

RA-UNet:一种混合深度注意力感知网络,用于在 CT 扫描中提取肝脏和肿瘤

Qiangguo Jin, Zhaopeng Meng, Changming Sun, Leyi Wei, and Ran Su

摘要:由于它们的异质和扩散形状,从 CT 体积中自动提取肝脏和肿瘤是一项具有挑战性的任务。最近,由于利用大型标记数据集来学习分层特征,2D 和 3D 深度卷积神经网络在医学图像分割任务中变得流行。然而,3D 网络由于其计算资源的高成本而存在一些缺点。

在本文中,我们提出了一种名为 RA-UNet 的 3D 混合残余注意力感知分割方法,用于精确提取感兴趣的肝脏体积 (VOI) 并从肝脏 VOI 中分割肿瘤。所提出的网络具有作为 3D U-Net 的基本架构,它结合低级特征图和高级特征图提取上下文信息。注意力模块是堆叠在一起的,因此当网络变得“非常深”时,注意力感知功能会自适应地变化,这可以通过残差学习来实现。这是第一个使用注意力残差机制处理医学体积图像的工作。我们在公共 MICCAI 2017 肝肿瘤分割数据集和 3DIRCdb 数据集上评估了我们的框架。结果表明,我们的架构优于其他最先进的方法。我们还将我们的 RA-UNet 扩展到 BraTS2018 和 BraTS2017 数据集上的脑肿瘤分割,结果表明 RA-UNet 在脑肿瘤分割任务上也取得了良好的性能。

索引词 医学图像分割、肿瘤提取、U-Net,残差学习,注意力机制。

一、引言

LIVER 肿瘤或肝肿瘤 也称为肝癌,是全球最常见的内部恶性肿瘤之一 (6%),也是癌症的主要死因之一 (9%)[1],[2]。即使是良性 (非癌性) 肿瘤有时也会长到足以引起健康问题。

计算机断层扫描 (CT) 用于帮助诊断肝脏肿瘤 [3]。在选择最佳治疗方法的任何手术干预之前,从 CT 中提取肝脏和肿瘤是一项关键的先前任务。从医学图像中准确分割肝脏和肿瘤提供了精确的

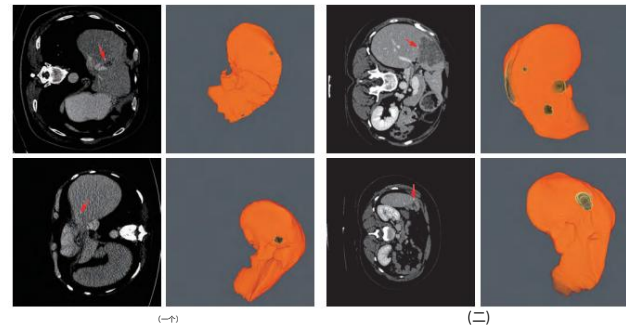


图 1. 典型的 2D CT 扫描示例和肝脏/肿瘤提取的相应基本事实的 3D 视图,其中红色箭头表示肿瘤/病变区域。橙色区域表示肝脏,黄色区域内较暗的区域表示肿瘤。(a) 显示来自 MICCAI 2017 肝肿瘤分割 (LiTS) 数据集的两个切片。(b) 显示了来自 3DIRCdb 数据集的两个切片。

人体中的位置。然后可以提供由专家评估的疗法来治疗个体患者[4]。

然而,由于肝脏和肿瘤的异质和扩散形状,从 CT 图像中分割它们是相当具有挑战性的。已经采取了许多努力来解决肝脏/肿瘤的分割任务。图 1 显示了一些典型的肝脏和肿瘤 CT 扫描。

一般来说,肝脏和肿瘤的提取方法可以分为三类:手动分割、半自动分割和自动分割。手动分割是一种主观的、可重复性差且耗时的方法。它在很大程度上依赖于人类可识别的特征,并且需要具有高级技术技能的人来执行此类任务。这些因素使其在实际应用中变得不切实际 [5]。半自动分割需要最初的人工干预,这可能会导致偏见和错误。为了加速和促进诊断、治疗计划、监测并最终帮助外科医生切除肿瘤,有必要开发一种自动化和精确的方法从 CT 图像中分割肿瘤。然而,大尺度的空间和结构变异、肝脏和肿瘤区域之间的低对比度、噪声的存在、部分体积效应、3D 空间肿瘤特征的复杂性,甚至邻近器官的相似性,使得分割的自动化相当困难。任务[5]。最近,卷积神经网络 (CNN) 已应用于许多体积图像分割。已经开发了许多 CNN 模型,包括 2D 和 3D 网络。然而,3D 网络通常不如相应的 2D 网络高效和灵活。例如,2D 和 3D

2018年10月4日投稿。(通讯作者:魏乐毅、苏然)。

金强国,天津大学英特尔智能与计算学院计算机软件学院 (邮箱:qgking@tju.edu.cn)。

孟兆鹏,天津大学智能与计算学院计算机软件学院 (电子邮箱:mengzp@tju.edu.cn)。

Changming Sun 在澳大利亚悉尼的 CSIRO Data61 (电子邮件:changming.sun@csiro.au)。

魏乐一,天津大学智能与计算学院计算机科学与技术学院,天津,中国 (e-mail:weileiyi@tju.edu.cn)

苏然 计算机软件学院、智能学院
天津大学计算机系,天津,中国 (电子邮件:ran.su@tju.edu.cn)。

已经提出了用于语义分割的全卷积网络 (FCN)[6]。然而,由于高计算成本和 GPU 内存消耗,与 2D FCN 相比,3D FCN 的深度有限,这使得将 2D 网络扩展到 3D 网络是不切实际的。

为了解决这些问题,并受到注意力机制 [7] 和残差网络 [8] 的启发,我们提出了一种名为 RA-UNet 的混合残差注意力感知肝脏和肿瘤提取神经网络,旨在有效地提取 3D 体积上下文特征以端到端的方式从 CT 图像中提取肝脏和肿瘤。所提出的网络集成了 U-Net 架构和注意力的残差网络,据我们所知,它是第一个将注意力残差机制用于医学图像分割任务的工作。

我们工作的贡献如下:首先,将残差块堆叠到我们的架构中,这允许更深的架构并可以处理梯度消失问题。其次,注意力机制可以具有关注图像特定部分的能力。

通过堆叠注意力模块可以实现不同类型的注意力,从而使注意力感知特征可以自适应地变化。第三,我们使用 2D/3D U-Net 作为基本架构来捕获多尺度的注意力信息,并将低层的注意力信息与高层的特征相结合。还值得注意的是,我们的肝脏/肿瘤分割方法是一个完整的 3D 网络,用于以端到端的方式进行分割。此外,我们的模型不依赖于任何预训练模型或常用的后处理技术,例如 3D 条件随机场。通过对不同数据集的测试证明了所提出方法的概括性。与 MICCAI 2017 肝肿瘤分割 (LiTS) 数据集和 3DIRCADb 数据集 [9] 上的其他最先进的方法相比,我们的架构不仅提取了准确的肝脏和肿瘤区域,而且实现了具有竞争力的性能。此外,我们将 RA-UNet 扩展到脑肿瘤分割任务,结果证明我们的 RA-UNet 可扩展到其他医学图像分割任务。我们的论文的结构安排如下。

在第二节中,我们简要回顾了当前最先进的自动肝肿瘤分割方法。我们在第三节中详细说明了该方法,包括数据集、预处理策略、混合深度学习架构和训练过程。在第四节中,我们评估所提出的算法,报告实验结果,与其他一些方法进行比较,并将我们的方法扩展到其他医学分割任务。第五节给出了结论和未来的工作。

二、相关作品

最近,深度神经网络 (DNN) 已被用于许多领域,例如自然语言处理和图像分析 [10]。有些人在医学成像挑战中取得了最先进的性能[11]。与使用手工特征的传统方法不同,DNN

能够自动学习判别特征。包含分层信息的学习特征能够表示输入数据的每个级别。在这些方法中,CNN 是最流行的方法之一,并且在 3D 医学图像分析任务中表现出令人印象深刻的性能。提出了基于多尺度补丁和基于像素的策略来提高分割性能。

例如,张等人。提出了一种使用深度 CNN 使用多模态磁共振图像 (MRI) 分割脑组织的方法 [12]。李等人。提出了一种基于 2D CNN 的自动方法从 CT 切片中分割病变,并将 CNN 模型与其他传统机器学习技术 [5] 进行了比较,包括 AdaBoost [13]、随机森林 (RF) [14] 和支持向量机 (SVM) [15]。这项研究表明,CNN 在分割密度不均匀、边界不清晰的肿瘤方面仍然存在局限性。佩雷拉等人。提出了一种具有小内核的 CNN 架构,用于在 MRI 数据上分割脑肿瘤 [16]。该架构在完整区域、核心区域和增强区域中分别达到了 0.78、0.65 和 0.75 的 Dice 相似系数指标。李等人。提出了一种基于 CNN 的架构,该架构可以从提供的标签中学习以构建大脑分割特征 [17]。然而,由于内存需求低、计算复杂度低和大量预训练模型,大多数最新的 CNN 架构 (包括上面回顾的方法)都使用来自 3D 体积的 2D 切片来执行分割任务。

但是,没有考虑器官的空间结构组织,没有充分利用体积信息。

因此,外科医生迫切需要充分利用空间信息的3D自动分割。

为了在 CNN 中充分添加 3D 空间结构用于 3D 医学图像分析,最近在医学成像领域提出了考虑 3D 体积轴向的 3D CNN。沙克里等人。提出了一种 2D CNN 架构来检测一组脑切片中的肿瘤 [18]。

