

# 基于控制点特征学习的前列腺组织 轮廓线提取方法

金海燕<sup>1,2</sup>, 张 锦<sup>1</sup>, 王海鹏<sup>1</sup>, 肖照林<sup>1,2\*</sup>, 王 刚<sup>3</sup>, 陈 晶<sup>3</sup>, 张 雨<sup>4</sup>, 白志明<sup>3</sup>

(1. 西安理工大学 计算机科学与工程学院, 陕西 西安 710048;

2. 陕西省网络计算与安全技术重点实验室, 陕西 西安 710048;

3. 海口市人民医院, 海南 海口 570208;

4. 海南大学, 海南 海口 570228)

**摘 要:**前列腺疾病检测和诊断的重要手段之一是分析核磁共振加权成像(T2 Weighted Imaging, T2WI)与弥散加权成像(Diffusion Weighted Imaging, DWI)的结果。对前列腺组织图像识别和标注的工作依赖医生经验且效率较低,大量就诊数据的高效高精度处理成为该领域一大挑战。目前,在T2WI图像上提取轮廓的深度学习图像分割算法已有报道,但在DWI图像上提取前列腺组织轮廓,仍存在边缘模糊导致的轮廓线提取难题。针对该问题,提出一种前列腺轮廓控制点的深度学习检测方法。与直接检测轮廓线不同,该文提出一种U型卷积神经网络对轮廓线控制点进行特征学习,以降低由不同患者前列腺轮廓差异导致的特征歧义性问题。在大量已标注数据集上,采用监督学习方式,提出一种结合控制点概率与空间分布的加权损失函数以优化神经网络收敛速度与检测性能。在控制点高精度检测的基础上,采用曲线保凸拟合得到最终的前列腺组织轮廓线。在实验部分,采用前列腺就诊临床数据测试了所提方法的性能,并与直接检测轮廓线方法、多种经典图像分割方法进行了对比。在实验数据的测试结果表明,该方法在相似性系数指标及豪斯多夫距离指标等方面优于现有其他医学网络分割方法。此外,该方法由于仅学习轮廓控制点,因此其在小样本数据集上的学习能力显著优于直接检测轮廓线的深度学习方法。

**关键词:**前列腺组织;弥散加权成像;控制点学习;U-Net网络;特征学习

中图分类号:TP391.41

文献标识码:A

文章编号:1673-629X(2023)07-0027-07

doi:10.3969/j.issn.1673-629X.2023.07.004

## Extraction of Prostate Tissue Contour Based on Control Points Feature Learning

JIN Hai-yan<sup>1,2</sup>, ZHANG Jin<sup>1</sup>, WANG Hai-peng<sup>1</sup>, XIAO Zhao-lin<sup>1,2\*</sup>,

WANG Gang<sup>3</sup>, CHEN Jing<sup>3</sup>, ZHANG Yu<sup>4</sup>, BAI Zhi-ming<sup>3</sup>

(1. School of Computer Science and Engineering, Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China;

2. Shaanxi Key Laboratory for Network Computing and Security Technology, Xi'an 710048, China;

3. Haikou People's Hospital, Haikou 570208, China;

4. Hainan University, Haikou 570228, China)

**Abstract:** Prostate tissue contour labeling has always been an important step in diagnosis of prostate diseases using magnetic resonance imaging (MRI). The traditional manual labeling relies on clinical experiences, and it is also a time consuming and costly process. The rapid growth of patients demands an automatic prostate tissue contour labeling. In recent years, deep learning image segmentation has been used to extract the contour of prostate tissue in T2 (Transverse relaxation time) weighted imaging (T2). However, there are few reports on the effective processing of automatic prostate tissue contour extraction on diffusion-weighted imaging (DWI) images, in which boundaries and details are blur than T2 images, instead of extracting prostate tissue contours directly. We propose a new learning-based solution to detect the control points of prostate tissue contour, and then to generate the contour lines by applying the convex fitting. Based

收稿日期:2023-01-08

修回日期:2023-03-09

基金项目:国家自然科学基金项目(62272383, 61871319);海口市重大科技计划项目(ZDYF2021SHFZ243)

作者简介:金海燕(1976-),女,博士,教授,博导,CCF杰出会员(74449S),研究方向为计算机视觉、图像处理;通讯作者:肖照林(1984-),男,副教授,博士,CCF高级会员(57773S),硕导,研究方向为计算机视觉、图像处理、计算摄像。

on the labeled contours, a bunch of control points are generated by analyzing the shape characteristic. To precisely detect control points, a U-net structural convolutional neural network is proposed to learn features of control points from a large number labeled samples. By considering both position and distribution information, a weighted loss function is then introduced to optimize the proposed network performance and convergence. With detected control points, a convex-persevering fitting algorithm is finally applied to generate final prostate tissue contours. In the experiment part, the contour extraction is tested on some real clinical datasets, the proposed method can generate precise results in quantitative evaluation, which indicates that the effectiveness of proposed solution when dealing with DWI image blur.

