计算机系统应用 ISSN 1003-3254, CODEN CSAOBN
2025,34(7):174−183 [doi: 10.15888/j.cnki.csa.009883] [CSTR: 32024.14.csa.009883]
©中国科学院软件研究所版权所有.
E-mail: csa@iscas.ac.cn
http://www.c-s-a.org.cn
Tel: +86-10-62661041

基于空间和通道特征重构的肾脏病理组织分割网络①

张昊旻[1,2], 蔡程飞[1,2,4], 徐　军[1,2], 贾　周[3]

[1](南京信息工程大学 未来技术学院, 南京 210044)
[2](南京信息工程大学 智能医学图像计算江苏省高校重点实验室, 南京 210044)
[3](江苏省大气环境与装备技术协同创新中心, 南京 210044)
[4](泰州学院 信息工程学院, 泰州 225300)
通信作者: 贾　周, E-mail: 15850509497@163.com

摘　要: 全景切片图像中, 肾脏组织在形态上形状不规则, 大小差异显著, 在类别上不同的肾脏组织会有相似的纹理和结构, 并且还会存在类别不平衡的问题. 针对上述问题, 提出轻量级肾脏病理组织分割网络 ASRMU-Net. 首先在网络浅层引入空间重构单元 (SSRU), 利用平均值和最大值捕捉肾脏组织不同的空间信息, 通过门控机制和卷积操作自适应地重建空间特征, 通过交叉重组增强有用特征; 其次在网络中间层构建 ASRM 模块, 利用空间和通道的特征重建与融合, 增强特征表达能力; 接着在网络深层引入通道重构单元 (CSRU), 采用自适应通道拆分、压缩与深度可分离卷积相结合的策略, 通过融合高维和低维特征, 并通过自适应加权重建, 从而有效区分有相似纹理和结构的不同组织; 最后通过改进损失函数来优化模型, 减轻类别不平衡的影响. 改进网络在间质纤维化数据集的 *MDice* 和 *MIoU* 为 85.4% 和 74.8%, 在 AIDPATH 数据集上的 *MDice* 和 *MIoU* 为 96.1% 和 92.4%. 结果表明, 改进网络以较少的参数量实现了比其他医学分割模型更高的分割精度.

关键词: 轻量级分割网络; 全景切片图像; 肾脏组织分割; 空间特征重构; 通道特征重构

引用格式: 张昊旻,蔡程飞,徐军,贾周.基于空间和通道特征重构的肾脏病理组织分割网络.计算机系统应用,2025,34(7):174–183. http://www.c-s-a.org.cn/1003-3254/9883.html

Kidney Pathological Tissue Segmentation Network Based on Spatial and Channel Feature Reconstruction

ZHANG Hao-Min[1,2], CAI Cheng-Fei[1,2,4], XU Jun[1,2], JIA Zhou[3]

[1](School of Future Technology, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China)
[2](Jiangsu Key Laboratory of Intelligent Medical Image Computing, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China)
[3](Jiangsu Collaborative Innovation Center of Atmospheric Environment and Equipment Technology, Nanjing 210044, China)
[4](College of Information Engineering, Taizhou University, Taizhou 225300, China)

Abstract: In whole slice images, renal tissues exhibit irregular shapes, significant size variations, and similar textures and structures across different tissue types, accompanied by the challenge of class imbalance. To address these issues, a lightweight kidney pathological tissue segmentation network, ASRMU-Net, is proposed. First, a spatial reconstruction unit (SSRU) is introduced in the shallow layers of the network to capture spatial information from different renal tissues using average and maximum values. Through gated mechanisms and convolutional operations, spatial features are adaptively reconstructed, and useful features are enhanced via cross-recombination. In the middle layers, an ASRM

① 基金项目: 国家重点研发计划 (2023YFC3402800); 国家自然科学基金 (82441029, 62171230, 62101365, 92159301, 62301263, 62301265, 62302228, 82302291, 82302352, 62401272); 江苏省前沿引领技术基础研究重大项目 (BK2023200)
收稿时间: 2024-12-10; 修改时间: 2025-01-02; 采用时间: 2025-01-21; csa 在线出版时间: 2025-04-25
CNKI 网络首发时间: 2025-04-27

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

module is designed to enhance feature representation by reconstructing and fusing spatial and channel features. In the deep layers, a channel reconstruction unit (CSRU) is integrated. This unit combines adaptive channel splitting, compression, and depthwise separable convolution to effectively fuse high-dimensional and low-dimensional features, adaptively reconstruct them, and distinguish tissues with similar textures and structures. Finally, an improved loss function is applied to optimize the model and reduce the impact of class imbalance. The enhanced network achieves *MDice* and *MIoU* scores of 85.4% and 74.8% on the interstitial fibrosis dataset, and 96.1% and 92.4% on the AIDPATH dataset. The results demonstrate that the improved network achieves higher segmentation accuracy with fewer parameters compared to other medical segmentation models.

Key words: lightweight segmentation network; whole slide image; kidney tissue segmentation; spatial feature reconstruction; channel feature reconstruction

慢性肾脏病已成为威胁人类健康的主要疾病之一, 早期诊断对于治疗至关重要[1]. 慢性肾脏疾病可分为原发性和继发性, 进一步划分为多种类型, 如 Ig-A 肾病和狼疮性肾炎等. 病理医生在选择不同慢性肾病的诊断和治疗方案时, 需要对肾脏皮质区间质纤维化的病变程度进行分析与评估. 因此, 能够准确分割肾脏全穿刺图像中的间质纤维化、肾小球和血管等组织, 将极大提升病理医生对慢性肾脏疾病的诊断效率[2]. 然而, 在肾脏病理图像中, 相同组织的大小差异显著, 内部纹理复杂且形状不规则. 此外, 不同组织之间的纹理可能高度相似, 这些因素使得分割任务变得更加复杂.

针对肾脏病理组织分割问题, Salvi 等[3]设计了一种专门用于肾小球和肾小管定量分析的多重残留 U 型网络, 以满足生物医学研究中对肾脏组织结构的精确分析需求. Buneo 等[4]引入了 SegNet-VGG16, 将 SegNet 的强大上采样路径与 VGG16 的深度特征提取能力相结合, 通过多类学习策略实现肾小球结构的精准分割. Lutnick 等[5]则应用 DeepLabV2, 旨在保持高分辨率特征图的同时有效扩大感受野, 从而准确分割硬化肾小球、间质纤维化和肾小管萎缩区域. Gadermayr 等[6]通过级联两个卷积神经网络 (CNN), 实现了对组织样本中稀疏且关键的感兴趣区域的精确组织学分割. Bouteldja 等[7]研发了一种卷积神经网络, 能够针对不同哺乳动物种类及其实验疾病模型, 自动分割肾脏病理学图像.

