

基于一种改进的 LBP 算法和超限学习机的肝硬化识别

雷一鸣¹ 赵希梅^{1,2} 王国栋¹ 于可歆³

(青岛大学计算机科学技术学院 青岛 266071)¹

(山东省数字医学与计算机辅助手术重点实验室 青岛 266000)²

(加州大学洛杉矶分校 洛杉矶 90015)³

摘要 肝硬化的计算机辅助诊断对肝脏疾病的早期治疗和诊断具有重要意义。针对 B 超图像中肝硬化病变区域边缘模糊和回声不均匀、尺度因素影响等问题,提出了改进的 LBP 算法并提取了相应的 SLBP 特征。该特征较传统的纹理特征更准确地描述了 B 超图像中肝硬化病变的特征,结合二维 Gabor 变换,解决了上述难题。鉴于传统的机器学习方法的训练时间较长,采用基于超限学习机的训练方法,并首次将其应用于肝硬化识别。实验结果表明,所提方法对测试集的分类准确率达到 95.4%,在时间效率上较传统方法有很大提高。ROC 曲线表明,提出的分类方法在准确率和泛化能力上均优于传统方法,有助于肝硬化的临床诊断。

关键词 肝硬化,超限学习机,改进的 LBP 算法,SLBP 特征,Gabor 变换,ROC 曲线

中图分类号 TP391.41, TN911.73 **文献标识码** A **DOI** 10.11896/j.issn.1002-137X.2017.10.008

Cirrhosis Recognition Based on Improved LBP Algorithm and Extreme Learning Machine

LEI Yi-ming¹ ZHAO Xi-mei^{1,2} WANG Guo-dong¹ YU Ke-xin³

(College of Computer Science & Technology, Qingdao University, Qingdao 266071, China)¹

(Shandong Province Key Laboratory of Digital Medicine and Computer Aided Surgery, Qingdao 266000, China)²

(University of California, Los Angeles, Los Angeles 90015, USA)³

Abstract Computer aided diagnosis of cirrhosis has great meaning for the early treatment and diagnosis of liver disease. For the issues that edge blurring and nonuniform of echo in cirrhosis lesion area and influence of scale factor in B-mode ultrasound images, we proposed an improved LBP algorithm and extracted the corresponding SLBP feature which depicts the lesion area of cirrhosis more precisely than traditional texture features. Through the combination of SLBP and two-dimensional Gabor transform, we solved the difficulties above. Due to the long training time of conventional machine learning methods, we adopted extreme learning machine based method and firstly applied it in cirrhosis recognition. Experimental results show that classification accuracy on test set reaches 95.4%, and time efficiency has further improved compared with traditional method. The comparison between the proposed method and conventional methods, via ROC (Receiver Operating Characteristic) curve, demonstrates that the proposed method possesses the advantages both in accuracy and generalization performance. The proposed method will be helpful for clinical diagnosis of cirrhosis.

Keywords Cirrhosis, Extreme learning machine, Improved LBP algorithm, SLBP feature, Gabor transform, ROC curve

1 引言

肝脏疾病威胁着人类的健康,肝硬化的检测对控制各种慢性肝病的发病进程具有重要意义^[1]。肝硬化的传统诊断主要依赖临床医师的主观经验^[2]。近年来,计算机辅助诊断技术有效提高了临床诊断的客观性,减少了对临床医师主观经验的依赖,提高了诊断的准确率,但尺度、对比度等因素仍然是制约诊断准确率提升的主要障碍。Fujita 等^[3]利用 Ada-

boost 方法在超声图像中提取 Gabor 特征进行肝硬化的检测,通过交叉验证得到了 80% 的识别率。Wu 等^[4-5]利用贝叶斯分类器对正常肝、肝炎和肝硬化的识别率可达 90%。陈菲^[6]用 BP 神经网络的方法,通过基于空间灰度独立矩阵、空间频率分解和分形特征的方法对超声肝脏图像进行特征提取,对正常肝脏、肝硬化和肝癌的识别率分别达到了 93.33%, 90.00% 和 89.67%。Liu 等^[7]提出了 DFSVM (Duplicative-Feature Support Vector Machine) 方法对肝脏的 MRI 图像进

到稿日期:2016-09-07 返修日期:2016-12-02 本文受国家自然科学基金项目:计算机辅助肝纤维化无创诊断(61303079),国家自然科学基金项目:空变运动模糊图像的盲复原变分模型及其快速算法(61305045)资助。

雷一鸣(1989—),男,硕士生,主要研究方向为医学图像处理与识别、机器学习, E-mail: 18903598389@163.com; 赵希梅(1973—),女,博士,副教授,主要研究方向为医学图像处理、模式识别, E-mail: xzmzhao_qdu@163.com; 王国栋 男,博士,副教授,主要研究方向为图像处理、模式识别; 于可歆 女,主要研究方向为应用数学。

