基于深层神经网络的脑肿瘤分割

**摘要**

本文提出了一种基于深度神经网络(DNNs)的全自动脑肿瘤分割方法。这种神经网络专门适用于磁共振图像中的恶性胶质瘤(包括低级别和高级别)。由于其本身性质，这些肿瘤可以出现在大脑的任何位置，具有各种各样的形状、大小和差异。这些理由激励我们寻找一种基于灵活、高容量DNN的高效机器学习方法。本文中，我们介绍了一些不同的模型选择，它们对于获得较高的性能来说是必要的。我们会在卷积神经网络(CNN)的基础上探索不同的结构，如图像数据适用的DNNs。

我们展示了一种新型的CNN架构，它有别于传统的计算机视觉。我们的CNN既利用了局部特征，同时也利用了全局上下文特征(global contextual features)。此外，与大多数CNN的传统方法不同，我们的网络最后一层使用一个能够40倍加速的全连接层的卷积实现。我们还设计了一个两阶段的训练程序，可以帮助我们解决肿瘤标签不平衡的问题。最后，我们探索一个级联结构，将一个基本CNN的输出作为后续CNN的一个附加信息源。根据2013年的BRATS测试数据集的结果显示，我们的结构比目前发布的最先进的技术提速了30倍以上。

1. **前言**

据估计，2015年在美国就有2.3万例新的脑癌病例被确诊。神经胶质瘤是最常见的脑肿瘤，有些神经胶质瘤(像低级别的)侵略性较低，患者预期寿命大约有好几年，有些更具有侵略性(即高级别的)，患者的预期寿命最多2年。

尽管手术是最常见的治疗脑瘤的方法，但是放疗和化疗只能减缓肿瘤的生长，而不能将肿瘤很好的移除。磁共振成像(MRI)提供了大脑图像的细节，是用于诊断脑瘤的最常见的尝试之一。更重要的是，磁共振图像中的脑肿瘤分割对肿瘤诊断、生长率预测和治疗规划都有很大的影响。

虽然分割像脑膜瘤这样的肿瘤很容易，但是分割神经胶质瘤和胶质母细胞瘤这样的肿瘤却很难。这些肿瘤(连同周围的水肿)经常扩散，对比度较差，并延伸出像触手一样的结构，使它们难以分割。大脑肿瘤难以分割的另一个原因是，它们可能出现在大脑的任何地方，各种各样的形状和大小。此外，与x射线计算机断层扫描(CT)扫描的图像不同，磁共振图像中的立体像素值的大小并不是标准化的。根据所使用的机器类型(1.5、3或7T)和采集协议(视野值、立体像素分辨率、梯度强度、b0值等)，在不同的医院里拍摄的同样的肿瘤细胞可能会有不同的灰度值。

健康的大脑通常由三种类型的组织构成：白质、灰质和脑脊液。脑肿瘤分割的目的是检测肿瘤区域的位置和延伸，即活跃的肿瘤组织(血管化或非血管化)、坏死组织和水肿(肿瘤附近肿胀)。这通过异常区域与正常组织相比较来识别。由于胶质母细胞瘤是侵入性肿瘤，它们的边界通常是模糊的，很难与健康的组织区分开来。常常使用如T1(自旋点阵弛豫)，T1-对比(T1C)，T2(自旋－自旋弛豫)，质子密度(PD)对比成像，扩散MRI(dMRI)，以及液体衰减翻转回复(FLAIR)脉冲序列等多种核磁共振成像。这些模式的对比给大脑组织不同的特征。

大多数自动脑肿瘤分割方法都使用了人为设计的特征(Farahani等人，2014；Menze等人，2014)这些方法实现了一个经典的机器学习流程，首先提取特征，然后把这些特征喂到一个不影响这些特征性质的分类器中去。另一种设计适应任务的特征的方法是直接从时域数据中学习复杂特征的层次结构。深度神经网络已经被证明擅长于学习这种特征的层次结构(Bengio等人，2013)。在这项研究中，我们运用这种方法来学习MRI模式中脑肿瘤分割的特征层次结构。

我们研究了几种CNNs的训练可能选择的方法，这些方法都是适用于图像数据的DNN。我们用完善的指标来说明他们的优点、缺点和性能。尽管CNNs首次出现是在20多年前 (LeCun等人，1998)，但由于在最近的图像网络的大规模视觉识别挑战(Krizhevsky等人，2012)中打破了记录而成为了计算机视觉社区的主流。虽然CNNs也已经成功地应用于分割问题(Alvarez等人，2012年；Long等人，2015；Hariharan等人，2014；Ciresan等人，2012)，以前的大部分工作都集中在非医学的任务上，很多涉及到不太适合医学图像或脑肿瘤分割的架构。我们在BRATS 14研讨会上介绍了利用卷积神经网络和其他两种使用CNNs的方法进行脑肿瘤分割的初步研究。然而，这些结果是不完整的，需要进行更多的调查(在第2部分中对此进行了更多的研究