

一种基于混合损失函数的改进型 U-Net 网络的肝部医学影像分割方法

知网 <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1690.tn.20200601.1551.077.html>

改进的U-net网络模型

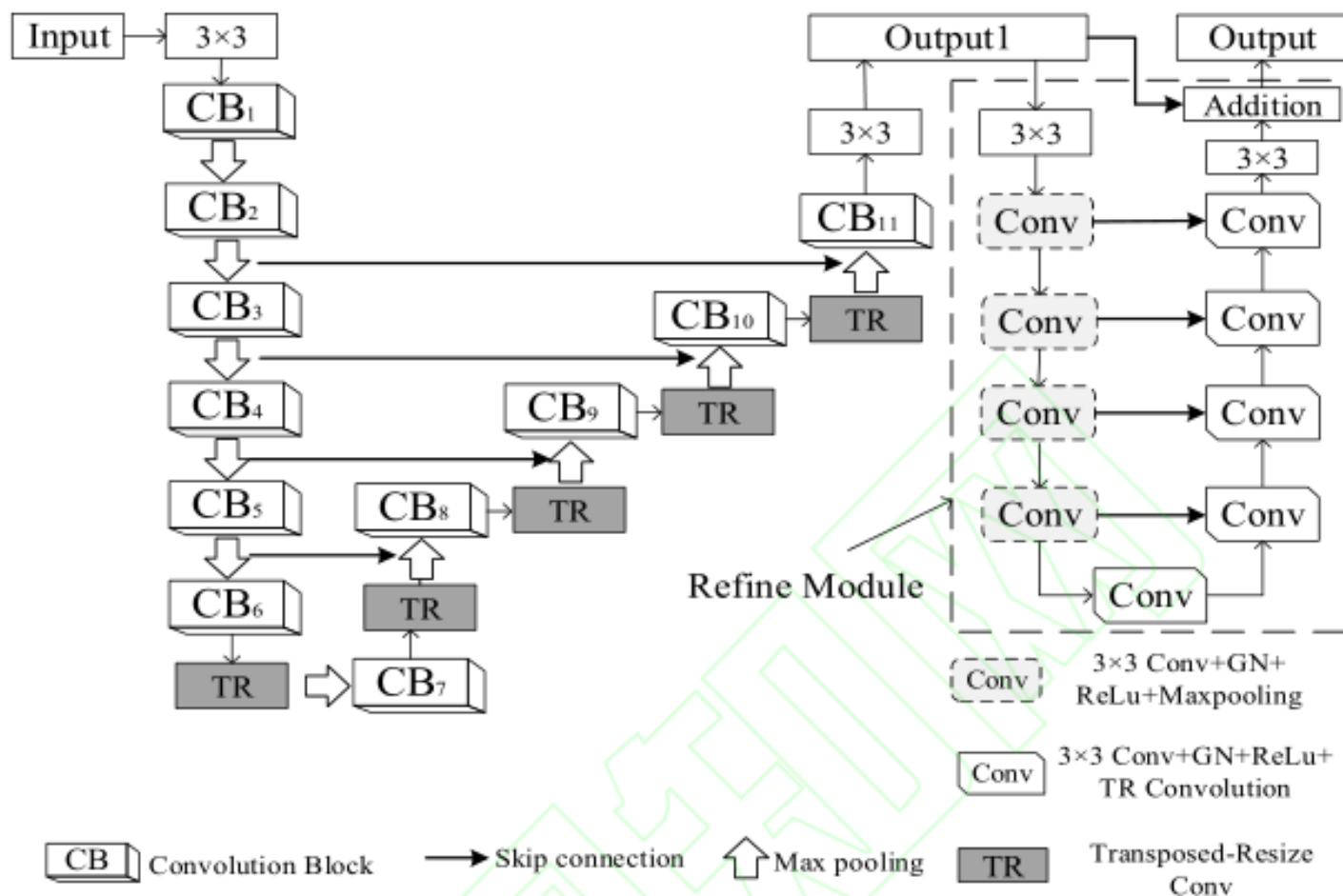


图1 本文提出的网络结构

初始分割模块和优化模块

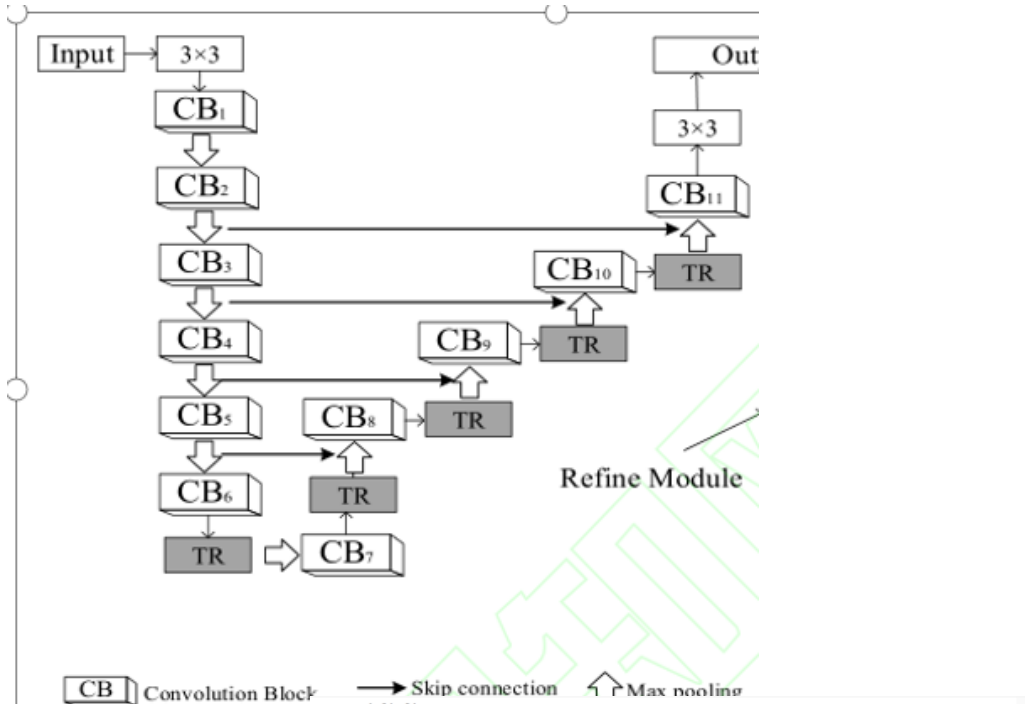
初始分割模块是一个类似于 U-Net 的编码-解码结构，该网络对输入的肝部医学影像进行初始化分割，在上采样过程中添加池化层来减小信息损失；