行了正常肝与肝硬化的分类,选取了基于灰度共生矩阵的熵、能量、相关性等6种特征,通过各特征单独训练,以最小错误率进行筛选的方式来选取特征子集,虽然实验结果相对于PCA和LDA等方法有显著优势,但得到的最小错误率只有9.86%,这主要是由于灰度共生矩阵的统计特征不能很好地解决肝硬化纹理的不同尺度与对比度的问题,从而影响了识别的准确率。Mala等^[8]通过概率神经网络(Probabilistic Neural Network, PNN)的方法对肝脏的CT图像提取基于小波的统计纹理特征,对脂肪肝和肝硬化的分类准确率达到95%;并通过ROC(Receiver Operating Characteristic)曲线对分类器的性能做出评价,得到了96%的敏感度(Sensitivity)和94%的特异度(Specificity)。

贝叶斯分类器是一种最基本的统计分类方法,基于贝叶斯决策理论,要求先给定样本的先验概率;基于神经网络的方法需要迭代成千上万次,时间效率较低;支持向量机是Vapnik等^[13]提出的一种基于统计学习理论^[14]的机器学习方法,较神经网络方法有更好的逼近能力和泛化能力,但在大样本的情况下其支持向量数较多,从而导致了复杂的决策函数和较低的分类效率^[21]。为了解决传统的基于梯度下降法训练前馈神经网络时速度慢的问题,黄广斌等^[9]提出了一种基于最小二乘解和Morre-Penrose广义逆的训练单隐层前馈神经网络(Single-hidden Layer Feedforward Neural Networks)的方法,称为超限学习机(Extreme Learning Machine, ELM)。该方法不仅在训练速度上较传统的机器学习方法有较大的提高,而且具有更好的泛化能力^[9]。Huang等^[10]利用ELM分类器和基于HOG(Histogram of Oriented Gradient)的特征对交通标志进行识别,实验结果表明其识别率和训练时间均优于基于SVM的方法。Xu等^[11]用ELM,ELM(with Gaussian Kernel)和ELM(with regularization factor C)对多种物体进行分类,分类的准确率均优于SVM。赵杰等^[12]在对甲状腺B超图像的分类中将ELM和k-means聚类方法相结合,识别率为93.7%。袁琦等^[13]在脑电癫痫波的自动检测与分类的研究中,用ELM算法训练前馈神经网络,在训练时间和识别精度上均优于BP(Back Propagation)神经网络方法和SVM,实验的识别率达98%以上。

ELM算法已在很多领域中得到了广泛应用,本文首次将ELM算法应用于B超图像的肝硬化识别中,结合本文提出的SLBP特征对肝硬化和正常肝脏的分类达到了较高的准确率,在时间效率上也有较大提高。

2 ELM

2.1 Basic ELM

超限学习机是为了训练单隐层前馈神经网络(Single-hidden Layer Feedforward Neural networks, SLFNs)而提出的^[11],与传统的学习算法的不同之处在于,它不仅要求达到最少的训练错误,而且要求达到最小的权泛数 $\|\omega\|$ (隐层与输出层间的权值)。ELM最重要的两点是线性系统 $A\vec{x}=\vec{y}$ 的最小二乘解以及Moore-Penrose广义逆^[11]。SLFN的结构^[15]如图1所示。

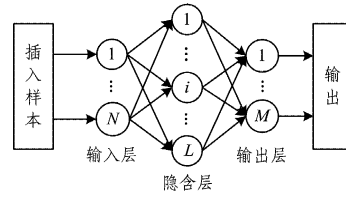


图1 SLFN的结构

假设有 N' 个不同的输入样本 (x_i, t_i) ,其中 $x_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in}]^T \in R^n$ 为样本的属性值, $t_i = [t_{i1}, t_{i2}, \dots, t_{im}]^T \in R^m$ 为样本的目标输出。若 o_j 表示分类器的实际输出,则有 L 个隐层神经元和激活函数 $g(x)$ 的SLFN逼近 N' 个样本,可表示为:

$$\sum_{j=1}^{L'} \|o_j - t_j\| = 0 \quad (1)$$

即

$$\sum_{i=1}^{L'} \beta_i g(\omega_i \cdot x_j + b_j) = t_i, j=1, \dots, N' \quad (2)$$

