

基于 U-Net 的直肠癌淋巴结转移诊断研究

摘要： 直肠癌淋巴结转移诊断十分重要，直接影响了治疗方案的选择以及病人预后的判断。目前临床上多采用观察淋巴结的形态特征的方法对淋巴结转移进行判断，然而迄今尚未能达到统一的标准。随着影像组学^[1]的发展，深度学习在医学影像处理中崭露头角。因此，本文提出了一种将深度学习与传统的影像组学相结合的方法，探究其在直肠癌淋巴结转移诊断中的应用价值。研究流程分为图像分割、肿瘤特征提取、构建分类模型三部分，首先利用 U-Net 神经网络对医学图像进行训练，然后利用模型提取出肿瘤区域 mask 图像；接着对肿瘤区域影像进行特征提取，包含纹理特征、灰度特征、小波特征、三维特征提取；最后进行特征选择及构建朴素贝叶斯分类模型并对模型进行评估。我们构建的模型在赛方提供的数据集下得到有效的验证，直肠癌淋巴结转移的判断准确率达到 86.36%，U-Net 在图像分割中的 dice 系数也达到了 0.812。实验证明利用深度学习结合传统的影像组学评估直肠癌淋巴结转移有良好的效果，具有很强的实用性。

关键词： U-net、直肠癌淋巴结转移、图像分割、特征提取、深度学习

Abstract: The diagnosis of rectal cancer lymph node metastasis is very important, which directly affects the choice of treatment plan and the judgment of patient prognosis. At present, lymph node metastasis is judged by clinical methods for observing the morphological characteristics of lymph nodes, but a unified standard has not yet been reached. With the development of imaging omics^[1], deep learning has emerged in medical image processing. Therefore, this paper proposes a method to combine deep learning with traditional imaging omics to explore its value in the diagnosis of rectal cancer lymph node metastasis. The research process is divided into three parts: image segmentation, tumor feature extraction, and classification model. Firstly, the U-Net neural network is used to train the medical image, and then the model is used to extract the tumor region mask image. Then, Extracting image features of tumor regions, including Texture features, gray features, wavelet features, 3D feature extraction; finally feature selection and construction of naive Bayesian classification model and evaluation of the model. The model we constructed was validated by the data set provided by the competition. The accuracy of rectal cancer lymph node metastasis was 86.36%, and the dice coefficient of U-Net in image segmentation also reached 0.812. The experiment proves that using deep learning combined with traditional imaging omics to evaluate the lymph node metastasis of rectal cancer has good effect and has strong practicability.

Keywords: U-net, rectal cancer lymph node metastasis, image segmentation, feature extraction, deep learning

一、简介

1.1 研究背景

直肠癌是指从齿状线至直肠乙状结肠交界处之间的恶性肿瘤，是消化道最常见的恶性肿瘤之一。近几年在中国，直肠癌的发病率越来越高。直肠癌易向肠外浸润并发生淋巴结及远处转移，一旦发生转移病人常常需先进行辅助放化疗才能获得手术机会，患者预后较早期直肠癌患者的预后差^[2]。由于直肠癌治疗模式的多样性，术前准确的 TNM 分期非常重要。这其中，淋巴结转移情况是重要因素之一，是综合治疗方案决策的重要依据^[3]。因此研究淋巴结转移对临床医学研究来说十分重要。

1.2 研究现状

目前研究直肠癌淋巴结转移常采用的是传统的影像组学的方法,通过对医学影像进行图像分割、特征提取和特征选择、建模分析等步骤来构建评价模型。传统的影像组学的方法在一定程度上推进了对直肠癌淋巴结转移研究的进展且达到了较高的准确率,但仍然存在一定的局限性。一是传统影像学的特征指标大多数是检查者的主观判断,缺乏量化数据的支持,因此不能成为统一的标准^[3];二是传统影像学对图像的分割暂且没有成熟的技术,目前大多依靠人工分割,具有主观性。

随着近年来深度学习的快速发展,出现了基于深度学习的影像组学研究。相对于传统的影像组学研究来说,它具有以下优点:一是依托于大数据,能更加全面的对数据进行深度挖掘与分析;二是深度学习模型卷积网络具有很强的特征表达能力,可实现复杂问题的分类^[2];三是深度学习模型具有自学习的特性,能在数据中学习特征,更加客观有效。因此将深度学习应用于影像学组中对医学影像进行分析,是一个具有很大的研究价值及应用意义的研究方向。

1.3 研究目标及流程

本次研究就是要将深度学习模型结合传统影像组学的方法应用于直肠癌淋巴结转移诊断研究中,以直肠癌病人的 CT 图像为研究数据,探究深度学习模型在直肠癌淋巴结转移诊断中的应用价值及意义。