优化模块则通过学习初始分割图和专家标注图像之间的残差进行输出结果优化，通过级联的方式对上下文的特征信息进行融合连接，提高网络表达能力。

CB 表示卷积块

TR 表示转置缩放卷积

初始分割模块



改进的 U-Net 模型，其框架由 11 个卷积块，5 个下采样层和 5 个上采样层组成。

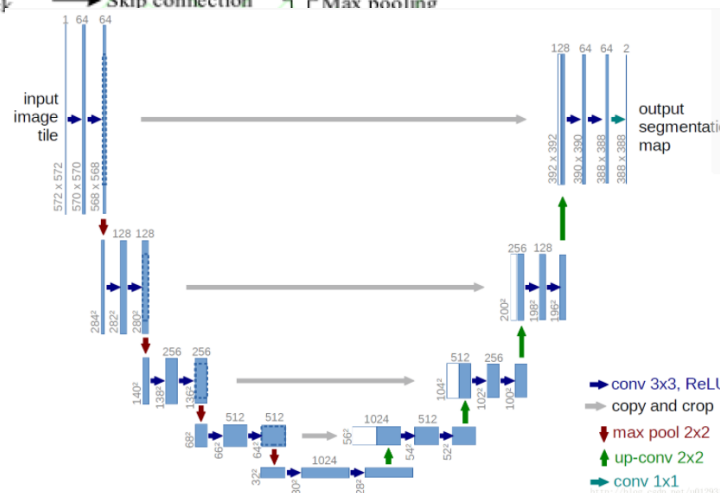
特色：

1. 在上采样阶段，传统 U-Net 只复制了池化层的功能，而改进的 U-Net 网络结构由于在该过程中添加了池化层，直接复制了对应下采样阶段池化层的特征图；

同时将转置缩放卷积与上采样过程中的卷积块进行连接，其中转置缩放模块由转置卷积和缩放卷积组成，用于恢复细节并且优化边界。

因此，改进的 U-Net 的信息损失更少。

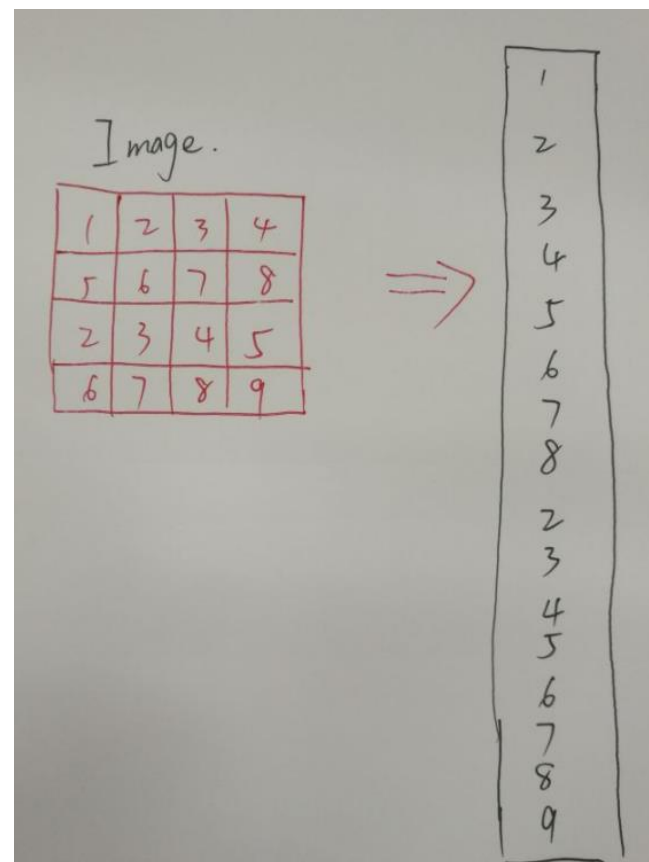
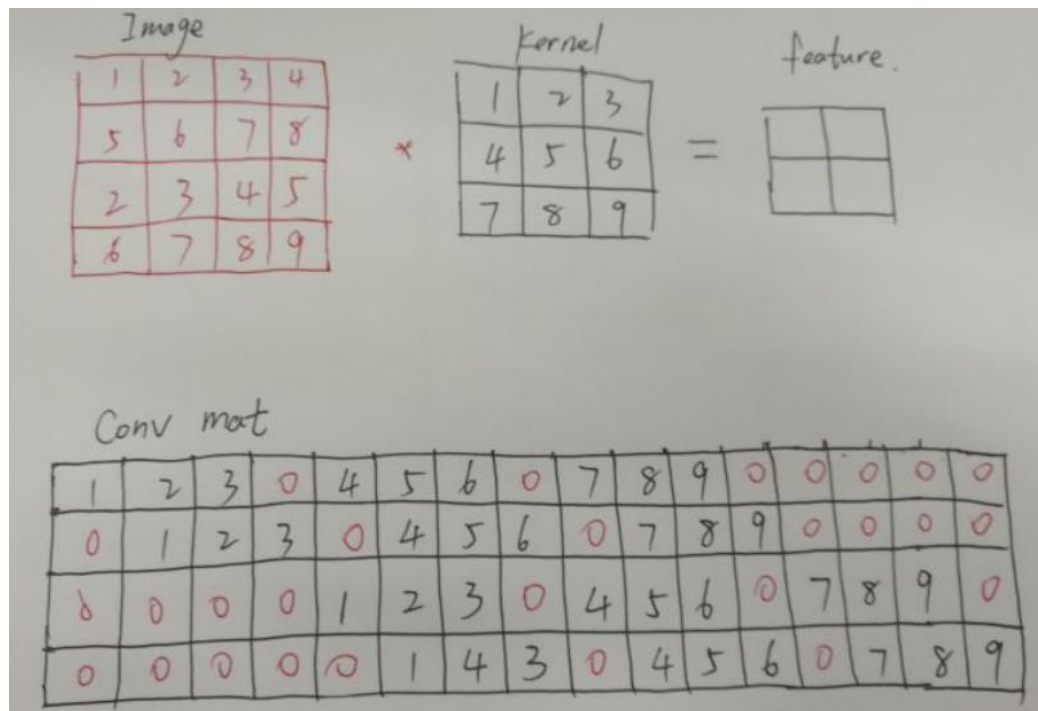
2. 增加了网络深度，使用组归一化(Group Normalization, GN)来代替常用的批量归一化(Batch Normalization, BN)，减小 batch size 过小的对网络准确性带来的影响。



