

上海交通大学

SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY

区域生长法分割肝脏肿瘤



生物医学图像处理 课程项目报告

第 六 组

组员：杨顺时

丁昊妍

唐敏宇

郭焘玮

区域生长法分割肝脏肿瘤

摘要

医疗影像的辅助诊断技术正处于快速发展阶段，医学图像病灶检测方法在临床上逐渐发挥较大的作用。通过《生物医学图像处理》课程的学习，我们掌握了基本的图像处理原理和方法。为了强化学习和实践方法，我们本次选取了 1 个带有 label 的 MRI/CT 肝脏数据集，运用区域生长法，对其中的 10 个目标进行分割，并对结果进行评估与分析。

关键词：区域生长，图像分割，肝脏，肿瘤

Segmentation of liver tumors by region growing method

Abstract

The auxiliary diagnostic technology of medical image is in a rapid development stage, and the detection methods of medical image focus are gradually playing a greater role in clinical practice. Through the course of Biomedical Image Processing, we have mastered the basic principles and methods of image processing. In order to strengthen the learning and practice methods, we selected a MRI/CT liver dataset with label, used the region growth method to segment 10 of them, and evaluated and analyzed the results.

Key words: Region growth, image segmentation, liver, tumor

目 录

第一章 绪论-----	1
1.1 项目介绍-----	1
1.2 实现思路-----	1
1.2.1 区域生长法-----	1
1.2.2 整体实现流程-----	1
第二章 方法实现-----	2
2.1 区域生长函数-----	2
2.2 提取肝脏函数-----	4
2.3 提取肿瘤函数-----	4
2.4 顶层程序-----	5
第三章 结果评估-----	6
3.1 评估指标-----	6
3.2 评估代码-----	6
3.3 评估结果-----	9
第四章 得失评价和反思-----	10
4.1 结果评价-----	10
4.2 不足反思-----	10
4.3 展望-----	10
4.4 分工情况-----	10
参考文献-----	10
致谢-----	11

第一章 绪论

1.1 项目介绍

肝脏是人体最大的实质器官，是不可或缺的“人体化工厂”。肝脏掌管着人体重要的代谢任务，担任了合成和贮存肝糖原，维持血糖平衡；氧化或分解各种化合物，解除化合物毒性，激素灭活；多种维生素的合成与储存；许多内分泌和外分泌化合物的合成等。对人体健康具有极其重要的作用。此外，肝脏还具有很强的再生能力，可以一定程度上脱分化后进行分裂增殖，因此肝脏具有不容忽视的患癌风险。MRI 是一种对人体组织高效且安全的显像方式，通过 MRI 可对肝脏进行三维扫描，生成对组织代谢和血液流动敏感的图像，从而对肝脏肿瘤做出检测和警报。

但是，面对复杂的周围器官干扰和模糊的肝脏肿瘤边界，临床医生很难精准而高效地分辨肝脏区域、判断肝脏肿瘤生长状况。这时，自动而高效的图像分割技术的重要性便得以体现。目前流行的图像分割方法有阈值分割，水平集分割，聚类模型分割，区域生长分割等。

在本项目中，我们将选择 1 个带有 label 的 MRI/CT 肝脏数据集，运用区域生长法，对其中的 10 个目标进行分割，并对结果进行评估与分析。

1.2 实现思路

1.2.1 区域生长法

区域生长是一种迭代算法，基本实现思路是从某个像素出发（手动选取或自动获取），按照一定的准则，逐步加入邻近像素，当满足一定的条件时，区域生长终止。区域生长的好坏决定于 1. 初始点（种子点）的选取；2. 生长准则；3. 终止条件。经过小组讨论研究，区域生长算法的三个主要步骤的具体实现方法如下：

- （1）确定生长种子点：手动选择种子点
- （2）规定生长准则：采用八邻域法，即种子点与周围八个像素的灰度值做比较
- （3）确定生长停止条件：若不再增加新的、符合生长条件的点，则停止生长