其中, $\omega_i = [\omega_{i1}, \omega_{i2}, \dots, \omega_{in}]^T$ 表示连接第 i 个隐层神经元和输入神经元的权向量; $\beta_i = [\beta_{i1}, \beta_{i2}, \dots, \beta_{im}]^T$ 是第 i 个隐层神经元和输出神经元连接的权向量; b_i 为第 i 个隐层神经元的阈值; $\omega_i \cdot x_j$ 表示 ω_i 与 x_j 的内积; $g(\cdot)$ 为激活函数,本文使用sigmoid函数作为激活函数。

$$g(\omega \cdot x + b) = \frac{1}{1 + \exp(s(\omega \cdot x) + b)}$$

将式(2)简化为:

$$H\beta = T \quad (3)$$

其中^[9]:

$$H = \begin{bmatrix} g(\omega_1 \cdot x_1 + b_1) & \dots & g(\omega_L \cdot x_1 + b_L) \\ \vdots & \dots & \vdots \\ g(\omega_1 \cdot x_{N'} + b_1) & \dots & g(\omega_L \cdot x_{N'} + b_L) \end{bmatrix}_{N' \times L} \quad (4)$$

$$\beta = \begin{bmatrix} \beta_1^T \\ \vdots \\ \beta_{L'}^T \end{bmatrix}_{L' \times m}, T = \begin{bmatrix} t_1^T \\ \vdots \\ t_{N'}^T \end{bmatrix}_{N' \times m} \quad (5)$$

其中, H 是神经网络的隐层输出矩阵,它的第 i 列是第 i 个隐层神经元的输出向量。此时,要对线性系统式(3)求 β (连接隐层神经元和输出神经元的权向量)的最小二乘解,得:

$$\beta = H^+ T \quad (6)$$

其中, H^+ 表示隐层输出矩阵 H 的Moore-Penrose广义逆^[11,16]。

2.2 Kernel ELM

对ELM引入规则化因子 C 是基于等式约束优化方法提出的。优化问题的描述如下:

$$\min \{L_{p_{ELM}} = \frac{1}{2} \|\beta\|^2 + C \frac{1}{2} \sum_{i=1}^{L'} \xi_i^2\} \quad (7)$$

$$\text{s. t. } h(\vec{x}_i)\beta = t_i - \xi_i, i=1, \dots, N'$$

利用拉格朗日乘子法求解如下对偶问题:

$$L_D = \frac{1}{2} \|\beta\|^2 + C \frac{1}{2} \sum_{i=1}^{N'} \xi_i^2 - \sum_{i=1}^{N'} \alpha_i (h(\vec{x}_i)\beta - t_i + \xi_i) \quad (8)$$

其中, $\alpha_i (i=1, \dots, N')$ 为拉格朗日乘子。现将式(8)分别对 β ,

ξ_i, α_i 求偏导($\frac{\partial L_D}{\partial \beta} = 0, \frac{\partial L_D}{\partial \xi_i} = 0, \frac{\partial L_D}{\partial \alpha_i} = 0$),得:

$$\beta = \alpha_i h(\vec{x}_i)^T = H^T \alpha \quad (9)$$

$$\alpha_i = C \xi_i, i=1, \dots, L \quad (10)$$

$$h(\vec{x}_i) \beta - t_i + \xi_i = 0, i=1, \dots, N' \quad (11)$$

由式(9)一式(11)得:

$$\beta = H^T \left(\frac{I}{C} + HH^T \right)^{-1} T \quad (12)$$

则 ELM 分类器的输出函数可表示为:

$$f(\vec{x}) = h(\vec{x}) \beta = h(\vec{x}) H^T \left(\frac{I}{C} + HH^T \right)^{-1} T \quad (13)$$

当 $h(x)$ 未知时,引入核函数,将 Mercer 条件应用于 ELM 得:

$$\Omega_{ELM} = HH^T \quad (14)$$

$$\Omega_{ELM_{i,j}} = h(x_i) \cdot h(x_j) = K(x_i, x_j)$$

此时,输出函数式(13)转化为:

$$f(x) = \begin{bmatrix} K(x, x_1) \\ \vdots \\ K(x, x_L) \end{bmatrix}^T \left(\frac{I}{C} + \Omega_{ELM} \right)^{-1} T \quad (15)$$

本文使用的是高斯核函数:

$$K(\vec{u}, \vec{v}) = \exp(-\gamma \|\vec{u} - \vec{v}\|^2) \quad (16)$$

3 特征选择

3.1 改进的 LBP 算法及 SLBP 特征

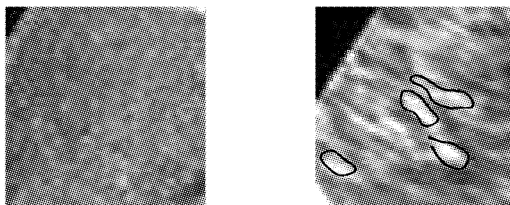
LBP(Local Binary Pattern)特征描述了图像的局部空间结构,它具有很强的分类能力、较高的计算效率、灰度不变性以及旋转不变性。LBP 算子的描述如下^[17]:

$$LBP_{P,R} = \sum_{p=0}^{P-1} s(g_p - g_c) 2^p \quad (17)$$

$$s(x) = \begin{cases} 1, & x \geq 0 \\ 0, & x < 0 \end{cases} \quad (18)$$

其中, g_c 为中心像素点的灰度值, g_p 为邻域像素点的灰度值; P 为邻域像素点的个数,控制 LBP 的采样密度; R 为半径,控制 LBP 的尺度。若 g_c 的坐标是 $(0,0)$,那么 g_p 的坐标即为 $(R \times \cos(2\pi p/P), R \times \sin(2\pi p/P))$ ^[17]。本文使用圆形邻域的 LBP 算子,不在网格中心的像素点通过双线性插值计算。

