**摘要**

随着人们的生活水平逐步上升，健康问题越来越受到人们的重视。在科学高度发展的今天，防癌治癌成为人们关注的热点话题。目前，结直肠癌的发病率及死亡率有明显的升高趋势，防治结直肠癌成为当代人们关切的问题。本文在基于人体生理学的背景角度出发，使用数学思想及计算方法，借助可实现数据挖掘软件及模型，构建能够在一定程度判断直肠癌、预测病人生存时长的数学模型。对此，我们展开了以下工作：

首先，对于直肠癌影像诊断过程，我们将本题拆解成三步：读取数据并筛选、分割图像；建立模型预测病人的生存时长；对分割结果进行检验。

针对问题一，我们依据题目提供文献，综合赛制期间收集的文献及材料发现，卷积神经网络（CNN）可在读取数据的基础上同时实现图像特征的筛选和图像的分割。而除卷积神经网络外，还可实现该目标功效的有随机森林（Random Forest）。我们考虑到现有的软件及知识储备情况，选择采用matlab软件及其神经网络工具箱实现随机森林模型（Random Forest）的构建，实现病人CT影像中的直肠癌筛选与图像分割。

针对问题二，我们依据题目提供文献了解到对于病人的生存时长可通过logistic 回归、支持向量机（SVM）、生存预测函数（Cox）对病人的生存时长进行测算。

针对问题三，我们借助DICE系数对于我们预测的CT图像上的直肠癌状况与已知的掩盖图像进行比对，借助Python实现预测结果与实际情况的比对，验证该模型对于临床的价值。

最后，我们回顾上述过程，分析模型构建过程中的优缺点，对模型中可能出现的误差进行了原因分析于阐释，反思模型创造的社会意义。此外，我们对于模型提出研究建议与设计改进建议，为发现更好的模型优化方案贡献绵薄之力。

**关键词：**直肠癌；CT影响识别；随机森林模型（Random Forest）；DICOM处理；DICE系数

目录

[一、问题重述 3](#_Toc7178938)

[1.1背景 3](#_Toc7178939)

[1.2问题 3](#_Toc7178940)

[二、问题分析 4](#_Toc7178941)

[2.1 问题一：读取数据并筛选、分割图像，进行特征提取 4](#_Toc7178942)

[2.2问题二：建立模型预测病人的生存时长 4](#_Toc7178943)

[2.3 问题三：对分割结果进行检验 4](#_Toc7178944)

[三、基本假设与符号说明 4](#_Toc7178945)

[3.1基本假设 5](#_Toc7178946)

[3.2符号说明 5](#_Toc7178947)

[四、模型的建立与求解 5](#_Toc7178948)

[4.1模型准备 5](#_Toc7178949)

[4.1.1关于DICOM格式的图像： 5](#_Toc7178950)

[4.1.2关于图像的分割 6](#_Toc7178951)

[4.2求解 7](#_Toc7178952)

[4.2.1 问题一的求解 7](#_Toc7178953)

[4.2.2 问题二的求解 10](#_Toc7178954)

[4.2.3 问题三的求解 13](#_Toc7178955)

[五、模型评价与改进 15](#_Toc7178956)

[5.1 误差分析 15](#_Toc7178957)

[5.2 模型评价 16](#_Toc7178958)

[5.3 模型改进 17](#_Toc7178959)

[六、参考文献 17](#_Toc7178960)

# 一、问题重述

## 1.1背景

人体常见的恶性肿瘤有很多，在消化道的直肠癌便是其中一个，是从齿状线到直肠乙状结的恶性肿瘤。世界上直肠癌的发病率每年都在上升。在中国，特别是在一些发达地区，恶性肿瘤发病率前三位，就有直肠癌的身影。

直肠癌很容易渗入肠道，并转移到癌细胞。转移方向集中在淋巴结和远处细胞。辅助放疗和化疗经常被用于手术前。

直肠癌患者淋巴结转移的存在与否对治疗计划和患者预后设计有重要影响。 因此，直肠癌治疗的重要步骤之一便是准确确定淋巴结转移。 然而， 直肠癌的特征与外周淋巴结转移有永久的相关性。 因此，该问题需要设计一种有效的算法来评估直肠癌的CT成像特征，评估淋巴结转移，并提高淋巴结转移中影像学表现的准确性。

