



(12) 发明专利申请



(10) 申请公布号 CN 119757442 A

(43) 申请公布日 2025. 04. 04

(21) 申请号 202411875992.2

(22) 申请日 2024.12.19

(71) 申请人 中国科学院精密测量科学与技术创
新研究院地址 430071 湖北省武汉市武昌区小洪山
西30号(72) 发明人 周欣 丘茂松 骆盈盈 张磊
肖洒 李莎 陈世桢(74) 专利代理机构 武汉宇晨专利事务所(普通
合伙) 42001

专利代理师 李鹏

(51) Int. Cl.

G01N 24/08 (2006.01)

权利要求书2页 说明书8页 附图1页

(54) 发明名称

一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质
瘤识别装置

(57) 摘要

本发明公开了一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,包括用于接收酰胺质子的化学交换饱和转移图谱和酰胺质子浓度的酰胺质子成像获取模块;用于接收 ^1H T_2 加权MRI图像, ^{23}Na MRI图像以及总钠浓度图的 ^{23}Na MRI图像获取模块;用于接收 ^{31}P MRS图像以及脑区的含磷代谢物浓度的 ^{31}P MRS图像获取模块;以及包括判别网络和分割网络的识别模块。本发明将样本组输入到跨模态数据脑肿瘤的判别网络与分割网络,可对脑区不同体素的异常信号进行识别,并对脑胶质瘤的边界进行勾勒。

酰胺质子成像获取模块

 ^{23}Na MRI图像获取模块 ^{31}P MRS图像获取模块

样本组生成模块

识别模型

1. 一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,包括:

酰胺质子成像获取模块,用于接收酰胺质子的化学交换饱和转移图谱,接收3.5ppm和-3.5ppm处施加饱和和脉冲获取的APT图像,还用于获取脑区的酰胺质子浓度;

^{23}Na MRI图像获取模块,用于接收 ^1H T_2 加权MRI图像, ^{23}Na MRI图像以及脑区的总钠浓度图;

^{31}P MRS图像获取模块,用于接收 ^{31}P MRS图像以及脑区的不同含磷代谢物浓度;

样本组生成模块,用于生成样本组,每个样本组包括 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像、脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度,基于各个样本组生成训练集和测试集;

识别模型,包括判别网络和分割网络,用于基于训练集对判别网络和分割网络进行训练,还用于输入待识别的样本组获得预测类别标签和预测分割标签。

2. 根据权利要求1所述一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,

所述判别网络包括输入层、文本编码层、第一全连接层、第一卷积层、第二卷积层、第一个残差块组、第二个残差块组、第三个残差块组、第四个残差块组、全局平均池化层、第二全连接层以及输出层,

所述分割网络包括编码器和解码器。

3. 根据权利要求2所述一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,样本组中的 ^1H T_2 加权MRI图像和酰胺质子的化学交换饱和转移图谱输入基于ResNet架构构建的判别网络的输入层中,获得图像数据特征图,然后将脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度输入到判别网络的文本编码层进行文本编码获得文本向量,文本向量通过第一全连接层与判别网络中的输入层提取的图像数据特征图融合,获得融合特征图,然后将融合特征图依次经过第一个卷积层、第二个卷积层、第一个残差块组、第二个残差块组、第三个残差块组和第四个残差块组、全局平均池化层、以及输出层,得到相应的预测类别标签。

4. 根据权利要求3所述一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,所述第一个残差块组包含3个残差块,第二个残差块组包含4个残差块,第三个残差块组包含6个残差块,第四个残差块组包含3个残差块。

5. 根据权利要求3所述一种基于5T $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别及边界勾勒装置,其特征在于,样本组中的包含的 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据传输到基于U-Net网络架构的分割网络中,在分割网络中,使用跳跃连接来连接编码器和解码器部分的相同级别的层,在跳跃连接过程中接入多尺度特征的注意力模块。

6. 根据权利要求5所述一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,所述多尺度特征的注意力模块包括卷积层、最大池化层、以及平均池化层,编码器的下采样层输出的用于跳跃连接的特征图像作为初始特征图像输入到注意力模块,初始特征图像分别经过注意力模块的最大池化层和平均池化层,然后进行通道上的拼接,拼接后的特征经过一个 5×5 卷积层后与初始特征图像进行线性相乘计算得到第一步结果,然后再将第一步结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经

