

浙江大学



本科实验报告

姓名：

学院： 生物医学工程与仪器科学学院

系： 生物医学工程

专业： 生物医学工程

学号：

指导教师： 吴丹

2025 年 5 月 22 日

浙江大学实验报告

课程名称: 生物医学图像处理 实验类型: _____

实验项目名称: 一阶与二阶医学图像特征提取

同组学生姓名: _____

指导老师： 吴丹

实验地点: 教 6 - 204 实验日期: 2025 年 5 月 22 日

一、实验目的和要求

(一) 形状特征

- 1、掌握使用形态学处理或梯度算子（如 Sobel、Robert、Prewitt）提取脑肿瘤掩码边缘的方法。
- 2、理解并计算边缘的特征签名（signature），以掩码区域中心为原点，按角度排序边缘点距离，分析肿瘤形状特征。

（二）纹理特征

- 1、提取肿瘤区域，将灰度重新缩放至 128 级，计算沿 x 轴（右移 1 像素）和 y 轴（下移 1 像素）方向的灰度共生矩阵（GLCM）。
- 2、计算 GLCM 的同质性（homogeneity）、对比度（contrast）、均匀性（energy）等纹理特征。
- 3、对大脑正常区域重复上述分析，对比自定义计算与 MATLAB/Python 函数（如 graycoprops）结果的差异。

二、实验内容和原理

(一) 形状特征

- ## 1、边缘检测理论

图像边缘在数学定义上是图像中灰度发生急剧变化的像素点集合，对应于图像灰度函数的一阶导数极大值点或二阶导数零交叉点。对于二维图像函数 $f(x, y)$ 而言——

其梯度向量为： $\nabla f = [\partial f / \partial x, \partial f / \partial y]$

梯度幅值为： $|\nabla f| = \sqrt{(\partial f / \partial x)^2 + (\partial f / \partial y)^2}$

(1) 主要边缘检测算子原理

① Sobel 算子

使用 3×3 卷积核计算梯度近似值：

$$\begin{array}{cc} G_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} & G_y = \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix} \end{array}$$

优点：对噪声有较好的抑制能力，边缘定位准确

② Roberts 算子

使用 2×2 对角差分操作：

$$\begin{array}{cc} G_x = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} & G_y = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ -1 & 0 \end{bmatrix} \end{array}$$

优点：计算简单，对细节敏感；缺点：对噪声敏感

③ Prewitt 算子

使用 3×3 平均梯度核：

$$\begin{array}{cc} G_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} & G_y = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \end{array}$$

特点：边缘平滑效果好，但可能丢失细节

(2) 形态学边缘检测

基于数学形态学操作：

$$\text{边缘} = \text{膨胀(原图像)} - \text{原图像}$$

其中膨胀操作定义为：

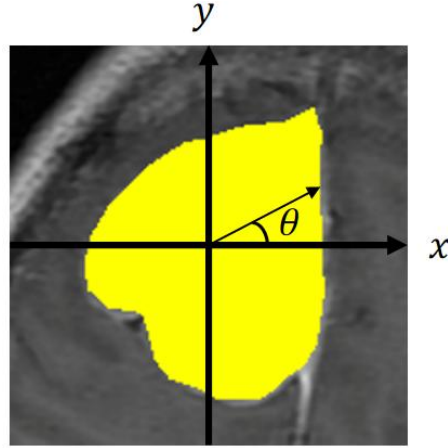
$$(A \oplus B)(x, y) = \max \{A(x-i, y-j) \mid (i, j) \in B\}$$

