法律声明

- 本课件包括：演示文稿，示例，代码，题库，视频和声音等，小象学院拥有完全知识产权的权利；只限于善意学习者在本课程使用，不得在课程范围外向任何第三方散播。任何其他人或机构不得盗版、复制、仿造其中的创意，我们将保留一切通过法律手段追究违反者的权利。



关注 小象学院

第12讲 医疗影像分割

计算机视觉

主讲人：叶梓

上海交通大学博士
主要研究方向：机器学习、深度学习、人工智能

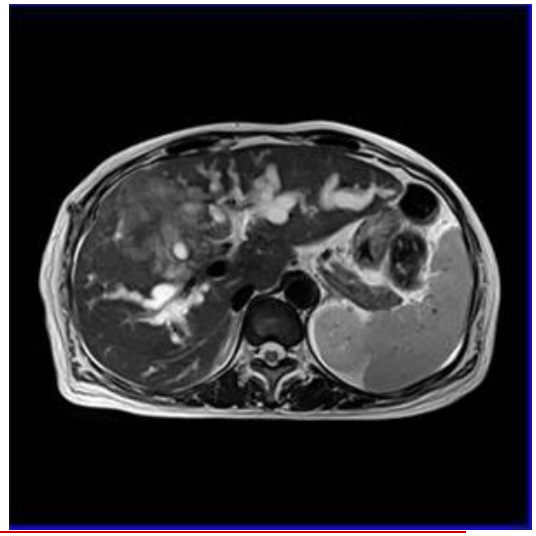
本章内容

- 医学影像种类与存储
- 影像分割任务及数据集
- 影像分割模型
  - U-Net
  - 3D U-Net
  - V-Net
  - FC-DenseNet
- 病理切片数据集
- 病理切片分析

特殊的图像：医学影像

- X线设备：是通过测量透过人体的X线来实现人体成像的，即利用人体各组织的密度和厚度不同，X线穿过后的衰减程度不同，来显示身体内部的形态影像。
- 磁共振成像设备：是通过测量构成人体组织元素的原子核发出的磁共振信号来实现人体成像。MRI可反映人体分子水平的生理、生化等方面的功能特性。





特殊的图像：医学影像

- 超声成像设备：分为利用超声回波进行探测、超声诊断仪根据其显示方式不同，可分为A型、B型、D型（多普勒成像）、M型等。
- 医用内镜：是能够直观地观察人体内部器官的形态的设备，相对其他影像设备其诊断准确性更高。最常见的有光导纤维内镜和电子内镜。
- 计算机断层扫描 (CT)，根据所采用的射线不同可分为：X射线CT（X-CT）、超声CT（UCT）以及γ射线CT（γ-CT)等。



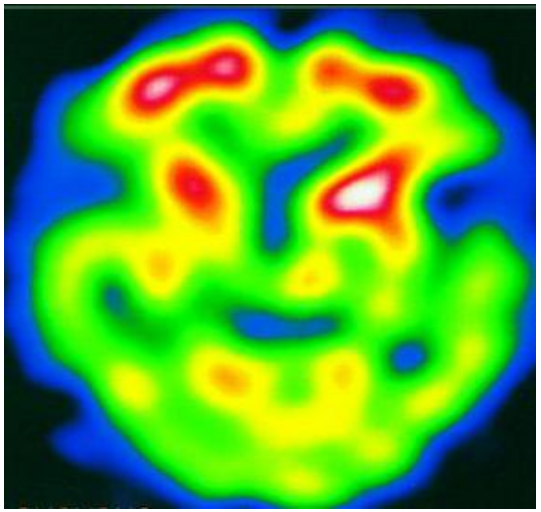


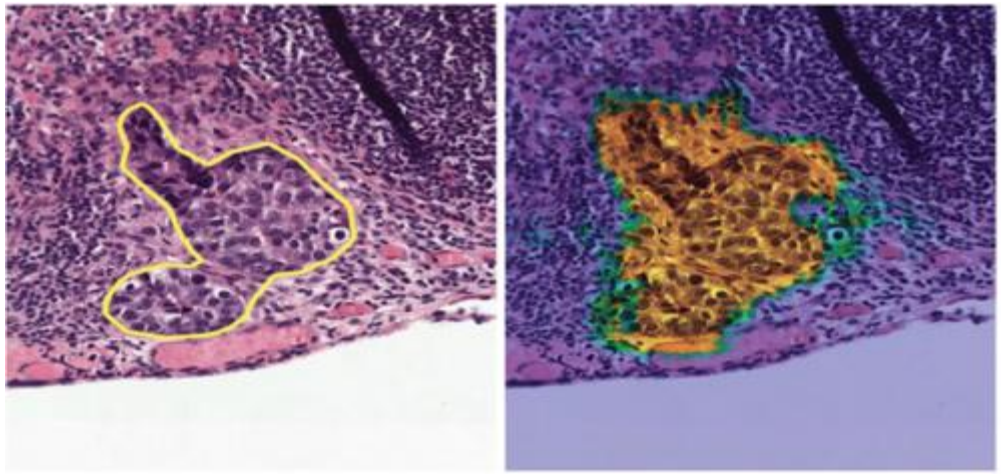
磁共振成像技术

- 常规MRI检查（常规MR成像序列）：
  - 是指以常规T1WI和T2WI为主的磁共振成像技术，主要显示人体器官或组织的形态结构及其信号强度变化。
- 超快速成像序列的MRI检查，能够评价器官的功能状态，揭示生物体内的生理学信息，统称为功能磁共振成像，或功能性成像技术。
- 这些技术中就包括弥散加权成像（DWI）技术。
  - 弥散（diffusion）是描述水和其他小分子随机热运动（即布朗运动）的术语，水分子的净移动可通过表观弥散系数（ADC）描述。

影像分割的目标

- 对医学、生物影像中的器官、组织或细胞进行分割，即判断出影像中的每一个像素点是否属于器官、组织或细胞。







主流存储方式：DICOM

- DICOM（医学数字成像和通信标准）是Digital Imaging and Communications in Medicine的英文缩写。
- DICOM被广泛应用于放射医疗，心血管成像以及放射诊疗诊断设备（X射线，CT，核磁共振，超声等）。
- DICOM标准的推出与实现，大大简化了医学影像信息交换的实现，推动了远程放射学系统、图像管理与通信系统（PACS）的研究与发展，并且由于DICOM的开放性与互联性，使得与其它医学应用系统（HIS、RIS等）的集成成为可能。

DICOM 影像的构成

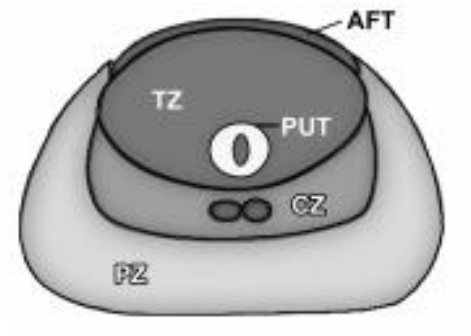
```
0002,0000,File Meta Elements Group Len=216
0002,0001,File Meta Info Version=256
0002,0002,Media Storage SOP Class UID=1.2.84
0002,0003,Media Storage SOP Inst UID=1.2.840
0002,0010,Transfer Syntax UID=1.2.840.10008.
0002,0012,Implementation Class UID=1.2.840.1
0002,0013,Implementation Version Name=AW4.6.
0002,0016,Source App Entity Title=TERRA
0008,0005,Specific Character Set=ISO.IR 100
0008,0008,Image Type=ORIGINAL\PRIMARY\SINGLE
0008,0016,SOP Class UID=1.2.840.10008.5.1.4.
0008,0018,SOP Instance UID=1.2.840.113619.2.
0008,0020,Study Date=20151202
0008,0021,Series Date=20151202
0008,0022,Acquisition Date=20151202
0008,0023,Image Date=20151202
0008,0030,Study Time=100320.000
0008,0031,Series Time=102624.000
0008,0032,Acquisition Time=102622.000
0008,0033,Image Time=102622.000
0008,0050,Accession Number=1
0008,0060,Modality=XA
0008,0070,Manufacturer=GE MEDICAL SYSTEMS
0008,0080,Institution Name=Putuo District Ce
0008,0081,City Name=. Unknown .
0008,0090,Referring Physician's Name=
0008,1010,Station Name=TERRA
0008,1090,Manufacturer's Model Name=DL
0008,2142,?=8241
0008,2143,?=13879
0008,2144,?=12339
0008,3010,?=1.2.840.113619.2.335.53248654816
0010,0010,Patient's Name=ZHAO MIAO SHENG.
0010,0020,Patient ID=G01955585
0010,0030,Patient Date of Birth=
0010,0040,Patient Sex=M
0015,0010,?=GEMS.DL.STUDY.01
0015,1080,?=463.847
0015,1081,?=3188.3
0015,1082,?=2952.21
0015,1083,?=540096050
```

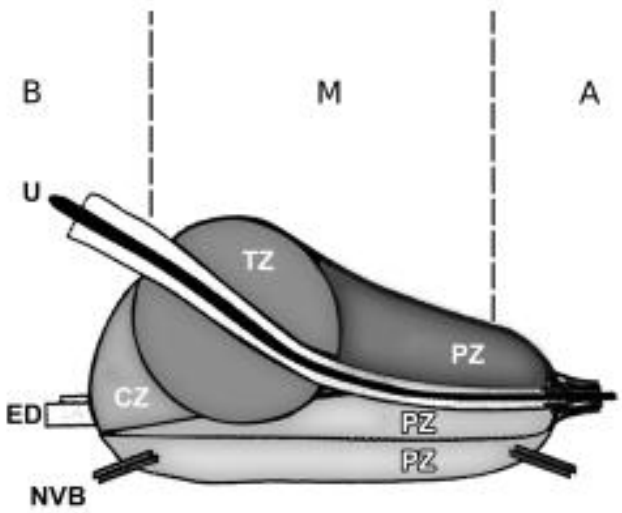


其他影像数据的格式

- MHD/RAW
  - mhd/raw格式是另一种数据格式，来源于(LUNA2016)。其中mhd文件里面包含的是raw文件（原始影像信息）的一些头信息（元数据）,比如图片大小，拍摄日期等。
  - Mhd文件很小；但raw文件通常较大，包含着三维的图像信息。
- NRRD
  - Nrrd格式包含元数据和RAW信息，并进行了压缩。
- 其他
  - 还有vti、GIPL等格式，不太常见。

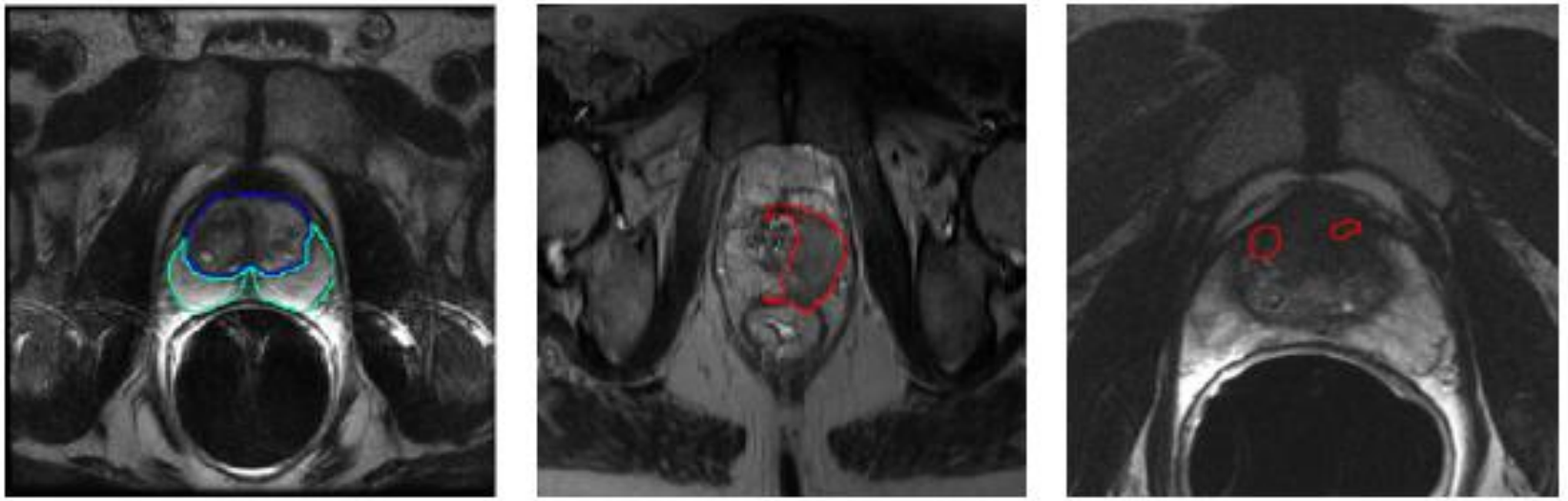
前列腺及相关组织的解剖示意图





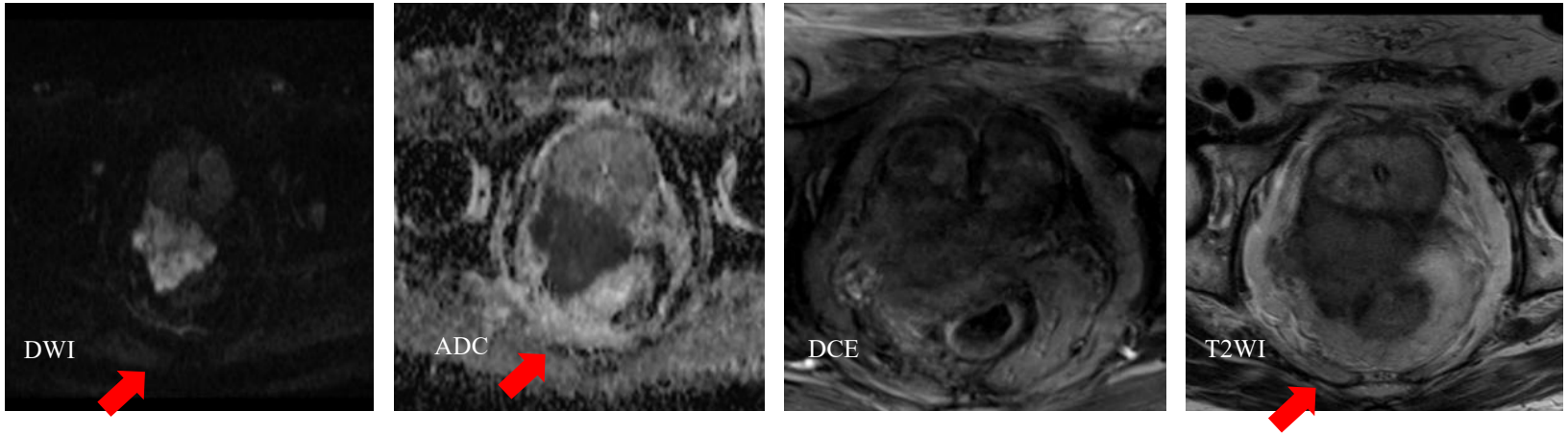
- AFT：前纤维基质；
- CZ：中央区；TZ：移行带；PZ：外周带
- U：尿道；ED：射精管；NVB：神经血管束；PUT：尿道周组织

