

基于 softmax 回归与图割法的脑肿瘤分割算法

葛 婷^{1,2}, 牟 宁¹, 李 黎¹

(1. 南京理工大学电子工程与光电技术学院, 江苏南京 210094; 2. 金陵科技学院公共基础课部, 江苏南京 211169)

摘 要: 从医学图像中分割脑肿瘤区域可以为脑肿瘤的诊断以及放射治疗提供帮助. 但肿瘤区域的变化异常且边界非常模糊, 因此自动或半自动地分割脑肿瘤非常困难. 针对这一问题, 本文结合 softmax 回归和图割法提出一种脑肿瘤分割算法. 首先融合多序列核磁共振图像(MRI)并标记训练样本, 再用 softmax 回归训练模型参数并计算每个点属于各个类别的概率, 最后将概率融入到图割法中, 用最小切/最大流方法得到最终分割结果. 实验表明提出的方法可以更好地得到脑肿瘤边界, 并能较准确地分割出脑肿瘤区域.

关键词: 医学图像; 脑肿瘤; 核磁共振图像; 图像分割; softmax 回归; 图割法; 最小切/最大流

中图分类号: TP391.41 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2017)03-0644-06

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn>

DOI: 10.3969/j.issn.0372-2112.2017.03.021

A Brain Tumor Segmentation Method Based on Softmax Regression and Graph Cut

GE Ting^{1,2}, MU Ning¹, LI Li¹

(1. School of Electronic and Optical Engineering, Nanjing University of Science & Technology, Nanjing, Jiangsu 210094, China;

2. Department of Mathematical, Jinling Institute of Technology, Nanjing, Jiangsu 211169, China)

Abstract: Brain tumor segmentation from medical images is a clinical requirement for brain tumor diagnosis and radiotherapy planning. However, automatic or semi-automatic segmentation of the brain tumor is still a challenging task due to the high diversities and the ambiguous boundaries in the appearance of tumor tissue. To solve this problem, we propose a brain tumor segmentation method based on softmax regression and graph model. Firstly, the training samples are labeled from the multi-modality magnetic resonance images(MRI). Then, the softmax regression method is used to train the samples to obtain the parameters of this regression model and calculate the probabilities of each pixel belonging to different labels. At last, the probabilities calculated in the previous step are introduced to a graph-cut based model. This model is minimized with a min-cut/max-flow method to obtain the final tumor segmentation results. The experiment results demonstrate superior performance in brain tumor segmentation.

Key words: medical image; brain tumor; magnetic resonance image; image segmentation; softmax regression; graph-cut; min-cut/max-flow

1 引言

为了帮助临床研究, 从脑肿瘤病人的脑图像中分割出脑肿瘤并对该区域进行定量的测量以及3维可视化受到了越来越多的重视^[1]. 核磁共振成像技术因对人体没有损伤、对软组织有非常高的分辨率以及参数易调节等特点已被广泛应用于脑疾病的临床治疗中. 由于脑肿瘤区域的灰度变化异常且边界模糊, 单一序列MRI无法提供足够的信息. 因此多序列MRI融合的

方法是目前定位、监测、预测脑肿瘤的常用方法.

在得到多序列MRI后, 需对这些图像进行分析并分割出脑肿瘤区域来检测形状、测量体积以及做好手术计划. 考虑到医生手动分割多个3维图像非常耗时, 且分割结果不具有可重复性^[2], 自动或半自动的脑肿瘤分割方法就显得尤为重要了. 目前, 脑肿瘤的分割方法主要有基于地图集的方法^[3,4]、曲线/曲面演化方法^[5,6], 基于学习的方法^[7-10]. 基于地图集的方法其结果非常依赖于配准算法, 目前尚未有通用的配准算法

可以很好的将目标图像与标准图像准确配准,因此该类方法一般只被用来为后续研究提供几何先验. 基于曲线/曲面演化的方法在应用于三维图像分割时速度较慢,且其中存在较多的参数,对于不同的目标图像如何平衡这些参数尚未有较好的方法^[9]. 基于学习的方法主要通过对样本的学习找到最优分类器进而对像素点进行分类. 这类方法中的参数都是通过最优化方法计算得到无需手动设置,并且该类方法大都是使用多维的特征来寻找最优分类器,因此非常适合多序列 MRI 分割. 但该类方法只对图像中的单个像素点进行分割,缺少空间相关性.

