

文章编号:1009-3087(2013)05-0051-06

3 维大脑核磁共振图像隐私信息剔除方法

干 可,余艳梅*,罗代升,梁子飞,曾 鹏

(四川大学 电子信息学院 图像信息研究所,四川 成都 610065)

摘 要:在神经影像研究中,患者的面部特征有时可以通过3维表面重建技术从影像中复原,这使得患者身份隐私信息泄漏存在潜在可能。为了解决这一问题,提出一种自动化面部特征剔除算法,从海量多模态大脑核磁共振影像中自动剔除患者身份相关的面部特征信息。该方法基于一种新提出的多分辨率特征向量匹配方法来准确定位3维影像中的解剖学点标记,并通过这种匹配方法从多模态磁共振影像中确定患者面部特征相关的解剖结构的空间位置,并以此为基础估计出一个最优3维剔除平面来剔除患者面部特征信息。最后,通过实验验证了该方法的有用性和可靠性。

关键词:核磁共振;大脑;点标记;数据驱动;面部特征;3维重建

中图分类号:TP391

文献标志码:A

Facial De-identification in Three-dimensional Magnetic Resonance Images of Human Brain

GAN Ke, YU Yan-mei*, LUO Dai-shen, LIANG Zhi-fei, ZENG Peng

(Inst. of Image Info., College of Electronics and Info. Eng., Sichuan Univ., Chengdu 610065, China)

Abstract: In neuroimaging studies, subject's identity can sometimes be recovered from volumetric brain MR images via three-dimensional surface reconstruction or volume rendering techniques and directly leads to the violation of privacy protection regulations in medical applications. To address these concerns, a novel method for facial de-identification was developed to automatically remove facial feature from multi-modality brain MR images. A multi-resolution hierarchical feature vector based matching framework was proposed and applied to accurately locate several facial feature-related key points in the 3D brain MR images. An optimal 3D plane which cut through these detected key points was estimated and used to remove facial voxels from MR images. Experiments were conducted to validate the usefulness and applicability of the proposed method.

Key words: magnetic resonance imaging; brain; point landmark; data-driven; facial feature; three-dimensional reconstruction

在过去20年里,核磁共振成像(MRI)技术为神经退行性疾病的研究提供了大量相关背景知识,并极大地方便了这些疾病在临床上的早期诊断。近年来由于MRI技术的长足进步,MRI成像设备的成像分辨率也越来越高,这使得利用3维表面重建或体绘制技术从高分辨3维大脑核磁共振数据中恢复患者的面部信息成为可能。在某些情况下,这些3维重建结果将导致患者的身份隐私信息泄漏。很多大

型神经影像研究项目^[1-5]往往涉及为数众多的参试志愿者并需要在研究机构之间频繁的交换和共享所采集到的大脑影像数据,这使得患者隐私保护问题在这些项目中显得尤为重要。如何从所采集的多模态核磁共振图像中剔除患者面部身份信息是一个急需解决的问题。

当前,在大多数临床研究中,核磁共振图像中的患者身份信息通常由神经影像科医生通过手工方法剔除。然而,根据研究规模的不同,这一过程可能需要花费多位神经影像科医生数周到数月的时间才能完成。这使得很多大型神经影像研究项目和开放数据库中的患者面部信息没有及时有效的剔除。

现存的多种核磁共振大脑组织提取算法^[6-8]虽然可以间接地用来剔除患者的面部信息,但由于这

收稿日期:2013-03-22

基金项目:美国国家卫生院阿兹海默神经影像倡议(ADNI, NIH Grant U01 AG024904);国家自然科学基金资助项目(81173356)

作者简介:干 可(1981—),男,博士。研究方向:3维图像处理;核磁共振影像处理。E-mail:gankeonline@163.com。

* 通信联系人

些算法大多不针对患者隐私保护这一特定问题而提出,因而剔除效果和可靠性容易受到多种磁共振成像因素如:信号的不均匀性(RF inhomogeneity)、成像噪声、扫描层间间距或大脑组织本身因疾病而产生的形变等的影响。这些方法在实际应用中很难高质量地完成从多模态的 MRI 图像数据中自动剔除患者身份信息任务。

