



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 105261002 A

(43) 申请公布日 2016. 01. 20

(21) 申请号 201510397484. 2

(22) 申请日 2015. 07. 08

(30) 优先权数据

102014213409. 9 2014. 07. 10 DE

(71) 申请人 西门子公司

地址 德国慕尼黑

(72) 发明人 M. 格兰迪 P. 哈格曼 S. 赫沃  
G. 克鲁格 P. 梅德 B. 梅尔查尔  
R. 穆利

(74) 专利代理机构 北京市柳沈律师事务所  
11105

代理人 谢强 熊雪梅

(51) Int. Cl.

G06T 7/00(2006. 01)

G06T 7/60(2006. 01)

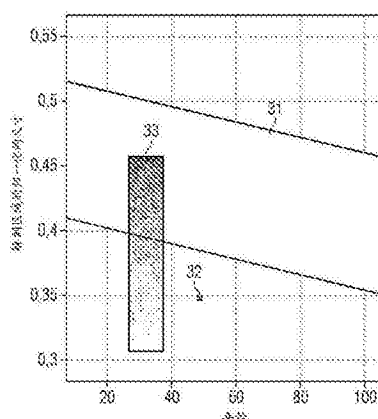
权利要求书2页 说明书4页 附图4页

(54) 发明名称

基于 3D 数据组显示检查对象中的病理变化的方法和装置

(57) 摘要

本发明涉及用于分析检查对象中的解剖区域的病理变化的方法和装置。在此,该方法包括分割解剖区域的 3D 数据,将其归一化,与参考模型 (31) 相比较并将偏差值 (32) 和来自强度标度 (33) 的强度值与解剖区域相对应。归一化的解剖区域的图形显示的强度值使得本领域技术人员能够快速和成本低廉地确定解剖区域的病理变化。



1. 一种用于分析检查对象 (26) 的 3D 数据组的方法, 具有如下步骤:
  - 分割检查对象 (26) 的 3D 数据组以便确定该 3D 数据组中的不同的解剖区域 (22, 23, 24),
  - 通过将所述不同的解剖区域 (22, 23, 24) 的尺寸归一化来确定归一化的解剖区域 (40, 41, 42),
  - 将不同的归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与参考模型 (31) 相比较, 该参考模型具有所述不同的解剖区域的参考尺寸, 以及
  - 对于所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 中的每个,
    - 确定偏差值 (32), 其说明了各自的所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与所属的参考尺寸如何偏差,
    - 将各自的解剖区域的所有图像点 (27) 与特定的偏差值 (32) 相关联, 从而一个解剖区域的所有图像点 (27) 具有相同的偏差值 (32),
    - 将各自的解剖区域的所有图像点 (27) 与对应于所述偏差值 (32) 的强度值相关联, 以便用于图形显示。
2. 根据权利要求 1 所述的方法, 其特征在于,
  - 将包含在检查对象的 3D 数据组中的所有解剖区域 (22, 23, 24) 分解为多个图像点 (27), 以及
  - 将解剖区域 (22, 23, 24) 的归一化进行为使得确定该解剖区域 (22, 23, 24) 的所有图像点 (27) 的容积与检查对象 (26) 的所有图像点的总容积之比。
3. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于,
  - 将所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与来自参考模型 (31) 的相应的解剖区域相比较, 该参考模型具有统计学的正态分布, 并且包括来自多个检查对象的多个所分割的解剖区域的 3D 参考数据。
4. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于, 通过计算所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与所述参考模型中的解剖区域的尺寸之间的差来确定所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 与参考模型 (31) 的偏差值 (32), 以及
  - 将所确定的偏差值 (32) 与解剖区域的每个图像点 (27) 的关联进行为使得解剖区域的每个图像点 (27) 具有恰好一个偏差值。
5. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于,
  - 如果所述解剖区域 (22, 23, 24) 包括萎缩性脑脊髓液组织结构或者肥大性灰质 / 白质组织结构, 则将所述偏差值 (32) 设为 0, 以及
  - 如果所述解剖区域 (22, 23, 24) 既不包括萎缩性脑脊髓液组织结构也不包括肥大性灰质 / 白质组织结构, 则不改变所述偏差值 (32)。
6. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于, 所述方法附加地包括:
  - 如果未分割所述解剖区域 (22, 23, 24), 则将偏置值加至所述偏差值 (32), 以及
  - 如果在所述参考模型 (31) 中不存在关于所述解剖区域的信息, 则将偏置值加至所述偏差值 (32)。
7. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于,
  - 所述归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的每个图像点 (27) 关联于恰好一个强度值, 该强