研究的流程如图 1 所示,主要分为图像分割、肿瘤特征提取、构建评价模型三部分。

其中图像分割利用 U-Net 神经网络对医学图像进行训练,然后提取出肿瘤区域 mask 图像。

肿瘤特征提取包含纹理特征提取,灰度特征提取、小波特征提取及三维特征提取。

构建评价模型包含特征选择、特征分析、模型建立和评估。

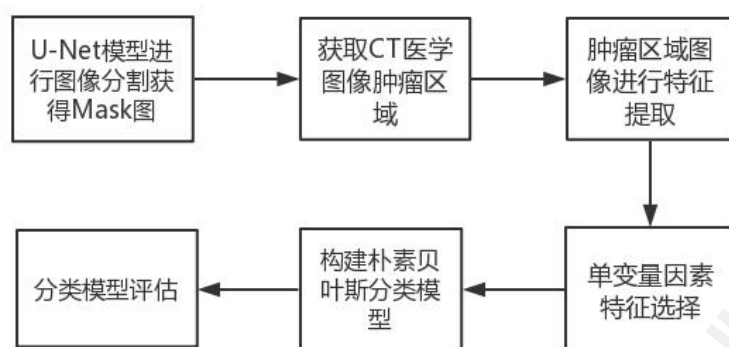


图 1 总体流程

二、直肠癌肿瘤图像分割

在医学影像分割中，常常有较为明显的边界和灰度等信息，通过对图像的常见特征的提取，可以在一定程度上对图像进行粗略的分割。在本次研究中，应用传统方法对图像进行各种规则的限制，如伽马变换之后根据强度、双峰特性等特征对肿瘤区域进行限制，但事实上这种方法的实现效果并不好，预测的掩膜平均 dice 系数只有 0.3385，这是因为在二维图像的层面上，直肠癌肿瘤的面积、区域连通性和双峰特性等特征并不具有普遍性。因此，我们采用深度学习的方法(U-Net)对直肠癌肿瘤区域进行分割，特征无需人工进行选择，经过极少的上采样、下采样操作就可以提取出肿瘤区域的显著特征，通过优化之后，预测图片的 dice 系数可以达到 0.8 左右，具有较强的鲁棒性。

2.1 传统方法提取肿瘤区域

2.1.1 提取肿瘤区域流程

利用肿瘤区域在动脉期或门脉期，与非肿瘤区域的强度差异，进行提取分割。

步骤如下：

- 1、利用伽马变换对图像信息并进行增强，提高对比度
- 2、通过 CT 图像中高亮的骨骼的提取，获取可能存在直肠肿瘤的中心区域
- 3、对中心区域的灰度值进行提取，由于直肠肿瘤其内的造影剂衰退比较慢，所以直肠肿瘤区域的强度会高于非直肠肿瘤区域，所以判断图像的灰度直方图是否存在双峰分布，存在即存在直肠肿瘤，反之即不存在直肠肿瘤。
- 4、若存在双峰或多峰分布，则寻找最大的两峰，获取两峰峰谷，进行图像初步分割。
- 5、进行腐蚀膨胀后进行先开后闭运算，得到肿瘤区域。

如图 2 所示，左边、中间为官方数据中的原图，右边为利用传统方法得到的掩膜区域图。



图2 传统算法提取效果图

2.1.2 算法实验分析

由于传统算法的局限性和人体骨骼分布的差异性，导致传统分割算法难以对肿瘤区域进行精确分割，利用以上算法对全部数据进行肿瘤区域提取，获取的平均 $dice$ 系数仅为 0.3385，远远达不到分割效果，出现大量错误分割情况，仅适用于特定类型病例，不具有实用性。

2.2 深度学习方法提取肿瘤区域

2.2.1 网络模型的选择

在医学图像分割领域，主要有两种深度学习核心框架，一种是基于卷积神经网络（CNN）的框架，另一个是基于全卷积网络（FCN）的框架。

基于 CNN 的图像分割思路就是将每一个像素点进行分类，在每一个像素点上取其图像输入到神经网络进行训练，在这种二分类问题中，对每一个像素点的卷积运算的结果相似度非常高，网络参数也十分冗余，造成训练时间长、效果不佳的结果。另外，在分类准确度和定位精度方面不能同时达到理想效果，如果感受野选取的比较大，在池化操作时会降低定位的精度，而在感受野选取的较小时，虽然保证了一定的定位精度，但是分类的精度会有所丢失。

