

Inf-Net: 从 CT 图像中自动分割新冠肺炎感染区域

范登平¹ 周涛¹ 季葛鹏² 周毅¹ 陈耿¹ 付华柱¹ 沈建冰¹ 邵岭^{1,3}

¹ 起源人工智能研究院 (IIAI) ² 武汉大学 ³ 穆罕默德·本·扎耶德人工智能大学 (MBZUAI)

<https://github.com/DengPingFan/Inf-Net>

摘要—2020年初,一种名为新型冠状病毒(简称 COVID-19)的疾病在全球蔓延,使整个世界面临着严重的健康危机。从计算机断层扫描(CT)图像中自动检测出肺部感染区域,可为助力传统的医疗保健策略应对诊断 COVID-19 疾病提供了巨大的可能性。然而,从二维 CT 图像中分割感染区域面临着诸多挑战,其中包括感染区域特征的高度变化以及感染与正常组织之间的对比度低等问题。此外,在短时间内收集大规模数据是不切实际的,从而阻碍了深度模型的训练。为了解决这些挑战,我们提出了一种新颖的 COVID-19 肺部感染区域分割深度网络(名为 *Inf-Net*¹),可以从胸部二维 CT 图像中自动识别出感染区域。在我们的 *Inf-Net* 中,并行部分解码器(Parallel Partial Decoder)用于聚合高层特征并生成全局映射图。然后,利用隐式反向注意力(Reverse Attention)和显式边缘注意力(Edge-attention)来对边界建模并增强表达能力。此外,为缓解数据标注不足的问题,我们提出了一个基于随机选择传播策略的半监督分割框架,该框架仅需少量标注数据并主要依赖未标注数据。我们的半监督框架可用于提高学习能力并获得更高的性能。在我们创建的 *COVID-SemiSeg* 数据集和真实三维 CT 图像上进行了大量的实验,结果表明本文的 *Inf-Net* 模型的性能优于大多数最先进的分割模型,并提高了最新技术的性能。

关键词—COVID-19, CT 图像, 感染区域分割, 半监督学习。

I. 引言

自 2019 年 12 月起,世界正面临着一场全球的健康危机:即新型冠状病毒(COVID-19) [2], [3] 的大流行。截至 2020 年 5 月 1 日,根据约翰·霍普金斯大学(JHU)系统科学与工程中心(CSSE)的全球病例计数系统统计 [4] 数据显示,现有 3,257,660 例确定的新冠肺炎病例,其中有 233,416 人死亡并影响了 187 个国家与地区。逆转录聚合酶链反应(RT-PCR)被业界认为是新冠肺炎疾病筛查的金标准。然而,由于设备的短缺和严苛的测试环境,这限制了对疑似病例的快速准确筛查。此外,据报道,RT-PCR 测试还具有较高的假阴性率。作为 RT-PCR 测试的重要补充,X 光和计算机断层扫描(CT)等放射成像技术在当前的诊断(包括后续的评估和疾病进展评估 [5], [6])中也发

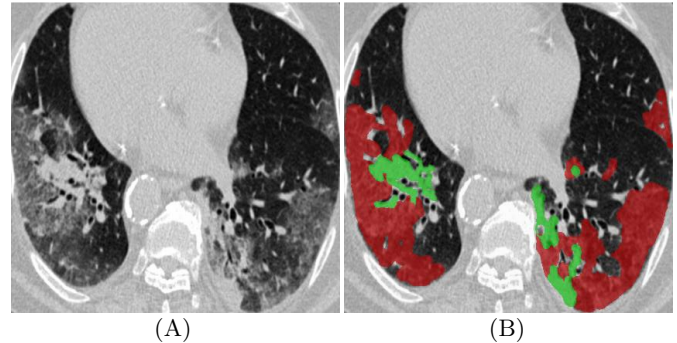


图 1. 二维 CT 图像 (A) 中新冠肺炎感染区域 (B) 的示例图,其中红色和绿色掩膜分别代表毛玻璃影和肺结节区域。图像取自 [10]。

挥了作用。此外,对来自中国武汉的 1014 例患者进行的一项临床研究表明,胸部 CT 分析检测新冠肺炎病例可以达到 0.97 的敏感度,0.25 的特异率和 0.68 的准确率,并附有 RT-PCR 测试结果作为参考 [7]。其他研究也报道了类似的观察结果 [8], [9], 这表明放射成像可能有助于早期新冠肺炎疾病的筛查。

与 X 光相比,CT 影像筛查由于其优点和对肺部的三维成像而被广泛接受。最近的研究 [7], [11] 表明,二维 CT 图像中的感染区域是有迹可循的。如图 1 所示,例如,早期的毛玻璃影(GGO)和中晚期的肺结节。因此,定性评估二维 CT 图像感染区域随纵轴的变化可为抗击 COVID-19 提供有用而重要的信息。但是以手工标记肺部感染区域是繁琐且耗时的工作。此外,放射科医生对感染区域的标注是一项高度主观性的任务,通常存在个人偏差并受临床经验的影响。

最近,深度学习系统已经被设计用来通过放射成像来检查感染了新冠肺炎的患者。例如,[12] 提出了一种从胸部 X 射线图像中检测新冠肺炎病例的 COVID-Net 网络。[13] 设计了一个异常检测模型,以帮助放射科医师分析大量的胸部 X 射线图像。为了进行 CT 成像,在 [14] 中采用了基于位置注意力的模型来计算 COVID-19 疾病的感染概率。[15] 设计了一种基于弱监督学习的深度学习软件系统,用于从三维 CT 图像中检测新冠肺炎。[16] 提供了一份基于人工智能的新冠肺炎影像分析的论文清单。在临

¹ 本文为 TMI20 [1] 的中译版。陈耿 (geng.chen@inceptioniai.org), 付华柱 (huazhu.fu@inceptioniai.org) 和 沈建冰 (jianbing.shen@inceptioniai.org) 为本文的共同通讯作者。

表 I

新冠肺炎公开影像数据概要。#Cov 和 #非 Cov 分别表示新冠肺炎病例数和非新冠肺炎病例数。† 表示数据来自 [19]。

数据集	模态	#Cov/#Non-COV	任务
COVID-19 X-ray Collection [19]	X-rays	229 [†] / 0	Diagnosis
COVID-19 CT Collection [19]	CT volume	20 / 0	Diagnosis
COVID-CT-Dataset [20]	CT image	288 / 1000	Diagnosis
COVID-19 Patients Lungs [21]	X-rays	70 / 28	Diagnosis
COVID-19 Radiography [22]	X-rays	219 / 2,686	Diagnosis
COVID-19 CT Segmentation [10]	CT image	110 / 0	Segmentation

床实践中, 尽管已经出现了许多用于诊断新冠肺炎的人工智能辅助系统, 但是从二维 CT 图像 [17], [18] 中分割感染区域的研究相对较少。由于存在以下几个难点, 从二维 CT 图像中检测新冠肺炎感染区域仍然是一项艰巨的任务: 1) 二维 CT 图像中感染的纹理, 大小和位置变化剧烈对检测任务构成了挑战。例如, 肺结节区域小或非常小, 很容易导致整个二维 CT 图像中出现假阴性检测。2) 类间差异很小。例如, 毛玻璃影的边界通常具有较低的对比度和模糊的外观, 使其难以识别。3) 由于新冠肺炎事出突然, 很难在短时间内收集足够的带有标注的数据来训练深度模型。此外, 在二维 CT 图像中获取高质量的、像素级标注的肺部感染非常昂贵和费时。表 I 报告了当前公共新冠肺炎影像数据集的列表, 其中在大多数数据集的用途在于病例诊断上, 只有一个数据集提供了分割标签。

为解决上述问题, 我们提出了一种新颖的用于二维 CT 图像中 COVID-19 肺部感染分割的深度网络 (*Inf-Net*)。我们的动机主要源于, 即临床医生在检测肺部感染时, 首先会粗略地确定感染区域位置, 然后根据局部外观准确提取其精细的轮廓。因此, 我们认为区域和边界是区分正常组织和感染组织的两个关键特征。我们的模型首先预测粗略区域, 然后通过反向注意力来隐式地建模边缘信息, 并利用边缘约束指导去显式地增强边缘区域的辨识度。此外, 为缓解标注数据短缺问题, 我们还提出了一个半监督的分割系统, 该系统仅需要少量带标注的新冠肺炎感染图像就可使模型能够利用未标记的数据。具体来说, 我们的半监督系统利用未标注数据的随机选择传播策略来提高学习能力, 并获得比一些前沿模型更高的性能。

简而言之, 本文的贡献有以下三方面:

- 提出了一个新型的深度学习网络用于新冠肺炎肺部二维 CT 图像中感染区域的分割 (*Inf-Net*)。通过使用并行的部分解码器 (PPD) 聚合深层特征, 聚合后的特征能够获取上下文信息并生成全局映射图作为后续步骤的初始引导区域。为了进一步挖掘目标边缘线索,

我们利用一组隐式的循环反向注意力 (RA) 模块和显式的边缘注意力引导来建立区域线索与边缘线索之间的关系。

- 引入了用于新冠肺炎感染区域分割的半监督分割系统, 以缓解标记数据短缺。基于随机选择传播策略, 我们的半监督学习系统具有更强的学习能力 (见 § IV)。
- 建立了一个半监督的新冠肺炎感染分割数据集 (*COVID-SemiSeg*), 其中包含 100 张来自新冠肺炎 CT 影像分割数据集 [10] 的带标签的二维 CT 图像数据和 1600 张来自新冠肺炎 CT 数据集 [19] 的无标签数据。在此数据集上进行的大量实验表明, 所提出的 *Inf-Net* 和 *Semi-Inf-Net* 优于大多数前沿的细分模型, 并提高了最新的性能。代码和数据集已在以下链接发布: <https://github.com/DengPingFan/Inf-Net>。

