**图像分割ACM+GMM程序说明文档**

1. 文档大纲

关键 请一边阅读说明文档，一边运行调试程序。

第二章：本文档的一些符号的约定；

第三章：说明文件夹和文件的内容和作用；

第四章：说明主要的一些程序的内部的说明以及一些结构体变量的说明；

第五章：程序流和数据流运作方式、使用说明；

第六章：总结现阶段的程序构建状态、注意事项、展望；

第七章：附件

1. 文档约定

“<变量>”：用尖括号括起来的表示标签。比如文件“<图像名>.bmp”表示一个bmp图像的文件名。<图像名>是一个字符串变量，这些字符串用来表示待处理的原始图像的名称。

“->”：表示从一个操作步骤指向下一个操作步骤。

“※<绿色字体>”：表示注解。

“！<蓝色字体>”：表示注意事项。

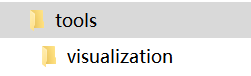
“笔的形状<灰色字体>”：表示参考注解。

“[数字]”：参考文献。

1. 文件结构

打开文件夹后，有如下子文件夹和文件。可以分作两类：程序文件夹、数据文件夹。说明如下。函数的具体参数详见代码。

* 程序文件夹结构
  + 1 
    functions 
    pr 
    2018 / 2 / 1321 : 10 
    2018 / 3 / 1 7 1 2 : 02 
    文 件 夹 
    文 夹 
  + C:\Users\Ethan\AppData\Local\Temp\msohtmlclip1\02\clip_image003.png
  + C:\Users\Ethan\AppData\Local\Temp\msohtmlclip1\02\clip_image004.png
  + 其中：
  + functions 
    colorspace 
    diracfunction 
    evaluation 
    evolution 
    evolution CV 
    J superpixels 
    Visualization 
    heavisideFunction 
    J initialize LSF 
    probabilisticModels 
    GMM 
    SMM 
    J projects 
    visualization 
    writeData 
    - C:\Users\Ethan\AppData\Local\Temp\msohtmlclip1\02\clip_image006.png

* 
  + 展开之后：
  + visualization 
    collectlmagesForExtractByOtherlndicator.m 
    d' collectlmagesForExtractByTimeAndlteratiomm 
    copylmgRelatedWithExtractedOriginallmg.m 
    d' createUnitedlnitContours.m 
    d 
    drawHeavisideFunction.m 
    empty_test.m 
    extractMatchedFiles.m 
    d findNaNData.m 
    Inverse' mage.m 
    inverselmages.m 
    d' listAllFolders.m 
    theFilesManage.m 
    visualizelmagesForPaper.m 
    visualizelmagesForpaper_2.m 
    visualizelmagesToFindlmagesThatGoodTime.m 

* projects：存放实现项目的主程序。
* projects 
  main _calcEvaluation_ACMandSemisupervised.m 
  main_copylmages_ACMandSemisupervised.m 
  main_evaluation_yangyudan.m 
  main_exprl ACMGMM_segmentation 1000images.m 
  main_exprl _ACMGMM_segmentation_20170527 m 
  main_exprl _ACMGMM_segmentation 2601dlmages_para.m 
  main_exprl LIF segmentation param 
  main_expr2 ACMandSemisupervised_extractm 
  main_expr2 ACMandSemisupervised_segmentation_diff init.m 
  main_expr2 ACMandSemisupervised_segmentation imagedata.m 
  main expr2 ACMandSemisupervised_segmentation modify_g.m 
  main_expr2 ACMandSemisupervised_segmentation_parameter l.m 
  main expr2 ACMandSemisupervised segmentation TanHuang_m 
  main_expr2_segementation ACMandSemiupervised.m 
  main_expr2_semiACM segmentation 1000imaqes.m 
  main_expr2_semiACM_segmentation_para_m 
  main_expr3_ACMandSemisupervisedSP_segmentationm 
  main_expr3 Old ACMandSemisupervisedSP.m 
  main_expr3_semiACMandSP 1 2 _segmentation_para.m 
  main_expr3_semiACMandSP 1 analysis_visulize_somelmages.m 
  I _segmentation I 
  main_expr3_semiACMandSP 1 segmentation_para.m 
  e.) main_expr3_semiACMandSP l_segmentation timeProblem.m 
  2 2 segmentation param 
  main_expr4_semiACMandSP 2 segmentation_para.m 
  main_expr ACMGMM calcEvaluation.m 