度值对应于归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 与所述参考模型 (31) 的偏差值 (32)。

8. 根据上述权利要求中任一项所述的方法, 其特征在于, 图形地示出一部分具有强度值的图像点 (27), 其中, 该部分图像点是由所述解剖区域横截面构成的。

9. 一种用于分析检查对象的 3D 数据组的装置, 其具有:

- 计算单元 (50), 其构建为分割检查对象 (26) 的 3D 数据, 以及通过归一化不同的解剖区域 (22, 23, 24) 的尺寸来确定归一化的解剖区域, 并且对于每个归一化的解剖区域,

将该归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与参考模型 (31) 相比较, 和确定在该归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的尺寸与所属的参考尺寸之间的偏差值 (32), 以及,

将偏差值 (32) 与各自的归一化的解剖区域 (40, 41, 42) 的所有图像点 (27) 关联, 以及将所有图像点 (27) 与对应于所述偏差值 (32) 的强度值关联,

- 数据库 (53), 其构建为存储 3D 数据,

- 输入设备 (52), 其构建为用户输入接口,

- 输出设备 (51), 其构建为图形示出强度值。

10. 根据权利要求 9 所述的装置, 其特征在于,

将该装置构建为用于执行根据权利要求 1 至 8 中任一项所述的方法。

## 基于 3D 数据组显示检查对象中的病理变化的方法和装置

### 技术领域

[0001] 本发明涉及一种用于分析检查对象的 3D 数据组的方法,其允许识别检查对象的解剖区域的病理变化,而在此无需单独地或详细地分析该解剖区域的容积子区域。

### 背景技术

[0002] 存在许多种用于医学地诊断在检查对象中、例如在大脑的解剖区域中的病理变化的组织结构的方法。对该变化的可能显示涉及了每个结构的表格式报告,其中,将该结构分割为区段并且标记出位于参考范围之外的项。

[0003] 病理变化的组织结构的另一显示涉及了患者的参考数据组和归一化数据组的表达,其中,将这两个数据组在单个图像点的基础上相互比较。

[0004] 这些已知的方法具有不利的特性,即生成解剖区域的子区域中的容积效应和由此覆盖病理变化。此外,对结果的分析 and 判读需要很大的时间开销,因为必须将所检查的解剖区域的大量子区域相互比较。

### 发明内容

[0005] 至今已知的用于检查解剖区域的病理变化的方法在很多情况下要求检查其子区域。由此导致的检查的复杂性和高时间开销因此通常被认为是不利的。因此本发明提出的任务是,提供一种允许简单快速地识别解剖区域的病理变化的方法。

[0006] 根据本发明,该任务通过一种根据本方面的用于分析检查对象的 3D 数据组的方法以及一种用于分析 3D 数据组的装置解决。实施例限定了本发明的其它实施形式。

[0007] 所提出的用于分析检查对象的 3D 数据组的方法首先包括分割组成检查对象的解剖区域。该步骤允许确定 3D 数据组中的不同解剖区域。此后确定归一化的解剖区域和将其与参考模型相比较。参考模型在此包括不同解剖区域的参考尺寸。此后对于每个归一化的解剖区域计算在归一化的解剖区域的尺寸与参考模型中的相应的解剖区域的尺寸之间的偏差值。该偏差值说明了归一化的解剖区域的尺寸与参考尺寸相差多大。在另一步骤中将这样确定的偏差值与整个解剖区域相关联,从而该解剖区域具有恰好一个偏差值。此后,将解剖区域的每个图像点与对应于该偏差值的恰好一个强度值相关联。

