

结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割

王瑞豪, 刘哲, 宋余庆

(江苏大学计算机科学与通信工程学院, 江苏镇江 212013)

摘要: 当前基于深度学习的胰腺分割主要存在以下问题:(1)胰腺的解剖特异性导致深度网络模型容易受到复杂多变背景的干扰;(2)传统两阶段分割方法在粗分割阶段将整张CT图像作为输入,导致依赖粗分割结果得到的定位不够准确;(3)传统两阶段分割方法忽略了切片间的上下文信息,限制了定位和后续分割结果的提升.针对上述问题,本文提出了结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割方法.第一阶段利用解剖先验定位粗略缩小输入区域;第二阶段先使用所设计的DASU-Net进行粗略分割,接着利用切片上下文信息优化分割结果;第三阶段使用单张切片定位进一步减少不相关背景,并使用DASU-Net完成精细分割.实验结果表明,本文所提方法能够有效提高胰腺分割的准确率.

关键词: 胰腺分割; 多阶段分割; 切片上下文信息; 解剖先验定位; 单张切片定位

中图分类号: TP391 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2021)04-0706-10

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.12263/DZXB.20200101

Multi-Stage Pancreas Localization and Segmentation Combined with Slices Context Information

WANG Rui-hao, LIU Zhe, SONG Yu-qing

(School of Computer Science and Communication Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang, Jiangsu 212013, China)

Abstract: Current deep learning-based pancreas segmentation mainly has the following problems: The anatomical specificity of the pancreas makes the deep network model easily disturbed by complex background; in the traditional two-stage segmentation method, the input of the coarse segmentation is the entire CT image, which leads to inaccurate localization based on the segmentation results; the traditional two-stage segmentation ignores the context information between adjacent slices, which limits the localization and subsequent segmentation results. In order to solve the problems above, a multi-stage pancreas localization and segmentation method combined with slices context information is proposed. In the first stage, anatomical prior locating is used to roughly shrink the input area; in the second stage, the proposed DASU-Net is used for coarse segmentation, and then the segmentation results are optimized with slices context information; last stage, single slice locating is used to further shrink irrelevant background, and then fine segmentation is completed by DASU-Net. The experimental results show that the proposed method can effectively improve the accuracy of pancreas segmentation.

Key words: pancreas segmentation; multi-stage segmentation; slices context information; anatomical prior locating; single slice locating

1 引言

胰腺癌是一种致命性极强的恶性肿瘤,胰腺的自动准确分割是计算机辅助临床医生进行胰腺癌诊断的重要前提.胰腺是一个具有较高解剖学变异性且体积较小的器官,此外,胰腺与胃、肝脏器官组织相邻甚至黏

连,这些问题易导致计算机断层扫描成像(Computed Tomography, CT)中出现多个不连接的胰腺区域(如图1所示),从而为胰腺的精确分割带来了巨大的挑战.

医学图像分割中常用的方法有聚类^[1]、区域生长^[2]、活动轮廓模型^[3]和图割^[4]等;随着深度学习的不断发展,基于卷积神经网络(Convolutional Neural Net-

收稿日期:2020-01-15;修回日期:2020-06-30;责任编辑:孙瑶

基金项目:国家自然科学基金(No. 61976106, No. 61772242, No. 61572239);国家博士后科研基金(No. 2017M611737);江苏省六大人才高峰(No. DZXX-122);镇江市卫生计生科技重点(No. SHW2017019)

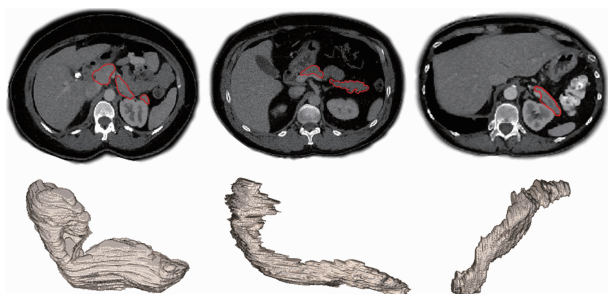


图1 胰腺CT图像及3D重建图像

works, CNN)的方法在医学图像分割领域有着出色的表现. 胰腺的解剖特异性导致传统全卷积神经网络^[5] (Fully Convolutional Network, FCN)模型容易被复杂多变的背景所干扰,无法得到很好的胰腺分割结果. 因此, Zhou 等人^[6]提出了一种“由粗到细”的分割方法来提高胰腺分割的准确率. 由于其粗分割阶段将整张 CT 切片作为输入,整张 CT 切片包含很多不相关的背景信息影响粗分割的效果,导致依赖粗分割结果得到的定位不够准确;此外,其仅利用 CT 图像的内部信息,忽略了切片间上下文信息对分割结果的优化作用,以上问题限制了定位和后续精细分割准确率的进一步提升. Chen 等人^[7]将 CNN 与循环神经网络 (Recurrent Neural Network, RNN)相结合进行腹部图像分割. Cai 等人^[8]应用类似方法进行一阶段胰腺分割,RNN 仅被用来优化最终的分割结果. Li 等人^[9]直接利用正确标注值 (Ground Truth)将原始 CT 图像的大小裁剪为 192×256 进行训练和测试,但是由于在实际应用场景中没有 Ground Truth,所以其不能很好的完成胰腺分割任务. Okada 等人^[10]将解剖学先验知识应用于腹部多器官分割任务中,其利用器官之间的位置和形状信息来对器官的空

间相关性进行编码,从而进行多器官分割. 但是此方法需要先完成肝脏,脾脏,肾脏器官的准确分割,然后依赖上述器官的分割结果才能进行胰腺分割.

针对当前胰腺分割存在的上述问题,本文提出了一种结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割方法. 该方法通过利用解剖学先验信息和分割预测进行渐进式的胰腺定位,使用切片上下文信息提取模块和设计的 DASU-Net 完成胰腺分割任务. 本文使用公开的胰腺分割数据集进行实验,实验结果证明所提方法可以有效地解决胰腺分割的难题. 本文的主要贡献如下:

- (1) 采用解剖先验定位和单张切片定位渐进地减少不相关背景信息对网络模型的影响.
- (2) 通过利用切片上下文信息来改善误分割和欠分割,进而提升后续定位和分割的效果.
- (3) 设计了 DASU-Net 来提高分割模型的特征提取能力.