前列腺组织、前列腺癌的影像表现



- 左：T2WI影像所示的中央区和移行带（蓝色圈），外周带（青色圈）
- 中：T2WI影像所示的外周带前列腺癌（表现为低信号）
- 右：T2WI影像所示的中央区和移行带前列腺癌（表现为低信号）

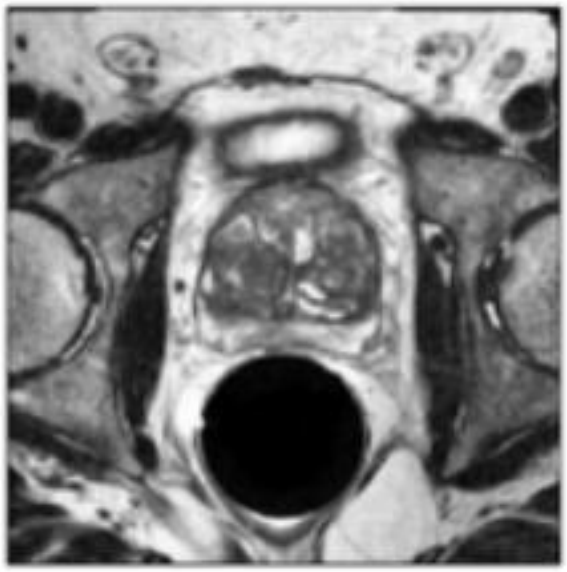
前列腺癌的影像表现



- 将每一像素的ADC值进行自然对数运算后即可得到DWI图，因此同一像素在ADC图和DWI图中的信号强度通常相反。
- 上图中，DWI与ADC图结合分析，ADC图右侧外周带局灶性明显低信号，DWI右侧外周带局灶性明显高信号，最大直径2.0cm，向包膜外侵犯。
- T2WI上右侧外周带圆形均匀中等低信号，边界清晰。

医学影像分割任务

- 对MRI影像中的前列腺组织进行分割，即判断出影像中的每一个像素点属于或不属于前列腺组织。

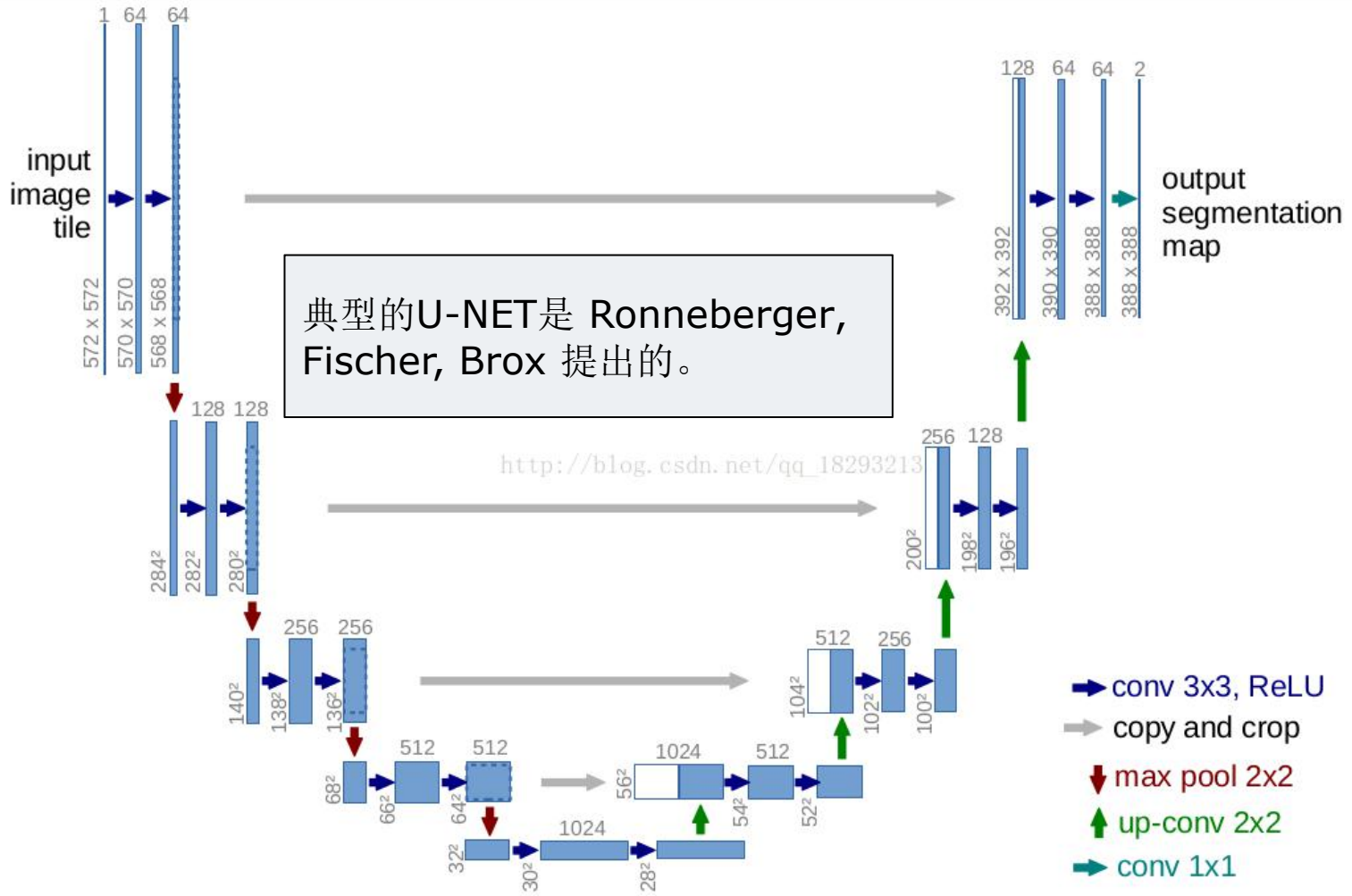




数据集来源

- 数据集下载地址：https://promise12.grand-challenge.org/download/
- 数据分为训练数据(共50例)和test测试数据(共30例)
- 影像数据都是以mhd和raw格式保存的前列腺MRI影像数据。
- 训练数据中名字带有segmentation的表示对应MRI图像的标注文件。

深度学习图像分割算法：U-Net



小象学院 ChinaHadoop.cn

改进的U-NET

- https://github.com/mirzaevinom/promise12_segmentation
- 获得PROMISE12 Challenge的第8名。

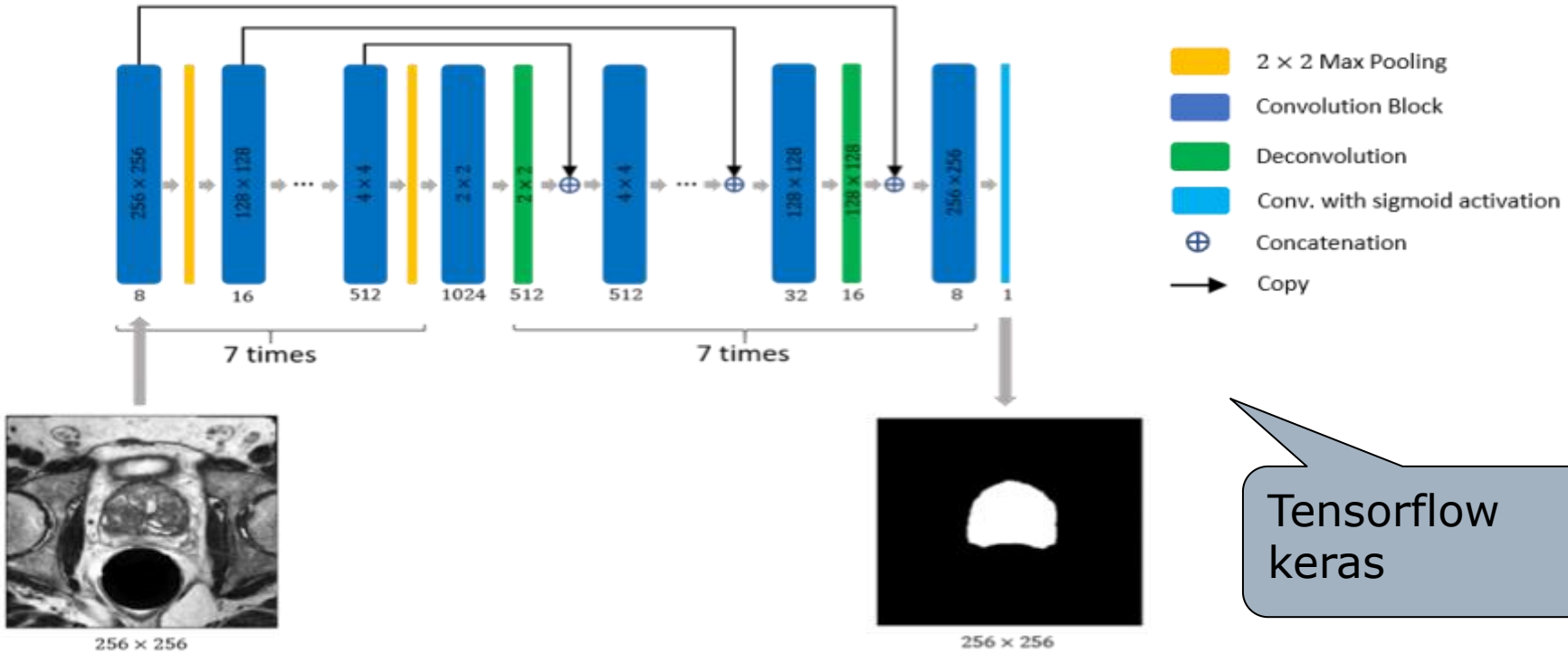
- 预处理（增加对比度、去噪）
- 网络体系结构
- 数据增强（弹性变形）

曲率驱动的图像去噪

- 在图像去噪领域，由于高斯低通滤波对图像所有高频成分不加区别地减弱，从而在去噪的同时也 使边缘模糊化。
- 自然图像中的物体所形成的等照度线 (包括边缘)应该是足够光顺的曲线，即这些等照度线的曲率的绝对值应该足够小．当图像 受到噪音污染后，图像的局部 灰度值发生随机 起伏，导致等照度线的不规则振荡，形成局部曲率很大的等照度线。
- 根据这一原理，可以进行图像去噪。

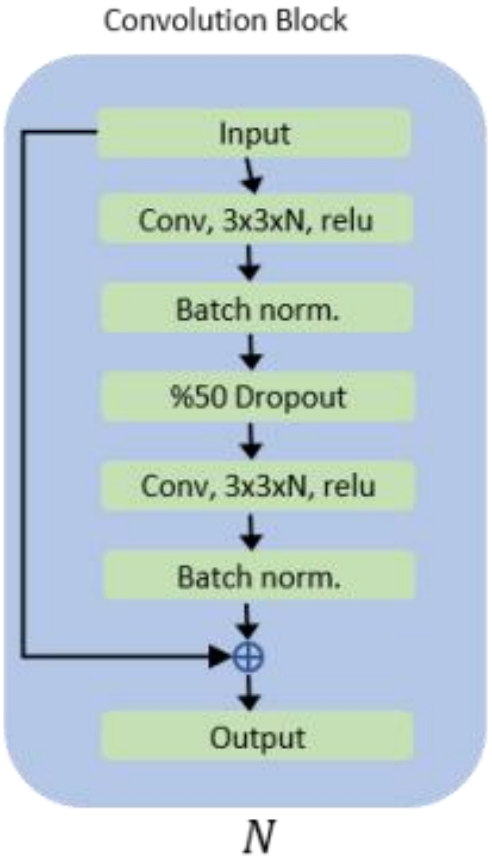
U-NET详解

- U-Net是一种用于生物影像分割的深度学习模型。
- 它是一个全卷积神经网络，输入和输出都是图像，没有全连接层。



Tensorflow
keras

卷积块



keras

```
def conv_block(m, dim, acti, bn, res, do=0):

    init = VarianceScaling(scale=1.0/9.0 )
    n = Conv2D(dim, 3, activation=acti, padding='same', kernel_initializer=init )(m)
    n = BatchNormalization()(n) if bn else n
    n = Dropout(do)(n) if do else n
    n = Conv2D(dim, 3, activation=acti, padding='same', kernel_initializer=init)(n)
    n = BatchNormalization()(n) if bn else n

    return concatenate([n, m], axis=3) if res else n
```

