



中国科学技术大学

University of Science and Technology of China

基于级联3D U-Net的脑部小器官 CT-MRI多模态自动分割方法

答辩人：沈镇炯（学术型硕士）

导师：徐榭 教授 裴曦 副教授

2021年5月20日





常规放疗主要流程

患者CT图像获取 → 靶区和**危及器官分割** → 辐射剂量计算和逆向优化 → 计划QA和治疗

危及器官 分割方法

手动分割：由医生手动完成，比较耗时耗力。

自动分割：辅助勾画，减少医生放疗计划的工作量。



为什么采用深度学习方法？

基于先验知识

基于多图谱的方法 (Sabuncu et al. 2010) :

缺点：受限于图谱配准精度，小器官分割精度很低

基于模型的方法 (Fritscher et al. 2007) :

缺点：受限于模型形状及其配准至目标图像的精度



深度学习方法：

- 可分割多个器官的局部和全局特征
- 分割精度高



单模态器官分割

部分危及器官
自动分割难度大

小体积的危及器官（例如视交叉）

- 解剖结构的体积相对较小
- CT图像中软组织对比度差

Chen et al. 2018 视交叉：55.6

Zhu et al. 2019 视交叉：53.2

DSC非常低，自动分割精度低



多模态器官分割

CT和MRI组合
仅MRI中多序列组合



弹性配准+自动分割



研究目的

研究一种分割精度高于仅CT数据的脑部小器官多模态CT-MRI自动分割方法

研究内容与任务

任务一：收集配对数据，完成弹性配准及手动分割后进行数据预处理。

任务二：搭建级联3D U-Net网络，实现多模态脑部小器官自动分割。



2.1.1 数据收集及配准

1、CT-MRI数据简介

CT成像原理及特性

吸收率和透射率不同 → 衰减量不同 → 组织间的衰减差异 → 成像对比度

脂肪与水对于X射线的衰减作用较小，因此X-CT对于人体内部的软组织的对比度较低，不利于区分软组织间的边界

MRI成像原理及特性

固有磁特性差异 → RF敏感程度不同 → 弛豫过程中的变化信号 → 成像对比度

脂肪和水对于RF脉冲非常敏感，因此MRI对于以脂肪为主的软组织的对比度较高，利于区分软组织间的边界



2.1.1 数据收集及配准

2、数据收集

- 头颈癌患病率高、种类多
- 相对体积小、类不平衡



选取脑部小器官

- MRI软组织对比度高
- T1w、T2w数据多且图像清晰



选取CT、T1w、T2w三种模态



图2.1 不同模态的脑部医学图像

60套相同病人的CT-MRI数据

3、配准流程

1、导入病例
打开工作流



2、T1w-T2w
图像融合



3、MRI-CT
图像配准



4、导出病例



2.1.2 预处理方法

1、CT去床板与热塑面罩

原因：CT图像存在床板与热塑面罩

方法：OSTU算法

2、重采样

原因：不同图像的分辨率不同

方法：三次样条插值

3、MRI偏置场校正

原因：MRI成像过程存在偏置场信号干扰

方法：N4算法

4、统一强度区间

原因：图像强度区间差异大，不利于归一化

方法：软组织窗宽窗位

2.2.1 定位网络结构

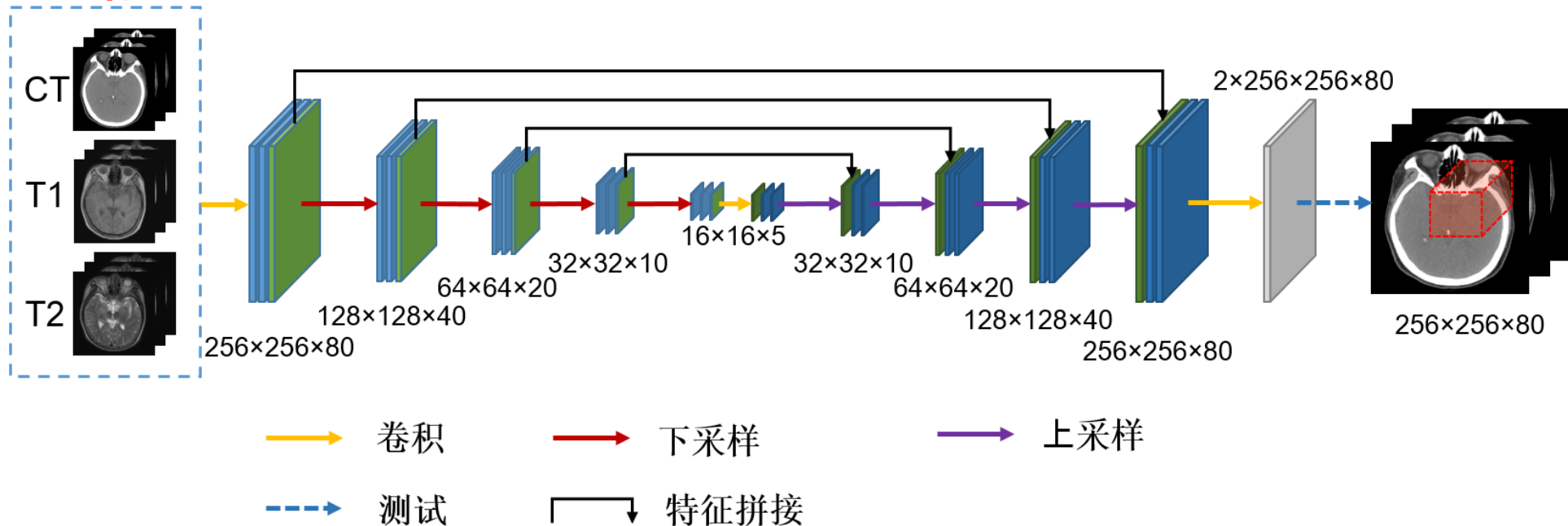


图2.9 定位网络结构示意图 (Çiçek et al. 2016)

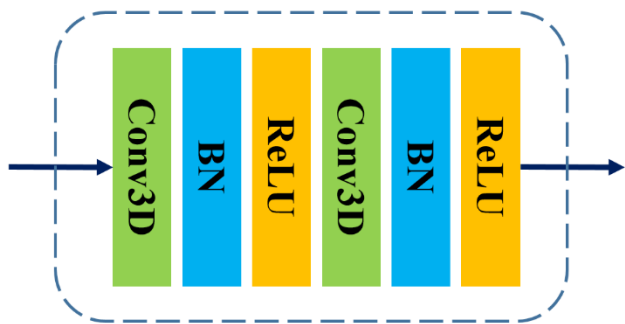


图2.10 卷积块结构示意图

BN:批量归一化层, ReLU:非线性激活函数层, Conv3D卷积层

优点:

