结合物理先验的神经图像分割偏微分方程约束优化

Seema K. Poudel *独立研究者
seemakpoudel6@gmail.com

Sunny K.Khadka独立研究者
sunnykumarkhadka@gmail.com

arXiv:2602.01069v1 [cs.CV] 1 Feb 2026

摘要

显微镜图像分割是一种病态逆问题，其原因在于测量噪声、对象边界模糊以及标注数据有限。尽管深度神经网络能够提供灵活的非参数估计器，但无约束的经验风险最小化往往会导致解不稳定且泛化能力较差。本研究将图像分割表述为偏微分方程约束优化问题，通过变分正则化将基于物理原理的先验融入深度学习模型。所提出的框架最小化一个复合目标函数，该函数由数据保真项以及从反应–扩散方程和相场界面能推导出的惩罚项组成，所有这些项均以可微残差损失的形式实现。实验在 LIVECell数据集上进行。该数据集是一个高质量、经人工标注的相差显微镜图像集合。训练集使用两种细胞类型，而评估则采用一种不同且未见过的细胞类型，以考察泛化能力。采用 UNet 架构作为无约束基线模型。实验结果表明，与无约束深度学习基线相比，该方法在分割准确度和边界保真度方面均有稳定提升。此外，偏微分方程正则化模型在小样本情形下表现出更强的稳定性和更好的泛化能力，凸显了融入结构化先验的优势。所提出的方法展示了偏微分方程约束优化如何增强数据驱动的学习框架，为变分方法、统计学习与科学机器学习搭建起有理论依据的桥梁。

关键词 偏微分方程约束优化 · 变分正则化 · 科学机器学习 · 神经图像分割 · 反应-扩散 · 相场界面能

1 引言

图像分割是计算机视觉的基础支柱，作为一项关键过程，它将数字图像划分为多个分割区域或像素集合，从而简化图像表示，使其更适合自动化分析 [Yu 等人， 2023]。通过为每个像素分配类别标签，使具有相同标签的区域共享共同的视觉特征，分割能够实现对复杂场景的高层语义理解[Minaee 等人， 2021]。这一能力是各种自主系统的基础，应用范围从自动驾驶车辆的感知系统 [Siam 等人， 2018] 到工业质量控制和机器人操作 [Garcia-Garcia 等人， 2017]。

在科学和生物医学领域，精准分割的重要性更加凸显。对于生物结构的定量分析而言，这是不可或缺的；准确识别细胞边界是追踪细胞运动、评估形态变化以及了解种群动力学的前提[Ramesh等人，2021年，Meijering， 2012]。然而，显微成像，尤其是相差显微镜等无标记成像模态，面临着不同于自然场景分析的独特挑战。这些图像通常存在显著的测量噪声、较低的对比噪声比，以及“光晕”效应等光学伪影，这些问题可能会遮挡真实的对象边界 [Edlund等人， 2021]。此外，对象的高密度以及细胞形态固有的

*发表于第 1届 国际统计、数据科学与优化会议（ICSDO-2026），2026 年 1 月 30–31 日，印度特里普拉大学统计学系。

多变性使手动标注成为一项艰巨且昂贵的任务，导致传统监督学习所需的大规模、高质量标注数据集长期稀缺 [Vicente等人， 2014]。
为应对这些挑战，当前最先进的方法已果断转向基于深度学习的方案，其中以 UNet 架构为代表。该架构采用对称的编码器-解码器结构和跳跃连接，以保持空间定位 [Ronneberger et al., 2015年, Ramesh et al.，2021]。在此基础上，3D UNet [Çiçek et al.，2016] 和 V-Net [Milletari et al.，2016] 将卷积核扩展至三维，以利用医学影像序列中的体积空间依赖关系。后续创新着重于增强特征选择性和全局上下文信息；Attention UNet [Oktay et al.，2018]引入注意力门来抑制无关的背景噪声，而 UNet++ [Zhou et al.，2018] 则采用嵌套的密集跳跃路径，以缩小编码器与解码器特征之间的语义差距。近年来，随着视觉Transformer (ViTs)[Dosovitskiy，2020] 融入 TransUNet [Chen et al.，2021], 等混合模型，领域范式发生了转变。这类模型将基于卷积神经网络的局部特征提取与复杂解剖场景所需的长程自注意力机制相结合。这些数据驱动的进展确立了端到端学习范式，能够直接从原始像素数据中提取层次特征，显著优于传统的手工设计方法 [Minaee et al., 2021年, Yu et al.，2023]。

尽管取得了这些成功，当前的深度学习技术从根本上仍受经验风险最小化（ERM）范式的制约。由于这些模型作为高维非参数估计器，当暴露于其主要训练分布之外的噪声水平或形态变化时，它们容易出现不稳定和过拟合 [Yu et al., 2023年, Vapnik，1999]。这种脆弱性在医学成像中尤为明显，其中由不同显微镜设置或不同生物细胞系引起的“域偏移”，可能导致灾难性的性能下降 [Guan and Liu，2021]。此外，无约束的神经网络缺乏对其所分割对象的物理或几何性质的显式数学理解。这种结构先验的缺失常常导致物理上不合理的预测——例如破碎的膜、“渗漏”边界或不光滑的界面——尤其是在评估模型统计置信度较低的分布外样本时 [Minaee et al., 2021年, Kohl et al., 2018]。

经验风险最小化的根本局限促成了物理信息学习范式的兴起。这些范式旨在超越纯粹的统计相关性，将物理定律（通常以偏微分方程（PDE）的形式表示）直接融入学习过程 [Karniadakis et al., 2021, Yogita and Bocklitz, 2025]。物理信息神经网络（PINN）正是这一转变的典型代表：网络充当连续的函数逼近器，通过最小化残差损失[Raissi et al., 2019, Banerjee et al.，2024]，并受到特定微分算子的约束，从而满足相应要求。通过将数学先验作为软约束嵌入模型，这些模型在低数据量场景下表现更优，并能生成与问题底层物理规律内在一致的解，应用领域涵盖组织力学 [Movahhedi et al.，2023] 和磁共振弹性成像 [Ragoza and Batmanghelich, 2023]。

尽管 PINN 理念最初是为计算流体力学和固体力学而提出的，但它对医学图像分析具有深远影响，在医学图像分析中，分割可以重新表述为变分正则化或偏微分方程约束逆问题 [Ghafouri and Biros, 2025, Guven 等人，2025]。早期在这一领域的探索采用了各向异性扩散和测地线主动轮廓等经典模型 [Chung and Sapiro，2000], ，而现代框架则整合了生物物理血管模型 [Brown 等人, 2024]，或用于定量相位成像的强度传输方程（TIE） [Wu 等人，2022]。值得注意的是，反应扩散系统已成为一种强有力的机制，可用于强制实现结构一致性；与传统水平集方法相比，它提供了一种可微分的替代方案，能够捕捉复杂的生物形态 [Vernaza, 2016年, Zhang 等人，2020]。通过将深度架构与这些物理归纳偏置相结合，我们可以实现边界一致性和鲁棒性——例如通过位错理论 [Irfan 等人，2025] 或离散损失优化 [Balcerak 等人，2025]——而标准卷积滤波器在域偏移期间往往难以保持这些特性。

在本研究中，我们提出了一种新颖的框架，将细胞分割重新表述为偏微分方程约束逆问题。不同于将像素直接映射为标签的纯判别模型，我们的方法将分割场 u_θ 视为一个状态变量，它必须同时最小化数据保真项，并满足特定的物理演化方程 [Ghafouri and Biros, 2025年, Guven 等人，2025]。具体而言，我们整合了两种受物理原理启发的先验：反应–扩散项，用于促进形态平滑性；以及相场界面能，用于确保边界清晰稳定。通过将这些偏微分方程实现为可微残差损失，我们避免了经典水平集方法中迭代求解器带来的计算负担 [Zhang 等人，2020], ，使网络能够学习高维表示，同时受生物界面基本几何原理的约束 [Vernaza, 2016年, Liu 等人, 2025]。

