

基于改进 U-Net 的磁共振成像脑肿瘤图像分割

牟海维^{1,2}, 郭颖^{1,2}, 全星慧^{1,2*}, 曹志民^{1,2}, 韩建^{1,2}

¹东北石油大学物理与电子工程学院, 黑龙江 大庆 163318;

²东北石油大学黑龙江省高校共建测试计量技术及仪器仪表研发中心, 黑龙江 大庆 163318

摘要 针对医学图像分割中网络深度过深和上下文信息欠缺导致的分割精度降低等问题, 提出了一种基于改进 U-Net 的磁共振成像 (MRI) 脑肿瘤图像分割算法。该算法通过嵌套残差模块和密集跳跃连接组成一种深度监督网络模型。为了减小编码路径和解码路径特征图之间的语义差距, 将 U-Net 中的跳跃连接改为多类型的密集跳跃连接; 为了解决网络过深导致的退化问题, 加入残差模块, 以防止网络梯度消失。实验结果表明, 本算法分割肿瘤整体、肿瘤核心、增强肿瘤的 Dice 系数分别为 0.88、0.84、0.80, 满足临床应用的需求。

关键词 图像处理; 脑肿瘤分割; 残差模块; 密集跳跃连接

中图分类号 TP391

文献标志码 A

doi: 10.3788/LOP202158.0410022

Magnetic Resonance Imaging Brain Tumor Image Segmentation Based on Improved U-Net

Mu Haiwei^{1,2}, Guo Ying^{1,2}, Quan Xinghui^{1,2*}, Cao Zhimin^{1,2}, Han Jian^{1,2}

¹School of Physics and Electrical Engineering, Northeast Petroleum University, Daqing, Heilongjiang 163318, China;

²Research and Development Center for Testing and Measurement Technology and Instrumentation,

Heilongjiang Province Universities, Northeast Petroleum University, Daqing, Heilongjiang 163318, China

Abstract In view of the problems of deep network depth and lack of context information in medical image segmentation, which leads to the reduction of segmentation accuracy, an improved U-Net-based magnetic resonance imaging (MRI) brain tumor image segmentation algorithm is proposed in this paper. The algorithm forms a deep supervised network model by nesting residual block and dense skip connections. Change the skip connection in U-Net to multiple types of dense skip connection to reduce the semantic gap between the encoding path and the decoding path feature map; add a residual block to solve the degradation problem caused by too deep network to prevent the network gradient from disappearing. Experimental results show that the Dice coefficients of the algorithm for segmenting the whole tumor, tumor core, and enhanced tumor are 0.88, 0.84, and 0.80, respectively, which meets the needs of clinical applications.

Key words image processing; brain tumor segmentation; residual block; dense skip connection

OCIS codes 100.2000; 170.3880; 200.4260

1 引言

众所周知, 脑肿瘤是发病率和致死率极高的肿瘤之一, 死亡率占人体肿瘤发病比例的 2.4%, 通常通过脑部多模态的磁共振成像 (MRI) 对患者进行检

查和诊断^[1]。对于脑部 MRI 图像而言, 常用的多模态有液体衰减反转恢复序列 (FLAIR) 图像、T1 加权图像、T1ce 图像和 T2 加权图像 4 种, 不同模态的 MRI 图像对不同肿瘤区域的成像效果不同^[2]。受不同医生实战经验、个人知识积累以及工作时长等

收稿日期: 2020-07-17; 修回日期: 2020-08-05; 录用日期: 2020-08-13

基金项目: 国家自然科学基金 (51574087)

*E-mail: xinghui8@126.com

因素的影响,对同一图像的分析结果可能会产生较大差异。因此,设计精细的 MRI 脑肿瘤图像分割算法具有重要意义。

基于传统分割算法的阈值分割^[3]、分水岭分割^[4]、区域分割^[5]算法具有高效、简单和易实现等优点,但通常利用图像浅层区域信息与边界范围的反差信息实现分割,分割结果大多依赖于指定参数和图像预处理。全卷积神经网络(FCN)^[6]的提出使基于神经网络的图像分割算法得到了广泛的研究。DeepLab^[7]通过加入扩张卷积(Dilated convolutions)扩大感受野,从而获取大量的全局信息,提高分割精度。金字塔场景分析网络(PSPNet)^[8]通过聚合多尺度上下文信息提升网络利用全局上下文信息的能力。分割网络(SegNet)^[9]通过将低分辨率特征图(Feature map)映射为高分辨率特征图的方法获得精确的边界分割结果。U-Net^[10]通过扩展路径和收缩路径组成的卷积自动编码解码器在图像分割上取得了较好的效果。虽然基于卷积神经网络(CNN)的分割算法在图像分割上的效果较好,但在医学图像分割中,依然存在语义信息不全面和上下文信息联系不紧密导致的分割精度低等问题。为了解决上述问题,本文提出了一种基于改进 U-Net 的 MRI 脑肿瘤图像分割算法。