[0008] 该方法的优点是,将整个解剖区域看做唯一的一个对象。尤其无需个别地或单独地分析其子区域。这减小了分析的复杂性并且使得节省评估时间。

[0009] 此外,对于不同的解剖区域可以容易地识别出其是否与参考尺寸有偏差和有何种偏差。

[0010] 在此,将用于分割 3D 数据组和尤其包含于其中的解剖区域的方法优选构建为使得将 3D 数据划分为图像点。将对解剖区域的归一化尺寸的确定进行为使得确定解剖区域的所有图像点的容积与检查对象的所有图像点的总容积之比。

[0011] 将解剖区域的尺寸归一化的优点在于补偿了特定的解剖特性,例如不同的头部尺寸或者性别差异。

[0012] 根据一个可能的实施形式,将归一化的解剖区域的尺寸与来自解剖模型的相应的解剖区域相比较。参考模型的特征在于,包含于其中的 3D 参考数据由来自多个检查对象的多个所分割的解剖区域构成。此外,3D 参考数据可以具有正态分布,并且例如可以对应于高斯型回归模型或者百分位模型。

[0013] 与该参考模型相比较的优点在于,例如病理疾病通过归一化解剖区域的尺寸偏差可见。

[0014] 在该方法的一个实施形式中,确定归一化解剖区域与参考模型的偏差值,方法是,形成在归一化解剖区域的尺寸与参考模型中解剖区域的尺寸之间的差,并且将所确定的偏差值与解剖区域的每个图像点的关联进行为使得解剖区域的每个图像点具有恰好一个偏差值。

[0015] 由此可以确定解剖区域的病理变化,因为偏差的大小在此为萎缩性 / 肥大性变化的尺寸的度量。

[0016] 在该方法的一个可能的实施例中,如果解剖区域具有萎缩性 CSF 组织结构 (CSF : 脑脊髓液) 或者肥大性 GM/WM 组织结构 (WM/GM : 脑组织中的白质 / 灰质),则将偏差值设为 0。否则将偏差值保持不变。

[0017] 该方法步骤的优点在于,还可以选择性地仅观察病理变化。通常,这是 CSF 结构的萎缩性变化或者 GM/WM 组织结构的肥大性变化。

[0018] 在该方法的一个可能的实施形式中,如果未分割解剖区域或者如果在参考模型中不存在关于解剖区域的信息,则将偏置值加至偏差值。

[0019] 由此实现了,通过加上偏置值来特别地表征不能直接与参考模型相比较的解剖区域。

[0020] 在该方法的另一步骤中,将归一化的解剖区域的每个图像点与恰好一个强度值相关联,该强度值对应于归一化的解剖区域与参考模型的偏差值,从而解剖区域的所有图像点示出了相同的变化,并且该变化可以轻易地被了解。

[0021] 该步骤的优点在于,可以在图形显示中将解剖区域与病理变化的度量相关联,并且可以直接在图上示出该关联。

[0022] 在该方法的一个可能的实施形式中,图形示出具有所属的强度值的图像点,其中,所示出的图像点的区域由解剖区域的横截面构成。

[0023] 由此实现了将整个解剖区域图形示出为使得强度对应于解剖区域的病理变化的度量。

[0024] 本发明还由一种用于分析 3D 数据组的装置构成,其包括分割单元、计算单元、输入设备和输出设备。

[0025] 在此,分割单元具有的功能是将整个检查对象分解为多个解剖区域。

[0026] 计算单元具有的功能是,将解剖区域的尺寸归一化并且将其与参考模型相比较。计算单元从该比较中得出偏差值。最后计算单元将所得出的偏差值与强度值相关联以便用于图形显示。