本研究的主要贡献总结如下：

- 我们提出了一种偏微分方程约束优化框架，将基于 UNet 的架构与物理信息正则化器相结合，弥合了深度学习与变分图像分析之间的差距。
- 我们展示了反应–扩散与相场先验在维持边界一致性和结构完整性方面的协同作用，即使存在相差成像中特有的“光晕”伪影亦是如此。
- 我们表明，这些物理归纳偏置显著提升了分布外（OOD）泛化能力；具体而言，在贴壁胶质母细胞瘤细胞（A172）与密集成簇的上皮“细胞簇”（BT-474）组合数据上训练的模型，能够遵循普适的物理定律，成功分割未见过的球形小胶质细胞形态（BV-2）。
- 我们提供了证据，表明在小样本情形下，我们的框架具有更强的稳定性，在训练数据稀缺时优于无约束基线。

本文其余部分的结构如下：第2节详细介绍将分割表述为偏微分方程约束逆问题的数学形式。第3节介绍数值离散、UNet 架构和两阶段训练策略。第4节在 LIVECell数据集上评估该框架，重点考察分布外泛化能力和小样本稳定性。第5节通过消融研究考察反应–扩散与相场先验的各项参数。最后，第6节总结我们的研究结果，并探讨物理信息深度学习在医学图像分析中的未来方向。

2 方法

在本研究中，我们提出了一种用于神经图像分割的偏微分方程约束优化框架。所提方法将分割表述为一个病态逆问题，并通过变分正则化纳入具有物理动机的先验。该框架并非显式求解偏微分方程，而是通过可微残差惩罚项以弱形式施加偏微分方程约束，从而能够与基于梯度的学习无缝集成。

2.1 问题陈述

在本工作中，我们将显微图像分割表述为连续变分框架下的病态逆问题。令$\Omega \subset \mathbb{R}^2$ 表示图像的空间域。我们将观测图像定义为函数$I : \Omega \to \mathbb{R}$，并将相应的真实分割标注定义为 $y : \Omega \to \{0, 1\}$。

生物显微镜图像常常受到显著测量噪声、微弱对象边界以及高质量人工标注稀缺的影响。为应对这些挑战，我们引入连续分割场 $u(x) \in (0,1)$，用以表示域中每个点的类别归属概率。这种连续表述使得能够通过微分算子整合物理先验。

我们定义一个由 θ 参数化的神经网络 $\mathcal{N}_\theta$，它将图像空间映射到分割场：

$$u_\theta = \mathcal{N}_\theta(I) \tag{1}$$

该网络近似从含噪观测到结构化分割掩膜的逆映射。然而，不受约束的经验风险最小化往往会导致解的非唯一性和对噪声的敏感性，尤其是在小样本情形下。这种病态性促使我们需要建立一个以物理原理为基础的正则化框架。

2.2 偏微分方程约束优化框架

为稳定学习过程并提高边界保真度，我们采用偏微分方程约束优化的视角。该学习任务被表述为最小化一个复合能量泛函：

$$\min_\theta \ \mathcal{L}_{\text{data}}(u_\theta, y) + \lambda \mathcal{R}(u_\theta) \tag{2}$$

其中，$\mathcal{L}_{\text{data}}$ 表示数据保真项（监督损失），$\mathcal{R}$ 表示基于偏微分方程的变分正则项，λ 是控制偏差—方差权衡的超参数。

与传统数值方法不同，这些偏微分方程并非通过显式求解。相反，我们通过在损失函数中惩罚偏微分方程残差，以弱形式施加约束。这种科学机器学习（SciML）方法引入了

物理引导的归纳偏置，从而增强模型的稳定性，并提升其对未见过的细胞类型的泛化能力。

2.3 反应–扩散先验

我们引入反应–扩散（RD）先验，以鼓励类似膜结构的平滑性并抑制噪声。反应–扩散方程的一般形式如下：

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D\nabla^2 u + f(u) \tag{3}$$

假设分割场已达到平衡态，满足稳态条件，我们得到约束$D\nabla^2 u + f(u) = 0$，其中 D 为扩散系数。我们采用三次反应项来诱导双稳态：

$$f(u) = u(1-u)(u-a) \tag{4}$$

其中 a 为阈值参数。该项促使场趋向于 0 和 1 这两个稳定状态，从而有效锐化边界。反应–扩散先验通过基于残差的损失来实现：

$$r_{\text{RD}}(u) = D\nabla^2 u + f(u) \tag{5}$$

$$\mathcal{L}_{\text{RD}} = \int_\Omega r_{\text{RD}}(u)^2 \, dx \tag{6}$$

该损失会惩罚伪振荡，并确保分割场具有结构一致性。

2.4 相场界面能

为进一步正则化分割区域的几何形态，我们引入相场（PF）界面能先验。该泛函受范德瓦耳斯–卡恩–希利亚德理论启发，定义如下：

$$E_{\text{PF}}(u) = \int_\Omega \left(\frac{\varepsilon}{2} |\nabla u|^2 + \frac{1}{\varepsilon} W(u) \right) dx \tag{7}$$

其中，$W(u) = u^2(1-u)^2$ 是一个双阱势。

参数 ε 控制界面的厚度。该能量泛函促使模型生成锐利而平滑的边界，同时尽可能减少碎片化的孤立像素预测。通过最小化该能量，模型倾向于得到界面周长经过正则化的解，这与生物细胞的形态相一致。由此得到的相场损失表示为 $\mathcal{L}_{\text{PF}} = E_{\text{PF}}(u_\theta)$。

2.5 复合目标函数

用于训练神经网络的最终目标函数融合了数据驱动和物理信息约束两部分：

$$\mathcal{L} = \mathcal{L}_{\text{Dice}} + \mathcal{L}_{\text{BCE}} + \lambda_{\text{RD}}\mathcal{L}_{\text{RD}} + \lambda_{\text{PF}}\mathcal{L}_{\text{PF}} \tag{8}$$

在这一表述中：

- Dice系数 +二元交叉熵：通过将预测结果与人工标注进行比较，提供数据保真度。
- 反应–扩散 ($\mathcal{L}_{\text{RD}}$)：确保膜平滑性和局部一致性。
- 相场 ($\mathcal{L}_{\text{PF}}$)：对界面进行正则化，并促进稳定二元解。

这一复合目标函数将分割任务转化为一个惩罚变分优化问题。由于所有项均可微，该框架与标准的基于梯度的优化算法完全兼容，为经典变分方法与现代深度学习之间搭建了一座有理论依据的桥梁。

3 数值实现

本节介绍从连续变分框架过渡到离散且可计算的优化问题。该实现确保将所有物理先验集成到学习流程中，同时保持完全可微。

3.1 离散化与边界条件

为了在神经网络的优化循环中评估偏微分方程残差，连续分割场$u:\ \Omega\ \rightarrow(0,\ 1)$被表示在与输入图像像素坐标对应的均匀笛卡尔网格上。这种离散化使基于偏微分方程的正则化项 $\mathcal{L}_{\text{RD}}$ 和 $\mathcal{L}_{\text{PF}}$ 能够作为可微损失项进行计算。

空间域被划分为大小为 $M\times N$ 的网格，其中每个网格点（$i,\ j$）对应一个像素位置。为确保问题在域边界 $\partial\Omega$ 处保持适定，我们采用齐次 Neumann 边界条件，假设边界上的法向通量为零：

$$\nabla u\cdot\mathbf{n}=0\quad\text{on}\quad\partial\Omega \tag{9}$$

在实际应用中，我们会在应用有限差分核之前，对特征图进行对称（镜像）填充，以数值方式实现这一条件。这种方法可避免边界伪影，并确保整个空间域上的偏微分方程约束保持一致。

3.1.1 反应–扩散先验的离散化

稳态反应–扩散残差通过使用标准二阶五点模板近似拉普拉斯算子 ∇^2u 来计算：

$$\nabla^2u_{i,j}\approx\frac{u_{i+1,j}+u_{i-1,j}+u_{i,j+1}+u_{i,j-1}-4u_{i,j}}{h^2} \tag{10}$$

其中，h 表示网格间距，通常在逐像素运算中归一化为 $h=1$。非线性反应项$f(u)\ =u(1-u)(u-a)$在预测概率图上逐元素计算。随后，每个像素处的离散残差$r_{i,\ j}$定义如下：

$$r_{i,j}=D\left(\nabla^2u_{i,j}\right)+f(u_{i,j}) \tag{11}$$

最终损失 $\mathcal{L}_{\text{RD}}$ 是整个区域Ω上这些残差的均方误差（MSE），以确保网络输出 u_θ 符合反应–扩散方程的双稳态平滑特性。

