

基于改进 TransUNet 模型的 脑肿瘤图像分割方法研究

朱玉婷, 袁晓[†]

(四川大学 电子信息学院, 四川 成都 610064)

摘 要: 针对肿瘤细胞图像与正常组织图像之间具有强相似性、边界模糊以及染色变化大等特点, 提出了基于 TransUNet 网络的优化改进分割模型。此分割模型在以 TransUNet 为主干网络的基础上于编码器部分引入注意力机制, 抑制不相关的部分以突显深层特征的语义信息。同时, 改变上采样过程中的融合方式, 引入 BiFusion 模块进行选择性地融合, 从而使特征数据能够保留更多高分辨率细节信息。该分割模型在 Kaggle 脑部低级别胶质瘤数据集上验证。实验结果表明, 改进后算法的均交并比, 召回率和平均精度均值分别为: 97.31%, 99.91% 和 98.72%, 与目前医学图像分割的主流方法相比具有更优的性能。

关键词: 脑肿瘤; 医学图像分割; 注意力机制; 特征融合

中图分类号: TP391

文献标识码: A

Research on Brain Tumor Image Segmentation Method Based on Improved TransUNet Model

ZHU Yuting, YUAN Xiao[†]

(College of Electronic and Information, Sichuan University, Chengdu, Sichuan 610064, China)

Abstract: In view of the strong similarity between tumor cell image and normal tissue image, fuzzy boundary and large staining change, an improved optimization model based on TransUNet network is proposed. Based on TransUNet as the backbone network, this segmentation model introduces the attention mechanism into the encoder part to suppress the irrelevant part to highlight the semantic information of the deep features. At the same time, the fusion method in the up-sampling process is changed, and the BiFusion module is introduced for selective fusion, so that the feature data can retain more high-resolution details. The model is verified on the Kaggle brain low-grade glioma data set. The experimental results show that the M_{IoU} , R and m_{AP} of the improved algorithm are 97.31%, 99.91% and 98.72% respectively, which has better performance compared with the current mainstream methods of medical image segmentation.

Key words: brain tumor; medical image segmentation; attention mechanism; feature fusion

脑肿瘤是指生长在颅腔内的新生物, 是一种恶性程度很高的肿瘤, 生长速度非常快, 对人类神经系统的功能有很大的危害。不过大量科学研究表明, 在脑肿瘤体积较小时进行手术治疗的患者预后效果更好。因此, 早诊早治是提高脑肿瘤预后最为

有效的手段。在临床当中脑肿瘤的诊断方法主要是通过影像学的检查以及病理学化验共同进行确认的。其中, 核磁共振成像 (Magnetic Resonance Imaging, MRI) 是诊断脑肿瘤疾病的首选措施, 这种方法具有很高的分辨率, 能够很清晰地看到脑肿

瘤部位的具体形态。但是由于 MRI 图像多模态和复杂的特点,给医生手动分割带来极大的挑战,且全凭专家经验的手工标注分割效率低,分割精度也难以保证。因此,如何构建一种高效、精确的脑肿瘤分割模型是当下的研究热点,对肿瘤的早诊早治和良好预后有着极为重要的意义。

目前的分割算法层出不穷,大体可以分为两类:传统分割方法和基于深度学习的分割方法^[1]。传统分割方法普遍存在分割精度低的问题,且对图像语义信息运用不充分,效果较差。近年来,深度学习技术迅速发展,取代传统算法成为当下主流的分割算法,尤其是卷积神经网络(Convolutional Neural Networks, CNN)被广泛地应用于医学图像分割中。2014 年, LONG 等^[2]提出 FCN(Fully Convolutional Networks)网络,建立了一个只包含卷积层的网络,通过固定输入图像尺寸,可用于各种大小的图像分割。2015 年, RONNEBERGER 等^[3]提出编解码结构对称分布的 U-Net 模型,解决了 FCN 在恢复图像特征信息时定位精度低的问题,同时加入跳跃连接操作使得上采样恢复的特征图中包含更多浅层的语义信息,提升了分割结果的精细程度。DONG 等^[4]在 BraTS 2015^[5]脑肿瘤 MRI 数据集上运用 U-Net 模型进行分割,取得了不错的效果。针对 U-Net 在特征处理上缺乏空间关注度、分割特定图像时缺乏最佳尺度意识等缺点,多种改进模型被提出。其中, CHEN 等^[6]提出 Residual U-Net 模型用于脑肿瘤分割,在原始的 U-Net 中引入残差结构,将编码器和解码器直接连接以提高分割精度,可以在一定程度上减少处理时间。此外, OKTAY 等^[7]提出 Attention U-Net 模型,引入注意力机制,可以在抑制输入图像中不相关区域的同时突出特定局部区域的显著特征,提高了模型的灵敏度和预测的精度。