在 B 超图像中,肝硬化的形态以及回声的改变主要体现在实质回声致密、回声增强增粗、表面凹凸呈颗粒状,即 B 超图像上弥漫的回声不均匀。肝硬化与正常肝脏的区别如图 1 所示。



(a) 正常肝脏样本 (b) 肝硬化样本

图 1 正常肝脏样本与肝硬化样本

从图 1 可以清楚地看到,正常肝脏样本的表面纹理较均匀,而肝硬化样本表面粗糙,有较多连续的较大面积的强回声,这是肝硬化区别于正常肝的重要特征。这种连续的强回声区域边缘非常模糊,本文通过改变边缘像素的 LBP 码值来

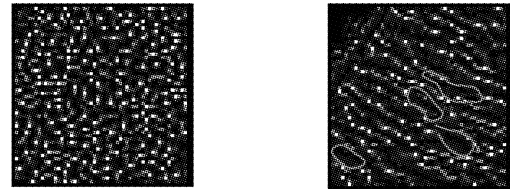
消除边缘模糊,该方法即为改进的 LBP 算法,其描述如下:

1)对于任意像素点 x ,通过式(17)和式(18)求其 LBP 模式码 $Code = s_1 s_2 s_3 s_4 s_5 s_6 s_7 s_8$ 。

2)若 $Code$ 中 1 的个数 $Num_1 \geq 4$,则将该像素点的 LBP 模式码置为全 0,即 $Code = 00000000$ 。

3)若 $Code$ 中 1 的个数 $Num_1 < 4$,则该像素点的模式码不变。

通过改进的 LBP 算法得到 LBP 图谱(Spectrum),如图 2 所示。



(a) 正常肝脏样本 (b) 肝硬化样本

图 2 肝脏样本的 LBP 图谱

如图 2(b)所示,肝硬化样本的图像中具有较多连续且面积较大的黑色区域,这些区域对应于图 1(b)中的连续强回声区。图 1(b)中的强回声区为肝硬化病变的区域,经过改进的 LBP 算法的计算,强回声区及与其邻接的模糊边缘区域的 LBP 模式码均为 00000000(本文使用的是 8 邻域、半径为 1 的圆形 LBP 算子),即对应于图 2(b)中显示的黑色。这样,病变区域边缘模糊的问题便得到有效解决,从而图 2(b)较图 1(b)能更明显地观察出肝硬化的病变区域。

使用改进的 LBP 算法后,将得到的 LBP 图谱中的纹理信息用于分类,而 u-LBP(uniform LBP)特征对肝硬化纹理具有很好的表达能力,因此再对该图谱(图 2 中的样本)求 u-LBP 特征,所得结果即为本文提出的 SLBP 特征:

$$U(LBP_{P,R}) = |s(g_{P-1} - g_c) - s(g_0 - g_c)| + \sum_{p=1}^{P-1} |s(g_p - g_c) - s(g_{p-1} - g_c)| \quad (19)$$

其中, P 为邻域的个数。

3.2 其他特征

3.2.1 Gabor 特征

Gabor 小波^[18-19]已在许多不同的应用中用于特征提取。本文利用二维 Gabor 变换在空间域所具有的方向选择特性和在频率域的频率选择特性,对所有肝脏样本都提取方向尺度信息。

3.2.2 GLCM

灰度共生矩阵(Gray Level Co-occurrence Matrix, GLCM)是由反映图像中任意两点的关系的联合概率密度组成的。本文提取所有样本在 $0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ$ 这 4 个方向的统计特征,包括对比度、熵、能量、相关性以及同质性 5 种特征。

3.2.3 HOG

Dala^[20]提出了方向梯度直方图(Histogram of Oriented Gradient),它对较小的几何形变和对比度变化具有很强的不变性。HOG 的主要思想是通过灰度的梯度和边缘方向的分布来描述局部目标的结构。本文使用的胞元(cell)大小为 10×10 ,块大小为 9。