然后,他们还应用 3D 条件随机场 (CRF) 算法进行后处理,以实现体积均匀性。这是最早在体积图像上使用 CNN 相关分割的研究之一。C, ic, ek 等人。通过向 U-Net 提供 2D 连续切片 [19] 从稀疏连续的体积图像中学习。然后大规模采用基于 3D CNN 的分割方法。

安德马特等人。使用带有门控循环单元的 3D 循环神经网络 (RNN) 来分割大脑 MRI 数据集中的灰质和白质 [20]。多尔兹等人。研究了用于 MRI 图像中皮层下脑结构分割的 3D FCN [21]。

他们通过具有更深网络的小内核降低了计算和内存成本,这对于 3D CNN 来说是一个相当严重的问题。裴等人。提出了一种用于体积脑分割的深度密集卷积网络[22]。

这种架构提供了层之间的密集连接。他们将精细块和粗糙块的特征图连接起来,从而可以捕获多尺度的上下文信息。3D 深度监督网络 (DSN)具有更快的收敛速度和更好的辨别能力,可以扩展到其他医疗应用 [23]。奥克泰等人。提出了一种新的注意力门模型,称为注意力 U-Net

1 <https://github.com/RanSuLab/RAUNet-tumor-segmentation.git>

用于医学成像,可以学习专注于不同形状和大小的目标结构[24]。然而,由于硬件限制,3D卷积医学图像分割仍然是一个瓶颈。

对于 3D 体积图像中的肝肿瘤检测,使用基于 CNN 的方法进行的探索并不多。卢等人提出了一种基于 3D CNN 的方法来执行概率分割任务,并使用图切割来细化之前的分割结果。然而,由于仅在一个数据集上进行了测试,该架构的通用性仍需要验证 [25]。基督等人提出了一种级联 FCNs (CFCNs) 来分割 CT 和 MRI 图像中的肝脏及其病变,这使得分割能够用于大规模医学试验 [3]。他们训练第一个 FCN 来分割肝脏,并训练第二个 FCN 根据预测的肝脏感兴趣区域 (ROI) 来分割其病变。这种方法达到了 94% 的 Dice 分数。此外,基督等人还使用两种 CNN 架构预测肝细胞癌 (HCC) 恶性肿瘤 [26]。他们将 CFCN 作为分割肿瘤病变的第一步。然后他们应用了一个名为 SurvivalNet 的 3D 神经网络来预测病变的恶性程度。

该方法实现了 65% 的准确度,病灶分割的 Dice 得分为 69%,肿瘤恶性肿瘤检测的准确度为 68%。卡鲁瓦等人提出了一种基于 LiTS 数据集的全自动两阶段级联肝脏和肿瘤分割方法,他们在肝脏和肿瘤上的全局 Dice 得分分别为 0.923 和 0.623 [27]。毕等人将 2D 残差块集成到他们的网络中,并获得了 0.959 [28] 的 Dice 分数。此外,李等人。为肝脏和肿瘤分割构建了一个混合密集连接的 U-Net,它结合了肝脏和肿瘤的 2D 和 3D 特征[29]。他们在肝脏和肿瘤分割上的 Dice 分数分别为 0.961 和 0.722。潘迪等人通过引入 ResNet-blocks 降低了深度神经网络的复杂性,并在肿瘤分割上获得了 0.587 的 Dice 分数 [30]。然而,如前所述,它们中的大多数基于 3D 体积的 2D 切片分割肝脏或病变区域。空间信息没有得到最大程度的考虑。

最近,基于注意力的图像分类[31]和语义分割架构[32]引起了很多关注。一些医学成像任务已经使用注意力机制来解决实际应用中的问题。例如,Schlemper 等人提出了一种注意力门控网络,用于胎儿超声筛查中的实时自动扫描平面检测 [33]。集成的自门控软注意机制可以很容易地融入其他网络,取得了良好的性能。

总体而言,预计 3D 深度网络与注意力机制相结合将在肝脏/肿瘤提取任务中取得良好的性能。

三、方法

A. 我们提出的架构概述

我们的整体分割架构如图 2 所示。所提出的架构由三个主要阶段组成,依次提取肝脏和肿瘤。首先,为了

表一

人体的典型组织辐射密度

组织	胡
空气	-200+
骨	400+
肝	40 50
水	0±10
血液	3 14

为了减少整体计算时间,我们使用了一个名为 RA-UNet-I 的二维残差注意力感知 U-Net (RA-UNet),它基于残差注意力机制和 U-Net 连接来标记

出一个粗肝边界框。接下来,训练一个称为 RA-UNet-II 的 3D RA-UNet 以获得精确的肝脏 VOI。最后,将先前的肝脏 VOI 发送到第二个 RA UNet-II 以提取肿瘤区域。设计的网络可以处理各种复杂条件下的体积,并在不同的肝脏/肿瘤数据集中获得理想的结果。

B. 数据集和材料

在我们的研究中,我们使用公共肝脏肿瘤分割挑战 (LiTS) 数据集来评估所提出的架构。它共有 200 次 CT 扫描,其中 130 次扫描作为训练数据,70 次扫描作为测试数据,两者具有相同的 512×512 平面内分辨率,但每次扫描的轴向切片数量不同。这些训练数据及其对应的 ground truth 由世界各地的各个临床站点提供,而测试数据的 ground truth 不可用。

另一个名为 3DIRCADb 的数据集用作外部测试数据集,以测试我们模型的泛化性和可扩展性。它包括来自欧洲医院的 20 次增强 CT 扫描和相应的手动分割肿瘤。

具有 512×512 平面内分辨率的轴向切片数量因每次扫描而异。

C. 数据预处理

对于医学图像体积,亨斯菲尔德单位 (HU) 是由 CT 确定的相对密度的度量。HU 值通常在 -1000 到 1000 之间。由于肿瘤生长在肝组织上,周围的骨骼、空气或不相关的组织可能会干扰分割结果。因此,使用初始分割来过滤掉这些噪声,使肝脏区域保持干净以进行分割。在便利性和效率方面,我们采取了全局窗口化步骤作为我们的数据预处理策略。

我们在表一中列出了一些主要组织的典型放射密度,这表明这些组织具有广泛的 HU 值。从表中可以看出,空气的 HU 值通常在 -200 以上;对于骨骼,它是这些组织中最高的 HU 值;肝脏为 40 HU 至 50 HU;对于水,大约为 -10 HU 到 10 HU;对于血液,它是从 3 HU 到 14 HU。

在本文中,我们将 HU 窗口设置在 -100 到 200 的范围内。通过这样的窗口,大部分不相关的器官和组织都被移除了。图 3 (a)和 (b)的第一行显示了 3D、冠状、矢状和轴

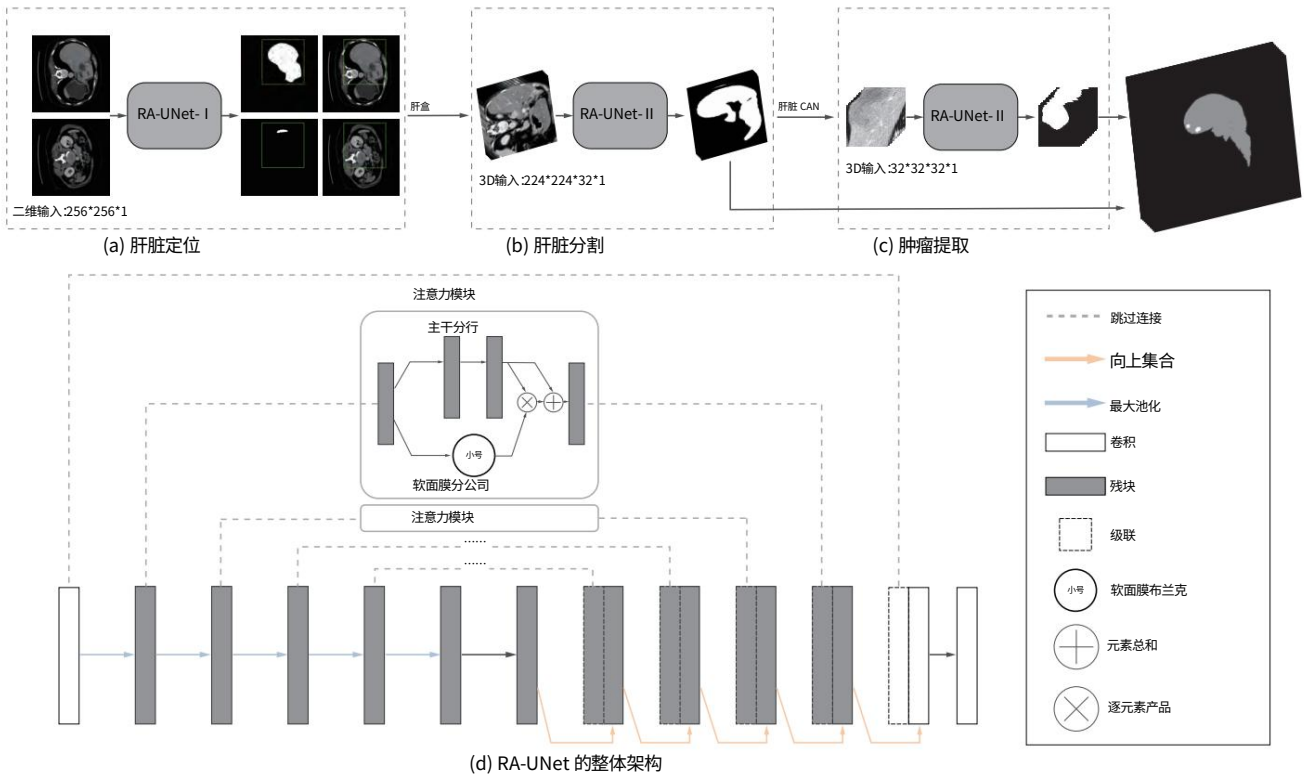


图 2. 拟议的肝脏和肿瘤分割流程概述。(a) 一个简单版本的 2D RA-UNet (RA-UNet-I) 用于对边界框内的肝脏区域进行粗略定位。(b) 3D RA-UNet (RA-UNet-II) 设计用于在肝脏边界框内分层提取肝脏 VOI 的注意感知特征。(c) RA-UNet-II 负责准确提取肝脏 VOI 内的肿瘤。(d) RA-UNet 的整体架构。

