



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 119478564 B

(45) 授权公告日 2025. 03. 25

(21) 申请号 202510060008.5 G06V 10/28 (2022.01)

(22) 申请日 2025.01.15 G06V 10/54 (2022.01)

(65) 同一申请的已公布的文献号 G06V 10/46 (2022.01)

申请公布号 CN 119478564 A G06V 10/42 (2022.01)

G06V 10/52 (2022.01)

(43) 申请公布日 2025.02.18 G06V 10/74 (2022.01)

(73) 专利权人 四川省肿瘤医院 (56) 对比文件

地址 610000 四川省成都市人民南路4段55号 CN 102509273 A, 2012.06.20

WO 2019148268 A1, 2019.08.08

(72) 发明人 廖雄飞 袁柯 谭庭强 王先良 审查员 马天骥

(74) 专利代理机构 北京艾格律诗专利代理有限公司 11924

专利代理师 何山

(51) Int. Cl.

G06V 10/764 (2022.01)

G06V 10/26 (2022.01)

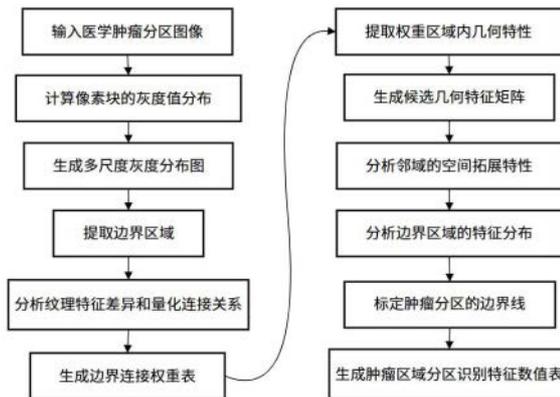
权利要求书3页 说明书12页 附图7页

(54) 发明名称

基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法及系统

(57) 摘要

本发明涉及医学图像分析技术领域,具体为基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法及系统,包括以下步骤:基于输入的医学肿瘤分区图像,定义像素块的灰度值分布范围,按固定尺寸划分像素块组,对像素块的邻域灰度值进行计算,通过像素块群组灰度差值的累加,确定分布变化集合,生成多尺度灰度分布图。本发明中,通过计算灰度值分布和像素块群组灰度差值,增强肿瘤区域的图像细节识别,提升肿瘤边界解析能力,分析边界区域纹理特征差异,量化灰度梯度差值和连接特性,提高几何特性分析精度,结合空间几何拓展数据和纹理特性,提升分区精度和图像分析的准确性,有效规避边界模糊区域的误识别,提供更精细的肿瘤异质性研究依据。



1. 基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,包括以下步骤:

基于输入的医学肿瘤分区图像,定义像素块的灰度值分布范围,按固定尺寸划分像素块组,对像素块的邻域灰度值进行计算,通过像素块群组灰度差值的累加,确定分布变化集合,生成多尺度灰度分布图;

基于所述多尺度灰度分布图,提取像素块的边界区域,分析边界区域的纹理特征差异,选取邻域内连接关系的区域,获取边界分布特性数据,对连接关系和灰度梯度差值进行量化,针对边界区域与连接特性进行分析,生成边界连接权重表;

所述边界分布特性数据包括边界分布密度、边界分布形态、边界分布规律;

基于所述边界连接权重表,提取权重区域内的几何特性,分析边界周长、面积和边缘连续性,对几何特性数值进行对比,生成候选几何特征矩阵,将所述候选几何特征矩阵作为中心,分析邻域的空间拓展特性,获得空间几何拓展数据;

所述空间几何拓展数据包括拓展区域纹理特性、候选区域几何形态、边界特征分布;

基于所述空间几何拓展数据,结合拓展区域和候选区域的纹理特性,分析边界区域的特征分布,标定每个分区的边界线,提取肿瘤分区内的像素块,对像素块的形状和分布进行特征统计,获得肿瘤区域分区识别特征数值表。

2. 根据权利要求1所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述多尺度灰度分布图的获取步骤具体为:

基于输入的医学肿瘤分区图像,定义医学肿瘤分区图像中的像素块灰度值分布范围,按固定尺寸划分图像为多个像素块组,每个像素块由连续像素点组成,得到初始像素块组分布数组;

对所述初始像素块组分布数组中的每个像素块组进行灰度值分析,计算并累加相邻像素块组之间的灰度差值,采用公式:

$$\Delta G = \sum_{i=1}^n \left(\frac{|g_i - \bar{g}|}{g_{\max} - g_{\min}} \right);$$

进行归一化处理并衡量灰度变化,得到灰度差值累计数组;

其中, g_i 代表第*i*个像素块的灰度值, \bar{g} 代表邻域的平均灰度值, g_{\max} 和 g_{\min} 分别代表最大和最小灰度值, ΔG 表示像素块组中灰度变化的归一化总和, n 表示总像素块数量;

利用所述灰度差值累计数组中记录的信息,分析像素块组间的分布变化,根据灰度差的统计数据确定分布变化集合,得到多尺度灰度分布图。

3. 根据权利要求2所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述边界分布特性数据的获取步骤具体为:

分析所述多尺度灰度分布图,根据像素块的灰度梯度变化率与对比度变化进行边界区域提取,对比相邻像素块的灰度梯度差异,通过梯度差异阈值筛选高梯度区域,获取初步边界区域特性数据;

从所述初步边界区域特性数据中提取邻域连接特征,采用公式:

$$W = \frac{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} |g_p - g_q|}{\sqrt{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_x - q_x)^2 + \sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_y - q_y)^2 + \epsilon}};$$

分析每个像素对连接强度,并根据连接强度的统计分布设定阈值,生成邻域内局部连接区域;

其中, g_p 和 g_q 表示邻域内像素点的灰度值, p_x 、 q_x 、 p_y 、 q_y 表示对应像素点的坐标, \mathcal{N} 表示邻域像素集, ϵ 是微调因子, W 表示像素间的连接权重;

利用所述邻域内局部连接区域,进行纹理特征分析,对比差异化边界区域的纹理特征差异,评估边界区域的完整性,得到边界分布特性数据。

4. 根据权利要求3所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述边界连接权重表的获取步骤具体为:

基于所述边界分布特性数据,进行图像像素划分,提取图像中的边界区域和非边界区域,执行像素灰度值分类,通过阈值将差异化区域进行区分,并进行边界区域标记,获取边界区域数据;

基于所述边界区域数据,将像素对边界区域内的灰度值进行差值分析,比较相邻像素的灰度差异,并将差值进行量化,获取量化灰度梯度差值数据;

基于所述量化灰度梯度差值数据,进行边界区域连接关系分析,通过遍历连接点,量化每个连接的灰度差值,并按灰度梯度差值为每个连接分配权重,生成边界连接权重表。

5. 根据权利要求4所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述候选几何特征矩阵的获取步骤具体为:

基于所述边界连接权重表,提取区域内每个边界点,通过遍历每个像素的连接情况,记录相邻区域之间的连接权重,判断连接强度,并对连接点进行排序,获取肿瘤分区边界的周长数据;

基于所述肿瘤分区边界的周长数据,在每个边界区域内,测量边界的实时长度,识别边界位置,并通过像素叠加分析,获取边界面积数据;

基于所述边界面积数据,在每个区域内分析边缘的连续性,检测每个区域内出现的断裂点,并通过对比边界点连接状态,进行边缘连续性分析,对比边界周长数据、边界面积数据和边缘连续性数据,生成候选几何特征矩阵。

6. 根据权利要求5所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述空间几何拓展数据的获取步骤具体为:

根据所述候选几何特征矩阵,计算每个几何特征的邻域平均值,筛选与中心特征关联的邻域范围,判断每个邻域特征是否偏离中心特征,生成候选邻域几何特征集合;

基于所述候选邻域几何特征集合,分析每个邻域特征的空间扩展数据,将邻域特征扩展与中心特征进行分析,采用公式:

$$C_e = \frac{\sum_{k=1}^m w_k \cdot |F_k - F_c|}{\sum_{k=1}^m w_k};$$

计算空间扩展特性系数,生成空间扩展系数分布结果;

其中, C_e 代表空间扩展特性系数, F_k 为邻域特征值, F_c 为中心特征值, W_k 为权重参数, m 为邻域特征数量;

根据所述空间扩展系数分布结果,通过设定阈值提取空间扩展区域,将区域进行几何特性聚合,分析与候选几何特征的全局关系,得到空间几何拓展数据。

7.根据权利要求6所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,其特征在于,所述肿瘤区域分区识别特征数值表的获取步骤具体为:

基于所述空间几何拓展数据,分析扩展区域和候选区域的纹理特性,提取边界区域的特征分布,将数据用于肿瘤边界线的标定,建立边界线特征数据集;

利用所述边界线特征数据集,从图像数据集中提取与肿瘤边界对应的像素块,对像素块进行形状和分布的统计分析,统计分析结果包括区域像素块的亮度均值、亮度方差和形状参数,获取形状和分布统计数据;

根据所述形状和分布统计数据,捕捉肿瘤形状和分布数据,分析每个数据点的几何属性和位置,提取边界清晰度、紧凑程度和方向特征,采用公式:

$$F_r = \alpha \cdot M_s + \beta \cdot \left(\frac{V_s}{P_s} \right);$$

生成肿瘤区域分区识别特征数值表;

其中, F_r 表示肿瘤区域的识别特征数值, M_s 是区域像素块的亮度均值, V_s 是亮度方差, P_s 是形状参数, α 和 β 是基于数据敏感性分析确定的调整系数。

8.基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别系统,其特征在于,根据权利要求1-7任一项所述的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,所述系统包括:

灰度分布分析模块基于输入的医学肿瘤分区图像,按预设尺寸划分像素块组,提取每个像素块中的灰度值,统计并分类差异化灰度范围的像素块,进行灰度分布统计分析,生成多尺度灰度分布图;

边界纹理分析模块基于所述多尺度灰度分布图,对肿瘤分区图像中的边界区域进行提取,识别边界区域内的纹理特征,利用灰度梯度计算对比相邻像素的灰度差异,并按梯度值进行量化分类,生成边界连接权重表;

几何特征获取模块基于所述边界连接权重表,提取边界区域内的几何特征,包括周长、面积、边缘连通度,采用周长与面积比率、边缘曲率指标,对区域进行形态分析,对比区域的几何特征,并结合空间拓展信息,获取空间几何拓展数据;

空间几何拓展特征分析模块基于所述空间几何拓展数据,分析每个区域的拓展比例与分布特征,识别差异化区域的空间拓展特征,进行空间拓展特征分析,得到区域拓展比例数据;

空间分区划定模块基于所述区域拓展比例数据,分析区域内的形态变化与空间分布特征,结合边界的形态特征,识别差异化区域的空间分布模式,依据识别结果进行区域细化划分,生成肿瘤区域分区识别特征数值表。

基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法及系统

技术领域

[0001] 本发明涉及医学图像分析技术领域,尤其涉及基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法及系统。

背景技术

[0002] 医学图像分析技术领域涉及使用算法和视觉处理技术来解析由各种医学成像设备(如CT、MRI和超声等)生成的图像数据,此领域的核心目标是通过提高图像数据的可解释性来辅助医学研究,医学图像分析常用于图像重建、图像增强、视觉内容提取与分类,以及图像内容的自动化标注。该技术不仅增加从医学图像中提取信息的效率,还改进了图像数据的管理和分析过程,支持医学研究和教育应用。

[0003] 其中,肿瘤分区识别方法是指利用图像分析技术来区分和标记肿瘤图像中的不同区域,区域具有不同的生物学特性和临床意义,该方法侧重于从医学图像中精确区分肿瘤的不同部分,例如肿瘤核心、增生区和坏死区,这种区分对于研究肿瘤的生长模式和发展阶段具有重要意义,尤其在进行肿瘤关联的生物医学研究和教育中,能够提供对肿瘤异质性的深入理解,此方法的主要用途包括支持医学研究,通过精确的图像分析来探索肿瘤的生物行为及其变异性。

[0004] 现有技术中的肿瘤分区识别方法依赖于对肿瘤区域的粗略划分,并在一定程度上忽略了区域内细微的生物学差异,现有方法大多基于简单的阈值分割和单一尺度的图像处理,这导致肿瘤分区的精度受到限制,尤其是在处理肿瘤边界模糊或存在多种异质性区域时,容易出现过度简化的分割结果。由于缺乏对灰度差异、纹理特征和几何特性之间复杂关系的深入分析,现有技术无法有效识别和区分肿瘤中的增生区、坏死区等细节信息,这种不足直接影响肿瘤行为的研究和临床决策支持。例如,传统方法会将肿瘤核心与增生区混淆,从而导致对肿瘤生长模式的误判,现有技术难以充分利用图像的空间信息,边界和分区的准确标定不足,限制肿瘤分区的深入分析和肿瘤异质性研究的广度。

发明内容

[0005] 本发明的目的是解决现有技术中存在的缺点,而提出的基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法及系统。

[0006] 为了实现上述目的,本发明采用了如下技术方案:基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,包括以下步骤:

[0007] S1:基于输入的医学肿瘤分区图像,定义像素块的灰度值分布范围,按固定尺寸划分像素块组,对像素块的邻域灰度值进行计算,通过像素块群组灰度差值的累加,确定分布变化集合,生成多尺度灰度分布图;

[0008] S2:基于所述多尺度灰度分布图,提取像素块的边界区域,分析边界区域的纹理特征差异,选取邻域内连接关系的区域,获取边界分布特性数据,对连接关系和灰度梯度差值进行量化,针对边界区域与连接特性进行分析,生成边界连接权重表;

[0009] S3:基于所述边界连接权重表,提取权重区域内的几何特性,分析边界周长、面积和边缘连续性,对几何特性数值进行对比,生成候选几何特征矩阵,将所述候选几何特征矩阵作为中心,分析邻域的空间拓展特性,获得空间几何拓展数据;

[0010] S4:基于所述空间几何拓展数据,结合拓展区域和候选区域的纹理特性,分析边界区域的特征分布,标定每个分区的边界线,提取肿瘤分区内的像素块,对像素块的形状和分布进行特征统计,获得肿瘤区域分区识别特征数值表。

[0011] 作为本发明的进一步方案,所述多尺度灰度分布图的获取步骤具体为:

[0012] S111:基于输入的医学肿瘤分区图像,定义医学肿瘤分区图像中的像素块灰度值分布范围,按固定尺寸划分图像为多个像素块组,每个像素块由连续像素点组成,得到初始像素块组分布数组;

[0013] S112:对所述初始像素块组分布数组中的每个像素块组进行灰度值分析,计算并累加相邻像素块组之间的灰度差值,采用公式:

$$[0014] \quad \Delta G = \sum_{i=1}^n \left(\frac{|g_i - \bar{g}|}{g_{\max} - g_{\min}} \right);$$

[0015] 进行归一化处理并衡量灰度变化,得到灰度差值累计数组;

[0016] 其中, g_i 代表第*i*个像素块的灰度值, \bar{g} 代表邻域的平均灰度值, g_{\max} 和 g_{\min} 分别代表最大和最小灰度值, ΔG 表示像素块组中灰度变化的归一化总和, n 表示总像素块数量;

[0017] S113:利用所述灰度差值累计数组中记录的信息,分析像素块组间的分布变化,根据灰度差的统计数据确定分布变化集合,得到多尺度灰度分布图。

[0018] 作为本发明的进一步方案,所述边界分布特性数据的获取步骤具体为:

[0019] S211:分析所述多尺度灰度分布图,根据像素块的灰度梯度变化率与对比度变化进行边界区域提取,对比相邻像素块的灰度梯度差异,通过梯度差异阈值筛选高梯度区域,获取初步边界区域特性数据;

[0020] S212:从所述初步边界区域特性数据中提取邻域连接特征,采用公式:

$$[0021] \quad W = \frac{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} |g_p - g_q|}{\sqrt{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_x - q_x)^2 + \sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_y - q_y)^2 + \epsilon}};$$

[0022] 分析每个像素对连接强度,并根据连接强度的统计分布设定阈值,生成邻域内局部连接区域;

[0023] 其中, g_p 和 g_q 表示邻域内像素点的灰度值, p_x 、 q_x 、 p_y 、 q_y 表示对应像素点的坐标, \mathcal{N} 表示邻域像素集, ϵ 是微调因子, W 表示像素间的连接权重;

[0024] S213:利用所述邻域内局部连接区域,进行纹理特征分析,对比差异化边界区域的纹理特征差异,评估边界区域的完整性,得到边界分布特性数据。

[0025] 作为本发明的进一步方案,所述边界连接权重表的获取步骤具体为:

[0026] S221:基于所述边界分布特性数据,进行图像像素划分,提取图像中的边界区域和非边界区域,执行像素灰度值分类,通过阈值将差异化区域进行区分,并进行边界区域标记,获取边界区域数据;