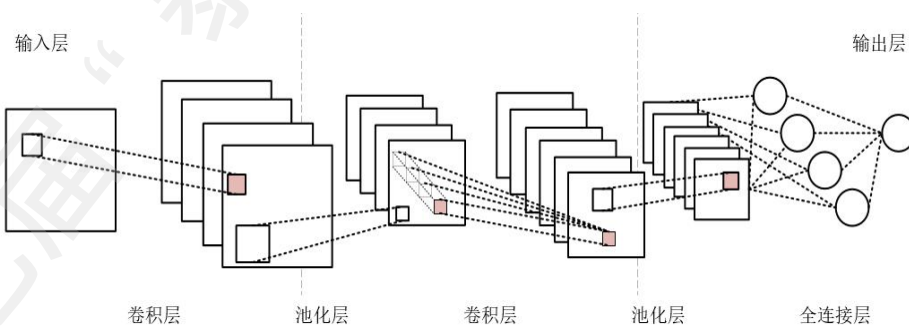


图3 CNN 结构示意图

在基于 FCN 的图像分割框架中，FCN 主要在 CNN 的基础上将全连接层改成了卷积层，还在多次池化操作前加入了对感受野图像的上采样，使得网络可以接受任意尺寸的输入图像，不需要具有严格的尺寸要求，同时也更高效，用卷积层来代替全连接层实际上减少了参

数个数，避免了重复存储和重复卷积。

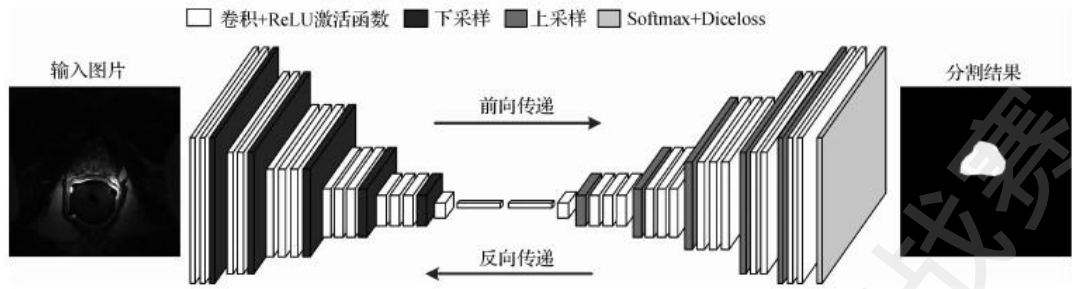


图 4 FCN 结构示意图

在 FCN 的基础上，U-Net 加入了收缩路径(contracting path)和扩展路径(expanding path)，收缩路径主要捕捉图片中的上下文信息(context information)，而与之相对称的扩展路径则是为了对图片中所需要分割出来的部分进行精准定位(localization)^[4]。在 U-Net 的下采样过程中，高分辨率的特征(即浅层特征)和低分辨率的特征(即深层特征)都有，在上采样时通过级联的方式将深层特征和浅层特征结合起来。这对于医学图像来说，U-Net 能用深层特征用于定位，浅层特征用于精确分割，这就是为什么 U-Net 常见于很多图像分割任务，且常常有不俗表现。

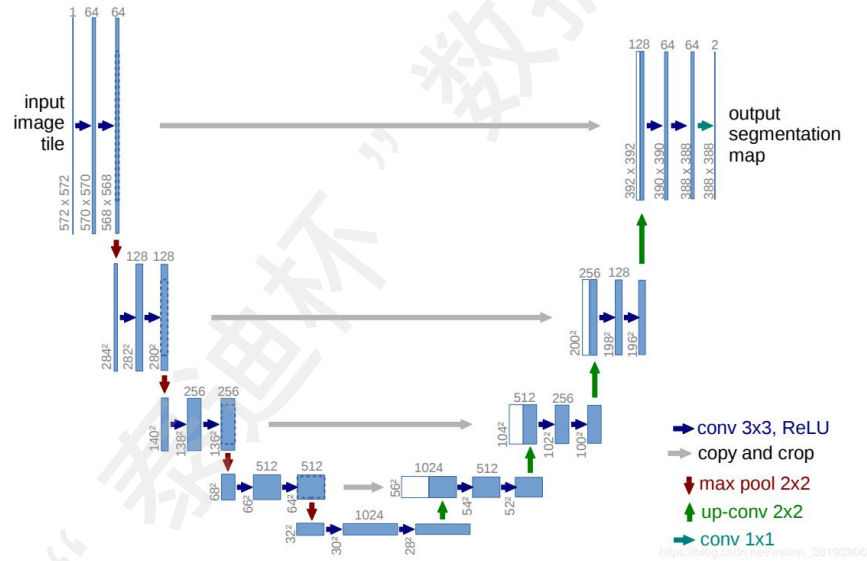


图 5 U-Net 结构示意图

在本次研究中，直肠 CT 影像存在着边界模糊、梯度复杂的问题；另外，人体内部结构相对固定，直肠的分布很具有规律，语义简单明确，低分辨率的信息就可以简单定位^[5]。因此，U-Net 的结构会是更适合此次分割任务的网络模型，来对直肠肿瘤区域进行分割。

2.2.2 算法实现及改进

卷积神经网络背后的主要思想是学习图像的特征映射，并利用它进行更细致的特征映射。这在分类问题中很有效，因为图像被转换成一个向量，这个向量用于进一步的分类。但是在图像分割中，我们不仅需要 feature maps 转换成一个向量，还需要从这个向量重建图像。这是一项巨大的任务，因为要将向量转换成图像比反过来更困难。U-Net 的整个理念都

