

北京理工大学

本科生毕业设计（论文）

学    院： 计算机学院

专    业： 软件工程

班    级： 08111606

姓    名： 曹俊焱

指导教师： 宋 红

2020 年 3 月 15 日

## 摘 要

医学图像分割是医学图像分析的一个重要研究方向。它在病理分析、临床诊断、动态手术计划、计算机辅助医学等方面具有广泛的研究意义和应用价值。胰腺是位于腹部内部的一种软组织器官，缺乏有形器官的固定形态，且与周围重要的结构和组织密切相关。胰腺的自动分割与识别研究对医生的诊断和手术方案的确定具有重要的参考价值。通过图像处理、深度学习等领域的方法，实现对 CT、MRI 等医学影像中胰腺的识别及自动分割，对胰腺疾病的诊断、预防和治疗具有重要意义。

基于上述需求，本课题搭建了胰腺图像自动分割系统。本文基于 Python 的科学计算软件包和 Pytorch 深度学习框架，使用 FCN-8s 基准网络搭配预训练的 VGGNet-16 预训练模型，采用 Coarse-to-Fine 的方法实现对胰腺图像的自动分割，利用 Tkinter 搭建系统界面，构建一个能够对腹部 CT 图像进行胰腺器官自动切分的智能系统。本文主要完成了以下工作：对腹部 CT 图像进行预处理与数据增强、搭建 FCN-8s 和 RSTN 深度学习网络、输入图像数据利用网络训练能够对胰腺进行自动分割的模型、实现胰腺图像的分割获取和可视化。

**关键词：**胰腺分割；由粗到精

## Abstract

Medical image segmentation is an important research direction in medical image analysis. It has extensive research significance and application value in pathological analysis, clinical diagnosis, dynamic surgical planning, computer-aided medicine, etc. The pancreas is a soft-tissue organ located in the abdomen. It does not have the fixed form of tangible organs and is closely connected to its surrounding important structures and tissues. The study of automatic pancreas segmentation and recognition has important reference value for doctors to diagnose diseases and make surgical plans accordingly. Recognition and automatic segmentation of the pancreas in medical images such as CT and MRI through image processing, deep learning and other fields are of great significance for the diagnosis, prevention and treatment of pancreatic diseases.

Considering the needs mentioned above, this subject builds an automatic pancreas image segmentation system. This paper is based on Python's scientific computing software package and Pytorch deep learning framework, using FCN-8s benchmark network with pre-trained VGGNet-16 pre-training model, Coarse-to-Fine method to achieve automatic segmentation of pancreas images, and Tkinter to build System interface to build an intelligent system that can automatically divide pancreatic organs from abdominal CT images. This article mainly fulfills the following tasks: the preprocessing and data enhancement of abdominal CT images, building FCN-8s and RSTN deep learning networks, input image data using network training models that can automatically divide the pancreas, and achieving pancreatic image segmentation acquisition and Visualization.

**Key Words:** Pancreas Segmentation, A Coarse-to-Fine Approach

## 目录

摘 要.....	I
<b>Abstract</b> .....	II
第 1 章 绪论.....	1
1.1 课题研究目的和意义 .....	1
1.2 国内外研究现状及发展趋势 .....	2
1.2.1 传统胰腺分割方法.....	2
1.2.2 基于卷积神经网络的胰腺分割.....	3
1.3 研究内容和主要工作 .....	5
1.4 论文组织结构 .....	5
第 2 章 胰腺分割算法实验平台搭建及数据集处理.....	6
2.1 相关的开发平台、技术介绍 .....	6
2.1.1 开发平台 Anaconda 与 Jupyter Notebook.....	6
2.1.2 深度学习框架 Pytorch .....	7
2.2 开发环境搭建 .....	8
2.2.1 算法实现环境介绍.....	8
2.2.2 算法实现环境搭建.....	8
第 3 章 基于 Coarse-to-Fine 方法的胰腺分割.....	9
3.1 方法结构 .....	10
3.1.1 数据预处理.....	10
3.1.2 基准模型框架.....	11
3.1.2 基于 Coarse-to-Fine 任务实现.....	13
3.2 实验结果与分析 .....	13
3.2.1 数据集.....	13
3.2.2 实验分析.....	14
3.3 本章小结 .....	15
第 4 章 胰腺图像自动分割系统实现与测试.....	15
4.1 系统需求分析与总体设计 .....	16
4.1.1 系统需求分析.....	16
4.1.2 系统整体设计.....	20
4.2 系统详细设计 .....	24
4.2.1 开发环境搭建.....	24
4.2.2 系统详细设计.....	24
4.3 系统测试运行 .....	28
4.3.1 “打开”功能.....	28
4.3.2 “识别”功能.....	29
4.3.3 “查看”功能.....	30
4.3 本章小结 .....	30
第 5 章 总结与展望.....	32
5.1 总结 .....	32
5.2 展望 .....	33

参考文献.....	34
-----------	----

## 第 1 章 绪论

### 1.1 课题研究目的和意义

近年来,随着经济繁荣发展,人们的生活水平不断提高,生活节奏越来越快。在高强度、高压力的工作条件下,人们的健康问题越来越明显。越来越多的人睡眠不规律,饮食不健康,癌症的发病率越来越高。值得庆幸的是,随着科技的发展,医疗服务得到了很大的改善,医学影像成像技术得到了发展和广泛的应用,医学成像系统和医学影像处理技术给医生的病症诊断工作提供了很大的帮助。通过计算机断层扫描(Computed Tomography, CT)、核磁共振成像(Nuclear magnetic resonance imaging, NMRI)、正子发射断层扫描(Positron emission tomography, PET)等先进的医疗成像设备获取到人体各组织结构影响,再结合医学影像处理技术进行三维重建,为医生提供完整全面的解剖图像,给医生的手术方案提供技术支撑和指导。通过医疗影像诊断为临床医疗诊断提供重要参考指标,然而,医学影像技术的广泛应用,加重了临床医生的负担。不同患者间的差异性要求医生具有更丰富的临床经验,以做出准确的诊断。因此,计算机辅助诊断(Computer Aided Diagnosis, CAD)技术的发展也得到持续的关注,相关技术也得到了更深层次的研究。本课题针对腹部 CT 图像中的胰腺分割算法展开了研究。

胰腺是仅次于肝脏的第二大消化腺,位于胃后部,横向贴附于腹后壁 1-2 腰椎体平面。它由外分腺和内分泌腺两个部分组成,质地柔软,体积很小,呈灰红色,缺乏有形器官的固定形态,是人体重要的消化器官之一。胰腺的健康与人体健康密切相关。不规律的饮食习惯容易诱发各种疾病,其中胰腺癌最为严重。胰腺癌发生于腹部胰腺,是最常见的恶性肿瘤,死亡率最高。胰腺癌的五年存活率是所有癌症中最低的,仅为 9%<sup>[1]</sup>。胰腺癌的发病率几乎等于死亡率。换句话说,只要病人被诊断为胰腺癌,就意味着死亡。早期胰腺癌可以通过临床手术治愈,但是由于胰腺体积小、无固定形状及胰腺癌发病隐匿,给胰腺癌的早期诊断带来困难,通常被发现时已经处于胰腺癌晚期阶段,病人已经错过手术治愈的最佳时期,即使进行了手术和化疗,病情仍会继续恶化。因此,早期诊断和治疗是改善胰腺癌预后的关键。CT 图像是临床检测中应用最广泛的图像。准确的胰腺切分对早期胰腺癌的诊断具有重要

意义。然而，目前的胰腺分割方法步骤复杂，精度较低。因此，研究高效、准确的胰腺分割方法具有重要意义。

近些年，由于深度神经网络的快速发展，我们见证了医学图像分析和计算机辅助诊断的迅速进展。人工智能技术已成功地应用于医学图像分析，缩短医生诊治疾病的时间，提高诊断的准确性，计算机辅助系统的重要性与日俱增。研究 CT 图像中的胰腺切分算法，旨在更好的协助医生的诊断治疗工作。然而，深度学习高度依赖于数据，分割结果往往需要大量数据训练才能获得良好的性能。与自然图像相比，医学图像获取困难，样本量较小，不同设备获取的医学图像也存在很大差异，医学数据的质量因人体的差异而不同。此外，医学图像分析与患者的生命健康密切相关，对算法的性能也提出了更高的要求。

## 1.2 国内外研究现状及发展趋势

在计算机辅助诊断(CAD)系统中，胰腺图像分割对糖尿病患者的定量成像分析或胰腺癌检测非常有效，计算机辅助诊断作为辅助医师的工具得到了广泛的研究。自动分割是 CAD 系统的一个重要前提。然而，由于靶器官体积小、解剖变异性高，同时周围器官组织复杂，甚至会与其他器官交织在一起，导致了胰腺分割困难和准确率不高的问题。这些特点使得研究人员很难使用单一的算法实现胰腺的高精度自动分割。因此，为了分割胰腺，研究人员通常需要在胰腺分割前进行各种预处理。在这一过程中，经常会结合多种分割、分类方法。目前的胰腺分割方法大致分为两类：传统的胰腺分割方法和基于卷积神经网络的胰腺分割方法。

### 1.2.1 传统胰腺分割方法

在本文中，传统的胰腺分割主要是指使用超像素算法，区域增长算法，图切算法和基于统计模型的算法来实现胰腺分割。其中，图算法和统计形状模型算法被研究人员广泛使用。文献<sup>[2,3]</sup>提出了一种基于交互式的胰腺分割方法。首先，利用训练集建立胰腺模型概率图谱(probabilistic atlas, PA)，在测试过程中，医生给出种子点，然后使用 graph cut 对胰腺概率图谱的加权图像迭代分割，最后得到分割结果。Oda 等人<sup>[4]</sup>先利用回归森林得到包含胰腺的粗略边界框，提取出 VOI，基于能反映胰腺周围血管位置和方向信息的新的图像相似度，生成患者特异性概率图谱，然后通过 EM 算法进行粗略分割，再使用 graph cut 细化上一步分割结果，最终达到分割胰腺的目

