隐藏层输出作为输入送入下一层, 然后通过作用函数 $f^{(2)}$ 得到神经网络模型的输出值 y_l , $l = 1, 2, 3$ ；

[0046] 其中隐藏层输出值 z_j 为：

$$[0047] \quad z_j = f^{(1)}\left(\sum_{i=1}^n W_{ji} \cdot x_i + b^{(1)}\right), \quad j=1, 2, \dots, H ;$$

[0048] 神经网络模型的输出值 y_l 为：

$$[0049] \quad y_l = f^{(2)}\left(\sum_{j=1}^H W_{jl} \cdot z_j + b^{(2)}\right), \quad j=1, 2, \dots, H, \quad l=1, 2, 3 ;$$

[0050] 其中 $f^{(1)}$ 为 Sigmoid 函数, $f^{(2)}$ 采用线性函数, $b^{(1)}$ 和 $b^{(2)}$ 分别为隐藏层和输出层的偏置；

[0051] (7-3) 设定终止条件；

[0052] (7-4) 达到终止条件前, 根据 LMS 算法更新权值；

[0053] (7-5) 达到终止条件, 停止。

[0054] 更进一步的：所述步骤 (7-4) 中根据 LMS 算法更新权值的步骤如下：

[0055] (7-4-1) 对于网络的每个输出节点, 计算它的误差 $\varepsilon_l = d_l - y_l$, $l = 1, 2, 3$, d_l 为输

出期望值, y_l , $l = 1, 2, 3$ 为神经网络模型输出节点的输出值;

[0056] (7-4-2) 对于网络的每个隐藏节点, 计算它的误差 $\varepsilon_j = d_j - z_j$, $j = 1, 2 \dots H$; z_j 为神经网络模型隐藏层的第 j 个节点输出值, d_j 为神经网络模型隐藏层的第 j 个节点的输出期望值;

[0057] (7-4-3) 更新每一层的网络权值, $W_{ij} \leftarrow W_{ij} + \Delta W_{ij}$, $\Delta W_{ij} = \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i$, $i = 1, 2 \dots n$, $j = 1, 2 \dots H$; $W_{jl} \leftarrow W_{jl} + \Delta W_{jl}$, $\Delta W_{jl} = \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j$, $j = 1, 2 \dots H$, $l = 1, 2, 3$; 其中 W_{ij} 为输入神经元 i 到隐含神经元 j 之间的权值, W_{jl} 为隐含神经元 j 到输出神经元 l 之间的权值; ΔW_{ij} 为隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, ΔW_{jl} 为输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值;

[0058] (7-4-4) 修改权值更新法则, 增加动量项, 使第 L 次迭代时的权值更新部分依赖于第 $L-1$ 次迭代时的更新: $\Delta W_{ij}(L) = \alpha \Delta W_{ij}(L-1) + \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i$, $i = 1, 2 \dots n$, $j = 1, 2 \dots H$; $\Delta W_{jl}(L) = \alpha \Delta W_{jl}(L-1) + \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j$, $j = 1, 2 \dots H$, $l = 1, 2, 3$;

[0059] 其中 $\Delta W_{ij}(L)$ 表示第 L 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, $\Delta W_{ij}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值; $\Delta W_{jl}(L)$ 表示第 L 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值, $\Delta W_{jl}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值; α 为动量因子, $\eta^{(1)}$ 为输入层和隐藏层之间学习率, $\eta^{(2)}$ 为隐藏层和输出层之间学习率。

[0060] 更进一步的: 所述 BP 神经网络包含有 8 个输入层节点和 8 个隐藏层节点; 即 n 为 8, H 为 8, 所述输入样本 x_i 分别为平均处理后的 Higuchi 分形特征、低频段能量积分 S1、低频段能量积分 S2、高中频段能量积分 S3、高频段能量积分 S4 以及归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit。