虽然基于卷积神经网络的模型在众多医学图像分割任务中取得了无与伦比的效果,但是 CNN 在捕获全局上下文信息方面缺乏效率。现有工作通过生成非常大的感受野来获取全局信息,需要连续下采样和堆叠卷积层直到足够深,这可能会带来特征重用衰减、局部信息丢失等问题。2017 年, Transformer 的提出能够有效克服 CNN 的缺点。Transformer 用于序列到序列的预测,已经成为具有先天性全局自我注意力机制的替代体系结构,但是由于低层次细节不足,可能会导致定位能力有限。CHEN Jieneng 等^[8]结合 Transformer 和 U-Net 提出 TransUNet 网络,结合 U 形对称编解码

结构,将图像转换成序列处理来编码全局信息,有效地利用浅层的 CNN 特征。ZHANG 等^[9]提出一种并行分支的 TransFuse 网络,结合 Transformer 和 CNN 两种网络架构,能同时捕获全局依赖关系和低水平的空间细节,在降低参数数量和提高推理速度方面得到很大的提升。

综上所述,Transformer 可以作为医学图像分割任务的强大编码器。同时,结合注意力机制能够有效地提高网络模型的精确度。受相关研究启发,本文围绕 TransUNet 骨干网络开展以下工作^[10]:

(1)在编码器部分引入坐标注意力机制 CA (Coordinate Attention) 模块。此模块将通道注意力分解成两个沿着不同方向聚合特征的 1D 特征编码过程,可以在沿着一个空间方向捕获长程依赖的同时沿着另一个方向保留精确的位置信息,以增强感兴趣部分的表示^[11]。

(2)引入 BiFusion 模块用于改变上采样过程中相应特征图的融合方式。此模块主要由通道注意力和空间注意力组成,可以有效融合编解码部分的多层级特征,精准捕获低级空间特征和高级语义上下文。

1 网络模型

整体网络结构主要由编码器、解码器、注意力 CA 模块以及特征融合 BiFusion 模块这四部分组成。设计模型框架如图 1 所示。

1.1 主干网络

模型采用 TransUNet 作为骨干网络,它是由编码器和解码器组成的 U 形网络架构。编码器将图像的特征编码为高级映射,解码器利用细节信息生成与输入相同维度的最终掩码。

与传统的 U-Net 不同,TransUNet 使用混合 CNN-Transformer 架构作为编码器,学习来自 CNN 的高分辨率空间信息和来自 Transformer 的全局上下文信息。在编码器部分,首先对输入图像做三层卷积下采样,然后将 CNN 用于特征提取器产生一个特征图作为输出,接着对输出进行图像块嵌入并加上位置编码,最后将块嵌入后的一维向量输入到 12 层 Transformer 结构中。这样的混合编码可以很好地把握全局信息以及低分辨率下的图像细节。同时,从原始 CNN 中移除参数最多的最后一层,并利用 Transformer 分支来获取全局上下文信息,不仅可以得到更浅的模型,而且能够保留更加丰富的局部信息。解码器部分较为简单,通过常规的转置卷积

