

基于非局部均值平滑的体素内纤维结构估计

楚春雨

渤海大学工学院, 辽宁 锦州 121013

【摘要】为了克服球面反卷积法对扩散加权图像噪声敏感的问题,提出一种基于非局部均值平滑的体素内纤维结构估计方法,该方法建立了一种面向磁共振扩散加权图像的非局部均值方法,对磁共振扩散加权图像进行平滑后再采用球面反卷积法对体素内纤维结构进行估计,从而提高球面反卷积法的抗噪性能。数值仿真数据和仿真实体数据实验结果表明,与直接采用球面反卷积方法和对数据进行非局部均值平滑后使用球面反卷积相比,采用本研究提出的方法得到的体素内纤维结构的平均角度误差更小,且较少存在边缘模糊现象。

【关键词】磁共振扩散成像;体素内纤维结构;球面反卷积;非局部均值

【中图分类号】R318;TP391

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2019)10-1177-05

Intravoxel fiber structure estimation based on non-local mean smoothing

CHU Chunyu

College of Engineering, Bohai University, Jinzhou 121013, China

Abstract: To overcome the noise sensitivity of spherical deconvolution (SD) method on diffusion-weighted magnetic resonance image, a non-local mean smoothing-based method for intravoxel fiber structure estimation is proposed. A non-local mean method is firstly established for smoothing diffusion-weighted magnetic resonance images, and then the intravoxel fiber structure is estimated by SD method based on the smoothed diffusion-weighted magnetic resonance images, thus improving the noise immunity of SD method. The results on synthetic and physical phantom data show that the intravoxel fiber structure obtained by the proposed method not only has smaller mean angular errors than that obtained by SD method or SD combined with conventional non-local mean smoothing, but also has fewer edge blurring.

Keywords: diffusion magnetic resonance imaging; intravoxel fiber structure; spherical deconvolution; non-local mean

前言

磁共振扩散成像是目前唯一能够在活体上测量组织内水分子扩散运动与成像的无创方法,它通过测量和量化组织中水分子的扩散信息来探测组织的微观结构。水分子沿不同方向的扩散信息包含在一组不同扩散梯度方向的扩散加权图像(Diffusion Weighted Image, DWI)中,通过对扩散函数进行建模可以解析出每个体素内的纤维结构信息(主要是纤维的走向)。根据每个体素内的纤维走向,利用纤维束追踪技术可重建出组织纤维束的整体三维结构,并可从中提取有效的临床统计特征,从而用于医疗诊断及相关研究等。

扩散张量成像(Diffusion Tensor Imaging, DTI)^[1]是最早提出的一种扩散模型,目前已被广泛用于临床和医学研究中。该方法将扩散函数建模为 $D(\mathbf{g}) = \mathbf{g}^T \mathbf{D} \mathbf{g}$,其中 \mathbf{g} 是扩散加权梯度方向, \mathbf{D} 是二阶对称正定张量。这种建模方法虽然简单、稳定,但所采用的二阶对称张量仅能描述体素内的单一平均纤维走向,而无法用于描述存在纤维交叉、分叉等体素内复杂纤维结构。

目前,已有一些方法能够通过更复杂的模型来估计体素内的多个纤维走向,从而解决DTI方法的限制。这些方法主要包括:多张量模型^[2-4]、高阶扩散张量^[5]、Q-Ball成像^[6-9]、扩散谱成像^[10-12]、球面反卷积(Spherical Deconvolution, SD)^[13-17]、独立分量分析^[18]、混合扩散成像^[19]等。其中,基于SD的方法由于具备不需指定纤维分布的数量、计算效率高且能够在低角分辨率成像条件下估计体素内纤维走向分布等优点,得到较广泛的应用,但是基于SD的方法对噪声

【收稿日期】2019-04-27

【基金项目】国家自然科学基金青年科学基金(61601057)

【作者简介】楚春雨,博士,讲师,研究方向:磁共振扩散成像、医学图像处理, E-mail: chuchunyu@bhu.edu.cn

非常敏感。为了解决SD方法对图像噪声敏感的问题,通常有两种改进方案:一是在SD模型中引入正则化技术;二是在使用SD方法进行体素内纤维结构估计前,先采用有效的降噪方法对DWI图像进行预处理。非局部均值(Non-Local Mean, NLM)作为一种经典的图像平滑方法已被应用于DWI降噪^[20],在使用NLM方法对DWI降噪时,只是简单地对一组不同扩散加权梯度方向的DWI图像分别进行NLM平滑,往往难以得到较好的结果。