3.1.2 相场界面能的离散化

相场正则项需要计算梯度幅值 $|\nabla u|$ 和双阱势$W(u)$。我们使用一阶中心差分近似偏导数：

$$\delta_xu_{i,j}=\frac{u_{i+1,j}-u_{i-1,j}}{2h},\quad\delta_yu_{i,j}=\frac{u_{i,j+1}-u_{i,j-1}}{2h} \tag{12}$$

平方梯度幅值定义如下：

$$|\nabla u_{i,j}|^2=(\delta_xu_{i,j})^2+(\delta_yu_{i,j})^2 \tag{13}$$

总能量泛函通过对像素网格求黎曼和进行离散化：

$$\mathcal{L}_{\text{PF}}=\sum_{i,j}\left(\frac{\varepsilon}{2}|\nabla u_{i,j}|^2+\frac{1}{\varepsilon}u_{i,j}^2(1-u_{i,j})^2\right)\Delta x\Delta y \tag{14}$$

该离散能量项关于网络参数 θ 完全可微，使优化过程能够减少边界碎片化，并促进前景细胞与背景之间形成清晰、稳定的界面。

3.2 网络架构与训练集

函数估计器 $\mathcal{N}_\theta$ 采用基于 UNet框架 的深度编码器-解码器架构实现。之所以选择这一架构，是因为它能够通过层次抽象捕获多尺度空间特征，同时借助跳跃连接保留高分辨率局部细节。

3.2.1 结构配置

该网络旨在将单通道输入图像 $I\in\mathbb{R}^{H\times W}$映射为连续分割场 $u_\theta\in(0,\ 1)^{H\times W}$。编码器路径由四个连续阶段的双卷积块组成，随后是 2×2

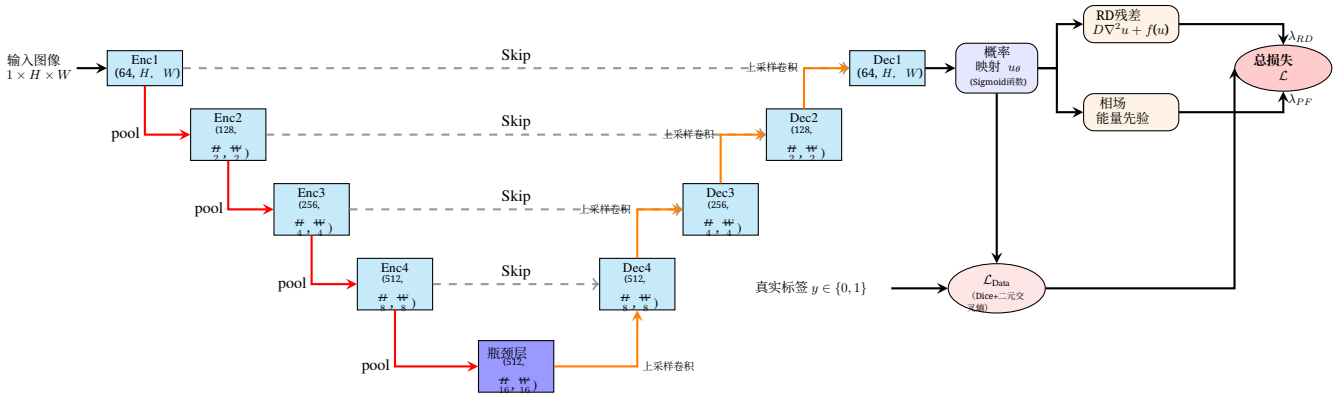


图1：采用偏微分方程约束优化框架的 UNet 架构。连续输出通过软偏微分方程残差和界面能以及数据驱动保真项进行评估。

最大池化操作在降低空间分辨率的同时，将特征深度从64个通道增加到512个通道。每个双卷积块使用 3×3 卷积核、ReLU激活和Dropout层以防止过拟合。
瓶颈层进一步处理分辨率为原始分辨率的 $1/16$ 倍、具有 512 个通道的特征图。随后，解码器路径通过转置卷积对这些特征进行对称上采样。为保留高频边界信息，跳跃连接将编码器中的特征图直接拼接到对应的解码器层级。最后一层采用 1×1 卷积，并接入 Sigmoid 激活，将输出压缩到 (0，1) 范围内，表示类别隶属概率场。

3.2.2 两阶段训练

为确保偏微分方程约束目标函数稳定收敛，我们采用两阶段训练策略。这种顺序方法可防止复杂非线性偏微分方程残差产生的梯度使表征学习的早期阶段不稳定：

- **第一阶段（预训练）：** 网络参数 θ 经过初始化后，仅使用数据保真项 $\mathcal{L}_{\text{Dice系数}}$和 $\mathcal{L}_{\text{二元交叉熵}}$进行优化。此阶段建立一个稳健的基线，使模型在不受物理偏差影响的情况下，学习 LIVECell数据集中各类细胞的基本形态特征。

- **第二阶段（物理信息引导微调）：** 启用基于偏微分方程的正则化项 $\mathcal{L}_{\text{反应-扩散}}$和 $\mathcal{L}_{\text{PF}}$ 。通过使用第一阶段的预训练权重初始化第二阶段，优化器在参数空间中进行局部搜索，以找到同时满足人工标注以及反应-扩散和界面能背后物理原理的解。

优化采用 Adam优化器，并通过离散微分算子进行基于梯度的反向传播。通过在验证集上进行网格搜索来调整正则化权重 λ_{RD} 和 λ_{PF}，以找到最佳的偏差-方差权衡。为确保结果可复现，所有实验均基于LIVECell数据集的固定划分进行。

4 结果

在本节中，我们给出所提出的偏微分方程约束优化框架的实验评估。我们重点评估反应–扩散与相场先验的结合是否能够提高分割准确度和边界保真度，尤其是在分布外泛化场景中。

4.1 数据集描述

实验在 LIVECell 数据集 [Edlund等人, 2021], 上进行。该数据集是一个大规模、高质量的相差显微镜图像集合，包含超过 160 万个细胞的人工专家验证标注。为评估我们受偏微分方程约束框架的稳健性，我们采用了策略性的基于细胞系的划分，同时检验分布内性能和分布外（OOD）泛化能力。

4.1.1 细胞系与形态

我们选择 thr ee 个特定细胞系来自 LIVECell 数据集，用于代表不同的生物形态 s:

- **A172（人胶质母细胞瘤）：** 其特征是具有一般的贴壁细胞形态。
- **BT-474（人乳腺癌）：** 其特征是以“细胞簇”的形式生长，在这种情况下，定位单个细胞的边界要困难得多。
- **BV-2（小鼠小胶质细胞）：** 其特征是形态小巧、呈球形且均一。

4.1.2 数据划分与分布

训练集和验证集仅由 A172 和 BT-474 细胞系组成。BV-2 细胞系完全保留用于分布外测试，模型在训练阶段不会接触该细胞系。图像和实例级标注的详细分布汇总于表1。

表1：实验数据划分中图像和人工标注的分布。BV-2 细胞系仅用于分布外（OOD）测试。

划分类型	细胞系	图像总数	标注总数
训练集	A172、BT-474	720	145,250
验证集	A172, BT-474	320	65,563
分布内测试	A172、BT-474	240	51,039
分布外测试	BV-2	215	128,277
总计		**1,495**	**390,129**

这些标注采用 COCO 格式 [Lin 等人， 2014], 并使用基于多边形的分割。为适配我们的连续变分框架，这些多边形会在训练集和评估阶段转换为二值掩码 $y \in \{0, 1\}$ 。