## 1.2问题

我们根据题中所附文献内容的提醒，我们将整个问题的解决拆成六个步骤：

1. 直肠癌有什么特征？
2. 划分直肠癌特征的标准是什么？
3. 如何使用程序对直肠癌特征进行提取？
4. 如何使用程序对直肠癌癌组织特征变化进行预测？能否预测患者的生存时长？
5. 检验直肠癌判断及预测结果。
6. 模型的误差分析与改进。

我们根据文献所示医学影像诊断流程，将上述6个问题归纳成下列3个问题，得出本次建模主要着手解决问题。

1. 读取CT影像数据，确定直肠癌的影像特征和筛选标准，尝试筛选、分割图像，进行直肠癌特征提取；
2. 建立模型预测直肠癌携带者的生存时长；
3. 对上述过程得到的分割结果进行检验。

# 二、问题分析

## 2.1 问题一：读取数据并筛选、分割图像，进行特征提取

我们发现ct动脉和门静脉造影图像中肿瘤区域与周围组织存在差异。 使用已知的ct图像和直肠肿瘤掩模分割直肠癌区域并设计图像分割算法。 由于CT图像是连续扫描，因此需要为每个图像提供肿瘤区域的掩模图像。 在从直肠癌图像特征中提取ct图像时，我们计划研究的直肠癌的特征，其具有平面二维特征，如面积，形状，纹理，强度，小波系数。

## 2.2问题二：建立模型预测病人的生存时长

观察数据中包括的两类病例，分析淋巴结的程度，淋巴结转移，当前直肠肿瘤图像特征的淋巴结转移，建立基于ct图像数据的分类模型，尝试在测量过程中引入患者的临床数据。

## 2.3 问题三：对分割结果进行检验

我们试图在内部验证模型，验证是图像组学的完整分析的重要部分。 如果条件允许，我们也会尝试进行多中心确认。 如果预测模型缺乏标准化的绩效评估，则很难用于临床决策。 除了验证模型的质量评估模型之外，我们还需要确保我们可以重现研究，并且模型校准线应该由Hosmer lemeshow测试并且应该运行良好（P> 0.05）。

# 三、基本假设与符号说明

## 3.1基本假设

1. 病人的直肠癌细胞扩散至淋巴细胞的速度恒定，时间相近，扩散体积相似；
2. 病人为直肠癌癌细胞携带者，尚未确诊为直肠癌患者；
3. 病人为尚未进行直肠癌的诊断与治疗，即为初次患病。

## 3.2符号说明

由于本次的数学模型以程序及代码为主，其建模说明已在建模程序中包含。本次建模过程中使用数据多为量纲数据，即无单位数据，在此不再进行重复的模型符号说明。

# 四、模型的建立与求解

## 4.1模型准备

### **4.1.1关于DICOM格式的图像**：

因为不同物质吸收X射线能力不同，所以便有了CT图像，它根据X光射线来吸收剖面的重构图像，X射线可用于诊断。CT图像被用来做大量的医学影像分析，可供医生窥视到人体内的结构，判断是否出现症状，便于早期诊断筛查。CT图像特异性及敏感性相较于MR图像，要差得多。

CT成像中的伪影包括：部分容积效应、条形伪影、运动伪影、束硬化伪影、环状伪影、金属伪影等。由于这些伪影的存在给CT图像分割带来了一定的难度，不同组织部位分割精度也不一样。

为了研究CT图像中的伪影及还原患者相关数据，便出现了DICOM通讯协议。

CT扫描会测量放射性密度，存在名叫“胡斯菲尔德单元”（HU）的测量的单元。以下是关于CT扫描测量的详细内容：

在voxel内通过计算所有衰减值可以得到平均值，该CT图像中每个像素点都会被分配到这个平均值。而“胡斯菲尔德单元”（HU）是以任意单元的规模显示的，也就是这个与水的衰减值相比较得出的平均值。