本研究针对NLM方法直接用于DWI降噪存在的不足,提出一种面向DWI的NLM方法,该方法在对DWI平滑过程中既考虑到不同位置体素间的关联性,同时也考虑到不同扩散加权梯度方向数据间的关联性。原始DWI数据经本研究提出的方法处理后,再采用SD方法进行体素内纤维结构估计,可有效提高体素内纤维结构估计结果的准确性。

1 方法

1.1 基于SD的体素内纤维结构估计

SD方法^[13]是目前应用较广的体素内纤维结构估计方法,该方法将磁共振扩散信号建模为:

$$S = R \otimes F \tag{1}$$

其中, S 为扩散加权信号, R 为响应函数, F 为纤维走向分布函数, \otimes 为卷积操作。通过构造合适的响应函数 R , 就可以通过反卷积方法求得纤维走向分布函数 F 。在该模型下,采用纤维走向分布来表征体素内纤维结构。更多关于SD的细节信息参见文献^[13]。

1.2 经典的非局部均值算法

非局部均值算法由Buades等于2005年首次提出,该算法基于图像信息的自然冗余进行加权平均降噪。在NLM算法的理论公式中,体素 x_i 的非局部均值 $NLM(x_i)$ 是图像 I 上所有体素的加权平均,即:

$$NLM(x_i) = \sum_{x_j \in I} \omega(x_i, x_j) v(x_j) \tag{2}$$

其中, $v(x_j)$ 为体素 x_j 的灰度值, $\omega(x_i, x_j)$ 为体素 x_j 对体素 x_i 的权重系数, $\omega(x_i, x_j) \in [0, 1]$ 并且 $\sum_{x_j \in I} \omega(x_i, x_j) = 1$ 。

在NLM算法的实际应用过程中,对与 x_i 相似体素的搜索通常限定在其邻域 V_i 中,因此式(2)可写为:

$$NLM(x_i) = \sum_{x_j \in V_i} \omega(x_i, x_j) v(x_j) \tag{3}$$

对于在 V_i 中的每个体素 x_i , 权重 $\omega(x_i, x_j)$ 定义为:

$$\omega(x_i, x_j) = \frac{1}{Z(i)} \exp\left(\frac{-d(v(N_i), v(N_j))}{(h\hat{\sigma})^2}\right) \tag{4}$$

其中, N_i 和 N_j 分别为体素 x_i 和 x_j 的邻域, $Z(i) = \sum_j \omega(x_i, x_j)$ 为归一化常数, $\hat{\sigma}$ 为图像噪声标准差的估计值, h 为滤波器参数, 距离 d 定义为:

$$d(v(N_i), v(N_j)) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \Delta(v(y_k), v(z_k))} \tag{5}$$

其中, N 为邻域 N_i 中体素的数量, 其值等于邻域 N_j 中体素的数量, y_k 和 z_k 分别为邻域 N_i 和 N_j 中的第 k 个体素。对于灰度图像, $\Delta(v(y_k), v(z_k)) = \|v(y_k) - v(z_k)\|^2$ 。

1.3 面向磁共振DWI的NLM算法

对于一组DWI图像,其灰度值(扩散加权信号值)可表示为 $S(p, g)$, p 为体素的位置, g 为扩散加权梯度方向。考虑角度信息的DWI的NLM平滑算法可表示为:

$$NLM_{DWI}(S(p_i, g_j)) = \sum_{p_k \in V_{p_i}} \sum_{g_l \in G} \omega_{DWI}(p_i, g_j, p_k, g_l) S(p_k, g_l) \tag{6}$$

其中, p_k 为 p_i 的邻域 V_{p_i} 中体素的位置, G 为所有扩散加权梯度方向的集合, 权重 ω_{DWI} 定义为:

$$\omega_{DWI}(p_i, g_j, p_k, g_l) = \frac{1}{Z_D} \exp\left(\frac{-\text{Dis}(S(N_{p_i}, g_j), S(N_{p_k}, g_l))}{(h_D \hat{\sigma}_D)^2}\right) \tag{7}$$

