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：** 曹俊燚

**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。

**关键词：**胰腺分割；由粗到精

**Abstract**

In order to exploit

**Key Words**:

目录

[摘要 I](#_Toc36405935)

[第1章 绪论 1](#_Toc36405936)

[1.1 课题研究目的和意义 1](#_Toc36405937)

[1.2 国内外研究现状及发展趋势 2](#_Toc36405938)

[1.2.1 传统胰腺分割方法 2](#_Toc36405939)

[1.2.2 基于卷积神经网络的胰腺分割 3](#_Toc36405940)

[1.3 研究内容和主要工作 4](#_Toc36405941)

[1.4 论文组织结构 5](#_Toc36405942)

[第2章 胰腺分割算法实验平台搭建及数据集处理 5](#_Toc36405943)

[2.1 相关的开发平台、技术介绍 6](#_Toc36405944)

[2.1.1 开发平台Anaconda与Jupyter Notebook 6](#_Toc36405945)

[2.1.2 深度学习框架Pytorch 7](#_Toc36405946)

[2.2 开发环境搭建 7](#_Toc36405947)

[2.2.1 算法实现环境介绍 7](#_Toc36405948)

[2.2.2 算法实现环境搭建 8](#_Toc36405949)

[第3章 基于Coarse-to-Fine方法的胰腺分割 9](#_Toc36405950)

[3.1 方法结构 9](#_Toc36405951)

[3.1.1 数据预处理 10](#_Toc36405952)

[3.1.2 基准模型框架 11](#_Toc36405953)

[3.1.2 模型Coarse-to-Fine方法实现 12](#_Toc36405954)

[3.2 实验结果与分析 13](#_Toc36405955)

[3.2.1 数据集 13](#_Toc36405956)

[3.2.2 评价指标 14](#_Toc36405957)

[3.2.3 实验分析 14](#_Toc36405958)

[3.3 本章小结 14](#_Toc36405959)

[第4章 系统实现与测试 14](#_Toc36405960)

[4.1 系统需求分析与总体设计 14](#_Toc36405961)

[4.1.1 系统需求分析 14](#_Toc36405962)

[4.1.2 系统总体设计 14](#_Toc36405963)

[4.2 系统详细设计 14](#_Toc36405964)

[4.2.1 开发环境搭建 14](#_Toc36405965)

[4.2.2 系统详细设计 14](#_Toc36405966)

[4.3 系统界面 14](#_Toc36405967)

[4.2 系统测试运行 14](#_Toc36405968)

[4.3 本章小结 14](#_Toc36405969)

[结论 15](#_Toc36405970)

[**参考文献** 16](#_Toc36405971)

[**致谢** 22](#_Toc36405972)

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。根据最新一期的全国癌症统计数据[[1]](#引文1)分析显示，我国平均每分钟有7.5个人被诊断患有癌症。在全球范围内，2018 年全球癌症统计报告[[2]](#引文2)分析显示大多数国家依然面临着癌症患者的绝对增长，其中亚洲占据了全球 48.40%的新发癌症病例及 57.30%癌症死亡病例，我国则占据了亚洲癌症发病与死亡的大部分，癌症发病在数量上接近整个美洲的发病数居，癌症导致的死亡人数超过欧洲癌症死亡人数总和。可见，癌症已经成为人们健康生活最大的杀手，如何有效地治疗癌症是人类共同面临的一大挑战。

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%[[3]](#引文3)。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。

近年来，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[[4,5]](#引文4)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[[6]](#引文6)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。Farag等人[[7]](#引文7)先利用SLIC(simple linear iterative clustering)算法将图像分割成多个超像素区域，然后对这些密集的图像块进行标记，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[[8]](#引文8)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[[9]](#引文9)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[[10]](#引文10)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[[11]](#引文11)、2D Unet 网络[[12]](#引文12) 等；三维分割网络包括:3D Unet 网络[[13]](#引文13)、Vnet 网络[[14]](#引文14)等。在端到端的语义分割(FCN[[15]](#引文15)、U-Net[[16]](#引文16))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。Farag 等人[[17]](#引文17)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[[18]](#引文18)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[[19]](#引文19)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[[35]](#引文35)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[[20]](#引文20)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[[21,22,23]](#引文21)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[[24]](#引文24)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 [[25]](#引文25)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[[26]](#引文26)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[[27]](#引文27)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[[28]](#引文28)首先用3D-FCN获得所有腹腔器官区域作为候选区域，然后再次用3D-FCN从候选区域内分割胰腺。Cai 等人[[29]](#引文29)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[[30]](#引文30)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[[31]](#引文31)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[[32]](#引文32)先使用随即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[[33]](#引文33)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[[34]](#引文34)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[[17]](#引文17)，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。

