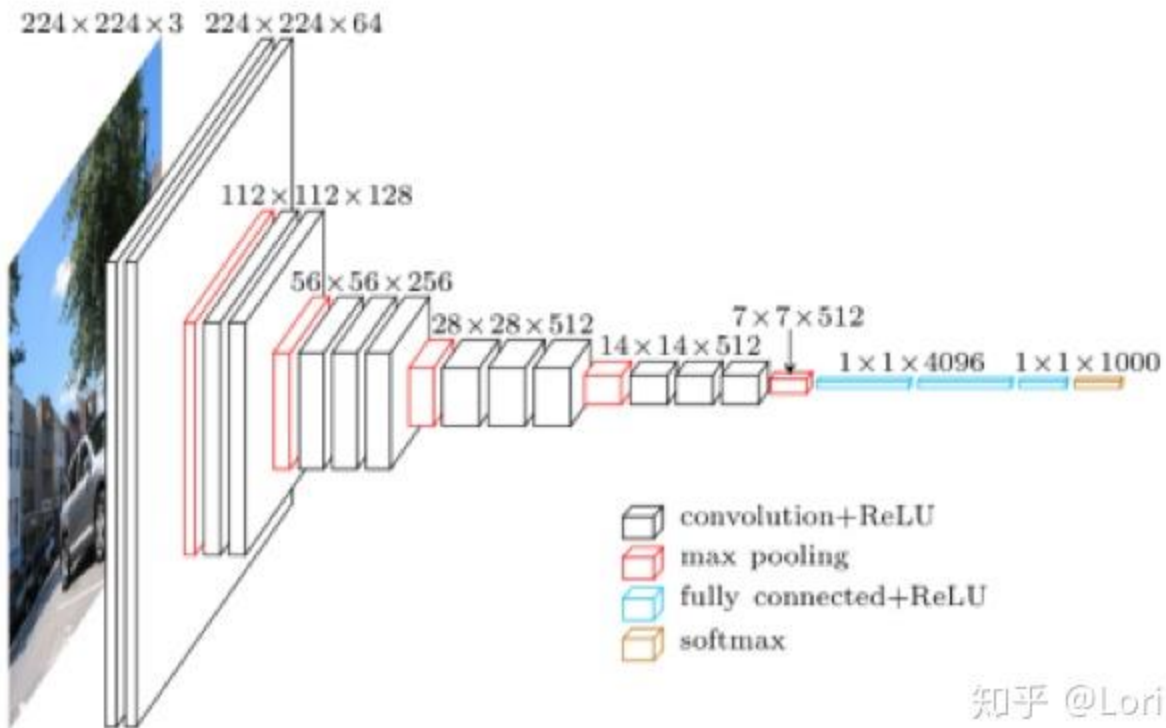


7.19

类激活图的一些知识

一篇基于此技术的弱监督分割

全局池化



Pooling Layer

| | | | |
|---|---|---|---|
| 4 | 8 | 9 | 8 |
| 5 | 7 | 7 | 6 |
| 1 | 2 | 7 | 8 |
| 3 | 5 | 5 | 5 |