围绕着这个问题。U-Net 中用同样的 feature maps，将其用于上采样来将矢量扩展成语义信息，这将保持图像的结构完整性，极大地减少失真。

在 U-Net 的结构中，有三个部分构成其核心功能，分别是上采样、下采样和残差连接。其中下采样即为常见的卷积、池化操作，在不同层数包含深层、浅层的特征，再经过上采样时进行残差连接，将两种特征相互融合，通过不断迭代训练，最终在最佳感受野中得到最完备的特征信息进行分类^[6]。

本次研究中 U-Net 部分的实现主要在 keras 框架下完成。在实验过程中，我们主要考虑了 U-Net 网络的下采样的深度问题，我们发现在直肠癌区域的提取中，下采样深度并不是越深越好，因为事实上肿瘤区域有着较为明显的区域、边界和亮度特征，不需要太深的下采样。我们发现在超过 5 次下采样之后的特征过于复杂，导致上采样时不能有效地还原有用的特征，最后预测的效果十分不理想。下采样次数与最优 dice 系数的关系图下表所示。

| | | | |
|---------|-------|-------|-------|
| 下采样次数/次 | 3 | 4 | 5 |
| Dice 系数 | 0.651 | 0.792 | 0.612 |

表 1 下采样次数与 dice 系数的关系

另外，我们在使用 860 张含有肿瘤区域的动脉期图像进行训练时发现严重的过拟合和梯度消失现象，主要改进措施有：

- （1）在下采样操作时加入 dropout 机制，随机抛弃节点权重，降低对某些局部特征的依赖。
- （2）在卷积操作之后加入批归一化，较少不良权重对下一层网络结果的影响，同时提高训练速度。
- （3）利用图像增强技术进行数据扩充，对原始图像进行透视变换。
- （4）增加负样本集，加入不包含肿瘤的原始图，加入门脉期图像。

下面是实验过程中的效果数据对比。

| | | | |
|---------|-------|-------|---------|
| 训练数据类型 | 动脉期 | 门脉期 | 动脉期+门脉期 |
| Dice 系数 | 0.722 | 0.785 | 0.792 |

表 2 门脉、动脉、混合训练结果

| | | |
|---------|-------|--------|
| 操作 | 原始数据 | 扩充后的数据 |
| Dice 系数 | 0.792 | 0.812 |

表 3 原始、扩充数据结果

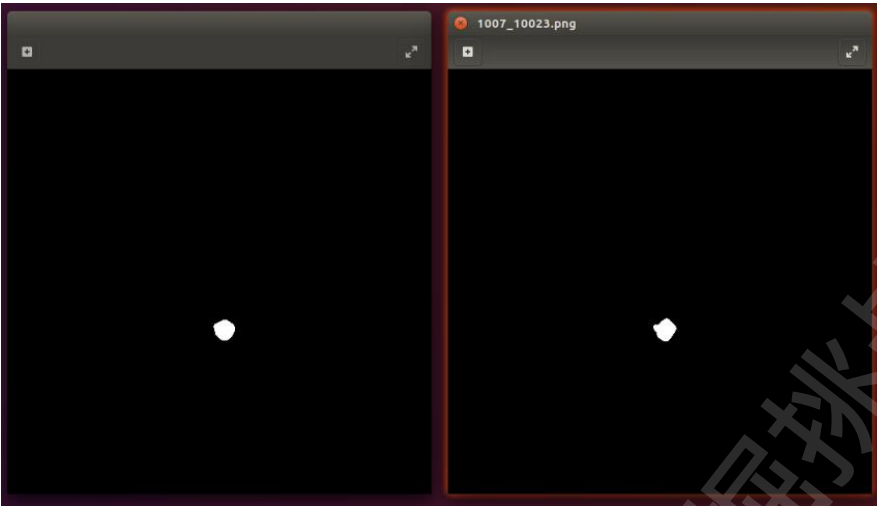


图 6 掩模训练结果对比图（左边为训练结果图、右边为官方原图）

三、直肠肿瘤图像特征提取

在经过对每个病人的医学影像进行分析后,我们发现在二维图像上如果对病人的每一个 CT 影像肿瘤区域进行特征提取,得到的数据过多且分布散乱,不具有代表性。因此我们对二维图像进行特征提取时,只对每个病人的 CT 影像中肿瘤区域面积最大的二维影像数据进行特征提取及分析。除此之外,我们还利用所有二维图像重建了病人肿瘤区域的三维点云模型,从而提取三维特征。

3.1 纹理特征提取

纹理特征是一种不依赖于颜色和亮度而反映图像中同质现象的视觉特征,它是物体表面共有的内在特性,纹理特征包括了物体表面结构组织排列的重要信息以及他们与周围环境的联系^[7]。而图像的灰度共生矩阵 (GLCM) 在确定图像纹理信息上有较强的计算能力,广泛应用于将灰度值转化为纹理信息。通过计算灰度图像得到它的共生矩阵,将透过计算这个灰度共生矩阵得到矩阵的部分特征值,来分别代表图像的某些纹理特征。