2 本文方法

2.1 分割方法概述

为了渐进地减少 CT 图像中不相关的背景信息,同时减少误分割和欠分割对胰腺定位和分割的影响,本文设计了结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割方法,分割步骤如图 2 所示.

整个胰腺分割过程分成三个阶段:第一阶段使用解剖先验定位粗略缩小背景信息;第二阶段使用设计的 DASU-Net 和切片上下文信息提取模块进行粗略分割;第三阶段用单张切片定位进一步缩小不相关背景,然后使用 DASU-Net 进行精细分割并将分割结果还原到原始大小.

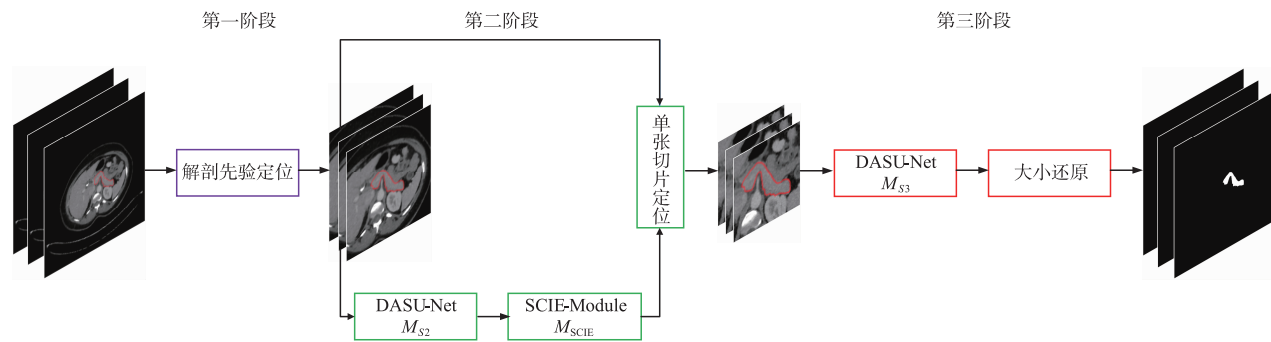


图2 结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割

2.2 第一阶段:解剖先验定位

Zhou 等人^[6]在粗分割阶段将整个 CT 作为网络输入,大量不相关的背景信息导致粗分割模型无法很好的分割出胰腺的边界,进而影响后续的定位效果. 为了解决上述问题,本文首先对输入图像进行解剖先验定位 (Anatomical Prior Locating, APL).

在解剖学中,胰腺是一个长条状腺体,长度约为 $14 \sim 18\text{cm}$,宽度 $3 \sim 9\text{cm}$,厚 $1.5 \sim 2.5\text{cm}$. 此外,胰腺位于腹上区和左季肋区,胃正后部和腹膜后间隙约平第一腰椎椎体处,横卧于腹后壁. 胰腺分为头、颈、体、尾四个部分,其间无明显界限. 胰头和胰颈位于脊椎中线右侧,胰体和胰尾位于脊柱中线左侧,其中,胰体

较为固定,其经腹主动脉和脊柱前方,偏向左后,如图3所示.

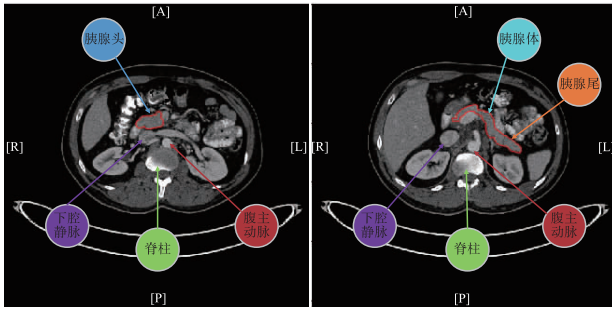


图3 胰腺先验位置信息

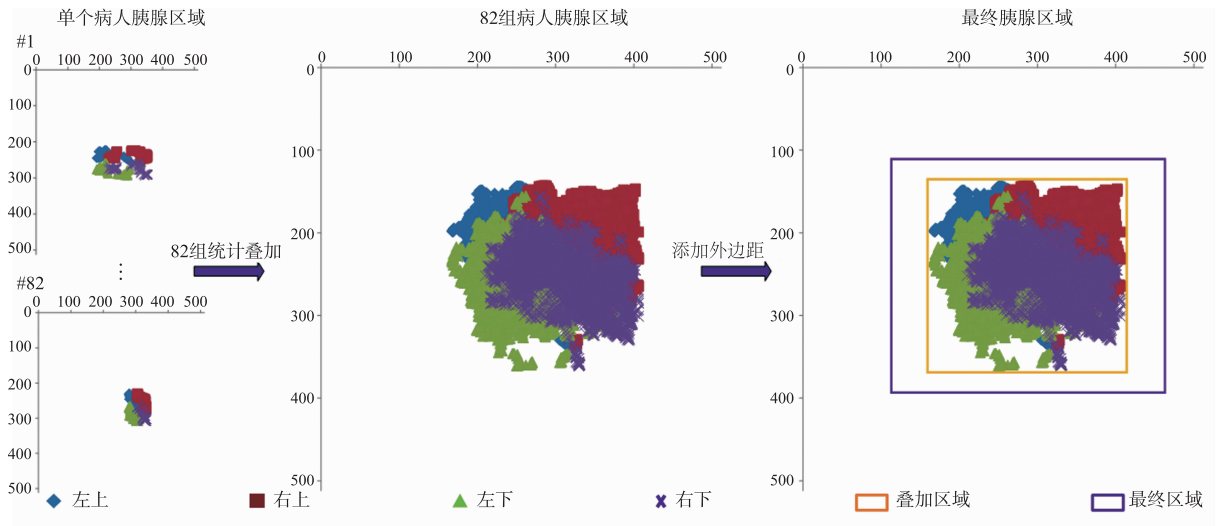


图4 胰腺区域统计分析

2.3 第二阶段:粗略分割

第二阶段先将定位后的图像 $X_{(SI,APL)}$ 输入到 DASU-Net 从而得到分割预测 P_{S2} . 接着,将 P_{S2} 中相邻三张切片的分割预测输入到切片上下文信息提取模块中得到分割预测 P_{SCIE} . 此阶段的公式表达如下:

$$P_{S2} = f[(X_{(SI,APL)}, M_{S2}); \theta_{S2}] \quad (2)$$

$$P_{SCIE} = f[(P_{S2}, M_{SCIE}); \theta_{SCIE}] \quad (3)$$

其中, $f[(\cdot, M_{(\cdot)}); \theta_{(\cdot)}]$ 表示使用分割模型进行分割. M_{S2} 表示 DASU-Net, M_{SCIE} 表示切片上下文信息提取模块, $\theta_{(\cdot)}$ 表示对应模型的参数.