分别是 LiTS 和 3DIRCAB 的原始体积。第二行显示去除了无关器官的预处理卷。可以看出,大部分的噪音都被去除了。图 3(a) 和 (b) 中第三行的左侧和右侧说明了开窗前后 HU 值的分布,其中频率表示 HU 值的频率。我们对开窗后的数据应用了零均值归一化和最小最大归一化。不再进行图像处理。

D. RA-UNet 架构

第一次在语义图像分割中引入注意力机制是在[32]中,它将共享网络与注意力机制相结合,取得了良好的性能。最近,注意力机制逐渐应用于医学图像分割[24]、[33]。受剩余注意力学习 [31] 和 U-Net [34] 的启发,我们提出了 RA-UNet,它具有用于肝肿瘤分割任务的“非常深”的架构。残差块允许网络有数百层,而注意力机制学习关注与区分感兴趣对象相关的位置。该架构的概述如图 2(d) 所示。

1)U-Net作为基础架构:我们的RA-UNet整体架构类似于标准U-Net,由架构两侧对称的编码器和解码器组成。上下文信息由编码器在丰富的跳过连接中传播,这使得

更复杂的层次特征的提取。解码器接收具有不同复杂性的特征,并以粗到细的方式重构特征。一个值得注意的创新是,U-Net 通过编码器部分和相应的解码器部分引入了远程连接,从而可以将来自编码器的不同层次特征合并到解码器,从而使网络更加精确和可扩展。

2)残差学习机制:网络深度至关重要。然而,梯度消失是非常深的神经网络在进行反向传播时的常见问题,导致训练结果不佳。为了克服这个问题,He等人。提出了深度残差学习框架来学习身份图的残差[8]。在我们的研究中,除了第一层和最后一层(图2 (d))之外,剩余块被堆叠以释放深度神经网络的能力并使其变得“更深”。堆叠的残差块通过使用恒等映射作为跳过连接和后加激活来解决神经网络结构级别的梯度消失问题。

残差单元直接将特征从早期卷积传播到晚期卷积,从而提高模型的性能。残差块定义为:

$$OR_i, c(x) = x + f_i, c(x) \quad (1)$$

其中 x 表示残差块的第一个输入, OR 表示残差块的输出, i 覆盖所有空间位置, $c \in \{1, \dots, C\}$ 表示通道的索引, C 是

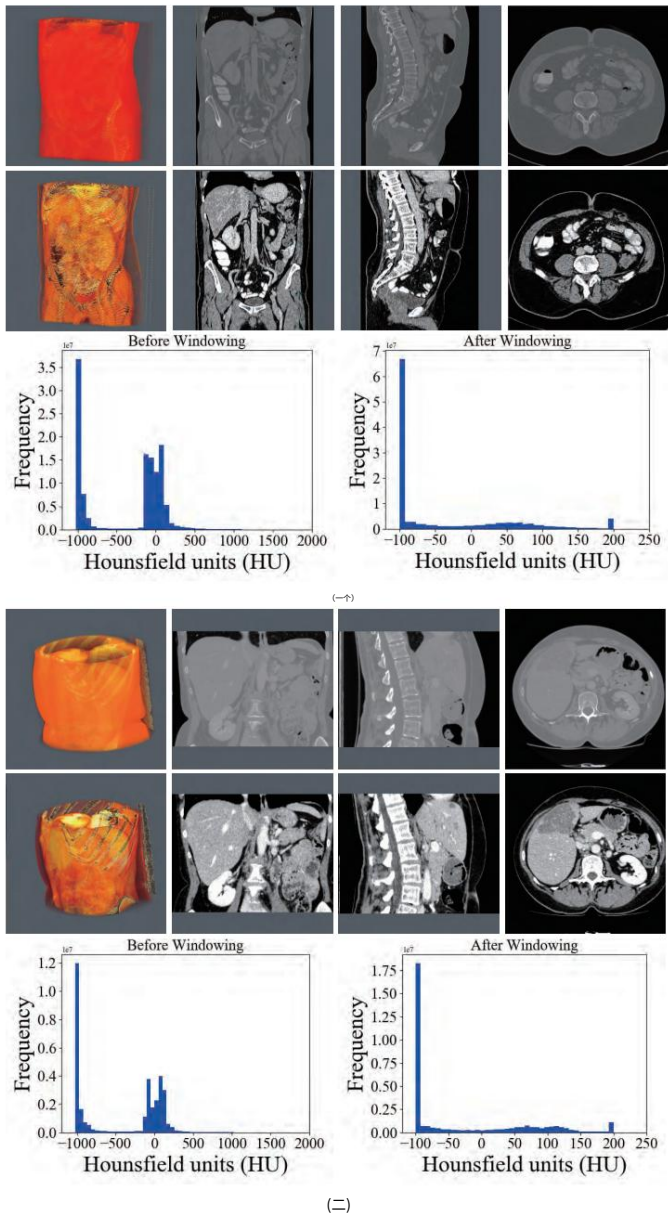


图3 原始 CT 扫描（第一行）、加窗（第二行）扫描和加窗前后 HU（第三行）直方图的比较。(a) 显示了 LiTS 的比较。(b) 显示了在 3DIRCADb 上的比较。

通道总数， f 表示要学习的残差映射。

残差块由批归一化 (BN) 层、激活 (ReLU) 层和卷积层的三组组合组成。卷积恒等映射连接用于确保网络“更深”时的准确性[8]。详细的残差单元如图 5 所示。

3)注意力残差机制:如果只对注意力模块使用朴素堆叠,性能会下降。

这可以通过 Wang 等人提出的注意力残差学习来解决。[31]。注意力残差机制将注意力模块分为主干分支和软掩码分支,主干分支用于处理原始特征,软掩码分支用于构造恒等映射。下Attention模块的输出OA

注意力残差学习可以表述为:

$$OA_{i,c}(x) = (1 + S_{i,c}(x))F_{i,c}(x) \quad (2)$$

其中 $S(x)$ 的值在 $[0,1]$ 中。如果 $S(x)$ 接近于 0, $OA(x)$ 将逼近原始特征图 $F(x)$ 。软掩码分支 $S(x)$ 选择相同的特征并抑制来自主干分支的噪声,在注意力残留机制中起着重要的作用。

软掩码分支具有编码器-解码器结构

已广泛应用于医学图像分割[19]、[34]、[35]。在注意力残留机制中,它旨在增强良好的特征并减少来自主干分支的噪声。软掩码分支中的编码器包含最大池操作、残差块和连接到相应解码器的长程残差块,其中在残差块和上采样操作之后执行逐元素求和。在软掩码的编码器和解码器部分之后,添加了两个卷积层和一个 sigmoid 层以对输出进行归一化。图 4 详细说明了注意力残差模块。

一般来说,注意力残差机制可以通过主干分支保留原始特征信息,通过软掩码分支关注那些肝肿瘤特征。

通过使用注意力残差机制,我们的 RA-UNet 可以显著提高性能。

4)损失函数:通过最小化损失函数来学习权重。在本研究中,我们采用了基于 [36] 中提出的 Dice 系数的损失函数。损失 L 定义如下:

$$L = 1 - \frac{2 \sum_{i=1}^N P_{Ni} \cdot \text{信号}}{\sum_{i=1}^N P_{Ni}^2 + \sum_{i=1}^N P_{Ni}^2} \quad (3)$$

其中 N 是体素的数量, s_i 和 g_i 分别属于二进制分割和二进制地面实况体素集。损失函数直接衡量两个样本的相似性。

E. 使用 RA-UNet-I 进行肝脏定位

第一阶段旨在定位 3D 肝脏边界框。这里引入了一个2D版本的RA-UNet-I来分割一个粗略的肝脏区域,可以降低后续RA-UNet-II的计算成本,去除冗余信息,提供更有效的信息。它作为限制肝脏范围的“基线”。表二说明了详细的网络参数。网络在编码器中从上到下向下,在解码器中反向。在编码阶段,RA-UNet-I 接收一个单通道并向下采样 256×256 大小的切片并将它们向下传递到底部。在解码阶段,较低的特征从底部传递到顶部,分辨率通过上采样操作加倍。

请注意,编码器和解码器之间的远程连接是通过注意块实现的。然后,我们通过连接将注意力块的特征与解码器中相应上采样级别的特征相结合。然后将连接的特征传递给解码器。最后,一个具有 3×3 内核的卷积层

