

**专业学位硕士研究生学位论文**

**选 题 报 告**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **学位论文题目** | 边缘算力网络拥塞控制性能测试方法的研究 | | | | |
| **研究生姓名** | 晁凯 | | | | |
| **所在学院** | 电子信息学院 | | **学 号** | 220421132 | |
| **专业学位类别** | 工程硕士 | | | | |
| **专 业** | 电子信息 | | | | |
| **校内导师姓名** | 魏炜 | | | | |
| **开题时间** | 2023年 11月 18日 | **校外导师姓名** | | | 马城城 |
|  |  | | | | |

**西安工程大学研究生院**

**填 写 要 求**

一、论文题目是论文中心思想的高度概括，要求准确、规范、用词科学、简洁，一般不能超过25个汉字。

二、参考文献（参考文献应为近五年的50篇以上，其中外文资料不少于1/3）。

三、专业学位类别（法律、翻译、新闻与传播、工程、工商管理、会计、艺术）。

四、硕士学位论文选题报告通过后，此表一式两份，均由学院保存（其中一份在研究生获得硕士学位后装入研究生个人学位论文档案袋存档）。

五、本表个别栏目填写空间不足时，可续页。

六、选题报告为A4纸双面打印，字号：宋体、小四，1.3倍行距，于左侧装订成册。

**一、选题依据**

|  |
| --- |
| **1选题类型**  本课题为应用开发研究  **2选题来源**  本课题源自国家自然科学基金（项目编号：92059103）  **3研究意义**  边缘算力网络（Edge Computing Network）是一种新型的计算网络架构，它将计算和数据存储功能从传统的集中式云计算数据中心移至接近数据源的边缘位置。在传统云计算网络中，数据通常会被发送到远程的数据中心，数据中心进行处理后再将结果返回给用户，但是随着物联网设备和传感器的普及，产生的数据量不断增加，并且在很多情况下需要数据需要实时的处理及相应。边缘算力网络国内的边缘计算产业联盟（ECC）定义边缘计算是靠近物物或数据源头的网络边缘侧，融合网络、计算、存储、应用核心能力的开发平台等[1]这种网络架构的目的是在物联网、5G通信等应用场景中降低延迟、提高带宽利用率、增加网络安全性，并且能够更好地支持大规模设备和传感器的连接。  在1986年第一次出现了网络拥塞问题，当时LBL和UCBeley之间通信状况突然恶化，吞吐量从32kbps下降到40bps[2]，在次之后，网络拥塞问题成为计算机网络中一个重要的研究问题，网络拥塞是指在计算机网络中，由于网络上的数据传输量超过了网络基础设施的处理能力，导致数据传输受阻、延迟增加的现象。当网络拥塞发生时，数据包可能被延迟传输或丢失，从而影响用户体验和网络性能。这种情况通常需要采取措施来避免或缓解，以确保网络的顺畅运行。  在边缘算力网络中，边缘算力网络将计算和存储资源分布在了各个边缘设备上，用于处理数据，运行应用程序以及提供计算和存储服务，这些设备通常位于数据源头附近，如传感器，工业设备，智能手机，智能家具设备等，当这些设备在处理大量数据或者大规模通信时，就可能会导致网络拥塞， |