4 实验与分析

4.1 数据获取及样本选择

本文所使用的图像数据均来自青岛大学附属医院肝胆科。在有经验的临床医师的指导下,将肝脏图像分为正常与肝硬化两类,其 ROI(Regions Of Interest)的提取结果如图 3 所示。

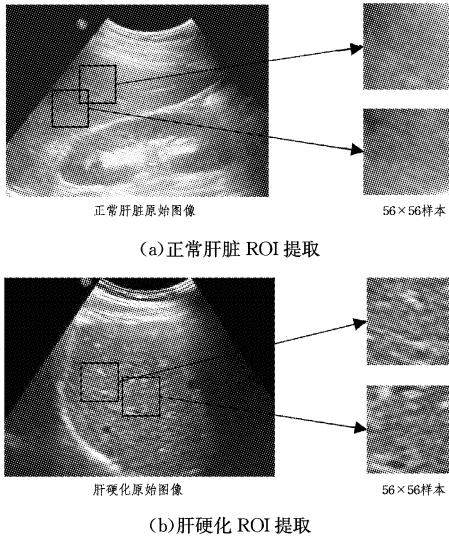


图 3 两类肝脏图像的 ROI 提取

由图 3 可知,本文提取的 ROI 的大小为 56×56,由于肝硬化的病变纹理受尺度因素影响较为明显,若使用较小尺寸的样本(如 16×16,32×32),则会损失更多的纹理信息;若使用较大尺寸的样本(如 64×64,128×128),则会导致样本中包含过多的其他腹部组织(如胆囊、脾等)的影像信息,从而影响识别的准确率,而且较大尺寸的样本会带来更大的计算开销,影像识别系统的效率。

4.2 特征融合及实验

本文实验环境为 Windows8 操作系统,2.50 GHz Intel (R) Core(TM) i5-2450M CPU,4.00GB RAM,C-SVM 使用 LibSVM3.21 版本。本文不仅对 LBP,SLBP,GLCM 的统计特征、Gabor 特征以及 HOG 特征分别进行实验,而且采用多特征融合的方法对以上特征进行了并联融合。融合算法示意图如图 4 所示。

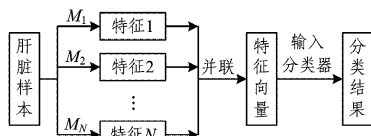


图 4 特征并联融合算法示意图

图 4 中, $M_i(i=1,2,\dots,N)$ 表示 N 种不同的特征提取算法。“并联”是指将提取出的 $n(n \in [1,N])$ 种不同的特征向量首尾相接,组成一个特征向量。本文主要用 Gabor 变换(5 尺度、8 方向的 Gabor 滤波器)得到样本的方向和尺度信息,并与其他几种特征并联结合。

为了增强样本的对比度,对所有样本进行灰度归一化处理:

$$norm(i, j) = \frac{I(i, j) - \min}{\max - \min} \tag{20}$$

其中, $I(i, j)$ 为原图像中任意一点的灰度值, \min 为原图像中灰度值的最小值, \max 为原图像中灰度值的最大值, $norm(i, j)$ 为灰度归一化后 (i, j) 点的灰度值。

本文对 120 位肝硬化患者的不同角度和尺度的肝脏 B 超图像提取了 350 个正常肝脏样本和 950 个肝硬化样本。将两种样本组合进行实验: G_1 (训练样本数:200 正常,600 肝硬化;测试样本数:150 正常,350 肝硬化), G_2 (训练样本数:175 正常,475 肝硬化;测试样本数:175 正常,475 肝硬化)。

4.2.1 不同特征间的比较

本文利用 C-SVM, ELM, Kernel-ELM 3 种分类器对 LBP, GLCM, HOG, Gabor, SLBP 以及 Gabor+LBP, Gabo+SLBP 几种特征和特征组合进行了实验,结果如表 1—表 3 所列。

表 1 C-SVM 在 G_1 和 G_2 上的分类结果

特征	G_1			G_2		
	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s
LBP	93.00	0.3438	0.1719	87.08	0.1406	0.1094
GLCM	84.80	0.0156	0.0313	75.23	0.0313	0.0313
HOG	88.40	27.1813	0.4707	73.85	15.2665	0.4727
Gabor	91.60	11.3750	6.6406	85.54	7.0469	6.6094
Gabor+LBP	93.60	0.3125	0.1406	86.46	0.0781	0.0469
SLBP	94.00	0.1875	0.0938	88.00	0.0313	0.0156
Gabor+SLBP	94.40	9.5313	3.3906	88.92	10.1250	6.2500