其中, N_{p_i} 和 N_{p_k} 分别为体素 p_i 和 p_k 的邻域, Z_D 为归一化常数, $\hat{\sigma}_D$ 为DWI图像噪声标准差的估计值, h_D 为滤波器参数, 距离 Dis 定义为:

$$\text{Dis}(S(N_{p_i}, g_j), S(N_{p_k}, g_l)) = \sqrt{\frac{1}{N_D} \sum_{m=1}^{N_D} \Delta(S(q_m, g_j), S(r_m, g_l))} \tag{8}$$

其中, N_D 为邻域 N_{p_i} 中体素的数量, 其值等于邻域 N_{p_k} 中体素的数量, q_m 和 r_m 分别为邻域 N_{p_i} 和 N_{p_k} 中第 m 个体素的位置, $\Delta(S(q_m, g_j), S(r_m, g_l)) = \|q_m - r_m\|^2 |g_j^T g_l|$ 。

2 实验与分析

本研究提出的基于NLM平滑的体素内纤维结构估计方法分别在数值仿真数据、仿真实体数据上进行了实验测试,并与不对DWI图像进行降噪直接采用SD方法^[13]以及先利用经典的NLM方法^[20]对DWI图像进行降噪后再使用SD方法(NLM+SD)进行了对比。在数值仿真数据上,通过定量比较不同方法得到的体素内纤维结构的平均角度误差来评价不同方法的准确性,本研究中平均角度误差定义为估计

得到的纤维走向与实际纤维走向之间夹角的平均值;在仿真实体数据上,根据已知的纤维路径的走向来推断体素内纤维结构的实际情况,并将不同方法得到的结果与之比较,从而评价不同方法的准确性。

2.1 数值仿真数据实验

实验采用多张量模型^[2]的简单形式二张量模型生成一组数值仿真数据,二张量模型是将一个体素内沿扩散加权梯度方向 \mathbf{g} 的扩散加权信号 $S(\mathbf{g})$ 建模为两项扩散张量项的和的形式:

$$S(\mathbf{g}) = S_0(f \exp(-b\mathbf{g}^T \mathbf{D}_1 \mathbf{g}) + (1-f) \exp(-b\mathbf{g}^T \mathbf{D}_2 \mathbf{g})) \quad (9)$$

其中, b 为扩散敏感因子, f 为体积分数, \mathbf{D}_1 和 \mathbf{D}_2 为两扩散张量,扩散张量可以根据指定的特征向量和特征值进行构造。在数值仿真中,为了简化操作,通常设定 $S_0 = 1$, $f = 0.5$,并假定扩散张量的第二和第三特征值相同,同时令 \mathbf{D}_1 和 \mathbf{D}_2 的特征值相同。因此只要给定 b 值,一定数量的扩散加权梯度方向,两个扩散张量的主特征方向,以及张量的特征值,即可生成仿真的扩散加权信号。在本仿真中,给定 b 值为 $1\ 000\ \text{s}/\text{mm}^2$,30个扩散梯度方向,两个扩散张量的主特征方向如图 1a 所示,张量的特征值为 $(1.2, 0.3, 0.3) \times 10^{-3}\ \text{mm}^2/\text{s}$ 。由于数值仿

真得到的是无噪声数据,为了测试算法的抗噪性能,向数值仿真数据中加入不同强度的莱斯噪声,从而得到不同信噪比的数值仿真数据。

图 1b~图 1d 给出不同方法在一组信噪比为 25 的数值仿真数据上的估计结果。从图 1b 可以看出直接采用 SD 方法估计得到的体素内纤维结构呈现出较为混乱的分布,这说明 SD 方法极易受到噪声的影响,在噪声强度不高的情况下,也会导致估计结果的误差大大增加。从图 1c 和图 1d 的结果可以看出,在进行体素内纤维结构估计前对 DWI 数据进行平滑能够有效提升纤维结构估计结果的质量,减小估计误差。通过对比图 1c 和图 1d 的结果可以看出,NLM+SD 方法一些边缘区域存在模糊现象,例如图 1c 中红色方框所标注的体素,对于一些实际只有单一纤维走向的体素,NLM+SD 方法却得到了两个纤维走向;而对于一些实际上有两个体积分数相同的纤维走向的体素,NLM+SD 方法得到的结果却显示其中一个纤维走向的体积分数较小。而本研究方法在这组仿真数据上并没有显示出这些问题,可以看出本研究方法明显优于 NLM+SD 方法。

