DOI:10.16136/j.joel.2023.05.0504

基于生成对抗网络与 ResUNet 的细胞核图像分割

陈 立,魏钰欣,刘 斌*

(陕西科技大学电子信息与人工智能学院,陕西西安 710021)

摘要:细胞核的精准分割是病理诊断的基础工作,针对目前分割算法存在细小特征提取难、细节 丢失多等问题,本文提出了一种基于生成对抗网络(generative adversarial network,GAN)与 ResU-Net的分割网络。首先将 ResUNet 网络作为生成网络(generator,G),利用 LeakyReLU 激活函数 使负值特征能够得到激活,其次再通过判别网络(discriminator,D)的判别损失值引导生成网络更 好地学习。实验结果显示,在乳腺癌细胞核数据集和 DSB 数据集上 MioU、Dice、Acc 等评价指标 分别达到 82%、83%、95%和 90%、90%、97%,较 ResUNet 网络分别提升了 2.5%、3.3%、0.7%和 0.7%、1.5%、0.8%。同时与 SegNet、FCN8s 等 6 种常用分割网络的分割结果对比 均有提升,结果证明本文改进后的网络具有较好的分割准确率,可以为病理诊断工作提供重要 依据。

关键词:图像分割;细胞核图像;生成对抗网络(GAN); ResUNet;激活函数 中图分类号:TP311 文献标识码:A 文章编号:1005-0086(2023)05-0473-09

Cell nuclear image segmentation based on generative adversarial network and ResUNet

CHEN Li, WEI Yuxin, LIU Bin*

(School of Electronic Information and Artificial Intelligences, Shaanxi University of Science & Technology, Xi'an, Shaanxi 710021, China)

Abstract: Accurate segmentation of cell nuclei is the basic work of pathological diagnosis, and for the problems of current segmentation algorithms such as difficult extraction of fine features and much detail loss, a segmentation network based on generative adversarial network (GAN) with ResUNet is proposed in this paper. Firstly, the ResUNet network is used as the generative network, and the *LeakyReLU* activation function is used to enable the activation of negative-valued features, followed by the discriminative loss value of the discriminative network to guide the generative network to learn better. The experimental results show that the network in this paper achieves 82%, 83%, 95% and 90%, 90%, 97% of the evaluation indexes of *MioU*, *Dice* and *Acc* on the breast cancer cell nucleus dataset and DSB dataset, respectively, which is 2. 5%, 3. 3%, 0. 7% and 0. 7%, 1. 5%, 0. 8% improvement over the ResUNet network, respectively. At the same time, the segmentation results of six commonly used segmentation network, such as SegNet and FCN8s, are improved, and the results proved that the improved network has better segmentation accuracy, which can provide an important basis for pathological diagnosis work. **Key words**: image segmentation; cell nuclear image; generative adversarial network (GAN); ResUNet; activation function

0 引 言

根据世界卫生组织国际癌症研究机构发布的 2020年全球最新癌症数据显示全球新发癌症病例 达1929万例,其中我国每年新发癌症病例人数约 457 万人,死亡人数约 300 万人^[1]。在癌症的早期 诊断中,细胞核的形态特征对于癌症评级和预测 治疗效果有着非常重要的作用。通常情况下,癌 症细胞的细胞核比正常细胞的细胞核要大,并且 核质比增高。核的形状多为畸形,如拉长、凹陷、 长芽、边缘呈锯齿状、分叶及弯月形等。因此,细胞核的精准分割对于医学图像分析和处理来说是 非常重要的基础研究,具有重要的研究价值。

早期有关细胞核的分割算法大多是基于传统 算法,常见的主要是基于阈值法和形态学法。 ANANTHI等^[2]提出了通过将阈值分割与模糊集 结合起来对白细胞进行分割。方红萍等^[3]提出自 适应的堆叠细胞分割的方法,通过利用不同 h 值 的 H-minima 变换分水岭种子点,采用 k 均值算法 合并初始分割区域,从而获得分割结果。PHOU-LADY等^[4]提出了使用迭代阈值法来分割细 胞核。

