

**东南大学生物科学与医学工程学院**

**医学图像处理**

**期中大作业：MRI 成人脑胶质瘤图像分割**

**11121220 邓羽丰**

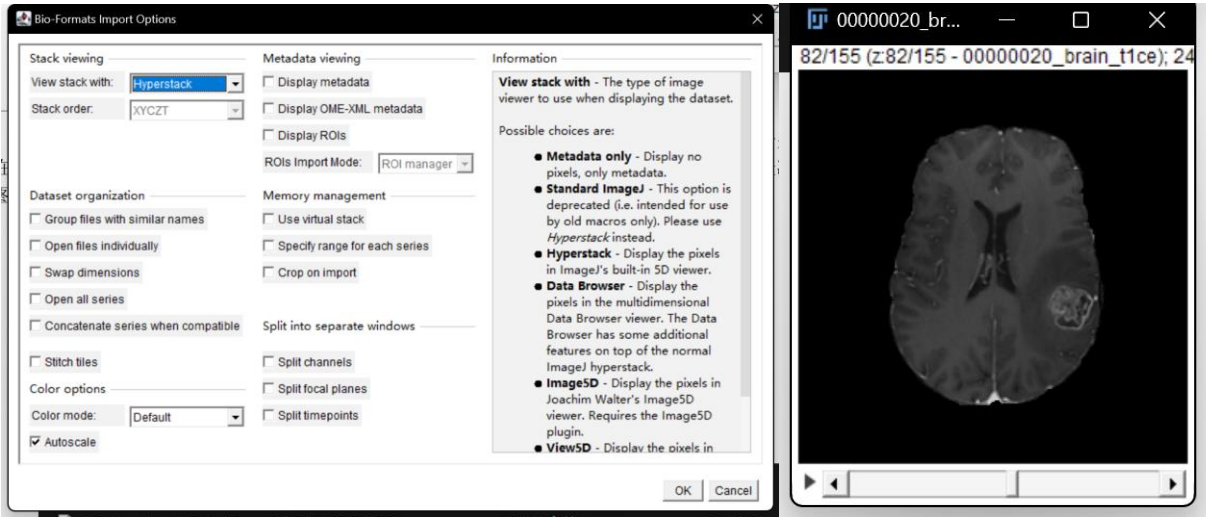
作业日期：2024/5/28

一、问题描述与前期准备

数据集包含通过四种不同协议成像的三维 MRI 图像数据，其中，t1n、t1c、t2f、t2w 分别表示在 MRI 中根据 T1 成像的原始数据、根据 T1 成像的加权数据、根据 T2 成像的 MRI 液体衰减反转图像（脑脊液抑制图像）、根据 T2 成像的加权数据四种不同的成像协议。

名称	修改日期	类型
BraTS-GLI-00032-000-t1c.nii	2024/4/17 21:18	文件夹
BraTS-GLI-00032-000-t1n.nii	2024/4/17 21:18	文件夹
BraTS-GLI-00032-000-t2f.nii	2024/4/17 21:18	文件夹
BraTS-GLI-00032-000-t2w.nii	2024/4/17 21:18	文件夹

将.nii 文件导入到 ImageJ 中，可以查看图像，并且可以另存为 Raw 文件，方便进行图像处理。注意到，横断面图像有 155 张，长宽均为 240 个像素，这需要在 使用 MFC 导入数据时进行设置。