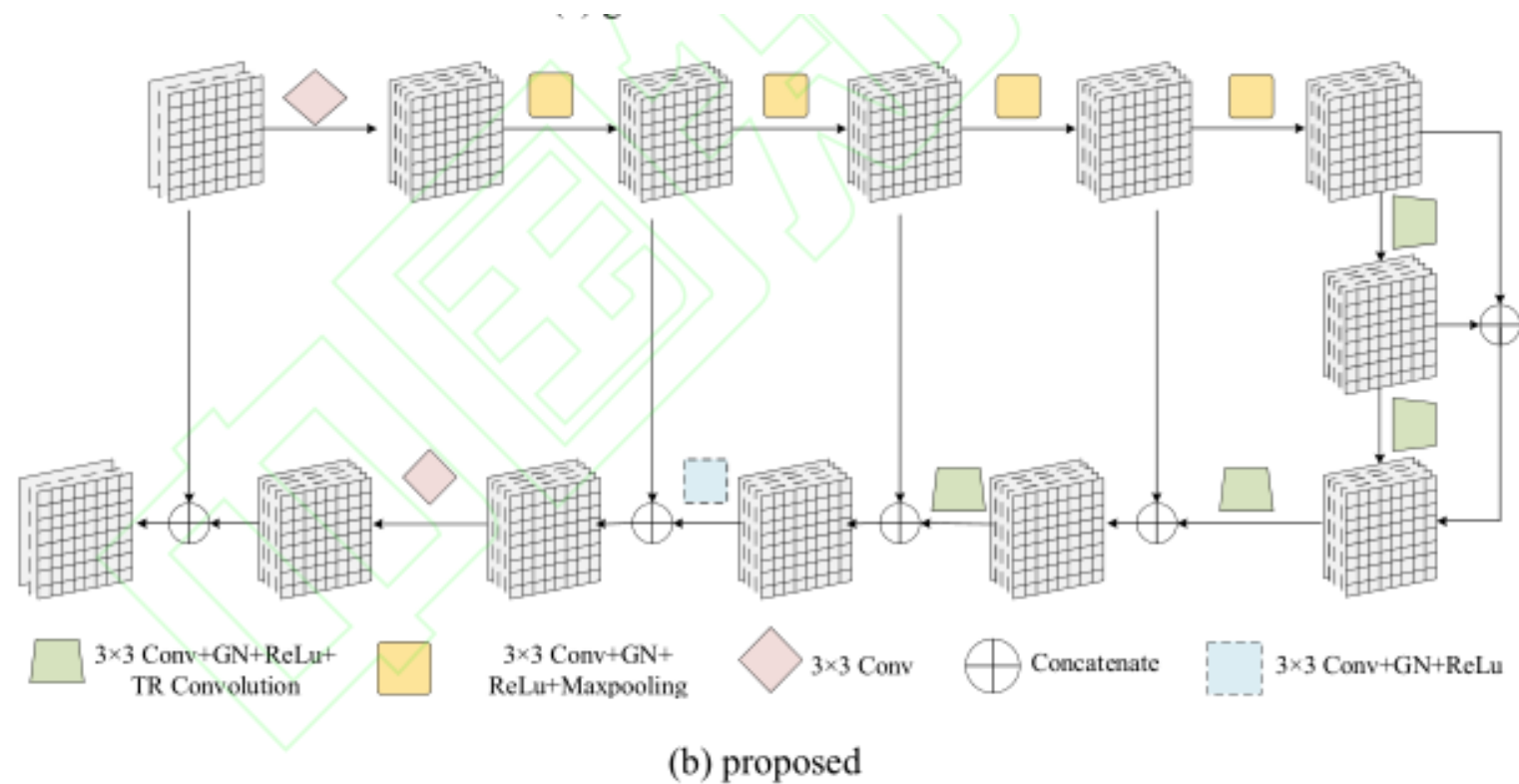
上采样 转置卷积操作

卷积: 输入 4×4 resize- $\rightarrow 1 \times 16$ 输出 4×1 resize- $\rightarrow 2 \times 2$ 需要乘以 16×4 的卷积矩阵 可由卷积核构造而来