图 1 区域生长法

1.2.2 整体实现流程

综合整体的工作需求，我们讨论得出需要首先将肝脏从整张图片中分离出来，再对肝脏部分做对比度优化，最后对肿瘤痕迹进行提取。

具体实现流程如下：

- (1) 准备工作：确定数据集，读取数据集，选择图层
- (2) 提取肝脏：区域生长，孔洞填充，先闭后开运算，显示图像
- (3) 分割肿瘤：区域生长，孔洞填充
- (4) 合并肝脏与肿瘤图像，保存结果

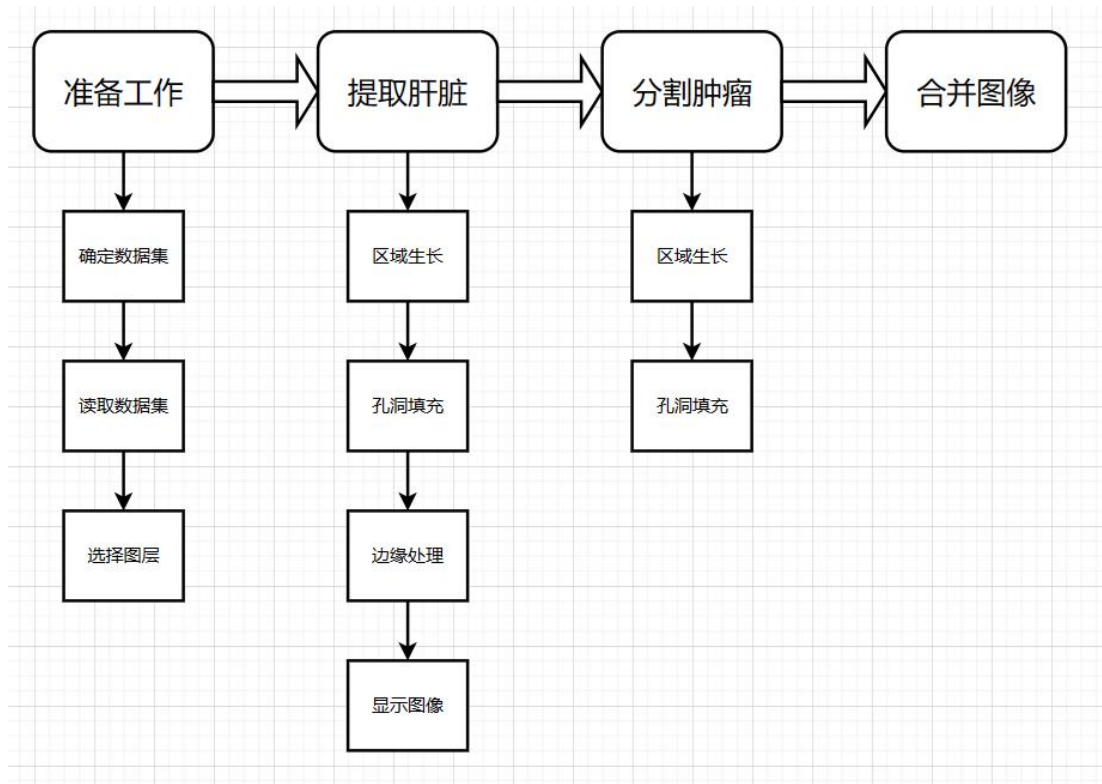


图 2 具体流程

关于区域生长，需要注意的技术细节如下：

1、生长起始点与后续满足的生长区域变为白色。在本项目中，对于有肿瘤的肝脏切片，黑的是背景，灰度值为 0，灰的是肝脏非肿瘤区域，灰度值为 1，白色的是肝脏的肿瘤区域，灰度值为 2。而对于不含肿瘤的，我们就只分割了肝脏，所以白色的灰度值就为 1。

2、并不是把事先确定的种子点的灰度值一直作为标准，而是把不断扩大的区域的灰度均值作为判断标准，动态调整区域灰度平均值

第二章 方法实现

为了增加代码的可读性，我们将功能封装成了一些函数。

2.1 区域生长函数

我们将区域生长功能封装进了函数 `function [J] = RegionGrowing (I, x, y, reg_maxdist)`，参数 `I` 是要分割的图像，参数 `(x,y)` 作为区域生长的起始点，参数 `reg_maxdist` 是区域生长的判定阈值，参数 `J` 是返回的区域生长结果。