- U-Net支持较小的数据量来训练网络
- U-Net结构简单灵活, 便于扩展。
- U-Net可以获得高质量的像素级分割结果



2.2.2 分割网络结构

1. 下采样方式改进

以卷积运算代替池化操作的下采样

可以扩大感受野，减少卷积运算量

2. 引入残差机制

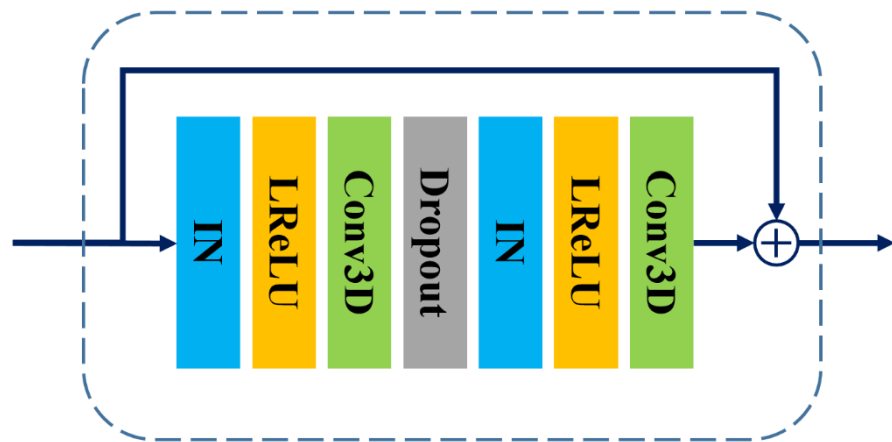


图2.11 残差块结构示意图 (He et al. 2016)

IN:实例标准化层，LReLU:非线性激活函数层，Conv3D卷积层，Dropout:随机失活层

可以有效控制梯度弥散，缓解过拟合

3. 引入深度监督机制

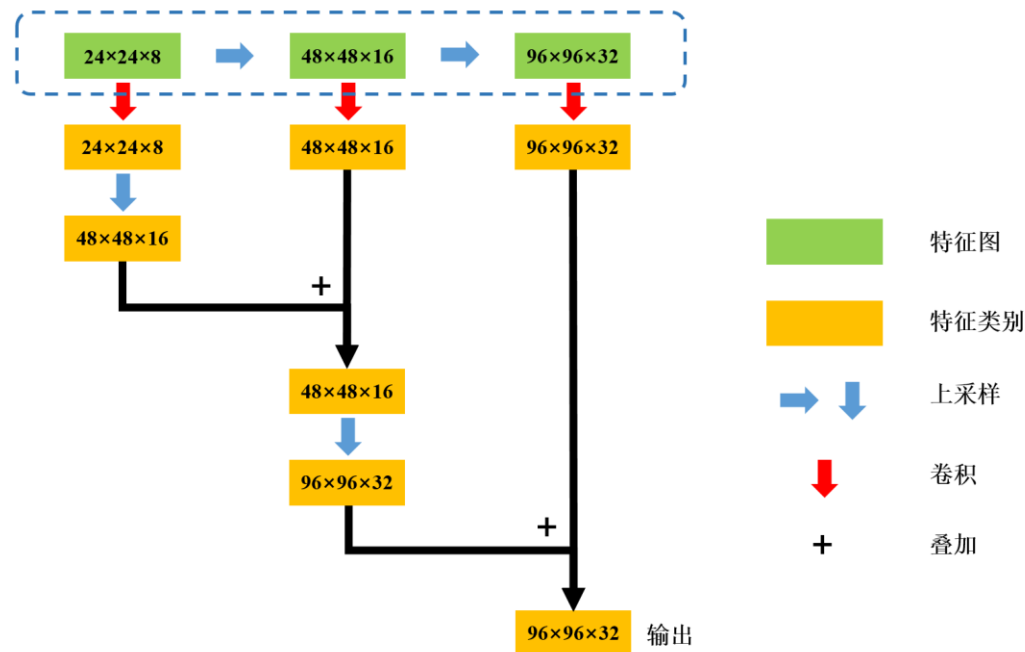


图2.12 深度监督结构示意图 (Zeng et al. 2017)