[0027] S222:基于所述边界区域数据,将像素对边界区域内的灰度值进行差值分析,比较相邻像素的灰度差异,并将差值进行量化,获取量化灰度梯度差值数据;

[0028] S223:基于所述量化灰度梯度差值数据,进行边界区域连接关系分析,通过遍历连接点,量化每个连接的灰度差值,并按灰度梯度差值为每个连接分配权重,生成边界连接权重表。

[0029] 作为本发明的进一步方案,所述候选几何特征矩阵的获取步骤具体为:

[0030] S311:基于所述边界连接权重表,提取区域内每个边界点,通过遍历每个像素的连接情况,记录相邻区域之间的连接权重,判断连接强度,并对连接点进行排序,获取肿瘤分区边界的周长数据;

[0031] S312:基于所述肿瘤分区边界的周长数据,在每个边界区域内,测量边界的实时长度,识别边界位置,并通过像素叠加分析,获取边界面积数据;

[0032] S313:基于所述边界面积数据,在每个区域内分析边缘的连续性,检测每个区域内出现的断裂点,并通过对比边界点连接状态,进行边缘连续性分析,对比边界周长数据、边界面积数据和边缘连续性数据,生成候选几何特征矩阵。

[0033] 作为本发明的进一步方案,所述空间几何拓展数据的获取步骤具体为:

[0034] S321:根据所述候选几何特征矩阵,计算每个几何特征的邻域平均值,筛选与中心特征关联的邻域范围,判断每个邻域特征是否偏离中心特征,生成候选邻域几何特征集合;

[0035] S322:基于所述候选邻域几何特征集合,分析每个邻域特征的空间扩展数据,将邻域特征扩展与中心特征进行分析,采用公式:

$$[0036] \quad C_e = \frac{\sum_{k=1}^m w_k \cdot |F_k - F_c|}{\sum_{k=1}^m w_k};$$

[0037] 计算空间扩展特性系数,生成空间扩展系数分布结果;

[0038] 其中, C_e 代表空间扩展特性系数, F_k 为邻域特征值, F_c 为中心特征值, w_k 为权重参数, m 为邻域特征数量;

[0039] S323:根据所述空间扩展系数分布结果,通过设定阈值提取空间扩展区域,将区域进行几何特性聚合,分析与候选几何特征的全局关系,得到空间几何拓展数据。

[0040] 作为本发明的进一步方案,所述肿瘤区域分区识别特征数值表的获取步骤具体为:

[0041] S411:基于所述空间几何拓展数据,分析扩展区域和候选区域的纹理特性,提取边界区域的特征分布,将数据用于肿瘤边界线的标定,建立边界线特征数据集;

[0042] S412:利用所述边界线特征数据集,从图像数据集中提取与肿瘤边界对应的像素块,对像素块进行形状和分布的统计分析,统计分析结果包括区域像素块的亮度均值、亮度方差和形状参数,获取形状和分布统计数据;

[0043] S413:根据所述形状和分布统计数据,捕捉肿瘤形状和分布数据,分析每个数据点的几何属性和位置,提取边界清晰度、紧凑程度和方向特征,采用公式:

$$[0044] \quad F_r = \alpha \cdot M_s + \beta \cdot \left(\frac{V_s}{P_s} \right);$$

[0045] 生成肿瘤区域分区识别特征数值表;

[0046] 其中, F_r 表示肿瘤区域的识别特征数值, M_s 是区域像素块的亮度均值, V_s 是亮度方差, P_s 是形状参数, α 和 β 是基于数据敏感性分析确定的调整系数。

[0047] 基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别系统, 所述基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别系统用于执行上述基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法, 所述系统包括:

[0048] 灰度分布分析模块基于输入的医学肿瘤分区图像, 按预设尺寸划分像素块组, 提取每个像素块中的灰度值, 统计并分类差异化灰度范围的像素块, 进行灰度分布统计分析, 生成多尺度灰度分布图;

[0049] 边界纹理分析模块基于所述多尺度灰度分布图, 对肿瘤分区图像中的边界区域进行提取, 识别边界区域内的纹理特征, 利用灰度梯度计算对比相邻像素的灰度差异, 并按梯度值进行量化分类, 生成边界连接权重表;

[0050] 几何特征获取模块基于所述边界连接权重表, 提取边界区域内的几何特征, 包括周长、面积、边缘连通度, 采用周长与面积比率、边缘曲率指标, 对区域进行形态分析, 对比区域的几何特征, 并结合空间拓展信息, 获取空间几何拓展数据;

[0051] 空间几何拓展特征分析模块基于所述空间几何拓展数据, 分析每个区域的拓展比例与分布特征, 识别差异化区域的空间拓展特征, 进行空间拓展特征分析, 得到区域拓展比例数据;

[0052] 空间分区划定模块基于所述区域拓展比例数据, 分析区域内的形态变化与空间分布特征, 结合边界的形态特征, 识别差异化区域的空间分布模式, 依据识别结果进行区域细化划分, 生成肿瘤区域分区识别特征数值表。

[0053] 与现有技术相比, 本发明的优点和积极效果在于:

[0054] 本发明中, 通过对医学肿瘤分区图像进行细致的灰度值分布计算和像素块群组灰度差值的累加, 不仅增强肿瘤区域内部的图像细节识别, 还提升不同肿瘤区域的边界解析能力。进一步分析边界区域的纹理特征差异, 结合邻域连接关系, 量化灰度梯度差值和连接特性, 使得边界区域的几何特性分析更加精确, 特别是边界的周长、面积和边缘连续性, 为后续的几何特征矩阵的构建提供丰富的数据支持, 通过结合空间几何拓展数据与纹理特性, 精确标定肿瘤分区的边界线, 并对分区内的像素块进行统计分析, 增强肿瘤区域的分区精度, 提升图像分析的细致度和准确性, 有效避免传统方法中对边界模糊区域的误识别和漏判问题, 同时提供了更精细的肿瘤异质性研究依据。

附图说明

[0055] 图1为本发明的工作流程示意图;

[0056] 图2为本发明中多尺度灰度分布图的流程图;

[0057] 图3为本发明中边界分布特性数据的流程图;

[0058] 图4为本发明中边界连接权重表的流程图;

[0059] 图5为本发明中候选几何特征矩阵的流程图;

[0060] 图6为本发明中空间几何拓展数据的流程图；

[0061] 图7为本发明中肿瘤区域分区识别特征数值表的流程图。

具体实施方式

[0062] 为了使本发明的目的、技术方案及优点更加清楚明白,以下结合附图及实施例,对本发明进行进一步详细说明。应当理解,此处所描述的具体实施例仅仅用以解释本发明,并不用于限定本发明。

[0063] 在本发明的描述中,需要理解的是,术语“长度”、“宽度”、“上”、“下”、“前”、“后”、“左”、“右”、“竖直”、“水平”、“顶”、“底”、“内”、“外”等指示的方位或位置关系为基于附图所示的方位或位置关系,仅是为了便于描述本发明和简化描述,而不是指示或暗示所指的装置或元件必须具有特定的方位、以特定的方位构造和操作,因此不能理解为对本发明的限制。此外,在本发明的描述中,“多个”的含义是两个或两个以上,除非另有明确具体的限定。

[0064] 实施例1:

[0065] 请参阅图1,本发明提供一种技术方案:基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,包括以下步骤:

[0066] S1:基于输入的医学肿瘤分区图像,定义像素块的灰度值分布范围,按固定尺寸划分像素块组,对像素块的邻域灰度值进行计算,通过像素块群组灰度差值的累加,确定分布变化集合,生成多尺度灰度分布图;

[0067] S2:基于多尺度灰度分布图,提取像素块的边界区域,分析边界区域的纹理特征差异,选取邻域内连接关系的区域,获取边界分布特性数据,对连接关系和灰度梯度差值进行量化,针对边界区域与连接特性进行分析,生成边界连接权重表;

[0068] S3:基于边界连接权重表,提取权重区域内的几何特性,分析边界周长、面积和边缘连续性,对几何特性数值进行对比,生成候选几何特征矩阵,将候选几何特征矩阵作为中心,分析邻域的空间拓展特性,获得空间几何拓展数据;

[0069] S4:基于空间几何拓展数据,结合拓展区域和候选区域的纹理特性,分析边界区域的特征分布,标定每个分区的边界线,提取肿瘤分区内的像素块,对像素块的形状和分布进行特征统计,获得肿瘤区域分区识别特征数值表。

