

结构重参数化与可微分二值化相结合的 乳腺肿块分割模型

杨滨铭, 张承胜, 张心莹, 姚为, 徐胜舟*

(中南民族大学 a. 计算机学院(人工智能学院); b. 湖北省制造企业智能管理工程技术研究中心, 湖北 武汉 430074)

摘要 乳腺肿块的自动分割是乳腺癌早期诊断和治疗中的关键技术,然而现有方法在面对肿块边界模糊和形态多变的问题时,分割精度仍有待提升.为此,提出了一种结构重参数化与可微分二值化相结合的乳腺肿块分割模型.在网络中基于重参数化思想设计了结构重参数化模块 RepBlock,显著提升了模型的特征提取能力,同时减少了推理阶段的参数量和计算复杂度.此外,采用可微分二值化替代传统的固定阈值二值化方法,该方法通过自适应学习分割阈值,进一步提升模型在复杂背景下对肿块边界的检测能力.通过在乳腺肿块分割数据集上的实验验证,所提出的方法取得了84.9%的Dice系数,相比目前主流的网络VM-UNet提升了1.4%,与其他分割模型相比也具有显著优势.所提出的方法为乳腺肿块的精确分割提供了一种有效的解决方案,可作为临床辅助诊断的重要工具,为医生提供更可靠的影像分析支持.

关键词 乳腺肿块分割;U-Net网络;可微分二值化;乳腺X线摄片;重参数化

中图分类号 TP391.4 **文献标志码** A **文章编号** 1672-4321(2026)06-0846-09

doi: 10.20056/j.cnki.ZNMDZK.20250854

Structural re-parameterization and differentiable binarization combined breast tumor segmentation model

Yang Binming, Zhang Chengsheng, Zhang Xinying, Yao Wei, Xu Shengzhou*

(South-Central Minzu University, a.College of Computer Science(College of Artificial Intelligence); b. Hubei Provincial Engineering Research Center for Intelligent Management of Manufacturing Enterprises, Wuhan 430074, Hubei China)

Abstract Automatic segmentation of breast lesions is a critical technology for the early diagnosis and treatment of breast cancer. However, the segmentation accuracy of existing methods still needs improvement when dealing with challenges such as blurred lesion boundaries and morphological variability. To address these issues, a breast tumor segmentation model that combines structural re-parameterization with differentiable binarization is proposed. In the proposed network, a structural re-parameterization module (RepBlock) is designed based on the re-parameterization idea, which significantly enhances the model's feature extraction capabilities while reducing the number of parameters and computational complexity during the inference stage. Additionally, the traditional fixed-threshold binarization with differentiable binarization is replaced, which adaptively learns segmentation thresholds, further improving the model's ability to detect lesion boundaries in complex backgrounds. Experimental validation on a breast lesion segmentation dataset demonstrates that our method achieves a Dice coefficient of 84.9%, outperforming the mainstream VM-UNet by 1.4% and showing superior performance compared to other segmentation models. The proposed method provides an effective solution for accurate breast lesion segmentation and serves as an important tool for clinical auxiliary diagnosis, offering more reliable imaging analysis support for physicians.

收稿日期 2025-03-03

* 通信作者 徐胜舟(1982-),男,副教授,研究方向:医学影像处理与分析,E-mail:xushengzhou@scuec.edu.cn

基金项目 湖北省自然科学基金资助项目(2025AFB688);中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(CZY22015)

Keywords breast mass segmentation; U-Net; differentiable binarization; mammography; re-parameterization

乳腺癌是女性中最常见的恶性肿瘤之一,其发病率逐年上升,且发病年龄有年轻化趋势.据统计,乳腺癌的发病率在2015年至2019年间每年增加0.6%至1%,2024年乳腺癌占有所有女性新发癌症病例的32%^[1].早期发现和诊断乳腺癌对于降低死亡率至关重要,早期治疗可使死亡率降低40%以上.目前,乳腺X线摄影是筛查乳腺癌的首选方法,乳腺超声、专用乳腺CT和MRI则是重要的补充影像检查手段.乳腺肿块是乳腺癌等肿瘤性疾病的重要影像学特征,肿块分割可以将肿块从复杂的背景中分离出来,帮助医生更好地分析和诊断病情.

传统的乳腺肿块分割算法主要有手动分割,半自动分割以及自动分割等.这些算法严重依赖先验知识,泛化能力不足,很难达到令人满意的效果^[2];而基于人工智能的分割方法则需要大量数据支持,尽管建模复杂,但分割效果更佳^[3].近年来,随着深度学习技术的发展,尤其是基于卷积神经网络的分割模型,在医学图像分割中取得了显著的进展.然而,由于乳腺肿块形态复杂、边界模糊,以及不同患者间的个体差异性,现有的分割方法在精度和鲁棒性上仍存在挑战,此外,网络模型的复杂度和分割效果通常呈正相关.因此,如何在保持模型高效性的同时,提升分割的准确性,成为当前研究的难点和热点.

在乳腺肿块分割领域,许多研究工作已经取得了显著进展. Shelhamer 等人^[4]提出了全卷积网络(Fully Convolutional Networks, FCN),通过将传统的卷积神经网络改造成全卷积结构,实现了对任意大小输入图像的像素级预测. FCN在语义分割任务中表现出色,解决了传统方法需要预处理和后处理的复杂问题,显著提高了分割效率.

