

2022.12.13 - 直播答疑

回放链接 - <https://www.bilibili.com/video/BV1p3411X7gU>

- AI+医疗
- 算法+软件
 - 算法：规定的数据集训练，指定的测试集得到结果。
 - 软件：实现跟用户（**实际医疗工作人员**）交互。

0x00 - 重点

本次会议重点讲算法部分的相关点，如：

- 算法部分**工作流程**
- 算法**Baseline**介绍
- 算法**提分技巧**

0x01 - 背景介绍

写文档可以参考。

赛题背景：

赛题背景

为进一步加强新一代智能技术与医学的深度融合，响应“健康中国”国家发展战略，百度在第十四届“中国大学生服务外包创新创业大赛”中首次设立了“基于百度飞桨的3D 医疗数据解析平台”的企业赛题，将来自智慧医疗产业一线的系统建设需求，与高校赛训内容相结合，以助力高校复合交叉型AI人才培养，更好促进我国未来智慧医疗产业的健康发展。

医疗背景：

- 医疗影像是临床疾病诊断的重要方式。
- 为了实现疾病的准确诊断和疾病研究，需要引入AI辅助对医疗影像进行处理。

0x02 - 任务说明

- 设计医疗图像分割算法
- 设计医疗数据解析平台
- 实现3D医疗数据的导入、分割、可视化和数据分析能力

两个赛道：

- 算法

要求基于PaddlePaddle，在官方指定数据集上设计算法并训练，对测试集的数据进行推理预测。
实现在测试集上，给定任一3D医疗数据，准确地完成**医学数据的分割任务**；并且在新的、未进行训练的数据集上能有**较好的泛化性能**。

- 软件

实现**基于Web的3D医疗数据解析平台**，其中包括：

- 医疗数据的**导入**
- 医疗数据的**分割**
- 医疗数据**可视化**
- 医疗数据**分析**

飞桨模型可以在**本地或云端**部署进行推理。

可以设计更多**相关场景的附加功能**，通过**稳定**的软件功能和优秀的人机交互，为**非AI专业人员**提供良好的用户体验。

1. 数据集

数据集目录如下：

- base_train
 - imagesTr - 训练集图片(160个)
 - labelsTr - 训练集标签
 - dataset.json - 训练集信息
 - imagesTs - 测试集图片(40个)

数据集由部分AMOS数据集构成，**只能使用提供的数据集**进行训练。

数据类别一共16个，包含1个背景、15个腹部器官。

数据集图片动图可使用**ITK-snap**查看。

2. 算法评价指标

使用 **系数评价指标**。



其中FP、TP、FN、TN属于“混淆(错误)矩阵”的内容：

| 真实情况 | 预测结果 | |
|------|------------|------------|
| | 正例 | 反例 |
| 正例 | TP (真正例) | FN (假反例) |
| 反例 | FP (假正例) | TN (真反例) |

对于某一个数据类别（即标签、竞赛中数据集有16类）：

- TP (True positive) - 预测有这个标签，实际也有这个标签
- FP (False positive) - 预测有这个标签，实际并没有这个标签
- TN (True negative) - 预测没有这个标签，实际也没有这个标签
- FN (False negative) - 预测没有这个标签，实际却有这个标签

