

## 基于弱监督学习的双分支结直肠病理图像腺体分割

李子成<sup>1</sup>, 贾伟<sup>1,2</sup>, 赵雪芬<sup>1</sup>, 高宏娟<sup>1,2</sup>

1. 宁夏大学信息工程学院, 宁夏 银川 750021; 2. 宁夏“东数西算”人工智能与信息安全重点实验室, 宁夏 银川 750021

**【摘要】**现有弱监督分割方法难以获得结直肠病理图像的细粒度腺体特征,导致无法生成高质量伪标签的问题,影响腺体分割的效果。为了解决上述问题,提出一种基于弱监督学习的双分支结直肠病理图像腺体分割方法。首先,将patch级结直肠病理图像输入到第一个分支网络中,通过特征交互模块和亲和力注意力融合模块实现patch级图像的局部和全局特征的交互和融合,并获得细粒度腺体特征。然后,将图像级结直肠病理图像输入到第二个分支网络中,利用局部类激活注意力模块定位腺体位置,并获得粗粒度类激活图。最后,通过细粒度腺体特征和粗粒度类激活图,得到高质量伪标签,并在分割网络中经过跨尺度连接空间感知模块,实现腺体分割。实验结果表明,将所提方法在GlaS和CRAG两个结直肠病理图像数据集上进行实验,与其他分割方法相比取得较好的分割效果,验证所提方法的有效性。

**【关键词】**弱监督学习; 结直肠病理图像; 腺体分割; 伪标签; 类激活图

**【中图分类号】**R318; TP391

**【文献标志码】**A

**【文章编号】**1005-202X(2024)09-1104-011

## Gland segmentation in colorectal pathological image using dual-branch network based on weakly supervised learning

LI Zicheng<sup>1</sup>, JIA Wei<sup>1,2</sup>, ZHAO Xuefen<sup>1</sup>, GAO Hongjuan<sup>1,2</sup>

1. School of Information Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Ningxia Key Laboratory of Artificial Intelligence and Information Security for Channeling Computing Resources from the East to the West, Yinchuan 750021, China

**Abstract:** To address the issue that the existing weakly supervised segmentation methods have difficulties in obtaining fine-grained glandular features from colorectal pathological images, leading to the inability to generate high-quality pseudo-labels and compromising the gland segmentation performance, a dual-branch network based on weakly supervised learning is proposed for gland segmentation in colorectal pathological image. The patch-level colorectal pathological images are input into the first branch network, where the interaction and fusion of local and global features of patch-level images are achieved through the feature interaction module and affinity attention fusion module, and fine-grained glandular features are obtained. Subsequently, image-level colorectal pathological images are input into the second branch network, where the gland locations are located using the partial class activation attention module, and coarse-grained class activation maps are obtained. Finally, high-quality pseudo-labels are derived from the fine-grained glandular features and coarse-grained class activation maps, and gland segmentation is realized in the segmentation network through the cross-scale connected spatial perception module. The tests on two colorectal pathological image datasets (GlaS and CRAG) reveal that the proposed method is superior to other segmentation methods in segmentation performance, confirming its effectiveness.

**Keywords:** weakly supervised learning; colorectal pathological image; gland segmentation; pseudo-label; class activation map

### 前言

结直肠癌是发生在结肠的常见消化道上皮原性

恶性肿瘤<sup>[1-2]</sup>。近年来,我国结直肠癌的发病率呈现逐年上升的趋势,已经成为最常见、发病率最高的癌症之一。结直肠腺体的结构和形态是组织病理学研究诊断结直肠癌的重要标准,从病理图像中准确分割出腺体,定量分析腺癌的恶性程度以进行进一步诊断是病理医生的关键步骤<sup>[3]</sup>,并且腺体的形态和结构是决定腺癌分级分型的重要指标之一。因此,结直肠病理图像腺体分割一直是医学图像分析领域的研究热点。

随着深度学习的不断发展,腺体分割在病理学

**【收稿日期】**2024-04-10

**【基金项目】**国家自然科学基金(62062057, 12062021);宁夏自然科学基金(2022AAC03005)

**【作者简介】**李子成,硕士研究生,研究方向:医学图像处理与分析, E-mail: 18895010216@163.com

**【通信作者】**贾伟,博士,副教授,研究方向:医学图像处理与分析, E-mail: jiawnx@163.com

领域由传统的手工分割逐渐演进为基于模型算法的自动分割,这使得分割工作在高效性和准确性方面取得显著进步<sup>[4-5]</sup>。然而,基于深度学习的方法通常采用全监督学习的训练方式,这类方法在训练中需要大量的高质量标注数据才能保证分割的精确度。然而,这一标注过程需要经验丰富的病理医生进行标注,并且需要耗费大量时间和精力。由于腺体边界轮廓的复杂性,即使对于经验丰富的病理医生,在标注过程中也可能存在一定的误差。

近年来,为解决高质量标注数量不足的问题,一些学者研究基于弱监督学习的结直肠病理图像腺体分割方法,尝试将弱标注数据应用于结直肠病理图像腺体分割方法中,如图像级标签<sup>[6-8]</sup>、点标注<sup>[9-10]</sup>、涂鸦标注<sup>[11]</sup>和边界框标注<sup>[12]</sup>。虽然基于弱监督学习的分割方法是减少数据标注工作量的有效方法,但是目前流行且带有图像级标签的弱监督分割方法首先需要使用分类模型,然后生成类激活图(Class Activation Maps, CAM)<sup>[13]</sup>作为伪标签。经过细化后,利用伪标签训练一个独立的分割网络作为最终模型。例如Chen等<sup>[14]</sup>提出C-CAM方法,利用类别和因果关系,对医学图像进行分割。Chan等<sup>[15]</sup>提出HistoSegNet方法,利用GradCAM方法<sup>[16]</sup>在patch级注释上训练卷积神经网络,推断梯度加权类激活图。Li等<sup>[17]</sup>提出线上简单示例挖掘方法,通过学习卷积神经网络(Convolutional Neural Network, CNN)生成的CAM以及由此产生的高置信度伪标签,进行图像分割。

虽然现有的结直肠图像腺体分割方法取得一定的研究成果,但是现有分割方法在进行patch级和图像级的弱监督学习时,未能有效获取和利用腺体的patch级和图像级全局特征信息,导致生成的伪标签质量不佳,影响分割效果。

近年来,大量的研究和实验表明,由于Transformer网络<sup>[18]</sup>能够捕捉全局特征信息,在许多视觉应用中取得成功的应用<sup>[19-20]</sup>。在自然图像分割任务中,Transformer网络能够捕捉全局特征信息,实现全局特征关系建模,解决CNN不能有效捕获全局特征的问题<sup>[21]</sup>。

受到上述研究的启发,本文提出一种基于弱监督学习的双分支结直肠病理图像腺体分割(Double-Branch Colorectal Pathological Image Gland Segmentation Method based on Weak Supervised Learning, DCGW)方法,利用patch级图像和图像级标签训练双分支分割网络,获得高质量的伪标签,进而提升结直肠病理图像中腺体分割的准确性。