4.2 性能指标

为了全面定量评估分割质量，我们采用基于面积和边界感知的指标。所有指标均基于连续场 u_θ 在0.5处经阈值处理后生成的二值掩码计算。

4.2.1 主要分割指标

衡量预测分割与真实标签之间重叠程度的主要指标是 Dice 系数，其定义如下:

$$\mathrm{Dice}(U, Y) = \frac{2|U \cap Y|}{|U| + |Y|} \tag{15}$$

此外，我们 报告交并比（IoU），它是衡量空间重叠的标准指标 p:

$$\mathrm{IoU}(U, Y) = \frac{|U \cap Y|}{|U \cup Y|} \tag{16}$$

4.2.2 边界保真度指标

鉴于我们的基于偏微分方程的正则化项，特别是相场界面能，旨在改善细胞边缘的规整性和锐利度，我们采用边界 F1 分数（B_{F1}）。该指标通过评估预测轮廓与真实标注边缘在距离阈值 η 范围内的对齐情况，来衡量边界定位的质量。

令 ∂U 和 ∂Y 分别表示预测掩膜和真实掩膜的边界像素集合。我们将边界精确率（P_B）和召回率（R_B）定义为:

$$P_B = \frac{1}{|\partial U|} \sum_{p \in \partial U} [\![\min_{q \in \partial Y} \|p - q\| \leq \eta]\!] \tag{17}$$

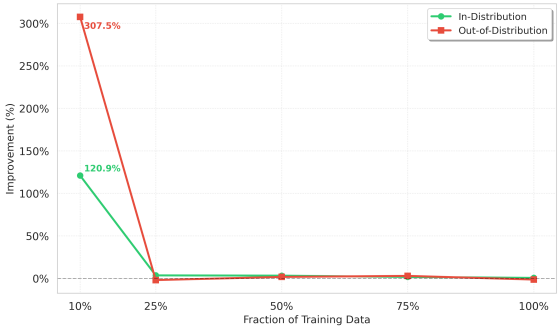
$$R_B = \frac{1}{|\partial Y|} \sum_{q \in \partial Y} [\![\min_{p \in \partial U} \|q - p\| \leq \eta]\!] \tag{18}$$

其中，$[\![\cdot]\!]$ 是伊弗森括号：条件为真时取值为 1，否则取值为 0。边界 F1 分数是这两个量的调和平均值：

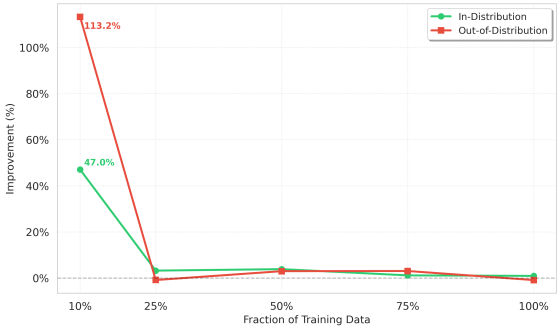
$$B_{F1} = \frac{2 \cdot P_B \cdot R_B}{P_B + R_B} \tag{19}$$

在我们的实验中，我们将 η 设为较小的像素半径（例如，1–3 个像素），以严格评估界面的锐利程度。该指标与当前框架尤为相关，因为相场项 $\mathcal{L}_{\text{PF}}$ 会显式惩罚边界碎片化和弥散界面；理论上，与无约束基线相比，这应表现为更高的 B_{F1}。

4.3 小样本情形分析



（a）边界 F1 分数



（b）Dice分数

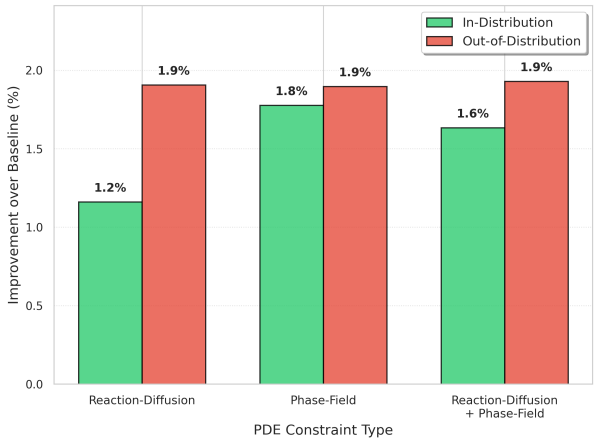


（c）IoU 分数

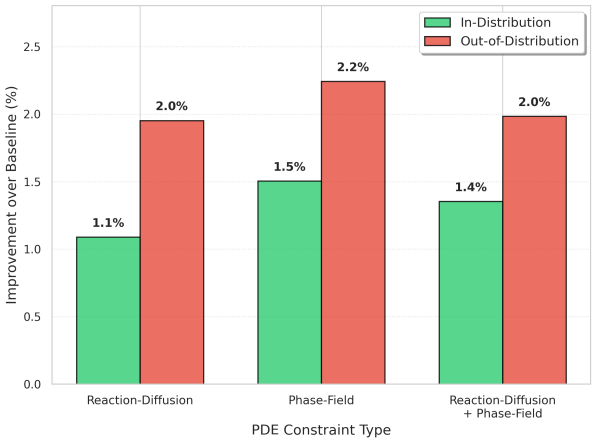
图 2：偏微分方程约束学习在数据稀缺环境中的韧性。图中展示了在不同训练数据比例下，(a) 边界 F1 分数、(b) Dice分数和 (c) 交并比的相对提升。请注意，在 10% 数据比例下，性能显著跃升：物理残差提供了关键的结构蓝图，弥补了监督信号的匮乏，尤其有助于处理分布外（OOD）形态。

为评估所提出的物理信息归纳偏置在数据稀缺环境中的有效性，我们针对不同训练数据比例进行了系统分析。我们比较了基线 UNet 与偏微分方程优化模型（同时采用反应-扩散和相场先验）在数据可用量分别为 10%、25%、50%、75% 和 100% 时的表现。

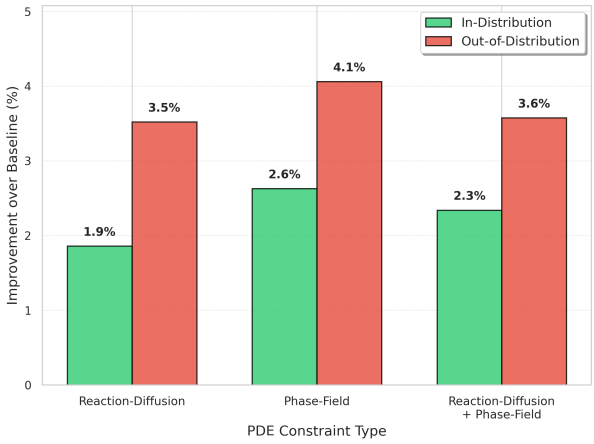
如表 3 所示并在图 2 中可视化，最显著的性能提升出现在极低样本比例（10%数据）的情形下。在这种情况下，与无约束基线相比，偏微分方程约束框架在分布外（OOD）样本上的 Dice分数提高了惊人的 113.23%，边界 F1 分数提高了 307.54%。这些提升表明，当监督信号不足以让网络推断细胞结构的内在几何形态时，物理残差便充当替代监督信号，强制实现形态一致性和边界稳定性，从而避免模型的预测退化为充满噪声或支离破碎的结果。



（a）边界 F1 分数



（b）Dice分数



（c）IoU 分数

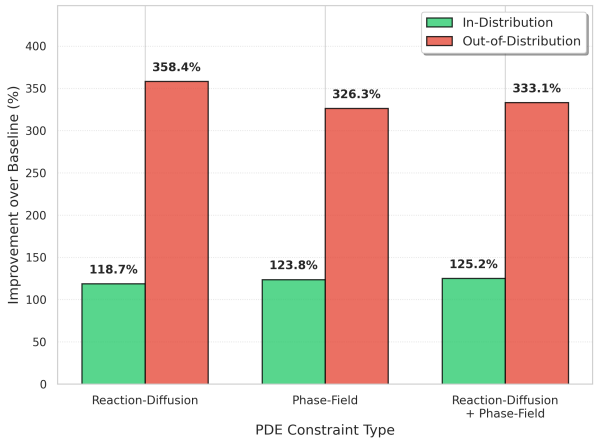
图 3：数据量充足时（占比 100%）偏微分方程约束的影响。柱状图量化了单独及组合使用偏微分方程先验（反应–扩散和相场）带来的优化效果，涵盖三项指标：（a）边界 F1 分数、（b）Dice分数和（c）IoU 分数。尽管无约束基线在这一数据量下表现出色，物理先验仍带来了稳定的提升，尤其是在分布外（OOD）样本上。

