

BraTS2018 1st

3D MRI brain tumor segmentation using
autoencoder regularization

<https://arxiv.org/abs/1810.11654v1>

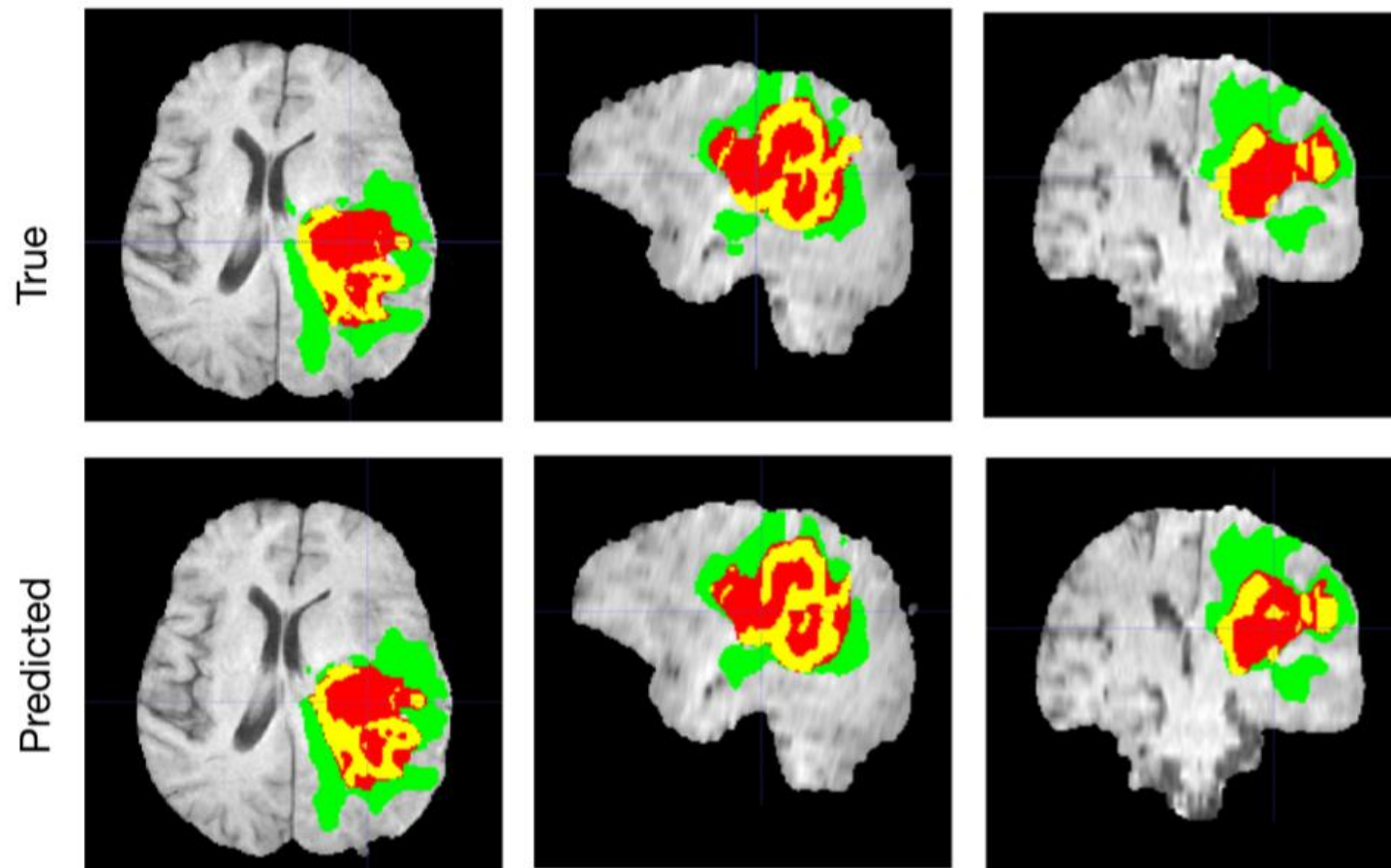
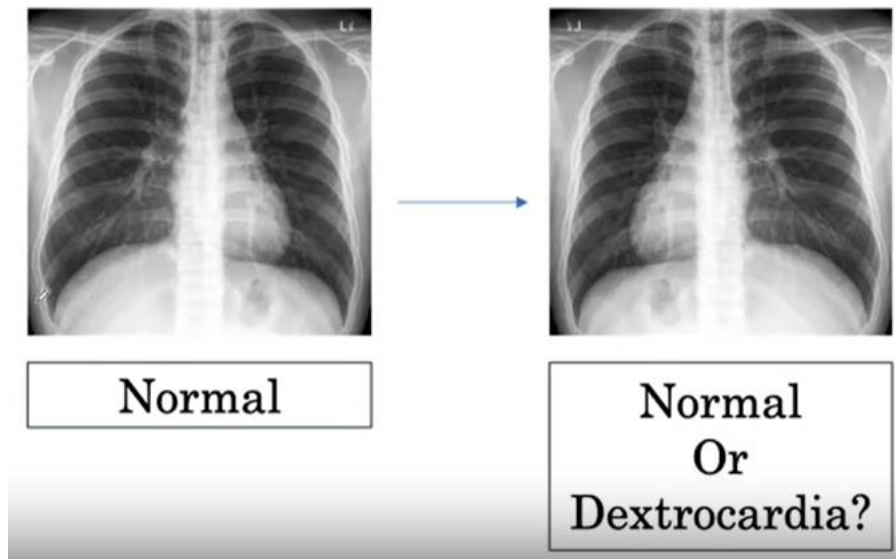