2 网络结构及算法原理

2.1 算法原理

2.1.1 密集跳跃连接

跳跃连接是由 Shelhamer 等^[6]提出并用于

FCN 进行语义分割的。Ronneberge 等^[10]在跳跃连接基础上,提出了用于医学图像语义分割的 U-Net 架构。FCN 和 U-Net 架构的不同之处在于如何将上采样的解码器特征图与来自编码器网络中相同比例的特征图融合在一起。FCN 使用求和运算进行特征融合,而 U-Net 将特征组合起来后再应用卷积和非线性方法。跳跃连接有助于恢复完整空间分辨率,从而使全卷积方法适用于语义分割,并进一步用于现代神经网络结构,如残差网络^[11]和密集网络^[12],促进了梯度流动并提高了分类网络的整体性能。图 1 为部分密集跳跃连接的结构图,其中,IRB 为改进的残差模块。在改进的 U-Net 中,不仅新增加了短跳跃连接(短虚线部分),也包含了原始 U-Net 中的长跳跃连接(长虚线部分),新生成的密集跳跃连接能在多个残差模块紧密传递特征信息,使深层肿瘤特征信息和浅层肿瘤特征信息更精准快捷的进行融合。

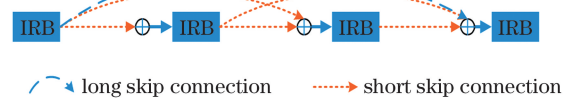


图 1 密集跳跃连接的结构图

Fig. 1 Structure diagram of the dense jump connection

2.1.2 改进的残差模块

对多层神经网络进行深入研究可提高其性能,但会增加训练时间,且可能出现退化问题。He 等^[11]提出了由一系列堆叠残差模块组成的残差神经网络,极大提升了网络的性能,但没有解决网络的退化问题。为了克服这些问题,用改进的残差模块构建网络,每个残差模块可表示为

$$x^{l+1} = \begin{cases} X_{\text{ReLU}} [F(x^l, W_i^l) + x^l], & \text{if } X_{\text{size}} [F(x^l, W_i^l)] = X_{\text{size}} (x^l) \\ X_{\text{ReLU}} [F(x^l, W_i^l) + W_p^l x^l], & \text{if } X_{\text{size}} [F(x^l, W_i^l)] \neq X_{\text{size}} (x^l) \end{cases}, \quad (1)$$

式中, x^l 为第 l 个残差块的输入向量, x^{l+1} 为第 l 个残差块的输出向量, X_{ReLU} 为修正线性单元(RELU)激活函数, $F(x^l, W_i^l)$ 为一个可学习的残差映射函数(即残差学习需要学习的东西,当学习到 0 时, $x^l = x^{l+1}$,从而实现恒等映射^[13])。残差映射函数可以由许多层组成(下标 i 为指定层), X_{size} 为特征图的维度, W_i^l 为第 l 个残差块第 i 层的卷积。当输入 x^l 和映射函数 $F(x^l, W_i^l)$ 的特征图维度不同时,需在 shortcut 上添加可学习的线性投影矩阵 W_p^l ,将 x^l 的维度转化成映射函数 F 的维度,从而继续进行加法操作。

图 2 为改进残差模块设计的多层残差,其中, Conv+FRN+TLU 为模块中的某一层, Conv 表示

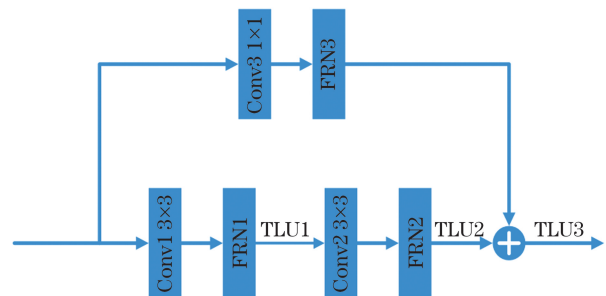


图 2 改进的残差模块结构

Fig. 2 Structure diagram of the improved residual module

尺寸为 3×3 的卷积层, FRN 和 TLU 分别为标准化层和激活函数层。在 shortcut 上添加 1×1 的卷积层和标准化层, 可在输入和映射函数尺度一致, 通道数不一致时进行通道转化数操作。改进的残差模块在不影响训练的同时, 可以有效防止网络退化和消失等问题, 从而提高网络的性能。