II. 相关工作

在本节中, 我们讨论与本文工作最相关的三种类型的工作, 包括: 胸部 CT 图像分割、半监督学习和用于新冠肺炎的人工智能技术。

A. 胸部 CT 图像分割

CT 成像是诊断肺部疾病的一种普及技术 [23], [24]。在实践中, 从胸部二维 CT 图像中分割出不同的器官和病变可以为医生诊断和量化肺部疾病提供重要的信息 [25], [26]。近来, 有很多相关算法被设计出来并获得了不错的性能。这些算法通常使用具有提取特征模块的分类器来进行胸部 CT 影像中结节区域的分割。例如, Keshani 等人 [27] 利用支持向量机 (SVM) 分类器从二维 CT 图像中检测肺结节。Shen 等人 [28] 提出了一种基于双向链码的自动肺分割系统来提高性能。然而, 结节区域和背景区域具有相似的视觉外观, 使得结节区域的提取变得困难。为了克服这个问题, 已经有学者提出了几种深度学习算法 [29]–[31] 来学习更优的视觉表达方式。例如, Wang 等人 [29] 开发了一个中心聚焦式卷积神经网络, 用于从异质的二维 CT 图像中分割出肺结节区域。Jin 等人 [30] 利用 GAN 合成的数据来训练一个更具判别力的病理性肺分割模型。Jiang [31] 通过添加多个分辨率可变的残差流设计出了 2 个可从二维 CT 图像中分割出肺部肿瘤区域的深度网络模型。

B. 高效标注的深度学习

在这项工作中, 我们旨在分割 COVID-19 感染区域来量化和评估疾病进展。基于无监督的异常检测/分割方法可以检测到异常区域 [32]–[34], 但是无法识别异常区域是否与 COVID-19 感染区域相关。相比之下, 基于少量

标记数据的半监督模型可以从其他异常区域中识别目标区域，这种训练策略更适合 COVID-19 感染区域的评估。此外，迁移学习技术 [35], [36] 是处理有限数据的另一个不错的选择。就目前而言，虽然已经有一些公共数据集（请参见 [16]），但是 COVID-19 感染区域分割所面临的主要问题是缺乏高质量的像素级标注数据。即使收集大规模的新肺炎数据集（标注数据的获取成本仍然很高），该问题也会变得更加明显。因此，我们的目标是有效的用好有限的标注数据和未标记数据。半监督学习策略为解决此问题提供了一个良方。

半监督学习 (SSL) 的主要目标是使用有限数量的标记数据和大量未标记数据 [37] 来提高模型性能。当前，使用 SSL 策略 [38] 训练深度神经网络引发了越来越多学者的关注。这些方法通常在有标签数据和无标签数据上分别 [39] 或同时 [40], [41] 施加有监督和无监督的损失函数来优化网络。Lee 等人 [39] 设计了一种从未标记数据生成伪标签进行交叉熵损失计算的方法，这为监督函数的设计提供了新思路。总而言之，现有的深度 SSL 算法要么采用强制分类边界具有平滑性和一致性这种对随机扰动具有鲁棒性 [41] 的方式对网络进行正则化，要么通过探索所学的，如，基于时间集合预测 [40] 和伪标签 [39] 知识来丰富监督信号。此外，半监督学习已广泛应用于医学分割任务中，但经常遇到的问题是虽然我们有大量的未标注数据 [36], [42]，但是像素级标注的数据仍然缺乏。例如，Nie 等人 [43] 提出了一种基于注意力的骨盆器官分割的半监督深度网络，这涉及到一种半监督的区域注意力损失函数用以解决训练深度学习模型时数据不足问题。Cui 等人 [44] 使用改进后 Mean Teacher 网络从 MR 图像中分割中风病灶。Zhao 等人 [45] 设计了一种基于自集成架构和随机局部区域尺寸训练策略的半监督分割方法。与这些现有方法不同，本文的半监督框架基于随机采样策略，利用未标记数据来逐步增加训练数据集。

C. 用于新冠肺炎的人工智能技术

针对新冠肺炎疾病 [6], [46]，人工智能技术已被应用于众多场合。Joseph 等人 [46] 将这些应用分为三个层次，包括患者层次（例如，基于医学成像的诊断 [47], [48]）、分子细胞层次（例如，蛋白质结构预测 [49]）和社会层次（例如，流行病学 [50]）。在这项工作中，我们专注于患者层次的应用 [14], [18], [47], [48], [51]–[54]，尤其是那些基于 CT 图像的应用。例如，Wang 等人 [47] 提出了一种改进的原始神经网络 [55] 来区分新冠肺炎患者和正常人。他们没有直接在完整的二维 CT 图像上进行训练，而是在由两名放射科医生根据肺炎的特征确定的目标区域上对网络进行了训练。Chen 等人 [48] 从新冠肺炎患者和患有其它已

知疾病患者中收集了 46,096 张二维 CT 图像。并用收集到的 CT 图像来训练 U-Net++ [56] 模型以识别新冠肺炎患者。他们的实验结果表明，就新冠肺炎的诊断而言，训练后的模型与放射线专家的识别能力表现相当。此外，也有基于其它的网络架构开发出来的 AI 新冠肺炎辅助诊断系统。典型示例包括 [14] 系统使用了 ResNet 网络架构，[51] 系统使用了 U-Net [57] 网络架构。最后，深度学习已被用于从二维 CT 图像中进行肺部感染区域分割，从而可以利用分割后量化的特征进行新冠肺炎的严重性进行诊断、新冠肺炎的大规模筛查 [54] 以及新冠肺炎中肺部感染面积统计 [17], [18], [46]。

III. 本文的方法

在本节中，我们首先给出关于 *Inf-Net* 网络结构、核心网络组件和损失函数的详细介绍。然后，提出 *Inf-Net* 的半监督策略，并阐明如何使用半监督学习框架来扩充有限数量的训练样本，以提高模型的分割精度。我们还展示了该框架的扩展版本，可用于对不同类型的肺部感染区域进行多类别标记。最后，我们给出了模型的实现细节。

A. 肺部感染分割网络 (*Inf-Net*)

1) 网络概述: *Inf-Net* 的框架如图 2 所示，二维 CT 图像首先被送入两层卷积层，用以提取具有高分辨率、弱语义性（即低层）的特征。在此，我们加入了一个边缘注意力模块用来显式地提升目标区域的边界特征的表达。然后，所得到的低层特征 f_2 被送入三层卷积层中用来提取高层特征，这有两种好处。首先，我们使用一个平行的部分解码器 (PPD) 来聚合这些特征，并生成一个全局映射图 S_g 用于粗略定位肺部感染区域。其次，这些与 f_2 相结合的特征，在 S_g 的指导下被送入多个反向注意力 (RA) 模块。值得注意的是，这些 RA 模块是以级联方式构建的。如图 2 所示，RA 模块 R_4 依赖于另外一个 RA 模块 R_5 的输出。最后，最末尾的一个 RA 模块的输出 S_3 被送入 *Sigmoid* 激活函数中，用以生成最终的肺部感染区域的预测图。下面，我们会详细说明本文的 *Inf-Net* 模型中关键组件和损失函数。

2) 边缘注意力模块: 许多工作 [58]–[60] 已经证实边缘信息可以在指导分割特征的过程中提供有效的约束关系。因此，考虑到低层特征（例如：我们模型中的 f_2 ）保留了一些富含边缘的信息，我们将具有适合分辨率的低层特征 f_2 输入到我们的**边缘注意力 (EA)** 模块，从而显式地学习关注于边缘的特征表示。具体地说， f_2 特征通过具有一个卷积核的卷积层得到边缘映射图。然后，我们使用标准的二值交叉熵损失函数来度量生成的边缘映射图与由

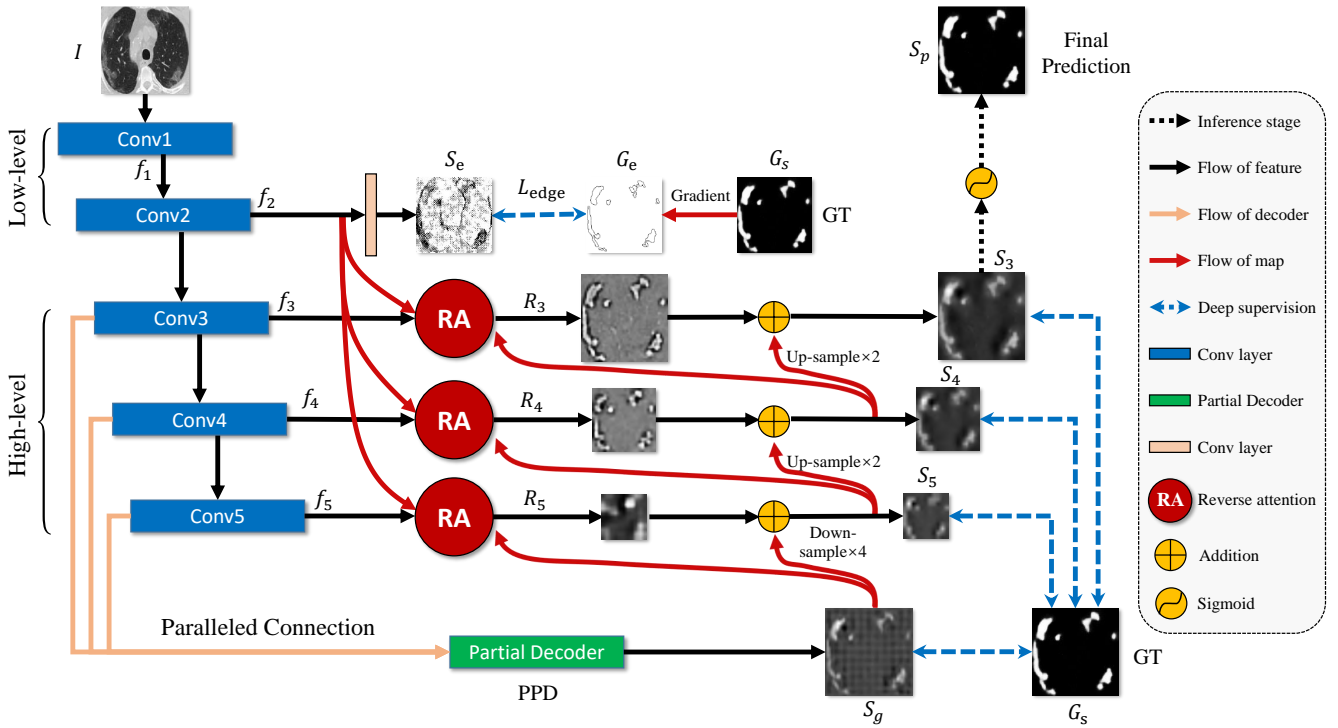


图 2. *Inf-Net* 模型的架构图，其中包含了三个反向注意力 (RA) 模块与平行的部分解码器 (PPD) 相连接。更多细节详见 § III-A。

真值图 (GT) 导出的边缘真值图 G_e 的差异性:

$$\mathcal{L}_{edge} = - \sum_{x=1}^w \sum_{y=1}^h [G_e \log(S_e) + (1 - G_e) \log(1 - S_e)], \quad (1)$$

其中, (x, y) 是所预测的边缘图 S_e 和边缘真值图 G_e 中每一个像素点的坐标。 G_e 由真值图 G_s 的导数求得。此外, w 和 h 分别代表对应的特征映射图的宽和高。

3) 平行的部分解码器: 许多现有的医学图像分割网络 [56], [57], [61]–[64] 使用编码器中的高、低层特征来分割目标器官和病灶区域。然而, Wu 等人 [65] 指出, 与高层特征相比, 低层特征因其更大的空间分辨率需要占用更多的计算资源, 但对性能的贡献却很少。受此启发, 我们提出使用平行的部分解码器模块来聚合高级特性, 如图 3 所示。具体来说, 对于输入的二维 CT 图像, 我们首先使用 Res2Net [66] 网络的前五层提取两组低层特征 $\{f_i, i = 1, 2\}$ 和三组高层特征 $\{f_i, i = 3, 4, 5\}$ 。然后, 我们使用一个新颖的部分解码器 $pd(\cdot)$ [65] 以平行连接的方式来聚合高层特征。部分解码器产生了一个粗糙的全局映射图 $S_g = pd(f_3, f_4, f_5)$, 然后作为 RA 模块中的全局指导信息。

4) 反向注意力模块: 在临床实践中, 临床医生通常采用两步操作对肺部感染区域进行分割, 首先粗略定位感染区域, 然后通过检查局部组织结构对这些区域进行准确标记。受到这个过程的启发, 我们所设计的 *Inf-Net* 分别使用两种不同的网络组件作为粗略的定位器和精细的标注器。首先, PPD 模块作为粗略的定位器并生成一个具有无

结构化细节的全局映射图 S_g , 用以提供肺部感染区域的粗略定位信息。其次, 我们提出了一个渐进式框架作为精细的标注器, 以一种擦除的方式 [67], [68] 挖掘具有鉴别性的感染区域。具体而言, 相比于简单地聚合所有特征层 [68]。我们的结构以一种从高层旁侧输出特征中擦除预测感染区域的方式, 依次挖掘互补区域和细节, 而当前预测结果则由更深的网络层的信息上采样得到。

我们将高层输出特征 $\{f_i, i = 3, 4, 5\}$ 与具有 RA 权重 A_i 的边缘注意力特征 $e_{att} = f_2$ 相乘 (点乘 \odot) 获取输出的 RA 特征, 即:

$$R_i = \mathcal{C}(f_i \odot A_i, \text{Dow}(e_{att})), \quad (2)$$

其中 $\text{Dow}(\cdot)$ 表示下采样操作, $\mathcal{C}(\cdot)$ 表示拼接操作, 其后接有两个具有 64 个滤波器的二维卷积层。

实际上, RA 权重 A_i 在计算机视觉的显著目标检测领域 [68] 是一个广泛采纳的设计, 它被定义为:

$$A_i = \mathcal{E}(\ominus(\sigma(\mathcal{P}(S_{i+1})))), \quad (3)$$

其中 $\mathcal{P}(\cdot)$ 代表上采样操作, $\sigma(\cdot)$ 为 Sigmoid 激活函数, $\ominus(\cdot)$ 是从全 1 矩阵中减去输入的取反操作。符号 \mathcal{E} 代表将单通道的特征图拓展为 64 通道, 其中包括对等式 (2) 中候选张量的每个通道进行反转。该过程的细节如图 4 所示。值得注意的是, RA 中的擦除策略可以最终将不准确和粗糙的预测区域细化为准确而完整的预测图。

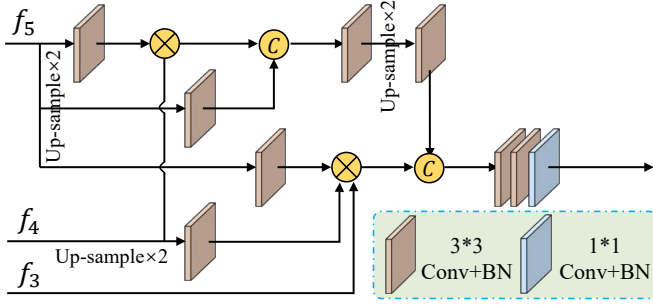


图 3. 平行的部分解码器被用于生成全局映射图。

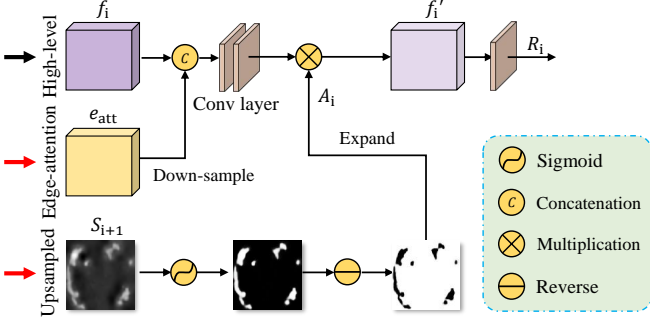


图 4. 反向注意力模块被用于隐式地学习边缘特征。

5) 损失函数: 如等式 (1) 中所述, 我们设计了损失函数 \mathcal{L}_{edge} 用于边缘监督。这里, 我们把损失函数 \mathcal{L}_{seg} 定义为加权 IoU 损失函数 \mathcal{L}_{IoU}^w 与加权二值交叉熵 (BCE) 损失函数 \mathcal{L}_{BCE}^w 的结合, 即:

$$\mathcal{L}_{seg} = \mathcal{L}_{IoU}^w + \lambda \mathcal{L}_{BCE}^w, \quad (4)$$

其中, λ 代表权值, 在我们的实验中设置为 1。 \mathcal{L}_{seg} 的两个部分提供有效的全局 (图像级别) 和局部 (像素级别) 的监督, 以获得准确的分割效果。与在分割任务中广泛采用的标准 IoU 损失函数不同的是, 加权 IoU 损失函数增加了困难像素样本点处的权值, 以突出其重要性。另外, 与标准 BCE 损失函数相比, \mathcal{L}_{BCE}^w 更加关注困难像素样本点, 而不是为所有像素分配相同的权重。这些损失的定义与 [69], [70] 中的定义相同, 其有效性已在显着目标检测领域得到了验证。最后, 我们对三个侧向输出 (即 S_3 , S_4 和 S_5) 和全局映射图 S_g 进行深度监督。每张图都被上采样 (例如: S_3^{up}) 到与对象级分割真值图 G_s 相同的大小。因此, 等式 (4) 中的总损失函数被重写为:

$$\mathcal{L}_{total} = \mathcal{L}_{seg}(G_s, S_g^{up}) + \mathcal{L}_{edge} + \sum_{i=3}^{i=5} \mathcal{L}_{seg}(G_s, S_i^{up}). \quad (5)$$

B. 半监督方式的 *Inf-Net*

目前, 具有分割标注的二维 CT 图像数量非常有限, 因为手动分割肺部感染区域是一项困难且费时的工作, 并且

Algorithm 1 半监督的 *Inf-Net*

输入: 标注的训练数据 $\mathcal{D}_{Labeled}$ 和未标注的训练数据 $\mathcal{D}_{Unlabeled}$

输出: 训练完成的 *Inf-Net* 模型 \mathcal{M}

- 1: 使用来自 $\mathcal{D}_{Labeled}$ 中所有标注的 CT 图像, 构建一个训练数据集 $\mathcal{D}_{Training}$
- 2: 使用 $\mathcal{D}_{Training}$ 训练 \mathcal{M}
- 3: 重复
- 4: 使用训练后的模型 \mathcal{M} , 并在 $\mathcal{D}_{Unlabeled}$ 中随机选择 K 张 CT 图像进行测试, 生成网络标注的结果图 $\mathcal{D}_{Net-labeled}$, 构成 k 张 CT 图像的伪标签
- 5: 使用 $\mathcal{D}_{Net-labeled}$ 扩充训练样本集, 即: $\mathcal{D}_{Training} = \mathcal{D}_{Training} \cup \mathcal{D}_{Net-labeled}$
- 6: 从 $\mathcal{D}_{Unlabeled}$ 中移除 K 张二维 CT 测试图像
- 7: 使用 $\mathcal{D}_{Training}$ 微调 \mathcal{M}
- 8: 直到 $\mathcal{D}_{Unlabeled}$ 中的数据为空
- 9: 返回: 训练完成的模型 \mathcal{M}

