

目 录

第 1 章 作品概述	1
第 2 章 问题描述	3
第 3 章 技术方案	4
第 4 章 系统实现	13
第 5 章 分析验证	18
第 6 章 作品总结	22
参考文献	22

第1章 作品概述

1.1 应用背景

根据世界卫生组织的统计数据，每年因癌症致死的人数有逐年增多的趋势^[1]，器官病变问题是当今社会常见并且在医学上争议度极高的话题之一。目前，手术治疗仍是最有效的器官疾病治疗方式，而在进行手术之前，外科医生需要先获取器官或者细胞相关的形状信息来进行器官功能的评估。这些信息可以通过医学影像技术来获取，其中 CT 成像技术由于具有密度分辨率高、空间分辨率高以及组织结构影像无重叠等优点，被广泛应用于器官疾病的诊断中。

在获得 CT 影像后，若想进一步获取目标器官的位置及体积等信息，则需要从 CT 影像中精准地分割出器官或细胞的轮廓，然而这个过程极其耗费时间和精力，而且受到医生主观因素的影响，不同医生标注出的目标区域也会有一定程度的差异，因此为了减轻医生的工作量，加快分割效率，利用先进的人工智能技术进行自动化的医学图像分割是具有重大意义的^[2]。

但是对 CT 影像中肝脏部分实现快速准确的自动化分割是非常困难的任务：一方面是因为 CT 影像非常复杂，而且器官图像在特征方面也缺少简单的线性特征；另一方面是因为 CT 影像数据规模大，在进行一例分割任务时，需要进行大量的计算。所以，现有医学图像分割系统主要面临着分割耗时长，分割精度达不到临床要求等问题；同时，由于医生与分割网络研究人员的沟通交流不足，导致模型分割结果与医生理想结果相差较大。

因此，为实现精准、高效地自动化分割器官以辅助医生分析病情，本团队研发一款基于深度学习的医学影像分割网站系统。其中，网站系统后端主要用于卷积神经网络分割模型的训练与测试；前端主要用于医生上传图像数据集、评估模型效果、分割医学图像以及反馈信息，使医生与研究人员可通过网站方便、快捷的沟通，从而打造一个适应临床分割要求的医学影像分割系统。

1.2 创新优势

在项目开展之前，本团队通过查阅资料以及对医生人员的采访，得知目前医学影像分割系统^[3-6]主要分为三大类：

- **单器官医学分割系统：**系统只能够完成单个指定器官的分割任务，可扩展性差。
- **本地 PC 端医学分割系统：**医生需要下载、安装系统包，并且需要配置 python 等一系列复杂的系统环境，使用不便且可维护性差。

➤ **基于非学习方法的多器官分割网站：**系统使用区域生长、图谱分割等非学习分割方法，分割效率不高且分割精度低。

由上述分析可以看出，目前的医学图像分割系统主要存在两方面不足：**第一，在系统层面存在系统使用不方便、可扩展性差等问题；第二，在算法层面存在分割效率低、精度不高等问题。**为解决系统使用不方便、可扩展性差等问题，本团队以网站为系统载体，医生使用者无需安装复杂的系统环境，仅登录网站即可使用医学影像的分割功能；并且主治医师可以随时在网站上传新器官的数据集，以方便研究人员训练新器官的分割模型，模型精度达标后可及时扩展网站器官分割种类。为提高分割算法的效率和精度，本团队提出一种新的分割网络基础模型 ERU-Net，主要由编码器和解码器部分组成；并结合每种器官数据集的特点，对 ERU-Net 结构进行调整以获得对应器官的最优精度。如表 1 所示，本产品与现有其他医学分割系统相比，各方面优势明显。

表1 方案设计比较

竞争作品	基于深度学习的肝脏分割系统	基于图谱分割的医学图像分割系统	基于Web的医学图像分割系统	基于深度学习的医学图像分割网站系统
系统载体	本地PC端 (使用不便)	本地PC端 (使用不便)	服务器网站 (使用方便)	服务器网站 (使用方便)
面向用户	医生	医生	医生、分割方法研究人员	医生、分割方法研究人员
器官种类	单器官	多器官	多器官	多器官
分割方法	改进的U-Net卷积分割网络	非学习图谱分割方法	灰度变换、边缘检测、阈值差分分割方法	多种扩展的ERU-Net卷积分割网络
分割精度	高	较低	低	高
分割效率	较高	低	较低	高

第2章 问题描述

2.1 作品功能

为方便网络研究人员与医生的沟通交流并训练出达到临床要求的器官分割模型，本网站提供“上传数据集”、“测试模型”、“模型反馈”、“影像分割”、“历史记录”等五个主要功能，其具体需求如下：

- 为方便分割网络研究人员训练模型，本网站提供“**上传数据集**”功能：主治医生上传数据集到网站，网络研究人员利用数据集训练对应的器官模型。
- 为方便主治医生检验器官模型的分割效果，并及时反馈意见给网络研究人员，本网站提供“**测试模型**”和“**模型反馈**”功能：网络研究人员训练好模型后，将模型应用于测试界面；主治医生通过查看未参与训练的测试集图片的分割精度和效果，判断模型是否满足临床需求，若不满足则通过“模型反馈”功填写模型具体分割的不足之处，网络研究人员根据这些意见进一步调整网络结构，若满足则直接应用此器官分割模型。
- 为方便主治医生分割目标器官，本网站提供“**影像分割**”功能：在模型精度满足临床需求后，主治医生可在“影像分割”界面上传包含目标器官的 CT 影像，选择对应的分割模型；并通过查看不同阈值下的分割效果，选择最满意的分割结果图并保存。
- 为记录医生近期的工作任务，本网站提供“**历史记录**”功能：主治医生可通过查看历史记录，回顾近期病人的病情变化情况，方便医生诊断。

2.2 数据集与评价指标

本网站分割模型训练时使用的数据集均为医院实际提供的数据集，目前使用的数据集为“肝脏数据集”和“癌肿瘤细胞数据集”，其具体信息如表 2 所示，数据样例如图 1 所示。

表 2 数据集介绍

数据集	肝脏训练集	肝脏测试集	癌肿瘤细胞训练集	癌肿瘤细胞测试集
数据格式	512×512 (png)	512×512 (png)	1000×1000 (png)	512×512 (png)
数据特点	图像：彩色图像(RGB)		标签：灰度图像	
数据规模	400例	20例	70例	10例

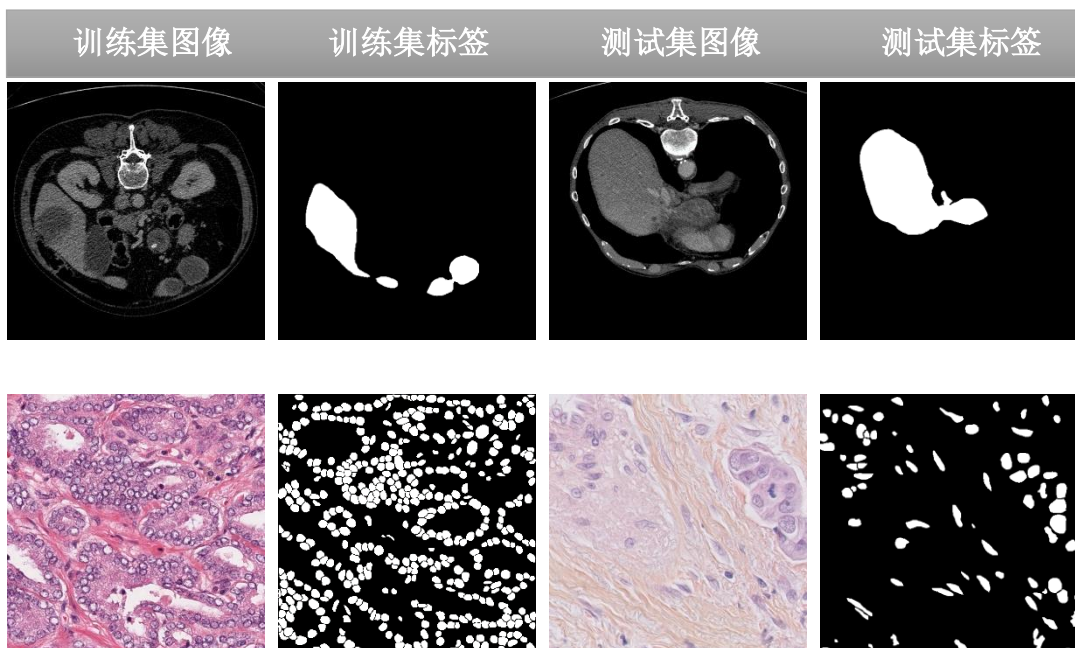


图1 肝脏数据集样例(上)与癌肿瘤细胞数据集样例(下)