Fig. 2. A typical segmentation example with true and predicted labels overlaid over T1c MRI axial, sagittal and coronal slices. The whole tumor (WT) class includes all visible labels (a union of green, yellow and red labels), the tumor core (TC) class is a union of red and yellow, and the enhancing tumor core (ET) class is shown in yellow (a hyperactive tumor part). The predicted segmentation results match the ground truth well.

Data preprocessing and augmentation

- **标准化**输入图像，使其具有零均值与单位标准差。（仅针对非零体素）
- 针对输入图像的每个通道进行随机**强度偏移**(-0.1~0.1)，并进行**缩放**(0.9~1.1)。
- 对输入图像的三轴数据都进行0.5概率随机轴**镜像翻转**。
- **Rotation?**



VAE

Name	Ops	Repeat	Output size
VD	GN, ReLU, Conv (16) stride 2, Dense (256)	1	256x1
VDraw	sample $\sim \mathcal{N}(\mu(128), \sigma^2(128))$	1	128x1
VU	Dense, ReLU, Conv1, UpLinear	1	256x20x24x16
VUp2	Conv1, UpLinear	1	128x40x48x32
VBlock2	GN,ReLU,Conv,GN,ReLU,Conv, AddId	1	128x40x48x32
VUp1	Conv1, UpLinear,	1	64x80x96x64
VBlock1	GN,ReLU,Conv,GN,ReLU,Conv, AddId	1	64x80x96x64
VUp0	Conv1, UpLinear,	1	32x160x192x128
VBlock0	GN,ReLU,Conv,GN,ReLU,Conv, AddId	1	32x160x192x128
Vend	Conv1	1	4x160x192x128

Table 1. VAE decoder branch structure, where GN stands for group normalization (with group size of 8), Conv - 3x3x3 convolution, Conv1 - 1x1x1 convolution, AddId - addition of identity/skip connection, UpLinear - 3D linear spatial upsampling, Dense - fully connected layer

VAE

- VAE也有对抗的效果，训练中mean和var会变的，加速收敛。相同输入，隐层分布会相近。
- VAE对抗的过程是同步进行的，而GAN是独立进行的。
- 变分自编码器的损失函数由重构项(最后层)和正则项(隐层)组成。正则项为生成的分布和标准正态分布之间的KL散度来表示。给定了先验分布，将先验和实际的差别作为度量。

Loss

$$\mathbf{L} = \mathbf{L}_{dice} + 0.1 * \mathbf{L}_{L2} + 0.1 * \mathbf{L}_{KL}$$

$$\mathbf{L}_{dice} = \frac{2 * \sum p_{true} * p_{pred}}{\sum p_{true}^2 + \sum p_{pred}^2 + \epsilon}$$

L_{dice} is a soft dice loss applied to the decoder output p_{pred} to match the segmentation mask p_{true}