Bischoff^[9]提出 1 种基于概率模板的患者面部特征剔除方法。该方法首先建立 1 个非大脑组织的概率模板并通过估计 1 个最优线性变换将该模板与输入大脑图像配准到同一空间,然后通过配准的模板划分出图像中的面部像素点和非面部像素点,从而实现磁共振图像中的面部特征剔除。由于该方法所使用的大脑组织概率模板是通过 T1-w 模态核磁共振图像创建的,并且该方法本身根据图像亮度界定面部像素与非面部像素,因此该方法只能用于 T1-w 模态的磁共振图像。

Shattuck^[10]提出 1 种基于非线性变换的面部特征剔除方法。该方法也只能用于剔除 T1-w 模态大脑 MRI 图像中的患者面部特征。并且,由于使用了非线性配准过程,该方法存在改变 MRI 图像中大脑解剖结构的潜在风险。

上述 2 种现存方法所共有的问题是均有较高的计算复杂度,通常需要花费较长的时间完成单幅 3 维 MRI 图像的处理,并且在处理多模态图像时存在可拓展性方面的瓶颈。

为了解决先前方法在处理大型神经影像研究项目中海量核磁共振数据时所遇到的问题。开发 1 套可靠的多模态 MRI 影像面部特征剔除工具有重要的现实意义。该研究的主要目标是提出 1 种高效可靠的 MRI 患者面部特征剔除方法,并通过其软件实现从海量多模态 MRI 大脑影像数据中自动剔除患者身份相关的面部信息。

为了达到这一目标,首先提出 1 种基于多分辨率特征向量的点标记匹配方法来准确定位 3 维 MRI 图像中的解剖学标记点。提出的多分辨率特征向量通过挖掘点标记及附近邻域的图像信息并将这些信息编码为特征向量来达到区分 3 维图像中不同解剖结构的目的。利用这种可靠的点标记识别方法来定位 MRI 影像中和面部特征相关的解剖学特征点,并通过这些特征点的 3 维空间位置估算出 1 个最佳 3 维剔除平面来去掉 MRI 影像中的患者身份信息。

1 基于多分辨率特征向量的大脑核磁共振影像身份信息剔除方法

1.1 磁共振图像亮度和空间位置的归一化

受 MRI 成像序列、成像参数、噪声以及图像采集时患者身体位置的影响,所采集到的 MRI 图像在亮度、质量和大脑相对位置方面存在一定差别。为了去掉这些因素对后续处理的影响,首先对输入的多模态磁共振图像做图像亮度和空间位置上的归一化。

大脑磁共振图像的亮度分布通常可以用 4~6 个不同参数的高斯模型来近似表示^[11]。根据成像模态的不同,这些高斯模型的均值和方差略有不同。为了实现多模态磁共振图像亮度的自动调整,提出 1 种数据驱动的方法来完成图像亮度的归一化处理。归一化后的图像亮度值被映射的范围为 0~255。

使用 4 个不同的高斯模型来近似表示核磁共振图像的亮度分布。首先,通过非监督的 K-均值算法将核磁共振图像自动分割成 4 种不同组织类型。这 4 种组织类别大致对应于大脑脑脊液(cerebral spinal fluid, CSF)、灰质(gray matter, GM)、白质(white matter, WM)和其他非大脑脑组织(non-brain tissue, NBT),如骨骼等。然后,对分割出来的 4 类组织分别计算其平均亮度,并表示为 A_1 、 A_2 、 A_3 、 A_4 。一般情况下, T1-w 模态的核磁共振图像中 A_1 、 A_2 、 A_3 、 A_4 分别对应 CSF、GM、WM 和 NBT 部分图像的均值, T2-w 图像中这种对应关系正好相反。