故：

- $TP+FP$ - 预测结果打上标签的
- $TP+FN$ - 真实打上标签的

在本类数据标签中，Dice系数为：

最后打榜排名的分数为**15类（除背景）Dice平均系数**，即：

3. 算法工作内容

包含四个部分：

1. 用训练集训练模型

基于PaddlePaddle**设计深度学习模型**，并在给定的训练集(imagesTr)上进行训练。

2. 测试集推理

用训练集训练好模型后，预测测试集(imagesTs)的测试分割结果。

3. 提交测试集推理结果

将分割结果打包成zip文件，在官网比赛页面提交。

Tip: Linux的打包命令为 `zip -j submit.zip xxx/.nill.gz`。*

4. 得到分数，查看排行榜

等待15~20min，得到排名。

重要要求：

1. 必须使用paddlepaddle**2.2**及以上版本，生成**端到端深度学习模型**。比赛结果后要求**提交相关模型和预测代码**复核。

2. 算法训练时，只允许使用 dataset.json 内的160条训练数据训练模型，**禁止**使用测试集数据构建伪标签、进行自监督训练等。

4. 软件

根据**实现的功能**评分。

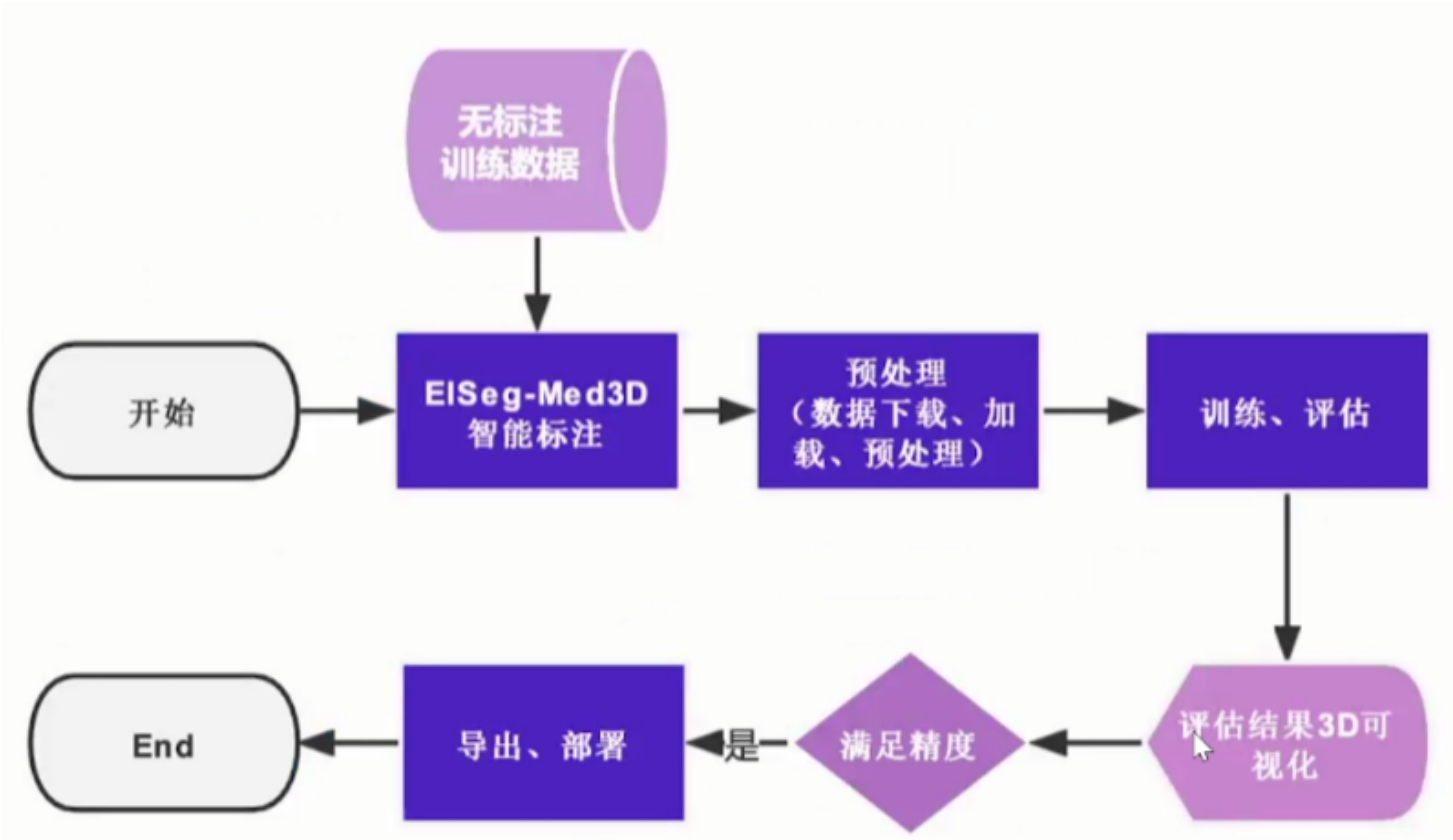
要求：必须使用飞桨在本地或云端进行推理，禁止使用第三方推理工具(OpenVINO, TensorRT等)。

0x03 - Baseline介绍

注：baseline(基线)个人理解就是一个基础模型，直接用这个模型就能跑一编比赛，不过效率肯定很低，我们做的就是在这个基础上进行调参改进。

1. 医疗影像分割套件 - MediacaSeg

MedicalSeg是一个包含各种高精度模型、支持高定制化、支持智能标注的 3D 医疗影像分割方案。



从“智能标注”开始，包含“数据预处理”、“训练”、“评估”、“结果可视化”和“导出部署”等分割模型生成和应用的全流程。

MedicalSeg 3D多器官全流程医疗分割开发套件

| | | | |
|-------------|---|--|--|
| 应用案例 | <div><p>lung label lung prediction</p><p>肺部分割</p></div> | <div><p>Spine prediction spine label</p><p>16类椎骨分割</p></div> | <div><p>智能标注平台EISeg-Med3D</p></div> |
| 代码架构 | <div><h4>数据处理 & 变换</h4><p>数据预处理</p><div>LoadImage HUNorm</div><div>Resample LabelRemap</div><p>数据变换</p><div>Resize3D RandomRotation3D</div><div>RandomFlip3D TopKLongestConnect</div></div> | <div><h4>模型 & 数据集</h4><p>数据集</p><div>COVID19 CT scans MRISpineSeg</div><div>Medical seg Decathlon ...</div><p>模型 & 损失</p><div>VNet TransUnet</div><div>nnFormer nnUnetD</div><div>DiceLoss CELoss</div></div> | <div><h4>部署 & 可视化</h4><p>模型部署</p><div>Inference 部署 可视化</div><p>3D可视化</p><div><p>数据、推理结果可视化 肺部分割结果对比可视化</p></div></div> |