通过将手动选择的生长种子点坐标和设定的阈值传入该函数，采用八邻域法，即种子点与周围八个像素的灰度值做比较，若灰度值差在我们设定的阈值内，则作为新的种子点向外生长，直至遍历整个图像无法继续生长。

```
function [J] = RegionGrowing(I,x,y,reg_maxdist,i)
%区域生长
init_pos=[x,y];
[n1,n2]=size(I);           % 输入图像的维数
J = zeros(n1, n2);         % 输出
x0 = init_pos(1);          % 初始点
y0 = init_pos(2);
reg_mean = I(x0, y0);      % 生长起始点灰度值
J(x0, y0) = 1;             % 生长起始点设置为白色
reg_sum = reg_mean;        % 符合生长条件的灰度值总和
reg_num = 1;               % 符合生长条件的点的个数
count = 1;                 % 每次判断周围八个点中符合条件的数目
reg_choose = zeros(n1*n2, 2); % 记录已选择点的坐标
reg_choose(reg_num, :) = init_pos;
num = 1;                   % 第一个点
while count > 0
    s_temp = 0;             % 周围八个点中符合条件的点的灰度值总和
    count = 0;
    for k = 1 : num         % 对新增的每个点遍历，避免重复
        i = reg_choose(reg_num - num + k, 1);
        j = reg_choose(reg_num - num + k, 2);
        if J(i, j) == 1 && i > 1 && i < n1 && j > 1 && j < n2
            % 已确定且不是边界上的点
            % 八邻域
            for u = -1 : 1
                for v = -1 : 1
                    % 未处理且满足生长条件的点
                    if J(i + u, j + v) == 0 && abs(I(i + u, j + v) - reg_mean)
<= reg_maxdist
                        J(i + u, j + v) = 1;           % 对应点设置为白色
                        count = count + 1;
                        reg_choose(reg_num + count, :) = [i + u, j + v];
                        s_temp = s_temp + I(i + u, j + v); % 灰度值存入 s_temp
中
                    end
                end
            end
        end
    end
    num = count;           % 新增的点
    reg_num = reg_num + count; % 区域内总点数
end
```

```
reg_sum = reg_sum + s_temp;           % 区域内总灰度值  
reg_mean = reg_sum / reg_num;        % 区域灰度平均值  
end
```

2.2 提取肝脏函数

在区域生长功能的基础上，我们编写了一个函数以实现提取肝脏的目的的函数：
function [J1] = Get_liver(I, x, y, reg_maxdist)。该函数先通过区域生长粗略提取出肝脏，此时图像有些粗糙，于是通过孔洞填充和先闭后开运算进行进一步的形态学处理，最终显示图像。

```
function [J1] = Get_liver(I,x,y,reg_maxdist)  
%提取肝脏  
%肝脏分割  
J1=RegionGrowing(I,x,y,reg_maxdist);%手动找的种子点  
%孔洞填充  
J1=imfill(J1,'holes');  
%开闭运算处理  
se=strel('disk',3);  
J1=imclose(J1,se);  
se=strel('disk',10);  
J1=imopen(J1,se);  
figure();  
imshow(J1,[]);
```

