

PHÄN ĐOAN PHÔI NANG

CNN

Nguyễn Duy Tân, Võ Thị Như Ý, Nguyễn Trần Nam Thịnh

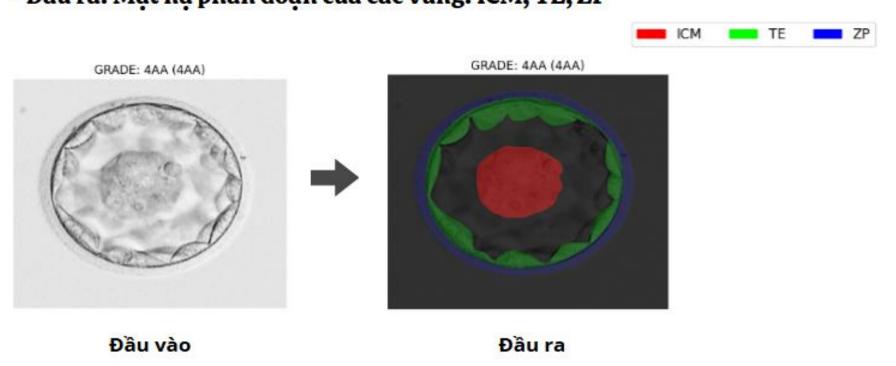
DCNN Atrous Conv

INTRODUCTION

Định nghĩa vấn đề:

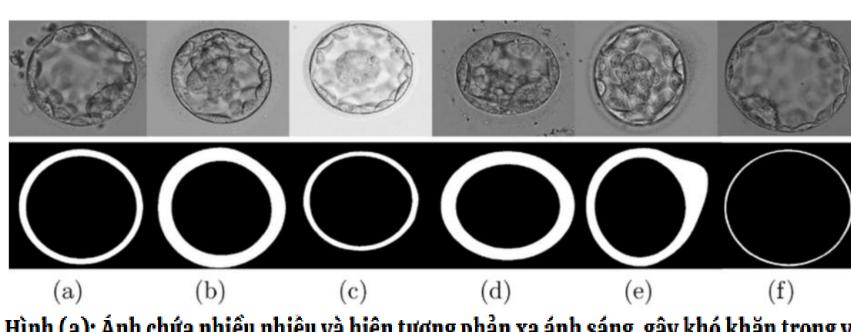
- Đầu vào: Ẩnh vi mô phôi nang

- Đầu ra: Mặt nạ phân đoạn của các vùng: ICM, TE, ZP



Thách thức:

- Ảnh phôi nang thường bị nhiễu, ranh giới không rõ
- Thiếu dữ liệu gắn nhãn chính xác
- Phân đoạn thủ công tốn thời gian, dễ sai sót
- Sự phức tạp và đa dạng hình thái giữa các ảnh



Hình (a): Ánh chứa nhiều nhiều và hiện tượng phản xạ ánh sáng, gây khó khăn trong việc xác định ranh giới vùng ZP. Hình (b): Ranh giới vùng ZP mờ nhạt, không rõ ràng, khiến việc phân đoạn trở nên thách thức. Hình (c): Độ sáng không đồng đều trên vùng ZP, làm phức tạp quá trình phân biệt với nền. Hình (d): Kết cấu của vùng ZP và nền tương tự nhau, gây nhầm lẫn trong phân đoạn. Hình (e): Vùng ZP có độ dày không đồng đều, dẫn đến khó khăn trong việc xác định ranh giới chính xác.

Hình (f): Phôi nang đã mở rộng hoàn toàn với vùng ZP rất mỏng, gần như không thể phân biệt. DATASETS

- Nguồn: 235 ảnh phôi nang có gán nhãn pixel (ZP, TE, ICM, BL)

- Chia tập: 85% train (200 ảnh), 15% test (35 ảnh)
- Tăng cường dữ liệu: lật, xoay, dịch chuyển → tạo 3200 ảnh
- Ứng dụng: huấn luyện mô hình phân đoạn trong IVF
- Hạn chế: ít mẫu, thiếu đa dạng, chỉ từ Canada → giảm tổng quát hóa

METHODOLOGY

Tiền xử lý & Huấn luyện mô hình

Tiền xử lý:

- Chuyển ảnh sang grayscale
- Augmentation nâng cao (nhiễu, biến dạng...)
- Normalization về [0, 1]

Huấn luyện:

- Loss: Focal Tversky Loss
- Optimizer: AdamW (lr=1e-3) - Scheduler: Warmup + CosineAnnealing
- Init trọng số: Kaiming + BatchNorm ổn định

Quy trình 7 bước nghiên cứu:

1. Thu thập dữ liệu

→ Time-lapse (EmbryoScope, Geri), EMBRYOID, StyleGAN3

→ Histogram, ANOVA, domain shift

<u>3. Tiền xử lý</u> → CLAHE, Z-score, 5-fold stratified splitting

4. Xây dựng mô hình

→ ResNet, mit-B5 + CBAM + ASPP

<u>5. Huấn luyện</u>

→ Dice + Focal + Boundary loss, AdamW + LR scheduler

6. Tinh chỉnh → Optuna tuning, label smoothing, ensemble 3 model

7. Đánh giá & triển khai

→ DSC, HD, ASSD, Grad-CAM, hướng XAI + Active Learning

THEORETICAL BACKGROUND

CNN?

- Mạng neuron tích chập chuyên xử lý ảnh
- Gồm các tầng: Convolution → Pooling → ReLU → FC
- Trích xuất đặc trưng không gian mạnh mẽ
- Hiệu quả với ảnh y tế, phân đoạn phôi nang - Hạn chế: khó học quan hệ toàn cục → cần kết hợp Transformer

Mô hình phân đoạn học sâu

- U-Net: hiệu quả với dữ liệu y tế hạn chế
- DeepLabv3: học đa tỉ lệ, xử lý đối tượng phức tạp
- Transformer-based: học quan hệ toàn cục
- Xu hướng hiện nay: kết hợp CNN + Transformer Loss & Metrics đánh giá

- CrossEntropy: phân loại pixel
- Dice-loss, Tversky-loss: xử lý mất cân bằng

- Boundary-loss: làm mượt biên

- **Metrics:**
- IoU, DSC, Precision, Recall, F1
- Đánh giá vùng, biên và khả năng phát hiện

EXPERIMENTS & EVALUATION

Phân tích loss – 4 mô hình

- MassNet: loss giảm dần nhưng còn cao → chưa tối ưu - U-Net + MiT-B5: hội tụ nhanh, nhưng dao động mạnh
- U-Net + ResNeXt50: hội tụ ổn, loss < 0.015
- U-Net++ + ResNeXt50: tốt nhất → loss < 0.01, ổn định, không overfit

Kết luận: U-Net++ + ResNeXt50 có độ hội tụ & tổng quát hóa vượt trội

Các chỉ số đánh giá mô hình:

- IoU (Intersection over Union)
- → Đo mức độ chồng lấn giữa dự đoán và thực tế Pixel Accuracy (PA)
- → Tỷ lệ pixel dự đoán đúng / tổng pixel
- F1-Score
- → Trung bình điều hòa Precision và Recall
- → Hiệu quả với dữ liệu mất cân bằng

Mô hình	Pixel Acc	IoU	F1-Score
Res-Unet++ + ResNeXt50	9.196	8.393	9.001
MassNet	8.796	7.333	8.879
Unet-mit-b5	8.669	6.462	7.908
Unet_se_resnext50_32x4d	8.196	6.657	7.677

=> U-Net++ + ResNeXt50 dẫn đầu cả 3 chỉ số đánh giá

Mục đích: kiểm tra vùng mô hình tập trung khi phân đoạn

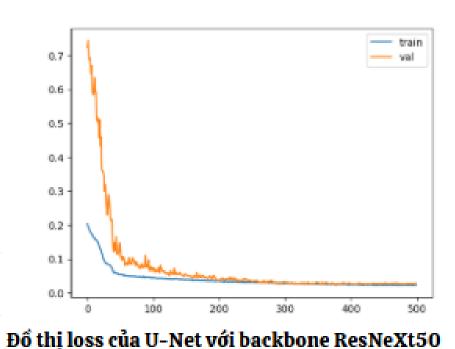
U-Net + MiT-B5: tập trung ICM nhưng bỏ ZP, TE