为了有效评估所提方法的性能，使用医学图像分割中最常用的标准性能评价指标 Dice 系数，其计算公式为：

$$Dice = \frac{2|S_{EG} \cap G_T|}{|S_{EG}| + |G_T|} \quad (1)$$

式中： S_{EG} 和 G_T 分别为网络分割图像和专家标注图像，Dice 系数接近 1 时，表示分割结果更接近专家标注图。

第3章 技术方案

本网站面向用户主要为医生和分割网络研究人员，系统框架图如图 2 所示，医生和网络研究人员通过网站进行有效的沟通交流，从而训练出满足医生临床要求的器官分割模型；同时网站提供医学影像分割功能，方便主治医师使用。

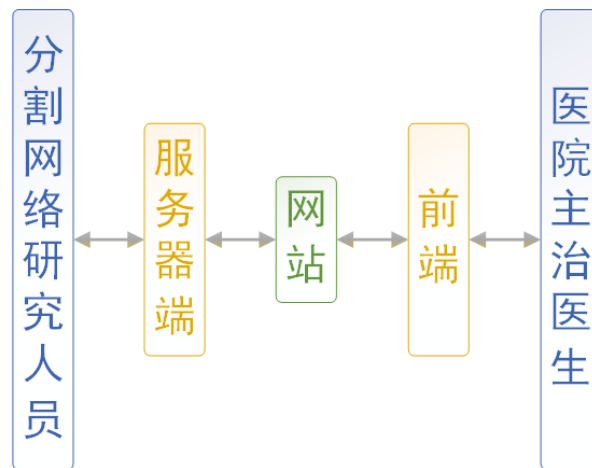


图2 系统框架图

网站总体流程图如图 3 所示，首先主治医生注册登录本网站并完善个人信息，并上传医院提供的器官数据集到服务器；然后研究人员根据数据集信息构建卷积神经分割网络实现 CT 图像分割目标，并让主治医生查看模型的分割效果，如果分割结果满足医生的临床要求则应用此模型，反之主治医生反馈模型在分割 CT 图像过程中出现的问题，研究人员根据反馈问题继续优化模型的分割效果，直到满足主治医生的要求；接着主治医生上传需要医治病人的 CT 图像并选择对应的模型进行分割；最后得到分割图进行病情分析。

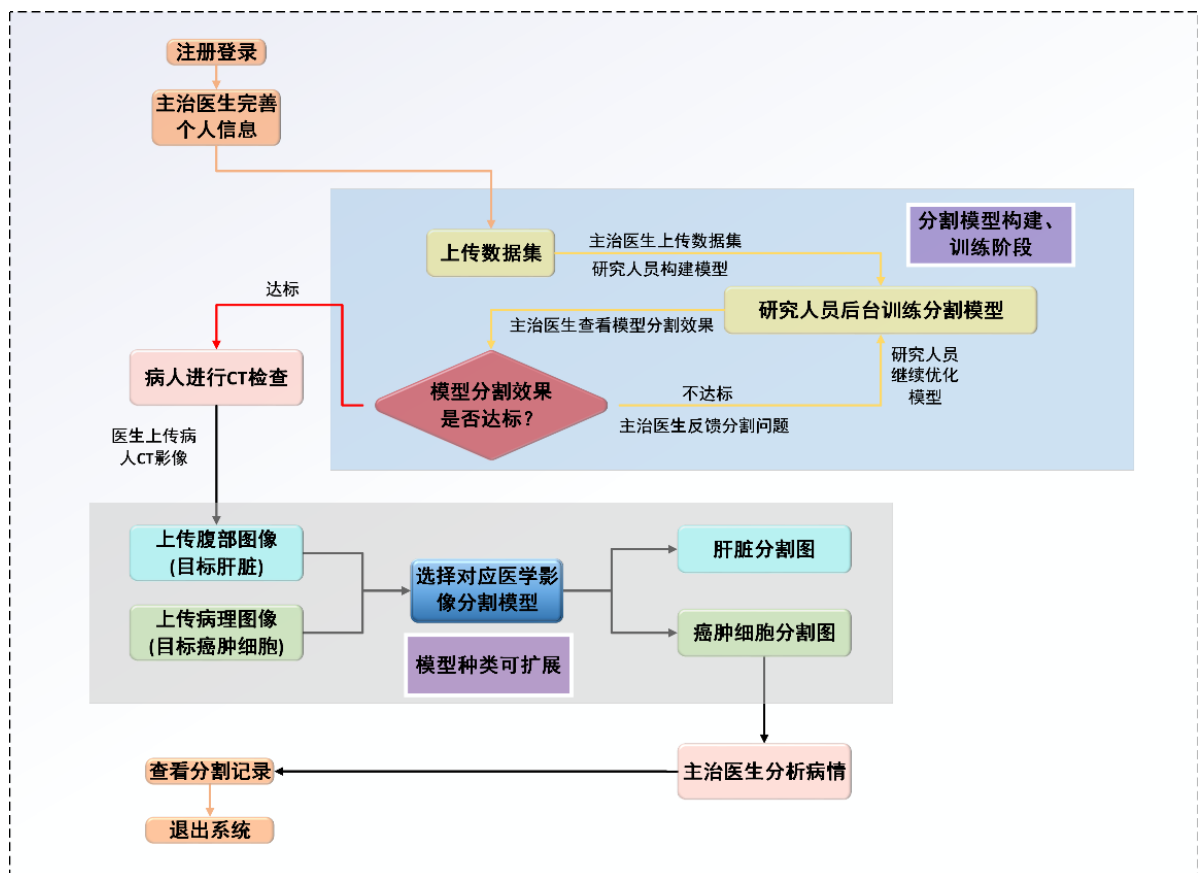


图3 网站总体流程图

本网站系统主要涉及**两方面技术路线**：

- 为避免配置复杂的系统运行环境从而方便医生使用，**本团队采用网站形式提供医学图像分割平台**。具体使用 HTML、CSS、JS 实现**网站前端**界面渲染，使用 Python 的 Flask web 框架实现**网站后端**开发，详细内容见 **3.1 节**介绍。
- 为提高分割精度和效率，本团队针对不同器官或细胞的特点，设计一对一**卷积神经分割网络**实现各种器官、细胞的分割目标。具体使用 Python 的 PyTorch 1.7.0 框架**搭建卷积神经分割网络**，详细内容见 **3.2 节**介绍。

3.1 网站设计

(1) 前端技术：

- **HTML 部分**：使用 Flask 的 jinja2 模板引擎。具体通过编写网站整体各部件的父模板，使各页面子模板只需完成本页面的实现。
- **CSS 部分**：使用 Bootstrap v4 框架。该框架不仅兼容所有主流浏览器，并且其响应式 CSS 能够自适应于台式机、平板电脑以及手机。
- **JS 部分**：使用原生 JavaScript 编程实现。具体使用 Ajax 技术时，通过调用 JQuery 库封装的 ajax 方法，实现前后端数据交互功能。

(2) 后端技术：

- 使用 Python 的 Flask web 框架进行网站的整体开发。
- 使用 flask_login、flask_wtf 插件完成用户登陆系统的开发。
- 使用 flask_sqlalchemy 插件，并利用 ORM 构建所需数据表的类对象，从而与数据库进行交互，实现数据的存储与读取。