2.3.1 DASU-Net

传统 U-Net^[11] 仅通过线性的跳过连接 (Skip Connections) 来聚合较浅的层,这种操作不能充分提取图像中的语义和空间信息. 为了解决上述问题,本文提出了具有深度特征聚合能力和深度监督的 U-Net 模型 (U-Net with Deep Feature Aggregation and Deep Supervision, DASU-Net).

为了充分利用语义和空间信息, DASU-Net 在编码

为了进一步确认胰腺区域, APL 按照 CT 图像大小构建坐标系,利用 Ground Truth 将每一个病人的胰腺区域坐标化,从而统计出每个病人的胰腺区域. 然后,将 82 组病人的胰腺区域进行叠加从而得到所有病人胰腺区域(图4 橘色框). 为了增加 APL 的通用性,本文在上述区域外添加外边距,从而获得最终的区域(图4 紫色框). 最后,根据所得到的坐标来裁剪输入图像. 此过程可以用以下公式表示:

$$X_{(SI,APL)} = X \otimes Coord_{Pan-Area} \quad (1)$$

其中, X 为输入图像, $X_{(SI,APL)}$ 表示解剖先验定位后的胰腺数据, $Coord_{Pan-Area}$ 表示使用解剖先验定位得到的胰腺区域坐标, \otimes 表示裁剪操作.

部分采用分层深度聚合 (Hierarchical Deep Aggregation, HDA) 和迭代深度聚合 (Iterative Deep Aggregation, IDA)^[12] 的思想. 首先, HDA 在相同尺度上使用卷积块 (Conv Block) 和聚合节点 (Aggregation Node, AG Node) 构建不同深度的树形结构,从而使用不同深度的层来保存和组合特征通道,相邻 Conv Block 则使用逐元素相加 (Add) 操作进行特征融合;然后,将前一个深度 AG Node 的输出作为下一个树形结构的输入,使得网络可以学习更丰富的跨越层次结构的特征. 最后, IDA 从最小的尺度开始聚合,然后通过迭代合并来连接不同尺度的特征,并得到更深和更大尺度的特征. 如图5所示, IDA 用特征拼接 (Concat) 操作,将上一尺度下采样后的特征连接到本尺度的 AG Node,从而聚合不同尺度的特征. 通过 IDA 可实现浅层特征在不同阶段最大程度的聚集和利用. 在下采样方面,考虑到目标器官较小,多次池化操作会损失目标器官的特征,因此 DASU-Net 将平均池化和最大池化后的特征进行融合来减少特征损失.

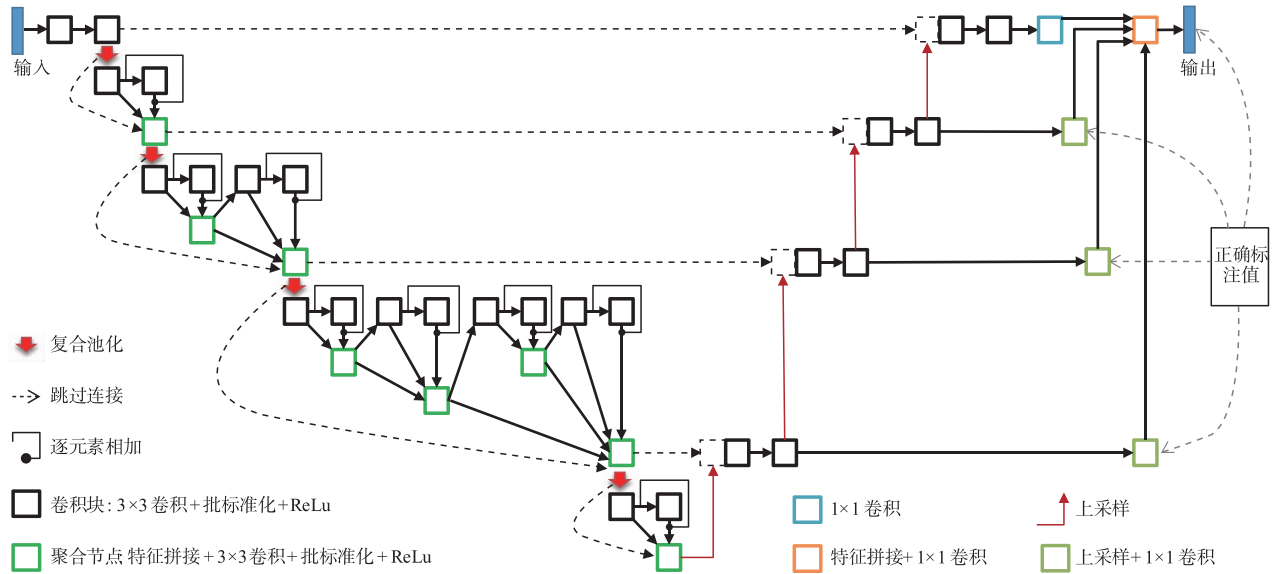


图5 所提出的DASU-Net

为了在不同尺度上增强特征的语义表达能力, DASU-Net 引入了深度监督机制^[13]. 该深度监督机制对不同尺度的特征图进行 1×1 卷积和上采样操作, 然后使用 Ground Truth 对其进行监督. 最后, 使用 Concat 操作融合 4 个尺度的特征并让其经过 1×1 卷积, 从而得到最终的输出.

2.3.2 切片上下文信息提取模块

传统由粗到细分割只利用 CT 图像的内部信息, 忽略了切片间上下文信息对分割结果的优化作用, 这限制了定位和后续精细分割准确率的提升.