该疾病的爆发处于早期阶段。为解决此问题, 我们使用半监督学习策略来改进 *Inf-Net*, 利用大量未标记的 CT 图像来有效地扩充训练数据。图 5 中展示了我们的半监督学习框架的概述。我们的框架主要受到 [71] 中工作的启发, 该工作基于随机抽样策略, 用于逐步扩张训练数据集的未标注数据。具体来说, 我们使用算法 1 中描述的过程为未标注的二维 CT 图像生成伪标签。然后, 将使用这些具有伪标签的二维 CT 图像使用两步法策略来训练我们的模型, 该策略在 § III-D 中有详细介绍。

我们的 *Semi-Inf-Net* 框架的优势来自两个方面。首先, 训练和选择策略简单易行。它不需要采取措施来评估预测的标签, 并且它也没有阈值。其次, 该策略可以提供比其他半监督学习方法更好的性能, 并能够防止网络发生过拟合。最近的研究工作 [71] 证实了这一结论。

C. 多类感染标签的拓展

我们的 *Semi-Inf-Net* 是一个功能强大的工具, 可以为评估整体肺部感染提供关键信息。但是在临床环境中, 我们知道除了进行总体评估之外, 临床医生可能还对定量评估不同类型的肺部感染 (例如: 毛玻璃影和肺结节) 感兴趣。因此, 我们将 *Semi-Inf-Net* 扩展到多类肺部感染区域标注框架, 以便为进一步诊断和治疗新冠肺炎提供更为丰富的信息。 *Semi-Inf-Net* 的扩展基于受感染区域引导的多分类标注框架, 如图 6 所示。具体来说, 我们利用 *Semi-Inf-Net* 提供的感染分割结果来指导不同类型的肺部感染的多类别标记。为此, 我们将肺部感染分割结果和相应的二维 CT 图像都送入多分类分割网络, 例如: FCN8s [72] 或 U-Net [57]。该框架可充分利用 *Semi-Inf-Net* 提供的肺部感染分割结果, 并有效地提高多分类感染标记的性能。

D. 实现细节

我们的模型在 PyTorch 框架中实现, 并使用单张 NVIDIA TITAN RTX 显卡加速。模型的实现细节如下:

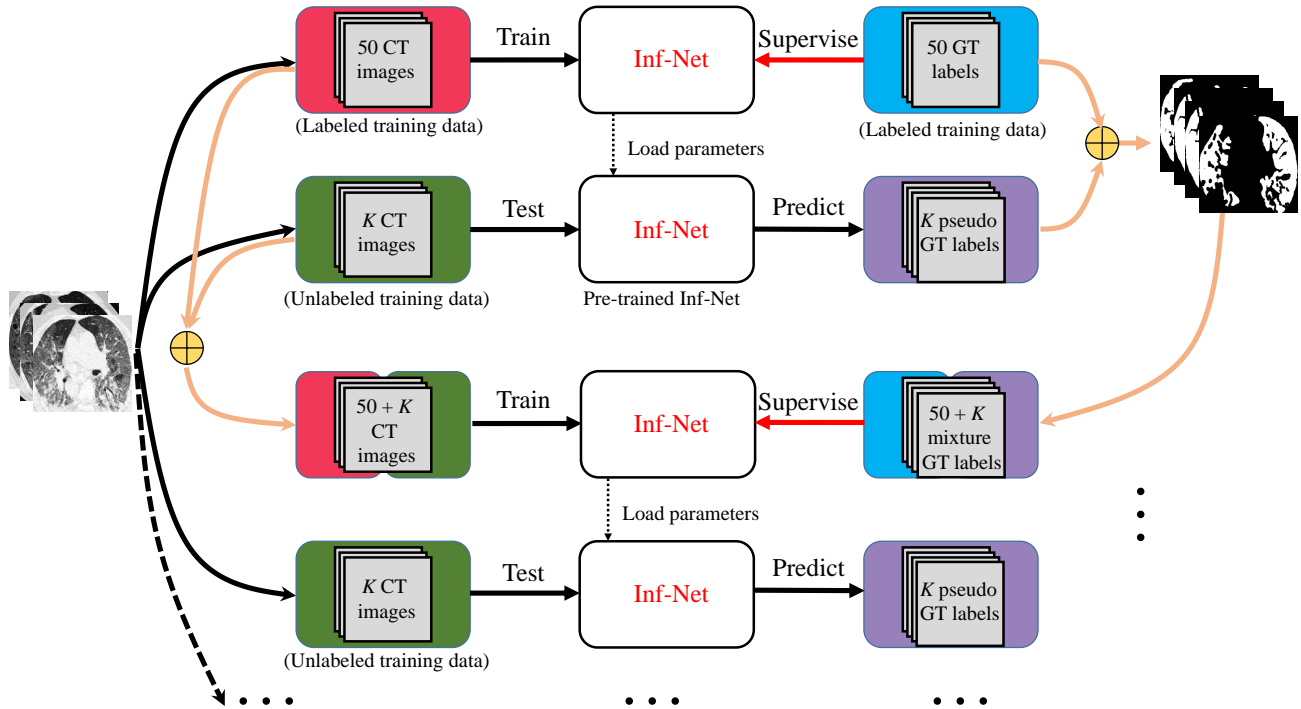


图 5. 半监督 *Inf-Net* 框架图。请参阅 § III-B 了解更多细节。

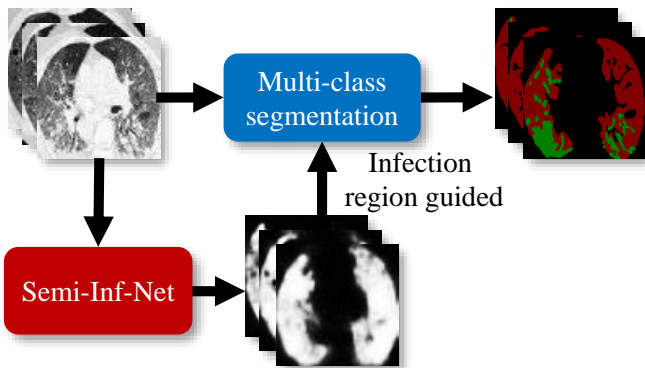


图 6. 用于多类标注任务的感染区域引导的多类别分割流程阐述。我们把由 *Inf-Net* 预测得到的感染分割结果以及二维 CT 图像一起输入到 FCN8s (或多类 U-Net) 网络中, 从而提升多类感染区域标注的性能。

1) **伪标签生成**: 我们使用算法 1 中描述的协议为未标注的二维 CT 图像生成伪标签。随机选择的 CT 图像的数量设置为 5, 即 $K = 5$ 。对于 1600 张未标注的图像, 我们需要执行 320 次迭代, 批尺寸为 16。整个训练过程大约需要 50 个小时才能完成。

2) **半监督的 *Inf-Net***: 在训练之前, 我们统一将所有输入图像的大小缩放为 352×352 。我们使用多尺度训练策略 [59] 来训练 *Inf-Net*。具体来说, 我们首先使用不同的缩放比例 $\{0.75, 1, 1.25\}$ 对训练图像进行重新采样, 然后使

用重新采样的图像对 *Inf-Net* 进行训练, 从而提高了模型的泛化性能。网络使用 Adam 优化器进行训练, 将学习率设置为 $1e-4$ 。我们的训练阶段包括两个步骤: (i) 使用伪标签对 1600 张二维 CT 图像进行预训练, 批尺寸大小为 24 情况下, 这个过程需要约 180 分钟、100 个迭代次数才能达到收敛。(ii) 在 50 张带有真实标签的二维 CT 图像上进行微调, 在批尺寸大小为 16 情况下, 这个过程需要花费约 15 分钟、100 个迭代次数才能达到收敛。为了公平对比, *Inf-Net* 的训练过程遵循第二步中描述的不同设置。

3) ***Semi-Inf-Net*+ 多分类分割**: 对于多分类分割网络, 我们不受限于选择特定的分割网络, 此处将 FCN8s [72] 和 U-Net [57] 用作两个主干网络。我们在训练之前将所有输入图像的大小调整为 512×512 。该网络的权值统一进行 Xavier 初始化, 并使用 SGD 优化器进行训练, 学习速率为 $1e-10$, 权值衰减为 $5e-4$, 动量为 0.99。整个训练过程大约需要 45 分钟。

IV. 实验

A. COVID-19 分割数据集

如表 I 所示, 现在只有一个基于 CT 数据的分割数据集, 即 COVID-19 CT 图像分割数据集 [10]², 由 100 张来自不同新冠肺炎患者的轴向二维 CT 图像组成。所有的

