基于 Unet 的医学图像分割系统 文档鉴别材料

引音	3
实验方法	4
软件概述	8
程序开发与设计说明	9
用户操作说明	10
测试结果	13

引言

图像分割一直是医学领域中一项至关重要的任务,精准的分割可以帮助医疗专业人员快速 地从复杂的医学图像中提取有效信息,从而进行诊断以及开展治疗。然而,由于医学图像的复杂性,以及患者隐私考虑影响的数据集大小,传统的图像处理方法在分割过程中往往存在许多困难 和挑战。随着计算机技术的不断发展和医学数据的不断积累,机器学习技术已经成为实现自动化 医学图像分析的主流方法。机器学习技术可以从有限的数据中学习和识别固定的模式,从而准确 地分割医学图像,同时具有高度的灵活性和可适应性,增加治疗计划的效率。因此,机器学习技术在医学图像分割中的应用具有重要意义。

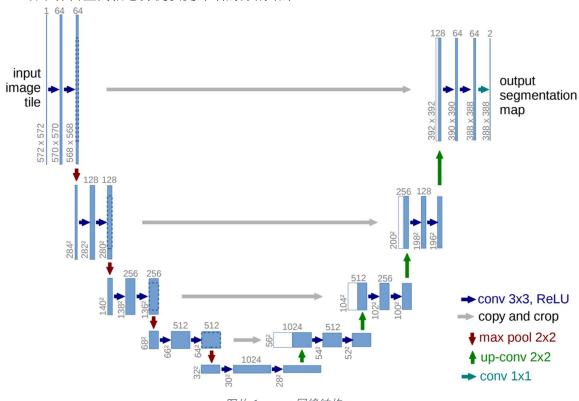
我们开发的医学图像分割应用程序利用最新的神经网络技术为图像分析提供了一个轻量化的解决方案。此程序的开发初衷是从复杂的医疗图像中提取相关信息,同时加以用户友好的界面和直观的设计协助医疗从业人员精确诊断、提出有效治疗计划。我们的应用程序利用 U-Net 和Swin-Unet 这两种神经网络来快速、准确地分割医学图像,如 CT 图,超声波图,并且让用户能够快速上手此应用程序。

实验方法

本项目在最终整合到软件的实验一共用到两种网络:

• U-Net

U-Net 是一种语义图像分割的编码器-解码器全卷积网络结构,在 2015 年由德国弗莱堡大学的 Olaf Ronneberger 等人提出针对医学图像分割任务。U-Net 是一个编码器-解码器全卷积网络的扩展,因为由下采样(编码器)和上采样(解码器)组成的网络外型是字母 U 的形状,故被称为 U-Net。当图像被送入 UNet 时,编码器网络首先通过一系列的卷积层、集合层和非线性激活函数对图像进行下采样。卷积层进行特征提取,在反复训练时学习低维和高维特征。每一层的输出被传递到下一层,从而产生一系列输入图像的越来越抽象的特征表示。当编码器产生了一组特征图,解码器网络就会通过一系列类似的卷积层和激活层对这些特征图进行上采样,以产生一个与输入图像大小相同的最终分割图。解码器网络还包括跳连接,将编码器网络的特征图与解码器网络的相应层连接起来。这些跳过连接有助于保留空间信息并提供更详细的分割结果。

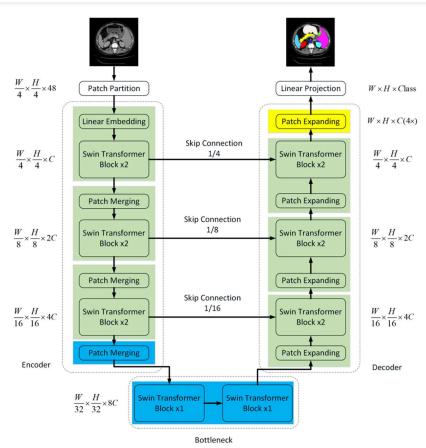


图片 1: unet 网络结构

• Swin-Unet

Swin-UNet 是一种神经网络架构,结合了两种流行的深度学习模型: Swin Transformer 和 U-Net。Swin Transformer 是计算机视觉领域最近的一项创新,它使用分层的自我注意机制,在各种图像识别任务上取得最先进的性能。另一方面,U-Net 是一个卷积神经网络架构,设计用于图像分割,即根据图像的视觉特征将其划分为不同的区域。Swin-UNet 结合了 Swin Transformer 和 U-Net 架构: Swin Transformer 被用作主干网络进行特征提取,然后连接到 U-Net 解码器进行分割。Swin-Unet 的主干网络由一系列的阶段组成,每个阶段都包含几个 Swin Transformer 块。每个阶段的输出被传递给下一个阶段,每个阶段产