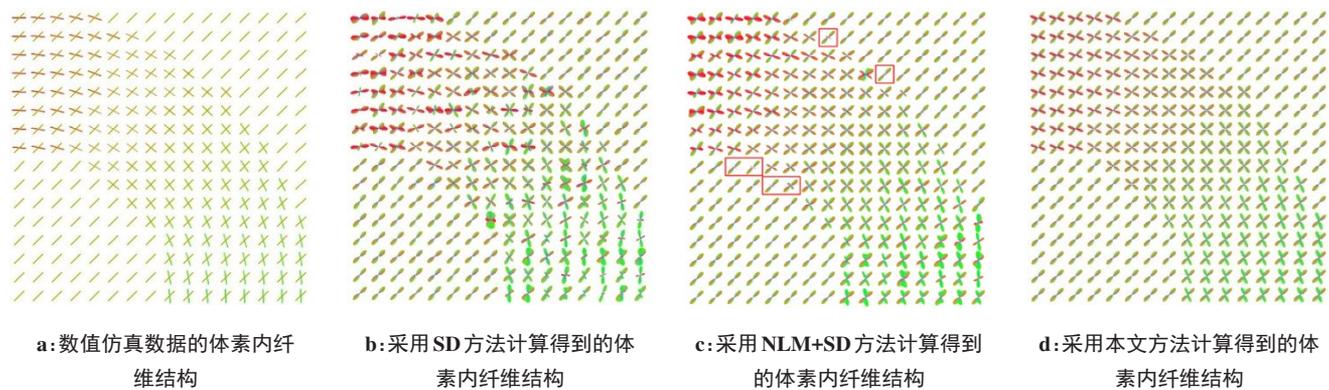


图1 不同方法估计得到的体素内纤维结构

Fig.1 Intravoxel fiber structures obtained by different methods

为了定量比较不同方法的估计结果,通过计算图 1b~图 1d 所示估计结果的平均角度误差,得到 SD 方法的平均角度误差为 14.8° ,NLM+SD 方法的平均角度误差为 7.5° ,而本研究方法的平均角度误差为 4.8° ,显然本研究方法得到的结果误差低于其它方法。为了比较不同噪声强度对 3 种方法(SD 方法、NLM + SD 方法和本研究方法)的估计结果的影响,在 5 种信噪比条件下,不同方法估计结果的平均角度误差如图 2 所示。与 SD 方法和 NLM + SD 方法相比,本研究方法的估计结果的平均角度误差约降低 25%~30%。

2.2 仿真实体数据实验

实验采用的仿真实体数据来源于 MICCAI 2009 国际会议,该数据最初是用于人脑白质纤维追踪算法竞赛,关于该组数据的更多细节信息参见文献 [21]。该比赛的数据集中包含多组不同参数的 DWI 数据,本实验中采用其中一组 b 值为 $1\ 500\ \text{s}/\text{mm}^2$,64 个扩散加权梯度方向的数据。

为了比较经典 NLM 方法与本研究提出的面向 DWI 数据的 NLM 方法,图 3a~图 3c 分别给出未经降噪处理的 DWI 数据的各向异性分数(Fractional Anisotropy, FA)