为了解决上述问题, 本文在第二阶段引入双向卷积长短期记忆网络^[7] (Bi-directional Convolutional Long Short-term Memory, Bi-CLSTM) 构建切片上下文信息提取模块 (Slices Context Information Extraction Module, SCIE-Module). Bi-CLSTM 由卷积长短期记忆网络^[14] (Convolutional Long Short-term Memory, ConvLSTM) 组成. 为了保留图像中的空间信息, ConvLSTM 使用卷积运算替换了长短期记忆网络中的向量乘法. ConvLSTM 的定义如下:

$$i_z = \sigma(x_z * W_{xi} + h_{z-1} * W_{hi} + b_i) \quad (4)$$

$$f_z = \sigma(x_z * W_{xf} + h_{z-1} * W_{hf} + b_f) \quad (5)$$

$$c_z = c_{z-1} \odot f_z + i_z \odot \tanh(x_z * W_{xc} + h_{z-1} * W_{hc} + b_c) \quad (6)$$

$$o_z = \sigma(x_z * W_{xo} + h_{z-1} * W_{ho} + b_o) \quad (7)$$

$$h_z = o_z \odot \tanh(c_z) \quad (8)$$

其中, $*$ 表示卷积运算, \odot 表示逐元素乘积, σ 和 \tanh 分别代表 sigmoid 函数和双曲正切激活函数. 在切片 Z_i 中, i_z, f_z, o_z 分别表示输入门, 遗忘门和输出门; $W_{(\cdot)}$ 和 $b_{(\cdot)}$ 是 ConvLSTM 的权重和偏置项; x_z, c_z, h_z 表示输

入, 单元激活状态和隐藏状态.

在医学图像中, 当前切片中的器官形状受到相邻切片的共同限制, 所以 Bi-CLSTM 从正反两个方向堆叠了两层 ConvLSTM, 如图 6 所示. 两层分别从 Z^+ 和 Z^- 两个方向提供切片上下文信息, 其中, Z^+ 方向作为前向传播层, 从切片 $Z-1$ 到切片 $Z+1$ 计算并保存每个切片前向隐层的输出; Z^- 从相反方向进行同样的操作. 最后, 融合两个单侧上下文特征获得第 Z 张切片的预测结果.

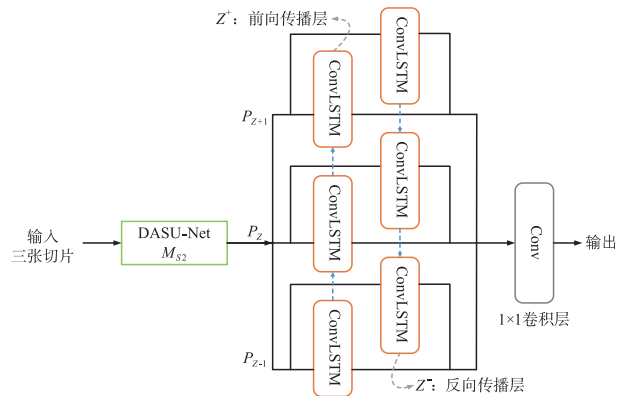


图6 切片上下文信息提取模块

2.4 第三阶段:精细分割

为了最大程度除去不相关的背景信息, 提高精细分割的结果. 第三阶段先使用粗分割结果 P_{SCIE} 进行单张切片定位, 然后将定位后的结果 $X_{(S3, SSL)}$ 输入到 DASU-Net 得到精细分割结果 P_{S3} , 并进行大小还原. 以上过程可以用如下公式表示:

$$X_{(S3, SSL)} = SSL[(X_{(S1, APL)} \otimes P_{SCIE}); P_{SCIE}] \quad (9)$$

$$P_{S3} = f[(X_{(S3, SSL)}, M_{S3}); \theta_{S3}] \quad (10)$$

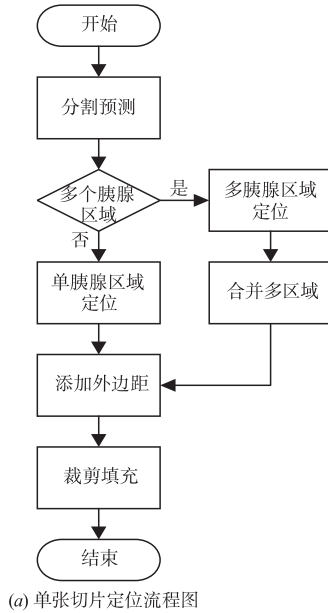
$$P_{\text{Final}} = \text{UnCrop}(P_{S3}, \text{Coord}_{(\text{APL}, \text{SSL})}) \quad (11)$$

其中, $\text{SSL}[\cdot; P_{\text{SCIE}}]$ 表示基于分割预测 P_{SCIE} 使用单张切片定位裁剪填充输入图像, \otimes 表示裁剪操作. $f[(\cdot, M_{S3}); \theta_{S3}]$ 表示使用 DASU-Net 进行分割, θ_{S3} 表示对应模型的参数; $\text{UnCrop}(\cdot, \text{Coord}.)$ 表示使用解剖先验定位和单张切片定位中的坐标将分割结果还原到原始大小.

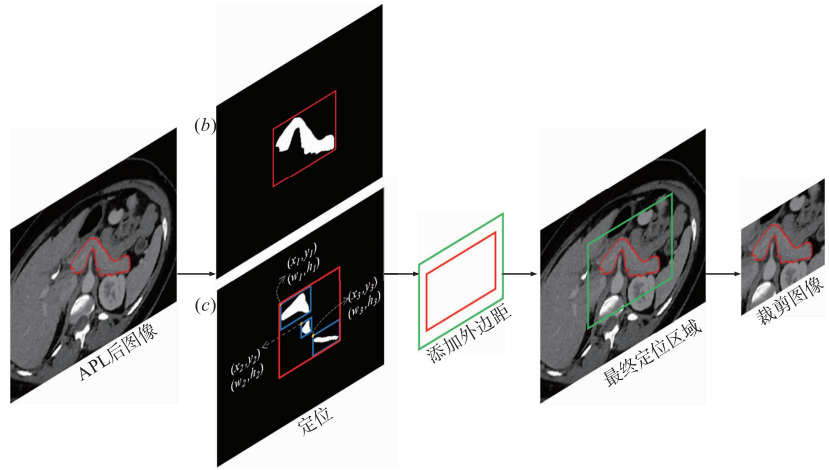
单张切片定位 (Single Slice Locating, SSL) 是利用粗分割结果最大程度去除不相关的背景信息, 从而进一步减少复杂多变背景对神经网络分割结果的影响. 整个算法流程如图 7(a) 所示, 算法步骤为:

步骤 1 由 SCIE-Module 获得 CT 切片的分割预测.