胡斯菲尔德单元说明如下图【2】：

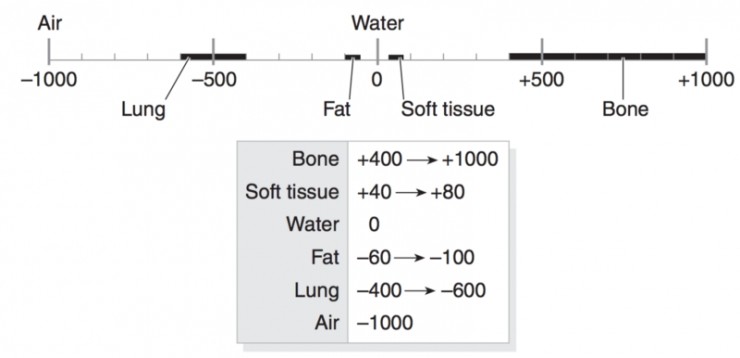


图1. 胡斯菲尔德单元说明

医用图像因为缺乏非常复杂单纯的线性特征，医用图像的自动分隔是很困难的工作，并且，受到音量效果，灰度的不均匀性，艺术幻影，软组织间的灰度及近邻因素等的影响。

通常，图像中单个组织的渐变逐渐变化，并且其概率密度受特定分布函数的影响。 组织的相应图像区域包含有限数量的像素并且满足部分体积平均值。

然而，区域内的单一像素的灰度等级，与哪个类别的灰度等级不同，通常被认为是混在一起的组织类。

当前，一般用于CT和MR图像的分段方法包括基于阈值的分段、基于区域的分段、基于变形模型的分段、模糊分段和基于神经网络的分割[3]。

### **4.1.2关于图像的分割**

卷积神经网络（CNN）是由深度学习和图像处理技术相结合创建的经典模型。 实现该模型的网络的示例在处理某些图像问题方面是有效的[4]。

分析医学CT图像时，首先我们要确定直肠癌的特征，确定特征划分标准及提取特征算法；随后，我们对于特征变化进行预测，并检验特征变化预测值；最后我们对于模型弊端进行改良。

在开始预测直肠癌的特征变化时，我们首先将CT图像数据导入matlab中，准备图像成像和分割及特征提取。基于图像数据导入matlab后，我们借助matlab对图像进行了成像与分割。在进行图像成像时，我们先对图像进行灰度归一化处理以加快神经网络的收敛性和求解问题的速度，即使像素的灰度值分布在0到255之间，图像对比度也不够（图像像素亮度分布不平衡），这可能会影响后续处理[5][6]。

我们基于图像灰度线性归一化对图像实现归一化：

我们借助matlab，直接调用matlab函数实现图像灰度归一化。

img3 = mat2gray(oriImage);

figure;

imshow(img3);

## 4.2求解

### **4.2.1 问题一的求解**

在实现图像的归一化处理后，我们开始进行图像分割和图像特征提取。在图像特征方面，我们关注图像表现的强度、形状、纹理、小波特征。在进行图像特征提取时，我们根据数学方法定义图像特征，然后对其进行计算，并将其放入分类器进行分类。