[0061] 更进一步的: 所述步骤 (7) 中, 神经网络输出状态为 $y_1 = 1$, $y_2 = 0$, $y_3 = 0$ 时, 判断肝组织微结构正常; 输出状态为 $y_1 = 0$, $y_2 = 1$, $y_3 = 0$ 时, 判断肝组织轻度微结构改变; 输出状态为 $y_1 = 0$, $y_2 = 0$, $y_3 = 1$ 时, 判断肝组织微结构重度改变。

[0062] 优选的, 所述步骤 (1) 中采用 128 阵元宽频线阵超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域, 超声波的传播受到肝组织微结构的作用, 回波由同一线阵探头接收, 经过射频放大和时间增益补偿, 再经过 A/D 转换、延时合成, 进而获取超声回波射频 RF 信号。

[0063] 本发明相对于现有技术具有如下的优点及效果:

[0064] (1) 本发明方法通过超声探头获取肝组织区域的超声回波射频 RF 信号及某帧的 B 型图, 在 B 型图上选取感兴趣区域 ROI, 并将感兴趣区域内同一点的各帧信号形成一个射频流; 然后获取感兴趣区 ROI 内每个射频流的分形维数 FD 特征和功率谱并作平均处理, 提取功率谱特征; 最后将提取的功率谱特征及平均处理后的 Higuchi 分形特征作为输入样本值输入到神经网络模型中, 然后通过神经网络模型的输出值来判断肝组织微结构是否发生变化以及变化程度; 将输出结果与肝组织的其他参数信息结合后作为医生判断早期肝纤维化时的定量参考信息, 同时本发明方法为肝组织微结构的动态观察提供无创的影像学手段, 具有检测方法简单及准确度高的优点。

[0065] (2) 本发明方法中的宽频线阵超声探头在扫描肝组织, 使用同一探头获取的超声回波射频 RF 信号作为信号源, 可在 B 超检查时同时完成了数据采集, 并没额外的开支。另外可以避免检查时因为生物体的个体差异造成超声波传播路径 (皮肤、脂肪、肌肉等) 差异

所带来的影响,由于射频流来源于同一深度,因而不需要深度衰减补偿,进一步提高了定征精度。

附图说明

- [0066] 图 1 是本发明肝组织微结构的检测方法流程图。
 [0067] 图 2 是本发明方法中超声回波射频 RF 信号的获取流程图。
 [0068] 图 3 是本发明方法超声回波射频 RF 信号的 B 型图。
 [0069] 图 4 是 B 型图感兴趣区域 ROI 上某个点同一空间位置的连续 P 帧的 B 型图。
 [0070] 图 5 是在图 4 中截取的某个点的数据长度为 128 帧的 RF 时间序列的射频流。
 [0071] 图 6 是本发明方法的归一化功率谱特征图。
 [0072] 图 7 是本发明方法中三层 BP 神经网络模型图。

具体实施方式

[0073] 下面结合实施例及附图对本发明作进一步详细的描述,但本发明的实施方式不限于此。

[0074] 实施例

[0075] 如图 1 所示,本实施例公开了一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法,包括以下步骤:

[0076] (1) 使用 128 阵元宽频线阵超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域,超声波的传播受到肝组织微结构的作用,如图 2 所示,回波由同一线阵探头接收,经过射频放大和时间增益补偿,再经过 A / D 转换、延时合成,获取肝组织区域的连续 128 帧超声回波射频 RF 信号,解调第一帧得到如图 3 所示的超声回波射频 RF 信号的 B 型图。由于肝组织微结构受超声波的作用而发生振动,导致获取的 128 帧超声回波射频 RF 信号是不同的,这种时变性包含了组织定征信息。