| | |
|---|---|
| 8 | 9 |
| 5 | 8 |

Max Pooling

| | |
|------|------|
| 6 | 7.5 |
| 2.75 | 6.25 |

Average Pooling

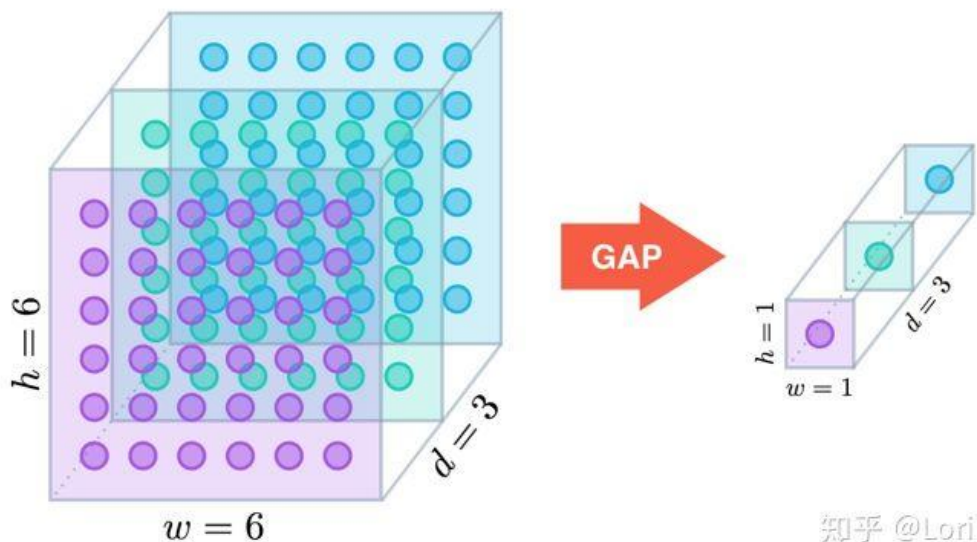
| |
|-------|
| 5.625 |
|-------|

Global Average Pooling

相关链接:

<https://www.cnblogs.com/luofeel/p/10400954.html>

全局池化



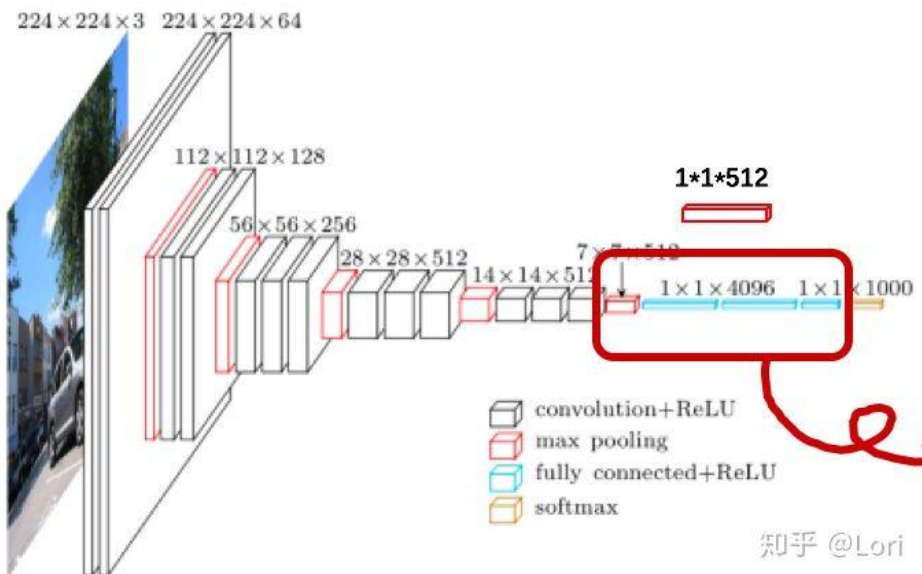
知乎 @Lori

更直观的理解，比如左边这样一个 $6 \times 6 \times 3$ 的特征图，经过GAP后，在深度方向上的每一层都用一个参数表示，就形成了一个 $1 \times 1 \times 3$ 的特征向量。

在一些论文中使用GAP代替全连接层，不仅可以降低维度，防止过拟合，减少参数，同时也保持了不错的性能。

像是VGG16的网络，可以在最后一个卷积层输出的特征图后去掉所有的全连接层，换成 $1 \times 1 \times 512$ 的GAP，再接上softmax。

用GAP代替全连接层具有上述优点，但也存在收敛速度较慢的缺点。关于为什么有这个缺点，可能是由于去掉了全连接层，分类任务全都由卷积层来做了，因为GAP只是做了一个池化，相比于全连接层，全连接层可以不断调整参数，即便前面的卷积层学到的特征比较低级，也可以通过全连接的训练达到一个比较好的效果。所以用GAP的话卷积层“压力”比较大，应该也不会适合迁移学习，这是GAP的一个缺点。



知乎 @Lori

类激活图



左边两图来自学习资料《Deep-learning with python》，P159开始讲述了可视化激活的热力图，通过使用这项技术能够实现神经网络的可视化，对于一张大象（非洲象）图告诉我们为什么网络觉得它是大象（非洲象），热力图红色的部分就是网络判断的原因。