首先，我们采用直方图将一幅图内的各像素分布情况描绘出来，基于

横坐标为像素，纵坐标为相应的频率，灰度图像的直方图将利用matlab程序得到。

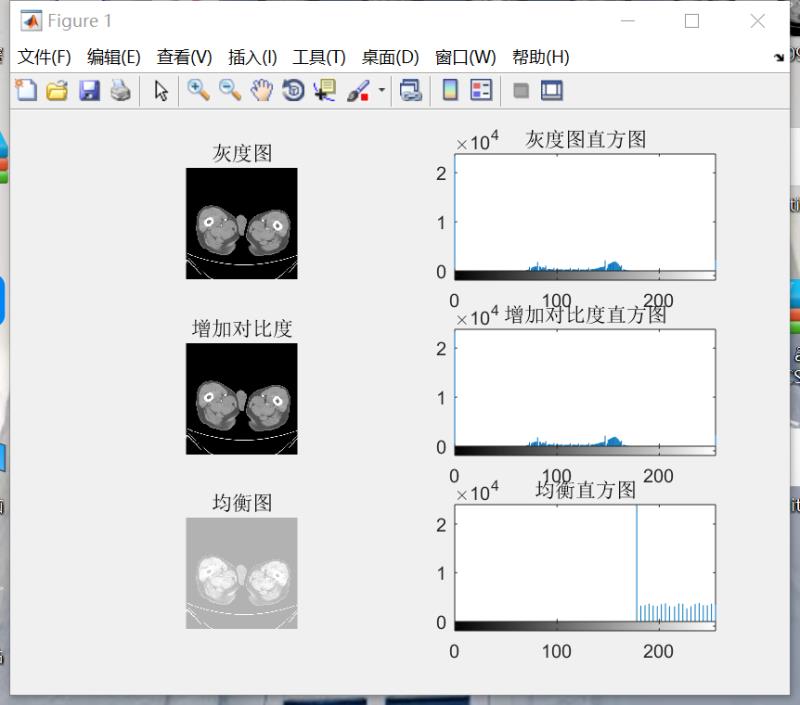


图2. 灰度直方图

hist = zeros(img\_value,1);

for value = 1:img\_value

hist(value) = length(find((img\_vol\_subvol == value) & (mask\_vol\_subvol == 1) ));

end

prob = hist / num\_ROI\_voxels;

texture\_metrics(1:6) = compute\_histogram\_metrics(prob,img\_value);

随后，我们基于直方图的PET/CT纹理特征，进行特征提取。在特征值提取过程中，我们对6个特征代表值进行测算，这6个特征代表值分别有：均值、方差、偏态、峰态、能量、熵，特征获取将用到matlab代码实现。

val\_indices = (1: img\_value)';

indice = find(prob);

vector(1) = sum(val\_indices .\* prob);

vector(2) = sum( ((val\_indices - vector(1)).^2) .\* prob );

if vector(2) > 0

vector(3) = sum( ((val\_indices - vector(1)).^3) .\* prob ) / (vector(2)^(3/2));

vector(4) = sum( ((val\_indices - vector(1)).^4) .\* prob ) / (vector(2)^2);

vector(4) = vector(4) - 3;

else

vector(3) = 0;

vector(4) = 0;

end

vector(5) = sum( prob .^2 );

vector(6) = -sum( prob(indice) .\* log(prob(indice)) );

我们提取到直肠癌的特征后，进行边缘及轮廓计算。我们调用matlab中的sobel函数，求取边缘的同时求取梯度方向特征

void sobel\_te(Implementimagin \*imagin,Implementimagin \* a){

Implementimagin\* sobel=cvCreateImage( cvGetSize(imagin), IPL\_DEPTH\_16S, 1 );

Implementimagin\* sobel\_y=cvCreateImage( cvGetSize(imagin), IPL\_DEPTH\_16S, 1 );

Implementimagin\* sobel\_x=cvCreateImage( cvGetSize(imagin), IPL\_DEPTH\_16S, 1 );

cvSobel(imagin,sobel\_y,1,0,3);

cvSobel(imagin,sobel\_x,1,0,3);

cvOr(sobel\_x,sobel\_y,sobel,NULL);

cvConvertScaleAbs(sobel,a,1,0);

a->origin = imagin->origin;

}

至此，我们得到了直肠癌CT图像的边缘与轮廓特征，实现直肠癌的筛选和提取。

### **4.2.2 问题二的求解**

在对于病人的生存时长方面，我们采用随机森林模型进行预测。

首先，我们将已知的每张病人CT图像作为训练集，每次随机并有序放回训练集中的N个样本，实现迭代抽样，作为树的训练集，并开始对于行和列进行采样。

clear all;

right\_node=cell(3,1);

a=300;

b=10;

load('abc.mat');

n = size(r,1);

arr = [];

for j=1:b

sample=randi([1,n],1,a);

SData=r(sample,:);

[tree,arr]= train\_C4\_5(SData, 5, 10, arr);

right\_node{j,1}=tree;

end

load('abc.mat');

T = r;

TData = roundn(T,-1);

result = statistics(b, right\_node, TData, arr);

c = T(:,end);

len = length(c);

count = sum(result==c);

之后，我们对于训练集中的树进行迭代抽样，展开训练。

我们需要设置五个变量

train\_ptn - Train patterns 训练样本 每一列代表一个样本 每一行代表一个特征

train\_trg - Train targets 1×训练样本个数 每个训练样本对应的判别值

test\_patterns - Test patterns 测试样本，每一列代表一个样本

node - Percentage of incorrectly assigned samples at a node 一个节点上未正确分配的样本的百分比经过行采样和列采样之后，我们对于随机森林模型进行测试。

train\_ptn = S(:,1:end-1)';

train\_trg = S(:,end)';