[0077] (2) 在如图 3 所示的 B 型图上选择感兴趣区域 ROI (如图 3 中黑色框范围内),如图 4 所示,获取感兴趣区域 ROI 内每一像素点同一空间位置的连续 128 帧超声回波射频 RF 信号,形成如图 5 所示的数据长度为 128 的 RF 时间序列的射频流;其中感兴趣区域 ROI 的大小为 $M1 \times M2$, $M1$ 为区域 ROI 横向上的像素点个数, $M2$ 为区域 ROI 竖向上的像素点个数;在本实施例中 $M1 \times M2$ 为 20×50 。在区域 ROI 上共有 $M1 \times M2$ 个射频流,每个射频流是每一像素点对应同一空间位置的连续 128 帧超声 RF 信号所形成的射频时间序列。

[0078] (3) 获取选择感兴趣区域 ROI 每个射频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征;其中射频流 Higuchi 分形维数 FD 特征获取过程如下:

[0079] (3-1) 首先对每个射频流的时间序列 $\{x(m)\}$ 进行相位空间重构,将它在某些固定的时间延迟点的值作为新维处理,得到某个多维空间的一点:

[0080]

$$x_m^k = \{x(m), x(m+k), \dots, x(m + \lfloor (N-m)/k \rfloor k)\}, \quad m=1, 2, \dots, k;$$

[0081] 其中 $\lfloor (N-m)/k \rfloor$ 为相位空间的维数,它是一个整数, m 为起始时间, k 为固定延迟, N 为该序列的总长;

[0082] (3-2) 计算时间序列 x_m^k 的平均长度 L_m^k 为:

[0083]

$$L_m^k = \frac{\sum_{i=1}^{(N-m)/k} |x(m+ik) - x(m+(i-1)k)| (N-1)}{\lfloor (N-m)/k \rfloor};$$

[0084] 得到平均长度和 $L(k)$ 为：

$$[0085] \quad L(k) = \sum_{m=1}^k L_m^k, \quad L(k) \propto k^{-D};$$

[0086] (3-3) 画出 $f(k)$ 图像, 其中 $f(k)$ 为：

$$[0087] \quad f(k) = \ln\left(\frac{1}{k}\right) - \ln(L(k));$$

[0088] 选取 $k_{\min}$ 和 $k_{\max}$, 得 $f(k)$ 图像的斜率即为射频频流的分形维数 FD 特征, 经计算本实施例中某一射频频流的 FD 特征为 1.4841。

[0089] (4) 对每个射频频流施以长为 128 的汉宁窗或汉明窗, 然后补零至长度为 1024, 最后做快速傅里叶变换得到 $F(f)$, 计算其功率谱; 其中每个射频频流的功率谱 $R(f)$ 为：

$$[0090] \quad R(f) = F(f) \cdot F^*(f) / 128.$$

[0091] (5) 将区域 ROI 中的 $M1 \times M2$ 个射频频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征和功率谱分别作平均处理; $M1 \times M2$ 个射频频流的 Higuchi 分形维数 FD 特征平均得到区域 ROI 的 Higuchi 分形维数 FD 特征的平均值; 将相同频率的每个射频频流的功率谱 $R(f)$ 谱值相加再除以 $M1 \times M2$, 得到区域 ROI 的平均功率谱 $R_{ROI}(f)$ 。

[0092] (6) 针对平均处理后的功率谱, 提取功率谱特征; 本实施例提取的功率谱特征包括低频段能量积分 S1、低中频段能量积分 S2、高中频段能量积分 S3、高频段能量积分 S4 以及归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit;

[0093] 低频段能量积分 S1 为：

$$[0094] \quad S1 = \int_{f1}^{f2} R_{ROI}(f) dt;$$

[0095] 低中频段能量积分 S2 为：

$$[0096] \quad S2 = \int_{f3}^{f4} R_{ROI}(f) dt;$$

[0097] 高中频段能量积分 S3 为：

$$[0098] \quad S3 = \int_{f4}^{f5} R_{ROI}(f) dt;$$

[0099] 高频段能量积分 S4 为：

$$[0100] \quad S4 = \int_{f5}^{f6} R_{ROI}(f) dt;$$

[0101] 其中 $[f1, f2]$ 落在频带内的低频段, $[f3, f4]$ 落在频带内的低中频段, $[f4, f5]$ 落在频带内的高中频段, $[f5, f6]$ 落在频带内的高频段;