过一个 3×3 卷积层后与第一步输出结果进行线性相乘得到第二步结果,然后再将第二步输出结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经过一个 3×3 卷积层后与第二步输出结果进行线性相乘计算后再经过一个sigmoid激活函数生成特征权重图,特征权重图输出到对应级别层的解码器的上采样层。

7. 根据权利要求5所述一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,其特征在于,所述识别模型的总损失函数为判别网络损失函数 L_c 和分割网络损失函数 L_s 与对应的权重相乘后的总和,基于最小化总损失函数,利用训练集对识别模型进行端到端训练,并保存识别模型的参数,其中:

判别网络损失函数 L_c 基于以下公式:

$$L_c = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(p_i) + (1-y_i) \log(1-p_i)]$$

其中, N 为输入到判别网络中的样本组的数量, y_i 为第 i 个样本组的实际类别标签, p_i 为第 i 个样本组的预测类别标签, i 表示每一轮训练迭代中样本组的序号, $i \in \{1, 2, \dots, N\}$;

分割网络损失函数 L_s 基于以下公式:

$$L_s = -(y_t \log(y_p) + (1-y_t) \log(1-y_p))$$

其中, y_t 为实际分割标签, y_p 为预测分割标签。

8. 一种计算机设备,包括存储器和处理器,所述存储器存储有计算机程序,其特征在于,所述处理器执行所述计算机程序时实现权利要求1至7中任一项所述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

9. 一种计算机可读存储介质,其上存储有计算机程序,其特征在于,所述计算机程序被处理器执行时实现权利要求1至7中任一项所述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

10. 一种计算机程序产品,包括计算机程序,其特征在于,该计算机程序被处理器执行时实现权利要求1至7中任一项所述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置

技术领域

[0001] 本发明属于磁共振成像技术领域,具体涉及一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置。

背景技术

[0002] 脑胶质瘤是指起源于脑神经胶质细胞的肿瘤,是最常见的原发性颅内肿瘤。目前,临床诊断主要依靠计算机断层扫描(Computed tomography,CT)成像及磁共振成像(Magnetic resonance imaging,MRI)等影像学诊断,弥散加权成像、弥散张量成像、灌注加权成像、磁共振波谱成像、功能MRI、正电子发射体层成像等对脑胶质瘤的鉴别诊断及治疗效果评价有重要意义。在图像信息上MRI优于CT。CT主要显示脑胶质瘤病变组织与正常脑组织的密度差值,特征性密度表现如钙化、出血及囊性病变等,病变累及的部位,水肿状况及占位效应等。MRI具有高空间分辨率、无组织穿透深度限制、良好软组织对比度的优点,常用于脑胶质瘤出血、坏死、水肿组织等的不同信号强度差异及占位效应,并且可以显示病变的侵袭范围。然而,磁共振成像灵敏度较低的问题限制了其对脑胶质瘤更为精准的检测。此外,单一核素的检测提供的信息有限,对于侵袭性强的脑胶质瘤而言,对其早期精准识别以及对其浸润的边界进行准确勾勒挑战巨大。

[0003] 酰胺质子转移(Amide proton transfer,APT)成像是一种新型的无创性分子MRI技术,可定量检测组织中的内源性蛋白和多肽,获得肿瘤细胞微环境的信息变化,从而反映脑胶质瘤的特征性生物学行为。脑肿瘤APT成像的应用价值已在活检的基础上得到验证,且APT成像已在神经退行性疾病及精神病学研究中显示出重要前景。脑肿瘤内蛋白含量的差异被认为是APT成像信号的主要来源,但同时APT成像信号强度也会受到其他因素的干扰。如某些发生囊性病变的胶质瘤中囊性成分富含蛋白质,其APT成像信号较高,但与恶性程度无关。因此,在进行脑肿瘤APT成像信号分析时,结合其他核素进行同时多核成像,可对脑区的酰胺质子浓度进行较为精准地定量分析。

