

基于CT图像的肾脏肿瘤纹理特征提取

高岩^①

摘要 目前计算机辅助检测肿瘤都是基于病变形态学变化的分析,且这些算法的效果难以满足现状。从这些算法所忽略的图像纹理特征出发,从不同病人的198张、5类不同的良恶性肿瘤的CT图像中,基于灰度共生矩阵和灰度梯度共生矩阵,综合考虑肾脏肿瘤没有明显方向性及细纹理的特性,并依据可区分性、唯一性、不相关性以及为避免后续肿瘤识别过程复杂化,通过分析作出了有效性选择,首次提取出最能体现5种肿瘤的27个特征并验证其有效性,作为后续计算机辅助识别肾脏肿瘤研究的基础。

关键词 CT图像 肾脏肿瘤 纹理特征提取 灰度共生矩阵 灰度梯度共生矩阵

Doi:10.3969/j.issn.1673-7571.2019.04.021

[中图分类号] R318;TP391 [文献标识码] A

Extraction of Renal Tumor Texture Features Based on CT Image / GAO Yan//China Digital Medicine.-2019 14(4): 66 to 68

Abstract At present, computer-aided detection of tumors is based on the analysis of pathological changes, and the effect of these algorithms is unsatisfactory. Starting from the image texture features neglected by these algorithms, based on the gray level co-occurrence matrix and the gray level gradient co-occurrence matrix, from 198 CT images of different patients of 5 different types of benign and malignant tumors, the characteristics of renal tumors with no obvious orientation and fine texture are considered comprehensively, and according to distinguishability, uniqueness and irrelevance, the complexity of the subsequent tumor recognition process is avoided. Through the analysis, the effectiveness selection is made. First, 27 features of five types of tumors are extracted, and their effectiveness is verified as basis for the research on the follow-up computer-aided recognition of kidney tumors.

Keywords CT image, renal tumor, texture feature extraction, GLCM, GGCM

Corresponding author School of Information Science and Engineering, Xiamen University, Xiamen 361005, Fujian Province, P.R.C.

1 引言

目前绝大多数的癌症病变检出算法都是基于病变形态学变化的分析。虽然不同病变会有形态学上的差异,但这些形态差异都是通过临床确诊后,用统计方法得到的,与病理学检查结果并不直接相关。因此,依据形态变化得出的诊断结果准确率很低^[1-2]。目前,越来越多的基于纹理的方法应用于病理分析^[3-5]。

针对目前存在的这一现象,充分考虑肾脏肿瘤的生长没有方向性和肾脏肿瘤具有细纹理的特性,基于灰度共生矩阵和灰度梯度共生矩阵从不同病人,5个肿瘤类型的198张CT图像中提取出最能区分肿瘤类型的27个纹理特征,为计算机辅助诊断和治疗肾脏肿瘤提供了病变分析依据。

2 算法

纹理是图像的一种基本特性,是进行图像分析和理解的一个重要信息源。提取纹理特征的本质就是将图像纹理空间关系的不同用灰度的变化来体现,然后将这种变换用数学的方式来描述。目前已有许多纹理特征提取方法,大致可以分为两类:结构分析法和统计分析法。

由于肾脏肿瘤CT图像是没有明显规则性,具有随机性、非均匀性结构的细纹理图像。基于CT图像分析肾脏各种类型肿瘤的纹理特征时,采用了应用最为广泛的灰度共生矩阵分析和灰度梯度共生矩阵分析相结合的方法,以像素为单位来表述其纹理^[6]。分析肿瘤图像密度空间变化信息,获取肾脏肿瘤CT图像的不同纹理特征。

^①厦门大学信息科学与技术学院,361005,福建省厦门市思明区曾厝垵西路1号

2.1 灰度共生矩阵计算 灰度共生矩阵将图像中像素及其邻域像素的空间关系和灰度关系结合起来,充分体现了一定空间关系下图像的灰度变化情况,从而达到分析图像纹理特征的目的。

