



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 102764141 B

(45) 授权公告日 2014. 05. 21

(21) 申请号 201210253338. 9

CN 102048560 A, 2011. 05. 11,

(22) 申请日 2012. 07. 20

US 2007/0083113 A1, 2007. 04. 12,

(73) 专利权人 中国科学院深圳先进技术研究院
地址 518055 广东省深圳市南山区西丽大学
城学苑大道 1068 号

沈洋等. 声辐射力脉冲弹性成像技术及其算法研究. 《声学技术》. 2011, 第 30 卷 (第 6 期),
刘彦. 人体组织的超声弹性成像方法研究. 《中国优秀硕士学位论文全文数据库医药卫生科技辑》. 2012, (第 5 期),

(72) 发明人 肖杨 郑海荣 孟龙 沈洋

审查员 李明泽

(74) 专利代理机构 广州华进联合专利商标代理
有限公司 44224

代理人 吴平

(51) Int. Cl.

A61B 8/08 (2006. 01)

(56) 对比文件

CN 1586408 A, 2005. 03. 02,

CN 101175444 A, 2008. 05. 07,

WO 2007/111765 A3, 2007. 10. 04,

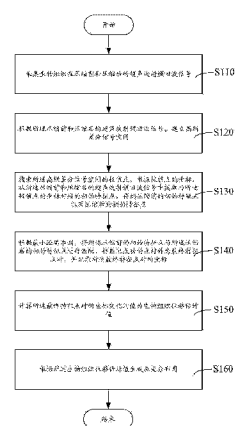
权利要求书2页 说明书8页 附图6页

(54) 发明名称

弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移
估计方法和系统

(57) 摘要

一种弹性成像中的生物组织位移估计方法, 包括以下步骤: 采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号; 根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号, 建立高斯差分信号空间; 搜索所述高斯差分信号空间的极值点, 根据极值点的坐标, 从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点, 得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点; 根据最小距离准则, 将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配, 将匹配成功的点对作为最终特征点对, 并记录所述最终特征点对的坐标; 计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。上述方法较大的提高了处理速度的同时, 还能保证处理的精度。



1. 一种弹性成像中的生物组织位移估计方法,其特征在于,包括以下步骤:

采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;

根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号,建立高斯差分信号空间;

搜索所述高斯差分信号空间的极值点,根据极值点的坐标,从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点,得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点;

根据最小距离准则,将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配,将匹配成功的点对作为最终特征点对,并记录所述最终特征点对的坐标;

计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。

2. 根据权利要求1所述的生物组织位移估计方法,其特征在于,所述建立高斯差分信号空间步骤包括:

对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样,提取生物组织预设深度的采样信号;

将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积,构成多尺度信号空间;

将相邻的多尺度信号空间信号相减,构成多尺度高斯差分信号空间。

3. 根据权利要求1所述的生物组织位移估计方法,其特征在于,所述搜索高斯差分信号空间的极值点的步骤包括:

采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点;

若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。

4. 根据权利要求3所述的生物组织位移估计方法,其特征在于,所述根据最小距离准则,对压缩前以及压缩后的初始特征点进行匹配的步骤包括:

计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离小于0.1,最小距离和次小距离的比值小于0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。

5. 根据权利要求2所述的生物组织位移估计方法,其特征在于,所述搜索高斯差分信号空间的极值点的步骤包括:

采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点;

若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。

6. 根据权利要求5所述的生物组织位移估计方法,其特征在于,所述根据最小距离准则,对压缩前以及压缩后的初始特征点进行匹配的步骤包括:

计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离小于0.1,最小距离和次小距离的比值小于0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。

7. 一种弹性成像方法,其特征在于,包含权利要求1至6中任一项所述的生物组织位移估计方法,所述弹性成像方法还包括:

根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。

8. 一种生物组织位移估计系统,其特征在于,包括:

采集装置,用于采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;

高斯差分信号空间构建装置,用于根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号,

建立高斯差分信号空间；

初始特征点获取装置,用于搜索所述高斯差分信号空间的极值点,根据极值点的坐标,从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点,得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点；

最终特征点对获取装置,用于根据最小距离准则,将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配,将匹配成功的点对作为最终特征点对,并记录所述最终特征点对的坐标；

位移值计算装置,用于计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。

9. 根据权利要求8所述的生物组织位移估计系统,其特征在于,所述高斯差分信号空间构建装置包括：

采样单元,用于对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样,提取生物组织预设深度的采样信号；

多尺度信号空间构建单元,用于将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积,构成多尺度信号空间；

多尺度高斯差分信号空间构建单元,用于将相邻的多尺度信号空间信号相减,构成多尺度高斯差分信号空间。

10. 根据权利要求8所述的生物组织位移估计系统,其特征在于,所述初始特征点获取装置包括极值点搜索模块,用于采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点；若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。

11. 根据权利要求8所述的生物组织位移估计系统,其特征在于,所述最终特征点对获取装置包括初始特征点匹配模块,用于计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离小于0.1,最小距离和次小距离的比值小于0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。

12. 一种弹性成像系统,其特征在于,包含权利要求8至11中任一项所述的生物组织位移估计系统,所述弹性成像系统还包括应变分布图生成装置,用于根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。

弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移估计方法和系统

技术领域

[0001] 本发明涉及生物医学信号处理,特别是涉及弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移估计方法和系统。

背景技术

[0002] 超声成像技术具有无创伤、无电离辐射、价廉、动态实时等优点,已被广泛应用于临床医学领域,成为多种疾病早期诊断的有效手段。生物组织的弹性模量(或硬度)依赖于其分子组成以及相应的微观组织结构,与其生物学特性紧密相关,病变组织和正常组织往往存在弹性模量(或硬度)的差异。以检测生物组织力学特性为目的的超声弹性成像是近年来兴起的超声影像学技术,其基本原理是对组织施加一个微小的应变(如 1% 的量级),对组织应变前后的射频或者包络信号进行散斑跟踪,估计得到组织内部的纵向位移分布,从而得到组织的应变分布,以灰度图或者伪彩图的形式表示,称为弹性图像。该技术在乳腺癌检测、肝硬化分期、动脉粥样硬化斑块、聚焦超声、射频消融等治疗和监控方面具有广阔的应用前景。

[0003] 应变分布显示,即生成弹性图像,是超声成像技术的关键步骤,其准确性至关重要。传统的弹性成像方法是通过计算压缩前、后回波信号互相关函数峰值的偏移量来估计组织的位移,该方法虽然物理概念简单、但是由于超声设备的电子噪声、量化噪声、组织压缩导致回波信号轴向变形等原因,产生信号的解相关性作用,使得位移估计不准确,带来较大的误差,同时,一些典型的应用对信号处理的实时性提出了要求,而高重叠的互相关处理过程运算量非常大。