[0004] 在可用于MRI的内源性核素中,除了质子(^1H),还有 ^{23}Na 和 ^{31}P 。 ^1H 是人体中含量最高的磁共振可观测核,具有最高的旋磁比。传统MRI通常以质子作为成像观测核。近年来,非 ^1H 核(内源性: ^{23}Na 和 ^{31}P 等;外源性: ^{129}Xe 和 ^{19}F 等)的多核MRI正在不断被研究探索,成为脑疾病和脑科学研究的新利器。目前临床基于 ^1H 的传统MRI技术检测到脑组织中代谢物的化学位移范围主要在0~5ppm,其化学位移范围窄,不同代谢物的信号易发生重叠、区分难度高;而多核元素相比 ^1H 具有更大的化学位移范围,从而能够提供更全面的功能和代谢信息。在内源性人体多核MRI研究中, ^{23}Na 是天然丰度下在活体组织中所能检测到的第二大MRI可观测核素。 Na^+ 在许多细胞功能中起着至关重要的作用, ^{23}Na MRI也被用于许多脑部疾病(脑肿瘤,脑梗塞,卒中等)的研究。 ^{31}P 是一种很重要的内源性核素,利用 ^{31}P 磁共振波谱(Magnetic resonance spectroscopy,MRS)可以检测体内的大分子代谢产物和磷脂膜,为能量代谢提供重要的信息。目前, ^{31}P MRS已被报道用于许多脑部疾病包括阿尔茨海默病、帕金森病、多发性硬化症、偏头痛、脑缺血、脑肿瘤、双相疾病、重度抑郁症和注意缺陷/多动障碍等的研

究。 ^{31}P 对三磷酸腺苷水解产生脑能量进行直接成像的独特用途,为人类大脑能量学及其在支持神经元活动和脑功能中的作用提供了新的见解。 ^{31}P MRS成像在临床诊断和研究中具有广泛的应用前景,可以提供关于磷代谢及其在不同疾病状态下变化的重要信息,有助于疾病的早期诊断、治疗监测和药物研发,对脑胶质瘤进行 ^{31}P MRS成像研究具有重要的科学意义和应用前景。

[0005] 基于5T高场磁共振系统具有高灵敏度、高分辨率的优势以及当前临床使用的1.5T和3T磁共振成像仪不能满足疾病精准诊断的需求,结合 $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核MRI,可获得脑区的 ^1H T_2 加权MRI、APT成像、钠浓度定量。5T高场磁共振系统具有的高分辨率的优势可区分重叠的含磷代谢物的 ^{31}P MRS谱峰,对脑胶质瘤区域的含磷代谢物进行更精准的定量分析(相比3T或场强更低的磁共振谱仪),包括能量代谢的三磷酸腺苷、二磷酸腺苷、磷酸肌酐等。基于高场以及多核成像的优势,该系统可实现脑区不同体素异常信号的精准识别,对于脑胶质瘤的早期诊断以及边界勾勒具有重要意义。

发明内容

[0006] 本发明的目的在于针对现有技术存在的上述问题,提供了一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置。基于5T高场磁共振谱仪高灵敏、高分辨率的优势,可对脑区进行高灵敏的APT成像,更为精准地定量内源性蛋白和多肽;可对脑区进行 ^{23}Na MRI,获取脑区不同体素的总钠浓度图;可对脑区进行 ^{31}P MRS,并对脑区的含磷代谢物进行定量分析,获得脑区不同体素的含磷代谢物浓度。整合 $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核MRI数据,构建样本组,将其导入构建的基于跨模态数据脑肿瘤的判别网络与分割网络,对是否存在脑肿瘤进行判定,并对边界进行勾勒。

[0007] 本发明的上述目的通过以下技术手段实现:

[0008] 一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,包括:

[0009] 酰胺质子成像获取模块,用于接收酰胺质子的化学交换饱和转移图谱,接收3.5ppm和-3.5ppm处施加饱和脉冲获取的APT图像,还用于获取脑区的酰胺质子浓度;

[0010] ^{23}Na MRI图像获取模块,用于接收 ^1H T_2 加权MRI图像, ^{23}Na MRI图像以及脑区的总钠浓度图;

[0011] ^{31}P MRS图像获取模块,用于接收 ^{31}P MRS图像以及脑区的不同含磷代谢物浓度;

[0012] 样本组生成模块,用于生成样本组,每个样本组包括 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像、脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度,基于各个样本组生成训练集和测试集;

[0013] 识别模型,包括判别网络和分割网络,用于基于训练集对判别网络和分割网络进行训练,还用于输入待识别的样本组获得预测类别标签和预测分割标签。

[0014] 如上所述判别网络包括输入层、文本编码层、第一全连接层、第一卷积层、第二卷积层、第一个残差块组、第二个残差块组、第三个残差块组、第四个残差块组、全局平均池化层、第二全连接层以及输出层,

[0015] 所述分割网络包括编码器和解码器。

[0016] 样本组中的 ^1H T_2 加权MRI图像和酰胺质子的化学交换饱和转移图谱输入基于ResNet架构构建的判别网络的输入层中,获得图像数据特征图,然后将脑区的酰胺质子浓