表 2 Basic ELM 在 G_1 和 G_2 上的分类结果

特征	G_1			G_2		
	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s
LBP	93.28	28.9694	1.3104	87.28	22.4797	1.5444
GLCM	85.56	17.2813	0.6406	64.07	1.5756	0.1872
HOG	86.00	184.406	49.468	78.46	206.359	143.40
Gabor	91.88	29.2814	6.5988	85.46	23.0101	8.6269
Gabor+LBP	92.60	185.078	83.203	87.38	163.312	81.718
SLBP	94.40	28.2500	3.2656	87.46	66.50	3.7969
Gabor+SLBP	95.00	192.00	71.547	88.15	159.55	68.562

表 3 Kernel-ELM 在 G_1 和 G_2 上的分类结果

特征	G_1			G_2		
	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s	准确率 /%	训练时间 /s	测试时间 /s
LBP	93.20	0.0856	0.0290	87.85	0.0385	0.0247
GLCM	86.00	0.0543	0.0255	75.38	0.0957	0.0623
HOG	85.80	3.1478	1.9481	77.69	2.7383	3.3641
Gabor	91.80	0.2589	0.2808	85.69	0.1975	0.2773
Gabor+LBP	92.60	0.2580	0.2954	88.15	0.4957	0.5967
SLBP	93.60	0.2653	0.2983	88.62	0.3277	0.7067
Gabor+SLBP	95.40	0.3300	0.8795	89.69	0.3300	0.8795

由表 1—表 3 可知,在准确率方面本文提出的 SLBP 特征在 C-SVM, ELM, Kernel-ELM 3 种分类器上均得到了优于其他传统特征的结果,说明 SLBP 特征对肝硬化特征的描述较其他特征更为准确;虽然肝硬化病变的特征具有较强的方向特性,但由于尺度因素的影响,在较小尺度的图像中,肝硬化病变的纹理特征很容易被误认为是正常纹理,经 Gabor 变换后,在较大尺度上肝硬化组织仍保持明显的纹理信息,但正常

肝脏组织的纹理则相对比较模糊,因此对于 C-SVM, Basic ELM 和 Kernel-ELM 3 种分类器, Gabor+SLBP 的分类准确率均高于 Gabor+LBP 的分类准确率。

在训练与测试时间方面:

1) 从不同特征的角度来说,对于同一个分类器,特征维数是影响训练与测试时间的关键。消耗时间最少的是 GLCM 特征,本文提取了基于 GLCM 的对比度、熵、能量、相关性以及同质性的 5 个方向的特征组成了一个 20 维的特征向量;而消耗时间最长的是 HOG 特征,其特征维数为 20737 维;本文提出的 SLBP 特征与 LBP 特征的维数相同,均为 59 维,消耗的时间较少。

2) 除了特征维数的影响,对于同一个分类器,不同的训练参数也会影响训练时间和测试时间。对于 C-SVM,核函数中的系数即式(4)中的 γ 越小,支持向量数就越少,所消耗的时间也越少。由表 1 中 LBP 与 SLBP 的训练时间可以看出,二者的特征维数相同,但 SLBP 比 LBP 消耗的时间短, $\gamma_{LBP} = 0.5, \gamma_{SLBP} = 0.05$ 。对于 Basic ELM,同一特征隐层神经元的个数是影响训练与测试时间的主要因素, Basic ELM 的训练只需给定训练样本、激活函数和隐层神经元的个数^[9]。本文利用 Basic ELM 的实验均使用了 5×10^4 个隐层神经元,且鉴于 Basic ELM 的分类能力不稳定,表 2 中的准确率、训练时间、测试时间均取 50 次实验所得的平均值。由表 2 可知,其时间代价均大于使用同一特征时 SVM 的时间代价;对于 Kernel-ELM,其核函数中的宽度参数 γ 越大,则消耗时间越少。由表 3 可知,本文提出的 SLBP 特征和 Gabor+SLBP 特征在分类时的时间消耗均较少。

4.2.2 不同分类器的比较

本文对 SVM, Basic ELM 和 Kernel-ELM 在 Gabor+SLBP 上的实验进行了比较,用 ROC (Receiver Operating Characteristic) 曲线及 AUC (Area Under Curve) 来评价 3 种分类器的性能,结果如图 5、图 6 和表 4 所示。

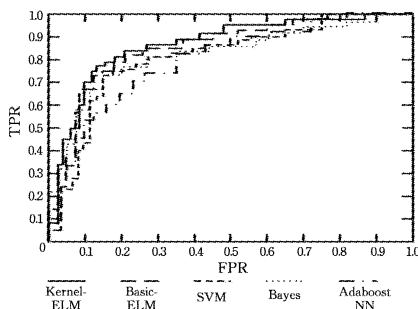


图 5 各分类器在 G₁ 上的 ROC 曲线

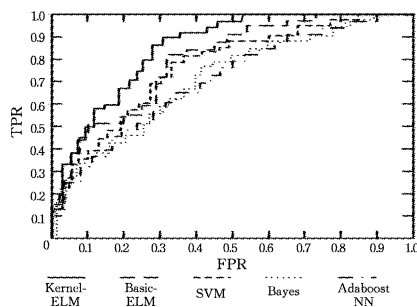


图 6 各分类器在 G₂ 上的 ROC 曲线

表 4 各分类器在 G₁ 和 G₂ 上的 AUC 值

分类器	AUC(G ₁)	AUC(G ₂)
Kernel-ELM	0.9615	0.9224
Basic-ELM	0.9535	0.9186
C-SVM	0.9508	0.9055
Bayes ^[4]	0.9465	0.8995
AdaboostNN ^[3]	0.9395	0.8959