的。Farg 等人<sup>[5]</sup>先利用 SLIC(simple linear iterative clustering)算法将图像分割成多个超像素区域,然后对这些密集图像块进行标记,得到胰腺概率模型,然后利用随机森林结合灰度和概率特征的对图像进行分类,最后对联通区域进行分析,以得到最终的分割图像。Karasawa 等人<sup>[6]</sup>利用地图集算法先提取胰腺 VOI,再提取血管,之后在经过图谱配准的图像上根据血管位置定位、分割胰腺。在上述文献中,图谱或者统计模型算法都起着重要的作用,也有一些算法没有使用统计模型。Jain 等人<sup>[7]</sup>先通过 Fast Marching Method(FMM)算法获取胰腺的大致边界,然后使用 Distance Regularized Level Set Method (DRLSM)算法实现胰腺的半自动分割。Dmitriev 等人<sup>[8]</sup>先由用户提供 ROI 区域并对初始种子点分割,然后采用区域生长法进行粗略分割,最后使用随机游走算法细化分割结果,实现囊性胰腺的分割。

### 1.2.2 基于卷积神经网络的胰腺分割

在过去的几年里,深度学习的迅速发展给医学图像分析带来了一场革命,最成功的方法是基于卷积神经网络,这是一种学习复杂数据分布的层次模型,基于卷积神经网络的胰腺分割方法得到了广泛的应用。与以往的方法相比,该方法能够实现自动分割,且分割精度有了很大提高。

卷积神经网络分为二维分割网络和三维分割网络。二维分割网络包括:全卷积神经网络 (Fully Convolutional Networks, FCN)网络<sup>[9]</sup>、2D Unet 网络<sup>[10]</sup>等;三维分割网络包括:3D Unet 网络<sup>[11]</sup>、Vnet 网络<sup>[12]</sup>等。在端到端的语义分割(FCN<sup>[13]</sup>、U-Net<sup>[14]</sup>)出现之前,主要通过分类模型提取特征,然后进行后续处理,然后再进行端到端的胰腺分割。Farg 等人<sup>[15]</sup>利用超像素算法将图像分成不同的超像素区域,然后提取直方图、位置和纹理特征作为随机森林分类标记,大面积超像素区域采用 DNN 分类标记得到概率分布图,然后采用级联随机森林分类实现胰腺分割。Roth 等人<sup>[16]</sup>通过 SLIC(simple linear iterative clustering)将整个图像分割成多个超像素区域,利用两个级联的随机森林分类器形成概率响应图,然后只保留概率大于 0.5 的超像素区域,最后用 CNN 对这些超像素区域进行分类,实现胰腺分割。Roth 等人<sup>[17]</sup>将整个图像分割成多个超像素区域,通过 SLIC 形成候选区域,然后 P-ConvNet 和最近邻融合处理候选区域并形成稠密标签,再通过 R-ConvNet 将上下文区域实现分割。曹正文等人<sup>[33]</sup>利用超像素算法对图像进行初始分割,依据初始分割结果对图像进行映射降维,得到腹部视觉概要图像,再将概要图像与超像素位置信息输入到 U-Net,以获得最终的分割结果。Oda 等人<sup>[18]</sup>使用 3D-FCN 进行特征提取,然后利用回归森林对提取的特征进行定位,生成胰腺概率图,再利用 graph cut 实现胰腺分割。



在文献<sup>[19,20,21]</sup>中,首先使用 FCN 对图像进行初始分割,然后用初始分割得到的概率图对图像进行加权处理,最后用 FCN 对加权后的图像进行分割,得到最终分割结果。Roth 等人<sup>[22]</sup>利用 Holistically-Nested Networks(HNN),通过空间聚合将内部和边界线索结合起来,得到胰腺的端到端分割结果。Gibson<sup>[23]</sup>使用具有密集跳跃连接的空洞卷积网络来处理胰腺图像,并在最终分割单元中添加空间先验映射图来实现胰腺分割。Zhu 等人<sup>[24]</sup>利用 3D U-Net 进行粗分割,得到包含胰腺的 3D 矩形盒,然后利用定位后的胰腺矩形盒中的图像再次进行 3D U-Net 精细分割。Heinrich 等人<sup>[25]</sup>在 CT 图像中选择提取 VOI,然后利用基于二进制的稀疏变化的 BRIEF net 实现胰腺分割。Roth 等人<sup>[26]</sup>首先用 3D-FCN 获得所有腹腔器官区域作为候选区域,然后再用 3D-FCN 从候选区域内分割胰腺。Cai 等人<sup>[27]</sup>在常规卷积神经网络的基础上,加入长短期记忆 (LSTM)网络,结合 CT 序列的上下文信息,利用 jaccard loss 作为分割的 loss,得到胰腺分割模型。Fu 等人<sup>[28]</sup>在每个 CNN 块都生成分割概率图,然后融合概率图得到最大的联通区域,最后从原始图像中分割出胰腺。Roth 等人<sup>[29]</sup>使用超像素和随机森林定位,然后使用 HNNnet 图像和边界进行分割,得到冠状面、矢状面、横断面三个方向的分割结果,最后聚集各方向分割结果获得最终的胰腺分割结果。Roth 等人<sup>[30]</sup>先使用随机森林回归算法提取胰腺 VOI,然后用 3D U-Net 对胰腺进行分割。Roth 等人<sup>[31]</sup>还采用了从粗到细(coarse-to-fine)的分割方法,采用两个 3D U-Net 分别进行初始分割和精细分割,获得最后的分割结果。Chen 等人<sup>[32]</sup>设计了一种新的网络结构 DRINet,使用常规卷积和空洞卷积对每个输入同时提取特征并融合,同时对上采样层的输入采用反卷积层和空洞反卷积层,然后进行特征融合,从而用这种网络结构实现胰腺分割。

存在问题:腺体小,在 CT 图像中面积占比小,形状可变。同时,周围的器官非常复杂,甚至与其他器官缠绕在一起,这让胰腺分割成为一个巨大的挑战。当前,基于传统分割算法的胰腺分割算法,虽然与以往基于人工规则的系统相比,显示出很大的优势,但对于处理复杂问题,却显示出特征学习能力不足、维数灾难、易陷入局部最优等缺点,通常需要对数据预处理以实现分割。卷积神经网络具有良好的特征学习能力,能够学习更抽象、更高维的特征。许多研究结果表明,深度学习的胰腺图像分割准确率已经超越了传统方法<sup>[15]</sup>,但分割的准确性仍然不高。在胰腺只占整个 CT 区域很小的一部分(例如小于 5%)的情况下,深度神经网络会被背景区域

所分散，背景区域占了网络输入体积的很大一部分。因此，准确，高效的胰腺分割算法仍是研究的趋势。

### 1.3 研究内容和主要工作

本课题的主要任务是实现胰腺自动分割系统。本课题的主要研究内容是：研究分析现有的胰腺分割方法，研究并实现医学图像中的胰腺分割算法。

本课题研究主要工作如下：

1. 本研究通过查阅国内外关于医学图像分割的相关文献，研究和分析现有的胰腺分割方法和技术，了解当前医学图像中胰腺器官分割领域的主要分割方法，以及不同分割算法在胰腺分割中的医学图像表现，最终确定采用由 coarse-to-fine 的分割方法进行腹部 CT 图像中的胰腺分割为主要研究方向。
2. 完成腹部 CT 图像处理，实现数据预处理。数据预处理主要是对 CT 图像进行阈值截断、纬度信息切分等操作。
3. 研究卷积神经网络相关知识，选择预先训练的模型，建立卷积神经网络，实现系统核心算法，完成对卷积神经网络所需的平台和环境的了解、搭建工作。
4. 通过查阅该领域的研究成果和研究进展，结合之前的工作内容，对网络的性能进行评估，与已有的胰腺分割算法进行分析比较。
5. 实现胰腺自动分割系统的设计与实现，集成网络的训练模型，方便用户的可视化使用。

### 1.4 论文组织结构

本文由四个章节构成。第一章，即本章节主要介绍了目前医学图像中胰腺分割的研究背景和意义，随后介绍了胰腺分割目前的研究现状及存在的不足，最后简述了本文的主要研究内容和课题任务。

第二章介绍了本论文使用的算法所需的开发平台、相关技术，并介绍了开发环境的搭建。

第三章介绍了提出的胰腺分割方法——基于 Coarse-to-Fine 的胰腺序列分割，针对形态多变、腹部面积占比小等问题研究探讨了一种由粗到精的胰腺分割方法，该方法利用胰腺初始分割，定位出序列图像中胰腺的大致 ROI 区域，再经过细尺度模型的迭代分割 ROI 区域中的胰腺。

第四章介绍了智能分割系统的开发流程，对课题研究内容展开需求分析，对系统进行概要设计，根据概要设计对系统进行详细设计，对系统进行开发测试。系统开发流程按照瀑布式开发展开，从确定需求到详细设计以及系统运行测试整个过程逻辑清晰明了。

## 第 2 章 胰腺分割算法实验平台搭建及数据集处理

本章主要对研究实验中的前置准备工作进行介绍，包括研究所采用的深度学习框架、系统环境依赖以及数据集的预处理等相关知识。首先，对实现相关算法所需的开发平台、技术和所采用的深度学习框架进行介绍；最后搭建实验研究所需的深度学习环境和框架；

### 2.1 相关的开发平台、技术介绍

#### 2.1.1 开发平台 Anaconda 与 Jupyter Notebook

Anaconda 是一个基于 Python 的发行版本，主要是针对 Python 和 R 语言开发的一个科学集成的开发平台，旨在帮助数据科学等相关研究者方便、快捷地管理开发环境及系统依赖。目前，Anaconda 应用领域遍及人工智能、科学计算、Web 开发、系统运维、大数据及云计算、金融、游戏开发等，其包含了 conda、Python、numpy 等 180 多个科学包及其依赖项，通过对库的引用，实现对不同领域业务的开发。可以便捷获取依赖包且对依赖包进行管理，同时对环境实现统一管理。通过 Anaconda 附带的 conda 包管理工具，开发人员可以在计算机中便捷地创建、保存、加载和切换环境，处理不同项目下对软件库甚至是 Python 版本的不同需求。

Jupyter Notebook 是一个开源的基于网页形式的交互计算应用程序，允许用户创建和共享包含代码、方程式、可视化和文本的文档。其应用领域包括：数据清理和转换、数值模拟、统计建模、数据可视化、机器学习等。Jupyter Notebook 支持超过 40 种编程语言，且通过 Python、R、Scala 编程语言使用 Apache、Spark 等大数据框

架工具，实现大数据应用整合，支持使用 `pandas`、`scikit-learn`、`ggplot2`、`TensorFlow` 来对同一份数据进行探索。用户可以在文档中随时编写代码和运行代码，代码可以生成丰富的交互式输出，包括 `HTML`、图像、视频、`Latex` 等。使用 `Jupyter Notebook` 创建的文档，支持使用电子邮件、`Dropbox`、`Github` 和 `Jupyter Notebook Viewer` 与他人实现共享和协同开发。