转置卷积: 输入 2×2 resize- $\rightarrow 1 \times 4$ 输出 16×1 resize- $\rightarrow 4 \times 4$
需要乘以 4×16 的转置卷积矩阵



优化模块



为了完善初始分割图中的边界缺陷，在改进的 U-Net 后添加一种新型结构的残差优化模块，其类似于残差编码-解码结构，目的在于同时对上下文的高级信息和低级信息进行细化处理。

与主分割模块不同，编码器和解码器均有四个阶段。每个阶段只有一个卷积层。

为了进一步捕获图像特征信息，在编码器和解码器之间添加了一个桥连接层，其具有一个卷积层，同样需要进行组归一化和 ReLu 激活。

混合损失函数

GT 是像素的专家标注标签，而SEG是成为分割物体的预测概率

$$l^{(k)} = \partial_1 l_{bce}^{(k)} + \partial_2 l_{iou}^{(k)} + \partial_3 l_{ssim}^{(k)}$$

二元交叉熵损失函数

$$l_{bce} = -\sum_{(a,b)} [GT(a,b)\log(SEG(a,b)) + (1 - GT(a,b))\log(1 - SEG(a,b))]$$

交并比损失函数

$$l_{iou} = 1 - \frac{\sum_{a=1}^H \sum_{b=1}^W SEG(a,b)GT(a,b)}{\sum_{a=1}^H \sum_{b=1}^W [SEG(a,b) + GT(a,b) - SEG(a,b)GT(a,b)]}$$

通常用于目标检测和图像分割的标准评估。最近，它可以被用于网络的损失函数中来反映初始分割图与手动标注图之间的差距

结构相似性损失函数

$$l_{ssim} = 1 - \frac{(2\mu_x\mu_y + C_1)(2\sigma_{xy} + C_2)}{(\mu_x^2 + \mu_y^2 + C_1)(\sigma_x^2 + \sigma_y^2 + C_2)}$$

可以用于图像质量评估，通过它可以获得分割图像的结构信息

基于U-Net改进模型的直肠肿瘤分割方法

知网 <http://kns.cnki.net/kcms/detail/51.1307.TP.20200520.1443.006.html>.

虽然 U-Net、Y-Net 和 FocusNetAlpha 模型在肝脏肿瘤分割和直肠息肉分割中取得了不错的分割效果，但是当将三种模型直接用于直肠肿瘤分割时，体积大且特征明显的肿瘤块能被较好的分割，**细小的肿瘤块分割却不理想**。对于分割精度来说，以上模型对直肠肿瘤区域的分割精度还有待提升。

针对直肠肿瘤区域分割，提出一种 U-Net 改进模型，其主要改进在于在编码器的每级特征提取模块中嵌入一个同时进行上下采样的子编码模块，提升网络对目标区域的特征表达能力。另外还通过对比实验选择最适合的优化器训练模型，通过数据扩充增加数据样本提升模型性能。