本文主要贡献包括以下3点:(1)提出DCGW方

法,该方法将patch级特征与图像级特征相融合,通过生成的细粒度CAM获得高质量的伪标签,并在分割过程中设计跨尺度连接空间感知模块(Cross Scale Connected Spatial Perception Module, CSPM)获取不同尺度的良恶性腺体特征。(2)第一个分支中,设计采用CNN与Transformer网络相结合的混合网络,用于获取融合patch级局部和全局特征信息,并设计特征交互模块(Feature Interaction Module, FIM),实现CNN和Transformer网络之间的特征信息交互。此外,在融合CNN和Transformer网络特征时,为有效融合感兴趣区域,抑制不相关区域的影响,提出亲和度注意力融合模块(Affinity Attention Fusion Module, AAFM)。(3)第二个分支中,设计局部类激活注意力模块(Partial Class Activation The Attention Module, PAAM),能够对因受到癌细胞挤压而变形和移位的腺体进行准确定位。

## 1 结直肠病理图像腺体的分割方法

DCGW模型的整体结构如图1所示,DCGW模型包括双分支伪标签生成网络(Double-Branch Pseudo Label Generation Network, DPGN)和分割网络。首先,将结直肠病理图像分割成多个patch,输入到由CNN和Transformer网络组成的第一个分支网络中,利用FIM实现CNN和Transformer网络的特征交互,通过AAFMM融合patch级的局部和全局特征,得到patch级特征信息。同时,将结直肠病理图像输入到第二个分支网络中,通过Mix-Transformer网络提取图像级特征,并经过PAAM生成腺体的粗粒度CAM。然后,将patch级特征与腺体的粗粒度CAM进行乘运算,得到细粒度CAM,最后得到伪标签。在分割结直肠病理图像的腺体时,将结直肠病理图像输入第二个分支,使用Mix-Transformer<sup>[19]</sup>作为编码器,利用Mix-Transformer不依赖位置编码就能获得较好全局特征的能力,提取结直肠病理图像的全局特征。为了进一步获得结直肠病理图像在不同尺度的空间特征信息,根据结直肠病理图像中腺体良性腺体和恶性腺体在尺度方面差异较大的特点,设计了CSPM,在有多尺度空间感知模块(Multi-Scale Spatial Perception Module, MSPM)中增加4个卷积操作以及相邻膨胀卷积块之间的连接<sup>[22]</sup>,通过增加不同尺度膨胀卷积之间的特征交互,增强对腺体尺度方面的特征学习。然后,将从CSPM中获得的特征送入解码器中,并将伪标签作为真实标签,参与到分割训练。

### 1.1 混合网络

在提取结直肠病理图像的腺体特征时,为获得结直肠病理图像的细粒度特征,将输入的结直肠病

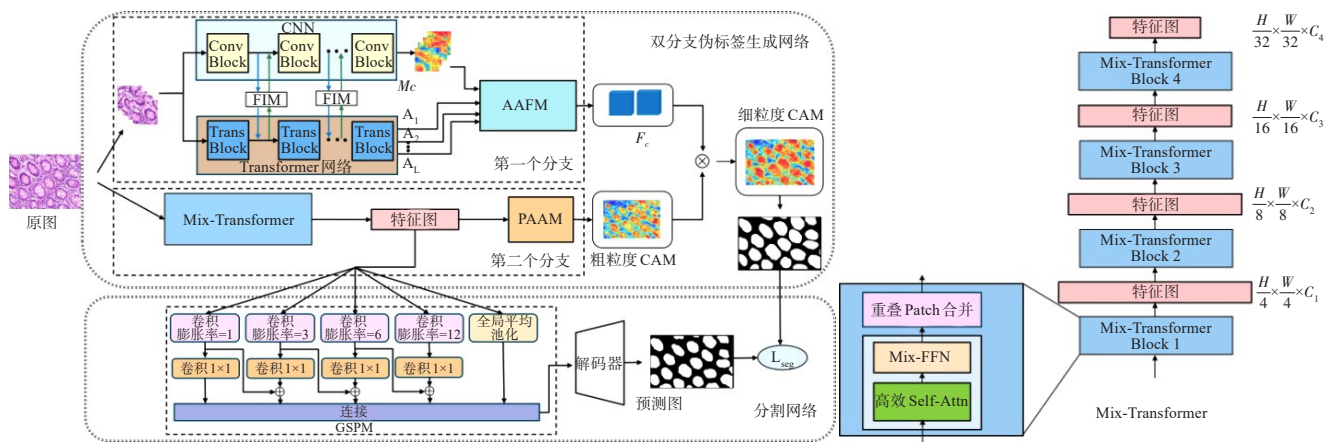


图1 DCGW的整体框架

Figure 1 Overall architecture of DCGW

理图像分割成多个 patch 块,并设计 CNN 与 Transformer 网络相结合的混合网络,将该混合网络作为第一分支。混合网络的结构如图 1 所示,混合网络包括 CNN 和 Transformer 网络,使用 FIM 实现两个网络的特征信息交互,使用 AAFM 融合两个网络的特征。首先,将输入的结直肠病理图像分割成 8 个 patch 块。然后,将 patch 块分别输入到 CNN 和 Transformer 网络中。CNN 提取 patch 级局部特征,Transformer 网络利用多头注意力机制 (Multi-Head Self Attention, MHSA) 产生全局特征的  $l$  个亲和力权重  $A_1 \sim A_l, 1 \leq l \leq 8$ 。使用 FIM 实现 CNN 和 Transformer 网络相同层的特征交互。最后,将亲和力权重  $A_1 \sim A_l$  和 patch 级局部特征输入到亲和 AAFM,获得与目标区域高度相关的特征信息。

一个卷积层的特征图与分类层的特定目标权重相乘。生成与第  $c$  类别相关的激活图表示为:

$$M_c = \theta_c^T f \quad (1)$$

其中,  $c$  包含 2 个类别: 良性类别和恶性类别,  $M_c \in R^{f_h \times f_w}$  是特定类的激活图,  $\theta_c \in R^{C_l \times 1}$  是对应于第  $c$  个对象的分类层的权重,  $f \in R^{f_c \times f_h \times f_w}$  是来自最后一个卷积层的特征图, 其中  $f_c, f_h, f_w$  分别是通道数、高度和宽度。为了匹配亲和力图的大小, 将来自 CNN 的特征图  $f$  的大小设置为  $f_c \times \sqrt{N} \times \sqrt{N}$ , 其中  $f_c$  是通道数,  $N$  表示 token embeddings 的空间维度。得到  $M_c \in R^{C_l \times \sqrt{N} \times \sqrt{N}}$ , 其中  $C_l$  和  $N$  分别是类的数量和 token embeddings 的空间维度。

从 Transformer 网络得到亲和力图  $A_1 \sim A_l$ 。假设第  $l$  个 Transformer 块中的多头自注意力模块的权重为  $A_l \in R^{S \times (1+N) \times (1+N)}$ , 其中  $S$  是头的数量。注意力权重  $A_l$  的计算过程可表示为:

$$A_l = \text{Softmax} \left( \frac{Q^l K^{l^T}}{\sqrt{D/S}} \right) \quad (2)$$

其中,  $Q^l$  和  $K^l$  分别是查询和键的表示,  $D$  表示 embedding 的维度,  $T$  表示转置。

**1.1.1 FIM** 为增加混合网络局部特征的全局感知能力和全局特征的局部细节感知能力, 在 CNN 块和 Transformer 块之间设计 FIM。FIM 结构图如图 2 所示, 由于 CNN 块和 Transformer 块的特征维数是不一致的, 当特征图输入到 Transformer 块时, 为了与 patch embedding 的通道数对齐, 首先, 特征图需要通过  $1 \times 1$  卷积来调整特征图的通道数。然后, 使用平均池化层对特征图进行下采样, 完成空间维度对齐。最后, 对调整后的特征图与 patch embedding 相加。当从 Transformer 支路回流到 CNN 支路时, 需要对 patch embedding 进行上采样插值以对齐空间尺度。然后, 通过  $1 \times 1$  卷积将通道维度与 CNN 特征图的维度对齐, 并添加到特征图中。同时, 使用层归一化 (Layer Normalization, LN) 和批归一化 (Batch Normalization, BN) 残差对特征进行正则化。