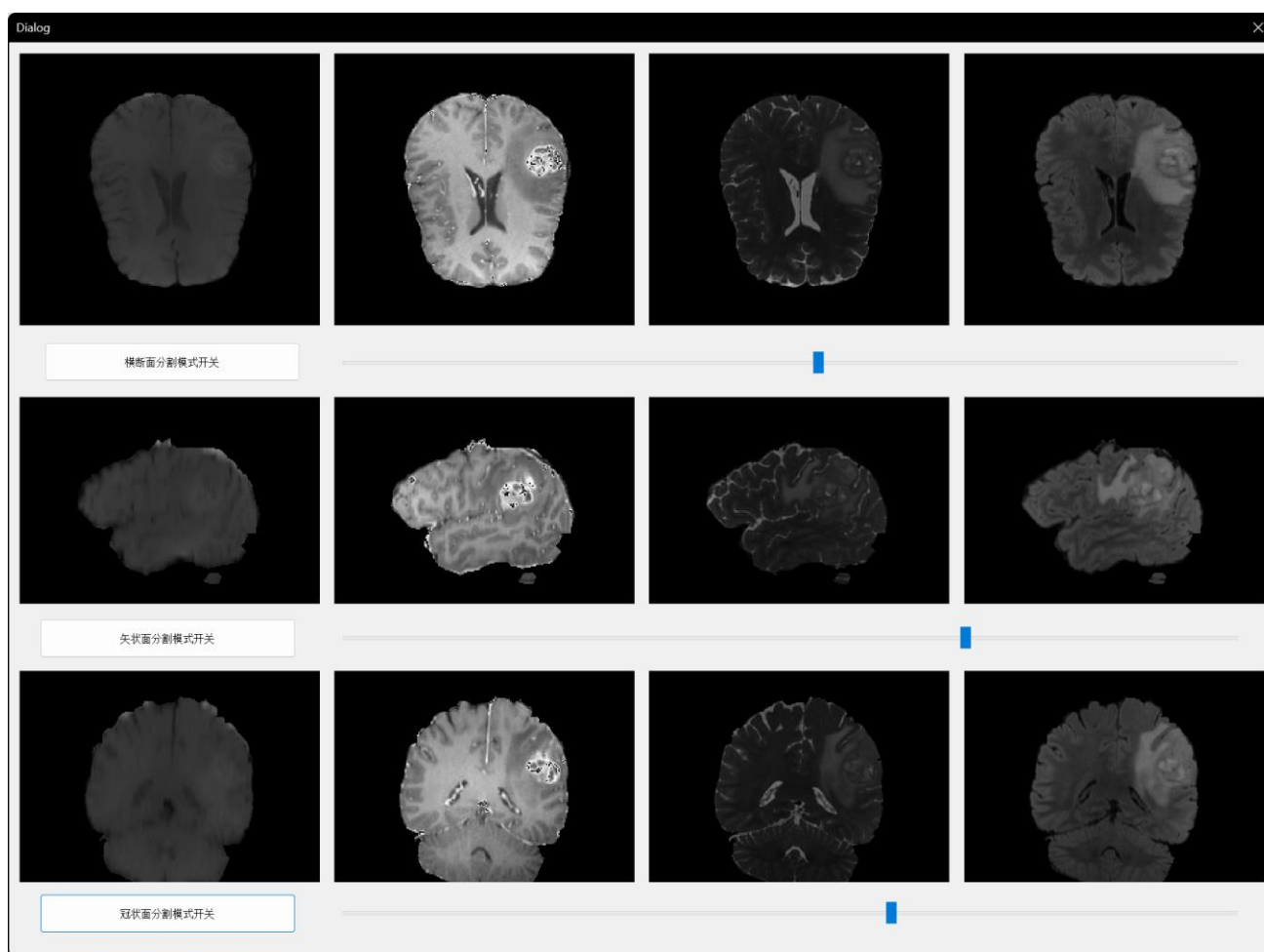
名称	日期	类型	大小
20_t1native_155_240...	2024/4/27 10:52	RAW 文件	17,438 KB
20_t1weighted_155_2...	2024/4/27 10:52	RAW 文件	17,438 KB
20_t2flair_155_240_2...	2024/4/27 10:53	RAW 文件	17,438 KB
20_t2weighted_155_2...	2024/4/27 10:53	RAW 文件	17,438 KB

## 二、问题分析与算法实现

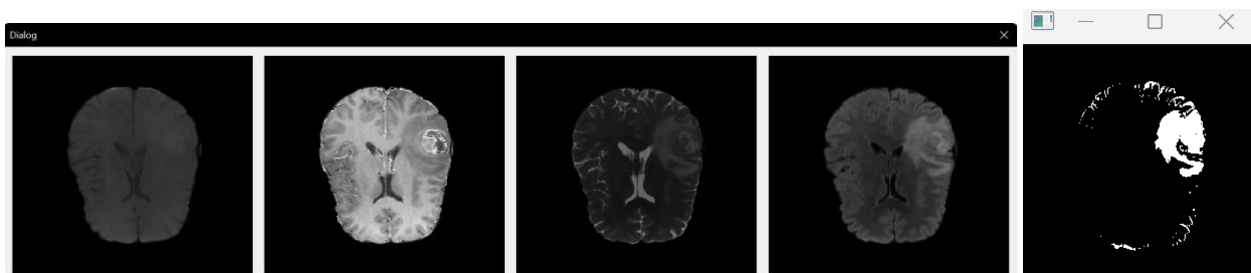
导入时，使用 `CComPtr<IFileDialog>` 智能指针创建一个对话框对象 `pFileOpen` 用于选择数据集的文件夹，调用 `CoCreateInstance` 函数创建一个 `IFileDialog` 实例，并将其指针赋值给 `pFileOpen`。得到文件夹路径后读取这个文件夹下的所有 RAW 文件，为每个文件创建一个 `CDib` 类型的指针，实现数据导入。