所有程序根据需要进行。

注解 现在还没完善可视化图表的效果，用于更多地发现图像分析指标数据的规律。

* functions：存放各种功能函数。
  + diracFunction：存放Dirac函数的文件夹。
    - diracFunction.m：存放各种Dirac函数的函数。
    - Jacard.m：计算jacard distance 指标。
    - ModHausdorffDist.m：计算modified hausdorff distance指标。
    - PR\_evaluation.m：计算F1指标。
    - macroPR\_evaluation.m：计算macroF1指标。
    - ROC\_evaluation.m：计算ROC指标。

注解 需要的时候再补充

* evaluation：存放评估函数的文件夹。

待办事项 待补充

* evolution：存放各种演化模型。
  + 文件夹 evolution\_CV：CV模型的一些功能函数。

参考 来源：李春明的程序

* binayfit.m
* CURVATURE.m
* evolution.m：新的演化模型。等需要的时候再改。
* evolution\_ACMandGMM：基于文献[1]的演化模型的改造。
* evolution\_ACMandGMMtoEq18：基于[1]的演化模型的改造。到式子(18)为止。
* evolution\_CV.m：CV模型[4]，基于李春明的代码。
* evolution\_DRLSE.m：DRLSE模型[2]。
* heavisideFunction：存放各种Heaviside函数的文件夹。
  + heavisideFunction.m：存放各种Heaviside函数的函数。
* initializeLSF：水平集函数初始化。
  + sdf2circle.m：经典距离初始化。
  + UserStaircase：用户自定义的轮廓的初始化，初始化形状为阶梯型。

manage：文件管理函数

* createEachImageStructure.m：创建结构体EachImage。

参考 关于结构体参见下一章，下同。

* createEachImageStructureForSegmentation.m：创建用于图像分割的结构体EachImage。

参考 关于结构体参见下一章，下同。

* createResultsStructure.m：创建结构体Results。
* createEvaluationVisualizationStructure.m：创建结构体EvaluationVisualization。

注解 这个结构体目前用不到，暂时不做。

* findIndexOfBwImageAtEachState.m：寻找我们的方案中的每个分支的涂鸦图像的分割的二值图在EachImage.<我们的方案的文件夹>里的所有文件的相应字段的位置。
* findIndexOfFolderName.m：寻找EachImage的基础文件夹下的每个存放了特定类型的图像的文件夹名称对应在EachImage.folders的字段编号位置。新版本用不到。
* findIndexOfOriginalImageAtEachScribbledImage.m：寻找涂鸦图像对应的原始图像的位置。
* findIndexOfExprimentFolder：寻找要处理的实验文件夹对应在结构体Results的索引。
* findIndexOfBwImageAtEachOriginalImage：寻找我们的方案中的每个原图的涂鸦图像的分割的二值图在EachImage.<我们的方案的文件夹>里的所有文件的相应字段的位置。
* probabilisticModels：概率模型。
  + GMM：GMM概率模型。
    - EM.m：GMM-EM算法函数。
    - EM\_init\_kmeans.m：k-means初始化GMM函数。
    - EMonlyOneIteration.m：仅实现单步迭代的GMM-EM算法函数。
    - gaussPDF.m：多元高斯PDF计算函数。
    - my\_makeGMMmutil.m：计算GMM模型的函数。
  + SMM：SMM概率模型。
    - SMMEM.m：SMM-EM算法函数。

注解 目前接口部分尚未跟进。现在还不能直接用。

* projects：用于项目的程序。
  + segmentation.m：实现图像分割，并将分割结果输出。
  + evaluation.m：实现图像分割结果的评价，并做相应的可视化。
  + visualizeEvaluation.m：实现图像分割结果评价的综合可视化。
    - 结合 visualizeIndicator.m 函数使用。

* visualization：存放可视化函数。
  + visualizationContours.m：可视化自定义演化模型的轮廓的中间过程

注解 目前接口部分尚未跟进。现在还不能直接用。

* visualizeContours\_ACMandGMM.m：可视化基于[1]的演化模型的轮廓的中间过程。
* visualizeContours\_AMCandGMMtoEq18.m：可视化基于[1]的到式(18)的演化模型的轮廓的中间过程。
* visualizeContours\_CV：可视化基于[4]的演化模型的轮廓的中间过程。