传统的图像分割算法具有一定的局限性,且 模型的鲁棒性较差。近年来,深度神经网络算法 的崛起为细胞核分割带来了新进展。SONG等^[5] 提出了一种基于多尺度卷积网络的宫颈细胞核分 割方法,通过利用多尺度卷积网络来提取多尺度 特征。MISHRA等^[6]提出了一种使用卷积神经网 络对黑色素瘤的皮肤癌细胞的分割方法。ODA 等^[7]提出了 BESNet 分割模型,将得到的轮廓特征 与细胞核特征串联起来,在核分支中学习互补信 息。刘一鸣等^[8]使用全卷积神经网络来分割宫颈 癌细胞学图像,并通过条件随机场来进一步优化 分割结果。

上述提到的分割算法在医学细胞核分割领域 已经取得较好的效果,但由于细胞染色不均匀和 细胞核的紧贴、丛生的形态特点,模型的抗干扰能 力不强,对于细胞核的分割效果不够精准。目前 对抗网络在图像修复、超分辨率等领域应用十分 广泛,但还很少将其应用到细胞核的图像分割领 域,故本文提出将对抗网络与经典分割网络模型 结合起来对细胞核图像进行分割。

1 基本原理

本文提出的分割网络主要基于残差 U 型网络 ResUNet 与生成对抗网络(generative adversarial networks,GAN),由生成网络(generator,G)和判 别网络(discriminator,D)两部分组成。

在分割细胞核图像的过程中生成网络的主要 功能是根据输入的细胞核图像生成一张分割结果 图,判别网络通过输入的图像判别是对应的真实 细胞核图像还是生成网络生成的分割结果,衡量 真实样本图像和生成样本之间的差距。通过生成 网络和判别网络间的对抗训练,将判别网络输出 的分割损失值作为梯度信息来更新判别网络和生 成网络各层的参数,使得整个 GAN 网络能够更好 地对细胞核图像进行分割^[9]。GAN 的训练过程 的实质就是生成网络最小化和判别网络最大化, 这个过程如式(1)所示:

 $\min_{C} \max_{D} V(D,G) = E_{x \sim p_{data(x)}}(x) \lfloor \log D(x) \rfloor +$

 $E_{z \sim p_{z(z)}} [\log(1 - D(G(z)))],$ (1) 式中,D(x)表示判别网络输入真实细胞核图像时 得到判别结果为真的概率,G(z)表示生成网络生 成的细胞核图像,D(G(z))表示当输入数据为生 成网络生成的细胞核图像时判别网络判别结果为 真的概率, $p_{data(x)}$ 表示真实细胞核图像, $p_{z(z)}$ 表示 生成网络生成的细胞核图像,E表示期望值。

本文利用 GAN 与 ResUNet 网络用于分割细胞核图像的训练过程如图 1 所示。



图 1 GAN 的训练过程 Fig. 1 Training process of GAN

1.1 LeakyReLU 激活函数

在神经网络中,ReLU激活函数进入负区间后会导致神经元参数不更新、无法学习等问题^[10],而 LeakyReLU函数对于负的输入值也能够进行基于梯度的学习以及反向传播,弥补了ReLU激活函数的 不足,故本文选用LeakyReLU激活函数,通过增加 的负值信息解决部分细节丢失问题。LeakyReLU激 活函数的表达式如式(2)所示:

$$LeakyReLU(x) = \begin{cases} x, x > 0\\ ax, a \leq 0 \end{cases},$$
(2)