得到 A_1 、 A_2 、 A_3 、 A_4 后,设核磁共振图像中 3 维空间位置 (x, y, z) 所对应的图像亮度为 f , 应用如下分段线性变换对磁共振图像的亮度进行归一化:

$$\psi = \begin{cases} \frac{a}{A_1}f, & f < A_1; \\ \frac{b-a}{A_2-A_1}(f-A_1) + a, & A_1 < f < A_2; \\ \frac{c-b}{A_3-A_2}(f-A_2) + b, & A_2 < f < A_3; \\ \frac{d-c}{d-A_3}(f-A_3) + c, & A_3 < f \end{cases} \quad (1)$$

式中,分别取 $a = 50$, $b = 100$, $c = 150$, $d = 200$, 对上述变换结果,当 $\psi < 0$ 时,取 $\psi = 0$, 当 $f > A_4$ 时取 $\psi = 255$ 。

亮度归一化前后的核磁共振图像亮度分布图如图 1 所示。

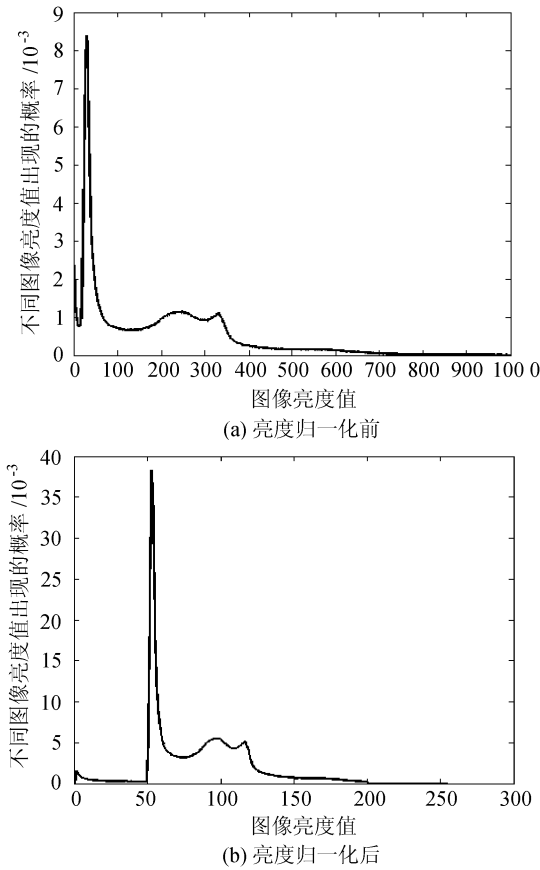


图1 T1-w 图像亮度归一化前后的亮度分布图

Fig.1 Intensity distribution of T1-w image before and after intensity normalization

为了消除 MRI 成像时患者大脑 3 维空间位置和朝向的不同对后续处理的影响,需要将输入大脑图像 I 与标准空间中大脑图像 I_s 进行空间上的对齐。该研究使用 1 幅结构清晰的大脑 MRI 图像 I_s 作为模板,并将 I_s 图像所在的空间定义为标准图像空间。

首先将输入图像做平移,使其重心位置与 I_s 图像的重心位置重叠起来。并使用文献[12]所提出的基于 3 维矩的方法来估计输入图像 I 与标准图像 I_s 间的旋转角。

假设 3 维坐标系的原点放置在大脑图像的重心位置,则图像的各阶 3 维规范矩可由式(2)得到:

$$M_{i,j,k} = \iiint_{x^2+y^2+z^2 < R} x^i y^j z^k \psi(x,y,z) dx dy dz \quad (2)$$

按式(3)计算输入图像 I 和标准图像 I_s 的 2 阶 3 维规范矩矩阵,并记为 Q_I, Q_s :

$$Q = \begin{bmatrix} M_{200} & M_{110} & M_{101} \\ M_{110} & M_{020} & M_{011} \\ M_{101} & M_{011} & M_{002} \end{bmatrix} \quad (3)$$