(3) 数据库：

- 为提高网站的运行速度，我们使用轻量级、无额外依赖的 SQLite 数据库完成用户数据的存储。

3.2 算法设计

在本作品图像分割算法部分，本团队采用深度学习的处理方法，如图 4 所示，主要包括图像预处理、数据增强、ERU-Net 分割网络以及损失函数设计四个部分。

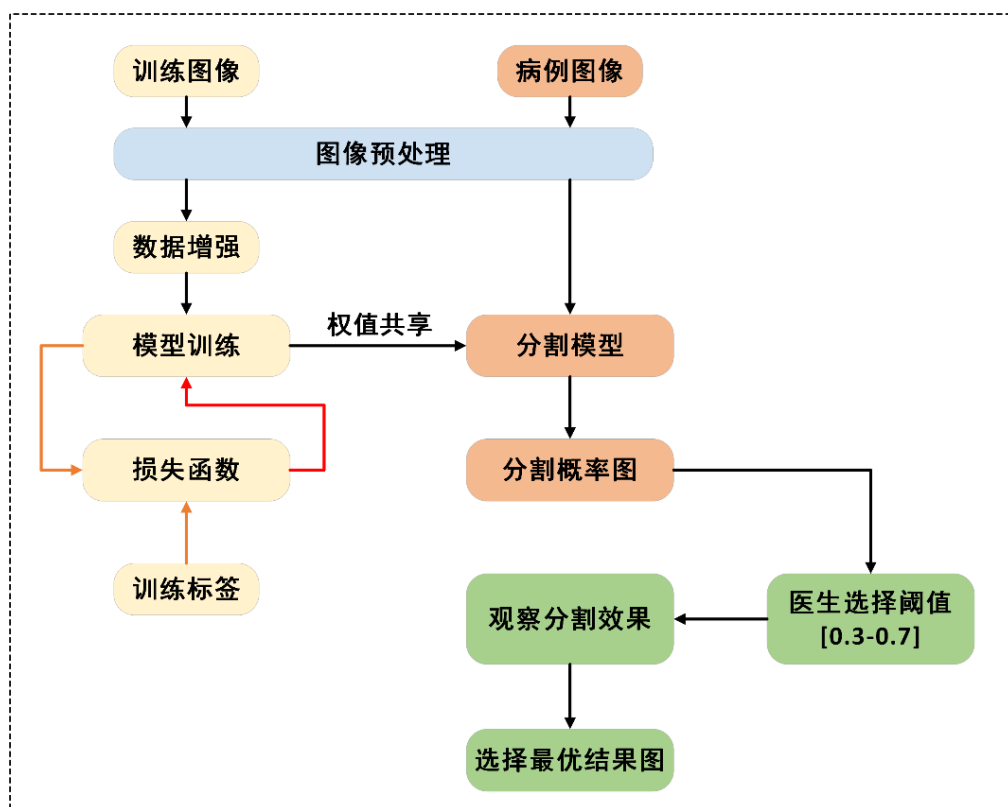


图4 分割方法流程图

3.2.1 图像预处理

CT 影像由于机器的差别或者参数设置的差异，分辨率大相径庭，因此需要对医学图像进行分辨率的标准化/归一化，同时可使得不同维度之间的特征在数值上有一定的比较性，从而使模型精度得到提升，并且可以提升收敛速度，更容易正确的收敛到最优解。

3.2.2 数据增强

巨大的数据量给深度卷积神经网络提供了保障，使模型的泛化能力得到提高，从而避免过拟合。但在医疗图像领域问题上却因为病例过少、标注成本等问题很难得到大量的数据，从而需要更加充分的利用现有的数据，通过数据增强的手段来增加数据量。以下是我们在数据增强方面考虑的主要几个方法——随机裁剪、色彩抖动、高斯噪声扰动。

3.2.3 ERU-Net 分割网络

2015 年，Ronneberger 等提出一种语义分割网络结构 U-Net^[7]，其将上下文信息传播到更高的分辨率层，并在上采样部分也设计了大量的特征通道，具有等量下采样层和上采样层的网络结构以及沟通编码器和解码器的跳跃拼接结构，使网络可以在有限数据中充分利用更多的信息来恢复图像细节，从而实现分割精度的大幅提升，现已获得广泛应用。

因此，我们基于 U-Net 结构提出一种医学影像分割网络 ERU-Net，如图 5 所示，主要由

5 个 EGRConv Block 组成，具体分为编码器和解码器两部分。其中，编码器由左边的两层下采样模块和底层的卷积模块组成，负责对输入图像进行特征提取并逐步压缩特征图尺寸以获得高级语言信息；解码器由右边的两层上采样模块组成，负责根据编码器提取到的特征逐步恢复空间信息，最终得到分割结果；特别地，由于解码器层缺少浅层细节信息导致边缘分割效果不佳，所以我们引用一种跳跃连接的方式对解码器层补充浅层的边缘信息，使分割结果图更加接近实际结果。

之后，我们针对不同器官或细胞数据集的特点进一步改进 ERU-Net 的网络层结构，从而实现模型与数据集的一对一分割，达到医生对不同器官的临床分割要求。目前，本团队已经实现对肝脏图像的分割模型 ERU-Net_liver 和癌肿瘤细胞图像的分割模型 ERU-Net_cancerCells，具体介绍见第 4 章。

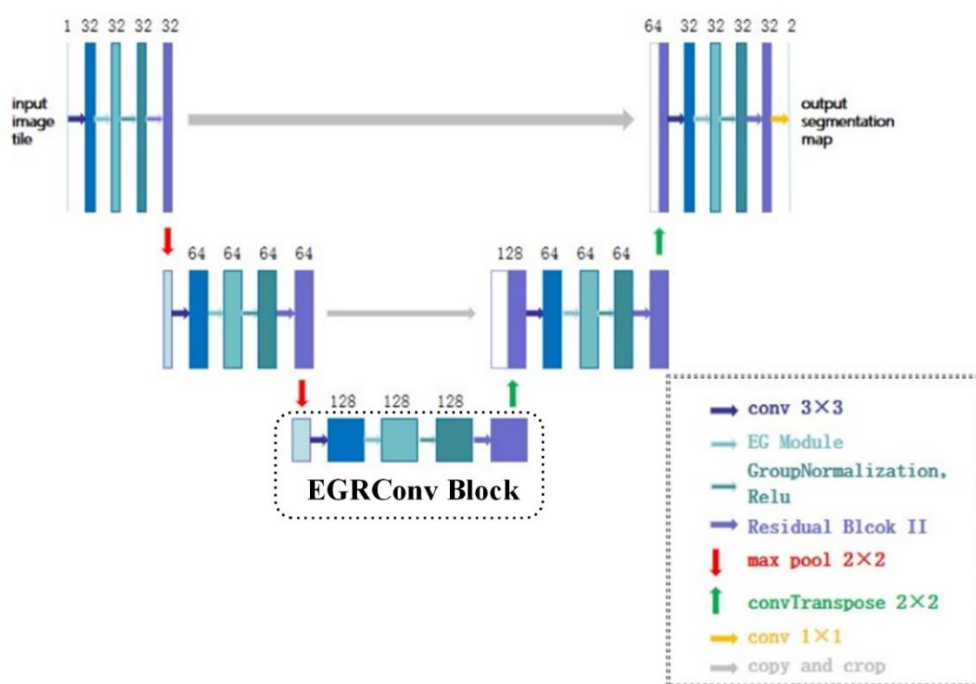


图5 ERU-Net结构图

EGRConv Block 由多尺度融合模块(EG Module)、组归一化(Group Normalization)、残差模块(Residual_Block II)组成，下面将详细介绍所提各种网络层结构。

(1) 多尺度融合模块(EG Module)

EG Module 为在 ESP Module 上结合 Google Net 网络中卷积核设置特点而设计的新模块，如图 6 所示。EG Module 将标准卷积分解为以下步骤：

- I. 通过 d 个 $1 \times 1 \times M$ 的卷积核，将 M 维的输入 feature map 降维至 d 维。
- II. 使用 K 个不同膨胀率的不同大小的卷积核对上一步输出的 feature map 进行卷积，得到 K

个相同大小的 feature map。

III. 将上一步得到的 K 个 feature map 进行拼接，得到最终的输出 feature。

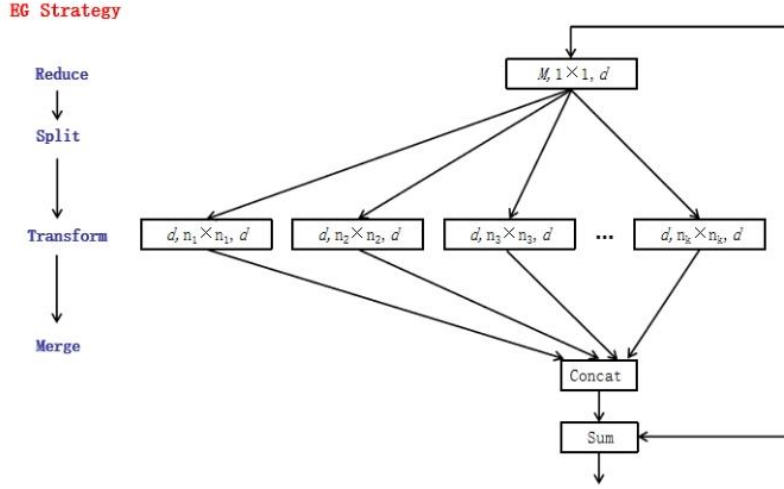


图6 EG Module结构

为提高网络分割效率，我们规定：

$$n_i = dilation_rate \times (kernel_size - 1) + 1 \quad (2)$$

其中，原始卷积核大小计算公式为：

$$Kernel_size = i \times 2 - 1 \quad (3)$$

膨胀率大小的计算公式为：

$$Dilation_rate = 2^{i+1} \quad (4)$$

此时，Reduce 部分参数量为： $M \times \frac{N}{K}$ ，split 部分参数量为： $K \times n^2 \times \left(\frac{N}{K}\right)^2$ ，EG Module 总参数量为： $\frac{MN}{K} + \frac{(nN)^2}{K}$ ，相比于标准卷积核参数量平均降低了 4 倍。

由于融合不同尺度的网络信息可以使网络捕获到更加全面的细粒度细节信息和粗粒度语义信息^[8]，使分割结果更加接近实际结果。所以我们在 EG Module 模块的 Transform 部分设计多种不同大小的卷积核，以得到多种感受野大小的特征图并将其进行融合，实现对不同尺度信息的特征学习进一步提高分割精度。