步骤 2 判断分割预测结果中是否包含多个胰腺



(a) 单张切片定位流程图



(b) 单胰腺区域定位
图7 单张切片定位

(c) 多胰腺区域定位

3 实验结果与分析

3.1 数据集与评估方法

本文使用公开的 NIH-CT82 胰腺数据集^[15] 来验证所提出的方法. 该数据集包含 82 组对比增强的腹部 CT 扫描图像. 每次扫描的分辨率为 $512 \times 512 \times L$, 其中 $L \in [181, 466]$ 是沿着身体长轴的切片数, 相邻体素之间的距离从 1.5mm 到 2.5mm 不等.

为了评估模型的鲁棒性, 本实验采用交叉验证策略. 将数据随机的分为 4 份, 每次将其中的 3 份作为训练集, 余下的一份作为测试集. 实验结果使用 Dice 相似系数 (Dice Similarity Coefficient, DSC) 和 Jaccard 系数 (Jaccard Index, JI) 作为评价指标, 定义分别为:

$$DSC(P, G) = \frac{2 \times |P \cap G|}{|P| + |G|} \quad (14)$$

区域. 单胰腺区域 (图 7(b)) 可直接寻找预测胰腺的最小外接矩形. 当为多个胰腺预测区域时 (图 7(c)), 先寻找每个预测区域的最小外接矩形并记录左上角坐标 (x_i, y_i) 和长宽 (w_i, h_i) ; 然后使用下列公式合并胰腺区域.

$$(L, T) = \text{Min}(x_i, y_i) \quad (12)$$

$$(R, B) = \text{Max}(x_i + w_i, y_i + h_i) \quad (13)$$

其中, (L, T) 和 (R, B) 为胰腺区域的左上角和右下角坐标.

步骤 3 在胰腺区域外部添加外边距得到最终的胰腺区域 (图 7 绿色框). 然后, 裁剪 APL 后的 CT 图像, 并将其填充为统一大小. 单张切片定位的准确率为 98.96%, 基本不会破坏器官的完整结构.

$$JI(P, G) = \frac{|P \cap G|}{|P \cup G|} \quad (15)$$

其中, P 代表分割预测结果, G 代表对应的 Ground Truth.

3.2 实验细节

实验环境配置: 本文实验在处理器型号 i7—6700k, 32GB 内存, NVIDIA GTX 1080 Ti GPU 的设备上进行, 并使用 PyTorch 来实现本文模型.

数据预处理: 本文使用随机弹性形变, -15° 到 15° 的随机旋转来进行数据扩充. 实验时, 通过 HU 约束将切片 CT 值截取到 $[-100, 240]$ 并归一化到 $[0, 1]$ 之间, 从而粗略除去不相关的组织; Ground Truth 只进行 $[0, 1]$ 归一化.

网络训练: 在训练网络时, 模型 M_{S2} 和 M_{S3} 都是基于 DASU-Net. 两个网络模型的结构相同, 但输入图像的大

小不同. 考虑到自然图像与医学图像之间的差异, 本实验使用胰腺分割数据集从头训练网络模型. M_{S2} 和 M_{S3} 批大小 (Batch Size, BS) 设置为 8, 初始学习率为 0.001, 同时使用 Adam 作为优化器, 损失函数则为 Dice Loss, 并适时调整学习率直到网络收敛. Dice Loss 定义为:

$$Dice\ Loss = 1 - \frac{2 \times |P \cap G|}{|P| + |G|} \quad (16)$$

其中, P 为分割预测, G 为对应的 Ground Truth.

在训练 SCIE-Module 时, 需要将相邻 3 张切片的分割预测作为其输入. 初始学习率为 0.001, 通过随机梯度下降训练到收敛为止, 损失函数仍然使用 Dice Loss. 需要说明的是, 在训练 SCIE-Module 时, 为了保持原始的序列信息, 输入的图片没有进行旋转操作.

3.3 解剖先验定位有效性分析

本文从定性和定量两个角度来验证解剖先验定位的有效性. 图 8 将解剖先验定位前后的图像进行对比, 从图中的定性分析可以发现, 解剖先验定位可以在一定程度上减少不相关的背景信息.

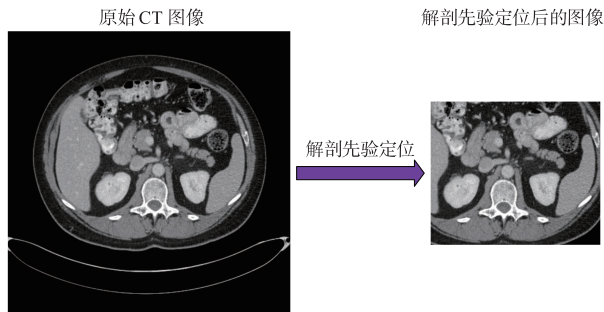


图8 解剖先验定位前后图像对比

在定量分析方面, 本文使用 DASU-Net 进行了解剖先验定位的消融实验. 从表 1 可以发现, 在完成解剖先验定位后, DSC 和 JI 分割准确率都提升不少于 1%. 此外, 本文对比了 68 号病人解剖先验定位前后的分割准确率, 并绘制了 DSC 折线图和 JI 散点图. 从图 9 可以发现, 在完成解剖先验定位后, 原本较差的分割结果有了显著提升, 分割准确率的整体分布变得更加紧凑.

表 1 解剖先验定位消融实验

模型	解剖先验定位	平均 DSC/%	平均 JI/%
DASU-Net	否	81.32	69.12
	是	82.74	70.98

3.4 DASU-Net 有效性分析

为了验证所设计 DASU-Net (Enco) 的有效性, 本文将其与医学图像分割模型 U-Net^[11]、2D AttU-Net^[16] 和 U-Net ++^[17] 进行了对比试验. 以上 4 个模型将解剖先验定位后的图片作为输入, 各模型的试验结果及参数量如表 2 所示. 从表中可以发现, DASU-Net 的参数量相