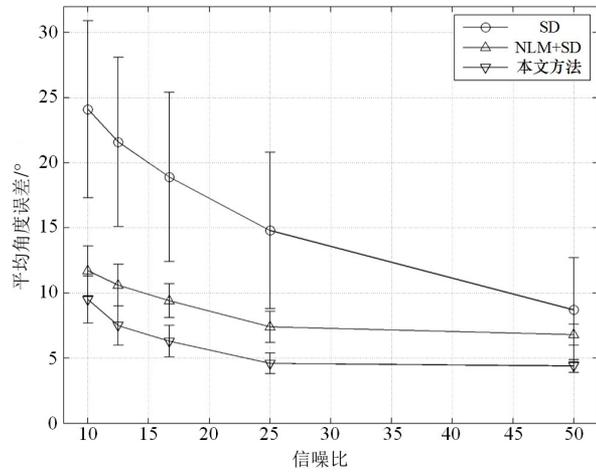
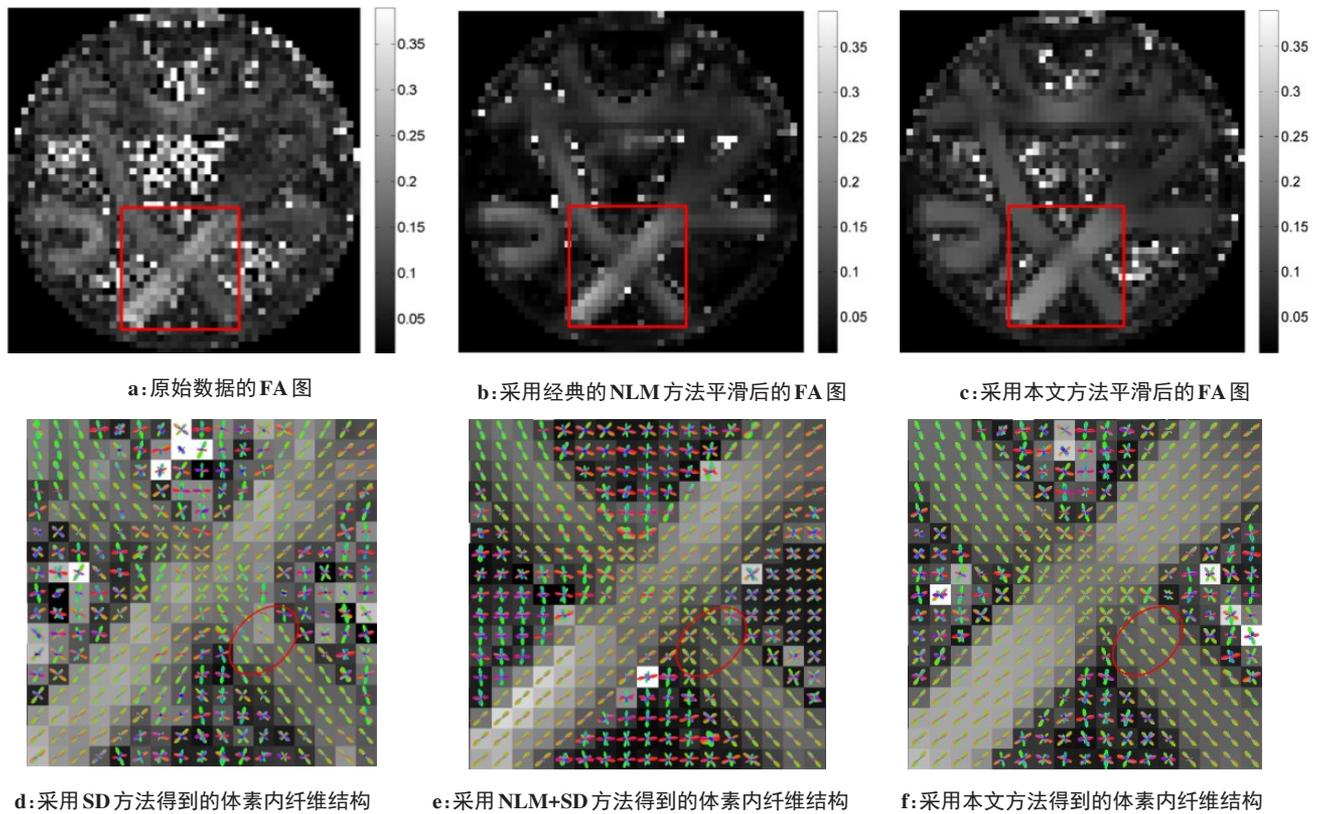


图2 不同信噪比条件下3种方法的平均角度误差
Fig.2 Mean angular errors of 3 methods at different signal-to-noise ratios