随着训练数据比例增加，相对性能提升趋于稳定；然而，偏微分方程约束模型始终保持更优的边界保真度。即使在数据密度较高时，变分正则化项仍能带来显著的细化效果。例如，在 75% 数据比例下，该模型在分布外样本上的交并比提高了 5.42%，边界 F1 分数提高了 2.85%（见表 3）。

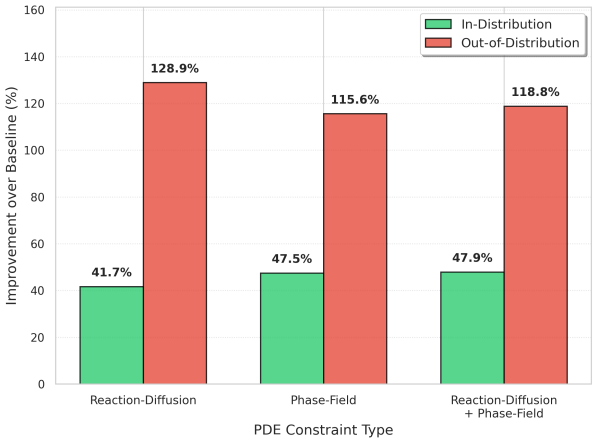
即使训练数据全部可用，该框架仍使分布内细胞类型的交并比提升了 1.58%，这表明反应–扩散项和相场项能够进一步提升界面锐度和结构完整性，超越单靠经验风险最小化所能达到的效果。这一持续优势，尤其是数据占比为 10% 时 Dice分数提升 113.23%，证实了这些先验的集成能发挥强大的“安全网”作用。它提供了一个有坚实依据的数学锚点，在小样本情形下能带来变革性效果；而在拥有大规模标注数据时，则可充当稳健的几何校正器。

4.4 PDE约束的影响

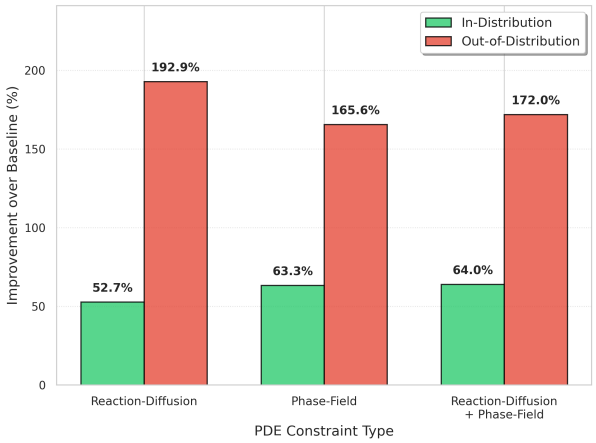
为进一步剖析物理先验各自及其共同发挥的作用，我们通过三个关键指标分析分割性能：边界 F1 分数、Dice分数和 IoU 分数。我们在两个关键训练数据比例（100% 和 10%）下进行此项分析，以区分偏微分方程作为高保真细化器与结构基础的作用。



(a) 边界 F1 分数



(b) Dice分数



(c) IoU 分数

图 4：偏微分方程约束在低样本区间（10%数据比例）中的影响。柱状图量化了单独及组合使用偏微分方程先验（反应-扩散和相场）的细化效果，涵盖三项指标：(a) 边界 F1 分数、(b) Dice分数和 (c) IoU 分数。在这一数据稀缺的环境中，物理先验提供了关键的结构基础，相较于无约束基线带来了显著的相对提升，尤其是在分布外（OOD）形态上。

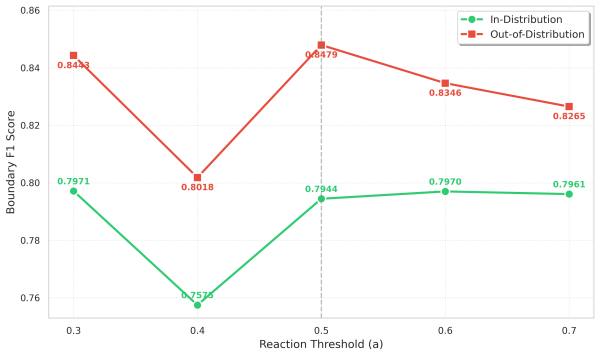
4.4.1 全数据容量下的性能

在数据比例为 100% 时，基线 UNet 已表现出强劲性能。因此，偏微分方程约束主要充当高保真细化器，用于解析细微的界面细节；这些细节往往会被相差显微术中固有的“光晕”伪影所掩盖。

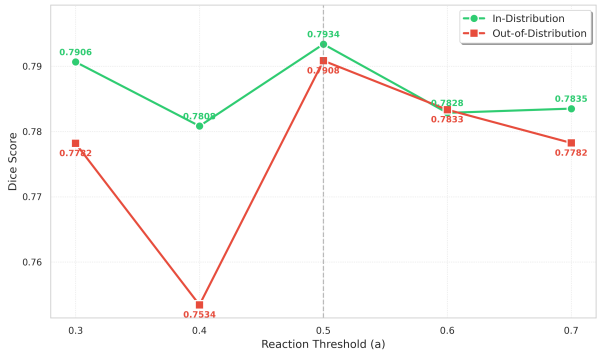
如图 3 所示，相场先验对分布外（OOD）形态表现出尤为显著的细化效果，使 Dice分数和 IoU 分数分别提升 2.2% 和 4.1%。虽然在分布内，全局重叠的提升并不明显，但所有边界中心度量均持续改善，这证实物理归纳偏置有助于网络超越纯粹的统计像素映射，生成在生物学上更合理、边界清晰的界面。

4.4.2 低样本区间的影响

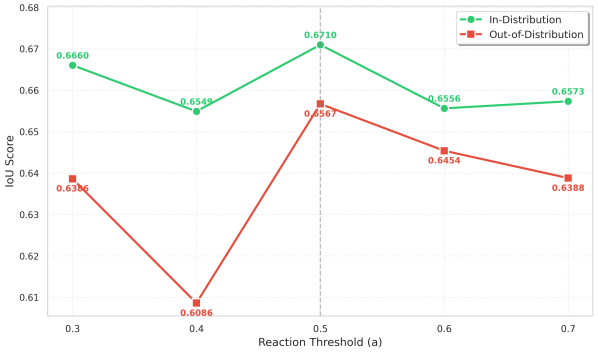
在数据稀缺的 10% 情形下，物理先验从辅助优化手段转变为模型的主要结构基础。由于缺乏足够的监督信号，无约束基线无法维持形态一致性，导致分割结果出现碎片化或“泄漏”。



(a) 边界 F1 分数



(b) Dice分数



(c) IoU 分数

图 5：反应阈值敏感性分析（10%数据）。折线图展示了分割性能对反应扩散方程中反应阈值参数（a）的敏感性。模型同时采用反应-扩散和相场偏微分方程约束。针对分布内（绿色）和分布外（红色）形态，分别使用 (a) 边界 F1 分数、(b) Dice分数和 (c) IoU 分数评估性能。垂直虚线表示对称阈值（$a = 0.5$），该阈值在主要重叠度量上均能保持最佳性能。

如图 4 所示，并在表 4 中详细列出，整合偏微分方程约束后，相较于基线取得了显著的相对提升：

- **边界保真度**：结合反应-扩散与相场的框架使 OOD 细胞类型的边界 F1 分数提高了 333.1%。
- **结构准确性**：对于未见形态，IoU 分数提升了 172.0%，Dice分数提升了 118.8%。

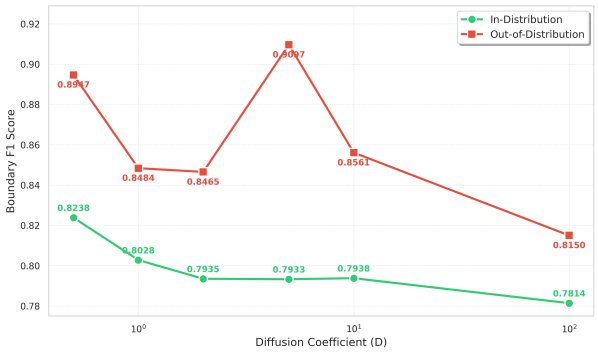
值得注意的是，单独使用反应-扩散先验时，分布外样本的边界 F1 提升幅度最高，达到 358.4%，这凸显了它在标签稀缺时确保全局结构完整性方面的关键作用。这些结果表明，当经验数据有限时，偏微分方程约束优化最能发挥变革性作用；它提供了有充分依据的数学锚点，确保性能稳定且具有泛化能力。