U-Net[8]依靠跳跃连接融合高层语义信息与低层细节信息, 特别适合小样本数据集, 并在医学图像分割领域展现了优异的性能. 为了提高医学图像的分割精度, 许多研究者采用基于 U-Net 的网络进行肾脏病理组织分割. Saikia 等[9]提出了 MLP-UNet, 通过引入多层感知器编码器进一步泛化 U-Net 架构, 增强了对输入图像和掩码的处理能力, 实现了肾小球的分割. 胡帅等[10]提出了 MDU-Net, 利用扩张卷积在编码器中获取丰富的边缘信息, 并在跳跃连接中融合相邻层特征, 以获得深层次和多尺度的上下文特征. 此外, Alom 等[11]提出的 R2U-Net 通过使用递归卷积替代传统卷积, 以增强特征表示能力, 从而提升网络的分割性能. 以上提高 U-Net 网络性能的研究通常采用更复杂的模块, 但在医学图像分割领域, 模型轻量化的重要性不容忽视[12]. 为了满足轻量级模型的需求, Singh 等[13]提出的 MISegNet 提供了一个强大而轻量的网络, 用于实时分割多模态医学图像. Valanarasu 等[14]提出的 UNeXt 模型则结合了 U-Net 和 MLP[15]技术, 能够在保持高性能的同时减少参数和计算负担. 此外, Zhao 等[16]提出了一种轻量级特征注意力网络 LFANet, 旨在减少网络冗余, 并针对病理切片的不同分辨率提取相应的特征信息, 以实现组织的有效分割.

尽管现有的轻量级医学图像分割模型在减少计算资源消耗方面取得了一定进展, 但它们往往忽视了空间和通道冗余的问题. 研究表明, 深度神经网络的特征映射在空间和通道维度上存在显著的冗余[17,18]. 网络中的多个特征图通道可能包含重复信息, 从而影响模型的表达能力并增加计算复杂度, 特别是在特征提取阶段, 对小目标类别的区分效果不明显[19]. 在高分辨率图像中, 相邻像素间的信息相似度较高, 导致空间冗余, 进一步增加分割任务的复杂性和内存消耗, 同时对细节分类和边界分割的精度产生负面影响. 此外, 目前在肾脏病理组织分割领域, 针对空间和通道冗余问题的

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

研究仍然较为有限.

为此, 本文受 Li 等[20]工作的启发, 提出了 ASRMU-Net, 通过在浅层引入空间重构单元 (SSRU) 自适应重建空间特征, 利用平均和最大值捕捉不同肾脏组织的空间信息; 在中间层构建 ASRM 模块, 增强空间和通道特征的融合与表达; 在深层使用通道重构单元 (CSRU), 结合自适应通道拆分和深度可分离卷积, 有效区分具有相似纹理和结构的不同组织. 通过改进损失函数, 优化网络以减轻类别不平衡的影响, 从而提高分割精度. 具体来说, 本文的贡献为以下几点.

(1) 设计 SSRU, 通过自适应重建空间特征并融合平均值和最大值, 提升肾脏组织的空间信息表达能力.

(2) 设计 ASRM, 通过重建和融合空间与通道特征, 提高肾脏组织类别间的区分度, 增强特征表达能力.

(3) 设计 CSRU, 结合自适应通道拆分和深度可分离卷积, 有效融合高维和低维特征, 优化不同肾脏组织的区分能力.

(4) 提出 ASRMU-Net, 通过在网络不同层嵌入相应的模块, 减少参数量的同时保持高精度, 提升了计算效率.

(5) 改进损失函数, 通过引入类别加权机制, 缓解了类别不平衡问题, 提高了模型在稀有类别上的分割性能.

1 肾脏病理组织分割模型

1.1 整体架构

本文提出的 ASRMU-Net 网络如图 1 所示. 网络以 U-Net 为主体, 在网络浅层嵌入了 SSRU, 关注肾脏组织细节和局部形态特征的提取, 为后续分割任务提供基础的空间信息; 在网络中间层嵌入了 ASRM, 通过空间与通道特征的融合, 增强对肾脏组织形态和类别的理解, 提升类别的辨识能力; 在网络深层嵌入了 CSRU, 通过高效融合高维和低维特征, 优化类别区分和形态分割能力, 特别是在处理结构相似的区域时, 能够精确区分不同类别; 同时改进损失函数, 降低网络训练时类别不平衡的影响.