可以加速网络收敛，有效提取隐藏层特征信息

有效控制梯度弥散，提升网络性能

2.2.2 分割网络结构

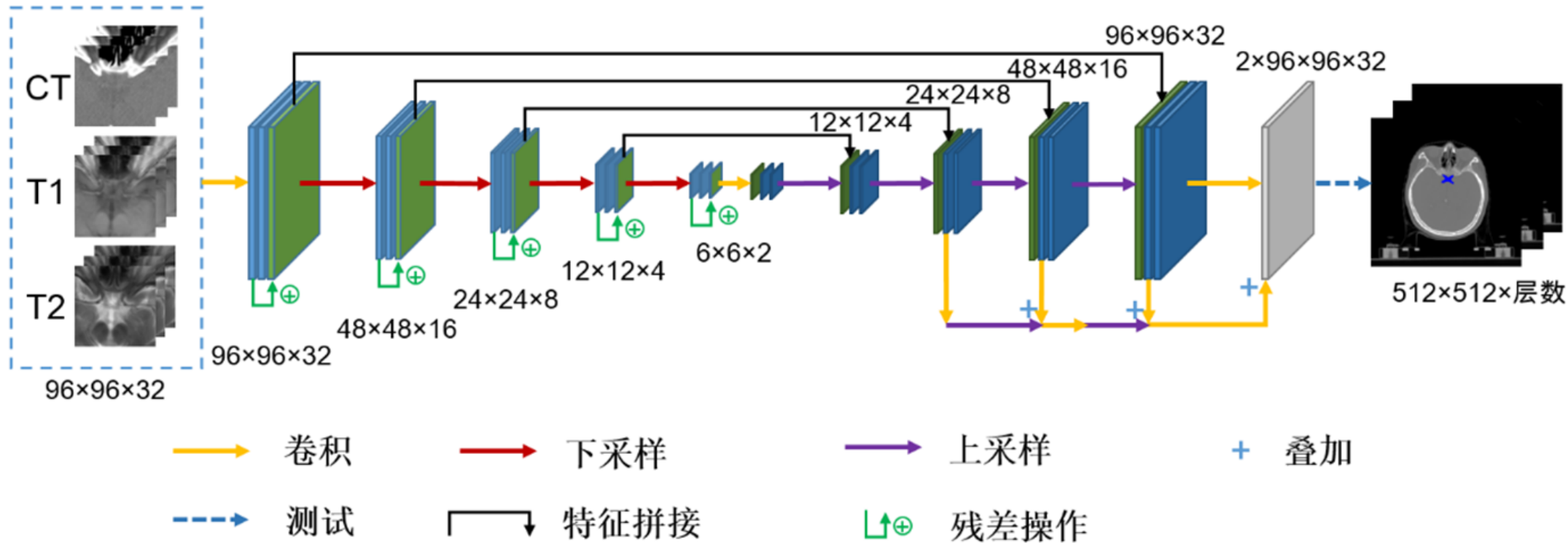


图2.13 分割网络结构示意图。



2.1.3 目标函数及评估方法

目标函数：

Dice损失函数

$$Loss = 1 - \frac{2 \sum_i^N p_i g_i + \varepsilon}{\sum_i^N p_i^2 + \sum_i^N g_i^2 + \varepsilon} \quad (2-7)$$

N ：体素总和

p_i ：第 i 个体素的预测概率

g_i ：第 i 个体素的真实值标签（0或1）

ε ：通过避免除零而引入的微小值

评估方法：

X 是预测的分割结果， Y 是真实值

Dice相似系数
(DSC)

$$DSC(X, Y) = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \times 100\% \quad (2-8)$$

95%的豪斯多夫距离
(HD)

$$hd_{95}(X, Y) = {}^{95}K_{x \in X}^{th} \min_{y \in Y} \|y - x\| \quad (2-9)$$



从 X 中的 K 个点到 Y 中的最短距离值
按升序排列后95%位置处的值
(95%单向豪斯多夫距离)