第二章介绍了相关工作。

第三章介绍了算法。

第四章

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，Annaconda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：
2. 操作系统：Ubuntu 18.04.4 LTS
3. 开发平台：Anaconda 4.8.2、Jupyter Notebook、Vim 8.0.1453
4. 开发语言：Python 3.7.6
5. 运算平台：CUDA 10.1
6. 深度学习加速库：CuDNN 7.6
7. 深度学习网络框架：Pytorch 1.4.0
8. 硬件环境：
9. CPU：Intel(R) Xeon(R) CPU E5-2670 v3 @ 2.30GHz
10. GPU：GM204GL Quadro M5000
11. 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** |
| **conda/pip install <package>** | 安装依赖包 |
| **conda/pip uninstall <package>** | 卸载依赖包 |
| **conda create -n <env> python=x.x** | 创建Python版本为x.xde虚拟环境 |
| **conda activate <env>** | 激活虚拟环境 |
| **conda deactive <env>** | 退出当前虚拟环境 |

1. 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。

1. 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；
2. 确认conda创建的Python版本为3.7的虚拟环境正常可用；
3. 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；
4. 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。

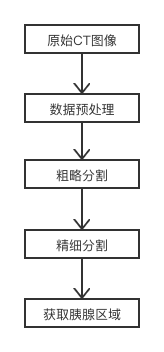


图3-1 本文方法示意图

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=Img(high\_range – low\_range)，其中img是变化后的CT值，low\_range和high\_range在本文中CT值分别为-100、240。

1. 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XC,w(w=1,2,…,*W*)，XS,h(h=1,2,…,*H*)，XA,l(l=1,2,…,*L*)，其中下标C、S和A分别代表“冠状”、“矢状”和“垂直”方向。

3.1.2 基准模型框架

本课题使用二维完全卷积网络(FCN)[[36]](#引文36)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[[37]](#引文37)指定下采样层。本文不使用像文献[[38]](#引文38)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;Θ)。FCN是一个二维分割模型，I记录了输入图像，Θ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;Θ)，loss计算为=，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[39]直接设计DSC-loss层，DSC()=定义在真值集和预测集之间。假设真值集中每个体素的真值是，真值1就是目标点，预测集中每个体素的预测值是，则DSC-loss函数可以通过

进行计算，并且对于所有的体素，该函数与原来的DSC函数在是等价的。梯度计算则通过

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[[41,42]](#引文41)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[[40]](#引文40)(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，并更新当前的分割蒙版。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()>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 Institues 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±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512512，其中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，预测集和真值集的相似度量关系为：

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，在测试集上的结果如表3-2所示。从表中可以看出，本算法获得的模型在不同的测试集上虽然准确率有差异，但是标准差不大，说明本算法比较稳定。

表 3-2 本文方法4折交叉验证准确率

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 4折交叉验证 | 1 | 2 | 3 | 4 | Average |
| DSC(%,mean std) |  |  |  |  |  |

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

1

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Approach | Average | Max | Min |
| Roth *et al.*[[19]](#引文19) | 71.4210.11 | 86.29 | 23.99 |
| Roth *et al.*[[24]](#引文24) | 78.018.20 | 88.65 | 34.11 |
| Zhang *et al.*[[43]](#引文43) | 77.898.52 | 89.17 | 43.67 |
| Roth *et al.*[[31]](#引文31) | 81.276.27 | 88.96 | 50.69 |
| Zhou *et al.* [[21]](#引文21) | 82.375.68 | 90.85 | 62.43 |
| Cai *et al.* [[29]](#引文29) | 82.46.7 | 90.1 | 60.0 |
|  |  |  |  |

3.3 本章小结

第4章 系统实现与测试

4.1 系统需求分析与总体设计

4.1.1 系统需求分析

4.1.2 系统总体设计

4.2 系统详细设计

4.2.1 开发环境搭建

4.2.2 系统详细设计

4.3 系统界面

4.2 系统测试运行

4.3 本章小结

结论

本文采用……。

**参考文献**

[1] 国家癌症中心. 2015年中国恶性肿瘤流行情况分析[R]. 中华肿瘤杂志.2019,41(1)

[2] Bray F, Ferlay J, Soerjomataram I, et al. Global Cancer Statistics 2018: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries[J]. CA: A Cancer Journal for Clinicians. 2018,0:1-31.

[3] Siegel R L, Miller K D, Jemal A. Cancer statistics, 2019[J]. CA: A Cancer Journal for Clinicians,2019,69(1):7-34

[4] 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.

[5] 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.

[6] 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.

[7] 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.

[8] 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

[9] 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), Waknaghat, 2015:272-276.

[10] Dmitriev K, Gutenko I, Nadeem S, et al. Pancreas and cyst segmentation[C]. Spie Medical Imaging. 2016.

[11] 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.

[12] 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.

[13] 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.

[14] 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.

[15] 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.

[16] 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.

[17] 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.

[18] 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).

[19] 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.

[20] 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.

[21] 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.

[22] 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.

[23] 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.

[24] 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.

[25] 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.

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

[27] 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.

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

[29] 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.

[30] 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.

[31] 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.

[32] 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.

[33] 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.

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

[35] 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.

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

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

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

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

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

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

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

[43] 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.

**附录**

附录相关内容…

**致谢**

本论文的工作是在导师……。