[0070] 多尺度灰度分布图包括像素块灰度差值、像素块群组灰度差值累加、分布变化集合,边界分布特性数据包括边界分布密度、边界分布形态、边界分布规律,边界连接权重表包括边界区域纹理特征差异、连接区域灰度梯度差值、边界连接关系,候选几何特征矩阵包括边界周长、边界面积、边缘连续性,空间几何拓展数据包括拓展区域纹理特性、候选区域几何形态、边界特征分布,肿瘤区域分区识别特征数值表包括像素块形状、像素块分布、分区内边界线特征。

[0071] 请参阅图2,多尺度灰度分布图的获取步骤具体为:

[0072] S111:基于输入的医学肿瘤分区图像,定义医学肿瘤分区图像中的像素块灰度值分布范围,按固定尺寸划分图像为多个像素块组,每个像素块由连续像素点组成,得到初始像素块组分布数组;

[0073] 在医学肿瘤分区图像分析中,首先定义每个像素块的灰度值分布范围,过程关键在于从原始图像中提取有效信息,灰度值分布范围的定义依据图像的统计特性,例如像素

强度的最大值和最小值,基于统计特性,将图像按照预设的像素块大小进行划分,每个像素块包括固定数量的像素点,像素点共同构成一个像素块组,对像素块组进行统计分析,可以获取初始像素块组分布数组,这个数组是后续分析的基础,通过对数组中的每个元素进行逐一分析,可以精确地控制处理过程,确保每一步操作都基于实际图像数据进行,为后续图像处理和分析提供了坚实的基础。

[0074] S112:对初始像素块组分布数组中的每个像素块组进行灰度值分析,计算并累加相邻像素块组之间的灰度差值,采用公式:

$$[0075] \quad \Delta G = \sum_{i=1}^n \left(\frac{|g_i - \bar{g}|}{g_{\max} - g_{\min}} \right);$$

[0076] 进行归一化处理并衡量灰度变化,得到灰度差值累计数组;

[0077] 其中, g_i 代表第*i*个像素块的灰度值, \bar{g} 代表邻域的平均灰度值, g_{\max} 和 g_{\min} 分别代表最大和最小灰度值, ΔG 表示像素块组中灰度变化的归一化总和, n 表示总像素块数量;

[0078] 公式的有益之处在于,通过将每个像素块的灰度值与邻域平均灰度值之间的差值进行归一化处理,可以有效衡量不同像素块之间的灰度变化,这对于分析图像的纹理和结构信息尤其重要,归一化处理确保了无论原始图像的亮度如何,计算结果都能反映实际的灰度变化情况;

[0079] 设定有一个像素块组包含10个像素块,每个像素块的灰度值分别为{200,180,220,210,230,240,260,250,240,230},邻域平均灰度值为225,最大和最小灰度值分别为260和180,根据公式,首先计算每个像素块的灰度值与平均灰度值之间的差的绝对值,然后除以灰度范围(260-180=80),得到的结果为:

$$[0080] \quad \Delta G = \left(\frac{|200 - 225|}{80} + \frac{|180 - 225|}{80} + \dots + \frac{|230 - 225|}{80} \right);$$

$$= \left(\frac{25}{80} + \frac{45}{80} + \dots + \frac{5}{80} \right) = 4.375$$

[0081] 该结果表明,在这个像素块组中,灰度变化的归一化总和为4.375,这表明相比于平均灰度,这个区域的灰度变化较大,是图像中的一个特征区域,例如肿瘤区域或重要的医学图像特征。

[0082] S113:利用灰度差值累计数组中记录的信息,分析像素块组间的分布变化,根据灰度差的统计数据确定分布变化集合,得到多尺度灰度分布图;

[0083] 通过灰度差值累计数组记录的灰度变化数据,分析每个像素块组间的灰度差异,此数组作为分析基础,其中包含了每个像素块与其邻域的灰度值比较结果,通过数据可以有效地识别图像中的异质区域,区域与病理变化有关,如肿瘤的生长区域,通过统计灰度差值,可以对图像进行多尺度的灰度分布分析,生成多尺度灰度分布图,这种图可以展示图像在不同尺度下的灰度分布情况,为医生提供更多的信息。

[0084] 请参阅图3,边界分布特性数据的获取步骤具体为:

[0085] S211:分析多尺度灰度分布图,根据像素块的灰度梯度变化率与对比度变化进行边界区域提取,对比相邻像素块的灰度梯度差异,通过梯度差异阈值筛选高梯度区域,获取初步边界区域特性数据;

[0086] 在分析多尺度灰度分布图时,首先需要针对图像数据进行预处理,包括降噪和对比度增强,以便更清晰地识别不同像素块之间的边界,通过计算每个像素块的灰度梯度变化率,可以精确地确定图像中的边缘区域,区域显示出高对比度的变化,边界区域的提取是通过对比相邻像素块之间的灰度梯度差异进行的,设定一个灰度梯度差异阈值,当相邻像素块的灰度梯度差异大于此阈值时,将其识别为边界像素,不仅提高了边界检测的准确性,而且也减少了假阳性的边界识别,获取初步边界区域特性数据。

[0087] S212:从初步边界区域特性数据中提取邻域连接特征,采用公式:

$$[0088] \quad W = \frac{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} |g_p - g_q|}{\sqrt{\sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_x - q_x)^2 + \sum_{p,q \in \mathcal{N}} (p_y - q_y)^2 + \epsilon}};$$

[0089] 分析每个像素对连接强度,并根据连接强度的统计分布设定阈值,生成邻域内局部连接区域;

[0090] 其中, g_p 和 g_q 表示邻域内像素点的灰度值, p_x 、 q_x 、 p_y 、 q_y 表示对应像素点的坐标, \mathcal{N} 表示邻域像素集, ϵ 是微调因子, W 表示像素间的连接权重;

[0091] 公式的有益之处在于,允许基于像素间的实际物理距离和灰度值差异加权,进而更精确地反映出图像中的邻域连接强度,这在边界检测和纹理分析中尤为重要,因为帮助区分了仅在灰度上相邻但在空间上不相关的像素点;

[0092] 设定有一组邻近像素点,其中像素p和像素q的灰度值分别为 $g_p = 150$ 和 $g_q = 130$,坐标分别为 $p_x = 15$, $p_y = 20$ 和 $q_x = 16$, $q_y = 20$,则公式中的差值 $|g_p - g_q| = 20$,距离的平方和为

$(p_x - q_x)^2 + (p_y - q_y)^2 = 1 + 0 = 1$ 取 $\epsilon = 0.01$ 防止除零错误,带入公式计算得 $W = \frac{20}{\sqrt{1+0.01}} \approx 19.98$,这表明像素p和像素q之间存在较强的连接关系;

[0093] 该结果表明通过计算得到的连接权重 W 值接近20,这是一个较高的连接强度,表明这对像素在视觉上具有较强的连接性,这有助于在生成邻域内局部连接区域时,更准确地选择出那些在空间和灰度上都显著相关的像素点,从而提高图像处理中边界检测的准确性。

[0094] S213:利用邻域内局部连接区域,进行纹理特征分析,对比差异化边界区域的纹理特征差异,评估边界区域的完整性,得到边界分布特性数据;

[0095] 利用从邻域内局部连接区域中得到的数据,需要进行细致的纹理特征分析包括计算每个区域的纹理方向性、均匀性和对比度,通过对比不同边界区域的纹理特征,可以评估每个边界区域的完整性和准确性,过程涉及到大量的像素点数据分析,包括计算各区域内

像素点的灰度均值、方差以及高阶统计特征,计算结果将为确定图像中有效的边界区域提供科学依据,确保通过细节层面的纹理差异分析,精确捕捉图像中的边界信息,得到边界分布特性数据,将直接影响图像处理任务的成功率,如边界检测、图像分割等。

[0096] 请参阅图4,边界连接权重表的获取步骤具体为:

[0097] S221:基于边界分布特性数据,进行图像像素划分,提取图像中的边界区域和非边界区域,执行像素灰度值分类,通过阈值将差异化区域进行区分,并进行边界区域标记,获取边界区域数据;

[0098] 采用固定尺寸的分区策略,将整个图像按照等间隔切分为若干个矩形区域,每个区域的像素数量保持一致,逐一计算每个分区内的像素灰度值分布,按照灰度值变化的标准差进行排序,确定边界区域的初始范围,提取图像中的边界区域和非边界区域时,通过遍历每个分区内的像素点,计算每个像素点与周围像素点的灰度值差异,将差异值超过预设阈值的像素标记为边界像素,执行像素灰度值分类时,将图像灰度值范围划分为多个区间,分别计算各区间内像素点的数量,统计分布比例,通过阈值计算得到差异化区域并进行区分,边界区域标记中,利用二值化图像生成标记矩阵,将边界像素标记为1,其余像素标记为0,标记矩阵用于进一步处理以获取边界区域数据。