Loss

$$\mathbf{L}_{L2} = ||I_{input} - I_{pred}||_2^2$$

L_{L2} is an L2 loss on the VAE branch output I_{pred} to match the input image I_{input}

$$\mathbf{L}_{KL} = \frac{1}{N} \sum \mu^2 + \sigma^2 - \log \sigma^2 - 1$$

A KL divergence (relative entropy) between the estimated normal distribution $N(\mu, \sigma^2)$ and a prior distribution $N(0,1)$

原文:

<https://arxiv.org/abs/1810.11654v1>

论文笔记:

https://blog.csdn.net/qq_30019237/article/details/84139202

<https://zhuanlan.zhihu.com/p/71578701>

关于VAE:

<https://zhuanlan.zhihu.com/p/33194849>

https://blog.csdn.net/choose_c/article/details/102068289

<http://kvfrans.com/variational-autoencoders-explained/>

关于BraTS2018:

<https://www.med.upenn.edu/sbia/brats2018.html>

专家论坛 · 人工智能与智慧医学专栏

基于深度学习的医学图像分割方法

游齐靖, 万 程

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号:61603182); 中国博士后科学基金项目(编号:2019M661832); 江苏省博士后科研资助计划项目(编号:2019K226)

作者单位: 211106 江苏, 南京航空航天大学电子信息工程学院

作者简介: 游齐靖(1995-), 男, 在读硕士研究生, 研究方向: 计算机视觉、医学图像处理。E-mail: 526566416@qq.com

通讯作者: 万 程(1979-), 女, 博士, 讲师, 硕士研究生导师, 研究方向: 计算机视觉、智能眼科学。E-mail: wanch@nuaa.edu.cn

http://www.zglcxyxzz.com/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=20200202

2020 IEEE 17th International Symposium on
Biomedical Imaging

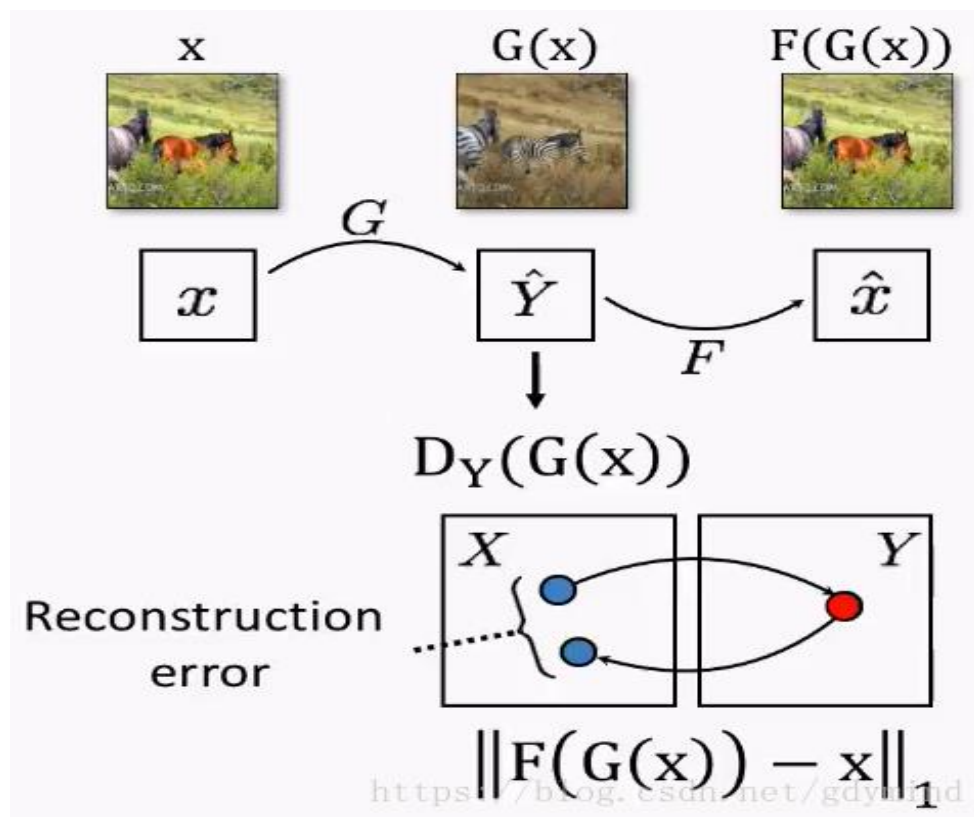
Annotation-Free Gliomas Segmentation Based on a Few Labeled General Brain Tumor Images