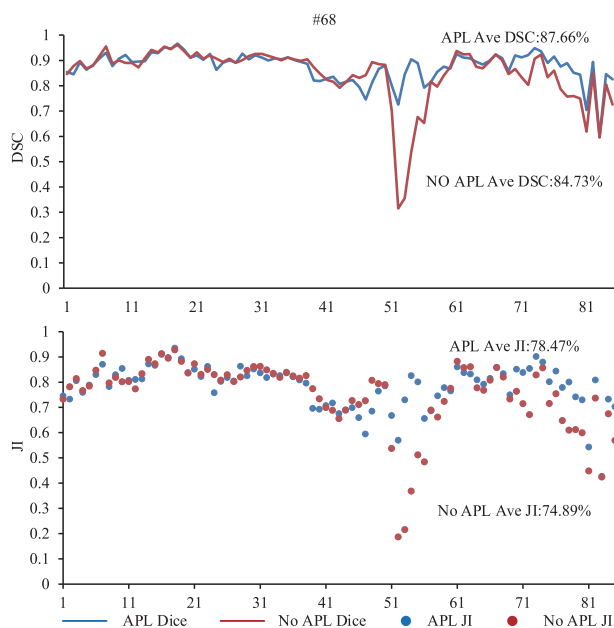


图9 解剖先验定位前后DSC和JI对比

对于 U-Net, AttU-Net 和 U-Net ++ 分别减少 22.86%, 23.63% 和 27.28%, 但是 DSC 和 JI 指标却比其它模型都高. 此外, 本文尝试在 DASU-Net 的编码和解码阶段都使用 IDA 和 HDA. 在参数量增加 32% 的情况下, DASU-Net (Enco + Deco) 没有提高分割结果, 所以没有选用此设计. 综上所述, 本文所设计的 DASU-Net 可以在降低参数量的情况下提高模型的特征提取能力.

表 2 网络模型对比实验

网络模型	平均 DSC/%	平均 JI/%	参数量
U-Net	80.43	67.35	34.52M
AttU-Net	80.83	68.02	34.87M
UNet ++	81.01	68.81	36.62M
DASU-Net (Enco)	82.74	70.98	26.63M
DASU-Net (Enco + Deco)	82.68	70.91	39.16M

3.5 切片上下文信息提取模块有效性分析

为了验证切片上下文信息提取模块的有效性, 本文选取两组切片进行对比试验, 如图 10 所示. 从图中可以发现: (1) 使用 SCIE-Module 优化后的分割结果更加接近 Ground Truth, DSC 分割准确率提高了近 10%; (2) 欠分割和误分割的改善提高了单张切片定位的效果. 图 10(a) 可以发现, 无 SCIE-Module 优化时单张切片定位丢失了部分胰腺结构; 而经过 SCIE-Module 优化后, 单张切片定位更好地保全了胰腺的完整性. 从图 10(b) 可以发现, SCIE-Module 优化后的单张切片定位可以除去更多的背景信息.

3.6 多阶段分割方法有效性分析

为了验证本文提出的多阶段分割方法的有效性,

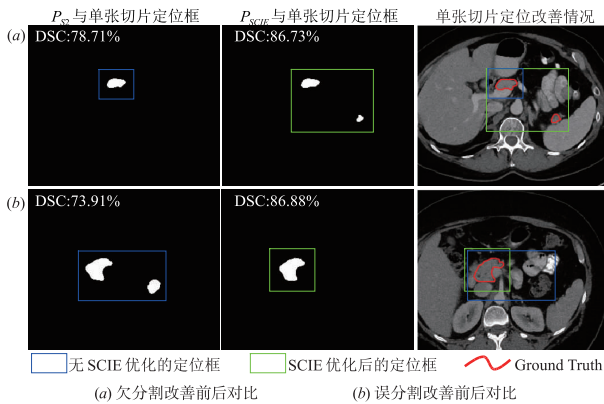


图10 SCIE-Module对比实验

本文进行了三阶段的对比试验,如表 3 所示. 从实验结果可以发现,直接使用 DASU-Net 的分割准确率为 DSC:81.32% 和 JI:69.12%. 在 DASU-Net 基础上增加解剖先验定位后,分割准确率达到 DSC:82.74% 和 JI:70.98%;在此基础上,引入切片上下文信息提取模块可以小幅度提升分割准确率,第二阶段的最终分割准确率为 DSC:83.15% 和 JI:71.17%. 在第三阶段,随着背景信息的最大化减少,分割准确率提升到 DSC:84.26% 和 JI:72.63%. 本文使用配对 T 检验确定各分割阶段算法的显著性,显著性水平为 0.01 和 0.05 (* 和 ** 分别表示 $p < 0.05$ 和 $p < 0.01$). 从实验结果可以发现,单个阶段分割准确率的提升在 0.05 水平上具有统计显著性;由组 1 和组 4 对比可知,在完成三阶段分割之后,胰腺分割准确率显著提高 ($p < 0.01$). 这证明结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割方法是有效的.

表 5 不同分割方法对比

方法	DSC/%		JI/%	
	平均值 ± 标准差	[最佳分割,最差分割]	平均值 ± 标准差	[最佳分割,最差分割]
Roth 等人 ^[15] (2015)	71.80 ± 10.70	[86.90,25.00]	-	-
Roth 等人 ^[18] (2016)	78.01 ± 8.20	[88.65,34.11]	-	-
Zhou 等人 ^[6] (2017)	82.37 ± 5.68	[90.85,62.43]	-	-
Cai 等人 ^[19] (2017)	82.40 ± 6.70	[90.10,60.00]	70.60 ± 9.00	[81.90,42.90]
Roth 等人 ^[20] (2018)	81.27 ± 6.27	[88.96,50.69]	68.87 ± 8.12	[80.10,33.90]
Cai 等人 ^[8] (2019)	83.70 ± 5.10	[91.00,59.00]	72.30 ± 7.04	[83.50,41.80]
Li 等人 ^[21] (2019)	83.35 ± 5.02	[90.50,61.13]	-	-
Asaturyan 等人 ^[22] (2019)	79.30 ± 4.40	[86.00,72.80]	66.10 ± 6.20	[75.50,58.20]
Li 等人 ^[9] (2019)	82.80 ± 6.30	[90.20,60.60]	68.00 ± 8.39	[80.50,43.40]
本文方法	84.26 ± 6.32	[91.49,62.56]	72.63 ± 7.34	[83.67,41.53]

本文将不同阶段的处理和分割结果进行了展示,如图 11 所示. 从图中可以发现,随着分割阶段的进行,误分割和欠分割得到了改善. 此外,本文将传统一阶段、本文多阶段分割结果和 Ground Truth 进行了 3D 重

表 3 三阶段分割的实验结果

组号	方法	平均 DSC/%	平均 JI/%	显著性
1	No Locating + DASU-Net	81.32	69.12	**
2	S1:(APL)+DASU-Net	82.74	70.98	
3	S1:(APL)+ S2:(DASU-Net+ SCIE-Module)	83.15	71.17	
4	S1+S2+S3:(SSL+DASU-Net)	84.26	72.63	

为了验证循环迭代分割的效果,在完成前两阶段的分割步骤之后,本文尝试循环第三阶段来提高分割准确率,如表 4 所示. 从实验结果可以发现,在完成第一次的迭代分割之后,分割准确率有了较大的提升. 后续 4 次迭代分割结果存在小幅度波动,而且没有较为显著的提升. 为了在维持较高分割准确率的同时控制时间成本,本文将第一次迭代分割的结果作为最终结果.