²<http://medicalsegmentation.com/covid19/>

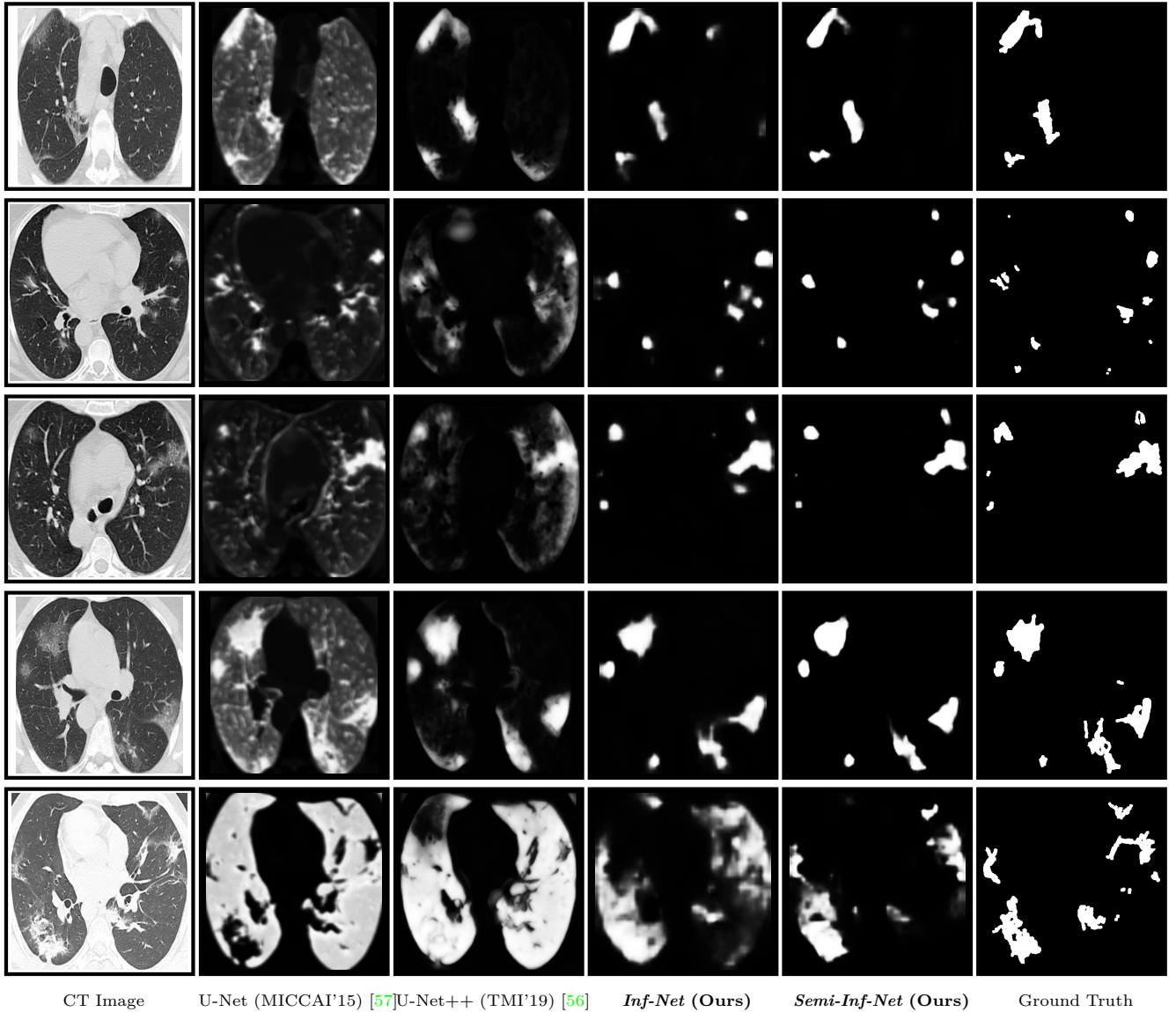


图 7. 肺部感染区域分割结果的视觉效果对比。

CT 图像均由意大利医学和介入放射学会收集, 具体参考³。放射科医生使用不同的标签对 CT 图像进行分割以识别肺部感染区域。虽然这是首个开放获取的用于新冠肺炎肺部感染分割的数据集, 但是所提供的样本量较小, 仅提供 100 张标记图像。

本文中, 我们收集了一个半监督的新冠肺炎感染分割数据集 (*COVID-SemiSeg*), 通过利用大规模的未标记 CT 图像来扩大训练数据集。我们使用 COVID-19 CT 分割数据集 [10] 作为带标签的数据 $\mathcal{D}_{\text{labelled}}$, 其中随机选取 45 幅二维 CT 图像作为训练集, 5 幅二维 CT 图像作为验证集, 其余 50 幅二维 CT 图像用于测试。未标记的二维 CT 图像取自 COVID-19 CT [19] 数据集, 该数据集为来自 20 个不同的新冠肺炎患者的三维 CT 图像。我们从三维 CT

图像中抽取了 1600 张二维 CT 轴向图像, 去除了非肺部区域, 并构建了一个未标记的训练数据集 $\mathcal{D}_{\text{unlabelled}}$ 用于高效的半监督分割任务。

B. 实验设置

基准。对于感染区域的实验中, 我们将本文的 *Inf-Net* 和 *Semi-Inf-Net* 与医学领域中五个经典的分割模型对比, 包括: U-Net⁴ [57]、U-Net++⁴ [56]、Attention-UNet⁵ [73]、Gated-UNet⁵ [74] 和 Dense-UNet⁶ [75] 在多分类标记实验中, 我们将本文的模型与计算机视觉领域两种前沿模型进行比较: DeepLabV3+ [76]、FCN8s [72] 和多分类 U-Net [57]。

⁴<https://github.com/MrGiovanni/UNetPlusPlus>

⁵<https://github.com/ozan-oktay/Attention-Gated-Networks>

⁶<https://github.com/xmengli999/H-DenseUNet>

³<https://www.sirm.org/category/senza-categoria/covid-19>

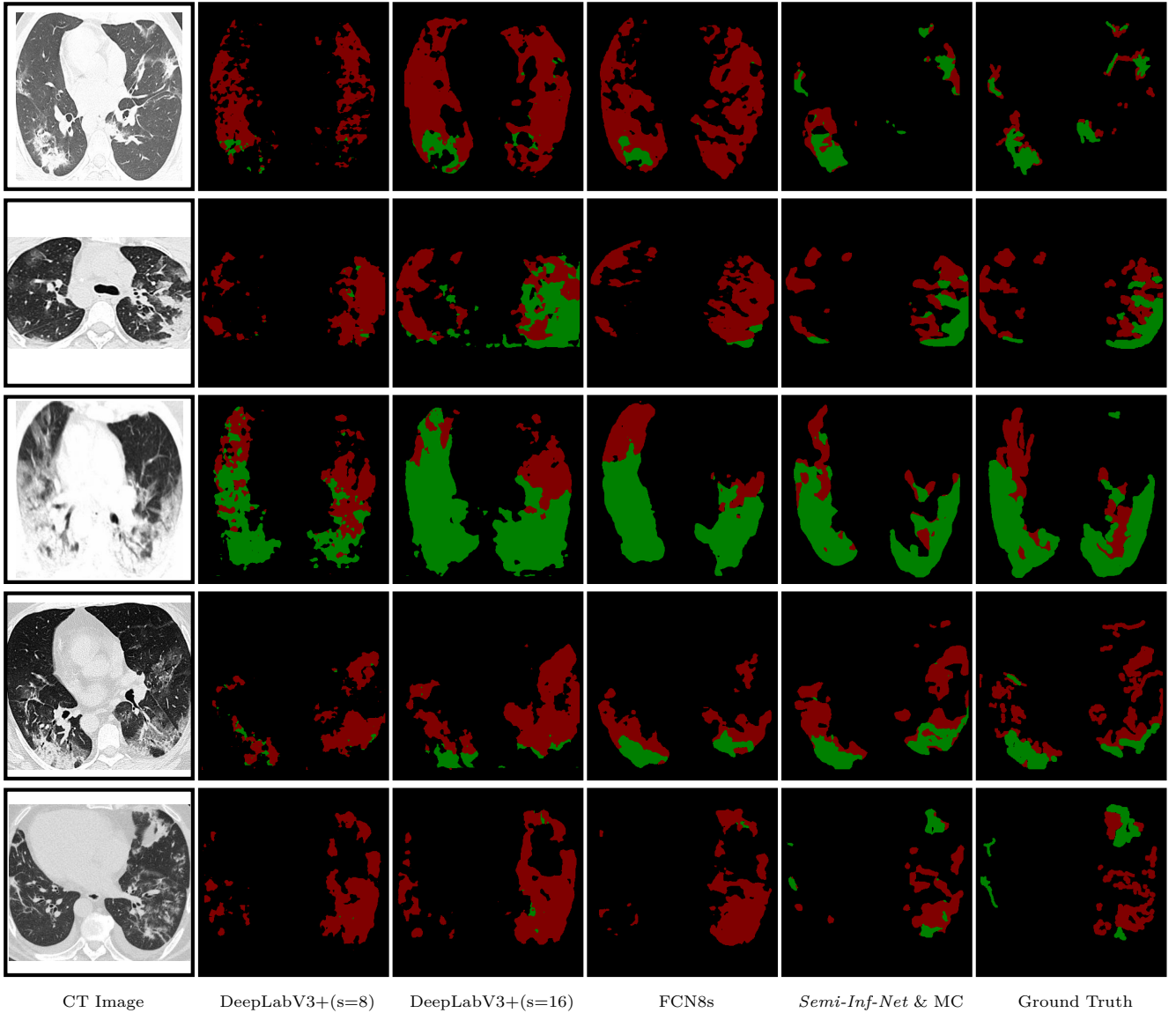


图 8. 多类别肺部感染区域分割的视觉对比效果，其中红色和绿色标签分别代表磨玻璃影区域和肺结节区域。

评价指标。参考 [18], [54], 我们使用了三个被广泛使用的度量指标，即：Dice 相似系数、灵敏度 (Sen.)、特异率 (Spec.) 以及精确率 (Prec.)。我们还从目标检测领域引入了三个黄金指标，包括：结构度量 [77]、增强对齐度量 [78] 以及平均绝对误差。在我们的对比中，我们选择具有 *Sigmoid* 函数的 S_3 作为最终预测 S_p 。因此，我们度量最终预测图与对象级分割地真值 G 之间的相似与不相似性，可以表述为：

1) 结构指标 (S_α): 该指标与人类视觉系统更为一致，其用于度量预测图与真值图之间的结构相似度：

$$S_\alpha = (1 - \alpha) * S_o(S_p, G) + \alpha * S_r(S_p, G), \quad (6)$$

其中 α 是用于控制对象级别相似度 S_o 和区域级别相似度 S_r 的平衡系数。本文中，我们报告了与原文 [77] 默认设置 ($\alpha = 0.5$) 下相同的指标分数。