随后, Ronneberger 等人^[5]提出的 U-Net 进一步提升了医学图像分割的性能. U-Net 采用了对称的编码器-解码器结构,通过跳跃连接(skip connections)将编码器中的特征图直接传递到解码器中,保留了更多的细节信息. 这种设计使得 U-Net 在处理生物医学图像时能够在有限的数据集上实现高精度的分割. 在 U-Net 的基础上, Zhou 等人^[6]提出了 UNet++, 它通过引入嵌套和密集的跳跃连接进一步改进了网络结构, 不仅增强了特征的多尺度融合, 还通过更复杂的连接方式提高了分割精度. Huang 等人^[7]提出了 UNet3+, 通过全尺度的跳跃连接和深度监督机

制, 将低层次的细节特征与高层次的语义特征充分融合. UNet3+ 在减少网络参数的同时, 显著提升了计算效率和分割性能. 近年来, 出现了许多优秀的 U-Net 变种网络, 卢浩然等人^[2]提出了 Half-Unet, 优化了编码器部分, 极大地降低了网络的参数量和计算量. 随着 Transformer 在计算机视觉中的落地, Chen 等人^[8]提出了 TransUNet, 将 Transformer 引入 U-Net 中. Isensee 等人^[9]提出的 nnU-Net 通过自动化的网络配置和超参数优化, 提供了一种通用的分割框架. 随着 Mamba^[10]架构的出现, Mamba-UNet^[11]、VM-UNet^[12]等结合了该框架的模型进一步提升了分割的精度和效率.

尽管现有研究已在一定程度上解决了肿块边界模糊和形态多变的问题, 但分割精度仍然存在不足, 这是由于这些网络模型通常采用固定的二值化阈值, 难以适应复杂多变的乳腺 X 光图像特征, 导致肿块边界的分割效果不佳, 且网络缺乏分支结构, 导致网络特征表达能力不足. 为了解决以上问题, 本文提出了一种全新的分割方法用于乳腺 X 光摄影中的乳腺肿块分割. 首先引入了可微分二值化(Differentiable Binarization, DB)^[13], 通过自适应学习二值化阈值, 提升了模型在复杂背景下对肿块边界的检测精度. 其次, 本文采用结构重参数化(Structural Re-parameterization)技术设计 RepBlock 模块, 在训练阶段通过多分支结构增强特征表达能力, 同时在推理阶段将多分支合并为单一结构, 有效减少了推理时间并提升了模型的计算效率. 通过结合可微分二值化和结构重参数化技术, 本文方法在提升分割精度的同时, 兼顾了模型的推理效率, 为乳腺肿块的精确分割提供了一种有效的解决方案.

在乳腺肿块分割任务中, 现有研究多聚焦于直接对全乳腺 X 光片进行端到端分割, 但此类方法面临两大挑战: 其一, 高分辨率乳腺图像的直接处理需消耗大量计算资源, 且易因无关背景区域的干扰降低模型对微小肿块的敏感性; 其二, 乳腺组织密度异质性高, 肿块与正常腺体组织的灰度分布重叠严重, 导致全局分割算法易产生假阳性结果. 针对上述问题, 本文的背景基于乳腺肿块检测模型定位可疑区域并提取 ROI (Region of Interest), 再基于 ROI 图像进行精细化分割.

1 乳腺肿块分割模型

1.1 网络模型整体结构

本文提出的网络模型结构如图 1 所示. 模型的输入为乳腺 X 光图像, 首先通过编码器进行多级下

采样操作. 在每一层的下采样过程中, 采用 RepBlock 模块对通道数进行调整, 以增强特征表达能力. RepBlock 模块通过结构重参数化技术, 在训练阶段利用多分支结构提升特征提取能力, 同时在推理阶段将多分支合并为单一结构, 显著减少了计算复杂度和推理时间.