(2) 组归一化(Group Normalization)

为加快网络收敛速度，我们对每个卷积输出层进行数据归一化。但由于 CT 影像比较复杂导致占内存很大，所以在有限 GPU 资源的条件下实现分批次训练时，只能将 Batch size 设

置一个比较小的数值；因此，我们在归一化网络数据的时候选择 Group Normalization 方法(简称 GN)。从实验比较图 7 中可以看到，在 Batch size 设置较小时，使用 GN 层归一化数据可以抑制错误率的增长；而 Batch Normalization 方法(简称 BN)的计算结果依赖于当前批次的数据，当 Batch size 较小时，意味着该批次数据的均值和方差也越小，导致不能对全局信息一起进行训练，故分割结果会变差。

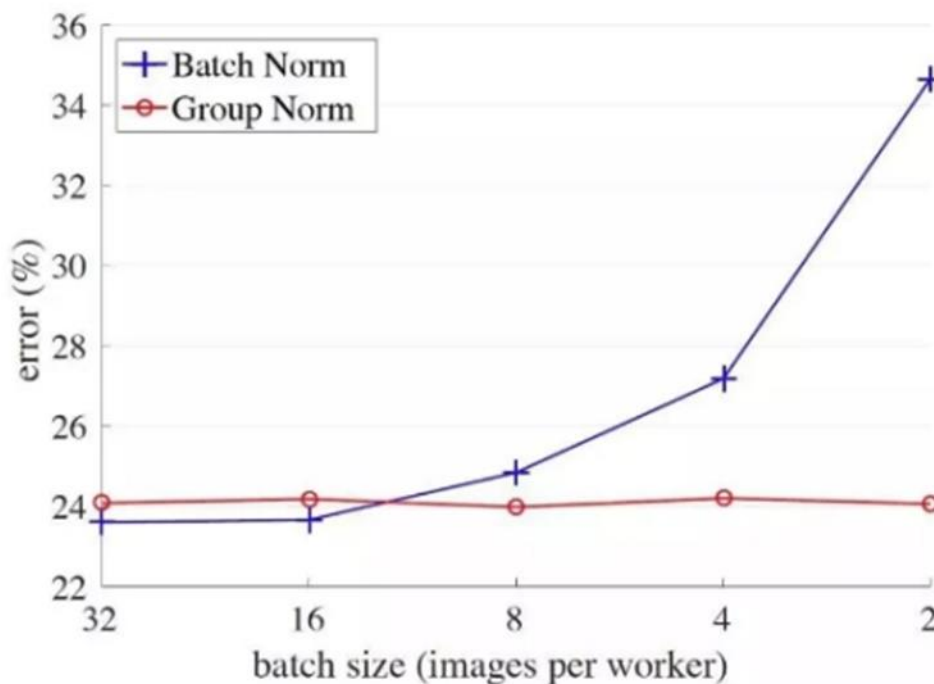


图7 BN和GN实验结果对比图

(3) 残差模块(Residual Block II)

在图像的分类和识别中，神经网络的深度对最后的效果有着很大的影响，而 U-Net 模型受网络结构的影响，设计更深的网络时会出现明显的梯度消失现象，并且计算量也剧增，所以在网络深度方面可扩展性不强，不能够充分提取特征信息，从而导致对特征的表达不够准确。因此，为了防止加深网络时出现梯度消失的问题，我们在 EGRConv 模块中加入 Residual Block II，使网络深度可以根据精度需求调整到比较深的程度，从而适应之后更加复杂器官数据集的模型训练。

残差块结构^[9]如图 8 所示，假如某段神经网络的输入为 x ，期望输出是 $H(x)$ ，即 $H(x)$ 是期望的复杂潜在映射，但学习难度大；但通过上面的残差块，我们此时需要学习的目标就是 $F(x)=H(x)-x$ ，即学习目标不再是学习一个完整的输出，而是最优解 $H(x)$ 和全等映射 x 的差值残差 $F(x)=H(x)-x$ ，这样等同于对卷积块的输入和输入同时进行监督学习，防止特征在信息传播过程中被稀释，从而克服梯度随网络层增加而消失的问题。

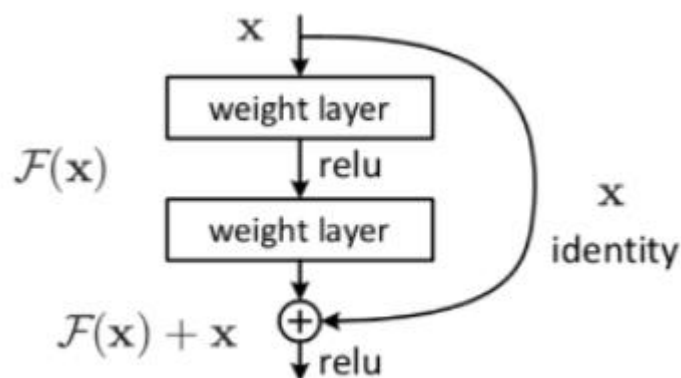


图8 残差结构图

同时，考虑到激活输入值随着网络深度的加深，在训练过程中输出数据的分布逐渐发生偏移或者变动，从而导致低层神经网络的梯度消失问题，所以我们在每个权重卷积层之后加入 Group Normalization 层来规范数据分布，提出一种更加有效的残差模块 Residual_Block II，进一步避免出现梯度消失的问题且加快网络收敛速度，如图 9 所示。

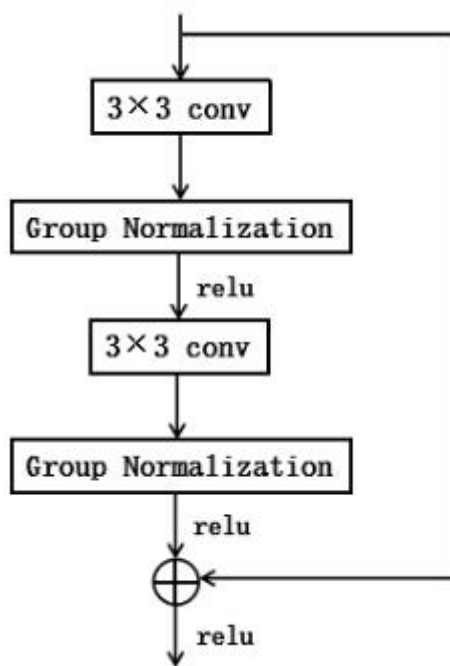


图9 所提 Residual_Block II 结构

3.2.3 损失函数设计

为克服医学影像数据集中正负样本不平衡的问题，同时优化器官或细胞的分割边界，我们基于 Binary_Focal 和 Dice 损失函数提出一种医学图像分割损失函数 Dice_Focal Loss，从而实现在可训练数据较少的情况下提高目标器官的分割精度。

(1) Binary_Focal Loss

首先从交叉熵的二分类问题出发：

$$CE(p, y) = \begin{cases} -\log(p) & \text{if } y = 1 \\ -\log(1 - p) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (5)$$

为了便于表示，对上面的公式进行改写： $CE(p, y) = CE(pt) = -\log(pt)$ ，于是有：

$$p_t = \begin{cases} p & \text{if } y = 1 \\ 1 - p & \text{otherwise} \end{cases} \quad (6)$$

一方面对于大量的 Easy Negative Example，这些 loss 会主导梯度下降的方向，抑制少量的正样本对分割结果的影响，所以需要降低 Easy Example 的影响。因此为交叉熵加一个权重，其中权重大小为相反类的比重，从而解决正负样本不平衡的问题。得到的表达式为：

$$CE(p_t) = -\alpha_t \log(p_t) \quad (7)$$

另一方面对于 Easy 和 Hard Example 之间的不平衡，定义 Focal_Loss 为：

$$FL(p_t) = -(1 - p_t)^r \log(p_t) \quad (8)$$

从而对于 Easy Example 的 p_t 会比较大，所以权重会减小，但对于 Hard Example 的 p_t 则比较小，所以权重会变大。因此这个权重会不断的动态变化，保持平衡。

将上述两者单独的改进并结合后，得到的 Focal_Loss 的形式为：

$$FL(p_t) = -\alpha_t (1 - p_t)^r \log(p_t) \quad (9)$$

(2) Dice Loss

首先，介绍下 Dice 系数，在两组体素 P 和 G 之间，Dice 系数被定义为：

$$Dice(P, G) = 2 \times \left(\frac{|p| \cap |g|}{|p| + |g|} \right) \quad (10)$$

其中，P 为预测结果，G 为人工标注结果，当预测结果和人工标注结果完全相同时，Dice 系数为 1。反之，当预测结果与人工标注结果没有任何重叠时，Dice 系数为 0。