使用 `Jupyter Notebook` 的便捷之处在于：支持 `Anaconda` 的多环境选择，编程人员对于代码的运行环境可以自由选择，解决了编程开发的依赖冲突问题；具有良好的扩展性，支持语法高亮、自动缩进、代码补全等功能，编程人员可通过网页形式的编程开发，实现服务端编程及运维操作；对编程过程中的文档编写具有良好的支持，支持 `Markdown`、`Latex`、`HTML` 等多种形式的文档编写，通过笔记共享，对协同开发提供有力保障。

`Anaconda` 和 `Jupyter Notebook` 已成为数据分析的标准环境。使用 `Anaconda` 进行包管理和环境管理，而 `Jupyter Notebook` 可以将数据分析的代码、图像和文档全部组合到一个文档中，以 `Web` 形式展开。

### 2.1.2 深度学习框架 Pytorch

`Pytorch` 是一个基于 `Torch` 的 `Python` 开源机器学习库，用于自然语言处理等应用程序。它是一个拥有大量机器学习算法支持的科学技术框架，是一个与 `numpy` 类似的张量(`Tensor`)操作库，其特点是十分灵活。`Pytorch` 提供了具有强大的 `GPU` 加速的张量计算以及包含自动求导系统的深度神经网络。

在以往的 `Tensorflow`、`Caffe` 等其他深度学习框架中，采用的都是命令式的编程语言，仅支持静态图。首先必须构建一个神经网络，然后一次又一次使用同样的结构，如果想要改变网络的结构，就必须从头开始。而 `Pytorch` 通过反向自动求导技术，实现零延迟地改变任意神经网络，在 `Pytorch` 的每一次前向传播（每一次运行代码）都会创建一副新的计算图。且在目前的深度学习框架中，`Pytorch` 提供的实现是最快的，能够为研究人员提供最高的学习速度和最佳的灵活性。相对于其他的深度学习的框架，它能够让开发人员在尽量短的时间内得到实验结果，从而判断研究思路是否具有意义。由于 `Pytorch` 的设计思路是线性的、直观且易于使用的，`Pytorch` 对于代码的执行是顺序的，这给开发人员在代码调试方面带来了极大的简便，不会因为错误的指向或者异步和不透明的引擎浪费太多的时间。

## 2.2 开发环境搭建

### 2.2.1 算法实现环境介绍

- 1) 软件环境：
  - a) 操作系统：Ubuntu 18.04.4 LTS
  - b) 开发平台：Anaconda 4.8.2、Jupyter Notebook、Vim 8.0.1453
  - c) 开发语言：Python 3.7.6
  - d) 运算平台：CUDA 10.1
  - e) 深度学习加速库：CuDNN 7.6
  - f) 深度学习网络框架：Pytorch 1.4.0
- 2) 硬件环境：
  - a) CPU：Intel(R) Xeon(R) CPU E5-2670 v3 @ 2.30GHz
  - b) GPU：GM204GL Quadro M5000
  - c) 内存：64G

### 2.2.2 算法实现环境搭建

#### 1) Anaconda 平台

Anaconda 是一个开源的 Python 发行版本，包含了 conda、Python 等 180 多个科学包及其依赖。根据本实验的需要，使用 Anaconda 附带的 conda 创建 Python 版本为 3.7 的虚拟环境，并安装实验所需的 numpy、pillow 等依赖包。以下为实验过程中 Anaconda 常用命令表(表 2-1)：

表 2-1 Anaconda 常用命令表

命令	操作
<b>conda/pip install &lt;package&gt;</b>	安装依赖包
<b>conda/pip uninstall &lt;package&gt;</b>	卸载依赖包
<b>conda create -n &lt;env&gt; python=x.x</b>	创建 Python 版本为 x.xde 虚拟环境
<b>conda activate &lt;env&gt;</b>	激活虚拟环境

<code>conda deactivate &lt;env&gt;</code>	退出当前虚拟环境
---	----------

## 2) Pytorch1.4.0 安装

Pytorch 目前提供了 conda、pip、source 三种安装方式，同时也可以根据有无 GPU 进行 CUDA 安装。由于 conda 的镜像源在国外，本实验使用 conda 安装 Pytorch 使用了清华 TUNA 镜像源。由于 Pytorch、CUDA 和 CuDNN 之间的版本依赖问题，需要注意可能引起的版本冲突、不兼容等问题。

- a) 根据 Pytorch 官方安装文档，确定实验使用的主机硬件配置和计算机操作系统版本达到要求；
- b) 确认 conda 创建的 Python 版本为 3.7 的虚拟环境正常可用；
- c) 安装 CUDA：CUDA Toolkit 是 NVIDIA 公司针对 GPU 运算的基础工具包，是显卡计算的核心驱动工具。根据官方文档选择合适的版本进行安装，确认正常可用；
- d) 安装 CuDNN：CuDNN 是用于深度神经网络的 GPU 加速库，可以实现 GPU 上的高性能现代并行计算。根据自身硬件版本和 CUDA 版本，在官网下载 7.6 版本，解压复制到 CUDA 安装路径下对应文件夹。

至此，该研究所需的基本环境已全部搭建完成。

## 第 3 章 基于 Coarse-to-Fine 方法的胰腺分割

胰腺分割在医学图像分析中有着重要的意义，它是对胰腺疾病分析、辅助诊断、治疗和评估的基础，有着重要的研究意义。基于卷积神经网络的图像分割方法已广泛应用于医学 CT 扫描图像的器官自动分割领域。然而，对一些形态较小的靶器官的分割精度有时不令人满意，这可能是因为深度神经网络容易被占输入体积很大一部分的复杂多变的背景区域所干扰分散，破坏学习过程。本章详细介绍了本课题采用的基于 Coarse-to-Fine 的增强 CT 胰腺分割算法。该算法包括图像预处理和分割两个

阶段。在预处理部分，本章根据 DICOM 图像的相关信息，将图像转换为 NIFTI 图像，并提取图像中的图像矩阵信息进行保存，以此来统一样本数据和标签数据的对比和减少除训练要素相关外的其他信息引起的格式差异。在分割部分，构建了以 FCN-8s 网络为基线的粗略分割和精细分割模型，利用粗略分割模型分割出包括胰腺在内区域，再进行精细分割，从而提高胰腺分割性能。本章对 Coarse-to-Fine 分割方法进行研究探讨，并搭建相关模型网络进行模型训练，实验的胰腺分割精度结果与当前主流分割算法进行效果评估。

### 3.1 方法结构

本章算法先对 CT 图像进行预处理，然后使用基于 FCN 的粗略分割模型分割预处理后的图像，再对初步分割结果进行精细分割，获取分割结果，整个实验过程如图 3-1 所示。



图 3-1 本文方法示意图

#### 3.1.1 数据预处理

根据本课题的研究对象，考虑到靶器官在 CT 图像中占比小，大量的背景区域输入会使得网络分散，预处理将选取感兴趣的器官组织区域。CT 扫描数据采用三维体的形式，而不是二维图像，对于采用 2D 或是 3D 的数据形式进行训练，对模型的结果评估有着较大的影响。直接使用 2D 网络处理 3D 形式的数据将会忽略掉切片之间的潜在联系，而 3D 模型的计算开销较大，对主机性能要求

过高。本课题采用了一种比较高效的数据预处理方式以进行 2D 网络上的模型训练。

### 1) 对数据集进行阈值截断、归一化

由于胰腺的占比区域小，与周围组织器官缠绕，在大量无关背景区域信息的输入下，容易对目标区域产生干扰分散，为了进一步优化实验内容，在数据预处理阶段对原始数据进行阈值截断。腹部的其他器官组织与我们所观察的目标没有相关性，我们通过 CT 值截取去除掉分解明显的其他器官组织图像，去除输入图像的无关背景干扰。胰腺器官在 CT 图像中 CT 值通常为 30~60 之间(见表 3-1)，设定窗宽 340，窗位 40，则 HU 范围为-100~240，进一步去除无关背景及其他器官组织的信息输入，然后对 CT 值进行归一化处理，增强截取范围内各坐标点的空间距离关系。

表 3-1 平扫 CT 各器官 CT 值范围

器官	骨组织	肝脏	脾脏	胰腺	肾脏	胆囊	水	脂肪
CT 值	>400	50~70	35~60	30~55	25~50	10~30	0	-20~100

对截取后的图像 CT 值进行归一化：由于采集的图像胰腺与周围器官缠绕复杂，所以利用下面的归一化公式，以增强组织空间关系，加强边界信息， $img = \text{Img} \div (\text{high\_range} - \text{low\_range})$ ，其中  $img$  是变化后的 CT 值， $\text{low\_range}$  和  $\text{high\_range}$  在本文中 CT 值分别为-100、240。

### 2) 按维度拆分原始样本数据

由于三维模型计算开销大，通常将 3D 数据转化为 2D 平面数据，使用二维网络以基于补丁的方式进行训练。本课题采用了另一种方案，使用三平面结构，对三个平面分别进行训练。为了使三维数据适用二维网络，将原始数据沿着冠状、矢状、垂直三个维度进行切分。将这些二维切片表示为  $X_{C,w}(w=1,2,\dots,W)$ ， $X_{S,h}(h=1,2,\dots,H)$ ， $X_{A,l}(l=1,2,\dots,L)$ ，其中下标 C、S 和 A 分别代表“冠状”、“矢状”和“轴向”。

#### 3.1.2 基准模型框架



本课题使用二维完全卷积网络(FCN)<sup>[34]</sup>作为实验的基准模型。FCN 继承了用于图像分类的流行网络中的下采样过程，然后通过反卷积过程将输出恢复到。在本实验中，使用预训练的 VGG Net<sup>[35]</sup>指定下采样层。本文不使用像文献[36]这样的更深层次的网络结构，这种网络结构的精确度更加高，但同时带来计算成本的增加并有更高的过拟合风险。

简单地将三维图像数据切分成二维切片会忽略相邻切片之间丰富的结构关联信息，基于此，本实验采用了一个三通道模型 FCN:  $O=f(I;\Theta)$ 。FCN 是一个二维分割模型， $I$  记录了输入图像， $\Theta$  记录了网络权值， $O$  是与  $I$  相同的空间分辨率的输出分割结果。为了使三维图像数据适用于二维网络，采用数据预处理中的切片方式将原始图像切分成了 3 组二维切片序列。在这种情况下，每个输入图像由 3 个连续的切片序列组成。因此，每个二维切片图像最多可以出现在 3 个输入图像中。对输入样本图像采用这种修改方式，只会略微增加网络参数的数量，但由于 3 通道的切片关联关系，提供了在预测过程中将视觉提示结合到相邻切片上的机会。