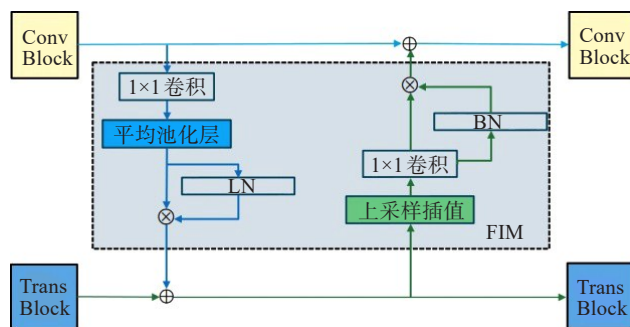


图2 FIM 结构图

Figure 2 Structure of FIM



**1.1.2 AAFM** 现有融合 CAM 和注意力特征的方式是使用乘运算实现的<sup>[23]</sup>,但是这种融合方式导致部分重要的特征信息丢失,为解决该问题,本文设计一个具备注意力融合功能的模块 AAFM,AAFM 的结构如图 3 所示,它由 Transformer 网络生成的亲和力图  $A_1 \sim A_l$ 、卷积块、残差连接的 BN 和 Sigmoid 激活函数组成。为了聚合所有的头部捕获的语义上下文,从全局的角度自适应地学习不同阶段的亲和力权重,使网络专注于感兴趣区域,抑制不相关区域的影响。执行过程包括 3 步,首先,将不同阶段的亲和力权重特征输入到卷积层。其次,通过平均池化层得到不同阶段的子特征,将子特征进行拼接,然后进行归一化和 Sigmoid 激活函数操作,得到全局子特征。随后将全局子特征与每一个亲和力权重相乘,再通过卷积操作,作为亲和力权重注意力输出结果。最后,计算所有亲和和注意力权重  $\bar{A}_1 \sim \bar{A}_l$  的平均值  $\bar{A}$ ,并和  $M_c$  进行乘运算,得到 patch 级特征  $F_c^*$ 。 $\bar{A}$  的计算公式如式(3)所示:

$$\bar{A} = \frac{1}{L} \sum_l \bar{A}_l \quad (3)$$

为了反映结肠病理图像中空间特征亲和度,取消  $\bar{A}$  中与类别标记相关的注意力权重,因为它们只表示每个 token 嵌入对分类结果的贡献,因此最后的注意力图  $A^* \in R^{N \times N}$  可以计算为:

$$A^* = (\bar{A}_{i,j})_{2 \leq i \leq N+1, 2 \leq j \leq N+1} \quad (4)$$

注意力权重包含丰富的语义信息,利用 patch 级局部腺体 CAM  $M_c$  的局部和全局特征,以及  $A^*$  捕获的空间特征亲和度,通过矩阵乘法来提取 CAM  $M_c$  的局部和全局特征,过程如式(5)所示:

$$F_c^* = I^{\sqrt{N} \times \sqrt{N}} (A^* \cdot I^{N \times 1} (M_c)) \quad (5)$$

其中,  $F_c^* \in R^{\sqrt{N} \times \sqrt{N}}$  是 patch 级的局部和全局特征,  $I^{N \times 1}$  重塑算子,用于对  $M_c$  进行展开变形,将  $M_c$  变换成与  $A^*$  相同大小的形式,而  $I^{\sqrt{N} \times \sqrt{N}}$  是将其重塑到  $M_c$  大小的算子。

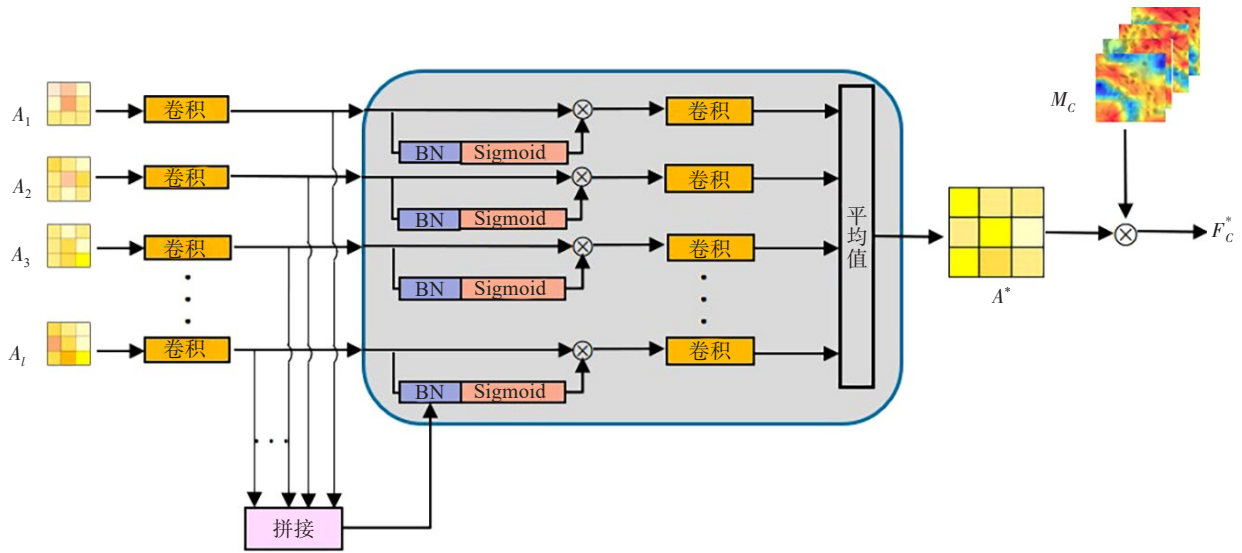


图3 AAFM 结构图  
Figure 3 Structure of AAFM

## 1.2 PAAM

虽然现有生成 CAM 的方法能够清楚地展示整张图片的关注程度,但是对于局部区域的定位,存在不准确的情况。为在 CAM 中准确定位腺体特征区域,在第二个分支设计了 PAAM,将图像级结肠病理图像作为第二个分支的输入,通过 PAAM 获得能准确定位腺体位置的粗粒度 CAM,PAAM 的结构如图 4 所示。

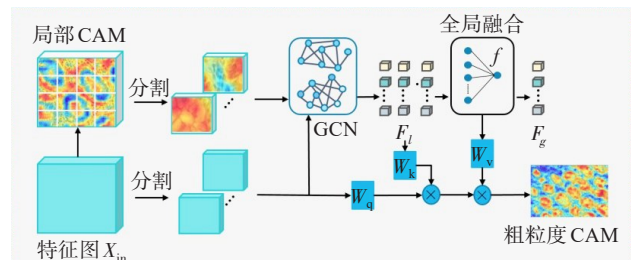


图4 PAAM 结构图  
Figure 4 Structure of PAAM

首先,为了得到局部CAM,本文将Mix-Transformer生成的特征 $X_{in}$ 作为PAAM的输入,需要根据第4个block中全连接层的权重计算 $X_{in}$ 的加权和:

$$A_c = \text{Conv}_{1 \times 1}(X_{in}) \quad (6)$$

$$S_c = \text{Sigmoid}(\text{AvgPool}^{E \times E}(A_c)) \quad (7)$$

其中, $A_c \in R^{K \times H \times W}$ 是局部CAM。本文将整个图像分成几个部分,这些部分为不重叠的patch,然后网络预测概率分数,其过程如式(7)所示。类激活图 $A_c$ 被分成 $E \times E$ 部分, $S_c \in R^{K \times E \times E}$ 是分类分数, $K$ 代表类别数2, $E$ 为4。

