

基于TensorMixup的脑胶质瘤全自动分割

计亚荣,王瑜,肖洪兵,邢素霞
北京工商大学人工智能学院,北京 100048

【摘要】脑胶质瘤及其子区域的全自动分割对临床脑胶质瘤患者的诊断、治疗与病情监控具有重要意义。本文改进传统Mixup方法,提出TensorMixup模型,并将其应用于三维U-Net脑胶质瘤分割任务。算法核心思想包括,首先从两位患者相同模态的核磁共振脑影像中分别获取肿瘤区域所在边界框的图像序列,并从获取的图像序列中选取尺寸为 $128 \times 128 \times 128$ 体素的图像块,然后使用一个所有元素均独立采样于贝塔分布的张量,混合图像块的信息,接着将上述张量映射为矩阵,用于混合图像块的独热编码标签序列,从而合成新图像及其标注数据,最后使用合成数据训练模型,以提高模型的分割精度。在BraTs2019数据集的测试结果显示,本文算法在完整肿瘤、肿瘤核心与增强肿瘤区域的平均Dice值依次可达91.32%、85.67%与82.20%,证明使用TensorMixup进行脑胶质瘤分割,具有可行性与有效性。

【关键词】脑胶质瘤;TensorMixup;Mixup;数据增强;深度学习

【中图分类号】R318;TP391

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2022)12-1502-08

Fully automated glioma segmentation based on TensorMixup

Ji Yarong, WANG Yu, XIAO Hongbing, XING Suxia

School of Artificial Intelligence, Beijing Technology and Business University, Beijing 100048, China

Abstract: The automated segmentation of glioma and its subregions is of great significance for the diagnosis, treatment and monitoring of brain cancer. A data augmentation method called TensorMixup is proposed based on the improvement of traditional Mixup, and it is applied to the three-dimensional U-Net for glioma segmentation. The image patches with the size of $128 \times 128 \times 128$ voxels are selected according to glioma information of ground truth labels from the magnetic resonance imaging data of any two patients with the same modality. A tensor in which all elements are independently sampled from Beta distribution is used to mix the image patches, and then the tensor is mapped to a matrix which is used to mix the one-hot encoded labels of the above image patches, so as to synthesize a new image and obtain its encoded labels. The model is trained using the synthetic data for improving the segmentation accuracy. The experiment on the proposed algorithm on BraTs2019 data set shows that the mean Dice coefficients are 91.32%, 85.67%, and 82.20% in the whole tumor, tumor core, and enhancing tumor region, respectively, which indicates that TensorMixup is feasible and effective for glioma segmentation.

Keywords: glioma; TensorMixup; Mixup; data augmentation; deep learning

前言

脑胶质瘤是最为常见的恶性脑肿瘤,由水肿、坏死、增强肿瘤与非增强肿瘤组成,其位置、形态与大小均不固定,且与周围组织相互浸润,边界模糊,即

使专家也难以对其准确定位^[1]。近年来,核磁共振成像(MRI)技术已经成为脑胶质瘤诊疗的主要技术手段,同时借助计算机自动检测患者脑瘤的位置、形态等信息,已经成为当前的研究热点^[2]。本研究使用算法将MRI影像中的体素分为水肿、坏死&非增强肿瘤、增强肿瘤与背景4类,并依据算法对完整肿瘤(the Whole Tumor, WT)、肿瘤核心(Tumor Core, TC)与增强肿瘤(Enhancing Tumor, ET)分割精度的高低来评估算法性能,其中TC由坏死、非增强肿瘤以及增强肿瘤组织构成^[3]。随着计算性能的大幅提升,大量的深度学习算法相继被提出,尤其是基于监督学习的三维U-Net(3DUNet)因其跳跃连接与编码-解码

【收稿日期】2022-06-20

【基金项目】北京市自然科学基金-北京市教育委员会科技计划重点项目(KZ202110011015)

【作者简介】计亚荣,硕士研究生,主要从事图像处理与机器学习的研究, E-mail: 2470214219@qq.com

【通信作者】王瑜,博士,教授,主要从事图像处理与模式识别的研究, E-mail: wangyu@btbu.edu.cn

的U型结构,可以充分结合图像高低层语义特征,被广泛用于脑胶质瘤分割领域^[4-7]。

在脑肿瘤的分割研究中,一般会出现类别不平衡的问题。这是由于在患者的MRI影像中,WT的体积只占整幅脑影像的1.54%左右^[8],TC与ET所占的体积则更小,这会使模型在训练中接触较多的负样本特征,不利于模型充分学习肿瘤特征,尤其是TC与ET的特征,进而严重影响模型对TC与ET区域的分割精度。针对该问题,Wang等^[9]采用3个级联的全卷积神经网络依次分割WT、TC与ET,从而将多分类任务降解为一系列二分类任务,简化整体体系结构。Li等^[10]和Mckinley等^[11]采用焦点损失函数,通过减少负样本的权重,使得模型在训练中更专注于正样本的特征,从而缓解类不平衡问题。