- ***filters***：卷积核的数目（即输出的维度）
- ***kernel_size***：卷积核的宽度和长度。如为单个整数，则表示在各个空间维度的相同长度。
- ***padding***：补0策略，"same"代表保留边界处的卷积结果，通常使输出shape与输入shape相同。
- VarianceScaling：Initializer capable of adapting its scale to the shape of weights

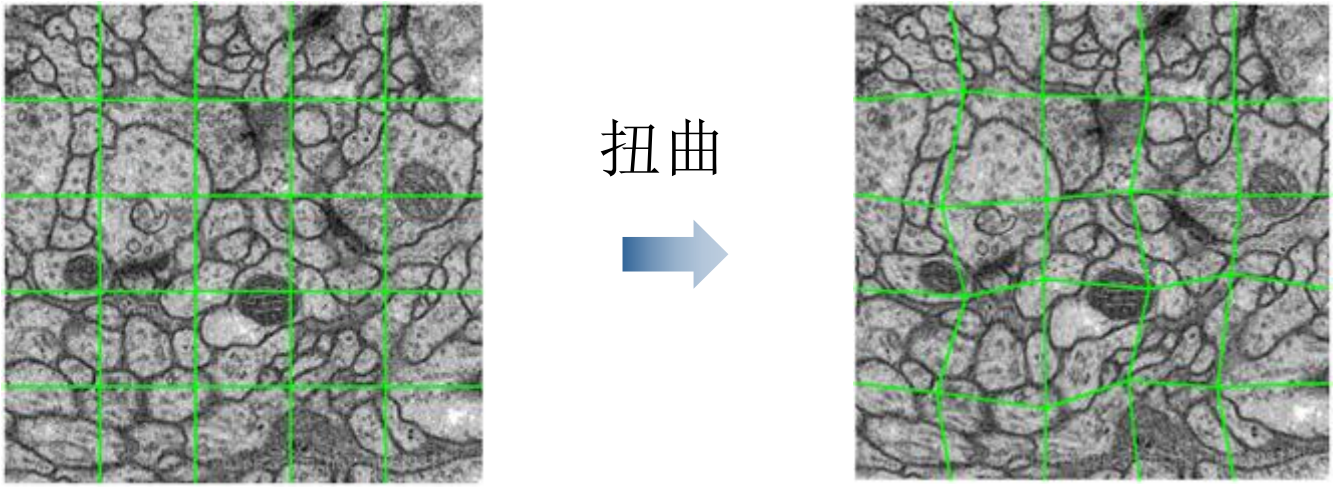
目标函数-Dice系数

- Dice距离用于度量两个集合的相似性。可用于用于计算两个字符串的相似度和图形掩码区域的差异。
- 在形式上，Dice 系数和Jaccard指数（A交B除以A并B）没多大区别，可以相互之间进行转换。
- Dice 系数的取值范围为0到1。

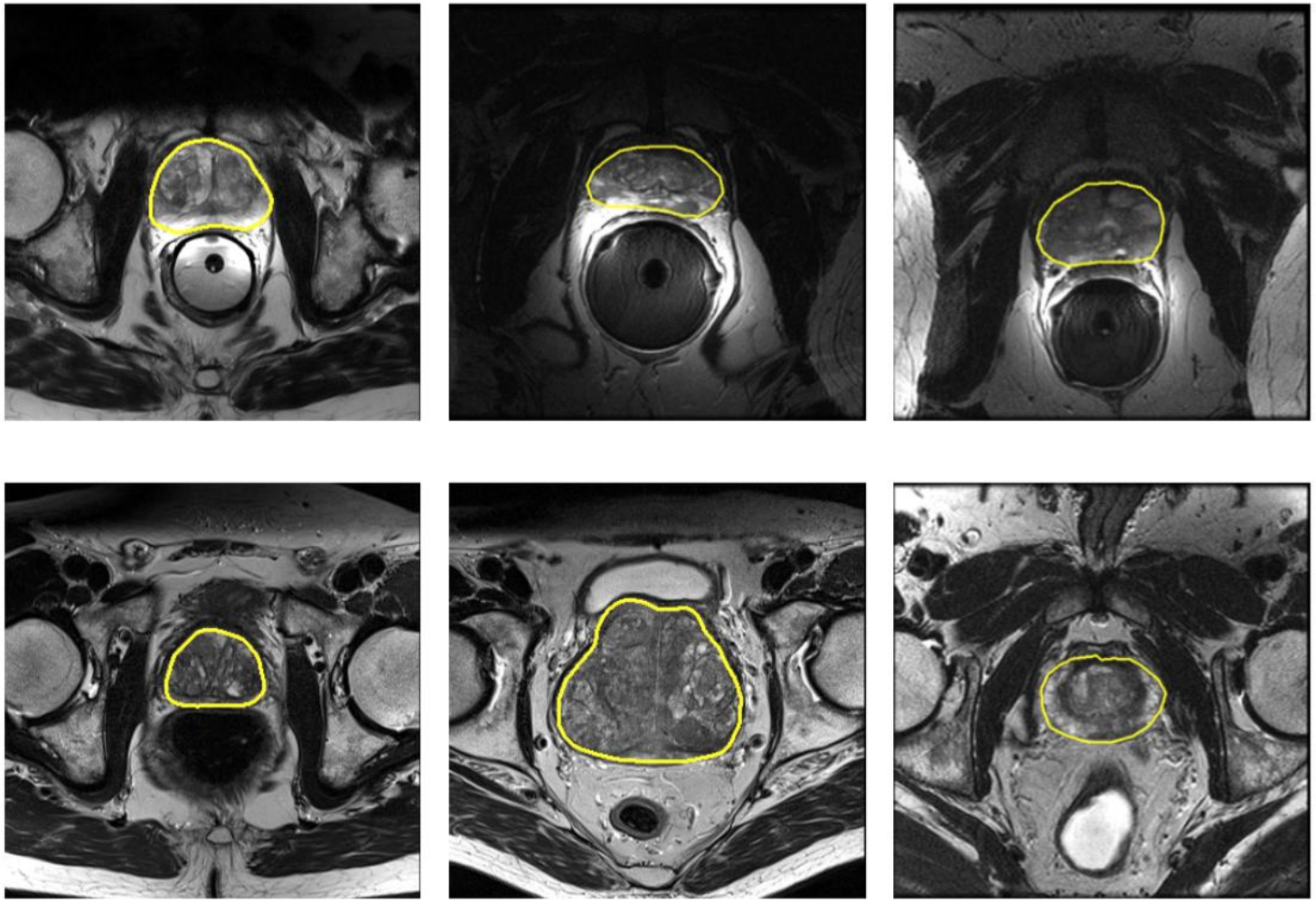
$$s = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|}$$

用于图像分割的数据增强

- 原始数据集仅有几十例，远不足以训练7层U-Net这样具有5000W+个参数的深层次网络。
- 在这里用到了keras自带的图像数据增强技术，对原始数据做平移、旋转、扭曲等操作(包括对应的标注数据)。

