

自适应特征重组再校准的肝脏血管分割算法

李远禄^{1,2*}, 师向科¹, 李昆¹¹南京信息工程大学自动化学院, 江苏 南京 210044;²江苏省大气环境与装备技术协同创新中心, 江苏 南京 210044

摘要 肝脏血管的精确分割对肝脏外科手术前规划有重要意义,然而肝脏中的血管树复杂且高度交织,精确地分割肝脏血管一直是一项具有挑战性的任务。传统的3D-UNet模型由于采样层过多,会使得肝脏血管的细节信息在网络的传播过程中丢失,单纯减少采样层使得模型表达能力下降。以3D-UNet为基础,在网络中加入重组再校准模型,加强通道与空间中细节信息的传播,抑制相关性低的信息;在模型中加入注意力机制,对特征图进行整体约束,使模型关注区域集中在血管处;最后调整采样层,保证多尺度语义信息的同时,防止过多采样层带来的细节信息丢失。改进后的模型的Dice Score、Sensitivity评价指标的最优结果分别为64.8%、73.15%。实验结果表明,改进后的模型比MPUNet、UMCT、nnU-Net、C2FNAS-Panc在肝脏血管分割上的效果都要好。

关键词 图像处理; 血管分割; 深度学习; 采样层

中图分类号 TP391 文献标志码 A

DOI: 10.3788/LOP202259.1817003

Adaptive Feature Recombination Recalibration Algorithm for Hepatic Vascular Segmentation

Li Yuanlu^{1,2*}, Shi Xiangke¹, Li Kun¹

¹School of Automation, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, Jiangsu, China;

²Jiangsu Atmospheric Environment and Equipment Technology Collaborative Innovation Center, Nanjing 210044, Jiangsu, China

Abstract The accurate segmentation of hepatic vessels is critical for the preoperative planning of liver surgeries. However, the vascular trees in the liver are complicated and highly intertwined. The hepatic vessels' accurate segmentation is a difficult task. Due to too many sampling layers in traditional 3D-UNet model, the detailed information of hepatic blood vessels get lost during network propagation. Thus, reducing number of sampling layers reduces the expression ability of the model. In this study, based on a 3D-UNet model, a recombination recalibration model is introduced to the network to enhance the transmission of detailed information in the channel and space while suppressing the information with poor correlation. Further, attention mechanism is introduced to the model to constrain the feature graph as a whole, enabling the model to focus on the blood vessels. Finally, the sampling layers are adjusted to ensure multiscale semantic information while avoiding the loss of detailed information caused by oversampling. The best Dice Score and Sensitivity of the proposed model are 64.8% and 73.15%, respectively. The experimental results show that the improved model outperforms MPUNet, UMCT, nnU-Net, and C2FNAS-Panc in liver vascular segmentation.

Key words image processing; vascular segmentation; deep learning; sampling layer

1 引言

血管CT图像的三维分割是计算机辅助治疗系统的重要组成部分^[1]。CT肝血管分割是肝脏介入手术三维可视化、路径规划和引导的基础^[2]。在每一个切片上

手工标注肝血管既耗时又容易出错,而且不同专家的分割结果难以一致。一方面,细小分支的血管分布范围广,难以准确检测;另一方面,血管的结构高度弯曲,与周围组织的对比度低,受到噪声影响后很容易被误认为其他组织^[3]。因此自动提取肝血管仍然是一项具有挑

收稿日期: 2021-06-21; 修回日期: 2021-07-24; 录用日期: 2021-08-10

基金项目: 国家自然科学基金(61671010)、江苏省自然科学基金(BK20161535)、江苏省高校“青蓝工程”项目(B2018Q03)

通信作者: *lyl_nuist@nuist.edu.cn

战性的任务,研究一种自动有效的肝血管分割方法很具有现实意义。

近年来,随着卷积神经网络(CNN)的出现,基于深度监督学习的分割模型在医学成像领域得到了广泛的应用。特别是,U-Net^[4-5]由于U型结构,并结合上下文信息和使用数据量小,满足医学影像分割的诉求,在医学影像分割中广泛应用。梁礼明等^[6]利用密集可变形结构有效捕捉眼底血管的多尺度信息与形状结构,提高了对眼底血管的分割效果。为了解决2D图像处理效率不高,会丢失大量上下文的问题,Cicek等^[7]基于U-Net提出了3D-UNet。Li等^[8]在2019年提出了敏感连接注意力U-Net(CASU),在U-Net的encoder和decoder中对应的特征进行拼接之前加入了一个集成注意力门(AGs)。Hu等^[9]将重点放在通道关系上,并提出了一种新的体系结构单元,称之为挤压与激发(SE)块,该模块通过显式建模通道之间的相互依赖性自适应地重新校准通道特性响应。Pereira等^[10]发现SE块因只在通道中对信息进行重新校准,并不适用于图像分割,因此提出了特征重组和一个空间自适应结合的重新校准块,它更适用于语义分割。何承恩等^[11]以膨胀混合卷积模块代替常规卷积模块来大幅度增加模型感受野,同时通过减少网络深度来降低采样层带来的信息丢失,最终提高对脑肿瘤的分割效果。虽然深度学习已经被应用于许多医学成像任务中,与其他成像任务相比,由于血管系统的独特性质,现有的结构可能是次优的,不能直接开箱即用^[12]。因此,需要探索其他网络架构和训练策略。

对于肝脏血管分割,血管体素占比在腹部乃至肝脏都很小,并且由于其复杂的结构,很容易在过多的采样层中丢失信息;为避免信息丢失而简单地减少采样层又会降低网络的表达能力;以整个腹部CT为输入,会消耗很多不必要的计算资源;由于相对于背景,血管标签的体素占比极不平衡,通常的损失函数也会使血

管分割陷入局部最优。为了解决上述问题,本文先对模型进行改进,加入了重组再校准模块和注意力机制,增加网络深度与宽度,防止在减少采样层时网络表达能力弱化;在预处理中将CT图肝脏所在腹部范围裁剪下来,减少不必要的计算资源;调整采样层,使改进后的模型达到最好效果,并结合Tversky Loss^[13]和Generalized Dice Loss^[14],使损失函数更适用于数据极不平衡的血管分割。

2 网络结构

2.1 整体结构

3D-UNet结构主要包括收缩路径和扩张路径。以3D-UNet为基础框架,在收缩路径中,模型进行多次下采样,得到不同尺寸的特征图,它们包含不同的语义信息;在扩张路径中,进行多次上采样,并将得到的结果与收缩路径中尺寸相同的特征图连接,避免下采样带来的信息丢失。最后经 $1 \times 1 \times 1$ 卷积进行特征融合,再经Softmax函数得到最终分割结果。

