

基于多编码器的多模态MRI脑肿瘤分割

戴天虹, 宋洁绮

引用本文

戴天虹, 宋洁绮. 基于多编码器的多模态MRI脑肿瘤分割[J]. 计算机科学, 2023, 50(6A): 220200108-6.

DAI Tianhong, SONG Jieqi. [Multimodal MRI Brain Tumor Segmentation Based on Multi-encoder Architecture](#) [J]. Computer Science, 2023, 50(6A): 220200108-6.

相似文章推荐 (请使用火狐或 IE 浏览器查看文章)

Similar articles recommended (Please use Firefox or IE to view the article)

[结构化混合注意力网络的图像超分辨率重建](#)

Image Super-resolution Reconstruction Based on Structured Fusion Attention Network

计算机科学, 2023, 50(6A): 220600240-5. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.220600240>

[基于孪生注意力网络的建设用地遥感影像变化检测](#)

Remote Sensing Image Change Detection of Construction Land Based on Siamese Attention Network

计算机科学, 2023, 50(6A): 220500040-5. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.220500040>

[基于多邻接图与多头注意力机制的短期交通流量预测](#)

Short-time Traffic Flow Forecasting Based on Multi-adjacent Graph and Multi-head Attention

Mechanism

计算机科学, 2023, 50(4): 40-46. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.220200079>

[基于注意力机制和轻量级空洞卷积的混凝土路面裂缝检测](#)

Crack Detection of Concrete Pavement Based on Attention Mechanism and Lightweight

Dilated Convolution

计算机科学, 2023, 50(2): 231-236. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.211200290>

[基于深度神经网络的块压缩感知图像重构](#)

Block-based Compressed Sensing of Image Reconstruction Based on Deep Neural Network

计算机科学, 2022, 49(11A): 210900118-9. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.210900118>

基于多编码器的多模态 MRI 脑肿瘤分割

戴天虹 宋洁绮

东北林业大学机电工程学院 哈尔滨 150040

(th_2000@sina.com)

摘要 脑胶质瘤是起源于脑神经胶质细胞的原发性肿瘤,发病率约占全部颅内肿瘤的 45%,其核磁共振图像(MRI)的精准分割有着非常重要的临床意义。文中提出了一种基于多编码器的脑肿瘤自动分割方法,模型采用 U 型网络结构,扩充单收缩路径为多路径以深度挖掘不同模态语义信息;提出结合空洞卷积的 Inception 模块作为网络基础卷积层以获取图像多尺度特征;在网络瓶颈层和解码器中引入轻量型通道注意力 Efficient Channel Attention(ECA)模块,使得模型更多地关注与分割相关的信息,忽略通道维度的信息冗余,从而进一步提高网络分割的精确率。在 Brain Tumor Segmentation Challenge 2018(BraTS 2018)数据集上进行验证,提出的网络在整体肿瘤、肿瘤核心、增强肿瘤 3 个区域的平均 Dice 系数分别为 0.880,0.784,0.757,结果表明所提算法实现了准确有效的多模态 MRI 脑肿瘤分割。

关键词: 图像处理;脑肿瘤分割;多编码器;空洞卷积;通道注意力

中图法分类号 TP391

Multimodal MRI Brain Tumor Segmentation Based on Multi-encoder Architecture

DAI Tianhong and SONG Jieqi

College of Mechanical and Electrical Engineering, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China

Abstract Glioma is a primary tumor originating from glial cells in the brain, accounting for about 45% of all intracranial tumors. Accurate segmentation of brain tumor in magnetic resonance imaging(MRI) images is of great clinical significance. In this paper, an automatic brain tumor segmentation method based on multi-encoder architecture is proposed. The model adopts a U-shaped network structure which expands the single contracting path into multiple paths to deeply exploit semantic information of different modalities. In order to obtain the multiscale features of images, an inception module combined with dilated convolution is designed as the basic convolutional layer; a lightweight attention mechanism known as efficient channel attention(ECA) block is then introduced into the bottleneck layer and the decoder, so that the model pays more attention to the segmentation-related information and ignores the redundancy of the channel dimension, thereby further improving the segmentation results. Using the Brain Tumor Segmentation Challenge 2018(BraTS 2018) dataset for verification, the proposed model gets average Dice coefficient values of 0.880, 0.784, and 0.757 for the whole tumor, tumor core and enhancing tumor respectively. Experiment results show that the proposed method achieves accurate and effective multimodal MRI brain tumor segmentation.