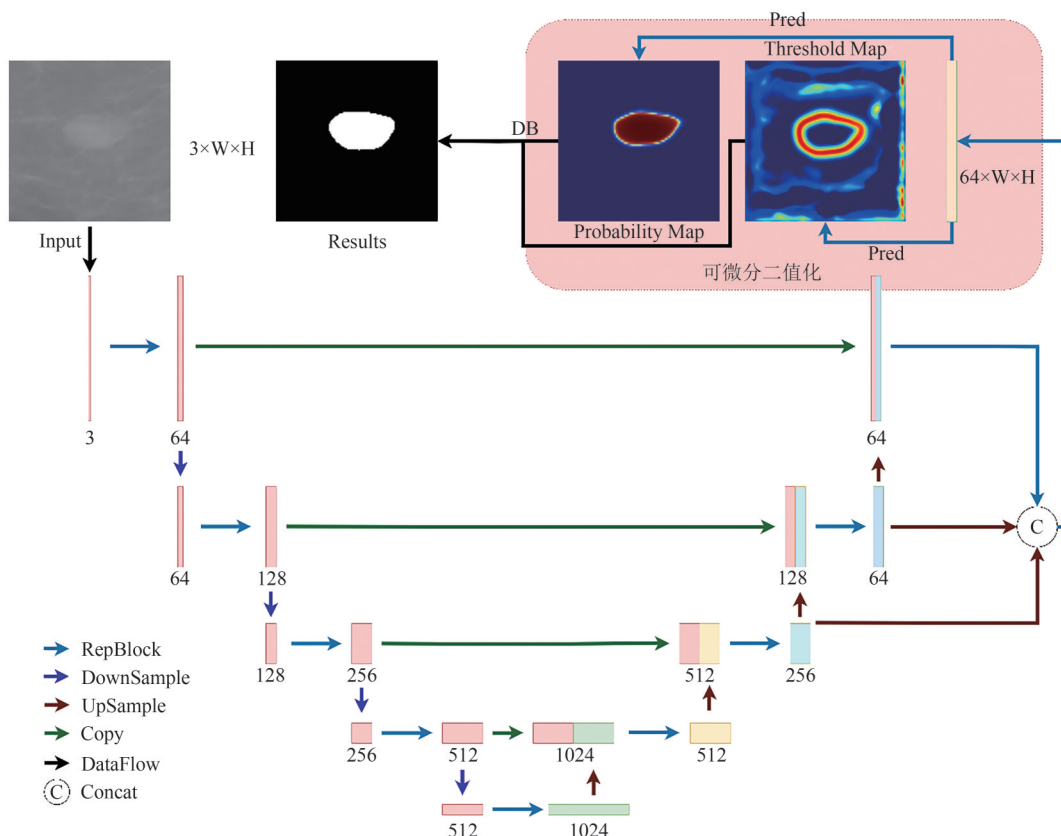


图 1 网络结构图

Fig. 1 The structure of network

编码器下采样完成后, 网络输出一个高度抽象的特征图. 随后, 该特征图通过解码器进行上采样操作. 在每次上采样后, 当前解码特征与对应编码器层的输出特征进行拼接, 以融合不同尺度的特征信息, 从而丰富特征的细节表达能力. 最后, 将解码阶段的特征进行整合, 并通过可微分二值化模块处理, 生成最终的二值化分割结果. 可微分二值化模块通过自适应学习阈值, 显著提升了模型在复杂背景下对肿块边界的检测精度.

1.2 损失函数

在乳腺肿块分割任务中, 损失函数的设计对模型的性能具有重要影响. 为了优化分割结果, 本文结合了二元交叉熵损失函数和 Dice 损失函数 (Dice Loss), 通过联合优化像素级分类任务和区域重叠度, 提升模型的分割精度和鲁棒性.

二元交叉熵损失函数是语义分割任务中常用的

损失函数之一, 其目标是最小化预测值与真实值之间的差异, 它通过计算每个像素点的预测概率与真实标签之间的交叉熵, 来衡量模型的性能. 设 Y 表示标签, $\hat{Y}$ 表示预测值, N 表示所有的样本数量, 最终的损失值为所有样本的平均值. 其公式如下:

$$\text{Loss}_{\text{BCE}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \begin{cases} Y \log \hat{Y}, & Y = 1 \\ (1 - Y) \log (1 - \hat{Y}), & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

Dice 损失函数基于 Dice 系数 (Dice Coefficient), 是一种用于衡量两个集合相似度的指标. 在语义分割任务中, Dice 系数通过计算预测区域与真实区域之间的重叠度, 来评估模型的分割性能. Dice 系数的计算公式如下:

$$\text{Loss}_{\text{Dice}} = 1 - \frac{2 \sum_{i=1}^N Y_i \hat{Y}_i}{\sum_{i=1}^N Y_i + \sum_{i=1}^N \hat{Y}_i}. \quad (2)$$

1.3 RepBlock

结构重参数化是一种在深度学习模型中用于优化网络结构的技术,其核心思想是通过在训练阶段引入多分支结构来提升模型的表达能力,而在推理阶段将这些分支合并为单一结构,从而在不增加计算开销的情况下提高模型的性能. 本小节将详细介绍结构重参数化技术在乳腺肿块分割模型中的应用及其实现细节.

结构重参数化的核心在于利用多分支结构在训练阶段增强模型的非线性表达能力,而在推理阶段通过数学等价变换将这些分支合并为单一的卷积操作. 这种技术不仅能够提升模型的精度,还避免了多分支结构增加推理时的计算复杂度和内存占用.

训练阶段的分支结构如图2(a)所示,训练分支包含 3×3 卷积分支、 1×1 卷积分支和恒等映射分支. 3×3 卷积分支用于提取局部特征,是卷积神经网络中最常用的操作之一; 1×1 卷积分支通过点卷积增强特征的非线性表达能力,同时减少参数量;恒等映射分支可以保留输入特征的信息,避免梯度消失问题,尤其在深层网络中具有重要作用. 推理阶段的分支结构图如图2(b)所示,推理阶段通过数学等价变换将上述多分支结构合并为单一的 3×3 卷积操作,减少了推理时的模型复杂度,从而提升了模型在推理阶段的效率.

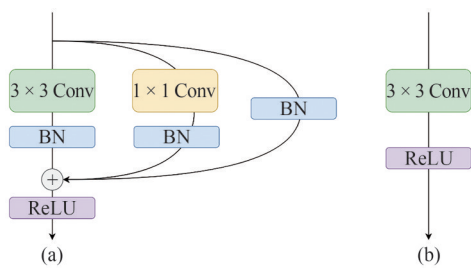


图2 RepBlock 结构图

Fig. 2 The structure of RepBlock

在结构重参数化中,等价转换的核心目标是将训练阶段的多分支结构(包括卷积层和BN)合并为推理阶段的单一卷积操作. 这一过程主要通过数学上的等价变换实现. 假设输入特征为 $X \in \mathbb{R}^{N \times C_1 \times H_1 \times W_1}$, 3×3 卷积核为 $W \in \mathbb{R}^{C_2 \times C_1 \times 3 \times 3}$, 输出特征为 $Y \in \mathbb{R}^{N \times C_2 \times H_2 \times W_2}$, 卷积操作后接一个BN层, 其输入为 $M = W * X$, $*$ 表示卷积操作. 对于第 i 个通道, BN层的计算公式为:

$$\text{BN}(M)_{:,i,:} = \frac{\gamma_i}{\sqrt{\sigma_i^2 + \epsilon}} (M_{:,i,:} - \mu_i) + \beta_i, \quad (3)$$

$$s.t. \quad i \in \{1, 2, \dots, C_2\}$$

其中, γ_i 和 β_i 分别是BN层的可学习参数, μ_i 和 σ_i 分别是均值和标准差, ϵ 是一个极小值, 用于防止分母为零. 通过数学变换, 上式可以改写为:

$$\text{BN}(M)_{:,i,:} = \frac{\gamma_i}{\sqrt{\sigma_i^2 + \epsilon}} M_{:,i,:} + \beta_i - \frac{\gamma_i \mu_i}{\sqrt{\sigma_i^2 + \epsilon}}, \quad (4)$$

$$s.t. \quad i \in \{1, 2, \dots, C_2\}$$

由于 M 是卷积层的输出, 现在假设有一个新的卷积核可以替代上述的卷积和BN的操作, 令 W' 和 b' 分别表示新的卷积核权重和偏置, 对于第 i 个卷积核, W' 和 b' 定义如下:

$$W'_{:,i,:} = \frac{\gamma_i}{\sqrt{\sigma_i^2 + \epsilon}} W_{:,i,:}, b'_i = \beta_i - \frac{\gamma_i \mu_i}{\sqrt{\sigma_i^2 + \epsilon}}, \quad (5)$$

$$s.t. \quad i \in \{1, 2, \dots, C_2\}$$

则 3×3 卷积层与BN层可以合并为一个带偏置的 3×3 卷积层:

$$Y_{:,i,:} = \text{BN}(W * X)_{:,i,:} = (W' * X)_{:,i,:} + b'_i, \quad (6)$$

$$s.t. \quad i \in \{1, 2, \dots, C_2\}$$

类似地, 1×1 卷积层与BN层也可以通过上述方法合并为一个带偏置的 1×1 卷积层. 为了与 3×3 卷积层的权重相加, 1×1 卷积核需要通过零填充扩展为 3×3 卷积核. 只需要将 1×1 卷积核的中心位置保持不变, 其余位置填充为零, 即可实现与 3×3 卷积核的等价转换.

对于仅包含BN层的恒等映射分支, 可以通过构造一个特殊的 3×3 卷积核来实现等价转换. 该卷积核的中心位置为单位矩阵, 其余位置为零, 从而保证输入特征在卷积操作后保持不变. 随后, 将该 3×3 卷积核与BN层融合, 得到带偏置的 3×3 卷积核.

通过上述步骤, 训练阶段的多分支结构在推理阶段被等价转换为单一的 3×3 卷积. 模型在训练阶段使用多分支结构, 增强了模型对特征的表达能力, 提高了模型对于肿块特征的学习能力. 而在推理阶段, 模型中的多分支结构被等价转换为单分支结构, 从而避免了因使用多分支结构导致模型推理时间变慢的问题.

1.4 可微分二值化

可微分二值化是一种用于图像分割任务的关键技术, 旨在通过引入可微分的二值化操作, 实现对目标边界的高精度分割. 与传统的固定阈值二值

化方法不同,可微分二值化通过动态预测阈值,能够更好地适应复杂场景下的目标边界变化,从而提升分割精度.本小节将详细阐述可微分二值化的基本原理及其在乳腺肿块分割任务中的应用.

在乳腺肿块分割任务中,本质上是对每个像素点进行二分类操作,因此在网络的最终预测阶段,需要依据每个像素点的概率值进行二值化,以获得最终的分割结果.常规的二值化方法是设定一个固定的阈值 t .当像素点的预测概率值大于或等于 t 时,将该像素点判定为前景;反之,则判定为背景.标准二值化函数图像如图3(a)中的红色曲线所示.记像素点的预测概率值为 P ,二值化后的结果为 B ,像素点的坐标为 (i,j) ,二值化阈值为 t ,则标准二值化方法(Standard Binarization, SB)的公式可以表示为:

$$B_{i,j} = \begin{cases} 1, & P_{i,j} \geq t \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases}. \quad (7)$$

可微分二值化的核心思想是通过动态预测每个像素点的二值化阈值,从而实现对目标边界的自适应分割.可微分二值化过程包括以下几个关键步骤,首先,通过网络学习生成一个阈值图(Threshold Map),该图为每个像素点预测一个局部阈值.阈值图能够根据图像的局部特征动态调整,从而更好地适应目标边界的复杂变化.第二,通过网络生成一个概率图(Probability Map),表示每个像素点属于目标区域的概率.最后,利用阈值图和概率图,通过可微分的二值化函数计算最终的分割结果.该函数在训练阶段能够保持梯度可导性,从而支持端到端的优化.可微分二值化的数学形式可以表示为:

$$DB_{i,j} = \frac{1}{1 + e^{-k(P_{i,j} - T_{i,j})}}, \quad (8)$$

其中, $P_{i,j}$ 表示概率图中像素点 (i,j) 的值, $T_{i,j}$ 表示阈值图中对应像素点的预测阈值, k 为控制二值化曲线陡峭程度的超参数, $B_{i,j}$ 为最终的二值化输出.该

公式实际上是一个Sigmoid函数的变体,其输出在0到1之间,表示该像素点属于目标区域的概率.通过调整 k 的值,可以控制二值化曲线的陡峭程度,从而影响分割结果的精度.根据LIAO^[13]等人的理论,当 $k = 50$ 的时候能够取得最佳水平.当 $k = 50$ 时,可微分二值化的函数图像如图3(a)中绿色曲线所示.