式中,a表示一个很小的常数,通常取值为0.01 左右。

LeakyReLU 激活函数的函数图像如图 2 所示。 2 生成网络

1.2 生成网络

本文选择 ResUNet^[11] 网络作为生成网络, ResUNet 与 UNet^[12] 网络的不同之处是在 ResUNet 每 层的卷积操作结束后均加入了残差连接,结合输入 信息与内部卷积运算的输出信息,可以促进信息传 播,保证深度模型至少不低于浅层网络的准确度。 ResUNet 网络由如图 3 所示的 ResBlock 组成, 一共 包括 9 个 ResBlock 块, 18 个网络层。



图 2 LeakyReLU 激活函数

Fig. 2 Leak yReLU activation function





ResUNet 网络整体主要包括编码器、连接桥、解 码器3个部分。网络的整体结构如图4所示。

ResUNet 网络中的 ResBlock 在每层第 2 个卷 积操作结束后添加了残差连接,残差连接需要和卷 积层的初始输入具有相同的大小,通过批归一化操 作将每批输入的样本归一化为标准正态分布。本文 将每个 ResBlock 中相同大小的样本,通过批归一化 (batch normalization, BN)操作归一化为标准正态 分布,同时将 ReLU 激活函数替换为 LeakyReLU 激

活函数,通过增加的负值特征信息提高分割效果。

ResUNet 网络整体的训练流程先由编码器部分 经历4次下采样,再通过连接桥后进入解码阶段。 解码器部分由上采样层 Upsampling 和 ResBlock 组 合而成。上采样操作会将特征通道减半,图像尺寸 扩大为原图大小的2倍,然后将对应下采样过程中 的特征图与同层解码器的特征图拼接起来,重复此 操作 4 次,最后通过一个卷积层和 sigmoid 激活函数 得到分割结果。

ResUNet 网络的结构参数以及本文数据集在每 个步骤的输出大小如表1所示。



图 4 生成网络结构

Fig. 4 Structure of generator

Tab. 1Parameter setting of each layer of generator									
	Input size	Filter size	Stride	Output size					
Input	$256 \times 256 \times 3$	_	_	_					
ResBlock(1)	$256 \times 256 \times 3$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,1	$256 \times 256 \times 64$					
ResBlock(2)	$256 \times 256 \times 64$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,2	$128 \times 128 \times 128$					
ResBlock(3)	$128 \times 128 \times 128$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,2	$64 \times 64 \times 256$					
ResBlock(4)	$64 \times 64 \times 256$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,2	$32 \times 32 \times 512$					
ResBlock(5)	$32 \times 32 \times 512$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,2	$16 \times 16 \times 1024$					
Upsampling	$16 \times 16 \times 1024$	$[2 \times 2]$	2	$32 \times 32 \times 1024$					
ResBlock(6)	$32 \times 32 \times 1024$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,1	$32 \times 32 \times 512$					
Upsampling	$32 \times 32 \times 512$	$[2 \times 2]$	2	$64 \times 64 \times 512$					
ResBlock(7)	$64 \times 64 \times 512$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,1	$64 \times 64 \times 256$					
Upsampling	$64 \times 64 \times 256$	$[2 \times 2]$	2	$128 \times 128 \times 256$					
ResBlock(8)	$128 \times 128 \times 256$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,1	$128 \times 128 \times 128$					
Upsampling	$128 \times 128 \times 128$	$[2 \times 2]$	2	$256 \times 256 \times 128$					
ResBlock(9)	$256 \times 256 \times 128$	$[3 \times 3], [3 \times 3], [3 \times 3]$	1,1,1	$256 \times 256 \times 64$					
Output	$256 \times 256 \times 64$	[1×1]	1	$256 \times 256 \times 1$					

表1 生成网络各层参数设置

1.3 判别网络

本文选用 Image GAN 作为判别网络,将生成网 络生成的样本和对应的真实样本作为一组数据输入 判别网络中,判别网络判断图像是真实样本还是生 成网络产生的样本,实际相当于二分类器,通过判别 网络输出的判别损失值作为梯度信息来优化生成网 络 的 各 层 参数^[13]。判别 网络 的 整 体 结 构 如 图 5 所示。