肝脏血管分割的难点在于血管原本分支很多,结构分散性很高,各个分支的体素占比很小,这使得模型在进行下采样时极易将血管的信息丢失,通常的损失函数也使得训练容易陷入局部最优。为了避免这种情况,在对血管进行分割时首先减少采样层,同时考虑网络由于深度变浅而表达能力减弱的情况,在上、下采样各层中加入重组再校准模块(RR block)以扩宽加深模型的结构。重组再校准模块先增加通道数扩宽路径,通过考虑通道信息、空间信息与待分割区域的相关性,然后进行压缩,并重新校准特征图。利用重组再校准模块抑制通道向和空间向相关性小的信息的特性,减弱这些信息在网络中的传播,使有用信息可以占主导地位,抑制体素占比很小的血管信息在网络各层间传播带来的衰减。在对图像进行分割时,为了让模型更好地聚焦在血管

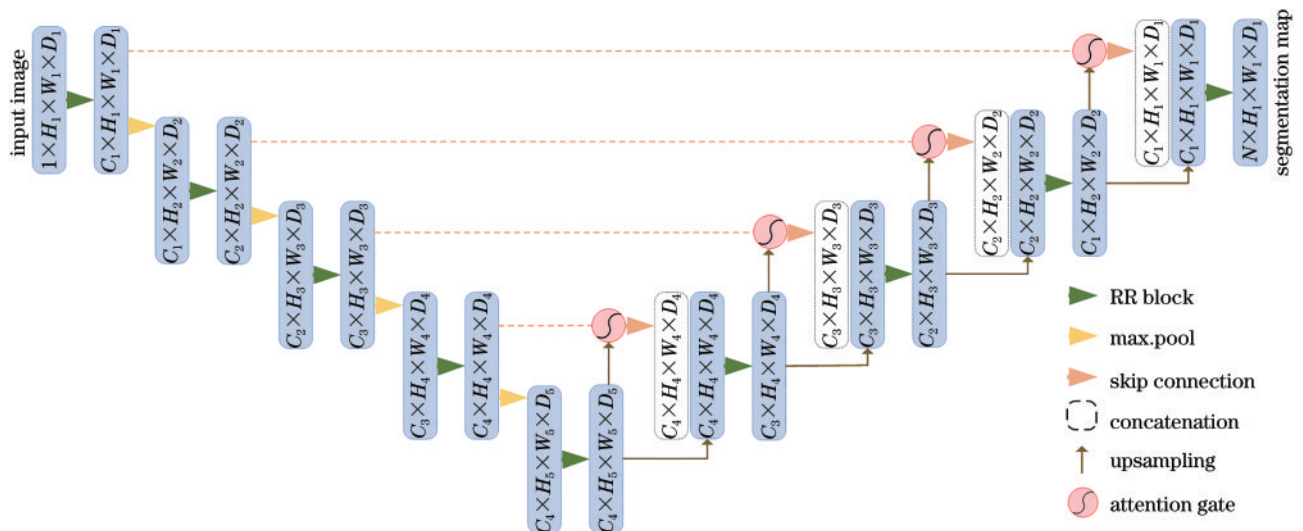


图1 改进后模型的整体结构

Fig. 1 Overall structure of the improved model

处,识别血管的显著性区域,在全局上对血管区域给予更多关注,在扩张路径中加入注意力机制。对 3D-UNet 框架进行改进后所得的算法模型如图 1 所示。

2.2 重组再校准模块

在模型加深扩宽方面,学者做了很多工作。Resnet^[15]构建的残差结构使网络加深的同时不至于梯度弥散,对增加模型深度很有帮助。Resnext^[16]在 Resnet 的基础上扩宽路径,使模型可以学到更多特征。

SegSE^[10]具有残差结构并且扩宽了路径。本文受 SegSE 模块启发,构造了重组再校准模块,以适应三维肝脏血管的分割。重组再校准模块的残差结构适合于增加模型深度,同时增加通道数的方法可以加宽路径,并且可以通过通道信息、空间与待分割区域的相关性对特征图进行重新校准。重组再校准模块主要有两个模块,分别为重组模块和再校准模块。重组再校准模块的结构如图 2 所示。

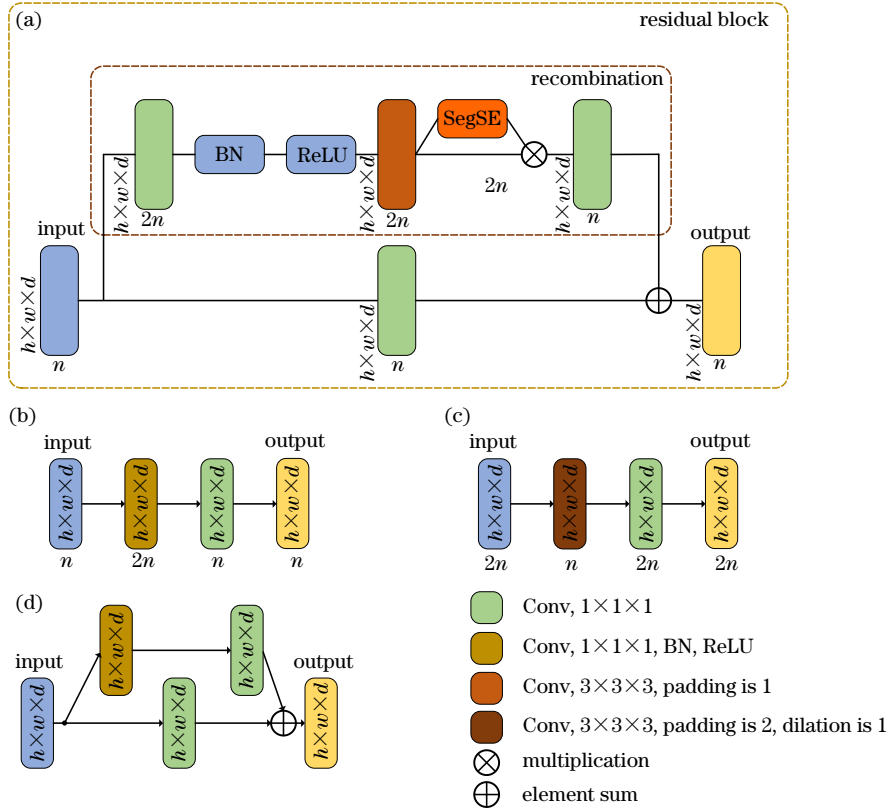


图 2 重组再校准模块。(a)整体结构,残差结构嵌套着重组模块,SegSE 模块嵌套在重组模块中;(b)重组模块的结构;(c)再校准模块的结构;(d)残差模块的结构