基于此，将 Dice 系数运用在图像分割中作为损失函数时，其形式如下：

$$L_{Dice} = 1 - 2 \times \frac{\sum_{c=1}^C \sum_{h=1}^H \sum_{w=1}^W (p_{h,w,c} g_{h,w,c})}{\sum_{c=1}^C \sum_{h=1}^H \sum_{w=1}^W (p_{h,w,c} + g_{h,w,c})} \quad (11)$$

其中，C 为图像分割的类别数量，H 和 W 为图像的长和宽， $p_{h,w,c} \in P$ 代表将体素(h,w)预测为 c 类的概率； $g_{h,w,c} \in G$ 代表在人工标注结果中体素(h,w)是否属于 c 类。

(3) Dice_Focal Loss

由于医学影像中 Positive 和 Negative Example 样本不平衡并且 Easy 和 Hard Example 不平衡的问题，我们采用 Binary_Focal_Loss 作为我们的损失函数部分；并且由于在图像分割中，我们采用 Dice 系数作为分割评价指标，因此我们将 Dice_Loss 也作为我们损失函数部分，以进一步细化器官或细胞的边缘分割效果。

因此，本团队借鉴两部分损失函数各自的优势将两者结合，并通过比例系数来确定损失函数的比重，其形式如下：

$$L_{loss} = \alpha L_{Dice} + \beta L_{FL} \quad (12)$$

其中 α 和 β 为调节因子，本实验中设置 $\alpha = \beta = 0.5$ 。

第4章 系统实现

目前，根据第三章所提基于 ERU-Net 网络模型的分割算法，本团队已经完成肝脏和癌肿瘤细胞分割模型的训练，且精度均已达到临床要求，现已部署于网站端进行实际应用。肝脏分割模型与癌肿瘤细胞分割模型将在 4.1 节介绍，网站端具体实现将在 4.2 节介绍。

4.1 分割模型实现

(1) 肝脏分割模型(ERU-Net_liver)

肝脏模型训练使用医院提供的 400 例图像与标签数据。通过数据增强技术后，我们将数据集扩充到 800 例，通过所提初始模型 ERU-Net 训练后，在训练集上平均 Dice 系数已经达到 99.65%，测试集上平均 Dice 系数达到 91.43%，所以将 ERU-Net 作为肝脏分割模型 ERU-Net_liver，具体训练流程如图 10 所示：首先使用 5 折交叉验证的方法将训练集按照 4:1 随机分为训练组和验证组；然后通过验证组数据对训练精度进行初步测试，完成训练过程；最后通过测试集数据对模型进行综合评估，具体分割效果见第 5 章。

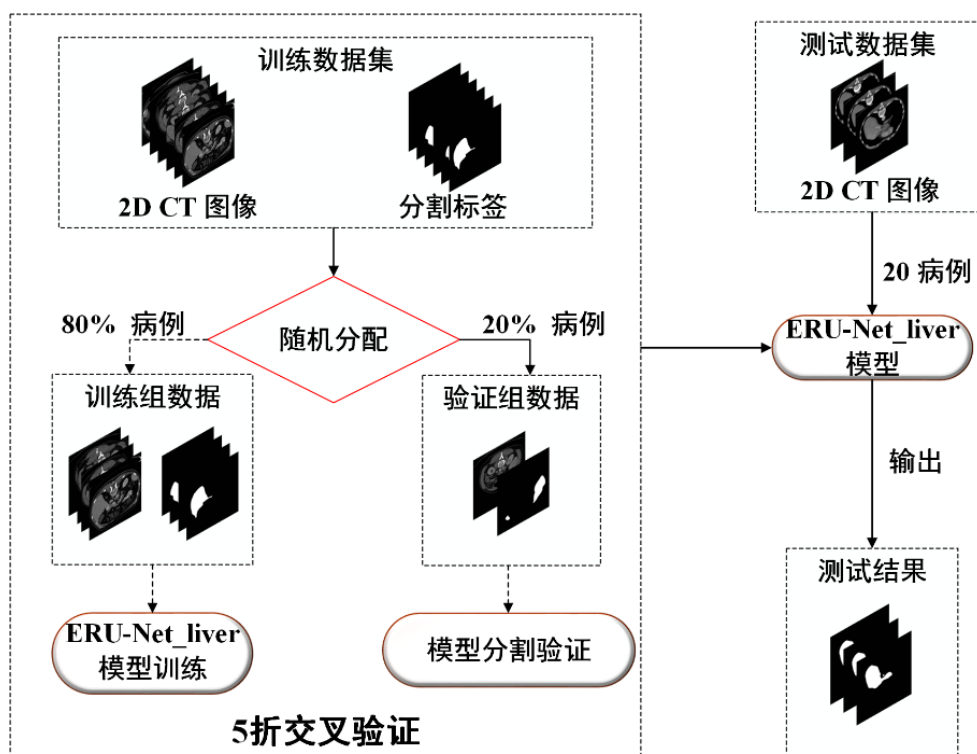


图10 肝脏模型训练流程图

(2) 癌肿瘤细胞分割模型(ERU-Net_cancerCells)

癌肿瘤细胞模型训练使用医院提供的 70 例图像和标签数据。通过数据增强后，我们将数据集扩充到 140 例。由于数据较少，所提初始模型 ERU-Net 训练时不收敛，所以我们针对癌肿瘤细胞(如图 11 所示)目标小、分散这两个特点，提出使用空洞卷积代替标准卷积，以防止卷积层在提取细胞特征的过程中将信息稀释；同时将 ERU-Net 的网络深度由 3 层加深到 5 层，提出癌肿瘤细胞分割模型 ERU-Net_cancerCells。

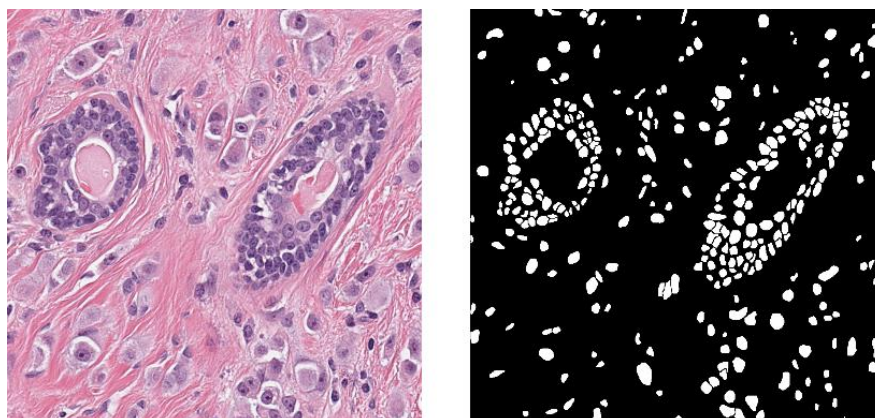


图11 癌肿瘤细胞原图(左)和标签(右)

癌肿瘤细胞分割模型的训练过程与肝脏模型训练过程类似(如图 10 所示), 其训练过程中损失值变化如图 12 所示, 可以看到, 基于空洞卷积的深层癌肿瘤分割模型 ERU-Net_cancerCells 的损失值较 ERU-Net 模型更低, 具体分割效果见第 5 章。