Fig. 5 Structure of discriminator

根据输入图像的大小,本文的判别网络共包括 5 个卷积层,每层 2 个卷积,每个卷积结束后加入 BN 层,对数据进行归一化,加速网络的收敛速度,同时 选用 LeakyReLU 激活函数,得到更多的负值信息。 最后在经过一次全局平均池化(global average pooling, GAP)将特征图全局平均后输出一个值,既能 整合局部特征信息,又可以保留特征位置信息,也大 大降低了网络参数。

1.4 损失函数

生成网络选用负对数似然损失(negative loglikelihood loss, NLLLoss)和 Dice Loss 两个损失函 数按1:1的比例搭配使用,NLLLoss 衡量模型语义 分割的精度,Dice Loss 用于衡量分割细胞核和对应 标注图在图像中的重合度,两个损失函数共同解决 二分类语义分割中像素点之间类别不平衡的问题。 公式分别如式(3)、(4)所示:

$$NLLLoss = -\sum_{i=1}^{n} [y_i \log \hat{y}_i + (1 - y_i)]$$
$$\log(1 - \hat{y}_i)], \qquad (3)$$

Dice Loss =
$$\frac{2\sum_{i=1}^{n} y_i \hat{y}_i}{\sum_{i=1}^{n} \hat{y}_i + \sum_{i=1}^{n} y_i}$$
, (4)

式中, y_i、ŷ_i分别表示第 i 个真实像素值和预测像素值, n 表示样本个数。

判别网络选用二元交叉熵(binary cross entropy loss, BCELoss)作为损失函数,如式(5)所示:

$$BCELoss = -\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} [y_i \log p(y_i) + (1-y_i) \log(1-p(y_i))], \qquad (5)$$

式中, y_i 表示标签 0 或者 1, $p(y_i)$ 表示输出属于标签的概率。

1.5 优化函数

GAN 要同时优化生成网络和判别网络,所以 GAN 需要两个优化器,分别用于最小化生成网络和 判别网络。

本文生成网络和判别网络在训练过程中均采用 自适应矩估计(adaptive moment estimation, Adam) 优化函数,动态调整每个参数的学习率,用来最小化 生成器的损失,另一个用来最小化判别网络的损失。

1.6 评价指标

为验证本文提出网络的有效性,采用平均交并 比(mean intersection over union, *MioU*)、*Dice* 系 数、准确率(accuracy, *Acc*)、精确率(*Precision*)和召 回率(*Recall*)等评价指标来对网络的分割性能进行 评估。

MioU表示真实细胞核与预测结果为细胞核之间的交集同真实细胞核与预测结果为细胞核之间并集的比值,如式(6)所示。Dice用于衡量分割结果和 真实值之间的重合度,如式(7)所示。Acc 预测结果中 为细胞核预测正确的比例,如式(8)所示。Precision 表示正确分割的细胞核部分占预测结果为细胞核部 分的比例,如式(9)所示。Recall 表示正确分割的细 胞核部分占图像中真实的细胞核的部分的比例,如 式(10)所示。

$$MioU = \frac{1}{k+1} \sum_{i=0}^{k} \frac{TP}{FN + FP + TP}$$
, (6)

$$Dice = \frac{2TP}{2TP + FP + FN},$$
(7)

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + FN},$$
(8)

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP},\tag{9}$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN},$$
(10)

式中,TP 表示网络预测结果为细胞核,实际结果是 非细胞核,TN 表示网络预测结果为非细胞核,实际 结果是非细胞核,FP 表示网络预测结果为细胞核, 实际结果是非细胞核,FN 表示网络预测结果为非细 胞核,实际结果是细胞核,k 表示除背景外的类别数, (k+1)表示类别数。