Fig. 2 RR block. (a) Overall structure, the residual block is nested with the recombination block, and the recombination block is nested within the SegSE block; (b) structure of the recombination block; (c) structure of the recalibration block; (d) structure of the residual block

2.2.1 重组模块

如果把 U-Net 中的一层看作函数 (F^{Tr}),它用来实现输入特征映射 \mathbf{X} 到输出特征映射 \mathbf{U} 的转换,定义这个函数为 $F^{\text{Tr}}: \mathbf{X} \rightarrow \mathbf{U}^{\text{Tr}}$,其中 $\mathbf{X} \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times C}$, $\mathbf{U} \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times C}$ 。这里 H 、 W 、 D 分别代表经过转换后的特征映射的三个维度高度、宽度、厚度, H' 、 W' 、 D' 分别代表输入特征图三个维度高度、宽度、厚度, C 和 C' 是特征图的通道数,则有 $\mathbf{X} = [x_1, x_2, \dots, x_C]$, $\mathbf{U}^{\text{Tr}} = [u_1, u_2, \dots, u_C]$ 。一个卷积看作函数 F^{Conv} ,则有 $\mathbf{U}^{\text{Conv}} = F^{\text{Conv}}(\cdot; k, d, n)$,这里“ \cdot ”前的“ \cdot ”代表输入特征图, k 、 d 、 n 分别表示卷积核大小、空洞率、通道数。在重组中,采用 $1 \times 1 \times 1$ 的卷积层实现特征图的线性混合,以增加特征表现力。首先对特征图进行扩展 (F^{Exp}),然后再将其压缩回原始数

据量 (F^{comb})。重组可以表示为 $F^{\text{recomb}}: \mathbf{X} \rightarrow \mathbf{U}^{\text{recomb}}$,其中 $\mathbf{U}^{\text{recomb}} \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times C}$ 。重组模块可以表示为

$$F^{\text{recomb}}(\mathbf{X}) = F^{\text{comb}}[F^{\text{Exp}}(\mathbf{X}; mC'); C'] = F^{\text{Conv}}[F^{\text{Conv}}(\mathbf{X}; 1, 1, mC'); 1, 1, C'], \quad (1)$$

式中: m 是扩展因子。重组模型的操作如图 2(b) 所示。

2.2.2 再校准模块

3D-UNet 的跳跃连接直接将收缩路径中的特征图连接到扩张路径,这种操作可以减少信息的丢失,但可能过于简单粗糙。为了进一步防止血管信息丢失,在每一层加入重组再校准模块。重组再校准模块中再校准模块的作用是重新校准各通道间的信息及通道层上特征图的空间信息,相关性较差就抑制,反之则激发,这种操作相比于 3D-UNet 的跳跃连接更为细致。用函数

$F^{\text{rec}}: \mathbf{X} \rightarrow \mathbf{U}^{\text{rec}}$ 表示重组再校准操作, $\mathbf{U}^{\text{rec}} \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times C}$ 。SE 模块^[9]的做法是对不同通道整块特征图进行重新校准,对输入的特征图先进行全局池化,得到每个通道的初始权重;将初始权重放入简易的全连接层后对权重进行更新学习,更新后的权重与输入的特征图相乘,使不同通道的权重得到重置,如图 3(a)所示。因此,由于其全局挤压操作,不会考虑空间上不同区域与血管的相关性,SE 模块最终可能抑制包含血管区域的整个特征图^[10]。与 SE 模块不同,再校准模块在考虑通道相关性的同时兼顾空间相关性,对 SE 模块的全局池化所在的权重学习路径进行了重构。再校准模块首先在 SE 模块中用一个 $3 \times 3 \times 3$ 核的卷积层代替全局平均池过程的压缩操作。压缩操作的动机是聚集上下文信息,在这种情况下,通过对相邻体素进行操作的卷积核捕获上下文信息。因此在压缩操作后,所提方法使用具有扩张卷积核的卷积层来捕获比简单的 $3 \times 3 \times 3$ 核更大的上下文,但不增加这些核上的参数量。权重学习路径可以表示为

$$\mathbf{Z}^{\text{SegSE}} = \gamma \left[F^{\text{Conv}}(\mathbf{X}; k^{\text{SegSE}}, d, n^{\text{SegSE}}) \right], \quad (2)$$

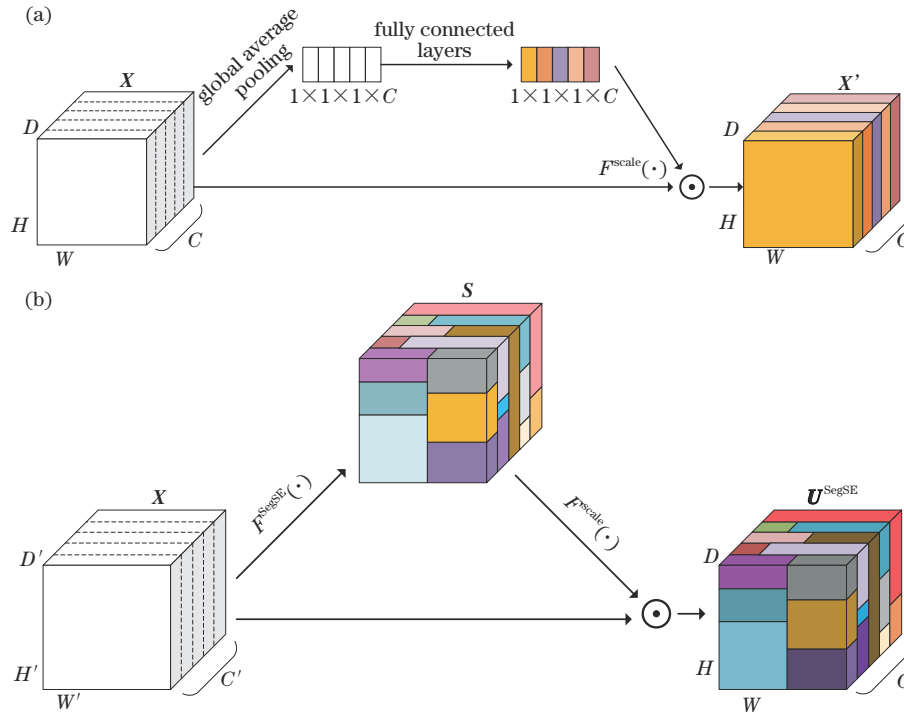


图 3 模块结构。(a)SE 模块;(b)再校准模块

Fig. 3 Module structure. (a) SE module; (b) recalibration module

2.2.3 模块整体结构

将重组和再校准结合到同一块中,并嵌套于残差结构,构成重组再校准模块,如图 2(a)所示。与重组一样,首先扩展特征映射的数量,然后重新校准它们,最后将特征映射的数量压缩为原始数量,这可以定义为

$$\mathbf{U}^{\text{RR}} = F^{\text{RR}}(\mathbf{X}) = F^{\text{comb}} \left\{ F^{\text{rec}} \left[F^{\text{exp}}(\mathbf{X}; mC'); k, d, n \right]; C' \right\}. \quad (5)$$