**Key words:** prostate tissue; diffusion weighted imaging; control points learning; U-Net network; feature learning

## 0 引言

前列腺增生、前列腺炎、前列腺癌<sup>[1]</sup>等一直是全世界男性所面临的常见疾病。前列腺癌临床检测方法包括特异性抗原检测(Prostate-Specific Antigen, PSA)、穿刺活检、前列腺 B 超和核磁共振成像(Magnetic Resonance Imaging, MRI)<sup>[2]</sup>检查等。前列腺疾病的影像分析主要采用核磁共振加权(T2 Weighted, T2W)成像和弥散加权成像(Diffusion Weighted Imaging, DWI)两种,其中 T2W(T2 Weighted)图像细节较为清晰,适合观察病变组织;而 DWI(Diffusion Weighted Imaging)成像边缘细节虽比 T2W 成像模糊,但更适合观察正常细胞和癌细胞的放射吸收率差别。

针对核磁共振影像前列腺组织的轮廓线分割问题,学者们提出了多种典型的分割方法。文献[3]提出将多图谱分割与椭球形状先验相结合,以椭球先验作为前列腺轮廓线的形态约束条件,从而实现多图谱的前列腺轮廓准确分割。依据前列腺轮廓包膜组织与周围其它组织的差异,可采用曲线拟合法<sup>[4]</sup>、微分法<sup>[5]</sup>等进行轮廓线图像分割。此外,随着监督学习和非监督学习理论的发展,提出将前列腺图像逐像素的邻域提取特征向量,并将特征向量作为神经网络输入,从而将前列腺组织分割转化为二分类问题。针对 T2W 成像结果,提出将目标图像与带状扫描数据进行注册,并提取注册结果的双图谱特征,最终采用模糊 C 均值聚类方法实现对前列腺组织过渡区与外围区的有效分割。上述方法需要对前列腺组织的特征进行向量化描述或显示建模,其前列腺轮廓线分割结果的优劣依赖于特征提取的质量。

近年来,深度学习理论在医学图像处理领域取得了许多显著成果。其中,在卷积神经网络(Convolutional Neural Networks, CNN)<sup>[6]</sup>的基础上,已发展出了如反卷积网络<sup>[7]</sup>、对抗生成网络<sup>[8]</sup>、DeepLab 网络<sup>[9]</sup>等多种不同的网络结构。针对 1.5T 和 3.0T 通量的 T2W 图像,文献[10]提出采用全卷积的 U-Net 网络结构进行前列腺组织分割,并在由 40 位患者的数据集上取得了准确的轮廓分割结果。同样是采用具有编码器-解码器结构的 U-Net<sup>[11]</sup>网络,文献[12]在 U-Net<sup>[13]</sup>网络中加入压缩-激励模块(Squeeze-and-

Excitation blocks),提出了更具泛化性的 T2W 前列腺组织分割新网络。文献[14]提出采用具有双向递归卷积层的网络,将 MRI(Magnetic Resonance Imaging)图像中不同切片层间信息作为序列输入,以补充单个切片层轮廓线信息的不足,从而提高了对 T2W 图像上前列腺组织的分割精度。文献[15]提出了一种在 DWI 中通过一组全卷积神经网络全自动描绘前列腺和前列腺过渡区的算法,在三维 DWI 体积内检测包含部分前列腺的切片,并自动分割前列腺及其过渡区,并取得了较高的分割精度。文献[16]对 MRI 切片进行激活映射,生成对应的粗概率图,引入相似度模型对其细化,并输入残差 U-Net 网络得到更加精准的前列腺分割结果。文献[17]使用非负矩阵分解精确 DWI 分割区域,从分割区域估计以表观扩散系数(ADC)体积形式存在的鉴别特征,并采用迁移学习检测和识别前列腺癌。文献[18]采用 Dense UNet 网络对 MRI 序列进行训练分割,可以将无需手动分析且独立于其他 MRI 序列的定量成像标记,有助于前列腺癌的检测和分类。文献[19]提出的 MRI 兼容性生成对抗网络,其多尺度判别器由两个结构相同但输入大小不同的判别器组成,目标函数包含对抗损失与特征匹配损失,可以使网络稳定训练并获得更好的收敛性。

综上所述,目前针对前列腺组织 T2W 图像的轮廓线分割已有一些相关研究工作,然而直接在 DWI 图像的前列腺轮廓线分割结果仍研究较少。因此,该文提出采用 U-Net 网络直接对 DWI 图像进行前列腺组织轮廓线分割。与现有边缘分割算法不同,该方法通过对轮廓线控制点的特征学习,实现对前列腺组织轮廓线控制点的准确检测,进而采用曲线保凸拟合方法生成轮廓线分割结果。由于采用控制点学习的策略,该方法在已标注的小样本数据集上就可以对 U-Net 网络进行充分训练,且能够有效应对 DWI 影像的模糊边缘问题。主要贡献包括以下两点:

(1)基于医生对前列腺 DWI 图像边缘的标注结果,提出一种轮廓线控制点学习样本的自动生成方法。

(2)提出一种对前列腺组织轮廓控制点的特征学习方法。该方法避免从较模糊 DWI 图像直接提取边缘,优势在于仅需少量前列腺轮廓的已标注样本就可

对神经网络进行训练,且具有较高的轮廓线提取精度。

## 1 前列腺轮廓线控制点的特征学习

针对 DWI 图像的弱梯度变化问题,提出一种基于控制点学习的前列腺轮廓线检测方法,其核心思想是避免直接检测边缘,而将可决定前列腺核体外包络形状的特征点(为了与其他图像特征点进行区分,下文称之为控制点)作为检测重点。由此,将模糊边缘检测问题转化为对少量的关键特征点的检测问题。

### 1.1 轮廓线标注及控制点生成

与经典特征点检测算法不同,该文采用神经网络监督学习方式对轮廓线控制点进行检测。临床医生手工标注的 DWI 图像数据采用三通道的 RGB 文件格式保存。其中,前列腺轮廓线标注为红色,该文以医生标注结果为前列腺轮廓的真值图,即 Ground Truth (GT) 图。在真值图中依据红通道标注结果确定前列腺组织轮廓线,其像素集合  $Q$  为:

$$Q = \{(x, y) \mid R(x, y) = 255\} \quad (1)$$

其中,  $R(x, y)$  代表像素坐标  $(x, y)$  处红色通道的值。该文选取  $Q$  集合像素点固定比例作为控制点样本进行网络训练,其数量用  $Nr$  表示。为了控制样本点间距,采用  $X$  方向的均匀采样方式,间距  $D$  计算如公式(2)。

$$D = \frac{2(x_{\max} - x_{\min})}{Nr} \quad (2)$$

式中,  $x_{\max}$  和  $x_{\min}$  分别是  $Q$  集合中像素  $X$  坐标的最大值和最小值。因此,所选的控制点集合  $C$  为:

$$C = \{c(x_i, \hat{y}_i) \mid x_i = x_{\min} + iD\} \quad (3)$$

由于轮廓线在  $x_i$  处有唯一的上下边界,  $\hat{y}_i$  代表此  $x_i$  处的上下边界坐标,即  $\hat{y}_i = \langle y_i^{\text{top}}, y_i^{\text{bottom}} \rangle$ 。由此,该文采用临床医生标注的 DWI 图像前列腺轮廓线自动生成可学习的控制点数据集  $C$ 。

控制点生成算法如下所示:

输入:经医生手工标注的 DWI 图像  $I$

输出:前列腺轮廓控制点集合  $C$

Step1:读入图像  $I$ ,利用式(1)提取医生标注的前列腺轮廓像素集合  $Q$

Step2:通过轮廓像素集合  $Q$  的数量,确定控制点样本数量  $Nr$

Step3:从  $Q$  集合选取像素点,得到控制点集合  $C$

Step3.1:通过集合  $Q$  确定其  $X$  方向像素的极值  $x_{\max}$  与  $x_{\min}$

Step3.2:利用式(2)计算  $X$  方向均匀采样距离  $D$

Step3.3:在  $X$  方向上每次移动  $D$  提取  $Y$  方向前列腺轮廓的上下边界  $y^{\text{top}}$  与  $y^{\text{bottom}}$

Step3.4:利用式(3)统计符合要求的控制点  $\hat{y}_i$ ,组成控制点集合  $C$

每张 DWI 图像可生成  $Nr$  个控制点,当已标注的

DWI 图像为  $K$  张时,可学习样本共  $Nr \times k$  个控制点。相较于直接学习轮廓线的方法,控制点学习样本数量为其  $Nr$  倍,且控制点特征相比于轮廓线更为简单,故该文的控制点学习策略较适合小样本数据集,对已标注的前列腺轮廓线数据量要求较低。

### 1.2 控制点学习网络构建

在采用神经网络学习控制点特征时,其本质是依据贝叶斯理论解决样本点最大后验概率估计问题。令  $p$  为控制点集合  $C$  采样分布,则  $p(C \mid \theta)$  就是在参数为  $\theta$  时观测到  $C$  的概率,此时对参数  $\theta$  的最大似然估计  $\hat{\theta}$  为:

$$\hat{\theta}(C) = \operatorname{argmax}_{\theta} p(C \mid \theta) \quad (4)$$

假设  $\theta$  存在先验分布  $g$  (控制点的特征),则控制点学习可认为是以下最大后验概率估计问题。

$$\hat{\theta}_{\text{MAP}}(C) = \operatorname{argmax}_{\theta} p(C \mid \theta) g(\theta) \quad (5)$$