[0102] 所述归一化功率谱通过以下方式获取: 首先求得区域 ROI 射频频流功率谱的最大值 Max, 按照以下公式对 ROI 区域射频频流功率谱作归一化处理, 归一化功率谱 $R_0(f)$ 为：

$$[0103] \quad R_0(f) = 10 \cdot \lg \frac{R_{ROI}(f)}{Max};$$

[0104] 以基于最小二乘法的直线拟合,得到归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit 分别为:

$$[0105] \quad \text{midbandfit} = \frac{\sum_{f1}^{f6} R_0(f)}{128};$$

[0106] 本实施例中提取的某一 ROI 的各谱特征如图 6 所示,在 0 到 0.25 的低频段能量积分 S1=0.4082、在 0.25 到 0.5 的低中频段能量积分 S2=0.1210、在 0.5 到 0.75 的高中频段能量积分 S3=0.0464、在 0.75 到 1 的高频段能量积分 S4=0.0315;本实施例中归一化功率谱拟合直线的斜率 slope=-0.1294、截距 intercept=0.1185 和中频值 midbandfit=0.1612;

[0107] (7) 使用一个预先训练好的三层 BP 神经网络模型,本实施例的 BP 神经网络如图 7 所示,有 n 个输入层节点、其中 n 为输入特征数、H 个隐藏层节点和 3 个输出节点组成;其中本实施例中 n 为输入特征数 8,隐藏层节点的个数 H 也为 8;将步骤 (5) 中平均处理后的 Higuchi 分形特征及步骤 (6) 中的功率谱特征输入到上述 BP 神经网络模型中的 8 个输入层节点;其中本实施例中的三层 BP 神经网络模型学习算法步骤如下:

[0108] (7-1) 初始化所有的权值 W 为小的随机值;

[0109] (7-2) 输入样本值 x_i , $i = 1, 2, \dots, n$, 其中输入样本即输入特征分别为平均处理后的 Higuchi 分形特征、低频段能量积分 S1、低中频段能量积分 S2、高中频段能量积分 S3、高频段能量积分 S4 以及归一化功率谱拟合直线的斜率 slope、截距 intercept 和中频值 midbandfit;通过作用函数 $f^{(1)}$ 计算得到隐藏层输出值 z_j , $j = 1, 2, \dots, H$, 将此隐藏层输出作为输入送入下一层,通过作用函数 $f^{(2)}$ 得到神经网络模型的输出值 y_l , $l = 1, 2, 3$;

[0110] 其中隐藏层输出值 z_j 为:

$$[0111] \quad z_j = f^{(1)}\left(\sum_{i=1}^n W_{ji} \cdot x_i + b^{(1)}\right), \quad j=1, 2, \dots, H;$$

[0112] 神经网络模型的输出值 y_l 为:

$$[0113] \quad y_l = f^{(2)}\left(\sum_{j=1}^H W_{jl} \cdot z_j + b^{(2)}\right), \quad j=1, 2, \dots, H, \quad l=1, 2, 3;$$

[0114] 其中 $f^{(1)}$ 为 Sigmoid 函数, $f^{(2)}$ 采用线性函数, $b^{(1)}$ 和 $b^{(2)}$ 分别为隐藏层和输出层的偏置;

[0115] (7-3) 设定终止条件;其中本实施中,终止条件为神经网络系统误差小于设置的极小阈值 10^{-5} ;另外终止条件也可以为达到设定的迭代次数。

[0116] (7-4) 达到终止条件前,根据 LMS 算法更新权值;其中根据 LMS 算法更新权值的步骤如下:

[0117] (7-4-1) 对于网络的每个输出节点,计算它的误差 $\varepsilon_l = d_l - y_l$, $l = 1, 2, 3$, d_l 为输出期望值, y_l , $l = 1, 2, 3$ 为神经网络模型输出节点的输出值;