发明内容

[0004] 基于此,提供一种快速、准确的弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移估计方法和系统。一种弹性成像中的生物组织位移估计方法,包括以下步骤:

[0005] 采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;

[0006] 根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号,建立高斯差分信号空间;

[0007] 搜索所述高斯差分信号空间的极值点,根据极值点的坐标,从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点,得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点;

[0008] 根据最小距离准则,将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配,将匹配成功的点对作为最终特征点对,并记录所述最终特征点对的坐标;

[0009] 计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。

[0010] 在其中一个实施例中,所述建立高斯差分信号空间步骤包括:

[0011] 对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样,提取生物组织预设深度的采样信号;

- [0012] 将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积,构成多尺度信号空间;
- [0013] 将相邻的多尺度信号空间信号相减,构成多尺度高斯差分信号空间。
- [0014] 在其中一个实施例中,所述搜索高斯差分信号空间的极值点的步骤包括:
- [0015] 采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点;
- [0016] 若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。
- [0017] 在其中一个实施例中,所述根据最小距离准则,对压缩前以及压缩后的初始特征点进行匹配的步骤包括:
- [0018] 计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离小于 0.1,最小距离和次小距离的比值小于 0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。
- [0019] 在其中一个实施例中,还涉及一种弹性成像方法,包含上述实施例中的生物组织位移估计方法,所述弹性成像方法还包括:
- [0020] 根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。
- [0021] 在其中一个实施例中,还涉及一种生物组织位移估计系统,包括:
- [0022] 采集装置,用于采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;
- [0023] 高斯差分信号空间构建装置,用于根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号,建立高斯差分信号空间;
- [0024] 初始特征点获取装置,用于搜索所述高斯差分信号空间的极值点,根据极值点的坐标,从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点,得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点;
- [0025] 最终特征点对获取装置,用于根据最小距离准则,将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配,将匹配成功的点对作为最终特征点对,并记录所述最终特征点对的坐标;
- [0026] 位移值计算装置,用于计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。
- [0027] 在其中一个实施例中,所述高斯差分信号空间构建装置包括:
- [0028] 采样单元,用于对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样,提取生物组织预设深度的采样信号;
- [0029] 多尺度信号空间构建单元,用于将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积,构成多尺度信号空间;
- [0030] 多尺度高斯差分信号空间构建单元,用于将相邻的多尺度信号空间信号相减,构成多尺度高斯差分信号空间。
- [0031] 在其中一个实施例中,所述初始特征点获取装置包括极值点搜索模块,用于采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点;若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。
- [0032] 在其中一个实施例中,所述最终特征点对获取装置包括初始特征点匹配模块,用于计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离

小于 0.1, 最小距离和次小距离的比值小于 0.5, 则该点和最小距离对应的点匹配成功。

[0033] 在其中一个实施例中, 还涉及一种弹性成像系统, 包含上述实施例中的生物组织位移估计系统, 所述弹性成像系统还包括应变分布图生成装置, 用于根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。

[0034] 上述弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移估计方法和系统利用原始射频回波信号构建多尺度高斯差分信号空间, 然后从空间中提取一系列特征点, 根据多尺度空间的理论, 这些点不随射频回波信号位移和尺度改变, 因此在组织应变时, 与发生畸变的信号相比, 提取的特征点具有更强的稳定性, 称为应变不变特征点, 通过追踪特征点的运动来计算组织的应变分布, 较大的提高了处理速度的同时, 还能保证处理的精度。

附图说明

- [0035] 图 1 为一实施例的弹性成像方法的流程图;
- [0036] 图 2 为变化相关系数 ρ_{23} 的理论值曲线示意图;
- [0037] 图 3 为一实施例的建立高斯差分信号空间流程图;
- [0038] 图 4 为超声射频回波信号的多尺度信号空间示意图;
- [0039] 图 5 为一实施例的搜索高斯差分信号空间的极值点的流程图;
- [0040] 图 6 为一实施例的搜索高斯差分信号空间的极值点示意图;
- [0041] 图 7 为应变不同的超声射频回波信号中提取的初始特征点位置坐标图;
- [0042] 图 8 为一实施例的压缩前后初始特征点最小距离匹配的流程图;
- [0043] 图 9 为一实施例的压缩前后初始特征点最小距离匹配的示意图;
- [0044] 图 10 为一实施例的仿体实验结果图一;
- [0045] 图 11 为一实施例的仿体实验结果图二;
- [0046] 图 12 为一实施例的弹性成像系统的结构示意图;
- [0047] 图 13 为一实施例的高斯差分信号空间构建装置的结构示意图。

具体实施方式

- [0048] 如图 1 所示, 一种弹性成像方法, 包括以下步骤:
- [0049] S110、采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;
- [0050] S120、根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号, 建立高斯差分信号空间;
- [0051] S130、搜索所述高斯差分信号空间的极值点, 根据极值点的坐标, 从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点, 得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点;
- [0052] S140、根据最小距离准则, 将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配, 将匹配成功的点对作为最终特征点对, 并记录所述最终特征点对的坐标;
- [0053] S150、计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。
- [0054] S160、根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。
- [0055] 上述的最终特征点为压缩不变的特征点, 本实施例通过追踪压缩不变特征点, 以快速、准确地测量生物组织的纵向位移, 从而计算生物组织的应变分布, 得到应变分布图,

即弹性图像。其依据的基本原理是：对于一维的超声射频回波信号，在只考虑压缩组织沿波束方向的位移，且应变很小 (<10%) 的情况下，压缩后回波信号模型可近似表示成压缩前回波信号的尺度变化模型，压缩不变特征点的提取问题则简化成寻找尺度不变的特征点，通过跟踪压缩前、后特征点对的运动变化，计算组织的位移。