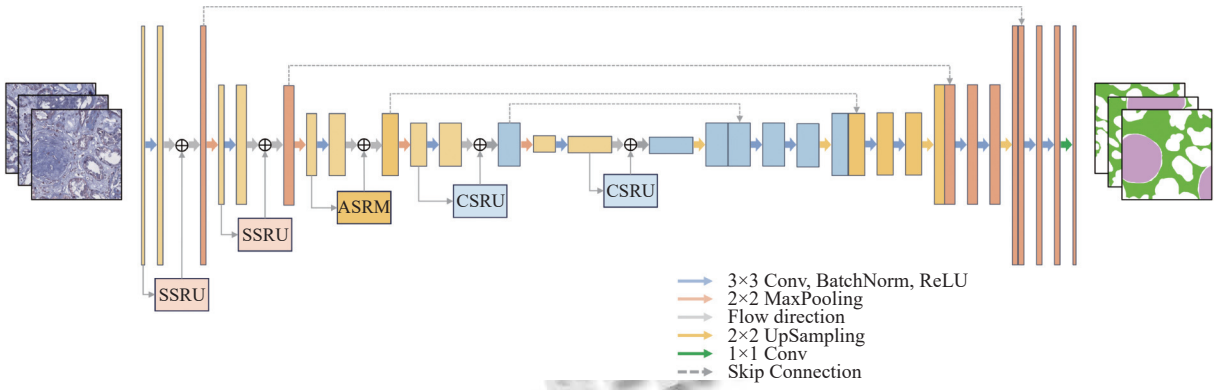

图 1 ASRMU-Net 整体结构

1.2 空间重构单元

U-Net 在浅层提取肾脏病理切片空间特征时, 主要依赖卷积操作来提取局部纹理和边缘信息, 但由于肾脏病理切片中组织形态不规则且相似区域的差异微小, 传统卷积网络可能导致空间特征的冗余和细节丢失. 为解决这一问题, 本文提出了空间重构单元 (SSRU), 如图 2 所示, 通过分离和重构操作来优化特征处理. 具体而言, 分离操作旨在从特征图中识别并提取出信息丰富的部分, 与信息较少的部分加以区分. 为实现这一目标, 首先计算各特征图的均值和最大值, 以评估其信息含量. 设给定一个中间特征图, 批量大小为 N, 通道数为 C, 高度和宽度分别为 H 和 W. 沿通道维度计算每个特征图的均值和最大值, 以此初步判断特征图的信息丰富程度. 接着, 将这些信息含量较高的特征组合成一个特征图, 用于后续处理. 随后, 通过卷积操作并结合 *Sigmoid* 激活函数, 为每个通道计算加权值. 这些权重被规范化到 0–1 的区间, 并根据预设的门限值 (实验中设为 0.5) 进行筛选. 基于此门控操作, 生成两组权重: 权重大于阈值的通道被赋予权重值 1, 表示信息丰富的特征图; 而权重小于阈值的通道被赋予权重值 0, 表示信息含量较少的特征图. 然后, 将输入特征图与这两组权重分别相乘, 生成两个加权后的特征图, 即信息丰富特征和信息较少特征. 为了进一步减少空间冗余性, 采用交叉重构操作, 将信息性特征与非信息性特征

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

沿通道维度分割, 并交替组合. 最后, 将这两部分特征进行拼接, 生成一个在空间上更精细化的特征图. 通过这种方法, SSRU 不仅能够精准地分离出有价值的特征, 还能借助重构操作来强化特征的表征能力, 并抑制冗余特征的影响, 从而在空间维度上提升了模型的处理效率.

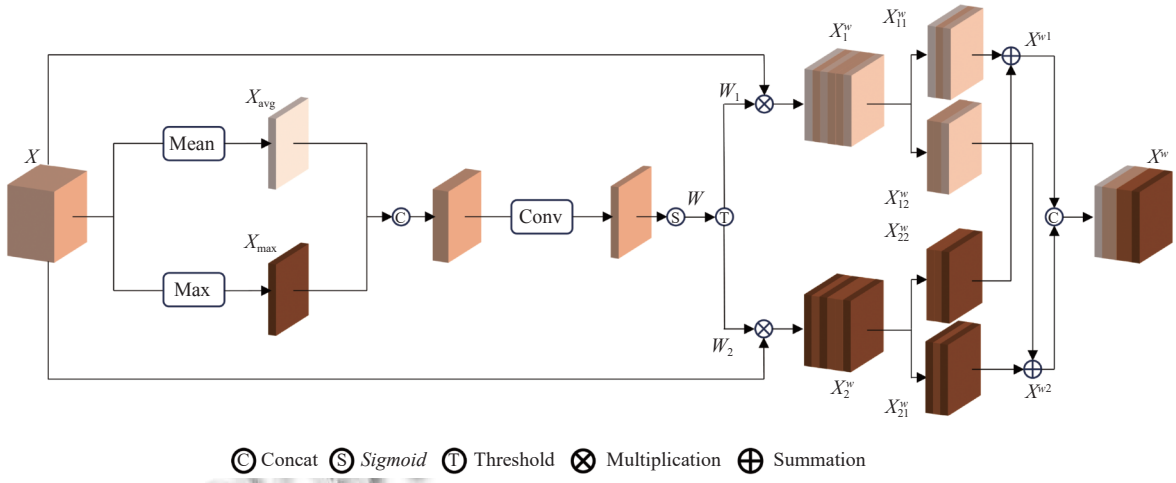

图 2 空间重构单元

上述过程可由式 (1)–式 (6) 表示:

$$X_{\text{avg}} = \text{mean}(X) \tag{1}$$

$$X_{\max} = \max(X) \tag{2}$$

$$W = Sigmoid(Conv(X_{\text{avg}} © X_{\max})) \tag{3}$$

$$X_1^w = X \cdot W_1,\ X_2^w = X \cdot W_2 \tag{4}$$

$$X^{w1} = X_{11}^w + X_{22}^w,\ X^{w2} = X_{12}^w + X_{21}^w \tag{5}$$

$$X^w = X^{w1} © X^{w2} \tag{6}$$

其中, X_{avg} 表示输入特征图在通道维度上的平均值; $X_{\max}$ 表示输入特征图在通道维度上的最大值; © 表示将特征图沿通道进行拼接; W 是将 X_{avg} 和 $X_{\max}$ 通过 *Sigmoid* 和卷积操作得到的加权矩阵; W_1 是 W 中大于阈值的位置设为 1, 其余位置设为 0 得到的矩阵; W_2 是 W 中小于阈值的位置设为 1, 其余位置设为 0 得到的矩阵; X_1^w 表示通过 W_1 对输入特征图进行加权操作后得到的特征图; X_2^w 表示通过 W_2 对输入特征图进行加权操作后得到的特征图; X_{11}^w 与 X_{12}^w 为将 X_1^w 沿通道分离的特征图, X_{21}^w 与 X_{22}^w 为将 X_2^w 沿通道分离的特征图; X^{w1} 和 X^{w2} 表示通过交叉重构操作得到的特征图; X^w 表示将 X^{w1} 和 X^{w2} 通过拼接得到的特征图.