$$HD(X, Y) = \max \{hd_{95}(X, Y), hd_{95}(Y, X)\} \quad (2-10)$$



3.1.1 数据配准及勾画结果

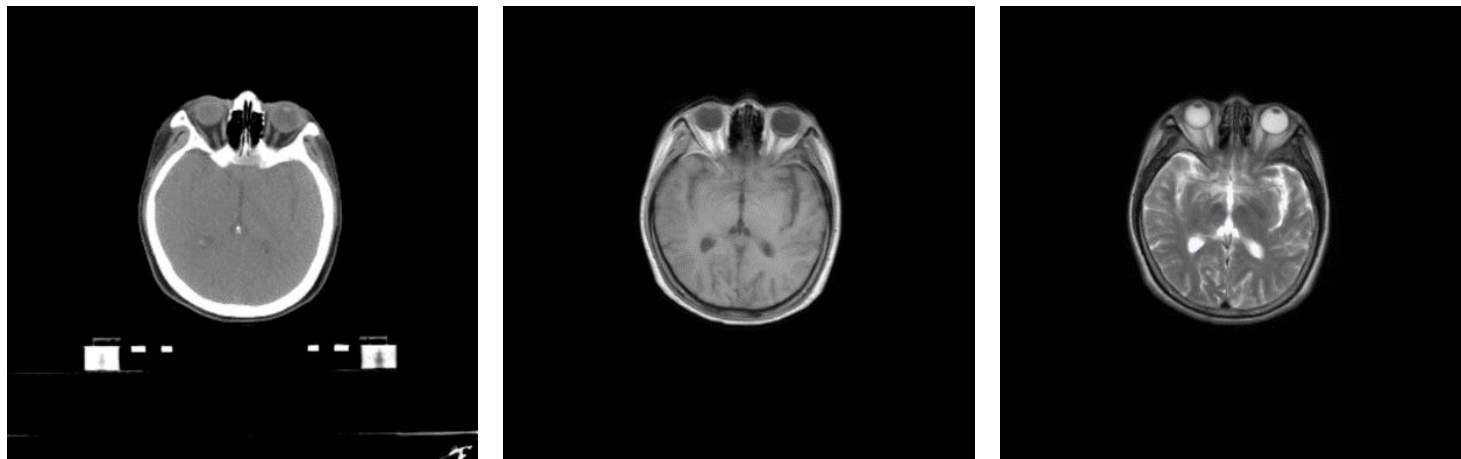


图3.1 弹性配准后的MRI与原始CT对比 （左）原始CT （中）配准后的T1w （右）配准后的T2w

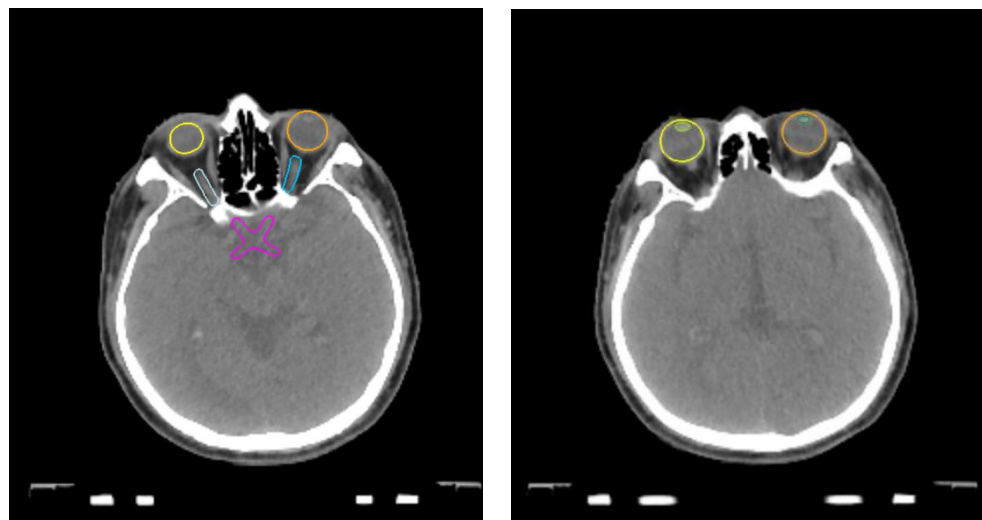


图3.2 带勾画信息的CT图像 （左）靠近视交叉的横断面图像 （右）靠近晶体的横断面图像



3.1.2 预处理结果

1. CT去床板与热塑面罩结果

排除多余信息干扰

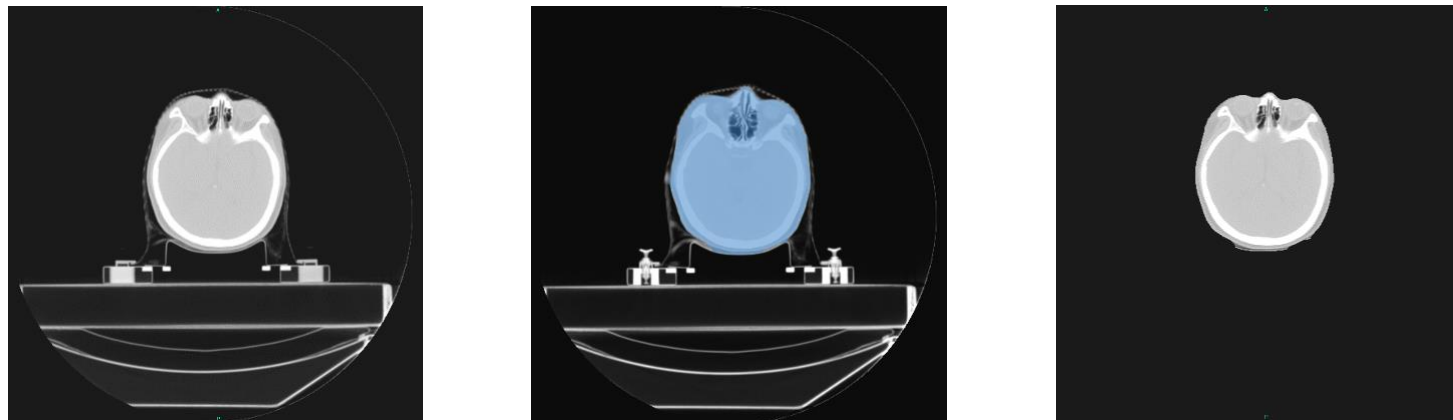


图3.3 去床板与热塑面罩处理流程（左）CT去床板与热塑面罩之前（中）CT掩模（右）CT去床板与热塑面罩之后

2. 重采样结果

增大前景比例
减少尺寸，加速收敛

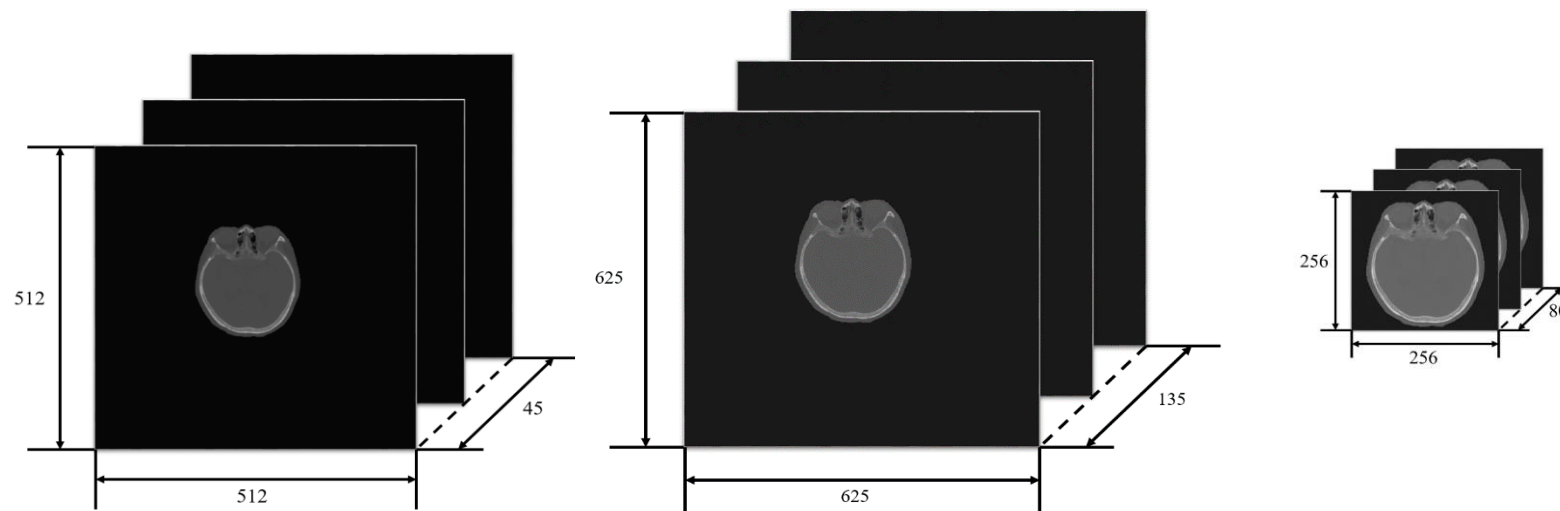


图3.5 CT重采样前后结果对比（左）原始CT图像（中）重采样之后的CT图像（右）重采样并裁剪后的CT图像

CT分辨率: $2.500 \times 0.488 \times 0.488 \text{ mm}^3$ - $5.000 \times 0.976 \times 0.976 \text{ mm}^3$

MRI分辨率: $4.000 \times 0.687 \times 0.687 \text{ mm}^3$ - $7.000 \times 0.449 \times 0.449 \text{ mm}^3$



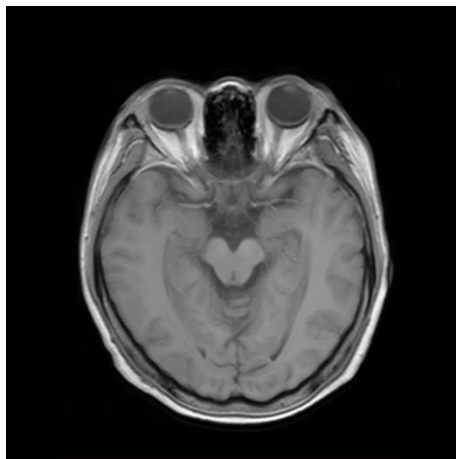
$1.250 \times 0.800 \times 0.800 \text{ mm}^3$