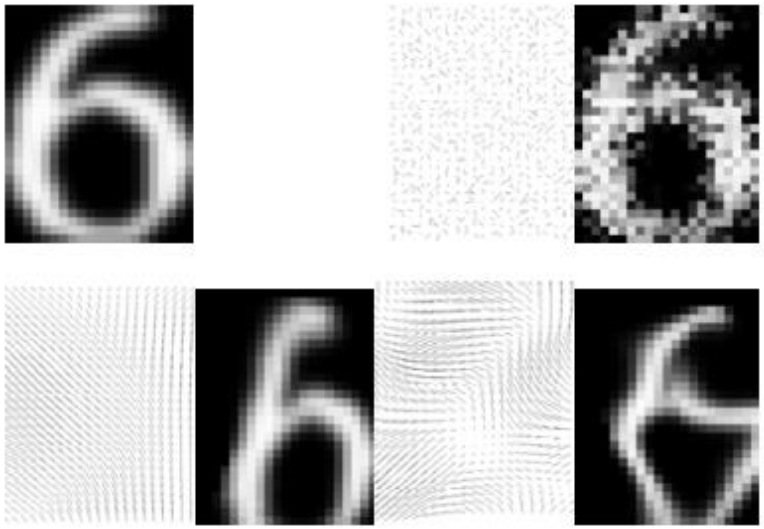


人体脏器的特点



弹性变形

- 在原有点阵上，叠加正负向随机距离形成"插值位置"矩阵，然后计算每个插值位置上的灰度，形成新的点阵[Simard,2003]
- 可实现图像内部的扭曲变形。

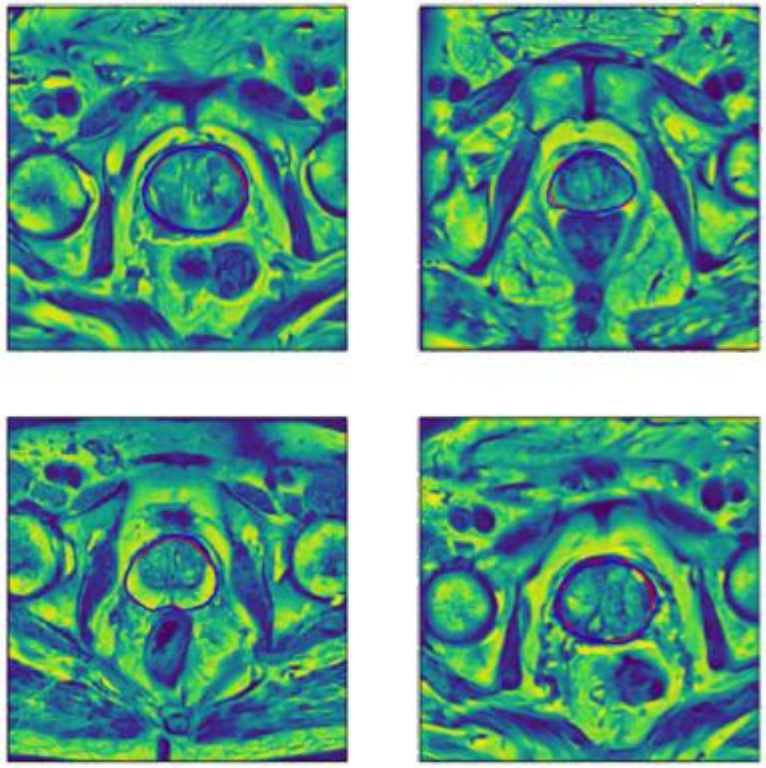


小象学院 ChinaHadoop.cn

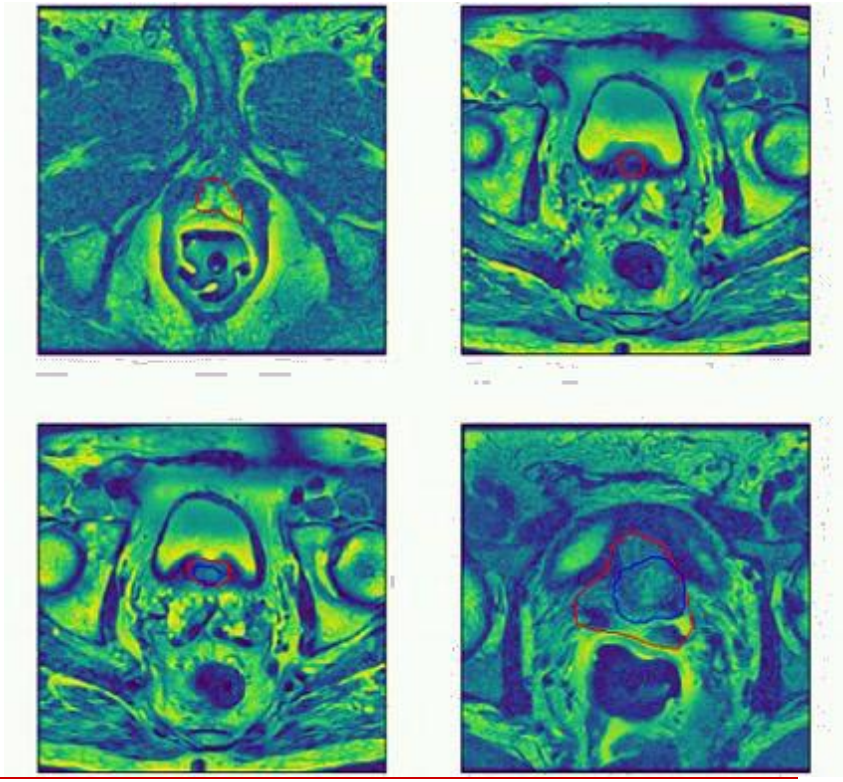
U-Net的分割效果

- 在Promise12数据集上的效果：
- 训练集上的正确率: 95.93%；验证集上的正确率: 87.08%

效果最好的样例



效果最差的样例



U-Net的未能解决的一些问题

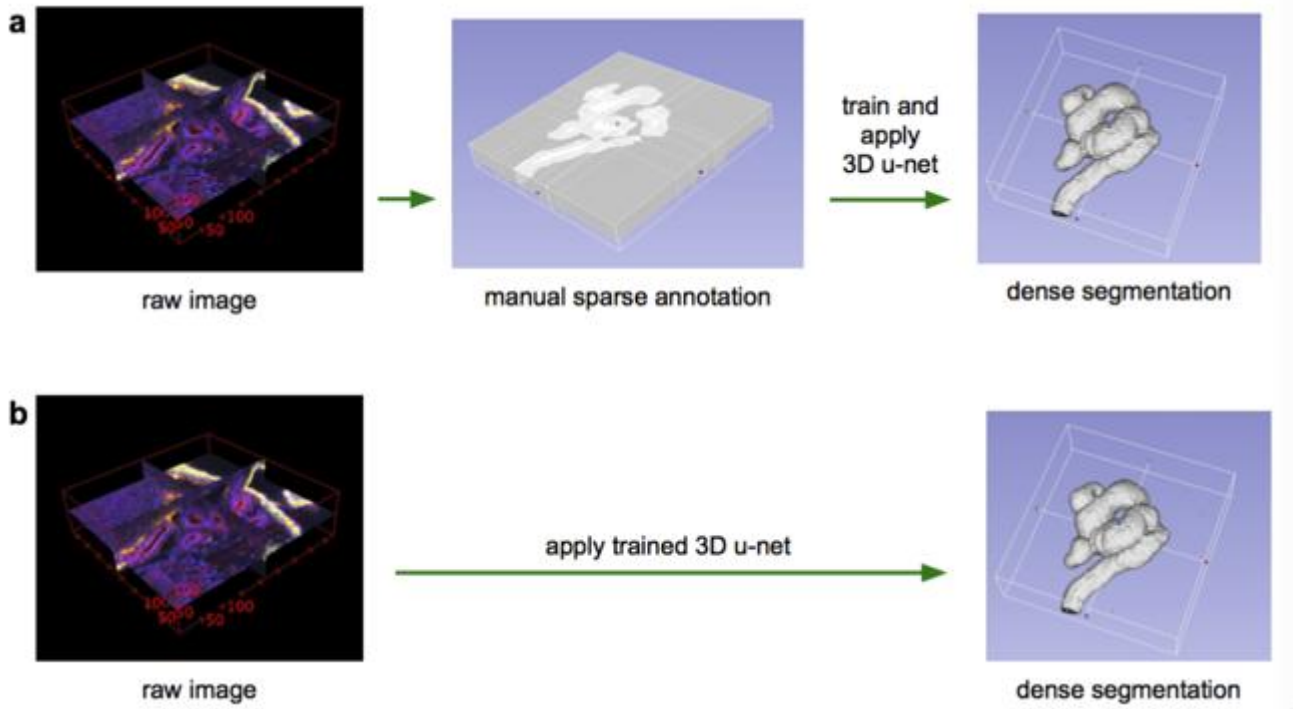
- 组织器官的顶层截面和底层截面与中部截面差异过大而不易识别；
- 不同扫描影像之间有较大的外观变异而不易识别；
- 磁场不均匀性引起的伪影和畸变，导致不易识别。

3D U-Net

- 3维影像数据在生物医学数据分析中广泛存在，但这样的数据与分割标签的注释却很困难。
- 因此，以逐片方式对大量3维影像进行注释是繁琐的而低效的，因为相邻的切片显示几乎相同的信息。
- 3D影像数据的完全标注不是创建丰富训练数据集的有效方法。

3D U-Net

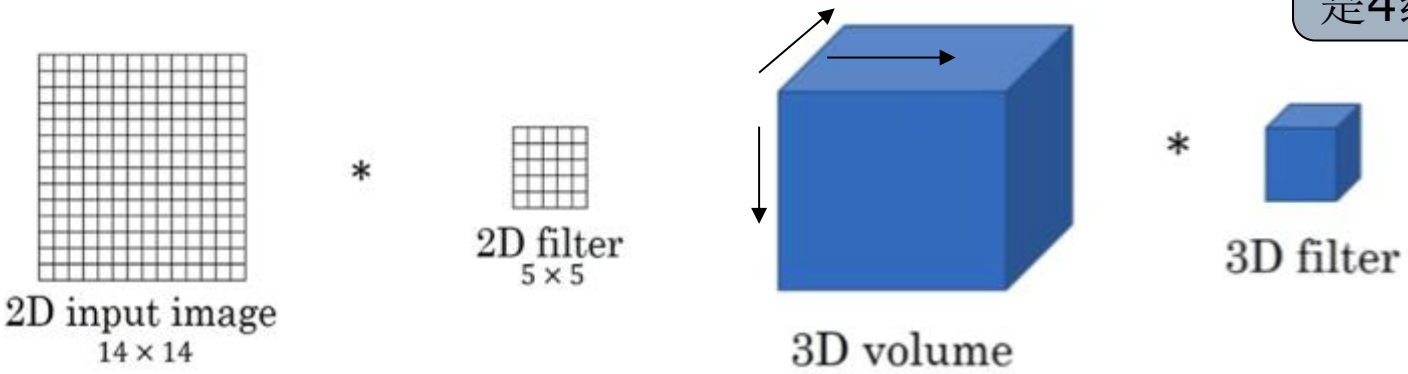
- 3维影像数据在生物医学数据分析中广泛存在。
- 训练一个网络，希望能利用3维影像的标注信息。



3D U-Net

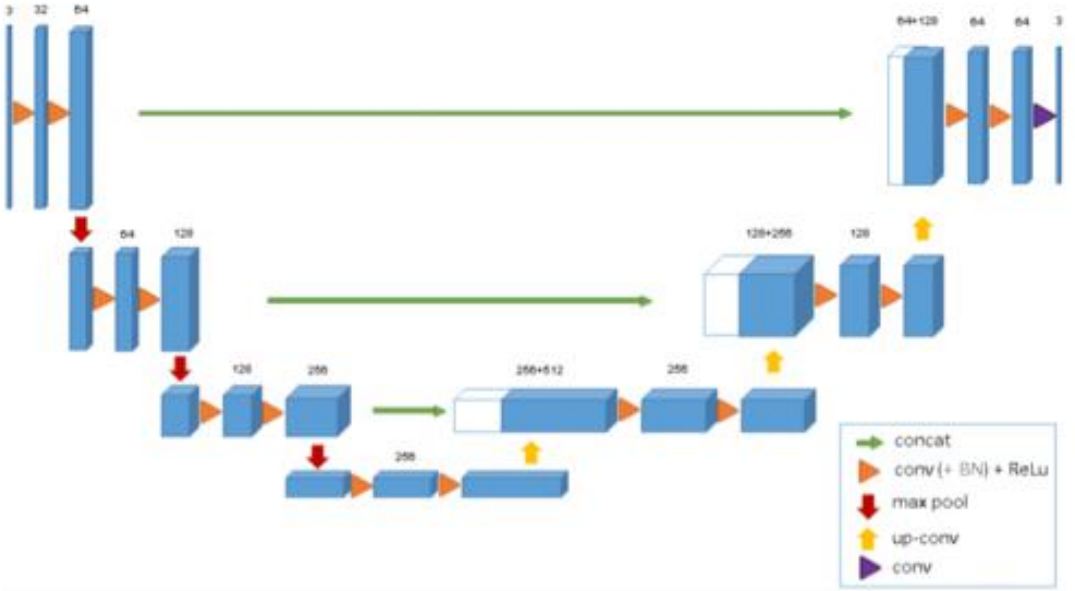
- 3D U-NET网络以3D数据作为输入，并用相应的操作来处理数据，包括3D卷积、3D最大池和3D向上卷积层。
- 假设输入数据的大小为 a1 × a2 × a3，通道数为 c，过滤器大小为f，即过滤器维度为 f × f × f × c，过滤器数量为 n。则三维卷积最终的输出为 (a1 - f + 1) × (a2 - f + 1) × (a3 - f + 1) × n 。

注意：这里是4维的了。



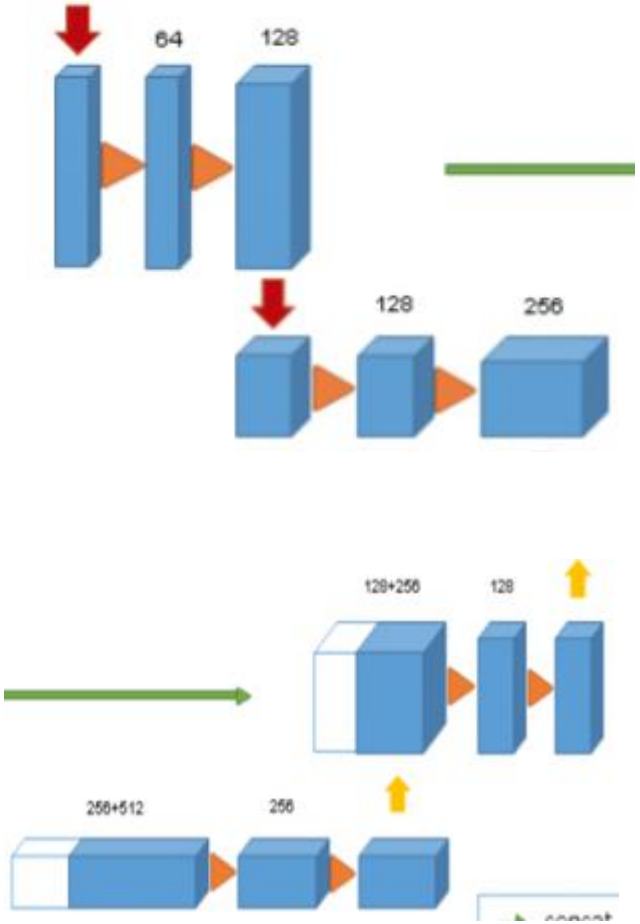
3D U-Net

- 包括用于分析整个影像的收缩编码器部分和连续扩展的解码器部分以产生全分辨率分割。
- 与二维的U-NET一样，它具有分析路径和合成路径，该架构总共有19069955个参数



3D U-Net

- 在分析路径中，每一层包含两个3×3×3个卷积，每一个都跟随一个（Relu），然后在每个维度上有2×2×2最大池合并两个步长。
- 在合成路径中，每个层由2×2×2的上卷积组成，每个维度上步长均为2，接着是两个3×3×3个卷积，然后是Relu。

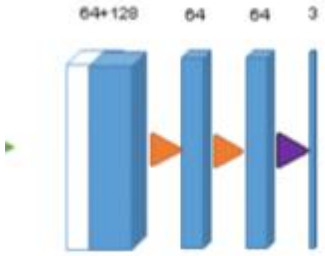


3D U-Net

- 在分析路径中从相等分辨率层的shortcut连接提供了合成路径的基本高分辨率特征。



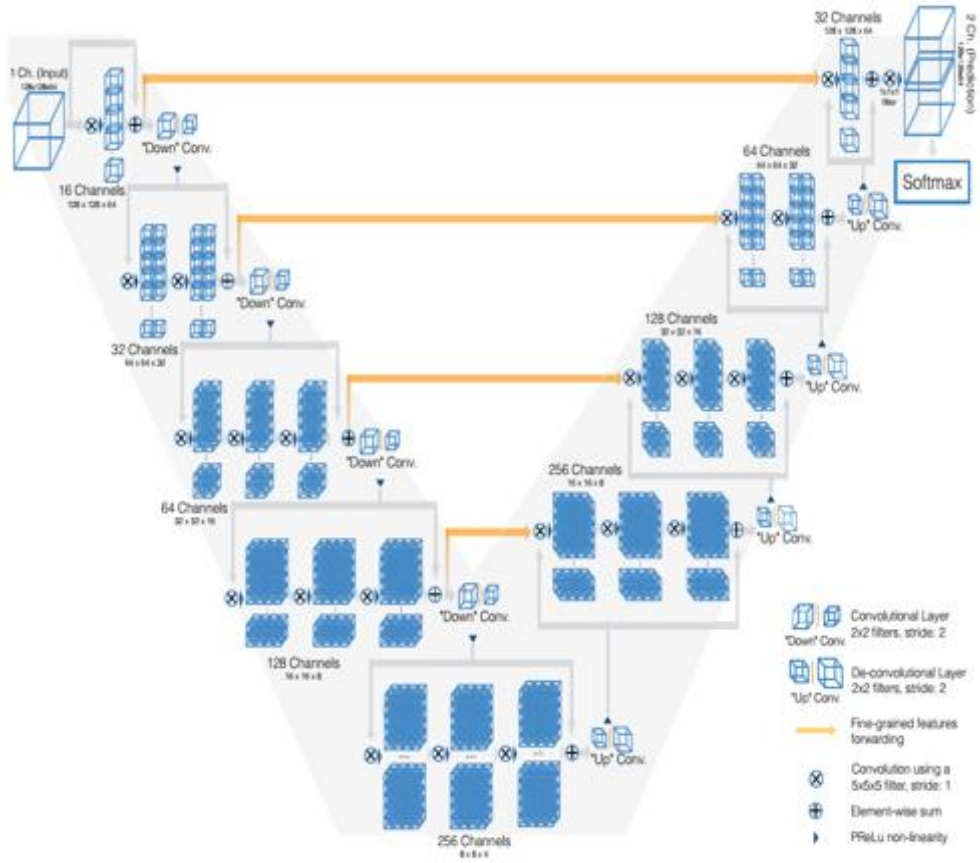
- 在最后一层中，1×1×1卷积减少了输出通道的数量，标签的数量是3。



- 结果：3折交叉验证实验中，平均IOU为0.863。

V-Net

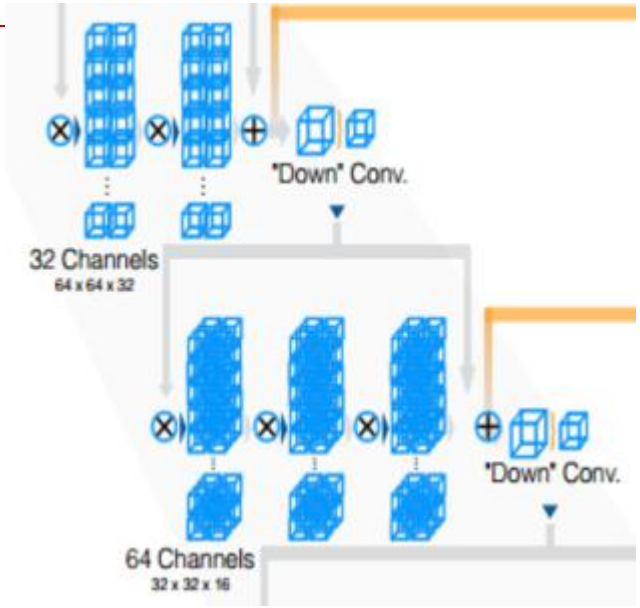
- V-Net是U-Net的另一个3D版本

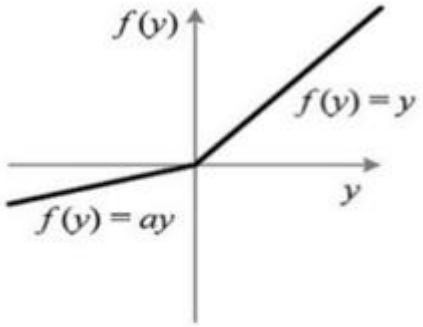


特点：
1、基于3D卷积的3D图像分割；
2、基于Dice 系数的新型目标函数；
3、改进数据扩充方法；
4、加入残差学习提升收敛。

V-Net

- “⊗ ”代表卷积核为5*5*5，stride为1的卷积。
- 每个stage的末尾使用卷积核为2*2*2，stride为2的卷积，特征大小缩小一半。
- “⊕ ”代表按元素相加。
- 卷积后的小三角代表“PReLU”,是指增加了参数修正的 ReLU。