1.3 通道重构单元

随着网络深度的增加, 网络提取的特征逐渐从低级的边缘或纹理信息转变为高级的语义信息, 如果没有有效融合低层和高层特征, 或者在类别不平衡的情况下, 模型往往会偏向于提取主要类别的特征, 而忽略少数类别的特征差异, 最终导致通道信息冗余. 为了解决这种在通道维度上的特征冗余问题, 本文提出了通道重构单元 (CSRU), 如图 3 所示, 该单元采用特征分离与重构的策略. 给定一个输入特征图. 首先, 将输入特征图分割为上通道部分和下通道部分, 分割比例由一个可学习参数控制. 该参数决定通道的划分比例, 以实现灵活的通道分配. 为了提升计算效率, 对这两部分分别应用 1×1 卷积来压缩通道数, 压缩比例由一个压缩因子进行控制 (在实验中设置为 2). 经过分割和压缩操作后, 特征图被分为上通道部分和下通道部分. 上通道部分被视为丰富特征的提取器. 不同于传统的标准卷积, 本文采用深度可分离卷积 (depthwise separable convolution, DSC)[21]来降低计算复杂度. 具体地, 首先对上通道部分进行深度卷积 (depthwise convolution), 该操作在每个通道内独立进行卷积, 减少了参数量和计算量. 然而, 深度卷积缺乏通道间的信息交互, 可能导致信息流的中断. 为此, 接下来对上通道部分应用逐点卷积 (pointwise convolution, PWC), 通过在通道间的卷积操作来整合各通道的信息. 这样的卷积组合方式可以有效捕获空间和通道维度的特征, 同时保持较低的计算成本. 对于下通道部分, 通过逐点卷积来提取浅

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

层特征, 同时保留原始的下通道特征, 以增强输出特征的多样性. 在特征重构阶段, 首先将分离阶段得到的上通道和下通道特征图在通道维度上拼接, 生成融合特征图. 接着使用自适应全局平均池化 (adaptive global average pooling)[22]对融合特征图进行空间维度的聚合. 此操作计算每个通道的全局平均值, 以捕获特征图中的全局信息. 为了进一步增强特征的区分性, 对池化结果应用 *Softmax* 操作, 将每个通道的响应归一化为概率分布, 从而生成通道权重. 将这些权重与拼接后的特征图相乘, 得到加权后的特征图. 然后, 将加权后的特征图分割为两部分, 并通过加法操作融合这两部分特征, 最终生成输出的特征图.

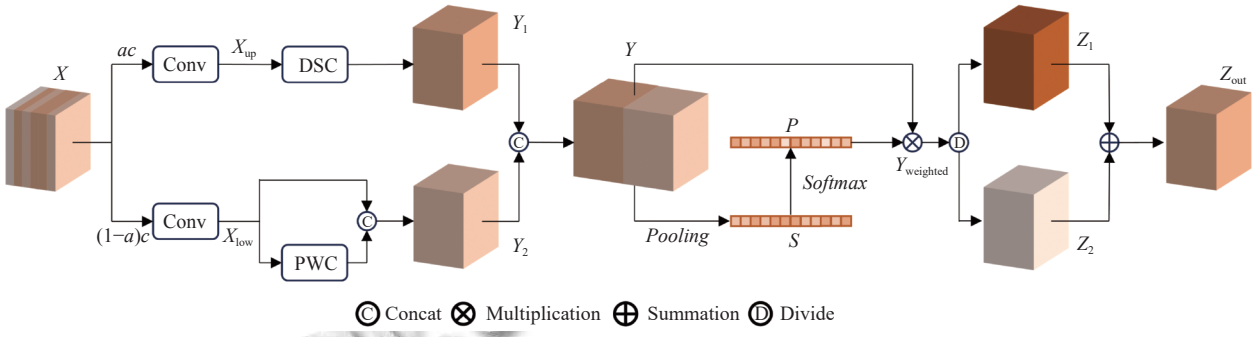

图 3 通道重构单元

上述过程可由式 (7)–式 (13) 表示:

$$Y_1 = DSC(X_{\text{up}}) \tag{7}$$

$$Y_2 = PWC(X_{\text{low}}) © X_{\text{low}} \tag{8}$$

$$Y = Y_1 © Y_2 \tag{9}$$

$$S = Pooling(Y) \tag{10}$$

$$P = Softmax(S) \tag{11}$$

$$Y_{\text{weighted}} = P \cdot Y \tag{12}$$

$$Z_{\text{out}} = Z_1 + Z_2 \tag{13}$$

其中, X_{up} 表示输入特征图的上通道部分; X_{low} 表示输入特征图的下通道部分; Y_1 表示通过深度可分离卷积计算得到的上通道加权特征图; Y_2 表示 X_{low} 与经过逐点卷积的 X_{low} 进行拼接得到的下通道加权特征图; © 表示将特征沿通道进行拼接; Y 表示 Y_1 与 Y_2 拼接得到的特征图; S 表示对融合特征图 Y 进行自适应全局平均池化得到的全局响应; P 表示通过 *Softmax* 操作对 S 归一化得到的通道权重矩阵; $\cdot$ 表示逐元素相乘操作; Y_{weighted} 表示将通道权重 P 与融合特征图 Y 相乘得到的加权特征图; Z_1 和 Z_2 分别表示通过加权操作后的上通道和下通道特征; Z_{out} 表示最终的输出特征图.

1.4 ASRM 模块

U-Net 的中间层存在空间特征丢失、类别混淆等问题, 因此提出 ASRM 模块. 如图 4 所示, 输入首先通过 SSRU 进行处理, 自适应地重建空间特征, 捕捉不同空间尺度的信息. 接着, SSRU 的输出进入 CSRU, 通过自适应通道拆分、压缩与深度可分离卷积的结合, 融合高维和低维特征. 最后, CSRU 的输出与原始输入进行残差连接, 形成最终的输出. ASRM 通过重建和融合空间与通道特征, 提升了网络的特征表达能力, 增强了类别辨识能力, 同时通过残差连接保持信息流畅通, 有助于深层更好地学习细节特征. 这样, ASRM 能够改善 U-Net 在肾脏组织分割中的表现, 特别是在处理复杂形态和细小病变区域时, 能够提高分割的精度和鲁棒性.