2.1.3 标准化层和激活层

深度学习有 5 种标准化层, 分别为批量归一化 (BN) 层^[14]、层归一化 (LN) 层^[15]、实例归一化 (IN) 层^[16]、群组归一化 (GN) 层^[17] 和切换归一化 (SN) 层^[18]。5 种标准化层均可增大学习率、抑制过拟合, 同时减弱对初始化的强依赖性, 保持隐藏层中数值的均值、方差不变, 从而使数值更稳定, 为后面的网络提供坚实的基础。目前, BN 层已经成为标配, 但训练过程中需要在 batch 上计算中间统计量, 使 BN 层严重依赖 batch。为解决该问题, 谷歌提出了 FRN 层^[19], 如图 3 所示, 包括 FRN 和 TLU 两部分。

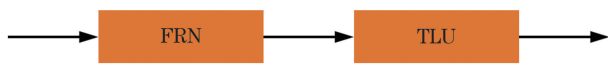


图 3 FRN 层的结构

Fig. 3 Structure of the FRN layer

FRN 不仅可以消除模型训练过程中对 batch 的依赖, 且当 batch size 较大时性能优于 BN 层。但 FRN 之后需要进行缩放和平移变换, 原因是 FRN 缺少去均值操作, 可能导致标准化结果任意地偏向 0 值。如果 FRN 之后是 ReLU 激活层, 可能会产生很多 0 值, 不利于模型的训练和性能。为了解决该问题, 在 FRN 之后采用阈值化的 ReLU, 即激活层 TLU。测试实验发现, 组合 FRN+TLU 比 BN+ReLU 对 MRI 脑肿瘤图像的分割效果更好。

2.2 网络结构

为了提高分割结果的准确性, 提出了一种基于改进 U-Net 的 MRI 脑肿瘤图像分割算法, 包括残差模块和密集跳跃连接。其中, 残差模块有助于网络收敛, 可以解决网络退化问题, 从而促进网络训练; 密集跳跃连接有助于浅层特征和深层特征的信息传递, 防止网络性能降低, 使设计具有更少参数的神经网络成为可能。

基于改进 U-Net 的 MRI 脑肿瘤图像分割网络结构如图 4 所示, 可以发现, 该网络保留了原 U-Net 的优点, 即端对端的网络结构。改进的网络包括编码路径、密集跳跃连接和解码路径三部分。编码路径由多个残差模块和最大池化层组成, 用于提取特征与特征降维。其中, 每个残差模块通过 2 个 3×3 的卷积层、1 个 3×3 的卷积层、多个 FRN 和 TLU 连接实现。每个 2×2 的最大池化层对特征维度进行池化。当输入图像的大小为 $160 \times 160 \times 64$ 时, 经过残差模块和最大池化层操作, 输出图像的大小为 $80 \times 80 \times 128$ 。密集跳跃连接部分又分为长跳跃连接和短跳跃连接, 长跳跃连接用于同一行首尾残差模块的连接, 短跳跃连接用于同一行中间多个残差模块的紧密连接。改进的密集跳跃连接部分有利于深层特征信息与浅层特征信息的融合, 避免训练过程中的特征丢失问题。解码路径由多个残差模块和上采样层组成, 用于图像重建与尺度恢复, 其卷积块结构与编码路径相同。上采样层的大小为 2×2 , 可看作是最大池化层的反变换。当输入图像的大小为 $20 \times 20 \times 512$ 时, 经残差模块和上采样层操作, 输出图像的大小为 $40 \times 40 \times 256$ 。最后用大小为 1×1 的卷积层输出大小为 $160 \times 160 \times 3$ 的分割图像。