针对脑肿瘤分割的问题,本文将 softmax 回归学习方法与图割法相结合提出一种基于多序列脑图像的脑肿瘤分割算法. 该方法首先将多序列 MRI 进行融合以对各个像素点建立高维的特征,并标记出训练样本;再利用 softmax 回归对这些训练样本进行训练求得模型中的参数并计算每个点属于各类别的概率;最后将上一步得到的概率构造图模型的区域项能量,结合邻域能量并利用最小切/最大流方法对总能量函数进行优化得到最终的脑肿瘤分割结果. 本文方法在分割脑肿瘤时既可以考虑各个像素点本身的特点也充分考虑了该像素点在邻域中的空间约束,从而可以克服噪声以及灰度偏差的影响. 在 MICCAI BraTS 2012 数据集上进行测试,测试结果表明本文方法可以更好地提取脑肿瘤边界,得到了较好的分割精度.

2 本文方法

2.1 多序列图像的融合

目前,为了检测脑肿瘤,临床上常用四种 MRI 序列包括 T1 序列、T1-C 序列、T2 序列以及 FLAIR 序列,如图 1.

一般而言,肿瘤区域可分为坏死区和活动区,非肿瘤区域则包括水肿、脑组织以及图像的背景. 从图 1 中可以看出不同的序列可以突出显示肿瘤区域的部分子区域,因此为了准确地分割整个肿瘤区域,需要对这四个序列的脑图像进行融合. 为此,首先结合这四种序列,构造高维特征. 对于每个像素点 i 的特征向量可表示为:

$$\mathbf{x}^i = [I_{T_1}(i), I_{T_{1c}}(i), I_{T_2}(i), I_F(i)] \quad (1)$$

其中, \mathbf{x} 表示特征向量, I 是多序列融合的图像, $I_{T_1}, I_{T_{1c}}, I_{T_2}, I_F$ 分别表示 T1、T1-C、T2 以及 FLAIR 序列.

根据每个序列的特点,选取属于不同区域的像素点构造整个训练集:

$$T = \{(\mathbf{x}^1, y^1), \dots, (\mathbf{x}^j, y^j), \dots, (\mathbf{x}^m, y^m)\} \quad (2)$$

其中, (\mathbf{x}^j, y^j) 表示是第 j 个训练样本, y^j 是第 j 个样本的特征,具体形式由式(1)给出, $y^j \in \{1, \dots, K\}$ 表示第 j 个样本所属的类别, K 是整个图像的类别总数.

2.2 Softmax 回归方法

Softmax 回归模型^[11]是 logistic 回归模型在多分类问题上的推广,该模型可以将多维数据分为多个类别而不仅仅是两个类别,因此非常适合多序列图像的脑肿瘤分割问题. 在 softmax 模型中,给定第 i 个训练样本的特征,其属于第 k 个类别的条件概率为:

$$p(y^i = k | \mathbf{x}^i; \boldsymbol{\omega}) = \frac{\exp((\boldsymbol{\omega}_k)^T \mathbf{x}^i)}{\sum_{j=1}^K \exp((\boldsymbol{\omega}_j)^T \mathbf{x}^i)} \quad (3)$$