2) 增强对齐指标 (E_ϕ^{mean}): 这是一个最近提出的指标用于同时度量两张二值图之间局部和全局相似度。公式如下：

$$E_\phi = \frac{1}{w \times h} \sum_x \sum_y \phi(S_p(x, y), G(x, y)), \quad (7)$$

其中 w 和 h 代表真值图 G 的宽和高， (x, y) 表示 G 中每个像素的坐标。符号 ϕ 是增强对齐矩阵。我们将预测图 S_p 按照阈值 0 到 255 进行阈值化得到一组二值图，从而得到一组 E_ϕ 的分数。在我们的实验中，我们报告了所有阈值下 E_ϕ 的均值。

3) 平均绝对误差 (MAE): 该指标度量了 S_p 和 G 之间像素级别的误差，定义为：

$$MAE = \frac{1}{w \times h} \sum_x \sum_y |S_p(x, y) - G(x, y)|. \quad (8)$$

C. 分割结果

1) 定量结果: 为了比较感染区域分割的性能, 我们考虑两种最前沿的模型 U-Net 和 U-Net++。定量结果在表 II 中展示。可以看出, 在 Dice、 S_α 、 E_ϕ^{mean} 和 MAE 指标中, 本文的 *Inf-Net* 优于 U-Net 和 U-Net++。我们将性能提升归因于我们的隐式的反向注意力和显式的边缘注意力模型, 它们提供了鲁棒的特征表达。此外, 通过将半监督学习策略引入到我们的框架中, 我们可以进一步提高 5.7% Dice 指标的性能。

作为一种辅助诊断工具, 该模型有望提供有关疫区的更详细信息。因此, 我们将本文的模型扩展到多类标签 (即: 毛玻璃影和肺结节区域的分割)。表 III 展示了对我们的 COVID-SemiSeg 数据集上的定量测评, 其中 “Semi-Inf-Net & FCN8s” 和 “Semi-Inf-Net & MC” 分别表示我们的 *Semi-Inf-Net* 与 FCN8s [72] 和多类 U-Net [57] 模型的组合。我们的 “Semi-Inf-Net & MC” 流程在毛玻璃影区域分割任务的大多数评测指标中都达到了可比的性能。对于更具挑战性的肺结节区域分割, 所提出的流程架构也能取得最好的结果。例如, 在 Dice 方面, 我们的方法比前沿的 Multi-class U-Net [57] 分割结果平均高出 12%。总的来说, 在 Dice 和 S_α 指标上, 所提出的流程在肺结节分割和平均分割结果上, 比现有的前沿的多类标注模型表现更好。

2) 定性结果: 肺部感染分割结果如图 7 所示, 表明本文的 *Semi-Inf-Net* 和 *Inf-Net* 明显优于基准。具体而言, 它们产生的分割结果接近于真值图, 错误分割的组织区域较少。相反, U-Net 给出的结果并不令人满意, 因为存在着大量没有被分割的组织。U-Net++ 模型虽然改善了结果, 但是性能仍然不理想。*Inf-Net* 的成功归因于本文的由粗略到细化分割策略, 即并行部分解码器首先粗略定位肺部感染区域, 然后使用多个边缘注意力模块进行细化分割。该策略模仿了临床医生如何从二维 CT 图像中分割出肺部感染区域, 从而获得了不错的表现。另外, 我们半监督学习策略的优势也在图 7 中得到证实。可以看出, 与 *Inf-Net* 相比, *Semi-Inf-Net* 得到的分割结果具有更精确的边界。相反, *Inf-Net* 会给出相对模糊的边界, 尤其是在细微的感染区域。

我们还在图 8 中展示了多类感染标记结果。可以看出, 我们的模型 *Semi-Inf-Net* & MC 在所有方法中始终表现最佳。值得注意的是, *Semi-Inf-Net* & MC 可以对毛玻璃影和肺结节感染区域进行准确的分割, 这进一步证明了我们模型的优势。相比之下, 具有不同步长的 DeepLabV3+ 和 FCN, 这些基线模型都无法令人满意地准确分割毛玻璃影和肺结节感染区域。

D. 消融实验

在本小节中, 我们进行一些实验来验证 *Semi-Inf-Net* 的每个关键组件 (包括 PPD、RA 和 EA 模块) 的性能。

1) PPD 的有效性: 为了探索并行的部分解码器的作用, 我们得出两个基线模型: 表 IV 中的 No.1 (仅主干网络) & No.3 (主干网络 + PPD)。结果清楚地表明, PPD 组件对于性能的提高十分必要。

2) RA 的有效性: 我们研究了 RA 模块的重要性。从表 IV 中, 我们观察到 No.4 (主干网络 + RA) 在主要指标 (例如: Dice、Sen. 和 MAE 等指标) 方面提高了主干网性能 (No.1)。这表明引入 RA 组件可以使我们的模型准确区分真正的感染区域。

3) PPD 和 RA 的有效性: 我们还研究了 PPD 和 RA 组件组合的重要性 (No.6)。如表 IV 中所示, 在大多数指标中, No.4 的性能要优于其他设置 (即: No.1 ~ No.4)。这些改进表明, 反向注意力与并行的部分解码器作为 *Inf-Net* 两个核心组件, 可以得到良好表现。

4) EA 的有效性: 最后, 我们研究了 EA 组件的重要性。从表 IV 中的这些结果 (No.2 对比 No.1, No.5 对比 No.4 和 No.7 对比 No.6), 可以清楚地看到 EA 组件可以有效地改善 *Inf-Net* 模型的分割效果。

E. 真实三维 CT 图像上的评估

在实际应用中, 每个三维 CT 图像都有多个二维图像, 其中可能包含很多没有被感染的图像 [79]。为了进一步验证所提出的方法在实际三维 CT 图像上的有效性, 我们使用近期公开的新冠肺炎感染分割数据集 [10], 该数据集来自于多位新冠肺炎患者的 9 个三维 CT 图像所提取而来的 638 个图像 (包括 285 个未感染的图像和 353 个感染的图像) 作为测试集, 用于评估我们模型的性能。结果显示在表 V 中。尽管包含未感染的图像, 我们的方法仍然获得了最佳的性能。因为我们使用了两个数据集进行半监督学习, 即: 带 100 张感染图像的标记数据 (50 张用于训练, 50 张用于测试) 和由真实的三维 CT 图像中获取的 1600 张二维 CT 图像的未标记数据。未标记的数据包含许多未感染的图像, 以确保我们的模型可以很好地处理未感染的图像。此外, 我们的 *Inf-Net* 是一个通用的感染区域分割框架, 可以很容易地实现其他类型的感染。

F. 局限性和未来展望

尽管我们的模型在分割受感染区域方面取得了不错的结果, 但当前模型仍存在一些局限性。首先, 我们的模型主要针对新冠肺炎患者的肺部感染区域分割。但是, 在临床实践中, 通常需要对新冠肺炎患者进行分类, 然后对感

表 II
在我们 COVID-SEMISEG 数据集上感染区域分割的定量结果

Methods	Backbone	Param.	FLOPs	Dice	Sen.	Spec.	S_α	E_ϕ^{mean}	MAE
U-Net [57]	VGG16	7.853 M	38.116 G	0.439	0.534	0.858	0.622	0.625	0.186
Attention-U-Net [73]	VGG16	8.727 M	31.730 G	0.583	0.637	0.921	0.744	0.739	0.112
Gated-U-Net [74]	VGG16	175.093 K	714.419 M	0.623	0.658	0.926	0.725	0.814	0.102
Dense-U-Net [75]	DenseNet161	45.082 M	43.785 G	0.515	0.594	0.840	0.655	0.662	0.184
U-Net++ [56]	VGG16	9.163 M	65.938 G	0.581	0.672	0.902	0.722	0.720	0.120
Inf-Net (Ours)	Res2Net [66]	33.122 M	13.922 G	0.682	0.692	0.943	0.781	0.838	0.082
Semi-Inf-Net (Ours)	Res2Net [66]	33.122 M	13.922 G	0.739	0.725	0.960	0.800	0.894	0.064

表 III

在我们的 COVID-SEMISEG 数据集上的毛玻璃影和肺结节区域定量测评结果。最佳的两个结果以红色和蓝色字体显示。完整的评估请参考我们的正文。

Methods	Ground-Glass Opacity						Consolidation						Average					
	Dice	Sen.	Spec.	S_α	E_ϕ^{mean}	MAE	Dice	Sen.	Spec.	S_α	E_ϕ^{mean}	MAE	Dice	Sen.	Spec.	S_α	E_ϕ^{mean}	MAE
DeepLabV3+ (stride=8) [76]	0.375	0.478	0.863	0.544	0.675	0.123	0.148	0.152	0.738	0.500	0.523	0.064	0.262	0.315	0.801	0.522	0.599	0.094
DeepLabV3+ (stride=16) [76]	0.443	0.713	0.823	0.548	0.655	0.156	0.238	0.310	0.708	0.517	0.606	0.077	0.341	0.512	0.766	0.533	0.631	0.117
FCNs [72]	0.471	0.537	0.905	0.582	0.774	0.101	0.279	0.268	0.716	0.560	0.560	0.050	0.375	0.403	0.811	0.571	0.667	0.076
Multi-class U-Net	0.441	0.343	0.984	0.588	0.714	0.082	0.403	0.414	0.967	0.577	0.767	0.055	0.422	0.379	0.976	0.583	0.741	0.066
Semi-Inf-Net & FCNs	0.646	0.720	0.941	0.711	0.882	0.071	0.301	0.235	0.808	0.571	0.571	0.045	0.474	0.478	0.875	0.641	0.723	0.058
Semi-Inf-Net & MC	0.624	0.618	0.966	0.706	0.889	0.067	0.458	0.509	0.967	0.603	0.767	0.047	0.541	0.564	0.967	0.655	0.828	0.057