Keywords Image processing, Brain tumor segmentation, Multi-encoder, Dilated convolution, Channel attention mechanism

1 引言

脑胶质瘤是最常见的原发性颅内恶性肿瘤,按照肿瘤细胞的恶性程度可将其划分为高级别胶质瘤(HGG)和低级别胶质瘤(LGG)。核磁共振是脑肿瘤检测的主要手段,它可以提供 T1-weighted(T1)、contrast-enhanced T1-weighted(T1ce)、T2-weighted(T2)和 Fluid-attenuated inversion recovery(FLAIR)4 种模态的脑肿瘤图像。通过 MRI 图像呈现的脑肿瘤包括坏死和非增强肿瘤核心、水肿区域以及增强肿瘤核心区域,基于医生手动分割的方法需要扎实的解剖知识基础并且可能存在人为误差,因此寻求可靠的脑肿瘤自动分割

方法具有重要的研究价值,脑肿瘤的精确自动分割不仅可以减轻医生的工作负担,对于提高肿瘤的诊断水平、制定患者手术计划和预测患者预后也具有重要意义。

在深度学习快速发展的背景下,基于卷积神经网络(Convolutional Neural Network, CNN)的图像分割方法体现出相较于传统医学图像分割方法的优越性,涌现出了以全卷积神经网络(Fully Convolutional Network, FCN)、U-Net 为主的在医学图像处理领域表现优异的语义分割网络。FCN 网络实现了端到端的像素级别的语义分割, U-Net 是基于 FCN 发展而来的改进网络,具有经典的 U 型编码-解码(Encoder-Decoder)结构,能够充分利用医学图像的低层特征与高层

基金项目:中央高校基本科研业务费专项资金(2572019CP17);黑龙江省自然科学基金(C201414);哈尔滨市科技创新人才项目(2014RFXXJ086)

This work was supported by the Fundamental Research Funds for the Central Universities(2572019CP17), Natural Science Foundation of Heilongjiang Province, China(C201414) and Harbin Science and Technology Innovation Project(2014RFXXJ086).

通信作者:宋洁绮(jqsong96@foxmail.com)

语义信息。此外 Brain Tumor Segmentation Challenge 的举办使得更多的研究者开始关注并解决脑肿瘤自动分割的难题。对于多模态 MRI 脑肿瘤数据,当前的研究成果大都采用早期融合的方法,将 T1, T1ce, T2, FLAIR 这 4 种模态进行叠加后输入网络训练。Kamnitsas 等^[1]提出了 DeepMedic 网络,采用具有不同卷积核大小的并行双通道提取多尺度信息,最后引入条件随机场进行后处理以改善分割边缘细节。Myronenko^[2]在 Encoder-Decoder 结构的基础上引入变分自编码器分支,用于重构脑肿瘤输入图像。Isensee 等^[3]提出了 nnU-Net 自适应架构,可以针对脑肿瘤数据集特点在数据增强、网络训练以及后处理等方面实现动态调整。Hatamizadeh 等^[4]将具有强大全局特征提取能力的 Transformer 直接加入到 U-Net 网络的编码器部分。然而一些研究证明采用不同模态晚期融合的策略可以提升医学图像分割准确率。Nie 等^[5]设计 multi-FCNs 网络, T1, T2 和 Fractional Anisotropy (FA) 3 种模态各自对应一条全卷积路径并在高层进行特征融合,解决婴儿脑灰质、脑白质和脑脊液的分割。Dolz 等^[6]基于 U-Net 网络在缺血性脑卒中病灶分割上证实了多模态晚期融合的有效性,另外提出了一种 Hyper-Dense 连接方式用于进一步提取多模态 MRI 图像特征。本文尝试在脑肿瘤分割任务上进行各模态的晚期融合,从而更好地实现各脑肿瘤区域的自动分割。

基于以上研究,本文提出了一种新的多模态 MRI 脑肿瘤自动分割算法。针对多模态脑肿瘤特征的提取方式,不同于直接叠加各模态 MRI 图像输入单编码器,该模型不同模态对应独立的特征编码器,所有路径在网络瓶颈层实现特征的晚期融合。为了充分提取图像的多尺度信息且考虑较少内存需求,提出了 Dilated-Inception 卷积替代传统卷积层。最后为了进一步提升网络分割性能,引入注意力机制 Efficient Channel Attention 模块赋予特征通道权重。

2 实验方法

2.1 多编码器结构

不同模态 MRI 脑肿瘤图像提供不同的脑部信息,病变区域与正常组织对比存在一定差异,其中 T1 模态更加强调整剖结构, T1ce 模态为肿瘤核心区域提供较好的对比度^[7], T2 模态更多地表达病灶位置, FLAIR 模态中水肿区域比较明显,因此,在脑肿瘤分割任务中融合多模态图像能够提高分割表现。多模态数据的融合方式主要包括早期融合和晚期融合,早期融合主要实现数据层面的融合,将多个模态数据融合成单一表示输入到神经网络中训练;晚期融合方式则是从不同模态的数据分别提取特征,然后通过平均值、最大值等融合方式进行特征交互。对于脑肿瘤分割任务,当前研究工作大多采用单编码路径(见图 1(a))提取早期融合图像的特征,因而只学到单一的特征表示,无法利用多模态 MRI 脑肿瘤图像的互补性。本文设计的多编码器架构(见图 1(b))分别提取不同模态 MRI 脑肿瘤图像的特征信息,学习各模态独立的特征表示。各编码器能够针对性地学习到不同权重系数,获取更为丰富的特征信息,最终在底层实现特征的晚期融合。