**二、文献综述（综述中引用的文献应按文中标注出现的顺序附后）**

|  |
| --- |
| **参考文献：**  [1] 基于云、网、边融合的边缘计算新方案：算力网络  [2] 不 稳 走 待 输 下 网 洛 捆 衾 检 测 及 调 度 算 法 研 先  [3] Liu Z Y, Wang S, Dong D, et al. The Applications of Radiomics in Precision Diagnosis and Treatment of Oncology: Opportunities and Challenges[J]. Theranostics, 2019, 9(5): 1303-1322.  [4] Wu J, Mayer A T, Li R J. Integrated imaging and molecular analysis to decipher tumor microenvironment in the era of immunotherapy[J]. Seminars in Cancer Biology, 2022, 84: 310-328.  [5] Louis D N, Perry A, Wesseling P, et al. The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary[J]. Neuro-Oncology, 2021, 23(8): 1231-1251.  [6] Tateishi K, Wakimoto H, Cahill D P. IDH1 Mutation and World Health Organization 2016 Diagnostic Criteria for Adult Diffuse Gliomas: Advances in Surgical Strategy[J]. Neurosurgery, 2017, 64: 134-138.  [7] Jin W N, Fatehi M, Abhishek K, et al. Artificial intelligence in glioma imaging: challenges and advances[J]. Journal of Neural Engineering, 2020, 17(2).  [8] Wang S, Yu H, Gan Y, et al. Mining whole-lung information by artificial intelligence for predicting EGFR genotype and targeted therapy response in lung cancer: a multicohort study[J]. The Lancet Digital Health, 2022, 4(5): e309-e319.  [9] Vobugari N, Raja V, Sethi U, et al. Advancements in Oncology with Artificial Intelligence-A Review Article[J]. Cancers, 2022, 14(5).  [10] Lambin P, Rios-Velazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: Extracting more information from medical images using advanced feature analysis[J]. European Journal of Cancer, 2012, 48(4): 441-446.  [11] Huang S G, Yang J, Fong S, et al. Artificial intelligence in cancer diagnosis and prognosis: Opportunities and challenges[J]. Cancer Letters, 2020, 471: 61-71.  [12] Lu C F, Hsu F T, Hsieh K L C, et al. Machine Learning-Based Radiomics for Molecular Subtyping of Gliomas[J]. Clinical Cancer Research, 2018, 24(18): 4429-4436.  [13] Liu Z Y, Meng X C, Zhang H M, et al. Predicting distant metastasis and chemotherapy benefit in locally advanced rectal cancer[J]. Nature Communications, 2020, 11(1).  [14] Liu X Y, Zhang D F, Liu Z Y, et al. Deep learning radiomics-based prediction of distant metastasis in patients with locally advanced rectal cancer after neoadjuvant chemoradiotherapy: A multicentre study[J]. Ebiomedicine, 2021, 69.  [15] Jin C, Yu H, Ke J, et al. Predicting treatment response from longitudinal images using multi-task deep learning[J]. Nature Communications, 2021, 12(1).  [16] Li X Q, Gao H, Zhu J, et al. 3D Deep Learning Model for the Pretreatment Evaluation of Treatment Response in Esophageal Carcinoma: A Prospective Study (ChiCTR2000039279)[J]. International Journal of Radiation Oncology Biology Physics, 2021, 111(4): 926-935.  [17] Chen X, Chen Z, Li J, et al. Model-Driven Deep Learning Method for Pancreatic Cancer Segmentation Based on Spiral-Transformation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2022, 41(1): 75-87.  [18] Liu S, Johns E, Davison A J. End-to-end multi-task learning with attention[C]//Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition. 2019. 1871-1880.  [19] Gerlinger M. Intratumor Heterogeneity and Branched Evolution Revealed by Multiregion Sequencing (vol 366, pg 883, 2012)[J]. New England Journal of Medicine, 2012, 367(10): 976-976.  [20] Bi W L, Hosny A, Schabath M B, et al. Artificial intelligence in cancer imaging: Clinical challenges and applications[J]. Ca-a Cancer Journal for Clinicians, 2019, 69(2): 127-157.  [21] Chen L, Zhang H, Lu J F, et al. Multi-Label Nonlinear Matrix Completion With Transductive Multi-Task Feature Selection for Joint MGMT and IDH1 Status Prediction of Patient With High-Grade Gliomas[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018, 37(8): 1775-1787.  [22] Aerts H J W L, Velazquez E R, Leijenaar R T H, et al. Decoding tumour phenotype by noninvasive imaging using a quantitative radiomics approach[J]. Nature Communications, 2014, 5.  [23] Lambin P, Leijenaar R T H, Deist T M, et al. Radiomics: the bridge between medical imaging and personalized medicine[J]. Nature Reviews Clinical Oncology, 2017, 14(12): 749-762.  [24] Bai Y, Lin Y S, Tian J, et al. Grading of Gliomas by Using Monoexponential, Biexponential, and Stretched Exponential Diffusion-weighted MR Imaging and Diffusion Kurtosis MR Imaging[J]. Radiology, 2016, 278(2): 496-504.  [25] Zhang X, Tian Q, Wang L, et al. Radiomics Strategy for Molecular Subtype Stratification of Lower-Grade Glioma: Detecting IDH and TP53 Mutations Based on Multimodal MRI[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2018, 48(4): 916-926.  [26] Kim M, Jung S Y, Park J E, et al. Diffusion- and perfusion-weighted MRI radiomics model may predict isocitrate dehydrogenase (IDH) mutation and tumor aggressiveness in diffuse lower grade glioma[J]. European Radiology, 2020, 30(4): 2142-2151.  [27] Peng H, Huo J H, Li B, et al. Predicting Isocitrate Dehydrogenase (IDH) Mutation Status in Gliomas Using Multiparameter MRI Radiomics Features[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2021, 53(5): 1399-1407.  [28] Wang P, Berzin T M, Brown J R G, et al. Real-time automatic detection system increases colonoscopic polyp and adenoma detection rates: a prospective randomised controlled study[J]. Gut, 2019, 68(10): 1813-1819.  [29] Rodriguez-Ruiz A, Lang K, Gubern-Merida A, et al. Can we reduce the workload of mammographic screening by automatic identification of normal exams with artificial intelligence? A feasibility study[J]. European Radiology, 2019, 29(9): 4825-4832.  [30] Chang K, Bai H X, Zhou H, et al. Residual Convolutional Neural Network for the Determination of IDH Status in Low- and High-Grade Gliomas from MR Imaging[J]. Clinical Cancer Research, 2018, 24(5): 1073-1081.  [31] Choi K S, Choi S H, Jeong B. Prediction of IDH genotype in gliomas with dynamic susceptibility contrast perfusion MR imaging using an explainable recurrent neural network[J]. Neuro-Oncology, 2019, 21(9): 1197-1209.  [32] Matsui Y, Maruyama T, Nitta M, et al. Prediction of lower-grade glioma molecular subtypes using deep learning[J]. Journal of Neuro-Oncology, 2020, 146(2): 321-327.  [33] Choi Y S, Bae S, Chang J H, et al. Fully automated hybrid approach to predict the IDH mutation status of gliomas via deep learning and radiomics[J]. Neuro-Oncology, 2021, 23(2): 304-313.  [34] Parmar C, Velazquez E R, Leijenaar R, et al. Robust Radiomics Feature Quantification Using Semiautomatic Volumetric Segmentation[J]. Plos One, 2014, 9(7).  [35] Khan M A, Lali I U, Rehman A, et al. Brain tumor detection and classification: A framework of marker-based watershed algorithm and multilevel priority features selection[J]. Microscopy Research and Technique, 2019, 82(6): 909-922.  [36] Long J, Shelhamer E, Darrell T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2015. 3431-3440.  [37] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[C]//International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention. 2015. Springer, 234-241.  [38] Milletari F, Navab N, Ahmadi S-A. V-net: Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation[C]//2016 fourth international conference on 3D vision (3DV). 2016. IEEE, 565-571.  [39] Badrinarayanan V, Kendall A, Cipolla R. Segnet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation[J]. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence, 2017, 39(12): 2481-2495.  [40] Xiao X, Lian S, Luo Z, et al. Weighted res-unet for high-quality retina vessel segmentation[C]//2018 9th international conference on information technology in medicine and education (ITME). 2018. IEEE, 327-331.  [41] Guan S, Khan A A, Sikdar S, et al. Fully dense UNet for 2-D sparse photoacoustic tomography artifact removal[J]. IEEE journal of biomedical and health informatics, 2019, 24(2): 568-576.  [42] He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2016. 770-778.  [43] Huang G, Liu Z, Van Der Maaten L, et al. Densely connected convolutional networks[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2017. 4700-4708.  [44] Wang Y, Deng Z, Hu X, et al. Deep attentional features for prostate segmentation in ultrasound[C]//International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. 2018. Springer, 523-530.  [45] Myronenko A. 3D MRI brain tumor segmentation using autoencoder regularization[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. 2018. Springer, 311-320.  [46] Chen S, Ma K, Zheng Y. Med3d: Transfer learning for 3d medical image analysis[J]. arXiv preprint arXiv:190400625, 2019.  [47] Singh V K, Rashwan H A, Romani S, et al. Breast tumor segmentation and shape classification in mammograms using generative adversarial and convolutional neural network[J]. Expert Systems with Applications, 2020, 139: 112855.  [48] Akil M, Saouli R, Kachouri R. Fully automatic brain tumor segmentation with deep learning-based selective attention using overlapping patches and multi-class weighted cross-entropy[J]. Medical Image Analysis, 2020, 63: 101692.  [49] Xie Y, Zhang J, Lu H, et al. SESV: Accurate medical image segmentation by predicting and correcting errors[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2020, 40(1): 286-296.  [50] Hatamizadeh A, Tang Y, Nath V, et al. Unetr: Transformers for 3d medical image segmentation[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision. 2022. 574-584.  [51] Dosovitskiy A, Beyer L, Kolesnikov A, et al. An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale[J]. arXiv preprint arXiv:201011929, 2020.  [52] Hatamizadeh A, Nath V, Tang Y, et al. Swin unetr: Swin transformers for semantic segmentation of brain tumors in mri images[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. 2022. Springer, 272-284.  [53] Tang Y, Yang D, Li W, et al. Self-supervised pre-training of swin transformers for 3d medical image analysis[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2022. 20730-20740.  [54] Liu Z, Lin Y, Cao Y, et al. Swin transformer: Hierarchical vision transformer using shifted windows[C]//Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. 2021. 10012-10022.  [55] Laukamp K R, Thiele F, Shakirin G, et al. Fully automated detection and segmentation of meningiomas using deep learning on routine multiparametric MRI[J]. European Radiology, 2019, 29(1): 124-132.  [56] Chang K, Beers A L, Bai H X, et al. Automatic assessment of glioma burden: a deep learning algorithm for fully automated volumetric and bidimensional measurement[J]. Neuro-Oncology, 2019, 21(11): 1412-1422.  [57] Bakas S, Akbari H, Sotiras A, et al. Data Descriptor: Advancing The Cancer Genome Atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features[J]. Scientific Data, 2017, 4.  [58] Zhang B, Chang K, Ramkissoon S, et al. Multimodal MRI features predict isocitrate dehydrogenase genotype in high-grade gliomas[J]. Neuro-Oncology, 2017, 19(1): 109-117.  [59] Sun C, Tian X, Liu Z, et al. Radiomic analysis for pretreatment prediction of response to neoadjuvant chemotherapy in locally advanced cervical cancer: A multicentre study[J]. Ebiomedicine, 2019, 46: 160-169.  [60] Hatt M, Lucia F, Schick U, et al. Multicentric validation of radiomics findings: challenges and opportunities[J]. Ebiomedicine, 2019, 47: 20-21.  [61] Li Y P, Ammari S, Lawrance L, et al. Radiomics-Based Method for Predicting the Glioma Subtype as Defined by Tumor Grade, IDH Mutation, and 1p/19q Codeletion[J]. Cancers, 2022, 14(7).  [62] Limkin E J, Sun R, Dercle L, et al. Promises and challenges for the implementation of computational medical imaging (radiomics) in oncology[J]. Annals of Oncology, 2017, 28(6): 1191-1206.  [63] Korfiatis P, Kline T L, Lachance D H, et al. Residual Deep Convolutional Neural Network Predicts MGMT Methylation Status[J]. Journal of Digital Imaging, 2017, 30(5): 622-628.  [64] Khan S, Islam N, Jan Z, et al. A novel deep learning based framework for the detection and classification of breast cancer using transfer learning[J]. Pattern Recognition Letters, 2019, 125: 1-6.  [65] Tang Z Y, Xu Y Y, Jin L, et al. Deep Learning of Imaging Phenotype and Genotype for Predicting Overall Survival Time of Glioblastoma Patients[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2020, 39(6): 2100-2109.  [66] Lessmann N, Van Ginneken B, Zreik M, et al. Automatic Calcium Scoring in Low-Dose Chest CT Using Deep Neural Networks With Dilated Convolutions[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018, 37(2): 615-625.  [67] Zhang J, Liu M X, Shen D G. Detecting Anatomical Landmarks From Limited Medical Imaging Data Using Two-Stage Task-Oriented Deep Neural Networks[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2017, 26(10): 4753-4764.  [68] Zhou C H, Ding C X, Wang X C, et al. One-Pass Multi-Task Networks With Cross-Task Guided Attention for Brain Tumor Segmentation[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2020, 29: 4516-4529.  [69] Sinha A, Dolz J. Multi-Scale Self-Guided Attention for Medical Image Segmentation[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2021, 25(1): 121-130.  [70] Liu Z H, Tong L, Chen L, et al. CANet: Context Aware Network for Brain Glioma Segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2021, 40(7): 1763-1777.  [71] Zhou T X, Canu S, Vera P, et al. Latent Correlation Representation Learning for Brain Tumor Segmentation With Missing MRI Modalities[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2021, 30: 4263-4274.  [72] Decuyper M, Bonte S, Deblaere K, et al. Automated MRI based pipeline for segmentation and prediction of grade, IDH mutation and 1p19q co-deletion in glioma[J]. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2021, 88.  [73] Naser M A, Deen M J. Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in MRI images[J]. Computers in Biology and Medicine, 2020, 121.  [74] Luo H G, Zhuang Q Y, Wang Y Y, et al. A novel image signature-based radiomics method to achieve precise diagnosis and prognostic stratification of gliomas[J]. Laboratory Investigation, 2021, 101(4): 450-462.  [75] Wang Y, Wang Y, Guo C J, et al. SGPNet: A Three-Dimensional Multitask Residual Framework for Segmentation and IDH Genotype Prediction of Gliomas[J]. Computational Intelligence and Neuroscience, 2021, 2021.  [76] Zhou Y, Chen H J, Li Y F, et al. Multi-task learning for segmentation and classification of tumors in 3D automated breast ultrasound images(star)[J]. Medical Image Analysis, 2021, 70.  [77] Cheng J H, Liu J, Kuang H L, et al. A Fully Automated Multimodal MRI-Based Multi-Task Learning for Glioma Segmentation and IDH Genotyping[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2022, 41(6): 1520-1532. |