5 消融研究

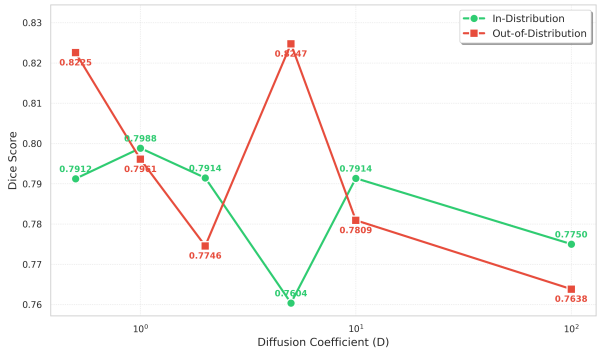
5.1 反应阈值敏感性分析

反应扩散先验由一个阈值参数控制，该参数调节控制偏微分方程中的源项，从而有效定义背景相与细胞相之间的转变。为评估我们框架的稳健性，我们在 $[0.1, 0.9]$ 范围内改变反应阈值 a，进行了敏感性分析。

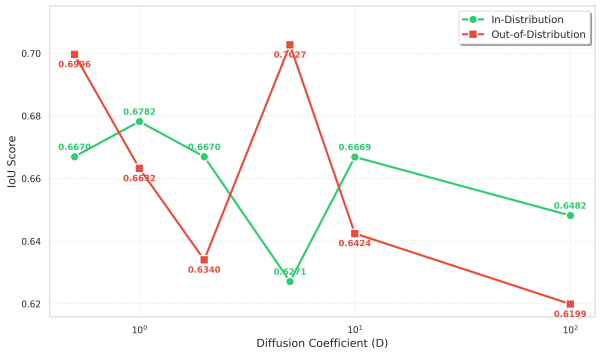
如图 5 和表 5 所示，对于 $a \in [0.3, 0.6]$，模型呈现出稳定的性能平台期，分割区域的结构完整性保持一致。我们观察到，阈值低于 0.2 会导致过度分割



(a) 边界 F1 分数



(b) Dice分数



(c) IoU 分数

图 6：扩散系数敏感性分析（10%数据）。折线图展示了分割性能对反应扩散方程中扩散系数（D）的敏感性。模型采用反应-扩散偏微分方程约束，并针对分布内（绿色）和分布外（红色）测试集，分别通过 (a) 边界 F1 分数、(b) Dice分数和 (c) IoU 分数进行评估。系数 D 用于调节平滑强度； $D = 1.0$在分布内指标上表现最佳，而 $D = 5.0$ 则使分布外性能达到最高。请注意，x 轴采用对数刻度。

并产生“渗漏”边界，因为反应项会对低强度伪影过度敏感。相反，阈值超过 0.8 会导致欠分割，尤其是在暗淡细胞或纤细的丝状伪足中，此时物理先验会抑制有效信号成分。

经实验确定，最优阈值为 0.5；该阈值可形成与相场先验的零水平集对齐的清晰界面，从而使边界 F1 分数最大化。模型在 a 的中间范围内相对不敏感，这表明集成的偏微分方程约束具有自然正则化作用，因此无需针对不同细胞形态进行穷尽式超参数调优。

5.2 扩散系数敏感性分析

扩散系数 D 是我们框架中的主要正则化参数，决定相邻像素之间的空间耦合，并控制预测细胞边界的平滑度。为了评估模型对这一物理先验强度的敏感性，我们将 D 的取值范围设为三个数量级（从 10^{-4} 到 10^{-1}）。

图6和表6汇总的定量结果表明，模型性能对 D 的微小变化具有很强的鲁棒性，尤其是在 $[0.005, 0.05]$ 范围内。我们观察到，过高的扩散系数会导致“过度平滑”，使模型无法捕捉丝状伪足等精细形态特征，因为扩散项会主导数据驱动信号。反之， D 过小会削弱 PDE约束的作用，导致模型的表现趋近于基线 UNet，呈现出掩膜碎片化且易受相差成像“晕圈”伪影影响的特征。

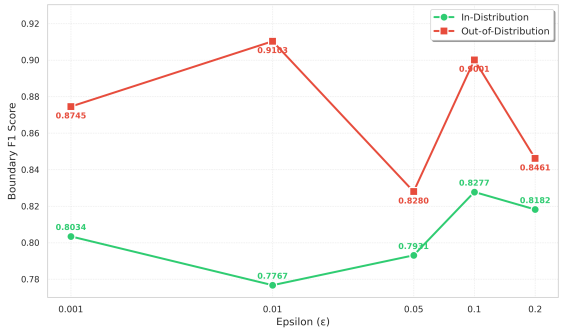
选择 $D = 0.01$ 的最优数值，是因为它在物理正则化与局部特征保持之间实现了理想的平衡。这种稳定性表明，扩散先验能够通过惩罚高频噪声，同时保留细胞底层几何结构，有效正则化优化景观。

5.3 界面宽度敏感性分析

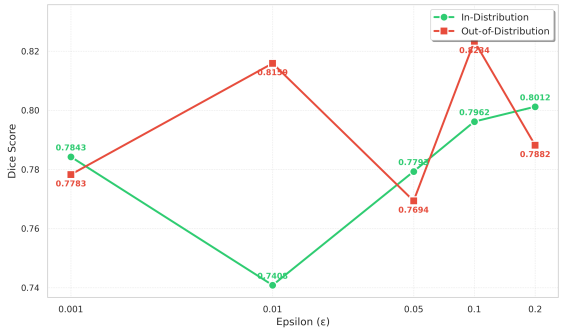
界面宽度参数（ϵ）是相场先验的基本组成部分，因为它决定了细胞相到背景过渡所涉及的空间范围。从物理角度看，ϵ 表示弥散边界的厚度；从数学角度看，它对 Ginzburg-Landau泛函中的梯度惩罚项进行缩放。我们通过将 ϵ 从 0.5 调整到 5.0 像素，评估了分割性能对该参数的敏感性。

图7和表7所示的定量结果表明，模型在 $\epsilon \in [1.0, 2.5]$的中等频率范围内保持较高的结构准确性。在此区间内，弥散界面能够有效地正则化边界，同时不会损害底层的细胞几何结构。我们观察到，$\epsilon < 1.0$ 会使界面变得过于尖锐，从而可能导致数值不稳定性，并对相差图像中的高频噪声或“斑点”伪影产生敏感性。相反，当 ϵ 超过 3.0 时，边界会变得过于弥散，导致边界 F1 分数的精度下降，因为预测边缘会“渗入”细胞外基质。

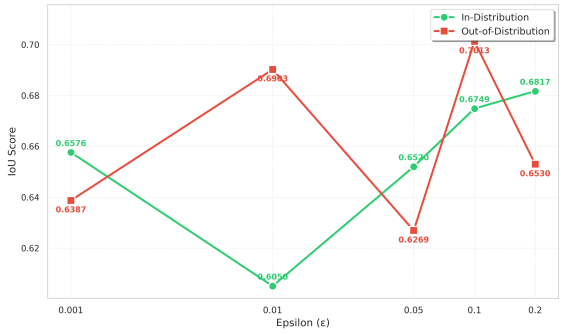
我们的分析确定，$\epsilon = 1.5$是 LIVECell实验的最佳配置。该数值能够实现足够平滑的过渡，在保持密集细胞簇所需的高保真边界分辨率的同时，抑制相差显微术中典型的“光晕”伪影。