原始的 FCN 模型使用一个 loss 函数来计算每个体素(voxel)的交叉熵。对于训练数据 $(x, y)$ 和预测数据  $p=f(I;\Theta)$ ，loss 计算为  $\mathcal{L}_{voxel}=\sum_i(-y_i \log p_i - (1 - y_i) \log (1 - p_i))$ ，其中  $x$  为样本数据， $y$  为标注数据， $p$  为预测数据。然而，由于胰腺通常占据每个切片非常小的一个比例分数，因此体素损失值严重偏向于将体素预测为非目标区域(例如，一个简单的模型预测的所有体素都是背景区域的准确度>95%)，这使得 DSC 系数的测量表现非常糟糕。为了避免这种情况，按照文献[37]直接设计 DSC-loss 层， $DSC(\mathcal{A}, \mathcal{G})=\frac{2 \times |\mathcal{A} \cap \mathcal{G}|}{|\mathcal{A}|+|\mathcal{G}|}$  定义在真值集  $\mathcal{G}$  和预测集  $\mathcal{A}$  之间。假设真值集  $\mathcal{G}$  中每个体素的真值是  $y_i \in \{0,1\}$ ，真值 1 就是目标点，预测集  $\mathcal{A}$  中每个体素的预测值是  $p_i \in [0,1]$ ，则 DSC-loss 函数可以通过

$$\mathcal{L}_{DSC} = 1 - DSC(p, y) = 1 - \frac{2 \times \sum_i p_i y_i}{\sum_i p_i + \sum_i y_i}$$

进行计算，并且对于所有的体素，该函数与原来的 DSC 函数在  $p_i \in \{0,1\}$  是等价的。梯度计算则通过

$$\frac{\partial \mathcal{L}_{DSC}}{\partial p_j} = -2 \times \frac{y_j (\sum_i p_i + \sum_i y_i) - \sum_i p_i y_i}{(\sum_i p_i + \sum_i y_i)^2}$$

进行计算。

### 3.1.2 基于 Coarse-to-Fine 任务实现

在专注于小器官分割(如胰腺), 这些器官通常占 CT 体积的很小一部分(如 <5%)。观察到[39,40]中例如 FCN 这样的深度网络由于网络很容易被背景区域中的变化内容干扰, 数量可观的神经元用来训练检测目标区域的大致位置, 导致精确捕捉形状和外观的能力变弱, 产生的结果并不理想。基于此, 采用一种微调的方法来改进初始分割。即除了可以对整个图像可见的粗尺度深度网络外, 额外训练一个细尺度网络, 它只覆盖胰腺部分的一个大致区域。

在粗尺度模型和细尺度模型都采用了 FCN-8s 的配置<sup>[38]</sup>(如图 3-2), 这样的配置在 PascalVOC 分割任务中获得了最高的性能验证表现。下采样阶段直接使用预先训练的 16 层 VGGNet 并进行初始化, 然后经过反卷积层, 以将图像上采样恢复到原始分辨率。针对粗尺度模型和细尺度模型分别运行 80000 和 50000 的 mini-batches, 以  $10^{-5}$  的固定学习速率训练网络。每个 minibatch 只包含一个训练样本(2D 序列(x,y))。值得注意的是, 在训练粗尺度模型时, 为了防止模型受到噪声背景内容的严重影响, 只选择胰腺比例至少占 1% 像素区域的二维切片。

在训练精细模型时, 首先使用真值标注来找到胰腺的三维边界框。通过获取每个样本切片的对应标注真值, 在覆盖胰腺蒙版区域的最小边界框周围添加一个小框架来完成。即, 当每个切片在边界框中生成时, 在其周围添加一个帧, 并填充原始图像数据。帧的上、下、左、右边距是从 {10,11,...,20} 均匀采样的随机数, 采用这种数据增强的策略有助于调整网络并防止网络过拟合。基于估计边界框添加一个固定宽度的框架, 相应地裁剪图像区域, 并将其发送到细尺度分割模型进行迭代的精细分割。在第  $t$  次迭代时, 使用  $(t-1)$  次迭代的分割结果来估计当前的 3D 边界框, 并且对 3D 边界框内的图像体积进行框定、裁剪表示, 并将其再一次输入到细尺度分割模型中。将三个细尺度模型(冠状、矢状、垂直三个方向)的结果进行融合, 即  $P^{(t)} = \frac{1}{3}[P_C^{(t)} + P_S^{(t)} + P_A^{(t)}]$ , 并更新当前的分割蒙版  $S^{(t)}$ 。当细尺度达到最大迭代次数, 或当连续分割结果之间的相似度非常接近时(如  $DSC(S^{(t-1)}, S^{(t)}) > 0.95$ ), 停止此迭代分割过程。

## 3.2 实验结果与分析

### 3.2.1 数据集

实验使用由美国国立卫生研究院(National Institutes of Health, NIH)临床中心发布的腹部 CT 数据集。该数据集包含了 53 位男性和 27 位女性受试者进行的 82 次腹部对比增强 3D CT 扫描图片(在门静脉注射造影剂后约 70 秒)。受试者年龄为 18~76 岁, 平均年龄为  $46.8 \pm 16.7$ 。其中十七名受试者是在肾切除手术之前扫描的健康肾脏供体, 剩下的 65 名受试者对象由放射科医生从既无重大腹病也没有胰腺癌病变的患者中进行选择。每一次 CT 扫描的分辨率为  $512 \times 512 \times L (L \in [181, 466])$ , 其中  $L$  为沿着人体长轴的采样切片数, 切片厚度在 1.5~2.5mm 之间, 扫描数据在 Philips 和 Siemens MDCT 扫描仪上获得(120kVp 管电压)。由一名医学生对扫描图像中的胰腺区域进行逐层切分, 并由经验丰富的放射科医生对切分标记结果进行验证、修改, 数据真实可用。按照标准的交叉验证策略, 将数据集分成固定的 4 个折叠, 每个折叠包含大约相同数量的样本。实验使用 4 个子集中的 3 个子集进行训练模型, 并在剩余的一个子集上进行测试。通过计算每个样本的 DSC 系数来测量分割的精度, 预测集  $\mathcal{A}$  和真值集  $\mathcal{G}$  的相似度量关系为:

$$DCS(\mathcal{A}, \mathcal{G}) = \frac{2 \times |\mathcal{A} \cap \mathcal{G}|}{|\mathcal{A}| + |\mathcal{G}|}$$

实验探讨了 82 个测试案例的 DSC 平均分数和标准差。

### 3.2.2 实验分析

本章胰腺分割实验采用了 4 折交叉验证的方法来进行训练和测试, 选取 DSC 系数作为评价指标, 在测试集上的分割结果如表 3-2 所示。

表 3-2 Coarse-to-Fine 方法准确率

Method	Mean DSC	# Iterations	Max DSC	Min DSC
Coarse Segmentation	75.25±11.91	-	87.24	<b>42.04</b>
After 1 Iteration	81.90 ±9.25	1	89.40	50.54
After 2 Iteration	83.39±8.18	2	89.39	55.84
After 3 Iteration	83.96 ±7.72	3	90.17	58.37
After 5 Iteration	84.38 ±7.34	5	90.39	60.54
After 10 Iteration	<b>84.68±7.34</b>	10	<b>90.61</b>	63.66
After $d_t > 0.90$	83.39±6.35	1.83±0.47	<b>90.85</b>	54.39
After $d_t > 0.95$	83.91±5.68	2.89±1.75	<b>90.85</b>	<b>62.43</b>
After $d_t > 0.98$	84.48±5.71	7.39±2.88	90.78	61.94
After $d_t > 0.99$	84.62±5.72	9.87±0.73	90.77	61.94
Best among All Iterations	83.68±5.47	3.49±2.92	90.85	63.02

现在, 考虑两种终止迭代的条件, 更确切地说, 在固定的迭代次数之后, 或者在迭代间 DSC 到达一个固定的阈值后停止分割。当使用一个条件时, 将最大迭代次数设置为 10, 即在 10 次迭代之后, 即使未达到阈值, 微调过程也会终止。从表 3-2 中可以得到结果, 当使用精细分割微调的方法, 显著的提高了基线模型精度, 即训练精细分割模型有助于更准确地描绘小器官。最佳的分割性能来自于设置阈值  $d_t > 0.95$ , 当使用更大的阈值时, 并未带来精度增益。因此, 使用阈值 0.95 来进行验证的时候, 保证了计算的高效性。

表 3-3 中列出了一些其他胰腺分割算法的准确率, 与其他公开的胰腺分割算法进行对比发现, 本文的实验结果准确率并不算太低。

表 3-3 不同的胰腺分割算法比较

Approach	Average	Max	Min
Roth <i>et al.</i> [17]	71.42±10.11	86.29	23.99
Roth <i>et al.</i> [22]	78.01±8.20	88.65	34.11
Zhang <i>et al.</i> [41]	77.89±8.52	89.17	43.67
Roth <i>et al.</i> [29]	81.27±6.27	88.96	50.69
Zhou <i>et al.</i> [19]	82.37±5.68	90.85	62.43
Cai <i>et al.</i> [27]	82.4±6.7	90.1	60.0
Our Best Model	83.68±5.47	90.85	63.02

### 3.3 本章小结

本章主要是对胰腺 CT 序列图像分割的研究, 针对胰腺分割精确度低, 形态多变, 与周围器官组织缠绕复杂等问题, 研究探索了基于 Coarse-to-Fine 的胰腺 CT 序列图像分割方法。该方法首先使用了预训练的 VGGNet-16 初始化图像, 将图像切分成了冠状、矢状、轴向的三方位切片序列, 然后分别使用粗尺度模型分割掩码求得胰腺的大概区域, 去处其他背景区域以减小分割中误分割、尺度不精的影响, 确定要分割的包含胰腺的 ROI 区域, 将 ROI 区域输入到细尺度模型中进行迭代分割, 实现了 CT 序列图像中的胰腺全自动分割。

## 第 4 章 胰腺图像自动分割系统实现与测试

本章从整个系统的实现角度出发, 严格按照系统开发流程, 完整地介绍开发胰腺图像自动分割系统的各阶段流程, 主要从系统需求分析、系统架构设计、系统详细设计、系统开发环境和实现过程这几个方面进行介绍。