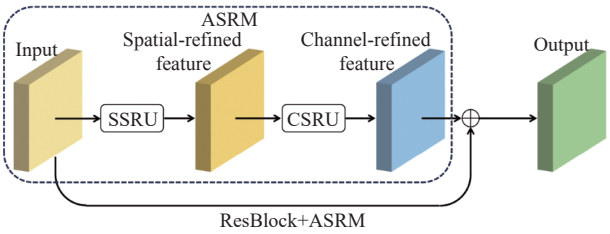

图 4 ASRM 模块

1.5 改进损失函数

为了处理多分类问题中的类别不平衡问题, 引入了加权交叉熵损失函数, 通过为不同类别分配不同的权重, 从而提升少数类在损失计算中的影响力. 这样能够有效地减小类别不平衡对模型训练带来的偏差. 加

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

权交叉熵损失函数的公式如下:

$$L_{\text{CE-weighted}} = -\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\sum_{c=1}^{C} w_c \cdot y_{i,c}\log(\hat{y}_{i,c}) \tag{14}$$

加权 *Dice* 损失则强调了模型在分割时对小区域或难以分割区域的重视. 通过权重加成, 模型可以更加专注于那些实际影响更大的类别, 提高小物体或边界区域的分割精度. 加权 *Dice* 损失的公式如下:

$$L_{\text{Dice-weighted}} = 1 - \frac{1}{N}\cdot\frac{2\sum_{i=1}^{N} w_c \cdot (y_{i,c}\cdot\hat{y}_{i,c})}{\sum_{i=1}^{N} w_c \cdot (y_{i,c}+\hat{y}_{i,c})} \tag{15}$$

其中, N 是样本数量, C 是类别数量, w_c 表示类别 c 的权重, $y_{i,c}$ 表示样本 i 是否属于类别 c, 如果是, 则为 1; 不是, 则为 0. $\hat{y}_{i,c}$ 是模型对样本 i 在类别 c 的预测概率.

依据各类别的像素数量来计算权重, 首先确定数据集中像素数量最少的类别, 并将其权重设定为 1, 对于其他类别, 权重根据该类别与最少类别的像素数量比值来计算, 计算公式如下:

$$w_c = \frac{min_pixels}{pixels_c} \tag{16}$$

其中, min_pixels 是像素数量最少的类别的像素数, $pixels_c$ 为类别 c 的像素数.

结合两种不同损失函数的特性, 本文将两种损失函数进行组合作为网络最终的损失函数, 最终的损失函数公式如下:

$$L_{\text{final}} = L_{\text{CE-weighted}} + L_{\text{Dice-weighted}} \tag{17}$$

2 实验结果与分析

2.1 数据集与数据预处理

为了验证 ASRMU-Net 的适用性和有效性, 本文使用了间质纤维化数据集以及 AIDPATH 公开数据集. 考虑到病理图像往往尺寸较大, 因此在训练阶段, 对原始图像进行了预处理. 在数据处理流程中, 将完整的染色切片分割成了多个尺寸统一的图像块, 每个图像块的长和宽均为 512 像素, 并包含 3 个颜色通道. 为了进一步提升模型的泛化性能, 对数据实施了旋转、裁剪以及随机调整亮度、颜色和对比度的增强处理.

间质纤维化数据集: 该数据集涵盖了 40 张病理全切片图像, 这些图像采用像素级标注, 分别为: NT (正常组织与背景)、IF (间质纤维化)、VES (血管) 和 GLO (肾小球) 这 4 种类型. 为了训练和测试模型, 该数据集被按照 80:20 的比例划分为两个部分: 训练集包含 32 张切片 (11 162 张图像块), 用于模型的训练; 测试集则包含剩余的 8 张切片 (2 252 张图像块), 用于评估模型的性能.

AIDPATH 公开数据集: 该数据集包括 31 张病理全切片图像, 图像对肾小球进行了标注, 类型分别为肾小球和非肾小球. 在相关实验操作中, 该数据集按照 80:20 的比例被分割为训练集与测试集两部分, 其中训练集纳入了 24 张切片 (1 680 张图像块) 用于模型训练, 测试集则包含了 7 张切片 (420 张图像块) 用于模型性能的验证.

2.2 实验环境

该模型采用 Python 3.8 版本与 PyTorch 框架实现. 其训练与测试过程均在一台配备 NVIDIA RTX 3090 显卡和 32 GB 内存的服务器上完成. 所有图像及其对应标签在数据集中被统一调整至 512×512×3 的尺寸. 模型优化选用 Adam 优化器, 并设置学习率为 0.000 1. 训练过程中, 批量大小设定为 4, 且整个训练过程包含 100 个训练轮次.

2.3 评价指标

为了评估 ASRM 模块的有效性, 本文采用以下分割评价指标: *Dice* 系数、交并比 (*IoU*)、像素准确率 (*Acc*). 这些指标能够衡量模型在语义分割任务中的表现. 对于 n 个类别, 分别计算每个类别的 *Dice*、*IoU* 和 *Acc*, 然后计算这些指标的平均值以获得整体性能. 各指标计算公式如下:

$$Dice_i = \frac{2\times TP_i}{2\times TP_i + FP_i + FN_i} \tag{18}$$

$$IoU_i = \frac{TP_i}{TP_i + FP_i + FN_i} \tag{19}$$

$$Acc_i = \frac{TP_i + TN_i}{TP_i + TN_i + FP_i + FN_i} \tag{20}$$

$$MDice = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} Dice_i \tag{21}$$

$$MIoU = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} IoU_i \tag{22}$$

$$MAcc = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} Acc_i \tag{23}$$

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

其中, TP_i表示类别i的真阳性像素数, TN_i表示类别i的真阴性像素数, FP_i表示类别i的假阳性像素数, FN_i表示类别i假阴性像素数.

2.4 模型对比分析

分别使用 U-Net、UNet++[23]、CBAM-UNet[24]、MAU-Net[25]、ASRMU-Net 在间质纤维化数据集上进行实验, 实验结果的数据展示如表 1 和表 2 所示, 其中最优指标值用加粗字体表示.

表 1 各分割模型在间质纤维化数据集上的 *Dice* 系数 (%)

模型	NT	IF	VES	GLO	*MDice*
U-Net	87.1	77.0	82.7	**90.8**	84.4
UNet++	87.1	76.6	83.8	89.9	84.3
CBAM-UNet	86.4	75.1	81.7	89.1	83.1
MAU-Net	87.7	77.8	82.4	89.5	84.3
ASRMU-Net	**88.2**	**78.4**	**84.3**	90.6	**85.4**

表 2 各分割模型在间质纤维化数据集上的 *IoU* 系数 (%)

模型	NT	IF	VES	GLO	*MIoU*
U-Net	77.2	62.6	70.5	82.7	73.3
UNet++	77.2	62.1	72.1	81.6	73.2
CBAM-UNet	76.0	60.1	69.1	80.3	71.4
MAU-Net	78.1	63.6	70.0	80.9	73.2
ASRMU-Net	**78.9**	**64.5**	**72.9**	**82.9**	**74.8**