其实类激活图就是一个简单的按权线性相加

我们将使用的具体实现方式是“Grad-CAM: visual explanations from deep networks via gradient-based localization”^① 这篇论文中描述的方法。这种方法非常简单：给定一张输入图像，对于一个卷积层的输出特征图，用类别相对于通道的梯度对这个特征图中的每个通道进行加权。直观上来看，理解这个技巧的一种方法是，你是用“每个通道对类别的重要程度”对“输入图像对不同通道的激活强度”的空间图进行加权，从而得到了“输入图像对类别的激活强度”的空间图。

现在做的比较多的关于肿瘤弱监督分割的，据下面这篇论文作者称，可以用CAM先划分出大致的网络感兴趣的肿瘤区域，在此基础上再做进一步分割。

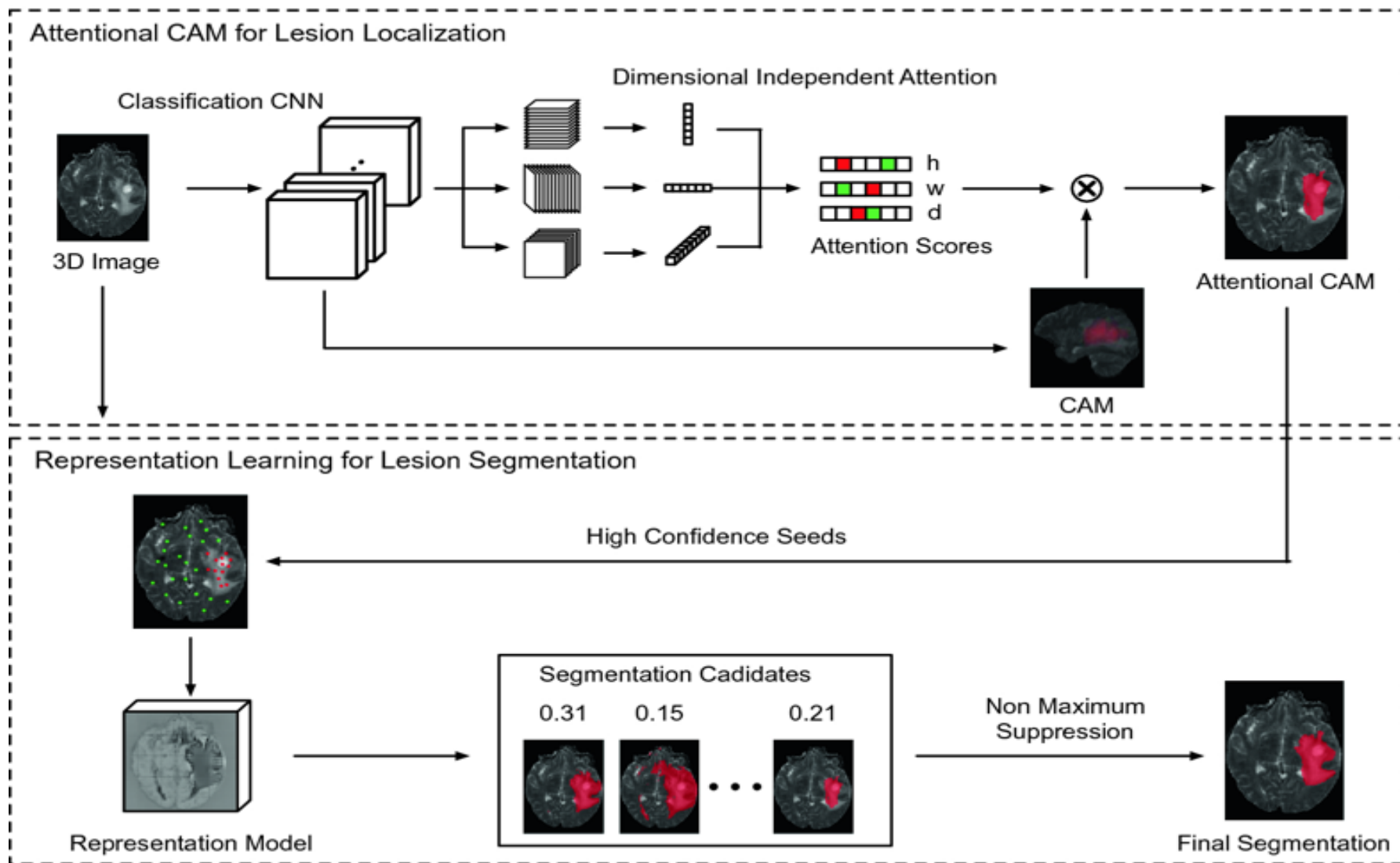
2019MICCAI

《Weakly Supervised Brain Lesion Segmentation via Attention Representation Learning》