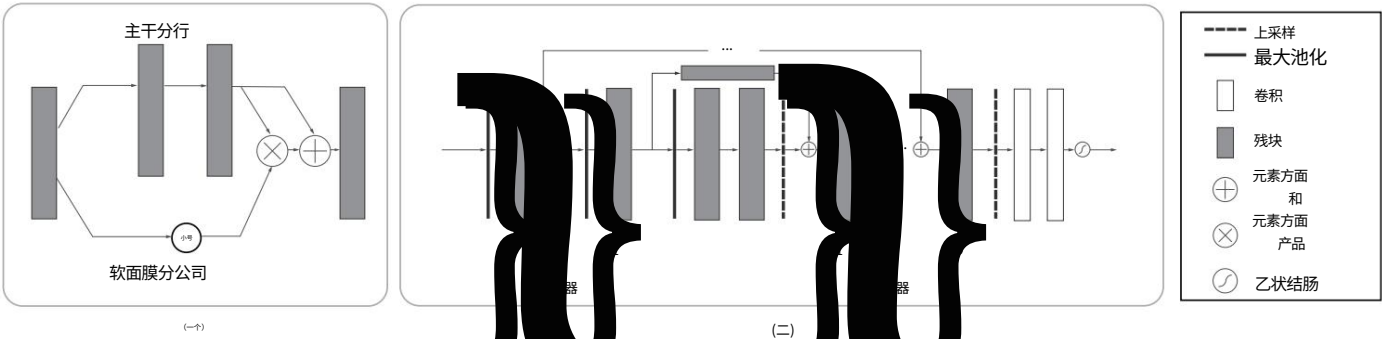


图 4 注意力残差模块的架构。(a) 注意力残差模块包含一个主干分支和一个软掩码分支。主干分支学习原始特征,而软掩码分支专注于减少噪声和增强良好特征。(b) 软掩码分支包含注意力编码器-解码器块。D 表示跳过连接的深度。在我们的网络中,我们根据attention的位置设置D为0,1,2,3 残差块。

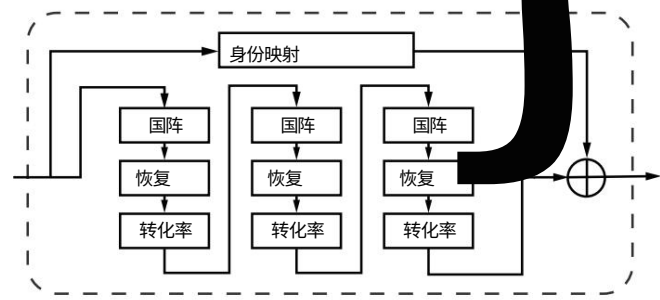


图 5. 虚线窗口中的残差块样本。身份映射在最终的特征输出之前添加卷积块。

表二
提议的 RA-UNET-I 的架构。这里 [] 表示
远程连接; [] 表示连接
手术; CONV 表示卷积; 挺身而出
上采样; RES 表示残差块; 和 ATT 表示
注意块

编码器输出大小	解码器	256^2×16	256^2×16	输出尺寸	
输入	128^2×16	128^2×16	Att1	[Res4],深度=0	16^2×128
转换1	64^2×16	64^2×32	32^2×32	[Up1,Att1]	16^2×128
汇集	32^2×64	16^2×64	上2		32^2×128
资源1	16^2×128	8^2×128	Att2	[Res3],深度=1	32^2×64
汇集	8^2×256	8^2×256	资源8	[Up2,Att2]	32^2×64
资源2	16^2×256	上3			64^2×64
汇集		Att3	[分辨率2],深度=2		64^2×32
Res3		资源9	[Up3,Att3]		64^2×32
汇集		向上4			128^2×32
资源4		Att4	[Res1],深度=3		128^2×16
汇集		分辨率10	[Up4,Att4]		128^2×16
Res5		向上5			256^2×16
资源6		转换2	[Up5,Conv1]		256^2×16
上1		转换3			256^2×1

大小用于生成肝脏的最终概率图
分割。

在测试阶段,我们将切片向下采样到
256×256 并将预处理后的切片输入经过训练的 RA UNet-I 模
型。接下来,我们将所有切片堆叠在原始切片中
序列。然后是 3D 连接组件标签 [37]
采用,并选择最大的组件作为粗
肝区。最后,我们将肝脏区域插值到它的
具有 512×512 平面内分辨率的原始卷大小。

表三
提议的 RA-UNET-II 的架构。这里 [] 表示
远程连接; [] 表示连接
手术; CONV 表示卷积; 挺身而出
上采样; RES 表示残差块; 和 ATT 表示
注意块

编码器输出	大小	解码器	224^2×32×1	输出尺寸
输入	224^2×32×32	Res7	Att1	[Res4], depth=0 14^2×2×256
Conv1	112^2×16×32	Up2		[Up1,Att1] 14^2×2×256
池化	112^2×16×32	Att2		28^2×4×256
Res1	112^2×16×32	Att2		[Res3], depth=1 28^2×4×128
池化	56^2×8×32	资源8		[Up2,Att2] 28^2×4×128
Res2	56^2×8×64	上3		56^2×8×128
池化	28^2×4×64	Att3		[Res2], depth=2 56^2×8×64
Res3	28^2×4×128	Res9		[Up3, Att3] 56^2×8×64
池化	14^2×2×128	向上4		112^2×16×64
Res4	14^2×2×256	Att4		[Res1], depth=3 112^2×16×32
池化	7^2×1×256	Res10		[Up4, Att4] 112^2×16×32
Res5	7^2×1×512	Conv2	向上5	224^2×32×32
资源6	14^2×2×512	Conv3		[Up5, Conv1] 224^2×32×32
上1				224^2×32×1

F. 使用 RA-UNet-II 进行肝脏分割

RA-UNet-II 是一个 3D 模型,它充分利用
体积信息并捕获空间信息。
3D U-Net 类型架构 [19] 将合并低
分辨率和高分辨率特征,以生成准确的
分割。同时,剩余块将处理
梯度消失问题,允许网络运行
“更深”而不会降低准确性。此外,使用
用于训练的大图像块 (224×224×32) 提供了很多
比使用小图像块更丰富的上下文信息,
这通常会导致更多的全局分割结果。
RA-UNet-II 的参数比传统的 U Net [34] 少。使用这种架构,参数的数
量
已大大减少到只有 4M 训练参数
同时达到 641 的深度。在训练阶段,我们
将 x-y 平面中的肝脏边界框内插到一个固定的
大小并连续随机选取若干32个切片
在 z 方向上形成 RA-UNet-II 的训练补丁。
在测试阶段,RA-UNet-II 被用于
每个 CT 补丁生成 3D 肝脏概率补丁
序列。然后,我们对这些概率进行插值和叠加
补丁恢复到边界框的原始大小。

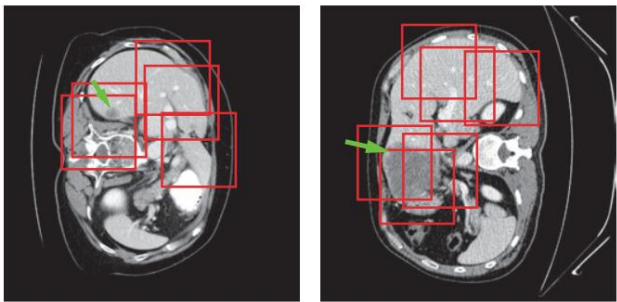


图 6 肿瘤贴片提取结果。绿色箭头指向肿瘤区域,红色框显示用于训练的补丁。

投票策略用于从重叠的子补丁生成 VOI 的最终肝脏概率。使用 3D 连接组件标记,并在合并的 VOI 上选择最大组件以产生最终的肝脏区域。

详细的网络参数列于表 III。网络接收 $224 \times 224 \times 32$ 个补丁并生成补丁概率体积的输出。

G. 基于 RA-UNet-II 的肿瘤提取 肿瘤区域提取类似于肝脏分

割,但没有进行插值和调整大小。由于肿瘤的大小比肝脏小得多,因此使用原始肿瘤分辨率来避免丢失小病灶。此外,为了解决数据不平衡问题并学习更有效的肿瘤特征,我们在肿瘤及其周围的非肿瘤区域都选择了补丁进行训练,如图 6 所示。请注意,只有肝脏 VOI 中的那些才是用于训练的候选补丁。

在测试阶段,我们按照与肝脏分割步骤类似的例程提取肿瘤,除了使用插值。随后,在合并的 VOI 上再次使用投票策略以产生最终的肿瘤分割。

最后,我们过滤掉了那些不在肝脏区域的体素。

H. 评价指标

我们使用 [38] 中介绍的指标评估了所提出方法的性能。评估指标包括 Dice score (DS) [39],它混淆了检测和分割,包括 Dice global (在所有组合体积上计算的 Dice 得分,用 DG 表示)和 Dice per case (每体积的平均 Dice 得分用 DC 表示)、Jaccard 相似系数 (Jaccard)、体积重叠误差 (VOE)、相对体积差 (RVD)、平均对称表面距离 (ASSD) 和最大表面距离 (MSD)。

一、实施细则

RA-UNet 架构是使用 Keras [40] 和 TensorFlow [41] 库构建的。所有模型都是从头开始训练的。网络的参数用随机值初始化,然后基于 Adam [42] 进行反向传播训练,初始学习率 (LR) 为 0.001, $\beta_1=0.9$, $\beta_2=0.999$ 。学习率

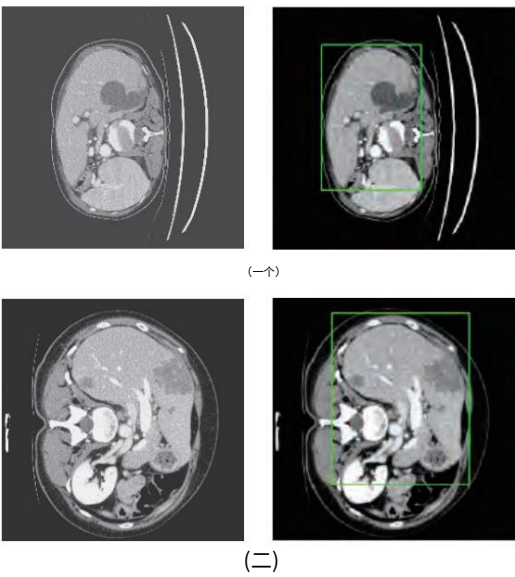


图 7. 使用 RA-UNet-I 进行肝脏定位。该图从左到右显示了预处理切片,以及限制肝脏区域的最终边界框。(a) LiTS 验证数据集中的典型切片。(b) 来自 3DRCADb 数据集中的典型切片。RA-UNet-I 可以对肝脏区域进行粗略定位。