U-Net-SCB 网络模型

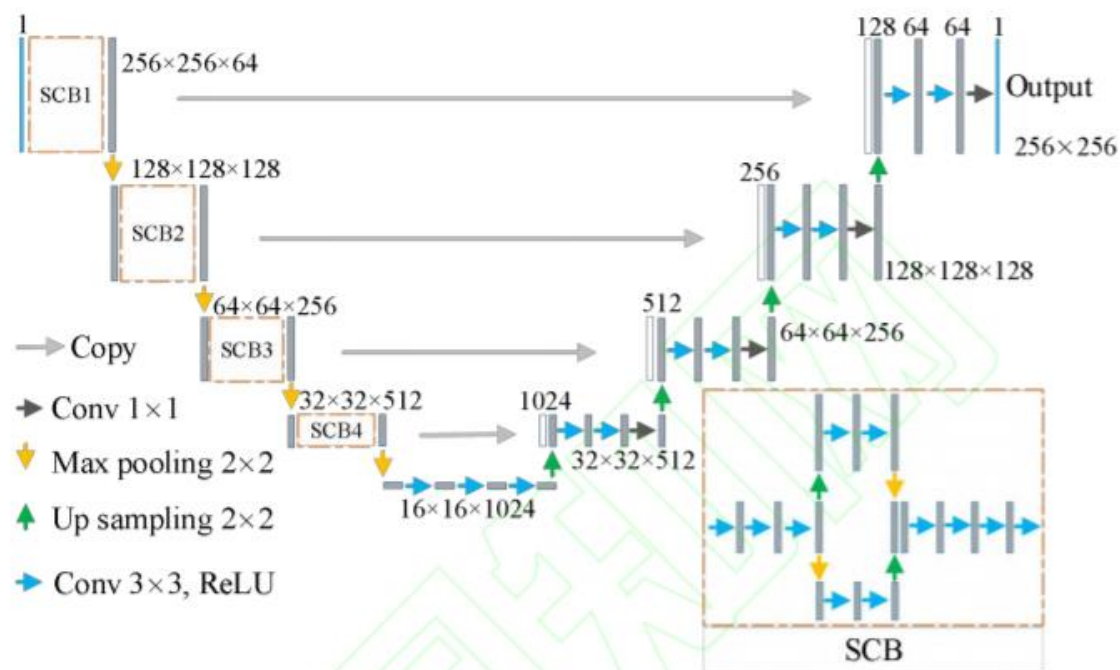


图 1 U-Net-SCB 模型

模型整体呈 U 型结构，每层都由一对编码器和解码器构成，都有相同大小的特征图，特征图的通道数随特征图尺度变小而增大；

每层解码器接受下层解码器的上采样特征和同层编码器输出特征的合并特征，合并特征再经过 2 个 3*3 卷积和 1 个 1*1 卷积后上采样输出到上层解码器；

每层编码器除了向同层解码器输出特征外，还向下层编码器下采样输出特征；最上层解码器输出分割结果。

U-Net-SCB 网络模型

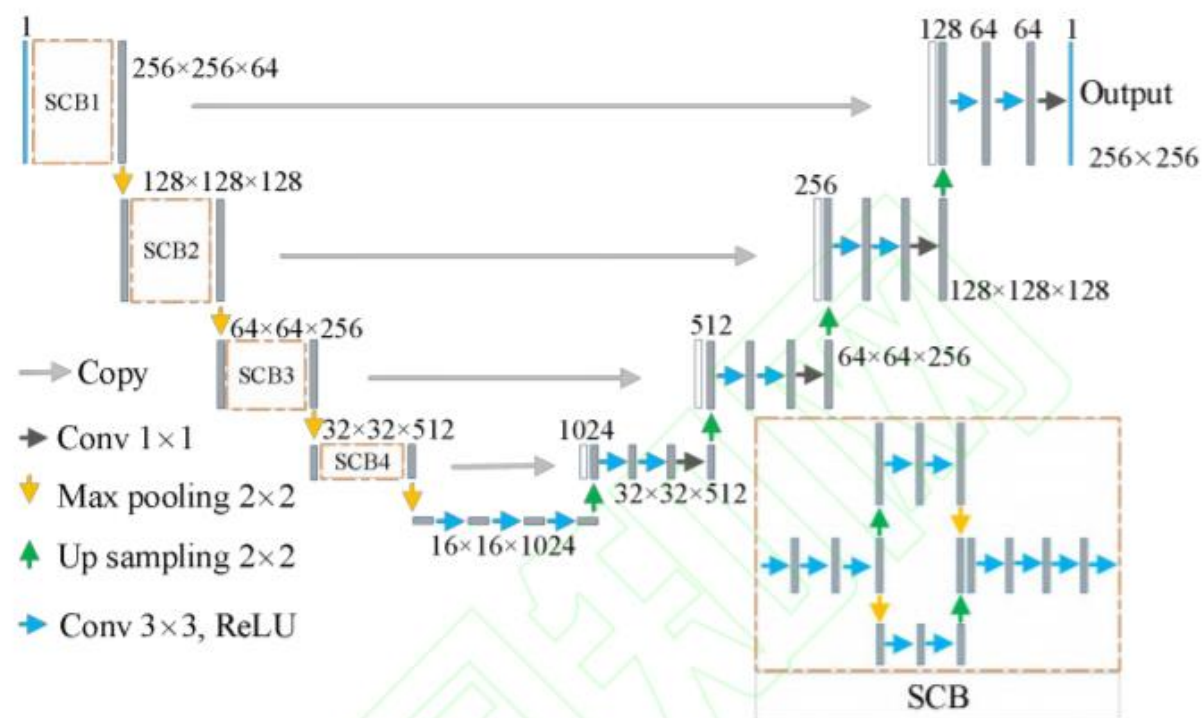


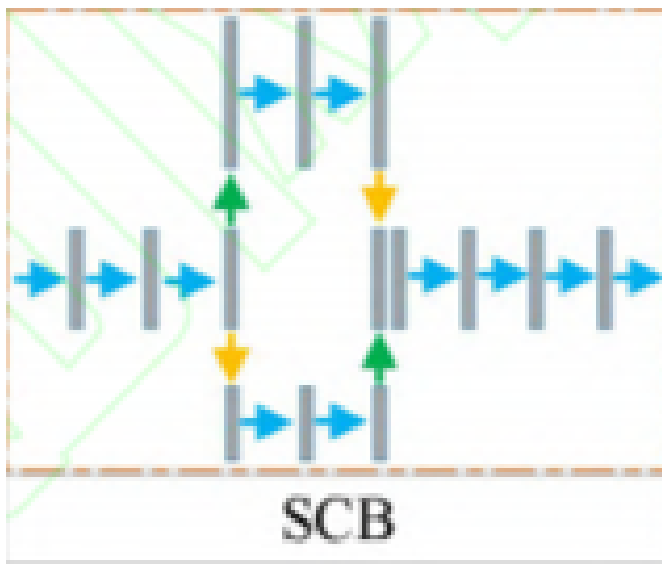
图 1 U-Net-SCB 模型

改进主要包括：

- 1) 在 1~4 层的编码器中，每层用 1 个**子编码模块**替换原来的多层卷积操作；
- 2) 解码器部分每层比U-Net 结构多一个卷积操作。

子编码块具体操作如图 1 中 SCB 虚线框所示，

SCB 模块



子编码模块开始经过 3 个卷积层，然后分成两个分支：

上分支由上采样操作，2 个卷积操作之后再作最大池化操作；

下分支通过最大池化操作，2 个卷积操作之后再作上采样操作；

最后进行合并后进行 3 个卷积操作。

SCB 模块的优点

可以看到 U-Net-SCB 模型加深了编码器部分的网络深度。子编码模块通过上下采样进一步放大混合了图像中的细节特征，使模型 U-Net-SCB 对直肠肿瘤的分割效果更好，特别对小目标的分割效果更好。