**三、研究内容和方法**

|  |
| --- |
| **包括：1.研究的基本内容；2.拟采取的技术路线、研究手段、研究方法；3.预期研究的成果。**  **1研究的基本内容；**  本课题旨在利用多模态MRI影像，研究肿瘤分割和分类的多任务学习算法，并首先在胶质瘤和IDH基因预测中进行验证。本课题的主要研究内容拟解决3个三个关键问题：（1）MRI图像肿瘤分割和分类的多任务学习算法中任务不平衡的问题；（2）不同仪器、不同模态MRI影像导致的数据间中心差异大，导致多模态MRI信息无法充分利用的问题；（3）肿瘤分割任务中由于大小、形态、纹理呈现的类内差异性和影像对比度低导致生物组织之间边界模糊的问题。  1）多任务学习中任务不平衡的算法研究  多任务学习是机器学习的一种范例，在许多应用中都取得了成功。然而，在医学影像多任务分析中，不同任务的Loss量级不同，可能会出现Loss较大的任务由于梯度也较大从而出现任务主导的现象，阻碍模型的训练，这种阻碍其实体现在了反向传播时参数的梯度不平衡。因此，如何改善多任务学习的损失来平衡任务和有效学习特定任务的特定特征是一个研究的热点问题。  本课题设计了一个端对端的单一共享网络，为了能够平衡每个任务之间的Loss权重，减缓任务之间梯度冲突，充分学习每个特征对于特定任务的权重。针对具有挑战性的分割任务设计了一个混合损失函数，利用不确定性权重的方法自适应地调整分割和分类损失函数。此外，为了能够从主网络中获取每个子任务特定的特征，采用注意力机制的方法设计了一种子任务自适应辨别特征权重的任务感知注意力引导特征学习，自适应的计算共享特征中每个特征对每个子任务的重要性，使得模型更高效。  2）多模态MRI影像信息融合的多任务算法研究  不同仪器，序列导致的数据间中心差异大。多模态特征间的关系多样，现今特征融合的方法无法有效去除多模态冗余的信息。单模态特征的中心间差异及鲁棒性问题加剧这一现象。如何充分利用多模态信息是亟待解决的问题。进行多模态融合，寻求连接医学图像的中间变量与临床信息间的关系，能够进一步补充肿瘤分割和分类相关的信息。  本课题首先将每个输入模态由单独的编码器编码以获得单独的模态特征表示，多模态MRI影像融合属于同质的多模态融合问题，本课题拟使用一种交换不同模态特征图来实现多模态信息的融合，通过把每个模态中每个阶段不太重要的特定区域特征图交换成其他模态相对应区域中重要的特征图，在没有增加参数量的情况下，既保留了模态内重要的信息，又有效的进行了多模态特征的融合。在分类任务中，为了能够更好的捕捉多模态医学图像的中间变量与临床信息间的关系，采用视觉问答领域的双线性池化融合网络深层的语义信息。  3）多任务学习中肿瘤分割的类内差异性和边界模糊的算法研究  在肿瘤分割中，不同患者肿瘤的大小、形态、纹理导致的类内差异性和肿瘤异质性导致的边界模糊性是肿瘤分割中的常见问题。如果我们只考虑孤立的体素，很难实现精确的密集体素分割，因为不同类的体素可能共享相似的强度值或特征表示。为了解决上述问题，我们旨在通过探索肿瘤细胞特征的相互作用来学习肿瘤细胞与其周围环境之间的关系信息。对于低对比度，模型需要有效利用肿瘤的特征来区分肿瘤与其它背景之间的差异。  我们预计提出一种上下文感知网络，该网络利用多尺度特征及尺度感知注意力学习“从粗到精”的特征，以在MRI图像中实现精确的密集体素肿瘤分割。具体而言，我们预计采用3D预训练ResNet-34模型提取不同分辨率的“粗”特征，通过卷积和空洞卷积的无缝组合来获得全局信息，通过注意力机制将卷积和不同尺度的特征进行打分从而精细化特征，利用全局上下文注意力模块使有效信息从低分辨率特征传播到高分辨率特征图。此外，引入边界细化模块以细化肿瘤的边界。  **2拟采取的技术路线、研究手段、研究方法；**  如图2为本课题的总技术路线：    图2 技术路线  **2.1数据采集**  1）内部数据集  经医院伦理委员会批准，并遵循了世界医学协会（WMA）的伦理准则和赫尔辛基宣言（IRB编号201911021）。对2012年1月至2021年9月之间，在陕西省人民医院就诊并且有病理资料的547例胶质瘤患者的术前MRI资料进行回顾性分析。纳入标准为：（1）患者均为首发，且之前未接受治疗；（2）所有患者同时具备术前T1WI、T2WI和T1WI对比增强成像；（3）所有纳入的患者都有病理资料且都来自该院的病理科，确诊为GBM；（4）所有患者都做了免疫组化分析，均有IDH信息。排除标准为：（1）图像质量欠佳，影响测量结果；（2）图像序列不全；（3）病理资料不全；（4）继发或者复发病例；（5）患者在做MRI检查之前做过治疗。最终，共纳入336名胶质瘤患者，其中IDH野生型206例，121例男性，85例女性，年龄49.17±14.28岁（均值±标准差）；IDH突变型130例，78例男性，52例女性，年龄42.25±10.85岁（均值±标准差）。  2）外部数据集  胶质瘤患者的多模态MRI图像源自多模态脑肿瘤分割（BraTS2021）挑战大赛。BraTS2021的部分数据属于癌症成像档案（TCIA），可从TCIA的公共存储库中获取。基因组信息来自癌症基因组图谱（TCGA）。本研究筛选了IDH突变状态、T1WI、T1WI对比增强成像和T2WI成像模式的可用性。来自BraTS2021训练数据集的148名具有IDH突变状态的受试者用作验证数据，其中IDH野生型91例，IDH突变型57例。  **2.2内部数据集影像扫描参数**  入组病例都接受了T1WI、T2WI平扫及T1WI增强扫描检查。扫描参数：T1WI：TR=1750ms、TE=25.2ms；T2WI：TR=4080ms、TE=91ms，层厚=5mm，矩阵=512×512。增强T1WI扫描参数为：TR=1750ms，TE=20.7ms，FOV=24×21.6cm，矩阵=320×256，层厚=5mm，静脉注射Gd-DTPA，剂量为0.1mmol/kg，注药后立即行T1WI增强扫描。  **2.3肿瘤勾画和图像预处理**  1）内部数据集  T1WI、T2WI和T1WI增强图像以DICOM格式导入医学图像工具包ITK-SNAP（version 3.6.0）中进行肿瘤分割，手动勾画ROI。在轴向T1WI图像上的每个层面勾画ROI，范围覆盖整个肿瘤（包含病灶内的坏死、囊变区）及其瘤周水肿区域。所有病灶的手动分割均由放射科一名具有中级职称的神经影像组医生进行，最后再由放射科一名有20年工作经验的神经影像专科的高级职称医生对勾画结果进行检验。两人均在不知道临床和病理分型的情况下进行肿瘤分割和验证。  应用了几种图像处理来确保模型的鲁棒性。首先，使用N4ITK方法校正B1场不均匀性效应，可从python第三方处理包Simple-ITK中获得。将所有图像重新采样到1×1×1mm3的均匀空间分辨率从而使医疗图像中大小不同的体素归一化到相同的大小。使用牛津大学维康综合神经影像中心的公开医学处理包SPM12对MRI图像进行线性图像配准、颅骨剥离。由于T1WI影像观察解剖结构比较好，图像配准是T1WI影像为模板。  2）外部数据集  为了减少数据域之间的差异性，公开数据集的所有MRI图像都进行过预处理，包括重新定位到左后上坐标系，与T1解剖模板共同配准，重新采样到1mm各向同性图像分辨率，以及颅骨剥离。  **2.4多任务学习中任务不平衡算法研究**  1）网络整体结构  针对目前医学影像多任务学习中分割和分类任务不平衡的问题，本课题提出了3D注意力引导多任务学习网络（Attention-guided multi-task net，AMTN），我们称之为AMTN网络，并将网络在胶质瘤分割和IDH分类任务上首先进行训练和验证。图3显示了AMTN的网络结构，所提出的网络将三个模态的MRI堆叠为3通道作为网络的输入，我们使用卷积神经网络来处理任务相关性和异质性，在网络的特征提取阶段，将ResNet-50作为主干，提取其低层空间信息以及高层语义信息。在编码器中引入了SE-Net，旨在复杂的背景干扰下提取更精细的肿瘤特征，从而提高检测的准确性。  为了能够更好的利用这些特征，我们使用所有阶段的共享特征进行分割和分类任务，设计了一个任务注意力机制分别自上而下和自下而上的捕捉每个阶段的特征关系，任务注意力机制会自动确定每个任务共享特征的重要性。从而允许以一种自我监督、端到端的方式学习任务共享和特定任务的特征。多任务学习中任务权重设置不当可能会导致任务偏差，为了减轻这种多任务学习的负面影响，我们采用了一种基于同方差不确定性的方法自适应地调整权重对胶质瘤分割和IDH基因分型损失进行加权。    图3 AMTN网络结果图  2）任务注意力机制模块  为了能够更好的利用学习到的特征，受一种基于soft-attention模块的多任务学习框架的启发，使用一个主网络用来产生所有任务共享的特征图，以学习特定于任务的特征。共享主网络可以看作是一个跨任务的特征表示，每一个任务注意力机制都可以被看作是对主网络的特征选择器，决定哪些共享特征被用到自己的子任务中，图4显示了任务注意力机制模块，它包括两个任务感知注意力模块。  基于分类的任务注意力模块是从上而下连接相连尺度的特征，基于分割的任务注意力模块是从下而上连接相连尺度的特征，接着应用连接尺度的特征与当前阶段的特征计算注意力机制来完成分割和分类的特征细化。    图4 任务注意力模块  3）不确定性权重结合分割和分类损失函数  目前，常见的多任务学习方法是优化所有任务的线性加权损失并求解最小值。然而，这通常无法找到最优解，在实验的过程中很容易出现一个任务收敛的很快，另一个任务收敛的很慢的现象，并且权重参数设置繁琐，网络的训练的收敛快慢与损失函数的梯度有关。  在本课题的研究中，我为不同的任务设计了相应的损失函数。一方面，肿瘤分割是对像素的多类别预测问题，交叉熵损失函数是分类任务中常用的损失函数，但在肿瘤分割中肿瘤区域的占比往往非常小，单独使用交叉熵损失不能很好的完成分割，并且会导致网络收敛速度缓慢。为针对具有挑战性的分割任务中的前景和背景之间的不平衡可能导致分割偏差的问题。设计了一个混合损失函数，使用基于Dice系数的损失函数作为分割损失，以关注预测值与真实值之间的形状相似性。其中，损失函数的定义如公式（2-1），（2-2），（2-3）。  式中：*LCE*表示交叉熵损失；y表示标签；pc表示网络输出预测属于c的概率；N代表类别数；*m*表示图片的像素总数；*i*表示每个像素的索引（I=1，2，3，...，N）；*S*是平滑项以防止分母为0。  类别不平衡和样本数量有限是医学图像分类中的常见问题。例如，在我们的胶质瘤训练数据集中，IDH野生胶质瘤的数量大约是IDH突变胶质瘤的1.5倍，可用样本的数量有限。为了补偿这些问题，我们采用了一种改进的加权交叉熵损失作为分类损失函数，如公式（2-4）所示。  式中，*yc*和*pc*分别是样本的IDH基因型的真值和网络的预测概率，*wc*是类别*c*的类别权重，*N*代表类别数。  分割损失和分类损失被联合执行以优化多任务学习网络。然而，当任务权重设置不合适时，多任务学习可能会导致任务偏差，当采用手动调节任务权重的参数时，是一个很繁琐的过程。为了减轻这种多任务学习的负面影响，本课题采用了一种基于不确定性的方法，如公式（2-5）所示，该方法可以自适应地调整权重以对胶质瘤分割和IDH基因分类损失进行加权。  式中，σseg和σidh是网络学习的不确定权重的可学习参数，在实践中，首先初始化两个值的张量，然后在训练阶段通过迭代自适应更新。  **2.5多模态MRI影像信息融合的算法研究**  1）网络整体结构  在计算机视觉领域中，异构和高维数据的集成变得越来越重要。多模态医学影像因能提供有关目标的多信息从而在医学影像中被广泛利用。然而，传统方法在提供可靠的多模态融合方面基本上是薄弱的，尤其是在安全关键应用（例如，医疗诊断）方面，无法有效去除多模态冗余的信息。医学影像由于不同仪器、序列导致数据间中心差异大、多模态特征间的关系复杂，数据之间的分布变化导致在部署经过训练的分割模型期间严重的性能退化。这激励我们以更具有泛化性能的方式利用多模态信息，产生值得信赖的多模态融合。  