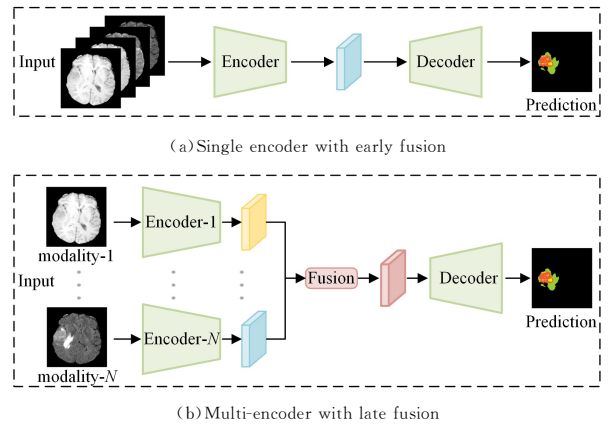


图 1 两种编码器结构

Fig. 1 Two encoder structures

2.2 Dilated-Inception 卷积

在脑肿瘤分割任务中,由于不同病例肿瘤体积大小、形状、位置具有多变性,因此,为卷积操作选取合适的卷积核大小成为了一个具有挑战性的问题。Inception Net 利用多种大小的卷积核并行运算,可以实现对同一特征图的多尺度感知,但是存在计算代价较大的缺点。然而,在不增加额外参数数量的前提下,空洞卷积可以通过改变扩张率调整感受野大小。假设空洞卷积的卷积核大小为 k , 扩张率(Dilation rate)为 d , 则卷积核各元素之间嵌入 $(d-1)$ 个 0, 其等效的卷积核为 $k' = k + (k-1) * (d-1)$, 因而在 k 固定的前提下,改变 d 的值获得的感受野相较于普通卷积有所增加。为了结合不同感受野的脑肿瘤特征,提高网络的特征提取能力,本文采用 Inception 模块的思想,结合带有不同扩张率的空洞卷积,提出如图 2 所示的 Dilated-Inception 卷积结构。

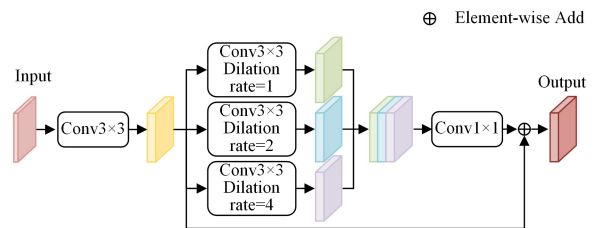


图 2 Dilated-Inception 卷积结构

Fig. 2 Structure of Dilated-Inception convolution

Dilated-Inception 卷积模块的输入首先执行 3×3 标准卷积操作,随后将 3 个并行空洞卷积的卷积核尺寸均设置为 3×3 , 扩张率分别设置为 1, 2, 4, 所有支路的输出拼接之后送入 1×1 卷积降维得到融合的特征图。最后该模块还加入了残差连接,以解决神经网络的梯度消失问题,加速模型的收敛。本文将提出的 Dilated-Inception 卷积作为网络基础卷积结构,能够以较小的网络参数量获取多尺度上下文信息,更好地适应脑肿瘤分割任务。

2.3 Efficient Channel Attention 模块

通过多编码器结构能够获取到各模态丰富的语义信息,但是由于不同模态对分割结果的贡献不同,因此如何更好地合并这些特征信息值得思考。以 Squeeze-and-Excitation(SE) 模块^[8]为代表的通道注意力的使用提高了 CNN 模型的性能, SE 模块(见图 3(a))首先通过全局平均池化获得特征

映射的全局分布,然后引入两个全连接层获取通道权值。ECA 模块(见图 3(b))是对 SE 模块的改进,它优化了特征权值的获取方式,以一种不降低通道维数的方式来实现跨通道信息交互,相比 SE 模块有着更小的参数量和更好的表现。基于此,本研究引入通道注意力 ECA 模块^[9]以获取各个特征通道的重要程度,增强分割相关特征。

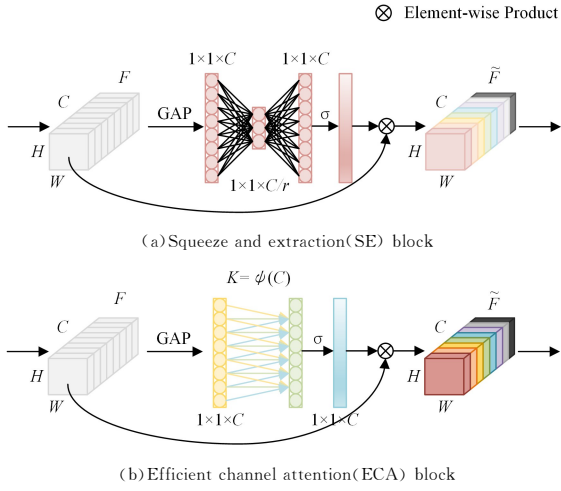


图 3 两种通道注意力模块结构

Fig. 3 Two channel attention block structures

ECA 注意力机制将输入 $F \in \mathbb{R}^{H \times W \times C}$ (其中 H, W, C 分别代表特征图的高、宽和通道维度) 视为 C 个通道特征 $f_i \in \mathbb{R}^{H \times W}$ ($i=1, 2, \dots, C$) 的结合,沿该方向进行全局平均池化操作获得向量 $z \in \mathbb{R}^{1 \times 1 \times C}$,因此 z 具有各个通道的全局空间信息,其中第 n 个元素计算式为:

$$z_n = \frac{1}{H \times W} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W f_n(i, j) \quad (1)$$