[0099] S222:基于边界区域数据,将像素对边界区域内的灰度值进行差值分析,比较相邻像素的灰度差异,并将差值进行量化,获取量化灰度梯度差值数据;

[0100] 依次选取每个边界区域内的像素点与其相邻像素点,计算两者之间的灰度值差异,并生成一个包含差值的数据矩阵,比较相邻像素的灰度差异时,通过设定一个步长范围,依次在横向、纵向以及对角线方向上进行像素配对,每次计算生成一组灰度差值,并统计所有配对差值的分布特性,将灰度差值的统计结果与区域内部的均值和标准差进行对比分析,量化差值时,根据灰度差值的实际范围划分等级,按等级分布生成量化灰度梯度差值数据,并通过映射关系为每个梯度差值赋予具体的权重,用于后续分析。

[0101] S223:基于量化灰度梯度差值数据,进行边界区域连接关系分析,通过遍历连接点,量化每个连接的灰度差值,并按灰度梯度差值为每个连接分配权重,生成边界连接权重表;

[0102] 将边界区域的像素点按照几何邻接关系生成连接矩阵,逐一遍历连接点,统计每个连接点所涉及的像素灰度值,并计算连接点两端像素的灰度差值,对每个连接点的灰度差值进行量化时,按照灰度梯度差值的量化规则,进一步生成分级的权重值,遍历所有连接点时,按连接点的几何位置逐层递归计算相邻连接点的灰度差值,并为每个连接分配权重,生成边界连接权重表,利用分配的权重值,构建一个包括连接点坐标、连接权重和灰度梯度差值的综合表格,为后续的图像边界优化和分析提供数据支持。

[0103] 请参阅图5,候选几何特征矩阵的获取步骤具体为:

[0104] S311:基于边界连接权重表,提取区域内每个边界点,通过遍历每个像素的连接情况,记录相邻区域之间的连接权重,判断连接强度,并对连接点进行排序,获取肿瘤分区边界的周长数据;

[0105] 提取肿瘤分区内每个边界点时,通过逐点扫描边界连接权重表,结合肿瘤影像中的分区边界特性,定位每个边界点的具体像素位置,并记录其与相邻分区之间的连接权重,在遍历每个像素的连接情况时,利用二维邻接矩阵表示肿瘤分区内边界点的连接关系,统

计肿瘤分区之间的连接权重差异,提取高权重的边界连接点,重点分析分区之间的差异区域,记录相邻区域之间的连接权重时,计算跨肿瘤分区的像素连接,重点关注灰度值变化显著的区域,提取反映分区边界特性的关键点数据,判断连接强度时,按照权重值分级,标记强连接点和弱连接点位置,对连接点进行排序后,进一步分析肿瘤边界形状特征,最终获取肿瘤分区边界的周长数据,为肿瘤形态特征分析奠定基础。

[0106] S312:基于肿瘤分区边界的周长数据,在每个边界区域内,测量边界的实时长度,识别边界位置,并通过像素叠加分析,获取边界面积数据;

[0107] 在每个肿瘤分区内测量边界的实时长度时,通过逐像素计算分区边界的几何路径,结合肿瘤影像的像素比例尺,精确测量分区的边界总长度,在识别边界位置时,将肿瘤分区的边界点映射到二维图像坐标系中,生成肿瘤边界点的轨迹线,通过坐标差值计算确定边界位置的变化特性,通过像素叠加分析获取边界面积数据时,统计每个肿瘤分区内部及边界上的所有像素点数量,并根据像素大小计算分区面积,结合影像中的真实标尺验证面积数据的精确性,在分析过程中,还进一步区分肿瘤内部组织和周边区域的灰度差异,确保边界面积数据能够准确反映肿瘤分区的形态特征,为后续的病灶分析提供支持。

[0108] S313:基于边界面积数据,在每个区域内分析边缘的连续性,检测每个区域内出现的断裂点,并通过对比边界点连接状态,进行边缘连续性分析,对比边界周长数据、边界面积数据和边缘连续性数据,生成候选几何特征矩阵;

[0109] 根据像素检查分区边界点的连接情况,针对肿瘤分区边界中断裂点的位置进行标记,并统计断裂点的数量及分布特性,在检测每个肿瘤分区内出现的断裂点时,通过计算相邻边界点之间的距离,判断断裂点之间的间隙是否超过特定阈值,并记录超过阈值的断裂区域坐标,通过对比边界点连接状态进行肿瘤边缘连续性分析时,将每条边界的断裂点信息与肿瘤分区连接状态进行综合分析,量化边界的完整性,对比边界周长数据、边界面积数据和边缘连续性数据时,生成候选几何特征矩阵,其中包括分区边界点坐标、连接权重、断裂点位置及灰度差异信息,为进一步分析肿瘤病灶形态和分区特征提供数据支持。

[0110] 请参阅图6,空间几何拓展数据的获取步骤具体为:

[0111] S321:根据候选几何特征矩阵,计算每个几何特征的邻域平均值,筛选与中心特征关联的邻域范围,判断每个邻域特征是否偏离中心特征,生成候选邻域几何特征集合;

[0112] 在分析候选几何特征矩阵时,重点在于了解中心特征及其邻域的特征变化,确定中心特征的位置,此位置是通过矩阵坐标系统识别并标定的,然后定义邻域范围,这是通过预设的空间半径实现的,该半径决定了哪些邻域特征会被包含在内,对每个邻域特征进行逐一采集,并将与中心特征进行比较,通过计算每个邻域特征与中心特征之间的绝对差值来评估两者间的关系,包括将所有邻域特征值加和,然后除以特征数量以求得平均邻域特征值,这个平均值对比中心特征值,用以判断哪些邻域特征与中心差异显著,显著性是通过设定的阈值来定义的,若差值超过此阈值,则认为该邻域特征偏离中心特征,应被标记并在后续分析中剔除,剩下的邻域特征将被保存为候选邻域几何特征集合,供进一步分析使用。

[0113] S322:基于候选邻域几何特征集合,分析每个邻域特征的空间扩展数据,将邻域特征扩展与中心特征进行分析,采用公式:

$$[0114] \quad C_e = \frac{\sum_{k=1}^m w_k \cdot |F_k - F_c|}{\sum_{k=1}^m w_k};$$

[0115] 计算空间扩展特性系数,生成空间扩展系数分布结果;

[0116] 其中, C_e 代表空间扩展特性系数, F_k 为邻域特征值, F_c 为中心特征值, w_k 为权重参数, m 为邻域特征数量;

[0117] 公式的有益之处在于通过权重参数 w_k 对不同邻域特征的影响程度进行加权分析,避免特征值分布不均导致的误差偏移,同时优化了空间扩展特性计算的精度;

[0118] 通过候选邻域几何特征集合获取中心特征 F_c 和邻域特征值 F_k ,其中 $F_k = [4.5, 5.2, 4.8, 6.0]$, $F_c = 5.0$;

[0119] 确定权重参数 $w_k = [1.0, 0.8, 1.2, 0.9]$,计算权重与绝对差值的加权乘积为 $w_k \cdot |F_k - F_c| = [0.5, 0.16, 0.24, 0.9]$;

[0120] 求和得到分子为 $0.5 + 0.16 + 0.24 + 0.9 = 1.8$,分母为权重和 $1.0 + 0.8 + 1.2 + 0.9 = 3.9$;

[0121] 计算扩展系数 $C_e = \frac{1.8}{3.9} = 0.4615$,该结果表明中心特征与邻域特征之间的扩展关联程度为0.4615,可进一步用于显著区域分析。

[0122] S323:根据空间扩展系数分布结果,通过设定阈值提取空间扩展区域,将区域进行几何特性聚合,分析与候选几何特征的全局关系,得到空间几何拓展数据;

[0123] 设定显著性阈值来识别哪些区域的空间扩展显著,并应予以关注,通过与预设阈值的比较,选择那些扩展系数大于或等于阈值的特征区域,这涉及对数据集进行迭代,每次迭代对每个邻域特征的扩展系数进行评估,并记录下超过阈值的特征区域,区域被认为对于理解空间几何拓展具有特别的意义,显著的特征区域将按照在空间中的位置被分组聚合,过程不仅涉及简单的数值比较,而且需要对特征的空间关系进行分析,比如与中心特征的相对位置,通过显著区域的聚合数据,结合全局几何特征,计算整体的几何拓展特性,综合分析有助于理解空间特征如何在较大的几何上下文中展开,得到空间几何拓展数据。