## 4.1 系统需求分析与总体设计

### 4.1.1 系统需求分析

需求分析是软件计划阶段的重要活动，也是软件生存周期中的一个重要环节，系统的需求分析是为了能够清晰地了解确定用户对胰腺智能分割系统的功能化与可视化界面需求，以使开发人员更加清楚自己的开发工作，减少开发过程中的资源消耗与时间成本。系统需求分析工作主要包括以下几个方面：用户对胰腺自动分割系统（以下简称智能分割系统）的需求、开发人员对智能分割系统的了解、系统数据需求、功能流程需求、以及针对本系统使用过程中的功能性需求和非功能性需求。系统的需求分析是研发前期的铺垫工作，是重要的基础工作之一，是完成胰腺自动分割系统总体架构设计和各功能模块稳定运行的重要基础。本次系统需求分析针对胰腺自动分割系统，采用功能分析与用例图，通过统一建模语言(UML)完成本智能系统的需求分析描述过程。

#### 1) 系统目标

本系统是在 Mac OS 平台下进行开发的胰腺自动分割系统，支持 Windows、Mac OS、Linux 跨平台运行，通过读取单张腹部 CT NIFTI 格式图像，对 CT 图像进行胰腺区域识别标注，从而向用户展示选择的腹部 CT 图像中的胰腺区域。

#### 2) 功能性需求分析

本系统是基于 Python 开发的基于腹部 CT 图像的胰腺自动识别分割系统，本系统的面向用户为医生，主要职责辅助医生的诊断工作。通过用户的业务流程描述以及系统明确的目标导向，本系统的功能性需求主要为：腹部 CT 图像获取、CT 图像三维动态显示功能需求和胰腺区域识别分割标记。本系统的三个功能需求完整地实现展示了系统从 CT 图像读取、识别到展示，总体用例图如图 3-2 所示。

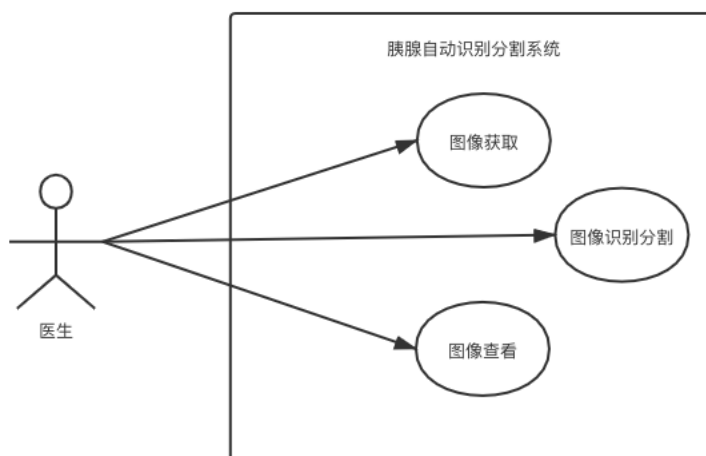
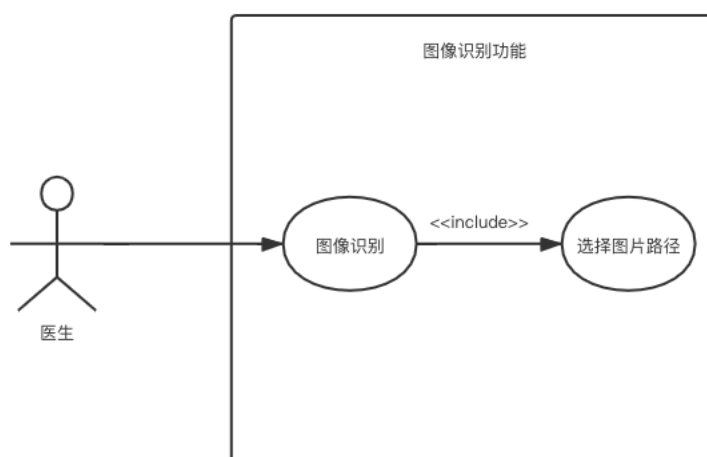


图 4-1 胰腺自动识别分割系统的总体用例图

## a) 图像获取功能需求分析:

图像获取是指用户选择要打开的腹部 CT NIFTI 图像，可从磁盘的任意位置选择打开，加载到智能分割系统中。图像获取是本系统功能实现的第一步，是识别图像数据准备阶段，图像获取功能的用例图如图 3-3 所示。



从图像获取的用例图可以看出，这个功能模块负责选择图像文件并进行加载到系统中，此功能包括选择图片文件，获取到图片文件的路径，根据路径获取到图片数据。

## b) 图像识别功能需求分析:

图像识别是胰腺自动识别分割系统的核心功能，包括了图像数据的处理准备、模型文件的加载处理、识别结果数据后处理阶段。图像识别功能的用例图如图 3-4 所示。

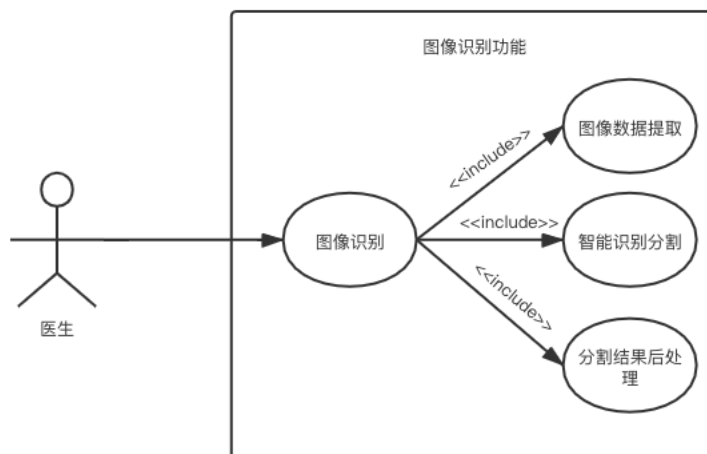


图 4-3 图像识别功能用例图

从上面的用例图可以看出，图像识别功能包括了识别前期的数据处理工作、识别分割核心、分割结果后处理阶段。该部分对图像获取模块中得到的图像进行数据提取，将提取到的数据加载到模型网络中进行识别分割，对分割后的结果与原始图像进行后处理，以便辅助医生查看诊断。

#### c) 图像查看功能需求分析：

图像查看是胰腺自动识别分割系统中不可缺少的一个部分，它是胰腺区域分割结果的可视化部分，想用户进行展示，便于辅助医生诊断工作，提高医生病症诊断率。展示结果以三维动态方式呈现，用户可对特定器官部位多方位查看，提供系统和用户的良好交互体验。图像查看功能用例图如图 3-5 所示。

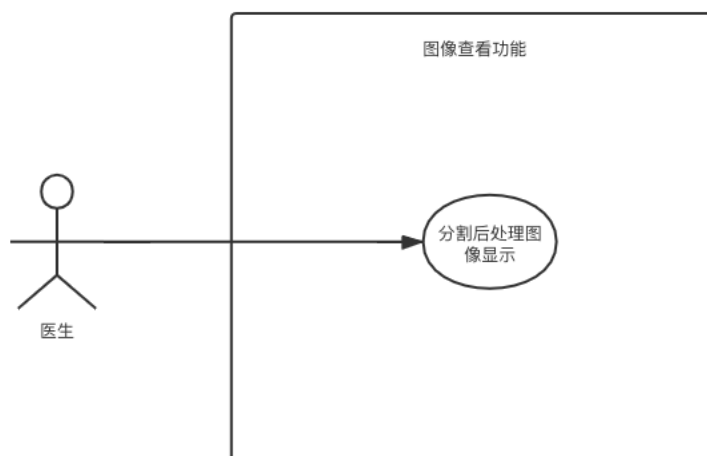


图 4-4 图像查看功能用例图

从上面的图像查看用例图可以清晰看出，该功能仅实现图片展示的功能，即对分割结果进行可视化。

### 3) 非功能性需求分析

非功能性需求，是指软件产品为满足用户业务需求而必须具有且除功能需求以外的特性，也可称之为软件开发的“约束”。非功能性需求主要包括安全性、可靠性、互操作性、健壮性、易使用性、响应时间、存储空间等。这一节针对胰腺自动识别分割系统进行非功能性需求描述，主要从系统性能需求、易使用性、环境需求、可扩展性等这几个方面进行分析。

#### (1) 性能需求：

衡量一个软件系统的常见指标包括：响应时间、计算精度、吞吐量、资源占用率、吞吐量、点击数等。在本系统中，性能需求主要是针对系统的响应时间、计算精度、资源占有率方面进行分析。通过系统的明确目标导向，系统的重要指标体现在分割精度上。因此，本系统的响应时间可以不做要求，但必须在用户能够忍受的时间范围内，在 95% 的情况下，系统的响应时间不超过 3 分钟，数据读取时间耗费不超过 1 分钟。从计算精度角度来讲，本系统作为医生诊断辅助工具，数据的计算不能出现差错，应该尽可能的提供良好的分割结果，以便对医生的诊断工作提供良好的结果导向。从资源占有率来说，在数据计算阶段系统资源要尽量少，性能发挥要尽可能高，CPU、内存占有率要小于等于 50%，计算资源 GPU 性能要发挥 90% 以上。



(2) 易使用性:

易用性的设计重点以用户为中心, 提供用户易见、易学和易用的软件系统。本系统的易用性需求明确, 界面简单, 交互良好, 用户能够轻松和系统进行交互, 学习成本低, 系统操作简单明了。

(3) 环境需求:

环境需求是指本系统的运行环境。本系统的开发在 Mac OS 下完成, 要求本系统应当在 Windows、Mac OS、Linux 系统中均能部署环境并成功运行。

(4) 可扩展性:

可扩展性是指系统随着时间推移, 使用的过程中用户新增了未知的业务需求, 系统应具备良好的可扩展能力。通过增添其他器官组织模型文件, 本系统可支持其他器官区域的识别分割, 在该方面提供了高度的扩展性。

#### 4.1.2 系统整体设计

##### 1) 系统整体架构设计

系统总体架构设计是系统实现的重要基础, 也是本课题中胰腺自动识别分割系统完成实现的重要依据。根据上一节中对本系统的功能性需求分析, 确定了系统的总体功能流程和各功能模块的用例图。根据上一节的非功能性需求分析, 确定了本系统的性能需求、易用性、环境依赖、可扩展性等非功能性的需求约束。本节将结合两个方面进行分析和考量, 从系统整体结构设计角度讨论并设计胰腺自动识别分割系统的整体架构和功能结构。