为了对  $C$  集合的概率分布进行量化,以标注控制点特征概率扩散方式形成量化的可学习样本。因此,任意像素点是轮廓线控制点的概率  $p(x, y)$ ,可看作是控制点集合  $C$  中各点的扩散结果。

$$p_{(x,y)} = \sum_i^{Nr} \gamma(p_{(x,y)}, p_{c_i}) p(c_i) \quad (6)$$

其中,  $\gamma(p_{(x,y)}, p_{c_i})$  为依据两点距离的扩散衰减函数。

$$\gamma(p_{(x,y)}, p_{c_i}) = (1/a)^{\|p_{(x,y)} - p_{c_i}\|_2} \quad (7)$$

其中,  $a$  为扩散衰减系数。依据控制点集合  $C$ ,采用公式(6)和(7)可计算已标注图像中所有像素点可作为控制点的概率。由于概率值很小的样本点没有学习和参考的意义,因此当  $p_{(x,y)} < 0.5$  时,将  $p_{(x,y)}$  概率置为 0,由此得到真值图中控制点的概率图  $P$ 。 $P$  中概率即为控制点学习网络的学习输入及预期输出。

对控制点训练及检测方法的总体流程如图 1 所示。如表 1 所示,所用 U-Net 型卷积神经网络的卷积层与反卷积层各 4 层,‘Conv2d’表示二维卷积操作,‘Concat’表示 concatenate 操作,‘BN’表示 batch normalization 操作,‘Pool’表示 pooling 操作。

表 1 前列腺控制点学习的 U-Net 网络结构

卷积层 Layers	通道数 Channels	卷积核 Kernel	操作及激活函数 Composition
Input	1/64	3×3	Conv2d+BN+RELU
Conv1	64/128	3×3	Conv2d+BN+RELU+Pool
Conv2	128/256	3×3	Conv2d+BN+RELU+Pool
Conv3	256/512	3×3	Conv2d+BN+RELU+Pool
Conv4	512/512	3×3	Conv2d+BN+RELU+Pool
Deconv1	512/256	3×3	Concat+Conv2d+BN+RELU
Deconv2	256/128	3×3	Concat+Conv2d+BN+RELU
Deconv3	128/64	3×3	Concat+Conv2d+BN+RELU
Deconv4	64/64	3×3	Concat+Conv2d+BN+RELU
Output	64/1	1×1	Conv2d



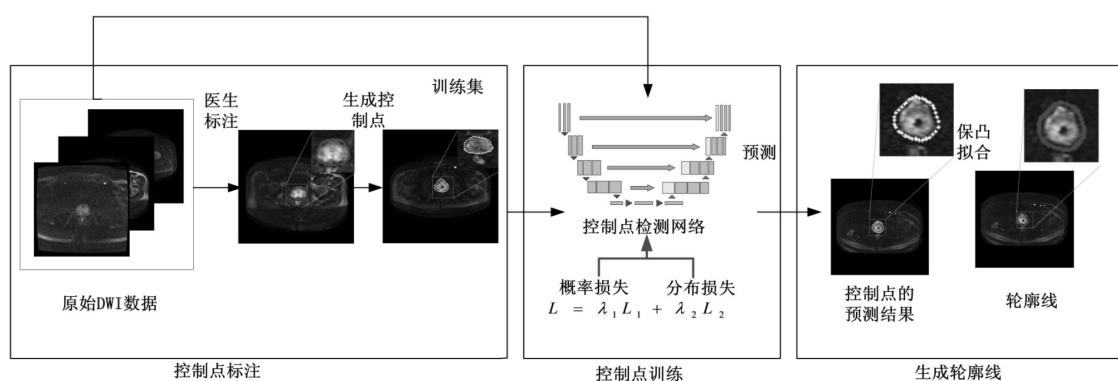


图1 文中方法的总体流程示意

### 1.3 网络训练及轮廓线预测

一组训练数据中,包括用于输入网络的原始 DWI 图像  $I$ ,以及被当作预期输出的控制点概率图  $P$ 。考虑到预测控制点概率图  $P'$  控制点的概率和分布对拟合轮廓线较为重要,故设计了如下的损失函数。

$$L = \lambda_1 L_1 + \lambda_2 L_2 \quad (8)$$

$$L_1 = (P'(x, y) - P(x, y))^m \quad (9)$$

式中,损失值  $L$  分别由控制点的概率差异损失  $L_1$  和分布损失  $L_2$  以及权重  $\lambda_1$  和  $\lambda_2$  加权构成,如图 2 所示,  $\lambda_1$  和  $\lambda_2$  由设置多组参数系数进行实验对比获得。概率损失  $L_1$  计算预测控制点与预期控制点的概率差异,  $m$  为概率图差异的幂次方。由于公式(7)导致控制点的扩散效应,目标点周围像素点作为控制点的概率也较高,故将控制点的空间分布也作为损失函数的计算项。

$$L_2 = \sum_i \sum_{j \in \Omega} \eta(|s'_{ij} - s_{ij}|) \quad (10)$$

式中,  $s'_{ij}$  和  $s_{ij}$  分别为第  $i$  个控制点在邻域  $\Omega$  内,预测控制点与参考控制点的分布差异,  $\eta(\cdot)$  为控制点分布差异的截断量化函数,该文将邻域  $\Omega$  内预测控制点概率为  $q$  以上的分布与标注控制点分布的差异定义为  $L_2$ ,  $q$  为训练参数。