[Ni, M] = size(train\_ptn);

node = node\*M/100;

Nu -用于确定变量是离散还是连续（该值始终设置为10）

这里用10作为一个阈值，如果某个特征的无重复的特征值的数目比这个阈值还小，就认为这个特征是离散的

之后需要查找哪些输入模式(特征)是离散的，并离散测试模式上的相应维度

定义一个变量Nb，通过遍历遍历每个特征得到无重复的特征值的数目，如果这个特征的无重复的特征值的数目比这个阈值还小，就认为这个特征是离散的

之后定义递归构造树，将特征值存入，进行训练样本对应的判别标签，为防止过拟合，将node值设置为5-10，表示样本数小于一定阈值结束递归

T = make\_tree(train\_ptn, train\_trg, node, dim, max(dim), 0, flag);

function T = make\_tree(patterns, targets, node, dim, maxNbin, base, flag)

然后计算当前的信息熵

Inode = -sum(Pnode.\*log(Pnode)/log(2));

再次遍历特征值，得到当前所有样本的这个特征的特征值、无重复的特征值构成向量Ud及得到无重复的特征值的数目。

如果这个特征是离散特征，那么计算信息增益率(GainRatio)，公式为Gain(A)/I(A)。

其中，Gain(A)=Inode-sum(Pk.\*info)就是属性A的信息增益，

I(A)=-sum(Pk.\*log(eps+Pk)/log(2))为属性A的所包含的信息。

P = zeros(length(Uc), Nbins);

for j = 1:length(Uc)

for k = 1:Nbins

indices = find((targets == Uc(j)) & (patterns(i,:) == Ud(k)));

P(j,k) = length(indices);

end

end

Pk = sum(P);

P1 = repmat(Pk, length(Uc), 1);

P1 = P1 + eps\*(P1==0);

P = P./P1;

Pk = Pk/sum(Pk);

info = sum(-P.\*log(eps+P)/log(2));

delta\_Ib(i\_idx) = (Inode-sum(Pk.\*info))/(-sum(Pk.\*log(eps+Pk)/log(2)));

对于连续特征(主要要找到合适的分裂值，使数据离散化)，那么就计算分裂信息度量

之后，找到当前要作为分裂特征的特征，找到所有特征中最大的信息增益对应的特征，然后得到选择的这个作为分裂特征的特征的那一行 也就是得到当前所有样本的这个特征的特征值以及得到这个特征的无重复的特征值的数目

详细代码代码说明解释见附录

function [result] = statistics(tn, rnode, PValue, discrete\_dim)

TypeArr = {'1','2'};

TypeNum = [0 0];

test\_patterns = PValue(:,1:end-1)';

num = length(TypeNum);

type = zeros(tn,size(test\_patterns,2));

for i = 1:tn

type(tn,:) = vote\_C4\_5(test\_patterns, 1:size(test\_patterns,2), rnode{i,1}, discrete\_dim, num);

end

result = mode(type,1)';

end

最后，我们通过随机森林模型判定的直肠癌特征情况，预测病人的生存时长，最终得到样本测试结果。

function targets = vote\_C4\_5(patterns, indices, tree, discrete\_dim, Uc)

trgs = zeros(1, size(patterns,2));

if (tree.dim == 0)

trgs(indices) = tree.child;

return

end

dim = tree.dim;

dims= 1:size(patterns,1);

if (discrete\_dim(dim) == 0)

in = indices(find(patterns(dim, indices) <= tree.split\_loc));

trgs = trgs + vote\_C4\_5(patterns(dims, :), in, tree.child(1), discrete\_dim(dims), Uc);

in = indices(find(patterns(dim, indices) > tree.split\_loc));

trgs = trgs + vote\_C4\_5(patterns(dims, :), in, tree.child(2), discrete\_dim(dims), Uc);

else

Uf = unique(patterns(dim,:));

for i = 1:length(Uf)

if any(Uf(i) == tree.Nf)

in = indices(find(patterns(dim, indices) == Uf(i)));

trgs = trgs + vote\_C4\_5(patterns(dims, :), in, tree.child(find(Uf(i)==tree.Nf)), discrete\_dim(dims), Uc);