注解 目前接口部分尚未跟进。现在还不能直接用。

* visualizeContours\_DRLSE：可视化基于[2]的演化模型的轮廓的中间过程。

注解 目前接口部分尚未跟进。现在还不能直接用。

* visualizeIndicator.m：可视化计算出来的评价指标生成分析图表的中间过程。

注解 正在完善可视化分析图表的效果

* visualizeBwImage.m：写论文用的可视化程序。

注解 等到以后需要的时候写。

…

* setArgs：存放初始化的函数
  + initSegmentationMethod.m：初始化图像分割方法。
  + setArgsReference.m：设置Args参考值。
  + setCopyImagesArgs.m：设置复制图像的Args。
  + setEvaluationCalculate.m：设置评估计算值。
  + setExtractArgs.m：设置提取的参数。
  + initCopyImagesArgsFirst.m：首次初始化复制图像的参数。
  + initEvaluationCalculateArgsFirst.m：首次评估计算参数。
  + initExtractArgsFirst.m：首次初始化提取图像的参数。
  + initSegmentationArgsFirst.m：首次初始化图像分割参数。

* writeData：存放输出数据函数。

……

* tools：存放一些工具，如标记图工具、文件匹配工具等。

……

* test：测试或者其它无关的程序

……

* 数据文件夹结构

data：存放数据的总文件夹。

* expr系列文件夹：存放历次实验的文件夹。

例如：expr\_seg\_xxx\_30images 表示30张图像在什么项目下的分割实验文件夹。

文件名的第二组参数选项有：“seg”、“analysis”等等。分别用于分割实验、分析实验。

每个子文件夹存储每一个实验在不同阶段的文件。结构如下：

analysis 
calculation 
eva luation 
exportForPaper 
segmentations 
temp 

* segmentations：存放各分割出来的图像的文件夹；
  + 每个文件夹结构如下：
    - Args output 
      bw data 
      bw images 
      diary output 
      evaluation data 
      phi data 
      screen shot 
      seeds data 
      write data 
    - Args output：保存各参数的文件夹
    - bw data：保存二值数据的文件夹（包括每次迭代的二值图）
    - bw images：保存最终分割二值图的文件夹
    - diary output：日志输出
    - phi data：存放嵌入函数的文件夹
    - screen shot：存放截屏的文件夹
    - seeds data：存放标记图的文件夹
    - write data：存放各类输出数据的文件夹
  + <实验文件夹01>：某一次程序运行过程中被生成的文件夹。用于存放该次实验生成的所有数据。
    - Args output：存放实验的输入参数的mat文件。一张图像对应一个文件，生成于程序运行结束之后。
      * <图像名>\_Args.mat
      * ……
    - bw data：存放二值图mat文件。用于分割效果的评价。一张图像对应一个文件，生成于程序运行结束之后。
      * <图像名>\_bwData.mat
      * ……
    - bw images：存放二值图bmp图像。用于可视化。生成于segmentation.m程序运行结束之后。
      * <图像名>\_bwImage.bmp
      * ……
    - diary output：存放由命令行窗口输出的数据作为本次实验日志txt。
      * diary.txt
    - phi data：存放segmentation.m程序运行结束之后，每张图像的嵌入函数的数值mat文件。
      * <图像名>\_phiData.mat
      * ……
    - screen shot：存放程序运行过程中的输出的一系列数据的可视化的figure的jpg截图。用于分析查看。可以选择不输出或者间隔几代输出、或者首代、末代输出并生成文件。
      * <图像名>\_iteration\_<代数>\_screenShot.jpg
      * ……
    - seeds data：存放标记数据。如果有带标记的交互式模型，那么程序运行过程中存放生成的标记数据。
      * <图像名>\_scribble\_<标记编号>\_seeds\_<标记类型编号>.mat
      * ……
    - write data：存放每张图像在程序运行过程中，通过writeData系列函数生成的数据。用于分析查看。可以选择不输出或者间隔几代输出、或者首代、末代输出并生成文件。
      * <图像名>\_iteration\_<代数>\_ExportData.mat
      * ……
      * <实验文件夹02>