式中: $n^{\text{SegSE}} = \frac{C'}{r}$, r 为通道的缩减因子; $k^{\text{SegSE}} = 3$; γ 表示 ReLU 激活函数; d 为空洞率,可根据所操作的层的比例来选择,已经考虑了感受野大小和上下文信息,可能需要较小的空洞率,本文设为 2。有了 $\mathbf{Z}^{\text{SegSE}}$,再通过 $1 \times 1 \times 1$ 的卷积层和 Sigmoid 激活函数就可以得到被重新校准的权重,表达式为

$$\mathbf{S} = \sigma \left[F^{\text{Conv}}(\mathbf{Z}^{\text{SegSE}}; k, d, n) \right], \quad (3)$$

式中: $k = 1$, $d = 1$, $n = C'$ 。结合 SE 模块的压缩和激发过程,再校准模块的空洞卷积层也涉及特征图数量减少的瓶颈。上述是对权重学习并更新的过程,这个步骤用函数表示为 $F^{\text{SegSE}}: \mathbf{X} \rightarrow \mathbf{S}$,如图 2(c)所示。最后,将输入信号与 \mathbf{S} 进行逐元素相乘,得到重新校正后的特征图。因此,原来通道数为 C 的特征图被重新校准为

$$u_c^{\text{SegSE}} = x_c \odot s_{c_0} \quad (4)$$

上述过程为特征重新校准,可以用函数表示为 $F^{\text{scale}}: \mathbf{S} \rightarrow \mathbf{U}^{\text{SegSE}}$ 。最终再校准模块可以用函数表示为 $F^{\text{SegSE}}: \mathbf{X} \rightarrow \mathbf{U}^{\text{SegSE}}$,如图 3(b)所示。

2.3 注意力机制

重组再校准模块是在不同通道及其特征图的空间上进行约束的,注意力机制则不考虑通道上的约束,而在整体空间进行一致统一的处理。为了使模型的关注区域更多聚焦在血管处,以识别血管的显著性区域,在扩张路径中加入注意力机制。对于注意力机制和重组再校准模块,前者可以看作在整体进行约束,后者则注重在细节进行约束。

注意力机制通过注意力权重 $0 \leq \alpha \leq 1$ 来识别血管特征的显著性区域^[17], 计算公式为

$$q_i^l = \sigma_2[\mathbf{W}^T \sigma_1(\mathbf{W}_x^T \mathbf{x}_i^l + \mathbf{W}_u^T \mathbf{u}_i^l + b_1) + b_2], \quad (6)$$

式中: i 为体素在图像中的位置; \mathbf{x}_i^l 和 \mathbf{u}_i^l 分别为低级特征映射和高级特征映射, $l=1$ 时代代表后景层, $l=2$ 时代代表前景层, $l=1$ 时变量的意义为在前景层中 i 处体素的低级特征映射为 \mathbf{x} ; \mathbf{W} 为线性变换参数; b_1 和 b_2 均为偏置项; σ_1 为激活函数 ReLU; σ_2 为 Sigmoid 激活函数, 该函数用于对注意力权重进行归一化处理。最后将

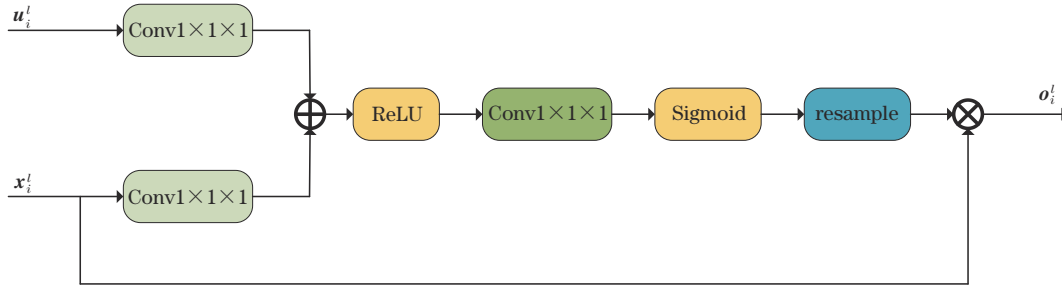


图4 注意力机制结构

Fig. 4 Attention mechanism structure

2.4 损失函数

数据不平衡是医学图像分割中常见的问题, 由于医学图像中往往所关注的区域远小于整张图, 医学图像待分割区域体素占比远小于其余区域, 这会造成数据不平衡问题。如果数据不平衡, 学习过程可能会收敛到次优的局部极小值, 最终预测结果可能会偏向非相关特征。这种数据不平衡现象在血管分割中尤为严重。在 Dice Loss 的基础上针对医学数据不平衡现象, 学者先后构造出 Tversky Loss 和 Generalized Dice Loss (简称 GD Loss)。选择这两个损失函数, 并在所提模型上做了比较实验, 两个损失函数在分割任务中的表现各有优缺点。

Tversky Loss 的表达式为

$$L_T(\alpha, \beta) = 1 - \frac{\sum_{i=1}^N p_{0i} g_{0i}}{\sum_{i=1}^N p_{0i} g_{0i} + \alpha \sum_{i=1}^N p_{0i} g_{1i} + \beta \sum_{i=1}^N p_{1i} g_{0i}}, \quad (8)$$

式中: p_{0i} 为模型在 Softmax 层输出结果后, 体素 i 为血管的概率 (即 i 位置的预测值); p_{1i} 是体素 i 为非血管的概率; $g_{0i}=1$ 表示体素 i 真实标签为血管, $g_{0i}=0$ 则为非血管, g_{1i} 的值与 g_{0i} 的值所表示的意义正好相反。由以上可得: $\sum_{i=1}^N p_{0i} g_{0i}$ 为真阳性 (TP), 是被正确分类的血管像素; $\sum_{i=1}^N p_{0i} g_{1i}$ 为假阳性 (FP), 是被错误分类为血管像素的非血管像素; $\sum_{i=1}^N p_{1i} g_{0i}$ 为假阴性 (FN), 是被错误分类为非血管像素的血管像素。 α 和 β 为损失函数的超参, $\alpha + \beta = 1, 0 < \alpha, \beta < 1$ 。减小 α , 并增大 β 值时, 可