度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度输入到判别网络的文本编码层进行文本编码获得文本向量,文本向量通过第一全连接层与判别网络中的输入层提取的图像数据特征图融合,获得融合特征图,然后将融合特征图依次经过第一个卷积层、第二个卷积层、第一个残差块组、第二个残差块组、第三个残差块组和第四个残差块组、全局平均池化层、以及输出层,得到相应的预测类别标签。

[0017] 如上所述第一个残差块组包含3个残差块,第二个残差块组包含4个残差块,第三个残差块组包含6个残差块,第四个残差块组包含3个残差块。

[0018] 样本组中的包含的 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据传输到基于U-Net网络架构的分割网络中,在分割网络中,使用跳跃连接来连接编码器和解码器部分的相同级别的层,在跳跃连接过程中接入多尺度特征的注意力模块。

[0019] 如上所述多尺度特征的注意力模块包括卷积层、最大池化层、以及平均池化层,编码器的下采样层输出的用于跳跃连接的特征图像作为初始特征图像输入到注意力模块,初始特征图像分别经过注意力模块的最大池化层和平均池化层,然后进行通道上的拼接,拼接后的特征经过一个 5×5 卷积层后与初始特征图像进行线性相乘计算得到第一步结果,然后再将第一步结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经过一个 3×3 卷积层后与第一步输出结果进行线性相乘得到第二步结果,然后再将第二步输出结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经过一个 3×3 卷积层后与第二步输出结果进行线性相乘计算后再经过一个sigmoid激活函数生成特征权重图,特征权重图输出到对应级别层的解码器的上采样层。

[0020] 所述识别模型的总损失函数为判别网络损失函数 L_c 和分割网络损失函数 L_s 与对应的权重相乘后的总和,基于最小化总损失函数,利用训练集对识别模型进行端到端训练,并保存识别模型的参数,其中:

[0021] 判别网络损失函数 L_c 基于以下公式:

$$[0022] \quad L_c = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(p_i) + (1-y_i) \log(1-p_i)]$$

[0023] 其中, N 为输入到判别网络中的样本组的数量, y_i 为第 i 个样本组的实际类别标签, p_i 为第 i 个样本组的预测类别标签, i 表示每一轮训练迭代中样本组的序号, $i \in \{1, 2, \dots, N\}$;

[0024] 分割网络损失函数 L_s 基于以下公式:

$$[0025] \quad L_s = -(y_t \log(y_p) + (1-y_t) \log(1-y_p))$$

[0026] 其中, y_t 为实际分割标签, y_p 为预测分割标签。

[0027] 一种计算机设备,包括存储器和处理器,所述存储器存储有计算机程序,所述处理器执行所述计算机程序时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0028] 一种计算机可读存储介质,其上存储有计算机程序,所述计算机程序被处理器执行时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0029] 一种计算机程序产品,包括计算机程序,该计算机程序被处理器执行时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成

模块、以及识别模块。

[0030] 与现有技术相比,本发明的优点与有益效果在于:

[0031] 1、本发明所使用的场强为5T,相比于传统的1.5T和3T,具有更高的磁共振灵敏度,能够对传统磁共振技术难以检测到的物质进行检测,能够对脑胶质瘤的关键蛋白、脑区钠浓度和含磷代谢物进行更灵敏检测。

[0032] 2、本发明所使用磁共振谱仪场强为5T,相比于传统的1.5T和3T,具有高分辨率的特性,可对更小体素的脑区进行精准可视化,可对脑区的各类代谢物和蛋白的浓度进行更精准的定量分析。

[0033] 3、本发明可对脑区进行高灵敏地酰胺质子成像,获取脑区的酰胺质子的浓度,对脑区的蛋白浓度进行定量分析,可与正常脑组织对比分析出酰胺质子浓度的异常区域。

[0034] 4、本发明包含一种跨模态数据脑肿瘤的判别网络与分割网络,在分割过程中,设计了一种多尺度特征的注意力模块,利用空间注意力来增加输入特征的关键区域的权重,从而更好地还原这些关键区域的细节信息。

[0035] 5、本发明通过5T多核磁共振系统获得脑区不同体素的酰胺质子浓度、总钠浓度图、不同含磷代谢物浓度数据,并构建样本组,样本组包括 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像、脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度,将样本组输入到跨模态数据脑肿瘤的判别网络与分割网络,可对脑区不同体素的异常信号进行识别,并对脑胶质瘤的边界进行勾勒。