保持 z 的维度不变,利用卷积核大小为 k 的一维卷积实现各通道与其 k 个近邻的交互,所有相邻的 k 个通道共享权重,经过 sigmoid 函数后映射到 $(0, 1)$ 区间范围,于是 ECA

模块学到的通道注意力为 $\omega = \sigma[\text{Conv1D}_k(z)]$,其中 Conv1D 代表 1 维卷积, σ 代表 sigmoid 函数。针对卷积核 k 的大小, ECA 模块采用非线性自适应的选择策略, k 与通道数 C 存在如下关系:

$$k = \psi(C) = \left\lfloor \frac{\log_2 C}{\gamma} + \frac{b}{\gamma} \right\rfloor_{\text{odd}} \quad (2)$$

其中,超参数 $b=1, \gamma=2, \lfloor \cdot \rfloor_{\text{odd}}$ 代表取 \cdot 最近邻的奇数。然后 reshape ω 至空间 $\mathbb{R}^{H \times W \times C}$,将此通道权值与输入特征图 element-wise 相乘,最终得到重标定的特征图 \tilde{F} 。由上述过程可知 ECA 注意力机制仅包含 k 个参数,能够以较小的模型复杂度捕获局部跨通道交互,本文网络通过引入此模块可以获得更有代表性的特征表示,降低了无用特征的通道权重。

2.4 网络结构

U 型卷积神经网络在医学图像处理领域具有出色的表现,本文基于 U 型 Encoder-Decoder 架构,提出了如图 4 所示的网络模型。多个编码器分别以 T1, T1ce, T2 和 FLAIR 脑肿瘤图像作为输入,充分获取对应模态的多尺度特征表示 F_1, \dots, F_M ($M=4$);网络瓶颈层首先利用通道拼接操作得到晚期融合特征 $F_{\text{fusion-1}} = \text{concat}[F_1, F_2, F_3, F_4]$,随后通过 ECA 模块获取 $F_{\text{fusion-1}}$ 各通道重要程度,实现了各模态信息的加权组合;共享解码器使用瓶颈层输出逐步恢复空间信息,各层均引入通道注意力 ECA 抑制冗余信息的影响。各编码器与共享编码器之间存在跳跃连接,为了减少网络参数和计算量,跳跃连接通过 element-wise add 操作进行不同分辨率级别上的特征聚合,即:

$$F_{\text{fusion-2}}^l = \sum_{n=1}^{N=4} F_n^l + F_{\text{up}}^{l-1} \quad (3)$$

其中, l ($l=1, \dots, 4$) 代表解码器的第 l 层, n 代表编码器编号, F_n^l 是来自对应编码器层的特征图, F_{up}^{l-1} 代表来自前一层的上采样特征图。此操作一方面完成了各模态特征的低级交互,另一方面,与上采样特征的结合提高了对脑肿瘤边缘细节分割的准确率。