……

* calculation：存放已经计算完评估值和做过反转处理的原segmentations里的文件夹；
* evaluation：评估值的文件夹；
* extract：提取用于下一次大实验的文件夹
* analysis：存放用于各类分析的实验组的文件夹
* exportForPaper：存放用于输出到论文的大图展示的文件夹
* temp：临时文件夹
* resources：存放资源的文件夹。该文件夹里面可以有多个子文件夹，分别放不同的图像集合。
  + 各类存放资源的文件夹：<图像库名>\_<图像个数名>
  + 每个子文件夹放置文件如下：
    - init resources：
      * 各初试化方法生成的资源文件夹。文件夹结构如下：
      * Args 
        contour imaqes 
        1 
        Sigma 
        time 
      * Args：存放参数的文件夹
      * contour images：存放初始轮廓二值图的文件夹
      * mu：存放均值的文件夹
      * phi：存放嵌入函数的文件夹
      * prior：存放先验信息的文件夹
      * Sigma：存放方差信息的文件夹
      * time：存放时间信息的文件夹
    - original resources：存放原始资源的文件夹
      * 存放原始资源的文件夹
      * ground truth bw images 
        original images 
        scribbled images 
        seeds 1 
        seeds2 
        seedslmgl 
        seedslmg2 
        seedslndexl 
        seedslndex? 
      * ground truth bw images：存放真值图的文件夹
      * original images：存放原图的文件夹
      * scribbled images：存放标记图的文件夹
      * seeds1：存放前景标记种子的文件夹
      * seeds2：存放背景标记种子的文件夹
      * seedsImg1：存放前景标记种子图像的文件夹
      * seedsImg2：存放背景标记种子图像的文件夹
      * seedsIndex1：存放前景标记种子索引的文件夹
      * seedsIndex2：存放背景标记种子索引的文件夹

1. 程序结构和说明

**环境说明**

程序由 MATLAB®2016a - MATLAB®2017a 破解软件编写。可运行于Windows10 x64系统环境。其它系统环境未测试。如果在存放图像的文件夹存在 系统文件“Thumbs.db”，则程序运行过程会把该文件误作为图像文件，会使得程序运行出错或运行结果不正确。为了防止这个情况，目前的做法是手动修正要运行的图像数量。但是这个方法存在潜在的不安全因素，以后可以改善。也可以网络搜索解决问题的方法。

**主要的程序和函数结构**

主程序存放在文件夹“projects”里面。各个函数放在文件夹“function”里面。以下列出一些主要的程序和函数文件的代码结构，具体见代码注释。其余的见代码注释。

***文件main\_expr1\_.... .m***

1. 用于分割的主程序的说明部分和注意事项部分；
2. 路径设置项、初始全局设置项；
   1. 初始全局设置项：initSegmentationArgsFirst.m
   2. 路径和其它初始化设置项
3. 实验区
   1. 方法1：
      1. 参数设置
      2. 大批处理实验循环
   2. 方法2：
   3. ……

***文件segmentation\_func.m：***

1. 简介部分。
2. 预处理部分。

1. 用户输入不同的演化方法的个性参数：放在程序的switch evolutionMethod之后。有些参数可以放入公共参数区域，但是不同模型可能适合不同参数，因此单独放入个性参数区域中。
2. 构建管理文件夹resource的结构体EachImage 和构建存储历次实验的results文件夹的结构体 Results

参考 这两个结构体的内容参见 结构体数据结构。

1. 实验前准备

包括构建实验文件夹、设置处理每张图像的大循环、设置结构体Pros的内容、设置要处理的图像文件的路径、读取图像、设置初始化轮廓等。

1. 分割图像

根据开始设置的要进行的图像分割模型及其参数，进入相应的模型函数进行分割。在模型函数的运行过程中，又可以调用相应的可视化函数和写文件函数。一次分割用一张图像。

参考 相应的核心算法程序参加下一节。

1. 写出分割结束后的关键数据

一张图像分割完毕，写出最终的分割二值图bmp图像、二值图的mat格式的文件、相应的嵌入函数的mat格式的文件到文件夹 .\data\<实验项目文件夹>\segmentations\<实验文件夹>\bw images\ 里面。