构建脑胶质瘤分割模型,需使用大量有标注的MRI数据训练网络,而目前有标注的医学数据较为稀缺。这是由于对医学图像的标注一般需由经验丰富的专业人员来完成,这种方式耗时费力,成本较高,导致可用于模型训练的数据较少。针对该问题,一般使用基本的数据增强技术如翻转、旋转与缩放等方法对原始数据进行变换,以扩充数据集^[12-14],而众多研究表明,这些方法只能为模型性能带来微小提升^[14-17]。近年来,一种基于插值的数据增强技术-Mixup被提出^[18],该方法将随机选取的两幅图像及其独热编码标签以凸组合的方式结合,从而合成新的图像及其标签序列,使用合成的新数据训练模型,可获得良好的数据增强效果。目前越来越多的研究者基于Mixup方法实现数据增强,例如:Mathur等^[19]提出拉德马赫配对采样Mixup的方法,防止模型对急性淋巴白血病细胞数据的过度记忆;Guo^[20]将Mixup应用于文本分类任务,提出使用矩阵混合文本数据的信息,从而以非线性混合的方式,进一步扩充实验数据的种类与范围。然而在图像分割尤其是脑胶质瘤分割领域,基于Mixup的数据增强研究仍处于起步阶段。Zach等^[21]基于该法提出mixmatch的方法,使得被混合的样本以特定的准则进行匹配从而合成新样本,而且论文证实将Mixup应用于脑胶质瘤分割,可有效提升模型性能。Yin等^[22]提出Tumor Mixup方法,首先使用掩膜处理两位患者的脑影像,然后使用Mixup方法混合处理后的图像,使得合成图像包含两位患者的肿瘤特征,该方法可有效改善模型的分割效果,然而因部分合成数据的肿瘤结构遭到破坏,使得模型仍有较大的改进空间。上述两种方法虽在一定程度上改善了脑胶质瘤分割模型的性能,但都没有充分考虑如何获取高质量且多种类的合成数据。因此,本文提出一种新的数据

增强方法-TensorMixup,该方法首先从随机选取的两幅脑影像中,分别获取包含感兴趣区域(Regions of Interest, ROI)且具有固定尺寸的图片块,然后使用一个张量混合图像块的信息,接着依据标签图像转化为独热编码标签的变换方式,将张量映射为矩阵,使用矩阵混合图像块的独热编码标签序列,从而合成新的图像与标注数据。本文算法只混合图像ROI的信息,替代Mixup方法直接混合完整图像的方式,具有更高的混合效率;另外,本文算法在每次混合过程中采用一个张量为所有体素对分配不同的混合策略,替代Mixup中所有体素对共用一种混合策略的方式,可以合成更加多样化的数据;最后本文算法将张量映射为能够混合独热编码标签序列的矩阵,从而解决新图像标注数据较难合成的问题。实验结果显示,本文算法可改善脑胶质瘤分割中的数据不足与类不平衡问题。

1 方法

1.1 数据预处理

本研究使用多模态脑肿瘤图像分割挑战赛(Brain Tumor Image Segmentation Challenge, BraTs)提供的2015与2019年数据进行实验,其中,BraTs2019与BraTs2015分别包含335和274例患者数据。所有数据均已经过图像配准、空间标准化以及去头盖骨操作,其图像大小均为240×240×155体素,每位患者数据包括4幅不同模态的图像以及1幅专家标注图像,其中4幅不同模态图像分别为T₁加权MRI(T₁-weighted MRI, T₁)、对比度增强的T₁加权MRI(T₁-weighted MRI with contrast enhancement, T₁ce)、T₂加权MRI(T₂-weighted MRI, T₂)与流体衰减反转恢复图像(Fluid-Attenuated Inversion Recovery, FLAIR)^[23],不同模态图像可提供肿瘤内不同组织的信息,因此每位患者的4幅模态图像均被用来训练分割模型,患者的图像数据如图1所示。

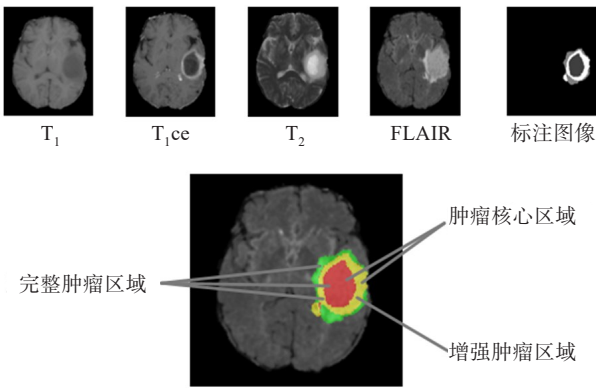


图1 1例患者的图像数据
Figure 1 Image data of a patient

BraTs 提供的数据仅经过初步的预处理,还需使用 N4ITK 偏置场校正法去除图像的强度不均匀性^[6],使用 Z-Score 标准化方法将所有数据的数值统一到一个较小的范围内,同时使图像的数值呈现正态分布,以便模型在训练过程中的数值计算。本研究对每位患者的 4 幅模态图像单独做标准化处理, Z-Score 标准化公式如式(1)所示:

$$X = \frac{X - \bar{X}}{X_{\text{std}}} \quad (1)$$

其中, X 表示患者的 1 幅模态图像, \bar{X} 为 X_{std} 所有体素的平均值, X_{std} 为 X 所有体素的标准差值。

1.2 数据增强-TensorMixup

对图像进行预处理后,需使用本文算法-TensorMixup 进行数据增强,以扩充实验数据的种类与数量。本章节将首先介绍传统 Mixup 方法,然后详细介绍 TensorMixup 及其在脑胶质瘤分割中的应用。

