

沃靖杰,田绪红,尹令,等.基于改进Mask-Scoring R-CNN的肌纤维自动分割与表型计算方法研究[J].华中农业大学学报,2025,44(2):134-144.DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2025.02.014

基于改进Mask-Scoring R-CNN的肌纤维自动分割 与表型计算方法研究

沃靖杰¹,田绪红¹,尹令^{1,2,3},杨杰^{2,3,4},姚泽锴⁴,蔡更元^{2,3,4}

1. 华南农业大学数学与信息学院,广州 510642; 2. 国家生猪种业工程技术研究中心,广州 510642;
3. 猪禽种业全国重点实验室,广州 510640; 4. 华南农业大学动物科学学院,广州 510642

摘要 为解决人工手动分割与半自动分割的精度及效率问题以及通用分割模型在面对各种噪声干扰时的表现不足,提出改进Mask-Scoring R-CNN的实例分割模型,实现对肌纤维细胞的高效分割。在Mask-Scoring R-CNN模型中引入CBAM(convolutional block attention module)注意力机制,并对其进行改进,强化模型对特征信息的提取与表达,从而提升分割效果与模型在肌纤维分割任务中的泛化能力。改进Mask-Scoring R-CNN模型在103张测试集的测试结果显示,表型数据测定值的均方根误差均比原模型更小,肌纤维总数均方根误差从2.08降至1.26,面积均方根误差从212.21 μm^2 降低至181.36 μm^2 ,平均直径均方根误差从2.87 μm 降低至1.47 μm 。试验结果表明改进后的模型能有效应对含噪声的肌纤维图像,在常见的噪声环境下依然能够准确分割出每个肌纤维。

关键词 实例分割; Mask-Scoring R-CNN; 猪肉肌纤维表型; 细胞分割; 注意力机制

中图分类号 TP391 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2025)02-0134-11

计算机视觉技术的快速发展使其逐步被应用于各种农业场景中^[1-3],推动农业应用逐步智能化、自动化^[4-6]。在肉食品加工以及肉质遗传改良的研究中,计算机视觉技术为肉质的系水能力^[7]、肌肉脂肪含量^[8-9]、颜色和表面纹理的评估^[10-11]以及肌纤维的量化等^[12-14]提供了更加高效的技术手段。肌纤维是构成肌肉的基本结构单位,很大程度上决定了鲜肉的质量^[15]。目前越来越多研究者尝试使用计算机视觉技术自动分析肌纤维表型特征(形态特征、数量、类型等)来代替传统的手动分析。手动分析肌纤维特征需要花费观察者大量时间来描绘肌纤维的边界,不仅容易出现主观误差和偏差,并且耗时费力,由于分析效率低导致评估肌纤维数量较少进而可能影响肌纤维评估的整体准确性^[16]。

计算机视觉技术实现肌纤维量化的过程中,从显微图像中将多个相邻的肌纤维正确分割成单个肌纤维是一个关键步骤,也是一个经典难题。目前各种研究分割肌纤维边界的技术多遵循多步骤图像处

理方法,如:①图像预处理,包括亮度调整、对比度增强等;②特征提取,特征包括边缘信息、形状特征、灰度梯度等;③种子检测,即找到肌纤维的中心;④边界分割,常用的肌纤维分割方法有基于聚类的K-means分割与图像区域生长的分水岭分割,如Smith等^[17]开发的SMASH将使用分水岭算法进行分割的肌肉组织学自动分析引入了该领域。基于阈值的Otsu分割方法,如Wang^[18]使用阈值选择将显微图像转化为二值图像,将肌纤维与背景分离,结合侵蚀、膨胀2种图像处理技术得到更完整的分割结果。基于支持向量机(SVM)的分类算法将包含有多个肌纤维的团块分解为单个细胞,如Kastenschmidt等^[19]开发的QuantiMus程序通过“填充”伪间隙来生成边界更为精确的二值图像。还有方法利用深度学习模型进行肌纤维分割,如Li等^[20]提出一种基于训练的深度学习卷积神经网络(DCNN),用于改进肌纤维边界分割的方法,该方法是在FusionNet分割网络的基础上进行改进。为避免单一肌纤维分割方法的缺陷,有

收稿日期:2023-10-18

基金项目:国家自然科学基金项目(32172780);国家重点研发项目(2023YFD1300202)

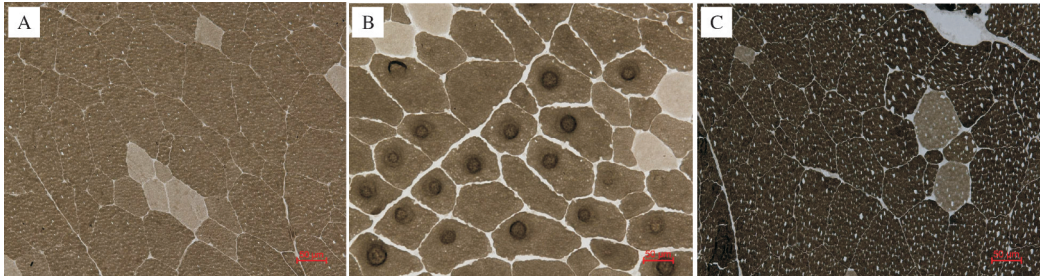
沃靖杰,E-mail:823549589@qq.com

通信作者:尹令,E-mail:yin_ling@scau.edu.cn

研究结合多种方法或采用组合算法以提高分割效果,如 Wen 等^[21]开发的 MyoVision 程序对标记过的骨骼肌横截面进行了滤波和增强,以突出线和边缘结构,再采用 K-means 聚类将增强后的图像分割为膜区域和细胞质区域,最后通过应用分水岭算法对种子区域进行分割。各种自动分割算法加速了肌肉组织学的评估,不过其中有 3 个方法需要用户手动干预以提高结果的准确性^[17-19],这样还会增加执行分析所需的时间。

以往研究多是在高信噪比和完整肌纤维边界的图像上表现良好,然而由于样品保存条件的原因,肌

纤维细胞图像可能会出现冰晶以及黑圈的干扰(如图 1 所示)。针对出现冰晶的形态变化较大的复杂图像尚未有肌纤维分割模型进行验证,本研究提出一种广泛适用于各种清晰度和信噪比图像的肌纤维分割算法,以 Mask-Scoring R-CNN 模型为基础,引入 CBAM(convolutional block attention module)注意力机制^[22]捕捉通道间关联信息与强化空间信息,并在 CBAM 注意力机制中加入特征强化卷积模块,实现在不同图像质量下的肌纤维细胞全自动精确分割,并在获得分割结果之后自动测定肌纤维细胞表型指标。



A:无干扰;B:黑圈干扰;C:冰晶干扰。A;Distracti on-free;B;Black circle interference;C;Ice interference.