参考 具体参见 程序流和数据流运作方式

1. 循环

程序在 步骤6——步骤8.循环处理所有图像。

***文件evaluation.m***

1. 简介

用于对一批图像用不同的分割算法分割图像并生成相应结果。用于后续分析。程序每次运行调用一种分割算法的给定的一组参数值处理一批图像。

1. 预处理部分。
2. 用户输入初始参数。

Args.num\_scribble：所有待处理的图像的标记总数。由于目前暂时不考虑不同标记对分割效果的影响，而仅仅用一张图像一种标记，因此目前手动设置为1。

Args.numUselessFiles：同前所述，要处理的图像数量。有时候存储图片的文件夹除了有图像文件，还有可能是系统文件，会被误处理，因此需要手动排除无用的文件数量。

1. 构建EachImage和Results结构体
2. 计算评价值

对所有需要参与的算法模型及其全部图像进行批处理，计算评价值，最后将各自的算法模型的评价值结果以.mat的格式存放到 .\results\export data\<实验文件夹>\evaluation data\ 里面。

1. 保存评价结果

将评价结果保存至 .\results\export data\<实验文件夹>\ 的相关子文件夹里面。

参考 具体参见 程序流和数据流运作方式

1. 循环

在 步骤5.——步骤6. 循环处理所有图像

***文件visualizeEvaluation.m***

1. 简介
2. 预处理部分
3. 用户输入初始参数

Args.ouputMode

Args.num\_scribble

Args.isVisual

Args.numUselessFiles

参考 具体见代码注释

1. 构建EachImage和Results结构体
2. 开始评价可视化

调用必要的可视化函数，对相应的指标数据做可视化。在这里，可以有选择性的选择需要的可视化函数，而不是每次都需要重新运行。也可以在这里面自行添加其它可视化方法。

1. 输出结果

**结构体数据结构**

具体效果请运行相应的函数观察。

***Args***

* 作用有二：1.承接用户在程序运行前设置的初始参数；2.标示该次实验的基本属性。不同的主程序设置的字段不一样，具体参见代码里的定义。以segmentation.m里的分割方法ACMandGMM的主要字段说明如下：

evolutionMethod：选择演化模型。详见代码注释。

markType：选择标记类型。详见代码注释。

isNotVisiualEvolutionAtAll：控制程序运行过程中是否完全不可视化和保存结果图。默认'no'。

isVisualEvolution：控制程序运行过程中是否可视化显示结果图，但是最终结果图还是要可视化和保存的。默认'no'。

periodOfVisual：可视化显示结果图的迭代次数周期，即每隔几代显示一次结果图。默认10。

isNotWriteDataAtAll： 程序运行过程中产生的结果数据是否保存，如果是，那么就不保存结果数据，但是最终的二值图图像还是会保存的。默认 'yes'。

isWriteData：程序运行过程中产生的结果数据是否保存，但是最终结果数据还是要保存的。默认'yes'。

periodOfWriteData：写数据的迭代次数周期，即每隔几代保存一次程序运行过程中产生的那一代的数据。默认10。

isVoice： 程序运行过程中是否声音提示，默认 'no'。

outputMode：指定存放这次实验的文件夹的文件名称显示类型。

numUselessFiles：有时候存储图片的文件夹除了有图像文件，还有可能是系统文件会被误处理，因此需要手动排除无用文件的数量。但是此功能有bug。

piType：[1]有两种先验的计算方法。选择一种类型。'1' 表示式子(23)描述的算法，'2' 表示式子(25)描述的算法。

timestep：模型参数：演化步长值。

epsilon：模型参数：狄拉克函数的带宽。

mu：模型参数：概率项权重。

beta：模型参数：长度项权重。

gamma：模型参数：面积项权重。

numIteration\_inner：迭代内循环总数。

iteration\_inner：迭代内循环初始值。

numIteration\_outer：迭代外循环总数。

iteration\_outer：迭代外循环初始值。

isNeedInitializingContourByLSMethod：

initializeType：选择嵌入函数的初始化方式。如果模型不需要用水平集方法初始化轮廓，则该参数无效，即使设置也对程序无影响。

contoursInitValue：初始化轮廓的值。仅对选择了采用水平集方法初始化轮廓有效。

numOfComponents：GMM分枝数。在本算法中=2，分支1表示前景，分支2表示背景，在本方法分枝数就是2，否则这个方法就不是这个方法了。

originalImageName：原始图像名称。

processedImageNmae：要处理的图像名称。

indexOfExperiment：要进行的实验的文件夹的名称。

突出显示 举例：以segmentation.m里的主要字段：

evolutionMethod:'ACMandGMM'