[0027] 此外,该装置包括输入设备,其用作用户的输入接口。输出设备图形地绘制强度值。

[0028] 该方法的用户由此有利地能够在很短的时间中获得关于整个解剖区域的萎缩性

或肥大性变化的信息。尤其无需个别地分析区域的多个子结构。由此在评估解剖区域的萎缩性或肥大性变化时节省了时间。萎缩性变化的典型示例是阿兹海默病或者痴呆。

[0029] 此外,所提出的方法包括关于解剖区域的病理变化的成本低廉的检查可能性。

### 附图说明

[0030] 下面参考附图详细描述根据本发明的实施形式。

[0031] 图 1 示出了根据本发明的分析方法的流程图。

[0032] 图 2 示出了从 3D 数据组中提取的检查对象示图。

[0033] 图 3 示例性示出了划分为图像点的解剖区域。

[0034] 图 4 示出了参考模型的示意图,根据本发明将其与检查对象的归一化的解剖区域相比较。

[0035] 图 5 根据本发明示出了归一化的解剖区域的图示,以及通过相应上色的强度示出的与参考模型的相应偏差。

[0036] 图 6 示出了根据本发明的装置,借助其在技术上实现在图 1-4 中示出的根据本发明的方法。

### 具体实施方式

[0037] 图 1 示出了用于分析病理变化的方法的流程图。根据本发明的方法构建为使得在第一步骤 S10 中借助已知的分割算法分割 3D 数据组。3D 数据组的来源在一个可能的实施例中可以是 T1 加权的 (T1w) 磁共振 (MR) 脑容量拍摄。在另一实施例中,3D 数据组可以源自对人体的任意组织的 MR 拍摄。

[0038] 在图 2 中示出了,如何将来自 3D 数据组的检查对象 26 分解为不同的感兴趣的解剖区域 (22, 23, 24)。

[0039] 在该实施例中,检查对象 26 例如由大脑的不同的解剖区域 (22, 23, 24) 和头骨 21 构成。解剖区域 (22, 23, 24) 于是可以按照所提出的方法被检查。

[0040] 在图 1 中在下一步骤 S11 中将每个解剖区域的总容积归一化,方法为计算一个解剖区域的所有图像点的容积与检查对象的所有图像点的总容积的比例。

[0041] 在图 3 中示例性详细示出了这。计算解剖区域 22 的所有图像点 27 的容积与图 1 的检查对象 26 的所有图像点的总容积的比例。

[0042] 在图 5 中示出了归一化的结果。形成了归一化的解剖区域 (40, 41, 42),其在尺寸方面与原来的解剖区域不同。该步骤是必要的,以便将原来的解剖区域标准化和与参考模型相比较。

[0043] 图 4 示出了用于与归一化的解剖区域相比较的参考模型 31 的图。该参考模型 31 包括来自多个非病理检查对象和不同年龄的解剖区域的 3D 数据,并且例如对应于具有正态分布的高斯型或百分位参考模型。该图示出了非病理性参考解剖区域的尺寸 (Y 轴) 与检查对象的年龄 (X 轴) 的关系。

[0044] 在图 4 中根据检查对象的年龄和归一化区域的尺寸将归一化解剖区域绘入到图中。由此得到可以位于参考模型内或外的偏差值 32。

[0045] 在图 4 的实施例中,归一化的解剖区域的偏差值位于参考区域下方,即,归一化的

解剖区域相比于参考模型 31 具有更小的尺寸。按照根据本方面的方法,现在将归一化的解剖区域的偏差值与取自强度标度 33 的强度值相关联。在此,强度的值是对于与参考模型 31 的偏差的度量。

[0046] 图 1 示出了,如何在另一步骤 S12 中将归一化的 3D 数据与参考模型相比较。此后在步骤 S13 中确定偏差值 D,其对应于归一化的解剖区域与参考模型中的所属的解剖区域的偏差。在此,整个解剖区域仅与该一个偏差值 D 相关联。