其中, $\boldsymbol{\omega} \in R^n$ 是属于第 k 个类别的权重参数, n 是每个样本的向量长度. Softmax 模型通过训练样本对参数 $\boldsymbol{\omega} = [\boldsymbol{\omega}_1, \boldsymbol{\omega}_2, \dots, \boldsymbol{\omega}_K]$ 进行估计. 设 m 个训练样本是相互独立的,则参数 $\boldsymbol{\omega}$ 的似然函数为:

$$L(\boldsymbol{\omega}) = \prod_{i=1}^m p(y^i | \mathbf{x}^i; \boldsymbol{\omega}) \quad (4)$$

通过最大化如下的对数似然函数,可求得参数 $\boldsymbol{\omega}$:

$$\begin{aligned} l(\boldsymbol{\omega}) &= \sum_{i=1}^m \log p(y^i | \mathbf{x}^i, \boldsymbol{\omega}) \\ &= \sum_{i=1}^m \sum_{k=1}^K 1(y^i = k) \log \left(\frac{\exp((\boldsymbol{\omega}_k)^T \mathbf{x}^i)}{\sum_{j=1}^K \exp((\boldsymbol{\omega}_j)^T \mathbf{x}^i)} \right) \end{aligned} \quad (5)$$

其中, $1(\cdot)$ 为示性函数,当括号内为真时其值为 1, 否则为 0. 由梯度下降法,迭代求解最优参数 $\boldsymbol{\omega}$:

$$\boldsymbol{\omega}_j := \boldsymbol{\omega}_j + \alpha \nabla_{\boldsymbol{\omega}_j} l(\boldsymbol{\omega}), \quad \forall j = 1, 2, \dots, K \quad (6)$$

其中, α 是梯度下降法求解的步长. 梯度的解析表达为:

$$\begin{aligned} \nabla_{\boldsymbol{\omega}_j} l(\boldsymbol{\omega}) &= -\frac{1}{m} \sum_{i=1}^m [x^i (1\{y^i = j\} - p(y^i = j | \mathbf{x}^i; \boldsymbol{\omega}))] \\ &\quad + \lambda \boldsymbol{\omega}_j \end{aligned} \quad (7)$$

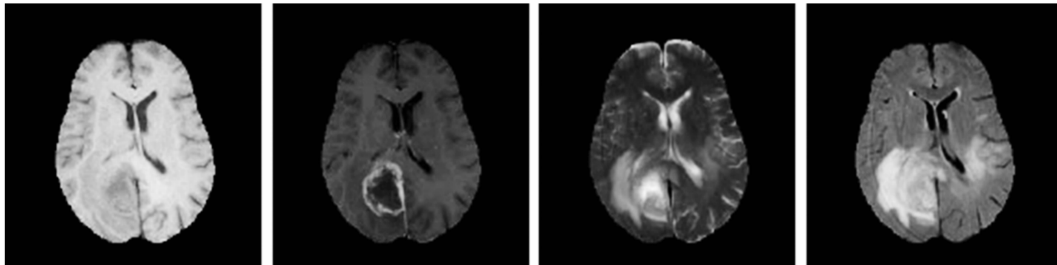


图1 多序列MRI, 从左到右: T1序列、T1-C序列、T2序列、FLAIR序列

在本文实验中 α 取 0.001, ω_j 中每个元素的初始值为 -1 到 1 的随机值, 最大迭代次数为 100. 求解得到最优化参数 ω 后, 对于测试样本, 只需输入其特征, 即可由式(3)求得该点属于各个类别的概率值. 基于 softmax 回归分类的方法通过计算每个点属于各个类别最大的概率值判断该点所属的类别. 但这种分类方法并未考虑空间约束, 分类结果受噪声以及灰度偏差的影响大. 为此, 本文将 softmax 回归得到的概率融入图割方法中作为区域能量, 并加入空间约束, 通过最大流/最小切方法求得最终分类结果. 这样使得分类过程兼顾了各个像素点本身的特点和该像素点在邻域中的空间约束.