[0118] (7-4-2) 对于网络的每个隐藏节点,计算它的误差 $\varepsilon_j = d_j - z_j$, $j = 1, 2, \dots, H$; z_j 为神经网络模型的第 j 个隐藏层输出值, d_j 表示第 j 个隐藏层的输出期望值;

[0119] (7-4-3) 更新每一层的网络权值, $W_{ij} \leftarrow W_{ij} + \Delta W_{ij}$, $\Delta W_{ij} = \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i$, $i = 1, 2, \dots, n$, $j=1, 2, \dots, H$; $W_{jl} \leftarrow W_{jl} + \Delta W_{jl}$, $\Delta W_{jl} = \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j$, $j=1, 2, \dots, H$, $l=1, 2, 3$;其中 W_{ij} 为输入神经元 i 到隐含神经元 j 之间的权值, W_{jl} 为隐含神经元 j 到输出神经元 l 之间的权值; ΔW_{ij} 为隐含

神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, ΔW_{ji} 为输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值;

[0120] (7-4-4) 修改权值更新法则, 增加动量项, 使第 L 次迭代时的权值更新部分依赖于第 $L-1$ 次迭代时的更新: $\Delta W_{ij}(L) = \alpha \Delta W_{ij}(L-1) + \eta^{(1)} \varepsilon_j x_i$, $i = 1, 2, \dots, n$, $j = 1, 2, \dots, H$; $\Delta W_{jl}(L) = \alpha \Delta W_{jl}(L-1) + \eta^{(2)} \varepsilon_l z_j$, $j = 1, 2, \dots, H$, $l = 1, 2, 3$;

[0121] 其中 $\Delta W_{ij}(L)$ 表示第 L 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值, $\Delta W_{ij}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时隐含神经元 j 和输入神经元 i 之间的权值的调整值; $\Delta W_{jl}(L)$ 表示第 L 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值, $\Delta W_{jl}(L-1)$ 表示第 $L-1$ 次迭代时输出神经元 l 和隐含神经元 j 之间的权值的调整值。其中 α 为动量因子, $\eta^{(1)}$ 为输入层 - 隐藏层学习率, $\eta^{(2)}$ 为隐藏层 - 输出层学习率。

[0122] (7-5) 达到终止条件, 停止。

[0123] 根据上述训练好的三层 BP 神经网络模型, 将步骤 (5) 中平均处理后的 Higuchi 分形特征及步骤 (6) 中的功率谱特征输入到上述预先训练好的神经网络模型中, 然后根据 BP 神经网络模型的输出确定肝组织微结构是否发生变化及判断变化程度。在本实施例输入条件下, 当输出状态为 $y_1=1, y_2=0, y_3=0$ 时, 判断肝组织微结构正常; 当输出状态为 $y_1=0, y_2=1, y_3=0$ 时, 判断肝组织轻度微结构改变; 输出状态为 $y_1=0, y_2=0, y_3=1$ 时, 判断肝组织微结构重度改变。

[0124] 上述实施例为本发明较佳的实施方式, 但本发明的实施方式并不受上述实施例的限制, 其他的任何未背离本发明的精神实质与原理下所作的改变、修饰、替代、组合、简化, 均应为等效的置换方式, 都包含在本发明的保护范围之内。