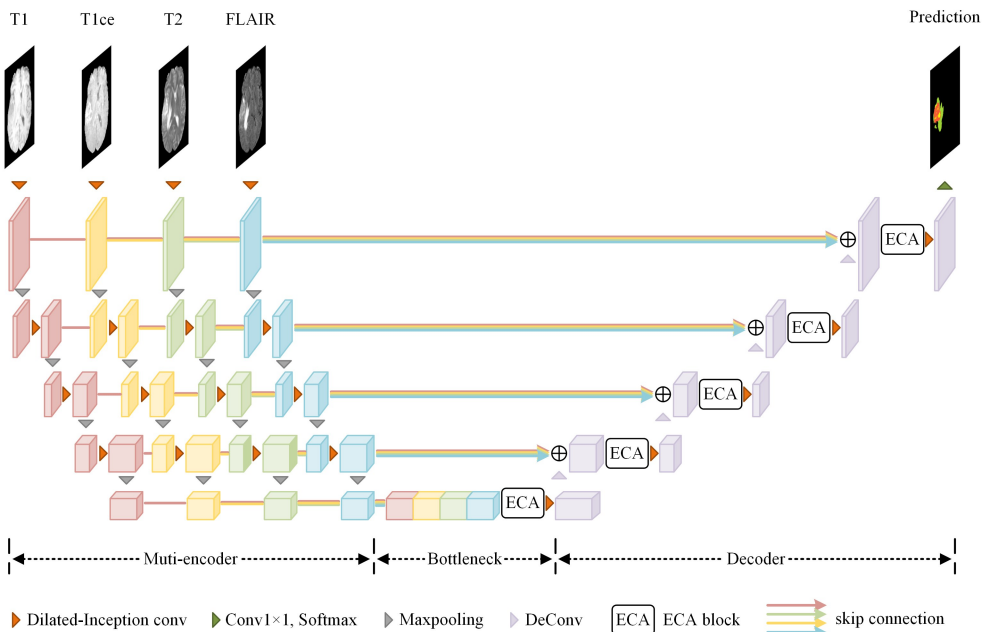


图 4 本文提出的网络结构

Fig. 4 Structure of the proposed network

本文提出的网络能够实现端到端的学习。各模态编码器组成相同,均包括4个 Dilated-Inception 卷积层和4个 2×2 最大池化层。首先,大小为 192×160 、通道数为1的不同模态 MRI 脑肿瘤图像被送入对应编码器,各层输出特征的通道数依次为32,64,128和256,最终各编码路得到尺寸为 $12 \times 10 \times 256$ 的语义特征图;网络瓶颈层 concatenate 特征至 $12 \times 10 \times 1024$,并包括 ECA 模块以及1个 Dilated-Inception 卷积层;瓶颈层输出特征 $12 \times 10 \times 512$ 送入解码器,上采样通过卷积核大小为 3×3 、步长为2的反卷积实现,特征分辨率扩大一倍、通道数减半,各层 add 融合操作只增加特征信息量而不改变尺寸,另外包括1个 ECA 模块以及 Dilated-Inception 层。最终图像恢复至原始分辨率,经过 1×1 卷积和 softmax 激活函数获得像素级脑肿瘤分割结果,在网络其余卷积操作之后添加 Batch Normalization 增加网络的泛化能力,并采用 Rectified Linear Unit(ReLU)激活函数增加非线性。

2.5 采用的混合损失函数

脑肿瘤 MRI 图像存在严重的类不平衡性,背景区域占比高达98%左右,待分割肿瘤区域只占图像极小部分。为了减少这个问题对预测结果的不利影响,本文采用了结合多分类交叉熵损失函数(CE)和 Generalized Dice 损失函数(GDL)的混合损失函数,前者能够加速网络收敛,后者能够缓解类不平衡问题。两种损失函数的计算式分别如式(4)和式(5)所示:

$$L_{CE}(Y, P) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^M y_{ij} \log p_{ij} \quad (4)$$

$$L_{GDL}(Y, P) = 1 - 2 \frac{\sum_{j=1}^M (W_j \sum_{i=1}^N y_{ij} p_{ij})}{\sum_{j=1}^M [W_j \sum_{i=1}^N (y_{ij} + p_{ij})]}, W_j = \frac{1}{(\sum_{i=1}^N y_{ij})^2} \quad (5)$$

以上两个计算式中 y 代表真实标签, p 代表预测结果, M 代表类别数量, N 代表像素个数。 y_{ij} 代表第 i 个像素在类别 j 的标签值, p_{ij} 代表第 i 个像素属于类别 j 的预测概率。式(5)中 W_j 代表第 j 类的权重值,用于平衡难易样本对损失的贡献。

最终网络的损失函数如式(6)所示:

$$L_{total} = L_{CE} + \lambda L_{GDL} \quad (6)$$

其中 λ 用于实现两个损失函数的平衡。本文所有网络的训练都基于该损失函数且 λ 取值为1。

3 实验结果与分析

3.1 实验数据及预处理

本文采用的数据集为 MICCAI 提供的 BraTS 2018 脑胶质瘤数据集^[10-12],该数据集由19个机构采用不同的 MRI 扫描仪获得,统一进行初步预处理,利用相同解剖模板配准、颅骨剥离并插值到各向同性 1 mm^3 分辨率。训练集包括210例高级别胶质瘤患者、75例低级别胶质瘤患者共285个病例,每个病例包含 T1, T1ce, T2 和 FLAIR 这4种模态 MRI 图像,大小均为 $240 \times 240 \times 155$ 。数据由专家手动标注,标签值与区域的对应关系为:0 对应背景区域、1 对应坏死和非增强肿瘤核心(Necrotic and Non-Enhancing Tumor)、2 对应水肿区域(Edema)、4 对应增强肿瘤核心(Enhancing Tumor)。示例之一(患者 Brats18_TCIA02_370_1)如图5所示。另有66例验证集,但是不提供标签并且肿瘤级别未知。

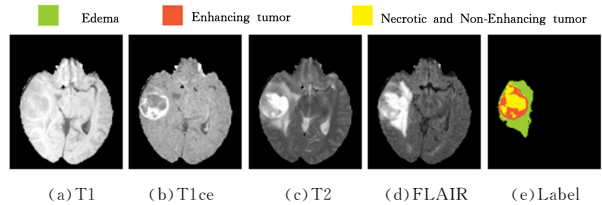


图5 MRI 脑肿瘤图像以及专家标注

Fig. 5 MRI brain tumor images and expert annotation

本文首先最大程度地裁剪图像并提取轴向切片,为了防止训练过程中出现过拟合问题,进一步将其中不含和含有较少有用脑组织信息的切片去除。由于不同模态 MRI 切片之间存在强度值差异问题,因此我们将各切片强度值限定在1%~99%之间以消除极端值影响,再对获取的切片执行 Z-Score 标准化,减去均值并除以标准差。此外本文还通过数据增强扩充数据集。最终实验采用的脑肿瘤 2D 切片数据尺寸为 192×160 。