其定义如下:在一幅图像中,如图1所示,从灰度为*i*的像素(*x,y*)出发,统计与其距离为*d*,灰度为*j*的像素(*x+dx,y+dy*)同时出现的频度为*P(i,j,d,θ)*,其数学表达式为:

$$P(i,j,d,\theta) = \{(x,y),(x+dx,y+dy) | f(x,y) = i; f(x+dx,y+dy) = j\}$$

其中,*i,j=0,1,...,Ng-1*,*N_g*表示图像的灰度等级,*dx,dy*表示两个像素间的在图像中的相对位置, (*x,y*)是像素坐标,*d*是位移量,*θ*是矩阵生成方向,通常取四个值0°,45°,90°,135°, *d*和*θ*决定了灰度共生矩阵生成的距离和方向。通过这四个方向计算出来图像的纹理特征可以很好地抑制方向性,准确描述图像固有的属性。

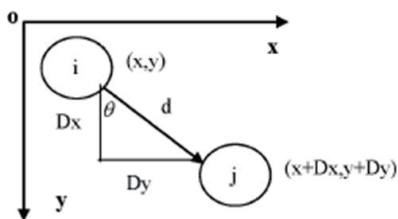


图1 灰度共生矩阵的生成

为了分析方便,矩阵元素通常用如下公式进行归一化处理得到归一化的共生矩阵。文献[7]表明,归一化后特征值有更高的纹理分辨率。归一化公式为:

$$P(i,j,d,\theta) = \frac{P(i,j,d,\theta)}{R}, R = \begin{cases} N(N-1) & \theta = 0^\circ \text{ 或 } 90^\circ \\ N^2 & \theta = 45^\circ \text{ 或 } 135^\circ \end{cases}$$

2.2 灰度梯度共生矩阵计算 灰度梯度共生矩阵是将灰度信息与梯度信息综合起来提取纹理信息的一种纹理分析方法,充分考虑了像素灰度和边缘梯度的联合统计分布。

灰度梯度共生矩阵用于反映图像中灰度与梯度之间相互关系,清晰地表达了图像内像素灰度与梯度的分布规律,体现各像素与其邻域像素的空间关系,能很好地反映出纹理图像中灰度级空间相关规律。

灰度梯度共生矩阵的元素*H(i,j)*定义为灰度图像*F(i,j)*和梯度图像*G(m,n)*中具有灰度值*i*和梯度值*j*的总像素数。即集合{(i,j)|*F(i,j)=x∩G(i,j)=y,i,j=0,1,...,N-1*}中的元素个数。其中*F(i,j)∈[0,L_r-1],G(i,j)∈[0,L_g-1]*对灰度梯度共生矩阵进行归一化处理,如下式所示: $\hat{H}(i,j) = \frac{H(i,j)}{\sum_{i=0}^{L_r-1} \sum_{j=0}^{L_g-1} H(i,j)}$

进一步简化为: $\hat{H}(i,j) = \frac{H(i,j)}{N^2}$

灰度梯度矩阵中每一个元素表示一种灰度梯度组合的次数。矩阵的大小与灰度和梯度的阶数有关,为*N×N*。对于粗纹理图像, $\hat{H}(i,j)$ 在灰度轴附近集中分布,仅有少量边界点远离灰度轴分布。对于细纹理图像而言, $\hat{H}(i,j)$ 离开灰度轴而沿梯度轴散开分布。

3 肾脏肿瘤CT图像纹理特征计算

将来自不同肾脏肿瘤病人的198张腹部CT图像作为研究对象,基于灰度共生矩阵和灰度梯度共生矩阵来研究肾脏肿瘤的纹理特征。

对腹部CT图像经过分割及肿瘤区域提取后,通过对肿瘤区域CT值的直方图分析后,发现肾脏肿瘤的CT值分布在-800~+500的范围之内。为了提高系统运行效率,降低运算量,采用以下公式对灰度等级重新定义,得到肿瘤区域新的灰度值范围,将灰度共生矩阵的维数降为255×255,极大地降低了运算量。