数据导入后，弹出对话框，在这个对话框类中完成图像显示和处理的全部操作。为每个视图创建一个 `CDib` 类对象，矢状面与冠状面的计算方式与之前的代码一致。这里需要注意，这个数据集的扫描层间距与像素宽度相等，因此显示时不需要进行插值。图像通过 `CImage` 类的 `Draw` 函数绘制在指定的 `picture control` 控件上。

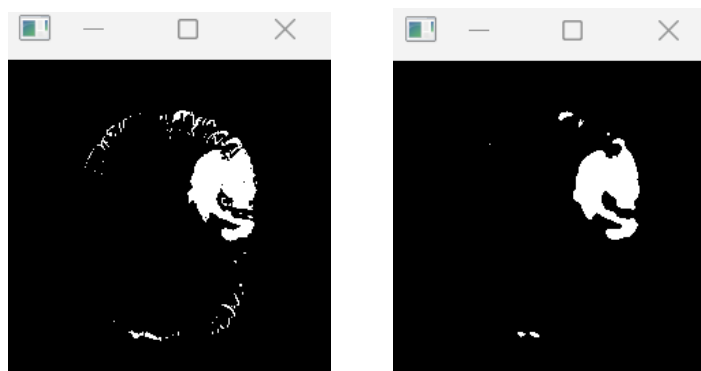
在查看图像时，每一列代表一种协议的三个视图，从左到右依次为 `t1 native`，`t1 weighted`，`t2 weighted`，`t2 flair`。通过 `slider` 控件与 `OnHScroll` 函数，可以实现使用滑块改变显示的图像的功能。



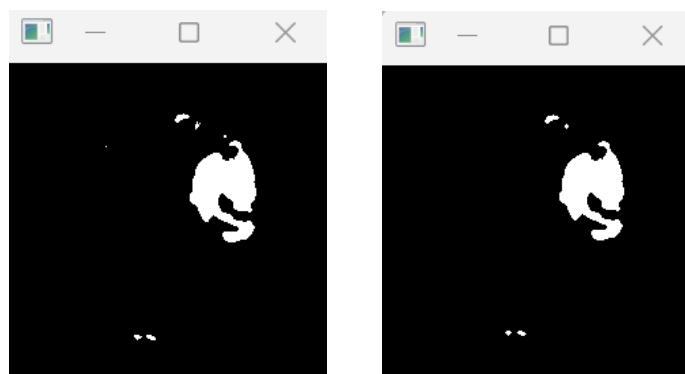
从上图可以看出，`t1 native` 图像的肿瘤不十分明显，而其他三种协议的肿瘤区域都比较明显，并且肿瘤区域都要稍亮一些，所以我们不妨尝试先对图像进行阈值处理，转为二值图像进行操作。选取一个比较合适的阈值后，使用 `OpenCV` 库的 `threshold` 函数对图像进行二值化。



从上图可以看出，在二值化后，虽然可以得到肿瘤的大致区域，但是图像中有很多比较细小的噪声，非常类似于椒盐噪声。因此，尝试使用中值滤波器对图像进行滤波

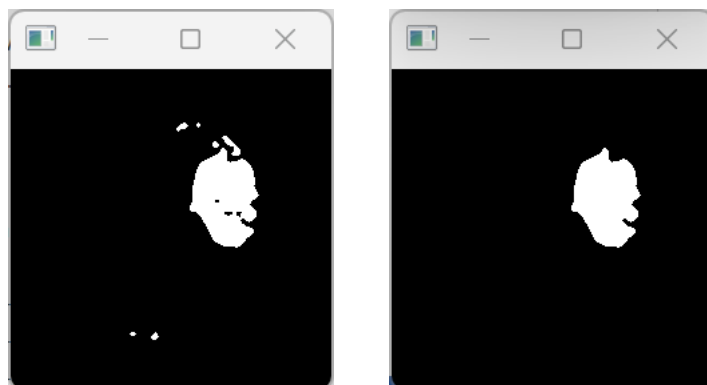


滤波后，大部分的细小噪声被去除，剩余的噪声区域较小，因此我们可以考虑使用膨胀加腐蚀的方法进行进一步的滤波。



腐蚀膨胀后，去掉了一下比较小的噪声，并且对肿瘤区域的影响不大。对于这些残存的噪声，我使用的算法为：

首先使用 `findContours` 统计轮廓数量，如果轮廓数大于 1，则对图像进行开运算并更新轮廓数，直到轮廓数等于 1 或者达到设定的最大值时停止，然后做了多少次开运算就做多少次闭运算。这个算法可以有效地去除小的非肿瘤区域，并链接狭窄处的肿瘤区域，获得更好的效果。



最后，将分割结果以紫色显示在原图像上，得到最终的结果

