



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 103637821 A

(43) 申请公布日 2014. 03. 19

(21) 申请号 201310617001. 6

(22) 申请日 2013. 11. 27

(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 高永振 林春漪 周建华 陈秋彬

(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 8/14 (2006. 01)

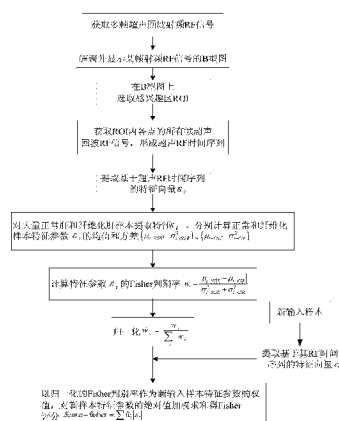
权利要求书2页 说明书6页 附图3页

(54) 发明名称

基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度
Fisher 识别方法

(57) 摘要

本发明属于超声医学技术领域,具体为一种基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,该方法首先使用宽频超声线阵探头扫描活体肝组织,记录多帧超声回波射频 RF 信号;解调并显示某一帧 B 型图,选取感兴趣区 ROI,对 ROI 内的每点取其所有帧 RF 信号构成超声 RF 时间序列;提取 ROI 内 RF 时间序列的 SMR 分形维数均值和若干个谱特征参数,对大量正常和纤维化肝样本提取上述 7 个特征,统计得到每个特征参数的 Fisher 判别率,以归一化的 Fisher 判别率作为新输入样本相应特征参数的权值,对新样本各特征参数的绝对值进行加权求和得到评分 Score-fisher。本发明首次提出基于 RF 时间序列的肝纤维化程度定量识别方法,为临床肝纤维化诊断及动态监测提供定量参考。



1. 基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,其特征在于,包括以下步骤:

(1)训练阶段:选取大量正常肝和纤维化肝样本数据进行如下操作,得到各特征参数的权重:

(1-1) 扫描活体肝组织,获取多帧超声回波射频 RF 信号;

(1-2) 分别解调每一帧超声回波射频 RF 信号的 B 型图;

(1-3) 在每个 B 型图上选取感兴趣区 ROI;

(1-4) 对 ROI 内的每一点取其所有帧 RF 信号构成超声 RF 时间序列;

(1-5) 提取超声 RF 时间序列的 SMR 分形维数均值和若干个谱特征参数,即得到特征向量;

(1-6) 对大量正常肝和纤维化肝样本提取上述特征向量,统计得到正常肝和纤维化肝特征向量中各特征参数的均值和方差;

(1-7) 计算每个特征参数的 Fisher 判别率,然后归一化处理,得到各特征参数的权重;

(2) 识别阶段:对于新输入待识别的样本,按照步骤(1-1)–(1-5)得到特征向量,以步骤(1-7)得到的各特征参数的权重,对新样本每个特征参数的绝对值进行加权求和得到 Fisher 评分,根据其评分的分值即实现肝纤维化程度的识别。

2. 根据权利要求 1 所述的基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,其特征在于,所述步骤(1-5)中,提取超声 RF 时间序列的 SMR 分形维数均值的方法如下:

(1-5-1-1) 设感兴趣区 ROI 大小为 $M \times N$,对 ROI 内的每一点取其所有帧 RF 信号,从而得到 $M \times N$ 个 RF 时间序列;

(1-5-1-2) 归一化幅值为:

$$f_i^{\text{nor}} = \frac{f_i'}{\frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} |f_j'|}, f_i' = f_i - \frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} f_j, i=1, 2, \dots, N_t.$$

其中: f_i 为一条 RF 时间序列上第 i 点的幅值, N_t 为 RF 时间序列采样点的总数目;

(1-5-1-3) 计算信号总长度 L_s ,即依次求取两个相邻归一化幅值的差值,对差值绝对值求和得到;

(1-5-1-4) 求取幅值最大和幅值最小点之间的弧形距离 R ;

(1-5-1-5) 得到 SMR 分形维数: $FD = \frac{\log_{10} L_s}{\log_{10} R}$;