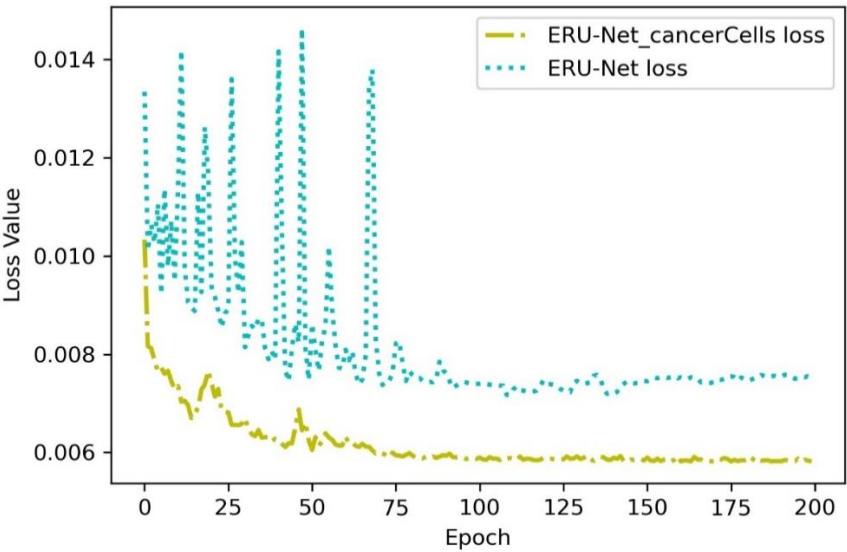


图 12 训练损失值对比

4.2 网站系统实现

本网站系统主要包括六个界面：

- (1) 个人信息界面如图 13 所示，用于介绍医生姓名、职位等信息。

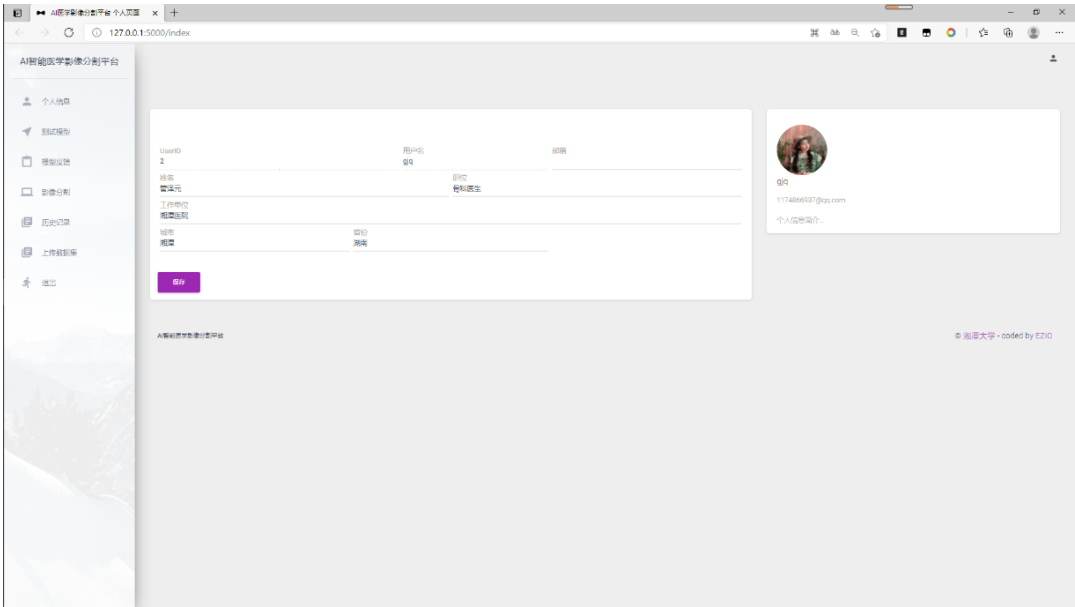


图 13 个人信息界面

(2) 上传数据集界面如图 14 所示，用于主治医师为研究人员提供可训练数据集。



图 14 上传数据集界面

(3) 模型测试界面如图 15 所示，用于在模型测试阶段主治医师查看模型的分割效果。具体过程为：医生随机抽样上传测试集中的多例图像和标签，通过观察评价指标并对比分割结果图从而判断此分割模型是否可以实际应用。

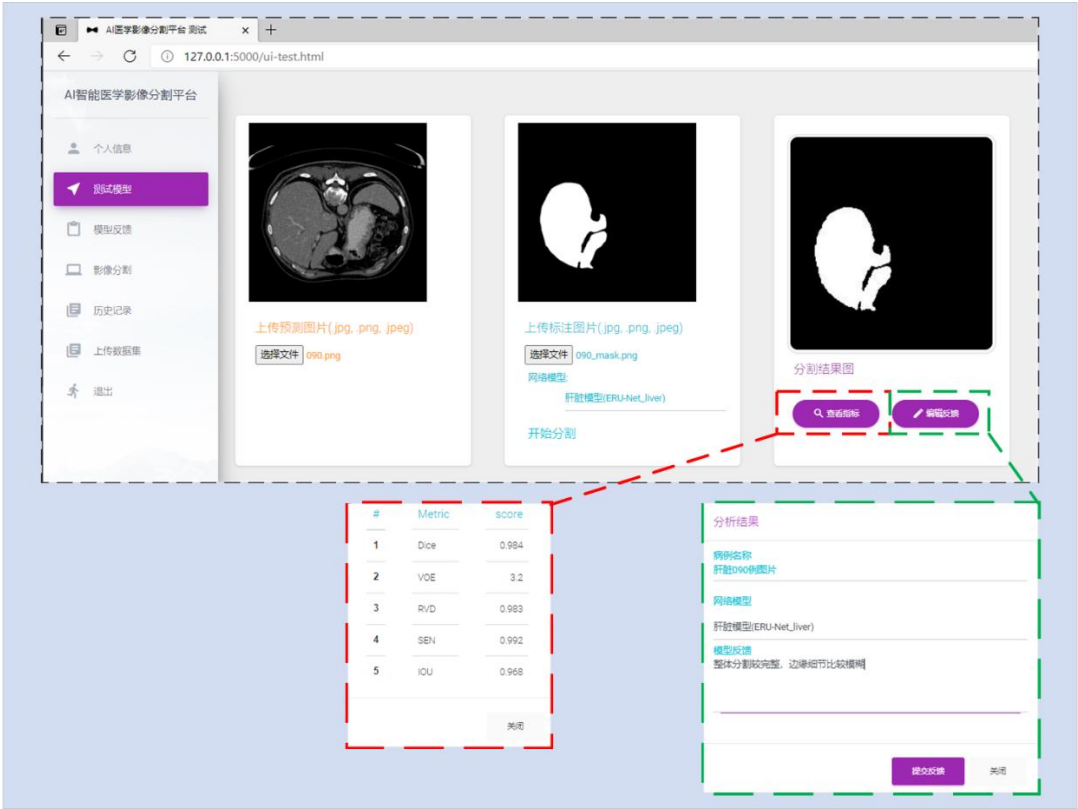


图 15 模型测试界面

- (4) 信息反馈界面如图 16 所示，用于在模型测试阶段，主治医师针对测试模型分割结果图提出的问题，例如：第 6 例肝脏分割图右下角缺失、第 11 例癌肿细胞边界模糊等；研究人员根据这些意见去改进优化模型。

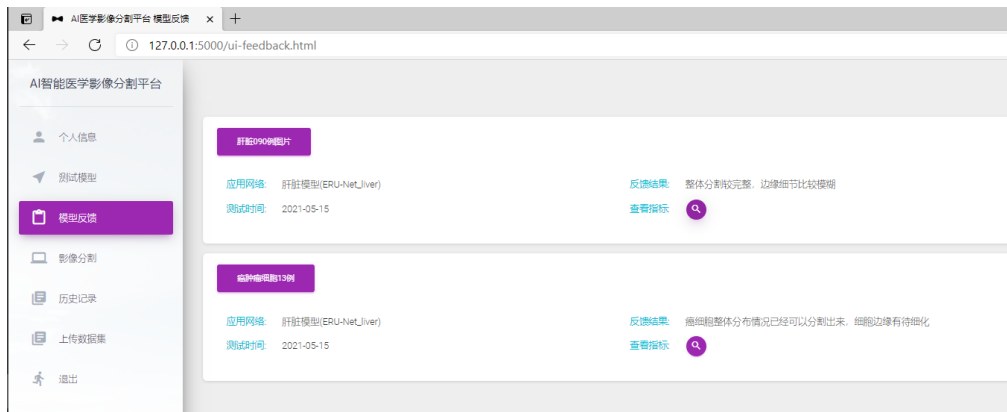


图 16 信息反馈界面

- (5) 影像分割界面如图 17 所示，测试模型分割效果达到临床要求后，医生可对病人 CT 图像进行实际分割。具体过程为：医生获取病人 CT 扫描图像后上传至网站，并选择对应的分割模型(例如：上传腹部 CT 图像，目标区域为肝脏，即选择肝脏分割模型)，最后得到分割结果图进行病情分析；特别地，由于现有方法无法确定每一张图片的最优分割阈值，所以我们设置[0.2-0.8]的阈值范围供医生选择，医生可通过比较不同阈值的分割效果最终选择最为满意的分割结果图。