论文链接

https://link.springer.com/chapter/10.1007%2F978-3-030-32248-9_24

整体架构



这篇论文在CAM（类激活图）的基础上，增加了注意力机制，并使用图像级标注（有无肿瘤）对肿瘤图像进行精确分割。

网络可以分为三个部分：1) 使用图像级标签获取初始病变区域；2) 训练一个模型用以区分正常体素和病变体素；3) 使用学习的模型获得病变体积的细分化切割。

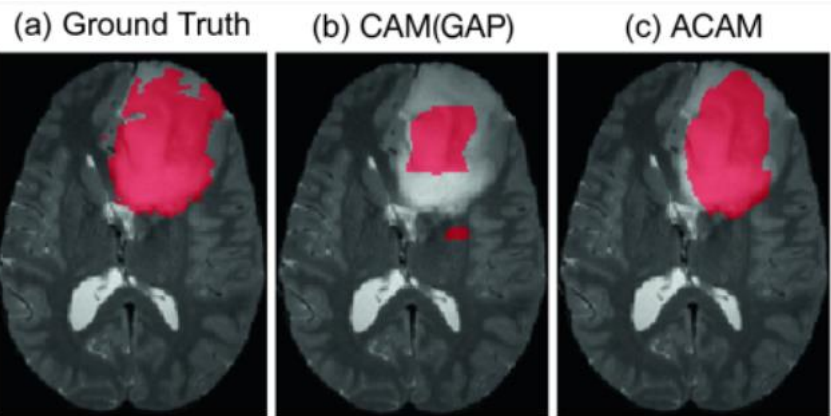
第一部分

首先是使用图像级标签获取初始病变的区域，刚刚已经提过传统CAM的最后一层特征图经过一个GMP（全局最大池化层）或GAP（全局平均池化层）变为一个特征向量，用于分类输出。但这样做对于MRI这样的3D图像有一些不足，因为病变组织有时只占据整个体积比较小的一部分，对于这样的样本，CAM往往会十分noisy，使得选择合适的阈值获得所需的病变区域具有挑战性。如果使用GAP，通常需要考虑较大的激活值，使得训练更加难以收敛；如果使用GMP，则网络可能会更多的关注反应弱小的区域，生成不完整的区域以致无法覆盖病变部分。

因此作者引入了注意力机制来改善如此生成的CAM，对于3D图像的每个维度都进行注意力计算然后按权相加，具体做法是：对于上述分类模型的最后一层提取的激活图，记为 $F \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times K}$ 其中F是K个三维的特征立方体（feature cubes） $F_k \in \mathbb{R}^{H \times W \times D}$ 。对于其中某一维度比如size D，它有D层H×W的特征，对其使用GAP或是GMP（文中用的是GAP），就得到了K个长度为D的特征向量，记为FD，对FD计算注意力得分：

$$s_d = \frac{\exp(g_d)}{\sum_{d=1}^D \exp(g_d)}, \text{ where } g_d = \mathbf{w}_{\text{att}}^T F^D(d)$$

Here $F^D(d)$ is the d -th feature in F^D , and \mathbf{w}_{att} are the weights learned via training. 随后这个得分sd会用于修改之前生成的CAM在D维度方向上的参数，作者在此处用了乘法 $C'_D(d) = s_d \cdot C(d)$.