由表 1 中的结果可以看出, ASRMU-Net 在 NT、IF、VES 类别上的 *Dice* 系数分别为 88.2%、78.4%、84.3%, 均为最高值. 此外, ASRMU-Net 的 *MDice* 指标达到了 85.4%, 超越了其他模型. 与 U-Net 相比, ASRMU-Net 虽然在 GLO 类别上略低于 U-Net, 但 NT 提高了 1.1%, IF 提高了 1.4%, VES 提高了 1.6%. 由表 2 可以看出, ASRMU-Net 所有类别的 *IoU* 系数都位列首位. 尤其在 NT、IF 和 VES 类别的 *IoU* 上有明显提升, 分别达到了 78.9%、64.5% 和 72.9%, 在 GLO 类别上也取得了 82.9% 的较高成绩. 相比于 MAU-Net, ASRMU-Net 在 NT、IF、VES、GLO 类别上的 *IoU* 系数分别提升了 0.8%、0.9%、2.9%、2.0%, *MIoU* 提升了 1.6%. ASRMU-Net 的显著优势在于其在处理不规则形状类别上的卓越表现, 尤其是在 IF (间质纤维化) 和 VES (血管) 这两个类别上. 得益于其空间重构单元 (SSRU) 对细节信息的充分优化, 使得模型能够更好地捕捉不规则区域的空间特征; 同时, 通道重构单元 (CSRU) 进一步增强了通道间的特征差异性, 有效提升了对类别间微小特征的区分能力. 实验可视化结果如图 5 所示, GT 表示真实标签.

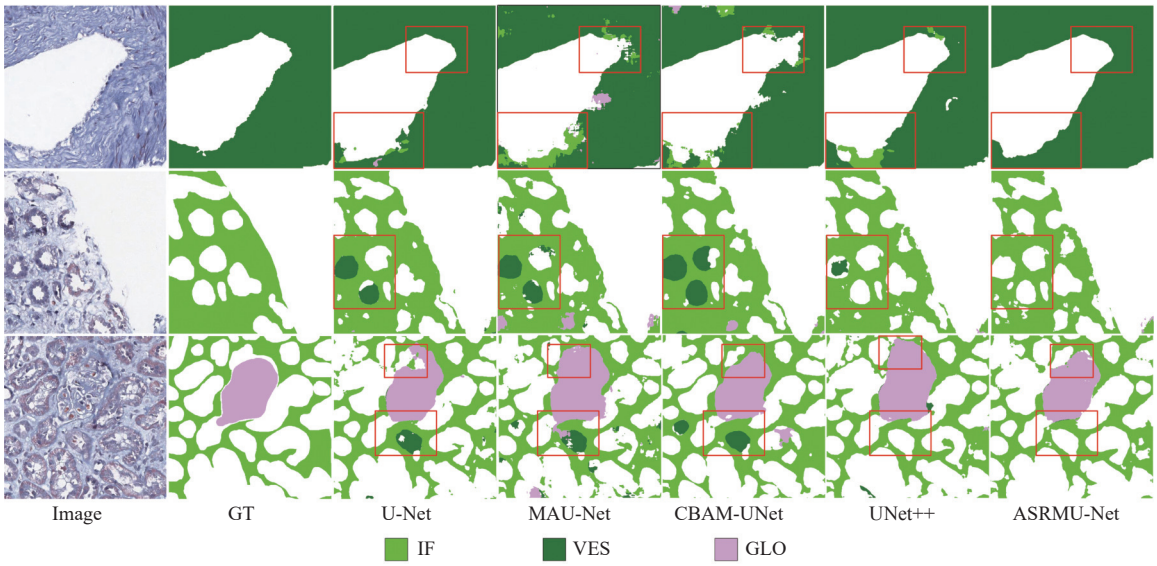

图 5 间质纤维化数据集分割结果示意图

通过图 5 可以发现, U-Net 会将正常组织错误分割为血管, 并且在分割肾小球时会出现严重的缺失现象. MAU-Net 通过引入多重注意力机制虽然可以分割出较为完整的肾小球, 但在血管分割时仍然存在较为严重的误分割, 特别是在组织边缘部分. CBAM-UNet 引入了空间与通道的注意力机制, 可以分割较为完整准确的肾小球, 但在分割血管时会有明显缺失. UNet++ 通过密集的跳跃连接使得模型能更好地捕捉到不同尺度的特征, 使误分割有一定的改善, 但对于血管和肾小球的边缘的分割还是不太理想. 本文提出的分割模型 ASRMU-Net 通过空间重构单元使血管、间质纤维化、肾小管的边缘分割更为精确, 通道重构单元有效

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

抑制了类别混淆的情况. 对比结果证明了 ASRMU-Net 在多类分割场景下对类别的识别以及边缘细节分割的精确度相较于其他模型展现出了更好的性能.

由于 AIDPATH 数据集的标注是肾小球和非肾小球, 所以选取 *MAcc*、*MDice* 和 *MIoU* 衡量模型分割的性能. 使用不同模型在 AIDPATH 数据集上进行实验, 实验结果如表 3 所示, 最优值用加粗字体表示.

表 3 各分割模型在 AIDPATH 数据集上的实验结果 (%)

模型	*MAcc*	*MDice*	*MIoU*
U-Net	**96.2**	95.9	92.1
UNet++	96.1	95.7	91.8
CBAM-UNet	**96.2**	95.8	92.1
MAU-Net	96.0	95.6	91.7
ASRMU-Net	**96.2**	**96.1**	**92.4**

ASRMU-Net 在 *MAcc*、*MDice* 和 *MIoU* 这 3 项指标上均取得了最优结果, 分别为 96.2%、96.1% 和 92.4%. 与 CBAM-UNet 相比, 虽然两者 *MAcc* 相同, 但 ASRMU-Net 的 *MDice* 提高了 0.3%, *MIoU* 提高了 0.3%, 体现了 ASRMU-Net 在分割区域一致性和类别间区分上的优势. 这表明 ASRMU-Net 的 ASRM 模块在特征优化方面更具优势, 有效减少了空间和通道冗余, 增强了特征表达能力, 即便在两类分割任务这样相对简单的场景下, ASRMU-Net 仍然能够通过细节优化和特征增强达到最优水平. 在 AIDPATH 上的实验可视化结果如图 6 所示, GT 表示真实标签. 由图 6(a) 可以发现, 在肾小球与非肾小球的组织纹理比较相似时, U-Net、MAU-Net、CBAM-UNet、UNet++分割出的肾小球的形态结构会存在明显的缺失现象, ASRMU-Net 引入的空间重构单元与通道重构单元能够准确识别肾小球与非肾小球, 并且分割出形态更为完整的肾小球. 由图 6(b) 可以发现, 当肾小球与非肾小球区分度较高时, ASRMU-Net 分割出的肾小球形态边缘展现出更为平滑的特征. 由图 6(c) 可以发现, 其余的分割模型会存在过分割与误分割的问题, ASRMU-Net 能较为完整地分割出肾小球, 其结果与 GT 更接近. ASRMU-Net 在不同纹理相似度和区分度下, 均表现出优于其他分割模型的性能.