效果如下图，可以看到分割出了肝脏，整体轮廓符合预期。

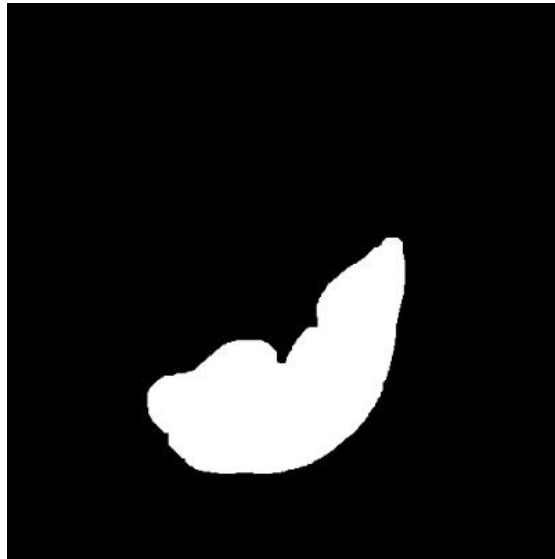


图 3 肝脏分割效果图

2.3 提取肿瘤函数

我们将提取肿瘤和显示肿瘤功能集成进函数 function [J2] = Get_tumour(I, x, y, reg_maxdist, n1, n2)，该函数也是先通过区域生长粗略提取出肿瘤，再通过孔洞填充进一步处理，最终显示图像。


```
function [J2] = Get_tumour(I,x,y,reg_maxdist,n1,n2)
%肿瘤分割
J2=RegionGrowing(I,x,y,reg_maxdist);%肿瘤所在的像素点灰度较低，取得阈值较小
% 孔洞填充
J2=imfill(J2,'holes');
% 开运算
% se=strel('disk',10);
% J2=imopen(J2,se);
% for i=1:n1%方便区分肿瘤和肝脏
%     for j=1:n2
%         if J2(i,j)==1;
%             J2(i,j)=2;
%         end
%     end
% end
figure();
imshow(J2,[]);
```

效果如下图，可以看到分割出了肿瘤，整体轮廓符合预期。

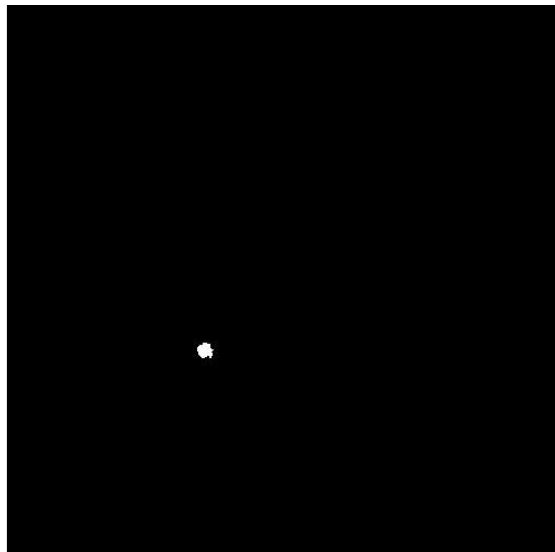


图 4 肿瘤分割效果图

2.4 顶层程序

顶层的 main 程序使用了 matlab 中的实时脚本 mlx 文件，它的界面美观，便于调试。main 程序调用了上述的提取肝脏和提取肿瘤两个函数。先进行肝脏提取，随后在有肿瘤的图层（如 215~222）对肿瘤进行提取，并将其合并，最终得到结果图，并将其保存为 nii 格式。

```
file_read = ('volume-125.nii');
nii=load_nii(file_read);
img=nii.img;
% view_nii(nii);
[n1,n2,n3]=size(img);
img=mat2gray(img);
```

```

z=205;%选择需要分割的图层
I=img(:,:,z);

%分割肝脏
J1=Get_liver(I,355,277,0.005);%手动选择种子点

%分割肿瘤
if(z>=215&&z<=222)%所选数据集中肿瘤对应像素点很少，仅在较少图层中
    J2=Get_tumour(I,315,188,0.007,n1,n2);%手动选择种子点
else
    J2=zeros(n1,n2);
end
J3=J1+J2;%将分割出的肝脏与肿瘤合并
J3=make_nii(J3);
file_write = ('result\205.nii');
save_nii(J3,file_write);%保存成 nii 格式
  