1.2.1 Mixup Mixup 是由 zhang 等^[18]基于邻域风险最小化准则提出来的^[24],最初被用于图像分类任务,该方法以凸线性组合的方式,对样本数据 (x_i, y_i) 、 (x_j, y_j) 中的输入与目标值分别进行线性插值,从而合成新的样本 (x, y) 。Mixup 算法公式如式(2)、式(3)所示:

$$x = \lambda * x_i + (1 - \lambda) * x_j \quad (2)$$

$$y = \lambda * y_i + (1 - \lambda) * y_j \quad (3)$$

其中, x 表示合成样本的输入, y 表示 x 的独热编码标签, y_i, y_j 分别表示原始样本输入 x_i, x_j 对应的独热编码标签, λ 为一个随机采样于 Beta(α, α) 分布的标量,在每次混合过程中产生的 λ 值均不固定,其范围为 $[0, 1]$ 。 α 为一个控制 λ 分布情况的超参数,其范围为 $[0, +\infty)$, Zhang 等^[18]的研究证实,当 $\alpha=0$ 时意味着不使用 Mixup 方法;当 $\alpha=1$ 时, Beta(α, α) 分布相当于 $(0, 1)$ 均匀分布;当 $\alpha>1$ 时, Beta(α, α) 分布类似于正态分布;当 $\alpha \rightarrow +\infty$ 时, λ 值恒为 0.5,因此使用 Beta(α, α) 分布采样相当灵活。

本文最初将 Mixup 用于脑胶质瘤分割,给定两位患者相同模态的 MRI 脑影像 X_i, X_j , 其对应的独热编码标签分别为 Y_i, Y_j , 现使用标量 λ 混合两幅脑影像的信息,混合过程如式(4)、式(5)所示。待合成新数据 (X_s, Y_s) 后,将其送入神经网络中训练模型。

$$X_s = \lambda * X_i + (1 - \lambda) * X_j \quad (4)$$

$$Y_s = \lambda * Y_i + (1 - \lambda) * Y_j \quad (5)$$

1.2.2 TensorMixup 为充分发挥混合增强算法对脑胶质瘤分割的作用,本文改进 Mixup, 提出 TensorMixup 算法,该方法主要包括 3 个步骤:肿瘤图像块(指肿瘤特征量远多于正常组织的图像块)选取、肿瘤图像块混合、独热编码标签混合。

(1) 肿瘤图像块选取。TensorMixup 只混合图像

ROI 的信息。1.2.1 描述了使用 Mixup 直接混合完整脑影像以实现脑瘤分割,而在该混合过程中容易出现类别不平衡问题,这是因为在患者脑影像中,肿瘤的体积远小于整个大脑体积,且两幅图像的肿瘤区域所在位置并不一致,从而使得在混合过程中,一幅图像的肿瘤特征极有可能与另一幅图像的背景特征发生了融合,导致在合成图像中包含肿瘤特征的区域可能同时包含较大比例的背景特征,这反而会减少合成图像的肿瘤特征量,不利于模型优化。因此本文在 TensorMixup 方法中,只混合两幅图像肿瘤区域的信息,为实现这一目的,需在两幅图像中分别选取肿瘤图像块。

获取肿瘤图像块的具体过程是:①对随机选取的两位患者同一模态下的两幅脑影像进行预处理,预处理操作如 1.1 节所述;②从原始图像的标注数据中确定肿瘤的边界框信息,依据边界框信息从预处理后的图像中获取肿瘤所在边界框的图像序列;③确保获取的图像序列在各维度的尺寸均 ≥ 128 : 由于肿瘤大小不固定,使得获取的图像序列在某一维度的尺寸可能不足 128,而本文使用的深度神经网络在训练阶段要求输入图像的尺寸为 $128 \times 128 \times 128$ 体素,针对这种情况,需在不满足要求的图像序列周围填充 0,使其在各维度的尺寸至少为 128;④从处理后的两幅图像序列中分别选取 $128 \times 128 \times 128$ 的图像块,从而获得一对肿瘤图像块。在对图像进行上述操作的过程中,对其标注图像也进行相应的处理。

(2) 肿瘤图像块混合。获取肿瘤图像块后, TensorMixup 使用一个张量 A 混合图像块的信息,进而合成新的图像序列,图像混合过程如式(6)所示:

$$X = A \odot X_1 + (1 - A) \odot X_2 \quad (6)$$

其中,由小节(1)获取的肿瘤图像块分别用 X_1, X_2 表示,合成图像块用 X 表示, A 为所有元素均采样于 Beta(α, α) 分布的张量,其尺寸与图像块完全一致, ' \odot ' 表示哈达玛积运算,图 2 为使用 TensorMixup 对两位患者的 FLAIR 模态图像进行混合的过程,为更清晰地显示图像的病灶区域,本文将图像以暖色图的形式呈现。

Mixup 每次只使用一个标量 λ 混合两幅真实图像,这使得图像中所有位置的体素对均按照 λ 与 $1-\lambda$ 的权值加权相加,而张量 A 的每一个元素均随机采样于 Beta(α, α) 分布,因此在使用 TensorMixup 混合图像对时,图像中不同位置的体素对,会按照不同的 λ 与 $1-\lambda$ 值加权相加,从而可合成更加多样化的新图像。假设用于模型训练的实验数据只有两幅图像,如果将两幅图像分别表示为样本空间中的点 A 与 B(图 3),