低级特征映射与得到的权重逐元素相乘, 输出的激活特征为

$$o_{i,c}^l = x_{i,c}^l \odot q_i^l. \quad (7)$$

注意力机制在训练过程中无需额外监督即可自动学习目标结构, 同时在测试过程中会自动生成软区域, 以增加血管区域权重。该模块仅采用 $1 \times 1 \times 1$ 卷积层, 引入极少参数量即可明显提升模型的灵敏度和分割精度, 不会加大模型计算复杂度。注意力机制如图 4 所示。

以使模型更关注对假阴性的纠错上, 设置 $\alpha = 0.3, \beta = 0.7$ 。

GD Loss 的表达式为

$$L_{GD} = 1 - 2 \frac{\sum_{i=1}^2 \omega_i \sum_i g_{li} p_{li}}{\sum_{i=1}^2 \omega_i \sum_i (g_{li} + p_{li})}, \quad (9)$$

式中: $\omega_i = 1 / (\sum_{i=1}^N g_{li})^2$; $l=1$ 时代代表后景层, 血管在后景层中的标签为 0, 非血管位置的标签为 1; $l=2$ 时代代表前景层, 血管在其中的标签为 1, 非血管位置的标签为 0; g_{li} 表示 l 层在 i 位置的真实标签, p_{li} 表示 l 层在 i 位置的预测值。由于数据极不平衡的影响, 在模型训练时, 前景层的血管标签很少, 使得 ω_2 值较大, 前景层的权重就会很大。最终达到模型在学习时, 可以更多关注对血管像素的分割的目的。

3 准备工作

3.1 数据集和评价指标

使用两个数据集, 分别为 LiTS17 数据集和 Miccai_Hepatic Vessel 数据集。LiTS17 数据集用于训练肝脏分割的模型, 是七家医院和研究机构合作创建的, 并由三位独立的放射科医生进行人工盲检的, 它包括 201 份腹部 CT (131 份作训练集、40 份作验证集、30 份作测试集), 包括肝脏和肝脏肿瘤真实标签。本文提取肝脏标签用于肝脏分割。Miccai_Hepatic Vessel 数据集来自于 2018 年医学图像计算和计算机辅助干预会议期间举行的医学分割十项全能比赛^[18], 数据集包含 303 份腹部 CT (243 份作训练集、30 份作

验证集、30 份作测试集), 包括肝脏血管和胆囊的真实标签。本文提取血管标签用于实验。

选取 4 个分割评价指标对所提方法进行评价。这些指标包括总体分割精度评估的骰子系数、体素分割准确率、敏感性、特异性。

3.2 图像预处理

预处理包括 3 个步骤: 将图片 CT 值限制在 0 HU~400 HU 范围, 聚焦于肝脏的强度范围; 图像归

一化为零均值和单位方差, 并使用坐标变换和三次样条插值将数据转换为 1 mm 厚的切片; 用 LiTS17 数据集训练改进后的模型, 用训练好的模型在 Miccai_Hepatic Vessel 数据集分割出肝脏, 制作肝脏掩模。肝脏掩模大小由分割出的肝脏标注在各维度上向外扩充 20 mm 得到, 在 CT 图像和真实标注上裁剪出同肝脏掩模区域。预处理的流程如图 5 所示。

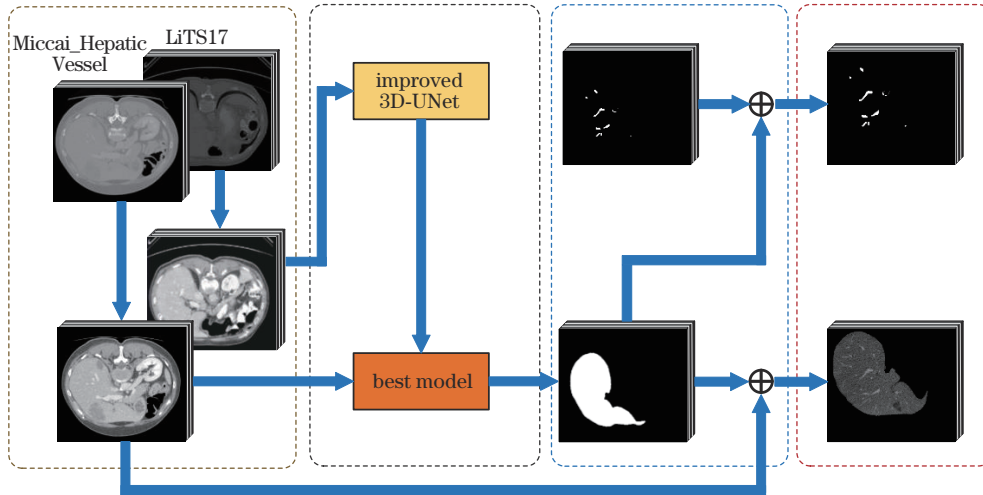


图 5 预处理流程

Fig. 5 Flow chart of pretreatment

4 实验与分析

4.1 设备及参数

所提方法是使用 python3.6 和 Pytorch 实现的。该程序是在一台装有 Intel(R) Xeon(R) CPU E5-2678 v3(2.50 GHz, 125.7 GB RAM) 和两张 NVIDIA RTX 2080TI GPU(11 GB 内存) 的服务器上实现的。模型的训练时间约为 8 h, 通过算法随机初始化权重信息, 设置批量大小为 8, 迭代 100 次。通过交叉验证最小化像素错误率, 采用 Adam 算法优化损失函数, 初始学习率设为默认值 0.0001。为了降低过拟合和加速训练过程收敛, 在训练过程中使用动态的方法设置学习率, 每经过 20 回, 学习率降低为原来的 1/10。为了减小每次模型学习的

负担, 先将 CT 镜像补块^[4]为 $32 \times 96 \times 96$ 倍数, 然后随机切割成 $32 \times 96 \times 96$ 大小并送入模型进行训练。

4.2 重组再校准模块对模型的影响

以 3D-UNet 为基础模型, 最底层的桥接部分都加入重组再校准模块, +RR block 表示在上、下采样的每层中加入重组再校准模块, -RR block 表示采样层未加入重组再校准模块。为了验证采样层数及重组再校准模块对血管信息的影响, 分别对 +RR block 的 3D-UNet 模型和 -RR block 的 3D-UNet 模型调整采样层, 并以 Tversky Loss 作为损失函数。由表 1 可知: +RR block 结构的分割模型的四个评价指标整体高于 -RR block 结构的分割模型, 这验证了重组再校准模块对肝脏血管分割任务的有效性; 具有重组再校准模块