(1-5-1-6) 分别计算每个 RF 时间序列的 SMR 分形维数,然后求和,然后除以 $M \times N$,即得到 SMR 分形维数均值。

3. 根据权利要求 1 所述的基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,其特征在于,所述步骤(1-5)中,提取如下 6 个谱特征参数,分别是四个频段的谱能量之和 S_1, S_2, S_3, S_4 和谱斜率 Slope、谱截距 Intercept,计算步骤为:

首先对每个 RF 时间序列 $f(n)$ 作 FFT 变换得频谱,求取每帧 ROI 内所有点的频谱幅值和,然后除以 $M \times N$,得到每帧的频谱均值 $F_{\text{ave}}(k)$,对 $F_{\text{ave}}(k)$ 作归一化处理得到归一化频谱,即:

$$|\hat{F}_{\text{ave}}(k)| = |F_{\text{ave}}(k)| / \max(|F_{\text{ave}}(k)|);$$

对归一化频谱进行直线稳健拟合, 得到谱斜率 Slope、谱截距 Intercept;
根据下面公式求取 S_1, S_2, S_3, S_4 :

$$S_1 = \sum_{k=1}^{L/8} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|, S_2 = \sum_{k=L/8+1}^{L/4} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|$$

$$S_3 = \sum_{k=L/4+1}^{3L/4} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|, S_4 = \sum_{k=3L/4+1}^{L/2} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|$$

其中, L 是 RF 时间序列总帧数。

4. 根据权利要求 1 所述的基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法, 其特征在于, 所述步骤(1-7)中, 计算每个特征参数的 Fisher 判别率的步骤是:

$$w_i = \frac{|\mu_{i-NOR} - \mu_{i-CIR}|}{\sigma_{i-NOR}^2 + \sigma_{i-CIR}^2};$$

其中, w_i 代表第 i 个特征参数的 Fisher 判别率, μ_{i-CIR} 为纤维化肝样本第 i 个特征参数均值, μ_{i-NOR} 为正常肝样本第 i 个特征参数均值, σ_{i-NOR} 和 σ_{i-CIR} 分别为正常肝和纤维化肝样本的第 i 个特征参数的标准差。

5. 根据权利要求 4 所述的基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法, 其特征在于, 所述步骤(7)中对每个特征参数的 Fisher 判别率进行归一化处理的步骤是:

$$\hat{w}_i = \frac{w_i}{\sum_{i=1}^n w_i}$$

其中, $\hat{w}_i$ 为第 i 个特征参数的权重。

6. 根据权利要求 1 所述的基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法, 其特征在于, 所述步骤(2)中, 得到 Fisher 评分的步骤是:

设第 i 个特征参数的权重为 $\hat{w}_i$, 提取的新样本中第 i 个特征参数为 ε_i , 则 Fisher 评分 Score-fisher 为:

$$\text{Score-fisher} = \sum_i \hat{w}_i |\varepsilon_i|.$$

基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法

技术领域

[0001] 本发明涉及超声医学研究领域,特别涉及一种基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法。

背景技术

[0002] 在亚洲地区,肝纤维化是一种常见的肝脏疾病,它是慢性肝损伤向肝硬化进展的关键环节,为各种慢性肝病发展为肝硬化的必经阶段。现认为肝纤维化经过治疗尚有逆转至正常的可能,而肝硬化则否。但肝组织纤维化程度缺乏定量、无创的诊断和监测手段,在治疗时也无法及时评价疗效。在医学临床中,肝活检是目前肝纤维化诊断的黄金标准,但肝活检是有创性检查,不宜重复进行,而且容易引起其他并发症。超声组织定征以其无创、简易、可重复等优点而在肝纤维化诊断上受到广泛关注。

[0003] 传统的肝组织定征的数据来源主要有两种:超声 B 型图和超声回波射频 RF 信号。基于超声 B 型图像的肝组织定征主要提取图像的纹理特征,然后用 SVM、神经网络等分类器的分类准确率、敏感度、特异性等对分类效果进行评估。超声 B 型图定征存在着以下几点缺陷:(1) 采用辉度调制显示幅值信息,丢弃了丰富的相位信息,使得部分组织信息丢失;(2) 检查结果受到仪器型号、仪器设置等的影响,一致性较差。基于超声回波射频 RF 信号主要对同一帧背散射回波 RF 信号使用超声谱参数法进行组织定征,其具体做法是采用宽频超声探头扫描肝组织获取超声回波射频 RF 信号,解调显示某一帧,截取得到感兴趣区 ROI。对感兴趣区内的声束逐条进行频谱分析,提取谱特征参数,找出能有效区分正常和病变肝组织的特征参数。此方法需要深度衰减补偿,而不同病变程度的组织衰减能力是有差异的,同时个体差异也会使得声波传播路径不同,进而严重影响其分类精度。