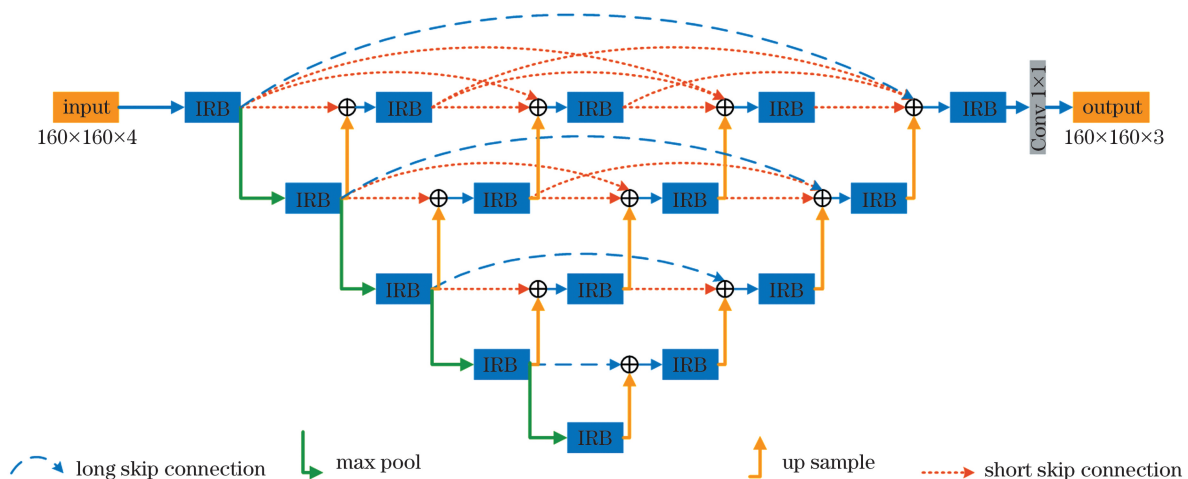


图 4 改进网络的结构

Fig. 4 Structure of the improved network

2.3 混合损失函数

本算法采用像素级交叉熵损失 (Pixel-wise cross-entropy loss) 和软骰子系数损失 (Soft dice-coefficient loss) 相结合的混合损失函数。混合损失函数有两种损失函数的优化特点, 即对平滑梯度的优化处理^[20] 和对类不平衡的优化处理^[21]。交叉熵损失能保证背景被正确分割, 大大提高了分割精度。软骰子系数损失将 Dice 系数最大化, 使其接近于 0, 从而使模型快速收敛^[22]。混合损失函数可表示为

$$L_{\text{Dybrid}} = -\frac{1}{N} \sum_{n=1}^N \sum_{c=1}^C \left(y_{n,c} \log_{10} p_{n,c} + \frac{2y_{n,c}p_{n,c}}{y_{n,c}^2 + p_{n,c}^2} \right), \quad (2)$$

式中, $y_{n,c}$ 为 batch 中第 c 类和第 n 个像素的目标标签, $p_{n,c}$ 为 batch 中第 c 类和第 n 个像素的预测概率, C 为类的数量, N 为一个 batch 中像素的数量。

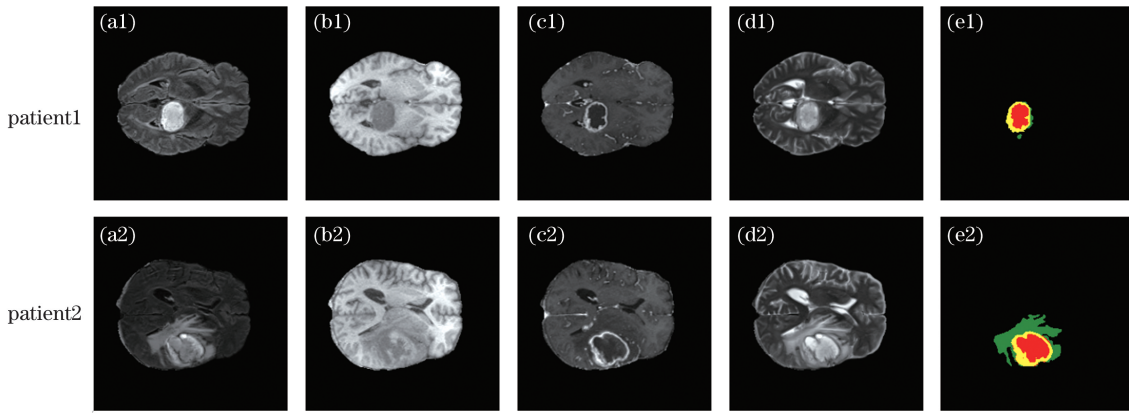


图 5 脑肿瘤的 MRI 图像。(a) FLAIR; (b) T1; (c) T1ce; (d) T2; (e) GT

Fig. 5 MRI image of brain tumor. (a) FLAIR; (b) T1; (c) T1ce; (d) T2; (e) GT

3.2 评价指标

实验使用 4 种评价指标评价算法的分割精度, 包括 Dice 系数、阳性预测值 (PPV), 敏感度 (Sensitivity) 和 Hausdorff 距离。Dice 系数、PPV 和 Sensitivity 可评估真实值和预测结果内部填充像素的重叠情况, Hausdorff 距离可用来计算真实值边界和预测区域边界的距离, 可表示为

$$X_{\text{Dice}} = \frac{2X_{\text{TP}}}{X_{\text{FP}} + 2X_{\text{TP}} + X_{\text{FN}}}, \quad (3)$$

$$X_{\text{PPV}} = \frac{X_{\text{TP}}}{X_{\text{FP}} + X_{\text{TP}}}, \quad (4)$$

$$X_{\text{Sensitivity}} = \frac{X_{\text{TP}}}{X_{\text{TP}} + X_{\text{FN}}}, \quad (5)$$

$$X_{\text{Haus}}(T, P) =$$

$$\max [s_{t \in T} o_{p \in P} d(t, p), s_{p \in P} o_{t \in T} d(t, p)], \quad (6)$$