第二部分

第二部分是用于分割的弱监督学习，通过上一部分生成的粗略估计作为弱监督的来源，获得准确的体素级分割，其基本思想是，模糊估计的区域处在较高置信度中，可以提供病变和正常组织特征的价值信息。首先通过设定阈值判断体素属于病变还是健康，

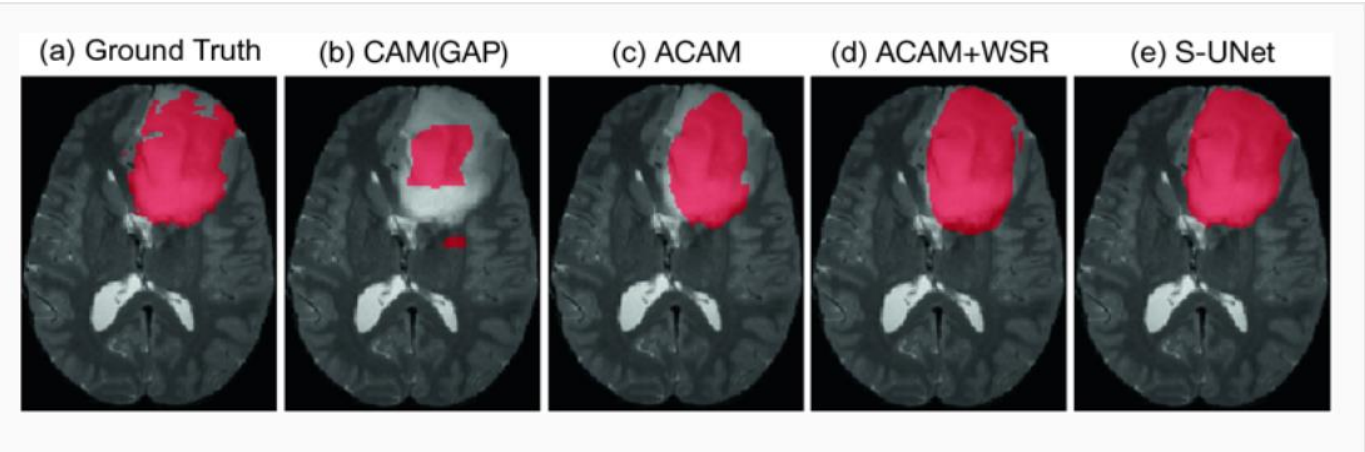
voxel if the ACAM $C'(h, w, d) \geq \theta_{FG}$, while the background if $C'(h, w, d) \leq \theta_{BG}$. In our experiments, we set θ_{FG} to 0.1 and θ_{BG} to 0.01 respectively.

这里的 $C'(h, w, d)$ 应该是引入注意力机制后的CAM对某个体素点的一个评分。预判断后，作者使用神经网络训练一个模型 f_R ，将任意体素 p 映射为 $f_R(p)$ ，先定义了两点 p 、 q 间的距离公式 $D(p, q) = (1 + \exp\{-\|f_R(p) - f_R(q)\|_2^2\})^{-1}$, where $\|\cdot\|_2$ is the L_2 norm. 通过这个距离公式计算损失，如果 p ， q 属于同一区域， $\mathbb{1}(p, q)$ 取1，反之取0

$$L = -\frac{1}{|V|} \sum_{p, q \in V} (\log[D(p, q)]^{\mathbb{1}(p, q)} + \log[1 - D(p, q)]^{1 - \mathbb{1}(p, q)})$$

第三部分

训练好模型fR后，对图像进行分割，选取一个高置信病变的体素p,计算和p距离足够近的q集合 $S_p = \{q|D(p,q) \geq \lambda\}$ ，将其作为病变区。这一过程很大程度上取决于P的选择，因此作者一开始选取了多个病变体素P，对要分析的点q，与这些点都进行计算然后设置权重进行相应计算（如权重一样则分数取平均），这样的效果可能会好一些。



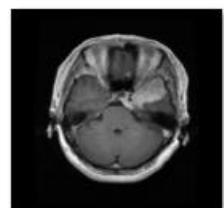
performance of the competing approaches.

| BraTS dataset | | | | ISLES dataset | | | |
|---------------|---------------|---------------|-------------|---------------|---------------|---------------|-------|
| | Dice | Sensitivity | Specificity | | Dice | Sensitivity | Spec |
| S-UNet | 0.8811 | 0.8691 | 0.9950 | S-UNet | 0.4459 | 0.3753 | 0.991 |
| WS-UNet | 0.7682 | 0.7727 | 0.9874 | WS-UNet | 0.3374 | 0.7348 | 0.979 |
| ACAM+WSR | 0.7997 | 0.8973 | 0.9785 | ACAM+WSR | 0.3827 | 0.8306 | 0.979 |