[0124] 请参阅图7,肿瘤区域分区识别特征数值表的获取步骤具体为:

[0125] S411:基于空间几何拓展数据,分析扩展区域和候选区域的纹理特性,提取边界区域的特征分布,将数据用于肿瘤边界线的标定,建立边界线特征数据集;

[0126] 首先从高分辨率图像中提取扩展区域和候选区域,针对区域的纹理特性进行分析,过程需要调用图像分割工具对目标区域进行标记,并利用特征提取模块获取区域内部的纹理参数,灰度均值、灰度方差以及纹理对比度等指标,然后对纹理参数进行分区处理,将每个分区的纹理特性归纳为独立的向量表示,结合区域的几何扩展特性和纹理参数,通过比较其与标准模型的相似性,识别边界区域,并对边界区域中的特征分布进行细化处理,将所有分区标记为具体的边界线数据,以支持后续分析的精确定位,生成边界线特征数据集。

[0127] S412:利用边界线特征数据集,从图像数据集中提取与肿瘤边界对应的像素块,对像素块进行形状和分布的统计分析,统计分析结果包括区域像素块的亮度均值、亮度方差和形状参数,获取形状和分布统计数据;

[0128] 从原始图像中进一步提取对应的像素块,调用边界线数据对全图像进行空间裁剪,将裁剪后的每一区域的像素集合化为目标对象,再对目标像素块执行统计分析,分别计算像素块的亮度均值、亮度方差和形状参数,例如通过像素块的几何边界拟合形状因子,计算长宽比和周长面积比以量化其形状特性,对所有像素块数据建立关联矩阵,将亮度和形状数据结合为统一的特征集合,特征不仅包含基本的亮度和方差,还结合像素块的形状参数形成复合特征,获取形状和分布统计数据,为后续的特征提取提供了数据基础。

[0129] S413:根据形状和分布统计数据,捕捉肿瘤形状和分布数据,分析每个数据点的几何属性和位置,提取边界清晰度、紧凑程度和方向特征,采用公式:

$$[0130] \quad F_r = \alpha \cdot M_s + \beta \cdot \left(\frac{V_s}{P_s} \right);$$

[0131] 生成肿瘤区域分区识别特征数值表;

[0132] 其中, F_r 表示肿瘤区域的识别特征数值, M_s 是区域像素块的亮度均值, V_s 是亮度方差, P_s 是形状参数, α 和 β 是基于数据敏感性分析确定的调整系数;

[0133] 公式的有益之处在于,整合亮度均值、亮度方差与形状参数比率这三类特征,通过调整系数 α 和 β 的灵活性,可适应不同类型图像的特征分布需求,提升了特征表示的全面性;

[0134] 通过统计分析,设定 $M_s = 150$,从提取的像素块亮度均值数据中获得, $V_s = 30$,为亮度方差,通过全图统计计算, $P_s = 1.5$,表示形状参数,衡量像素块的复杂度,调整系数 $\alpha = 0.8$ 和 $\beta = 0.2$,由区域特性分析决定;

[0135] 计算过程:

$$[0136] \quad F_r = 0.8 \cdot 150 + 0.2 \cdot \left(\frac{30}{1.5} \right) = 120 + 4 = 124;$$

[0137] 该结果表明,计算肿瘤区域的识别特征数值为124,综合亮度和形状特性,是后续分区诊断中肿瘤识别的量化基础,得到肿瘤区域分区识别特征数值表。

[0138] 基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别系统用于执行上述基于多尺度图像分析的肿瘤分区识别方法,系统包括:

[0139] 灰度分布分析模块基于输入的医学肿瘤分区图像,按预设尺寸划分像素块组,提取每个像素块中的灰度值,统计并分类差异化灰度范围的像素块,进行灰度分布统计分析,生成多尺度灰度分布图;

[0140] 边界纹理分析模块基于多尺度灰度分布图,对肿瘤分区图像中的边界区域进行提取,识别边界区域内的纹理特征,利用灰度梯度计算对比相邻像素的灰度差异,并按梯度值进行量化分类,生成边界连接权重表;

[0141] 几何特征获取模块基于边界连接权重表,提取边界区域内的几何特征,包括周长、

面积、边缘连通度,采用周长与面积比率、边缘曲率指标,对区域进行形态分析,对比区域的几何特征,并结合空间拓展信息,获取空间几何拓展数据;

[0142] 空间几何拓展特征分析模块基于空间几何拓展数据,分析每个区域的拓展比例与分布特征,识别差异化区域的空间拓展特征,进行空间拓展特征分析,得到区域拓展比例数据;

[0143] 空间分区划定模块基于区域拓展比例数据,分析区域内的形态变化与空间分布特征,结合边界的形态特征,识别差异化区域的空间分布模式,依据识别结果进行区域细化划分,生成肿瘤区域分区识别特征数值表。

[0144] 以上,仅是本发明的较佳实施例而已,并非对本发明作其他形式的限制,任何熟悉本专业的技术人员可能利用上述揭示的技术内容加以变更或改型为等同变化的等效实施例应用于其他领域,但是凡是未脱离本发明技术方案内容,依据本发明的技术实质对以上实施例所做的任何简单修改、等同变化与改型,仍属于本发明技术方案的保护范围。