图 1 各种情况下的肌纤维图片
Fig.1 Fiber images of various conditions

1 材料与方法

1.1 图像采集与预处理

试验数据来源于温氏食品集团有限公司下属 4 个养殖场,相同饲养条件下育肥的 2018—2019 年出生的 751 头猪,分 13 批屠宰,从屠宰后猪的第 13~14 胸椎间最长肌横截面的中心位置采集肌肉样本。首先,样本固定在扁棒上,沿着肌纤维切成 0.5 cm×0.5 cm×1.0 cm 的长方体,并储存于-80℃液氮环境中直至分析。然后,使用低温切片机(Thermo,Cryo-tome E,America)在-20℃条件下将冷冻样品切成 5~7 μm²横截面,置于显微镜载玻片上,在室温下解冻并干燥 1~2 h。最后,在碱性(pH 9.4)预孵育条件下对冷冻切片进行肌球蛋白三磷酸腺苷酶(mATPase)活性染色,以识别 I 型(浅灰色或无色)和 II 型(深灰色或黑色)肌纤维(图 2),由此获取肌纤维的横截面图像。

使用尼康 DS-Ri1(4.30.06)设备和明视场显微镜随机捕获每个肌肉横截面的 4 个视野,并在 20 倍最终放大倍数下进行数字成像。本试验共有 2 413 张显微图像,每张显微图像均为 1 024 像素×1 280 像素。采用计算机辅助图像分析软件(ImagePro-Plus,

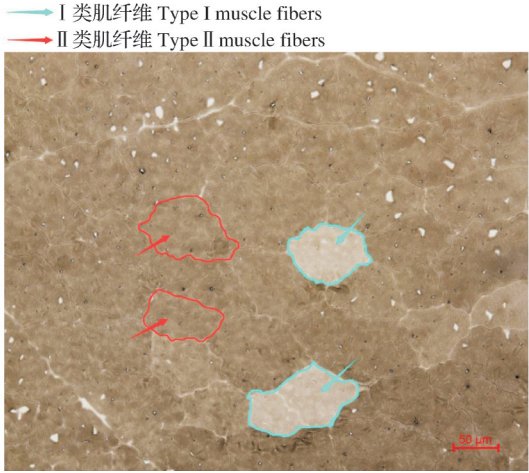


图 2 两类不同颜色肌纤维对比

Fig.2 Comparison of two types of muscle fibers in different colors

MediaCybernetics,USA)对图像进行手动处理,将包含有多个肌纤维的团块分割为单个细胞,这些经过处理的图像将作为训练模型的标签。

为增强训练网络模型的鲁棒性,对训练集数据进行放大、缩小、旋转、镜像等数据增强方式来扩充训练集样本。考虑到使用原分辨率的图像训练会耗费大量计算资源,同时精度并不会有明显提升,故使用小尺寸精度图像进行训练。因此,将每张图

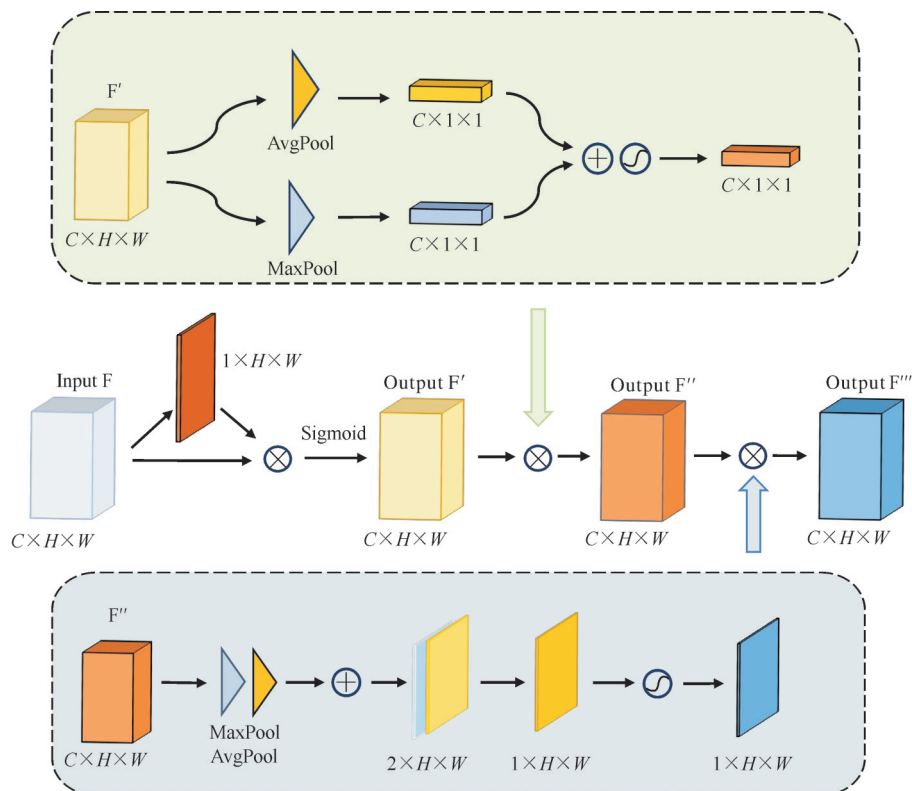
像等比放缩成 $256 \text{ 像素} \times 256 \text{ 像素}$ 后对模型进行训练,在保证模型精度的前提下提高模型训练与推理效率。

1.2 肌纤维细胞分割模型及表型计算

1)改进CBAM模块。为增强肌纤维细胞图像的空间特征提取,准确分割出完整肌纤维细胞,本研究基于CBAM注意力机制,强化特征提取,提高肌纤维细胞分割精度。试验所用肌纤维细胞图像为切片中显微镜观测部分区域,每张图像边缘有不完整的肌纤维细胞,不完整肌纤维细胞不参与表型指标统计,因此分割模型不能将边缘细胞计入分割域,且肌纤维细胞边界分割效果将直接影响后续表型指标的计算精度,因此在训练模型时须对图像特征加以强化,以获取更精确的分割边界。CBAM注意力机制结合了通道注意力^[23]与空间注意力^[24],对图像的通道间特征关系以及空间结构特征信息进行捕捉,提取关键的通道与空间信息并进行交互与加强,在改善网络性能与泛化性上已展现出优秀的能力。本研究应用CBAM注意力机制并改进其位置信息的特征处理,引入空间特征强化模块,实现对空间位置信息更

精准的捕捉。

本研究改进后的模块如图3所示,包含2个子模块,即空间特征强化子模块与CBAM子模块。在空间特征强化子模块中输入图像特征送入卷积层进行空间特征提取,得到 $1 \times H \times W$ 的空间特征权重,该空间特征权重与图像输入特征相乘,经过 Sigmoid 函数归一化,从而实现对空间特征的强化。CBAM子模块则由通道特征提取模块与空间特征提取模块依次串联而成。特征图 F' 先进入通道特征提取模块,先由并联的最大池与平均池压缩空间维度并重点关注通道维度,获取对应的2个 $C \times 1 \times 1$ 的通道特征,然后由共享全连接层先进行通道数压缩,再映射回原通道数,实现对通道信息共享与重建,并进行特征相加,由 Sigmoid 激活即可得到所需的通道权重。该通道权重包含重要的通道信息,特征图 F' 与该通道权重相乘,实现通道信息的交互与增强,得到特征图 F'' ,然后 F'' 进入空间特征提取模块,同时通过的最大池与平均池得到2个 $1 \times H \times W$ 的特征权重,并将2个特征权重拼接得到 $2 \times H \times W$ 的特征权重,该特征比只经过最大池或平均池的权重包含更多信息,将该



C, H, W 分别为输入特征图的通道数、高度以及宽度, Sigmoid 函数为激活函数进行归一化处理。 C, H 和 W represent the number of channels, height, and width of the input feature map, respectively. The Sigmoid function is used as the activation function for normalization.