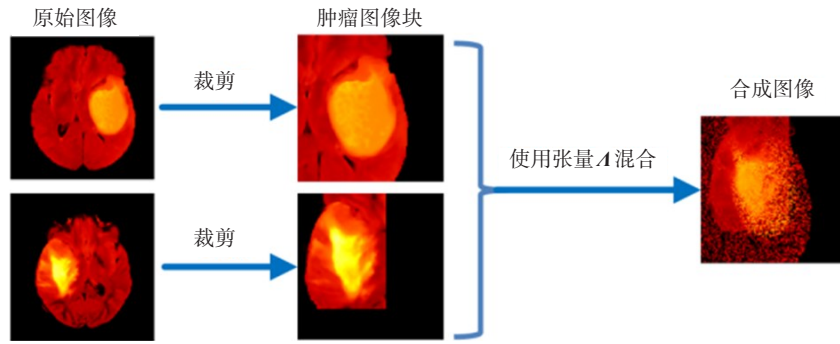


图2 使用 TensorMixup 合成新图像的过程

Figure 2 Generating a synthetic image using TensorMixup

那么使用 Mixup 混合两幅图像后,合成图像在样本空间中表征的点只能位于线段 AB 上,在使用 Mixup 并按照不同的标量值 λ 混合图像对 (A, B) 时,合成的图像数据点均出现在线段 AB 上,此时线段 AB 的样本点会被逐渐连续化,而 AB 邻域内的其他空间,并没有被填充合成样本点,因此这些区域依然为空。但使用 TensorMixup 混合两幅图像时,由于对两幅图像中不同位置的体素对使用了不同的混合标量,使得合成图像在样本空间中表征的点并不局限在线段 AB 上,也会出现在 AB 之外的邻域内,因此本文使用张量 A 作为混合参数,合成新图像,这可以补充样本空间中 AB 邻域内的空白区域,弥补 Mixup 在数据扩充范围上的缺陷,使得数据的样本空间得到进一步的连续化^[25]。

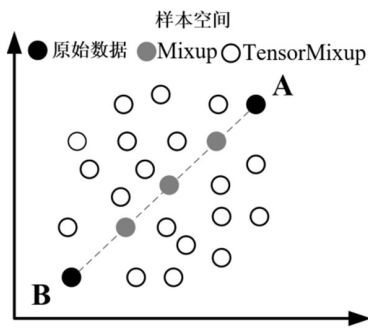


图3 合成数据在样本空间的分布图

Figure 3 Distribution map of synthetic data in sample space

(3) 独热编码标签混合。基于分类的深度学习模型在进行每一次迭代训练前,一般需将输入的标注数据转换为独热编码标签序列,才可进一步求取损失函数值。本文若按式(6)直接混合两幅原始的标签图像,则合成标签的元素为非整型数值,这将使得合成标签无法转换为独热编码标签序列,影响损失函数值的计算,进而导致合成数据不能用于模型训练。为避免此问题, TensorMixup 首先将 X_1 、 X_2 的

标签图像转化为独热编码序列 Y_1 、 Y_2 ,再混合 Y_1 、 Y_2 ,以合成新图像的独热编码标签 Y 。

在将标签图像转换为独热编码序列时,首先需对其向量化,即将标签图像由三维张量转变为一维向量,然后将向量中的每一个元素都编码为一个 k 维的二值向量, k 表示模型预测的类别个数,因本研究为脑瘤分割的四分类任务,所以 k 值为 4,由此, X_1 、 X_2 的标签图像可被编码为两个二维矩阵 Y_1 、 Y_2 。 Y_1 、 Y_2 的尺寸均为 $128^3 \times 4$,矩阵行数为 X_1 、 X_2 标签图像中体素的总个数,矩阵每一行的 4 个元素,表示该行在 X_1 、 X_2 中对应的体素分别属于 4 个类别的真实概率。

获取肿瘤图像块的独热编码标签序列后,需对其进行混合。由于 Y_1 、 Y_2 为二维矩阵,而张量 A 、 $1-A$ 均为三维张量,因此混合独热编码标签时,已不能采用与图像混合过程相同的方式。为解决此问题,本文依据原始标签转化为独热编码标签的变换方式,将混合张量 A 进行相应变换,映射为 A^* ,使得 A^* 的所有元素与 Y_1 元素一一对应,使用 A^* 混合 Y_1 、 Y_2 。

张量 A 映射为 A^* 的具体过程为:首先将 A 转换为一维列向量,列向量用 A_v 表示,其中 A_v 的第 i ($i \in [0, 128^3)$) 维元素 m ($m \in A_v$),为应用于 X_1 第 i 个体素的权值,也表示应用于 Y_1 第 i 行向量的权值,为使得 Y_1 、 Y_2 在混合时的各元素与混合矩阵一一对应,本文使用 A_v 构建出 $128^3 \times 4$ 的混合矩阵 A^* , A^* 与 A_v 的关系如式(7)所示, A_v 与 A 的关系如式(8)所示:

$$A^* = f(A_v) = [A_v, A_v, A_v, A_v] \quad (7)$$

$$A_v = \text{vec}(A) \quad (8)$$

其中, vec 表示对张量 A 的向量化操作。

将原始标签与混合张量进行相应变换后,即可混合标签数据,混合过程如式(9)所示,待新数据 (X , Y) 合成后,可直接将其送入神经网络求取损失函数值并优化网络参数。

$$Y = A^* \odot Y_1 + (1 - A^*) \odot Y_2 \quad (9)$$

1.3 模型训练

本文使用合成数据与真实数据联合训练 3DUNet,以实现脑胶质瘤的全自动分割。

1.3.1 3DUNet 网络 本文选用的3DUNet由编码段和解码段组成,编码段提取输入图像的高水平语义特征,解码段依据提取到的特征,重新定位出ROI的结构。编码段由5个上下文模块组成,每个模块包含两个卷积层与一个dropout层。解码段主要由位置模块和上采样模块组成,位置模块包含两个尺寸为3,步长为1的卷积层,上采样模块包含一个上采样层和一

个尺寸为3,步长为1的卷积层;解码段使用4次上采样操作,将提取自编码段的低分辨率特征图转换为高分辨率特征图,实现端到端的分割,同时采用深度监督方式,在网络中加入3个分割层,并将各分割层的输出特征融合后,送入softmax层得到模型的输出概率图。除此之外,3DUNet还使用跳跃连接结构,将同一水平来自于解码段与编码段的高低层语义特征相结合,弥补因上采样操作导致的图像细节特征丢失问题,可有效提升模型精度^[3]。网络结构如图4所示。