3.2 实验环境及参数设置

本文使用的 GPU 型号为 NVIDIA GeForce RTX 2080Ti,内存大小为11GB。搭建 CUDA10.1 架构平台实现并行计算,利用深度学习加速库 cuDNN7.6.5 进行加速。所有实验基于以 TensorFlow 为后端的 Keras 实现,采用 Adaptive Moment Estimation(Adam)优化器对模型进行优化,初始学习率设置为0.0003, batch size 大小为16,训练 epoch 设置为120。

3.3 评价标准

网络性能表现由 Dice 系数、Hausdorff 距离两种指标进行量化。需要说明的是,评价指标基于整体肿瘤(Whole Tumor, WT)、肿瘤核心(Tumor Core, TC)和增强肿瘤(Enhancing Tumor, ET)三大区域,其中 WT 区域对应标签值1,2和4,TC 区域对应标签值1和4,ET 区域对应标签值为4。

Dice 系数计算分割结果和真实标签的重叠度,是目前评估医学图像分割准确性最常用的指标。Dice 系数的取值范围为 $[0, 1]$, 值越接近于1代表分割精度越高。具体公式如下:

$$Dice = \frac{2TP}{2TP + FN + FP} \quad (7)$$

其中, TP 为真阳性,代表预测值与标签值一致的肿瘤像素部分; FN 为假阴性,代表被预测为非肿瘤区域的肿瘤像素部分; FP 为假阳性,代表被预测为肿瘤区域的非肿瘤像素部分。

Hausdorff 距离计算分割结果和真实标签两个点集之间最近距离的最大值,在结果评价上对 Dice 系数做了一定的补充,其值越小代表边界轮廓相似度越高。具体公式如下:

$$d_H(Y, P) = \max \left\{ \max_{y \in Y} \left\{ \min_{p \in P} \{d(y, p)\} \right\}, \max_{p \in P} \left\{ \min_{y \in Y} \{d(y, p)\} \right\} \right\} \quad (8)$$

其中,点集 Y 和点集 P 分别代表标签和分割结果, $d(y, p)$ 代表 y 和 p 两点之间的欧几里得距离。本文在式(8)的基础上取95分位值即 Hausdorff95,以避免少量离群值的影响。

3.4 消融实验

首先进行消融实验以验证网络主要部分即多编码器结构和通道注意力 ECA 模块的有效性。将285个带有标签的病例按照8:2的比例用于训练和测试,为了避免样本不平衡问题,随机划分时保持各部分 HGG 和 LGG 的占比不变。本文

baseline 为单编码器网络,记为 Single encoder 网络,叠加 T1, T1ce, T2, FLAIR 这 4 种模态切片为 4 通道,以 $192 \times 160 \times 4$ 的尺寸作为其输入,与 Multi-encoder 网络, Single encoder + ECA block 网络,以及 Multi-encoder + ECA block 网络(本文方法)进行对比。需要说明的是,各网络均以 Dilated-Inception 卷积提取肿瘤特征信息,此外训练时使用相同的超参数配置以确保比较的公平性。表 1 为 Dice 系数和 Hausdorff95 距离评估的实验结果,可以看出多编码器的采用和 ECA 模块的引入都可以提高网络的分割性能。相较于第一组,第二组实验 3 类肿瘤分割的 Dice 系数都有不同程度的提升,TC 区域分割精度提升最为明显,所有类别的 Hausdorff95 值都有较大改善,说明多编码器网络相较于单编码器具有优越性,能够学习到更加丰富的多模态脑肿瘤特征。由第一、三组对比实验可知,ECA 模块同样可以提高网络的性能表现,证实了其能合理地分配权重。最终本文提出的脑肿瘤分割网络两类指标值均达到总体最优,在 3 类肿瘤上的 Dice 系数与 baseline 相比分别提高了 0.7%,1.8%,2.9%,Hausdorff95 分别降低了 1.98,0.23,1.09。

表 1 消融实验

Table 1 Ablation experiments

| Model | Dice coefficient | | | Hausdorff95 | | |
|----------------------------|------------------|-------|-------|-------------|-------|------|
| | WT | TC | ET | WT | TC | ET |
| Singer encoder | 0.873 | 0.755 | 0.723 | 8.04 | 12.43 | 5.32 |
| Multi-encoder | 0.879 | 0.765 | 0.731 | 7.21 | 11.27 | 4.53 |
| Singer encoder + ECA block | 0.876 | 0.762 | 0.738 | 7.09 | 12.28 | 4.40 |
| Multi-encoder + ECAblock | 0.880 | 0.773 | 0.752 | 6.06 | 12.20 | 4.23 |

本文选择了脑肿瘤大小、形状和位置存在较大差异的 3 个患者,对消融实验结果可视化(本文的分割结果均覆盖在对应的 FLAIR 切片上)。图 6 各行对应不同病例,图 6(a)~图 6(f)分别为 FLAIR 轴向切片、真实标签以及 Single encoder 网络、Multi-encoder 网络、Single encoder + ECA block 网络、Multi-encoder + ECA block 网络的分割结果。对于病例 1,