设 R 为对齐输入图像 I 和标准图像 I_s 的旋转矩

阵,则 Q_I 和 Q_s 之间存在以下关系:

$$Q_s = R Q_I R^T \quad (4)$$

分别对 Q_I, Q_s 做正交变换可以得到:

$$Q_I = A \wedge A^T \quad (5)$$

$$Q_s = B \wedge B^T \quad (6)$$

则有:

$$R = B^T A \quad (7)$$

为了后续讨论方便,将应用于原图像 I (图 2(a))的线性变换记为 Tr , 将空间位置上调整后的图像(图 2(b))记为 I' 。

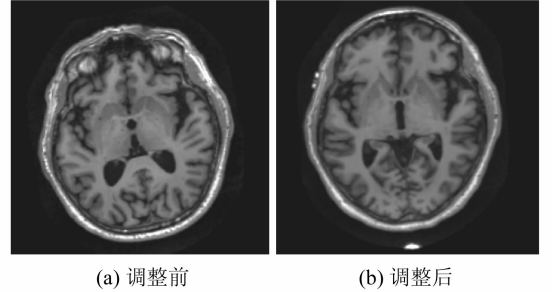


图2 方位调整前后的 T1-w 核磁共振图像

Fig.2 T1-w image before and after spatial alignment

1.2 基于多分辨率特征向量的点标记识别方法

解剖学点标记(anatomical point landmark)常用于标记医学图像中具有重要解剖意义的组织结构。大脑解剖学点标记的空间位置在大脑形态定量分析研究中有重要应用。提出 1 种基于多分辨率特征向量的方法来实现 3 维大脑核磁共振图像中解剖学点标记的自动定位。

根据尺度空间理论^[13-15],图像局部特征常存在于多个不同的分辨率层面上。因此,为了准确的定位大脑核磁共振图像中的不同解剖结构,需要充分挖掘这些解剖结构及其附近的邻域图像信息。从多个不同的分辨率层次上对点标记所对应的解剖结构的图像特征进行描述,并将所获取的信息编码为特征向量来准确区分大脑中的不同解剖结构。

在多个分辨率层面上考虑预定义解剖学点标记的局部图像亮度特征(I)和图像边缘梯度强度(E)特征,并将这些特征编码为识别其他图像中对应标记点所需的特征向量。

定义 1 3 维多分辨率特征向量包含了图像空间中某一位置的多个分辨率层面上的图像特征信息并可以按如下方式构造。对于空间位置对齐后的大脑 MRI 图像 I' 使用逐渐增大的采样间隔生成图像 I' 的多分辨率图像表示。考虑 3 个分辨率层次,采样间距依次为 $S = 1, 2, 4$ 。采样后得到图像 I' 的多分辨率表示记为 I_H', I_M', I_L' , 分别对应高分辨率、中分辨率

和低分辨率层面的图像。并用 *sober* 算子分别计算图像的边缘梯度,并计算其各自的梯度强度图并记为 E_H 、 E_M 、 E_L 。对输入图像 I' 中的 1 个解剖学点标记 L , 设其空间坐标用 p 表示, 将 L 的坐标 p 分别映射到 3 个分辨层面 H 、 M 、 L 所对应的图像空间中, 并分别表示为 p_H 、 p_M 、 p_L 。从 I_H 、 E_H 图像的 p_H 位置, I_M 、 E_M 图像的 p_M 位置以及 I_L 、 E_L 图像的 p_L 位置各截取 1 个半径为 r 的邻域并分别表示为: I_H 、 E_H 、 I_M 、 E_M 、 I_L 、 E_L 。并将其中的像素值依次读出并分别转换为 1 维向量, 并分别记为 V_{IH} 、 V_{EH} 、 V_{IM} 、 V_{EM} 、 V_{IL} 、 V_{EL} , 将这些 1 维向量连接在一起, 可以得到图像中点标记 L 的 3 维多分辨分层特征向量 F_L :

$$F_L = [V_{IH}, V_{EH}, V_{IM}, V_{EM}, V_{IL}, V_{EL}] \quad (8)$$

注意, F_L 中的所有特征分量均被归一化到 $[0, 1]$ 。

虽然其他图像特征, 如图像的高阶矩、图像高阶偏导数和小波变换系数等也可以加入上述特征向量构造框架, 并作为特征向量的一部分。但计算这些特征分量通常会产生较大的运算量并显著降低方法的计算效率。并且由于大脑结构形态的多样性, 在特征向量中增加更多分量并不一定能显著提升特征向量的匹配精度, 因此出于计算效率和定位精度方面的折中考虑, 仅使用上述 2 种计算相对高效的图像特征构造 3 维多分辨分层特征向量。