如果网络在 20 个 epoch 后进入平台期,则将减少到 $LR \times 0.1$ 。我们在 LiTS 训练数据集上使用了 5 折交叉训练,并在 LiTS 测试数据集上评估了性能。为了证明我们的 RA UNet 的泛化性,我们还使用来自 LiTS 训练数据集的训练有素的权重评估了 3DRCADb 数据集的性能。对于肝脏和肿瘤训练,每个折叠的总时期数分别设置为 50 和 50。通过投票策略进行集成操作,以集成 5 个模型的所有预测结果。所有模型的训练均使用 NVIDIA 1080Ti GPU 进行。

四.实验和结果

A. 感兴趣的肝脏体积定位

我们首先将输入切片向下采样到 256×256 平面分辨率以简化计算。为了降低计算成本,我们使用图像上所有有肝脏的切片以及随机挑选的没有肝脏的切片的 1/3 作为训练数据。总共使用了 32,746 个肝脏切片,其中 23,283 个切片用于训练,9,463 个切片用于验证。请注意,此阶段未采用 5 倍训练,因为我们在此阶段的目标是获得粗略的肝脏边界框并减少计算时间。

在堆叠所有切片并使用 3D 连接组件标记后,我们计算了带有肝脏的切片的 3D 边界框,并在冠状、矢状和轴向方向上扩展了 10 个像素,以确保包括整个肝脏区域。图 7 显示了 RA-UNet-I 的肝脏定位结果。它证明了注意力机制已经成功地约束了肝脏区域,RA-UNet-I 可以极大地限制肝脏区域在边界框内。

表四
LiTS测试数据集上的肝脏分割分数和
3DIRCADb数据集

	TS	3DIRCADb
直流	0.961	0.977
雅卡尔	0.926	0.977
飞	0.074	0.045
RVD	0.002	-0.001
固态硬盘	1.214	0.587
默沙东	26.948	18.617

B. 使用 RA-UNet-II 进行肝脏分割

RA-UNet-II 允许网络“更深入”。然而,3D 网络的实现受到硬件和内存要求的限制 [43]。为了平衡计算成本和效率,我们首先对肝脏边界框内的区域进行插值,大小为 $224 \times 224 \times M$,其中 M 为肝脏边界框的轴向长度。然后我们从每个边界框随机裁剪体积块 ($224 \times 224 \times 32$),该边界框受肝脏边界框的约束。总共选择了 5,096 个补丁进行训练和验证。

图 8 显示了基于 RA-UNet-II 的肝脏分割,这表明我们提出的网络具有学习 3D 上下文信息的能力,并且可以成功地从图像体积中的相邻切片中提取肝脏。在进行3D连接组件标记后,通过选择最大区域来精确提取肝脏区域。

如表 IV 所示,我们的方法在 LiTS 测试数据集和 3DIRCADb 数据集上分别达到了 0.961 和 0.977 Dice 分数。它表明 RA-UNet 产生了显著的肝脏分割结果。然后我们可以从分割的肝脏区域中提取肿瘤。

C. 基于 RA-UNet-II 的肿瘤提取

与肝脏相比,肿瘤是微小的结构。因此,没有对肿瘤补丁采样应用插值或调整大小以避免图像缩放造成的信息丢失。很难决定训练的补丁大小可以达到理想的性能。为了确定patch size,我们将patch size分别设置为 $32 \times 32 \times 32$ 、 $64 \times 64 \times 32$ 和 $128 \times 128 \times 32$ 来测试肿瘤分割的性能。结果表明, $128 \times 128 \times 32$ 块大小的数据实现了最佳的肿瘤分割性能。补丁大小越大,补丁可以提供的信息内容就越丰富。而由于计算资源的限制, $128 \times 128 \times 32$ 被经验性地选择用于肿瘤贴片。我们从边界框中的每个肝脏体积中随机挑选了 150 个补丁。从 LiTS 中总共选择了 17,700 个补丁作为训练和验证数据集。如表 V 所示,我们的方法在 LiTS 测试数据集和 3DIRCADb 数据集上分别达到了 0.595 和 0.830 Dice 分数。图 9 详细显示了肿瘤分割结果。

图 10 显示了肝脏/肿瘤分割结果。这表明大的肝脏区域是成功的

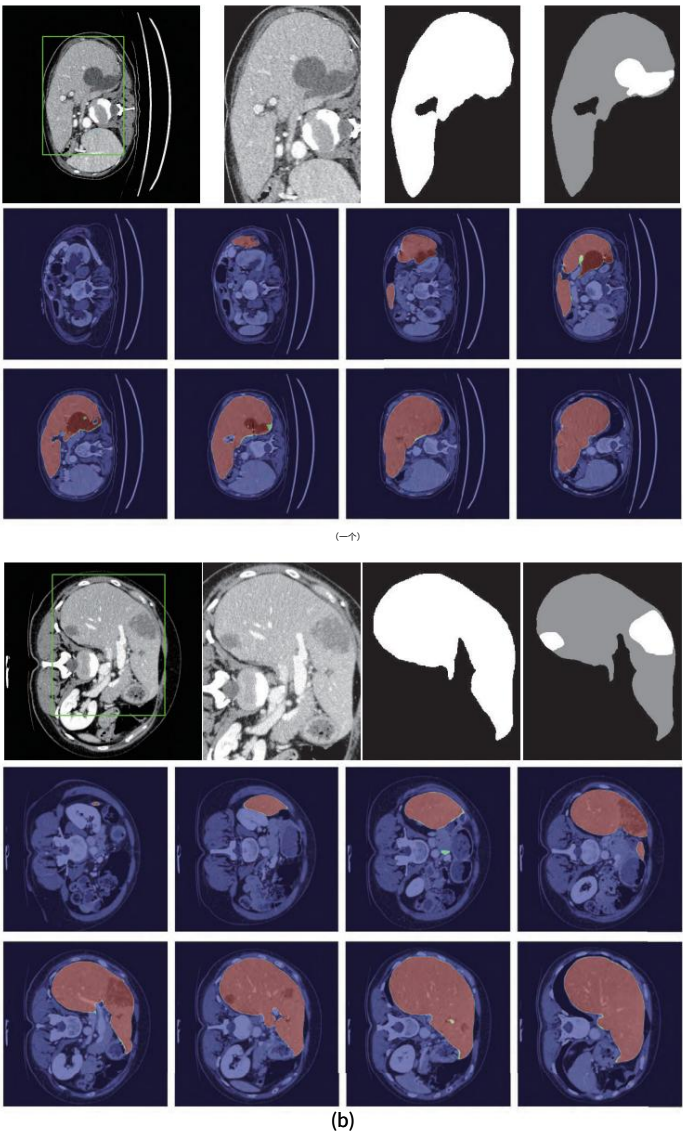


图 8 基于 RA-UNet-II 的肝脏分割结果。(a) 来自 LiTS 验证数据集,(b) 来自 3DIRCADb 数据集。从左到右,每个子图的第一行显示绿色边界框中的肝脏、放大的肝脏区域、肝脏分割结果和相应的地面实况。第二行和第三行显示肝脏分割结果的概率热图,颜色越深,肝脏区域的可能性就越高。请注意,ground truth 包含灰色的肝脏和白色的肿瘤。

分割的和微小且难以检测的肿瘤也可以通过所提出的方法来识别。由于与周围肝脏的对比度低以及某些肿瘤的尺寸极小,所提出的方法对于肿瘤提取仍然存在一些假阳性和假阴性。

D. 与其他方法的比较

在 2017 年 ISBI 和 MICCAI LiTS 挑战中,有几份关于肝脏和肿瘤分割的意见书。我们达到了每例 Dice 为 0.961,Dice global 为 0.963,Jaccard 为 0.926,VOE 为 0.074,RVD 为 0.002,ASSD 为 1.214,MSD 为 26.948,这是肝脏分割的 LiTS 挑战的理想性能。对于肿瘤负荷评估,

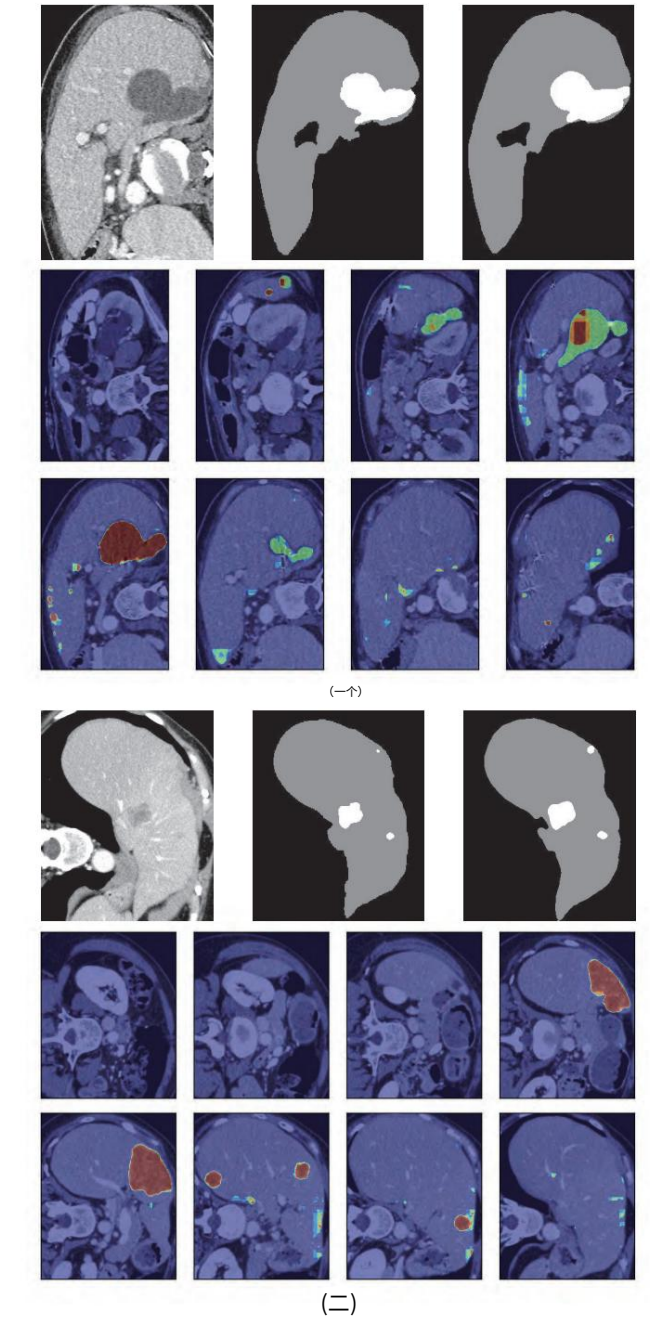


图9 基于 RA-UNet-II 的肿瘤分割结果。(a) 来自 LiTS 验证数据集,(b) 来自 3DIRCAB 数据集。从左到右,每个子图的第一行表示原始图像,分割肝肿瘤的结果,以及相应的基本事实。第二个和第三行显示肿瘤分割结果的概率热图。