实验所使用的数据集为海口市人民医院泌尿外科医生所标注的 10 组临床前列腺 DWI 造影数据(具体见 2.1 节)。为了更好地利用已标注数据集,在训练阶段还对训练数据集进行增强(Data Augmentation),包括垂直翻转、45°旋转和-45°旋转。由此,可将原始数据集由 400 张扩充至 1 600 张,并将该 1 600 张作为训练数据集,额外 100 张作为测试数据集。网络训练阶段,该文采用多轮次迭代的随机输入模式训练样本。每次迭代(Epoch)过程前,对样本再次进行随机排序。

在轮廓线预测阶段,对于任意输入的 DWI 图像,采用上文所述的 U-Net 卷积网络计算,将会得到一张预测的概率图  $P'$ ,  $P'$  中的每个像素点值代表该点可作为轮廓线控制点的概率。但是,上述神经网络模型仍将预测出大量候选的控制点。该文采用腐蚀和二值化

操作再次缩减候选点数量,最终使得保留的候选点数量接近  $N_r$ ,进而利用保凸拟合方法生成最终的轮廓线。

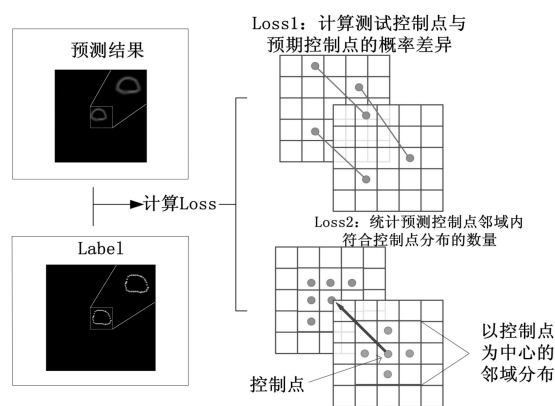


图2 概率差异损失与分布损失的示意

## 2 前列腺轮廓线的检测实验

### 2.1 实验数据集与测试平台

实验采用海口市人民医院泌尿外科医生所标注的 10 组临床前列腺 DWI 造影数据,每组样本包含 8~14 位患者的 DWI 分层核磁共振扫描影像,每位患者 DWI 数据包含 40 张左右的轴向切片,其中的前列腺轮廓已由医生采用图 1 的方式手动标注。数据集中 DWI 图像分辨率为  $256 \times 256$  像素。使用垂直翻转、45°旋转和-45°旋转的方式,将原始数据集由 400 张扩充至 1 600 张,并将该 1 600 张作为训练数据集,额外 100 张作为测试数据集。

该文采用 Python3.7 及 PyTorch 1.2 版本构建 U-Net 深度神经网络。训练过程中,为了确保良好的收敛性并降低收敛速度,将初始学习率设置为 0.000 5,并逐 Epoch 递减为前一次的 0.2 倍。训练中 Batch size 设置为 1,采用 Adam 优化器进行网络优化迭代。

### 2.2 轮廓线检测结果分析

为了测试算法提取前列腺轮廓线结果的质量,实验分别采用相似性系数(Dice Similarity Coefficient,

DSC)、豪斯多夫距离 (Hausdorff Distance, HD)、平均对称表面距离 (Average Symmetric Surface Distance, ASD) 三种评价指标对结果进行定量评价。

在测试数据集上,首先比较采用相同网络结构直接提取轮廓线的方法<sup>[20]</sup>与文中方法,结果如表 2 所示。

表 2 不同轮廓线检测方法的结果对比

训练数据量/张	文中方法			文献[21]方法		
	DSC/%	HD/mm	ASD/mm	DSC/%	HD/mm	ASD/mm
400	85.3	4.48	2.23	81.2	7.26	2.65
100	80.3	7.44	2.89	74.6	9.19	3.06
50	76.1	9.72	4.04	70.3	11.42	4.71

相较于轮廓线的提取方法,文中方法检测轮廓线更为准确。在训练数据集越来越少的情况下,文中方法的结果明显优于直接提取轮廓线方法的结果。这样证明了所提的检测轮廓线控制点策略在小样本数据上优于直接检测轮廓线的特征。

图 3 显示了多组不同病患 DWI 原始图像、医生手工标注结果、文中网络的输出结果及拟合的前列腺轮廓线。从图 3 中可以看出,文中方法预测的控制点拟合的闭合轮廓线基本覆盖了前列腺组织,且在不同病患数据上的轮廓线拟合效果与医生标注形状非常接近。当前列腺组织较大且边缘圆滑时,文中方法检测效果较好;当前列腺组织较小且边缘扁平时,检测结果与标注结果存在明显差异。表 3 统计了对应图 3 的 3 种量化评价指标,其中 DSC 重合率结果均高于 80%。