损失函数

设 P 为算法得到的 分割图中所有像素构成的集合, G 为真实的标注掩模图中 所有像素构成的集合。

$$Loss(P, G) = \left(1 - \frac{2 \sum_{i=1}^N p_i g_i + \varepsilon}{\sum_{i=1}^N p_i + \sum_{i=1}^N g_i + \varepsilon} \right) - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left(\frac{\lambda}{2} g_i \ln p_i \right)$$

其中, 第一项主要计算Dice 系数,第二项则是计算二分类交叉熵, $p_i \in \{0, 1\}$ 为算法得到的分割图中像素 i 的值, $g_i \in \{0, 1\}$, 为标注掩膜图中像素点 i 的值, N 是分割图和标注掩模图中的像素点总个数, λ 为惩罚系数, ε 是光滑算子,用于避免损失函数中分母为 0。

Increasing Accuracy of Medical CNN Applying Optimization Algorithms: An Image Classification Case

应用优化算法的医用CNN精度提高：图像分类案例（2019）

<https://ieeexplore.ieee.org/document/8923884>

卷积神经网络（CNN）具有以下特殊特征：大图像，昂贵的训练成本，具有多个层和超参数的复杂体系结构等。提高CNN准确性是一项艰巨的任务，需要大量资源、时间以及专业知识。论文提出并测试了一种使用优化算法提高生物医学CNN准确性的有效方法。从简单的体系结构开始，采用一种策略来**调整或更改深度网络体系结构中的超参数**，将结果质量提高了约40%。

优化算法： 使用代表深层CNN架构变化的参数来最大化准确性

- 参数调整可以映射到优化问题，功能评估由每个代价函数运行替换，变量由CNN的参数替换。
- 调整过程中使用搜索策略的步骤：生成用于测试的参数；执行测试；评估执行结果；检查收敛性。如果达到收敛，则过程将停止，否则，将使用新设置的配置重新启动循环进行测试。
- 本文采用的优化算法有以下三种

NM（下山单纯形法）：一种无需使用导数即可优化功能的方法，属于一组单纯形算法。

BOA（贝叶斯优化）：常用于寻找 $f(x)$ 极值，无需正式定义即可采用其策略。

GA（遗传算法）：一类基于达尔文进化过程的迭代算法，其中最适应的个体得以幸存。

- 关于优化算法的具体内容可参加如下博客

<https://blog.csdn.net/u010451580/article/details/51178225>

<https://zhuanlan.zhihu.com/p/53826787>

<https://zhuanlan.zhihu.com/p/29779000>

<https://zhuanlan.zhihu.com/p/33042667>

<http://shuokay.com/2016/06/11/optimization/>

- 使CNN准确性提高的自动化方法：超参数调整，将原始参数更改为新参数，将调整应用于预训练的CNN。调整的常见策略：使用简单算法调整超参数，而没有减少测试的方法。
 - 本文主要思想是使用有限的测试量和减少的搜索空间探索，通过超参数来调整CNN架构。旨在创建一种在可接受的计算时间内调整，而无需创建大型测试的结构，主要探讨了两个方面。
- 1.有效探索搜索空间：**将CNN视为具有可调整参数的黑盒子应用程序，为了减少调整的计算过程，使用环境资源定义了一些优化算法的并行实现，以同步测试。调整过程如下：初始化算法，选择下一个要检查的点并评估，循环一直持续到达到停止标准为止。下图为运行结果：

Algorithm	Features
BOA [5]	Popular in CNN adjust. Apply the strategy each point to test
GA	Present good results and explore the space with smart strategy.
NM [20]	Present good results in optimization problems. Normally, it is very fast, but it needs $n+1$. points to apply the strategy.
Parallel GA	Parallel version of GA.
Parallel BOA [21]	Parallel version of BOA

- **2. 缩小搜索空间的大小**：大小与更改体系结构及其超参数的可能性成比例。考虑两种类型的变量：
(1) 卷积或反卷积层数；(2) 卷积或反卷积层的超参数。调整过程的首要任务是准备要运行的优化算法（步骤如下）。为了获得更好的结果，有必要识别所有可用于接收调整的卷积块。

- 1: *tokens[] ← Identify the blocks of conv/deconv layers*
 - 2: *for each token ← tokens do*
 - 3: *Create parameter to set the number of filters*
 - 4: *Create parameter to set the number of kernel size*
 - 5: *Create parameter to set the number of layers*
 - 6: *Define the ranges of each parameter*
 - 7: *Test the extremes and adjust the limits of each parameter*
-

- 在定义每个参数的范围之后，最好测试极端的配置：较小的设置和较大的设置。该方法可以扩展网络的规模和复杂性。这些测试将检查环境是否有足够的资源来执行参数组合。
- 该方法的目的是扩展或减少体系结构的长度，并缩小或扩展每个块的宽度。优化算法将根据在搜索空间中找到的调整参数的不同组合来创建新的体系结构，以测试和评估准确性。