对于上述表示，本课题采用了一种channel exchanging网络，它具有自适应性、无参数性，如图5所示为本课题拟采用的网络结构图。本课题采用ResNet-18作为主干网络来挖掘医学影像中肿瘤的特征，设置孪生网络架构作为提取特征总结构。将主干网络中的每个stage利用channel exchanging对每个阶段不同模态特征融合。在分割任务中，随着网络层的加深，不同尺度的特征图之间的不一致性越来越明显，Refine-Net通过一系列子模块把不同分辨率的特征进行细化和融合，显式的利用了下采样过程的所有信息，使用远程残差连接来实现高分辨率的预测。在分类任务中，将第4个stage提取的特征使用双线性池化进行特征向量融合。    图5 多模态融合总框架图  2）多模态影像融合  Channel exchanging是通过不同的模态间的通道交换来实现多模态信息的融合，如图6所示，channel exchanging是利用batch normalization中的scaling factor的大小来自行度量每个channel重要性，将每个模态中不太重要的channel交换成其他模态中重要的channel，为了保持模态内的处理，此方法允许在每个模态通道的一定范围内进行有向通道交换。这种做法在不增加参数的情况下既保证了每个模态中固有的信息，又有效地融合所有模态的信息。    图6 Channel Exchanging框架图  在分割任务中，本课题采用了RefineNet将前面的多种分辨率的特征图输入到融合模块，网络框架如图7所示，每一个RefineNet是由残差卷积模块（residual conv unit，RCU）、多分辨率融合模块（multi-resolution fusion，MRF）、链式残差池化模块组成（chained residual pooling，CRP），通过使用带残差连接的同态映射构建所有模块，梯度能够在短距离和长距离传播，充分利用下采样过程中损失的信息，进一步以一种有效的方式从背景信息中俘获上下文信息。    图7 RefineNet的框架示意图  在分类任务中，引入了视觉问答领域多模态因子分解双线性池化（multi-modal factorized bilinear pooling，MFB）的方法以高效和有效地组合多模态特征，如图8所示，MFB采用了Tensor sketch和Hadamard product算法，既有效减少模型的参数数量和计算时间，又保持了高维输出来保证模型的鲁棒性。这样可以让不同模态的特征之间相互指导，具有更强的可解释性。    图8 多模态因子分解双线性流程图  **2.6分割任务中类内差异性和边界模糊的算法研究**  1）网络整体结构  在临床中分析肿瘤医学图像时，模型正确分割医学图像域中的感兴趣区是提高诊断和治疗的重要关键。然而，由于生物组织之间的结构边界模糊性、异质纹理、对比度差以及没有领域知识对分割区域的不确定性，难以获得准确的分割结果。即使是专家，根据他们的经验和技能，他们的描述也略有不同。  深度学习中的卷积神经网络通过具有不同核的卷积层和池化层来捕获包含丰富位置信息和语义信息的多尺度特征。低级特征具有更高的分辨率，可以生成清晰和详细的边界，但上下文信息较少，而高级特征具有更抽象的语义信息，这些语义信息擅长进行类别分类，但在形状和位置上较弱，因此，充分结合不同尺度的特征可以用来检测不同尺寸的肿瘤。  对于肿瘤类内差异性，模型需要针对各种变化（如形状、大小和纹理）保持不变，因此，本课题预计设计如图9的网络框架图，利用3D预训练模型ResNet-34为主干网络以获取不同分辨率的多尺度特征，为了能够更好的聚合不同区域中有效的上下文信息、区域语义，提高获取全局信息的能力。本课题预计引入了visual attention模块、global context attention模块。对于肿瘤边界模糊性，本课题采用了自然图像方面的boundary refinement模块，以细化对象边界并提高预测精度。在分类任务中，由于深层网络的语义信息丰富，直接使用预训练模型的深层语义特征作为分类特征。尽管网络能够充分利用多级特征，但参数数量也明显增加，这可能会带来额外的优化难度。为了解决这个问题，计划在模型中添加深度监督，旨在简化训练过程并加快网络模型的优化。    图9 多尺度注意力网络概述  2）注意力机制模块  VA模块的目标是探索不同尺度特征中的局部和全局3D空间信息，如图10（a）所示，VA模块以卷积层为中心，建立不同分支的空洞卷积以控制其偏心，形成具有不同感受野的多分支注意力特征池，更好的捕捉不同像素点之间的内在关系。GCA模块是能够精细化上下文信息的使用程度以解决不同患者的肿瘤大小、形态、纹理呈现的类内差异性，如图10（b）所示，GCA应用卷积来调整高分辨率和低分辨率融合特征图的通道维度，然后通过全局池化到低分辨率以获得全局上下文信息，引入了注意力机制从而充分利用不同分辨率实现跨尺度特征融合。受自然图像中的研究，BR模块具有提高边界处的定位能力，因此我们尝试用该方法解决因图像对比度低所造成的边界模糊性问题。如图10（c）所示，BR模块是基于残差结构的来帮助网络加强肿瘤边界的细节。    图10 （a）Visual Attention模块（b）Global Context Attention模块  （c）Boundary Refinement模块  **3创新点**  （1）设计了任务注意力机制、混合损失函数和引用同方差不确定性解决肿瘤分割和分类的多任务学习中任务不平衡的问题。  （2）在3D医学影像中利用通道交换和双线性池化方法进行多模态MRI信息融合以解决多模态MRI信息无法充分利用的问题  （3）设计了一种新的3D上下文感知网络以解决多任务学习中肿瘤分割呈现的类内差异性和边界模糊性的问题。  **4预期研究的成果。**  （1）预期本课题结束时，对本课题所涉及的关键技术给出可行的解决方案。  （2）发表EI及以上高水平论文1-2篇。  （3）完成硕士学术论文。 |