(a) 边界 F1 分数



(b) Dice分数



(c) IoU 分数

图7：界面宽度（ϵ）敏感性分析（10%数据）。折线图展示了分割性能对参数 epsilon（ϵ）的敏感性，该参数控制相场能量项中的界面宽度。模型同时采用反应-扩散和相场偏微分方程约束，并使用10%的数据进行训练。模型在分布内（绿色）和分布外（红色）测试集上的表现通过三项指标进行评估：(a) 边界 F1 分数、(b) Dice分数和 (c) IoU 分数。较小的 epsilon 值会产生更锐利的界面，而较大的值会产生更平滑的界面。结果显示，$\epsilon = 0.20$ 对分布内 Dice/IoU 表现最佳，而 $\epsilon = 0.10$ 对分布外表现和分布内边界 F1 表现最佳。

6 结论

在这项工作中，我们提出了一种偏微分方程约束优化框架，将基于物理原理的先验融入深度神经网络，用于相差显微镜图像分割。通过将分割任务表述为变分逆问题，我们突破了纯数据驱动经验风险最小化的局限。将反应-扩散和相场界面能作为可微残差损失加以整合，使模型无需承担传统迭代求解器的计算开销，便能保持结构一致性和边界保真度。

我们在 LIVECell数据集上的实验结果表明，这种物理信息方法在两个关键方面具有显著优势：

- **低样本鲁棒性**：在数据稀缺的情况下（训练集占比为 10%），物理先验充当结构基础，使分布外形态的边界F1分数提升 307.5%，Dice分数提升 113.2%。
- **形态泛化**：该框架有效弥合了不同生物结构之间的差异，使在贴壁细胞上训练的模型能够遵循普适的物理定律，成功分割未见过的球形形态。

研究证实，尽管基线 UNet 在数据充足时表现出色，但加入偏微分方程约束，尤其是相场先验，能够充当高保真度的细化器，解析界面细节并减轻“光晕”效应等光学伪影。本研究表明，将深度架构与数学归纳偏置相结合，可在变分方法与科学机器学习之间搭建一座有原则的桥梁，从而构建出更加稳定、可解释且能够抵御域偏移的模型。未来的工作将探索应用高阶偏微分方程，以捕捉动态细胞环境中更复杂的拓扑变化和多相相互作用。

参考文献

Ying Yu、Chunping Wang、Qiang Fu、Renke Kou、Fuyu Huang、Boxiong Yang、Tingting Yang 和 Mingliang Gao。图像分割的技术与挑战：综述。*Electronics*，12(5):1199，2023年。

Shervin Minaee、Yuri Boykov、Fatih Porikli、Antonio Plaza、Nasser Kehtarnavaz 和 Demetri Terzopoulos。使用深度学习进行图像分割：综述。*IEEE*模式分析与机器智能汇刊，44(7): 3523–3542，2021年。

Mennatullah Siam、Mostafa Gamal、Moemen Abdel-Razek、Senthil Yogamani 和 Martin Jagersand。RTSeg：实时语义分割比较研究。载于*2018*年 第*25*届 *IEEE*国际图像处理会议 *(ICIP)*，第1603–1607页。IEEE，2018年。

Alberto Garcia-Garcia、Sergio Orts-Escolano、Sergiu Oprea、Victor Villena-Martinez 和 Jose Garcia-Rodriguez。应用于语义分割的深度学习技术综述。*arXiv*预印本 *arXiv:1704.06857*，2017年。

KKD Ramesh、G Kiran Kumar、K Swapna、Debabrata Datta 和 S Suman Rajest。医学图像分割算法综述。*EAI Endorsed Transactionson Pervasive Health & Technology*，7(27)，2021年。

Erik Meijering。细胞分割：50年后的回顾 [生命科学]。*IEEE*信号处理杂志，29(5)：140–145，2012年。

Christoffer Edlund、Timothy R Jackson、Nabeel Khalid、Nicola Bevan、Timothy Dale、Andreas Dengel、Sheraz Ahmed、Johan Trygg 和 Rickard Sjögren。LIVECell——一个用于无标记活细胞分割的大规模数据集。《自然·方法》，18(9)：1038–1045，2021年。

Sara Vicente、Joao Carreira、Lourdes Agapito和Jorge Batista。重建Pascal VOC。载于*IEEE*计算机视觉与模式识别会议论文集，第41–48页，2014。Olaf Ronneberger、Philipp Fischer和Thomas Brox。U-Net：用于生物医学图像分割的卷积网络。载于医学图像计算与计算机辅助干预国际会议，第234–241页。Springer，2015年。Özgün Çiçek、Ahmed Abdulkadir、Soeren S Lienkamp、Thomas Brox和Olaf Ronneberger。3D U-Net：从稀疏标注学习密集体积分割。载于医学图像计算与计算机辅助干预国际会议，第424–432页。Springer，2016年。Fausto Milletari、Nassir Navab和Seyed-Ahmad Ahmadi。V-Net：用于体积医学图像分割的全卷积神经网络。载于*2016*年第四届三维视觉国际会议（*3DV*），第565–571页。IEEE，2016年。

Ozan Oktay、Jo Schlemper、Loic Le Folgoc、Matthew Lee、Mattias Heinrich、Kazunari Misawa、Kensaku Mori、Steven McDonagh、Nils Y Hammerla、Bernhard Kainz等。注意力U-Net：学习在何处寻找胰腺。*arXiv*预印本 *arXiv:1804.03999*，2018年。Zongwei Zhou、Md Mahfuzur Rahman Siddiquee、Nima Tajbakhsh和Jianming Liang。UNet++：一种用于医学图像分割的嵌套U-Net架构。载于医学图像分析中的深度学习国际研讨会，第3–11页。Springer，2018年。Alexey Dosovitskiy。一张图像抵得上16x16个词：用于大规模图像识别的Transformer。*arXiv*预印本 *arXiv:2010.11929*，2020年。Jieneng Chen、Yongyi Lu、Qihang Yu、Xiangde Luo、Ehsan Adeli、Yan Wang、Le Lu、Alan L Yuille和Yuyin Zhou。TransUNet：Transformer为医学图像分割提供强大的编码器。*arXiv*预印本 *arXiv:2102.04306*，2021年。Vladimir N Vapnik。统计学习理论概述。《*IEEE*神经网络汇刊》，10(5):988–999，1999。Hao Guan和Mingxia Liu。医学图像分析的域自适应：综述。《*IEEE*生物医学工程汇刊》，69(3):1173–1185，2021年。Simon Kohl、Bernardino Romera-Paredes、Clemens Meyer、Jeffrey De Fauw、Joseph R Ledsam、Klaus Maier-Hein、SM Eslami、Danilo Jimenez Rezende和Olaf Ronneberger。用于歧义图像分割的概率U-Net。《神经信息处理系统进展》，31，2018年。George Em Karniadakis、Ioannis G Kevrekidis、Lu Lu、Paris Perdikaris、Sifan Wang和Liu Yang。物理信息机器学习。《自然综述：物理学》，3(6):422–440，2021年。Yogita Yogita和Thomas Bocklitz。面向成像数据的物理信息深度学习进展：方法与应用综述。《物理学杂志：光子学》，2025年。Maziar Raissi、Paris Perdikaris和George E Karniadakis。物理信息神经网络：一种求解涉及非线性偏微分方程的正问题与反问题的深度学习框架。《计算物理学杂志》，378:686–707，2019。Chayan Banerjee、Kien Nguyen、Olivier Salvado、Truyen Tran和Clinton Fookes。用于医学图像分析的物理信息神经网络：综述。*arXiv*预印本 *arXiv:2408.01026*，2024年。Mohammadreza Movahhedi、Xin-Yang Liu、Biao Geng、Coen Elemans、Qian Xue、Jian-Xun Wang和Xudong Zheng。利用物理信息神经网络从二维成像预测三维软组织动力学。《通讯生物学》，6(1):541，2023年。Matthew Ragoza和Kayhan Batmanghelich。用于磁共振弹性成像中组织弹性重建的物理信息神经网络。载于医学图像计算与计算机辅助干预国际会议，第333–343页。Springer，2023年。Ali Ghafouri和George Biros。三维多种群肿瘤生长模型的反问题正则化。《国际生物医学工程数值方法杂志》，41(7):e70057，2025年。Yusuf Guven、Vincenzo Di Vito和Ferdinando Fioretto。学习求解受偏微分方程约束的优化问题。*arXiv*预印本 *arXiv:2509.24573*，2025年。Do Hyun Chung和Guillermo Sapiro。利用基于偏微分方程的图像处理算法分割皮肤病变。《*IEEE*医学成像汇刊》，19(7):763–767，2000年。Emmeline E Brown、Andrew A Guy、Natalie A Holroyd、Paul W Sweeney、Lucie Gourmet、Hannah Coleman、Claire Walsh、Athina E Markaki、Rebecca Shipley、Ranjan Rajendram等。用于视网膜定量评估的物理信息深度生成学习。*Nature Communications*，15(1):6859，2024年。Xiaofeng Wu、Ziling Wu、Sibi Chakravarthy Shanmugavel、Hang Z Yu和Yunhui Zhu。基于强度传输方程的相位成像物理信息神经网络。《光学快报》，30(24):43398–43416，2022年。Paul Vernaza。用于语义分割的变分反应-扩散系统。*arXiv*预印本 *arXiv:1604.00092*，2016年。Zhe Zhang、Yi Min Xie、Qing Li和Shiwei Zhou。一种基于反应–扩散的三维图像分割水平集方法。《人工智能工程应用》，96:103998，2020年。Muhammad Irfan、Nasir Rahim和Khalid Mahmood Malik。一种用于DSA序列中边界一致且稳健动脉分割的物理信息损失函数。*arXiv*预印本 *arXiv:2511.20501*，2025年。