<https://ieeexplore.ieee.org/document/9098366>

作者的目的是用已有的带标签的一些普通脑肿瘤的数据，对不带标签的神经胶质瘤（另一种脑肿瘤）进行半/弱监督分割。

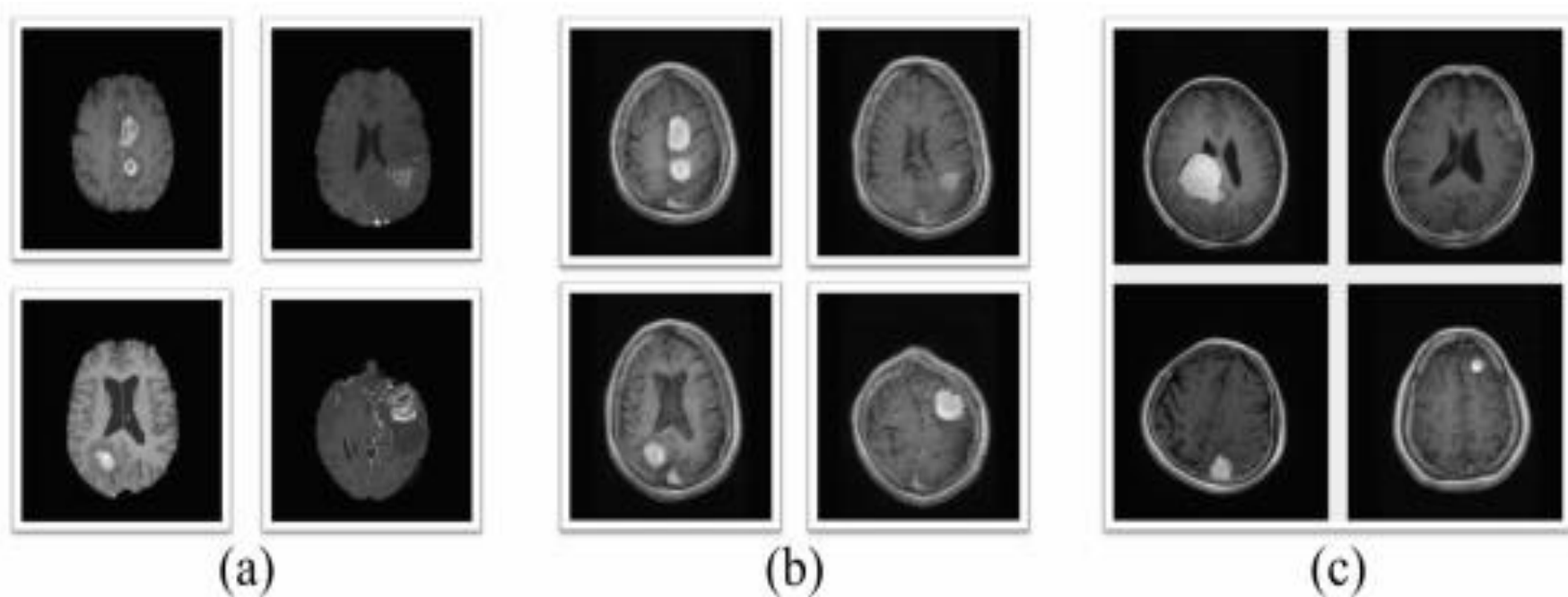
他的想法是，如果能把这些（未知的）神经胶质瘤转换成（已知的）普通脑肿瘤，那么就可以用普通脑肿瘤训练出来的模型对其进行分割，作者使用了循环对抗生成网络cycleGAN对神经胶质瘤进行转化。

cycleGAN是GAN的一种子类型，之前报告中说到GAN可以对于输入的图片生成一张相似的图片，这里的cycleGAN则更多的是：给定一对图片，寻找两者之间的关系，进行映射，举例来说，输入马和斑马的一对图片，网络学习后能够把马变成斑马，反之亦然，如下：