定义了解剖学点标记 L 的 3 维多分辨分层特征向量后, 为了确定其他相同模态大脑图像中的对应解剖学标记点的位置, 需要定义特征向量和其他大脑图像不同位置生成的特征向量之间的相似性测度, 通常 p 位于解剖学点标记 L 的 1 个邻域内。 F_L 和 F_p 之间的相似性测度可以通过归一化互相关 (*NCC*)^[16] 按式(9)计算。计算结果如图 3 所示。

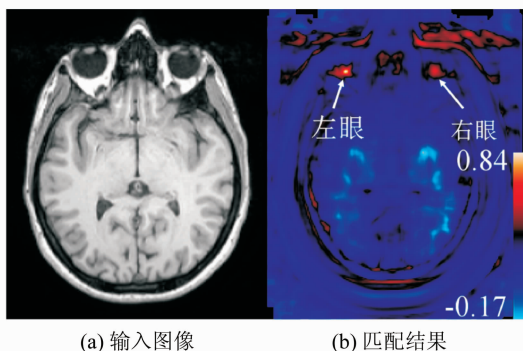


图 3 用从模板图像上提取的左眼特征向量和 1 幅输入图像不同位置生成的特征向量匹配的结果

Fig. 3 Using the feature vector generated from left eye in template image to match the feature vectors of an input image

$$S(F_L, F_p) = NCC(F_L, F_p) = \frac{F_L \cdot F_p}{\|F_L\| \|F_p\|} \quad (9)$$

在多模态大脑图像中确定点标记 L 的过程, 其实就是用从不同模态提取出的 L 对应的 3 维多分辨分层特征向量, 来匹配其它同模态图像上的 3 维多分辨分层特征向量的过程。该过程寻找 1 个 3 维坐标位置 v 使得式(9)取得最大值, 即:

$$v_m = \arg \max_v \{S(F_L, F_p)\} \quad (10)$$

1.3 大脑核磁共振图像面部特征点定位

由于人脑结构的显著个体差异, 从 1 幅模板图像上某个解剖学标记点位置生成的 3 维分层特征向量可能和其他大脑图像上对应位置生成的 3 维分层特征向量存在显著的差异。因此, 从单幅模板图像上提取的 3 维分层特征向量有时无法准确定位具有显著结构差异的大脑图像上的对应结构。这一问题可以通过融合从多幅模板图像上提取的 3 维分层特征向量的匹配结果加以解决。

以点标记 L 为例, 把从 N 幅不同模板图像的 L 点标记处抽取的 3 维分层特征向量分别记为 $F_1, F_2, \dots, F_N$ 。然后, 以所有模板图像上 L 点标记空间位置的平均值 $\bar{v}$ 为中心, 用 1.2 节所介绍的匹配框架, 在 $\bar{v}$ 的邻域内计算生成 N 幅不同的相似度分布图, 分别记为 $S_1, S_2, \dots, S_N$ 。用各幅相似度分布图相似度值的总和对各幅相似度分布图进行归一化, 将相似度分布图中的值转换为概率分布图 $P_1, P_2, \dots, P_N$ 。 P_i 表示用不同特征向量 F_i 在目标图像上不同空间位置匹配到点标记 L 的可能性大小。

由于大脑间的显著结构差异, 从各个概率分布图检测出的最大值 $P_{\max}$ 位置可能不同, 如图 4 所示,

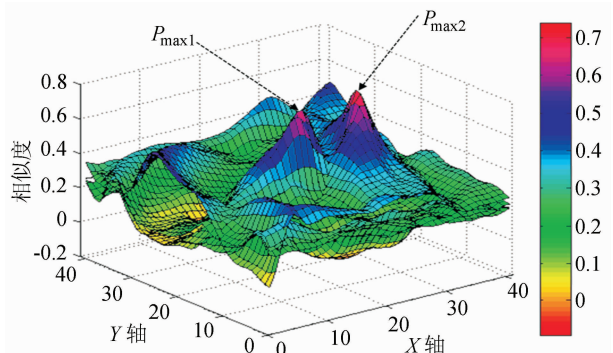


图 4 用从多个模板图像上提取的左眼分层特征向量和输入图像匹配的结果

Fig. 4 Matching results of the left eye on a subject image using feature vectors from multiple template images