2、形状签名理论

将边界点从笛卡尔坐标 (x, y) 转换为极坐标 (r, θ) ：

$$r = \sqrt{(x-cx)^2 + (y-cy)^2}$$

$$\theta = \arctan2(y-cy, x-cx)$$



其中 (cx, cy) 为形状的质心。对于二值图像 $B(x, y)$ ，质心坐标为：

$$cx = \sum (x \cdot B(x, y)) / \sum B(x, y)$$

$$cy = \sum (y \cdot B(x, y)) / \sum B(x, y)$$

(1) 四象限分析方法：

第一象限： $x-cx > 0, y-cy \geq 0, \theta \in [0, \pi/2)$

第二象限： $x-cx \leq 0, y-cy > 0, \theta \in [\pi/2, \pi)$

第三象限： $x-cx < 0, y-cy \leq 0, \theta \in [\pi, 3\pi/2)$

第四象限： $x-cx \geq 0, y-cy < 0, \theta \in [3\pi/2, 2\pi)$

(2) 形状签名函数：

$$S(\theta) = r(\theta), \theta \in [0, 2\pi]$$

该函数将二维边界转换为一维函数，便于分析形状的复杂度、对称性等特征。

(二) 纹理特征

1、灰度共生矩阵 (GLCM) 理论

GLCM (Gray Level Co-occurrence Matrix) 是分析图像纹理特征的重要工具，它统计的是相邻像素对的灰度值共现关系。核心思想在于，如果一个区域的纹理很规律，那么某些灰度值组合会频繁出现；如果纹理很混乱，灰度值组合就比较随机。

设图像 I 的灰度级数为 L ，像素位置偏移为 $(\Delta x, \Delta y)$ ，则 GLCM $P(i, j | \Delta x,$

Δy) 定义为:

$$P(i, j | \Delta x, \Delta y) = \# \{ ((x, y), (x + \Delta x, y + \Delta y)) \mid I(x, y) = i, I(x + \Delta x, y + \Delta y) = j \}$$

归一化 GLCM:

$$P(i, j) = P(i, j) / \sum \sum P(i, j)$$

本实验中的特定参数: 灰度级数: $L = 128$

x 方向偏移: $(\Delta x, \Delta y) = (1, 0)$, 表示右移 1 像素

y 方向偏移: $(\Delta x, \Delta y) = (0, 1)$, 表示下移 1 像素

2、纹理特征计算公式

(1) 同质性 (Homogeneity)

$$\text{Homogeneity} = \sum \sum P(i, j) / (1 + |i - j|)$$

衡量图像局部灰度的均匀程度。值越大表示纹理越均匀, 肿瘤内部结构越一致。

(2) 对比度 (Contrast)

$$\text{Contrast} = \sum \sum P(i, j) \times (i - j)^2$$

反映图像中相邻像素间的灰度差异。值越大表示纹理对比越强烈, 肿瘤内部结构越复杂。

(3) 均匀性/能量 (Energy)

$$\text{Energy} = \sum \sum [P(i, j)]^2$$

表示 GLCM 矩阵的能量集中程度。值越大表示纹理越规律, 肿瘤内部模式越单一。

三、主要仪器设备

硬件: Windows 计算机

软件: Cursor

数据: 脑肿瘤 MRI 数据及掩码 (来源: Cheng, Jun (2017) 脑肿瘤数据集)

四、操作方法和实验步骤

(一) 形状特征分析

步骤 1: 数据加载与预处理

加载肿瘤掩膜数据 (mask.npy) 和原始 MRI 图像

将掩膜转换为二值图像, 确保数据类型正确

验证数据完整性和图像尺寸

步骤 2: 边缘提取

实现四边缘检测方法:

形态学方法: 使用二值膨胀操作, $\text{边缘} = \text{膨胀图像} - \text{原图像}$

Sobel 算子: 结合 Canny 边缘检测器

Roberts 算子: 使用 `skimage.filters.roberts` 函数

Prewitt 算子: 使用 `skimage.filters.prewitt` 函数

比较不同方法的边缘检测效果

选择 Sobel 方法进行后续分析

步骤 3: 质心计算

使用 `measure.regionprops` 计算肿瘤掩膜的几何中心

获取质心坐标 (cx, cy) 作为极坐标系原点

步骤 4: 形状签名计算

获取边缘点坐标: $y, x = \text{np.where}(\text{edge_mask})$

坐标变换: 转换为以质心为原点的相对坐标

极坐标转换: 计算距离 $r = \sqrt{dx^2 + dy^2}$ 和角度 $\theta = \text{arctan2}(dy, dx)$

四象限组: 按照象限对边缘点分组

角度排序: 在每个象限内按角度排序

数据连接: 将四个象限的数据按顺序连接

(二) 纹理特征分析

步骤 1: 区域提取

使用掩膜提取肿瘤区域

自动寻找远离肿瘤的正常脑组织区域

确保两个区域大小适当, 便于对比分析

步骤 2: 灰度重新缩放

将图像灰度值归一化到[0,1]范围, 重新缩放到 128 个灰度级

步骤 3: GLCM 计算

手动实现 GLCM 算法:

创建 128×128 的共生矩阵

遍历图像像素, 统计相邻像素对的出现频率

分别计算 x 方向 ($dx=1, dy=0$) 和 y 方向 ($dx=0, dy=1$) 的 GLCM

对矩阵进行归一化处理

使用 `graycomatrix` 对比

步骤 4: 纹理特征计算

同质性: $\text{Homogeneity} = \sum \text{GLCM}(i, j) / (1 + |i - j|)$

对比度: $\text{Contrast} = \sum \text{GLCM}(i, j) \times (i - j)^2$

均匀性: $\text{Energy} = \sum [\text{GLCM}(i, j)]^2$

五、实验数据记录和处理

(一) 形状特征

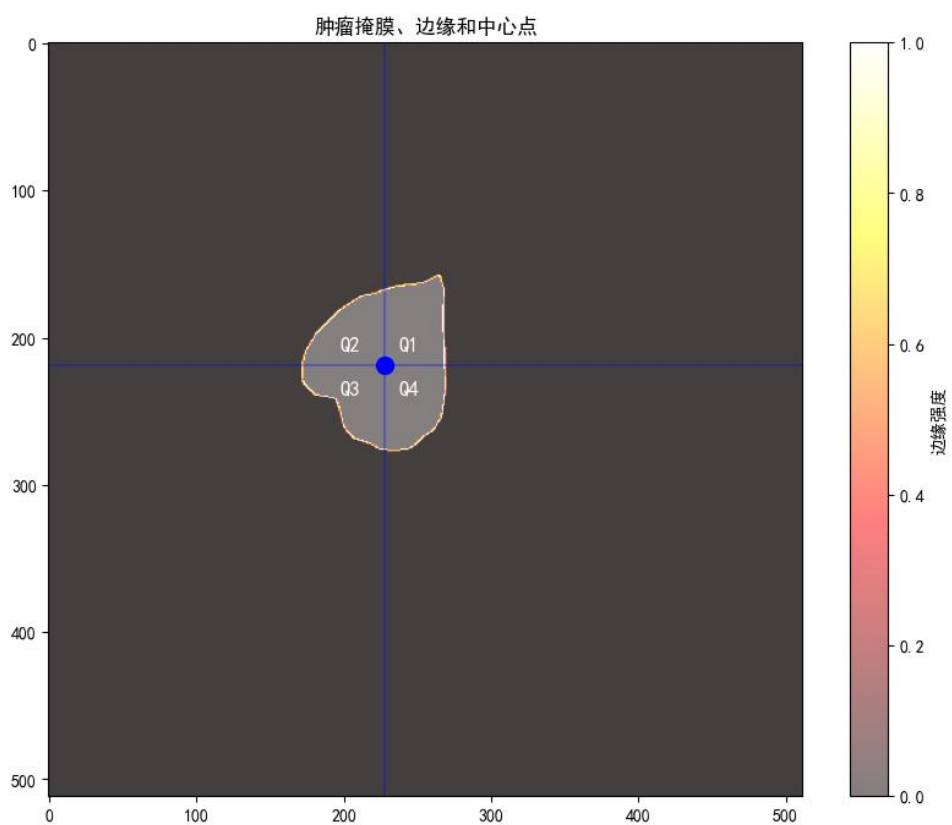
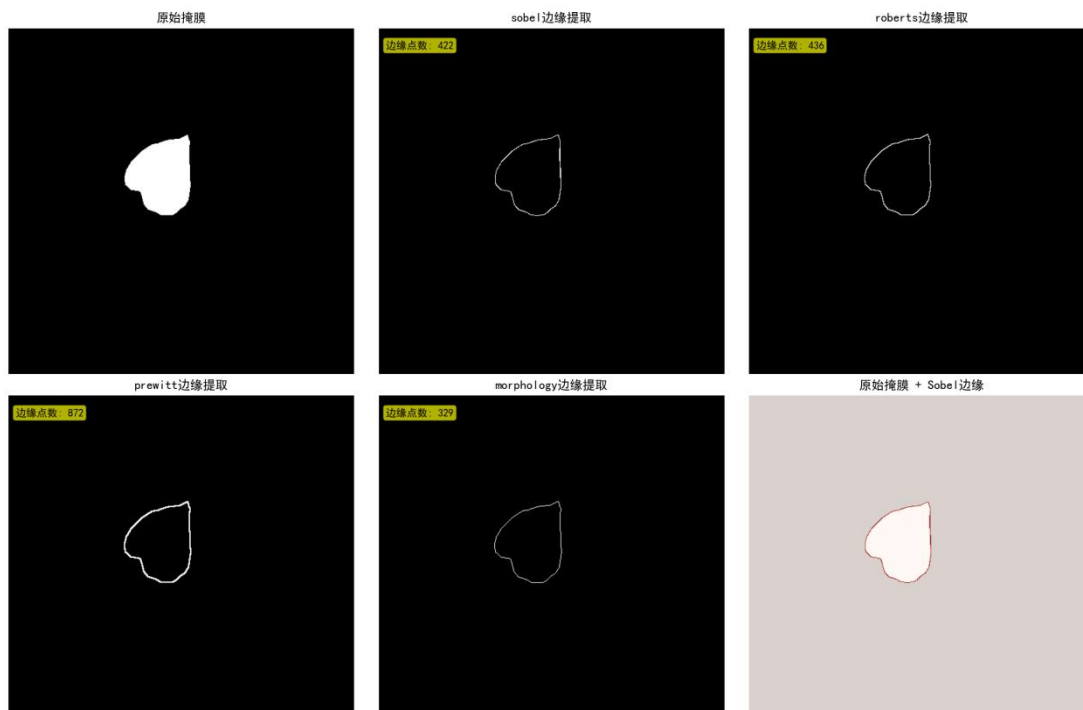
计算得 mask 中心点坐标: (227.40, 218.37)