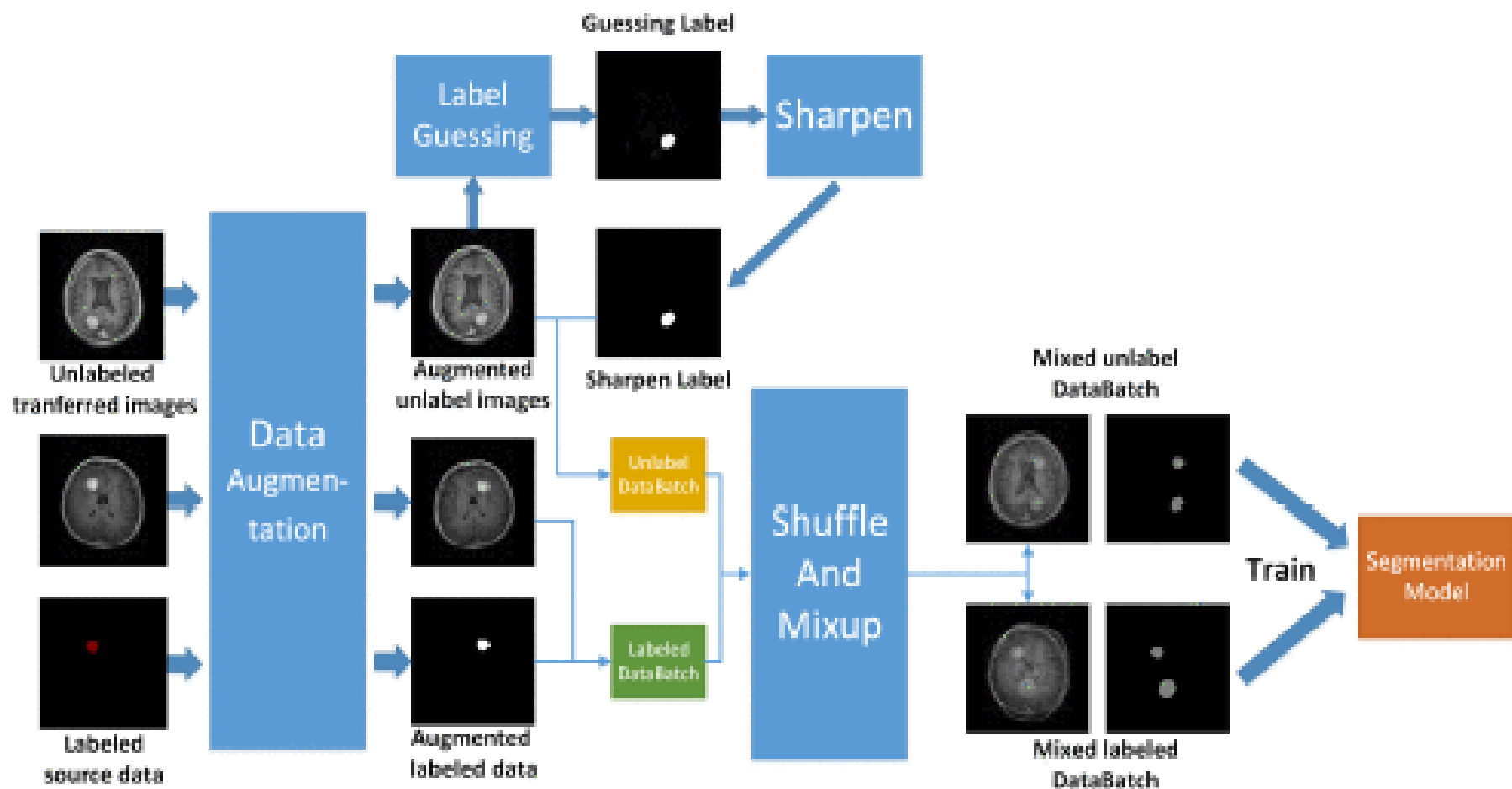
说明应当是可以用此种方法进行转化的，网络能找到相似物之间的映射关系，而且这种操作可以是双向的，作者给出了他转化的部分实例：

a是神经胶质瘤图像，c是普通脑肿瘤图像，b是经过转化的图像。



转换完成后，该训练分割模型了。作者是基于MixMatch框架进行了一个分割，大致如下：

mixmatch论文：<https://arxiv.org/pdf/1905.02249.pdf>



cycleGAN那块内容还是比较有用的，比如在类别多的情况下，10类，如果每类用10张标签图片训练应该得不到好的结果，但如果用1类100张图片，可能可以得到好的分割器。把剩余9类用cycleGAN转换过去，再分割。