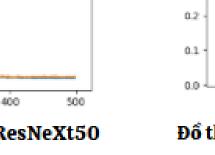
U-Net + ResNeXt50: chú ý rộng hơn, nhưng mờ

U-Net++ + ResNeXt50: rõ ràng, sắc nét cả ICM, TE, ZP

CAM khẳng định khả năng học sâu sinh học của U-Net++ vượt trội

Đổ thị loss của mô hình MassNet





Đổ thi loss của U-Net++ với backbone ResNeXt5

Đổ thị loss của U-Net với backbone MiT-B5

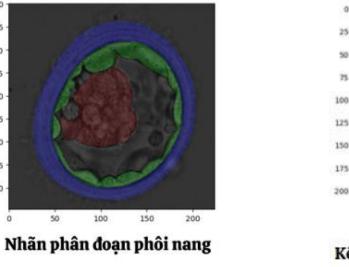
Trực quan hóa kết quả phân đoạn

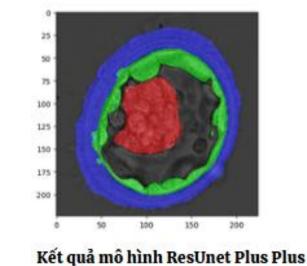
- Tất cả mô hình nhận diện được ICM, TE, ZP
- U-Net++: biên sắc nét, vùng rõ ràng nhất
- MassNet: biên dày, ICM chồng lấn TE
- U-Net + MiT-B5: biên cải thiện nhưng vẫn mờ
- U-Net + ResNeXt50: tốt nhưng chưa sâu

Nhận xét: Chất lượng phân đoạn phụ thuộc rõ vào kiến trúc và backbone

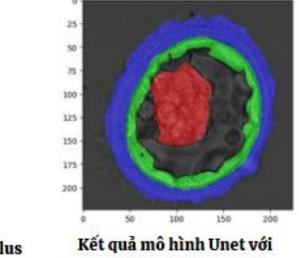
Hình phôi nang cần được phân đoạn

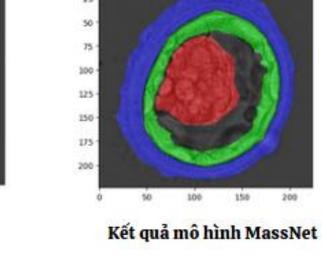
Class Activation Maps (CAM)

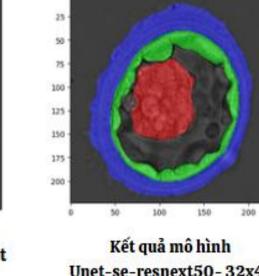




với backbone ResNeXt50







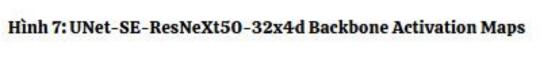
Unet-se-resnext50-32x4d



backbone ResNeXt50













Hình 8: UNetPlusPlus-ResNeXt50-32x4d Backbone Activation Maps







CONCLUSION

Tup conv 2×2

Unet

Res-Unet++ + ResNeXt50 là mô hình phân đoạn phôi nang hiệu quả nhất → Dat Pixel Accuracy: 91.96%, Mean IoU: 83.93%, F1-Score: 90.01%

DeepLabv3

Transformer

Mô hình phân đoạn rõ ràng 3 vùng sinh học chính: ICM, TE, ZP → Tái tạo được ranh giới phức tạp, gần sát với nhãn gốc

Hiệu quả vượt trội cả về định lượng và trực quan → Góp phần nâng cao độ chính xác chọn phôi trong IVF

Kết hợp attention (CBAM, SE-block) để tăng độ nhạy vùng nhỏ

Úng dụng mô hình Transformer (SegFormer, TransUNet)

Học bán giám sát / không giám sát để tận dụng dữ liệu chưa gán nhãn

Tăng cường dữ liệu thực tế từ nhiều quốc gia để nâng tính tổng quát

Triển khai XAI + Active Learning để tăng độ tin cậy & hiệu quả trong lâm sàng

FUTURE WORK