附图说明

[0036] 图1为本发明的结构示意图。

[0037] 图2为多尺度特征的注意力模块的结构示意图。

具体实施方式

[0038] 下面将参照附图更详细地描述本申请的示例性实施方式。虽然附图中显示了本申请的示例性实施方式,然而应当理解,可以以各种形式实现本申请而不应被这里阐述的实施方式所限制。相反,提供这些实施方式是为了能够更透彻地理解本申请,并且能够将本申请的范围完整的传达给本领域的技术人员。需要注意的是,除非另有说明,本申请使用的技术术语或者科学术语应当为本申请所属领域技术人员所理解的通常意义。下面结合附图来描述本申请实施例提出的一种基于5T $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别及边界勾勒装置。

[0039] 承接上述背景技术,相关技术中除了只能实现单一核素成像外,磁场场强较低(1.5T或3T)导致MRI的灵敏度和分辨率都相对较低,对于脑胶质瘤的生物标志物检测中受到检测限较高及定量不准确等问题。单一核素成像较难精准定量脑区不同体素的肿瘤标志物浓度,难以对脑胶质瘤的边界进行精准勾勒。基于此,本申请实施例提供一种基于5T $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别及边界勾勒装置。相比传统低场磁共振(1.5T和3T),5T高磁场强度下可克服磁共振灵敏度和分辨率不足的缺陷。相比于单核磁共振成像,该系统能够同时提供 $^1\text{H}/^{23}\text{Na}/^{31}\text{P}$ 多核磁共振成像信息,获取脑胶质瘤的蛋白质浓度、钠浓度、含磷代谢物浓度。将获得的脑区多核磁共振数据导入跨模态数据脑肿瘤判别与

分割网络模型中,对脑胶质瘤存在与否进行判定,并对其边界进行勾勒(图1)。

[0040] 一种基于5T多核磁共振成像系统的脑胶质瘤识别装置,包括:酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0041] 酰胺质子成像获取模块:

[0042] 酰胺质子成像获取模块,用于接收酰胺质子的化学交换饱和转移图谱,接收3.5ppm和-3.5ppm处施加饱和脉冲获取的APT图像,还用于获取脑区的酰胺质子浓度。

[0043] 由于脑胶质瘤患者的蛋白异常表达,其水平高于正常脑组织。酰胺质子的化学交换速率通常为30Hz左右,可以产生磁化转移效应,但可移动蛋白和多肽的弛豫时间更长,酰胺基团的磁共振频率范围更窄,集中在 $\sim 3.5\text{ppm}$ 。在大多数组织中,内源性可移动肽和蛋白质中酰胺质子的浓度约为5~8mM。上述条件使得脑区中可移动的酰胺质子适用于化学交换饱和转移成像,可通过该技术对脑区的酰胺质子浓度进行定量分析。

[0044] 脑区酰胺质子磁共振成像实验:首先测试酰胺质子的化学交换饱和转移图谱,即Z谱,化学交换饱和转移图谱的Y轴为 S/S_0 ,其中:S代表在不同化学位移位点施加射频脉冲激励后水质子的信号强度, S_0 代表施加射频脉冲激励后水质子的信号强度,X轴为饱和化学位移位点,进行化学交换饱和转移图谱绘制,获得化学交换饱和转移图谱。下一步进行全脑的APT成像中,分别对酰胺质子所在信号位点3.5ppm以及对称的化学位移信号位点-3.5ppm处施加饱和脉冲进行全脑不同体素的APT成像。脑区不同体素的APT成像效果的计算方法以 $\pm 3.5\text{ppm}$ 处非对称磁化转移率 MTR_{asym} (asymmetrical magnetization transferrate)的差值来计算,即非对称磁化转移率 $\text{MTR}_{\text{asym}(3.5\text{ppm})} = \text{MTR}_{\text{asym}(+3.5\text{ppm})} - \text{MTR}_{\text{asym}(-3.5\text{ppm})}$,其中, $\text{MTR}_{\text{asym}(+3.5\text{ppm})}$ 为+3.5ppm处非对称磁化转移率, $\text{MTR}_{\text{asym}(-3.5\text{ppm})}$ 为-3.5ppm处非对称磁化转移率,脑肿瘤中蛋白含量较高引起可交换的酰胺质子增加,相应的APT成像信号随之增强。

[0045] ^{23}Na MRI图像获取模块:

[0046] ^{23}Na MRI图像获取模块,用于接收 ^1H T_2 加权MRI图像, ^{23}Na MRI图像以及脑区的总钠浓度图。

[0047] 在进行脑胶质瘤患者和健康志愿者的 ^{23}Na MRI成像之前,先在5T磁共振谱仪上采用快速自旋回波序列进行 ^1H T_2 加权MRI成像,获得 ^1H T_2 加权MRI图像,采用双调谐 ^{23}Na - ^1H 鸟笼头线圈对脑胶质瘤患者和健康志愿者的全脑进行 ^{23}Na MRI成像,获得 ^{23}Na MRI图像。根据5T磁共振谱仪自带的定量分析软件,对脑胶质瘤患者和健康志愿者的全脑以及脑区划定的感兴趣区域的总钠浓度(TSC)进行定量分析,获得了全脑以及脑区划定感兴趣区域的 ^{23}Na 浓度。

[0048] ^{31}P MRS图像获取模块:

[0049] ^{31}P MRS图像获取模块,用于接收 ^{31}P MRS图像以及脑区的不同含磷代谢物浓度。

[0050] 脑胶质瘤患者和健康志愿者的 ^{31}P MRS图像使用 $^{31}\text{P}/^1\text{H}$ 双调谐鸟笼线圈进行采集。首先,通过多平面重建获得了轴平面的 T_1 加权快速场回波图像,用于矢状面中部 ^{31}P MRS网格的均匀定位,对脑胶质瘤患者和健康志愿者的全脑进行多体素 ^{31}P MRS采集,获得 ^{31}P MRS图像。绝热RF脉冲采用宽带去耦技术,并进行了自动匀场程序,最大可接受值为35Hz,单个体素的大小为 $25 \times 25 \times 20\text{mm}$ 。随后,采集 T_1 加权MRI图像,以确保患者头部的位置与检查开始时相同。体素选择:使用3D图谱方法获得大量体素。然而,出于实际目的和避免多次比较误差,确定选择具有双侧白质、深灰质和皮质代表性的体素的目标数量进行分析。考虑到不

同组织类型(如灰质和白质)中代谢物浓度的差异超过了不同大脑位置(如颞叶和额叶)相同组织类型之间的差异,选择脑胶质瘤患者和对健康志愿者的同源大脑区域进行含磷代谢物浓度定量。

[0051] 使用线性拟合模型处理软件(LCmodel)分析脑区的 ^{31}P MRS图谱,对脑区不同体素的含磷代谢物浓度进行定量分析。图谱收敛的手动步骤包括零阶和一阶相位校正,随后识别无机磷酸盐和磷酸肌酸等含磷代谢物的谱峰,并对脑内的含磷代谢物进行定量分析。

[0052] 样本组生成模块:

[0053] 样本组生成模块,用于生成样本组,每个样本组包括 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像、脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度,基于各个样本组生成训练集和测试集。

[0054] 识别模型:

[0055] 步骤1、获取训练集与测试集,其中训练集与测试集包含多个样本组,每个样本组中均包含 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像、脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度。 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据的实际类别标签为有肿瘤和无肿瘤, ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据的实际分割标签为肿瘤分割标签。

[0056] 步骤2、构建基于跨模态数据的识别模型,识别模型包括判别网络和分割网络。并设定总损失函数,

[0057] 其中,判别网络包括输入层、文本编码层、第一全连接层、第一卷积层、第二卷积层、第一个残差块组、第二个残差块组、第三个残差块组、第四个残差块组、全局平均池化层、第二全连接层以及输出层。

[0058] 分割网络包括编码器和解码器。

[0059] 首先将样本组中的 ^1H T_2 加权MRI图像和酰胺质子的化学交换饱和转移图谱输入基于ResNet架构构建的判别网络的输入层中,获得图像数据特征图,然后将脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度输入到判别网络的文本编码层进行文本编码,将输入的脑区的酰胺质子浓度、 ^{23}Na 浓度、脑区的各个含磷代谢物浓度进行文本编码为一个文本向量,并将文本向量通过第一全连接层与基于ResNet架构构建的判别网络中的输入层提取的图像数据特征图融合,获得融合特征图。然后将融合特征图依次经过第一个卷积层、第二个卷积层后,将第二个卷积层输出结果输入到第一个残差块组中,第一个残差块组包含3个残差块,然后将第一个残差块组输出的特征图像输入到第二个残差块组中,第二个残差块组包含4个残差块,然后将第二个残差块组输出的特征图像分别经过后续的第三个残差块组和第四个残差块组,第三个残差块组和第四个残差块组分别包含了6个和3个残差块;最后将第四个残差块组输出的特征图像经过一个全局平均池化层和第二全连接层后输入到输出层,输出层输出得到相应的预测类别标签。