[0047] 在此实现了,将解剖区域视作整体,并且无需单独分析子区域。这具有的优点是,本领域技术人员可以以简单快速的方式获得对检查区域的病理变化的纵览。在下一步骤 S14 中确定是否仅涉及病理偏差。如果是,则方法在步骤 S15 中确定是否涉及萎缩性 CSF 结构(CSF:脑脊髓液)或者肥大性 GM/WM 结构(WM/GM:脑组织中的白质/灰质)。如果是,则将偏差值 D 设为 0。这对应于步骤 S16。如果并不涉及萎缩性 CSF 结构或者肥大性 GM/WM 结构,则偏差值 D 在步骤 S17 中保持不变。

[0048] 如果未观察到病理偏差,则偏差值 D 同样保持不变。

[0049] 在下一步骤 S18 中该方法确定解剖区域是否是检查区域的部分。如果是则进入 S20,将偏置 0 加至偏差值 D。对于解剖区域不是检查区域的部分的情况,偏差 D 保持不变。这对应于步骤 S19。

[0050] 图 5 示例性示出了并非检查区域的部分的解剖区域。在该实施例中,该解剖区域是头骨 21,归一化的解剖区域(40,41,42)位于其中。在此,归一化的解剖区域(40,41,42)是检查区域的部分,但是头骨 21 不是检查区域的部分。

[0051] 在图 1 的下一步骤 S21 中,为了图示归一化的解剖区域而将偏差值 D 与强度值 I 关联,该强度值对应于偏差的大小。

[0052] 在随后的步骤 S22 中,该方法于是将解剖区域的强度 I 和归一化的解剖区域位于其中的检查对象的强度一起图示。

[0053] 在图 5 中,图形示出检查对象 26 中的归一化的解剖区域(40,41,42),其中每个区域的所关联的强度值对应于与参考模型的偏差。在该实施例中亮的值对应于与参考模型的大偏差,暗的值对应于小偏差或无偏差。

[0054] 图 6 示出了用于技术上实现所提出的方法的装置。

[0055] 在此,计算单元 50 的任务包括实现上面的方法步骤。计算单元 50 与数据库 53 连接,该数据库包括参考模型的数据,该参考模型用于与检查对象相比较。

[0056] 此外,来自图 6 的装置包括:输入设备 52,其用作用户的输入接口;以及输出设备 51,其用于图形示出归一化的解剖区域的强度值。

[0057] 上面的方法向本领域技术人员提供了一种方法,用以以简单方式获得对总解剖区域的组织结构的萎缩性或肥大性变化的快速纵览。在此无需分别地分析区域的子区域,这示出了相对于现有方法的时间节省。

[0058] 因为该方法基于对归一化组织结构关于其尺寸进行示出,所以校正容积效果或者空间歪斜,这同样有助于方法的简化。因为该方法涉及分析解剖区域与固定的参考模型相比的定量变化,所以本领域技术人员可以简单地确定检查对象的病理结构的时间变化。