表 IV

SEMI-INF-NET 模型的消融实验。最佳的两个结果以红色和蓝色字体显示。

Methods	Dice	Sen.	Spec.	S_α	E_ϕ^{mean}	MAE
(No.1) Backbone	0.442	0.570	0.825	0.651	0.569	0.207
(No.2) Backbone+EA	0.541	0.665	0.807	0.673	0.659	0.205
(No.3) Backbone+PPD	0.669	0.744	0.880	0.720	0.810	0.125
(No.4) Backbone+RA	0.625	0.826	0.809	0.668	0.736	0.177
(No.5) Backbone+RA+EA	0.672	0.754	0.882	0.738	0.804	0.122
(No.6) Backbone+PPD+RA	0.655	0.690	0.927	0.761	0.812	0.098
(No.7) Backbone+PPD+RA+EA	0.739	0.725	0.960	0.800	0.894	0.064

表 V

对具有 638 张二维 CT 图像 (285 个未感染片和 353 个感染片) 的 9 个真实的三维 CT 体图像上进行的性能测试。最佳的两个结果以红色和蓝色字体显示。

Model	Dice	Sen.	Spec.	Prec.	MAE
U-Net [57]	0.308	0.678	0.836	0.265	0.214
Attention-U-Net [73]	0.466	0.723	0.930	0.390	0.095
Gated-U-Net [74]	0.447	0.674	0.956	0.375	0.066
Dense-U-Net [75]	0.410	0.607	0.977	0.415	0.167
U-Net++ [56]	0.444	0.877	0.929	0.369	0.106
Inf-Net (Ours)	0.579	0.870	0.974	0.500	0.047
Semi-Inf-Net (Ours)	0.597	0.865	0.977	0.515	0.033

染区域进行细分以进行进一步治疗。因此，我们将研究一个 AI 自动诊断系统，该系统将新冠肺炎检测，肺部感染分割和感染区域量化整合到统一的框架之中。其次，对于我们的多类感染标记框架，我们首先应用 *Inf-Net* 获得感染区域，该区域可用于指导不同类型的肺部感染的多类标记。可以看出，我们进行了两步策略来实现多级感染标记，这可能导致学习效果不佳。在未来的工作中，我们将研究构建一个端到端的框架来完成此任务。此外，当考虑未感

染的图像时，我们的方法的准确性可能会有所下降。运行额外的按图片分类的分类器（例如，受感染 vs. 未感染）来选择受感染图片，这是避免加入未受感染图像时性能下降的有效解决方案。

V. 结论

在本文中，我们提出了一个名为 *Inf-Net* 的新冠肺炎肺部 CT 感染区域分割网络，该网络利用隐式反向注意力和显式边缘注意力来提高对感染区域分割的精度。此外，我们还提供了一种基于半监督学习的解决方案 *Semi-Inf-Net*，以缓解高质量标记数据的短缺。在我们的 COVID-SemiSeg 数据集和实际的三维 CT 图像数据集上进行的大量实验表明，本文的 *Inf-Net* 和 *Semi-Inf-Net* 优于最新的分割模型，并提高了最新技术的性能。我们的系统在评估新冠肺炎的诊断，例如量化感染区域、监测纵向疾病变化以及进行大规模筛查过程方面具有巨大的潜力。

参考文献

- [1] D.-P. Fan, T. Zhou, G.-P. Ji, Y. Zhou, G. Chen, H. Fu, J. Shen, and L. Shao, "Inf-net: Automatic covid-19 lung infection segmentation from ct images," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2020.
- [2] C. Wang, P. W. Horby, F. G. Hayden, and G. F. Gao, "A novel coronavirus outbreak of global health concern," *The Lancet*, vol. 395, no. 10223, pp. 470–473, feb 2020.
- [3] C. Huang, Y. Wang *et al.*, "Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China," *The Lancet*, vol. 395, no. 10223, pp. 497–506, feb 2020.
- [4] "Coronavirus COVID-19 global cases by the center for systems science and engineering at johns hopkins university," <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>, accessed: 2020-04-02.

- [5] G. D. Rubin, L. B. Haramati *et al.*, “The role of chest imaging in patient management during the COVID-19 pandemic: A multinational consensus statement from the fleischner society,” *Radiology*, p. 201365, apr 2020.
- [6] F. Shi, J. Wang *et al.*, “Review of Artificial Intelligence Techniques in Imaging Data Acquisition, Segmentation and Diagnosis for COVID-19,” *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, 2020.
- [7] T. Ai, Z. Yang *et al.*, “Correlation of chest CT and rt-pcr testing in coronavirus disease 2019 (COVID-19) in China: A report of 1014 cases,” *Radiology*, vol. 2019, p. 200642, feb 2020.
- [8] Y. Fang, H. Zhang *et al.*, “Sensitivity of chest CT for COVID-19: Comparison to RT-PCR,” *Radiology*, p. 200432, 2020.
- [9] M.-Y. Ng, E. Y. Lee, and otehrs, “Imaging profile of the COVID-19 infection: Radiologic findings and literature review,” *Radiology: Cardiothoracic Imaging*, vol. 2, no. 1, p. e200034, 2020.
- [10] “COVID-19 CT segmentation dataset,” <https://medicalsegmentation.com/covid19/>, accessed: 2020-04-11.
- [11] Z. Ye, Y. Zhang, Y. Wang, Z. Huang, and B. Song, “Chest CT manifestations of new coronavirus disease 2019 (COVID-19): a pictorial review,” *European Radiology*, vol. 2019, no. 37, pp. 1–9, mar 2020.
- [12] L. Wang and A. Wong, “COVID-Net: A Tailored Deep Convolutional Neural Network Design for Detection of COVID-19 Cases from Chest Radiography Images,” *arXiv*, mar 2020.
- [13] J. Zhang, Y. Xie, Y. Li, C. Shen, and Y. Xia, “COVID-19 Screening on Chest X-ray Images Using Deep Learning based Anomaly Detection,” *arXiv*, mar 2020.
- [14] X. Xu, X. Jiang *et al.*, “Deep learning system to screen coronavirus disease 2019 pneumonia,” *arXiv*, 2020.
- [15] C. Zheng, X. Deng *et al.*, “Deep Learning-based Detection for COVID-19 from Chest CT using Weak Label,” *medRxiv*, 2020.
- [16] H. Fu, D.-P. Fan, G. Chen, and T. Zhou, “COVID-19 Imaging-based AI Research Collection,” https://github.com/HzFu/COVID19_imaging_AI_paper_list.
- [17] S. Chaganti, A. Balachandran *et al.*, “Quantification of tomographic patterns associated with COVID-19 from chest CT,” *arXiv*, 2020.
- [18] F. Shan, Y. Gao *et al.*, “Lung infection quantification of COVID-19 in CT images with deep learning,” *arXiv*, 2020.
- [19] J. P. Cohen, P. Morrison, and L. Dao, “COVID-19 image data collection,” *arXiv*, 2020.
- [20] J. Zhao, Y. Zhang, X. He, and P. Xie, “COVID-CT-Dataset: a CT scan dataset about COVID-19,” *arXiv*, 2020.
- [21] “COVID-19 Patients Lungs X Ray Images 10000,” <https://www.kaggle.com/nabeelsajid917/covid-19-x-ray-10000-images>, accessed: 2020-04-11.
- [22] M. E. H. Chowdhury, T. Rahman *et al.*, “Can AI help in screening Viral and COVID-19 pneumonia?” *arXiv*, 2020.
- [23] I. Sluimer, A. Schilham, M. Prokop, and B. Van Ginneken, “Computer analysis of computed tomography scans of the lung: a survey,” *IEEE TMI*, vol. 25, no. 4, pp. 385–405, 2006.
- [24] B. Kamble, S. P. Sahu, and R. Doriya, “A review on lung and nodule segmentation techniques,” in *Advances in Data and Information Sciences*. Springer, 2020, pp. 555–565.
- [25] P. M. Gordaliza, A. Muñoz-Barrutia, M. Abella, M. Desco, S. Sharpe, and J. J. Vaquero, “Unsupervised CT lung image segmentation of a mycobacterium tuberculosis infection model,” *Scientific reports*, vol. 8, no. 1, pp. 1–10, 2018.
- [26] A. Muñoz-Barrutia, M. Ceresa, X. Artaechevarria, L. M. Montuenga, and C. Ortiz-de Solorzano, “Quantification of lung damage in an elastase-induced mouse model of emphysema,” *International journal of biomedical imaging*, vol. 2012, 2012.
- [27] M. Keshani, Z. Azimifar, F. Tajeripour, and R. Boostani, “Lung nodule segmentation and recognition using SVM classifier and active contour modeling: A complete intelligent system,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 43, no. 4, pp. 287–300, 2013.
- [28] S. Shen, A. A. Bui, J. Cong, and W. Hsu, “An automated lung segmentation approach using bidirectional chain codes to improve nodule detection accuracy,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 57, pp. 139–149, 2015.
- [29] S. Wang, M. Zhou *et al.*, “Central focused convolutional neural networks: Developing a data-driven model for lung nodule segmentation,” *Medical image analysis*, vol. 40, pp. 172–183, 2017.
- [30] D. Jin, Z. Xu, Y. Tang, A. P. Harrison, and D. J. Mollura, “CT-realistic lung nodule simulation from 3D conditional generative adversarial networks for robust lung segmentation,” in *MICCAI*. Springer, 2018, pp. 732–740.
- [31] J. Jiang, Y.-C. Hu *et al.*, “Multiple resolution residually connected feature streams for automatic lung tumor segmentation from CT images,” *IEEE TMI*, vol. 38, no. 1, pp. 134–144, 2018.
- [32] T. Schlegl, P. Seeböck, S. M. Waldstein, U. Schmidt-Erfurth, and G. Langs, “Unsupervised anomaly detection with generative adversarial networks to guide marker discovery,” in *Information Processing in Medical Imaging*, M. Niethammer, M. Styner, S. Aylward, H. Zhu, I. Oguz, P.-T. Yap, and D. Shen, Eds., Cham, 2017, pp. 146–157.
- [33] R. Chalapathy and S. Chawla, “Deep Learning for Anomaly Detection: A Survey,” *arXiv:1901.03407*, 2019.
- [34] K. Zhou, S. Gao *et al.*, “Sparse-GAN: Sparsity-constrained Generative Adversarial Network for Anomaly Detection in Retinal OCT Image,” in *ISBI*, 2020.
- [35] H. Shin, H. R. Roth, M. Gao, L. Lu, Z. Xu, I. Nogues, J. Yao, D. Mollura, and R. M. Summers, “Deep Convolutional Neural Networks for Computer-Aided Detection: CNN Architectures, Dataset Characteristics and Transfer Learning,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 35, no. 5, pp. 1285–1298, 2016.
- [36] V. Cheplygina, M. de Bruijne, and J. P. Pluim, “Not-so-supervised: A survey of semi-supervised, multi-instance, and transfer learning in medical image analysis,” *Medical Image Analysis*, vol. 54, pp. 280–296, 2019.
- [37] X. J. Zhu, “Semi-supervised learning literature survey,” University of Wisconsin-Madison Department of Computer Sciences, Tech. Rep., 2005.
- [38] J. E. van Engelen and H. H. Hoos, “A survey on semi-supervised learning,” *Machine Learning*, vol. 109, no. 2, pp. 373–440, feb 2020.
- [39] D.-H. Lee, “Pseudo-label: The simple and efficient semi-supervised learning method for deep neural networks,” in *Workshop on challenges in representation learning, ICML*, vol. 3, 2013, p. 2.
- [40] S. Laine and T. Aila, “Temporal ensembling for semi-supervised learning,” *ICLR*, 2017.
- [41] A. Rasmus, M. Berglund, M. Honkala, H. Valpola, and T. Raiko, “Semi-supervised learning with ladder networks,” in *NIPS*, 2015, pp. 3546–3554.
- [42] N. Tajbakhsh, L. Jeyaseelan, Q. Li, J. N. Chiang, Z. Wu, and X. Ding, “Embracing imperfect datasets: A review of deep