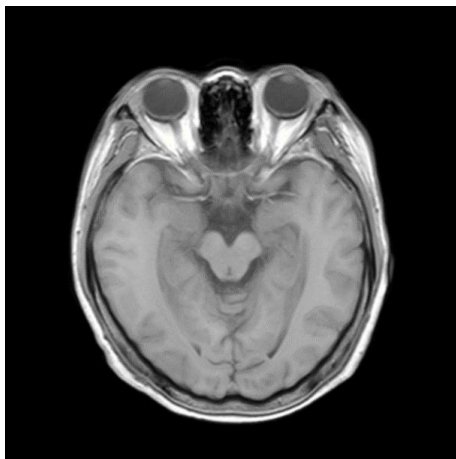
3.1.2 预处理结果

3. 偏置场校正结果

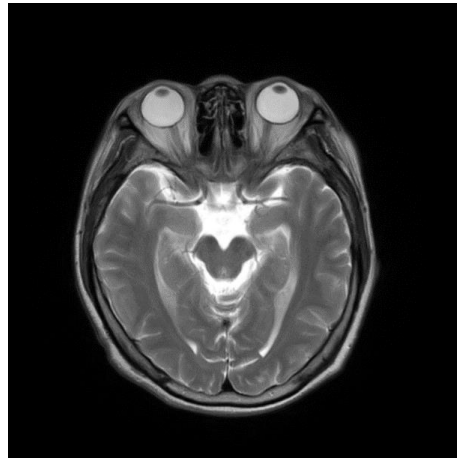
图像强度信号更均匀



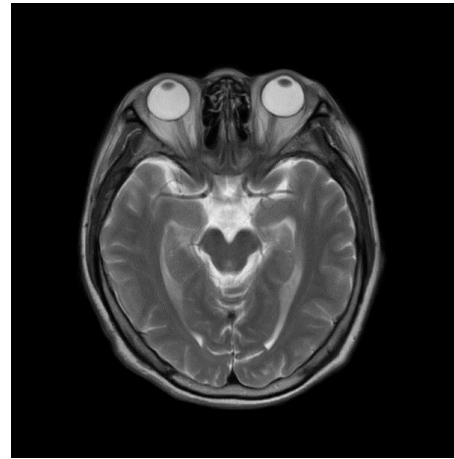
(a)



(b)



(c)

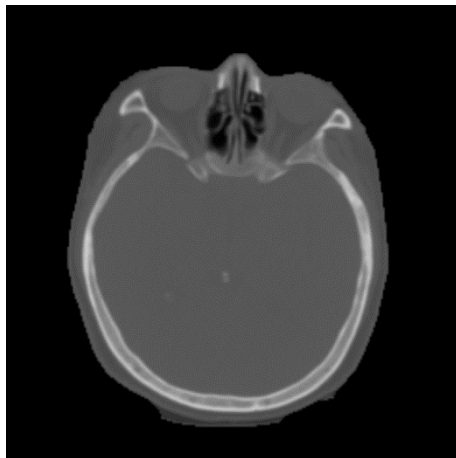


(d)

图3.6 偏置场校正前后结果对比 (a) 偏置场校正前的T1w图像 (b) 偏置场校正后的T1w图像
(c) 偏置场校正前的T2w图像 (d) 偏置场校正后的T2w图像

4. 统一强度区间结果

约束缩小强度区间



增强ROI对比度

图3.7 统一强度区间处理前后CT结果对比 (左) 统一强度区间之前的CT图像 (右) 统一强度区间之后的CT图像



3.2.1 定位结果

训练结果

训练参数设置

框架：Pytorch

GPU加速库：cuDNN v7.6.5

Batch Size：1

优化器：Adam

学习率： 2×10^{-4}

数据增强方式：随机翻转、高斯噪声

迭代期（epoch）：早停法，约100~150个epoch

硬件参数：



硬件设备：单块GTX 1070TI
内存：8G

训练耗时（45例）：约20小时



3.2.1 定位结果

测试耗时（15例）：约30秒

测试结果

表3.1 定位网络的测试集DSC评估结果

部位	DSC
左眼球	86.04 ± 2.88
右眼球	85.86 ± 5.60
左晶体	73.54 ± 6.45
右晶体	73.75 ± 7.62
左视神经	72.21 ± 10.77
右视神经	71.06 ± 11.04
视交叉	60.14 ± 13.08

注：DSC结果表示为测试集15例病例的平均DSC及标准差。

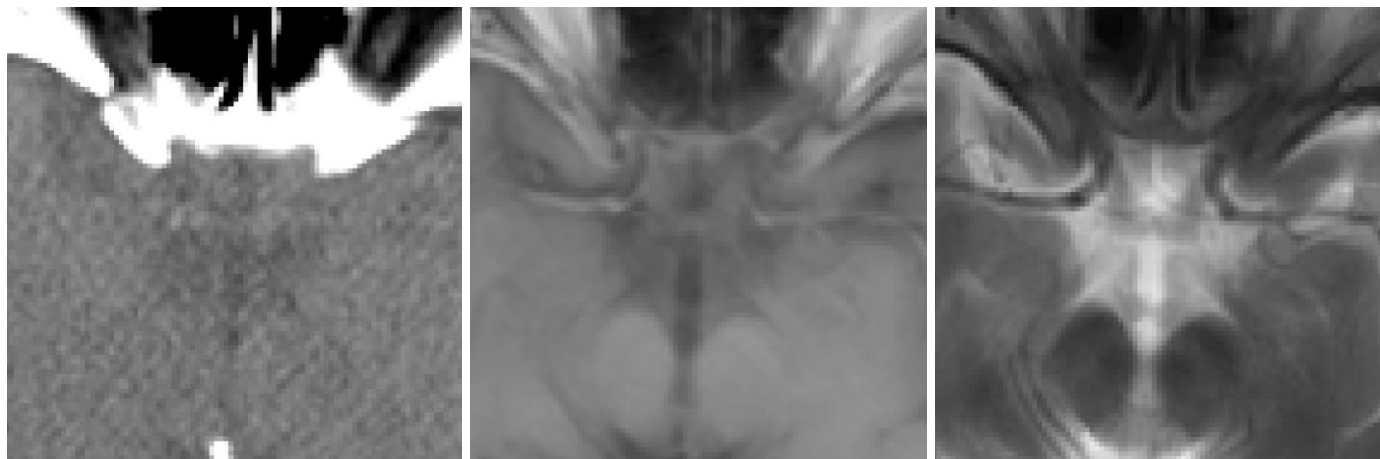


图3.8 定位裁剪尺寸为 $32 \times 96 \times 96$ 的视交叉CT-MRI图像横断面
(左) CT图像 (中) T1w图像 (右) T2w图像

定位裁剪尺寸： $32 \times 128 \times 128$ 、 $32 \times 96 \times 96$ 、 $16 \times 64 \times 64$