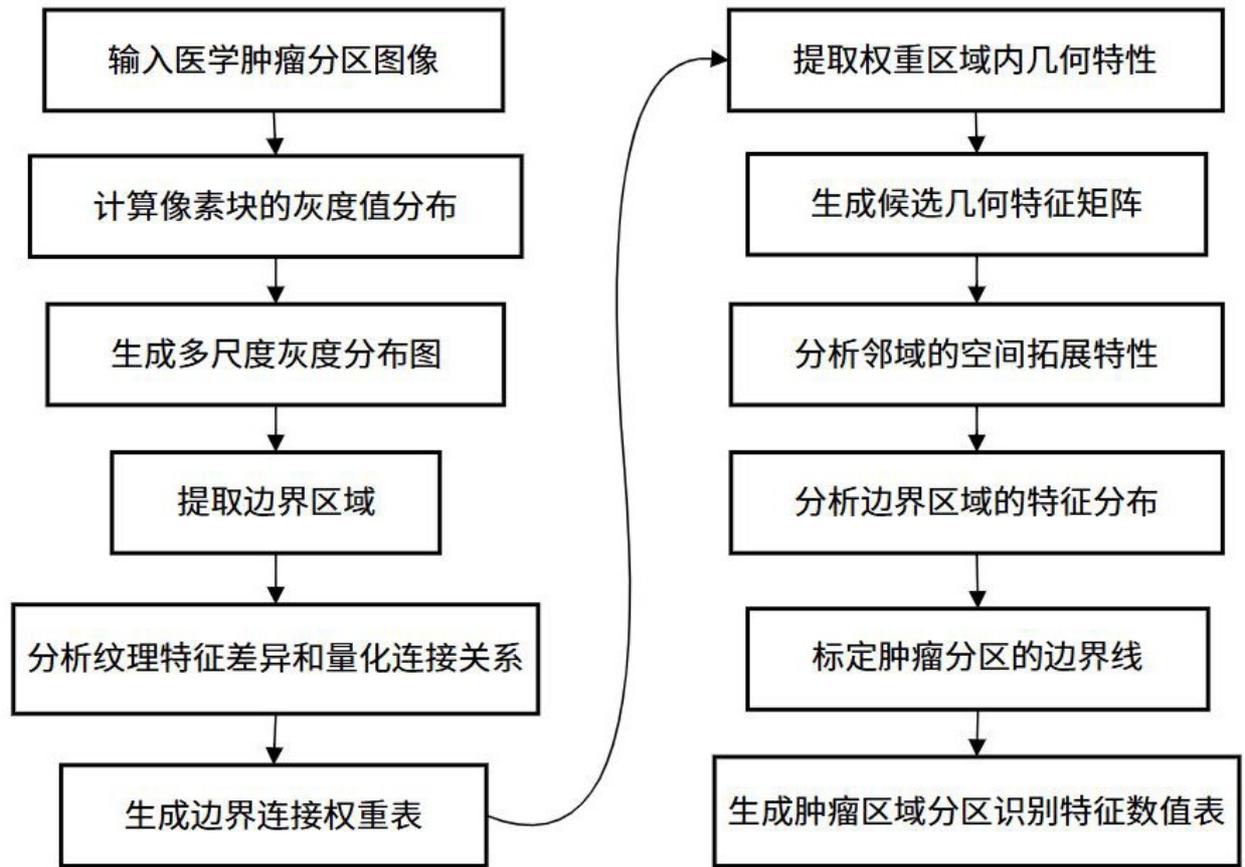


图 1

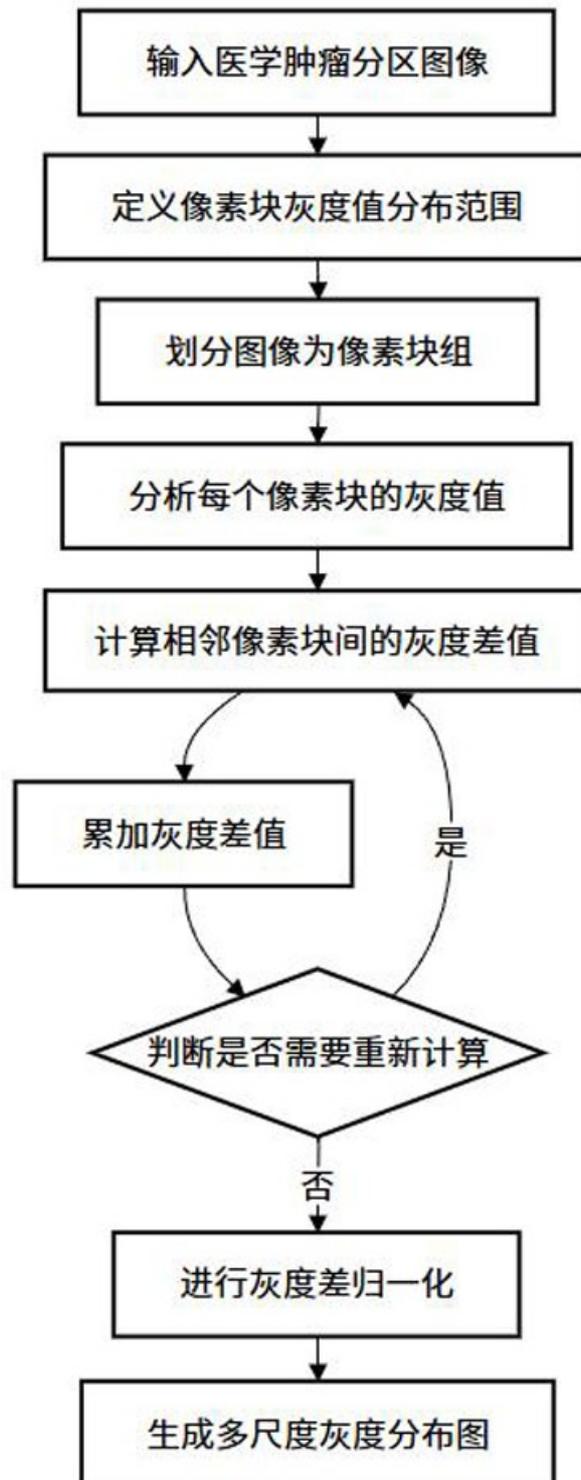


图 2

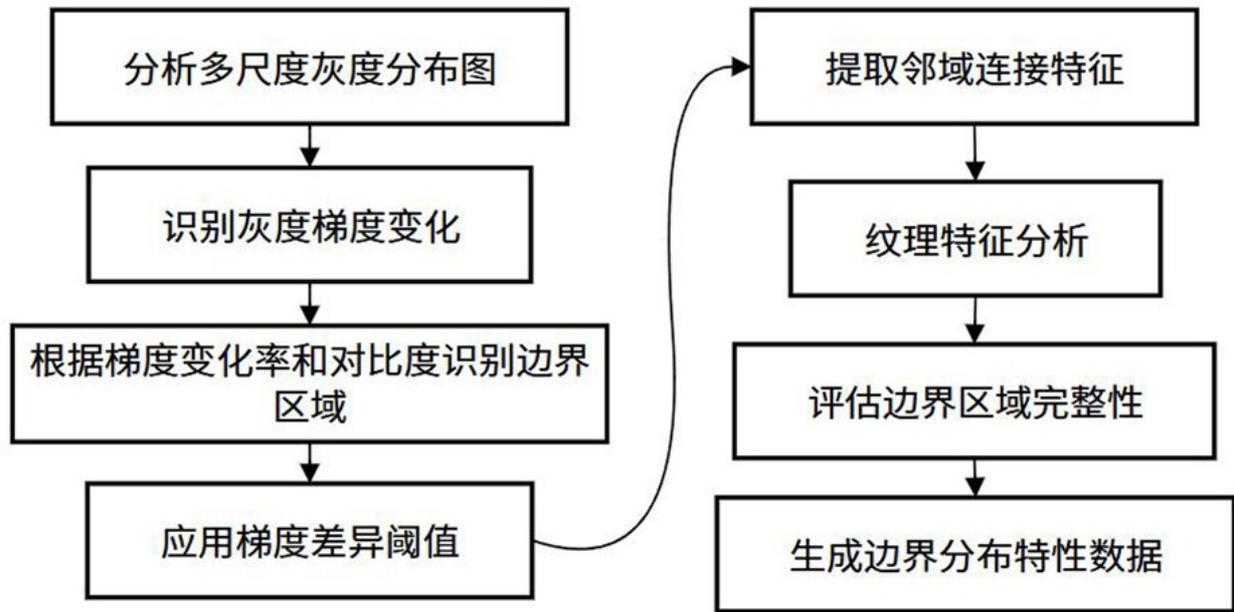


图 3

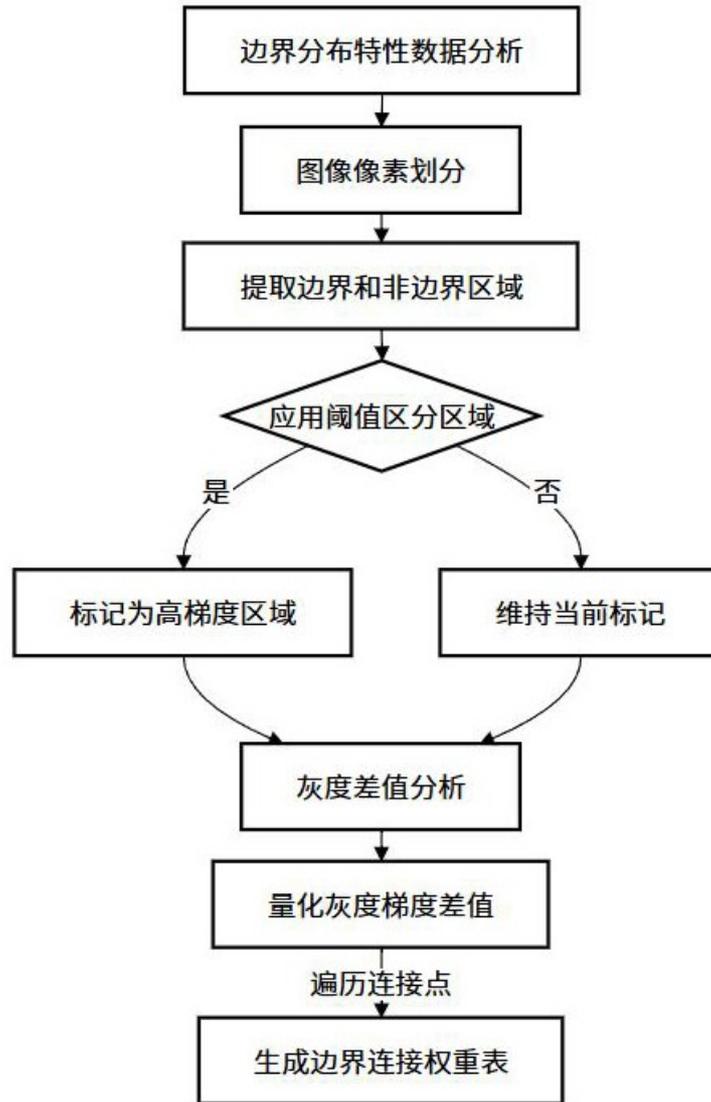