块级的局部CAM为网络提供定位的作用。然后,将局部CAM进行切块处理,切成 $E \times E$ 部分。通过逐块预测计算每个部分中的局部类中心,能够逐块获取更小尺度上的局部信息,从而可以更精准地表示出局部特征信息。式(7)将整个图像分割为不重叠的块, $h = H/E, w = W/E, N_p = E \times E$ 代表分割的数量,在得到每个部分的局部CAM后,通过加权和来计算局部类中心:

$$\hat{F}_l^{(i)} = \hat{S}_c^{(i)} \cdot \left[ \sigma_s(\tilde{A}_c^{(i)})^T \times \tilde{X}_{in}^{(i)} \right] \quad (8)$$

其中,使用符号 $(\cdot)$ 表示被分割并展平的特征。 $\tilde{A}_c^{(i)} \in R^{N_c \times K}, \tilde{X}_{in}^{(i)} \in R^{N_c \times C}, N_c = h \times w$ , 而 $i \in \{0, \dots, N_p - 1\}$ 表示每个块的索引, $C$ 表示通道数,函数 $\sigma_s(\cdot)$ 对空间维度 $N_c$ 执行Softmax标准化,再使用概率分数对不存在的类别的局部中心去除,确保只收集与类别相关的特征。局部中心表示局部信息内容,也代表每个类别的语义信息。通过采用图卷积来构建局部中心之间的交互关系。将每个局部中心视为一个节点,首先为节点间进行信息扩散,然后为每个节点更新特征。

由于局部类中心是每个区域内计算,可能会因局部特异性导致同一类别表示不同,为了提高整个图像的类内一致性,将所有局部中心通过加权聚合进行融合如式(9)所示:

$$F_g = \sum_i f_i F_l^{(i)} \quad (9)$$

其中, $f_i$ 是每个部分可学习权重, $F_g \in R^{1 \times K \times C}$ 表示每个类的全局中心。得到局部类中心和全局类中心,应用于注意力计算。首先利用局部中心计算区域像素的相似度,计算公式如式(10)所示:

$$P^{(i)} = \sigma_c(W_q(\tilde{X}_{in}^{(i)}) \times W_k(F_l^{(i)})^T) \quad (10)$$

然后,聚合后的增强特征计算公式如式(11)所示:

$$\tilde{A}_{out}^{(i)} = P^{(i)} \times W_v(F_g) \quad (11)$$

最后, $\tilde{A}_{out}$ 被恢复 $H \times W \times C$ ,作为粗粒度CAM。

### 1.3 损失函数

本文方法的总损失函数由3个损失项组成:第一个分支使用混合网络的 $L_{mix}$ 损失、第二个分支使用Mix-transformer网络的 $L_{cls}$ 损失以及分割网络中的 $L_{seg}$ 损失。对于第一个分支混合网络的 $L_{mix}$ 损失和分割网络的 $L_{seg}$ 损失,采用常用的交叉熵损失,计算过程如式(12)所示:

$$L_{mix} = L_{seg} = -\frac{1}{N^*} \sum_{j=1}^{N^*} \sum_{k^*=1}^{C^*} t_j^{k^*} \log(s_j^{k^*}) \quad (12)$$

其中, $C^*$ 为类别数, $N^*$ 为像素总数, $j$ 表示每个像素点, $k^*$ 表示分类, $s_j^{k^*}$ 是像素 $j$ 属于类别 $k^*$ 的预测概率,如果像素 $j$ 属于类别 $k^*$ , $t_j^{k^*}$ 则赋值为1,如果像素 $j$ 不属于类别 $k^*$ , $t_j^{k^*}$ 则赋值为0。

第二个分支中的 $L_{cls}$ 损失,将聚合特征输入到分类层中,计算分类概率向量 $p_{cls}$ ,然后采用多标签边界损失作为分类函数,计算过程如式(13)所示:

$$L_{cls} = \frac{1}{C^*} \sum_{c=1}^{C^*} (y^c \log(p_{cls}^c) + (1 - y^c) \log(1 - p_{cls}^c)) \quad (13)$$

其中, $C^*$ 为类的总数, $y$ 为真实图像级标签。总损失是 $L_{mix}、L_{cls}、L_{seg}$ 的加权和,计算为:

$$L = \lambda L_{mix} + (1 - \lambda)(L_{cls} + L_{seg}) \quad (14)$$

其中, $\lambda$ 是超参数, $\lambda$ 值的选定将通过实验分析确定。

## 2 实验环境及实验设置

### 2.1 数据集

为了验证本文方法对腺体分割的性能,在两个公共数据集上进行实验,第一个数据集是2015年MICCAI Gland Challenge数据集GlaS<sup>[24]</sup>,该数据包含165张结直肠腺体病理图像,其中训练集85张,测试集80张。第二个数据集是结直肠癌腺体(ColoRectal Adenocarcinoma Gland, CRAG)数据集<sup>[25]</sup>,包含173张训练图像和40张测试图像。

### 2.2 实验设置

实验中的所有分割方法训练使用PyTorch1.7.1框架,并在Ubuntu20.01.4 LTS 64-bit系统环境上运行,GPU为双卡NVIDIA GeForce RTX 3090。Cuda版本为12.2,显卡内存为24 GB。

使用AdamW优化器来训练本文的双分支网络<sup>[26]</sup>。网络中批处理大小为8,学习率设置为0.005,权重衰减设置为0.0005,并通过多项式调度器在每次迭代中衰减。对于整体网络数据增强,采用范围为[700, 1000]的随机缩放、随机水平翻转和随机裁剪,整体网络训练模型100个epoch。

### 2.3 评价指标

为了评价本文方法的分割性能,使用以下5个指标:

F1 值(F1-score)、召回率(Recall)、精确率(Precision)、对象级Dice 系数(Dice<sub>object</sub>)、准确率(Accuracy, ACC)。F1 值反映了腺体的准确性。召回率用于计算所有正样本中被正确识别的比例。精确度用于计算预测为正例的样本中,真正为正例的样本所占的比例,3 个评价指标的计算公式如式(15)~式(17)所示:

$$F1\text{-score}=\frac{2\times Precision\times Recall}{Precision+Recall} \tag{15}$$

$$Recall=\frac{TP}{(TP+FN)} \tag{16}$$

$$Precision=\frac{TP}{(TP+FP)} \tag{17}$$

其中,TP 代表真正例,FP 代表假正例,FN 代表假负例,TN 代表真负例。

第4 个评价指标采用Dice<sub>object</sub>。让n<sub>G</sub>为真实的腺体数量,由病理学专家注释。类似地,设n<sub>S</sub>为算法分割的腺体数量,即非空分割对象的数量。Dice<sub>object</sub>的计算公式是:

$$Dice_{object}(G,S)=\frac{1}{2}\left[\sum_{i=1}^{n_S}w_iDice(G_i,S_i)+\sum_{i=1}^{n_G}\tilde{w}_iDice(\tilde{G}_i,\tilde{S}_i)\right] \tag{18}$$

$$w_i=\frac{|S_i|}{\sum_{j=1}^{n_S}|S_j|} \tag{19}$$

$$\tilde{w}_i=\frac{|\tilde{G}_i|}{\sum_{j=1}^{n_G}|\tilde{G}_j|} \tag{20}$$

其中,G 是真实对象的像素集合,S 是分割对象的像素集合,Dice<sub>object</sub> 的取值为[0, 1],值越高,分割结果与真实值越一致。

第5 个评价指标准确率为预测正确的样本数占总样本数的比例。准确率的计算公式如下:

$$ACC=\frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} \tag{21}$$

3 结果

3.1 损失函数权重选择实验

本文方法的总损失函数为L,其中包含超参数λ,通过在GlaS 和CRAG 数据集上训练,确定权重因子λ 的具体值,该实验的结果如表1 所示,由于两个分支网络和分割网络存在一定的约束关系,通过权重λ 来平衡这3 个损失,从表中可以得出,当λ = 0.6 时,分割性能最好,即当对第一个分支网络损失L<sub>mix</sub> 分配0.6 的权重时,DCGW 方法达到平衡,性能最好。

表1 权重参数λ 的选择实验  
Table 1 Selection experiment of weight parameter λ

| λ   | F1 值  |       | 召回率   |       | 精确率   |       | Dice <sub>object</sub> |       | 准确率   |       |
|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------------------------|-------|-------|-------|
|     | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS                   | CRAG  | GlaS  | CRAG  |
| 1.0 | 0.819 | 0.796 | 0.822 | 0.790 | 0.816 | 0.802 | 0.821                  | 0.812 | 0.817 | 0.798 |
| 0.9 | 0.822 | 0.814 | 0.812 | 0.805 | 0.832 | 0.823 | 0.825                  | 0.823 | 0.832 | 0.817 |
| 0.8 | 0.837 | 0.798 | 0.823 | 0.782 | 0.852 | 0.815 | 0.838                  | 0.854 | 0.822 | 0.844 |
| 0.7 | 0.842 | 0.825 | 0.824 | 0.814 | 0.861 | 0.836 | 0.847                  | 0.848 | 0.833 | 0.849 |
| 0.6 | 0.848 | 0.854 | 0.832 | 0.865 | 0.864 | 0.843 | 0.846                  | 0.862 | 0.838 | 0.861 |
| 0.5 | 0.844 | 0.832 | 0.833 | 0.835 | 0.855 | 0.829 | 0.841                  | 0.857 | 0.828 | 0.851 |
| 0.4 | 0.841 | 0.845 | 0.831 | 0.857 | 0.848 | 0.833 | 0.839                  | 0.849 | 0.821 | 0.793 |
| 0.3 | 0.835 | 0.821 | 0.810 | 0.827 | 0.862 | 0.815 | 0.823                  | 0.756 | 0.802 | 0.811 |
| 0.2 | 0.815 | 0.811 | 0.778 | 0.797 | 0.856 | 0.825 | 0.815                  | 0.763 | 0.798 | 0.845 |
| 0.1 | 0.821 | 0.803 | 0.807 | 0.796 | 0.836 | 0.810 | 0.825                  | 0.774 | 0.810 | 0.796 |

3.2 消融实验

为了验证提出的FIM、AAFM 以及PAAM 在网络模型中的作用以及对结果的影响,在GlaS 和CRAG 数据集上进行一系列以主干网络为基线的消融实验,这里的主干网络是第一个分支不包含FIM 和AAFM 特征提取网络,以及第二个分支不经过PAAM

产生的类激活图网络。这些模型包括:主干网络、主干网络+FIM、主干网络+AAFM、主干网络+PAAM、主干网络+FIM+AAFM、主干网络+FIM+PAAM、主干网络+AAFM+PAAM、主干网络+FIM+AAFM+PAAM。



从表2可以看出,单独使用FIM和AAFM的效果不如同时使用这两个模块时好。这是因为在提取patch级细粒度特征信息的过程中,同时使用FIM和AAFM结合了混合网络中CNN和Transformer网络提取不同级别特征的优点。同时,考虑到Transformer网络产生的亲和度图融合特点,能够较好地提取patch级的全局特征。尽管第一个分支混合网络已经包含了patch级细粒度特征信息,但是由于patch级图像信息特征不够完整和全面,可能存在错误的目标关注,特别是对于结直肠病理图像中腺体形状呈现分支状或分叶状。相比之下,使用含有

PAAM的方法,其效果在处理腺体形状呈现分支状或分叶状时要好于第一个分支混合网络。通过将图像级结直肠病理图像作为输入,全局捕获信息并使用PAAM进行局部细化,对于结直肠病理图像中的不规则形状、分支状或分叶状腺体具有更好的性能。最后,通过使用主干网络+FIM+AAFM+PAAM,模型将细粒度特征信息和粗粒度CAM融合在一起,在生成细粒度CAM的过程中发挥至关重要的作用。这种方法可以同时兼顾捕获全局图像和局部图像的特征,为分割网络提取图像细节信息和语义信息,从而提高腺体分割的效果。

表2 双分支伪标签生成网络的消融实验  
Table 2 Ablation study on dual-branch pseudo label generation network

| 模型                 | F1 值  |       | 召回率   |       | 精确率   |       | Dice <sub>object</sub> |       | 准确率   |       |
|--------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------------------------|-------|-------|-------|
|                    | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS                   | CRAG  | GlaS  | CRAG  |
| 主干网络               | 0.636 | 0.621 | 0.542 | 0.593 | 0.796 | 0.652 | 0.562                  | 0.591 | 0.654 | 0.623 |
| 主干网络+FIM           | 0.702 | 0.721 | 0.780 | 0.805 | 0.638 | 0.653 | 0.602                  | 0.642 | 0.685 | 0.692 |
| 主干网络+AAFM          | 0.711 | 0.665 | 0.699 | 0.641 | 0.723 | 0.691 | 0.735                  | 0.726 | 0.725 | 0.711 |
| 主干网络+PAAM          | 0.720 | 0.731 | 0.805 | 0.741 | 0.651 | 0.721 | 0.825                  | 0.762 | 0.815 | 0.795 |
| 主干网络+FIM+AAFM      | 0.725 | 0.742 | 0.745 | 0.748 | 0.706 | 0.736 | 0.742                  | 0.802 | 0.738 | 0.764 |
| 主干网络+FIM+PAAM      | 0.795 | 0.814 | 0.808 | 0.825 | 0.782 | 0.803 | 0.826                  | 0.811 | 0.821 | 0.832 |
| 主干网络+AAFM+PAAM     | 0.812 | 0.845 | 0.803 | 0.858 | 0.821 | 0.832 | 0.833                  | 0.841 | 0.832 | 0.826 |
| 主干网络+FIM+AAFM+PAAM | 0.848 | 0.854 | 0.832 | 0.865 | 0.864 | 0.843 | 0.846                  | 0.862 | 0.838 | 0.861 |