```

如下是 215 图层分割后的结果实例：

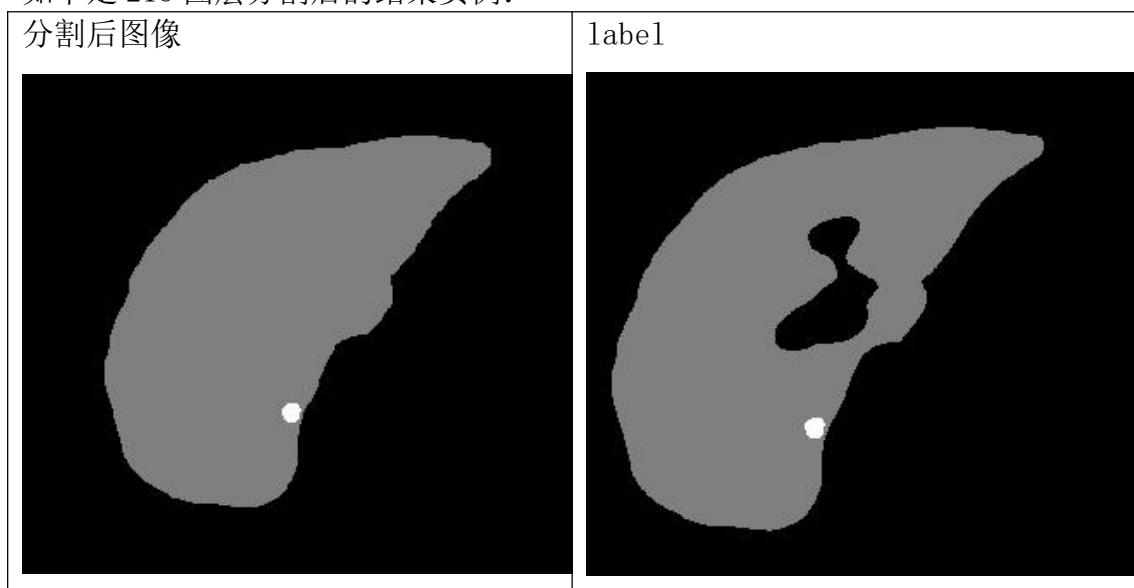


图 5 分割结果图

可以看到分割后图像轮廓与 label 基本吻合，肿瘤的位置与大小也基本吻合，二者边缘的平滑度也相当，分割后图像不是中空的原因是进行了孔洞填充过程。

第三章 结果评估

3.1 评估指标

True Positives (TP)：被正确分割为前景的的像素点个数，即真阳性。

False Positives (FP)：被错误分割为前景的像素点个数，即假阳性。

True Negatives (TN)：被正确分割为背景的像素点个数，即真阴性。

False Negatives (FN)：被错误分割为背景的像素点个数，即假阴性。

经过讨论分析，我们决定从以下几个指标来评估分割的质量：

- (1) IOU：分割结果与 Label 的交并比，即重合程度

$$\text{IoU} = \frac{\text{TP}}{\text{FP} + \text{TP} + \text{FN}}$$

- (2) Dice Score：相似度，骰子系数

$$\text{Dice} = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} = \frac{2\text{TP}}{2\text{TP} + \text{FP} + \text{FN}}$$

- (3) Sensitivity：灵敏度，将的确是病灶的区域正确地判断为病灶的比例

$$\text{Sensitivity} = \frac{\text{TP}}{\text{FP} + \text{TN}}$$

- (4) Specificity：特异度，将不是病灶的区域正确地判断为非病灶的比例

$$\text{Specificity} = \frac{\text{TN}}{\text{FP} + \text{TN}}$$

- (5) Precision：准确度，预测为病灶的地方的确为病灶的比例

$$\text{Precision} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}}$$

- (6) MPA：计算正确预测的像素与所有像素数量的比值

$$\text{MPA} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{FN} + \text{TP} + \text{FP} + \text{TN}}$$