isNotVisiualEvolutionAtAll:'yes'

isVisualEvolution:'no'

periodOfVisual:5

isNotWriteDataAtAll:'yes'

isWriteData:'no'

periodOfWriteData:5

isVoice:'no'

markType:'original'

outputMode:'datatime'

piType:'2'

timestep:0.1000

epsilon:1

mu:1

beta:0.5000

gamma:0

numIteration\_inner:1

iteration\_inner:1

numIteration\_outer:100

iteration\_outer:1

isNeedInitializingContourByLSMethod:'no'

initializeType:'SDF'

contoursInitValue:2

numOfComponents:2

originalImageName:'0\_0\_272.jpg'

processedImageNmae:'0\_0\_272.jpg'

indexOfExperiment:'20170329-132908\_ACMandGMM'

***Pros：***

在程序中存储、传递、输出各种杂项数据，包括重要的路径。作用是在函数参数调用中方便集中传值。不同的主程序设置的字段不一样，具体参见代码里的定义。

***EachImage***

存储resource文件夹里的文件路径等属性。具体结构如下：

folderpath\_datasets：资源文件夹的基础路径

* folders(<index>)：存放各子文件夹的信息，具体如下：
  + 字段：
    - name：文件夹名称

参考 （详见MATLAB函数dir）

* data：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* bytes：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* isdir：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* datenum：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* path：文件夹完整路径
* images(<index>)：存放改文件夹下的图像的信息。
  + 字段：
    - name：文件名称
      * 参考 （详见MATLAB函数dir）
    - data：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* bytes：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* isdir：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* datenum：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* path：文件完整路径
* 元组：
  + 每个图像的信息
* 元组：
  + bwdata：存放某一种分割模型产生的每个图像的二值图mat数据。
  + bwimages：存放某一种分割模型产生的每个图像的二值图bmp数据。
  + contourimages：存放每个图像的初始化轮廓二值图。
  + groundtruthimages：存放每个图像的真值图像。
  + originalImages：存放每个原始图像。
  + scribbledimages：存放每个图像的含原图的初始化标记图像。
* num\_folders：文件夹数量。
* num\_file：数组，每个文件夹里的文件数量。

***Results***

存储results文件夹里的文件的路径等数据。具体结构如下：

* folderpath\_outputBase：文件夹results基础路径。
* num\_experiments：文件夹里实验文件夹数量。
* experiments：结构体。存储各个实验文件夹里的文件的信息。结构如下：
  + 字段：
    - name：实验文件夹名称。
    - data：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* bytes：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* isdir：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* datanum：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* folderpath：实验文件夹完整路径。
* diary：存放日志信息。
* folderpath\_bwImage：文件夹bw images的路径。
* bwImages：结构体，存放文件夹bw images里的文件的信息。结构如下：
  + 字段：
    - name：实验文件夹名称。
    - data：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* bytes：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* isdir：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* datanum：

参考 （详见MATLAB函数dir）

* path：分割二值图的完整路径。
* 元组：
  + 每个二值图图像。
* num\_bwImage：文件夹bw images里的文件数量。
* folderpath\_bwData：文件夹bw data的路径。
* bwData：结构体，存放文件夹bw images里的文件的信息。以下结构类似以上描述的 bwImages 。
* num\_bwData
* phiData
* num\_phiData
* bwImage
* folderpath\_seeds
* seeds
* num\_seeds;
* folderpath\_screenShot
* screenShot
* num\_screenShot
* folderpath\_writeData
* writeData
* num\_writeData
* folderpath\_evaluationData
* evaluationData
* num\_evaluationData
* 元组：
  + 每个实验文件夹的信息

1. 程序流和数据流运作方式

init resources 
init resources 
original images 
NEW 
extract 
extract 
segmentations 
caculation 
evaluation 
analysis 
evaluation 
analysis 
caculation 
original images 
resultpic exportForPaper 