表五		
LiTS测试数据集上的肿瘤分割分数和3DIRCAB数据集		
	TS	3DIRCAB
直流	0.595	0.830
雅卡尔	0.611	0.744
飞	0.389	0.255
RVD	-0.152	0.740
固态硬盘	1.289	2.230
默沙东	6.775	53.324

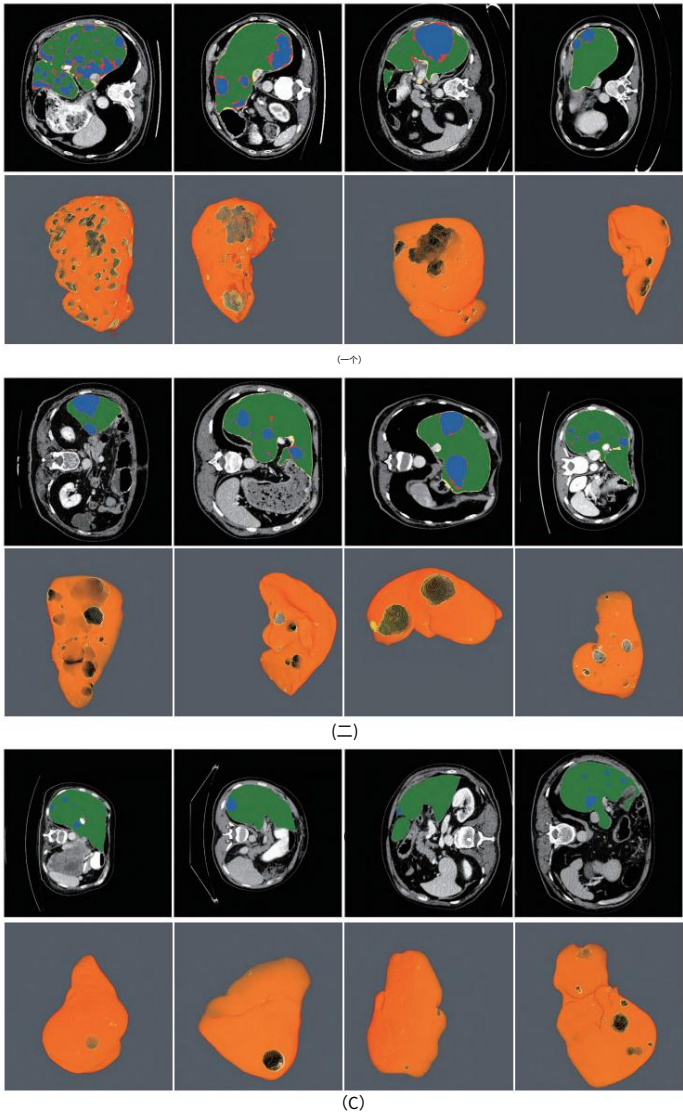


图10. 使用 RA-UNet 自动分割肝脏和肿瘤。绿色的区域表示正确提取的肝脏,黄色区域是肝脏提取错误,蓝色表示正确提取的肿瘤区域和红色表示错误提取的肿瘤。第一行每个子图在轴向视图中显示来自不同体积的四个切片,并且每个子图的第二行显示了相应的 3D 视图整个肝脏/肿瘤分割结果。(a) 来自 LiTS 数据集。(b) 是来自 3DIRCAB 数据集。(c) 显示在 LiTS 上的分割结果测试数据集。请注意,没有为 LiTS 测试数据集提供基本事实。

我们的方法达到了每箱 0.595 的 Dice,Dice global 为 0.795,Jaccard 为 0.611,VOE 为 0.389,RVD 为 -0.152,ASSD 为 1.289,MSD 为 6.775。与其他方法相比,Pandey 等人的 [30] 和 Bellver 等人的 [47] 方法达到了每个病例的肿瘤骰子分别为 0.587 和 0.59,分别为二维分割方法。我们的方法优于这两种方法。详细的结果和所有的表现是列于表六。值得一提的是,我们的方法是具有更深网络的完整 3D 分割技术。

对于 3DIRCAB 数据集,一些工作集中在肝脏分割,还有一些关于肿瘤分割的。因此,我们列出了一些方法的结果在表七中。我们的方法达到了每箱 0.977 的骰子,

表六

在LiTS测试数据集上与其他方法比较的分割结果

	Dimension DC	升肝							LiTS 肿瘤						
		DG Jaccard	VOE RVD	ASSD MSD	DC DG Jaccard	VOE RVD	ASSD MSD								
卡鲁瓦等人。 [27]	二维	0.912 0.923 0.850	0.150 -0.008	6.465 45.928	0.492 0.625 0.589	0.411 19.705 1.441	7.515								
毕等人。 [28]	二维	0.959	-	0.922	-	-	-	0.500	-	0.388	-	-	-	-	-
李等人。 [29]	2.5D	0.961 0.965	-	0.074 -0.018	1.450 27.118	0.722 0.824			-	0.366 4.272	1.102 6.228				
药物	未知 0.950	0.955	-	0.094 0.047	1.597 28.911	0.658 0.819			-	0.380 -0.129	1.113 6.323				
元 [44]	二维	0.963 0.967	-	0.071 -0.010	1.104 23.847	0.657 0.820			-	0.378 0.288	1.151 6.269				
夏天	未知 0.941	0.945	-	0.108 -0.066	6.552 152.350	0.631 0.786			-	0.400 -0.181	1.184 6.367				
建议的方法	3D	0.961 0.963 0.926	0.074 0.002	1.214 26.948	0.595 0.795	0.611 0.389	-0.152 1.289	6.775							

表七

在3DIRCADb 数据集上与其他方法比较的分割结果

	方面	3DIRCAb 肝脏						3DIRCAb 肿瘤
		直流	雅卡尔	飞	RVD	固态硬盘	默沙东	直流
奇斯特等人。 [3]	二维	0.943	-	0.107	-0.014	1.6	24	0.56
U-Net [34]	二维	0.729	-	0.39	0.87	19.4	119	-
李等人。 [45]	二维	0.945	-	0.068	-0.112	1.6	28.2	-
玛雅等人。 [46]	3D	-	-	0.0554	0.0093	0.78	15.6	-
卢等人。 [25]	3D	-	-	0.0936	0.0097	1.89	33.14	-
建议的方法	3D	0.977	0.977	0.045	-0.001	0.587	18.617	0.83

Jaccard 为 0.977,VOE 为 0.045,RVD 为 -0.001,ASSD 为 0.587,MSD 为 18.617,这表明我们的方法性能明显优于所有其他方法

肝脏分割。值得一提的是,提议方法是一个 3D 卷积神经网络,并展示了它的

使用基于 LiTS 数据集的训练有素的权重对 3DIRCADb 数据集的泛化能力。由于大多数

针对肝脏分割的作品,展示的寥寥无几

肿瘤分割结果,我们只与 Chirst 进行比较

等。 [3] 在 3DIRCAb 数据集上。值得一提我们的方法在肝脏上的平均 Dice 得分为 0.830

与肿瘤相比,平均 Dice 得分为 0.56

Chirst 等人的方法。 [3]

E. 扩展到脑肿瘤分割

我们的 3D RA-UNet 可扩展到其他肿瘤分割任务,并显示出其强大的泛化能力。

我们

使用了 2018 年脑肿瘤分割挑战赛 (BraTS) 数据集 [48]、[49] 用于验证我们的模型。 BraTS2018 数据集包含 285 个训练数据和 210 个高级胶质瘤 (HGG) 患者和 75 名低级别胶质瘤 (LGG) 患者,和 66 名患者的验证数据。对于每位患者, BraTS2018 训练数据集提供 4 次 MRI 3D 扫描 (T1、T1Gd、T2 和 FLAIR) ,分辨率为 155×240×240 和相应的基本事实,而验证数据不包含基本事实。事实证明背景、坏死 (NCR)、水肿 (ED)、非增强肿瘤 (NET)和具有不同标签的增强肿瘤 (ET) 。提供数据中的标签是 :1 代表 NCR 和 NET, ED 为 2,ET 为 4,无肿瘤区域为 0。以显示

我们的 RA-UNet 的泛化能力,我们还使用了脑肿瘤分割挑战 (BraTS) 2017 数据集的验证数据,用于使用训练有素的测试

来自 BraTS2018 的权重。 BraTS2017 数据集类似到 BraTS2018 数据集,可以找到更多信息在 [48]、[49] 中。

图 11 显示了大脑扫描的典型幻灯片及其地面 BraTS2018 数据集的真相。根据[50],器官可以通过多种成像方式进行稳健检查。我们使用单模态和多模态图像进行训练 RA-UNet 依次进行,结果证明可以通过输入多模态图像来提供完整的肿瘤信息。