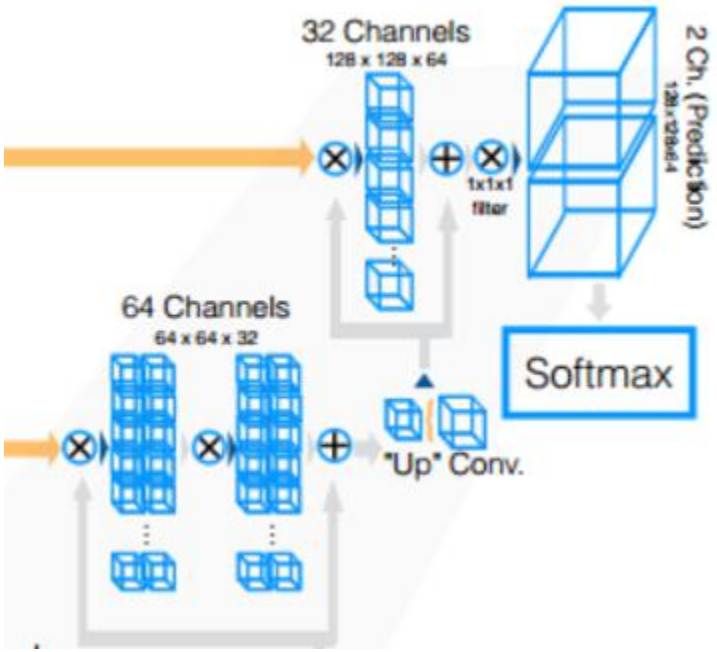




$$PReLU(x_i) = \begin{cases} x_i & if\, x_i > 0 \\ a_i x_i & if\, x_i \le 0 \end{cases}$$

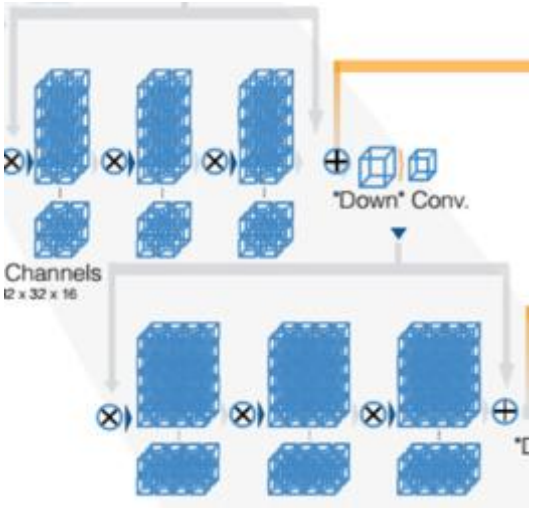
V-Net

- 网络末尾加一个1*1*1的卷积，处理成与输入一样大小的数据，然后接一个softmax最，在softmax之后，输出由背景和前景的概率图组成。
- 具有较高概率(＞0.5)的体素属于前景，而不是背景，被认为是组织器官的一部分。



V-Net

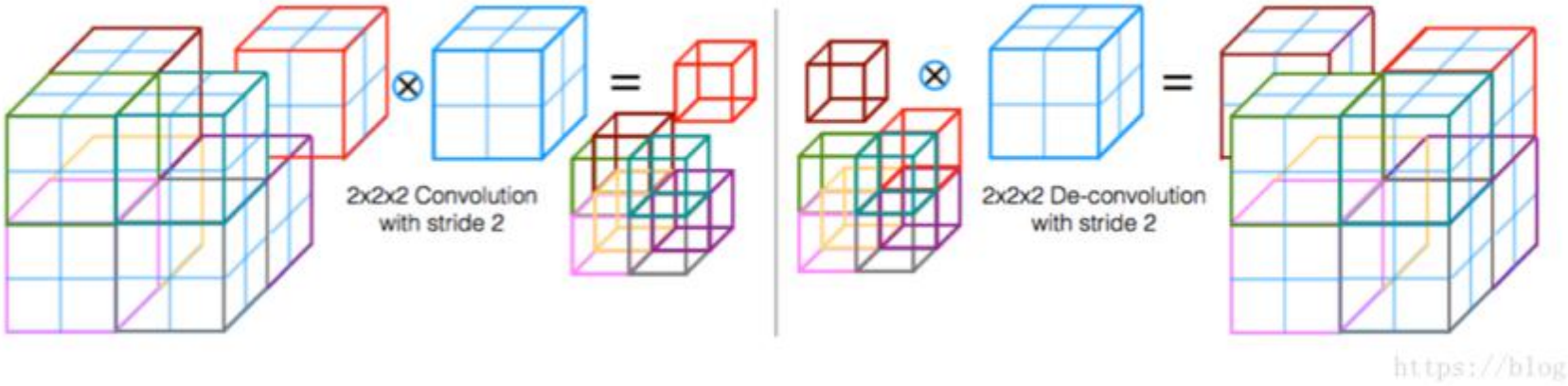
- V-Net中的残差学习机制：
  - V-Net学习了U-Net的思想，把缩小端的底层特征送入放大端的相应位置帮助重建高质量图像，并且加速模型收敛。
  - 每一个stage中也也使用了跃层连接。





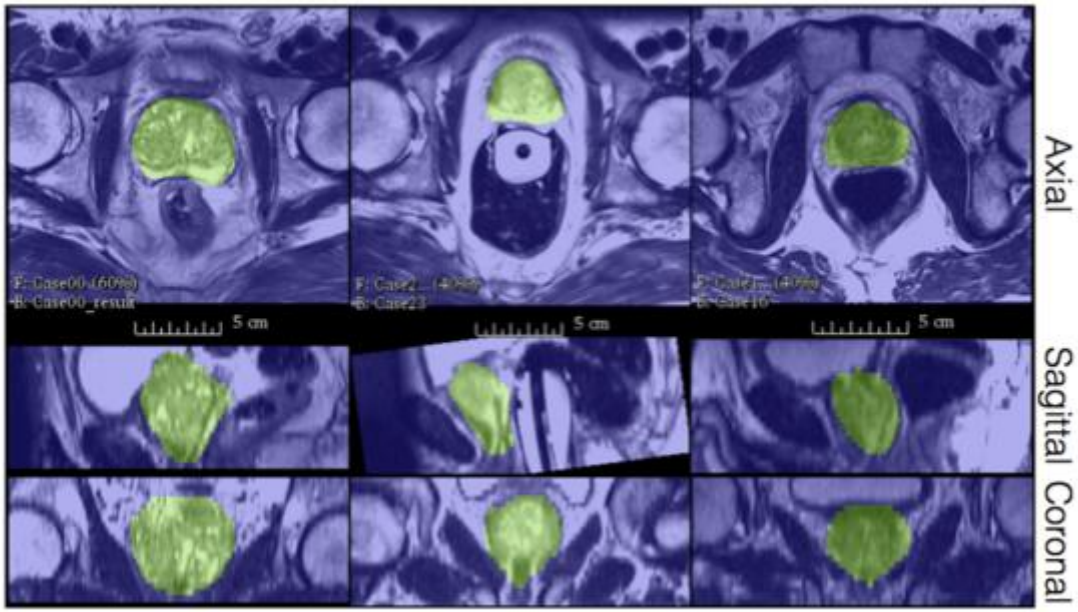
V-Net

- 可以使用适当步幅（大于1）的3D卷积来减小数据的大小。
- 反之，逆卷积通过将每个输入体素通过内核投影到更大的区域来增大数据的尺寸。



V-Net

- 训练过程：使用的动量为0.99；初始学习率为0.0001，每25K次迭代后学习率减小一个数量级。



Algorithm	Avg. Dice	Avg. Hausdorff distance	Score on challenge task
V-Net + Dice-based loss	0.869 ± 0.033	5.71 ± 1.20 mm	82.39
V-Net + mult. logistic loss	0.739 ± 0.088	10.55 ± 5.38 mm	63.30

DenseNet

- 前些年卷积神经网络提高效果的方向：
  - 要么深，比如ResNet，解决了网络深时候的梯度消失问题
  - 要么宽，比如GoogleNet的Inception

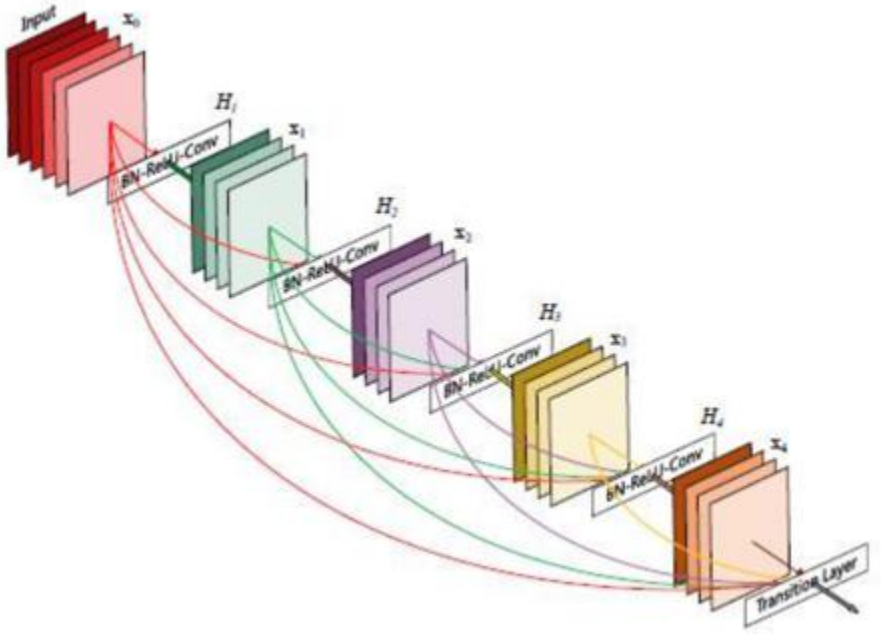
- 而DenseNet则是从feature入手，通过对feature的极致利用达到更好的效果和更少的参数。

DenseNet

- DenseNet的几大优点
  - 减轻了vanishing-gradient（梯度消失）
  - 加强了feature的传递性，更有效地利用了feature
  - 一定程度上减少了参数数量
  - 强调参数有效性，参数使用效率高
  - 隐式深层监督，short paths；
  - 抗过拟合，尤其是训练数据匮乏时

DenseNet

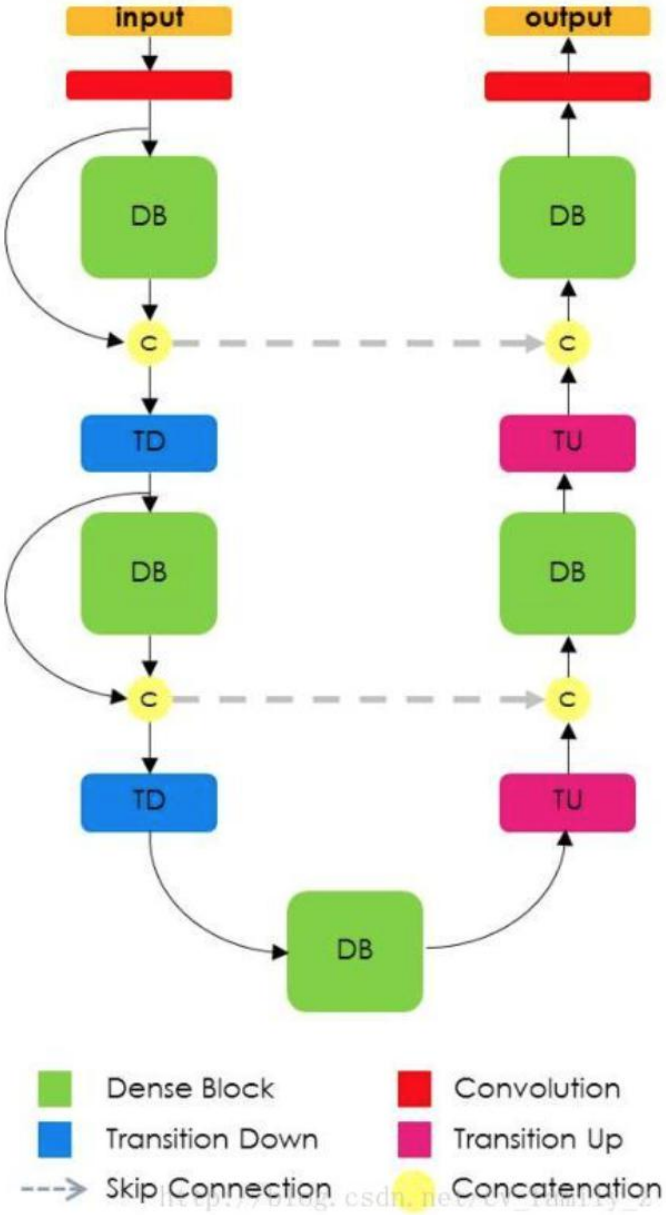
- 与传统的卷积神经网络不同，在DenseNet中，L层网络会产生L(L+1)/2个连接。
- 简单的说：就是每一层的输入来自前面所有层的输出。