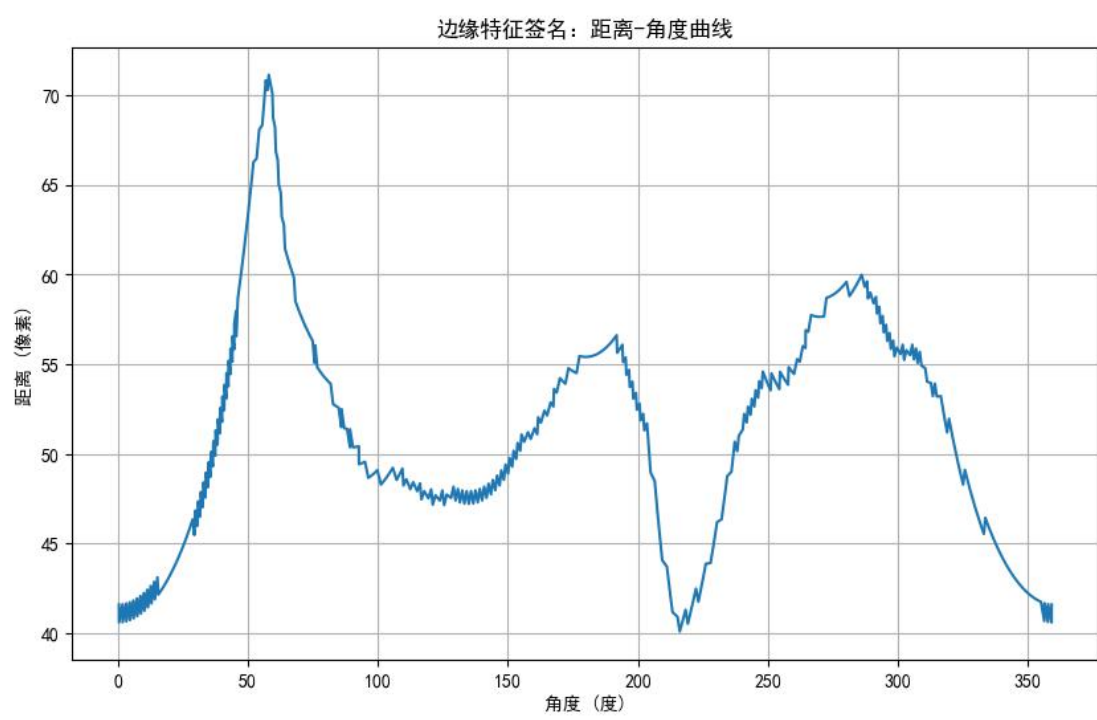
象限 1 (右上): 133 个点 (31.5%)