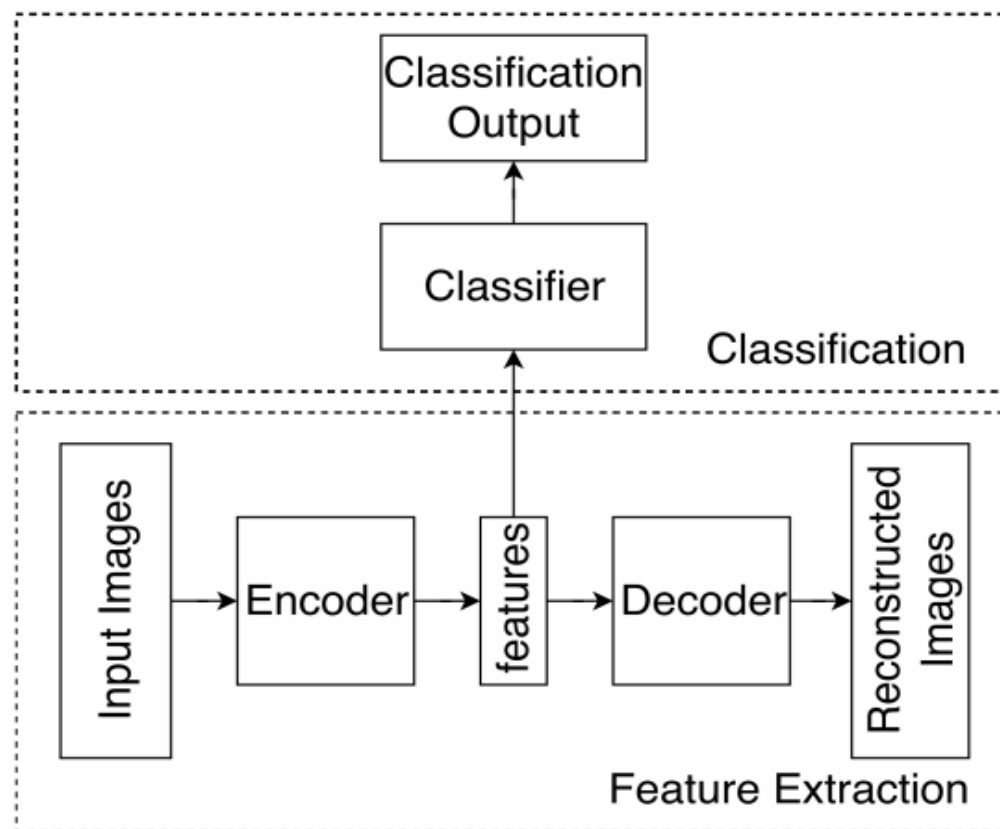
2020 IEEE 17th International Symposium on
Biomedical Imaging