- 如图：x_0是input，H_1的输入是x_0（input），H_2的输入是x_0和x_1，以此类推。

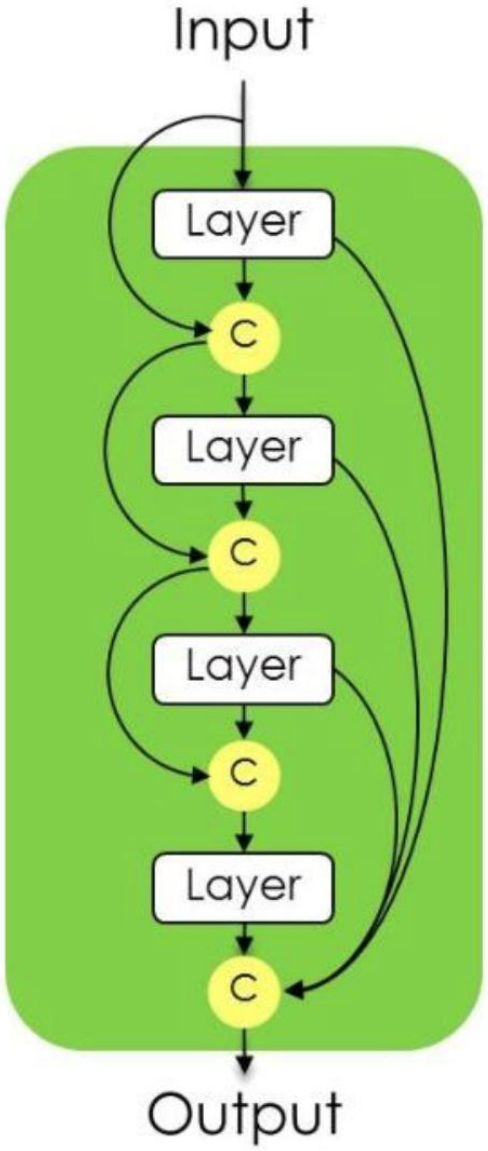
FC-DenseNet

- 在右侧：使用Dense block和transition up替换FC上采样的卷积操作。
- Transition up 使用转置卷积上采样特征图，与跳层传来的特征串联，生成新的dense block的输入。
- 但这样会带来特征图数目的线性增长，为了解决这个问题，dense block的输入不与它的输出串联。
- 同时引入跳层解决之前dense block特征损失的问题。



FC-DenseNet

- dense block 结构如下图，令第一层输入x_0有m个特征图，第一层输出x_1有k个特征图，这k个特征图与m个特征图串联，作为第二层的输入，如此重复n次；
- 第n层的layer层输出后与前面的layer输出合并，共有n×k个特征图。



FC-DenseNet

FC-DenseNet103的架构

Layer
Batch Normalization
ReLU
3×3 Convolution
Dropout $p = 0.2$

Transition Down (TD)
Batch Normalization
ReLU
1×1 Convolution
Dropout $p = 0.2$
2×2 Max Pooling

Transition Up (TU)
3×3 Transposed Convolution $stride = 2$

这里，m是指DB输出的特征图的数量。

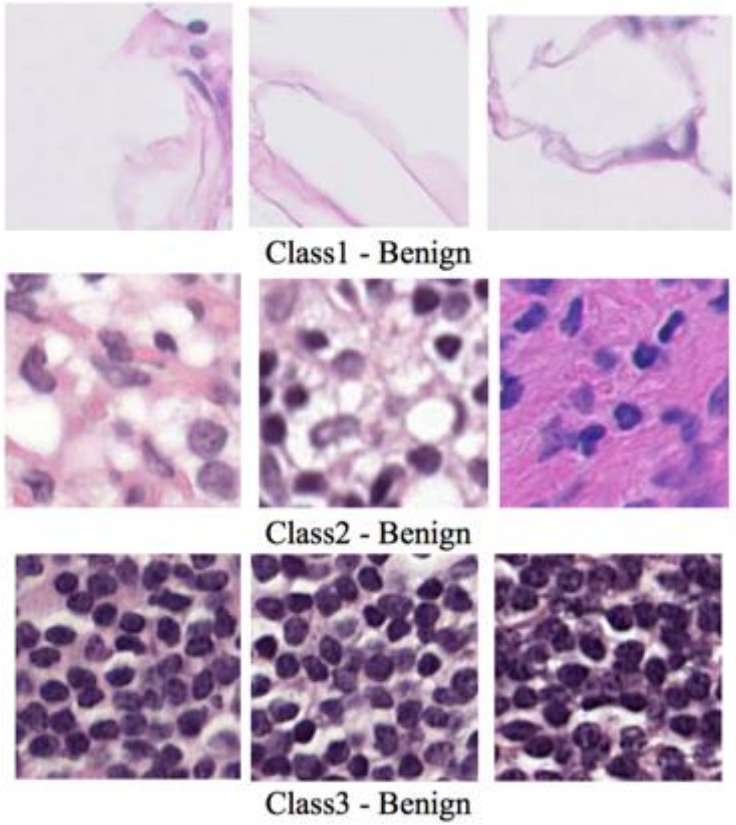
Architecture
Input, $m = 3$
3×3 Convolution, $m = 48$
DB (4 layers) + TD, $m = 112$
DB (5 layers) + TD, $m = 192$
DB (7 layers) + TD, $m = 304$
DB (10 layers) + TD, $m = 464$
DB (12 layers) + TD, $m = 656$
DB (15 layers), $m = 896$
TU + DB (12 layers), $m = 1088$
TU + DB (10 layers), $m = 816$
TU + DB (7 layers), $m = 578$
TU + DB (5 layers), $m = 384$
TU + DB (4 layers), $m = 256$
1×1 Convolution, $m = c$
Softmax

病理切片分析的范畴

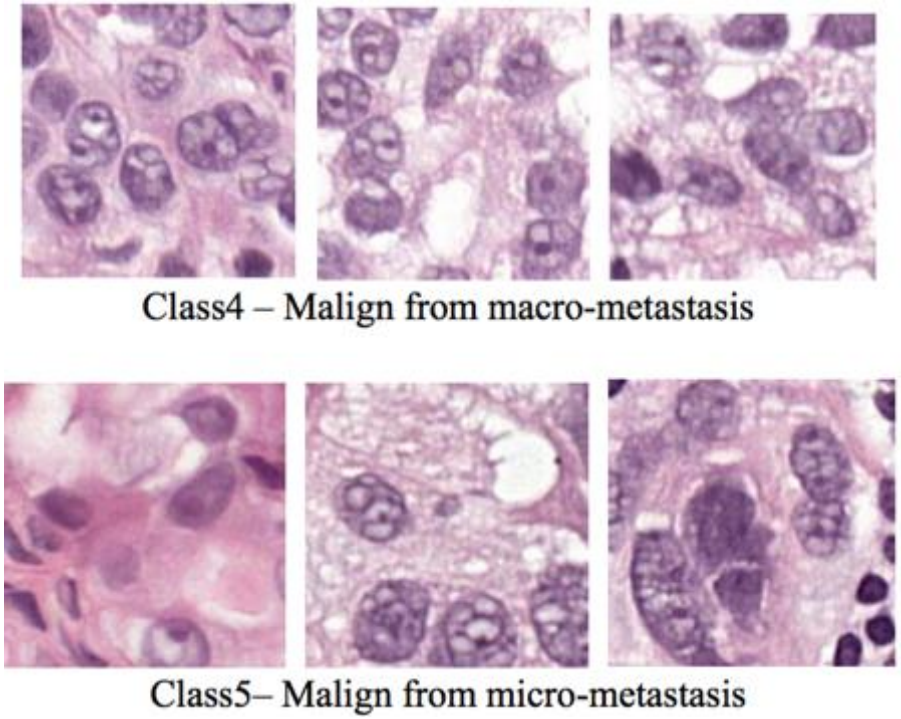
- 定性分析：是对切片性质特点的一种概括。
  - 判断腺体形态
  - 判断细胞的良恶性
- 定量分析：是指依据事实数据，建立数学模型，从而计算出与病变相 关的各项指标。
  - 有丝分裂数目
  - 肿瘤的实质与间质的比例
  - 黏液湖和癌细胞的比例等定量化指标
  - 并根据定量指标给出病理诊断

病理切片

良性的

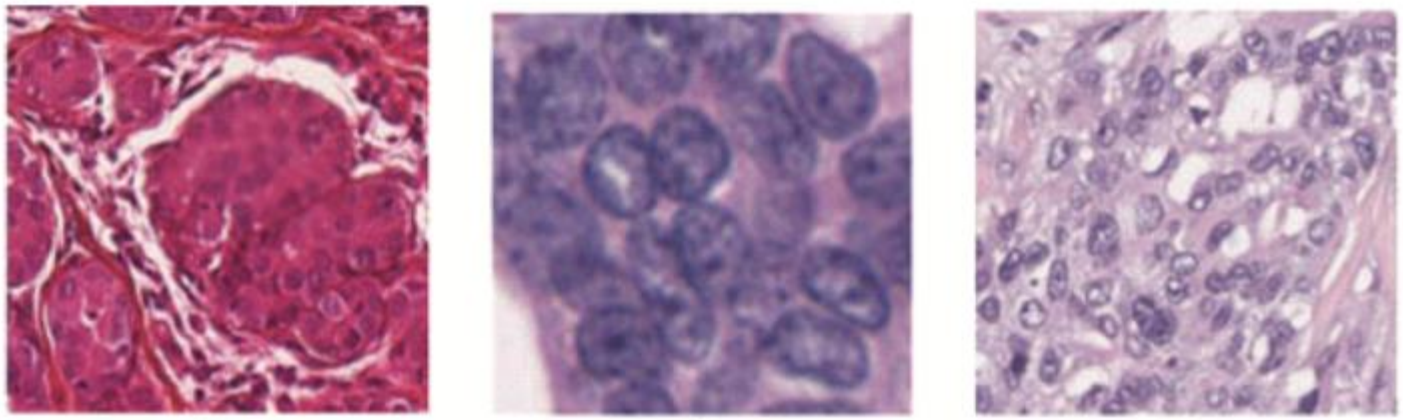


恶性并且有转移的



病理切片

- 分离出细胞等结构对于病理诊断具 有重要意义，但其难点在于：模糊、重叠、异质。
- 解决方案：利用细胞和细胞核的形态学特征、几何学特征、纹理特征、形状特征等。

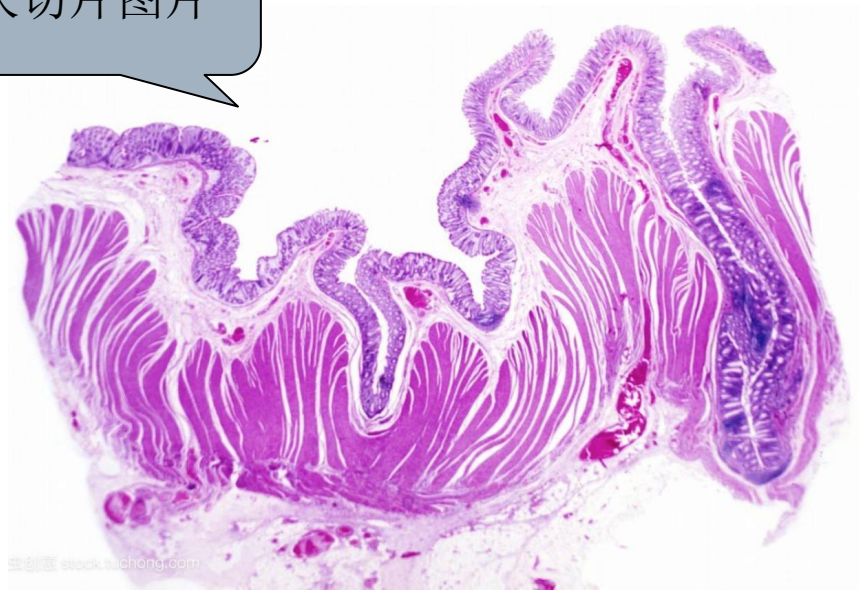


(a) (b) (c)

病理切片数据集

- 数据来源主要是camelyon竞赛的数据
  - https://camelyon16.grand-challenge.org
  - https://camelyon17.grand-challenge.org