在公式8中,令 $x = P_{i,j} - T_{i,j}$,可以得到一个关于 x 的函数:

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-kx}}, \quad (9)$$

将公式9作为BCE损失函数的输入代入到公式1中,可以得到正负样本的损失函数表达式:

$$\begin{cases} L_+ = -\log \frac{1}{1 + e^{-kx}} \\ L_- = -\log \left(1 - \frac{1}{1 + e^{-kx}} \right) \end{cases}, \quad (10)$$

再分别对正负样本的损失使用链式法则求导数:

$$\begin{cases} \frac{\partial(L_+)}{\partial(x)} = -k \frac{1}{1 + e^{-kx}} e^{-kx} \\ \frac{\partial(L_-)}{\partial(x)} = k \frac{1}{1 + e^{-kx}} \end{cases}, \quad (11)$$

根据公式11中正负样本的损失函数的导数画出当 $k = 50$ 时的函数图像,如图3(b)所示,其中红色曲线为正样本的损失函数 L_+ 的导数图像,绿色曲线为负样本的损失函数 L_- 的导数图像.对于 L_+ ,当网络错误地将正样本预测为负样本时,则会产生一个很大的梯度;同理,对于 L_- ,当网络错误的将负样本预测为正样本时,同样会产生一个很大的梯度.因此,在训练过程中使用可微分二值化替代传统二值化后,网络模型不仅能够通过神经网络提取的特征进行学习,还能够在二值化过程中充分利用每个像素点的特征信息,进一步优化网络的学习过程,这种机制能提高分割结果的精确性和鲁棒性.

2 结果与讨论

2.1 数据集

本文实验中所用数据集原图来源于美国南佛罗里达大学的The Digital Database for Screening Mammography(DDSM)数据库^[14],一共包含2620个病例.本文在该数据集的基础上首先进行了裁剪,裁剪的感兴趣区域大小为 128×128 ,然后在感兴趣区域进行肿块轮廓的标注,标注工作由本实验室与同济医院的医师共同完成,目前已经标注了483张图

像,由这483张图像构成本文数据集,并按照8比2的比例划分为训练集和测试集,另外将训练集中的20%划分为验证集.数据集图像和金标准如图4所示.

2.2 评价指标

在本文中,主要采用了5种评价指标来衡量模型的性能,包括召回率(Recall)、精确率(Precision)、IoU(Intersection over Union, IoU)、Dice系数(Dice Score)和F1分数(F1 Score).这些指标能够全面地评估模型在图像分割任务中的准确性和鲁棒性.

召回率是衡量模型识别出所有正样本(即感兴

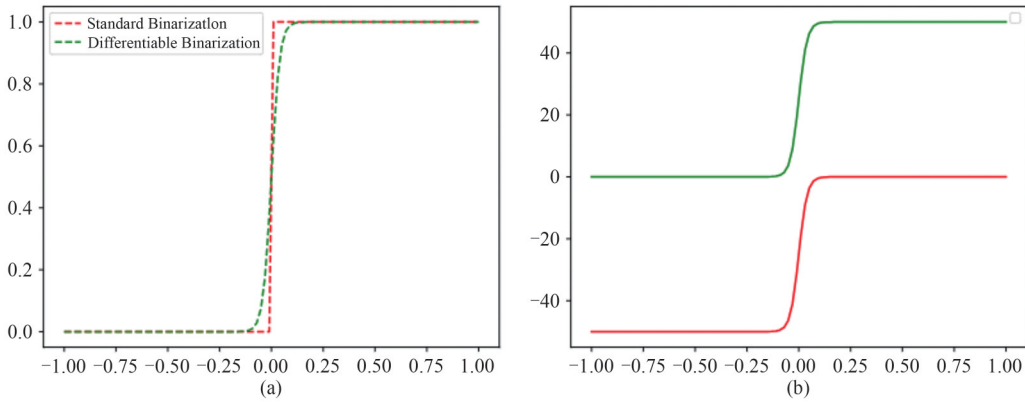


图3 传统二值化、可微分二值化以及可微分二值化导数函数图

Fig. 3 Visualization of SB, DB and the derivative function of DB

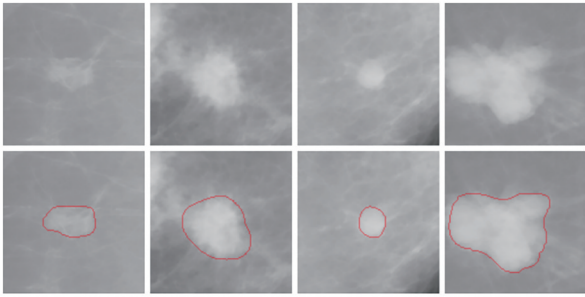


图4 乳腺X光摄影及对应金标准示意图(图像来自 DDSM 数据库)