[0004] 在上述超声组织定征中,大多是提取可区分正常组织和不正常组织的特征,根据特征分布对样本进行分类,仅仅是定性分析,缺乏对肝纤维化程度的定量分析。

发明内容

[0005] 本发明的主要目的在于克服现有技术的缺点与不足,提供一种基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,该方法利用常规 B 超检查中获取的 RF 时间序列,进行特征提取,并利用 Fisher 判别方法对肝纤维化程度进行定量分析,给肝纤维化程度的识别提供了可度量的辅助信息,不依赖于医生的经验,识别结果更客观。

[0006] 本发明的目的通过以下的技术方案实现:基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法,包括以下步骤:

[0007] (1) 训练阶段:选取大量正常肝和纤维化肝样本数据进行如下操作,得到各特征参数的权重:

[0008] (1-1) 扫描活体肝组织,获取多帧超声回波射频 RF 信号;

[0009] (1-2) 分别解调每一帧超声回波射频 RF 信号的 B 型图;

[0010] (1-3) 在每个 B 型图上选取感兴趣区 ROI;

[0011] (1-4) 对 ROI 内的每一点取其所有帧 RF 信号构成超声 RF 时间序列；

[0012] (1-5) 提取超声 RF 时间序列的 SMR 分形维数均值和若干个谱特征参数，即得到特征向量；

[0013] (1-6) 对大量正常肝和纤维化肝样本提取上述特征向量，统计得到正常肝和纤维化肝特征向量中各特征参数的均值和方差；

[0014] (1-7) 计算每个特征参数的 Fisher 判别率，然后归一化处理，得到各特征参数的权重；

[0015] (2) 识别阶段：对于新输入待识别的样本，按照步骤(1-1)–(1-5)得到特征向量，以步骤(1-7)得到的各特征参数的权重，对新样本每个特征参数的绝对值进行加权求和得到 Fisher 评分，根据其评分的分值即实现肝纤维化程度的识别。

[0016] 具体的，所述步骤(1-5)中，提取超声 RF 时间序列的 SMR 分形维数均值的方法如下：

[0017] (1-5-1-1) 设感兴趣区 ROI 大小为 $M \times N$ ，对 ROI 内的每一点取其所有帧 RF 信号，从而得到 $M \times N$ 个 RF 时间序列；

[0018] (1-5-1-2) 归一化幅值为：

$$[0019] \quad f_i^{\text{nor}} = \frac{f'_i}{\frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} |f'_j|}, f'_i = f_i - \frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} f_j, i=1, 2, \dots, N_t.$$

[0020] 其中： f_i 为一条 RF 时间序列上第 i 点的幅值， N_t 为 RF 时间序列采样点的总数目；

[0021] (1-5-1-3) 计算信号总长度 L_s ，即依次求取两个相邻归一化幅值的差值，对差值绝对值求和得到；

[0022] (1-5-1-4) 求取幅值最大和幅值最小点之间的弧形距离 R ；

$$[0023] \quad (1-5-1-5) \text{ 得到 SMR 分形维数: } FD = \frac{\log_{10} L_s}{\log_{10} R} ;$$

[0024] (1-5-1-6) 分别计算每个 RF 时间序列的 SMR 分形维数，然后求和，然后除以 $M \times N$ ，即得到 SMR 分形维数均值。

[0025] 优选的，所述步骤(1-5)中，提取如下 6 个谱特征参数，分别是四个频段的谱能量之和 S_1, S_2, S_3, S_4 和谱斜率 Slope、谱截距 Intercept，计算步骤为：