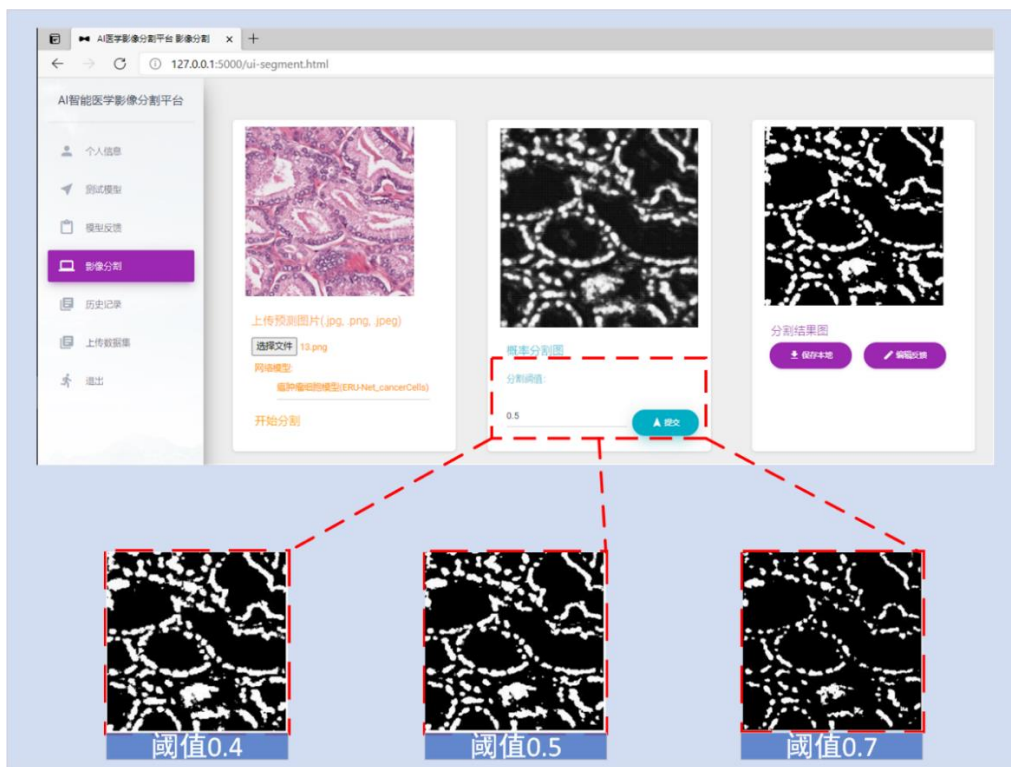


图 17 医学影像分割界面

(6) 历史记录界面如图 18 所示，用于主治医生查看最近记录的分割结果图，方便分析病人病情的整体变化趋势。

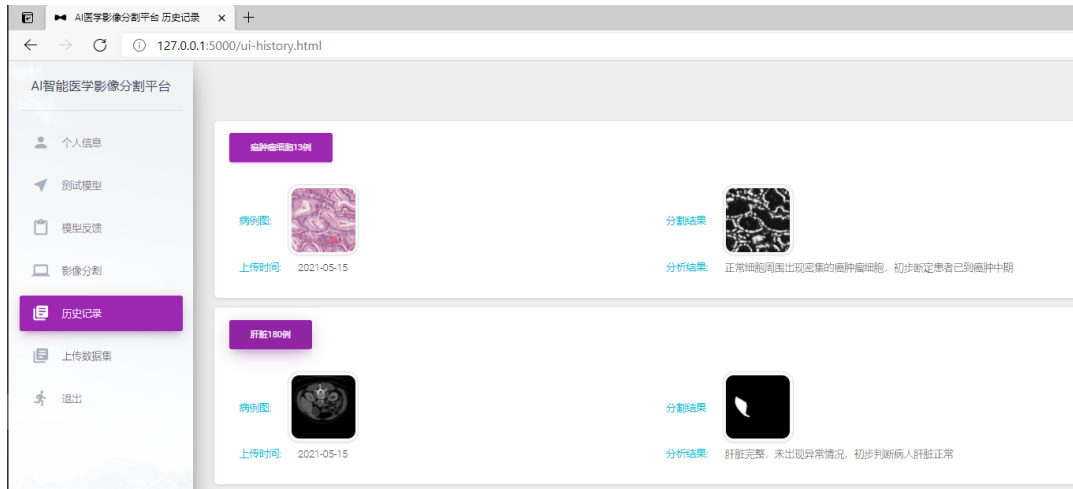


图 18 历史记录界面

第5章 分析验证

5.1 分割网络精度测试

在精度测试分析部分，我们主要列出 3 个测试结果，分别为 ERU-Net 有效性测试、ERU-Net_liver 对肝脏分割的效果测试、ERU-Net_cancerCells 对癌肿瘤细胞分割的效果测试。

(1) ERU-Net 各模块有效性测试

如表 3 所示，可以看到相较于初始模型 U-Net，所提各模块对于 U-Net 的训练集分割精度均有较大提升，即 U-Net 结合所提各模块后能够学习到训练集图像的更多特征，最终所提 ERU-Net 模型获得最优指标。

表 3 指标说明：

- Train_acc: 保存网络对应的 epoch 训练集上的准确度
- Train_loss: 保存网络对应的 epoch 训练集上的损失值
- Val_acc: 保存网络对应的 epoch 验证集上的准确度
- Train_loss: 保存网络对应的 epoch 验证集上的损失值
- Test_Mean_Dice: 训练集所有分割结果的平均 dice 值，用于判断分割结果的准确性，越接近 1 越准确

表3 网络结构消融实验对比

Module	Train_acc	Train_loss	Val_acc	Val_loss	Test_Mean_Dice
U-Net	0.9083	0.2386	0.9073	0.2409	0.88769515
U-Net+ Dice_Focal_Loss	0.9124	0.0470	0.9116	0.0499	0.90464974
U-Net+ Residual_Block II	0.9928	0.0169	0.9854	0.0494	0.96591914
U-Net+EG Module	0.9955	0.0053	0.9737	0.0705	0.96472996
ERU-Net	0.9977	8.67e-04	0.9880	0.0116	0.98710301

(2) ERU-Net_liver 对肝脏分割的效果测试

训练集数据平均 Dice 已经达到 99.65%，测试集平均 Dice 达到 91.43%，具体每例分割精度如表 4 所示。现随机抽取几例分割结果如图 19 肝脏分割图所示，可以看到每张肝脏图片的分割结果在不同阈值下的分割结果存在差异性。

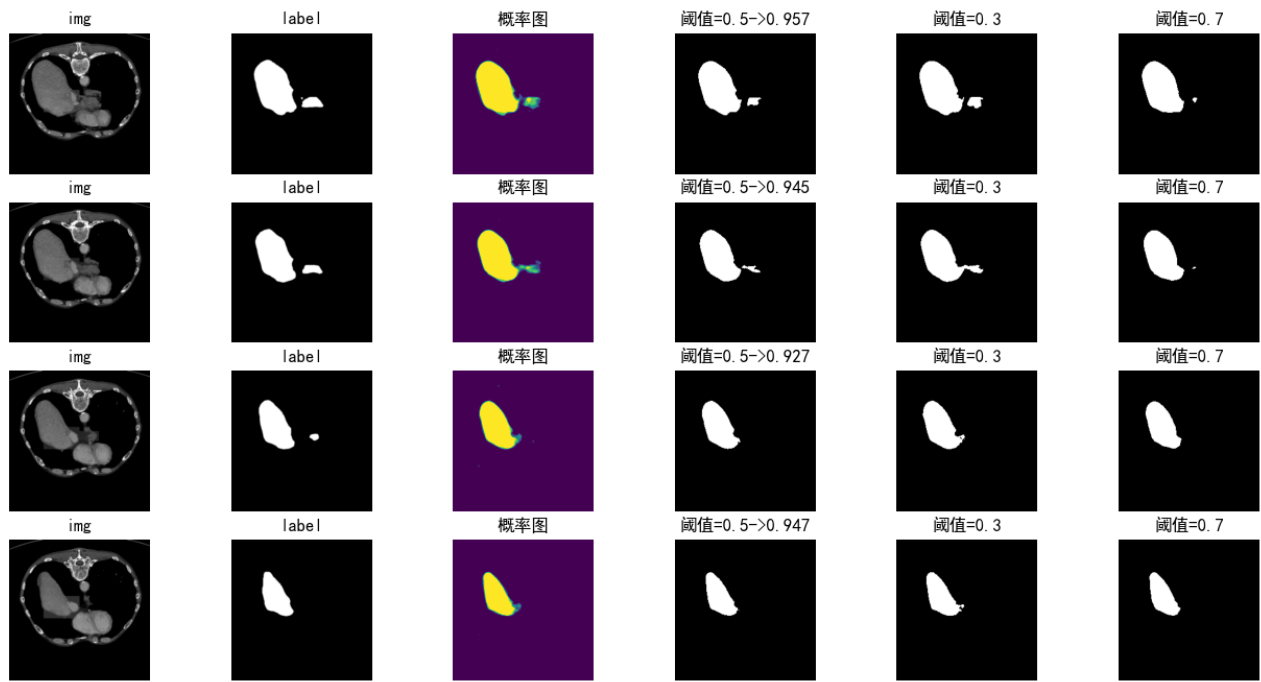


图19 肝脏分割图

(3) ERU-Net_cancerCells 对癌肿瘤细胞分割的效果测试

训练集数据平均 Dice 已经达到 90.22%，测试集平均 Dice 为 76.53%，具体每例分割精度如表 4 所示。现随机抽取几例分割结果图如图 20 所示，可以看到每张图片的分割精度和阈值的选取呈现非线性关系，即每张图片的最优分割阈值不确定，因此本团队将阈值选取的权利交于主治医生，医生可以根据不同阈值下的分割效果确定最终的阈值选取。