式中, X_{TP} 、 X_{TN} 分别表示像素为真阳性和真阴性, X_{FP} 、 X_{FN} 分别表示像素为假阳性和假阴性, s 为上

3 实验结果与分析

3.1 分割任务与数据集

实验分割任务为精确分割脑肿瘤患者的三个肿瘤区域, 分别为包含所有肿瘤类别的全部完整肿瘤 (WT) 区域、包含所有坏疽类别的肿瘤核心 (TC) 区域, 包含所有增强肿瘤类别的增强肿瘤 (ET) 区域。使用的数据集为 BraTS2018 和 BraTS2019^[23-25] 中的部分数据集, 包括 259 名高级别胶质瘤 (HGG) 患者的 MRI 图像和 76 名低级别胶质瘤 (LGG) 患者的 MRI 图像, 每名患者均包含配准后的 4 种模态图像和真实标签 (GT) 图像, 每个模态和真实分割标签均有大小为 240 pixel × 240 pixel 的 155 张不同层的扫描图像。图 5 为两名患者的 4 种模态 MRI 图像及 GT 图像。

确界, o 为下确界, T 为人工标注的肿瘤区域, t 为 T 上的点, P 为预测的肿瘤区域, p 为 P 上的点, $d(t, p)$ 为两点之间距离的函数。

3.3 实验结果分析

实验环境: 操作系统为 Windows10 DircetX12 64 位, 内存为 32 GB, 处理器为 Intel Core i7-8700 3.20 GHz 六核, 显卡为 Nvidia GeForce GTX 1080Ti。网络结构使用 PyTorch 框架实现, batch size 为 16, 在 CUDA8.0 架构平台计算, 学习率为 0.001, 训练迭代次数为 200, 用 CuDNN 神经网络计算库加速运算, 优化方法采用批量随机梯度下降 (SGD) 法。网络训练前, 将多模态 MRI 脑肿瘤图像进行预处理, 先进行裁剪、统一化和剔除无病灶切片, 经图像裁剪和标准化后, 图像的大小为 160 pixel × 160 pixel; 继续采用翻转、旋转和弹性形变等方法进行数据增强。采用测试数据增强 (TTA)^[26] 方法对图

像进行多种变换,包括翻折、旋转、裁剪、缩放和添加随机噪声,将其输入模型中并对多个版本数据进行计算,得到平均输出后作为最终输出。使用十折交叉验证,避免数据偏差过大,将 190 名 HGG 患者和 65 名 LGG 患者的 MRI 图像作为训练样本,69 名 HGG 患者和 11 名 LGG 患者的 MRI 图像作为测试集。网络

输入为每名患者的数据,包括预处理后的 FLAIR、T1、T1ce、T2 模态的 MRI 影像和 GT。网络输出为每名患者的分割图,包含整体肿瘤区域、坏死区域、增强肿瘤区域和背景区域 4 类分割标签。