图5是通过将第二个分支中的PAAM产生的粗粒度CAM与两个分支融合后生成的细粒度CAM在GlaS和CRAG数据集的可视化比较。第二个分支中的PAAM产生了图像级全局特征粗粒度CAM。在粗粒度CAM中,可以相对清晰地定位到腺体的大致轮廓和范围,但是腺体内部的细节还有些缺失。为了解决这个问题,将第一个分支中的patch级特征与PAAM产生的粗粒度CAM进行融合,从而生成更加细粒度的CAM。通过图5可以看出,在GlaS数据集的良性结直肠疾病病理图像中(第一行),腺体的形状通常是规则的,呈现圆形或椭圆形。但是,在恶性结直肠疾病病理图像中(第二行),腺体的形状通常是不规则且可能存在变形。图5中第一行和第三行展示了良性结直肠疾病病理图像在融合前后生成的CAM,第一个分支的patch级局部和全局特征对PAAM产生的CAM的一些局部信息进行细化。这表明patch级局部和全局特征可以很好地捕获腺体的轮廓和局部特征。然而,图5第二行和第四行显示的恶性结直肠疾病病理图像,通过对比分析发现,patch级

局部和全局特征无法明显地定位到恶性结直肠疾病病理图像中腺体的轮廓。因此,对于不规则形状的恶性结直肠疾病病理图像,PAAM展现了其在捕捉形状特征方面的有效性。当结合第一个分支的patch级局部和全局特征时,这两个分支的协同作用产生了更为精细的伪标签。这种协同作用使得网络能够更准确地理解和捕捉病理图像中的不规则形状特征,呈现出分支状或分叶状,为图像分割任务提供更可靠的支持。

在分割网络中,为验证所提出的CSPM作用,本文在两个数据集上进行了以DPGN+MSPM为基线的消融实验。表3是分割网络的消融实验结果。从表3可以看出,本文分割网络(DPGN+CSPM)在GlaS和CRAG数据集上,5个评价指标都比基线网络(DPGN+MSPM)有所提升,而基线网络的分割效果与本文分割网络相比,分割效果欠佳。这是因为CSPM在膨胀卷积块之间使用跨尺度的连接方式,增加了不同尺度膨胀卷积之间的特征交互,对分割结直肠病理图像中的不同尺度腺体,学习了尺度特征,表现出更好的分割效果。

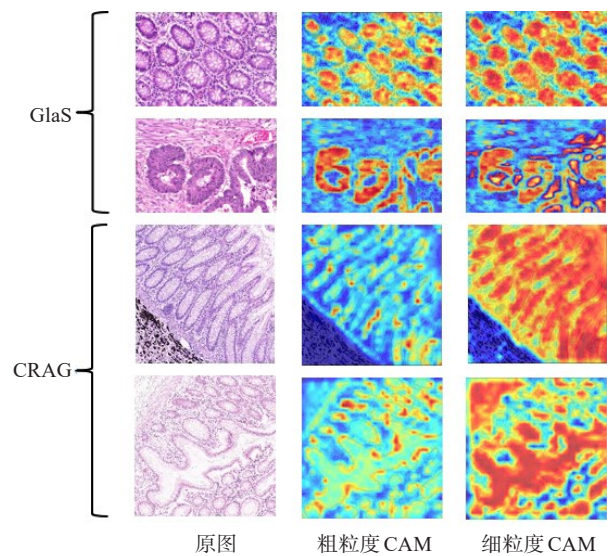


图5 粗粒度 CAM和细粒度 CAM的可视化比较

Figure 5 Visualization comparison between coarse-grained CAM and fine-grained CAM

3.3 实验结果对比

为了全面评估本文方法的实验效果,将本文方法(DCGW)与现有分割方法进行比较。表4展示了不同方法在 GlaS 测试集上的 5 个评价指标对比结果。本文方法与全监督腺体分割方法 IUnet<sup>[27]</sup>、MTLSeg<sup>[28]</sup>和 GcsbaNet<sup>[29]</sup>进行对比。结果显示,本文方法在 F1 值和 Dice<sub>Object</sub> 这两个指标上相较于 GcsbaNet 方法分别提高 1.6% 和 1.2%。精确率相较于 IUnet 方法提高 1.5%。本文方法性能与对比实验中性能最好的全监督 MTLSeg 方法差距较小。这是因为 PAAM 具有较好的腺体定位能力以及混合网络中 FIM 和 AAFM 提取 patch 级腺体的局部和全局特征能力,从而生成高质量的伪标签,并且在分割网络中,CSPM 其多尺度膨胀卷积之间的特征交互发挥着重要的作用。此外,与弱监督腺体分割方法 DLSeg<sup>[30]</sup>和 AGSeg<sup>[31]</sup>相比,本文方法在 5 个评价指标

表3 分割网络的消融实验

Table 3 Ablation study on segmentation network

| 方法        | F1 值  |       | 召回率   |       | 精确率   |       | Dice <sub>object</sub> |       | 准确率   |       |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------------------------|-------|-------|-------|
|           | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS  | CRAG  | GlaS                   | CRAG  | GlaS  | CRAG  |
| DPGN+MSPM | 0.810 | 0.815 | 0.790 | 0.789 | 0.832 | 0.842 | 0.823                  | 0.860 | 0.839 | 0.852 |
| DPGN+CSPM | 0.848 | 0.854 | 0.832 | 0.865 | 0.864 | 0.843 | 0.846                  | 0.862 | 0.838 | 0.861 |

上均取得最佳性能。这是因为双分支网络的使用,该网络在生成细粒度 CAM,以及为了获得高质量伪标签的过程中充分发挥了混合网络和 PAAM 在特征提取方面的有效性。这两个分支在提取结肠病理图像中腺体区域的全局和局部细节特征方面表现出色,尤其是在处理结肠病理图像中腺体呈现不规则形状、分支状或分叶状,本文方法能够有效提取特征。

表4 不同分割方法在 GlaS 测试集上的实验结果

Table 4 Experimental results of different segmentation methods on GlaS test set

| 方法                       | F1 值  | 召回率   | 精确率   | Dice <sub>object</sub> | 准确率   |
|--------------------------|-------|-------|-------|------------------------|-------|
| IUnet <sup>[27]</sup>    | 0.852 | 0.855 | 0.849 | 0.852                  | 0.843 |
| MTLSeg <sup>[28]</sup>   | 0.872 | 0.862 | 0.882 | 0.882                  | 0.856 |
| GcsbaNet <sup>[29]</sup> | 0.832 | 0.845 | 0.819 | 0.834                  | 0.832 |
| DLSeg <sup>[30]</sup>    | 0.783 | 0.754 | 0.814 | 0.832                  | 0.801 |
| AGSeg <sup>[31]</sup>    | 0.745 | 0.752 | 0.738 | 0.792                  | 0.785 |
| DCGW                     | 0.848 | 0.832 | 0.864 | 0.846                  | 0.838 |

在 CRAG 测试集上进行系列网络的对比实验,结果如表5所示。从表中可以明显看出,与全监督方法 IUnet、MTLSeg 和 GcsbaNet 比较,本文方法(DCGW)的召回率、Dice<sub>Object</sub> 和准确率均超过 GcsbaNet 方法,分别提高了 2%、2%和 0.7%。与性能最好的 MTLSeg 方法,性能差距较小。在与弱监督腺体分割方法 DLSeg 的比较中,本文方法在 F1 值、召回率、精确率、Dice<sub>object</sub> 和准确率这 5 个评价指标上略优,分别提高 1.1%、1.4%、0.8%、2.0%和 2.9%。这是因为双分支网络中的 FIM、AAFm 和 PAAM 3 个模块协同工作,分割网络中的 CSPM 多尺度特征学习,共同对结肠病理图像的全局和局部特征进行高效提取和精确捕获,从而显著提升腺体分割的精度和效果。