1. 上图展示了实验流程。一个实验项目中，各实验阶段的走向和各文件夹数据流向。

图分为上下两部分。上半部分表示图像提取前的实验阶段，下半部分表示图像提取后的实验阶段。同一个实验项目中，可以多次提取图像，因此可以有多个图像提取后的实验阶段。

1. 黑色线表示**图像分割阶段**。
2. 红色线表示分割完之后的**计算评估阶段**。
3. 蓝色线表示**分析阶段**。
4. 黄色线表示**提取文件用于分析和生成图片墙的图片的阶段**。
5. 绿色线表示**提取文件用于下一次分割的阶段**。
6. 青色线表示**生成图片墙阶段**。

1. 文件夹所在存储位置：
   * original images：“.\data\resources\<图像集名称>\original resources\”；
   * init resources： “.\data\resources\<图像集名称>\init resources”；
   * segmentations： “.\data\<实验文件夹名称>\segmentations”；
   * caculation： “.\data\<实验文件夹名称>\caculation”；
   * evaluation：“.\data\<实验文件夹名称>\evaluation data”；
   * analysis： “.\data\<实验文件夹名称>\analysis”；
   * extract： “.\data\<实验文件夹名称>\extract”；
   * exportForPaper: “.\data\<实验文件夹名称>\exportForPaper”；
2. 各实验阶段处理：
   * *图像分割阶段：最重要的阶段。该阶段对图像进行分割处理，生成结果。*
     1. 预处理（如果是第一次使用或者打开MATLAB，则执行该步骤）：
        1. 把MATLAB程序压缩包解压到自定义文件夹里。
        2. 打开MATLAB。手动把文件夹“ACM”设为当前文件夹。手动将里面的文件夹 functions”、“projects”及其子文件添加入路径。或者运行start.m文件实现将此三个文件夹及其子文件夹添加入路径。
     2. 运行图像分割程序：
        1. *打开文件夹“projects”的需要做批处理的项目的m文件。*
        2. *如果有必要，可以进行手动设置初始化。*
           1. 在文件“.\data\functions\setArgs\”中，文件initSegmentationArgsFirst.m用于初始化图像分割的初始参数。
           2. 在文件“.\data\functions\setArgs\”中，文件initSegmentationMethod.m用于设置图像分割指定方法的参数。
        3. *打开main\_expr... .m文件；*
        4. *设置相应参数，点击运行；*
           1. 每运行一次对某算法模型的分割图像的程序，都会调用如下文件：

“.\data\resources\...\original images\”里存放原始图像集合。

“.\data\resources\...\<待处理的图像文件夹>\”里的文件。待处理的图像根据实验需要，可以用 original images 里的原始图像，或者标记图像 scribbled images 里的图像。

“.\data\resources\...\init resources\<初始化方法文件夹>\contour images\”里存放初始化的分割结果的二值图bmp图像。

* + - * 1. 程序结束之时，将生成相应的结果文件夹作为实验结果。存放在文件夹“.\data\<某次实验文件夹>\segmentations\<分割方法文件夹>\”里面。会生成：

Args output：存放每个图像的Args参数。

bw data：每张图像的最终二值图.mat数据。

bw images：每张图像的最终二值图.bmp图像。

diary output：该实验的日志文件txt。

phi data：每张图像嵌入函数.mat格式的图像。

screen shot：每张图像的中间代数的详细可视化截图.jpg。此项在程序中是可选项。

seeds data：带标记的中间数据.mat。只有处理标记图像的时候生成。

write data：每张图像的中间代数的详细输出数据。此项在程序中是可选项。

关键 注意文件夹“.\data\resources\<图像集>”当中会被调用的图像集合里的文件名称及其文件内容要能够一一正确对应。否则实验结果要出差错。要做到以上要求，需要在做实验的时候，设计好需要处理的图像集合放在相应的文件夹下。

1. *程序会对已有original images、init resources文件夹里的文件提取相应图像做分割；*
2. *分割结果存放在segmentations文件夹中；*
3. *计算评估阶段：统计、计算分割结果的指标*
   1. 打开main\_calcEvaluation\_... .m文件；
   2. 根据是否有监督和无监督，分别设置参数和批处理模式，点击运行；
   3. 程序会对segmentations文件夹中已有的各方法根据需要进行评估，在这当中，主程序将调用如下文件：
      * “.\data\resources\<图像集>\original resources\ground truth bw images\”
      * “.\data\<实验项目>\segmentations\<实验文件夹>\bw images\”里的每张图像的最终二值图bmp图像。”
   4. 程序结束之时，会在文件夹 .\results\export data\<实验文件夹>\evaluation data\ 生成jaccardDistance.mat 等评价结果文件：