上采样恢复图像像素,同时级联从编码器的 CNN 下采样对应过来的同层分辨率特征。

本文基于 TransUNet 骨干网络,在编码器的

CNN 部分添加移动网络注意力机制 CA 模块,并改变上采样过程中特征融合的方式,希望使其性能表现优于 U-Net 及其相关网络。

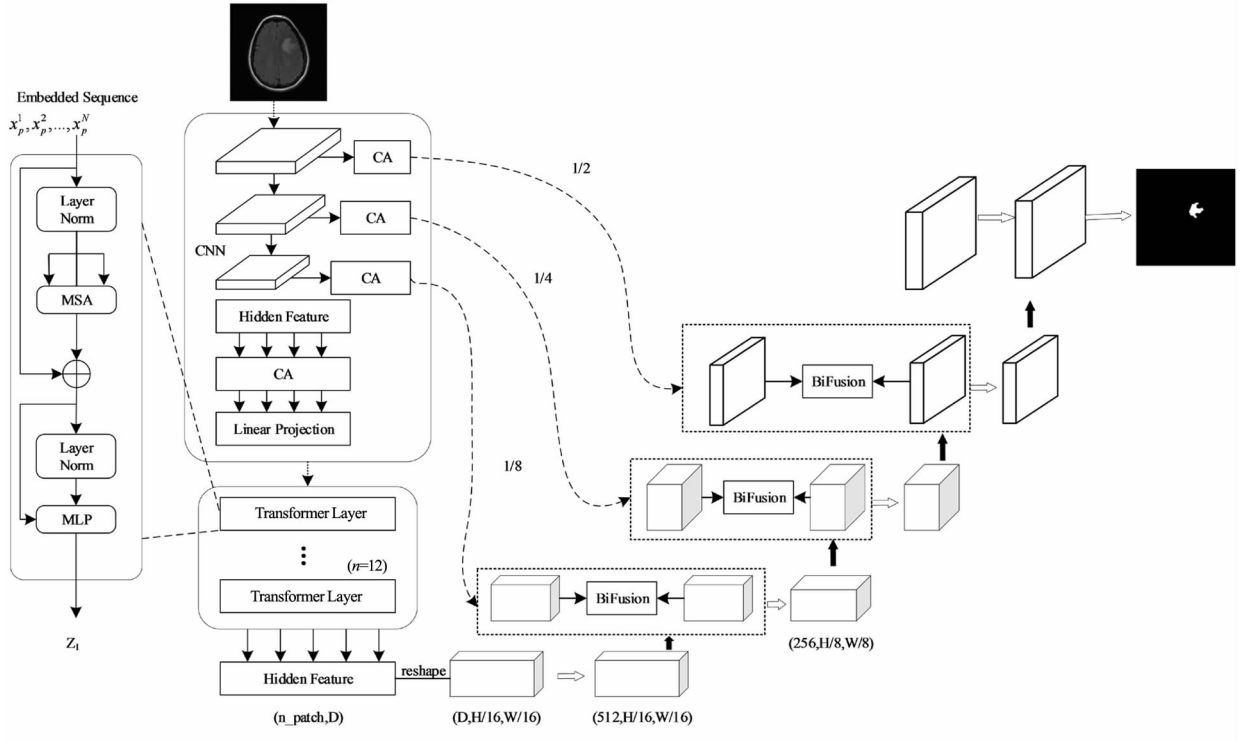


图 1 整体网络框架

1.2 层级特征融合模块

BiFusion 模块用于融合编码器分支和解码器分支的特征图,主要由通道注意力和空间注意力组成。空间注意力采用 CBAM 块,将其作为空间滤波器增强局部细节,并抑制不相关区域。由于卷积特征处理全局上下文能力较弱,且容易受到噪声的干扰,因此对编码器分支的特征图进行空间注意力处理。通道注意力采用 SE 块,可以增强对局部细节的提取能力,而经过 Transformer 处理后的解码器分支特征图相对而言容易缺失局部细节,因此采用通道注意力进行处理。具体来说,通过以下操作获得融合特征 $f^i, i=0,1,2$:

$$f^i = \text{Residual}([\hat{g}^i, \hat{t}^i, \hat{b}^i]) \quad (1)$$

其中, $\hat{g}^i = \text{SpatialAttn}(g^i)$, $\hat{t}^i = \text{ChannelAttn}(t^i)$, $\hat{b}^i = \text{Conv}(t^i W_1^i \odot g^i W_2^i)$, $W_1^i \in \mathbb{R}^{D_i \times L_i}$, $W_2^i \in \mathbb{R}^{C_i \times L_i}$, $\odot$ 是 Hadamard 积, Conv 是一个 3×3 大小的卷积层。BiFusion 结构如图 2 所示。

首先将来自两个分支的结果经过 Hadamard 乘积得到一个中间结果,即交互特征 $\hat{b}^i$ 。接着将编码器分支的特征图经过空间注意力得到结果

$\hat{g}^i$, 同时将解码器分支的特征图经过通道注意力得到结果 $\hat{t}^i$ 。最后将交互特征 $\hat{b}^i$ 和注意特征 $\hat{g}^i, \hat{t}^i$ 在通道维度上进行拼接并通过残留块。所得到的特征 f^i 能有效地捕获当前空间分辨率的全局和局部上下文。