2.3 基于图割方法的分割方法

图割方法^[12,13]是一种能量最优化算法, 在图像分割领域中, 该方法把分割问题与图的最小割问题相关联, 首先用一个图表示要分割的图像, 并由图中的顶点和边构造如下能量方程:

$$E(y) = \beta \sum_{i \in M} D_i(y^i) + \sum_{i,j \in N} V_{i,j}(y^i, y^j) \quad (8)$$

其中, i 是像素点, M 是所有像素点的集合, $y = \{y^i | y^i \in K\}$ 是图像每个点的类别, K 是图像所有类别的集合, N 是邻域. 第一项是区域项, 表示像素点 i 分到类别 y^i 的惩罚, 而第二项是空间约束项, 是对邻域内像素点所属不同类别的惩罚. β 是调节这两项的常数因子. 该能量模型可通过最大流/最小切算法快速求解. 由于有空间约束项的惩罚, 该方法可以很好的克服噪声以及灰度偏差的影响. 但该方法在构造区域能量项时一般是通过手动选择各个类别的种子点, 根据所选的种子点特征与待分割像素的特征相似性构造区域能量项, 该分割结果对人工标记点的特征依赖非常大. 本文方法中用上一节 softmax 回归方法得到的每个点所属类别的概率构造该区域能量项. 第 t 个像素点属于第 k 个类的区域惩罚可表示为:

$$D_i(l_i = k) = -\ln p(y^i = k | x^i; \omega^*) \quad (9)$$

其中, ω^* 是由 softmax 回归训练得到的最优参数.

式(8)中的空间约束项则利用文献[12]中的边界惩罚项, 其具体形式为:

$$V_{r,s} = \begin{cases} \exp\left(-\frac{G(I_r, I_s)}{2\sigma^2}\right) \cdot \frac{1}{\text{dist}(r,s)}, & I_r \neq I_s \\ 0, & I_r = I_s \end{cases} \quad (10)$$

其中, $G(I_r, I_s)$ 是像素点 r 和 s 的灰度差, 对于多序列图像而言, 本文取 $G(I_r, I_s)$ 为两个向量的 1 范数 $\|I_r - I_s\|_1$. $\text{dist}(r,s)$ 是两个像素点的欧式距离, σ 是平滑参数, 本文实验中取 10. 上述能量方程可通过最大流/最小切算法^[13]求得能量的最小值, 从而得到最终的

分类结果. 最大流/最小切算法思想是将图像看作一个离散图, 将图像的分割过程转化为图的切割过程. 图像中每个像素对应一个顶点, 图中定义两个特殊顶点, 源点和汇点. 图中构造两种类型的边, 一种是相邻两个像素点的边, 一种是连接每个像素点和源点或者汇点的边. 通过求解使图的代价最小的切割达到图像的分割目的.

综上, 给出本文的总算法, 如算法 1.