[0059] 此外,该方法基于现有的 3D 数据组,这使得数据分析的实现和运行成本低廉。

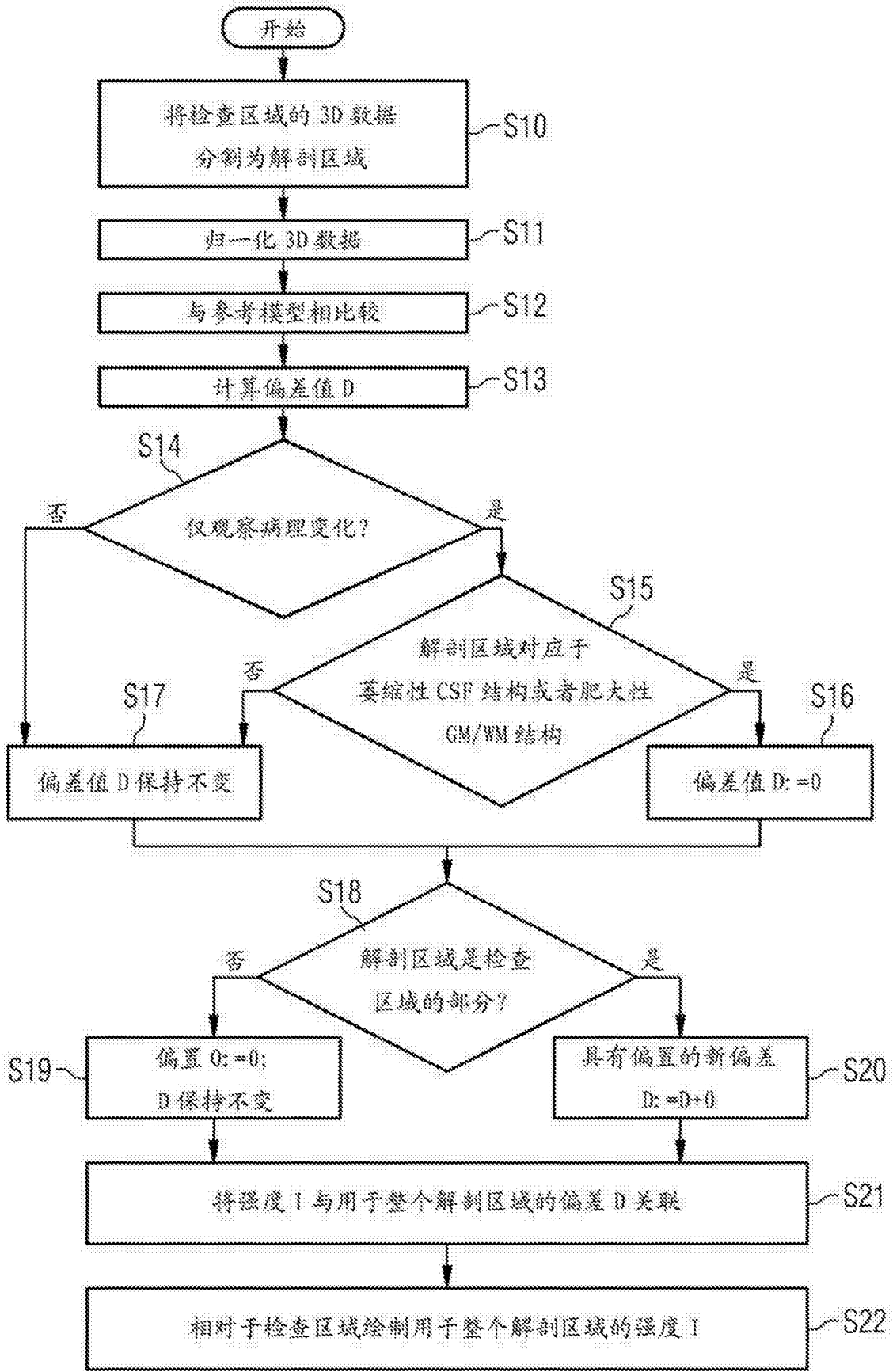


图 1