Weakly-Supervised Brain Tumor Classification with Global Diagnosis Label

<https://ieeexplore.ieee.org/document/9098640>

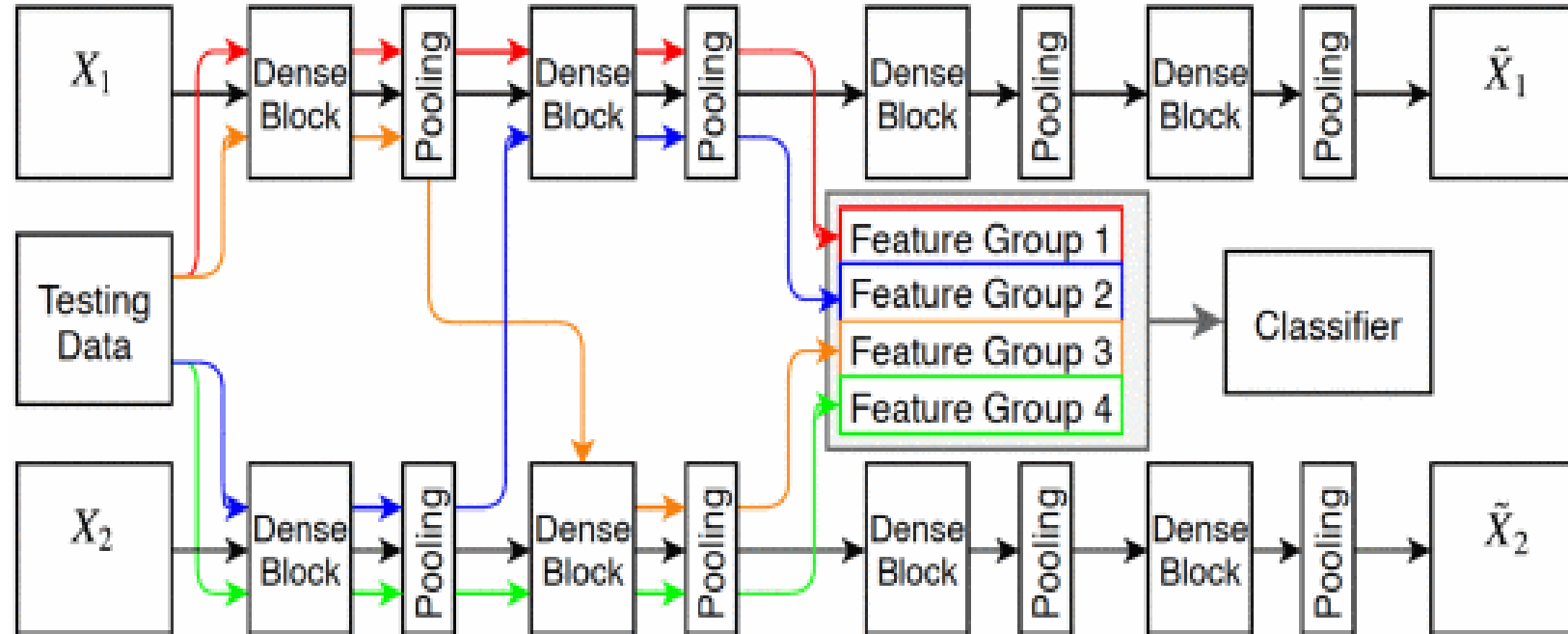
这篇会议论文针对当前脑肿瘤评估局限在常见几种类型现象，将研究扩展到八种类型的脑肿瘤，采用弱监督的方式，对每张图像仅给出整体诊断标记，没有给出切片级别的标记，进行分类模型训练。

框架图如下，首先是特征提取部分，作者采用了自动编码器对K类肿瘤图像作特征提取，他没有使用单一的自编码器对所有类别进行学习，而是对每一类都使用“类特定”的自动编码器（instead of using a single autoencoder model for all classes, we propose to use multiple class-specific autoencoders to learn discriminative features, each corresponding to one class.）。这样做的目的在于，通过对特定类数据的训练，能够在潜在特征中编码类信息，从而提高识别能力，所有自编码器输出的特征都可以作为分类的特征。



作者受到CNN的启发，设计了如下随机组合自编码器的框图，类似于分层特征学习，如果有 m 个自编码器，每个自编码器有 n 个dense block，则随机组合最多可以产生 m^n 个特征组，以 $m=2$ ， $n=2$ 为例，4个特征组的路线就是这样设计的。

在实际中，当特征组数量过多，分类器的输入也就相应过多，为了减少特征的复杂性并防止他们共同训练，作者提出了一种“block-connection-dropout”模型，其实好像就是随机打断了一些block之间的连接（we randomly drop some possible connections between the blocks.）



对于分类器的训练，作者采用的是弱监督的方式。用整体标签去预测MRI图像每个切片的切片标签，对于K类肿瘤图像而言，其切片可以判定为是K类肿瘤或健康一共K+1类，用one-hot编码的形式给出，例如一张MRI图有M个切片(y(1), ..., y(M)), 每一个y(i)都是长度为K+1的one-hot编码，表明属于哪一类。最后用下面数学公式对所有切片的值进行计算，输出各类别的概率，训练过程应该是让有整体标签的图像进去，然后预测切片标签，输出使其与标签能够对应。

$$P_i = \frac{e^{\sum_{t=1}^p y_i^t}}{\sum_{j=1}^K y_j^t e^{\sum_{t=1}^p}} = \frac{e^{\sum_{t=1}^p [f(x^t)]_i}}{\sum_{j=1}^K e^{\sum_{t=1}^p [f(x^t)]_j}}$$