关键 注意 文件夹.\resources\datasets\里的每个会被调用的子文件夹里的图像文件等 要和 文件夹.\results\export data\<每个实验文件夹>相应要调用的子文件夹里的图像集合里的文件名称及其文件内容要能够一一正确对应，而且每个实验文件夹里的文件名称及其文件内容也要求能够意义正确对应。比如要比较评价的图像内容要一一对应，不同分割算法模型处理的图像集合要能够一致，否则，举个例子，如果不同分割算法模型处理的图像根本就不一样，那么不仅程序运行可能出错，而且评价结果也是错的。

关键 要做到以上要求，需要在做评价的时候，要选取处理了同样的图像集合的算法模型的实验文件夹的结果作为评价比较的数据。这个需要通过在程序外手动设置。或者借助辅助工具设置。

1. *分析阶段：对分割结果的指标做进一步分析，生成相关图表*
   1. 将要用于分析的方法对应的文件夹从caculation文件夹复制到evaluation文件夹；
   2. 打开evaluationAnalyse.m文件；
   3. 设置相应路径参数，点击运行；
   4. 程序会对evaluation文件夹中已有的各方法根据需要进行分析；

注解 该步骤里的函数的具体代码需要根据灵活的分析需求和可视化需求不断增删改的。

1. 生成的分5析结果图表保存在“…\analysis\<分析项目名称>\evaluation\_<初始化方法>\_<日期>\”文件夹中；
2. *提取文件用于分析和生成图片墙的图片的阶段：对需要专门用于分析或者生成图片墙的图片单独提取出来的过程。*
   1. 将要提取的original images从总的图像库选中复制到“…\extract\<提取项目名称>\”当中；
   2. 建立新的实验项目文件夹，命名为<新的实验项目文件夹\_analysis>，放置于“.\data\”当中；
   3. 打开 .\tools\copyImgRelatedWithExtractedOriginalImg\_func.m ，设置分析模式Args.mode='1'、相关路径、其它参数，点击运行；
   4. 程序会生成相应结果，保存在第2步建立的新实验项目文件夹中；
3. *提取文件用于下一次分割的阶段：对需要专门用作下一次分割的图片单独提取出来的过程。*
   1. 将要提取的original images从总的图像库选中复制到“…\extract\<提取项目名称>\”当中；
   2. 建立新的实验项目文件夹，命名为<新的实验项目文件夹\_seg>，放置于“.\data\”当中；
   3. 打开 .\tools\copyImgRelatedWithExtractedOriginalImg\_func.m ，设置分析模式Args.mode='2'、相关路径、参数，点击运行；
   4. 程序会生成相应结果，保存在第2步建立的新实验项目文件夹中；
4. *生成图片墙的阶段：对指定图片集及其相关文件生成相应的图片墙，用于观察和放置于论文中。*
   1. 将要提取的original images从总的图像库选中复制“…\extract\<提取项目名称>\”当中；
   2. 打开visualizeImagesForPaper.m，设置分析模式、输出路径、相关参数，点击运行；
   3. 程序会生成相应图片墙的大图，保存在“…\exportForPaper”文件夹；
5. 其它步骤

建议在数据文件夹外自行设置候补文件夹（比如candidate文件夹）用于放置以下或更多内容：

* 值得收藏的实验结果
* 不同需求的图像数据相关资源
* 暂时不需要的实验结果等
* 以前的实验结果等
* 更多其它的内容……

1. 总结与注意事项

由于程序框架经过版本改动。目前完成改动的相应的分割图像主要一些函数和功能。一些不太重要的功能的程序还停留在旧的框架接口部分未衔接到新版本框架，还不能用。

对于指标评价，我们目前尚未引入ROC曲线。因为该指标引入可能涉及到需要程序另外生成一些其它结果数据才能计算该指标，因此，为了节省时间，等到以后有需求，再添加该指标。

程序编制过程中，经过几次大改动。

里面有不少程序来自他人的外来程序，对提供这些程序的人们表示感谢。

程序和说明文档如有不当之处，望不吝指正。

1. 附件
   * 文件流说明.mmap

<<文件流说明.mmap>>

* 算法说明：

参考 见其它相关文档

* 程序代码和数据

参考 见压缩包ACM