象限 2 (左上): 91 个点 (21.6%)

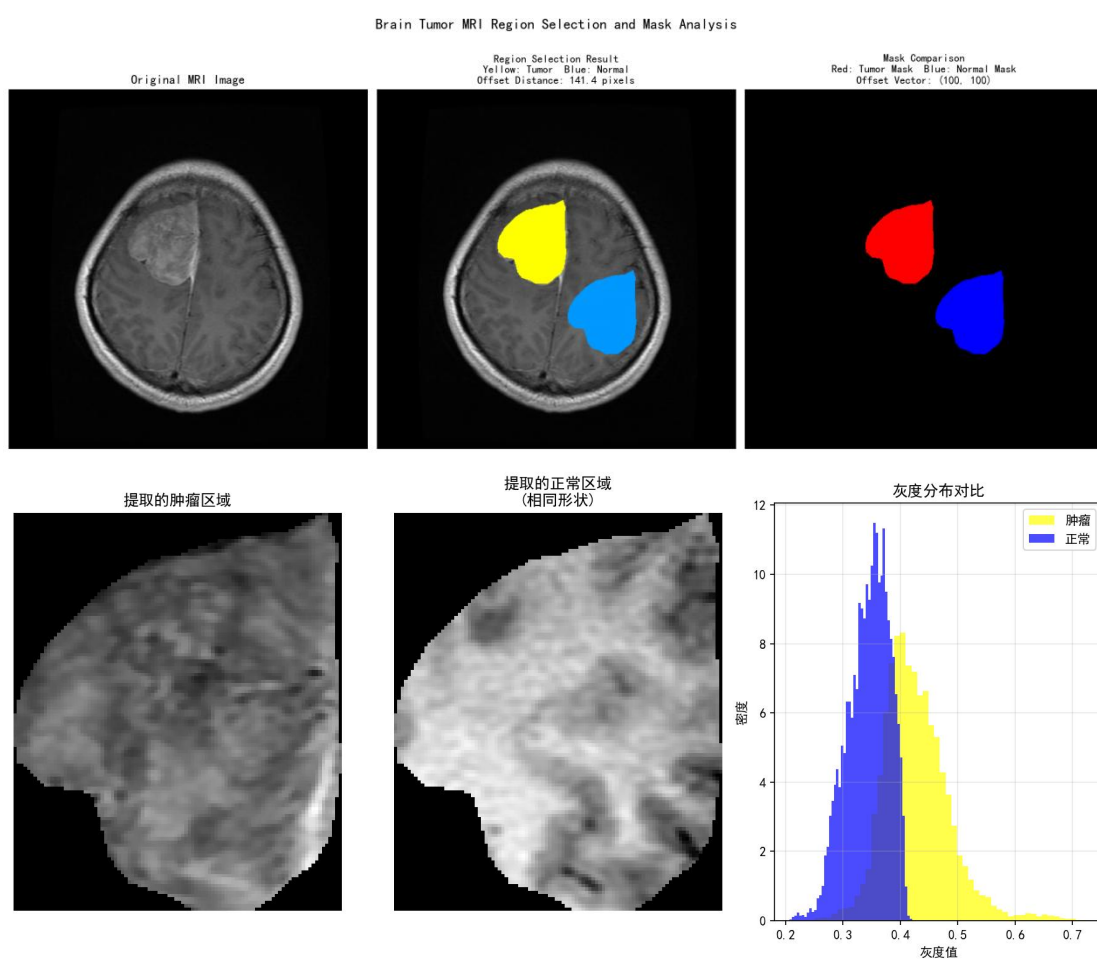
象限 3 (左下): 103 个点 (24.4%)