图 4

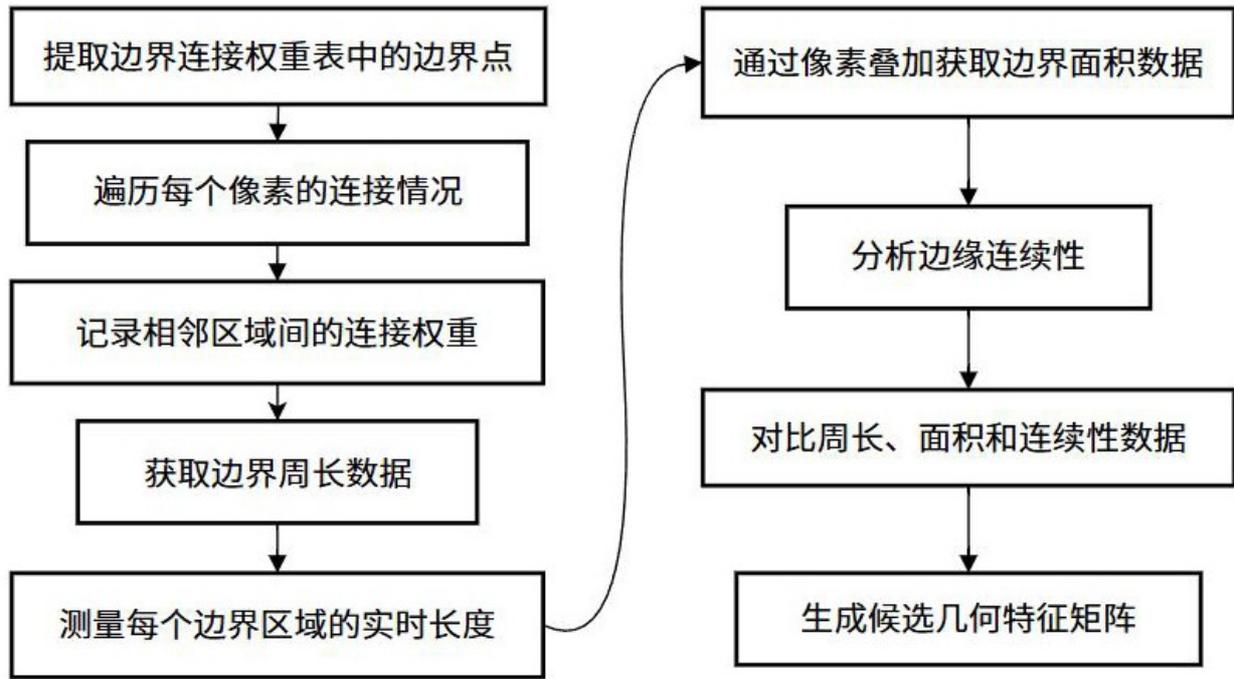


图 5

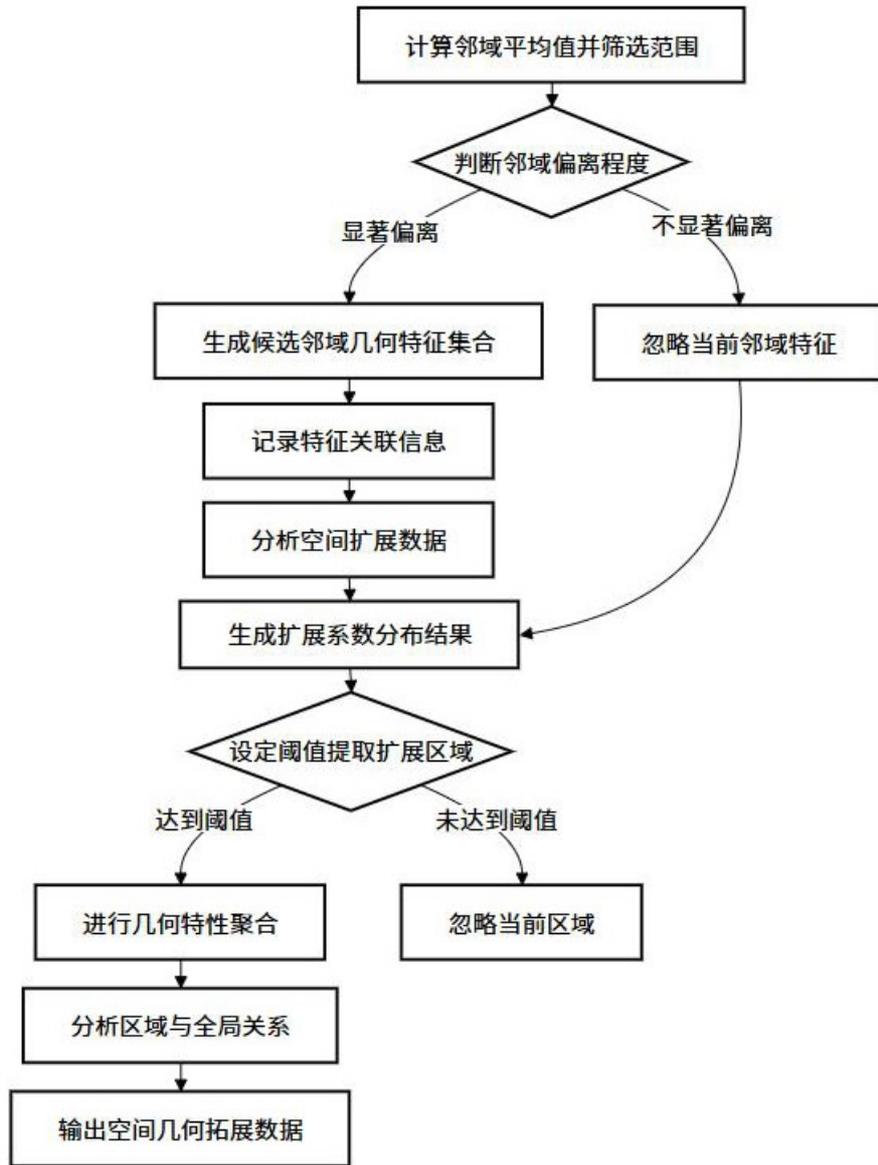


图 6

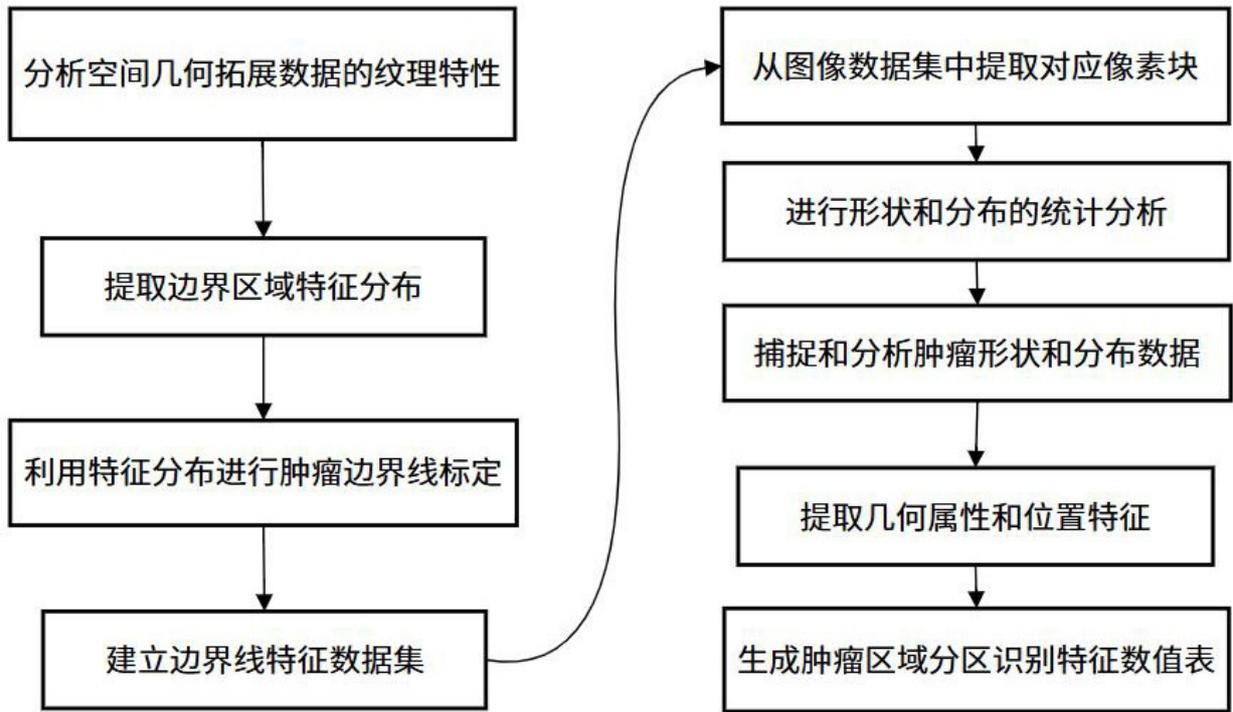


图 7