3.2 评估代码

```
clear()
clc;
```

```
file_read =("result\205.nii");
nii=load_nii(file_read{1});
image=nii.img;
s3=("segmentation-125.nii");
sd3=load_nii(s3{1});
standard=sd3.img;
[m1,m2,m3]=size(standard);
    TP=0;%真正例
    FP=0;%假正例
    TN=0;%真反例
    FN=0;%假反例
    k=205; %z 轴
    for i=1:m1
        for j=1:m2
            if image(i,j)>=1&&standard(i,j,k)>=1
                TP=TP+1;
            end
            if image(i,j)>=1&&standard(i,j,k)==0
                FP=FP+1;
            end
            if image(i,j)==0&&standard(i,j,k)==0
                TN=TN+1;
            end
            if image(i,j)==0&&standard(i,j,k)>=1
                FN=FN+1;
            end
        end
    end
    IOU=roundn(TP/(TP+FN+FP),-5);%分割结果与标签的交并比
    Dice_score=roundn(2*TP/(2*TP+FP+FN),-5);%骰子系数，两个相似度
    Sensitivity=roundn(TP/(TP+FN),-5);%灵敏度，将的确是病灶的区域正确地判断为
    病灶
    Specificity=roundn(TN/(TN+FP),-5);%特异度，将不是病灶的区域正确地判断为非
    病灶
    Precision=roundn(TP/(TP+FP),-5);%预测准确度，预测为病灶的地方的确为病灶
    MPA=roundn(((TP+TN)/(FN+TP+FP+TN)),-5);%计算正确预测的像素与所有像素数量
    的比值
    all=[IOU,Dice_score,Sensitivity,Specificity,Precision,MPA];
```

3.3 评估结果

	IOU	Dice_score	Sensitivity	Specificity	Precision	MPA
205	0.95947	0.97932	0.96516	0.99933	0.99389	0.99586
206	0.9544	0.97667	0.96217	0.99905	0.99161	0.99522
215	0.92726	0.96226	0.99613	0.99032	0.93061	0.99099
216	0.93073	0.96412	0.99329	0.99093	0.93662	0.99121
217	0.93059	0.96405	0.99541	0.99067	0.9346	0.99123
218	0.93111	0.96433	0.99579	0.99063	0.93479	0.99125
219	0.93611	0.967	0.9973	0.99095	0.93849	0.99172
220	0.89787	0.94619	0.97091	0.98855	0.9227	0.98637
229	0.97337	0.9865	0.98721	0.99762	0.9858	0.99612
251	0.97033	0.98494	0.97296	0.99982	0.99722	0.99812
AVG	0.941124	0.969538	0.983633	0.993787	0.956633	0.992809
Median	0.93361	0.965665	0.99025	0.99094	0.937555	0.991485
var. s	0.000534796	0.000151402	0.000201467	2.05392E-05	0.000958933	1.19697E-05
var. p	0.000481316	0.000136262	0.00018132	1.84853E-05	0.00086304	1.07727E-05