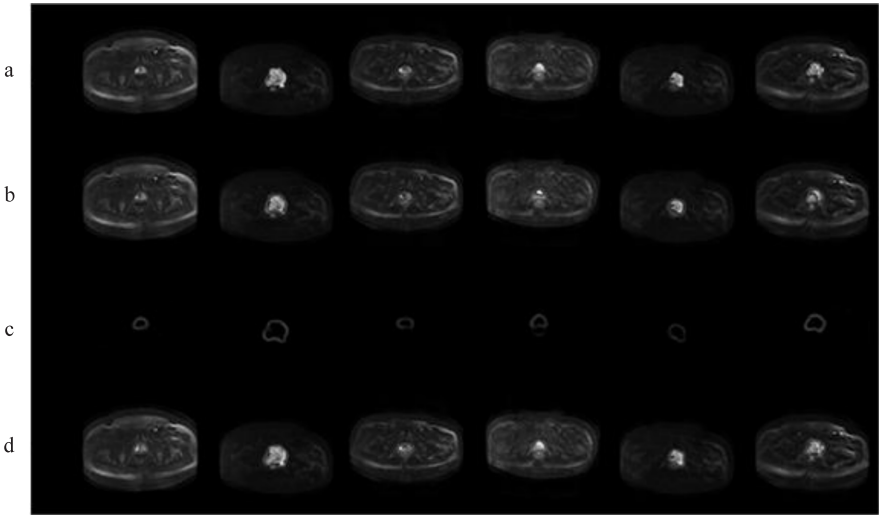
表 3 不同病例的前列腺轮廓线检测结果

患者	DSC/%	HD/mm	ASD/mm
Grg-1601-14	85.8	2.24	1.79
Cyd-1603-13	90.8	5.00	2.07
Ltj-1702-07	81.7	5.00	2.39
Chs-1601-12	94.3	2.00	0.89
Cyd-1603-17	93.3	2.83	1.15
Cyd-1610-11	86.4	5.00	2.44

表 4 给出了不同分割方法在本数据集上的数值评价结果,对比方法包括:U-Ne<sup>[20]</sup>、FCNt<sup>[21]</sup>、SegNet<sup>[22]</sup>、ResUNet<sup>[23]</sup>、ResUNet++<sup>[24]</sup>、RAUNet<sup>[25]</sup>、CaraNet<sup>[26]</sup>、PraNet<sup>[27]</sup>。由表 4 的数值结果可以看出,其余医学图像网络分割方法虽然也可以分割出 DWI 前列腺轮廓,但其分割精度仍存在提升空间。文中方法分割的 DWI 前列腺轮廓在 DSC、HD 两个重要指标上均优于其它方法,DSC 值为 85.3%,已达到 MRI 分割结果的较高水平,验证了该方法对 DWI 前列腺分割的准确性。

表 4 不同深度学习网络的前列腺轮廓线检测结果

方 法	DSC/%	HD/mm	ASD/mm
U-Net	77.9	6.18	2.69
FCN	77.5	7.98	3.36
SegNet	80.0	6.65	2.84
ResUNet	80.3	6.45	2.55
ResUNet++	83.9	4.69	2.19
RAUNet	84.2	5.38	2.36
CaraNet	81.7	7.25	2.84
PraNet	80.6	6.73	2.87
Ours	85.3	4.49	2.23