Fig. 4 Mammography and corresponding ground truth schematic images (images from the DDSM database)

趣的对象或区域)的能力. 它定义为真正例(True Positives, TP)与真正例和假负例(False Negatives, FN)之和的比率. 高召回率意味着模型能够识别出大部分的正样本,但可能会伴随着较高的假正例(False Positives, FP). 召回率的计算公式为:

$$\text{Recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}}, \quad (12)$$

精确率是衡量模型识别出的正样本中实际为正样本的比例. 它定义为真正例与真正例和假正例之和的比率. 高精确率意味着模型识别出的正样本中,大部分是实际的正样本,但可能会错过一些真正的正样本. 精确率的计算公式为:

$$\text{Precision} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}}, \quad (13)$$

IoU 是一个衡量预测区域与真实区域之间相似度的标准指标. 它通过计算预测分割区域与真实分割区域之间的交集和并集来评估分割的准确性, IoU 的值范围从 0 到 1, 值越接近 1 表示预测分割与真实分割的一致性越高, 即分割效果越好. IoU 的计算公式为:

$$\text{IoU} = \frac{\text{Intersection}}{\text{Union}}, \quad (14)$$

Dice 系数是一种衡量两个样本之间相似度的指标,

特别适用于图像分割任务. 它定义为两个样本交集的两倍与它们并集的比率. Dice 系数的值范围从 0 到 1, 值越高表示模型的分割结果与真实标签越接近. Dice 系数的计算公式为:

$$\text{Dice} = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|}, \quad (15)$$

F1 分数是精确率和召回率的调和平均数, 它综合考虑了精确率和召回率的平衡. F1 分数同样范围从 0 到 1, 值越高表示模型在精确率和召回率之间取得了更好的平衡. F1 分数的计算公式为:

$$\text{F1} = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}. \quad (16)$$

除了上述五个评价指标外, 本文还额外使用了浮点运算数 FLOPs (Floating Point Operations, FLOPs)、参数量 Params (Parameters) 和推理速度 (Inference Speed) 三个指标用于评估模型复杂度和推理效率.

2.3 实验结果

本文使用的网络模型在 PyTorch2.0 上实现, 并搭载对应的 CUDA 12.1 和 CUDNN 8.9.6.50, 编程语言为 Python3.10. 实验采用的计算机硬件配置为 I5-9600KF (3.60GHz), NVIDIA RTX 3080 Ti GPU. 训练过程中轮数设置为 100, 初始学习率设置为 0.001, 50 轮后降为 0.0005, 80 轮后降为 0.0001, 使用 Adam 优化器, Batch-size 设为 8, 验证集比率为 0.3, 使用 BCE 和 Dice 作为损失函数.

2.3.1 不同分割模型对比实验

为了验证本文所提出的分割方法的优越性, 本文与当前主流的分割网络模型进行了实验对比, 并确保所有模型在相同的参数配置下进行评估. 对比的方法包括经典的分割网络 (U-Net 和 U-Net3+)、基于 Mamba 的分割网络 (VM-UNet 和 Mamba-UNet)、医学图像分割主流网络 (nnUNet) 以及乳腺分割网

络(Half-UNet).

实验结果表明:本文方法在多个关键性能指标上表现出显著优势,其优越性得到了充分验证.如表 1 所示,本文方法在 Recall、IoU、Dice 和 F1 Score 等指标上均优于 U-Net、U-Net3+、nnUNet、Half-UNet、VM-UNet 和 Mamba-UNet 等模型.本文方法在

Recall、IoU、Dice 和 F1 Score 等关键指标上均取得了最佳表现,特别是在 Recall 和综合性能指标 F1 Score 上的优势尤为突出.在保证较高 Precision 的基础上,Recall 进一步提升至 86.3%,显著增强了模型对肿块区域的捕获能力,从而有效降低漏检风险.

表 1 不同方法的分割结果
Tab. 1 Segmentation results of different methods

Methods	Year	Recall/%	Precision /%	IoU/%	Dice/%	F1 Score
U-Net ^[5]	2015	83.9	85.4	71.6	82.9	0.846
UNet3+ ^[7]	2020	82.8	86.6	71.8	82.7	0.847
nnUNet ^[9]	2021	83.9	88.2	73.7	84.1	0.860
Half-UNet ^[2]	2022	86.2	84.3	73.2	83.9	0.852
Mamba-UNet ^[11]	2024	84.6	86.4	74.1	84.5	0.855
VM-UNet ^[12]	2024	83.5	86.7	73.3	83.5	0.851
本文方法	2025	86.3	86.2	74.5	84.9	0.862

图 5 的可视化结果进一步验证了本文方法在分割精度和细节捕捉上的优势.与 Mamba-UNet 和 VM-UNet 等模型相比,本文方法能够更有效地处理细微结构和边缘区域,表现出更强的鲁棒性和细节刻画能力.这一优势表明,在复杂背景和不规则肿块形态的场景下,本文方法能够生成更高质量的分割结果.此外,视觉对比直观地展示了本文方法的优越性,为乳腺肿块分割任务的临床应用提供了更可靠的支持.其高精度分割结果可为临床医生在乳腺肿块诊断和评估中提供更加准确的参考依据,助力乳腺癌的早期检测与治疗决策.

2.3.2 消融实验

为验证可微分二值化 DB 和 RepBlock 模块的引入对网络性能提升的有效性,本文设计并进行了消融实验.实验结果如表 2 所示.