2 实验过程与结果分析

2.1 实验环境

本文使用 TensorFlow 架构来构建模型,实验平 台配备 IntelXeon Gold 6240 3.9 GHz CPU, NVIDIA Tesla V100S-PCIE-32G GPU, 80 GB RAM, CUDA 版 本为 10.1,编程语言为 python3.8。

2.2 数据集

为验证本文网络的有效性,选用两个数据集进 行实验。第1个数据集是 NAYLOR^[14]等提供的乳 腺癌细胞核数据集,该数据集选自 11个病人的乳腺 癌病理切片图像,再从每个病人的病理图中裁取了 3—8个图像并通过 ITK-snap 软件对每个细胞的细 胞核核进行标注,最后共得到 32 组图片。第2个数 据集是 Kaggle 平台提供的 Data Science Bowl (DSB)-2018公共医学细胞核数据集,该数据集包括 670张细胞核图片。

2.3 数据预处理

深度学习的优化需要大量的数据训练,但第1 个数据集中的实验数据集数量较少,为提高网络的 泛化能力,本文采用了数据增强技术来扩充数据集。 采用的数据增强操作包括水平翻转、平移缩放和随 机裁剪等操作,通过以上方法将第1个数据集中的 32组图片扩充至400组图片,同时按7:2:1的比 例随机划分为训练集、验证集和测试集,其中训练集 包含280张图片,验证集80张图片,测试集40张图 片。第2个数据集共670组图片,划分为训练集、验 证集和测试集,分别为480张、120张和70张。

在特征处理方面考虑到特征并不总是连续值, 有时候是一些分类值。为了更好地处理这种情况, 本文使用了 One-Hot 编码技术对两个数据集进行处 理。通过将分类值映射到欧式空间,可以更合理地 计算特征之间的距离,从而提高模型效果^[15]。

2.4 实验过程及结果

实验选用 SegNet^[16]、FCN8s^[17]、VggUNet^[18]、 DenseUNet^[19]、UNet、ResUNet 和下文提到的 GAN _ResUNet1、GAN_ResUNet2 等 8 种分割网络分别 在乳腺癌细胞核数据集和 DSB 数据集上进行实验, 进行分割效果对比。

训练过程中利用 Adam 优化函数对网络进行优 化,通过 NLLLoss 和Dice Loss 两个损失函数按1:1 比例混合使用衡量模型分割的精度,训练次数(epoch)设置为 120,使用批训练,每批输入的样本数 (batch size)设置为 4,动量参数(momentum)设置为 0.9,初始学习率(learning rate)设置为 0.000 1,用 MioU、Dice、Acc 等评价指标对分割结果进行评判。 迭代训练网络,直到训练过程中的精度值与损失值 趋于稳定,表明改进的网络已经收敛,可保存模型用 于测试集图像的细胞核分割,并评估分割效果。

训练过程中,SegNet、FCN8s、VggUNet、Dense-UNet、UNet、ResUNet等6种网络在乳腺癌数据集 的验证集上的精度值和损失值变化情况分别如图6、 图7所示。

训练过程中 SegNet、FCN8s、VggUNet、Dense-UNet、UNet、ResUNet 等 6 种网络在 DSB 数据集的 验证集上的精度值和损失值变化情况分别如图 8、图 9 所示。

由图 6一图 9 可看出训练过程中 6 组分割网络 在本文的两个数据集的验证集上的精度值与损失值 的变化情况,训练过程平稳,未产生过拟合等问题, 故在此基础上本文将每层卷积操作结束后使用Re-









图 7 各模型训练过程中的损失值变化

Fig. 7 Change of loss during each model training



图 8 各模型训练过程中的精度值变化

Fig. 8 Change of accuracy during each model training





LU激活函数的 ResUNet 网络称为 GAN_ResU-Net1。将每层卷积操作结束后使用 LeakyReLU激活函数的 ResUNet 网络称为 GAN_ResUNet2。训练 GAN_ResUNet1和 GAN_ResUNet2,与之前的 6 组分割网络所用的参数均保持一致,GAN_ResU-