1.3 注意力模块

CA 模块又称坐标注意力,是近年来提出的一种新型高效注意力机制。目前较为流行的通道注意力机制,通常忽略了位置信息,而位置信息对于生成空间选择性注意力图至关重要^[12]。CA 模块很好地改善了这一问题,它通过在通道注意中嵌入位置信息,使深度神经网络模型能够在避免大量计算开销的同时增大感受野。同时,CA 模块灵活且轻量,可以很容易地插入经典模块,不但可以捕捉到不同的通道,而且可以捕捉方位和方位的信息。这样可以使模型能够更准确地找到并确定所需的对象,给分割任务带来巨大的增益。

为了解决全局池化造成的位置信息丢失的问题,CA 模块将通道注意力分解为两个平行的一维特征,分别沿着两个空间方向进行聚合。这两个嵌入特定方向信息的特征图被分别编码到两个注意

力图中,每个注意力图捕获输入特征图沿一个空间方向的长期依赖关系。然后通过乘法将这两种注意力图应用到输入特征图中,以此来加强感兴趣区

域的表示。这样,在空间方向上得到了一个远距离的依赖关系,并且在另外一个空间方向上保持了精准的定位。

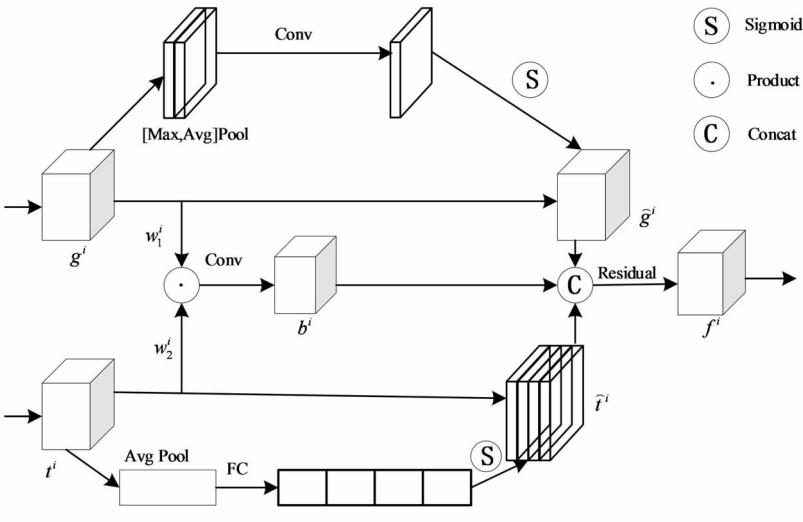


图 2 BiFusion 模块图

CA 注意力模块通过坐标信息嵌入和坐标注意力生成这两个步骤来编码通道关系和远程依赖关系。

CA 模块架构如图 3 所示。

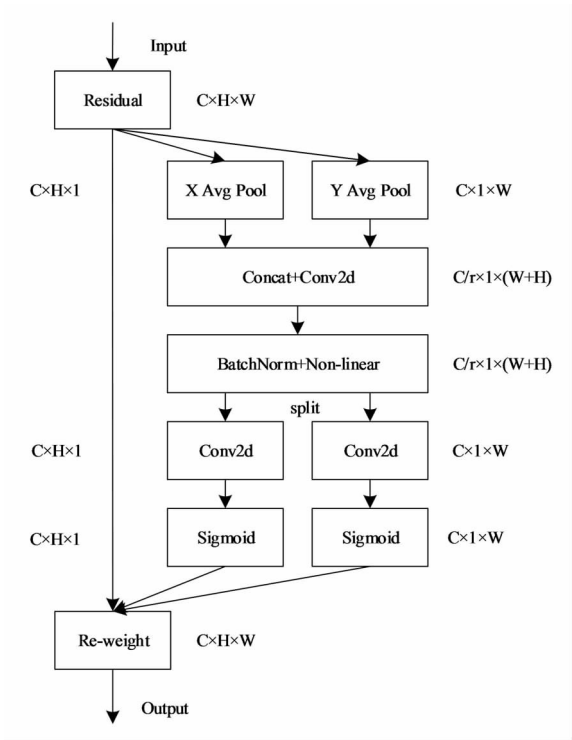


图 3 CA 模块

可以看出,CA 模块通过两组池化操作,并按照 x 方向和 y 方向分别提取嵌入方向的注意力特

征信息。

1.3.1 坐标信息嵌入

通道注意力一般采用全局池化的方法来实现空间信息的编码,其较为暴力地将全局信息压缩到通道描述符中,且池化后难以保存位置信息。CA 模块有所不同,为了使注意力块在空间上捕捉到精确的位置信息,将下式进行分解,使全局池化变成一对一维的特征向量:

z_c = \frac{1}{H \times W} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W x_c(i, j) \tag{2}