表 1 重组再校准模块对模型影响的定量分析

Table 1 Quantitative analysis of the influence of the RR block on the model

Module	Channel	Dice / %	Sen / %	Spe / %	Acc / %
+RR block	[48, 64, ----, ----, ----]	60.83	67.97	97.92	98.34
	[48, 64, 96, ----, ----]	63.95	69.72	98.93	99.12
	[48, 64, 96, 144, ----]	61.43	71.32	98.85	98.91
	[48, 64, 96, 144, 192]	55.97	67.92	97.73	97.87
-RR block	[48, 96, ----, ----, ----]	30.13	33.11	93.24	93.63
	[48, 96, 128, ----, ----]	37.21	48.65	94.43	95.12
	[48, 96, 128, 256, ----]	41.22	51.23	95.53	96.14
	[48, 96, 128, 256, 512]	33.85	41.91	94.21	94.95

的分割模型在采样层数为 2 时, Dice Score 指标、Specificity 指标、Accuracy 指标达到最优, 在采样层数为 3 时, Sensitivity 指标达到最优; -RR block 结构的分割模型的评价指标在采样层数为 4 时达到最优, 对比 +RR block 结构的分割模型, 在只有 2 层下采样时模型过浅, 表达能力不足, 分割效果不佳。由图 6 可知: 对于 +RR block 结构的分割模型, 只经过 2 次下采样层的 Dice

Score 指标最佳, 随着采样层的增多, Dice Score 指标下降; 随着采样层的增多, +RR block 结构的模型的 Dice Score 比 -RR block 结构的分割模型下降慢, 这验证了重组再校准模块对相关性的信息具有抑制作用; 在 Sensitivity 指标上, +RR block 的分割模型达到最优效果后随着下采样层增多变化较小, 这也验证了重组再校准模块能更好地利用相关性高的信息。

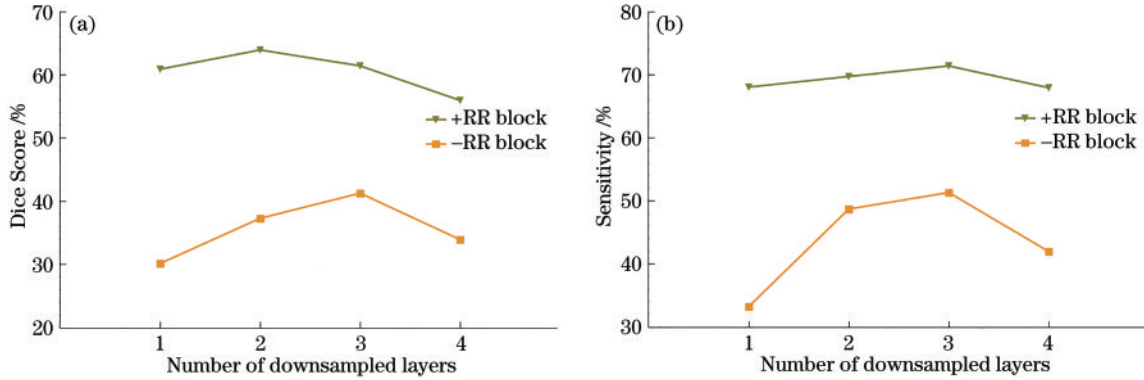


图 6 重组再校准模块对模型影响的折线图。(a) Dice Score 指标; (b) Sensitivity 指标

Fig. 6 Broken line diagram of the influence of RR block on the model. (a) Dice Score; (b) Sensitivity

4.3 各模块及损失函数对模型的影响

在确定了模型的下采样层后, 为了验证所加模块以及所选择的损失函数对模型的影响, 对选择的损失函数、添加的重组再校准模块、添加的注意力机制模型进行对比实验, 结果如表 2 所示。单独加入注意力机制模块时, Dice Score 和 Sensitivity 有所提升; 在 Tversky Loss、GD Loss 函数上 Dice Score 指标提升 0.99 个百分点、1.73 个百分点, Sensitivity 提升 1.1 个百分点、1.32 个百分点, 这说明注意力机制可以将算力更多放在待分割区域。在加入重组再校准模块后, 采用 Tversky Loss、GD Loss 函数的模型的四个评价指标都有较明显的提升, 其中采用 Tversky Loss 函数的模型的 Dice Score 提升 22.73 个百分点, Sensitivity 提升 18.49 个百分点; 采用 GD Loss 函数的模型的 Dice Score 提升 22.31 个百分点, Sensitivity 提升 19.5 个百分点。若单独地加入重组再校准模块, 对模型的影响来看, 已经对血管分割的结果有了很大的提升, 验证了重组再校准模块对血管分割的有效性。将重组再校准模块与注意力机制共同加入模型后, 采用 Tversky Loss 和 GD Loss 函数的模型的四个指标都有提升, 相较于只加入重组再校准模块的模型, Dice Score、Sensitivity 提升分别为 0.85 个百分点、0.79 个百分点和 1.19 个百分点、1.34 个百分点, 较重组再校准模块和注意力机制单独加入时都高, 这说明重组再校准模块与注意力机制在空间上对高相关度信息的作用不同, 注意力机制在总体上做约束, 重组再校准模块细化到不同通道中对特征图做约束。

Tversky Loss 和 GD Loss 都通过在 Dice Loss 函数中加入权重, 来使得梯度更新时网络能多关注体素

表 2 各模块和损失函数对模型的影响

Table 2 Influence of each block and loss function on the model

Loss	Attention	RR block	Dice / %	Sen / %	Spe / %	Acc / %
			41.22	51.23	95.53	96.14
Tversky Loss	+		42.21	52.33	96.11	97.34
		+	63.95	69.72	98.93	99.12
	+	+	64.80	70.51	99.12	99.23
			40.22	52.31	95.22	96.81
GD Loss	+		41.95	53.63	96.61	97.53
		+	62.53	71.81	98.60	98.82
	+	+	63.72	73.15	99.31	99.10

占比小的待分割区域。 α 和 β 是 Tversky Loss 的超参, 在模型学习时需要人为地调节其取值; GD Loss 所加权重项由自身待分割区域占比控制, 体素占比越小, 权重越大。总体比较下来, Tversky Loss 和 GD Loss 函数在 Sensitivity、Dice Score 两个评价指标上各占优势, 在模型结构选择最优的情况下, Tversky Loss 在 Dice Score 评价指标上表现更好, 综合性能更优, 但实验与应用中超参的调节会花更多时间; GD Loss 在 Sensitivity 评价指标上表现更好, 对血管的正确识别率更高, 但会将非相关区域判别为血管, 准确率会略差。