从表 2 中的实验结果可以看出,当 DB 和 RepBlock 模块同时引入到网络中时,分割性能达到最佳表现.其中,Recall 达到了 86.3%,Precision 为 86.2%,IoU 为 74.5%,Dice 系数达到 84.9%,而 F1 Score 则达到了 0.862.与原始 U-Net 相比,本文方法在多个关键指标上表现出显著提升,Recall 提升了 2.4%,Precision 提升了 0.8%,IoU 提升了 2.9%,Dice 提升了 2%,F1 Score 提升了 0.016,表现出显著的性能优势.

进一步分析显示,当单独引入 DB 或 RepBlock 模块时,网络性能有所提升,但效果不如两者结合时显著.具体而言,单独引入 DB 模块时,网络对目标区域边界的敏感性得到增强,分割结果的精度有所提高.然而,由于 U-Net 的网络结构中缺少多分支

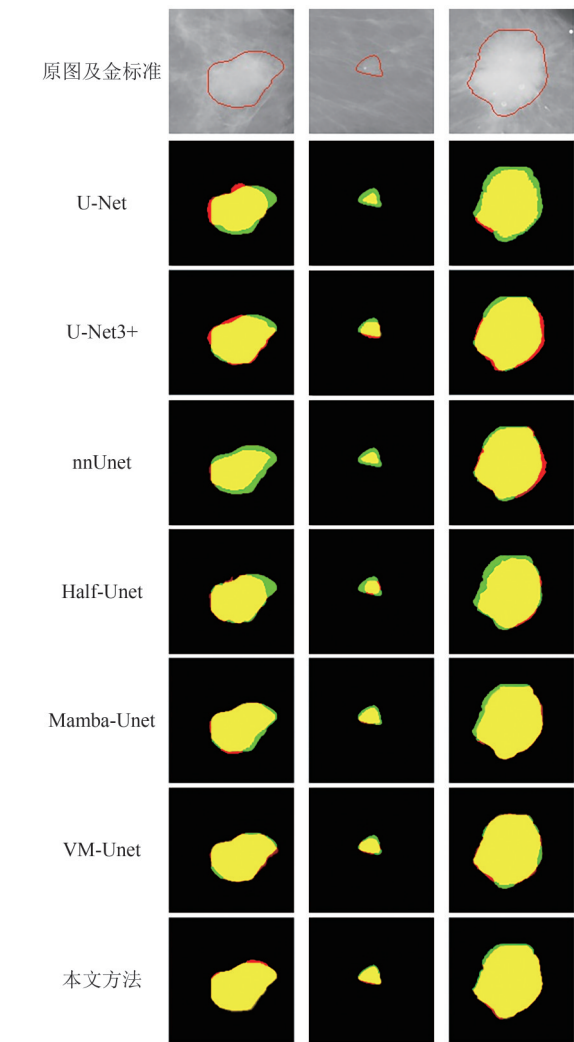


图 5 不同模型分割结果可视化
Fig. 5 Visualization of segmentation results from different models

表2 各模块之间的消融实验

Tab. 2 Ablation experiments between modules

DB	RepBlock	Recall/%	Precision/%	IoU/%	Dice/%	F1 Score
		83.9	85.4	71.6	82.9	0.846
	√	85.9	84.3	73.0	83.8	0.850
√		83.8	86.0	72.6	83.6	0.848
√	√	86.3	86.2	74.5	84.9	0.862

结构,模型的线性表达能力不佳.为此,通过引入RepBlock模块,能够在训练阶段引入多分支结构以增强模型的非线性表达能力.综上所述,DB模块与RepBlock模块之间具有良好的互补性,二者的联合应用显著提升了网络在乳腺肿块分割任务中的精度与鲁棒性.

为了更直观地展示所提出模块对分割性能提升的作用,本文分别提取了U-Net和本文模型的特征热力图,如图6所示.图中(a)为原始输入图像的金标准,(b)为U-Net的热力图,(c)为本文方法生成的热力图.从图中可以观察到,U-Net的热力图中,特征关注较为冗余,且在目标区域边界部分的特征呈现出一定模糊性;相比之下,本文方法的热力图对目标区域的关注更加精准,并且在边界部分的特

征表现更为清晰,能够更贴合目标区域.

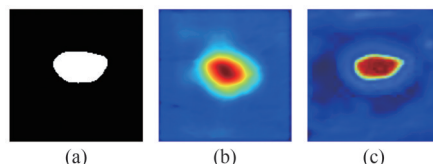


图6 U-Net和本文方法的热力图

Fig. 6 The heatmap of the U-Net and ours approach

这一结果表明,本文方法在特征提取和目标区域定位方面具有显著优势,尤其是在边界信息的捕捉与细节刻画方面,能够更有效地提升分割性能,为乳腺肿块分割任务提供了更高的精度与可靠性.

残差结构^[15](Residual)是深度学习领域中经典且广泛应用的网络设计范式之一,其核心思想是通过引入跳跃连接来缓解深层网络中的梯度消失问题,同时增强特征的传递能力,Residual也具有分支结构.为了全面评估RepBlock在乳腺肿块分割任务中的性能优势,本文将RepBlock与传统残差结构进行了对比实验,U-Net-Res、U-Net-Rep分别表示在U-Net中只引入Residual和只引入RepBlock.实验结果如表3所示.