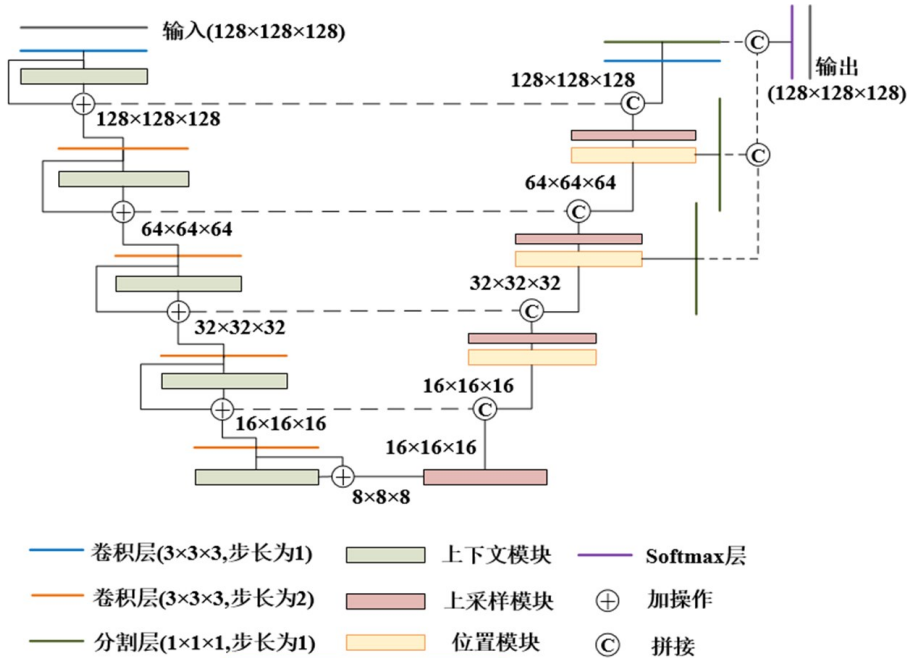


图 4 3DUNet网络结构图
Figure 4 3DUNet architecture

1.3.2 联合训练 网络的训练过程主要分为两个阶段。第一阶段:在该阶段的每一次迭代中,使用由TensorMixup算法实时合成的数据训练网络,该阶段的初始学习率为1e-03,经过一段时间的训练后,模型的分割精度不再提升且逐渐呈下降趋势,此时结束该阶段的训练;第二阶段:该阶段使用预处理后的真实数据,继续优化上一阶段获取的模型,使得模型性能达最优,该阶段的初始学习率为1e-04,另外,该阶段对真实数据进行基本数据增强,以防止模型在训练后期出现过拟合现象,基本增强方法主要有:翻转(水平、垂直),旋转(90°、180°、270°),加高斯噪声,改变亮度以及弹性畸变。除此之外,在两个阶段的训练过程中,网络使用Adam优化器与leaky ReLU激活函数,采用实例标准化方式与焦点损失函数,设置衰减率为1e-05,dropout值为0.5,批大小为2,epoch的个数为200。

2 实验与结果分析

2.1 模型评价指标

在模型被训练到一定程度后,本研究使用Dice相似度系数(Dice)、敏感度(Sensitivity)、特异性(Specificity)与豪斯多夫距离(Hausdorff),分别评估模型在WT、TC与ET区域的分割精度,其中,Dice系数是最具综合性的评价指标,本文将其作为模型的主要评价指标,并采用95%的豪斯多夫距离度量模型对肿瘤边界的分割精度。

2.2 实验设置

本文使用Pytorch深度学习框架,Python3.7搭建网络模型,并使用Nvidia RTX 2080 Ti GPU实现算法计算,使用BraTs2015数据进行参数调节,获取最优的实验设置,使用BraTs2019数据获取最优模型,并验证所提算法的有效性。本文采用五折交叉验证法

训练模型^[26],为节约计算资源,训练阶段模型的输入为128×128×128体素的图像块,其第一阶段的输入图像块由TensorMixup合成,第二阶段的输入图像块取自经由基本增强方法处理后的图像。测试阶段需在预处理的图像周围填充0,使图像维度扩增为240×240×160体素,以方便训练中的卷积运算。

参数 α 的取值决定着张量 \mathcal{A} 各元素的分布情况,为选取合适的 α 值,本文将 α 设为0.3、0.4、0.5、0.6、1与1.1,并在BraTs2015数据集上分别训练3DUNet网络,6组模型在WT的平均Dice系数值随迭代次数的变化情况如图5所示,当参数 α 为0.5时,Dice值多次接近或达到0.9,且其波动范围较稳定,在训练后期仍有上升趋势,因此本文采取 $\alpha=0.5$ 进行实验。

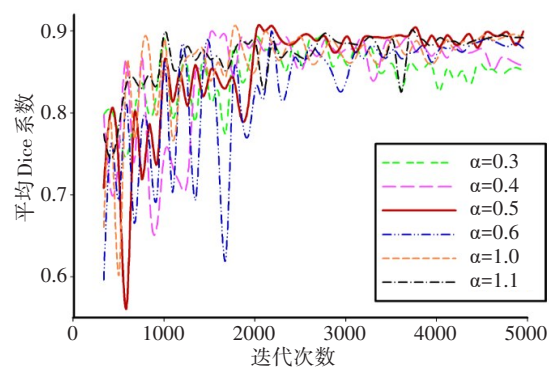


图5 不同 α 值在WT区域的平均Dice系数值
Figure 5 Mean Dice coefficients of different α in WT

2.3 实验结果分析

2.3.1 TensorMixup 中两处改进的有效性 本文基于Mixup方法做出两处改进,提出TensorMixup方法,两处改进分别为:使用张量混合图像信息、混合图像的ROI。为验证两处改进的有效性,本文使用3种混合方法在BraTs2015数据集上分别训练3DUNet网络,3种混合方法依次是:使用标量混合整幅影像方法(即传统Mixup方法)、使用标量混合图像ROI方法、使用张量混合图像ROI方法(即本文提出的TensorMixup方法),除使用了不同的混合方法外,3组模型的其余设置均相同,均被训练190个epoch,其实验结果如表1所示。