[0056] 可以理解的是，上述步骤 S160 也可以省略掉，从而保护一种生物组织位移估计方法。

[0057] 上述基本原理证明如下：

[0058] 设压缩前的一维超声射频回波信号 $r_1(x)$ 表示为：

$$[0059] \quad r_1(x) = s(x) \otimes p(x) + n_1(x) \quad (1)$$

[0060] 式(1)中， x 表示超声探索的深度，与接收超声射频回波信号的时间 t 满足 $x = tc/2$ ， c 为人体内的声速； $n_1(x)$ 表示均值为 0，且与信号不相干的高斯白噪声； $s(x)$ 为组织散射函数 (scattering function)，在频域可以表示为高斯平稳过程：

$$[0061] \quad E[S_2(k_1)S_3^*(k_2)] = S\delta(k_1 - k_2) \quad (2)$$

[0062] 式(2)中， δ 为单位冲激函数； S 表示该随机过程的平均能量值， $p(x)$ 为散射子分布函数 (Point Spread Function, PSF)，在频域通常表示为：

$$[0063] \quad P(k) = \frac{1}{2} [\exp(\frac{-(k+k_0)^2 \sigma^2}{2}) + \exp(\frac{-(k-k_0)^2 \sigma^2}{2})] \quad (3)$$

[0064] 式(3)中， k_0 为发射脉冲的中心角频率， σ 为与脉冲持续时间相关的时间常数， σ 愈小则信号的频带愈宽。在只考虑压缩组织沿波束方向的位移，则压缩后的回波信号 $r_2(x)$ 可表示为：

$$[0065] \quad r_2(x) = s(\alpha x) \otimes p(x) + n_2(x) \quad (4)$$

[0066] 式(4)中， α 与应变 ε 有关，满足 $\alpha = 1/1 - \varepsilon$ ， $n_2(x)$ 表示均值为 0，且与信号不相干的高斯白噪声；令压缩前回波信号的尺度变化模型 $r_3(x)$ 表示为：

$$[0067] \quad r_3(x) = s(\alpha x) \otimes p(\alpha x) + n_3(x) \quad (5)$$

[0068] 其中， $n_3(x)$ 表示均值为 0，且与信号不相干的高斯白噪声；通过超声散射回波信号形成的机理可知每次获取的回波数据都只是随机过程中的一个样本函数，所以选用在随机过程中相对平稳的相关系数作为 $r_2(x)$ 和 $r_3(x)$ 的相似性度量，相关系数 ρ_{23} 定义为：

$$[0069] \quad \rho_{23} = \frac{C_{23}}{\sqrt{R_{22} R_{33}}} \quad (6)$$

[0070] 式(6)中， C_{23} 为 $r_2(x)$ 和 $r_3(x)$ 的互相关系数； R_{22} 和 R_{33} 分别是 $r_2(x)$ 和 $r_3(x)$ 的自相关系数。将(2)和(3)代入(6)中得到：

[0071]

$$\rho_{23} = \frac{\sqrt{2\alpha} \{ \exp[-(\frac{(\sigma k_0)^2 (1-\alpha)^2}{2(\alpha^2 + 1)})] + \exp[-(\frac{(\sigma k_0)^2 (1+\alpha)^2}{2(\alpha^2 + 1)})] \}}{\sqrt{\alpha^2 + 1} \{ 1 + \exp[-(\sigma k_0)^2] \}} \quad (7)$$

[0072] 图 2 给出了 $\sigma = 0.154\text{mm}$ ， $k_0 = 20.4\text{mm}^{-1}$ 时的相关系数 ρ_{23} 值，从图中可以看出，当且应变很小 (<10%) 时，相关系数 ρ_{23} 趋近于 1，表明压缩后回波信号可近似用压缩前回波信号的尺度变化模型来代替，这样，压缩不变特征的提取问题就简化成寻找尺度不变的特征点。

[0073] 根据应变滤波器理论,由于系统固有噪声(包括电子噪声和量化噪声)和回波信号的畸变噪声,位移计算的动态范围受到限制,利用高斯核函数的特性,不仅可以提取压缩不变特征点来抵抗畸变噪声,而且高斯核函数的平滑作用还可以抵抗电子噪声,使本实施例方法具有较大的动态范围、较高的分辨率和稳定的结果。

[0074] 具体地,如图3所示,所述建立高斯差分信号空间步骤包括:

[0075] S122、对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样,提取生物组织预设深度的采样信号;所述生物组织预设深度是指需要进行诊断的组织深度;

[0076] S124、将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积,构成多尺度信号空间;

[0077] 超声波发射进入人体后,与组织作用产生了携带着生物组织运动信息的背向散射回波信号,位移的计算需要分别采集压缩前、后的一维扫描线回波数据。设生物组织在压缩前的超声射频回波信号表示为 $r_{pre}(x)$,则多尺度信号空间 L_{pre} 可以通过下式建立:

$$[0078] \quad L_{pre}(x, \eta_k) = r_{pre}(x) \otimes g(x, \eta_k) \quad (8)$$

[0079] 式(8)中, η_k 为第 k 层的尺度因子,表示当前层信号的尺度,通常定义 $\eta_k = e \mu^{k-1}$,其中 e 为初始尺度; μ 为常量,与相邻层信号的尺度变化大小有关; $g(x, \eta_k)$ 为零均值的高斯核函数,定义为:

$$[0080] \quad g(x, \eta_k) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\eta_k} \exp\left[-\frac{x^2}{2\eta_k^2}\right] \quad (9)$$

[0081] 由式(8)得到的多尺度信号 $L_{pre}(x, \eta_k)$ 同时满足热扩散方程:

$$[0082] \quad \frac{\partial L_{pre}(x, \eta_k)}{\partial \eta_k} = \eta_k \frac{\partial^2 L_{pre}(x, \eta_k)}{\partial x^2} \quad (10)$$

[0083] 图4给出超声射频回波信号的多尺度信号空间 L_{pre} 的示意图,从图4可以看出,随着尺度因子 η_k 的增加,信号逐渐平滑。

[0084] S126、将相邻的多尺度信号空间信号相减,构成多尺度高斯差分信号空间。

[0085] 第 k 层高斯差分信号定义为:

$$[0086] \quad D_{pre}(x, \eta_k) = (g(x, \mu\eta_k) - g(x, \eta_k)) \otimes r_{pre}(x) \\ [0087] \quad = L_{pre}(x, \mu\eta_k) - L_{pre}(x, \eta_k) \quad (11)$$

[0088] 由式(11)看出,高斯差分信号 $D_{pre}(x, \eta_k)$ 可直接由相邻两层的多尺度空间信号 $L_{pre}(x, \mu\eta_k)$ 和 $L_{pre}(x, \eta_k)$ 相减得到,如图6所示,要得到 N 层的高斯差分信号空间需要构建 $M = N+3$ 层的多尺度信号空间。将(11)式代入(10)式可得:

$$[0089] \quad \eta_k \frac{\partial^2 L_{pre}(x, \eta_k)}{\partial x^2} = \frac{\partial L_{pre}(x, \eta_k)}{\partial \eta_k} \approx \frac{D_{pre}(x, \eta_k)}{\mu\eta_k - \eta_k} \quad (12)$$