Net1和GAN_ResUNet1在乳腺癌细胞核数据集上的精度值变化情况如图 10 所示。GAN_ResUNet1和GAN_ResUNet2在DSB数据集上的精度值变化情况如图 11 所示。

由图 10 和图 11 可以看出 LeakyReLU 激活函数 的加入确实能够提高模型的分割精度。

本文判别网络的损失由两部分构成,一部分是 判别网络判断生成图像是否为假,另一部分是判别 网络判断真实图像是否为真,两个数据集上判别网 络的 loss 值的变化过程如图 12 所示。

由图 12 可以看出判别网络在乳腺癌和 DSB 数据集上都随训练次数的增加趋于稳定,可知 GAN_ResUNet2 网络的稳定性。



Fig. 11 Change of accuracy during training

为了更直观地展现各模型的分割细节结果,本 文节选了部分网络的分割细节图进行展示。图 13 中分别列举了细胞核的原图、对应标注图和部分模 型的分割细节图,从上至下分别是 UNet、ResUNet、 GAN_ResUNet1和GAN_ResUNet2等网络的分割 细节图。其中第一列和第二列表示各网络在乳腺癌 细胞核数据集上的分割细节图,第三列和第四列表 示各模型在DSB数据集上的分割细节图。同时表 2 和表 3 列举常见的 6 种分割网络和本文提出的GAN _ResUNet1和GAN_ResUNet2模型在乳腺癌细胞 核数据集和DSB数据集上在 *MioU*、*Dice*、*Acc*等评 价指标上计算得出的结果。



图 12 判别网络的损失值变化

Fig. 12 Change of loss of discriminator network



图 13 分割结果对比图

Fig. 13 Comparison of segmentation results

表 2 乳腺癌数据集上的分割结果

Model	$MioU/\sqrt[9]{0}$	Dice/%	$Acc/\frac{0}{0}$	Precision / %	Recall/%
SegNet	67.37	59.98	92.28	50.60	76.09
FCN8s	72.91	68.49	93.97	64.12	75.18
VggUNet	74.88	71.98	93.59	74.38	72.72
UNet	75.30	72.59	93.81	74.56	73.57
DenseUNet	80.59	79.23	95.27	82.02	79.82
ResUNet	80.37	79.74	95.14	81.26	79.06
GAN_ResUNet1	82.44	82.30	95.63	84.65	80.36
GAN_ResUNet2	82.88	83.12	95.84	85.02	80.96

Tab. 2 Segmentation results on breast cancer dataset

表 3 DSB 数据集上的分割结果

Tab. 3 Segmentation results on DSB dataset

Model	MioU/%	Dice/%	Acc / %	Precision/ %	Recall/%
SegNet	84.32	85.01	95.46	85.07	88.13
FCN8s	88.07	87.12	96.98	87.12	88.97
VggUNet	88.95	87.85	97.76	86.87	89.89
UNet	88.47	87.87	97.28	87.39	89.07
DenseUNet	89.76	89.01	96.98	90.19	90.26
ResUNet	89.86	89.29	97.18	90.09	90.15
GAN_ResUNet1	90.35	90.64	97.59	91.36	90.83
GAN_ResUNet2	90.65	90.84	97.99	91.76	91.03