表 4 迭代分割实验

迭代分割	平均 DSC/%	平均 JI/%
0	83.15	71.17
1	84.26	72.63
2	84.25	72.61
3	84.19	72.56
4	84.28	72.64
5	84.22	72.58

表 5 将本文分割方法与其它分割方法进行了比较,所有方法均使用 NIH-CT82 数据集^[15],并进行四倍交叉验证实验,评价指标为 DSC 和 JI. 从表中可以发现,本文方法取得了较好的分割结果,最差和最好分割案例的结果都有了一定的提升.

建,如图 12 所示. 从图中可以发现,与传统一阶段分割方法相比,本文方法通过改善欠分割和误分割获得了更加真实和准确的胰腺.

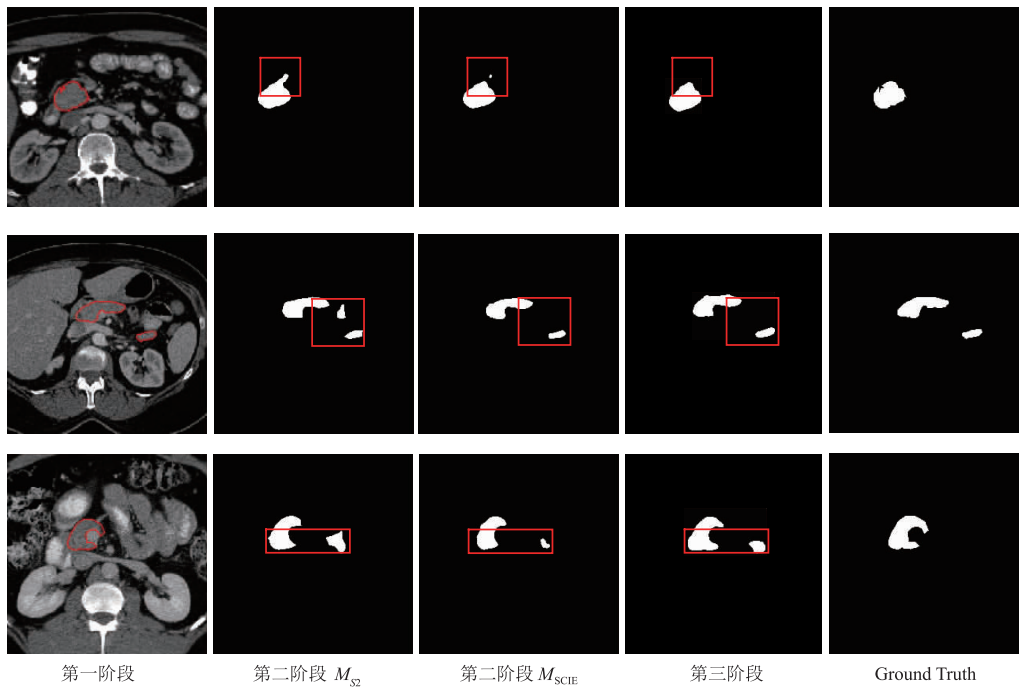


图11 不同分割阶段结果展示

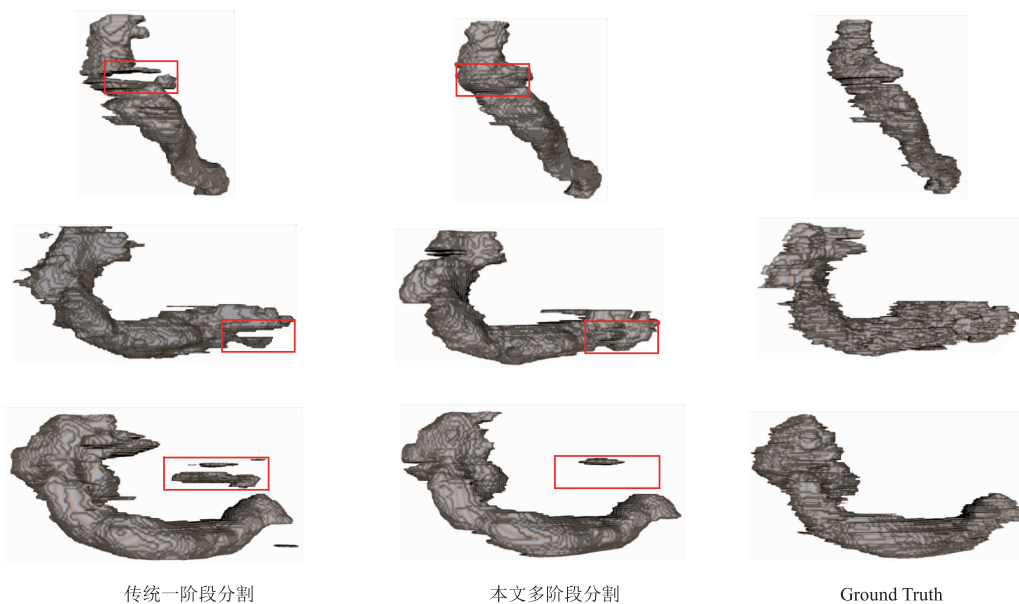


图12 3D重建对比

4 结论

本文中提出了一种结合切片上下文信息的多阶段胰腺定位与分割方法,通过渐进式的定位操作减少不相关的背景信息,并引入切片间的上下文信息来优化分割和定位效果.此外,本文设计了 DASU-Net 来提高网络模型的特征提取能力.本文在 NIH 数据集上使用 4 倍交叉验证策略验证所提出的分割方法和 DASU-Net,

最终的实验结果为 DSC:84.26% 和 JI:72.63%. 实验结果表明本文方法可以很好地完成胰腺分割任务,有望应用于临床中.