飞桨 核心框架

基于飞桨核心框架开发，代码架构包括上图3个大部分，
支持所有常见数据类型加载、各种数据变换、数据集、模型、influence部署和3D数据可视化功能。
具有十多种器官的分割模型和智能标注平台两大上层应用。

2. 模型

【这部分是给具体负责算法的讲解的，这里不是很懂，只留下时间阶段，需要了解什么部分可在回放里看.....

- Baseline1(VNet模型) - 05:35 ~ 10:36
 - fork后文件介绍 - 05:35 ~ 06:45
 - 正式使用流程 - 06:45 ~ 09:42
 1. fork和安装依赖包 - 06:45 ~ 06:50
 2. 准备数据集 - 06:50 ~ 07:53

对数据集处理的代码为 `prepare_data.py`，会下载数据集、归一化、重采样、将图片保存为numpy格式、划分训练集和验证集。

参数都是默认参数没有设置（45行代码看到），重采样分辨率为，训练集、验证集。

后面训练时可按需求设置。
 3. 正式训练 - 07:53 ~ 08:05
 4. 评估验证集精度 - 08:05 ~ 08:22
 5. 模型导出成静态图 - 08:22 ~ 08:31
 6. 对要求的测试集推理 - 08:31 ~ 09:26
 7. 结果打包上传 - 09:26 ~ 09:42
 - 快速体验推理提交 - 09:42 ~ 10:36
- Baseline1(nnUNet) - 10:36 ~ 20:52
 - fork后文件介绍 - 10:36 ~ 11:39
 - 正式使用流程 - 11:39 ~ 13:20
 1. fork、数据集解压并清理、安装依赖 - 11:39 ~ 12:20
 2. 训练模型 - 12:20 ~ 12:32

默认使用“五折训练策略”，可以根据需求设置。
 3. 验证精度、生成下个命令的json - 12:32 ~ 12:48

为了加快训练推理速度，使用的是混合精度训练。
 4. (可选)推理报错处理 - 12:48 ~ 13:00
 5. 对要求的测试集推理、打包、上传 - 13:00 ~ 13:20
 - 快速体验推理提交 - 13:20 ~ 14:38
 - nnUNet配置文件详细介绍 - 14:38 ~ 20:52

0x04 - 算法提分技巧

1. 数据准备 (已完成)

2. 数据预处理 - 21:24 ~ 23:40

- 归一化 - 21:24 ~ 21:46
- 重采样 - 21:46 ~ 22:34
- 使用patch-training而不是resize - 22:34 ~ 23:19

对于不同分辨率、相同体素间距的数据，使用"patch-training"，即取一部分。

- 数据增强 - 23:19 ~ 23:40

3. 训练 - 23:40 ~ 25:27

- 模型设计 - 23:40 ~ 24:03

可使用最新的paper中的模型，包括自己添加的一些Attention、Transform的一些模块。

- 损失函数 - 24:03 ~ 24:24

不同的损失函数、辅助损失函数

- 多折训练 - 24:24 ~ 24:55

可以将训练集划分为多个子集，将部分子集作为训练集，其余子集当作训练集。

使用交叉验证的方法，比如nnUNet使用五折交叉训练，预测阶段将五个模型集成起来进行预测取平均。

也可以训练多个模型，使用模型集成。

- 多阶段训练 - 24:55 ~ 25:27

如两阶段：第一阶段把分辨率变小再训练；第二阶段把第一阶段推理结果作为部分输入，增加第二段模型上下文信息。

4. 推理 - 25:27 ~

- 模型集成 - 25:27 ~ 25:45

训练多个不同的模型、设计多个不同的网络结构

- TTA - 25:45 ~ 25:53

预测时没有限制推理时长，可以使用多种TTA策略。

- 后处理 - 25:53 ~ 26:37

使用后处理策略提升分割效果。

因为器官对应的连通区域数量固定（如肝脏只有1个），可以通过判断预测结果中连通区域数量，保留最大的连通区域作为结果。

孔洞填充：如器官内部有个洞，很可能是预测错误，可以使用器官类别进行填充。

- 滑动窗口 - 26:37 ~ 26:53

预测的时候使用滑动窗口方法进行推理。

0x05 - 论文资料

- [多器官分割参考论文](#)
- [nnU-Net](#)