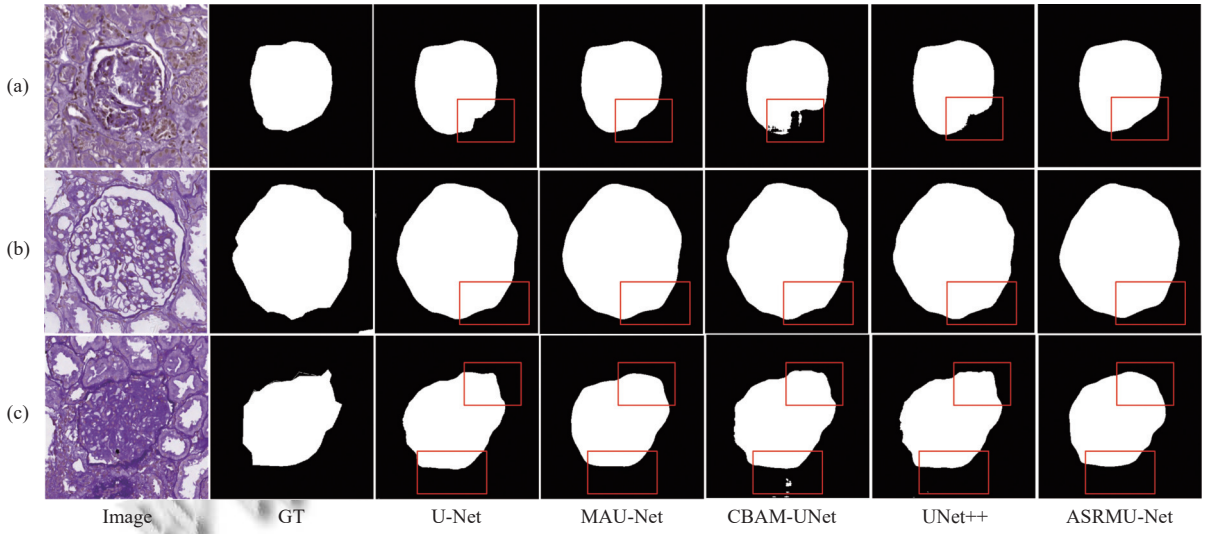

图 6 AIDPATH 数据集分割结果示意图

此外, 将 ASRMU-Net 与其他模型的参数量进行比较实验结果如表 4 所示. ASRMU-Net 在分割任务中以较低的参数量实现了最高的分割精度. 其优越表现得益于引入了空间重构单元 (SSRU) 和通道重构单元 (CSRU). SSRU 能够高效地捕捉全局空间特征, 优化了特征间的空间冗余分布, 而 CSRU 则通过自适应通道选择机制增强了模型对关键信息的提取能力. 这种模块化的设计有效降低了冗余计算, 同时提升了特征表达能力, 充分证明了 ASRMU-Net 在效率与性能之间的优越平衡.

表 4 各分割模型参数量的比较

模型	参数量
U-Net	34 527 236
UNet++	36 629 828
CBAM-UNet	34 571 148
MAU-Net	11 110 720
ASRMU-Net	21 317 542

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

2.5 消融实验

在间质纤维化数据集上的消融实验结果如表 5 所示. 以 U-Net 为基准网络, 逐步添加各个单元. 加入 SSRU 模块后, Baseline 模型的 *MAcc* 从 84.5% 提升至 85.1%, *MDice* 从 84.4% 提升到 85.0%, *MIoU* 从 73.3% 提高到 74.1%. 这些提升表明, SSRU 能够有效地增强模型的空间特征提取和处理能力, 通过更细致的空间信息重构, 提升了分割准确性和精确度. 在引入 ASRM 后, Baseline 模型的 *MAcc* 达到了 85.3%, *MDice* 为 85.2%, *MIoU* 提升至 74.3%. 这表明 ASRM 通过抑制冗余特征和增强有效特征, 进一步优化了模型的通道表示能力. 当 SSRU、ASRM 和 CSRU 组合使用时, 模型的 *MAcc*、*MDice* 和 *MIoU* 分别达到了 85.6%、85.4% 和 74.8%, 有进一步提升. SSRU、ASRM 和 CSRU 的协同作用, 有助于在不同特征尺度和多样性上找到最佳平衡, 使得模型在处理特征冗余问题的同时, 还能更精确地进行空间和通道的信息重构.

表 5 在间质纤维化数据集上的消融实验 (%)

模型	*MAcc*	*MDice*	*MIoU*
Baseline	84.5	84.4	73.3
Baseline+SSRU	85.1	85.0	74.1
Baseline+SSRU+ASRM	85.3	85.2	74.3
Baseline+SSRU+ASRM+CSRU	**85.6**	**85.4**	**74.8**

3 结论与展望

针对慢性肾炎诊断中的关键挑战, 包括肾脏组织形态的不规则性、大小的显著差异、类别间相似的纹理与结构特征, 以及类别不平衡问题. 提出了一种轻量级且分割精确的肾脏病理组织分割网络 ASRMU-Net. 通过引入空间重构单元 (SSRU)、空间和通道特征重建与融合模块 (ASRM 模块) 以及通道重构单元 (CSRU), 模型在不同深度的网络层次有效增强了特征表达能力与分类能力. 此外, 改进的损失函数进一步缓解了类别不平衡对模型性能的影响. 实验结果表明, ASRMU-Net 在间质纤维化数据集和 AIDPATH 数据集上分别取得了 85.4% 的 *MDice*、74.8% 的 *MIoU* 以及 96.1% 的 *MDice*、92.4% 的 *MIoU*, 优于现有的医学分割模型. 同时, ASRMU-Net 以较少的参数量实现了更高的分割精度, 展现出较好的实用性和潜在的临床应用价值. 未来的研究工作将进一步优化网络结构, 提高分割精度和效率, 并在更大规模的多中心病理数据集上验证模型的泛化能力, 为肾脏疾病的自动化诊断提供更加高效和可靠的解决方案.