[0026] 首先对每个 RF 时间序列 $f(n)$ 作 FFT 变换得频谱 $F(k)$ ，求取每帧 ROI 内所有点的频谱幅值和，然后除以 $M \times N$ ，得到每帧的频谱均值 $F_{\text{ave}}(k)$ ，对 $F_{\text{ave}}(k)$ 作归一化处理得到归一化频谱，即：

$$[0027] \quad |\hat{F}_{\text{ave}}(k)| = |F_{\text{ave}}(k)| / \max(|F_{\text{ave}}(k)|) ;$$

[0028] 对归一化频谱进行直线稳健拟合，得到谱斜率 Slope、谱截距 Intercept；

[0029] 根据下面公式求取 S_1, S_2, S_3, S_4 ：

$$[0030] \quad S_1 = \sum_{k=1}^{L/8} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|, S_2 = \sum_{k=L/8+1}^{L/4} |\hat{F}_{\text{ave}}(k)|$$

$$[0031] \quad S_3 = \sum_{k=L/4+1}^{3L/4} |\hat{F}_{ave}(k)|, S_4 = \sum_{k=3L/4+1}^{L/2} |\hat{F}_{ave}(k)|$$

[0032] 其中, L 是 RF 时间序列总帧数。

[0033] 具体的,所述步骤(1-7)中,计算每个特征参数的 Fisher 判别率的步骤是:

$$[0034] \quad w_i = \frac{|\mu_{i-NOR} - \mu_{i-CIR}|}{\sigma_{i-NOR}^2 + \sigma_{i-CIR}^2};$$

[0035] 其中, w_i 代表第 i 个特征参数的 Fisher 判别率, μ_{i-CIR} 为纤维化肝样本第 i 个特征参数均值, μ_{i-NOR} 为正常肝样本第 i 个特征参数均值, σ_{i-NOR} 和 σ_{i-CIR} 分别为正常肝和纤维化肝样本的第 i 个特征参数的标准差。

[0036] 更进一步的,所述步骤(7)中对每个特征参数的 Fisher 判别率进行归一化处理的步骤是:

$$[0037] \quad \hat{w}_i = \frac{w_i}{\sum_{i=1}^n w_i}$$

[0038] 其中, $\hat{w}_i$ 为第 i 个特征参数的权重。

[0039] 所述步骤(2)中,得到 Fisher 评分的步骤是:

[0040] 设第 i 个特征参数的权重为 $\hat{w}_i$, 提取的新样本中第 i 个特征参数为 ε_i , 则 Fisher 评分 Score-fisher 为:

$$[0041] \quad Score-fisher = \sum_i \hat{w}_i |\varepsilon_i|。$$

[0042] 本发明与现有技术相比,具有如下优点和有益效果:

[0043] 1、本发明首次提出基于 RF 时间序列的肝纤维化程度评分,基于评分对肝纤维化程度进行识别,可以在大量样本数据的基础上,建立分数与肝纤维化程度的对应关系,从而为临床肝纤维化诊断及动态监测提供定量参考。

[0044] 2、本发明中在基于超声 RF 时间序列进行特征提取时,由于超声 RF 时间序列源于同一深度,因此不需要深度衰减补偿,从而可提高定征精度。

[0045] 3、本发明所基于的超声 RF 时间序列可在常规 B 超检查中获取,不会产生额外开支。

[0046] 4、本发明提出 Fisher 评分不需要医生具备相关的背景知识,得到的结果更加客观,更加符合临床应用实际。

附图说明

[0047] 图 1 是本发明方法的流程图;

[0048] 图 2 是肝组织 B 型图;

[0049] 图 3 是肝组织感兴趣区 ROI 的超声 RF 时间序列图;

[0050] 图 4 是超声 RF 时间序列的归一化频谱图。

具体实施方式

[0051] 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。

[0052] 实施例 1

[0053] 如图 1 所示,本实施例基于超声 RF 时间序列的肝纤维化程度 Fisher 识别方法详述如下。

[0054] S1、构建超声 RF 时间序列。

[0055] S1.1 使用加拿大 Ultrasonix 公司生产的 Sonix TOUCH 及中心频率 6.6MHz 的宽频线阵超声探头扫描肝脏包膜下的肝组织区域,记录 128 帧超声回波射频 RF 信号。