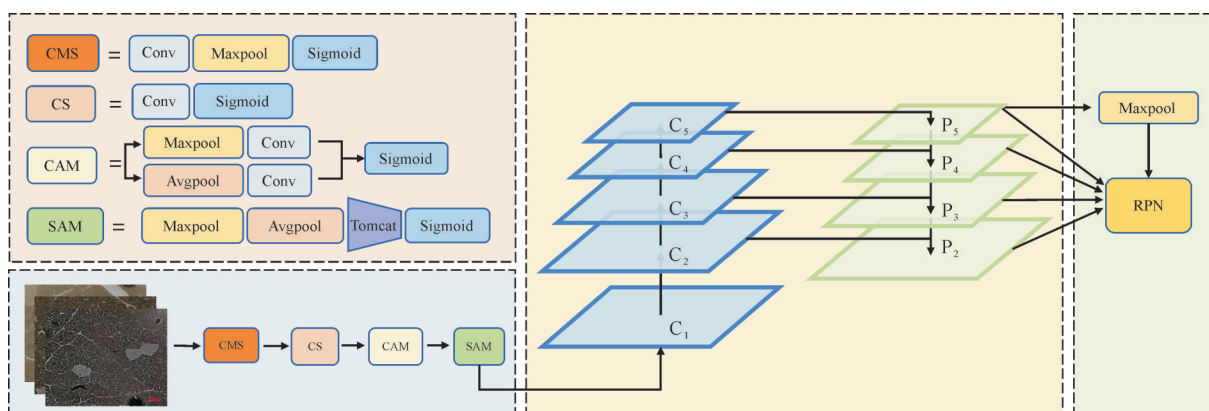
图3 改进的CBAM注意力机制模块

Fig.3 Improved CBAM attention mechanism module

特征与通道数为1的卷积核进行卷积,并经过 Sigmoid 函数进行激活,得到所需的 $1 \times H \times W$ 的空间权重, F'' 与该权重相乘得到 ResNet 残差模块^[25-26]的输入特征图 F''' 。 F''' 在原输入特征 F 的基础上依次进行了空间特征、通道特征、空间特征的交互与强化,对重要的空间信息与通道信息均用更强的关注力,从而提高整个分割网络的准确率与分割效果。

2)改进网络模型。本研究设计的肌纤维分割模型包括感兴趣区域(RoI)提取模块与图像分割模块。感兴趣区域提取模块如图4所示使用了 ResNet50 残差网络,输出4个不同尺度的特征进入特征金字塔(FPN)^[27],最下层特征在特征金字塔中逐层上采样,并与同尺度特征相加,然后进行卷积消除上采样带来的混淆效应,FPN 模块最终会输出5个不同层级的特征进入 RPN 模块,所有输出特征都将在 RPN 模块用于候选框生成。在该模块中,输入图像依次进入卷积层、最大池,再经过 Sigmoid 函数激活得到 $64 \times$

64×64 的特征,该特征通过 CS 模块进行空间特征强化,得到 $64 \times 64 \times 64$ 的特征图,再通过 CAM 模块进行通道特征强化与交互,然后通过 SAM 模块对空间信息再次强化关注得到特征图 C_1 。在 ResNet 残差网络中对 C_1 逐层下采样得到 $C_2 \sim C_5$, C_1 下采样到 C_2 时,特征尺寸减半,通道扩展到 256, $C_3 \sim C_5$ 的采样每层级尺寸减半,通道数加倍,多次下采样得到包含不同尺度与语义信息的四级特征 $C_2 \sim C_5$,同时将该四级特征作为 FPN 的输入。在 FPN 中,首先将最下级特征 C_5 卷积得到 P_5 ,为消除上采样的混淆效应, P_5 上采样后与卷积后的 C_4 相加得到 P_4 ,并层层上采样得到 $P_2 \sim P_5$ 4 个不同尺度与分辨率的特征,这 4 层特征通过卷积层使通道数统一到 256,与最大池化后的 P_5 共同进入 RPN 模块提取感兴趣区域。相较于原 ResNet 网络直接将最大池化特征进行下采样,本研究引入的模块对特征展开了进一步融合强化,增强信息特征的利用。



Conv 为卷积层,下同。Conv refers to the convolutional layer, the same applies to the following.

图4 感兴趣区域提取模块

Fig.4 RoI extraction

图像特征经过 RPN 模块获取感兴趣区域后,进行分割掩码的训练,如图5。首先通过 ROIAlign 对 ROI 的特征进行提取并对齐,获得 $256 \times 7 \times 7$ 的 ROI 特征用于感兴趣区域分类,并获得 $256 \times 14 \times 14$ 的特征用于分割,分类分支由2个最大池组成,将特征转换成 $1024 \times 1 \times 1$ 用于分类与回归。分割分支由多个卷积层组成,为减小前面多次卷积降低分辨率对分割的影响,该分支的卷积层将分辨率扩展到 28×28 ,用于更为精确的掩码分割。该模块同时结合 Mask-Scoring R-CNN^[28]对 Mask R-CNN^[29]的改进方式,增加 MaskIoU 模块对分割结果进行评分,将候选框特征与预测的 Mask 进行拼接(Concat),作为

MaskIoU 部分的输入,经过4层卷积层与3层全连接层进行回归训练。损失函数采用类别 class 的损失与 MaskIoU 的损失相乘,这样在确保分割类别正确率同时提升分割效果。

3)肌纤维图像表型指标计算。本研究采用试验图像与实际长度的比例尺为1像素: $0.4587 \mu\text{m}$ 。在计算肌纤维图像实际表型指标时需要按像素求出面积及平均直径后再按照比例尺转换为实际真实值。本试验研究的肌纤维细胞表型特征包括肌纤维总数、肌纤维面积以及肌纤维的平均直径,其具体计算流程如图6所示。