图、采用经典NLM方法处理后的DWI数据对应的FA图以及采用本研究提出的面向DWI数据的NLM方法处理后的DWI数据对应的FA图。从图中可以明显看出,采用经典NLM方法或本研究方法处理后,相应的FA图的噪声明显降低。与经典NLM方法的结果(图3b)相比,本研究方法的结果(图3c)在存在纤维束的区域内的均匀性更好,在纤维束区域与背景边界更清晰,没有明显的模糊现象。

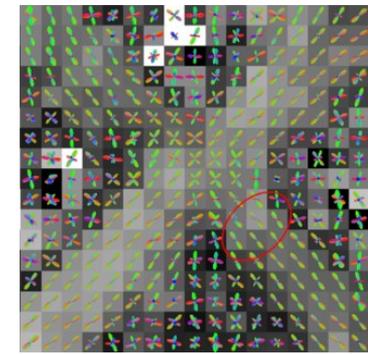
为了更好地比较不同方法的效果,选取如图3a~图3c中红色方框所标识的感兴趣区域,该区域包含两束纤维交叉的情况,分别采用3种方法(SD方法、NLM + SD方法和本研究方法)对该区域内的体素进行纤维结构估计,得到的估计结果如图3d~图3f所示。可以看出,在纤维交叉处SD方法的结果比较混



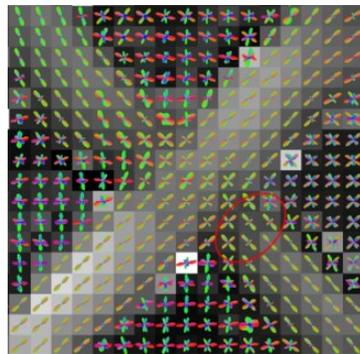
a:原始数据的FA图

b:采用经典的NLM方法平滑后的FA图

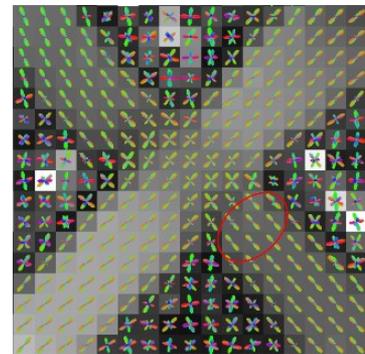
c:采用本文方法平滑后的FA图



d:采用SD方法得到的体素内纤维结构



e:采用NLM+SD方法得到的体素内纤维结构



f:采用本文方法得到的体素内纤维结构

图3 不同方法得到的FA图和体素内纤维结构

Fig.3 Fractional anisotropy maps and intravoxel fiber structures obtained by different methods

乱,说明SD方法容易受噪声影响,估计结果的误差较大,而NLM+SD方法和本研究方法的结果均具有较好的局部一致性。对比图3d~图3f中红色椭圆标记的区域,该区域的体素内纤维结构应为单一纤维走向,而NLM+SD方法却得到存在体素内纤维交叉的结果,这说明NLM+SD方法在存在纤维交叉的区域和不存在纤维交叉的区域的边界处出现了一定的

模糊现象,而本研究方法的结果则较少存在这种情况。

3 结论

本研究提出一种基于NLM平滑的体素内纤维结构估计方法,该方法通过建立面向DWI数据的NLM平滑方法,在考虑DWI数据不同位置的体素间的关

联性同时也考虑到不同扩散加权梯度方向的数据间的关联性,对DWI数据进行NLM平滑后再采用SD方法估计体素内纤维结构。数值仿真数据和仿真实体数据实验结果表明,与SD和NLM+SD方法相比,采用本研究方法得到的体素内纤维结构的平均角度误差更小,且较少存在边缘模糊现象。