[0056] S1.2 对第 1 帧数据进行解调并显示其超声 B 型图(如图 2 所示)。

[0057] S1.3 在超声 B 型图上选取大小为 50×20 的 ROI,截取得到 ROI 内 1000 个点的超声回波射频 RF 信号,对 ROI 内的每点取其所有帧数据即得到 1000 个超声 RF 时间序列,序列图如图 3 所示。

[0058] S2、特征参数提取。

[0059] S2.1 本实施例采用了 30 个正常肝样本和 36 个肝纤维化样本。针对每个样本 ROI 内的 1000 个超声 RF 时间序列,计算得到每一个时间序列的 SMR 分形维数,然后求平均得到该样本的 SMR 分形维数均值。具体过程是:

[0060] 归一化幅值为:

$$[0061] \quad f_i^{\text{nor}} = \frac{f_i'}{\frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} |f_j'|}, f_i' = f_i - \frac{1}{N_t} \sum_{j=1}^{N_t} f_j, i=1, 2, \dots, N_t.$$

[0062] 其中: f_i 为一条 RF 时间序列上第 i 点的幅值, N_t 为 RF 时间序列采样点的总数目;

[0063] 计算信号总长度 L_s , 依次求取两个相邻归一化幅值的差值,对差值绝对值求和得到信号总长度 L_s ;

[0064] 求取幅值最大和幅值最小点之间的弧形距离 R ;

$$[0065] \quad \text{得到 SMR 分形维数: } FD = \frac{\log_{10} L_s}{\log_{10} R};$$

[0066] 分别计算每个 RF 时间序列的 SMR 分形维数,然后求和,然后除以 $M \times N$,即得到 SMR 分形维数均值。

[0067] S2.2 对一个样本的 1000 个超声 RF 时间序列,分别以长度 1024 作 FFT 变换,然后求取每帧的频谱均值,除以最大频谱均值得到大小在 $[0, 1]$ 的归一化频谱,使用 Matlab 对归一化频谱进行直线稳健拟合,得到该样本频谱的斜率 Slope、截距 Intercept。同时,计算得到该样本的四个频段谱能量之和 S_1, S_2, S_3, S_4 。计算步骤为:

[0068] 首先对每个 RF 时间序列 $f(n)$ 作 FFT 变换得频谱 $F(k)$,求取每帧 ROI 内所有点的频谱幅值和,然后除以 $M \times N$,得到每帧的频谱均值 $F_{\text{ave}}(k)$,对 $F_{\text{ave}}(k)$ 作归一化处理得到归一化频谱,即:

$$[0069] \quad |\hat{F}_{\text{ave}}(k)| = |F_{\text{ave}}(k)| / \max(|F_{\text{ave}}(k)|);$$

[0070] 频谱图如图 4 所示,对归一化频谱进行直线稳健拟合,得到谱斜率 Slope、谱截距 Intercept ;

[0071] 根据下面公式求取 S_1, S_2, S_3, S_4 :

$$[0072] \quad S_1 = \sum_{k=1}^{\frac{L}{8}} |\hat{F}_{ave}(k)|, S_2 = \sum_{k=\frac{L}{8}+1}^{\frac{L}{4}} |\hat{F}_{ave}(k)|$$

$$[0073] \quad S_3 = \sum_{k=\frac{L}{4}+1}^{\frac{3L}{4}} |\hat{F}_{ave}(k)|, S_4 = \sum_{k=\frac{3L}{4}+1}^{\frac{L}{2}} |\hat{F}_{ave}(k)|$$

[0074] 其中, L 是 RF 时间序列总帧数。

[0075] 从而得到基于超声 RF 时间序列的特征向量 ε_i 。

[0076] S3、Fisher 评分法评分。

[0077] S3.1 对上述正常肝样本和纤维化肝样本提取 SMR 分形维数均值和 6 个谱参数特征。统计得到正常肝样本中各个特征参数的均值和方差 $(\mu_{i-NOR}, \sigma_{i-NOR}^2)$, 以及纤维化肝样本中各个特征参数的均值和方差 $(\mu_{i-CIR}, \sigma_{i-CIR}^2)$ 。

[0078] S3.2 计算得到每个特征参数的 Fisher 判别率, 步骤是 :

$$[0079] \quad w_i = \frac{|\mu_{i-NOR} - \mu_{i-CIR}|}{\sigma_{i-NOR}^2 + \sigma_{i-CIR}^2}$$