[0060] 然后将判别出来患有肿瘤的样本组中的包含的 ^1H T_2 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据传输到基于U-Net网络架构的分割网络中,在分割网络中,使用跳跃连接来连接编码器和解码器部分的相同级别的层,同时在跳跃连接过程中接入多尺度特征的注意力模块,注意力模块包括卷积层、最大池化层、以及平

均池化层。编码器的下采样层输出的用于跳跃连接的特征图像作为初始特征图像输入到注意力模块,初始特征图像分别经过注意力模块的最大池化层和平均池化层,然后进行通道上的拼接,拼接后的特征经过一个 5×5 卷积层后与初始特征图像进行线性相乘计算得到第一步结果,然后将第一步结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经过一个 3×3 卷积层后与第一步输出结果进行线性相乘得到第二步结果,然后将第二步输出结果分别经过注意力模块的最大池化层、平均池化层,然后进行通道上的拼接,并经过一个 3×3 卷积层后与第二步输出结果进行线性相乘计算后再经过一个sigmoid激活函数生成特征权重图,特征权重图输出到对应级别层的解码器的上采样层。以此类推,每次跳跃连接都经过该多尺度特征注意力模块。上述通道上的拼接是将经过最大池化层后的输出数据和经过平均池化层后的输出数据在通道这个维度上进行拼接。

[0061] 步骤3、设定总损失函数;总损失函数分为两个部分,分别为判别网络损失函数 L_c 和分割网络损失函数 L_s 。总损失函数为判别网络损失函数 L_c 和分割网络损失函数 L_s 的权重和,公式所示:

$$[0062] \quad L_c = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(p_i) + (1-y_i) \log(1-p_i)]$$

[0063] 其中, N 为输入到判别网络中的样本组的数量, y_i 为第 i 个样本组的实际类别标签,本实施例中,若为分类正例,则 y_i 取值为1,若为分类负例,则 y_i 取值为0; p_i 为第 i 个样本组的预测类别标签,表示经过判别网络得到的分类预测为正例的值, i 表示每一轮训练迭代中样本组的序号, $i \in \{1, 2, \dots, N\}$ 。

$$[0064] \quad L_s = -(y_t \log(y_p) + (1-y_t) \log(1-y_p))$$

[0065] 其中, y_t 为实际分割标签,表示训练集中样本组的体素的肿瘤分割标签的取值, $y_t \in \{0, 1\}$,正例则 y_t 取值为1,负例则 y_t 取值为0,使分割模块损失函数 L_s 适用于二分类任务的评估; y_p 为预测分割标签,表示经过分割网络得到的肿瘤分割结果中体素为正例的概率,如果肿瘤分割结果的体素为正例,那么 y_p 取值为1,否则, y_p 取值为0。

[0066] 步骤4、基于最小化步骤3设定的总损失函数,利用步骤1生成的训练集对步骤2构建跨模态数据的脑肿瘤的识别模型进行端到端训练,并保存识别模型的参数;

[0067] 根据步骤2搭建的识别模型,将网络学习率初始化为0.0001,批量大小设置为8,使用Adam优化器在PyTorch平台进行网络训练。将步骤1中生成的训练集中的样本组的 $^1\text{H } T_2$ 加权MRI图像和酰胺质子的化学交换饱和和转移图谱输入到构建的判别网络中,得到预测类别标签,然后将判别出来患有肿瘤的样本组中的 $^1\text{H } T_2$ 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据传输到脑肿瘤的分割网络中,全程根据步骤4设定的总损失函数进行网络训练。网络训练总迭代次数达到200之后停止训练,保存对应的网络参数。

[0068] 步骤5、将待识别的样本组的 $^1\text{H } T_2$ 加权MRI图像和酰胺质子的化学交换饱和和转移图谱输入到训练完成的识别模型的判别网络,获得预测类别标签;将待识别的样本组的 $^1\text{H } T_2$ 加权MRI图像,酰胺质子的化学交换饱和和转移图谱、 ^{23}Na MRI图像、 ^{31}P MRS图像数据输入到步骤4训练好的识别模型的分割网络,获得预测分割标签。