标签裁剪通过率超过99%



3.2.2 分割结果

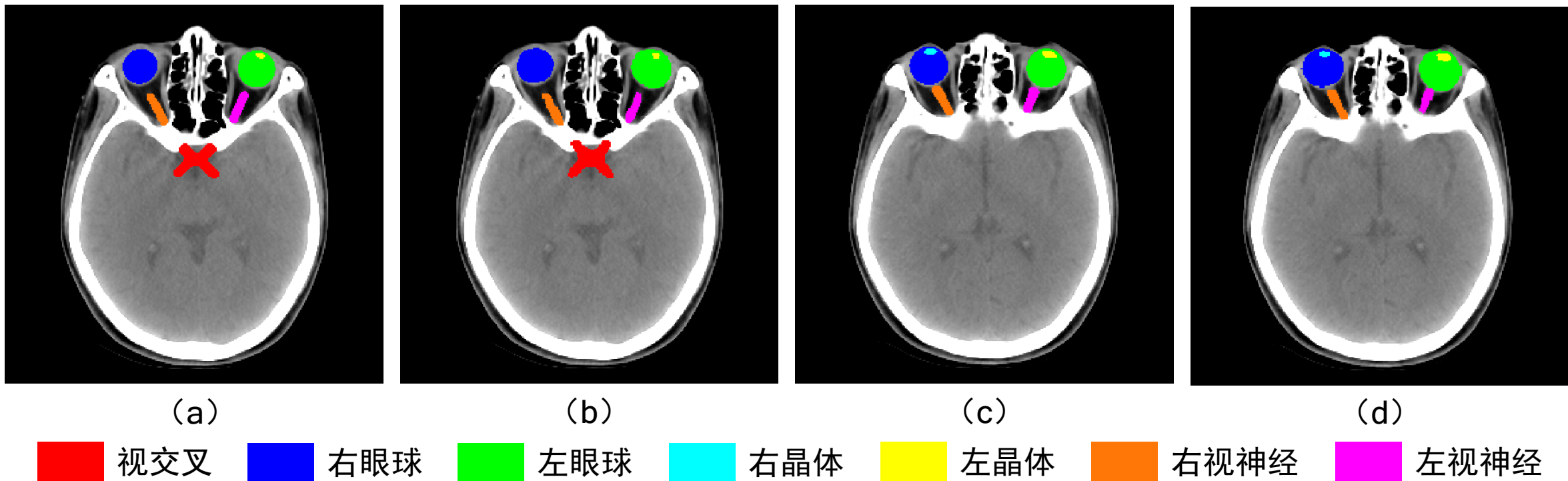
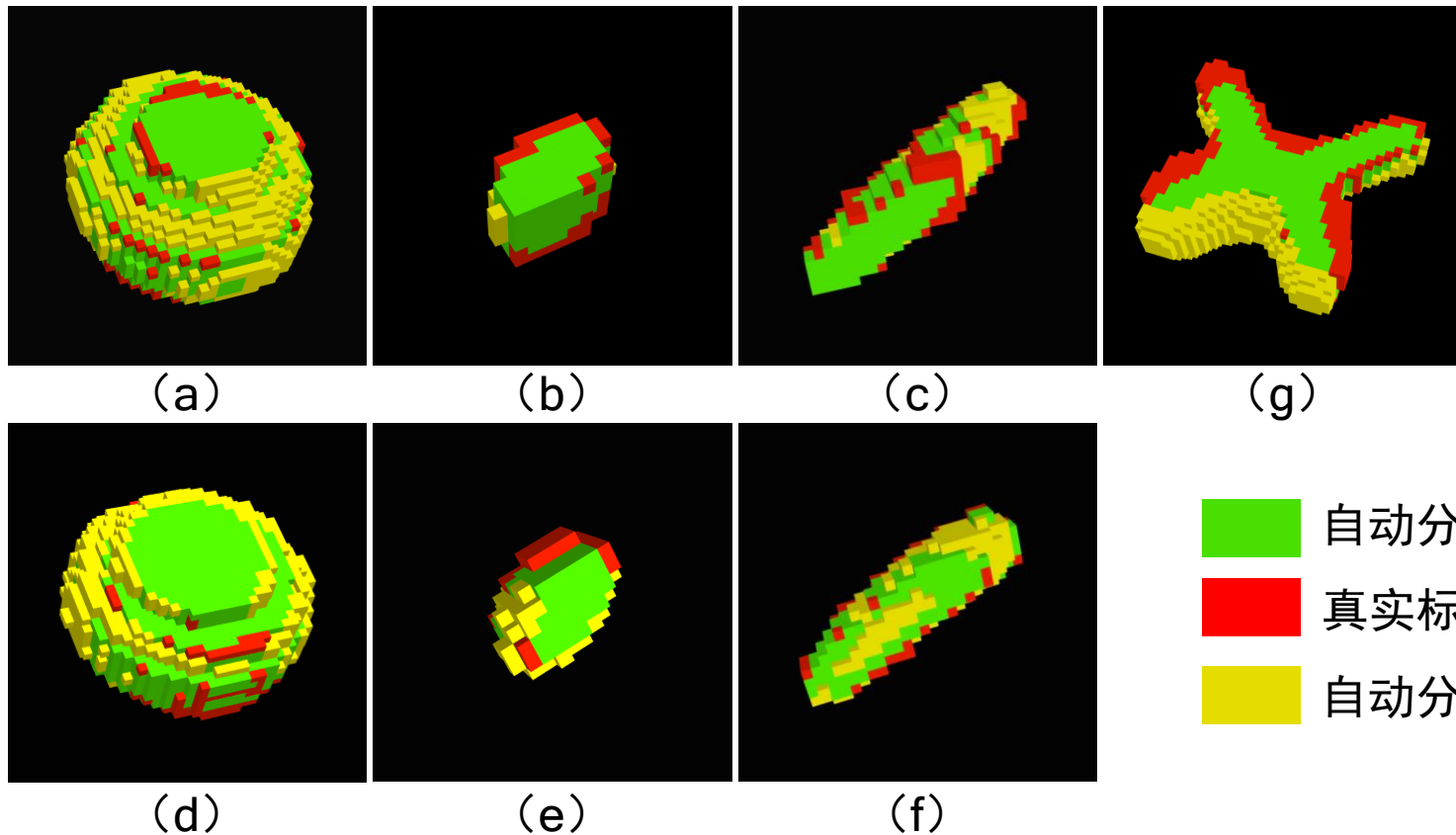