MixModule: Mixed CNN Kernel Module for Medical Image Segmentation

MixModule: 用于医学图像分割的混合CNN内核模块 (2020)

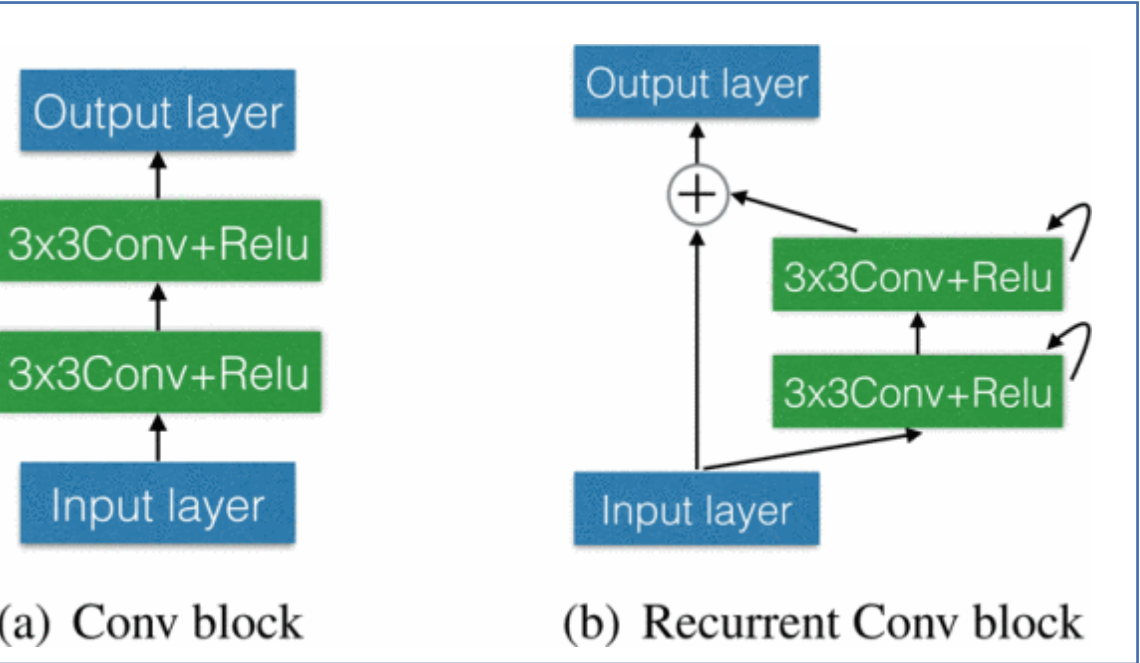
U-Net及基于它的改进版本近年来得到了广泛使用，并实现了最先进的性能，这些改进的体系结构侧重于结构改进，并且卷积内核的大小通常是固定的。本文研究了卷积核大小对模型性能的影响，并提出了一个名为MixModule的新模块，期望不同大小的卷积内核能够捕获不同级别的信息，这些信息的融合对于提高网络性能起着极其重要的作用。

- **1.混合模块：** MixModule包含多种大小的卷积内核，以捕获不同范围的语义信息，这对于强调基础图像细节的医学图像至关重要。 $W_i^{(k,k,c,m)}$ 表示第i个卷积内核的大小为 $k \times k$ ，输入通道大小为c,过滤器编号为m, $X^{(h,w,c)}$ 表示输入张量的高为h,宽为w,通道大小为c, $Y_i^{(h,w,m)}$ 表示第i个输出张量，计算如下

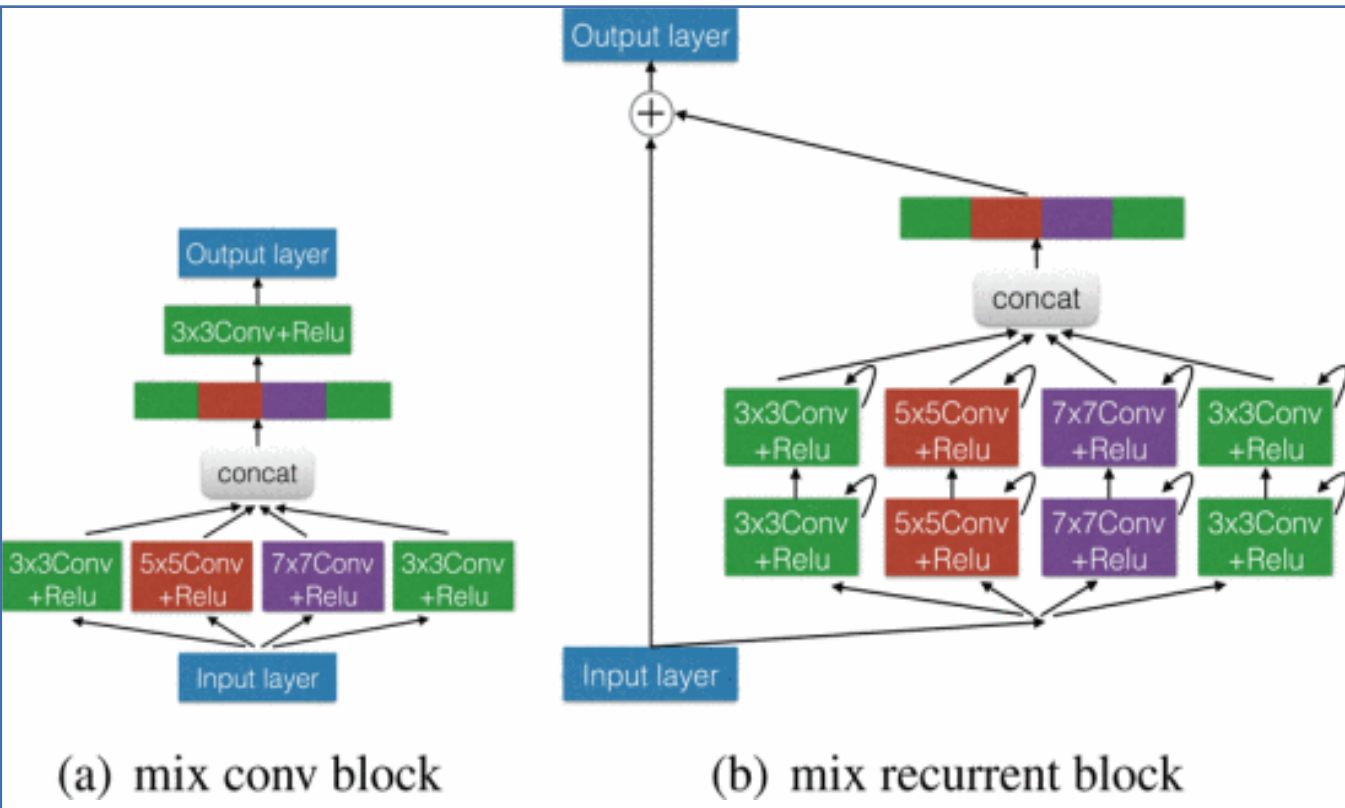
$$Y_{x,y,z} = \sum_{-\frac{k}{2} \leq i \leq \frac{k}{2} - \frac{k}{2} \leq j \leq \frac{k}{2}} X_{x+i,y+j,z} \cdot W_{i,j,z}$$