因此,我们连接了所有的模态数据,并归一化他们到[0,1]。没有执行其他预处理策略。此任务旨在显示扩展和概括 RA-UNet 的能力和对整个肿瘤的分割从大脑模态数据。因此,我们合并了 NCR.NET、ED 和 ET 共同构成总肿瘤区域。在那之后,与肝上使用的补丁提取相同的策略肿瘤提取,应用于 BraTS2018 数据集。我们以 64×64×64 的分辨率为每位患者提取 400 个肿瘤斑块分辨率,以及整个训练和验证数据集包含 114,000 个补丁。

与 RA-UNet-II 相比,我们增加了更多的卷积用于脑肿瘤分割的过滤器以了解更多信息肿瘤信息。详细的网络设置总结在表八。其他超参数设置相同与肝肿瘤分割中的那些。这个版本的 RA UNet 有 12M 参数。

BraTS2017 和 BraTS2018 排行榜列出了一些

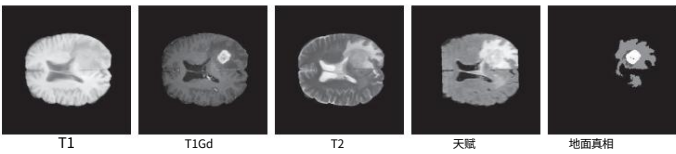


图 11. 具有四次 MRI 扫描和相应的患者的典型切片基本事实。

表八

脑肿瘤RA-UNET的架构
分割。这里[]表示长距离连接；[,]
表示连接操作；转换意味着
卷积；UP 代表上采样；RES 表示
残块；和ATT表示注意块

编码器输出大小	小	解码器		输出尺寸
输入	64^3×4	Att1	[Res4] ;深度=0	4^3×512
卷积1	64^3×32	第七版	[Up1,Att1]	4^3×512
池化	32^3×32	32^3×64	上2	8^3×512
资源1	16^3×64	Att2	[Res3] ;深度=1	8^3×256
汇集	16^3×128	资源8	[Up2,Att2]	8^3×256
资源2	8^3×128	上3		16^3×256
汇集	8^3×256	Att3	[分辨率2] ;深度=2	16^3×128
Res3	4^3×256	资源9	[Up3,Att3]	16^3×128
汇集	4^3×512	向上4		32^3×128
资源4	2^3×512	Att4	[Res1] ;深度=3	32^3×64
汇集	2^3×512	分辨率10	[Up4,Att4]	32^3×64
Res5	2^3×512	向上5		64^3×64
资源6	4^3×512	转换2	[Up5,Conv1]	64^3×32
上1		转换3		64^3×1

最先进的方法,整个肿瘤的Dice得分达到0.86 0.91。表 IX 总结了在排行榜上表现良好的典型方法。在

表 IX,我们可以看到 RA-UNet 达到了最先进的性能并且优于其他一些方法。这

最重要的因素是我们的模型是基于全 3D 补丁的策略,它表现出很高的泛化能力

在未经训练的 BraTS2017 数据集上。典型的
脑肿瘤的分割切片如图 12 所示,
这表明 RA-UNet 能够分割大脑
肿瘤,并具有很高的延伸能力。

表九

BRATS脑肿瘤分割的表现					
数据集					
数据集	方法	直流灵敏度	特异性	Hausdorff95	
2018 radiomics-miu	0.8764	0.8628		0.9950	4.9014
2018	GBMNet	0.8833	0.9340	0.9898	5.4614
2018	蒙特罗2	0.8709	0.8745	0.9932	5.7859
2018	图像	0.8991	0.9101	0.9941	5.1043
2018 MIC	DKFZ	0.9125	0.9187	0.9954	4.2679
2018	RA-UNet	0.8912	0.8942	0.9938	5.8718
2017 BCV	Uniandes	0.8688	0.8420	0.9959	18.4569
2017 布拉茨	27	0.8800	0.8566	0.9960	5.7178
2017	CISA	0.8733	0.8548	0.9946	5.1805
2017	CMR	0.8569	0.8111	0.9968	5.8720
2017 MIC	DKFZ	0.9026	0.9018	0.9957	6.7673
2017	周赫	0.9038	0.9032	0.9953	4.7447
2017	RA-UNet	0.8863	0.8697	0.9951	5.1112

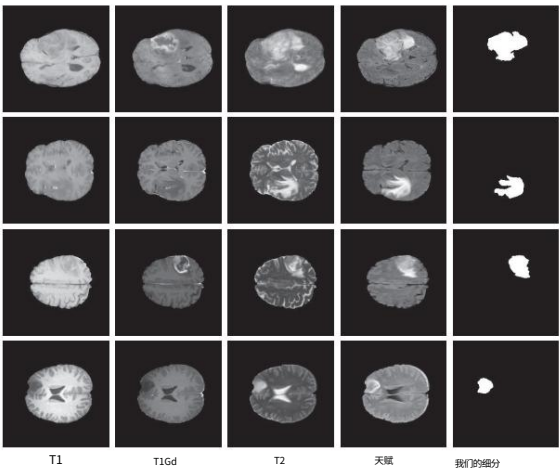


图 12. 定性脑肿瘤分割结果。RA-UNet 具有分割整个肿瘤区域的能力。前两行来自 BraTS2018 和最后两行显示了我们模型的泛化胸罩2017。

五.结论

为了总结我们的工作,我们提出了一个有效且
用于自动提取肝脏的高效混合架构
和来自 CT 体积的肿瘤。我们引入了一个新的 3D 残差

注意力感知肝脏和肿瘤分割神经网络
命名为 RA-UNet,它允许提取 3D 结构
以像素到像素的方式。所提出的网络利用了 U-Net 的优势,残差学习,

和注意力残留机制。第一,注意力意识
特征随着注意力模块的使用而自适应地变化。
其次,将残差块堆叠到我们的架构中
它允许架构深入并解决
梯度消失问题。最后,利用 U-Net 捕获多尺度注意力信息并整合低层

具有高级特征的特征。据我们所知,
这是完整的 3D 模型,也是第一次受到关注

残留机制在医学成像中实现
任务。注意力残差训练较少的参数
机制。有效的系统包括三个阶段:肝脏
通过 2D RA-UNet 进行定位,肝脏的精确分割,
和肿瘤病变通过 3D RA-UNet。更重要的是,
训练好的网络是一个通用的分割模型
LiTS 和 3DICADb 数据集。

最后,我们将我们的方法与其他方法进行了比较
包括来自 LiTS 挑战的那些和那些在
3DICADb 数据集。为了展示我们模型扩展的可能性,我们进行了脑肿瘤分割

BraTS2018 和 BraTS2017 数据集上的任务。它表明
我们的方法在肝肿瘤中取得了有竞争力的结果
具有挑战性,并表现出高度的可扩展性和泛化性
脑肿瘤分割能力。在未来的工作中,我们的目标是
进一步完善架构,使架构大大提升
更适用于其他肿瘤分割数据集等
灵活应对常见的医学成像任务。

致谢

这项工作得到了中国自然科学基金（批准号:61702361）、天津市科技计划（批准号：

16ZXHLGX00170)和国家重点技术研发计划（批准号2015BAH52F00）。

参考

[1] WH 组织,“2014 年世界癌症报告”,ch. 1.1。 [2] ,《2014 年世界癌症报告》,第 2 章。 5.6.

[3] PF Christ,F. Ettlinger,F. Grun,MEA Elshaer,J. Lipkova,S. Schlecht,F. Ahmaddy, S. Tatavarty,M. Bickel,P. Bilic 等人,“自动肝脏和肿瘤分割使用级联全卷积神经网络的 CT 和 MRI 体积。” arXiv:计算机视觉和模式识别,2017。

[4] R. Rajagopal and P. Subbaiah,“肝脏肿瘤检测和分割方法的调查”,ARPN 工程与应用科学杂志,第一卷。 10,没有。 6,第 2681-2685 页,2015 年 1 月。

[5] W. Li, F. Jia, and Q. Hu,“用深度卷积神经网络自动分割CT图像中的肝肿瘤”,计算机与通信杂志,第一卷。 3,没有。 11,第 146-151 页,2015 年。

[6] J. Long,E. Shelhamer and T. Darrell,“用于语义分割的完全卷积网络”,IEEE 计算机视觉和模式识别会议,2015 年,第 3431-3440 页。

[7] A. Vaswani,N. Shazeer,N. Parmar,J. Uszkoreit,L. Jones,AN Gomez,。 Kaiser 和 I. Polosukhin,“Attention is all you need”,神经信息处理系统进展,2017 年,第 5998-6008 页。

[8] K. He,X. Zhang,S. Ren and J. Sun,“用于图像识别的深度残差学习”,IEEE 计算机视觉和模式识别会议,2016 年,第 770-778 页。

[9] L. Soler,A. Hostettler,V. Agnus,A. Charnoz,J. Fasquel,J. Moreau,A. Osswald,M. Bouhadjar and J. Marescaux,“用于算法数据库比较的 3D 图像重建:患者特定的解剖和医学图像数据库”,2010 年。

[10] W. Liu,Z. Wang,X. Liu,N. Zeng,Y. Liu and FE Alsaadi,“深度神经网络架构及其应用的调查”,神经计算,第一卷。 234,第 11-26 页,2017 年。

[11] G. Litjens,T. Kooi,BE Bejnordi,AAA Setio,F. Ciompi,M. Ghafoorian,JA van der Laak,B. Van Ginneken and CI Sanchez. 42,页。 60–88,