4.4 模型分割效果

将所提模型和近期在 Miccai_Hepatic Vessel 数据集实验效果较好的模型进行对比, 主要对比 Dice Score 指标, 结果如表 3 所示。可以看到, 所提方法的 Dice Score 比 nnU-Net、UMCT 高 1.80 个百分点, 比 C2FNAS-Panc 高 0.50 个百分点, 这说明所提模型在

表 3 不同模型的分割效果

Table 3 Segmentation effect of different models

Model	Year	Dice Score
MPUNet ^[19]	2019	59.00
UMCT ^[20]	2020	63.00
nnU-Net ^[21]	2019	63.00
Spider UNet ^[22]	2021	45.60
C2FNAS-Panc ^[23]	2020	64.30
Proposed model		64.80

血管分割上是有效的。nnU-Net、UMCT 分割模型都是针对多任务的,所提模型则主要针对血管分割,这也

体现了血管分割与其他器官分割任务的差异性。C2FNAS-Panc 将模型划分为粗分割、细分割两个阶段,这种方法对血管分割也很有效,这也是所提模型的 Dice Score 相对 C2FNAS-Panc 较高的原因。

所提模型在冠状面、矢状面、横断面上的分割效果如图 7 所示。从分割结果可以看到,图 7(d)假阳结果一部分来自未标注的血管,另一部分来自伪影和噪声;假阴结果主要来自门静脉及肝脏内分支与其他器官边界模糊现象、噪声现象,这对预处理提出了更高的要求。不同模型的三维分割结果如图 8 所示,可以看到肝脏血管的主要结构已经比较清晰地分割出来了,从

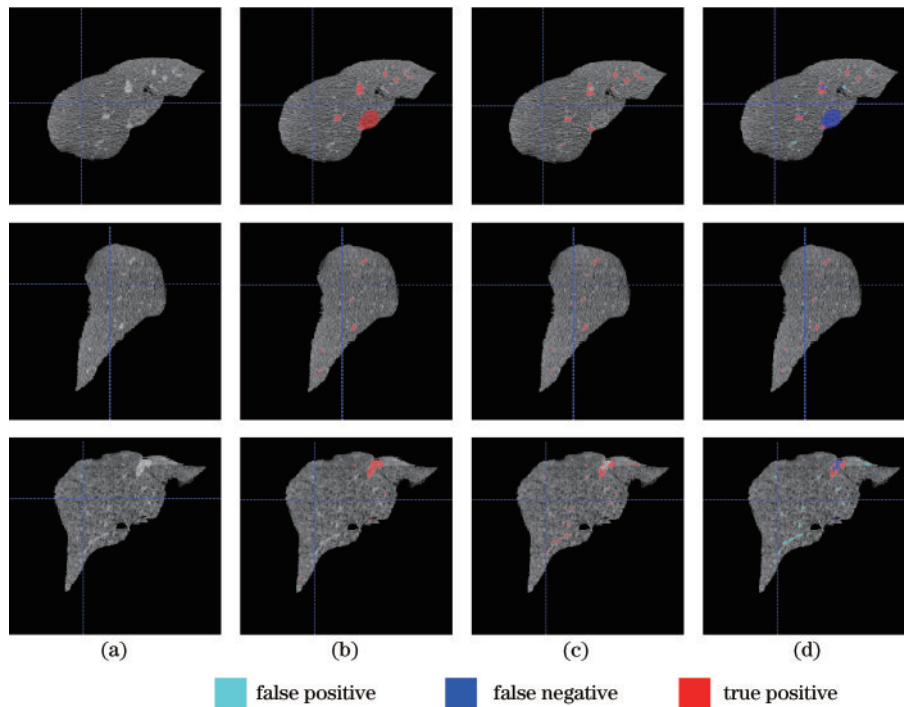


图 7 分割结果。(a) CT 原始图片;(b)金标准;(c)预测结果;(d)金标准与预测结果的对比
Fig. 7 Segmentation results. (a) CT original image; (b) gold standard; (c) prediction result; (d) comparison between gold standard and prediction result

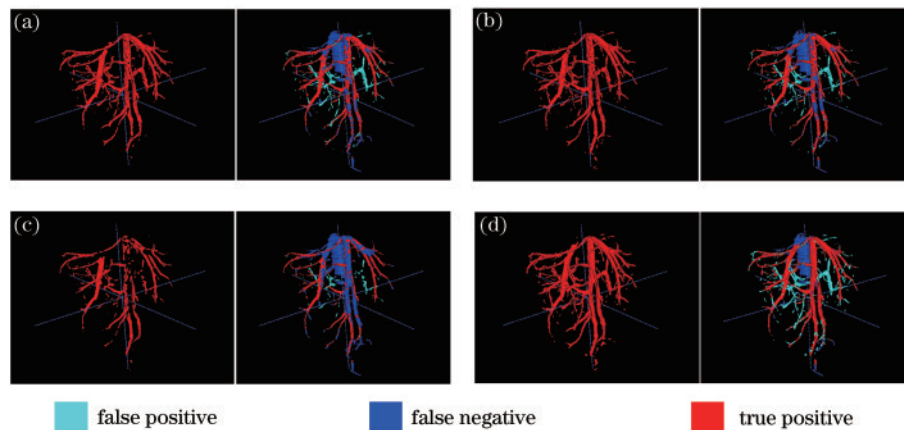


图 8 三维分割结果,左侧为预测结果,右侧为分割结果与真实标注的对比。(a) MPUNet;(b) nnU-Net;(c) Spider UNet;(d)所提方法
Fig. 8 Three-dimensional diagram of segmentation results, the left side of each image is the prediction result, and the right side is the comparison between the segmentation result and the real annotation. (a) MPUNet; (b) nnU-Net; (c) Spider UNet; (d) proposed method

图 8(d) 分割结果与真实标注的对比也可以很好地看到误差区域。

5 结 论

肝脏血管在整个腹部占比小, 在肝脏部位分散度高, 导致 3D-UNet 在分割时很容易丢失细小部位的信息; 且前景与背景占比差异极大, 训练时易陷入局部最优。所提方法在 3D-UNet 结构中加入重组再校准模块与注意力机制, 损失函数选择 Tversky Loss 和 GD Loss。所提方法通过减少采样层来减小细节信息在网络传播中的衰减, 通过加入重组再校准模块与注意力机制增强血管相关特征在网络中的传播。重组再校准模块加深扩宽了模型结构, 使采样层减少的同时模型表达能力不至于下降太多。通过实验也验证了 Tversky Loss 和 GD Loss 对血管分割这种极不均匀数据的有效性。在公开数据集 Miccai_Hepatic Vessel 上对不同方法进行测试, 相比其他方法, 所提方法在 Dice Score 上有很好的表现。