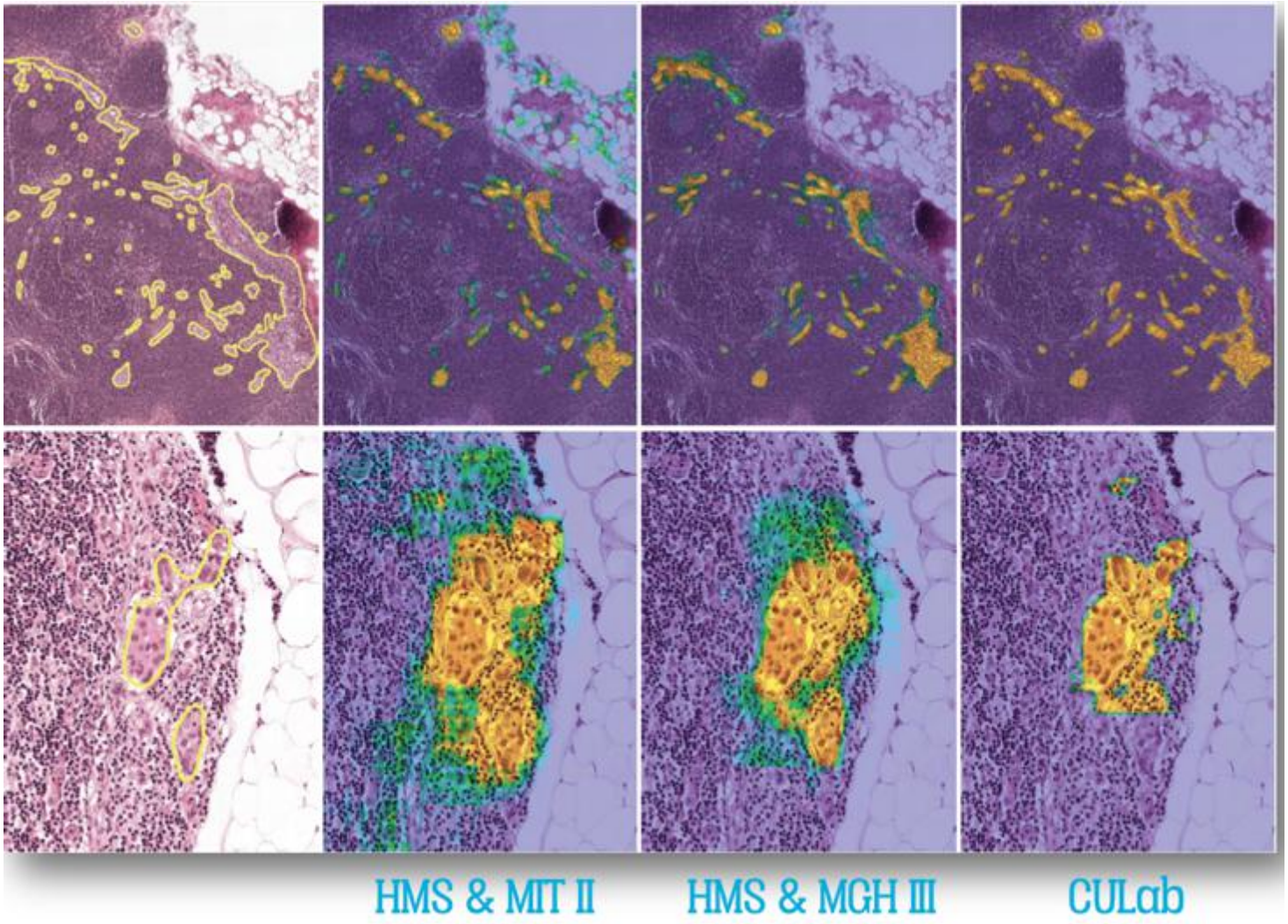
TIF格式的超大切片图片



xml格式的病灶标注说明

```
<?xml version="1.0"?>
<ASAP_Annotations>
    <Annotations>
        <Annotation Name=" 0" Type="Spline" PartOfGroup=" 0" Color="#F4FA58">
        <Annotation Name=" 1" Type="Spline" PartOfGroup=" 0" Color="#F4FA58">
        <Annotation Name=" 2" Type="Spline" PartOfGroup=" 0" Color="#F4FA58">
        <Annotation Name=" 3" Type="Spline" PartOfGroup=" 0" Color="#F4FA58">
        <Annotation Name=" 4" Type="Spline" PartOfGroup=" 0" Color="#F4FA58">
        <Annotation Name="_5" Type="Spline" PartOfGroup="_0" Color="#F4FA58">
            <Coordinates>
                <Coordinate Order="0" X="13447.2" Y="164617" />
                <Coordinate Order="1" X="13433.4" Y="164603" />
                <Coordinate Order="2" X="13419.6" Y="164562" />
                <Coordinate Order="3" X="13419.6" Y="164548" />
                <Coordinate Order="4" X="13419.6" Y="164534" />
                <Coordinate Order="5" X="13405.8" Y="164534" />
                <Coordinate Order="6" X="13405.8" Y="164521" />
                <Coordinate Order="7" X="13405.8" Y="164493" />
                <Coordinate Order="8" X="13405.8" Y="164479" />
                <Coordinate Order="9" X="13392" Y="164465" />
                <Coordinate Order="10" X="13364.3" Y="164424" />
                <Coordinate Order="11" X="13364.3" Y="164396" />
                <Coordinate Order="12" X="13309" Y="164341" />
                <Coordinate Order="13" X="13309" Y="164327" />
                <Coordinate Order="14" X="13309" Y="164299" />
                <Coordinate Order="15" X="13309" Y="164286" />
                <Coordinate Order="16" X="13295.2" Y="164286" />
                <Coordinate Order="17" X="13295.2" Y="164272" />
```

Camelyon 16

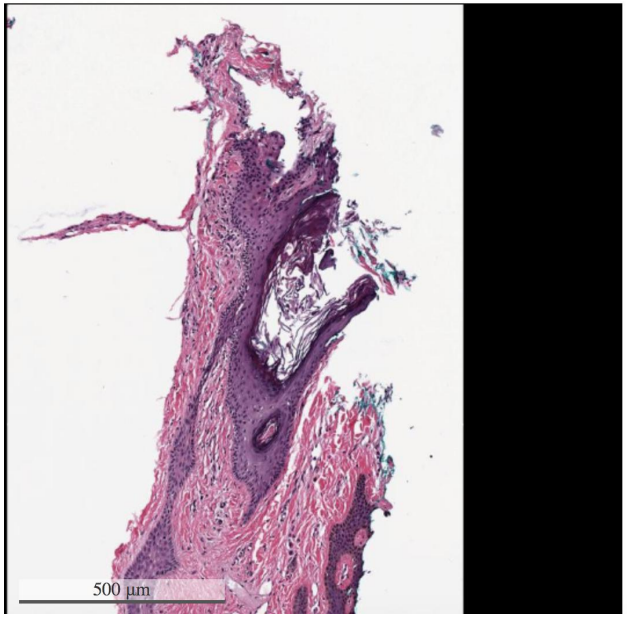


常见的病理数据集

数据集名称	染色方式	类型	包含切片数目	链接
camelyon16[39]	H&E	乳腺前哨淋巴转移瘤	400	https://camelyon16.grand-challenge.org/
camelyon17[40]	H&E	淋巴结节	1000	https://camelyon17.grand-challenge.org/
MICCAI 2015 Gland Segmentation Challenge Contest[41]	H&E	结肠腺体	165	http://www.imagenglab.com/newsite/pddca/
multi-modal Brain Tumor Image Segmentation (BRATS)[42]	H&E	大脑	141	https://portal.gdc.cancer.gov/
ICPR2012 dataset for mitosis detection[43]	H&E	乳腺	50	http://www.ipal.cnrs.fr/event/icpr-2012
ICPR2014 dataset for mitosis detection[44]	H&E	乳腺	—	https://mitos-atypia-14.grand-challenge.org/dataset/
ICPR 2012 HEp-2 cell classification[45]	H&E	Hep-2 细胞	28	http://nerone.diem.unisa.it/hep2contest/dataset.shtml
ICPR2018 gland challenge on breast cancer histology images[46]	H&E	乳腺	400	https://iciar2018-challenge.grand-challenge.org/dataset/
Bioimaging 2015 4th international symposium in applied bioimaging[47]	H&E	乳腺	140	http://www.bioimaging2015.ineb.up.pt/challenge_overview.html

两个预处理工具

- openslide
  - 官网http://openslide.org/api/python/
  - pip install openslide-python



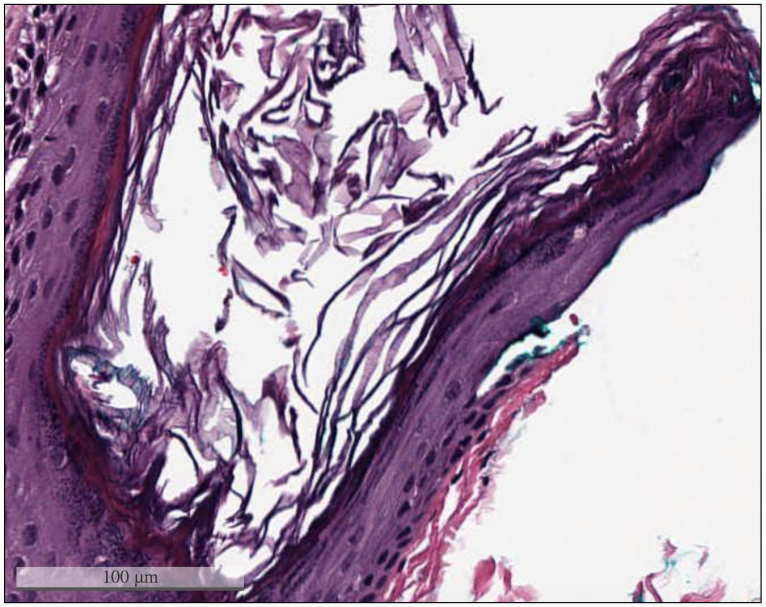
Slide details

Description

Exported region from CMU-1.
small enough to have a single

OpenSlide properties

aperio.AppMag	20
aperio.Date	12/29/09
aperio.Filename	CMU-1
aperio.Filtered	5
aperio.Focus Offset	0.000000
aperio.ImageID	1004486
aperio.Left	25.691574
aperio.LineAreaXOffset	0.019265
aperio.LineAreaYOffset	-0.000313
aperio.LineCameraSkew	-0.000424
aperio.MPP	0.4990
aperio.OriginalHeight	32914



Slide details

Description

Exported region from CMU-1.svs,
small enough to have a single pyra

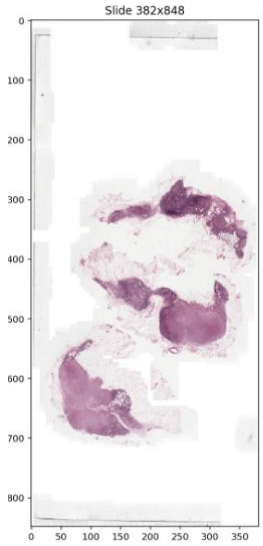
OpenSlide properties

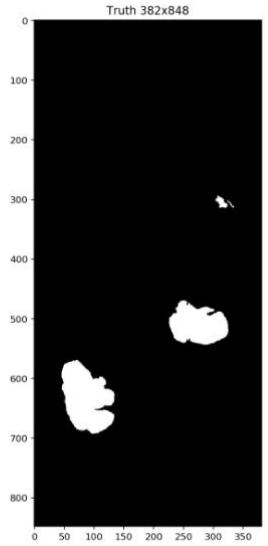
aperio.AppMag	20
aperio.Date	12/29/09
aperio.Filename	CMU-1
aperio.Filtered	5
aperio.Focus Offset	0.000000
aperio.ImageID	1004486
aperio.Left	25.691574
aperio.LineAreaXOffset	0.019265
aperio.LineAreaYOffset	-0.000313
aperio.LineCameraSkew	-0.000424
aperio.MPP	0.4990
aperio.OriginalHeight	32914

两个预处理工具

- 切片处理工具ASAP
  - https://github.com/GeertLitjens/ASAP/releases
  - 用途：截取完整切片的一片区域
  - 用途：xml标注文件转成mask模板图片



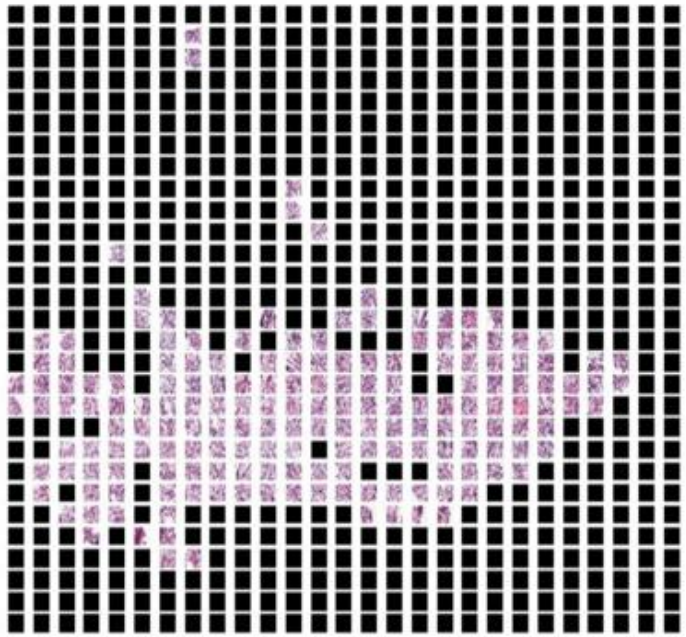




病理切片分析

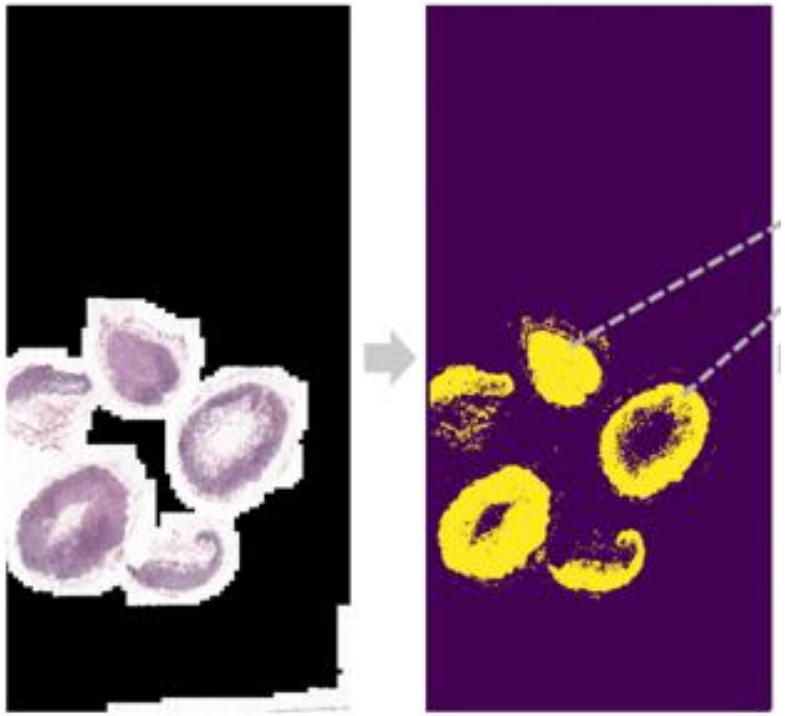
- 左图为典型的细胞切片图的影像，整个图像（WSI）在最高分辨率级别可达200000×100000像素。
- 右图为初筛图（ROIs），黑色部分是没有包含足够组织切片的区域，可以直接舍弃。