Ulabiy^[8]等人研究发现:在基于 GLCM 的 14 个纹理特征中,仅有 4 个特征是不相关的,而这 4 个特征即便于计算又能给出较高的分类精度。所以我们通过计算图像的灰度共生矩阵,在此基础上提取了以下 4 个常见的纹理特征。

| 特征 | 说明 |
|----------|---|
| 对比度 | 反映了 CT 图像的清晰度和纹理沟纹深浅的程度 |
| 相关性 | 它度量空间灰度共生矩阵元素在行或列方向上的相似程度,因此,相关值大小反映了图像中局部灰度相关性 |
| 差异性 | 它反应了图像中的纹理图像的非均匀性大小 |
| 二阶矩 (能量) | 是灰度共生矩阵元素值的平方和,反映了图像灰度分布均匀程度和纹理粗细度 |

表 4 纹理特征

| 患者 ID | 阴性/阳性 | 门脉期_对比度 | 门脉期_相关性 | 门脉期_差异性 | 门脉期_二阶矩 |
|-------|-------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| 1001 | - | 40.04143167 | 0.848946316 | 0.488689091 | 0.979669839 |
| 1002 | + | 63.33541377 | 0.704108991 | 0.538525832 | 0.984725136 |
| 1003 | + | 69.31122186 | 0.722416384 | 0.639769407 | 0.979437957 |
| 1004 | + | 71.48402568 | 0.877908991 | 0.988860941 | 0.94289509 |
| 1005 | - | 44.99703167 | 0.778851389 | 0.563170804 | 0.97622474 |
| 1006 | + | 39.44573419 | 0.731510905 | 0.45167867 | 0.982989529 |
| 1007 | - | 17.60038432 | 0.628733516 | 0.191988627 | 0.993651667 |
| 1008 | + | 68.13066131 | 0.689325729 | 0.740372448 | 0.974913114 |
| 1009 | - | 52.79155275 | 0.74963959 | 0.513740255 | 0.982462991 |
| 1010 | - | 15.75151151 | 0.632326065 | 0.256721711 | 0.987137315 |

表 5 部分肿瘤区域影像纹理特征数据

3.2 灰度（肿瘤强度）特征提取

灰度图像保存了原始 CT 图像的完整灰度信息,由于直肠肿瘤其内的造影剂衰退比较慢,使得在门脉期和动脉期直肠肿瘤各处强度出现差异,即直肠肿瘤区域灰度值出现差异。因此,我们提取了对直肠肿瘤的分析有较高的意义的 8 个特征。

| 特征 | 说明 |
|-----|----------------------------|
| 能量 | 灰度图像像素点灰度的平方和,直接体现了直肠肿瘤强度 |
| 方差 | 测算灰度图像灰度值离散趋势 |
| 均值 | 反应了灰度图像灰度值的集中趋势 |
| 最大值 | 灰度图像灰度值的最大值 |
| 最小值 | 灰度图像灰度值的最小值 |
| 熵 | 测算灰度图像的混乱程度 |
| 峰度 | 反应了灰度概率密度分布曲线在平均值处峰值高低的特征数 |
| 偏度 | 反应灰度图像灰度值分布偏斜方向和程度 |

表 6 灰度特征

| 患者 ID | 阴性/阳性 | 门脉期_能量 | 门脉期_方差 | 门脉期_熵 | 门脉期_峰度 |
|-------|-------|----------|-------------|-------------|--------------|
| 1001 | - | 34205588 | 1429.920662 | 0.085977879 | -0.019065989 |
| 1002 | + | 27560796 | 365.1381309 | 0.073629147 | 3.204338349 |
| 1003 | + | 32211348 | 1367.417104 | 0.101596971 | 2.491920004 |
| 1004 | + | 76842593 | 430.8940488 | 0.218225206 | 3.927592035 |
| 1005 | - | 26294536 | 346.3055841 | 0.098248384 | 0.938059779 |
| 1006 | + | 18927030 | 786.1082722 | 0.05493064 | 1.483179995 |
| 1007 | - | 6082377 | 434.3581069 | 0.031797891 | 5.679622234 |
| 1008 | + | 28335547 | 709.7675471 | 0.127576128 | 1.725826871 |
| 1009 | - | 27176447 | 616.0403112 | 0.073671706 | 4.179275833 |
| 1010 | - | 5502281 | 1431.584855 | 0.066772731 | -0.479700225 |