[0090] 因此,第 k 层高斯差分信号 $D_{pre}(x, \eta_k)$ 可表示为:

$$[0091] \quad D_{pre}(x, \eta_k) \approx (\mu - 1)\eta_k^2 \frac{\partial^2 L_{pre}(x, \eta_k)}{\partial x^2} = (\mu - 1)(\eta_k^2 \nabla^2 g(x, \eta_k)) \otimes r_{pre}(x) \quad (13)$$

[0092] 式(13)中,高斯差分信号 $D_{pre}(x, \eta_k)$ 近似于尺度归一化高斯函数的拉普拉斯算子 $\eta_k^2 \nabla^2 g$ 与原始射频回波信号 $r_{pre}(x)$ 的卷积,与尺度 η_k 无关,则高斯差分信号空间的极值点具有尺度不变,即压缩不变的特性,而 $(\mu - 1)$ 是一个常量,不会影响极值点的坐标。

[0093] 压缩后组织的超声射频回波信号 $r_{post}(x)$ 同样按照上述方法建立高斯差分信号空间:

$$[0094] \quad D_{post}(x, \eta_k) = (g(x, \mu\eta_k) - g(x, \eta_k)) \otimes r_{post}(x) \quad (14)$$

[0095] 式(14)中, η_k 的取值和 $g(x, \eta_k)$ 的定义与压缩前信号一致。

[0096] 为了保证快速、准确的计算位移,需要足够多的特征点,特征点的提取首先要通过搜索高斯差分信号空间内的极值点,获取初始特征点。

[0097] 具体地,如图 5 所示,所述搜索高斯差分信号空间的极值点的步骤包括:

[0098] S132、建立压缩前、后超声射频回波信号的高斯差分信号空间后,采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点。

[0099] S134、若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。

[0100] 图 6 为高斯差分信号空间的极值点的搜索示意图。高斯差分信号空间每一层上的每一个点(标注为 $\times$)都与周围的八个点(标注为 $\bullet$)进行比较,比较得到极值点后,记录该点的位置坐标,并将原始超声射频回波信号上相同坐标的点提取出来,作为压缩不变的初始特征点。

[0101] 图 7 给出了从 1000 次超声射频回波信号(分别对应着应变值为 0%-99.9%)中提取的初始特征点。每个回波信号的采样点数为 1000。

[0102] 由于受到超声系统的电子噪声、量化噪声以及组织应变导致回波信号畸变等因素的影响,压缩前、后的回波信号中提取的初始特征点数目会有差异,导致信号失配,使得位移计算结果出现误差甚至错误。因此,需要对压缩前、后的回波信号中提取的初始特征点进行匹配,将匹配成功的点对作为最终特征点对。

[0103] 具体地,如图 8 所示,根据最小距离准则,对压缩前以及压缩后的初始特征点进行匹配的步骤包括:

[0104] S142、计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离;

[0105] S144、当最小距离小于 0.1,最小距离和次小距离的比值小于 0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。

[0106] 具体地,设 $r_{pre}(i)$ 和 $r_{post}(j)$ 分别表示采样量化后的压缩前、后回波数据,其中 i 和 j 为时域采样点,与测量深度有关。令序列 $\{i_m\}$ 和 $\{j_n\}$ 表示压缩前、后初始特征点的坐标集,则特征点的距离定义为:

$$[0107] \quad l(i_m, j_n) = |r_{pre}(i_m) - r_{post}(j_n)| \quad (m = 1, 2, 3, \dots, A, n = 1, 2, 3, \dots, B) \quad (15)$$

[0108] 式(15)中, A 和 B 分别为压缩前、后初始特征点的数目。计算压缩前的每一个初始特征点与压缩后其周围的五个初始特征点的距离,当最小距离满足 $l_{1min} < 0.1$,最小距离和次小距离的比值满足 $l_{1min}/l_{2min} < 0.5$,则该点和最小距离点匹配成功,记录两点的位置坐标,图 9 给出了特征点匹配示意图。

[0109] 生物组织压缩后,超声回波信号上的特征点会产生移动,获得压缩不变的最终特征点后,特征点的位移计算就很容易了,只需跟踪采样窗内压缩前、后最终特征点对的坐标变化,取窗内所有特征点对的坐标变化均值作为组织位移值,不需要对信号进行时域延展,也不需要做互相关运算,运算速度较快;同时,最后获得的弹性图像可具有多重分辨率。

[0110] 具体地,设匹配成功的特征点对的位置坐标为 (f_{pre}, f_{post}) ,则位移值由下式计算得到:

$$[0111] \quad d = \frac{1}{N} \sum (f_{pre} - f_{post}) \quad (16)$$

[0112] 式(16)中, N 为采样窗内特征点对的个数。

[0113] 为了验证本实施例方法的有效性, 搭建了一个仿体实验平台进行模拟实验。仿体为长方体, 其体积为 $5 \times 5 \times 10 \text{cm}^3$, 中间有一个直径为 1cm 的圆柱形内容物。背景组织由 8% 的聚乙烯醇和 1% 的细胞纤维素颗粒制作而成 (杨式模量大概为 30kPa); 内容物由 10% 的聚乙烯醇和 1% 的细胞纤维素颗粒制作而成 (杨式模量大概为 120kPa)。

[0114] 实验采用 SC300-38 位移控制台控制钢板从上表面压缩仿体, 使仿体产生 0.1% 到 2% 的平均应变; 仿体的下表面固定一个中心频率为 5MHz, 带宽为 65%, 具有 126 振元的阵列探头。探头的焦距设定为 20mm 到 30mm。实验采用 SonixRP 开放式超声系统获取仿体压缩前后的 256 道超声射频回波信号 (扫描线), 采样频率为 40MHz。

[0115] 图 10 中的(a)给出了仿体的 B 超图, 图 10 中的(b)给出了第 130 道扫描线对应的平均应变分别为 0.1%、0.2% 和 1% 时的位移曲线, 可以看出, 该方法具有较高的分辨率, 能计算出微小应变产生的位移值。图 10 中的(c) 给出了应变为 1% 时得到的仿体位移分布图。图 11 给出了仿体平均应变分别为 0.1%、0.2% 和 1% 时的应变分布图 (弹性图)。

[0116] 从初步实验效果图来看, 本实施例方法能较准确的得到仿体的位移分布和应变分布图, 且运算速度是传统方法的 5 倍左右。

[0117] 如图 12 所示, 在其中一个实施例中, 还涉及一种弹性成像系统, 包括:

[0118] 采集装置 110, 用于采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号;

[0119] 高斯差分信号空间构建装置 120, 用于根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号, 建立高斯差分信号空间;

[0120] 初始特征点获取装置 130, 用于搜索所述高斯差分信号空间的极值点, 根据极值点的坐标, 从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点, 得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点;

[0121] 最终特征点对获取装置 140, 用于根据最小距离准则, 将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配, 将匹配成功的点对作为最终特征点对, 并记录所述最终特征点对的坐标;

[0122] 位移值计算装置 150, 用于计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。

[0123] 应变分布图生成装置 160, 用于根据所述生物组织位移估计值生成应变分布图。

[0124] 可以理解的是, 应变分布图生成装置 160 也可以省略掉, 从而保护一种生物组织位移估计系统。

[0125] 具体地, 如图 13 所示, 高斯差分信号空间构建装置 120 包括:

[0126] 采样单元 122, 用于对所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号进行采样, 提取生物组织预设深度的采样信号;

[0127] 多尺度信号空间构建单元 124, 用于将采样信号与多个尺度的高斯核函数卷积, 构成多尺度信号空间;

[0128] 多尺度高斯差分信号空间构建单元 126, 用于将相邻的多尺度信号空间信号相减, 构成多尺度高斯差分信号空间。

[0129] 具体地,如图 12 所示,所述初始特征点获取装置 130 包括极值点搜索模块 131,用于采用遍历式搜索,将高斯差分信号空间每一层上的每一个点都与周围的八个点进行比较,所述八个点分别为当前层相邻两个点以及相邻层当前点附近的六个点;若当前点与八个点比较后,为最小或者最大,则该点为极值点。

[0130] 具体地,如图 12 所示,所述最终特征点对获取装置 140 包括初始特征点匹配模块 141,用于计算压缩前的初始特征点与相邻于该点的五个压缩后的初始特征点的距离,当最小距离小于 0.1,最小距离和次小距离的比值小于 0.5,则该点和最小距离对应的点匹配成功。

[0131] 以上所述实施例仅表达了本发明的几种实施方式,其描述较为具体和详细,但并不能因此而理解为对本发明专利范围的限制。应当指出的是,对于本领域的普通技术人员来说,在不脱离本发明构思的前提下,还可以做出若干变形和改进,这些都属于本发明的保护范围。因此,本发明的保护范围应以所附权利要求为准。