(a)原始 DWI 图像 (b)手工标注前列腺轮廓线 (c)网络输出的概率图 (d)轮廓线拟合结果  
图 3 多组不同患者数据上的前列腺轮廓线提取结果

图 4 中 6 组数据, 分别在一幅图像上可视化了注轮廓线的差异。  
文中方法预测得到的前列腺组织轮廓线与医生手工标

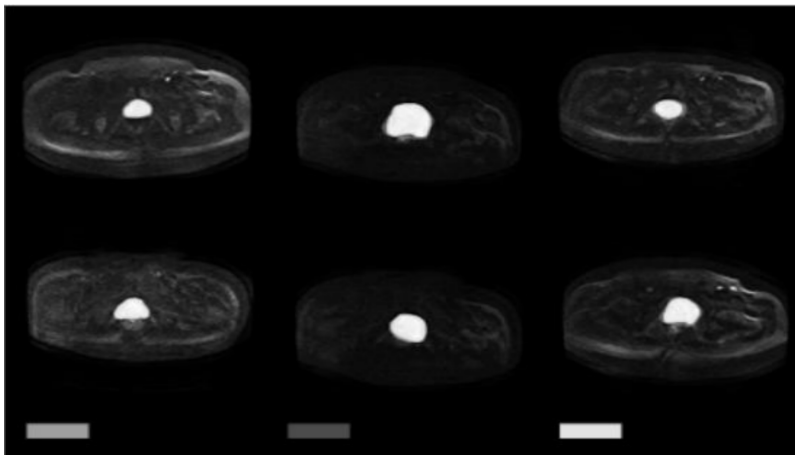
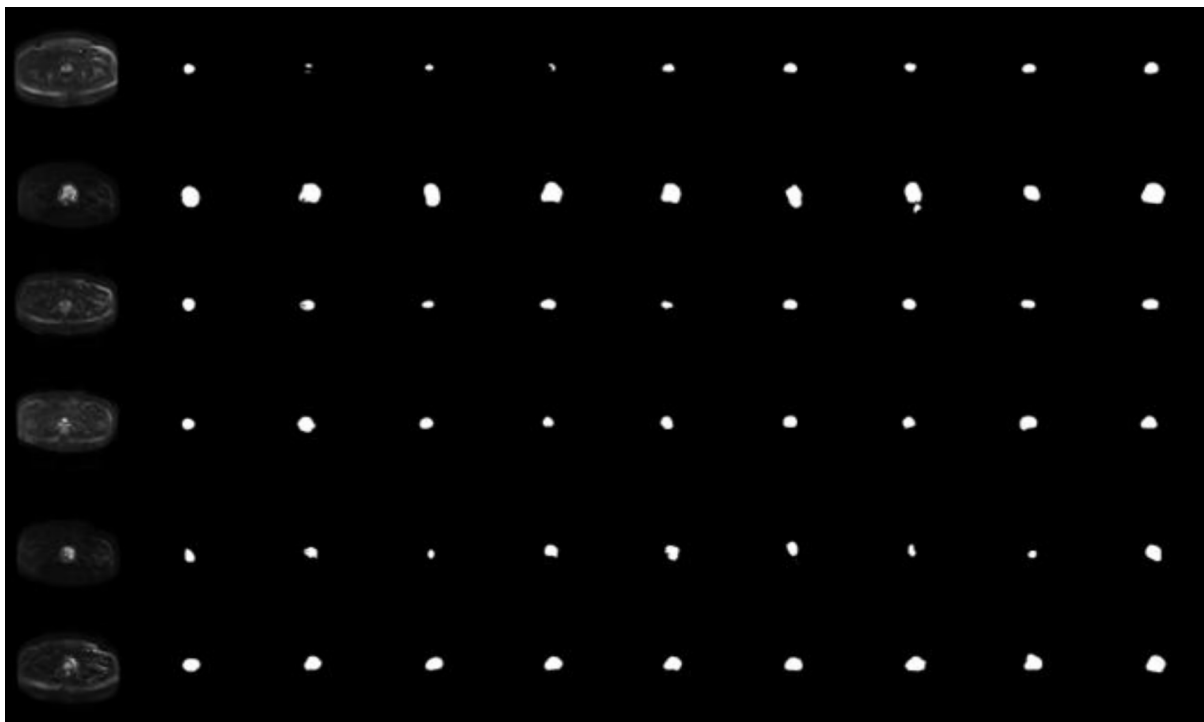


图 4 6 张测试数据集的轮廓区域可视化对比  
(浅灰色部分为医生标注, 深灰色部分为文中预测, 白色部分为两者重叠)



(a) 医生标注 (b) FCN (c) U-Net (d) SegNet (e) ResUNet (f) ResUNet++ (g) RAUNet (h) CaraNet (i) ParNet (j) 文中方法  
图 5 不同方法检测前列腺区域形状的对比结果

由图 4 可见, 文中方法预测的轮廓线与医生标注的轮廓线具有很高的相似度。为了体现不同轮廓线检测方法提取前列腺区域的差异, 在图 5 中可视化对比几种方法分割出的前列腺形状。从图中可以看出, 文中方法由 DWI 图像提取出的前列腺形状最接近医生手工标注的结果, 进一步证明了所提方法对轮廓线控制点检测的准确性。

### 3 结束语

提出了一种基于控制点特征深度学习的前列腺组织轮廓线检测方法。与现有依据边缘直接检测轮廓线

的方法不同, 该文采用 U-Net 神经网络检测控制点, 进而使用曲线保凸拟合生成最终轮廓线。提出了适合控制点特征学习的概率损失与分布损失, 将控制点检测建模为一个最大后验概率估计问题, 故神经网络输出为一张各个像素点作为轮廓线控制点的概率图。相较于直接学习轮廓线特征, 控制点特征学习较为简单且所需的医生标注数据量较低, 故该方法较适合仅具有小样本标注数据的任务。在真实的临床病患数据集上, 采用 DSC、HD、AS 三种指标对比了多种现有的轮廓线提取方法, 结果表明该方法拟合的前列腺轮廓线更接近与医生标注的结果, 从而证明了该方法的有效

性。进一步而言,在病患前列腺形状发生较大变化时,该方法的分割效果有待提升,这反映出该方法较依赖于医生标注数据集,若考虑更加精准的控制点拟合曲线方案则可提升分割结果。此外,目前该方法仅考虑DWI扫描单层图像上的控制点特征及其二维分布特性,后续将进一步考虑多层DWI图像中控制点的三维分布,或可进一步提高控制点检测的精度。