[0080] S3.3 对每个特征参数的 Fisher 判别率进行归一化处理, 步骤是 :

$$[0081] \quad \hat{w}_i = \frac{w_i}{\sum_{i=1}^n w_i}$$

[0082] 其中, $\hat{w}_i$ 为第 i 个特征参数的权重。

[0083] 本实例的 Fisher 权值结果如表 1 所示 :

[0084] 表 1 各特征参数的权值

[0085]

特征参数 ε_i	特征参数的归一化权值 w_i
SMR 分形维数 FD	0.1632
频谱斜率 Slope	0.2597
频谱截距 Intercept	0.3359
S1	0.0394
S2	0.0394
S3	0.0653
S4	0.0971

[0086] S4 对新输入样本进行评分。

[0087] S4.1 根据上述步骤,先针对新输入样本计算得到其各个特征参数。

[0088] S4.2 根据得到的各特征参数的权重,对新样本每个特征参数的绝对值进行加权求和得到 Fisher 评分,根据其评分的分值即实现肝纤维化程度的识别。对特征参数取绝对值是为了避免评分为负值。

[0089] 比如一个 SMR 分形维数 $FD=1.06$,斜率 $Slope=-0.1264$,截距 $Intercept=0.1287$, $S_1=7.6986$, $S_2=2.5977$, $S_3=1.4557$, $S_4=0.8832$ 的正常肝样本,其 Fisher 评分法评分为:

[0090] $Score-fisher=0.1632 \times |1.06| + 0.2597 \times |-0.1264| + 0.3359 \times |0.1287| + 0.0394 \times |7.6986|$

[0091] $+ 0.0394 \times |2.5977| + 0.0653 \times |1.4557| + 0.0971 \times |0.8832|$

[0092] $=0.83553856$

[0093] 又如, SMR 分形维数 $FD=1.06$,斜率 $Slope=-0.0483$,截距 $Intercept=0.0498$, $S_1=3.9795$, $S_2=1.0305$, $S_3=0.559$, $S_4=0.3134$ 的肝纤维化样本,其 Fisher 评分法评分为:

[0094] $Score-fisher=0.1632 \times |1.06| + 0.2597 \times |-0.0483| + 0.3359 \times |0.0498| + 0.0394 \times |3.9795|$

[0095] $+ 0.0394 \times |1.0305| + 0.0653 \times |0.559| + 0.0971 \times |0.3134|$

[0096] $=0.46659117$

[0097] 在实际应用中,可统计大量样本数据的 Fisher 得分,从而建立分数与肝纤维化程度的对应关系,建立一个分类表,从而可以在计算出得分后即能够直接得到当前待识别样本的肝纤维化程度,从而避免依赖医生自己经验进行主观判断,使识别结果更加客观,更加准确。