图 6 评价结果

如下箱型图主要用于表示结果的离散程度。

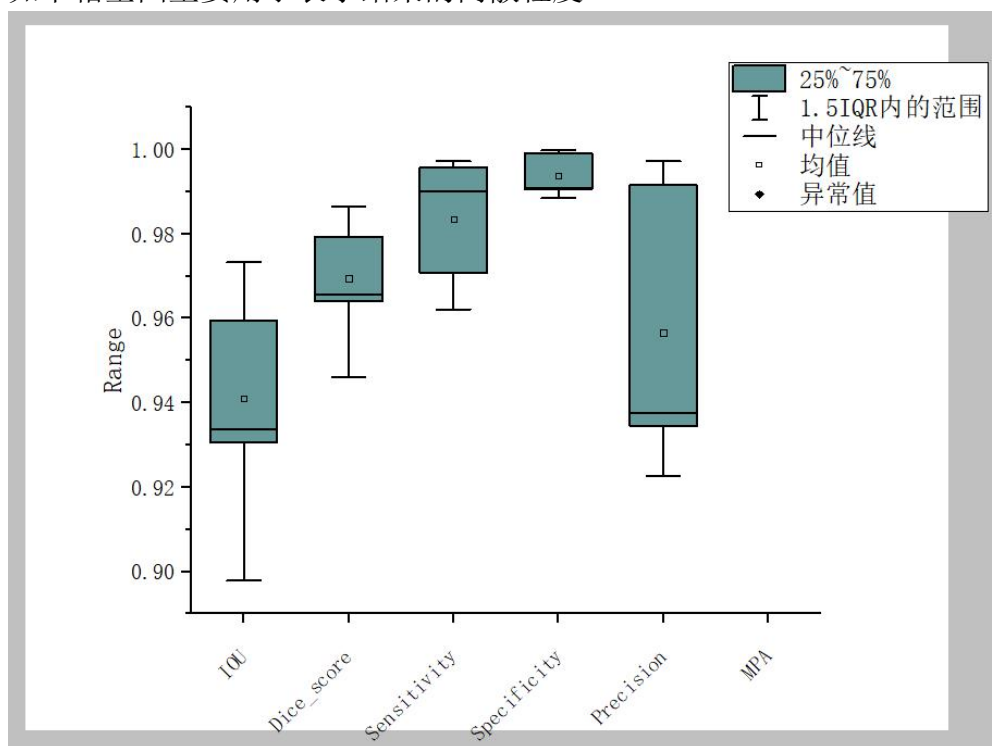


图 7 结果离散程度

通过对选取的这 10 个目标进行评估，可以看到整体来说分割效果良好。相似度与灵敏度均大于 0.95 且离散度较小，特异度与 MPA 均大于 0.99。在准确度上稍差一些，均值与中值较低、方差较大。我们发现，绝大部分图层的分割效果比较好，但 216 号图层肿瘤分割的效果不够理想，经过讨论猜测可能是因为肿瘤太小，所以分割效果不理想。

第四章 得失评价和反思

4.1 结果评价

经分析，由于肿瘤对应的像素点过少，区域内相似性也不够，在分割肿瘤时种子像素和生长准则的确定可能不够合理，有少部分图层肿瘤分割的效果不够好。

相比之下，229 号图层由于不含肿瘤，没有肿瘤过小带来的影响，其各项评估指标都比较好。

4.2 不足反思

- (1) 必须手动选择种子点，有一定操作难度。
- (2) 所选数据集肿瘤对应的像素点过少，仅有少数图层有肿瘤对应的像素点，其种子点选择的难度较大，有少数图像肿瘤分割效果不够理想。
- (3) 区域生长时，无法保证生长准则最优，可能会导致假阴或假阳的情况。

4.3 展望

我们只采用了 10 个样本，样本量较少，代码的适用性难以验证，希望将来可以扩大样本量进行验证。同时由于我们的样本图层和种子点是人工手动选取，人力消耗较大，且对阈值的选择也需要人工设置，有一定难度。希望将来可以通过机器学习等方式实现自动选取合适的图层、种子点与阈值。

4.4 分工情况

成员	任务
所有人	初步讨论
杨顺时	思路构建 编写图像处理代码
丁昊妍	编写结果评估代码
唐敏宇	PPT制作与演讲汇报
郭焘玮	撰写报告

参考文献

- [1]陆剑锋, 林海, 潘志庚. 自适应区域生长算法在医学图像分割中的应用[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2005(10):28-33.
- [2]王媛媛. 图像区域分割算法综述及比较[J]. 产业与科技论坛, 2019, 18(13):54-55.
- [3]Zhou Z, Wan H, Zhang H, et al. Segmentation of Spontaneous Intracerebral Hemorrhage on CT With a Region Growing Method Based on

Watershed Preprocessing. Front Neurol. 2022;13:865023. Published 2022 Mar 29. doi:10.3389/fneur.2022.865023

[4]Herng-Hua Chang, Audrey H. Zhuang, Daniel J. Valentino, Woei-Chyn Chu, Performance measure characterization for evaluating neuroimage segmentation algorithms, NeuroImage, Volume 47, Issue 1, 2009, Pages 122-135, ISSN 1053-8119

[5]Taha, A.A., Hanbury, A. Metrics for evaluating 3D medical image segmentation: analysis, selection, and tool. BMC Med Imaging 15, 29 (2015). <https://doi.org/10.1186/s12880-015-0068-x>

致谢

经过小组成员的不断讨论与努力，秉持着认真负责精神，相互协作，最终将本次大作业完成了，感谢小组每个成员的付出与努力。在这次大作业中，大家对图像分割都有了更深入的了解，体会到了分割图像的乐趣，也锻炼了对相关知识的运用能力。虽然还有不完美的地方，但相信随着将来的学习可以更加精进我们对图像分割知识的理解与运用。最后，感谢张志勇老师和助教在生物医学图像处理这门课程上的帮助，让我们更好的学到了这门课程的知识，并对图像分割知识产生兴趣，将来有机会我们还会继续学习相关知识的。