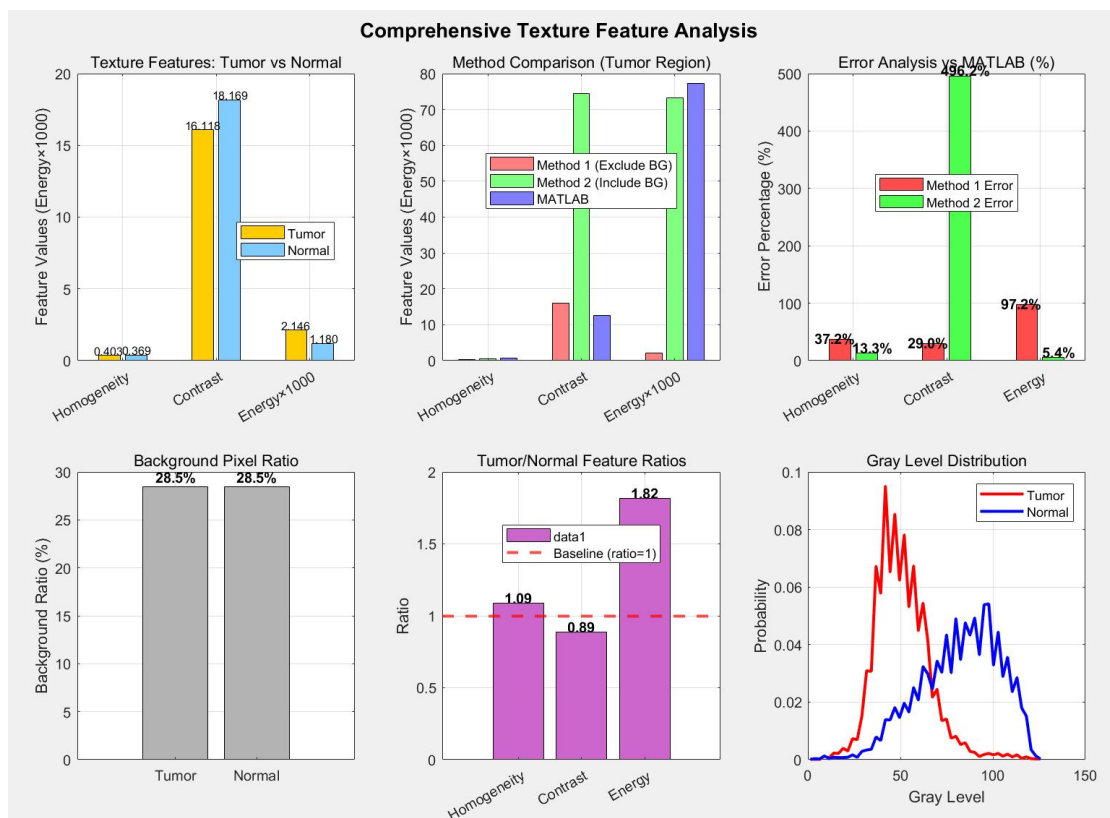
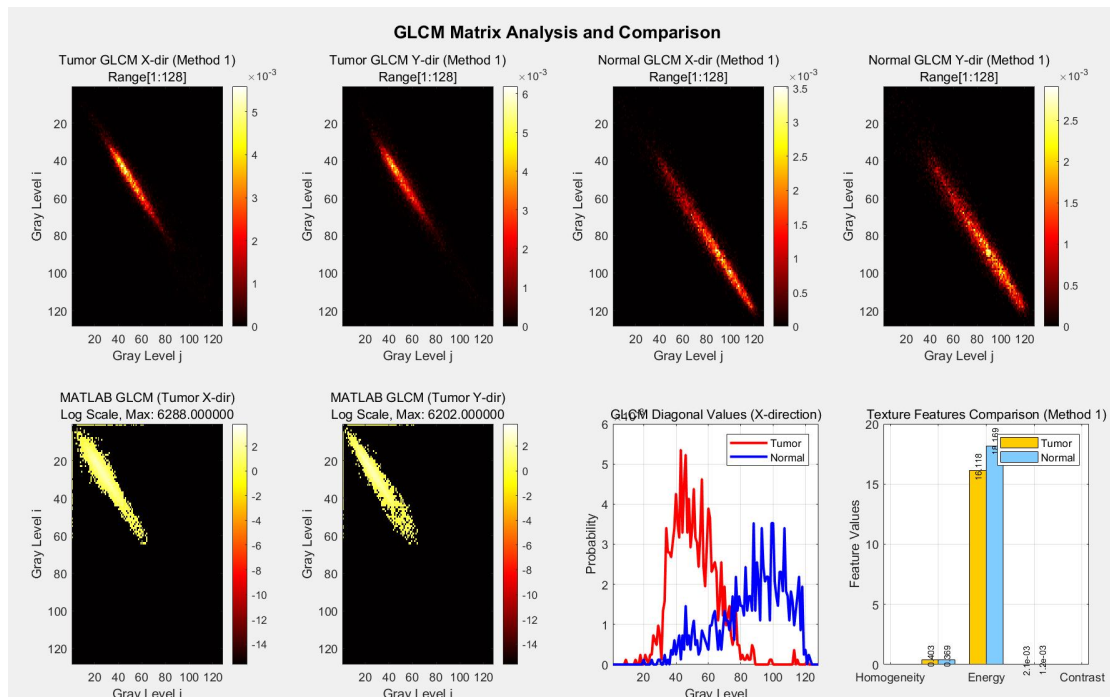
象限 4 (右下): 95 个点 (22.5%)