2.4 实验结果分析

通过 SegNet、FCN8s、VggUnet、UNet、Dense-UNet、ResUNet 和 GAN_ResUNet1、GAN_ResU-Net2 等 8 种模型在表 2 和表 3 分割结果可知 GAN_ ResUNet2 模型分割精度最好。通过在 ResUNet 的 基础上加入判别网络,GAN_ResUNet1 模型在乳腺 癌细胞核数据集和 DSB 数据集上 MioU、Dice、Acc 等评价指标较 ResUNet 模型分别上升了2.0、2.5、 0.4 和 0.4、1.3、0.4。在此基础上再通过利用 LeakyReLU 激活函数替代原 ReLU 激活函数,使负 值特征能够得到激活,通过增加的负值特征信息可 以提高分割效果。GAN_ResUNet2 较 GAN_ResU-Net1 在乳腺癌细胞核数据集和 DSB 数据集上 MioU、Dice、Acc等评价指标上分别上升了0.4、0.8、 0.2 和 0.3、0.2、0.4。最终 GAN ResUNet2 模型较 ResUNet 模型在乳腺癌细胞核数据集和 DSB 数据 集上 MioU、Dice、Acc 等评价指标分别提升了 2.5%、3.3%、0.7%和0.7%、1.5%、0.8%。

通过图 13 中展现出来的各网络的分割细节图 可以看出 UNet、ResUNet、GAN_ResUNet1 和 GAN_ResUNet2 网络整体对于 DSB 数据集的分割 效果好于乳腺癌细胞核数据集。因为乳腺癌细胞核 数据集含有较多密集型细胞核图像,存在细胞重叠、 粘连频繁、边界模糊等问题,网络对其分割难度较 大。UNet 模型对于密集型细胞核图像的中心部分 分割效果较差,对于一些颜色较浅的细胞核未能识 别。ResUNet 网络边缘细节部分和较小的细胞核分 割效果比 UNet 好,少数细胞核图像的中心部分分割 效果不如 UNet。GAN_ResUNet1 对于一些独立的 小细胞核存在过分割现象,对于密集型细胞核图像 的边缘部分分割能力较差,整体效果更好。GAN_ ResUNet2 由于判别网络和 LeakyReLU 激活函数的 加入,相较于 UNet、ResUNet 和 GAN_ResUNet1 对于细胞的中心部分、边缘细节部分和较小的细胞 核等分割细节的分割效果均好于其他网络,与给定 标注图最为接近。

3 结 论

医学图像常常存在细胞重叠、粘连频繁、细胞大 小不一、细胞边界模糊等问题,本文提出基于 GAN 与 ResUNet 的分割网络提升了对背景中干扰元素的 区分能力,对于细胞核的分割效果有明显提升。在 乳腺癌细胞核数据集和 DSB 数据集上 *MioU、Dice、 Acc* 等评价指标分别达到 82%、83%、95% 和90%、90%、97%,较ResUNet模型分别提升了 2.5%、3.3%、0.7%和0.7%、1.5%、0.8%,证明了 该网络具有较好的网络泛化能力、鲁棒性和分割准 确率,有助于癌症疾病的诊断及预后。

参考文献:

- LIU Z C,LI Z X,ZHANG Y,et al. Interpretation on the report of global cancer statistics 2020[J]. Journal of Multi-disciplinary Cancer Management (Electronic Version), 2021,7(2):1-14.
 刘宗超,李哲轩,张阳,等.2020全球癌症统计报告解读
 - [J].肿瘤综合治疗电子杂志,2021,7(2):1-14.
- [2] ANANTHI V P, BALASUBRAMANIAM P. A new thresholding technique based on fuzzy set as an application to leukocyte nucleus segmentation [J]. Computer Methods
 & Programs in Biomedicine, 2016, 134:165-177.
- FANG H P,FANG K L,LIU X H. Clustered cell segmentation using modified watershed method based on adaptive H-minima[J]. Application Research of Computers, 2016, 33(5):1587-1590.

方红萍,方康玲,刘新海.自适应 H-minima 的改进分水 岭堆叠细胞分割方法[J].计算机应用研究,2016,33 (5):1587-1590.