图3.9 自动分割结果与真实标签的横断面图像对比 (a) 真实标签 (近晶体) (b) 自动分割结果 (近晶体) (c) 真实标签 (近视交叉) (d) 自动分割结果 (近视交叉)

- 形状和尺寸一致性好，位置比较准确
- 边界粗糙，不够平滑



3.2.2 分割结果



- 自动分割结果与真实标签的重叠区域（期望）
- 真实标签区域除去重叠区域的体积（不期望）
- 自动分割结果区域除去重叠区域的体积（可接受）

图3.10 不同危及器官的自动分割结果与真实标签的三维图像对比 (a) 左眼球 (b) 左晶体 (c) 左视神经 (d) 右眼球 (e) 右晶体 (f) 右视神经 (g) 视交叉



3.2.2 分割结果

训练耗时：1-4小时，测试耗时：31-37秒

DSC侧重于图像体积填充的准确率

表3.2 分割网络不同尺寸输入图像的分割结果DSC评估

部位	80×256×256	32×128×128	32×96×96	16×64×64
左眼球	87.03 ± 2.60	88.06 ± 2.55*	87.62 ± 2.56	N
右眼球	87.69 ± 3.16*	87.46 ± 3.88	87.54 ± 3.51	N
左晶体	75.27 ± 5.33	79.65 ± 4.94*	78.39 ± 5.21	78.97 ± 6.97
右晶体	75.36 ± 6.35	77.94 ± 4.64	79.85 ± 3.80*	79.70 ± 7.15
左视神经	73.12 ± 10.96	78.46 ± 6.23	80.39 ± 7.12	81.16 ± 6.86*
右视神经	73.50 ± 11.37	76.70 ± 7.85	77.47 ± 9.16*	77.28 ± 8.78
视交叉	63.06 ± 14.38	70.28 ± 7.60	70.47 ± 8.34*	68.49 ± 8.02

注：DSC结果表示为测试集五折交叉验证的平均DSC及标准差。*表示其所在列对应的输入图像尺寸在所在行对应器官分割上具有最佳的DSC结果。N表示无相关实验数据。

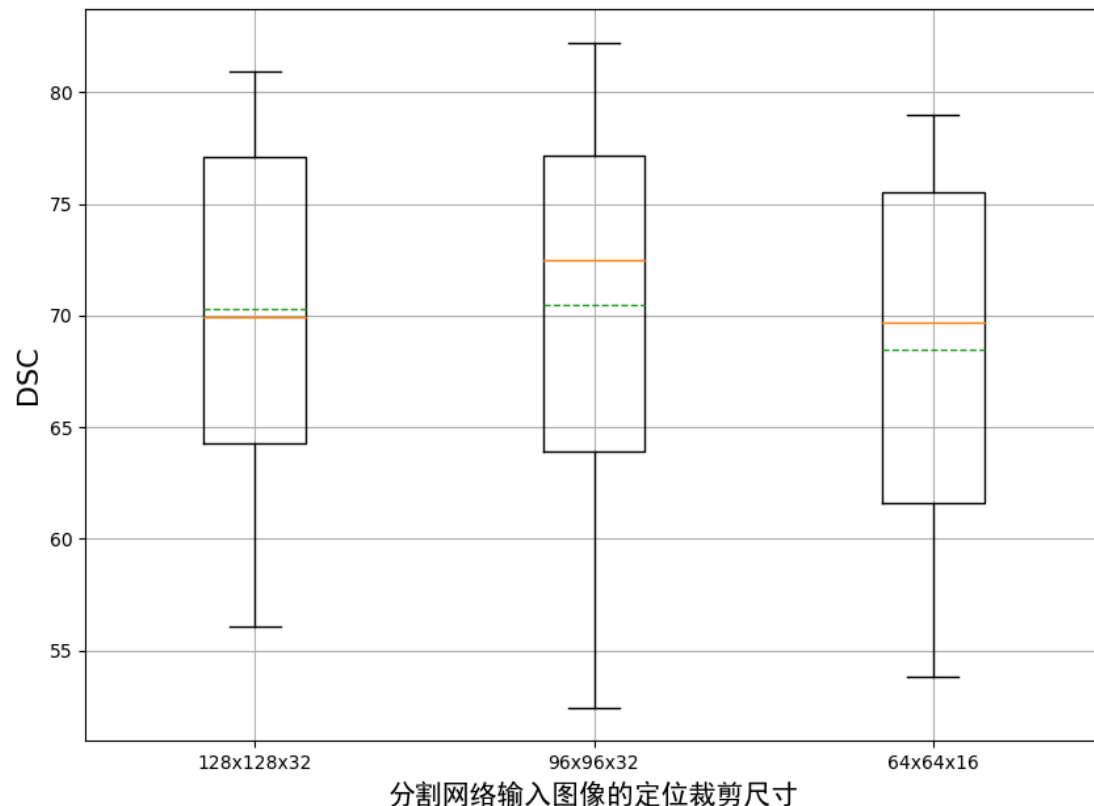


图3.12 不同定位裁剪尺寸输入的所有测试集患者的视交叉分割DSC结果统计分布。



3.2.2 分割结果

表3.3 分割网络不同尺寸输入图像的分割结果HD评估

部位	80×256×256	32×128×128	32×96×96	16×64×64
左眼球	1.36 ± 0.14*	2.74 ± 0.73	2.82 ± 0.89	N
右眼球	1.88 ± 2.41*	2.53 ± 0.91	3.19 ± 2.23	N
左晶体	2.82 ± 2.44	2.60 ± 2.81	2.07 ± 2.06	1.77 ± 1.14*
右晶体	2.88 ± 3.71	3.10 ± 3.93	1.94 ± 1.18*	2.03 ± 1.20
左视神经	2.02 ± 1.43*	2.53 ± 0.96	2.34 ± 1.09	2.44 ± 1.10
右视神经	1.60 ± 0.66*	2.94 ± 1.64	2.83 ± 1.15	2.74 ± 1.04
视交叉	7.32 ± 10.21	3.62 ± 1.81	3.30 ± 0.76*	3.40 ± 0.72