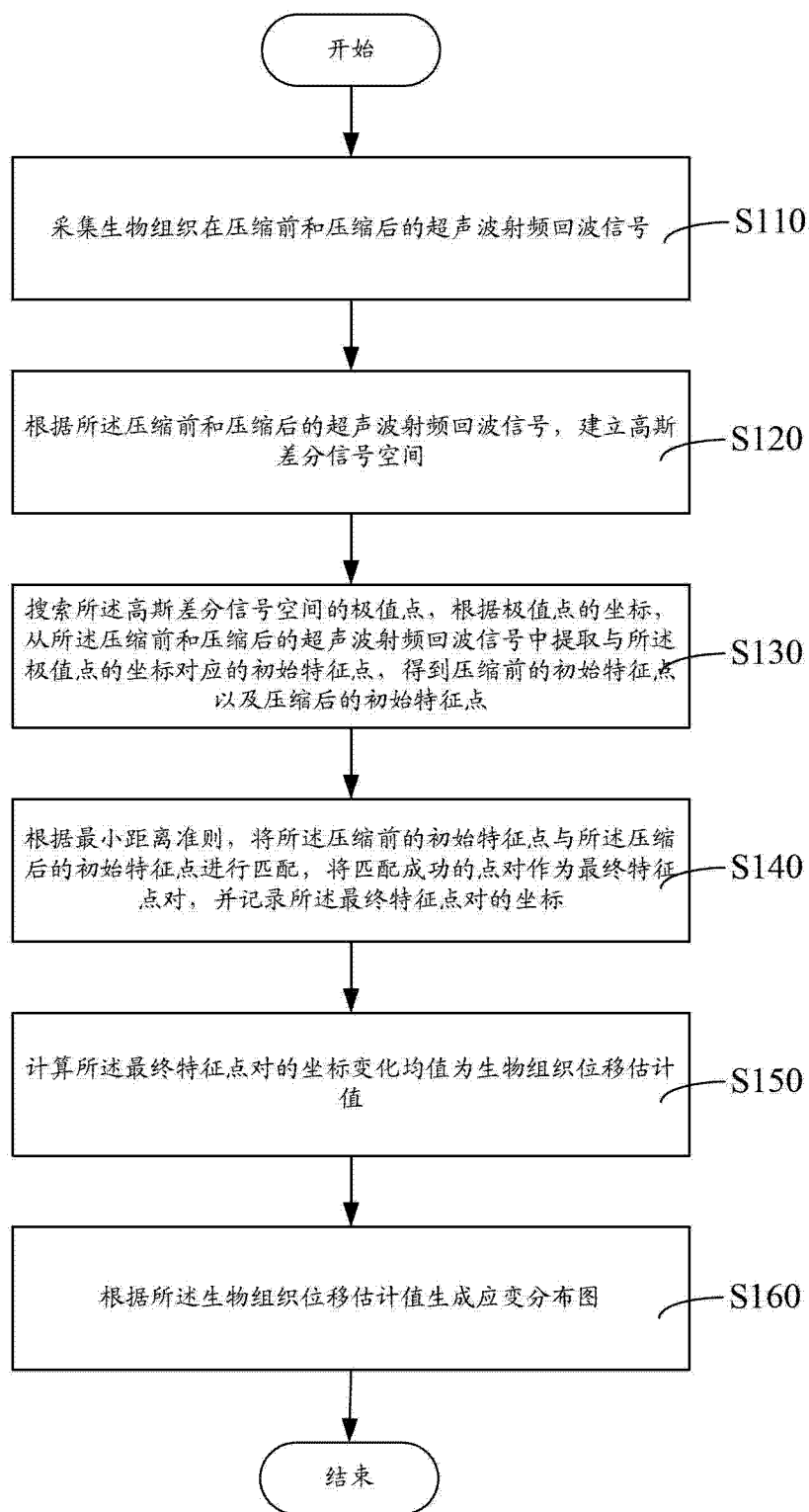


图 1

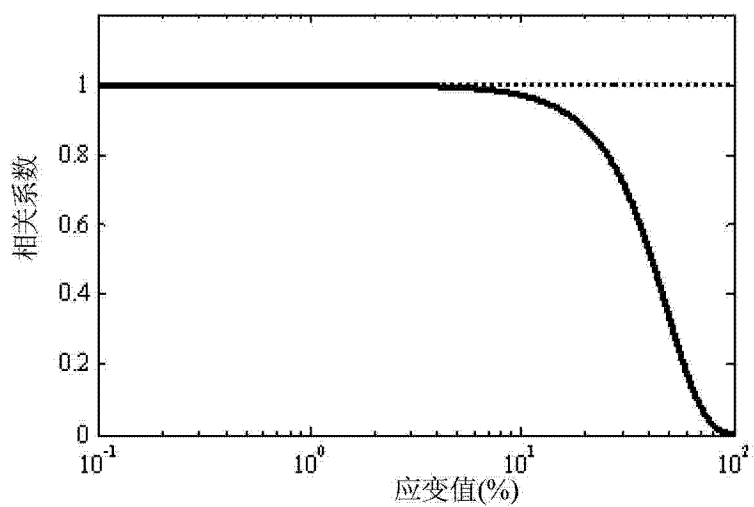


图 2

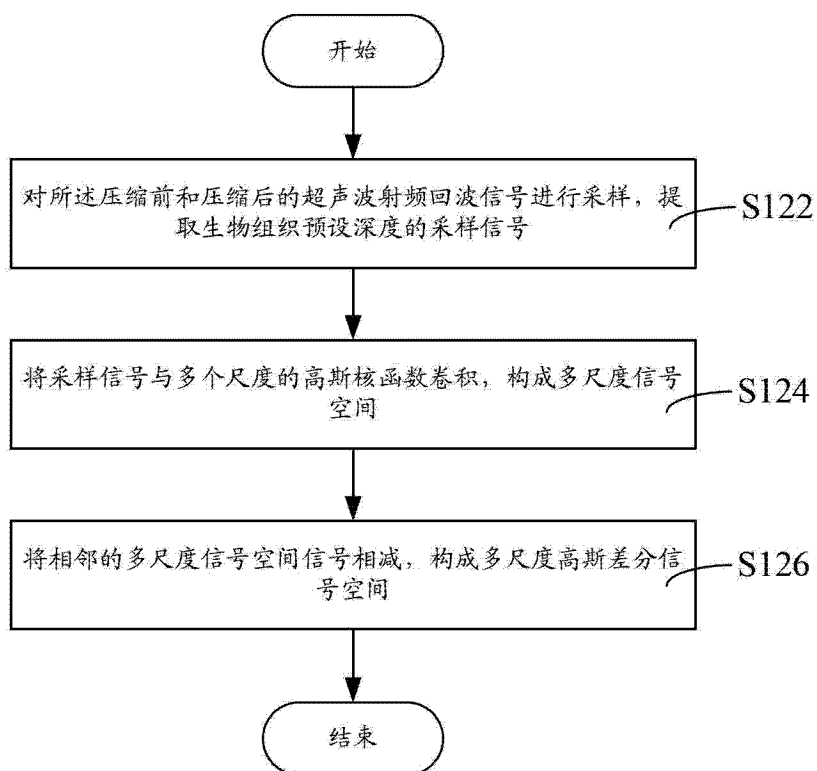


图 3

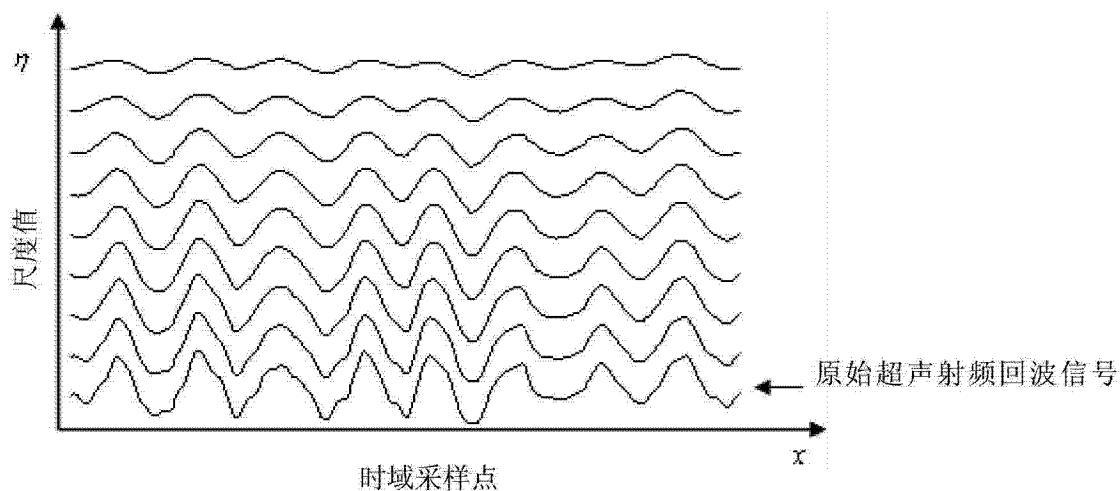


图 4

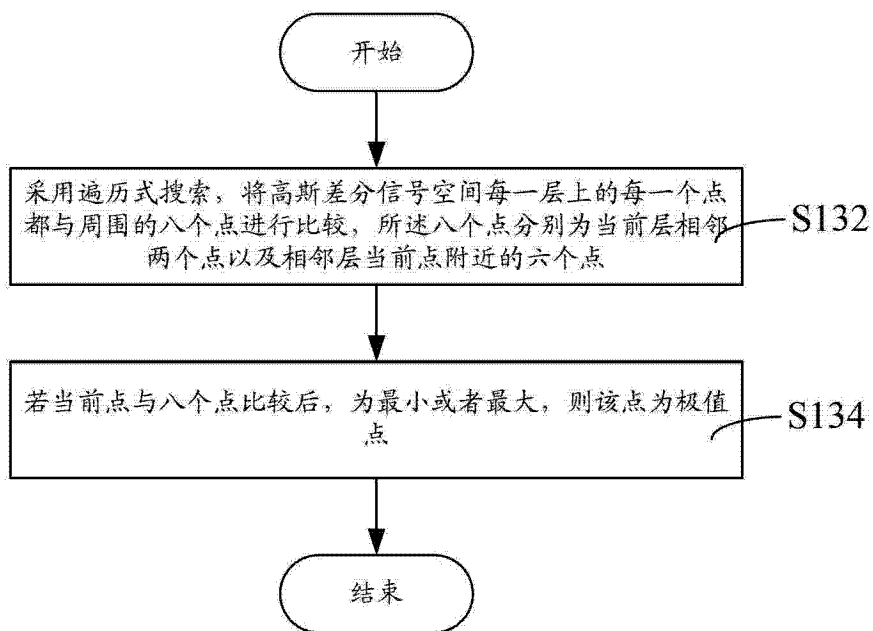


图 5

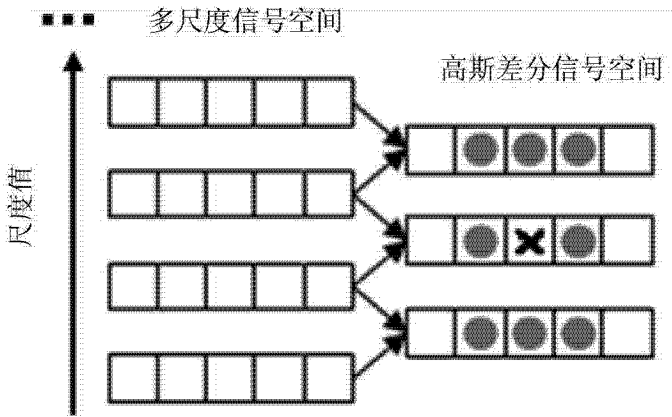


图 6

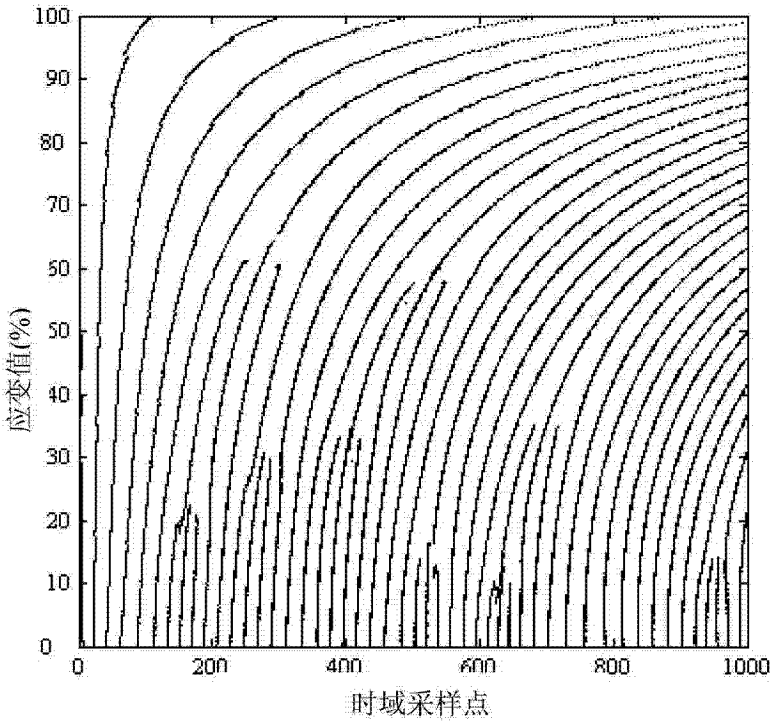


图 7

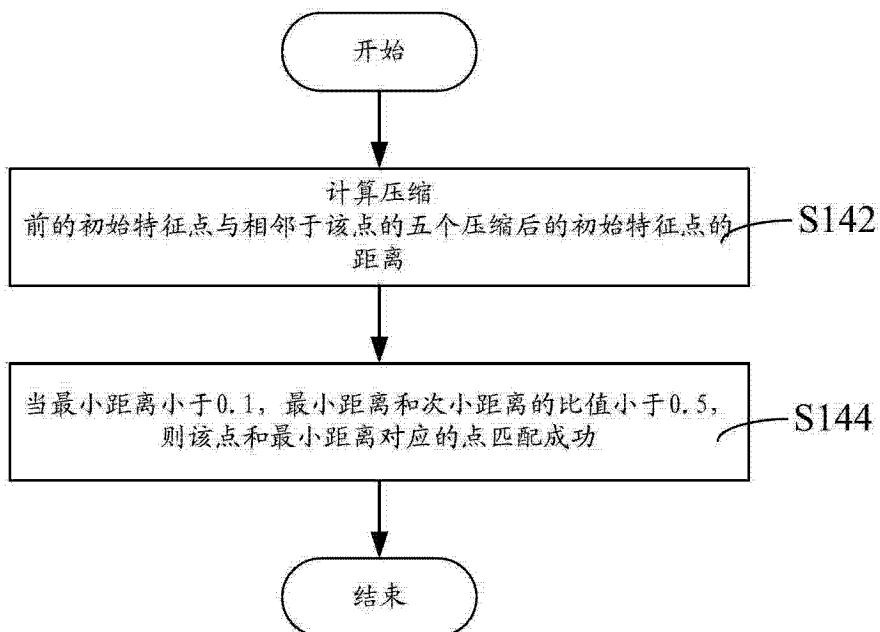


图 8

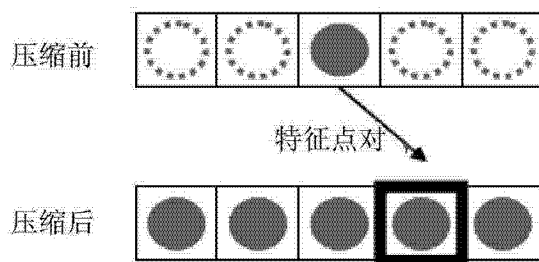


图 9