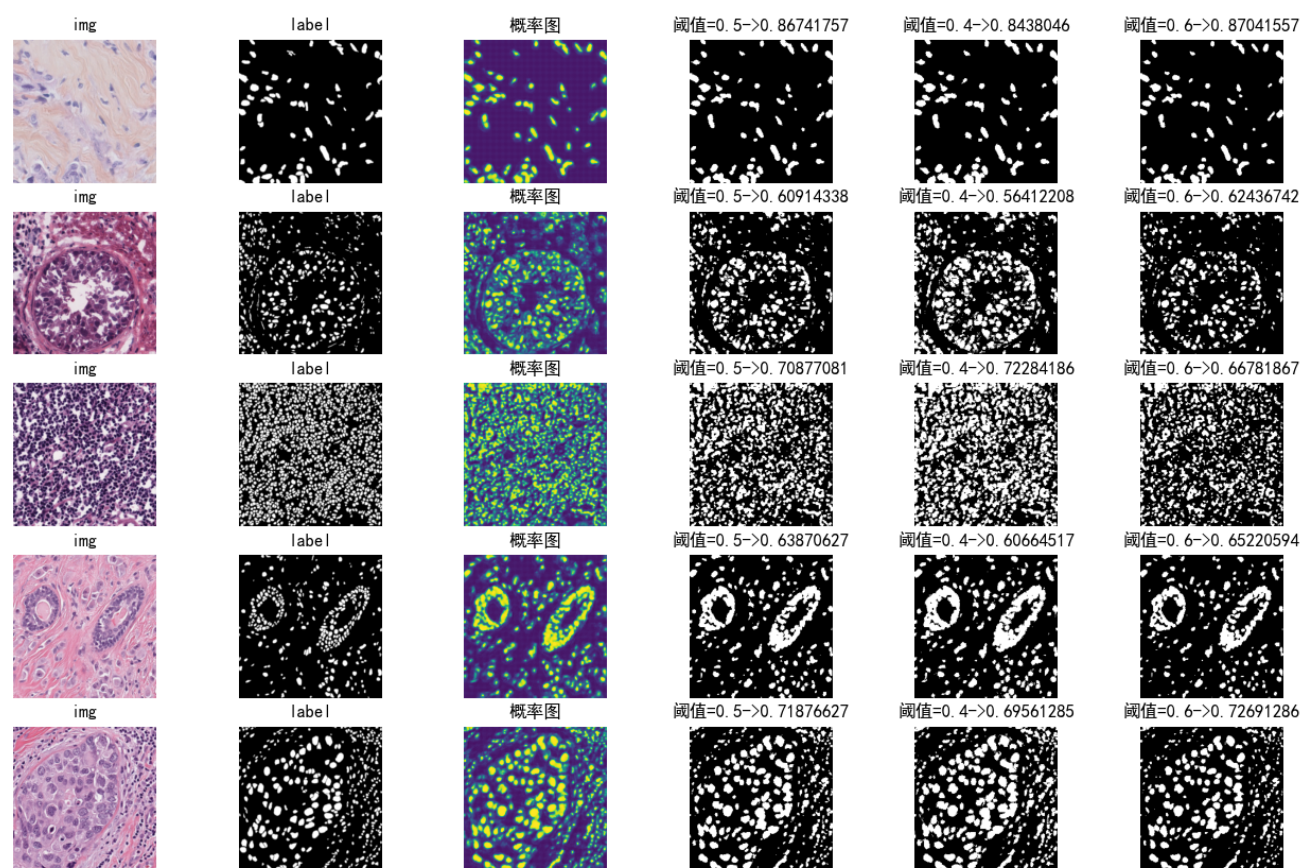


图 20 癌肿瘤细胞分割图

表 4 肝脏和癌肿瘤细胞测试集数据 Dice 系数表

肝脏图像	测试集 Dice	癌肿瘤细胞图像	测试集 Dice
第 1 张	95.66%	第 1 张	78.67%
第 2 张	94.74%	第 2 张	77.53%
第 3 张	93.53%	第 3 张	77.33%
第 4 张	92.14%	第 4 张	78.24%
第 5 张	89.22%	第 5 张	78.49%
第 6 张	89.78%	第 6 张	78.77%
第 7 张	89.94%	第 7 张	78.28%

第 8 张	89.59%	第 8 张	77.39%
第 9 张	89.36%	第 9 张	75.97%
第 10 张	88.95%	第 10 张	76.96%
第 11 张	90.60%	第 11 张	78.03%
第 12 张	91.55%	第 12 张	79.35%
第 13 张	91.22%	第 13 张	79.74%
第 14 张	91.65%	第 14 张	78.79%
第 15 张	92.00%	第 15 张	77.18%
第 16 张	92.41%	第 16 张	76.13%
第 17 张	92.19%	第 17 张	76.38%
第 18 张	91.24%	第 18 张	75.68%
第 19 张	90.91%	第 19 张	72.74%
第 20 张	91.92%	第 20 张	71.05%

5.2 网站系统性能测试

表5 网站系统性能测试表

测试类型	测试内容	结果
导入数据集	测试能否导入数据集压缩包	导入多个数据集成功无差错
图片测试	测试分割结果图能否正常显示以及图片显示完整性	核实所有图片加载功能均已正常实现，分割结果图可以完整显示
用户界面测试	友好型、易用性、合理性、正确性	程序风格符合可接受标准，简单易懂，易操作性，符合用户习惯
兼容性测试	在Microsoft Edge、Firefox、Google Chrome等浏览器进行运行测试	核实在不同的浏览器中运行稳定，无卡顿现象，且界面板块未出现异常拉伸情况
分割速度	对肝脏分割模型和癌肿瘤细胞分割模型进行测试	数据输入输出系统计算准确，图像分割平均时间为340ms/张

第6章 作品总结

价值意义：通过采用先进的深度学习方法，作为医疗诊断的辅助手段，可以减少医生工作量并提高临床分割精度，在一定程度上帮助医生进行诊断，因此具有较大的实际应用价值。

项目工作：本团队成员在项目前期与实地医院医生进行了大量沟通交流，对医生需求的网站功能有较为全面的了解；项目中期本团队借助项目导师与医院的合作，对医院提供的肝脏数据集和癌肿瘤细胞数据集进行模型训练；项目后期本团队完成医学影像分割网站系统的搭建并将分割测试模型应用于网站，通过网站与医生进行沟通交流以调整分割模型，最终满足医生的临床分割要求。

测试效果：本项目需要解决的主要问题是针对医生需求增加功能并且对现有图像分割功能进行改善，我们通过大量的模型调整实验以及与医生的沟通交流，现已基本满足对肝脏和癌肿瘤细胞分割的临床要求。

功能拓展：之后医院可以继续提供其他器官或者细胞的数据集，例如：胰腺、视网膜、鼻咽癌等数据集，我们将会针对这些器官的特点实现对应的分割模型供医生使用，最终实现人体所有器官的分割功能；特别地，我们将把二维分割模型拓展为三维分割模型更直观、全面的辅助医生诊断病人的病情。

创新性：

- 相比于本地 PC 端的分割系统，本团队的系统搭建在服务器网站，医生无需搭建复杂的系统环境，方便使用。
- 相比于单一器官的分割系统，本团队的网站具有很强的可拓展性，可以根据医院提供的不同数据集训练多种器官分割模型，包括二维和三维立体分割模型。
- 相比于非学习的数学分割算法，本团队所提的 ERU-Net 卷积神经分割网络具有较好的泛化性能，并且针对各器官特点对分割网络进行调整，实现不同器官或细胞分割精度的突破性提高，通过测试可达到临床分割要求。

参考文献

- [1] Forner A. Hepatocellular carcinoma surveillance with miRNAs[J]. The Lancet Oncology, 2015, 16(7): 743-745
- [2] 张凯文. 基于 U-Net 的肝脏 CT 图像分割研究[D]. 华南理工大学, 2019
- [3] 刘子飞. 多模态医学影像引导智能放疗系统分割软件研发[D]. 湖南大学, 2019.
- [4] 宁小霞. 基于 Web 的医学图像采集、配准及分割系统设计研究[D]. 广西大学, 2019

- [5] 蒋文娟, 李富芸. 基于 CT 数据的医学图像处理系统设计[J]. 数码世界, 2020(03): 101
- [6] 许友彬. 基于肺部组织分割与检测技术的肺功能计算机辅助诊断系统研发[D]. 华南理工大学, 2019
- [7] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[C] //Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Heidelberg: Springer-Verlag, 2015: 234-241
- [8] Hu K, Shen B, Zhang Y, et al. Automatic segmentation of retinal layer boundaries in OCT images using multiscale convolutional neural network and graph search[J]. Neurocomputing, 2019, 365: 302-313
- [9] He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition[C] //Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2016: 770-778