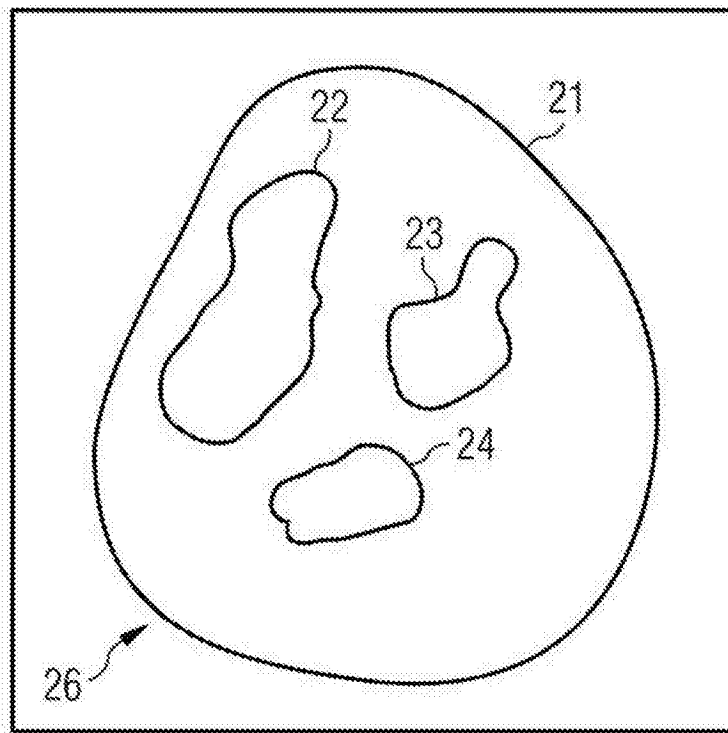


图 2

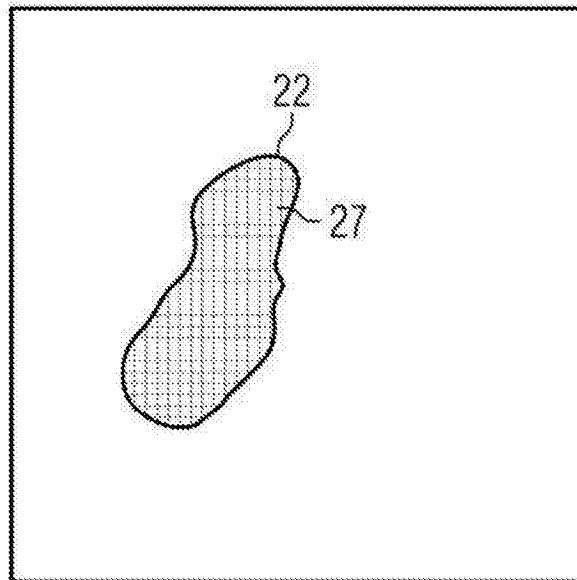


图 3

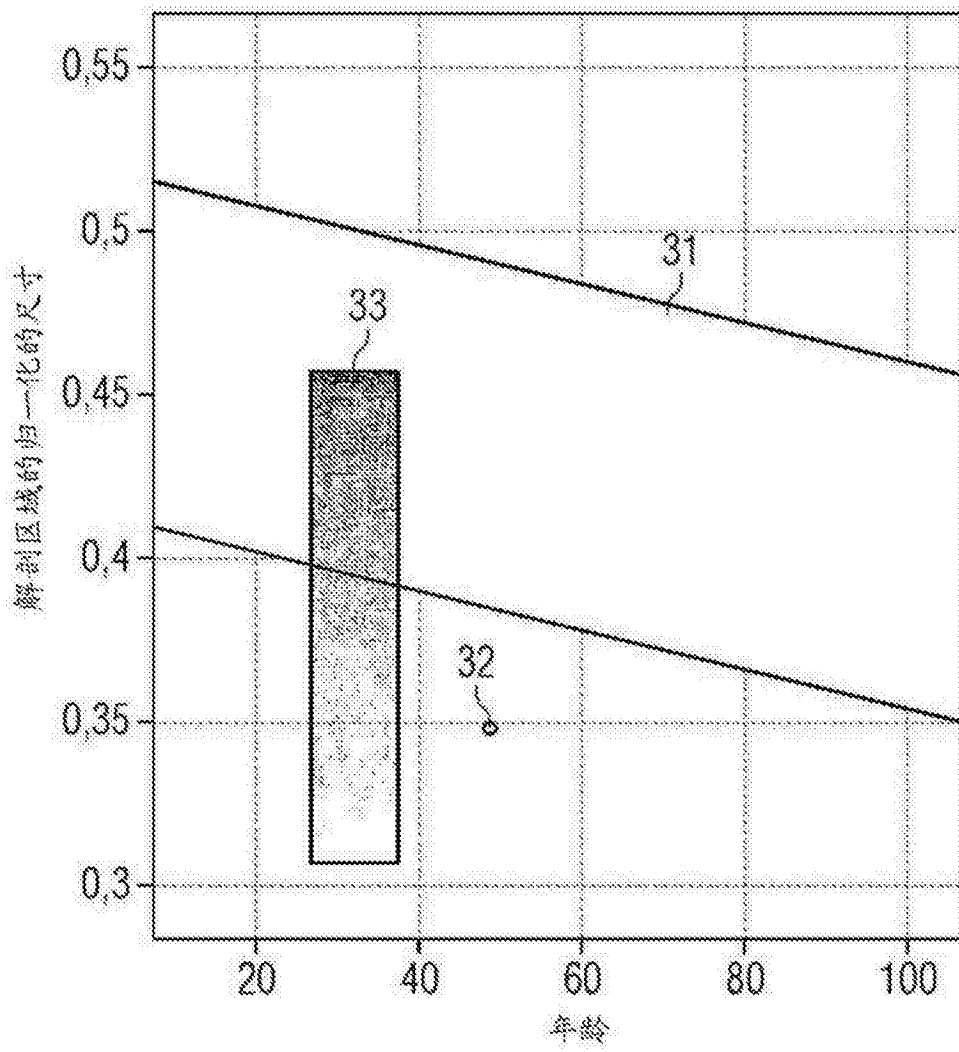