参 考 文 献

- [1] Selle D, Preim B, Schenk A, et al. Analysis of vasculature for liver surgical planning[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2002, 21(11): 1344-1357.
- [2] Huang Q, Sun J F, Ding H, et al. Robust liver vessel extraction using 3D U-Net with variant dice loss function [J]. *Computers in Biology and Medicine*, 2018, 101: 153-162.
- [3] Zhang H H, Bai P R, Min X L, et al. Hepatic vessel segmentation based on an improved 3D region growing algorithm[J]. *Journal of Physics: Conference Series*, 2020, 1486(3): 032038.
- [4] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: convolutional networks for biomedical image segmentation[M]//Navab N, Hornegger J, Wells W M, et al. *Medical image computing and computer-assisted intervention-MICCAI 2015. Lecture notes in computer science*. Cham: Springer, 2015, 9351: 234-241.
- [5] 殷晓航, 王永才, 李德英. 基于 U-Net 结构改进的医学影像分割技术综述[J]. *软件学报*, 2021, 32(2): 519-550. Yin X H, Wang Y C, Li D Y. Survey of medical image segmentation technology based on U-Net structure improvement[J]. *Journal of Software*, 2021, 32(2): 519-550.
- [6] 梁礼明, 盛校棋, 蓝智敏, 等. 自适应尺度信息的 U 型视网膜血管分割算法[J]. *光学学报*, 2019, 39(8): 0810004. Liang L M, Sheng X Q, Lan Z M, et al. U-shaped retinal vessel segmentation algorithm based on adaptive scale information[J]. *Acta Optica Sinica*, 2019, 39(8): 0810004.
- [7] Çiçek Ö, Abdulkadir A, Lienkamp S S, et al. 3D U-net: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation[M]//Ourselin S, Joskowicz L, Sabuncu M R, et al. *Medical image computing and computer-assisted intervention-MICCAI 2016. Lecture notes in computer science*. Cham: Springer, 2016, 9901: 424-432.
- [8] Li R, Li M, Li J, et al. Connection sensitive attention U-NET for accurate retinal vessel segmentation[EB/OL]. (2019-03-13) [2021-05-06]. <https://arxiv.org/abs/1903.05558v2>.
- [9] Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks [C]//2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, June 18-23, 2018, Salt Lake City, UT, USA. New York: IEEE Press, 2018: 7132-7141.
- [10] Pereira S, Pinto A, Amorim J, et al. Adaptive feature recombination and recalibration for semantic segmentation with fully convolutional networks[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2019, 38(12): 2914-2925.
- [11] 何承恩, 徐慧君, 王忠, 等. 多模态磁共振脑肿瘤图像自动分割算法研究[J]. *光学学报*, 2020, 40(6): 0610001. He C E, Xu H J, Wang Z, et al. Automatic segmentation algorithm for multimodal magnetic resonance-based brain tumor images[J]. *Acta Optica Sinica*, 2020, 40(6): 0610001.
- [12] Tetteh G, Efremov V, Forkert N D, et al. DeepVesselNet: vessel segmentation, centerline prediction, and bifurcation detection in 3-D angiographic volumes[J]. *Frontiers in Neuroscience*, 2020, 14: 592352.
- [13] Salehi S S M, Erdogmus D, Gholipour A. Tversky loss function for image segmentation using 3D fully convolutional deep networks[M]//Wang Q, Shi Y H, Suk H I, et al. *Machine learning in medical imaging. Lecture notes in computer science*. Cham: Springer, 2017, 10541: 379-387.
- [14] Sudre C H, Li W Q, Vercauteren T, et al. Generalised dice overlap as a deep learning loss function for highly unbalanced segmentations[M]//Cardoso M J, Arbel T, Carneiro G, et al. *Deep learning in medical image analysis and multimodal learning for clinical decision support. Lecture notes in computer science*. Cham: Springer, 2017, 10553: 240-248.
- [15] He K M, Zhang X Y, Ren S Q, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, June 27-30, 2016, Las Vegas, NV, USA. New York: IEEE Press, 2016: 770-778.
- [16] Xie S N, Girshick R, Dollár P, et al. Aggregated residual transformations for deep neural networks[C]//2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, July 21-26, 2017, Honolulu, HI, USA. New York: IEEE Press, 2017: 5987-5995.
- [17] 张文秀, 朱振才, 张永合, 等. 基于残差块和注意力机制的细胞图像分割方法[J]. *光学学报*, 2020, 40(17): 1710001. Zhang W X, Zhu Z C, Zhang Y H, et al. Cell image segmentation method based on residual block and attention mechanism[J]. *Acta Optica Sinica*, 2020, 40(17): 1710001.
- [18] Simpson A L, Antonelli M, Bakas S, et al. A large annotated medical image dataset for the development and evaluation of segmentation algorithms[EB/OL]. (2019-02-25)[2021-05-04]. <https://arxiv.org/abs/1902.09063>.

- [19] Perslev M, Dam E B, Pai A, et al. One network to segment them all: a general, lightweight system for accurate 3D medical image segmentation[M]//Shen D G, Liu T M, Peters T M, et al. Medical image computing and computer assisted intervention-MICCAI 2019. Lecture notes in computer science. Cham: Springer, 2019, 11765: 30-38.
- [20] Xia Y D, Liu F Z, Yang D, et al. 3D semi-supervised learning with uncertainty-aware multi-view co-training [C]//2020 IEEE Winter Conference on Applications of Computer Vision, March 1-5, 2020, Snowmass, CO, USA. New York: IEEE Press, 2020: 3635-3644.
- [21] Isensee F, Petersen J, Kohl S A A, et al. nnU-net: breaking the spell on successful medical image segmentation [EB/OL]. (2019-04-17)[2021-05-06]. <https://arxiv.org/abs/1904.08128v1>.
- [22] Lee K, Sunwoo L, Kim T, et al. Spider U-net: incorporating inter-slice connectivity using LSTM for 3D blood vessel segmentation[J]. Applied Sciences, 2021, 11(5): 2014.
- [23] Yu Q H, Yang D, Roth H, et al. C2FNAS: coarse-to-fine neural architecture search for 3D medical image segmentation[C]//2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), June 13-19, 2020, Seattle, WA, USA. New York: IEEE Press, 2020: 4125-4134.