Michal Balcerak、Jonas Weidner、Petr Karnakov、Ivan Ezhov、Sergey Litvinov、Petros Koumoutsakos、Tamaz Ami-ranashvili、Ray Zirui Zhang、John S Lowengrub、Igor Yakushev 等。通过优化数据与物理信息离散损失，为胶质瘤放射治疗规划提供个体化方案。*Nature Communications*，16(1):5982，2025年。Chaoyu Liu、Zhonghua Qiao、Chao Li 和 Carola-Bibiane Schönlieb。逆演化层：用于图像分割的物理信息正则化器。*SIAM* 数据科学数学期刊，7(1):55–85，2025年。Tsung-Yi Lin、Michael Maire、Serge Belongie、James Hays、Pietro Perona、Deva Ramanan、Piotr Dollár 和 C Lawrence Zitnick。Microsoft COCO：情境中的常见物体。载于欧洲计算机视觉会议，第 740–755 页。Springer，2014。

A 附录

表 2：PDE细化（RD + 相场）在多个指标和数据比例下带来的性能提升

指标	Data 比例	分布内 阶段1	分布内 阶段2	分布内 提升（%）	分布外 阶段1	分布外 阶段2	分布外 提升（%）
Dice分数	10%	0.5351	0.7868	47.03	0.3602	0.7681	113.23
	25%	0.8221	0.8484	3.20	0.8428	0.8354	-0.89
	50%	0.8539	0.8866	3.83	0.8590	0.8844	2.95
	75%	0.8747	0.8846	1.13	0.8583	0.8842	3.03
	100%	0.8847	0.8927	0.90	0.8880	0.8800	-0.91
IoU 分数	10%	0.4069	0.6609	62.45	0.2398	0.6252	160.74
	25%	0.7079	0.7486	5.75	0.7297	0.7196	-1.38
	50%	0.7529	0.8029	6.65	0.7533	0.7932	5.30
	75%	0.7846	0.7998	1.94	0.7523	0.7931	5.42
	100%	0.8000	0.8127	1.58	0.7991	0.7862	-1.61
边界 F1	10%	0.3565	0.7876	120.92	0.2006	0.8176	307.54
	25%	0.8537	0.8832	3.45	0.9270	0.9079	-2.06
	50%	0.8970	0.9251	3.14	0.9334	0.9488	1.66
	75%	0.9101	0.9250	1.63	0.9217	0.9480	2.85
	100%	0.9237	0.9283	0.50	0.9544	0.9406	-1.45

表 3：组件消融：相较于基线的性能提升（100% 数据）– 反应扩散 + 相场模型

指标	PDE约束 Type	分布内 基线	分布内 数值	分布内 提升（%）	分布外 基线	分布外 数值	分布外 提升（%）
Dice分数	反应-扩散	0.8824	0.8920	1.09	0.8766	0.8937	1.95
	相场	0.8824	0.8956	1.50	0.8766	0.8962	2.24
	反应扩散 + 相场	0.8824	0.8943	1.35	0.8766	0.8940	1.98
IoU 分数	反应-扩散	0.7966	0.8114	1.86	0.7808	0.8083	3.52
	相场	0.7966	0.8175	2.63	0.7808	0.8125	4.06
	反应扩散 + 相场	0.7966	0.8152	2.34	0.7808	0.8087	3.58
边界 F1	反应-扩散	0.9181	0.9288	1.16	0.9357	0.9535	1.91
	相场	0.9181	0.9344	1.78	0.9357	0.9534	1.90
	RD + 相场	0.9181	0.9331	1.63	0.9357	0.9537	1.93

表 4：组件消融：相较基线的性能提升（10%数据）– RD +相场模型

指标	PDE约束 Type	分布内 基线	分布内 数值	分布内 提升（%）	分布外 基线	分布外 数值	分布外 提升（%）
Dice分数	反应-扩散	0.5351	0.7582	41.69	0.3602	0.8246	128.93
	相场	0.5351	0.7894	47.51	0.3602	0.7767	115.63
	RD + 相场	0.5351	0.7915	47.91	0.3602	0.7882	118.82
IoU 分数	反应-扩散	0.4069	0.6215	52.75	0.2398	0.7024	192.92
	相场	0.4069	0.6644	63.31	0.2398	0.6368	165.56
	反应扩散 + 相场	0.4069	0.6672	64.00	0.2398	0.6522	171.99
边界 F1	反应-扩散	0.3565	0.7798	118.74	0.2006	0.9196	358.36
	相场	0.3565	0.7978	123.80	0.2006	0.8552	326.26
	反应扩散 + 相场	0.3565	0.8029	125.21	0.2006	0.8690	333.15

表 5：反应阈值敏感性：性能指标（10%数据）– 反应扩散 + 相场模型

反应	分布内			分布外		
阈值 (a)	Dice	IoU	边界 F1	Dice	IoU	边界 F1
a = 0.3	0.7906	0.6660	0.7971	0.7782	0.6386	0.8443
a = 0.4	0.7808	0.6549	0.7575	0.7534	0.6086	0.8018
a = 0.5	0.7934	0.6710	0.7944	0.7908	0.6567	0.8479
a = 0.6	0.7828	0.6556	0.7970	0.7833	0.6454	0.8346
a = 0.7	0.7835	0.6573	0.7961	0.7782	0.6388	0.8265

表6： 扩散系数敏感性：性能指标（10%数据）– 反应-扩散模式 l

扩散	分布内			分布外		
系数 (D)	Dice	IoU	边界 F1	Dice	IoU	边界 F1
D = 0.5	0.7912	0.6670	0.8238	0.8225	0.6996	0.8947
D = 1.0	0.7988	0.6782	0.8028	0.7961	0.6632	0.8484
D = 2.0	0.7914	0.6670	0.7935	0.7746	0.6340	0.8465
D = 5.0	0.7604	0.6271	0.7933	0.8247	0.7027	0.9097
D = 10.0	0.7914	0.6669	0.7938	0.7809	0.6424	0.8561
D = 100.0	0.7750	0.6482	0.7814	0.7638	0.6199	0.8150

Table 7：界面宽度（ϵ）敏感性：性能指标（10%数据）– 反应扩散 + 相场模型 el

Epsilon（ϵ）	分布内			分布外		
	Dice	IoU	边界 F1	Dice	IoU	边界 F1
$\epsilon = 0.001$	0.7843	0.6576	0.8034	0.7783	0.6387	0.8745
$\epsilon = 0.01$	0.7408	0.6050	0.7767	0.8159	0.6903	0.9103
$\epsilon = 0.05$	0.7793	0.6520	0.7931	0.7694	0.6269	0.8280
$\epsilon = 0.10$	0.7962	0.6749	0.8277	0.8234	0.7013	0.9001
$\epsilon = 0.20$	0.8012	0.6817	0.8182	0.7882	0.6530	0.8461