$$G_N = \frac{CT_{data} - CT_{min}}{CT_{max} - CT_{min}} \times CT_{Graylevel}$$

其中,*CT_{Graylevel}*是重新定义后的灰度等级,*CT_{data}*是肿瘤区域像素的CT值,*CT_{min}*是肾脏肿瘤CT值的最小值,*CT_{max}*是肾脏肿瘤CT值的最大值,*C_N*是重新定义后的灰度级范围后的灰度值,范围在0~*CT_{Graylevel}-1*之间。在实验中将*CT_{Graylevel}*设为255,*C_N*的取值范围在0~255之间。

Haralick^[8]提出了14个灰度共生矩阵的特征量。通过分析这14个灰度共生矩阵的特征量^[9],依据可区分性、唯一性、不相关性以及为避免肿瘤识别过程复杂化,通过分析各个量的影响,作出了有效性选择,采用了其中的6个特征量。以此减少无效特征和冗余特征的数量,提高计算机辅助识别肾脏肿瘤的效率。

考虑到肿瘤没有明显的方向性,且是细纹理的。在计算纹理特征时,为了抑制方向性,使得最终用于分类识别的纹理特征量与肿瘤图像的位置和方向无关。对每一张图像在0°,45°,90°,135°4个方向,间距为1个像素下计算得到4×*N*个灰度共生矩阵,对这4个方向上的纹理特征值取平均数,得到各个特征的均值和方差,用于最终分类计算的纹理特征值。

通过获取这198张肾脏肿瘤CT图像灰度梯度共生矩阵,计算出每张图像肿瘤区域的对比度、角二阶矩、逆差矩、相关、熵以及和方差等六个特征值,从而提取肾脏不同类型肿瘤的纹理特征值。这六个特征值很好地描述了肾脏肿瘤二维CT图像中像素的灰度变化情况,但无法体现边缘信息,而边缘又是图像的重要特征,在肾脏肿瘤纹理类型肉眼无法识别的情况下,自动提取更多的CT图像肿瘤特征

可增加识别的准确度。为了更好地体现不同类型肾脏肿瘤的边缘信息,基于灰度梯度共生矩阵提取了小梯度优势,大梯度优势,灰度分布的不均匀性,梯度分布的不均匀性,能量,灰度平均,梯度平均,灰度均方差,梯度均方差,相关,灰度熵,梯度熵,混合熵,惯性以及逆差矩等15个肿瘤图像纹理特征,再结合基于灰度矩阵提取的12个特征,从这27个方面来描述肾脏不同类型的肿瘤纹理信息,从而为计算机辅助识别肾脏肿瘤提供依据。

4 肾脏肿瘤CT图像的纹理特征值及分析

依据上述方法得到良恶性肿瘤5种肿瘤共27个纹理特征,通过对比,从灰度共生矩阵提取得到的12个特征中,良恶性肿瘤的特征之相差一个数量级(即 10^{-1}),肾细胞癌的纹理特征值很明显,肾母细胞癌和肾盂癌的特征没有明显区别。显然,要将所有肿瘤很好地识别出来,仅靠这12个特征是远远不够的。基于灰度梯度共生矩阵提取的15个肿瘤的纹理特征中,肾囊肿的各个特征值明显小于其他肿瘤,其他4类肿瘤的15个特征中,能量,灰度熵,梯度熵,混合熵以及逆差距的平均值很接近,很难通过灰度梯度矩阵提取的纹理特征直接识别出来。因此,将这27个纹理特征一起,作为计算机辅助识别肾脏肿瘤的基础。

为了验证这27个纹理特征的有效性,采用来自临床的肾脏肿瘤CT图像,图像的分辨率为 512×512 ,图像的格式为16位的DICOM图像。包括来自不同患者共198张CT图像中的5类肾脏肿瘤,其中包含2种良性肿瘤和3种恶性肿瘤。在参与分类识别的198张CT图像中,肾囊肿图像70张,肾错构瘤图像