肌纤维源图像送入分割网络获取分割掩码,再

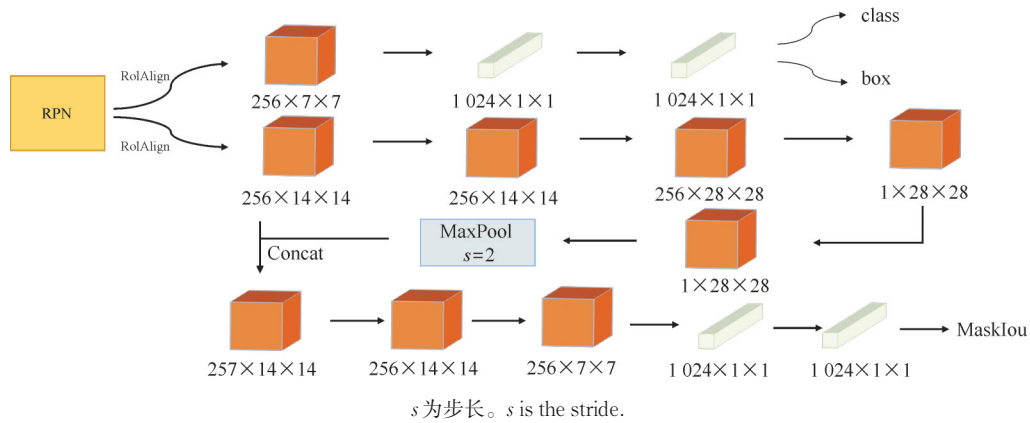


图 5 基于Mask-Scoring R-CNN的图像分割模块

Fig.5 Image segmentation based on Mask-Scoring R-CNN

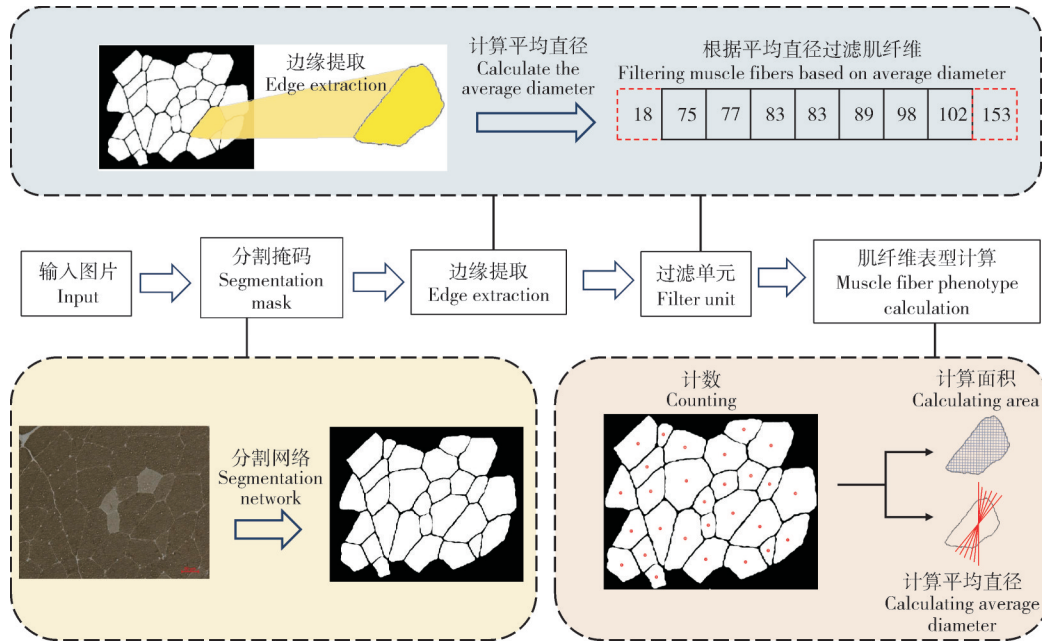


图 6 肌纤维表型数据计算流程

Fig.6 Calculation of muscle fiber phenotype data

使用Canny 边缘检测技术对掩码结果进行处理,得到每个肌纤维细胞的轮廓边缘,之后送入过滤单元,依据图像中每个肌纤维的平均直径,对全部肌纤维执行1次过滤操作,去除平均直径过大与过小的异常肌纤维细胞,消除异常肌纤维对整体造成的影响。

过滤操作具体算法如下:

①质心:将每个肌纤维细胞区域内部的点坐标相加取平均值,得到每个肌纤维细胞的质心。

②平均直径:以肌纤维细胞质心为定点,每间隔 2° 作过该定点的直线,取所作直线与肌纤维轮廓的2个交点连成的线段,求线段长度,所有线段长度的平均长度与长度比例尺相乘即为该肌纤维细胞的平均直径。

③标准差:根据图像中所有肌纤维细胞的平均直径计算出图像中直径的标准差,公式如下:

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum (d_i - \hat{d})^2}{N}} \quad (1)$$

其中, σ 为标准差, N 为该图像中肌纤维细胞个数, d_i 为第*i*个肌纤维的平均直径, \hat{d} 为各维细胞平均直径的平均值。

④过滤肌纤维:对图像中每个肌纤维细胞进行筛选,筛选公式如下:

$$\hat{d} - 2.58 \times \sigma < d_i < \hat{d} + 2.58 \times \sigma \quad (2)$$

式(2)中 d_i , \hat{d} 以及 σ 的含义同公式(1),筛选后保留直径在平均直径长度增减2个标准差范围内的肌纤维细胞。

过滤操作完成后计算余下的肌纤维细胞表型指标,肌纤维总数为统计过滤后余下的肌纤维轮廓数量,每个轮廓即是 1 个肌纤维细胞的轮廓。肌纤维面积为每个轮廓内像素点的总数通过比例尺换算,即为肌纤维实际面积。肌纤维平均直径为以轮廓形心为定点,每隔 2°所截线段长度的平均值通过比例换算,即为肌纤维平均直径。

4)模型训练与试验环境。本研究试验数据集为 2 541 张肌纤维图像,丢弃损坏的数据后,最终获得 2 516 张肌纤维图像,按比例随机划分成训练集 2 171 张、验证集 242 张和测试集 103 张。

本研究在模型训练中使用随机梯度下降(stochastic gradient descent,SGD)算法作为优化器,优化器学习率设置为 0.005,动量为 0.9,权重衰减系数为 0.000 1。训练次数初设为 50 次,训练集的 batch_size 为 2,每轮(epoch)使用验证集对模型进行验证,观察模型收敛程度,防止模型过拟合。

本试验环境配置:处理器 Intel Core i7-12700KF,内存 32 G,显卡 8 G 显存的 NVIDIA GeForce RTX 3060TI,使用 Python 3.8 开发语言基于 PyTorch 深度学习框架进行试验。

1.3 评价指标

本研究以 mAP(IoU=0.50:0.95)(mean average precision)作为图像实例分割模型的评价指标,AP(IoU=0.50)计算方式为分割结果与真实标签的 IoU 大于 0.50 即认为该目标分割正确,AP(IoU=0.50:0.95)是 IoU 阈值设置为 0.50~0.95 时 AP 的平均值,mAP 为各分割实例对象类别的 AP 平均值,本研究中实例类型仅有肌纤维 1 个实例分割目标,因此本试