[12] W. Zhang,R. Li,H. Deng,L. Wang,W. Lin,S. Ji and D. Shen,“用于多模态等强度婴儿大脑图像分割的深度卷积神经网络”,NeuroImage,卷。 108,第 214-224 页,2015 年。

[13] M. Collins,RE Schapire and Y. Singer,“逻辑回归,Ad aBoost and Bregman 距离”,机器学习,第一卷。 48,没有。 1-3,第 253-285 页,2002 年。

[14] L. Breiman,“随机森林”,机器学习,第一卷。 45,没有。 1,页。 2001 年 5 月 32 日。

[15] TS Furey,N. Cristianini,N. Duffy,DW Bednarski,M. Schummer and D. Haussler,“使用微阵列表达数据对癌症组织样本进行支持向量机分类和验证”,生物信息学,卷。 16,没有。 10,第 906-914 页,2000 年。

[16] S. Pereira,A. Pinto,V. Alves and CA Silva,“在 MRI 图像中使用卷积神经网络进行脑肿瘤分割”,IEEE Transactions on Medical Imaging,第一卷。 35,没有。 5,第 1240-1251 页,2016 年。

[17] N. Lee,AF Laine and A. Klein,“迈向大脑分割的深度学习方法”,IEEE 国际生物医学成像研讨会:从纳米到宏观。 IEEE,2011,第 321-324 页。

[18] M. Shakeri,S. Tsogkas,E. Ferrante,S. Lippe,S. Kadoury,N. Paragios and I. Kokkinos,“使用 F CNN 的皮层下脑结构分割”,生物医学成像国际研讨会,2016 年,第 269-272 页。 ..

[19] O. C, ic, ek,A. Abdulkadir,SS Lienkamp,T. Brox and O. Ronneberger,“3D U-Net: 从稀疏注释中学习密集体积分割”,医学图像计算国际会议和计算机辅助干预.施普林格,2016 年,第 424-432 页。

[20] S. Andermatt,S. Pezold and P. Cattin,“用于分割生物医学 3D 数据的多维门控循环单元”,用于医学应用的深度学习和数据标记.施普林格,2016 年,第 142-151 页。

[21] J. Dolz,C. Desrosiers and IB Ayed,“用于 MRI 皮层下分割的 3D 全卷积网络:大规模研究”,NeuroImage,卷。 170,第 456-470 页,2017 年。

[22] TD Bui,J. Shin and T. Moon,“用于体积分割的 3D 密集卷积网络”,arXiv 预印本 arXiv:1709.03199,2017。

[23] Q. Dou,H. Chen,Y. Jin,L. Yu,J. Qin and P.-A. Heng,“3D 深度监督网络,用于从 CT 体积自动分割肝脏”,医学图像计算和计算机辅助干预国际会议.施普林格,2016 年,第 149-157 页。

[24] O. Oktay,J. Schlemper,LL Folgoc,M. Lee,M. Heinrich,K. Misawa,K. Mori,S. McDonagh,NY Hammerla,B. Kainz 等人,“注意 U-Net:学习在哪里寻找胰腺”, arXiv 预印本 arXiv:1804.03999,2018 年。

[25] F. Lu,F. Wu,P. Hu,Z. Peng and D. Kong,“通过卷积神经网络和图形切割进行自动 3D 肝脏定位和分割”,国际计算机辅助放射学和外科杂志,第一卷。 12,没有。 2,第 171-182 页,2017 年。

[26] PF Christ, F. Ettlinger, G. Kaissis, S. Schlecht, F. Ahmaddy, F. Grun, `` A. Valentinitisch, SA Ahmadi, R. Braren and B. Menze,“SurvivalNet:从使用级联全卷积和 3D 卷积神经网络的扩散加权磁共振图像,”在 IEEE 国际生物医学成像研讨会 (ISBI 2017)中。 IEEE,2017,第 839-843 页。

[27] KC Kaluva,M. Khened,A. Kori and G. Krishnamurthi,“2D-Densely Connected Convolution Neural Networks for automatic Liver and Tumor Segmentation”, arXiv 预印本 arXiv:1802.02182, 2018。

[28] L. Bi,J. Kim,A. Kumar and D. Feng,“使用级联深度残差网络自动检测肝脏病变”,arXiv 预印本 arXiv:1704.02703,2017 年。

[29] X. Li,H. Chen,X. Qi,Q. Dou,C. Fu and P. Heng,“H-DenseUNet:混合密集连接 UNet, 用于从 CT 体积中分割肝脏和肿瘤”,IEEE Transactions on医学影像,第 1-1 页,2018 年。

[30] RK Pandey,A. Vasan and A. Ramakrishnan,“使用复杂度降低的深度模型分割肝脏病变”,arXiv 预印本 arXiv:1805.09233,2018 年。

[31] F. Wang,M. Jiang,C. Qian,S. Yang,C. Li,H. Zhang,X. Wang and X. Tang,“用于图像分类的剩余注意力网络”,IEEE 计算机会议视觉和模式识别,2017 年,第 6450-6458 页。

[32] LC Chen,Y. Yang,J. Wang,W. Xu and AL Yuille,“注意尺度:尺度感知语义图像分割”, IEEE 计算机视觉和模式识别会议,2016 年,第 3640 页–3649。

[33] J. Schlemper,O. Oktay,L. Chen,J. Matthew,C. Knight,B. Kainz,B. Glocker and D. Rueckert,“用于改进超声扫描平面检测的注意力门控网络”,arXiv预印本 arXiv:1804.05338, 2018。

[34] O. Ronneberger,P. Fischer and T. Brox,“U-Net:用于生物医学图像分割的卷积网络”,医学图像计算和计算机辅助干预国际会议。 施普林格,2015 年,第 234-241 页。

[35] MZ Alom,M. Hasan,C. Yakopcic,TM Taha and VK Asari,“基于 U-Net (R2U-Net) 的递归残差卷积神经网络用于医学图像分割”, arXiv 预印本 arXiv:1802.06955,2018 年。

[36] F. Milletari,N. Navab and S. Ahmadi,“V-Net:用于容积医学图像分割的全卷积神经网络”,3D 视觉国际会议,2016 年,第 565-571 页。

[37] MM Hossam,AE Hassanien and M. Shoman,“使用 K 均值聚类和连接组件标记算法的 3D 脑肿瘤分割方案”,国际智能系统设计与应用会议 (ISDA)。 IEEE,2010,第 320-324 页。

[38] Heimann T.Van Ginneken B.Styner MA.Arzhavaeva Y.Aurich V.Bauer C.Beck A. Becker C.Beichel R.Bekes G 等,“CT 数据集肝脏分割方法的比较和评估,” IEEE 医学影像汇刊,第一卷。 28,没有。 8,第 1251-1265 页,2009 年。

[39] W. Wu,Z. Zhou,S. Wu and Y. Zhang,“使用基于超体素的图形切割对容积 CT 图像进行自动肝脏分割”,医学中的计算和数学方法,第一卷。 2016 年,第9093721,2016 年 4 月。

[40] F. Chollet 等人,Keras。 GitHub。 [在线的]。可用: <https://github.com/keras-team/keras> [41] M. Abadi,A. Agarwal,P. Barham,E. Brevdo,Z. Chen,C. Citro,GS Corrado, A. Davis, J. Dean, M. Devin 等人,“TensorFlow:异构分布式系统上的大规模机器学习”,arXiv 预印本 arXiv:1603.04467,2015 年。

[42] DP Kingma and J. Ba,“亚当:一种随机优化方法”, arXiv 预印本 arXiv:1412.6980, 2014。

[43] A. Prasoon,K. Petersen,C. Igel,F. Lauze,E. Dam 和 M. Nielsen,“使用三平面卷积神经网络进行膝关节软骨分割的深度特征学习”,国际医学图像会议计算和计算机辅助干预。施普林格,2013 年,第 246-253 页。

[44] Y. Yuan,“用于自动肝脏和肿瘤分割的分层卷积-反卷积神经网络”,arXiv 预印本 arXiv:1710.04540,2017。

[45] C. Li,X. Wang,S. Eberl,M. Fulham,Y. Yin,J. Chen 和 DD 冯,“从 CT 体积分割肝肿瘤的可能性和局部约束水平集模型”,IEEE 生物医学工程汇刊,卷。 60,没有。 10,第 2967-2977 页,2013 年。

[46] M. Eapen,R. Korah 和 G. Geetha,“用于从 3D-CT 体积进行肝脏分割的 Swarm Intelligence 集成图形切割”。科学世界杂志,第一卷。 2015 年,第 823 541–823 541 页,2015 年。

[47] M. Bellver,K. Maninis,J. Ponttuset,XGI Nieto,J. Torres 和 L. Van Gool,“使用深度学习进行检测辅助肝病灶分割”,arXiv 预印本 arXiv:1711.11069, 2017。

[48] BH Menze, A. Jakab, S. Bauer, J. Kalpathy-Cramer, K. Farahani, J. Kirby, Y. Burren, N. Porz, J. Slotboom, R. Wiest 等人,“多式联运脑肿瘤图像分割基准 (BRATS)”, ” IEEE 医学影像汇刊,第一卷。 34,没有。 10,第 1993-2024 年,2015 年第 10 页。

[49] S. Bakas,H. Akbari,A. Sotiras,M. Bilello,M. Rozycki,JS Kirby,JB Freymann,K. Farahani 和 C. Davatzikos,“通过专家分割推进癌症基因组谱神经胶质瘤 MRI 收集标签和放射组学特征”,科学数据,第一卷。 4,第 170 117-170 117 页,2017 年。

[50] H. Chen,Q. Dou,L. Yu,J. Qin 和 P. Heng,“VoxResNet:用于从 3D MR 图像进行大脑分割的深度 vox elwise 残差网络”, 神经影像,第一卷。 170,第 446-455 页,2017 年。