25张,肾母细胞癌图像51张,肾盂癌图像26张,肾细胞癌图像26张。将基于灰度共生矩阵和灰度梯度共生矩阵提取出的27个纹理特征值作为分类识别的依据。在Matlab平台上,采用libsvm工具箱(libsvm-mat)^[10]验证有效性,实验中核函数选用的是RBF核函数。

在实验过程中发现,如果不进行归一化预处理,分类准确率很差,良恶性肿瘤的准确率只有56.18%,两类良性肿瘤分类的准确率是80%,三类恶性肿瘤的分类准确率均是50%。因此,在分类之前,对输入数据进行预处理,归一化到[0, 1]区间后,是将27个特征作为分类器的输入,分类器的输出为5个类别。

依据采用的肿瘤数据具有数量偏小,非线性的特点,采用适合这一特点的SVM方法中的二叉树分类法,自动识别出2种良性肿瘤和3种恶性肿瘤。良恶性肿瘤的识别率为100%,两类良性肿瘤的识别率为84%,肾细胞癌的识别率为94.3%,其他两类恶性肿瘤识别率为65.4%。

5 结论

针对目前计算机辅助检测肾脏肿瘤都是基于病变形态学变化的分析,且这些算法的效果令人难以满意这一现状,从这些算法所忽略的纹理特征出发,对不同病人的198张CT图像,5类不同的良恶性肿瘤,基于灰度共生矩阵和灰度梯度共生矩阵,考虑肾脏肿瘤体现在CT图像上没有明显方向性,为了使提取的肿瘤区域的纹理特征具有很好的表示能力,对图像的平移、旋转以及尺寸不敏感。灰度共生矩阵四个方向纹理特征并取平均数,得到各特征的均质与方差,作为肾脏肿瘤纹理特征值。并且依据可区分性、唯一性、不相关性以及为避免后

续肿瘤识别过程复杂化,通过分析作出了有效性选择,提取出最能体现5种肿瘤的27个特征。并通过Matlab工具箱,验证这些纹理特征的有效性。实验表明,所提取出的27个纹理特征具有良好的代表性,可作为后续计算机辅助识别肾脏肿瘤的基础。

参考文献



- [1] Leef JL, Klein JS. The Solitary Pulmonary Nodule[J]. Radiol Clin North Am, 2002, 40(1): 123-143.
- [2] Sortini D, Maravegias K, Sortini A. Difficulty of Early Diagnosis in Patients with Solitary Pulmonary Nodule[J]. Thorac Cardiovasc Surg, 2005, 129: 1196.
- [3] Sertel O, Lozanski G, Shana'ah A, et al. Computer-aided detection of centroblasts for follicular lymphoma grading using adaptive likelihood-based cell segmentation[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2010, 57(10): 2613-2616.
- [4] Mikhaylov V V, Bakhshiev A V. The System for Histopathology Images Analysis of Spinal Cord Slices[J]. Procedia Computer Science, 2017, 103: 239-243.
- [5] Nabizadeh N, Kubat M. Brain tumors detection and segmentation in MR images: Gabor wavelet vs. statistical features[J]. Computers & Electrical Engineering, 2015(45): 286-301.
- [6] Beyer MH. The GLCM Tutorial[EB/OL]. <http://www.fp.ucalgary.ca/mhallbey/tutorial.htm>, Accessed on 29 March, 2017.
- [7] 伯特霍尔德·霍恩. 机器视觉[M]. 蒋欣兰, 译. 北京: 中国青年出版社, 2014.
- [8] Haralick R M, Shanmugam K, Dinstein I. Textural features for image classification[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 1973 (SMC-3): 610-621.
- [9] Parvez A, Phadke A C. Efficient Implementation of GLCM based Texture Feature Computation using CUDA Platform[C]// International Conference on Trends in Electronics and Informatics, 2017: 296-300.
- [10] <http://www.ilovematlab.cn/thread-64831-1-1.html>.

【收稿日期: 2018-04-25】

【修回日期: 2018-07-18】

(责任编辑: 张倩)