将表1中使用标量混合ROI的方法与TensorMixup方法进行对比,发现使用TensorMixup方法在TC与ET的平均Dice系数要比使用标量混合ROI的方法依次高出1.33%与0.46%,这说明使用张量混合图像信息,有益于提升模型对TC与ET的分割精度。与传统Mixup方法相比,使用标量混合ROI的方法在WT、TC与ET区域的平均Dice系数值依次提升0.6%、0.7%和1.44%,由此可见,混合图像ROI的信息,在一定程度上可以更好地发挥混合算法的作用,更有益于提升模型的分割性能。另外,通过表1可以看出,使用标量混合ROI的方法在3种区域的平均豪斯多夫距离值均低于另外两种方法,说明该方法构建的模型能够更精确地分割出病灶区域的边界,这可能也是其能够以91.04%的精度分割出WT

表1 3种混合方法的实验结果
Table 1 Experimental results of 3 mixed methods

| 混合方法 | 平均Dice系数/% | | | 平均敏感度/% | | | 平均豪斯多夫距离/mm | | |
|------------------------|------------|-------|-------|---------|-------|-------|-------------|-------|-------|
| | WT | TC | ET | WT | TC | ET | WT | TC | ET |
| 使用标量混合图像(Mixup) | 90.44 | 86.02 | 81.24 | 91.23 | 85.27 | 84.30 | 16.58 | 23.02 | 22.02 |
| 使用标量混合ROI | 91.04 | 86.72 | 82.68 | 90.37 | 88.16 | 82.97 | 12.21 | 11.15 | 8.54 |
| 使用张量混合ROI(TensorMixup) | 89.68 | 88.05 | 83.14 | 92.02 | 86.14 | 86.58 | 20.17 | 11.53 | 9.57 |

的原因之一。综上所述,TensorMixup中的两处改进对分割模型性能的提升具有促进作用。

2.3.2 TensorMixup 的有效性 为验证本文算法的有效性,本研究在BraTs2019数据集上,使用TensorMixup(TM)、Mixup(M)与基本数据增强方法(Base Data Augmentation, BA)训练3DUNet网络,分别得到3DUNet+TM、3DUNet+M、3DUNet+BA模型。每组模型均经过190个epoch的训练,除使用了不同的增强方法外,3组模型的其余设置均相同,3组模型的分割结果如表2所示。

表2显示3DUNet+TM模型在WT、TC与ET的

平均Dice系数依次可达91.32%、85.67%与82.20%,与其他对比模型相比,效果可达最优,这证明在脑胶质瘤分割任务中,TensorMixup是一种有效的数据增强技术。另外,通过表2可以发现,使用3DUNet+TM模型分割ET后,其平均Dice值达最高,平均豪斯多夫距离值最低,且其敏感度仅比最高值低0.75%,这表明TensorMixup有益于ET及其边界的分割。

另外,通过分析表2数据发现,3DUNet+TM模型与3DUNet+M模型的分割结果在整体上优于仅使用基本增强方法训练出的模型,且上述两种模型在3种区域的平均Dice系数值均高出3DUNet+BA模型

表 2 不同增强方法的分割结果对比

Table 2 Comparison of segmentation performances of different augmentation methods

| 分割模型 | 平均Dice系数/% | | | 平均敏感度/% | | | 平均豪斯多夫距离/mm | | | 平均特异性/% | | |
|-----------|------------|-------|-------|---------|-------|-------|-------------|------|------|---------|-------|-------|
| | WT | TC | ET | WT | TC | ET | WT | TC | ET | WT | TC | ET |
| 3DUNet+BA | 89.79 | 85.13 | 80.90 | 94.08 | 87.46 | 80.77 | 13.61 | 7.47 | 5.45 | 99.84 | 99.94 | 99.96 |
| 3DUNet+M | 90.55 | 85.46 | 81.61 | 93.54 | 85.41 | 88.22 | 10.06 | 9.98 | 6.48 | 99.89 | 99.96 | 99.94 |
| 3DUNet+TM | 91.32 | 85.67 | 82.20 | 90.23 | 85.88 | 87.47 | 10.88 | 8.71 | 4.73 | 99.93 | 99.96 | 99.95 |

0.33% 以上,这证实了在脑胶质瘤分割任务中使用混合算法进行数据增强具有一定的实际意义,也说明混合算法在一定程度上要比基本的数据增强方法更有利于提高模型的分割性能。

图6是使用3DUNet+BA、3DUNet+M与3DUNet+TM模型对BraTs2019数据集中编号为BraTs_TCIA01_231_1病例的FLAIR模态图像进行脑胶质瘤分割的结果图,3组模型在训练过程中未接触过该病例数据。可以发现,在3DUNet+BA与3DUNet+M模型的分割结果中,肿瘤区域外部存在较多零散的假阳性区域,3DUNet+BA模型在冠状面的分割结果显示,其将两处坏死区域预测为一片连通区域,与上述两种模型相比,3DUNet+TM模型可以更准确地识别肿瘤组织,其分割结果边界光滑,纹理清晰,更贴合真实图像,且仅存在微小的假阳性区域,因此更适用于临床。