- [4] PHOULADY H A, GOLDGOF D, HALL L O, et al. A framework for nucleus and overlapping cytoplasm segmentation in cervical cytology extended depth of field and volume images[J]. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2017, 59, 38-49.
- [5] SONG Y,ZHANG L, CHEN S, et al. Accurate segmentation of cervical cytoplasm and nuclei based on multiscale convolutional network and graph partitioning[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2015, 62 (10): 2421-2433.
- [6] MISHRA R, DAESCU O. Deep learning for skin lesion segmentation[C]//International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, November 13-16, 2017, Kansas City, USA. New York: IEEE, 2017:1189-1194.
- ODA H,ROTH H R, CHIBA K, et al. BESNet: boundary-enhanced segmentation of cells in histopathological images
 [C]//21st International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Springer 16-20,2018, Granada, Spain. Berlin: Springer, 2018: 228-236.

[8] LIU Y M,ZHANG P C,LIU W, et al. Segmentation of cervical nuclei based on full convolutional network and conditional random field[J]. Journal of Computer Applications, 2018,38(11):3348-3354.

刘一鸣,张鹏程,刘祎,等.基于全卷积网络和条件随机场的宫颈癌细胞学图像的细胞核分割[J].计算机应用,2018,38(11):3348-3354.

[9] OUYANG W Q, ZHANG J, PENG H, et al. Low-dose CT denoising algorithm based on improved generative adversarial network [J]. Journal of Optoelectronics • Laser, 2022, 33(2):171-180.
欧阳婉卿,张剑,彭辉,等.基于改进生成对抗网络的低剂量 CT 去噪算法[J].光电子 • 激光, 2022, 33(2):171-

 180.
 LIU Y, ZHANG P, SONG Q, et al. Automatic segmentation of cervical nuclei based on deep learning and a conditional random field[J]. IEEE Access, 2018, 6:53709-53721.

- [11] XIAO X, LIAN S, LUO Z, et al. Weighted Res-UNet for high-quality retina vessel segmentation[C]//9th International Conference on Information Technology in Medicine and Education, October 19-21, 2018, Hangzhou, China. New York: IEEE, 2018:327-331.
- [12] RONNEBERGER O,FISCHER P,BROX T. U-net; Convolutional networks for biomedical image segmentation[C]//
 18th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, October 5-9, 2015, Munich, Germany. Berlin; Springer, 2015; 234-241.
- [13] LIU S Q, LEI Y, PANG J, et al. SAR image denoising based on generative adversarial networks[J]. Journal of Hebei University (Natural Science Edition),2022,42(3); 306-313.

刘帅奇, 雷钰, 庞姣, 等. 基于生成对抗网络的 SAR 图像 去噪[J]. 河北大学学报(自然科学版), 2022, 42(3): 306-313.

- [14] NAYLOR P, LA É M M, REYAL F, et al. Nuclei segmentation in histopathology images using deep neural networks
 [C]//14th International Symposium on Biomedical Imaging, April 18-21, 2017, Melbourne, VIC, Australia. New York: IEEE, 22017:933-936.
- [15] LIANG J, CHEN J H, ZHANG X Q, et al. One-hot encoding and convolutional neural network based anomaly detection[J]. Journal of Tsinghua University (Science and Technology), 2019,59(7):523-529.
 梁杰,陈嘉豪,张雪芹,等. 基于独热编码和卷积神经网 络的异常检测[J]. 清华大学学报(自然科学版),2019, 59(7):523-529.
- [16] BADRINARAYANAN V,KENDALL A,CIPOLLA R. Segnet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2017, 39 (12): 2481-2495.
- [17] LONG J. SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2015, 39(4):3431-3440.
- [18] SHI J, DANG J, CUI M, et al. Improvement of damage segmentation based on pixel-level data balance using VGG-Unet[J]. Applied Sciences, 2021, 11(2):518.
- [19] GUAN S,KHAN A,Sikdar S,et al. Fully dense UNet for 2-D sparse photoacoustic tomography artifact removal[J].
 IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2019, 24(2):568-576.

作者简介:

刘 斌 (1972-),男,硕士,副教授,硕士生导师,主要研究方向为 人工智能、数据挖掘.