该全局池化操作被分成两部分,即沿水平和垂直方向分别进行,由此得到 x, y 轴的相关定位信息。

水平方向得到的一维特征为:

z_c^h(h) = \frac{1}{W} \sum_{0 \leq i < W} x_c(h, i) \tag{3}

垂直方向得到的一维特征为:

z_c^w(h) = \frac{1}{H} \sum_{0 \leq j < H} x_c(j, w) \tag{4}

上述两类转换在两个空间方向上进行融合,并产生了一对具有定向特性的图像。这两种变换不仅可以使注意力模块在某一空间上获得长期的相关性,还可以在的空间方向上保持精确的位置信息,从而使该网络能够更准确地找到所需目标。

1.3.2 坐标注意力生成

上述坐标嵌入过程中,式(3)和式(4)得到输入

特征的全局感受野,并对其进行了精准定位。接着,基于以下三个准则来产生坐标注意力:转换简洁有效、精确定位感兴趣区域且能够有效地捕捉通道之间的关系。

将式(3)和式(4)的横纵向数据结合起来,然后输入 1×1 大小的卷积得到注意力的 Map:

$$f = \delta[F_1([z^h, z^w])] \quad (5)$$

其中, δ 是非线性激活函数, F_1 是将水平和垂直的池化结果连接的操作, $f \in \mathbb{R}^{\frac{c}{r} \times (H+W)}$, r 是控制模块大小的超参数。在得到非线性数据之后,按照水平和垂直方向,将结果分成两组:

$$g^h = \sigma[F_h(f^h)] \quad (6)$$

$$g^w = \sigma[F_w(f^w)] \quad (7)$$

在经过 1×1 卷积处理后,采用 Sigmoid 函数进行加权处理,最后将输入特征图与水平和垂直加权相乘,得到了一个具有代表性的 Map,如下式所示。

$$y_c(i, j) = x_c(i, j) \times g_c^h(i) \times g_c^w(j) \quad (8)$$

综上所述,与仅注重通道权重的通道注意力机制不同,该方法还将空间信息纳入了计算中。将 CA 模块加入编码器部分的 CNN 模块中,可以更准确地定位特征图的确切位置,从而达到更好的分割效果。

2 实验与结果分析

2.1 数据集与网络参数设置

为验证上述方法的有效性,本文选用 Kaggle 脑部低级别胶质瘤数据集。这些图像来自癌症成像档案(TCIA),包含大脑 MRI 图的 FLAIR 像以及带有经杜克大学董事会认证的放射线医生批准的分割掩膜。该数据集包括 110 个训练样本,它们对应于癌症基因组图谱(TCGA)低级别胶质瘤集合中的 110 名患者,至少有流体衰减反转恢复(FLAIR)序列和基因组簇数据可用。每个案例横截面图像数量不同,且采用“tiff”格式存储,数据已做过预处理,不需要对其进行矫正,数据集地址为:

<https://www.kaggle.com/datasets/mateuszburda/lgg-mri-segmentation>。

医学图像分割由于数据的稀缺性,通常会导致过拟合。为了防止训练过程中产生此问题,首先对待分割的图像进行预处理,包括随机裁剪、随机翻转、随机高斯、亮度调节和锐化操作,将数据集扩充至初始的 2 倍,以此来保证训练的数据量,使得模型拥有更好的泛化能力。

本次实验基于 Windows10 系统,使用 Nvidia RTX3060Ti GPU 在通用 Pytorch 框架上进行网络的开发。实验中 Kaggle 脑肿瘤数据集的所有图像大小采用原始的 224×224 尺寸,并以 8:2 的比例将扩充后的数据集划分为训练集和测试集。对网络进行训练时,采用 SGD 优化器,使得模型能够更快收敛,从而加快训练速度。批次大小为 8,动量为 0.9,权重衰减为 $1e-4$,最大迭代次数 max_epoch 为 100,初始学习率 0.01,并采用 $0.01 \times (1 - \text{epoch}/\text{max_epoch})^{0.9}$ 的学习率更新策略,终止次数为最大迭代次数。