表 7 部分肿瘤区域影像灰度特征数据

3.3 小波变换特征提取

小波变换的基本思想是将灰度图像信息通过伸缩和平移后，分解为一系列具有不同空间分辨率、不同频率特性的方向特性的子带信号，这些子带信号具备良好的时域、频域特征，这些特征可用来表示原始灰度图像的局部特征，进而实现对信息时间、频率上的局部化分析，以克服傅里叶分析在处理 CT 图像此类非平稳的复杂图像时所存在的局限性，获取原始图像在不用尺度、不同方向上的模糊分量和细节分量。

我们采用对称性和正则性的双正交小波滤波器，滤波器长度为 8 的二维离散小波变换，获取灰度图像的近似值和水平、垂直、对角线细节系数，并提取各对应的熵、反差分矩阵、对比度、能量为小波变换特征。

| 特征 | 说明 |
|-------|---------------------------------|
| 熵 | 测算直肠肿瘤图像在各个方向细节上的混乱程度 |
| 反差分矩阵 | 反映了直肠肿瘤图像在各个方向细节上图像灰度分布均匀程度 |
| 对比度 | 反映了直肠肿瘤图像在各个方向细节上的清晰度和纹理沟纹深浅的程度 |
| 能量 | 反映直肠肿瘤图像在各个方向细节上的强度 |

表 8 小波特征

| 患者 ID | 阴性/ 阳性 | 门脉期_对角线 细节系数_熵 | 门脉期_对角线 细节系数_反差 分矩阵 | 门脉期_对角线细 节系数_对比度 | 门脉期_对角 线细节系数_ 能量 |
|-------|-----------|-------------------|---------------------------|---------------------|------------------------|
| 1001 | - | 0.008284351 | 11891 | 344441.75 | -1464.16913 |
| 1002 | + | 0.230641939 | 33923 | 294069.75 | -2764.787504 |
| 1003 | + | 0.038367748 | 22617 | 459364.625 | -1870.607004 |
| 1004 | + | -0.482323015 | 38120 | -131704.1875 | -3140.122479 |
| 1005 | - | 0.161030821 | 17868 | 1583916.875 | -2274.930763 |
| 1006 | + | -0.014575211 | 15802 | -232404.25 | -1551.273944 |
| 1007 | - | 0.155549039 | 10771 | 115666.0625 | -1147.82416 |
| 1008 | + | 0.045178613 | 20352 | 46424.8125 | -1942.417855 |
| 1009 | - | 0.114517851 | 27865 | -82924.0625 | -2295.595318 |
| 1010 | - | -0.003275097 | 2467 | -15075.1875 | -492.5265015 |

表 9 部分肿瘤区域影像小波特征数据

3.4 形状特征提取

| 特征 | 说明 |
|----|------------|
| 面积 | 直肠肿瘤掩膜区域面积 |
| 周长 | 直肠肿瘤掩膜区域周长 |

表 10 形状特征

| 患者 ID | 阴性/阳性 | 门脉期_面积 | 门脉期_周长 |
|-------|-------|--------|-------------|
| 1001 | - | 2174 | 218.7939372 |
| 1002 | + | 1560.5 | 185.2375883 |
| 1003 | + | 2071 | 195.3380935 |

| | | | |
|------|---|--------|-------------|
| 1004 | + | 6375 | 445.7888849 |
| 1005 | - | 2462.5 | 244.5512966 |
| 1006 | + | 1821.5 | 256.8355674 |
| 1007 | - | 557 | 99.74011445 |
| 1008 | + | 2715.5 | 308.3502861 |
| 1009 | - | 1750.5 | 185.0954529 |
| 1010 | - | 1534.5 | 152.1248904 |

表 11 部分肿瘤区域影像形状特征数据

3.5 三维特征提取

三维图像是一种特殊的信息表达形式，其特征是表达的空间中三个维度的数据。目前三维图像的表示形式有深度图，几何模型，点云模型等。由于点云模型往往由测量直接得到，每个点对应一个测量点，未经过其他处理手段，包含了最大的信息量，所以我们采用了点云模型构建 CT 图像的三维模型，利用 kd-tree 对点云数据空间进行滤波，获取点云的空间关系，并从点云中提取到以下 4 个相关特征。

| 特征 | 说明 |
|------|---------------------------|
| 体积 | 直肠肿瘤点云模型的体积 |
| 各向异性 | 反映了直肠肿瘤点云模型上，各点的空间分布的非均匀性 |
| 灰度均值 | 直肠肿瘤点云模型各点灰度值均值 |
| 熵 | 反映了直肠肿瘤的空间分布的混乱性 |