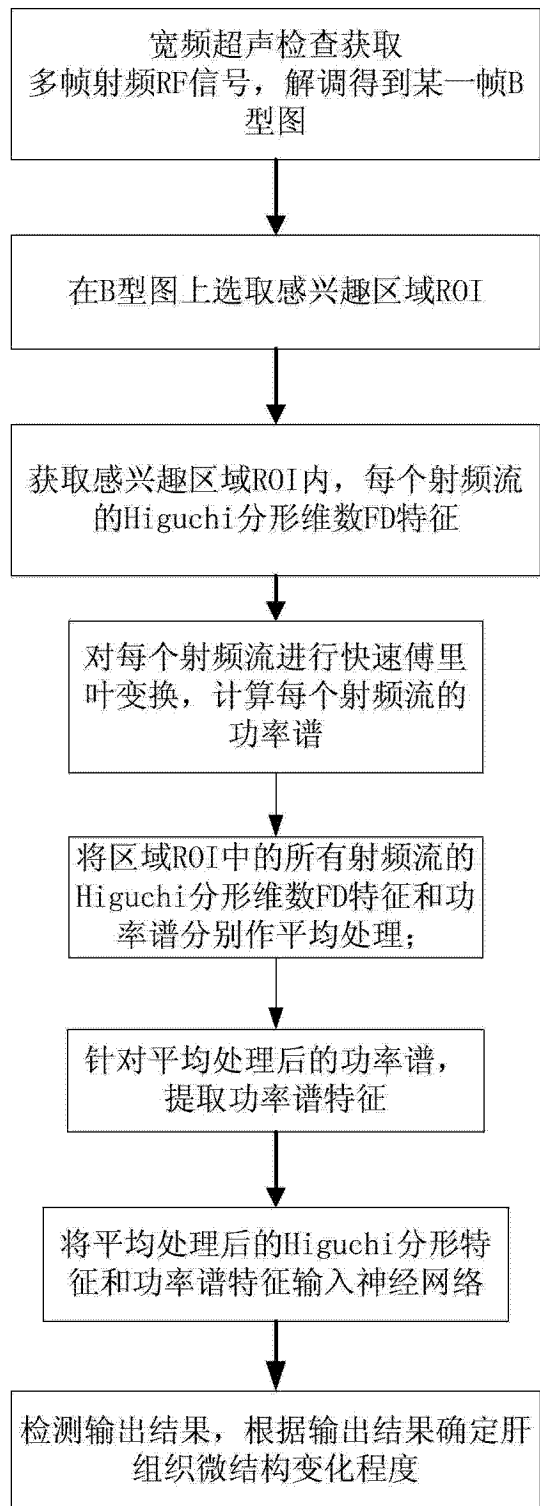


图 1

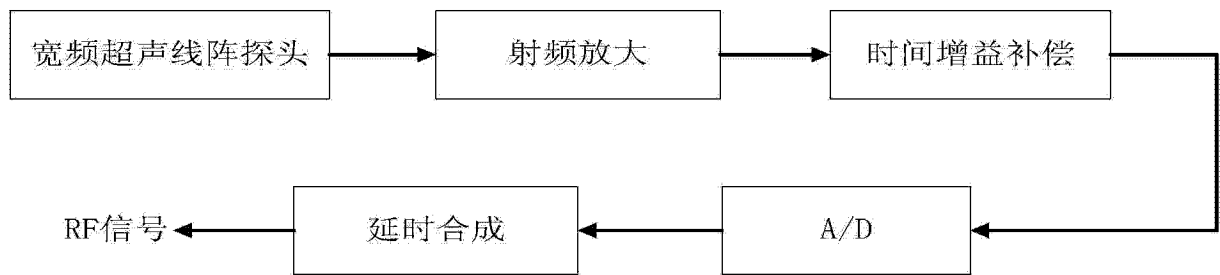


图 2

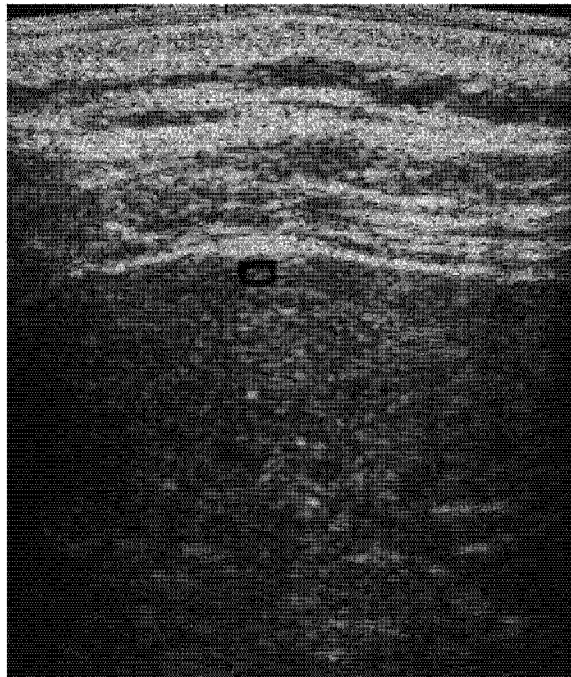


图 3

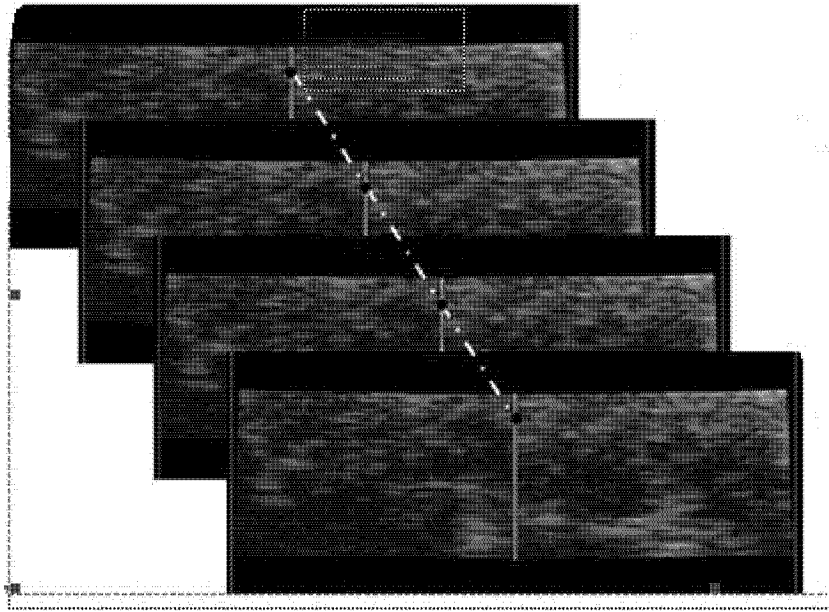


图 4

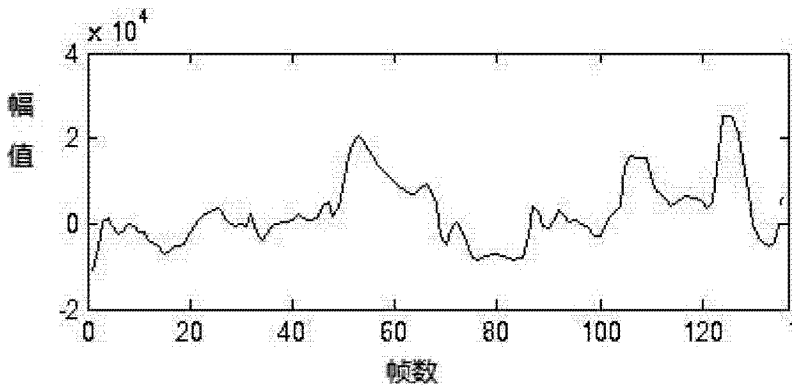


图 5

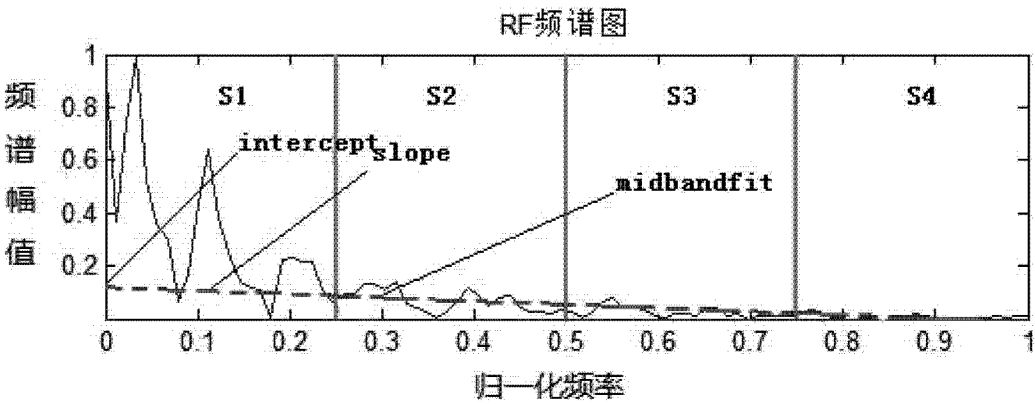


图 6

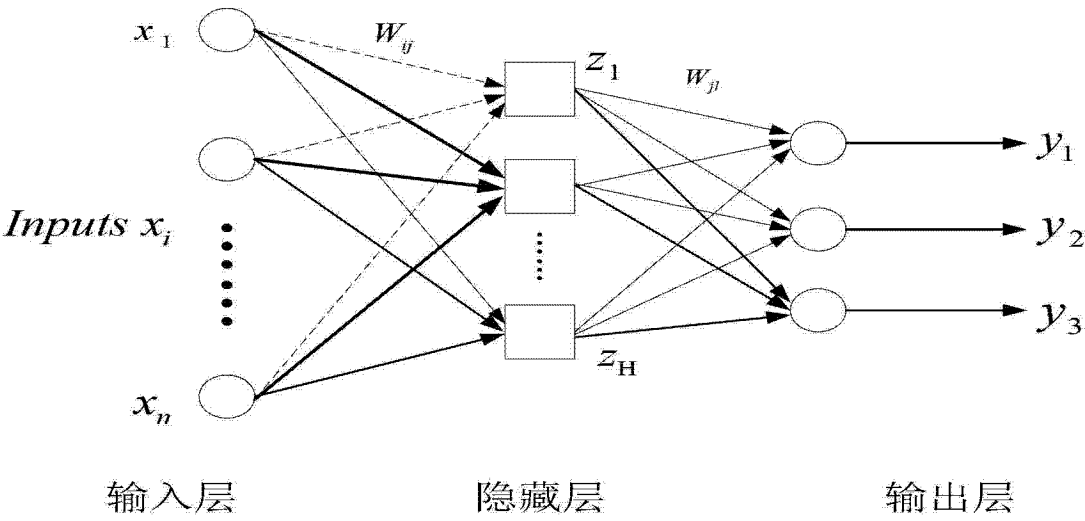