本系统主要实现的功能是用户选择需要进行识别分割的腹部 CT 图像, 将 CT 图像加载进系统的识别模块进行识别分割, 然后将识别结果与原图处理后以可视化的形式展示给用户, 用户通过三维动态查看胰腺区域, 辅助医疗诊断。根据上一节的用例图分析, 可知本系统的整体架构设计可以划分为图像获取、图像识别、图像显示这三个部分, 系统整体架构设计图如图 3-6 所示。

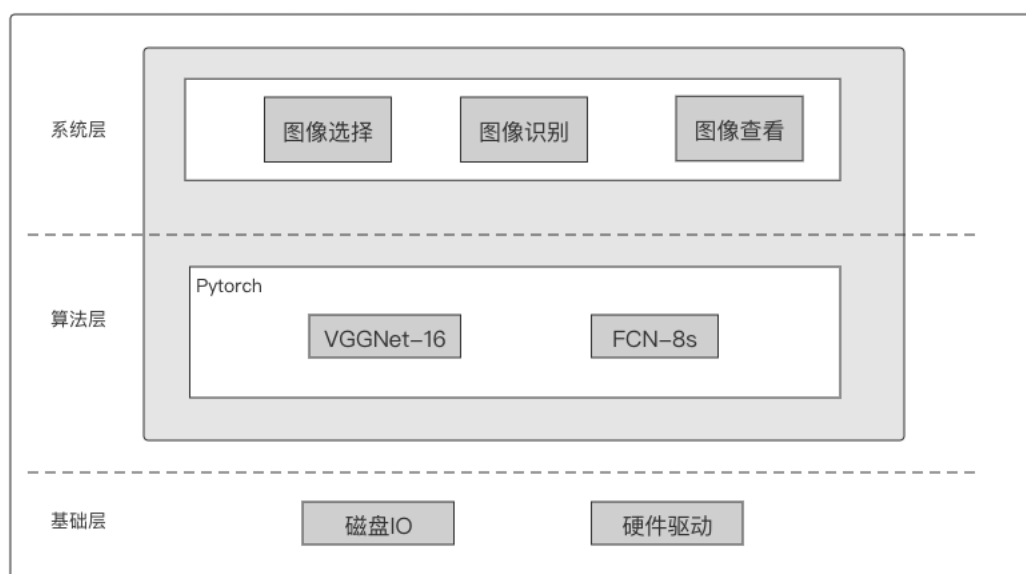


图 4-5 系统整体架构图

从上面的系统整体架构图可以看出，系统基础层是有操作系统的硬件驱动程序组成，负责图像数据的加载及数据计算过程中的资源调度。算法层包括代码运行的包和环境管理工具 Anaconda、编码实现环境 Jupyter Notebook 和深度学习框架 Pytorch 实现的计算模型网络 VGGNet-16、FCN-8s，以及编程语言 Python。系统层主要由图像选择、图像识别、图像查看三个功能模块组成，其中的每个功能模块依托于底层功能层级实现搭建。

## 2) 系统功能结构设计

胰腺自动识别分割系统的功能主要是包括图像获取功能、图像识别功能和图像查看功能这三个部分。其中，图像获取功能为腹部 CT 图像的选取加载；图像识别功能对选取的图像提取图像数据，将图像数据加载进模型网络进行识别分割，分割结果与原始图像进行掩膜处理；图像查看将掩膜处理后的结果进行三维显示。

胰腺自动识别分割系统的软件结构图如图 3-7 所示。

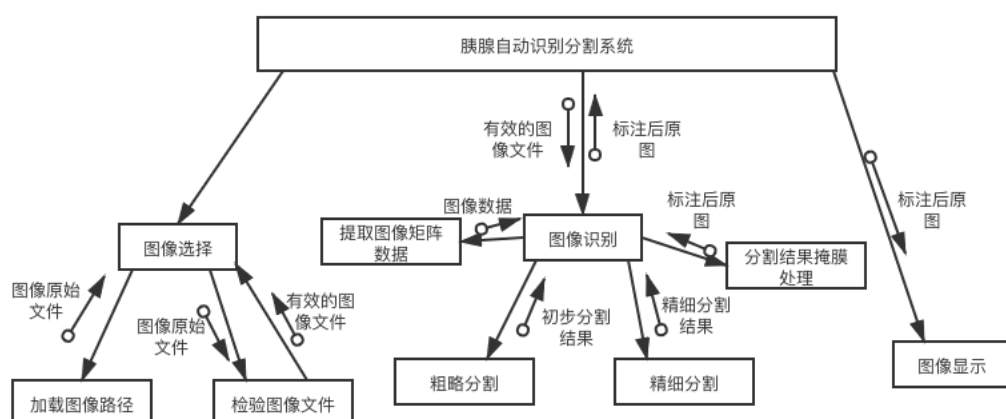


图 4-6 系统软件结构图

从上面的系统软件结构图中，可以清晰地看出系统中每个功能模块的业务流程和数据流动关系。系统由图像选择、图像识别、图像显示这三个部分组成，能够清楚地了解模块之间的依赖关系。IPO 图能够直观的根据输入、处理、输出三个部分来说明功能模块的处理流程。以下通过每个功能模块的 IPO 图来直观分析每个功能模块的功能及内部的处理逻辑。

系统名称：基于腹部 CT 图像的胰腺自动识别分割系统	模块名称：图像获取	模块编号：1
输入：无		
输出：有效的图像文件		
处理步骤： <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 系统提供选择图像文件的入口</li> <li>2. 用户通过入口选择 CT 图像文件</li> <li>3. 系统判断是否属于可识别图片格式的有效文件：如果是，加载用户选择的图像文件；如果不是，向用户做出提示信息</li> <li>4. 将加载结果回显到系统窗口</li> </ol>		

图 4-7 “图像获取”模块 IPO 图

从图 4-7“图像获取”模块 IPO 图可以看出来，图像获取功能模块无需输入，经过与用户的交互动作后，得到有效的图像文件给系统。

系统名称：基于腹部 CT 图像的胰腺自动识别分割系统	模块名称：图像识别	模块编号：2
输入：有效的图像文件		
输出：原始图像经过分割掩膜处理后的图像文件		
处理步骤： 1. 根据图像获取功能中得到的图像文件路径加载文件 2. 从图像文件中提取图像的矩阵数据 3. 将提取到的图像数据加载进模型网络中进行分割识别，得到分割掩码 4. 将分割掩码与原始图像进行掩膜处理 5. 给用户正确的响应		

图 4-8 “图像识别”模块 IPO 图

从图 4-8“图像识别”模块 IPO 图可以看出，图像识别的输入为“图像选择”模块的输出。将图像选择模块得到的有效原始图像文件进行前期的数据处理，从原始的图像文件中提取出有效的图像矩阵信息，将图像中所含的矩阵数据信息输入到模型网络中进行识别分割，得到识别处理后的分割掩码（胰腺区域），最后将分割掩码与原始图像进行掩膜处理，以获得标注形式的胰腺 CT 图像。

系统名称：基于腹部 CT 图像的胰腺自动识别分割系统	模块名称：图像查看	模块编号：3
输入：掩膜处理后的原始图像		
输出：将图像三维动态展示在前端界面		
处理步骤： 1. 获取掩膜处理后的原始图像数据 2. 分割得到冠状、矢状、轴向三个维度的图像 3. 将图像通过三维动态关联，展示在前端界面		

图 4-9 “图像查看”模块 IPO 图

从图 4-9“图像查看”模块 IPO 图可以看出，图像查看的输入为从“图像识别”中获得的输出数据为标注形式的腹部 CT 图像，对后处理图像数据按照冠

状、矢状、轴向进行切分，通过三维动态关联图像的维度信息，以形象客观的形式展现在前端界面，提供用户良好的交互体验。

## 4.2 系统详细设计

### 4.2.1 开发环境搭建

#### 1. 系统开发环境介绍

- a) 操作系统: Mac OS
- b) 开发平台: Anaconda 4.8.2、PyCharm Profession 2019.3.4、Vim
- c) 开发语言: Python 3.7.6
- d) 运算平台 CUDA 10.0
- e) 深度学习加速库: CuDNN 7.6
- f) 深度学习网络框架: Pytorch 1.4.0
- g) 系统操作界面开发库: Tkinter

#### 2. 系统开发环境搭建

这里所涉及到的开发平台 Anaconda、Jupyter Notebook 和 Pytorch 运行环境在第二章中已经进行过相关的说明介绍，这里不再进行过多说明。因为系统的运行环境依赖于服务器 GPU 配置，所以本系统的开发通过本地 PyCharm 及服务器 Vim 编程协同进行。PyCharm 是由捷克 JetBrains 公司开发推行的 Python IDE，其带有一整套可以帮助用户在使用 Python 语言开发时提高效率的工具，比如，代码调试、愈发高亮、Project 管理、代码跳转、智能提示、自动完成、单元测试、版本控制等等，用于 Python 语言的程序开发十分快捷方便。Vim 是从 Vi 发展出来的一个文本编辑器，通过插件配置可实现代码补全、编译及错误跳转等功能，是服务端无图形化界面下编程的首要工具，通过 Vim 实现服务端下系统代码的开发调试、部署运行及系统测试工作。

本地开发使用 Anaconda 创建 Python 虚拟环境，通过 PyCharm 连接虚拟环境进行系统代码开发调试工作

### 4.2.2 系统详细设计

## 1) 系统流程逻辑

本小节根据功能模块的概要设计和用例图对系统进行详细的设计，包括系统处理流程中涉及到的各种算法的详细介绍，以及开发过程中使用到的各种科学计算包的详细说明。从用户角度出发，系统的业务逻辑流程如图 4-10 所示。

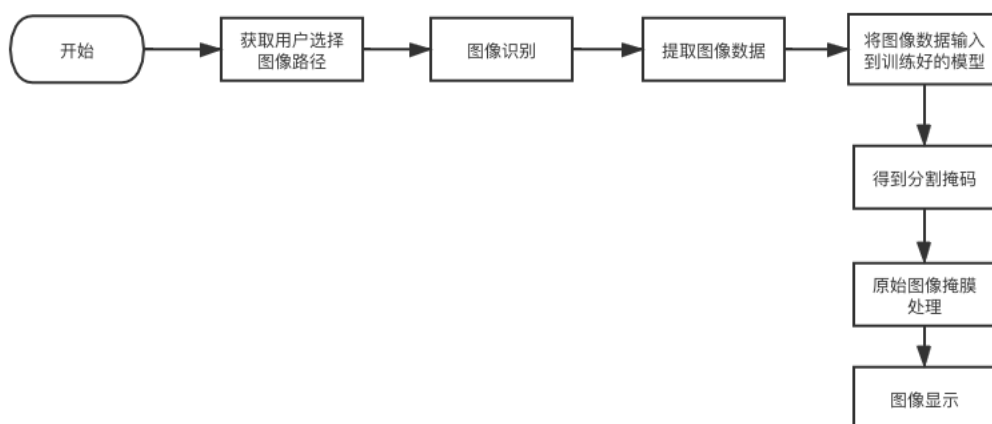


图 4-10 系统总体业务逻辑流程图

本系统界面设计使用 Python 自带的 Tkinter 库进行实现，使用 Tkinter 实现界面，系统处理流程日志通过 Tkinter 文本形式显示到前端界面，处理结果通过 Tkinter 三维动态显示到前端界面，完成用户交互行为。