【参考文献】

- [1] BASSER P J, MATTIELLO J, LEBIHAN D. MR diffusion tensor spectroscopy and imaging[J]. *Biophys J*, 1994, 66(1): 259-267.
- [2] TUCH D S, REESE T G, WIEGELL M R, et al. High angular resolution diffusion imaging reveals intravoxel white matter fiber heterogeneity[J]. *Magn Reson Med*, 2002, 48(4): 577-582.
- [3] LANDMAN B, BOGOVIC J, WAN H, et al. Resolution of crossing fibers with constrained compressed sensing using diffusion tensor MRI [J]. *Neuroimage*, 2012, 59(3): 2175-2186.
- [4] CHU C Y, HUANG J P, SUN C Y, et al. Resolving intravoxel fiber architecture using nonconvex regularized blind compressed sensing [J]. *Phys Med Biol*, 2015, 60(6): 2339-2354.
- [5] OZARSLAN E, MARECI T H. Generalized diffusion tensor imaging and analytical relationships between diffusion tensor imaging and high angular resolution diffusion imaging[J]. *Magn Reson Med*, 2003, 50(5): 955-965.
- [6] TUCH D S. Q-ball imaging[J]. *Magn Reson Med*, 2004, 52(6): 1358-1572.
- [7] DESCOTEAUX M, ANGELINO E, FITZGIBBONS S, et al. Regularized, fast, and robust analytical Q-ball imaging[J]. *Magn Reson Med*, 2007, 58(3): 497-510.
- [8] METWALLI N S, HU X P, CAREW J D. Adaptive smoothing of high angular resolution diffusion-weighted imaging data by generalized cross-validation improves Q-ball orientation distribution function reconstruction[J]. *Magn Reson Imaging*, 2010, 28(7): 982-994.
- [9] CHO K H, YEH C H, TOURNIER J D, et al. Evaluation of the accuracy and angular resolution of q-ball imaging[J]. *Neuroimage*, 2008, 42(1): 262-271.
- [10] WEDEEN V J, HAGMANN P, TSENG W Y, et al. Mapping complex tissue architecture with diffusion spectrum magnetic resonance imaging[J]. *Magn Reson Med*, 2005, 54(6): 1377-1786.
- [11] WEDEEN V J, WANG R P, SCHMAHMANN J D, et al. Diffusion spectrum magnetic resonance imaging (DSI) tractography of crossing fibers[J]. *Neuroimage*, 2008, 41(4): 1267-1277.
- [12] CANALES-RODRÍGUEZ E J, ITURRIA-MEDINA Y, ALEMÁN-GÓMEZ Y, et al. Deconvolution in diffusion spectrum imaging[J]. *Neuroimage*, 2010, 50(1): 136-149.
- [13] TOURNIER J D, CALAMANTE F, CONNELLY A. Robust determination of the fibre orientation distribution in diffusion MRI: non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution [J]. *Neuroimage*, 2007, 35(4): 1459-1472.
- [14] CHU C Y, KUAI Z X, ZHU Y M. Estimation of multiple fiber orientations using nonconvex regularized spherical deconvolution[C]//2017 10th International Congress on Image and Signal Processing, BioMedical Engineering and Informatics (CISP-BMEI). IEEE, 2017: 1-5.
- [15] KADEN E, KNÖSCHE T R, ANWANDER A. Parametric spherical deconvolution: inferring anatomical connectivity using diffusion MR imaging[J]. *Neuroimage*, 2007, 37(2): 474-488.
- [16] DELL'ACQUA F, SCIFO P, RIZZO G, et al. A modified damped Richardson-Lucy algorithm to reduce isotropic background effects in spherical deconvolution[J]. *Neuroimage*, 2010, 49(2): 1446-1458.
- [17] DELL'ACQUA F, RIZZO G, SCIFO P, et al. A model-based deconvolution approach to solve fiber crossing in diffusion-weighted MR imaging[J]. *IEEE Trans Biomed Eng*, 2007, 54(3): 462-472.
- [18] SINGH M. Estimation of multiple fiber orientations from diffusion tensor MRI using independent component analysis[J]. *IEEE Trans Nucl Sci*, 2005, 52(1): 266-273.
- [19] WU Y C, ALEXANDER A L. Hybrid diffusion imaging [J]. *Neuroimage*, 2007, 36(3): 617-629.
- [20] WIEST-DAESSL N, MORRISSEY S P, WIEST-DAESSLE N, et al. Non-local means variants for denoising of diffusion-weighted and diffusion tensor MRI[C]//International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Springer, 2007: 344-351.
- [21] POUPON C, RIEUL B, KEZELE I, et al. New diffusion phantoms dedicated to the study and validation of high-angular-resolution diffusion imaging (HARDI) models[J]. *Magn Reson Med*, 2008, 60(6): 1276-1283.

(编辑:陈丽霞)