图 6 为 4 种分割算法对 7 名患者 4 种模态 MRI 脑肿瘤图像的预测分割结果,可以看出,FCN8 能够

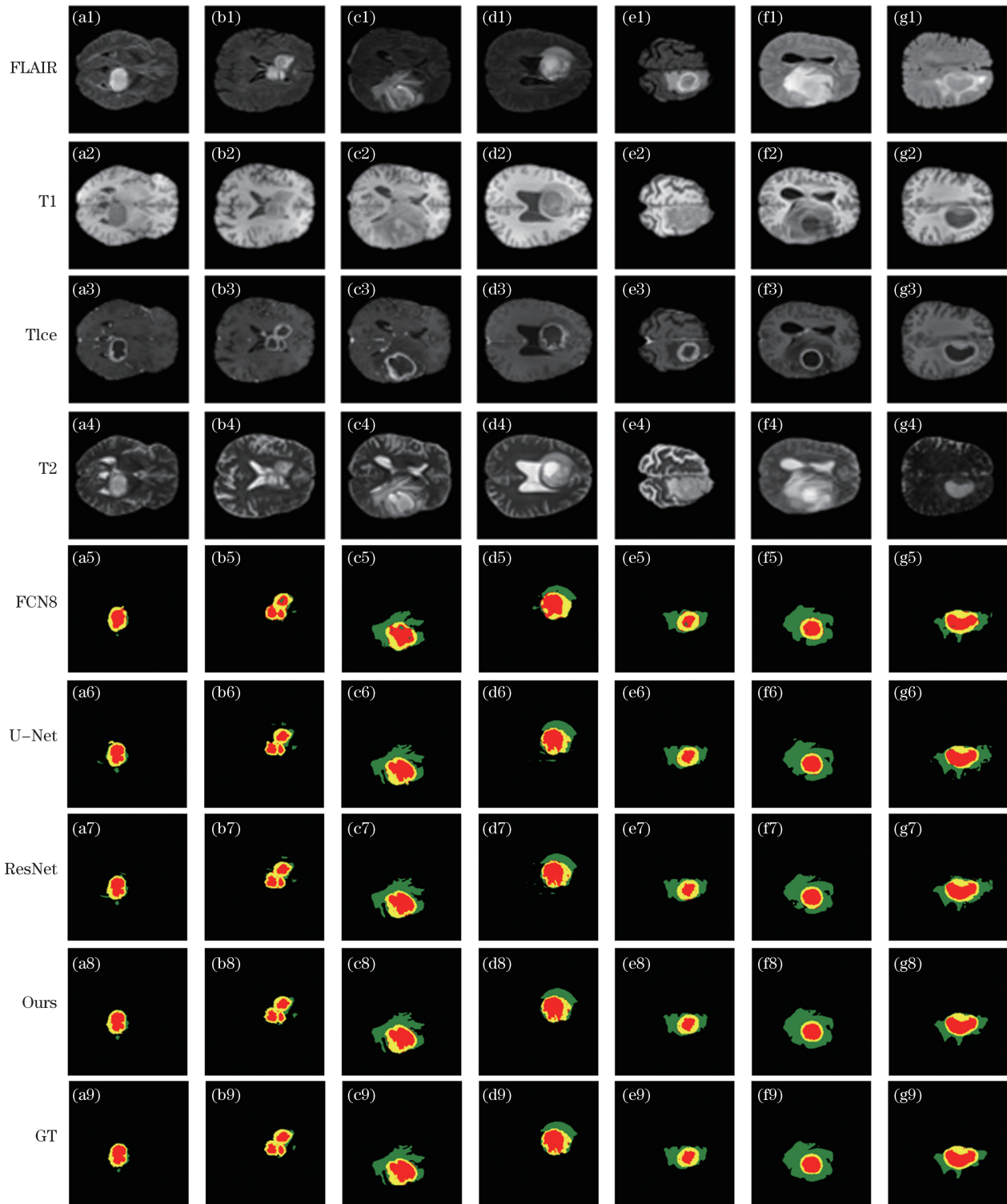


图 6 不同算法对 MRI 图像的分割结果。(a)患者 1~(g)患者 7

Fig. 6 Segmentation results of MRI images by different algorithms. (a) Patient1-(g) patient7

大致分割出背景和分割任务要求的三个区域,但完整肿瘤区域存在错误分割,肿瘤核心区域被增强肿瘤区域覆盖并与增强肿瘤区域粘连,且增强肿瘤区域中存在一些细小、零散和块状的完整肿瘤部分。U-Net 得到的分割结果比 FCN8 好,完整肿瘤区域的分割准确率有所提高,但仍有较多的孤立散点,存在将背景区分割为完整肿瘤区域的情况;虽然肿瘤核心区与增强肿瘤区边界较清晰,错误覆盖情况减少,但部分区域仍有粘连,存在明显的过分割情况,分割效果一般。残差网络(ResNet)分割的完整肿瘤区域错误率有所降低,但分割结果凌乱且存在细小的散点,肿瘤核心区与增强肿瘤区的边界比较明显,但在肿瘤核心区存在过分割情况,分割出的脑肿瘤边界不够细腻。相比其他算法,本算法可以获得与分割标签相似的分割结果,完整肿瘤区域没有碎片式的错误分割,背景区与完整肿瘤区域界限明显且孤立散点较少,没有出现过分割与欠分割;肿瘤核心区与另外两个区域不存在粘连情况,分割出的边界更加细腻,特征信息并未过度丢失,可有效识别出脑肿瘤边界信息;在最难分割的增强肿瘤区,能分割出点状、不连续和肉眼难以分辨的细小肿瘤,可进行高难度、高精度和高密度的特征采样。这表明本算法具有较高的抗干扰能力,且稳定性和准确性较高。

表 1 为 4 种模型的分割评估结果,可以看出,在 Dice、PPV 和 Sensitivity 指标方面,ResNet 和 U-Net 比 FCN8 的分数更高。但 U-Net 在 Dice 和 Sensitivity 指标中的 TC 区域增长较少,这表明该算法针对脑肿瘤核心区域细节的处理水平较低,敏感度不高。添加残差结构的 ResNet 虽然整体肿瘤区域、坏疽肿瘤区域和增强肿瘤区域的分割效果均优于 U-Net,但在 Sensitivity 指标中,WT 区域和 ET 区域没有改变,Dice 和 PPV 指标中的 WT 区域、TC 区域和 ET 区域提升较小,这表明该算法在脑肿瘤信息提取中仍存在特征丢失,最终分割效果不佳。在 Hausdorff 指标方面,ResNet 和 U-Net 的 WT 区域、TC 区域和 ET 区域比 FCN8 小,说明真实边界和预测边界距离变小,但提升幅度不大。本算法在 Dice、PPV 和 Sensitivity 评分上有大幅度提高,Hausdorff 评分数值明显减小。主要取决于网络结构中改进的残差模块和密集跳跃连接,说明编码路径和解码路径中的残差模块可将脑肿瘤信息充分提取并完整恢复,没有出现网络退化问题;密集跳跃连接可使上下文信息传输更密切,大幅度减少信息丢失的情况。尤其是整体肿瘤区域的 Dice 评分表现超过 0.88,肿瘤增强区域的 Dice 评分高达 0.80,这表明改进的算法在性能、准确率和敏感度等方面均优于其他算法。