图像文件的读取、数据提取使用 Python 中自带的 Nibabel 库实现；图像的识别分割使用第 3 章中训练好的模型文件进行识别分割。

本系统将 Python 中的深度学习预测方面的代码与利用 Tkinter 实现的前端界面结合使用，使整个系统在实现核心功能的情况下简单易用。

## 2) 系统界面设计

本系统使用 Python 自带的 Tkinter 库来搭建实现系统的主界面，整个系统分为两个部分：一个为系统操作控制主界面，系统操作控制主界面窗口中显示系统的各功能操作，选择加载图像、识别图像和图像查看显示功能；另一个是图像查看子窗口，为用户使用提供三维动态图像显示的弹出窗口。系统界面的设计效果图如图 4-11、图 4-12 所示。



图 4-11 系统主界面设计效果图

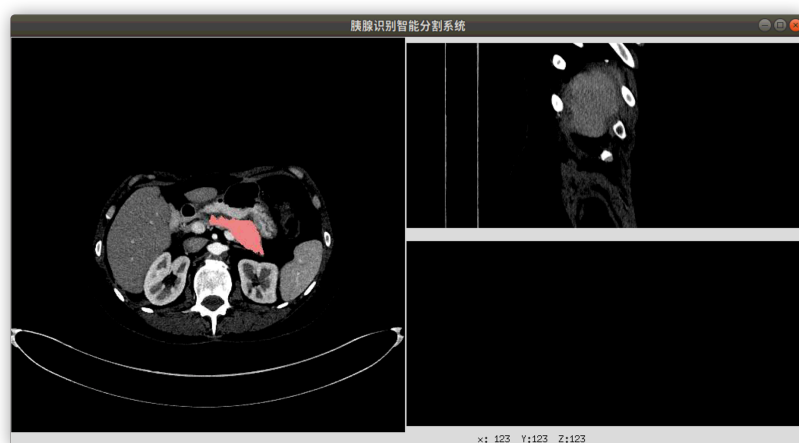


图 4-12 图像查看子弹窗设计效果图

界面实现使用 Tkinter 模块实现，系统操作主界面如图 4-11 所示，系统主界面包括一个日志文本窗口、四个 Button 控件和一个处理进度条。主界面的操作逻辑简单明了，代码实现通过 `tkinter.Tk()` 方法创建一个简易的窗口，使用 `title()` 方法对创建的窗口界面进行命名，本系统中使用 `title('胰腺识别智能分割系统')` 对系统实现命名。主界面按照网格布局，左侧为日志文本窗口，显示系统中各流程处理过程中的详细信息。右侧从上至下依次为图像选择（加载）、图像识别（识别）、图像查看（查看）和退出功能按钮，通过 `tkinter.Button()` 方法进行相

关的控件创建。主界面下方为系统流程处理进度显示条，对图像识别的整体过程进度进行直观展现。

图像显示窗口如图 4-12 所示，通过 `Toplevel()` 方法实现，界面显示了图像的三个维度图片，每个图片之间进行三维动态关联，用户可通过鼠标查看特定区域的各维度图像。窗口右下方显示当前图片的三维空间坐标，辅助用户对原始 CT 序列图像进行判别诊断。

### 3) 系统功能设计

本系统的功能设计为对腹部 CT 图像进行选择获取、识别分割和查看显示。由于系统功能明确简单，面向用户为非软件相关的其他领域从业人员，系统的实现尽可能的操作简单，界面引导直观，所以系统的图像选择和查看显示使用 Tkinter 模块代码实现，系统的核心功能识别分割模块利用第 3 章研究实验中训练好的模型进行识别分割，并将分割结果与原始 CT 图像进行掩膜处理，以对胰腺区域进行标注显示。以下将详细介绍对腹部 CT 图像进行选择、识别、查看显示的设计和实现。

- 1) 选择腹部 CT 图像：创建一个函数，命名为 `funOpen`，无传入参数。在这个函数中，利用 tk 库中 `filedialog` 模块的 `askopenfilename()` 方法，打开系统的文件浏览器窗口，实现用户对图像文件的选择，该函数返回文件在本地磁盘中的绝对路径，将该路径以字符串形式进行保存，以便于其他功能模块中进行图像的读取加载工作。
- 2) 对腹部 CT NTIFY 格式图像进行识别：这个功能的实现需要加载第 3 章中的模型文件。首先，利用 Python 中的 Nibabel 库提取原始图像中的矩阵信息数据，得到 numpy 形式的 array 图像数组，将图像数据加载到通过 Pytorch 下 `torch.load()` 方法加载的模型中，得到分割掩码结果；然后利用 Image 库下的 `convert()` 方法将图像矩阵又 CT 图像的单通道转换为 ‘RGBA’ 的多通道矩阵信息，以进行分割掩膜标注处理，最后得到标注好的图像数据。
- 3) 对分割结果进行显示：由于系统面向用户大多数为医生，为了切合医生的诊断习惯，图像显示分割采用常规的医学三维显示。实现效果如图 4-12 所



示, 创建 3 个维度的图像 Label, 分别展示不同维度的图像信息, 维度之间通过算法进行动态关联, 根据用户鼠标点击的坐标实时更新各维度图像。

### 4.3 系统测试运行

本节主要介绍系统的测试过程, 利用简单的操作事例来对系统的界面和功能进行详细的说明。以下为系统使用过程中效果图, 如图 4-13 所示。



图 4-13 系统主界面

从图 4-13 系统主界面效果图可以看出, 该界面集合里系统实现的三个功能: 选择图像 (打开)、图像识别分割 (识别)、图像查看显示 (查看), 并增加了处理日志窗口和进度条显示工具以提供良好的用户交互体验。下面, 将对这三个功能分别进行测试, 查看功能是否正常实现。

#### 4.3.1 “打开”功能

点击“打开”按钮会弹出“文件选择”窗口, 用户可从本地磁盘下选择所需要进行识别的图像文件, 如图 4-14 所示。

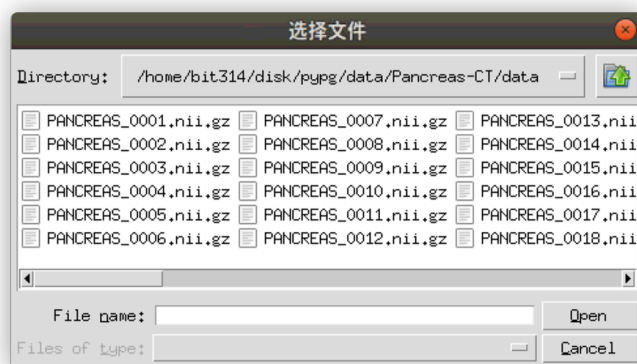


图 4-14 “选择文件” 窗口

用户选择/未选择文件后，用户可在系统主界面窗口中查看到用户选择的图像的加载状况提示，包括选择的图像文件路径显示，见图 4-13、图 4-15 日志窗口所示。



图 4-15 未选择文件系统主界面

#### 4.3.2 “识别” 功能

点击“识别”按钮后，会对用户选择的图像文件进行识别分割处理，系统主界面中显示了用户选择的图像识别分割详情和处理进度，如图 4-16 所示。



图 4-16 “识别”过程系统主界面

### 4.3.3 “查看”功能

点击“查看”按钮，将弹出显示图像的子界面窗口，界面分别从冠状、矢状、轴向三个维度显示了用户选择的图像的分割标注结果，如图 4-17 所示。

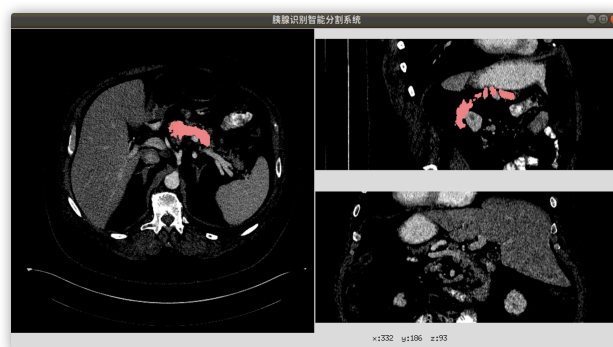


图 4-17 “查看”图像子窗口

## 4.3 本章小结

本章主要从系统开发和系统测试的角度分别对整个系统的开发流程、处理逻辑以及系统的功能测试进行详细的描述。系统开发流程中包括系统的需求分析、概要设计、详细设计、开发环境。需求分析通过 UML 和用例图简介清楚地描述了系统与用户之间的交互逻辑以及系统需要实现的功能模块和提升用户易用性的非功能设计。概要设计部分通过 IPO 图形式展现了系统设计中各个功能模块的输入、输出和模块内部的处理流程及运算逻辑。详细设计部分详细介绍了系统开发实现中所搭建的环境、系统的界面和功能设计，并且大致介绍了界面设计和功

能设计中所运用到的第三方库、接口方法以及界面功能布局等。系统的功能测试通过对系统界面的简单用例，实现对系统功能的测试过程，采用详细的图文介绍说明解释了可视化系统实现过程中的三个功能：选择图像、识别分割图像、查看显示图像。以及增加了日志记录显示窗口和流程进度条显示，给用户带来了良好的操作体验。但是系统运行过程中“识别”功能依赖于底层 GPU 硬件计算，开发测试环境中使用的 GPU 算力较低，数据计算时间长，导致系统识别过程较长，将会降低用户体验。系统的运算、响应能力过度依赖于主机硬件配置，正式使用过程中，主机性能在系统性能中起决定性作用。

## 第 5 章 总结与展望

随着计算机技术的不断发展，结合机器学习方法的医学图像处理与分析被广泛的应用，展现出了重要的研究价值。本文重点研究了基于 Coarse-to-Fine 方法的腹部 CT 图像中胰腺的分割算法并搭建实现可视化分割系统。在本章中，对本文的研究工作进行总结，并对工作中的不足之处和潜在发展方向，规划下一步的研究方向。