**四、研究基础**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **包括：1.学术条件；2.设施条件；2.经费预算。**  **1学术条件**  （1）通过查阅大量与本课题相关的参考文献，对将要进行的研究有清晰的理解和认识,形成了本课题比较完善的研究思路。  （2）对提出的思路进行实验，验证其可行性，并针对不同的问题提出改进思路。  （3）熟练掌握Python和Pytorch。  **2设施条件**   |  |  | | --- | --- | | CPU | Intel(R) Core(TM) i7-10700K CPU @ 3.80GHz | | GPU | RTX3090\*2 | | 内存 | 32G | | 硬盘 | 4T | | 操作系统 | Ubuntu 20.04.3 | | 深度学习框架 | Pytorch1.7.1 |   **3经费预算**  经费来源：项目经费、研究生经费  开支预算：6000元   |  |  |  | | --- | --- | --- | | 支出科目 | 金额（元） | 计算根据及理由 | | 资料印刷费 | 400 | 购买书籍、打印复印费用 | | 论文版面费 | 4000 | 发表论文所需相关费用 | | 实验外协费 | 1000 | 外出参加会议差旅费 | | 其他费用 | 600 | 实验所需其他费用 | | 合计 | 6000 |  | |

**五、论文工作计划**

|  |  |
| --- | --- |
| **起止时间** | **工作内容及完成指标** |
| 2022年09月 - 2022年12月 | 数据预处理、构建多任务学习中任务不平衡算法模型 |
| 2022年12月 - 2023年01月 | 撰写肿瘤分割和分类的多任务学习算法论文 |
| 2023年02月 - 2023年05月 | 实现胶质瘤多模态融合算法研究 |
| 2023年05月 - 2023年06月 | 撰写多模态融合算法论文 |
| 2023年07月 - 2023年09月 | 实现分割任务中类内差异性和边界模糊的算法研究 |
| 2023年10月 - 2023年11月 | 对算法做进一步改进，对实验结果方法进行归纳整理 |
| 2023年12月 - 2024年06月 | 撰写学位大论文，准备答辩 |

**六、导师评审意见**

|  |
| --- |
| **导师意见（导师就研究生对国内外研究现状的了解情况、选题的实际应用价值、研究方法、研究手段及论文工作计划的评价）：**  该课题研究了多任务和多模态MRI对肿瘤分割和分类的算法研究，较为新颖，具有一定的研究价值和研究意义。该生对课题进行了详尽地调研，参考了大量的文献资料，研究内容目标明确，设计思路清晰，研究方法与手段合理可行，难度适中，工作量饱满，研究计划安排合适。符合本校研究生开题要求，同意开题。  **校内导师签字： 年 月 日**  **校外导师签字： 年 月 日** |

**七、评审小组和学院意见**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **姓 名** | **职 称** | **专业** | **成 绩** | **结 论** | **签 字** |
| **组长** | 李云红 | 教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| **成员** | 杜世龙 | 高工 | 图像处理 |  |  |  |
| 陈宁 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 苏雪平 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 魏炜 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 陈锦妮 | 讲师 | 信号与信息处理 |  |  |  |
| **总成绩** | |  | | | | |
| **评审小组审查结论（论文选题是否有实际应用价值，研究的难度与工作量是否适当、研究方案的可行性、是否同意论文开题）：**  **组长签名： 年 月 日** | | | | | | |
| **学院教授委员会意见：**  **学院教授委员会主任签名： 年 月 日** | | | | | | |