算法 1 肿瘤分割总算法流程

输入: 多序列 MRI 图像

输出: 肿瘤区域标记

Step1: 多序列图像融合, 建立每个像素点的特征向量 x

Step2: 选取训练样本, 构造训练集 T

Step3: 利用 softmax 回归算法估计最优参数 ω^*

Step4: 由最优参数求得每个点属于各个类别的概率

Step5: 用上一步求得的概率以及邻域项构造图, 并用最小切算法求得最优分类

Step6: 提取出属于肿瘤类别的区域

3 实验结果与分析

本文用 MICCAI BRATS 2012 (<http://www2.imm.dtu.dk/projects/BRATS2012/data.html>) 提供的 5 组临床数据 (3 组含有低级别胶质瘤, 2 组含有高级别胶质瘤, 病人年龄未知, 磁场强度为 3T) 以及 5 组仿真数据 (采集于 BrainWeb) 定量的分析和比较本文方法的肿瘤分割结果. 每组数据都包含 T1、T1-C、T2 以及 FLAIR 四个序列, 且都有位置不同、大小不一、形态各异的肿瘤区域. 所有数据都经去壳以及配准等预处理, 同一对象的所有序列图像的位置以及大小一致. 其中仿真数据每个序列图像的大小为 $256 \times 256 \times 181$, 临床数据每个序列图像的大小为 $160 \times 216 \times 176$. MICCAI BRATS 2012 的数据库中数据只有脑肿瘤和水肿的标准结果, 而仿真数据则包含脑肿瘤, 水肿和脑组织的标准结果. 因此对不同数据我们采用如下两个方法为 softmax 回归方法提供训练样本: (1) 对于临床数据, 临床专家在每个数据的某一帧图像中参考肿瘤和水肿的标准结果手动标记出不同类别的训练样本; (2) 对于仿真数据, 其训练样本是临床专家参考数据库所给的标准结果进行标记.

本文方法式(6)中的迭代步长 α 取经验值 0.001, 式(8)中的数据项权重 β 是根据不同值所对应的分割准确性求得. 准确性由每个参数所得分割结果与标准结果的 Jaccard 指标给定. Jaccard 指标的计算方式见式(11), 其中, S 是本文方法得到的分割结果, G 是标准分割结果. 在本文实验中, β 值分别取 0, 0.4, 0.8, 1, 1.2,

1.5 和 2. 从图 2 中的 Jaccard 指标可以看出,在 β 取值 1 时,所对应的分割结果最好.

$$JS(S, G) = \frac{|S \cap G|}{|S \cup G|} \quad (11)$$

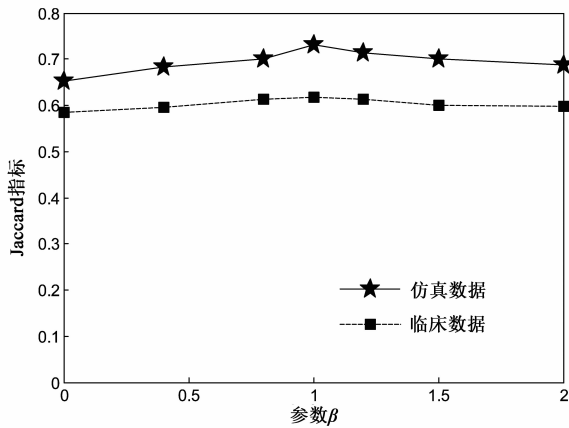


图2 β 不同取值下的Jaccard指标

图 3 和图 4 显示了本文方法对仿真数据以及临床数据的整个分割过程以及最终分割结果. 其中第一行是四个不同的脑图像序列. 每个序列中的彩色标记区域是手动标记的训练集,其中红色标记的是肿瘤区域,包含活动区域以及坏死区域. 蓝色标记的是水肿区域,绿色标记则是脑组织以及背景区域. 第二行显示的是 softmax 回归方法得到的分类结果,可以看出,softmax 回归方法基于训练集得到的分类结果可以得到脑肿瘤的部分区域,但由于噪声以及灰度偏差的影响,所得肿瘤区域并不完整. 第三行是由 softmax 回归的结果融入到图割方法由最大流/最小切算法得到的最终分割结果. 第四行分别显示 softmax 回归分类结果、本文分割结果以及标准分割结果的二值图像. 由于使用了第二步