[0098] 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。

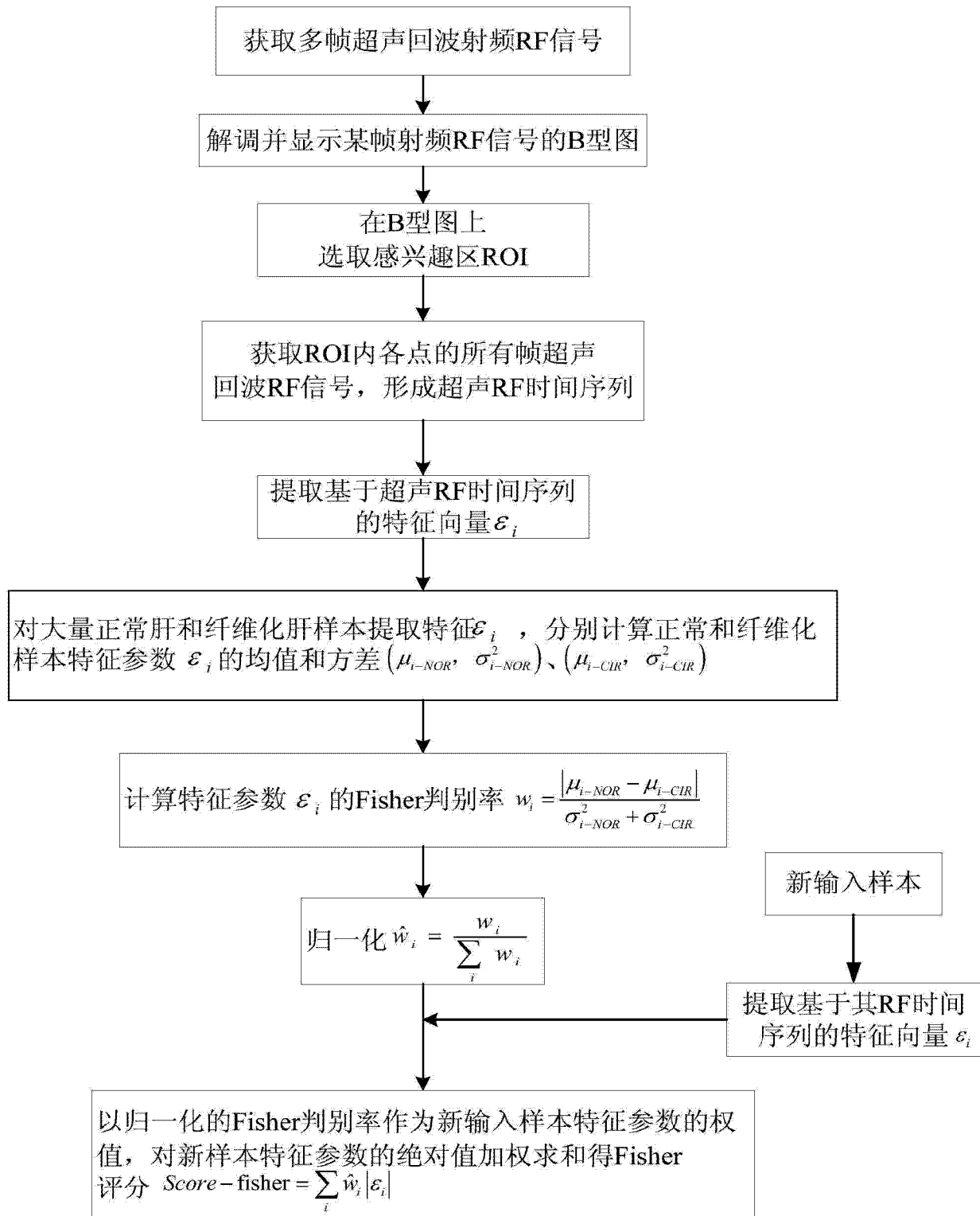


图 1

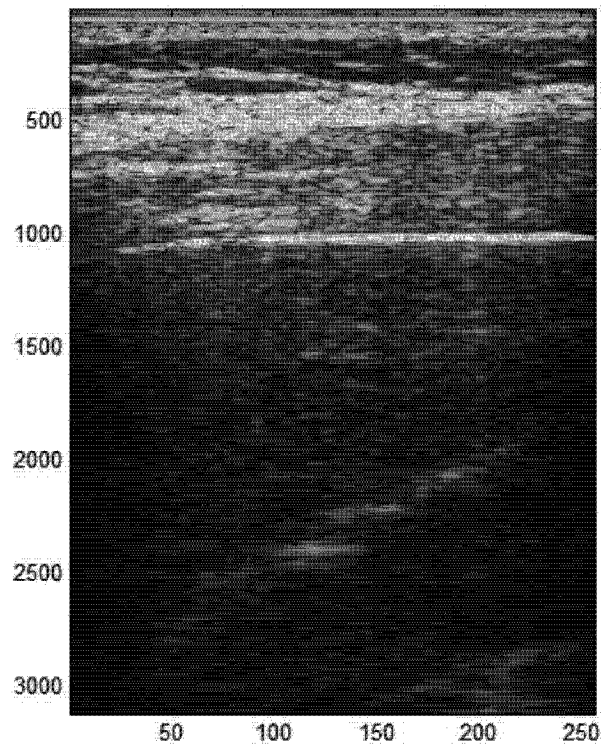


图 2

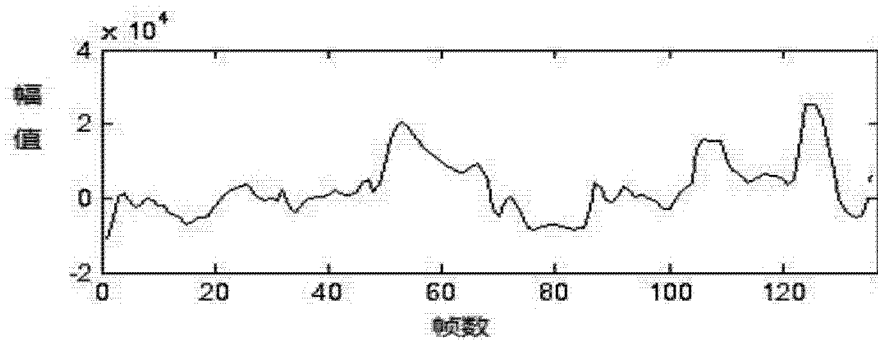


图 3

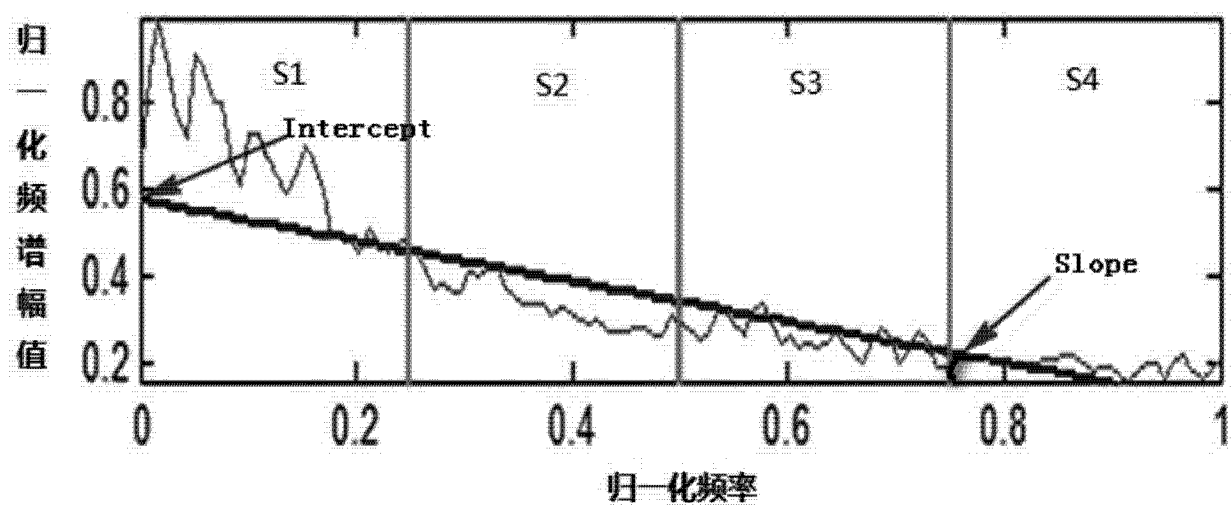


图 4

专利名称(译)	基于超声RF时间序列的肝纤维化程度Fisher识别方法		
公开(公告)号	CN103637821A	公开(公告)日	2014-03-19
申请号	CN201310617001.6	申请日	2013-11-27
[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	高永振 林春漪 周建华 陈秋彬		
发明人	高永振 林春漪 周建华 陈秋彬		
IPC分类号	A61B8/14		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明属于超声医学技术领域，具体为一种基于超声RF时间序列的肝纤维化程度Fisher识别方法，该方法首先使用宽频超声线阵探头扫描活体肝组织，记录多帧超声回波射频RF信号；解调并显示某一帧B型图，选取感兴趣区ROI，对ROI内的每点取其所有帧RF信号构成超声RF时间序列；提取ROI内RF时间序列的SMR分形维数均值和若干个谱特征参数，对大量正常和纤维化肝样本提取上述7个特征，统计得到每个特征参数的Fisher判别率，以归一化的Fisher判别率作为新输入样本相应特征参数的权值，对新样本各特征参数的绝对值进行加权求和得到评分Score-fisher。本发明首次提出基于RF时间序列的肝纤维化程度定量识别方法，为临床肝纤维化诊断及动态监测提供定量参考。