图 5、图 6 中的 TPR (True Positive Rate) 为真正类率,即正类样本被正确地分类为正类的概率;FPR (False Positive Rate) 为假正类率,即负类样本被错误地分类为正类的概率。

由表 4 可以看出,在 G₁ 和 G₂ 上 Kernel-ELM 的 AUC 值均高于其他分类器,因此在本文的 B 超图像的肝硬化分类问题中, Kernel-ELM 表现出了更好的泛化能力。 Basic ELM 较 C-SVM, Bayes 以及 AdaboostNN 在分类效果上也有明显的优势。

Basic ELM 需要调节的参数只有隐层神经元的个数。隐层神经元个数越多,ELM 的泛化能力就越强^[11];但随着隐层神经元数的增加,训练时间增长。如表 2 所列,为得到较高的准确率,将 Basic ELM 的隐层神经元数设为 5×10^4 ,但这会导致其训练时间长于 C-SVM 的训练时间;而 Kernel-ELM 与 C-SVM 相同,都需要调节参数 (C, γ),但其训练时间不受隐层神经元数的影响,因为对于隐层输出式(8), Basic ELM 通过求解 Moore-Penrose 广义逆得到隐层输出权向量 $\beta = H^+ T$,而 Kernel-ELM 则通过核函数式(20)得到隐层输出式(8),从而得到分类器的输出式(19)。

综上,在训练时间上, Kernel-ELM 较 C-SVM 等其他分类方法有很大程度的改善,同时也得到了最高的准确率和较强的泛化能力;虽然 Basic ELM 也有较好的实验效果,但由于本文中使用了大量的隐层神经元,致使其时间效率较低。

结束语 本文提出了改进的 LBP 算法及其相应的 SLBP 特征,对超声图像中肝硬化病变的特征进行了更准确的描述,并且首次将基于 ELM 的算法应用于 B 超图像的肝硬化识别问题中。利用 Kernel-ELM,将二维 Gabor 小波与所提出的 SLBP 特征相结合,得到了 95.4% 的客观识别率,而且训练速度较传统的识别方法有很大提高,可以满足实时性的要求,对肝硬化的临床诊断有一定的应用价值。相比于传统的基于梯度下降法的 SLFNs 的学习算法,基于 ELM 学习到的分类器具有更好的泛化能力。

致谢 感谢青岛大学附属医院肝胆科主任郭卫东教授为本文的研究提供了大量的实验数据和与肝硬化识别有关的医学知识,同时对实验过程和文章的撰写提出了宝贵的意见。

参 考 文 献

[1] ZHOU G H, WANG Y Y, et al. A system for hepatocirrhosis analysis based on features extracted from ultrasonic images of livers[J]. Technical Acoustics, 2003, 22(4): 288-291. (in Chinese)
周国辉,汪源源,等. 基于超声图像特征的肝硬化分析系统[J]. 声学技术, 2003, 22(4): 288-291.