图 7

专利名称(译)	一种基于超声射频流分析的肝组织微结构的检测方法		
公开(公告)号	CN103479398A	公开(公告)日	2014-01-01
申请号	CN201310423058.2	申请日	2013-09-16
[标]申请(专利权)人(译)	华南理工大学		
申请(专利权)人(译)	华南理工大学		
当前申请(专利权)人(译)	华南理工大学		
[标]发明人	林春漪 周建华 高永振 陈秋彬 姚若河 黄庆华		
发明人	林春漪 周建华 高永振 陈秋彬 姚若河 黄庆华		
IPC分类号	A61B8/08		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明公开了肝组织微结构的检测方法，步骤为：(1)获取肝组织区域连续P帧超声回波射频RF信号，解调得到RF信号的B型图；(2)在B型图上选择感兴趣区域ROI，获取感兴趣区域内超声回波射频RF信号；(3)获取感兴趣区域ROI内每个射频流的Higuchi的FD特征；(4)计算每个射频流的功率谱；(5)分别对FD特征和功率谱作平均处理；(6)提取功率谱特征；(7)使用一个预先训练好的神经网络模型，将平均处理后的Higuchi分形特征及功率谱特征输入到神经网络，根据输出检测肝组织微结构变化。具有检测方法简单及准确度高的优点，检测结果与肝组织的其他参数信息结合可作为判断早期肝纤维化的定量参考信息。