图 4

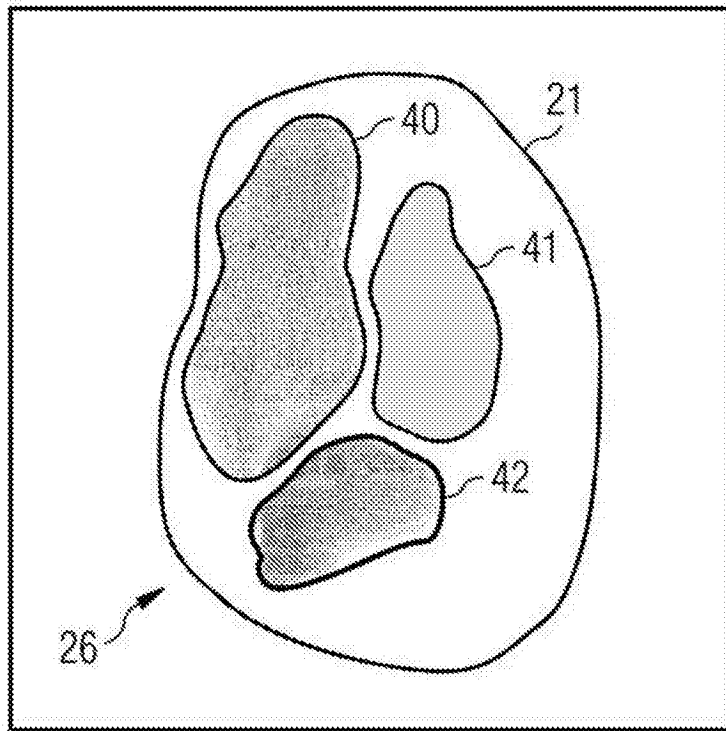


图 5

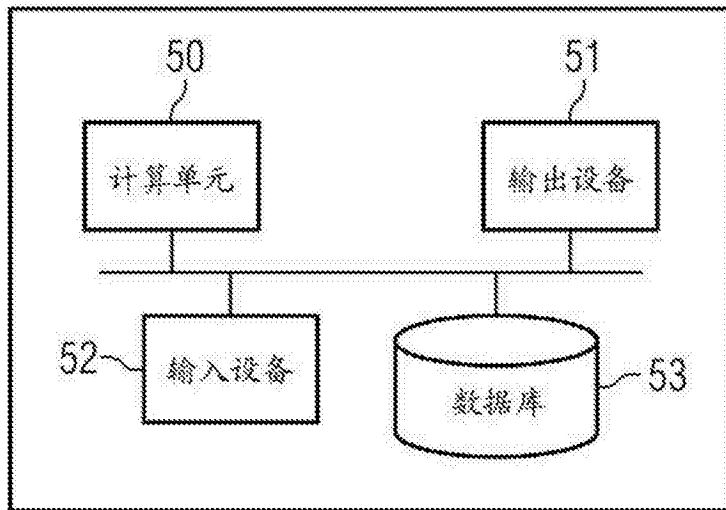


图 6