注：HD结果表示为测试集五折交叉验证的平均HD及标准差，单位为毫米。

*表示其所在列对应的输入图像尺寸在所在行对应器官分割上具有最佳的HD结果。N表示无相关实验数据。

HD侧重于图像边界的准确率

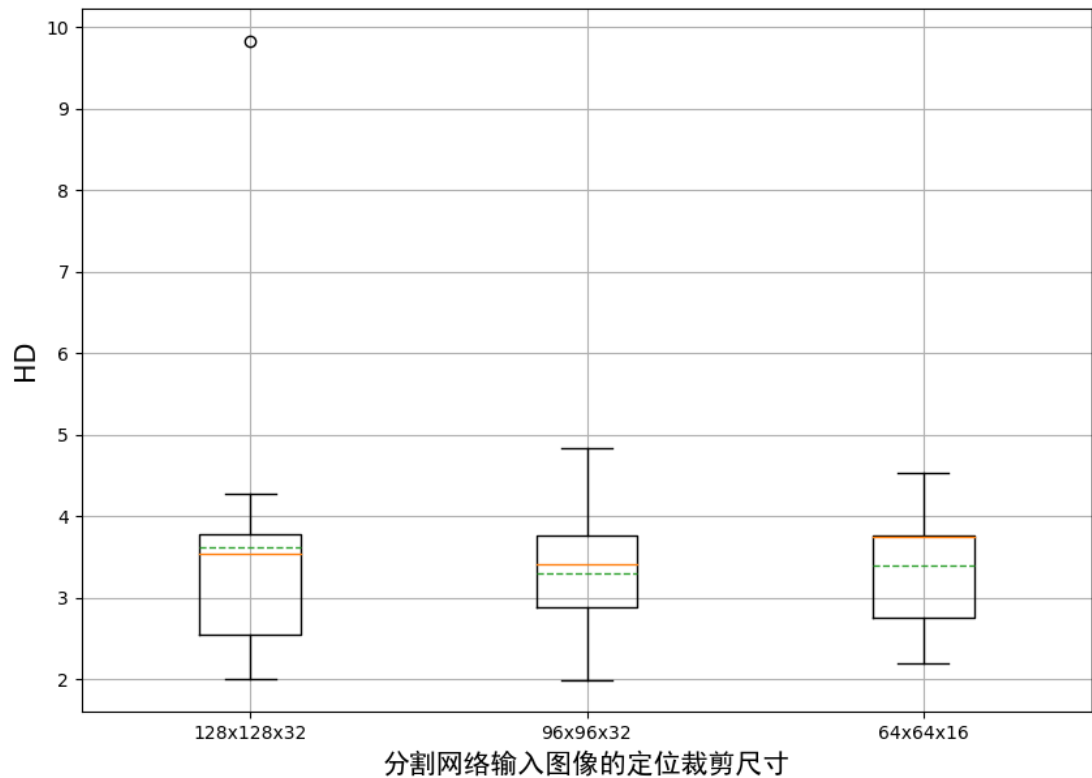


图3.14 不同定位裁剪尺寸输入的所有测试集患者的视交叉分割HD结果统计分布



3.2.2 分割结果

以DSC评估为主要指标

表3.5 本方法与其他方法的分割结果DSC比较

部位	DeepLab (Chen et al. 2018)	AnatomyNet (Zhu et al. 2019)	FocusNet (Gao et al. 2019)	nn-Unet (贺宝春等 2020)	本方法
左眼球	86.7 ± 2.2	//	87.6 ± 0.8	89.5*	88.1 ± 2.6
右眼球	90.5 ± 0.6	//	91.2 ± 0.9*	88.8	87.7 ± 3.2
左晶体	59.2 ± 8.4	//	80.8 ± 4.7*	80.6	79.7 ± 5.0
右晶体	64.3 ± 6.6	//	79.0 ± 6.4	70.8	79.9 ± 3.8*
左视神经	52.7 ± 9.9	72.1 ± 6.0	63.9 ± 3.9	70.8	81.2 ± 6.9*
右视神经	57.1 ± 21.4	70.64 ± 10.0	61.7 ± 12.1	71.4	77.5 ± 9.2*
视交叉	55.6 ± 11.3	53.22 ± 15.0	63.8 ± 11.4	66.8	70.5 ± 8.3*

注：//表示相应文献没有提供该项数据。*表示其所在列对应的算法在所在行对应器官分割上具有最佳的DSC结果。部分数据相应文献没有提供DSC标准差。

表3.6 本方法与其他方法的分割结果HD比较

部位	AnatomyNet (Zhu et al. 2018)	FocusNet (Gao et al. 2019)	本方法
左视神经	4.85 ± 2.3	3.76 ± 2.9	2.3 ± 1.1*
右视神经	4.77 ± 4.3	2.65 ± 1.5*	2.7 ± 1.0
视交叉	5.76 ± 2.5	3.16 ± 1.3*	3.3 ± 0.8

注：单位为毫米，*表示其所在列对应的算法在所在行对应器官分割上具有最佳的HD结果。

脑部小器官的自动分割效果表现良好



3.2.2 分割结果

表3.7 单模态数据与多模态数据的分割结果DSC比较

部位	单模态数据	多模态数据
左眼球	87.56 ± 1.79	87.62 ± 2.56*
右眼球	84.05 ± 15.35	87.54 ± 3.51*
左晶体	78.15 ± 7.66*	74.60 ± 7.90
右晶体	80.77 ± 5.36*	79.85 ± 3.80
左视神经	80.66 ± 6.79*	80.39 ± 7.12
右视神经	77.95 ± 8.39*	77.47 ± 9.16
视交叉	61.93 ± 12.41	70.47 ± 8.34*

注：两种模态数据策略的定位裁剪尺寸均为 $32 \times 96 \times 96$ 。*表示其所在列对应的训练数据模态在所在行对应器官分割上具有最佳的DSC结果。

视交叉：多模态数据策略显著优于单模态数据策略，DSC提升13.8%
其他器官：表现不相上下



总结：

- ✓ 任务一完成了对脑部配对CT-MRI数据的收集、弹性配准及预处理
- ✓ 任务二实现了级联3D U-Net网络的搭建，实现了多模态脑部小器官的自动分割
- ✓ 成功开发了一种分割精度高于仅用CT数据的脑部小器官多模态CT-MRI自动分割方法

创新：

- 针对脑部小器官，较之仅采用MRI的传统多模态自动分割方法，本文首次采用配对CT-MRI数据实现了多模态自动分割方法研究
- 采用改进的级联网络模型分割脑部小器官，提升了脑部小器官的自动分割精度

展望：

- 多部位通用性验证
- 完善后处理研究
- 利用基于深度学习的重采样方法，来实现数据增强

沈镇炯, 彭昭, 孟祥银, 汪志, 徐榭, 裴曦. 2021. 基于级联3D U-Net的CT和MR视交叉自动分割方法[J]. 中国医学物理学杂志. 录用待安排刊期.