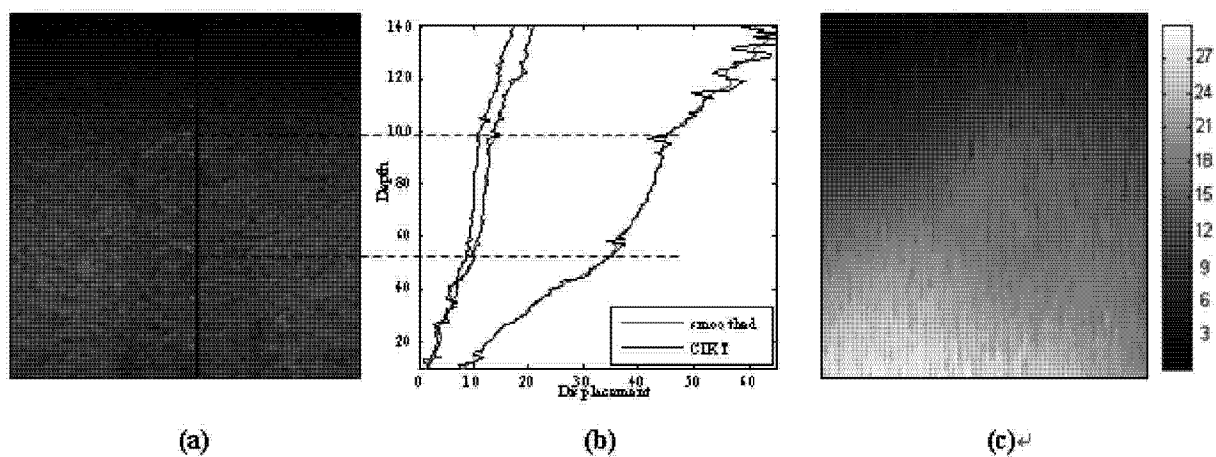


图 10

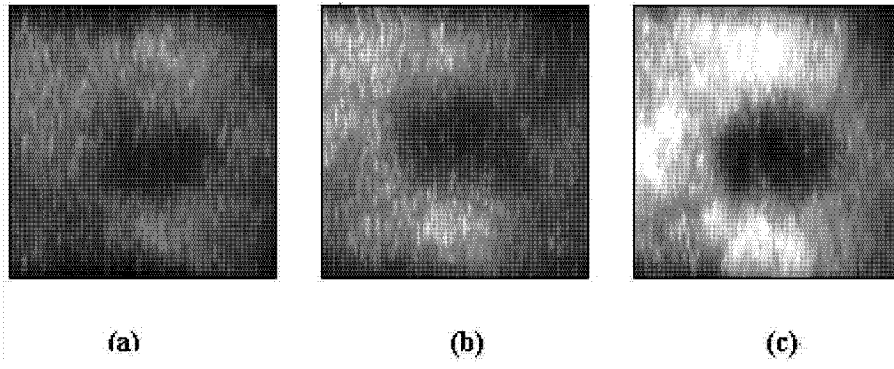


图 11

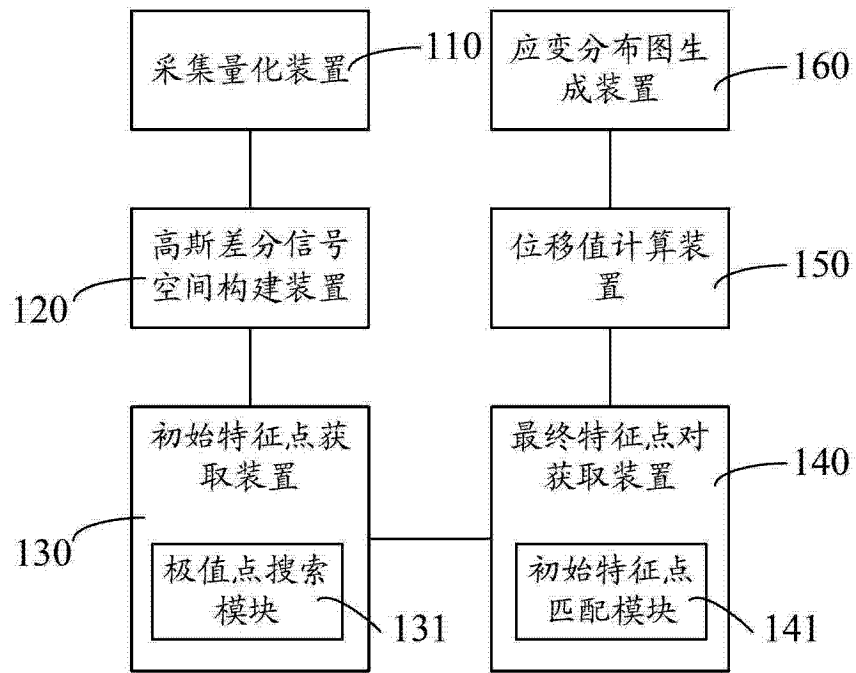


图 12

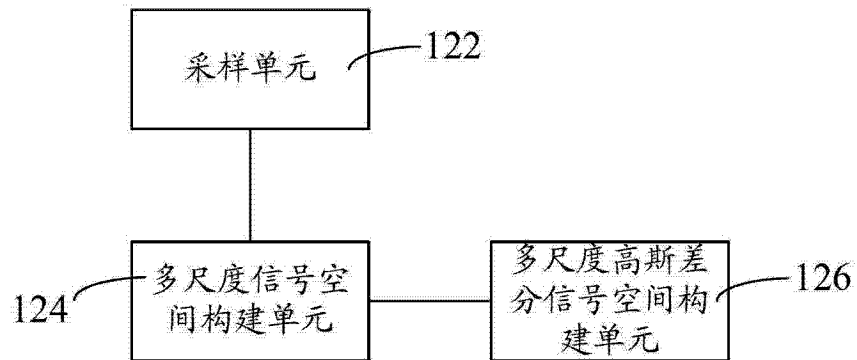


图 13

专利名称(译)	弹性成像方法和系统及其中的生物组织位移估计方法和系统		
公开(公告)号	CN102764141B	公开(公告)日	2014-05-21
申请号	CN201210253338.9	申请日	2012-07-20
[标]申请(专利权)人(译)	深圳先进技术研究院		
申请(专利权)人(译)	中国科学院深圳先进技术研究院		
当前申请(专利权)人(译)	中国科学院深圳先进技术研究院		
[标]发明人	肖杨 郑海荣 孟龙 沈洋		
发明人	肖杨 郑海荣 孟龙 沈洋		
IPC分类号	A61B8/08		
代理人(译)	吴平		
审查员(译)	李明泽		
其他公开文献	CN102764141A		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

一种弹性成像中的生物组织位移估计方法，包括以下步骤：采集生物组织在压缩前和压缩后的超声波射频回波信号；根据所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号，建立高斯差分信号空间；搜索所述高斯差分信号空间的极值点，根据极值点的坐标，从所述压缩前和压缩后的超声波射频回波信号中提取与所述极值点的坐标对应的初始特征点，得到压缩前的初始特征点以及压缩后的初始特征点；根据最小距离准则，将所述压缩前的初始特征点与所述压缩后的初始特征点进行匹配，将匹配成功的点对作为最终特征点对，并记录所述最终特征点对的坐标；计算所述最终特征点对的坐标变化均值为生物组织位移估计值。上述方法较大的提高了处理速度的同时，还能保证处理的精度。