生一组空间分辨率越来越高的特征图。U-Net 解码器与 Swin Transformer 骨干网的输出相连,负责产生最终的分割掩码。解码器由一系列的上采样和卷积层组成,逐步提高特征图的空间分辨率,直到与输入图像的尺寸相匹配。为了帮助保留空间信息和提高分割精度,跳连接被用来连接 Swin Transformer 骨干网的输出和 U-Net 解码器的相应层。这些跳过连接允许 U-Net 解码器从骨干网络中获取高级和低级特征,这有助于提高分割的准确性。Swin-UNet 架构能够进行高度准确的图像分割,同时还具有计算效率。这使得它非常适合于广泛的应用,包括医学成像、自动驾驶和机器人技术。



图片 2:swin-Unet 网络结构

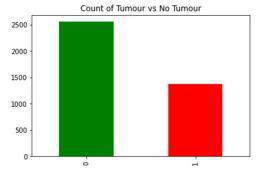
本项目在最终整合到软件的实验一共采用两种数据集:

• 第一个第一个数据库来自癌症基因组图谱的低级别胶质瘤(The Cancer Genome Atlas Low Grade Glioma Collection, TCGA-LGG)。该数据集包含来自于 TCIA 的脑部 MR 图像和手动 FLAIR 异常分割掩码图像,它们对应于 TCGA 低级别胶质瘤集合中的 110 名患者。肿瘤基因组簇和患者数据以 data.csv 文件提供。下面的表格是 data.csv 中病人 TCGA CS 4941- TCGA CS 4944 的数据。原图和掩码图分别有有 3929 张。

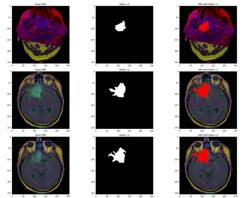
RNASeq Methylatio miRNA **CNC1 RPPAC** Oncosign COCC histologic Patient nCluster Cluster Cluster uster luster Cluster luster al type

TCGA_C S_4941	2	4	2	2		3	2	1
TCGA_C S_4942	1	5	2	1	1	2	1	1
TCGA_C S_4943	1	5	2	1	2	2	1	1
TCGA_C S_4944		5	2	1	2	1	1	1

表格1:原始数据示例

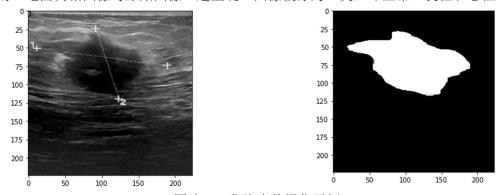


图片3: 脑补肿瘤数据集肿瘤与非肿瘤比例



图片4: 脑部肿瘤数据集可视化示例

• 第二个数据是 Al-Dhabyani W 等人制作的乳腺癌超声波图像数据。包括年龄在 25 至 75 岁之间的妇女的乳房超声图像。这个数据是在 2018 年收集的。患者的数量是 600 名女性患者。该数据集由 780 张图像组成,平均图像大小为 500*500 像素。这些图像是 PNG 格式的。地面真相图像与原始图像一起呈现。图像被分为三类,即正常、良性和恶性。

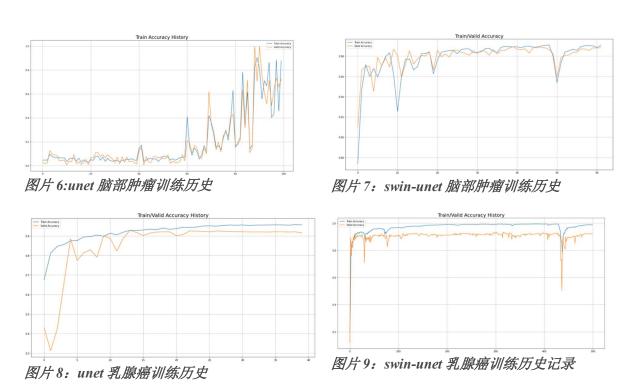


图片5: 乳腺癌数据集示例

最终实验结果如下:

数据集/网络运行结果(最佳训练精确度)	U-Net	Swin-Unet
脑补肿瘤数据集	0.9051	0.9868
乳腺癌数据集	0.9571	0.9983

表格 2: 实验结果汇总



软件概述

我们的医学图像分割应用程序旨在为医疗专业人员和研究人员提供一种操作友好的医学图像分割解决方案。该应用程序利用基于 U-Net 以及其改进的 Swin-Unet 网络模型,可以快速、准确地学习原始数据的信息,并对图像按照目标标签进行分割,使用户能够更轻松地识别和分析特定的区域。

该应用程序的特点包括以下几个方面:

- **高效的图像分割**:利用最新的神经网络技术,可以快速准确地将图像分割为有意义的结构,帮助用户更轻松地识别和分析特定的区域。
- **用户友好的操作界面**:该应用程序采用直观的设计和易于使用的用户界面,无论用户对神经网络是否了解,都可以轻松使上手用。
- 可靠的结果:通过严格的测试和验证,该应用程序的结果具有高度的可靠性,使用户可以放心地使用结果进行进一步分析和处理。
- **多样的应用场景**:该应用程序可以应用于多种医学图像分割场景,包括疾病诊断、治疗计划、医学研究等。

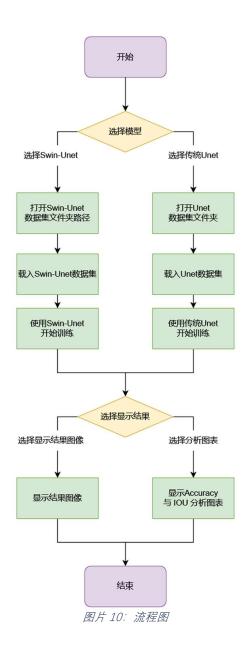
综上, 我们的医学图像分割应用程序提供了一种高效可靠的解决方案。

程序开发与设计说明

本软件的开发环境为:

- 硬件环境: Legion-R9000X AMD Ryzen 7 6800H with Radeon Graphics 3.20 GHz (RAM 16.0 GB)
- 操作系统版本: Windows 11 家庭中文版 22H2 22621.1265
- 开发依赖软件: PyCharm 2022.3.2 (Professional Edition)

本软件的设计说明如下:



用户操作说明

本应用程序的操作按照以下步骤即可使用:

- 1. 启动应用程序: 点击. exe 应用程序图标启动应用程序。
- 2. 点击开始
- 3. 选择训练网络: 点击 "SWIN U-NET"或者"标准 U-NET"



图片 11: 初始界面



图片 12: 选择网络界面

4. **选择医学图像**:在页面点击"打开",在应用程序中选择位于本地的需要进行分割的医学图像文件夹。



数据集文件夹: //Downloads/Dataset_BUSI_with_GT/malignant 打开

图片 13: 选择训练图像来源

- 5. 开始网络训练:在选择图像后,点击"开始训练"按钮开始进行网络训练过程。
- 6. 等待训练结果: 等待应用程序完成图像分割过程,时间取决于图像的复杂性和大小。
- 7. 查看训练和分割结果:分割完成后,点击查看图像结果,可以查看分割结果。

8. **查看分析图表:** 点击打开分析图表功能,通过查看 Accuracy 与 IOU 的曲线,进行相关的后续分析和处理。如果需要重新分割图像,可以重新选择图像并重复以上步骤。

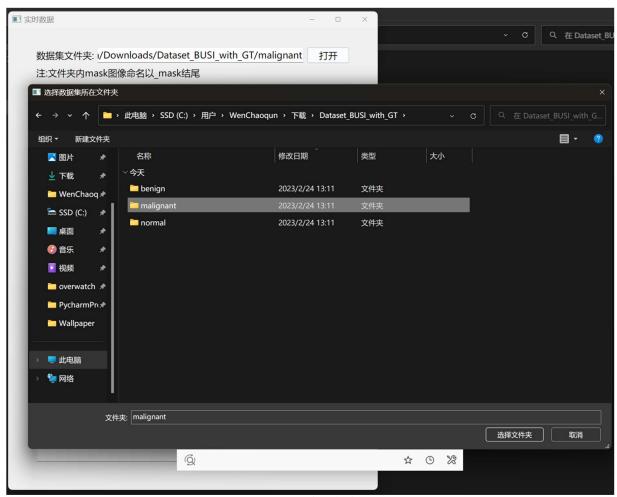
注意事项:

- 在使用应用程序进行图像分割之前,请确保已经了解相关的医学知识和技术。
- 在选择医学图像时,请确保图像质量良好、清晰可见,并且不含有无关或误导信息。
- 在进行图像分割时,请确保计算机系统的性能和运行环境良好,以保证应用程序的准确性和稳定性。