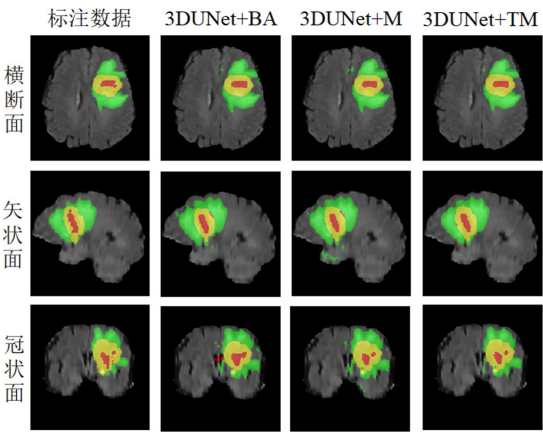


图 6 3 组模型对病例的分割结果图

Figure 6 Segmentation results obtained by 3 models

绿色:水肿;黄色:增强肿瘤;红色:坏死与非增强肿瘤

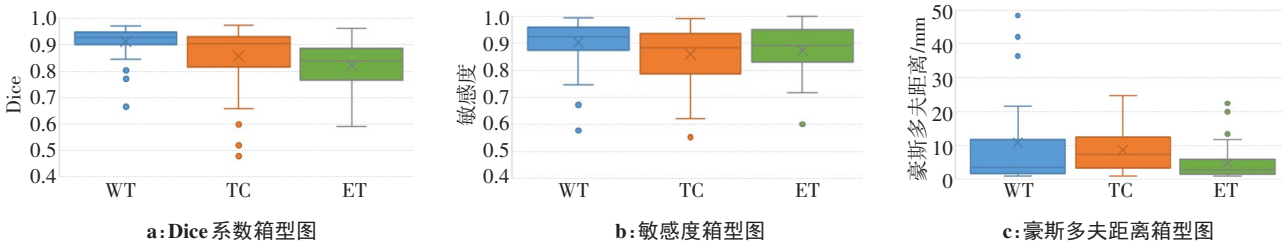


图 7 TensorMixup 模型在 3 种区域的评估结果箱型图

Figure 7 Box plots of the evaluation results of TensorMixup model in WT, TC and ET

为分析所提算法的整体分割能力,本研究使用基于 TensorMixup 方法的 3DUNet+TM 模型分割 BraTs2019 所有测试数据,并对分割结果进行评估,所有测试数据的评估结果以箱型图的形式展现,如图 7 所示,图中矩形盒内线段表示的数值为所有结果的中值,符号“×”表示的数值为所有结果的平均值。由图 7a 可知,3DUNet+TM 模型分割各测试数据 WT 的 Dice 系数值基本可达 0.9 以上,分割 TC 与 ET 的 Dice 系数值基本可达 0.8 以上,其中,模型分割所有测试数据 TC 的 Dice 系数值中值可达 0.9,而其平均值却只有 0.82,这说明,3DUNet+TM 模型分割 TC 的精度一般在 0.9 左右,但识别极个别数据 TC 的精度较低,导致其平均 Dice 值与中值 Dice 值差距较大;由图 7b 可知,3DUNet+TM 模型分割 WT 的敏感度在 0.9 左右,分割 TC 的敏感度在 0.86 左右,分割 ET 的敏感度大致在 0.9 左右;由图 7c 可知,3DUNet+TM 模型分割所有测试数据 WT 的豪斯多夫距离中值在 5 mm 以下,而平均值却达 10 mm,这说明模型分割 WT 的豪斯多夫距离值一般在 5 mm 左右,但对极个别数据 WT 区域边界的分割精度较低,从而拉低了模型的平均分割精度,而模型分割 TC 的豪斯多夫距离值基本处于 10 mm 以下,分割 ET 的豪斯多夫距离值基本为 1~6 mm,说明 TensorMixup 方法可以较为准确地识别出 ET 区域的边界。

2.3.3 与其他混合增强算法的对比 为进一步验证本文算法对脑胶质瘤分割的增强性能,本文选用 Tumor Mixup^[22] 和 CutMix^[27] 算法与 TensorMixup 进行对比,并使用 3 种算法在 BraTs2019 数据集上分别训练 3DUNet 网络,实验结果如表 3 所示。结果显示,

TensorMixup 模型在 3 种区域的分割精度高于 CutMix、Tumor Mixup 模型,这说明本文算法具有一定优越性。两种对比模型在 TC 与 ET 的 Dice 值明显低于 TensorMixup 模型,这可能是因为在混合过程中,并未考虑原始图像中肿瘤的位置信息,使得合成图像中肿瘤的拓扑结构遭到破坏,从而影响模型的分割精度。

表3 不同混合算法的平均Dice系数对比(%)
Table 3 Comparison of different mixed methods (%)

| 混合算法 | WT | TC | ET |
|-----------------------------|-------|-------|-------|
| CutMix ^[27] | 87.56 | 80.37 | 76.96 |
| Tumor Mixup ^[22] | 87.73 | 80.13 | 78.35 |
| TensorMixup | 91.32 | 85.67 | 82.20 |

3 结 论

本文针对标注数据不足问题,提出一种基于 TensorMixup 的脑肿瘤分割算法,首先从随机选择的两位患者 MRI 脑影像中获取各自的肿瘤图像块,同时获取肿瘤图像块的独热编码标签序列,然后使用一个张量 A 混合两种图像块,使用张量 A 的映射 A^* 混合两种独热编码标签序列,从而合成新的图像及其标注数据,用于模型训练。实验结果表明,本文算法在 WT、TC 与 ET 的 Dice 系数值依次可达 91.32%、85.67% 与 82.20%,证明该算法具有可行性。

【参考文献】

[1] Kleihues P, Burger PC, Scheithauer BW. The new WHO classification of brain tumors[J]. Brain Path, 1993, 3(3): 255-268.