#### 参考文献:

- [1] 崔逐云. MRI在前列腺疾病诊断中的应用[J]. 中国实用医药, 2015(14): 69-70.
- [2] WILSON D, OHLIGER M. Introduction: MRI/MRS as metabolic imaging tools[J]. Imaging and Metabolism, 2018, 4: 81-98.
- [3] 李雪丽, 庞树茂, 阳维, 等. 椭球先验约束的前列腺磁共振图像分割[J]. 南方医科大学学报, 2017, 37(3): 347-353.
- [4] 尚雅层, 陈静, 田军委. 高斯拟合亚像素边缘检测算法[J]. 计算机应用, 2011, 31(1): 179-181.
- [5] KIMIA B B, LI X, GUO Y, et al. Differential geometry in edge detection: accurate estimation of position, orientation and curvature[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2018, 41(7): 1573-1586.
- [6] 郑远攀, 李广阳, 李晖. 深度学习在图像识别中的应用研究综述[J]. 计算机工程与应用, 2019, 55(12): 20-36.
- [7] 陈超, 齐峰. 卷积神经网络的发展及其在计算机视觉领域中的应用综述[J]. 计算机科学, 2019, 46(3): 63-73.
- [8] ISOLA P, ZHU J Y, ZHOU T H. Image-to-image translation with conditional adversarial networks[C]//Proceedings of 2017 IEEE conference on computer vision and pattern recognition. Honolulu: IEEE, 2017: 5967-5976.
- [9] ZHANG W L. Deep convolutional neural networks for multi-modality isointense infant brain image segmentation[J]. NeuroImage, 2015, 108: 214-224.
- [10] JENSEN C, SRENSSEN K S, JRGENSEN C K, et al. Prostate zonal segmentation in 1.5T and 3T T2W MRI using a convolutional neural network[J]. Journal of Medical Imaging, 2019, 6(1): 014501.
- [11] 唐浩漾, 王燕, 宋聪, 等. 基于空洞U-Net网络的乳腺细胞图像分割算法[J]. 光电子·激光, 2021, 32(5): 470-476.
- [12] RUNDO L, HAN C, NAGANO Y, et al. USE-Net: incorporating squeeze-and-excitation blocks into U-Net for prostate zonal segmentation of multi-institutional MRI datasets[J]. Neurocomputing, 2019, 365(6): 31-43.
- [13] 周志华. 机器学习[M]. 北京: 清华大学出版社, 2016.
- [14] ZHU Qikui, DU Bo, TURKBAY B, et al. Exploiting interslice correlation for MRI prostate image segmentation, from recursive neural networks aspect[J]. Complexity, 2018(2): 1-10.
- [15] CLARK T, ZHANG J, BAIG S, et al. Fully automated segmentation of prostate whole gland and transition zone in diffusion-weighted MRI using convolutional neural networks[J]. Journal of Medical Imaging, 2017, 4(4): 041307.
- [16] CHEN Z, TIAN Z, LI X, et al. Exploiting confident information for weakly supervised prostate segmentation based on image-level labels[C]//Medical imaging 2020: image-guided procedures, robotic interventions, and modeling. Houston: SPIE, 2020: 542-548.
- [17] ABDELMAKSOU D I R, SHALABY A, MAHMOUD A, et al. Precise identification of prostate cancer from DWI using transfer learning[J]. Sensors, 2021, 21(11): 3664.
- [18] ALDOJ N, BIAVATI F, DEWEY M, et al. Fully automated quantification of in vivo viscoelasticity of prostate zones using magnetic resonance elastography with dense U-net segmentation[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 1-13.
- [19] HE J. Conditional generative adversarial networks with multi-scale discriminators for prostate MRI segmentation[J]. Neural Processing Letters, 2020, 52(2): 1251-1261.
- [20] 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. [s. l.]: Springer, 2015: 234-241.
- [21] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2014, 39(4): 640-651.
- [22] BADRINARAYANAN V, KENDALL A, CIPOLLA R. SegNet: a deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2017, 39(12): 2481-2495.
- [23] ZHANG Z, LIU Q, WANG Y. Road extraction by deep residual u-net[J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2018, 15(5): 749-753.
- [24] JHA D, SMEDSRUD P H, RIEGLER M A, et al. ResUNet+: an advanced architecture for medical image segmentation[C]//2019 IEEE international symposium on multimedia (ISM). San Diego: IEEE, 2019: 225-2255.
- [25] NI Z L, BIAN G B, ZHOU X H, et al. Raunet: residual attention u-net for semantic segmentation of cataract surgical instruments[C]//International conference on neural information processing. [s. l.]: Springer, 2019: 139-149.
- [26] LOU A, GUAN S, KO H, et al. CaraNet: context axial reverse attention network for segmentation of small medical objects[C]//Medical imaging 2022: image processing. San Diego: SPIE, 2022: 81-92.
- [27] FAN D P, JI G P, ZHOU T, et al. Pranet: parallel reverse attention network for polyp segmentation[C]//International conference on medical image computing and computer-assisted intervention. [s. l.]: Springer, 2020: 263-273.