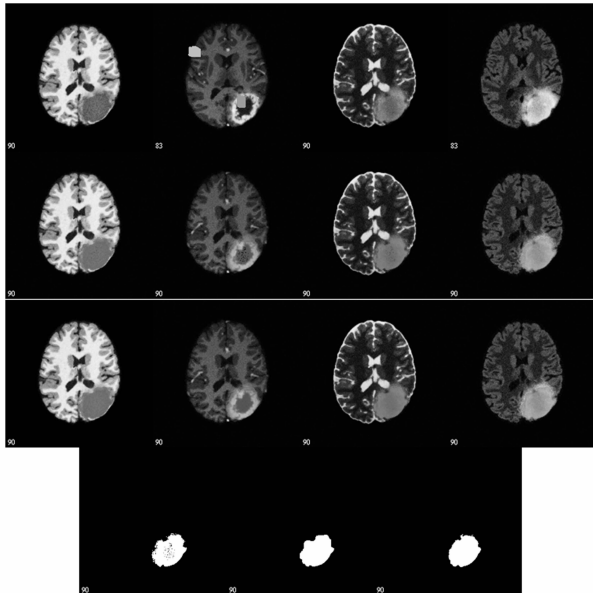


图3 仿真数据的肿瘤分割结果

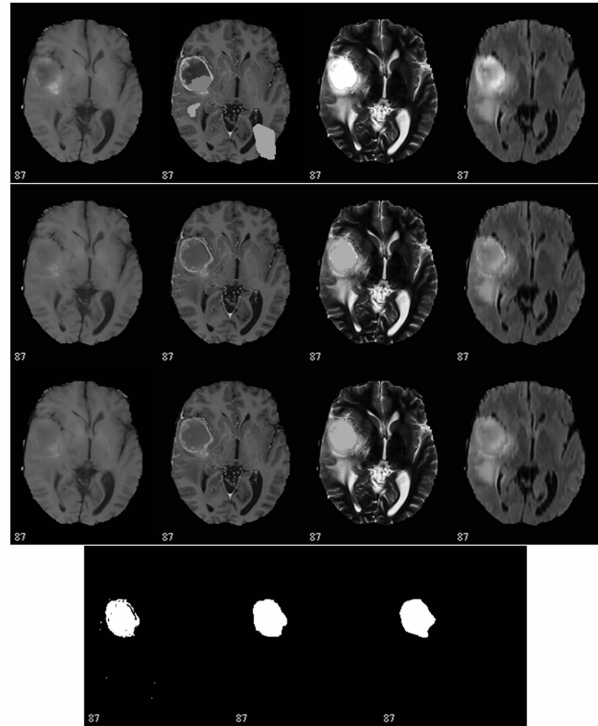


图4 临床数据的肿瘤分割结果

softmax 回归得到的概率值设计图模型中的区域能量项,并结合邻域约束项,分类结果既考虑到数据本身的特点还考虑了周边邻域像素点的影响. 因此最终分类结果可以很好地克服噪声以及灰度偏差的影响,保证整个分割结果的完整性.

图 5 显示了其中一组数据的多帧的肿瘤分类结果,以及 MICCAI BRATS 2012 给出的标准分割结果. 其中第一行显示的是其中四帧的 T2 序列图像,第二行是本文方法所得肿瘤分割结果,第三行则是 MICCAI BRATS 2012 给出的标准分类结果. 从图中可以看出,本