end

end

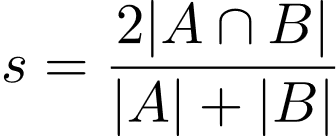
end

### **4.2.3 问题三的求解**

关于图像的分析：

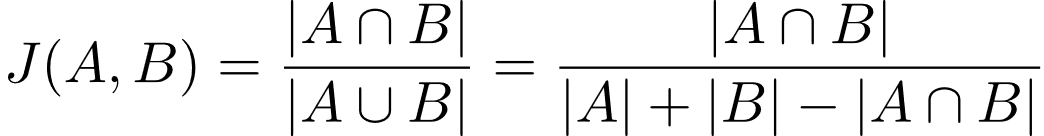
我们可以把字符串理解为一种集合，度量两个集合的相似性即为Dice距离，故也能用于度量字符串的相似性。

Dice系数定义如下：

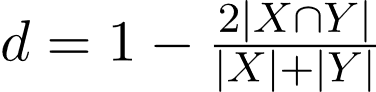


将A和B的交集数的两倍作为分子，x和y的长度之和作为分母，所以范围在0和1之间。

从公式上来看，Jaccard和Dice系数是类似的。Jaccard是在分子和分母上都减去了|A∩B|。

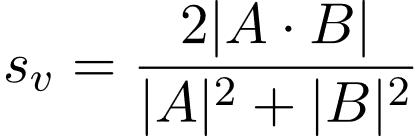


与Jaccard不同的是，相应的差异函数



不是一个合适的距离度量措施，因为它没有三角形不等性的性质。例如给定 {a}, {b}, 和 {a,b}, 前两个集合的距离为1， 而第三个集合和其他任意两个集合的距离为三分之一。

与Jaccard类似, 集合操作可以用两个向量A和B的操作来表示:



利用Python，实现代码为：

def dice\_coefficient(c, d):

c\_bigrams = set(c)

d\_bigrams = set(d)

overlap = len(c\_bigrams & d\_bigrams)

return overlap \* 2.0/(len(c\_bigrams) + len(d\_bigrams))

关于分割精度：

其中参考面积为Rs，它是被手工勾画出的分割图像，图像的真实面积通过算法分割来得到，为Ts，错误分割的像素点个数为|Rs-Ts|。

存在分割率，其定义为分割在图像参考面积之外的像素点的比率：

该含义与上述相同，OS表示不应包括在分割结果中的像素数，实际上是分割结果的像素数。 也就是说，OS中的像素点实际上出现在分割图像中，并且理论上不分割图像RS[7]。

同时也存在欠分割率，其定义为分割在GT图像参考面积之中欠缺的像素点的比率：

意思和上面一样。Us表示分段结果中必须包含的像素数，但实际上表示分段结果中不包含的像素数。即，Us的像素在理论上的分段图像中被显示,不过，在实际的分段图像中不显示。

# 五、模型评价与改进

### **5.1 误差分析**

我们认为该模型在以下方面存在结果误差：

在图像分割过程中，我们采用的是人工分割，未选择“人工+机器学习”的复合分割法。在这种分割法的基础下，我们深知其分割结果受到人们对于直肠癌影像的分割水平的影响，这对于本模型而言产生了较大的测算误差。

在图像特征选择过程中，我们采用人工诊断方法，对直肠癌情况进行诊断，即通过人工筛选特征的方式，进行直肠癌诊断。然而在人工诊断的基础上，人们仅查看一张CT影响图片可能会产生误诊的情况发生。此外，人工筛选直肠癌特征对于筛选人的能力要求较高，人工筛查直肠癌存在一定的出错概率。

在模型建立的过程中，我们虽然尝试使用“PET/CT纹理特征提取+随机森林预测病人生存时长”，但由于模型仍旧是人为输入特征提取标准，并依据人为输入的特征提取标准诱导机器学习诊断医学影像，预测病人的生存时长。在这一角度而言，寻求准确的直肠癌判定标准及其CT影像的数值标准成为较大难题，且CT影像中不排除存在特殊值的情况，特殊值对于诊断同样造成一定的诊断干扰。