表 1 4 种模型的肿瘤分割结果

Table 1 Tumor segmentation results of the 4 models

Algorithm	Dice			PPV			Sensitivity			Hausdorff		
	WT	TC	ET	WT	TC	ET	WT	TC	ET	WT	TC	ET
FCN8	0.81	0.80	0.70	0.79	0.82	0.69	0.85	0.88	0.75	2.98	1.85	3.20
U-Net	0.83	0.81	0.76	0.85	0.84	0.77	0.86	0.89	0.82	2.66	1.75	2.84
ResNet	0.84	0.82	0.77	0.86	0.85	0.79	0.86	0.90	0.82	2.63	1.72	2.81
Ours	0.88	0.84	0.80	0.90	0.86	0.82	0.89	0.91	0.84	2.52	1.51	2.66

本算法与现有其他算法的肿瘤分割结果如表 2 所示,可以看出,本算法在 Dice 指标和 Hausdorff 指标方面,WT、TC、ET 区域分别达到 0.8843、0.8402、0.8098 和 2.5252、1.5144、

2.6616,相比其他算法,Dice 指标提高了 0.04~0.15,Hausdorff 指标提高了 0.3~0.9,这表明本算法在不同分割区域上均表现出了较好的性能。

表 2 不同算法的肿瘤分割结果

Table 2 Tumor segmentation results of different algorithms

Algorithm	Dice			Hausdorff		
	WT	TC	ET	WT	TC	ET
Ref. [27]	0.7385	0.6931	0.5772	3.4852	2.2848	3.5821
Ref. [28]	0.8106	0.7823	0.7017	3.0646	2.0548	3.1425
Ref. [29]	0.8335	0.8051	0.7634	2.8368	1.8267	2.8459
Ours	0.8843	0.8402	0.8098	2.5252	1.5144	2.6616

4 结 论

针对基于 CNN 的分割算法计算复杂度高、精度不高、深度过深和上下文信息联系欠缺等问题,提出了一种基于改进 U-Net 的 MRI 脑肿瘤图像分割算法。用残差模块替代原有卷积层,防止深度过深,通过密集跳跃连接将低级细节信息和高级语义信息紧密联系,同时用性能更高的 FPN 替换标准化层。实验结果表明,相比 FCN8、U-Net、ResNet 算法,本算法在肿瘤整体区域、肿瘤核心区域和肿瘤增强区域上的 Dice 系数均有所提升,分别为 0.88、0.84 和 0.80。这表明本算法使用的网络结构更精细,有利于简化深度网络的训练,防止上下文信息联系丢失,有效解决了 MRI 脑肿瘤图像的过分割与欠分割问题,实现较高的分割精度。但实际应用中,仍存在样本标注工作量大和模型分割时间长等问题,因此,还需进一步改进本算法,使网络快速分割和医生高效诊断成为可能。