(二) 纹理特征





六、实验结果与分析

(一) 形状特征

实验对 512×512 像素的脑肿瘤掩膜（前景像素 8344 个）进行了四种不同方法的边缘检测，并统一使用梯度最大值的 10% 作为 threshold。结果显示，基本上所有算子都较好的提取了边缘特征。

边缘检测方法	边缘点数量	相对 mask 面积比例	特点分析
Sobel 算子	422	5.06%	边缘连续性好，噪声抑制效果佳
Roberts 算子	436	5.23%	对细节敏感，边缘点数量适中
Prewitt 算子	872	10.45%	边缘点数量最多，可能包含较多内部结构
形态学方法	329	3.94%	边缘点数量最少，轮廓最简洁

其中，形态学方法产生的边缘最简洁，适合获取主要轮廓；Sobel 和 Roberts 算子在噪声抑制和细节保留之间达到了良好平衡；Prewitt 算子检测到的边缘点最多，梯度值范围为 0.000000-0.745356，说明其梯度计算相对较小，可能是因为其平滑特性或是 threshold 设定不合理导致更多的边界像素被识别。

基于 Sobel 边缘检测结果的 422 个边缘点在四象限的分布情况中，第一象限（右上）边缘点数量最多（31.5%），明显高于其他象限，表明肿瘤形状在右上方向有明显的不规则突出；第一象限和第三象限的边缘点数量相对较多，提示肿瘤在对角线方向（右上-左下）的形状变化更为复杂。

形状签名分析如下：

（1）角度覆盖范围： $0.5^{\circ} - 359.1^{\circ}$ ，几乎覆盖完整的 360° 圆周，说明肿瘤边界完整

(2) 径向距离特征：40.1 – 71.1 像素，最大半径与最小半径比值约为 1.77

(3) 形状复杂度：距离变化范围 31 像素，相对于平均半径（约 55.6 像素）的变异系数约为 28%，表明肿瘤形状具有中等程度的不规则性

形状签名曲线的距离-角度函数 $S(\theta) = r(\theta)$ 呈现连续但不平滑的变化，反映肿瘤边界的不规则性；在某些角度范围内距离变化较大，对应肿瘤边界的凹凸部位。整体形状趋势曲线显示肿瘤大致呈椭圆形（目视为心形♥️），但局部存在明显的形状扰动（凹陷）。