为了更直观地展示本文方法与其他方法在结肠病理图像上进行可视化的分割对比,图6展示了现有分割方法在 CRAG 和 GlaS 两个数据集上的分割结果对比图。图6的第一行和第三行是恶性结肠疾病病理图像的分割结果可视化对比图,第二行和第四行是良性结肠疾病病理图像的分割结果可



表5 不同分割方法在CRAG测试集上的实验结果

Table 5 Experimental results of different segmentation methods on CRAG test set

| 方法                       | F1 值  | 召回率   | 精确率   | Dice <sub>object</sub> | 准确率   |
|--------------------------|-------|-------|-------|------------------------|-------|
| IUnet <sup>[27]</sup>    | 0.873 | 0.892 | 0.854 | 0.865                  | 0.881 |
| MTLSeg <sup>[28]</sup>   | 0.891 | 0.886 | 0.896 | 0.912                  | 0.872 |
| GcsbaNet <sup>[29]</sup> | 0.856 | 0.845 | 0.867 | 0.842                  | 0.854 |
| DLSeg <sup>[30]</sup>    | 0.843 | 0.851 | 0.835 | 0.842                  | 0.832 |
| AGSeg <sup>[31]</sup>    | 0.841 | 0.834 | 0.848 | 0.835                  | 0.823 |
| DCGW                     | 0.854 | 0.865 | 0.843 | 0.862                  | 0.861 |

可视化对比图。在图6中,第8列展示了本文方法(DCGW)在结直肠病理图像中腺体的分割效果。从第1行的红色方框区域可以看出,在结直肠病理图像中腺体间距较小的情况下,与现有分割方法相比,本文方法的分割效果较好,边界清晰,能够准

确地分割出腺体区域。而AGSeg和DLSeg的弱监督方法存在错误的分割结果,出现过分割的情况。在第2行和第4行的红色方框中,现有分割方法出现欠分割明显,而本文方法在欠分割区域可以很好地捕获区域,分割效果较好。在第3行红色方框中,现有分割方法AGSeg、DLSeg、GcsbaNet和IUnet,不能准确分割出不规则腺体的形状,而DCGW能较好地分割出不规则腺体的形状。这是因为分割过程中经过混合网络的patch级全局和局部信息捕获,以及在第二个分支中引入PAAM,有助于更好地捕捉全局特殊的上下文信息,特别是对于形状不规则、分支状或分叶状的腺体,并且在分割网络中CSPM提取多尺度特征,对腺体不同尺度的特征学习。与MTLNet、IUnet和GcsbaNet的全监督方法相比,虽然在细节分割方面存在一些不足,可能会出现少量区域的错误分割,但整体效果与全监督方法相当。

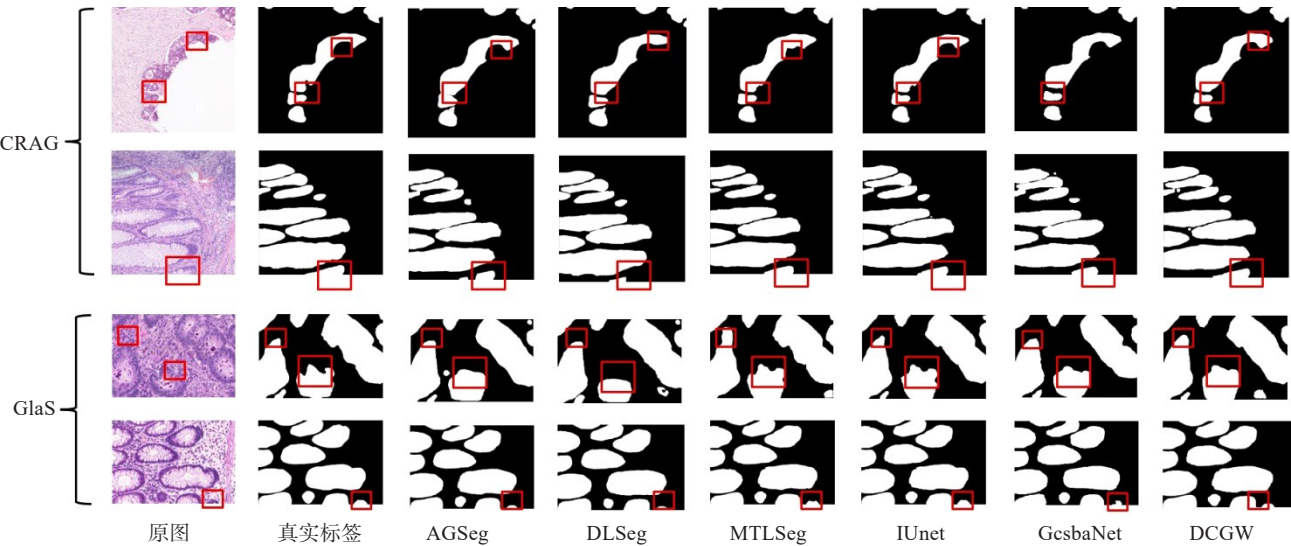


图6 现有分割方法的分割结果可视化对比图

Figure 6 Visualization comparison of segmentation results of different methods

为了分析DCGW的收敛性,在GlaS数据集和CRAG数据集上,对DCGW和现有5种分割方法进行收敛性比较,比较结果如图7和图8所示。从图7、图8可以看出,全监督分割方法MTLSeg在GlaS数据集和CRAG数据集的收敛速度与本文所提方法DCGW相当。AGSeg和DLSeg分割方法在GlaS数据集的收敛速度较慢,且AGSeg分割方法在GlaS数据集和CRAG数据集上表现较不稳定,收敛速度最慢。与现有分割方法相比,DCGW具有较快的收敛速度,而且收敛损失值低于其它分割方法,这是因为DCGW采

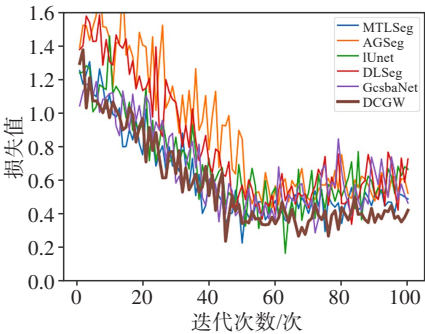


图7 GlaS数据集上的损失对比

Figure 7 Comparison of losses on GlaS dataset

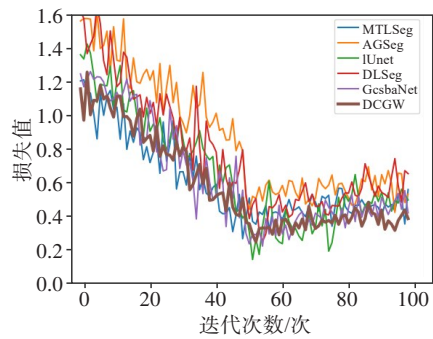


图8 CRAG数据集上的损失对比  
Figure 8 Comparison of losses on CRAG dataset

用双分支网络结构,关注不同区域特征信息,通过第一个分支的混合网络提取细粒度特征信息,以及第二个分支提取图像级全局信息,并将两个特征信息融合,生成细粒度的CAM,从而产生高质量的伪标签,达到较好的分割效果。此外,通过各分割方法在损失值震动方面的比较,弱监督分割方法AGSeg和DLSeg的损失值震荡较大,尤其是AGSeg分割方法在GlaS数据集的震荡最大,而DCGW的损失值震动较小,说明DCGW的稳定性优于弱监督分割方法AGSeg和DLSeg。DCGW稳定性与现有全监督方法GcsbaNet、IUnet和MTLseg相当,这是因为DCGW使用3种损失项加权,平衡了训练过程中各损失函数的变化。