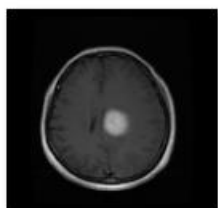
可用数据集

| | |
|-----------------------------------|-----------------|
| brainTumorDataPublic_1766 | 2020/7/12 20:26 |
| brainTumorDataPublic_1766.zip | 2020/7/11 23:02 |
| brainTumorDataPublic_7671532.zip | 2020/7/11 23:18 |
| brainTumorDataPublic_15332298.zip | 2020/7/11 23:03 |
| brainTumorDataPublic_22993064.zip | 2020/7/11 23:20 |
| cvind.mat | 2020/7/11 22:24 |
| README.txt | 2020/7/11 22:24 |

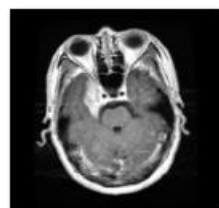
这份数据集来自南方医科大学，包含3064T1模态的脑部MRI肿瘤图，在许多项目中也作为主要的数据集。这份数据包含有三类肿瘤：脑膜瘤、垂体瘤、神经胶质瘤，同时也给出了肿瘤分割的标签。由于这些数据都是以.mat格式存储的，为了方便观察，我们使用matlab对数据进行了预处理将其转化为.jpg格式，部分如下：



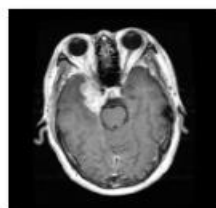
A_TA_1_100360.jpg



A_TA_2_101016.jpg



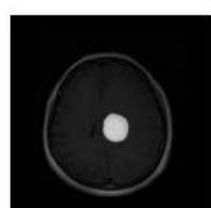
A_TA_3_107494.jpg



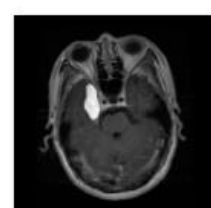
A_TA_4_107494.jpg



B_TB_1_100360.jpg



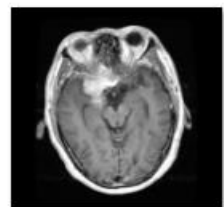
B_TB_2_101016.jpg



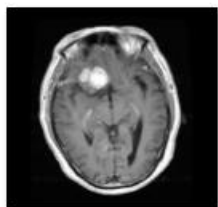
B_TB_3_107494.jpg



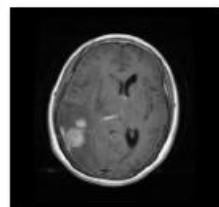
B_TB_4_107494.jpg



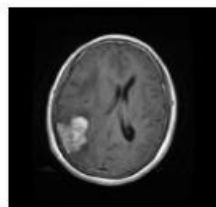
A_TA_5_107494.jpg



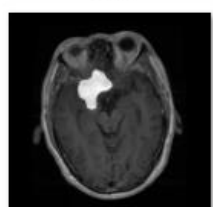
A_TA_6_107494.jpg



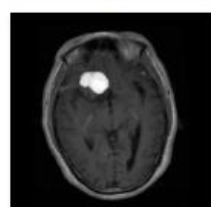
A_TA_7_108514.jpg



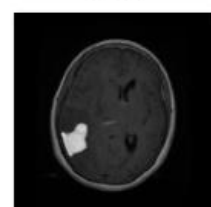
A_TA_8_108514.jpg



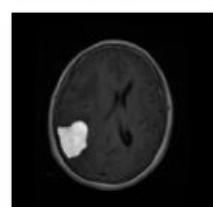
B_TB_5_107494.jpg



B_TB_6_107494.jpg



B_TB_7_108514.jpg



B_TB_8_108514.jpg

链接: <https://pan.baidu.com/s/1i1k5OTdJh6ufH8xhlfQkKg>

提取码: sfaq

原数据库链接: https://figshare.com/articles/brain_tumor_dataset/1512427