$P_{\max 1}$ 和 $P_{\max 2}$ 分别对应 2 个不同特征向量在同一图像上的匹配结果,并均与目标图像中实际点标记位置 L 存在一定的偏差。

通过将不同特征向量与目标图像的特征向量匹配生成的概率分布图按式(11)进行融合,并由此找到 1 个可能性最大的匹配点,然后将这点作为点标记定位结果:

$$\bar{P} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N P_i \quad (11)$$

需要指出,通过 1.1 节介绍的预处理步骤的处理后,大脑核磁共振图像在 3 维空间中基本对齐,因而所有大脑图像上的特定点标记其实存在于 1 个相对狭小的空间范围内。点标记匹配过程其实也可以限于这个范围内进行,这样可以显著提升算法的计算效率,减少不必要的运算开销。这个范围可以根据各个不同的点标记在多幅图像中的位置差异的大小来确定。

1.4 最佳剔除平面估计和患者面部特征剔除

假设在输入的大脑核磁共振图像中检测到的面部特征相关点标记的位置的坐标 3 元组的集合为 V ,通过 V 中点的 3 维坐标确定 1 个面部特征剔除平面其实就是求解 1 个参数为 $\mathbf{x} = [a, b, c]^T$ 的 3 维平面方程,使得

$$\mathbf{x} = \operatorname{argmin}_{\mathbf{x}} \{ \|\mathbf{Ax} - \mathbf{B}\|_2 \} \quad (12)$$

其中,

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} V_x^1 & V_y^1 & 1 \\ V_x^2 & V_y^2 & 1 \\ \dots & \dots & \dots \\ V_x^K & V_y^K & 1 \end{bmatrix}, \mathbf{B} = \begin{bmatrix} V_z^1 \\ V_z^2 \\ \dots \\ V_z^K \end{bmatrix} \quad (13)$$

通过求解式(12),可以找到均方误差最小意义下的最优面部特征剔除平面。可以通过使用奇异值分解(SVD)的方法求上述最佳剔除平面。

为了确定面部特征剔除平面的法向量方向,需要选择患者的左眼、右眼和第 2 颈椎(齿突)位置的 3 个特征点作为参考点,其坐标位置分别表示为 $V_{\text{left_eye}}$ 、 $V_{\text{right_eye}}$ 、 V_{dens} 。通过这 3 个点的位置确定 2 个矢量 $\mathbf{D}_1$ 、 $\mathbf{D}_2$,其中, $\mathbf{D}_1 = V_{\text{dens}} - V_{\text{left_eye}}$, $\mathbf{D}_2 = V_{\text{dens}} - V_{\text{right_eye}}$,并定义 $\mathbf{D} = \mathbf{D}_1 \times \mathbf{D}_2$ 为人脸朝向的正前方,将 $\mathbf{D}$ 的方向与所求得的 $\mathbf{x}$ 向量的方向做比较,如果 $\mathbf{x} \cdot \mathbf{D} > 0$,则将任意满足 $\mathbf{Ax} - \mathbf{B} > 0$ 的点的像素值设定为 0,否则将所有 $\mathbf{Ax} - \mathbf{B} < 0$ 的点的像素值不做改变来完成 3 维核磁共振图像中患者脸部身份特征信息的剔除。如果需要在原图像 I 空间中剔除患者面部信息,

则只需将 1.1 节中计算得到的图像线性变换的反变换 $T\mathbf{r}^{-1}$ 应用于计算得到的剔除平面即可。

2 实验与讨论

为了验证该方法的可用性和有效性。首先通过 C++ 实现了所提出的磁共振患者脸部特征剔除方法,分别处理多种模态的正常人脑 MRI 图像、具有严重大脑萎缩的阿兹海默症患者以及具有较高成像噪声的大脑 MRI 图像,并从这些图像中剔除患者面部信息。另外还将所提出的方法与使用大脑组织提出算法^[7]获得的患者面部特征剔除效果进行了比较。在该研究的实验中,通过定位患者左眼、右眼、以及第 2 颈椎(齿突)位置附近的特征点来剔除核磁共振图像中患者的面部信息(图 5)。