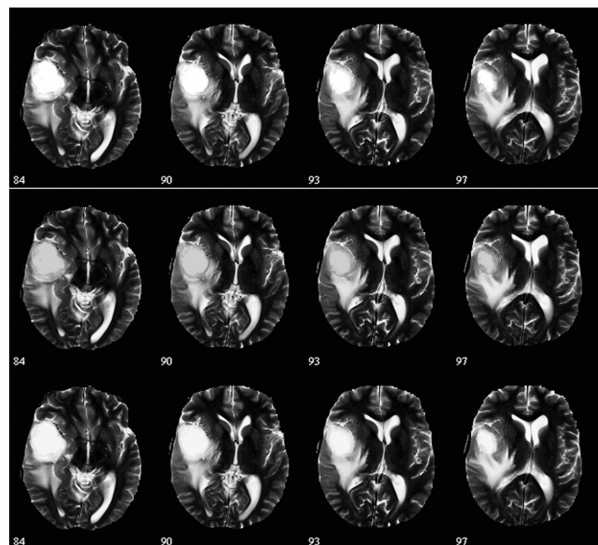


图5 与MICCAI BRATS 2012给出的标准分类结果比较

文方法所得肿瘤分割结果与标准分割结果非常接近,这说明本文提出的方法可以很好地从多序列图像中分割脑肿瘤。

为了进一步定量的比较和分析本文方法,使用式(11)的 Jaccard 指标计算本文方法对 10 组数据的分割结果的准确性.表 1 显示了 softmax 回归方法、graph cut 方法以及本文方法对在 5 组临床数据以及 5 组仿真数据上的 Jaccard 指标.从表中数据可知,本文方法较 softmax 回归方法以及 graph cut 方法的 Jaccard 指标高,且变化幅度较小,这说明本文方法得到脑肿瘤分割结果更好而且分割结果非常稳定.

表 1 三种不同方法在仿真数据和临床数据上的 Jaccard 指标

		softmax 回归方法	graph cut 方法	本文方法
仿真数据	数据 1	70.2%	67.1%	76.8%
	数据 2	67.5%	54.8%	74.9%
	数据 3	62.5%	65.6%	70.4%
	数据 4	68.2%	58.6%	74.4%
	数据 5	58.3%	64.8%	67.8%
	平均值	65.3%	62.2%	72.9%
临床数据	数据 1	65.1%	61.1%	65.2%
	数据 2	50.8%	57.2%	60.0%
	数据 3	61.8%	47.6%	62.4%
	数据 4	52.9%	50%	60.1%
	数据 5	52.2%	53.1%	64.2%
	平均值	56.5%	53.7%	62.3%

MICCAI BRATS 2012 网站给出了参与该挑战的队伍在该数据库中所获得的脑肿瘤分类精度.这些方法中部分使用 Jaccard 指标部分使用 Dice 指标衡量其分割的准确程度.且不同方法的训练样本的选择方法不一,测试数据的个数也不同.选择性能较优的四种不同分类方法与本文方法所得结果的平均值进行对比,结果如表 2 所示(方法后的括号内的数值表明该方法的测试样本个数).从表中可以看出,本文方法在仿真数据和临床数据中的脑肿瘤分割结果较前三种方法所得结果要好.在临床数据上的 Dice 系数略低于半自动图割方法.

表 3 显示了临床数据、仿真数据以及所有数据的脑肿瘤分割精度的最大/小值、均值以及标准差.从表中可以看出临床数据较仿真数据的分割精度以及标准差都有一定的差距.这主要是由于临床数据的灰度分布不如仿真数据中的灰度分布均匀,在图中存在未去除的部分脑壳和血管这些假阳性区域.此外两组数据的训练样本采集方式和数量也有存在差异,为节约临

床专家时间,对每个数据只在其中一帧上采集训练样本,当其他图像所在帧离该帧较远时,数据存在一些差异,这些差异也是导致分割精度较仿真数据的分割精度低的重要原因.

表 2 与参加 MICCAI BRATS 2012 挑战的四种不同方法比较

指标	数据	分层聚类 与正则化 方法 (未知)	全局局部 耦合贝叶 斯模型 (12)	高斯混合 模型与活 动轮廓方 法(7)	半自动 图割法 (50)	本文 方法 (10)
Jaccard	仿真	0.56	~	~	0.68	0.73
	临床	0.45	0.55	~	0.56	0.62
Dice	仿真	0.68	~	~	0.72	0.78
	临床	0.61	0.43	0.34	0.68	0.67

表 3 临床数据、仿真数据和所有数据的 Jaccard 指标最大/小值、均值和方差

		临床数据	仿真数据	所有数据
Jaccard 指标	最大值	0.642	0.768	0.768
	最小值	0.60	0.678	0.60
	均值	0.623	0.729	0.676
	标准差	0.0366	0.0238	0.0625

4 结论

本文结合 softmax 回归以及图割法,首先将多序列核磁共振图像进行融合,并标记出训练样本构造训练集,然后利用 softmax 回归对这些训练样本进行训练求得最优参数 ω^* ,并计算每个点属于各个类别的概率,最后将该概率构造区域能量项并结合邻域信息构造待分割图,最后利用最小切/最大流方法得到最终的脑肿瘤分割结果.这样的分割结果既可以考虑各个像素点本身的特点也充分考虑了该像素点在邻域中的空间约束,从而可以克服噪声以及灰度偏差对脑肿瘤分割结果的影响.