表 12 三维特征

| 患者 ID | 阴性/ 阳性 | 门脉期_体积 | 门脉期_各向异 性 | 门脉期_灰度均值 | 门脉期_三维 特征_熵 |
|-------|-----------|--------|--------------|-------------|----------------|
| 1001 | - | 86910 | 0.620522059 | 114.4522031 | 0.085977879 |
| 1002 | + | 67060 | 0.610376687 | 132.8742423 | 0.073629147 |
| 1003 | + | 40210 | 0.645714418 | 110.761933 | 0.101596971 |
| 1004 | + | 610640 | 0.579278471 | 107.9515805 | 0.218225206 |
| 1005 | - | 121400 | 0.583408647 | 98.07753926 | 0.098248384 |
| 1006 | + | 81280 | 0.591560594 | 96.74837999 | 0.05493064 |
| 1007 | - | 37860 | 0.556077817 | 102.5761541 | 0.031797891 |
| 1008 | + | 223230 | 0.551076893 | 100.9519874 | 0.127576128 |
| 1009 | - | 141440 | 0.579300071 | 119.5977352 | 0.073671706 |
| 1010 | - | 47170 | 0.585586123 | 56.22373953 | 0.066772731 |

表 13 部分肿瘤区域影像三维特征数据

四、肿瘤影像特征与淋巴结转移的相关性分析

在探究肿瘤影像特征与淋巴结转移的相关性的过程中，我们通过建立模型单独验证动脉期和门脉期的 CT 影像特征对淋巴结转移的影响，模型判断准确率分别仅能达到 66.36%和 72.74%，而结合动脉期和门脉期的 CT 影像特征进行建模分析，模型判断准确率能达到 86.36%。因此在进行特征选择时，我们结合了动脉期和门脉期的所有 CT 影像特征进行了特

征选择和建模分析。

4.1 特征选择

为构建有效的分类模型，减少特征量，使模型泛化能力更强，我们对在肿瘤影像中提取出的所有特征中进行了特征选择。特征的选取指标是通过基于单变量的统计度量方法来选择最好的特征。该特征选取方法原理是通过每一个特征进行单独测试，衡量该特征和响应变量之间的关系，根据得分来选择最佳的特征。由于我们构建的是分类模型，因此我们采用卡方检验的方式对特征进行测试。经过特征选择后的特征及测试评分（经过归一化）如表所示：

| 特征 | 得分 | 特征 | 得分 |
|------------------|---------|-------------------|---------|
| 动脉期_灰度最小值 | 47.321 | 动脉期_对角线细节系数_反差分矩阵 | 36.884 |
| 动脉期_肿瘤区域面积 | 32.898 | 动脉期_水平细节系数_反差分矩阵 | 62.797 |
| 动脉期_肿瘤区域周长 | 26.987, | 动脉期_垂直细节系数_反差分矩阵 | 37.903 |
| 动脉期_三维特征_熵 | 49.611 | 门脉期_对比度 | 39.658 |
| 门脉期_近似值系数_反差分矩阵 | 34.436 | 门脉期_水平细节系数_能量 | 20.771 |
| 门脉期_肿瘤区域面积 | 33.725 | 门脉期_垂直细节系数_反差分矩阵 | 55.053 |
| 门脉期_水平细节系数_反差分矩阵 | 59.614 | 门脉期_近似值系数_熵 | 100.0 |
| 门脉期_肿瘤区域周长 | 43.093 | 门脉期_灰度能量 | 34.088 |
| 门脉期_近似值系数_对比度 | 24.922 | 门脉期_差异性 | 45.1418 |
| 门脉期_垂直细节系数_能量 | 28.607 | 门脉期_三维特征_熵 | 47.7272 |

表 14 特征选择得分

4.2 构建模型

常用的分类模型包括决策树、人工神经网络、支持向量机、朴素贝叶斯、逻辑回归等。在研究过程中，考虑到每个模型的特点不同，我们根据数据量的大小、特征值的差异选取了 SVM 模型、BP 神经网络模型以及朴素贝叶斯模型进行了交叉验证并确定模型。

支持向量机（support vector machines, SVM）是一种二分类模型，SVM 学习的基本想法是求解能够正确划分训练数据集并且几何间隔最大的分离超平面；SVM 还包括核技巧，这使它成为实质上的非线性分类器。SVM 的优点在于它能可以解决小样本情况下的机器学习问题，提高泛化性能，可以解决高维问题、非线性问题等。

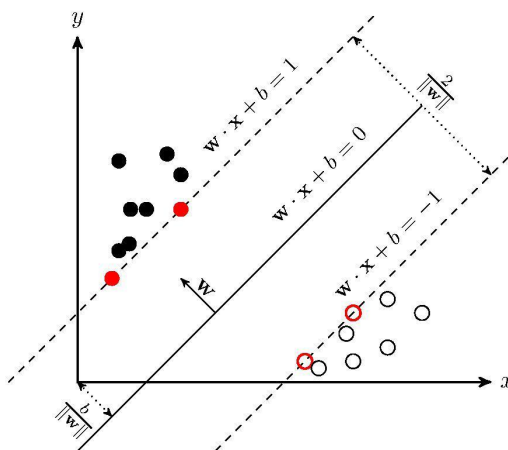


图 7 SVM 示例图

BP 神经网络是最典型的神经网络，可以对网络中各层的权系数进行调整，适用于多层网络学习。该神经网络的学习过程由信号的正向传播与误差的反向传播两个过程组成，其一般由输入层、输出层及隐藏层组成。BP 神经网络的结构图如下：