参考文献

1 Kalantar-Zadeh K, Jafar TH, Nitsch D, *et al*. Chronic kidney disease. The Lancet, 2021, 398(10302): 786–802. [doi: 10.1016/S0140-6736(21)00519-5]

2 Jayapandian CP, Chen YJ, Janowczyk AR, *et al*. Development and evaluation of deep learning-based segmentation of histologic structures in the kidney cortex with multiple histologic stains. Kidney International, 2021, 99(1): 86–101. [doi: 10.1016/j.kint.2020.07.044]

3 Salvi M, Mogetta A, Gambella A, *et al*. Automated assessment of glomerulosclerosis and tubular atrophy using deep learning. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2021, 90: 101930. [doi: 10.1016/j.compmedimag.2021.101930]

4 Bueno G, Fernandez-Carrobles MM, Gonzalez-Lopez L, *et al*. Glomerulosclerosis identification in whole slide images using semantic segmentation. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2020, 184: 105273. [doi: 10.1016/j.cmpb.2019.105273]

5 Lutnick B, Ginley B, Govind D, *et al*. An integrated iterative annotation technique for easing neural network training in medical image analysis. Nature Machine Intelligence, 2019, 1(2): 112–119. [doi: 10.1038/s42256-019-0018-3]

6 Gadermayr M, Dombrowski AK, Klinkhammer BM, *et al*. CNN cascades for segmenting sparse objects in gigapixel whole slide images. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2019, 71: 40–48. [doi: 10.1016/j.compmedimag.2018.11.002]

7 Bouteldja N, Klinkhammer BM, Bülow RD, *et al*. Deep learning-based segmentation and quantification in experimental kidney histopathology. Journal of the American Society of Nephrology, 2021, 32(1): 52–68. [doi: 10.1681/ASN.2020050597]

8 Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. Proceedings of the 18th International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Interventions. Munich: Springer, 2015. 234–241.

9 Saikia FN, Iwahori Y, Suzuki T, *et al*. MLP-UNet: Glomerulus segmentation. IEEE Access, 2023, 11: 53034–53047. [doi: 10.1109/ACCESS.2023.3280831]

10 胡帅, 李华玲, 郝德琛. 改进 U-Net 的多级边缘增强医学图像分割网络. 计算机工程, 2024, 50(4): 286–293.

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn

11 Alom MZ, Yakopcic C, Taha TM, *et al*. Nuclei segmentation with recurrent residual convolutional neural networks based U-Net (R2U-Net). Proceedings of the 2018 IEEE National Aerospace and Electronics Conference. Dayton: IEEE, 2018. 228–233.

12 Qin D, Bu JJ, Liu Z, *et al*. Efficient medical image segmentation based on knowledge distillation. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2021, 40(12): 3820–3831. [doi: 10.1109/TMI.2021.3098703]

13 Singh VK, Kalafi EY, Wang SH, *et al*. Prior wavelet knowledge for multi-modal medical image segmentation using a lightweight neural network with attention guided features. Expert Systems with Applications, 2022, 209: 118166. [doi: 10.1016/j.eswa.2022.118166]

14 Valanarasu JMJ, Patel VM. UNeXt: MLP-based rapid medical image segmentation network. Proceedings of the 25th International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention. Singapore: Springer, 2022. 23–33. [doi: 10.1007/978-3-031-16443-9_3]

15 Taud H, Mas JF. Multilayer perceptron (MLP). In: María Olmedo TC, Paegelow M, Mas JF, *et al*. eds. Geomatic Approaches for Modeling Land Change Scenarios. Cham: Springer, 2018. 451–455.

16 Zhao YL, Fu C, Xu S, *et al*. LFANet: Lightweight feature attention network for abnormal cell segmentation in cervical cytology images. Computers in Biology and Medicine, 2022, 145: 105500. [doi: 10.1016/j.compbiomed.2022.105500]

17 Chen YP, Fan HQ, Xu B, *et al*. Drop an octave: Reducing spatial redundancy in convolutional neural networks with octave convolution. Proceedings of the 2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. Seoul: IEEE, 2019. 3434–3443.

18 Liang JH, Zhang T, Feng GQ. Channel compression: Rethinking information redundancy among channels in CNN architecture. IEEE Access, 2020, 8: 147265–147274. [doi: 10.1109/ACCESS.2020.3015714]

19 Hu YT, Li J, Huang YF, *et al*. Channel-wise and spatial feature modulation network for single image super-resolution. IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology, 2020, 30(11): 3911–3927. [doi: 10.1109/TCSVT.2019.2915238]

20 Li JF, Wen Y, He LH. SCConv: Spatial and channel reconstruction convolution for feature redundancy. Proceedings of the 2023 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Vancouver: IEEE, 2023. 6153–6162.

21 Chollet F. Xception: Deep learning with depthwise separable convolutions. Proceedings of the 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Honolulu: IEEE, 2017. 1800–1807.

22 Hsiao TY, Chang YC, Chou HH, *et al*. Filter-based deep-compression with global average pooling for convolutional networks. Journal of Systems Architecture, 2019, 95: 9–18. [doi: 10.1016/j.sysarc.2019.02.008]

23 Zhou ZW, Rahman Siddiquee MM, Tajbakhsh N, *et al*. UNet++: A nested U-Net architecture for medical image segmentation. Proceedings of the 4th International Workshop on Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support. Granada: Springer, 2018. 3–11.

24 Alimanov A, Islam MB. Retinal image restoration and vessel segmentation using modified cycle-CBAM and CBAM-UNet. Proceedings of the 2022 Innovations in Intelligent Systems and Applications Conference (ASYU). Antalya: IEEE, 2022. 1–6. [doi: 10.1109/ASYU56188.2022.9925325]

25 Li H, Wang YK, Wan C, *et al*. MAU-Net: A retinal vessels segmentation method. Proceedings of the 42nd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society (EMBC). Montreal: IEEE, 2020. 1958–1961. [doi: 10.1109/EMBC44109.2020.9176093]

(校对责编: 张重毅)

© 中国科学院软件研究所 http://www.c-s-a.org.cn