验中 AP(IoU=0.50:0.95)即为 mAP(IoU=0.50:0.95),其中 IoU 的计算方式如下:

R_{IoU} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \tag{3}

其中,A 和 B 分别代表预测边界框和真实边界框的区域,|A ∩ B|表示 2 个边界框的交集面积,|A ∪ B|表示 2 个边界框的并集面积。在本研究研究的肌纤维细胞中,mAP 无法很好指出分割的效果,如 IoU=0.8 与 IoU=0.9 的分割结果计算 AP(IoU=0.5)时都会被归入正确的分割,但分割的效果却并不相同,这表明,尽管 mAP 是一个重要的评价指标,但它可能无法完全展示肌纤维表型指标的分割效果好坏。考虑到肌纤维细胞的特殊性和复杂性,本研究引入肌纤维形态学特征的定量分析,以更全面地评估分割效果。

本研究结合图像实例分割领域常用的模型性能评价指标与肌纤维细胞表型评价的常用指标,选用肌纤维表型中的总数量、平均直径、面积 3 个指标与人工测算的相应指标的均方根误差作为分割效果主要评价指标,使用 mAP 作为分割模型的辅助评价指标,对模型的分割效果进行全面分析,确保其在各种噪声干扰条件下的准确性和可靠性。

2 结果与分析

2.1 改进的 CBAM 模块分析

通过在基础分割模型 Mask-Scoring R-CNN 中分别添加 CBAM 模块、改进后的 CBAM 模块,与原模型进行对比以验证改进的 CBAM 模块设计的有效性。由表 1 可知,加入 CBAM 注意力机制(Mask-

表 1 CBAM 模块改进前后性能对比

模型 Models	mAP/%	RMSE-S	RMSE-A/μm ²	RMSE-D/μm	Diff-S/个	Diff-A/μm ²	Diff-D/μm
MS R-CNN	88.20	2.08	212.21	2.87	10/0	466.823 7/5.523 8	4.538 1/0.006 8
MS R-CNN+CBAM	88.40	1.65	188.14	1.71	9/0	607.229 6/1.228 0	5.974 3/0.004 4
MS R-CNN+Improved CBAM	88.70	1.26	181.36	1.47	3/0	593.573 3/1.003 2	4.447 8/0.016 7

注:“RMSE-S”表示每张图中肌纤维总数的均方根误差,“RMSE-A”表示面积均方根误差,“RMSE-D”表示平均直径的均方根误差,“Diff-S”为肌纤维总数的最大、最小差值,“Diff-A”为面积的最大、最小差值,“Diff-D”为平均直径的最大、最小差值。“MS R-CNN”是 Mask-Scoring R-CNN 的缩写,“MS R-CNN+CBAM”为在 Mask-Scoring R-CNN 模型基础上加入 CBAM 模块,“MS R-CNN+Improved CBAM”是本研究改进后模型,下同。Note: In the table, “RMSE-S” represents the root mean square error of the total number of muscle fibers in each image, “RMSE-A” represents the root mean square error of the area, and “RMSE-D” represents the root mean square error of the average diameter. “Diff-S” indicates the maximum and minimum values of the total number of muscle fibers, “Diff-A” indicates the maximum and minimum values of the area, and “Diff-D” indicates the maximum and minimum values of the average diameter. “Mask-Scoring R-CNN” is abbreviated as MS R-CNN, “MS R-CNN+CBAM” refers to the MS R-CNN model with the CBAM module added, and “MS R-CNN+Improved CBAM” refers to the model improved in this study. The table below is the same as here.

Scoring R-CNN+CBAM)与改进后的CBAM注意力机制(MS R-CNN+Improved CBAM)之后,网络性能均有所提升。加入改进的CBAM模块后,模型的平均准确率mAP比原模型提升0.5百分点,比加入CBAM的模型提升0.3百分点,优化效果在mAP的表现上并不明显。但是在3项表型数据的均方根误差上有明显体现:对比原模型,改进的模型肌纤维总数的均方根误差减少39.4%,面积的均方根误差减少14.5%,平均直径误差仅为原模型的50%;相比于只加入CBAM的模型,改进的模型肌纤维总数的均方根误差减少23.6%,面积的均方根误差减少3.6%,平均直径误差减少14.0%,均有明显提升。说明加入的特征强化模块可以对肌纤维细胞实现更加精确的分割,相比于原版的CBAM注意力机制模块,可以有效降低所获得的肌纤维细胞表型指标的误差。

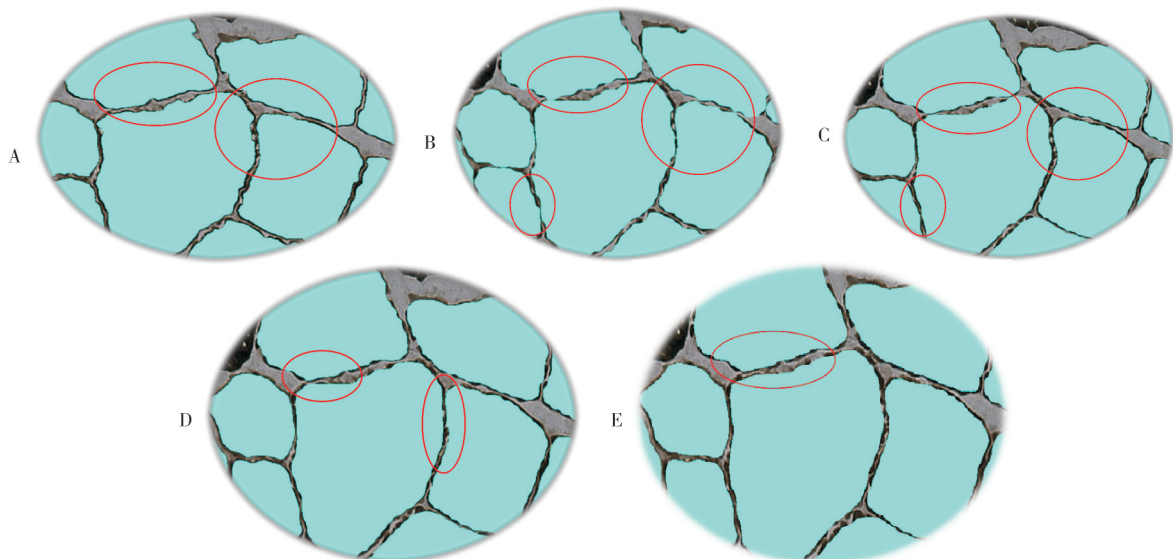
为了验证表型指标自动计算的误差区间,计算改进CBAM模块加入前后的表型与人工标签之间误差区间,结果见表1。在计数数目上,MS R-CNN+Improved CBAM模型最大差值仅有3个,Mask-Scoring R-CNN+CBAM模型与原Mask-Scoring R-CNN模型的最大数目差值分别为9、10个。在面积上,MS R-CNN+Improved CBAM与Mask-Scoring R-CNN+CBAM模型差值上限相仿,差值上限均大于原模型,但差值下限更小,结合表1各项指标可以看出改进后的模型综合误差更低。在平均直径上,改进的模型较原模型差值上限更小,均优于只加入CBAM的模型,差值下限相较其他2个模型较大,由