4 结 语

结直肠病理图像的腺体分割在结直肠癌的病理诊断中发挥着重要的作用,本文提出一种双分支结直肠病理图像的腺体分割方法DCGW,通过将patch级特征与图像级特征相融合,生成高质量的伪标签,解决因已标记数据不足导致腺体分割不准确的问题,并在分割过程中提取多尺度腺体特征。实验结果表明,与现有分割方法相比,本文所提方法DCGW在GlaS和CRAG两个数据集上具有较好的分割准确性。在今后的研究中,将进一步研究如何优化网络结构,减少网络层的深度,实现分割速度与性能的平衡。

【参考文献】

[1] Cross SS, Betmouni S, Burton JL, et al. What levels of agreement can be expected between histopathologists assigning cases to discrete nominal categories? A study of the diagnosis of hyperplastic and adenomatous colorectal polyps[J]. Mod Pathol, 2000, 13(9): 941-944.  
[2] Fu H, Qiu GP, Shu J, et al. A novel polar space random field model for the detection of glandular structures[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2014, 33(3): 764-776.  
[3] Sung H, Ferlay J, Siegel RL, et al. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36

cancers in 185 countries[J]. CA Cancer J Clin, 2021, 71(3): 209-249.  
[4] Zhang ZX, Tian CN, Bai HX, et al. Discriminative error prediction network for semi-supervised colon gland segmentation[J]. Med Image Anal, 2022, 79: 102458.  
[5] Li WY, Li JY, Polson J, et al. High resolution histopathology image generation and segmentation through adversarial training[J]. Med Image Anal, 2022, 75: 102251.  
[6] Fang ZJ, Chen Y, Wang YF, et al. Weakly-supervised semantic segmentation for histopathology images based on dataset synthesis and feature consistency constraint[C]//Proceedings of the Thirty-Seventh AAAI Conference on Artificial Intelligence and Thirty-Fifth Conference on Innovative Applications of Artificial Intelligence and Thirteenth Symposium on Educational Advances in Artificial Intelligence. Palo Alto, CA, USA: AAAI Press, 2023: 606-613.  
[7] Jia ZP, Huang XY, Chang EI, et al. Constrained deep weak supervision for histopathology image segmentation [J]. IEEE Trans Med Imaging, 2017, 36(11): 2376-2388.  
[8] Li KL, Qian ZN, Han YN, et al. Weakly supervised histopathology image segmentation with self-attention[J]. Med Image Anal, 2023, 86: 102791.  
[9] Zhao TY, Yin ZZ. Weakly supervised cell segmentation by point annotation[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2021, 40(10): 2736-2747.  
[10] Wang DH, Ye HL, Li JM, et al. Weakly-supervised gland instance segmentation based on point labeling [C]//2021 International Conference on Communications, Information System and Computer Engineering (CISCE). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2021: 518-523.  
[11] Lei WH, Su Q, Jiang TY, et al. One-shot weakly-supervised segmentation in 3D medical images[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2024, 43(1): 175-189.  
[12] Rajchl M, Lee MC, Oktay O, et al. DeepCut: object segmentation from bounding box annotations using convolutional neural networks[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2017, 36(2): 674-683.  
[13] Zhou BL, Khosla A, Lapedriza A, et al. Learning deep features for discriminative localization[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2016: 2921-2929.  
[14] Chen Z, Tian ZQ, Zhu JH, et al. C-CAM: causal CAM for weakly supervised semantic segmentation on medical image[C]//2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2022: 11666-11675.  
[15] Chan L, Hosseini M, Rowsell C, et al. HistoSegNet: semantic segmentation of histological tissue type in whole slide images[C]//2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2019: 10661-10670.  
[16] Selvaraju RR, Cogswell M, Das A, et al. Grad-CAM: visual explanations from deep networks via Gradient-Based localization[C]//2017 IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2017: 618-626.  
[17] Li Y, Yu YD, Zou YW, et al. Online easy example mining for weakly-supervised gland segmentation from histology images[C]//Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention-MICCAI 2022. Cham: Springer Nature Switzerland, 2022: 578-587.  
[18] Vaswani A, Shazeer N, Parmar N, et al. Attention is all you need[C]//Proceedings of the 31st International Conference on Neural Information Processing Systems. Red Hook, NY, USA: Curran Associates Inc., 2017: 6000-6010.  
[19] Xie EZ, Wang WH, Yu ZD, et al. SegFormer: simple and efficient design for semantic segmentation with transformers[C]//Advances in Neural Information Processing Systems. Red Hook, NY, USA: Curran Associates Inc., 2021: 12077-12090.  
[20] Zheng SX, Lu JC, Zhao HS, et al. Rethinking semantic segmentation from a sequence-to-sequence perspective with transformers[C]//2021 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2021: 6877-6886.  
[21] Ru LX, Zhan YB, Yu BS, et al. Learning affinity from attention: end-to-end weakly-supervised semantic segmentation with transformers [C]//2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2022: 16825-16834.  
[22] Cao GY, Sun ZQ, Wang CL, et al. RASNet: renal automatic segmentation using an improved U-net with multi-scale perception and attention unit[J]. Pattern Recognit, 2024, 150: 110336.

- [23] Wang YD, Zhang J, Kan MN, et al. Self-supervised equivariant attention mechanism for weakly supervised semantic segmentation [C]//2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2020: 12272-12281.
- [24] Sirinukunwattana K, Pluim JP, Chen H, et al. Gland segmentation in colon histology images: the glas challenge contest[J]. Med Image Anal, 2017, 35: 489-502.
- [25] Awan R, Sirinukunwattana K, Epstein D, et al. Glandular morphometrics for objective grading of colorectal adenocarcinoma histology images[J]. Sci Rep, 2017, 7(1): 16852.
- [26] Loshchilov I, Hutter F. Decoupled weight decay regularization[EB/OL]. (2019-01-04)[2024-03-20]. <https://arxiv.org/abs/1711.05101>.
- [27] Rastogi P, Khanna K, Singh V. Gland segmentation in colorectal cancer histopathological images using U-net inspired convolutional network [J]. Neural Comput Appl, 2022, 34(7): 5383-5395.
- [28] Rezazadeh I, Duygulu P. Multi-task learning for gland segmentation [J]. Signal Image Video Process, 2023, 17(1): 1-9.
- [29] Wen ZJ, Feng R, Liu JX, et al. GCSBA-net: gabor-based and cascade squeeze bi-attention network for gland segmentation [J]. IEEE J Biomed Health Inform, 2021, 25(4): 1185-1196.
- [30] Ben Hamida A, Devanne M, Weber J, et al. Deep learning for colon cancer histopathological images analysis[J]. Comput Biol Med, 2021, 136: 104730.
- [31] Ben Hamida A, Devanne M, Weber J, et al. Weakly supervised learning using attention gates for colon cancer histopathological image segmentation[J]. Artif Intell Med, 2022, 133: 102407.

(编辑:薛泽玲)