总之,本应用程序操作简单、易于使用,旨在为医疗专业人员和研究人员提供一种高效、准确的 医学图像分割解决方案。

测试结果

以下是我们以乳腺癌超声波图像为例子进行的测试:



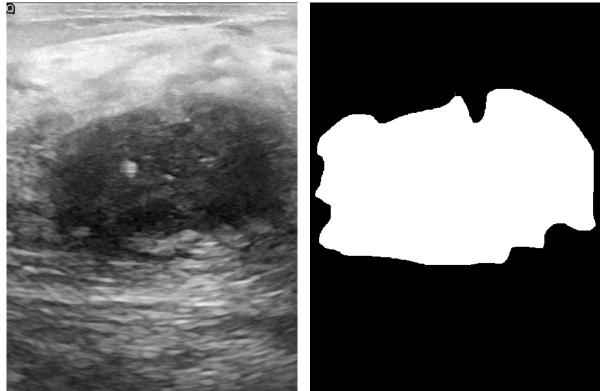
图片 14: 选择示例步骤 1

数据集文件夹: //Downloads/Dataset_BUSI_with_GT/malignant 打开

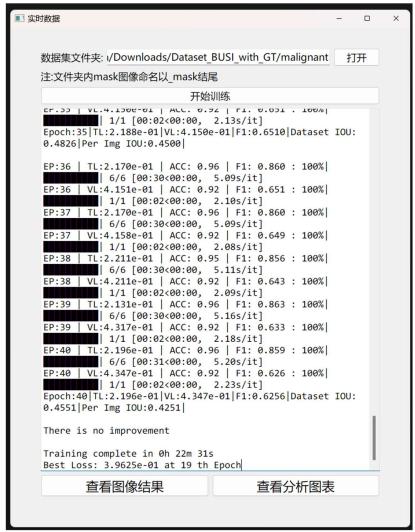
图片 15: 选择示例步骤 2

malignant (1).png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	301 KB
malignant (1)_mask.png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	2 KB
malignant (2).png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	311 KB
malignant (2)_mask.png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	2 KB
malignant (3).png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	227 KB
malignant (3)_mask.png	2021/3/14 4:30	PNG 文件	1 KB

图片 16: 训练文件目录

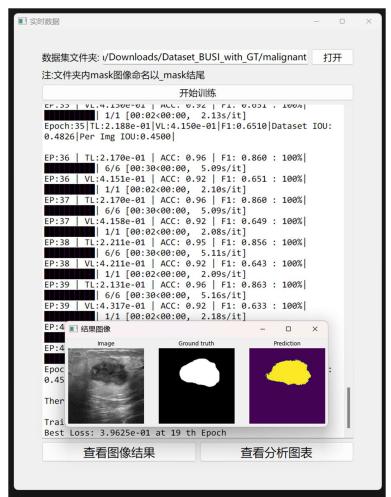


图片 17: 训练图片原图以及遮罩图例



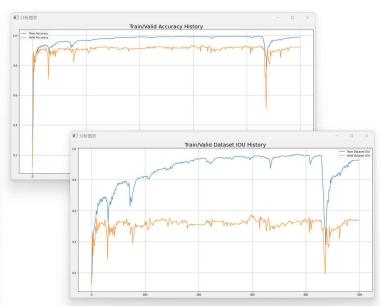
图片 18: 训练过程展示

点击"查看图像结果"后跳出训练结果,点击"查看分析图表"则展示训练过程中的参数的变化记录:



图片 19: 展示训练分割图片结果

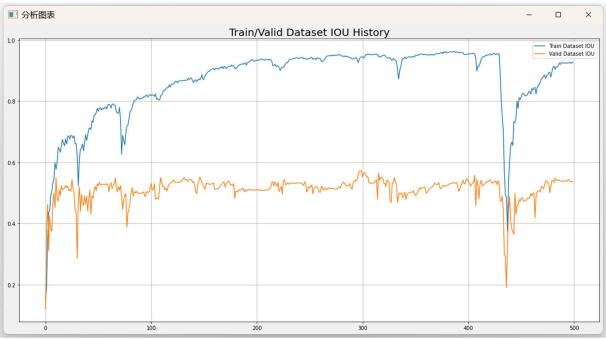




图片 20: 查看训练表格效果



图片 21: 训练结果表格细节 1



图片 22: 训练结果表格细节 2