在模型运行过程中，我们使用随机森林模型预测病人的生存时长。在这一方面涉及到部分机器学习内容，机器学习对运行设备有要求。这导致运算结果出现偏差，部分运算偏差需要通过人工纠正，部分运算结果由于误差过小，难以发现及人为纠正。在这一方面，产生了部分人为可纠正的较大误差和部分人为难发现难纠正的机器学习误差。

### **5.2 模型评价**

我们认为设计的模型具有使用价值。

在图像特征选取及分割方面，我们选取PET/CT纹理特征的分割方式，测量多个衡量维度，以更确切地确定图像分割区域就是直肠癌肿瘤区域。

在病患生存时长的预测方面，随机森林模型被我们选用来进行测算。我们利用随机森林在运算过程中生成的多个节点，使用进行灰度归一化处理，模型的运算效率和计算精度被提高了。此外，在当前的医学影像诊断领域，使用随机森林对于病患的疾病诊断及生存时长预测领域的使用依旧较少。由此可见，随机森林模型在医学影像诊断的应用大有前景。

### **5.3 模型改进**

我们坚信模型尚且具有可以改进的空间。

在我们的模型中，由于缺乏能够更好满足机器学习需要的硬件设备，我们选择了人工选取直肠癌特征及人工的图像分割方法。在直肠癌的特征选取及图像分割角度，我们赞成且推崇使用“人工+机器学习”两者结合的方式进行该步骤的处置，以增加图像特征选择及分割的处理速度，并提高操作精度。

在预测病患的生存时长的部分，我们建议采用两种模型，从多个角度对病患生存时长进行预测。单一采用一种模型进行预测，仅能得到具有单一模型特征的结果，而生存时长测算结果对于病患而言存在希望和未来，一定程度上促进病患疾病治疗，尽可能延长病患的生命长度。

# 六、参考文献

[1]魏炜,刘振宇,王硕,田捷.影像组学技术研究进展及其在结直肠癌中的临床应用[J].中国生物医学工程学报,2018,37(05):513-520.

[2]李铭.CT金属伪影校正研究[D].长春:中国科学院研究生院(长春光学精密机械与物理研究所),2015.

[3]于海峰.医学显微图像识别与分析[J].计算机光盘软件与应用,2011,1:73-75.

[4]王洁.基于图学习的医学图像标注方法[J].中国电子商情：通信市场,2013.

[5]赵志平,陈雷月.基于深度传感器图像分割技术的研究[J].信息技术,2014,1:109-112.

[6]张海涛.新的时间序列相似性度量方法[J].计算机工程与设计,2014,1:63-66.

[7]李扬定.基于典型机器学习模型的图像检索算法[D].广西:广西师范大学,2013.

[8]何庄超,何玉成,王向日,朱柏霖,李翔,黄昌平.高分辨率MR对直肠癌T分期诊断的准确性研究[J].湘南学院学报(医学版),2018,20(03):33-35.

[9]李伟峰. 医学影像辅助诊断算法研究及应用[D].南京大学,2018.

[10]萨莎. 结直肠癌术前T分期的随机森林预测模型的建立与验证[D].吉林大学,2018.

[11]张晔锋,许建洪.CT影像诊断对直肠癌临床术前分期的价值[J].影像研究与医学应用,2017,1(10):185-187.

[12]王宇燕,王杜娟,王延章,Yaochu Jin.改进随机森林的集成分类方法预测结直肠癌存活性[J].管理科学,2017,30(01):95-106.

[13]杨文,于晓红,杨志健,黄学飞,刘静,李丛勇.结直肠癌临床表现对及时诊断的影响[J].实用老年医学,2016,30(02):158-161.

[14]王晓艳,王鹏程,宋莉,邱建峰,谢晋东.培养我国医学影像技术高素质人才的思考[J].中国医学物理学杂志,2013,30(03):4212-4214.

[15]姚宇宙,邢荣春,谭超,易文,朱妮.结直肠癌诊断方法的应用与评价[J].现代生物医学进展,2013,13(11):2188-2190.

[16]吴平,卢漫.直肠癌的影像学诊断进展[J].实用医院临床杂志,2012,9(06):209-211.

[17]王小凤. 智能化数据挖掘算法研究及在医学影像诊断中的应用[D].西北大学,2005.

[18]包尚联,谢耀钦,周晓东,陈国跃.基于医学影像计算机辅助诊断的分割方法[J].中国医学物理学杂志,2003(02):83-86.