- 输出张量 $Y^{(h,w,m \times n)}$ 通过如下计算得到 $Y^{(h,w,m \times n)} = Concat(Y_1^{(h,w,m)}, \dots, Y_n^{(h,w,m)})$

2.神经网络架构： 本文令n等于4，三种卷积核大小为 3×3 、 5×5 、 7×7 ，使用MixModule来替换原始U-Net及其变体中的单一大小的卷积内核。



U-Nnet及其变体中使用的基本模块



相应的MixModule版本

- 使用MixModule来替换原始U-Net及其变体中的单大小卷积内核，使用U-Net，R2U-Net 和 Attention U-Net进行实验，在两个不同的医学图像数据集上进行了实验，这些数据集包括用于皮肤病变分割和视网膜血管分割（DRIVE 和CHASE_DB1 ）的2D图像。使用Adam优化器，将初始学习率设置为0.001，如果在10个连续的时期内训练集损失没有减少，则初始学习率将降低10倍。使用旋转，裁剪，翻转，移动，对比度，亮度和色相变化来增强数据。
- 评估指标：准确性（AC）、灵敏度（SE）、特异性（SP）、精度（PC）、Jaccard相似度（JS）、F1-分数（F1），骰子系数（DC）

$$AC = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

$$SE = \frac{TP}{TP + FN}$$

$$SP = \frac{TN}{TN + FP}$$

$$PC = \frac{TP}{TP + FP}$$

$$JS = \frac{|GT \cap SR|}{|GT \cup SR|}$$

$$F1 = 2 \frac{SE * PC}{SE + PC}, DC = 2 \frac{|GT \cap SR|}{|GT| + |SR|}$$

具有MixModule的模型比没有模型的模型具有更好的性能，并且每个指标中的最佳性能全部来自基于MixModule的模型，这表明MixModule在医学图像分割领域具有很大的发展和应用潜力。

Dateset	Methods	AC	SE	SP	PC	F1	JS
Skin	U-Net	0.9465	0.8154	0.9828	0.9218	0.8653	0.7645
	MixU-Net	0.9479	0.8294	0.9843	0.9312	0.8774	0.7673
	R2U-Net	0.9436	0.8111	0.9843	0.9126	0.8471	0.7446
	MixR2U-Net	0.9444	0.8116	0.9846	0.9248	0.8547	0.7573
	AttU-Net	0.9496	0.8512	0.9728	0.8985	0.8742	0.7801
	MixAttU-Net	0.9512	0.8607	0.9777	0.9140	0.8865	0.7804
DRIVE	U-Net	0.9565	0.7542	0.9831	0.8559	0.8014	0.6694
	Mix U-Net	0.9581	0.7615	0.9840	0.8638	0.8090	0.6798
	R2U-Net	0.9539	0.7452	0.9740	0.8762	0.8054	0.6613
	MixR2U-Net	0.9547	0.7514	0.9867	0.8788	0.8101	0.6809
	AttU-Net	0.9564	0.7295	0.9864	0.8767	0.7959	0.6617
	MixAttU-Net	0.9591	0.7517	0.9864	0.8801	0.8105	0.6820
CHASE_DB1	U-Net	0.9540	0.7819	0.9778	0.8130	0.7971	0.6732
	Mix U-Net	0.9544	0.8029	0.9746	0.8289	0.8156	0.6776
	R2U-Net	0.9436	0.7559	0.9771	0.8130	0.7834	0.6378
	MixR2U-Net	0.9487	0.7565	0.9912	0.8483	0.7998	0.6590
	AttU-Net	0.9507	0.7487	0.9781	0.8240	0.7840	0.6457
	MixAttU-Net	0.9533	0.7660	0.9788	0.8323	0.7972	0.6636