表3 U-Net、U-Net-Res和U-Net-Rep对比实验结果

Tab. 3 Experimental results of U-Net, U-Net-Res and U-Net-Rep

Methods	Recall/%	Precision /%	IoU/%	Dice/%	F1 Score	FLOPs/Giga	Params/Million	Inference Speed/fps
U-Net	83.9	85.4	71.6	82.9	0.846	11.58	28.25	38.2
U-Net-Res	84.8	85.5	72.8	83.2	0.853	14.95	33.13	34.4
U-Net-Rep	85.9	84.3	73.0	83.8	0.850	11.55	28.24	38.8

实验结果显示,U-Net-Rep在Recall、IoU和Dice指标上超越了U-Net和U-Net-Res,Recall相对于U-Net提升了2%,IoU相对于U-Net提升了1.4%,Dice相对于U-Net提升了0.9%.在计算复杂度方面,U-Net-Rep的FLOPs为11.55G,基本与原始U-Net持平,远低于U-Net-Res的14.95G,此外,U-Net-Rep的参数量为28.24M,与U-Net几乎相同,明显小于U-Net-Res的33.13M.在推理速度方面,U-Net-Rep达到38.8fps,略高于U-Net,明显快于U-Net-Res,说明引入RepVGG结构后不仅没有带来额外的计算负担,反而在保持轻量的同时提升了性能.

3 结语

本文针对乳腺肿块分割的任务中肿块边界模糊和形态多变的问题,提出了一种新的分割模型,提高了乳腺分割精度.首先,引入了结构重参数化

思想,在训练阶段采用多分支结构,增强了模型的特征表达能力,从而提高分割性能,在推理阶段将多分支结构等价替换为单路结构,提高了推理速度.其次,引入可微分二值化思想,将二值化过程中的固定阈值替换为可训练的动态阈值,并进行梯度优化,提高了模型对肿块边界的分割能力.最后进行了与其他主流模型的对比实验和各模块之间的消融实验.实验结果表明,本文方法在DDSM数据集上表现出了良好的性能,Recall、IoU、Dice和F1 Score分别达到86.3%、74.5%、84.9%和0.862,均优于当前主流分割模型.

尽管本文方法在乳腺肿块分割中表现出色,但仍存在一些局限性.首先,模型在处理极小或极大的肿块时仍然面临分割效果不佳的情况,尤其是在数据集缺乏多样性时,可能影响模型的泛化能力.其次,尽管引入了RepVGG的重参数化思想,但模型在训练阶段的复杂性仍然较高,可能导致在资源有

限的环境中应用受限. 未来我们将不断完善 DDSM 数据集的标注并增加训练数据的多样性, 提高模型对不同肿块类型的适应性, 同时寻找更简单的网络结构, 减少计算负担, 提高训练效率.

参 考 文 献

- [1] Siegel R L, Giaquinto A N, Jemal A. Cancer statistics, 2024[J]. CA: A Cancer Journal for Clinicians, 2024, 74(1): 12-49.
- [2] 卢浩然, 吴福彬, 王统, 等. 基于 Half-UNet 的乳腺肿块分割方法[J]. 中南民族大学学报(自然科学版), 2023, 42(4): 482-488.
- [3] 冯晨雅, 秦耿耿, 陈卫国. 乳腺肿块影像学分割技术现状及进展[J]. 国际医学放射学杂志, 2021, 44(3): 330-335.
- [4] Shelhamer E, Lomg J, Darrell T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2017, 39(4): 640-651.
- [5] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation [M]//Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention-MICCAI 2015. Cham: Springer International Publishing, 2015: 234-241.
- [6] Zhou Z, Rahman Siddiquee M M, Tajbakhsh N, et al. UNet++: A nested U-Net architecture for medical image segmentation [M]//Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support. Cham: Springer International Publishing, 2018.
- [7] Huang H, Lin L, Tong R, et al. UNet 3+: A full-scale connected UNet for medical image segmentation [C]//ICASSP 2020 - 2020 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP). Barcelona:IEEE, 2020: 1055-1059.
- [8] Chen J, Mei J, Li X, et al. TransUNet: Rethinking the U-Net architecture design for medical image segmentation through the lens of transformers [J]. Medical Image Analysis, 2024, 97: 103280.
- [9] Isensee F, Jaeger P F, Kohl S A A, et al. nnU-Net: A self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation [J]. Nature Methods, 2020, 18(2): 203-211.
- [10] Zhang H, Zhu Y, Wang D, et al. A survey on visual mamba[J]. Applied Sciences, 2024, 14(13): 5683.
- [11] Ma C, Wang Z. Semi-mamba-UNet: Pixel-level contrastive and cross-supervised visual mamba-based UNet for semi-supervised medical image segmentation [J]. Knowledge-Based Systems, 2024, 300: 112203.
- [12] Zhang M, Yu Y, Jin S, et al. VM-UNET-V2: Rethinking vision mamba UNet for medical image segmentation[M]//Bioinformatics Research and Applications. Singapore: Springer Nature Singapore, 2024.
- [13] Liao M, Wan Z, Yao C, et al. Real-time scene text detection with differentiable binarization[J]. Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence, 2020, 34(7): 11474-11481.
- [14] Rani J, Singh J, Virmani J. Deep learning based segmentation methods applied to DDSM images: A review [J]. Archives of Computational Methods in Engineering, 2025, 32: 1-21.
- [15] He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition [C]//Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Las Vegas: IEEE, 2016: 770-778.

(责编&校对 雷建云)