于更小的误差上限,可以看出总体平均直径误差相较于其他2个模型依然占优势。

2.2 模型分割性能分析

为了验证改进的CBAM模型的分割性能,在测试集上对近几年实例分割效果较好的SOLOv2模型^[30-31]、Point Rend模型^[32]与原Mask-Scoring R-CNN模型进行对比试验,分割边界如图7所示,分割结果如图8所示,各项评价指标结果见表2。

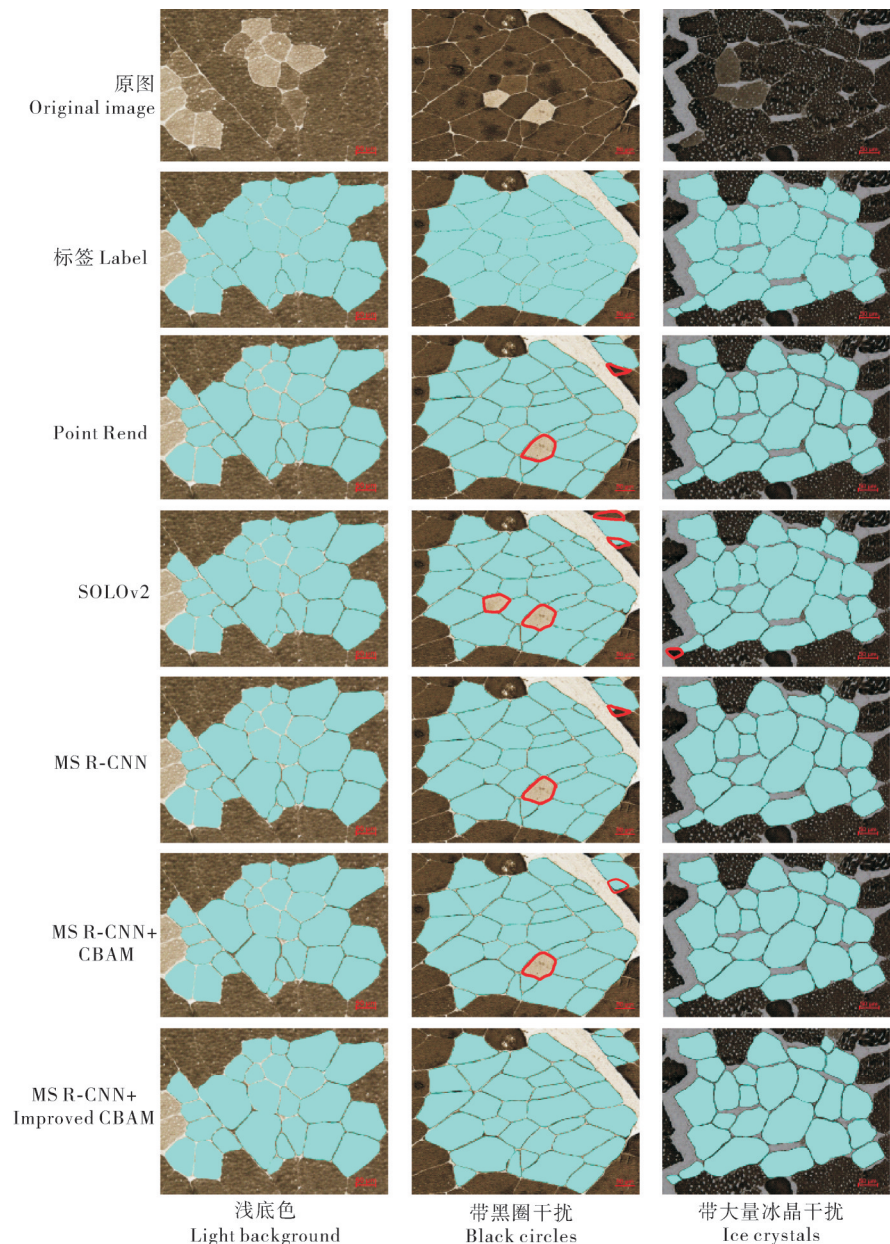
图7展示了放大后的不同模型对肌纤维细胞分割后的边界图,用于展示边界的分割效果。SOLOv2的分割边界锯齿较多,Mask-Scoring R-CNN的分割边界存在少量锯齿,Point Rend的分割边界有凹凸区域,改进模型的分割边界相比于其他模型相对平滑,且基本没有凹凸区域。图8展示了不同模型对正常浅底色图片、带小黑圈干扰的图片与携带大量冰晶干扰的图片进行分割的可视化结果,用于展示肌纤维整体数目的分割效果。几种模型对于正常的浅底色图片与存在大量冰晶的图片均能较完整分割,SOLOv2的分割边界锯齿较多,Mask-Scoring R-CNN的分割边界存在少量锯齿,Point Rend的分割边界有凹凸区域,改进模型的分割边界相比于以上几种模型相对平滑,且基本没有凹凸区域。当图片中存在小黑圈干扰时,除了改进的模型以外,分割结果对I型肌纤维均有遗漏,SOLOv2遗漏最多,且将右上角区域3个肌纤维模块划分成一类,Mask-Scoring R-CNN模型与Point Rend模型也存在遗漏,并且对右



A: Point Rend; B: SOLOv2; C: MS R-CNN; D: MS R-CNN+CBAM; E: MS R-CNN+Improved CBAM.

图7 不同分割模型对肌纤维细胞图像分割结果

Fig.7 The segmentation results of different segmentation models on the image of muscle fiber cells



标签中的蓝色标签部分为 I 型和 II 型肌纤维合并标注,训练模型时作为一类输入。图中红色描边区域为错检或漏检的肌纤维细胞。
The blue-labeled portion in the tags represents the combined annotation of type I and type II muscle fibers, which are treated as one class of input during model training. The areas highlighted in red are muscle fiber cells that have been misdected or missed.