参 考 文 献

- [1] Mayer G S, Vrscay E R. Self-similarity of Fourier domain MRI data[J]. *Nonlinear Analysis: Theory, Methods & Applications*, 2009, 71(12): e855-e864.
- [2] Chu J H, Li X C, Zhang J Q, et al. Fine-grained segmentation method for three-dimensional brain tumors using cascaded convolutional network [J]. *Laser & Optoelectronics Progress*, 2019, 56(10): 101001.
褚晶辉, 李晓川, 张佳祺, 等. 一种基于级联卷积网络的三维脑肿瘤精细分割[J]. *激光与光电子学进展*, 2019, 56(10): 101001.
- [3] Mo S W, Deng X P, Wang S, et al. Moving object detection algorithm based on improved visual background extractor[J]. *Acta Optica Sinica*, 2016, 36(6): 0615001.
莫邵文, 邓新蒲, 王帅, 等. 基于改进视觉背景提取的运动目标检测算法[J]. *光学学报*, 2016, 36(6): 0615001.
- [4] Kang J, Ding J M, Wan Y, et al. Liver image segmentation algorithm based on watershed correction and U-net [J]. *Computer Engineering*, 2020, 46(1): 255-261, 270.
亢洁, 丁菊敏, 万永, 等. 基于分水岭修正与 U-Net 的肝脏图像分割算法[J]. *计算机工程*, 2020, 46(1): 255-261, 270.
- [5] He C E, Xu H J, Wang Z, et al. Automatic segmentation algorithm for multimodal magnetic resonance-based brain tumor images[J]. *Acta Optica Sinica*, 2020, 40(6): 0610001.
何承恩, 徐慧君, 王忠, 等. 多模态磁共振脑肿瘤图像自动分割算法研究[J]. *光学学报*, 2020, 40(6): 0610001.
- [6] Shelhamer E, Long J, Darrell T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2017, 39(4): 640-651.
- [7] Chen L C, Papandreou G, Kokkinos I, et al. DeepLab: semantic image segmentation with deep convolutional nets, atrous convolution, and fully connected CRFs [J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2018, 40(4): 834-848.
- [8] Zhao H S, Shi J P, Qi X J, et al. Pyramid scene parsing network [C] // 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), July 21-26, 2017, Honolulu, HI, USA. New York: IEEE Press, 2017: 6230-6239.
- [9] 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.
- [10] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation [M] // Navab N, Hornegger J, Wells W, et al. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention-MICCAI 2015*. MICCAI 2015. Lecture Notes in Computer Science. Cham: Springer, 2015, 9351: 234-241.
- [11] He K M, Zhang X Y, Ren S Q, et al. Deep residual learning for image recognition [C] // 2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), June 27-30, 2016, Las Vegas, NV, USA. New York: IEEE Press, 2016: 770-778.
- [12] Huang G, Liu Z, van der Maaten L, et al. Densely connected convolutional networks [C] // 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), July 21-26, 2017, Honolulu, HI, USA. New York: IEEE Press, 2017: 2261-2269.
- [13] Duta I C, Liu L, Zhu F, et al. Improved residual networks for image and video recognition [EB/OL]. [2020-06-25]. <https://arxiv.org/abs/2004.04989>.
- [14] Ioffe S, Szegedy C. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift [EB/OL]. [2020-06-27]. <https://arxiv.org/abs/1502.03167>.
- [15] Ba J L, Kiros J R, Hinton G E. Layer normalization [EB/OL]. [2020-06-25]. <http://arxiv.org/abs/>

- 1607.06450.
- [16] Ulyanov D, Vedaldi A, Lempitsky V. Instance normalization: the missing ingredient for fast stylization[EB/OL]. [2020-06-23]. <https://arxiv.org/abs/1607.08022>.
- [17] Wu Y X, He K M. Group normalization[EB/OL]. [2020-06-25]. <http://arxiv.org/abs/1803.08494>.
- [18] Luo P, Ren J M, Peng Z L, et al. Differentiable learning-to-normalize via switchable normalization[EB/OL]. [2020-06-27]. <http://export.arxiv.org/abs/1806.10779>.
- [19] Singh S, Krishnan S. Filter response normalization layer: eliminating batch dependence in the training of deep neural networks [EB/OL]. [2020-06-25]. <https://arxiv.org/abs/1911.09737v2>.
- [20] 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), October 25-28, 2016, Stanford, CA, USA. New York: IEEE Press, 2016: 565-571.
- [21] Sudre C H, Li W Q, Vercauteren T, et al. Generalised dice overlap as a deep learning loss function for highly unbalanced segmentations[EB/OL]. [2020-06-25]. <https://arxiv.org/abs/1707.03237>.
- [22] Zhou Z W, Siddiquee M M R, Tajbakhsh N, et al. UNet++: redesigning skip connections to exploit multiscale features in image segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2020, 39(6): 1856-1867.
- [23] Menze B H, Jakab A, Bauer S, et al. The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS) [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2015, 34(10): 1993-2024.
- [24] Isensee F, Kickingereder P, Wick W, et al. Brain tumor segmentation and radiomics survival prediction: contribution to the BRATS 2017 challenge [M]//Crimi A, Bakas S, Kuijf H, et al. Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries. BrainLes 2017. Lecture Notes in Computer Science. Cham: Springer, 2017, 10670: 287-297.
- [25] Puch S, Sánchez I, Hernández A, et al. Global planar convolutions for improved context aggregation in brain tumor segmentation[EB/OL]. [2020-06-25]. <https://arxiv.org/abs/1908.10281>.
- [26] Wang G T, Li W Q, Ourselin S, et al. Automatic brain tumor segmentation using convolutional neural networks with test-time augmentation[M]//Crimi A, Bakas S, Kuijf H, et al. Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries. BrainLes 2018. Lecture Notes in Computer Science. Cham: Springer, 2018, 11384: 61-72.
- [27] Pereira S, Pinto A, Alves V, et al. Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2016, 35(5): 1240-1251.
- [28] Havaei M, Davy A, Warde-Farley D, et al. Brain tumor segmentation with deep neural networks[J]. Medical Image Analysis, 2017, 35: 18-31.
- [29] Wang G T, Zuluaga M A, Li W Q, et al. DeepIGeoS: a deep interactive geodesic framework for medical image segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2018, 41(7): 1559-1572.