Single encoder 网络将部分水肿区域误分割为 TC 区域,而多编码器结构的采用极大地改善了这一问题;对于病例 2,前 3 种网络的欠分割问题较为明显,对比可以看出本文网络较为完整地分割出了不规则 WT 区域,且对 TC 区域和 ET 区域的分割最为精确;对于病例 3,Multi-encoder + ECA block 网络相比前 3 种网络能够准确地分割出极小部分的 ET 区域。总体来说本文方法分割更加精细,预测结果更加接近真实标签。

3.5 不同解剖学平面分割效果

脑肿瘤 MRI 图像为 3D 数据,为了进一步验证提出的网络的分割性能,本文随机选取了测试集中 HGG 病例和 LGG 病例各 1 例,堆叠 2D 切片观察 3 种不同解剖学平面的分割效果。图 7 各行分别对应轴状面、矢状面和冠状面,前三列和后三列分别代表 HGG 病例和 LGG 病例的 FLAIR 切片、真实标签、分割结果。通过对比可以看出本文虽然使用 2D 轴向切片进行训练学习,但是矢状面和冠状面中各类肿瘤区域内部的衔接性好,不同肿瘤区域之间边界清晰,预测结果在这两个解剖面也与专家标注结果的相似程度高,说明模型具有不错的整体分割效果。

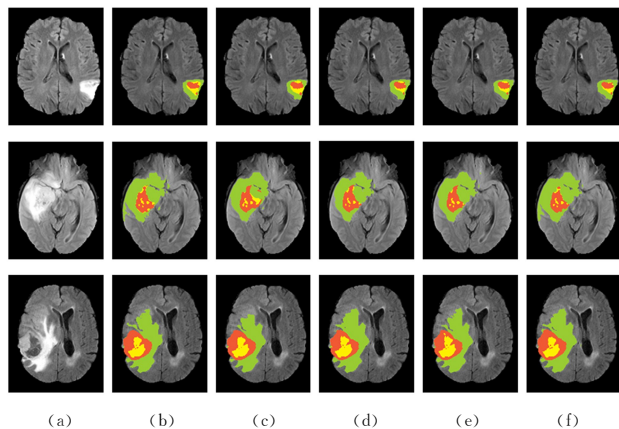


图 6 消融实验可视化结果

Fig. 6 Visualization results of ablation experiments

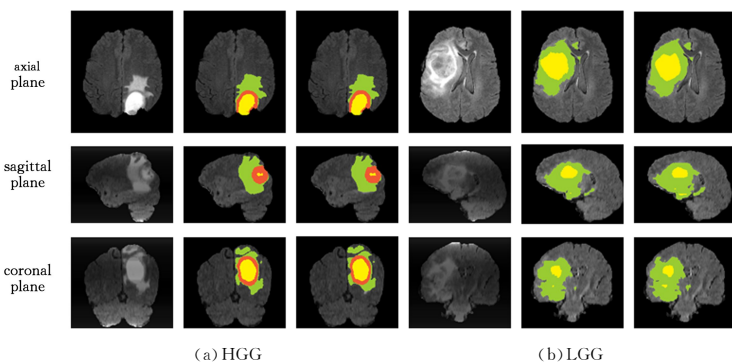


图 7 HGG 和 LGG 病例分割结果在 3 种解剖面的可视化

Fig. 7 Visualization of HGG and LGG segmentation results in three anatomical planes

3.6 对比实验

为了保证对比实验的公平性,本文将 BraTS 2018 训练集的 285 个病例全部用于训练,并对验证集的 66 个病例进行预测,最后上传预测结果至在线评估平台得到平均 Dice 系数值。由于训练样本数量由 228 例增加至 285 例,本文提出的模型的泛化能力得到提高,表 2 中肿瘤核心区域和增强肿瘤区域的 Dice 值相比表 1 有所提升。Çiçek 等^[13]提出了 3D U-

Net 网络结构;Ma 等^[14]提出了结合空洞卷积的 3D 轻量型卷积分割网络,设计级联结构实现了不同区域的脑肿瘤分割;Albiol 等^[15] ensemble 包括 Inception 网络在内的 4 种模型;Hu 等^[16]提出了多尺度特征提取网络 MCCNN,另外引入条件随机场 CRFs 细化分割结果;Zhou 等^[17]在 3D FCN 网络中加入空洞卷积特征金字塔;Akbar 等^[18]设计了一种新型 2.5D U-Net 网络。通过对比可以看出本文方法肿瘤核心区域的

Dice 系数值最高, 增强肿瘤区域的 Dice 值为次高, 整体肿瘤的分割精度与 Akbar 等提出的方法相当, 总体性能表现具有竞争力。

表 2 在 BraTS 2018 验证集上与其他方法的对比结果

Table 2 Comparison with other methods on BraTS 2018 validation dataset

| Methods | Dice coefficient | | |
|----------|------------------|--------------|--------------|
| | WT | TC | ET |
| Çiçek 等 | 0.864 | 0.766 | 0.734 |
| Ma 等 | 0.872 | 0.773 | 0.743 |
| Albiol 等 | 0.881 | 0.777 | 0.773 |
| Hu 等 | 0.882 | 0.748 | 0.718 |
| Zhou 等 | 0.866 | 0.769 | 0.744 |
| Akbar 等 | 0.888 | 0.773 | 0.757 |
| Ours | 0.880 | 0.784 | 0.757 |