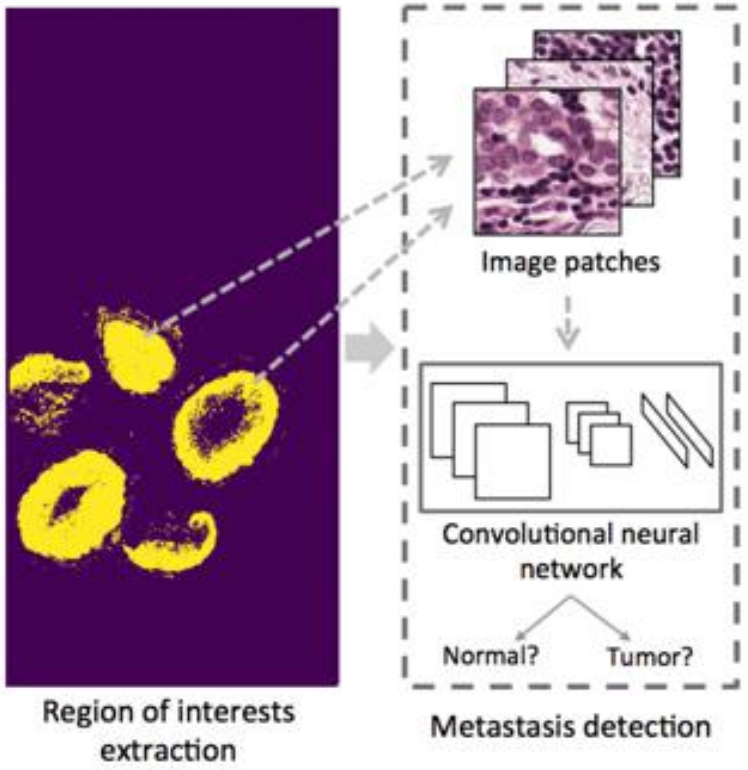
病理切片分析

- 由于异常区域通常位于组织区域的边缘。因此，需要仔细的组织区域提取方法。
- 通常使用Otsu（大津）阈值或灰度值阈值。
  - 大津法阈值：遍历不同的阈值，计算不同阈值下对应的背景和前景之间的类间方差，当类间方差取得极大值时，即为Otsu阈值。



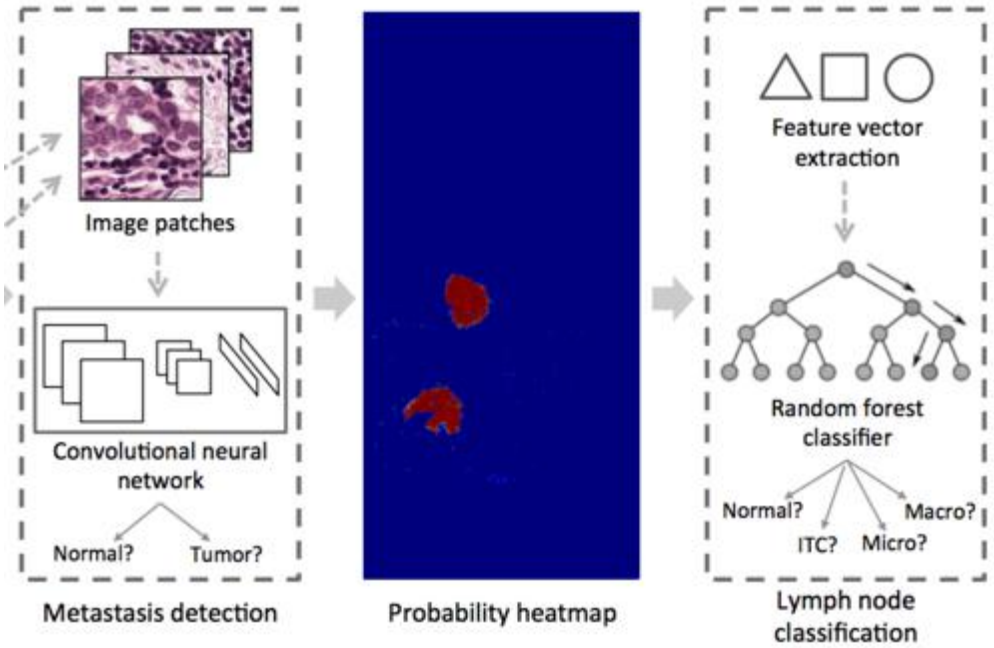
病理切片分析

- 在ROIs（感兴趣区域）从整幅图像中提取之后，在ROIs中以步幅128来提取256x256的patch。
- 如果patch中超过75%个像素被注释为肿瘤，则将整个patch标记为肿瘤样本，否则为正常样本。



病理切片分析

- 可使用ResNet-101进行样本分类以区分肿瘤和非肿瘤区域。
- 也可使用一些FCN架构来提取heat map，然后放入RF等效果较好的分类器中进行分类。

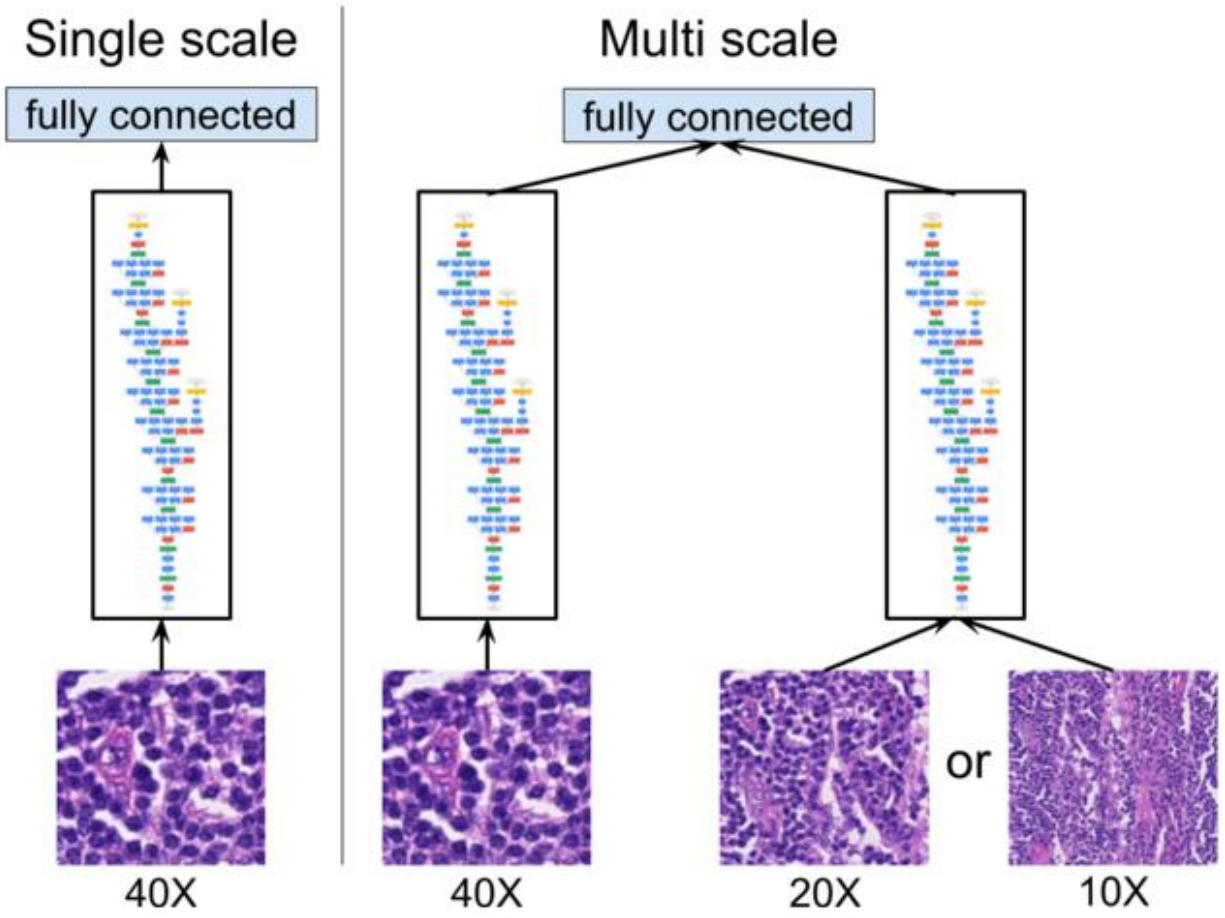


病理切片分析

- 其他实用技巧：
  - 为了肿瘤组织和正常组织在数量上的不平衡，，采样时使肿瘤切片/正常切片的数量相同；
  - 考虑到每个切片的化学制备差异，为了适应不同H&E染色（苏木精—伊红染色法）的颜色，通过施加随机色调、饱和度、亮度和对比度来进行增强色彩；
  - 由于病理组织学图像表现出旋转对称性，可通过随机旋转0~360度；并随机左右翻转的方式实现数据增强。

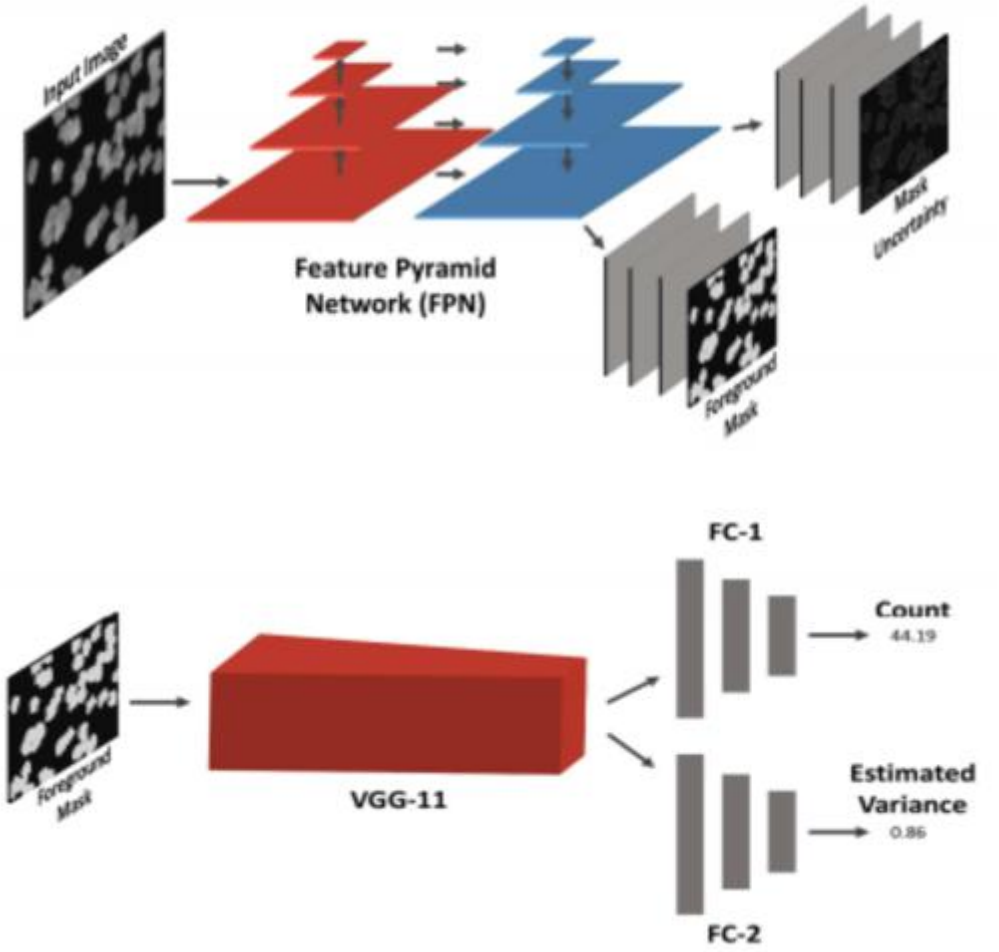
病理切片：单尺度与多尺度

- 左侧为单尺度条件下的处理方式；
- 右侧为多尺度条件下的处理方式；
- 采用的深度网络均为GoogLeNet。



病理切片：细胞计数

- 细胞计数
  - 首先通过FPN来实现细胞与背景的分割。
  - 然后通过VGG来实现计数。



演示

- https://github.com/SimJeg/FC-DenseNet

参考资料

- https://github.com/mirzaevinom/promise12_segmentation
- https://blog.csdn.net/shenziheng1/article/details/50878911
- http://blog.sina.com.cn/s/blog_655783950102x0ja.html
- https://www.sohu.com/a/218292615_642762
- https://blog.csdn.net/u014380165/article/details/75142664
- https://blog.csdn.net/sunshine_010/article/details/80300653

问答互动

在所报课的课程页面，

1、点击“全部问题”显示本课程所有学员提问的问题。

2、点击“提问”即可向该课程的老师和助教提问问题。



联系我们

小象学院：互联网新技术在线教育领航者

– 微信公众号：**小象学院**