实验后期发现,在不同分割阶段有些切片的分割结果提升不够明显,需要对此进行改进.此外,后期还需要思考如何通过更好的定位来进一步提高胰腺的分割准确率.

参考文献

- [1] 范虹,张程程,侯存存,等. 结合双树复小波变换和改进密度峰值快速搜索聚类的乳腺 MR 图像分割[J]. 电子学报,2019,47(10):2149-2157.
FAN Hong, ZHANG Cheng-cheng, HOU Cun-cun, et al. Dual-tree complex wavelet transform and improved density peak fast search and clustering method for breast MR image segmentation[J]. Acta Electronica Sinica, 2019, 47(10): 2149-2157. (in Chinese)
- [2] 姜慧研,冯锐杰. 基于改进的变分水平集和区域生长的图像分割方法的研究[J]. 电子学报,2012,40(8):1659-1664.
JIANG Hui-yan, FENG Rui-jie. Image segmentation method research based on improved variational level set and region growth[J]. Acta Electronica Sinica, 2012, 40(8): 1659-1664. (in Chinese)
- [3] 张建伟,方林,陈允杰,等. 基于活动轮廓模型的左心室 MR 图像分割[J]. 电子学报,2011,39(11):2670-2673.
ZHANG Jian-wei, FANG Lin, CHEN Yun-jie, et al. Left ventricle MRI segmentation based on active contour model[J]. Acta Electronica Sinica, 2011, 39(11): 2670-2673. (in Chinese)
- [4] 葛婷,牟宁,李黎. 基于 softmax 回归与图割法的脑肿瘤分割算法[J]. 电子学报,2017,45(3):644-649.
GE Ting, MU Ning, LI Li. A brain tumor segmentation method based on softmax regression and graph cut[J]. Acta Electronica Sinica, 2017, 45(3): 644-649. (in Chinese)
- [5] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[A]. Proceedings of IEEE Computer Vision and Pattern Recognition[C]. Boston: IEEE, 2015. 3431-3440.
- [6] ZHOU Y, XIE L, SHEN W, et al. A fixed-point model for pancreas segmentation in abdominal CT scans[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention[C]. Quebec: Springer, 2017. 693-701.
- [7] CHEN J, YANG L, ZHANG Y, et al. Combining fully convolutional and recurrent neural networks for 3D biomedical image segmentation[A]. Advances in Neural Information Processing Systems[C]. Barcelona: MIT Press, 2016. 3036-3044.
- [8] CAI J, LU L, XING F, et al. Pancreas segmentation in CT and MRI via task-specific network design and recurrent neural contextual learning[A]. Deep Learning and Convolutional Neural Networks for Medical Imaging and Clinical Informatics[C]. Switzerland: Springer, 2019. 3-21.
- [9] LI H, LI J, LIN X, et al. Pancreas segmentation via spatial context based U-Net and bidirectional LSTM[DB/OL]. Arxiv:1903.00832v1, 2019-03-03/2020-01-06.
- [10] OKADA T, LINGURARU M G, HORIM, et al. Abdominal multi-organ CT segmentation using organ correlation graph and prediction-based shape and location priors[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention[C]. Nagoya: Springer, 2013. 275-282.
- [11] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention[C]. Munich: Springer, 2015. 234-241.
- [12] YU F, WANG D, SHELHAMER E, et al. Deep layer aggregation[A]. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition[C]. Salt Lake City: IEEE Computer Society, 2018. 2403-2412.
- [13] LEE C, XIE S, GALLAGHER P W, et al. Deeply-supervised nets[A]. Proceedings of the International Conference on Artificial Intelligence and Statistics[C]. San Diego: MLR Press, 2015. 562-570.
- [14] SHI X, CHEN Z, WANG H, et al. Convolutional lstm network: a machine learning approach for precipitation nowcasting[A]. International Conference on Neural Information Processing Systems[C]. Montreal: JMLR, 2015. 802-810.
- [15] ROTH H R, LU L, FARAG A, et al. Deeporgan: multi-level deep convolutional networks for automated pancreas segmentation[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention[C]. Munich: Springer, 2015. 556-564.
- [16] SCHLEMPER J, OKTAY O, SCHAAP M, et al. Attention gated networks: learning to leverage salient regions in medical images[J]. Medical Image Analysis, 2019, 53: 197-207.
- [17] ZHOU Z, RAHMAN Siddiquee M M, TAJBAKHS N, et al. UNet++: A nested u-net architecture for medical image segmentation[A]. Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support[C]. Spain: Springer, 2018. 3-11.
- [18] ROTH H R, LU L, FARAG A, et al. Spatial aggregation of holistically-nested networks for automated pancreas segmentation[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention[C]. Athens: Springer, 2016. 451-459.
- [19] CAI J, LU L, XIE Y, et al. Improving deep pancreas segmentation in CT and MRI images via recurrent neural contextual learning and direct loss function[A]. International Conference on Medical Image Computing and Computer-

- Assisted Intervention [C]. Quebec : Springer , 2017 . 674 - 682 .
- [20] ROTH HR , LU L , LAY N , et al . Spatial aggregation of holistically-nested convolutional neural networks for automated pancreas localization and segmentation [J] . Medical Image Analysis , 2018 , 45 : 94 - 107 .
- [21] LI J , LIN X , CHE H , et al . Probability map guided bi-directional recurrent unet for pancreas segmentation [DB/OL] . Arxiv : 1903 . 00923v3 , 2019-03-03/2020-01-15 .
- [22] ASATURYAN H , GLIGORIEVSKI A , VILLARINI B . Morphological and multi-level geometrical descriptor analysis in CT and MRI volumes for automatic pancreas segmentation [J] . Computerized Medical Imaging and Graphics , 2019 , 75 : 1 - 13 .

作者简介



王瑞豪 男,1995 年 4 月出生,安徽阜阳人.现为江苏大学计算机科学与通信工程学院硕士研究生,主要研究方向为医学图像处理与分析.

E-mail:2221808037@stmail.ujs.edu.cn



刘 哲(通信作者) 女,1982 年 1 月出生,吉林辽源人.现为江苏大学计算机科学与通信工程学院教授,主要研究方向为医学图像处理与分析、数据挖掘、模式识别.

E-mail:lzhe@ujs.edu.cn