[2] MITREA D, LUPSOR M P, NEDEVSCHI S, et al. Discovering

- the cirrhosis grades from ultrasound images by using textural features and clustering methods[C]// International Conference on Telecommunications & Signal Processing. 2008;633-637.
- [3] FUJITA Y, HAMAMOTO Y, SEGAWA M, et al. An improved method for cirrhosis detection using liver's ultrasound images [C]// International Conference on Pattern Recognition. 2010; 2294-2297.
- [4] WU C M, CHANG C U. Text Features for Classification of Ultrasonic Liver Images [J]. IEEE Transactions on medical imaging, 1992, 11(2): 145-146.
- [5] SILVIA S, CASTAÑO G, BURGUEÑO A L. A diagnostic model to differentiate simple steatosis from nonalcoholic steatohepatitis based on the likelihood ratio form of Bayes theorem[J]. Clinical Biochemistry, 2009, 42; 624-629.
- [6] CHEN F. Identifying Ultrasonic Liver Image Based on BP Neural Network[J]. Network and Information Technology, 2007, 26(8): 43-44. (in Chinese)
陈菲. 基于 BP 神经网络的超声肝图像识别[J]. 网络与信息技术, 2007, 26(8): 43-44.
- [7] LIU H, GUO D M, LIU X C. Cirrhosis classification based on MRI with duplicative-feature support vector machine (DFSVM) [J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2013, 8(4): 346-353.
- [8] MALAA K, SADASIVAMB V, ALAGAPPAN S. Neural network based texture analysis of CT images for fatty and cirrhosis liver classification[J]. Applied Soft Computing, 2015, 32(c): 80-86.
- [9] HUANG G B, ZHU Q Y, SIEW C K. Extreme Learning Machine: A New Learning Scheme of Feedforward Neural Networks[J]. Neurocomputing, 2006, 70: 489-501.
- [10] HUANG Z Y, YU Y L, GU J, et al. An Efficient Method for Traffic Sign Recognition Based on Extreme Learning Machine [J]. IEEE Transactions on Cybernetics, 2017, 47(4): 920.
- [11] XU J T, ZHOU H M, HUANG G B. Extreme Learning Machine Based Fast Object Recognition[C]// 15th International Conference on Information Fusion(FUSION). 2012;1490-1496.
- [12] ZHAO J, ZHANG Z Y, MEN G Z. Thyroid Disease Classification Method Based on Integration Improved ELM[J]. Computer Simulation, 2014, 31(3): 392-396. (in Chinese)
赵杰, 张振宇, 门国尊. 基于集成改进 ELM 的甲状腺疾病分类方法[J]. 计算机仿真, 2014, 31(3): 392-396.
- [13] VAPNIK V N. Statistical Learning Theory[M]. New York: John Wiley & Sons, 1998.
- [14] GAO C, WANG K F, YU Z D. License Plate Recognition Using MSER and HOG Based on ELM[C]// IEEE. 2014; 217-221.
- [15] RAO C R, MTRA S K. Generalized Inverse of Matrices and Its Applications[M]. New York: John Wiley & Sons, 1971.
- [16] ZHAO Z G, WU X, HONG D F, et al. Palmprint Recognition Method Based on Energy Spectrum of GLBP [J]. Computer Science, 2014, 41(8): 293-296. (in Chinese)
赵志刚, 吴鑫, 洪丹枫, 等. 基于信息熵的 GLBP 掌纹识别算法 [J]. 计算机科学, 2014, 41(8): 293-296.
- [17] LEE T S. Image representation using 2D Gabor wavelets [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis Machine Intelligence, 1996, 18(10): 959-971.
- [18] KAMARAINEN J K, KYRKI V, KALVIAINEN H. Invariance properties of Gabor filter based features-overview and applications[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2006, 15(5): 1088-1099.
- [29] NAVNEET D, BILL T. Histograms of oriented gradients for human detection [C]// IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. San Diego, CA, USA, 2005; 886-893.
- [20] ZENG Z Q. Research on training and simplification algorithms of support vector machine[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2007. (in Chinese)
曾志强. 支持向量机的训练与简化算法研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2007.

(上接第 37 页)

- [6] PEREZLLAMAS C, LOPEZBIGAS N. Gitoools: Analysis and Visualisation of Genomic Data Using Interactive Heat-Maps[J]. Plos One, 2011, 6(6): e19541.
- [7] SEVERIN J, LIZIO M, HARSHBARGER J, et al. Interactive visualization and analysis of large-scale sequencing datasets using ZENBU[J]. Nature Biotechnology, 2014, 32(3): 217-219.
- [8] MEDINA I, SALAVERT F, SANCHEZ R, et al. Genome Maps, a new generation genome browser[J]. Nucleic Acids Research, 2013, 41(Web Server issue): 41-46.
- [9] SHANNON P, MARKIEL A, OZIER O, et al. Cytoscape: A software environment for integrated models of biomolecular interaction networks[J]. Genome Res, 2003, 13: 2498-2504.
- [10] KRZYWINSKI M, SCHEIN J, BIROL I, et al. Circos: An information aesthetic for comparative genomics [J]. Genome Res, 2009, 19: 1639-1645.
- [11] WHEELER D L, CHURCH D M, FEDERHEN S, et al. Database resources of the national center for biotechnology [J]. Nucleic Acids Research, 2003, 31(1): 28-33.
- [12] WESTESSON O, SKINNER M, HOLMES I. Visualizing next-generation sequencing data with JBrowse[J]. Briefings in Bioinformatics, 2013, 14(2): 172-177.
- [13] MUKHYALA K, MASSELOT A. Visualization of protein sequence features using JavaScript and SVG with pViz.js [J]. Bioinformatics, 2014, 30(23): 3408-3409.
- [14] PAVLOPOULOS G A, MALLIARAKIS D, PAPANIKOLAOU N, et al. Visualizing genome and systems biology: technologies, tools, implementation techniques and trends, past, present and future[J]. GigaScience, 2015, 4(1): 38.