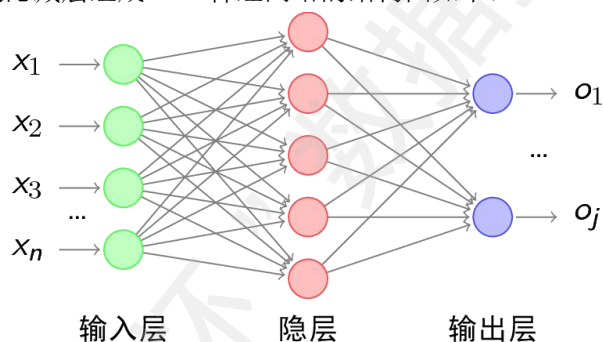


图 8 BP 神经网络结构图

朴素贝叶斯起源于古典数学，它是基于概率论的分类算法，贝叶斯分类器以条件概率分布表示属性集间的因果依赖，将先验信息和样本知识有机结合起来，通过贝叶斯概率对某一事件进行概率估计^[9]。它的优点在于具有很强的学习能力以及推理能力且适合小数据集分类。

$$P(c|x) = \frac{P(c)P(x|c)}{P(x)} \quad (1) \text{ 贝叶斯准则}$$

4.3 交叉验证

对于上述提及的三个模型，我们在特征数据集的基础还是上进行实验评估，使用 F-Score 对分类结果进行评价：

$$F = \frac{2PR}{P+R} \quad (2) \text{ F-Score}$$

其中 P 为查准率 (Precision)、R 为查全率 (Recall)。

实验数据为 107 个病人的影像特征数据集，将 107 个病人的影像特征数据按照 8:2 的比例划分为训练集和测试集进行验证，在对模型经过参数调整和分析后，得到各个模型的实验

数据如下：

| 模型 | P(查准率) | R (查全率) | F-Score |
|---------|--------|---------|---------|
| SVM 模型 | 1.0 | 0.125 | 0.22 |
| 朴素贝叶斯模型 | 1.0 | 0.625 | 0.769 |
| BP 神经网络 | 0.769 | 0.5 | 0.606 |

表 15 模型对比

根据实验数据，选择朴素贝叶斯模型作为分类模型具有更好的性能。经过实验数据测试，朴素贝叶斯模型的分类准确率能达到 86.36%，比传统的实验模型具有更好的效果。

五、总结与展望

本文主要探究了深度学习模型在直肠癌淋巴结转移诊断中的应用价值及意义，结合深度学习模型 U-Net 对医学影像进行分割与传统影像学组的方法进行分类建模，证明了深度学习模型在直肠癌淋巴结转移诊断中的具有很好的应用价值，为临床诊断提供了新的研究方向。

在本文中，利用 U-Net 对肿瘤的分割仍具有一定的局限性，如只考虑 2D 切片时会丢失肿瘤在三维上的显著特征，另外，在对原始数据的分割和预处理时，应该选择不同的组合方式进行尝试以达到最优效果，同时原始数据的差异性并不大，对深度学习模型的训练过程会造成干扰。另一方面，在对肿瘤影像特征与淋巴结转移的相关性分析时，我们只提取了肿瘤区域的特征，但是考虑到肿瘤区域的周边也含有非常重要的特征信息，应该对肿瘤及其周边区域都进行特征的提取，才能更有效地进行直肠癌淋巴结转移诊断。

参考文献

- [1] Lambin P, Rios-Velazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: Extracting more information from medical images using advanced feature analysis [J]. European Journal of Cancer, 2012, 48:441-446.
- [2] 魏伟, 刘振宇, 王硕, 田捷. 影像组学技术研究进展及其在结直肠癌中的临床应用[J]. 中国生物医学工程学报, 2018, 37(05): 513-520.
- [3] 陈立达, 徐建波, 吴晖, 李树荣, 谢晓燕, 吕明德, 王伟. 多模态影像组学预测直肠癌淋巴结转移[J]. 中山大学学报(医学版), 2018, 39(04): 591-599.
- [4] Long J, Shelhamer E, Darrell T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2014, 39(4): 640-651.
- [5] <https://medium.com/@mikelliao/deep-layer-aggregation-combining-layers-in-nn-architectures-2744d29cab8>
- [6] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation[C]// International Conference on Medical Image Computing & Computer-assisted Intervention. 2015.
- [7] 薄华, 马缚龙, 焦李成. 图像纹理的灰度共生矩阵计算问题的分析[J]. 电子学报, 2006(01): 155-158+134.
- [8] Ulaby FT, Kouyate F, Brisco B, et al. Textural information in SAR Images. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 1986, 24(2): 235-245.
- [9] 王国才. 朴素贝叶斯分类器的研究与应用[D]. 重庆交通大学, 2010.