[0069] 本领域普通技术人员可以理解实现上述实施例装置中的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块的全部或

部分流程,是可以通过计算机程序来指令相关的硬件来完成,所述的计算机程序可存储于一非易失性计算机可读取存储介质中,该计算机程序在执行时,可包括如上述实施例装置中的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块的全部或部分流程。

[0070] 在一个实施例中,还提供了一种计算机设备,包括存储器和处理器,存储器中存储有计算机程序,该处理器执行计算机程序时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0071] 在一个实施例中,提供了一种计算机可读存储介质,其上存储有计算机程序,该计算机程序被处理器执行时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0072] 在一个实施例中,提供了一种计算机程序产品,包括计算机程序,该计算机程序被处理器执行时实现上述装置的酰胺质子成像获取模块、 ^{23}Na MRI图像获取模块、 ^{31}P MRS图像获取模块、样本组生成模块、以及识别模块。

[0073] 需要指出的是,本发明中所描述的实施例仅是对本发明精神作举例说明。本发明所属技术领域的技术人员可以对所描述的实施例作各种各样的修改或补充或采用类似的方式替代,但并不会偏离本发明的精神或超越所附权利要求书所定义的范围。

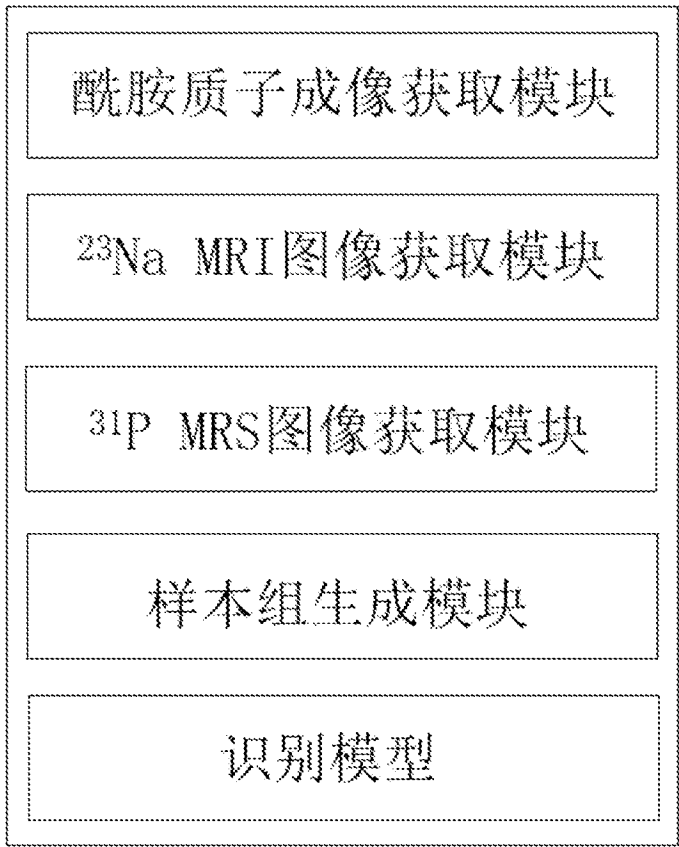


图1

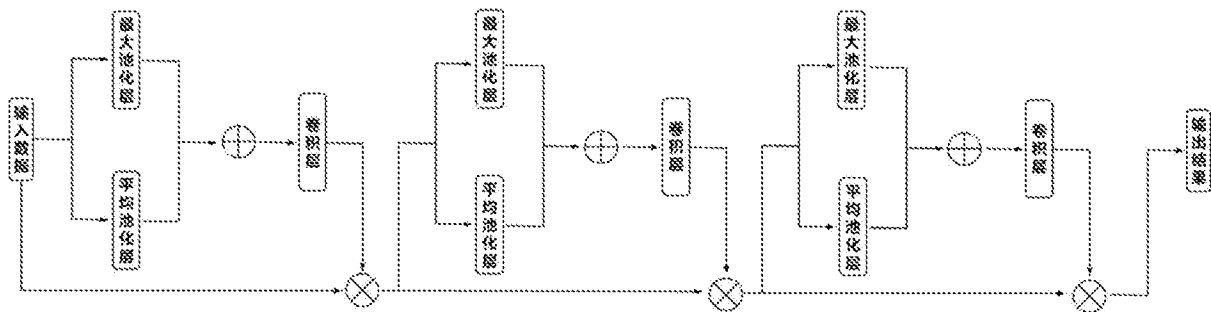


图2