[2] 计亚荣,王瑜,付常洋,等. 基于典型相关分析与双模态数据融合的抑郁症辅助诊断[J]. 中国医学物理学杂志, 2021, 38(10): 1316-1320. Ji YR, Wang Y, Fu CY, et al. Aided diagnosis of major depressive disorder based on canonical correlation analysis and bimodal data fusion[J]. Chinese Journal of Medical Physics, 2021, 38(10): 1316-1320.

[3] 江宗康,吕晓钢,张建新,等. MRI 脑肿瘤图像分割的深度学习综述[J]. 中国图象图形学报, 2020, 25(2): 215-228. Jiang ZK, LÜ XG, Zhang JX, et al. Review of deep learning methods for MRI brain tumor image segmentation[J]. Journal of Image and Graphics, 2020, 25(2): 215-228.

[4] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation[C]//International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2015: 234-241.

[5] Dong H, Yang G, Liu F, et al. Automatic brain tumor detection and segmentation using U-Net based fully convolutional networks[C]//Annual Conference on Medical Image Understanding and Analysis. Cham: Springer, 2017: 506-517.

[6] Isensee F, Kickingereder P, Wick W, et al. Brain tumor segmentation and radiomics survival prediction: contribution to the brats 2017 challenge[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2017: 287-297.

[7] Beers A, Chang K, Brown J, et al. Sequential 3D U-Nets for

biologically-informed brain tumor segmentation[J]. arXiv preprint arXiv: 1709. 02967, 2017.

[8] Banerjee S, Mitra S, Shankar BU. Multi-planar spatial-ConvNet for segmentation and survival prediction in brain cancer[C]//International MICCAI Brain lesion Workshop. Spain: Granada, 2018: 94-104.

[9] Wang GT, Li W, Ourselin S, et al. Automatic brain tumor segmentation using cascaded anisotropic convolutional neural networks [C]//Proceedings of the 3rd International Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries. Canada: Quebec, 2017: 178-190.

[10] Li XY, Luo GN, Wang KQ. Multi-step cascaded networks for brain tumor segmentation [C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2019: 163-173.

[11] Mckinley R, Meier R, Wiest R. Ensembles of densely-connected CNNs with label-uncertainty for brain tumor segmentation[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Spain: Granada, 2018: 456-465.

[12] Pereira S, Pinto A, Alves V, et al. Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2016, 35(5): 1240-1251.

[13] Liu Y, Stojadinovic S, Hrycushko B, et al. A deep convolutional neural network-based automatic delineation strategy for multiple brain metastases stereotactic radiosurgery [J]. PLoS One, 2017, 12(10): e0185844.

[14] Mok TC, Chung AC. Learning data augmentation for brain tumor segmentation with coarse-to-fine generative adversarial networks[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 70-80.

[15] Nalepa J, Marcinkiewicz M, Kawulok M. Data augmentation for brain-tumor segmentation: a review [J]. Front Comput Neurosci, 2019, 13: 83.

[16] Shin HC, Tenenholtz NA, Rogers JK, et al. Medical image synthesis for data augmentation and anonymization using generative adversarial networks[C]//International Workshop on Simulation and Synthesis in Medical Imaging. Cham: Springer, 2018: 1-11.

[17] Dvornik N, Mairal J, Schmid C. On the importance of visual context for data augmentation in scene understanding[J]. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell, 2019, 43(6): 2014-2028.

[18] Zhang HY, Cisse M, Dauphin YN. Mixup: beyond empirical risk minimization[J]. arXiv preprint arXiv: 1710. 09412, 2017.

[19] Mathur P, Piplani M, Sawhney R, et al. Mixup multi-attention multi-tasking model for early-stage leukemia identification[C]//2020 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP). IEEE, 2020: 1045-1049.

[20] Guo H. Nonlinear Mixup: out-of-manifold data augmentation for text classification[C]//Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence. 2020: 4044-4051.

[21] Zach E, Felix B, Sebastien O. Improving data augmentation for medical image segmentation [C]//In International Conference on Medical Imaging with Deep Learning. 2020.

[22] Yin P, Hu Y, Liu J, et al. The tumor Mix-Up in 3D UNet for glioma segmentation [C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2019: 266-273.

[23] Menze BH, Jakab A, Bauer S, et al. The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS)[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2015, 34(10): 1993-2024.

[24] Chapelle O, Weston J, Bottou L, et al. Vicinal risk minimization[C]//Advances in Neural Information Processing Systems 13. USA: Denver, 2000: 416-422.

[25] Sun LC, Xia CY, Yin WP, et al. Mixup-Transformer: dynamic data augmentation for NLP Tasks[C]//Proceedings of the 28th International Conference on Computational Linguistics. Spain: Barcelona, 2020: 3436-3440.

[26] 李航. 统计学习方法[M]. 第2版. 北京: 清华大学出版社, 2019: 23-24. Li H. Statistical learning methods [M]. 2nd ed. Beijing: Tsinghua University Press, 2019: 23-24.

[27] Yun S, Han D, Oh SJ, et al. Cutmix: regularization strategy to train strong classifiers with localizable features[C]//Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision. IEEE, 2019: 6023-6032.

(编辑:薛泽玲)