(二) 纹理特征

1、1 像素距离（细纹理分析）

特征	肿瘤区域 (X)	正常区域 (X)	X 差异	肿瘤区域 (Y)	正常区域 (Y)	Y 差异
同质性	0.4037	0.3682	0.0355	0.3758	0.3329	0.0429
对比度	15.658	18.2461	-2.5881	20.8052	25.6213	-4.8161
均匀性	0.0022	0.0012	0.001	0.0019	0.001	0.0009

(1) 肿瘤区域

同质性较高 (0.40 vs 0.37)：肿瘤内部纹理相对更均匀

对比度较低 (15.7 vs 18.2)：肿瘤内部灰度变化较平缓

均匀性较高 (0.0022 vs 0.0012)：肿瘤区域纹理模式更规则

Y 方向的对比度普遍高于 X 方向，说明垂直方向纹理变化更明显；且 Y 方向的差异更大 (4.82 vs 2.59)，表明病理变化在垂直方向更显著。

(2) 正常脑组织

- 同质性较低：正常脑组织纹理更复杂多样
- 对比度较高：正常组织内部灰度变化更剧烈
- 均匀性较低：正常组织纹理模式更随机

2、2 像素距离（粗纹理分析）

特征	1 像素距离	2 像素距离	变化率	趋势
X 方向同质性	0.4037	0.2803	-30.60%	大幅下降
X 方向对比度	15.658	52.9293	238%	爆炸性增长
Y 方向同质性	0.3758	0.2679	-28.70%	大幅下降
Y 方向对比度	20.8052	60.29	190%	剧烈增长

1 像素的 GLCM 有点奇妙，因为这不太符合刻板印象；但是从 1 像素到 2 像素距离，X 方向同质性下降 30.6%（0.4037→0.2803），Y 方向下降 28.7%（0.3758→0.2679），表明肿瘤在更大尺度下表现出更强的非均匀性；同时 X 方向对比度增长 238%(15.658→52.9293),Y 方向增长 190%(20.8052→60.2900)，显示肿瘤在粗纹理尺度下具有更强的内部变异性。

这样一来就说得通了，正常脑组织在不同距离参数下纹理特征保持高度稳定，所有特征值变化幅度小于 5%，体现了正常组织的多尺度一致性特征。这种稳定性为正常-病理组织的自动识别提供了重要的参考基准。

3、与 MATLAB graycomatrix 对比

同质性: 0.4037 vs 0.6648 (差异: 0.2611)

对比度: 15.6580 vs 18.8327 (差异: 3.1747)

均匀性: 0.0022 vs 0.0763 (差异: 0.0740)

显著差异可能源于以下因素:

(1) ROI 处理策略: 自实现算法严格限制在 mask 区域内计算, 而 MATLAB 函数可能包含边界像素

(2) 归一化方法: 自实现按总像素对数归一化, MATLAB 可能采用对称化处理

(3) 边界条件: 不同的边界像素处理策略导致 GLCM 矩阵的系统性差异

七、讨论、心得

本次实验让我深刻体验了从理论公式到实际代码实现的完整过程。实验过程中遇到的各种技术问题(变量作用域、区域选择、参数优化等)锻炼了我的独立思考和问题解决能力。特别是在发现距离参数对结果的巨大影响后,我学会了通过对比实验(尽管实验报告没有作要求)来系统性地分析参数效应。形状特征和纹理特征在肿瘤分析中发挥了互补作用,形状特征擅长描述肿瘤的宏观形态特征,对肿瘤边界和整体结构敏感;而纹理特征能够深入分析肿瘤内部的微观结构,对组织异质性变化敏感,因此两者联合分析可以提供更全面、更可靠的诊断信息。

八、实验参考

Cursor Claude Sonnet 4