图 8 不同分割模型对肌纤维细胞图像分割结果

Fig.8 Segmentation results of muscle fiber cell images using different segmentation models

上角区域的肌纤维细胞分割同样不完整。总体来讲,在Mask-Scoring R-CNN模型的基础上引入改进的CBAM模块,可以完整地分割出肌纤维细胞,并且分割边界较以上模型更为平滑,凹凸点也很少存在,在浅底色、带黑圈干扰、带大量冰晶干扰的情况下相比上述对比模型均有更好的分割效果。

由表2可知,本研究提出的改进模型分割精度最高,其mAP相较于SOLOv2、Point Rend模型分别提

升3.4、1.1百分点;3项肌纤维细胞表型指标的均方根误差对比其他模型也有明显优势,相较于SOLOv2、Point Rend模型肌纤维细胞总数的均方根误差分别降低1.19、0.81,面积的均方根误差分别降低8.35、36.48 μm^2 ,平均直径的均方根误差分别降低1.64、1.52 μm 。说明改进模型分割结果的各项指标均为最优,分割所得的肌纤维表型指标误差也更小。

表2 不同分割模型的性能对比

Table 2 The performance comparison of different segmentation models

模型 Models	mAP/%	RMSE-S	RMSE-A/ μm^2	RMSE-D/ μm	Diff-S/ 个	Diff-A/ μm^2	Diff-D/ μm
SOLOv2	85.30	2.45	189.71	3.11	6/0	647.821 0/2.046 5	7.708 3/0.021 6
Point Rend	87.60	2.07	217.84	2.99	8/0	588.972 5/3.951 6	8.891 7/0.082 6
MS R-CNN+Improved CBAM	88.70	1.26	181.36	1.47	3/0	593.573 3/1.003 2	4.447 8/0.016 7

结合表2各项指标可以看出,在计数数目上,MS R-CNN+Improved CBAM模型最大误差优于其他模型,有较大优势。在面积计算上,MS R-CNN+Improved CBAM模型虽然上限差值高于Point Rend模型但具有最小的下限差值,其整体面积误差在所有模型中占优势。在平均直径上,MS R-CNN+Improved CBAM模型拥有最小的上限差值,结合不同模型的综合均方根误差来看,改进后的模型整体平均误差在所有模型中占优势。

3 讨 论

本研究针对传统人工手动与半自动分析肌纤维表型特征方法耗时费力,且容易出现主观误差和偏差,影响肌纤维表型评估整体准确性的问题,提出基于Mask-Scoring R-CNN实例分割模型:引入CBAM注意力机制,并针对肌纤维数据集特征对注意力机制模块进行改进,以适应各种情况下的肌纤维图片实例分割。试验结果表明,改进后的模型分割效果由于引入注意力机制后增强了对肌纤维细胞位置与边界特征的关注,且更好地过滤干扰信息,从而提升分割的精度与准度,其分割效果优于其他模型。用于试验的图像,由于肌纤维细胞样本存储条件的原因,导致部分肌纤维细胞存在冰晶与黑圈干扰,使得手工标注难度极大,还会造成标签数据的边缘误差,影响训练的模型效果。后续的研究中,考虑在本研究的基础上对主干网络进行进一步深入优化,以强化特征的关注与提取,提出拥有更好边界分割精度与整体分割准确度的新模型。同时进一步提升模型鲁棒性,使得新模型拥有抵抗更强的抗干扰能力。且在后续工作中会尝试使用更多类型的注意力机制,如高效通道注意力机制(ECA-Net)^[33],与当前模型对比分割效果。

综上所述,本研究提出的改进模型对于分割遗漏、分割边界效果不足的问题均有所改善,对于各种干扰情况下的肌纤维细胞图像均有较好的分割效果,可以为肌纤维细胞表型指标评估提供参考。

参考文献 References

- [1] 张文秀,朱振才,张永合,等.基于残差块和注意力机制的细胞图像分割方法[J].光学学报,2020,40(17):76-83. ZHANG W X, ZHU Z C, ZHANG Y H, et al. Cell image segmentation method based on residual block and attention mechanism[J]. Acta optica sinica, 2020, 40(17): 76-83 (in Chinese with English abstract).
- [2] 朱琳琳,韩璐,杜泓,等.基于U-Net网络的多主动轮廓细胞分割方法研究[J].红外与激光工程,2020,49(S1):151-159. ZHU L L, HAN L, DU H, et al. Multi-active contour cell segmentation method based on U-Net network[J]. Infrared and laser engineering, 2020, 49(S1): 151-159 (in Chinese with English abstract).
- [3] 姚超,倪福川,李国亮.基于深度学习的图像分割在畜禽养殖中的应用研究进展[J].华中农业大学学报,2023,42(3):39-46. YAO C, NI F C, LI G L. Research progress on application of image segmentation based on deep learning in poultry and livestock farming[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2023, 42(3): 39-46 (in Chinese with English abstract).
- [4] 邓颖,吴华瑞,朱华吉.基于实例分割的柑橘花朵识别及花量统计[J].农业工程学报,2020,36(7):200-207. DENG Y, WU H R, ZHU H J. Recognition and counting of *Citrus* flowers based on instance segmentation[J]. Transactions of the CSAE, 2020, 36(7): 200-207 (in Chinese with English abstract).
- [5] 陈燕,李想,曹勉,等.基于语义分割与实例分割的玉米茎秆截面参数测量方法[J].农业机械学报,2023,54(6):214-222. CHEN Y, LI X, CAO M, et al. Measurement of maize stem cross section parameters based on semantic segmentation and instance segmentation[J]. Transactions of the CSAM, 2023, 54(6): 214-222 (in Chinese with English abstract).
- [6] 宋余庆,杨东川,徐立章,等.基于DBSE-Net的大田稻穗图像分割[J].农业工程学报,2022,38(13):202-209. SONG Y Q, YANG D C, XU L Z, et al. Segmenting field rice panicle images using DBSE-Net[J]. Transactions of the CSAE, 2022, 38(13): 202-209 (in Chinese with English abstract).
- [7] DE SOUSA REIS V C, FERREIRA I M, DURVAL M C, et al. Measuring water holding capacity in pork meat images using deep learning[J/OL]. Meat science, 2023, 200: 109159 [2023-