参考文献

- [1] Jose A, Ravi S, Sambath M. Brain tumor segmentation using K -means clustering and fuzzy C -means algorithms and its area calculation[J]. Brain, 2014, 2(3): 3496 - 3501.
- [2] Dou W, Ruan S, Chen Y, et al. A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images[J]. Image and Vision Computing, 2007, 25(2): 164 - 171.
- [3] Gooya A, Biros G, Davatzikos C. Deformable registration of glioma images using EM algorithm and diffusion reaction modeling [J]. Medical Imaging, IEEE Transactions on, 2011, 30(2): 375 - 390.

- [4] Conson M, Cella L, Pacelli R, et al. Automated delineation of brain structures in patients undergoing radiotherapy for primary brain tumors: From atlas to dose-volume histograms[J]. *Radiotherapy and Oncology*, 2014, 112(3):326-331.
- [5] Thapaliya K, Pyun J Y, Park C S, et al. Level set method with automatic selective local statistics for brain tumor segmentation in MR images[J]. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2013, 37(7):522-537.
- [6] Rajendran A, Dhanasekaran R. Brain tumor segmentation on MRI brain images with fuzzy clustering and GVF snake model[J]. *International Journal of Computers Communications & Control*, 2014, 7(3):530-539.
- [7] Kanas V G, Zacharaki E I, Davatzikos C, et al. A low cost approach for brain tumor segmentation based on intensity modeling and 3D random walker[J]. *Biomedical Signal Processing and Control*, 2015, 22:19-30.
- [8] Boughattas N, Berar M, Hamrouni K, et al. Brain tumor segmentation from multiple MRI sequences using multiple kernel learning [A]. *Proceedings of IEEE International Conference on Image Processing 2014*[C]. Paris, France: IEEE, 2014. 1887-1891.
- [9] Zhang N, Ruan S, Lebonvallet S, et al. Kernel feature selection to fuse multi-spectral MRI images for brain tumor segmentation[J]. *Computer Vision and Image Understanding*, 2011, 115(2):256-269.
- [10] Jiang J, Wu Y, Huang M, et al. 3D brain tumor segmentation in multimodal MR images based on learning population-and patient-specific feature sets [J]. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2013, 37(7):512-521.
- [11] Bishop C M, Nasrabadi N M. *Pattern Recognition and Machine Learning*[M]. New York: Springer, 2006.
- [12] Boykov Y, Veksler O, Zabih R. Fast approximate energy minimization via graph cuts[J]. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 2001, 23(11):1222-1239.
- [13] Boykov Y, Kolmogorov V. An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision[J]. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 2004, 26(9):1124-1137.
- [14] Brindle K. New approaches for imaging tumour responses to treatment[J]. *Nature Reviews Cancer*, 2008, 8(2):94-107.

作者简介



葛 婷 女, 1981 年生于江苏南京. 现为南京理工大学电子工程与光电技术学院博士研究生, 金陵科技学院讲师. 主要研究方向为医学图像处理与分析.

E-mail: geting@jit.edu.cn



牟 宁 女, 1981 年生于江苏南京. 现为南京理工大学电子工程与光电技术学院博士研究生. 主要研究方向为生物医学成像.

E-mail: ning.mu@gmail.com



李 黎 女, 1981 年生于安徽蚌埠, 现为南京理工大学电子工程与光电技术学院博士研究生. 河海大学讲师. 主要研究方向为毫米波天线系统.

E-mail: lili@hhu.edu.cn