### 5.1 总结

本文在阅读大量关于胰腺分割方法的基础上，对目前胰腺的研究意义、研究现状、研究趋势进行了总结。基于对各种分割算法的了解，本文确定了对 Coarse-to-Fine 的方法展开研究，并对基于训练模型搭建的胰腺自动识别分割系统做了详细的介绍。

针对目前胰腺分割准确率低、分割方法复杂等问题，研究了一种基于 Coarse-to-Fine 的胰腺分割算法。由于胰腺区域空间占比小，形态结构不同患者间差异性大，故该方法先对原始图像区域进行 ROI 提取，粗略分割出胰腺的大致区域，降低精细分割中背景区域的干扰。针对胰腺与周围器官粘连严重问题，训练细尺度模型迭代分割。在对网络进行训练的时候，提取图像各维度的二维图像序列，通过多尺度卷积分割模型，进一步补充细节信息提高模型分割性能。

实现了基于腹部 CT 图像的胰腺识别分割系统。系统搭建采用了研究工作中分割算法训练的模型，结合可视化的界面操作，提供用户良好的操作体验。整个系统界面简单，易用性高，交互体验良好，但是在性能测试上还有很大的缺陷。由于系统计算依赖于模型文件的加载运算，需要主机大量的计算资源，系统性能过度依赖于底层硬件配置，在不同的操作系统及硬件配置上，实际使用效果会有较大差异。

通过实验结果的对比分析以及可视化系统下结果的对比探寻，本文所探讨的分割算法表现出了较好的分割效果，与目前最好的分割结果相比略低 1%~3% 的分割点，在视觉和 DSC 指标上都取得了良好的效果。

## 5.2 展望

虽然采用 Coarse-to-Fine 的方法可以提高分割精度, 利用多尺度卷积等策略可以在小样本医学图像分割中获得较好的效果, 但是该方法仍然存在明显的不足, 需要进一步改进和完善。

一副图像并非物体对象的简单集合, 每个对象通过空间和语义关系与其他对象相关联, 对象之间存在着信息传递。胰腺器官的定位与腹部其他组织器官存在推理关系, 在 Coarse-to-Fine 的方法中增添关系推理过程, 顺序地应用非局部模块以沿着自上而下地网络增加特征图分辨率, 内部的关系推理过程将信息自然地将信息从较大的对象传递到较小的相关对象。然而, 由于非局部模块较大的内存占用率, 如何将关系推理模块应用于高分辨率特征图, 是一项值得探讨的工作。

## 参考文献

- [1] Siegel R L, Miller K D, Jemal A. Cancer statistics, 2019[J]. CA: A Cancer Journal for Clinicians, 2019, 69(1): 7-34
- [2] Suzuki T, Takizawa H, Kudo H, et al. Interactive Segmentation of Pancreases from Abdominal CT Images by Use of the Graph Cut Technique with Probabilistic Atlases[C]. Innovation in Medicine and Healthcare 2015, Smart Innovation, Systems and Technologies, 2015, 45: 575-584.
- [3] Hotaka T, Takenobu S, Hiroyuki K, et al. Interactive Segmentation of Pancreases in Abdominal Computed Tomography Images and Its Evaluation Based on Segmentation Accuracy and Interaction Costs[J]. BioMed Research International, 2017, 2017: 1-8.
- [4] Oda M, Shimizu N, Karasawa K, et al. Regression Forest-Based Atlas Localization and Direction Specific Atlas Generation for Pancreas Segmentation[C]. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2016. Springer International Publishing, 2016, 9901: 556-563.
- [5] Farag A, Lu L, Roth H R, et al. Automatic Pancreas Segmentation Using Coarse-to-Fine Superpixel Labeling[M]. Deep Learning and Convolutional Neural Networks for Medical Image Computing. Advances in Computer Vision and Pattern Recognition. Springer, Cham, 2017: 278-302.
- [6] Karasawa K, Oda M, Kitasaka T, et al. Multi-atlas pancreas segmentation: Atlas selection based on vessel structure[J]. Medical Image Analysis, 2017, 39: 18-28
- [7] Jain S, Gupta S, Gulati A. An adaptive hybrid technique for pancreas segmentation using CT image sequences[C]. 2015 International Conference on Signal Processing, Computing and Control (ISPCC), Wanknaghat, 2015: 272-276.
- [8] Dmitriev K, Gutenko I, Nadeem S, et al. Pancreas and cyst segmentation[C]. Spie Medical Imaging. 2016.
- [9] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2014, 39 (4): 640-651.

[10] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T, et al. U-net: convolutional networks for biomedical image segmentation [C]// Proceedings of the 2015 International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2015: 234-241.

[11] CICEK O, ABDULKADIR A, LIENKAMP SS, et al. 3D U-Net: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation [C]// Proceedings of the 2016 International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2016: 424-432.

[12] MILLETARI F, NAVAB N, AHMADI SA, et al. V-net: fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation [C]// Proceedings of the 2016 Fourth International Conference on 3D Vision. Piscataway, NJ: IEEE, 2016: 565-571.

[13] Long J, Shelhamer E, Darrell T. Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2014, 39(4):640-651.

[14] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation[C]. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015, 2015,9351:234-241.

[15] Farag A, Lu L, Roth H R, et al. A Bottom-up Approach for Pancreas Segmentation using Cascaded Superpixels and (Deep) Image Patch Labeling[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2016, 26(1):386-399.

[16] Roth H R, Farag A, Lu L, et al. Deep convolutional networks for pancreas segmentation in CT imaging[J]. Proc. SPIE 9413, Medical Imaging 2015: Image Processing, 94131G (20 March 2015).

[17] Roth H R, Lu L, Farag A, et al. Deep Organ: Multi-level Deep Convolutional Networks for Automated Pancreas Segmentation[C]. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention -- MICCAI 2015, 2015,9349:56-564.

[18] Oda M, Shimizu N, Roth H R, et al. 3D FCN Feature Driven Regression Forest-Based Pancreas Localization and Segmentation[C]. Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support, DLMIA 2017, ML-CDS 2017,2017,10553:222-230.



[19] Zhou Y, Xie L, Shen W, et al. A Fixed-Point Model for Pancreas Segmentation in Abdominal CT Scans[C]. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2017, 2017,10433:693-701.

[20] Zhou Y, Xie L, Shen W, et al. Pancreas Segmentation in Abdominal CT Scan: A Coarse-to-Fine Approach[J]. ar Xiv preprint arXiv:1612.08230.

[21] Yu Q H, Xie L X, Wang Y, Zhou Y Y, et al. Recurrent Saliency Transformation Network: Incorporating Multi-Stage Visual Cues for Small Organ Segmentation[C]. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Salt Lake City, UT, 2018:8280-8289.

[22] Roth H R, Lu L, Farag A, et al. Spatial Aggregation of Holistically-Nested Networks for Automated Pancreas Segmentation[C]. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention--MICCAI 2016, 2016,9901:451-459.

[23] Gibson E, Giganti F, Hu Y, et al. Towards Image-Guided Pancreas and Biliary Endoscopy: Automatic Multi-organ Segmentation on Abdominal CT with Dense Dilated Networks[C]. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention--MICCAI 2017, 2017,10433:728-736.

[24] Zhu Z, Xia Y, Shen W, et al. A 3D Coarse-to-Fine Framework for Automatic Pancreas Segmentation[J]. arXiv preprint arXiv:1712.00201.

[25] Heinrich M P, Oktay O. BRIEFnet: Deep Pancreas Segmentation Using Binary Sparse Convolutions[C]. Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2017, 2017,10435:329-337.

[26] Roth H R, Oda H, Hayashi Y, et al. Hierarchical 3D fully convolutional networks for multi-organ segmentation[J]. arXiv preprint arXiv:1704.06382.

[27] Cai J, Lu L, Xie Y, et al. Improving Deep Pancreas Segmentation in CT and MRI Images via Recurrent Neural Contextual Learning and Direct Loss Function[J]. ar Xiv preprint arXiv:1707.04912.

[28] Fu M, Wu W, Hong X, et al. Hierarchical combinatorial deep learning architecture for pancreas segmentation of medical computed tomography cancer images[J]. BMC Systems Biology, 2018, 12(S4):56.

[29] Roth H R, Lu L, Lay N, et al. Spatial Aggregation of Holistically-Nested Convolutional Neural Networks for Automated Pancreas Localization and Segmentation[J]. Medical Image Analysis, 2018,45:94-107.

[30] Roth H R, Oda M, Shimizu N, et al. Towards dense volumetric pancreas segmentation in CT using 3D fully convolutional networks[J]. SPIE Medical Imaging 2018, Houston, TX, USA.

[31] Roth H R, Oda H, Zhou X, et al. An application of cascaded 3D fully convolutional networks for medical image segmentation[J]. Computerized Medical Imaging & Graphics the Official Journal of the Computerized Medical Imaging Society, 2018,66:90-99.

[32] Chen L, Bentley P, Mori K, et al. DRINet for Medical Image Segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018,37(11):2453-2462.

[33] 曹正文,乔念祖,卜起荣,冯筠.结合超像素和 U 型全卷积网络的胰腺分割方法[J].计算机辅助设计与图形学学报,2019,31(10):1777-1785.

[34] Long, J., Shelhamer, E., Darrell, T.: Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation. Computer Vision and Pattern Recognition (2015)

[35] Simonyan, K., Zisserman, A.: Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition. International Conference on Learning Representations (2015)

[36] He, K., Zhang, X., Ren, S., Sun, J.: Deep Residual Learning for Image Recognition. Computer Vision and Pattern Recognition (2016)

[37] Milletari, F., Navab, N., Ahmadi, S.: V-Net: Fully Convolutional Neural Networks for Volumetric Medical Image Segmentation. arXiv preprint arXiv:1606.04797 (2016)

[38] Long, J., Shelhamer, E., Darrell, T.: Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation. Computer Vision and Pattern Recognition (2015)

[39] Roth, H., Lu, L., Farag, A., Shin, H., Liu, J., Turkbey, E., Summers, R.: DeepOrgan: Multi-level Deep Convolutional Networks for Automated Pancreas Segmentation. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (2015)

[40] Simonyan, K., Zisserman, A.: Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition. International Conference on Learning Representations (2015)

[41] Y. Zhang, M. Ying, L. Yang, A. Ahuja, and D. Chen. Coarseto-Fine Stacked Fully Convolutional Nets for Lymph Node Segmentation in Ultrasound Images. IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 2016.