- learning solutions for medical image segmentation,” *Medical Image Analysis*, vol. 63, p. 101693, 2020.
- [43] D. Nie, Y. Gao, L. Wang, and D. Shen, “Asdnet: Attention based semi-supervised deep networks for medical image segmentation,” in *MICCAI*. Springer, 2018, pp. 370–378.
- [44] W. Cui, Y. Liu *et al.*, “Semi-supervised brain lesion segmentation with an adapted mean teacher model,” in *Information Processing in Medical Imaging*, 2019, pp. 554–565.
- [45] Y.-X. Zhao, Y.-M. Zhang, M. Song, and C.-L. Liu, “Multi-view Semi-supervised 3D Whole Brain Segmentation with a Self-ensemble Network,” in *MICCAI*, 2019, pp. 256–265.
- [46] V. Rajinikanth, N. Dey *et al.*, “Harmony-Search and Otsu based System for Coronavirus Disease (COVID-19) Detection using Lung CT Scan Images,” *arXiv*, 2020.
- [47] S. Wang, B. Kang *et al.*, “A deep learning algorithm using CT images to screen for corona virus disease (COVID-19),” *medRxiv*, 2020.
- [48] J. Chen, L. Wu *et al.*, “Deep learning-based model for detecting 2019 novel coronavirus pneumonia on high-resolution computed tomography: a prospective study,” *medRxiv*, 2020.
- [49] A. Senior, J. Jumper, and D. Hassabis, “AlphaFold: Using AI for scientific discovery,” *DeepMind. Recuperado de: <https://deepmind.com/blog/alphafold>*, 2018.
- [50] Z. Hu, Q. Ge, L. Jin, and M. Xiong, “Artificial intelligence forecasting of COVID-19 in China,” *arXiv*, 2020.
- [51] O. Gozes, M. Frid-Adar *et al.*, “Rapid AI development cycle for the coronavirus (COVID-19) pandemic: Initial results for automated detection & patient monitoring using deep learning CT image analysis,” *arXiv*, 2020.
- [52] Y. Song, S. Zheng *et al.*, “Deep learning enables accurate diagnosis of novel coronavirus (COVID-19) with CT images,” *medRxiv*, 2020.
- [53] Z. Tang, W. Zhao *et al.*, “Severity assessment of coronavirus disease 2019 (COVID-19) using quantitative features from chest CT images,” *arXiv*, 2020.
- [54] F. Shi, L. Xia *et al.*, “Large-scale screening of COVID-19 from community acquired pneumonia using infection size-aware classification,” *arXiv*, 2020.
- [55] C. Szegedy, W. Liu *et al.*, “Going deeper with convolutions,” in *CVPR*, 2015, pp. 1–9.
- [56] Z. Zhou, M. M. R. Siddiquee, N. Tajbakhsh, and J. Liang, “UNet++: A nested U-Net architecture for medical image segmentation,” *IEEE TMI*, pp. 3–11, 2019.
- [57] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, “U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation,” in *MICCAI*. Springer, 2015, pp. 234–241.
- [58] J.-X. Zhao, J.-J. Liu *et al.*, “EGNet: Edge guidance network for salient object detection,” in *ICCV*, 2019, pp. 8779–8788.
- [59] Z. Wu, L. Su, and Q. Huang, “Stacked cross refinement network for edge-aware salient object detection,” in *ICCV*, 2019, pp. 7264–7273.
- [60] Z. Zhang, H. Fu *et al.*, “ET-Net: A generic edge-attention guidance network for medical image segmentation,” in *MICCAI*, 2019, pp. 442–450.
- [61] H. Fu, J. Cheng, Y. Xu, D. W. K. Wong, J. Liu, and X. Cao, “Joint Optic Disc and Cup Segmentation Based on Multi-Label Deep Network and Polar Transformation,” *IEEE TMI*, vol. 37, no. 7, pp. 1597–1605, jul 2018.
- [62] Z. Gu, J. Cheng *et al.*, “CE-Net: Context Encoder Network for 2D Medical Image Segmentation,” *IEEE TMI*, vol. 38, no. 10, pp. 2281–2292, 2019.
- [63] S. Zhang, H. Fu *et al.*, “Attention Guided Network for Retinal Image Segmentation,” in *MICCAI*, 2019, pp. 797–805.
- [64] F. Isensee, P. F. Jäger *et al.*, “Automated Design of Deep Learning Methods for Biomedical Image Segmentation,” *arXiv*, 2020.
- [65] Z. Wu, L. Su, and Q. Huang, “Cascaded partial decoder for fast and accurate salient object detection,” in *CVPR*, 2019, pp. 3907–3916.
- [66] S. Gao, M.-M. Cheng *et al.*, “Res2Net: A new multi-scale backbone architecture,” *IEEE TPAMI*, 2019.
- [67] Y. Wei, J. Feng, X. Liang, M.-M. Cheng, Y. Zhao, and S. Yan, “Object region mining with adversarial erasing: A simple classification to semantic segmentation approach,” in *CVPR*, 2017, pp. 1568–1576.
- [68] S. Chen, X. Tan, B. Wang, and X. Hu, “Reverse attention for salient object detection,” in *ECCV*, 2018, pp. 234–250.
- [69] X. Qin, Z. Zhang, C. Huang, C. Gao, M. Dehghan, and M. Jagersand, “BASNet: Boundary-aware salient object detection,” in *CVPR*, 2019, pp. 7479–7489.
- [70] J. Wei, S. Wang, and Q. Huang, “F3Net: Fusion, feedback and focus for salient object detection,” in *AAAI*, 2020.
- [71] S. Mittal, M. Tatarchenko, Ö. Çiçek, and T. Brox, “Parting with illusions about deep active learning,” *arXiv preprint arXiv:1912.05361*, 2019.
- [72] J. Long, E. Shelhamer, and T. Darrell, “Fully convolutional networks for semantic segmentation,” in *CVPR*, 2015, pp. 3431–3440.
- [73] O. Oktay, J. Schlemper *et al.*, “Attention U-Net: Learning Where to Look for the Pancreas,” in *International Conference on Medical Imaging with Deep Learning*, 2018.
- [74] J. Schlemper, O. Oktay, M. Schaap, M. Heinrich, B. Kainz, B. Glocker, and D. Rueckert, “Attention gated networks: Learning to leverage salient regions in medical images,” *Medical Image Analysis*, vol. 53, pp. 197–207, 2019.
- [75] X. Li, H. Chen, X. Qi, Q. Dou, C. Fu, and P. Heng, “HDenseUNet: Hybrid Densely Connected UNet for Liver and Tumor Segmentation From CT Volumes,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 37, no. 12, pp. 2663–2674, 2018.
- [76] L.-C. Chen, Y. Zhu, G. Papandreou, F. Schroff, and H. Adam, “Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation,” in *ECCV*, 2018, pp. 801–818.
- [77] D.-P. Fan, M.-M. Cheng, Y. Liu, T. Li, and A. Borji, “Structure-measure: A new way to evaluate foreground maps,” in *ICCV*, 2017, pp. 4548–4557.
- [78] D.-P. Fan, C. Gong *et al.*, “Enhanced-alignment measure for binary foreground map evaluation,” *IJCAI*, pp. 698–704, 2018.
- [79] J. Ma, Y. Wang, X. An *et al.*, “Towards efficient COVID-19 CT annotation: A benchmark for lung and infection segmentation,” *arXiv*, 2020.