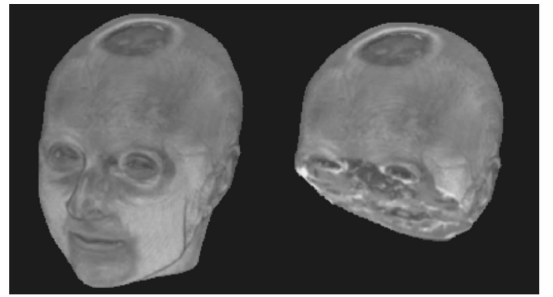


图 5 面部特征剔除前后的核磁共振 3 维重建图像

Fig. 5 Three-dimensional reconstruction of brain MR image before and after facial de-identification

实验中,分别使用 100 幅从 IXI 数据库中获得头部多模态核磁共振图像(其中, T1-w 模态图像 50 幅, T2-w 模态图像 50 幅), 8 幅从美国国家卫生院(NIH)阿兹海默症神经影像研究项目(www.adni-info.org)选出的具有最高临床痴呆评分(CDR)的老年痴呆患者头部 T1-w 磁共振图像(CDR 值在临床上通常与患者的脑部萎缩状况成正比, CDR 值越高的患者大脑萎缩越严重), 10 幅具有较高成像噪声的 T1-w 图像对所提出的大脑核磁共振面部特征剔除算法进行验证。并通过受过专业训练的技术人员对剔除结果进行评估。试验结果显示,无论在处理正常大脑 MRI 图像还是处理具有严重脑萎缩以及低成像质量的 MRI 图像时,该研究方法均可以从所处理的影像数据中剔除患者面部身份信息。

另外,同时使用大脑组织剔除算法^[7]对 15 幅 T1-w 模态和 15 幅 T2-w 模态的大脑进行处理并和本文方法进行比较,并对面部信息剔除后,大脑组织结构的完整性进行评估。评估结果见表 1。

表 1 2 种身份信息剔除方法的可靠性比较

Tab.1 Comparison of reliability between two facial de-identification methods

	基于大脑组织剔除算法 (BET)的身份剔除方法	本文方法
T1-w 图像	86%	100%
T2-w 图像	33%	100%

本文方法从全部 30 幅图像中可靠地剔除了患者面部信息并完整保留了有用的脑部组织。基于大脑组织提取算法^[7]的方法在处理 T1-w 模态 MRI 图像时获得了较为满意的剔除结果,但在处理 T2-w 模态的图像时,结果非常糟糕(33%)。相比而言,本文方法可以在处理不同模态的图像时取得一致的满意效果,这证明了该方法在处理跨模态大脑核磁共振图像方面较已知方法存在可靠性方面的明显优势。具体评估了本文方法和已有方法在计算速度上的差异(表 2)。

表 2 2 种身份信息剔除方法的计算时间统计

Tab.2 Comparision of execution time between two facial de-identification methods

	基于大脑组织剔除算法 (BET)的身份剔除方法	本文方法
T1-w 图像	49.8 s	90 s
T2-w 图像	31.8 s	90 s

由表 1 和 2 可知,本文方法在计算速度上不如已有方法(约为前者的 50%),但其运算可靠性却明显高于已有方法,特别是针对 T2-w 图像时。由于核磁共振面部特征剔除多为离线处理,因此对计算速度的硬性要求不高。保证算法的可靠性对面部特征剔除的自动化而言有非常重要的意义。