- 10-18].<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109159>.
- [8] XIE L, QIN J, RAO L, et al. Accurate prediction and genome-wide association analysis of digital intramuscular fat content in longissimus muscle of pigs[J]. *Animal genetics*, 2021, 52(5): 633-644.
- [9] CHEN D, WU P X, WANG K, et al. Combining computer vision score and conventional meat quality traits to estimate the intramuscular fat content using machine learning in pigs [J/OL]. *Meat science*, 2022, 185: 108727 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108727>.
- [10] VALOUS N A, MENDOZA F, SUN D W, et al. Supervised neural network classification of pre-sliced cooked pork ham images using quaternionic singular values[J]. *Meat science*, 2010, 84(3): 422-430.
- [11] IQBAL A, VALOUS N A, MENDOZA F, et al. Classification of pre-sliced pork and Turkey ham qualities based on image colour and textural features and their relationships with consumer responses[J]. *Meat science*, 2010, 84(3): 455-465.
- [12] MAYEUF-LOUCHART A, HARDY D, THOREL Q, et al. MuscleJ: a high-content analysis method to study skeletal muscle with a new Fiji tool[J/OL]. *Skeletal muscle*, 2018, 8(1): 25 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.1186/s13395-018-0171-0>.
- [13] BABCOCK L W, HANNA A D, AGHA N H, et al. Myo-Sight-semi-automated image analysis of skeletal muscle cross sections[J/OL]. *Skeletal muscle*, 2020, 10(1): 33 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.1186/s13395-020-00250-5>.
- [14] ENCARNACION-RIVERA L, FOLTZ S, HARTZELL H C, et al. Myosoft: an automated muscle histology analysis tool using machine learning algorithm utilizing Fiji/ImageJ software [J/OL]. *PLoS One*, 2020, 15(3): e0229041 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229041>.
- [15] MATARNEH S K, SILVA S L, GERRARD D E. New insights in muscle biology that alter meat quality[J]. *Annual review of animal biosciences*, 2021, 9: 355-377.
- [16] CHARLES J, KISSANE R, HOEHFURTNER T, et al. From fibre to function: are we accurately representing muscle architecture and performance? [J]. *Biological reviews of the Cambridge philosophical society*, 2022, 97(4): 1640-1676.
- [17] SMITH L R, BARTON E R. SMASH - semi-automatic muscle analysis using segmentation of histology: a MATLAB application[J/OL]. *Skeletal muscle*, 2014, 4(1): 21 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.1186/2044-5040-4-21>.
- [18] WANG Z Z. A semi-automatic method for robust and efficient identification of neighboring muscle cells[J]. *Pattern recognition*, 2016, 53: 300-312.
- [19] KASTENSCHMIDT J M, ELLEFSEN K L, MANNAA A H, et al. QuantiMus: a machine learning-based approach for high precision analysis of skeletal muscle morphology[J/OL]. *Frontiers in physiology*, 2019, 10: 1416 [2023-10-18]. <https://doi.org/10.3389/fphys.2019.01416>.
- [20] LI Y, YANG Z, WANG Y M, et al. A neural network approach to analyze cross-sections of muscle fibers in pathological images[J]. *Computers in biology and medicine*, 2019, 104: 97-104.
- [21] WEN Y, MURACH K A, VECCHETTI I J Jr, et al. MyoVision: software for automated high-content analysis of skeletal muscle immunohistochemistry[J]. *Journal of applied physiology*, 2017, 124(1): 40-51.
- [22] WOO S, PARK J, LEE J Y, et al. CBAM: convolutional block attention module [C]// 2018 European conference on computer vision (ECCV), September 8-14, 2018. Munich, Germany. Munich: Springer, 2018: 3-19.
- [23] HU J, SHEN L, SUN G. Squeeze-and-excitation networks [C]// 2018 IEEE/CVF Conference on computer vision and pattern recognition, June 18-23, 2018. Salt Lake City, UT. IEEE, 2018: 7132-7141.
- [24] JADERBERG M, SIMONYAN K, ZISSERMAN A, et al. Spatial transformer networks [C]// NeurIPS 2015 advances in neural information processing systems, December 7-12, 2015, Montreal, Canada. Montreal: NeurIPS, 2015, 28: 2017-2025.
- [25] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Deep residual learning for image recognition [C]// 2016 IEEE conference on computer vision and pattern recognition (CVPR), June 27-30, 2016. Las Vegas, USA. Las Vegas: IEEE, 2016: 770-778.
- [26] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Identity mappings in deep residual networks [C]// 2016 European conference on computer vision (ECCV), October 11-14, 2016. Amsterdam, Netherlands. Amsterdam: Springer, 2016: 630-645.
- [27] LIN T Y, DOLLAR P, GIRSHICK R, et al. Feature pyramid networks for object detection [C]// 2017 IEEE conference on computer vision and pattern recognition (CVPR), July 21-26, 2017. Honolulu, USA. Honolulu: IEEE, 2017: 2117-2125.
- [28] HUANG Z J, HUANG L C, GONG Y C, et al. Mask-scoring R-CNN [C]// 2019 IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition (CVPR), June 16-20, 2019. Long Beach, USA. Long Beach: IEEE, 2019: 6409-6418.
- [29] HE K M, GKIOXARI G, DOLLAR P, et al. Mask-RCNN [C]// 2017 IEEE international conference on computer vision (ICCV), October 22-29, 2017. Venice, Italy. Venice: IEEE, 2017: 2961-2969.
- [30] WANG X L, KONG T, SHEN C H, et al. SOLO: segmenting objects by locations [C]// 2020 European conference on computer vision (ECCV), August 23-28, 2020. Glasgow, UK. Glasgow: Springer, 2020: 649-665.
- [31] WANG X L, ZHANG R F, KONG T, et al. Solov2: dynamic and fast instance segmentation [C]// 2020 Advances in neural information processing systems (NeurIPS), December 6-12,

- 2020.NeurIPS,2020,33:17721-17732.
- [32] KIRILLOV A, WU Y X, HE K M, et al. PointRend: image segmentation As rendering [C]// 2020 IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition(CVPR), June 14-19, 2020.Seattle, USA.IEEE, 2020:9799-9808.
- [33] WANG Q L, WU B G, ZHU P F, et al. ECA-net: efficient channel attention for deep convolutional neural networks[C]// 2020 IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition (CVPR) , June 13-19, 2020. Seattle, USA. IEEE, 2020:11531-11539.

Automatic segmentation of muscle fiber and methods of calculating phenotype based on improved Mask-Scoring R-CNN

WO Jingjie¹, TIAN Xuhong¹, YIN Ling^{1,2,3}, YANG Jie^{2,3,4}, YAO Zekai⁴, CAI Gengyuan^{2,3,4}

- 1.College of Mathematics and Informatics, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;
2.National Engineering Research Center for Swine Breeding Industry, Guangzhou 510642, China;
3.State Key Laboratory of Swine and Poultry Breeding Industry, Guangzhou 510640, China;
4.College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

Abstract A model for instance segmentation based on improved Mask-Scoring R-CNN was proposed and the efficient segmentation of myofibroblast cells was realized to solve the problems of manual and semi-automatic segmentation with accuracy and efficiency and the inadequate performance of general models for segmentation in encountering various interferences of noisy images. The Convolutional Block Attention Module (CBAM) attention mechanism was introduced into the Mask-Scoring R-CNN model to improve the model. The extraction and expression of feature information by the improved model was enhanced to improve the performance of segmentation and the generalization capability of the model in tasks of segmentation. The results of testing the improved Mask-Scoring R-CNN model on a dataset of 103 test images showed that the root mean square error (RMSE) of phenotype measurement value was smaller than that of the original model, with the RMSE of the total number of myofibers decreased from 2.08 to 1.26, the RMSE of area reduced from $212.21 \mu\text{m}^2$ to $181.36 \mu\text{m}^2$, and the RMSE of average diameter decreased from $2.87 \mu\text{m}$ to $1.47 \mu\text{m}$. It is indicated that the improved model can effectively deal with noisy images of myofiber and accurately segment each myofiber even in common noisy environments.

Keywords instance segmentation; Mask-Scoring R-CNN; phenotype of pork muscle fiber; cell segmentation; attention mechanism

(责任编辑:胡 敏)