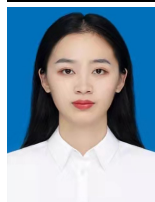
结束语 为了有效利用多模态 MRI 脑肿瘤图像, 本文提出一种基于多编码器的 U 型分割网络。各编码器路径通过 Dilated-Inception 卷积充分挖掘 T1、T1ce、T2、FLAIR 轴向切片的多尺度上下文信息, 在网络瓶颈层实现晚期融合并结合共享解码器恢复高分辨率图像。轻量型通道注意力模块的引入抑制了无用特征的影响, 实现了各模态信息的加权融合。消融实验结果表明相比单编码器结构, 采用多编码器的脑肿瘤分割精度高, ECA 模块进一步提升了预测结果评价指标, 说明本文算法能够更好地提取和融合多模态数据的特征信息。最终网络基于 BraTS 2018 验证集得到的平均 Dice 系数为整体肿瘤 0.880、肿瘤核心 0.784、增强肿瘤 0.757。与其他算法相比, 本文提出的网络很好地实现了精确的脑肿瘤自动分割。未来的研究方向是考虑引入脑肿瘤 MRI 切片间的关系信息, 获取更有代表性的多模态脑肿瘤特征, 提升网络模型的泛化性能。

参 考 文 献

- [1] KAMNITSAS K, LEDIG C, NEWCOMBE V F, et al. Efficient multi-scale 3D CNN with fully connected CRF for accurate brain lesion segmentation [J]. *Medical Image Analysis*, 2017, 36: 61-78.
- [2] MYRONENKO A. 3D MRI brain tumor segmentation using autoencoder regularization[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 311-320.
- [3] ISENSEE F, JAEGER P F, KOHL S A, et al. nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation[J]. *Nature methods*, 2021, 18(2): 203-211.
- [4] 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(WACV). 2022: 574-584.
- [5] NIE D, WANG L, GAO Y Z, et al. Fully convolutional networks for multi-modality isointense infant brain image segmentation [C]//2016 IEEE 13th International Symposium on Biomedical Imaging(ISBI). IEEE, 2016: 1342-1345.
- [6] DOLZ J, AYED I B, DESROSIERIS C. Dense multi-path U-Net for ischemic stroke lesion segmentation in multiple image modalities[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 271-282.
- [7] WANG G, LI W, OURSELIN S, et al. Automatic brain tumor segmentation based on cascaded convolutional neural networks with uncertainty estimation [J]. *Frontiers in Computational Neuroscience*, 2019, 13: 56.
- [8] HU J, SHEN L, SUN G. Squeeze-and-excitation networks[C]//2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition(CVPR). IEEE, 2018: 7132-7141.
- [9] 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). IEEE, 2020: 11531-11539.
- [10] MENZE B H, JAKAB A, BAUER S, et al. The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS) [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2014, 34(10): 1993-2024.
- [11] BAKAS S, AKBARI H, SOTIRAS A, et al. Advancing the cancer genome atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features[J]. *Scientific Data*, 2017, 4(1): 1-3.
- [12] BAKAS S, REYES M, JAKAB A, et al. Identifying the best machine learning algorithms for brain tumor segmentation, progression assessment, and overall survival prediction in the BRATS challenge[J]. *arXiv:1811.02629*, 2019.
- [13] ÇIÇEK Ö, ABDULKADIR A, LIENKAMP S S, et al. 3D U-Net: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation[C]//International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention. Cham: Springer, 2016: 424-432.
- [14] MA J, YANG X P. Automatic brain tumor segmentation by exploring the multi-modality complementary information and cascaded 3D lightweight CNNs[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 25-36.
- [15] ALBIOL A, ALBIOL A, ALBIOL F. Extending 2D deep learning architectures to 3D image segmentation problems[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 73-82.
- [16] HU K, GAN Q H, ZHANG Y, et al. Brain tumor segmentation using multi-cascaded convolutional neural networks and conditional random field[J]. *IEEE Access*, 2019, 7: 92615-92629.
- [17] ZHOU Z, HE Z, JIA Y. AFPNet: A 3D fully convolutional neural network with atrous-convolution feature pyramid for brain tumor segmentation via MRI images[J]. *Neurocomputing*, 2020, 402: 235-244.
- [18] AKBAR A S, FATICHAH C, SUCIATI N. SDA-UNET2. 5D: Shallow Dilated with Attention Unet2. 5D for Brain Tumor Segmentation[J]. *International Journal of Intelligent Engineering and Systems*, 2022, 15(2): 135-149.



DAI Tianhong, born in 1963, Ph.D., professor, master supervisor. His main research interests include image processing and computer control.



SONG Jieqi, born in 1996, postgraduate. Her main research interests include deep learning and image processing.