由于该方法的可靠性和准确性,使得它非常适合于自动处理大规模神经影像数据库中的海量多模态核磁共振数据,并从这些图像数据中剔除患者身份相关的面部信息。

3 结 论

提出了 1 种高效可靠的多模态大脑 MRI 影像患者面部信息剔除方法。和已有方法相比,该方法是全数据驱动的,并且不需要预先选定特定的训练样本集对算法进行训练(training-free)。该方法也不依赖于特定的先验模型或图像亮度分布假设,因而在剔除多模态 MRI 图像中的患者面部特征时,在可拓展性方面较已有方法有显著的优势。另外,基于点标记确定最优剔除平面和基于其他几何特征如直线、曲面等方法相比的明显优势主要体现在计算高

效性方面。另外,由于点标记容易确定一一对应关系,因而在准确剔除人脸面部特征方面有较为突出的表现。通过实验验证了本文方法的可用性和有效性。该方法可以应用到大型神经影像研究中,并从多种成像模态的海量核磁共振数据中自动剔除患者身份相关的面部信息,具有广泛的实际应用前景。在将来研究中,将使用更一般的参数曲面代替当前研究中所使用的剔除平面,更好地从大脑磁共振图像中剔除患者身份相关信息。

参考文献:

[1] Petersen R C, Aisen P S, Donohue M C, et al. Alzheimer's disease neuroimaging initiative (ADNI) clinical characterization[J]. Neurology, 2010, 74(3): 201 - 209.

[2] Jack C R, Bernstein M A, Fox N C. The Alzheimer's disease neuroimaging initiative (ADNI): MRI methods[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2008, 27(4): 685 - 691.

[3] Marcus D S, Wang T H, Parker J, et al. Open access series of imaging studies (OASIS): Cross-sectional MRI data in young, middle aged, nondemented, and demented older adults[J]. Journal of Cognitive Neuroscience, 2007, 19(9): 1498 - 1507.

[4] McEvoy L K, Fennema-Notestine C, Roddey J C, et al. Alzheimer disease: Quantitative structural neuroimaging for detection and prediction of clinical and structural changes in Mild Cognitive Impairment[J]. Radiology, 2009, 251(1): 195 - 205.

[5] Mueller S G, Weiner M W, Thal L J, et al. Ways toward an early diagnosis in Alzheimer's disease: The Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative (ADNI) [J]. Alzheimer's and Dementia, 2005, 1(1): 55 - 66.

[6] Péchaud M, Jenkinson M, Smith S. BET2-MRI based estimation of brain, skull and scalp surfaces[R]. FMRIB Technical Report TR06MP1, Oxford University Centre for Functional MRI of the Brain (FMRIB), 2006.

[7] Smith S M. Fast robust automated brain extraction[J]. Human Brain Mapping, 2002, 17(3): 143 - 155.

[8] Fennema-Notestine C, Ozyurt I B, Clark C P. Quantitative evaluation of automated skull-stripping methods applied to contemporary and legacy images: Effects of diagnosis, bias correction, and slice location[J]. Human Brain Mapping, 2005, 27(2): 99 - 113.

[9] Bischoff-Grethe A, Ozyurt I B, Busa E. A technique for the deidentification of structural brain MR images[J]. Human Brain Mapping, 2007, 28(9): 892 - 903.

[10] Shattuck D W, Rex D E, Darvas F, et al. JohnDoe: Anonymizing MRI data for the protection of research. subject confidentiality[C]. 9th Annual Meeting of the Organization for Human Brain Mapping, New York, 2003.

[11] Ashburner J, Friston K J. Unified segmentation[J]. Neuroimage, 2005, 26(3): 839 - 851.

[12] Lo C-H, Don H-S. 3-D moment forms: Their construction and application to object identification and positioning[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1989, 11(10): 1053 - 1064.

[13] Sporring J, Nielsen M, Florack L. Gaussian scale-space theory[M]. Norwell, MA: Kluwer Academic Publishers, 1997.

[14] Lindeberg T. Scale-space theory in computer vision[M]. Dordrecht: Springer, 1994.

[15] Lindeberg T. Scale-space theory: A basic tool for analyzing structures at different scales[J]. Journal of Applied Statistics, 1994, 21(1/2): 225 - 270.

[16] Lewis J P. Fast normalized cross-correlation[J]. Vision Interface, 1995, 10(1): 120 - 123.

(编辑 杨 蓓)