2.2 损失函数

针对数据训练样本中的类不平衡问题,采用交叉熵(Cross Entropy, CE)和 Dice 损失相结合的混合损失作为模型的损失函数,以此来达到更好的效果。

交叉熵损失函数定义为:

$$L_{\text{CE}} = - \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L [(g_{ij} \log p_{ij}) + (1 - g_{ij}) \log(1 - p_{ij})] \quad (9)$$

其中, N 表示预测图中像素集合, L 表示真实标签像素集合, g_{ij} 表示真实类别, p_{ij} 表示预测值。使用交叉熵作为损失函数,能够很好地解决梯度扩散问题,使整个网络更稳定。但是对于类不平衡图像,会偏向于类别多的样本,影响分割效果。

Dice 损失函数定义为:

$$L_{\text{Dice}} = 1 - \frac{2 \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L g_{ij} p_{ij} + \epsilon}{\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L g_{ij} + \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L p_{ij} + \epsilon} \quad (10)$$

其中,为了防止损失函数中出现分母为 0 的情况,引入光滑算子 ϵ 。Dice 损失函数能够解决正负样本不平衡的问题,并且可以自动学习网络参数,以使预测结果更加靠近真实值。

综上,混合损失函数定义为:

$$L_{\text{mix}} = 0.5 \times (L_{\text{CE}} + L_{\text{Dice}}) \quad (11)$$

2.3 评价指标

通过 3 个医学影像中常见的指标对此模型进行量化评价,包括:均交并比 M_{IoU} 、召回率(Recall) R 和平均精度均值 m_{AP} 。涉及相关指标计算的参数有: T_P 表示真阳性(True Positive),即确诊阳性的阳性病例数; T_N 表示真阴性(True Negative),即诊断为阴性的阴性病例数; F_P 表示假阳性(False Positive),即确诊阳性的阴性病例数; F_N 表示假阴性(False Negative),即诊断为阴性的阳性病例

数^[13]。

(1)均交并比 M_{IoU} ,它是一个标准的语义分割指标,用来计算所有样本预测值和真实值两个集合的交集和并集之比的平均值^[14]:

$$M_{IoU} = \frac{T_p}{T_p + F_N + F_p} \tag{12}$$

(2)召回率 R ,也叫查全率,用于计算实际为阳性的样本中被预测为阳性样本的概率:

$$R = \frac{T_p}{T_p + F_N} \tag{13}$$

(3)平均精度均值 m_{AP} ,也即平均准确率,是深度学习模型好坏的一种指标,其值越接近于 1,模型效果越好:

$$m_{AP} = \int_0^1 P(R) dR \tag{14}$$

其中, P 指准确率,表示分类正确的样本占总样本的比例:

$$P = \frac{T_p}{T_p + F_p} \tag{15}$$

2.4 实验结果与分析

2.4.1 消融实验

通过对不同网络结构的性能对比,可以很好地描述不同模块对分割效果的影响,实验结果如表 1 所示。其中,“Proposed Method”表示 TransUNet 融合 CA 和 BiFusion 两个模块,即本文提出的网络模型。最优的结果在表 1 中用粗体表示。

表 1 不同网络结构的性能比较

模型	M_{IoU}	R	m_{AP}
TransUNet	0.9593	0.9885	0.9721
TransUNet+CA	0.9637	0.9988	0.9799
TransUNet+BiFusion	0.9720	0.9990	0.9865
Proposed Method	0.9731	0.9991	0.9872

由表 1 可以看出,TransUNet 基础网络能够获得较好的分割效果,但是各项指标都有待提升。通过加入 CA 和 BiFusion 模块, M_{IoU} 、 R 和 m_{AP} 三项指标都有所改善,这说明所提 CA 模块和 BiFusion 模块在脑肿瘤图片特征提取方面具有较好的能力。最后,对二者进行组合,可以获得最优的性能指标,充分证明了文中方法的正确性。

2.4.2 对比实验

在 Kaggle 脑肿瘤数据集上,将本文设计的网络模型与有代表性的分割网络进行比较,以此来验证其性能。对比网络包括 U-Net, SegNet, Deep-

labv3+和 TransUNet 网络。结果如表 2 所示,其中粗体表示最优结果。

表 2 Kaggle 脑肿瘤数据集上的性能比较

模型	M_{IoU}	R	m_{AP}
U-Net	0.9714	0.9899	0.9845
SegNet	0.9641	0.9841	0.9789
Deeplabv3+	0.9719	0.9970	0.9846
TransUNet	0.9593	0.9885	0.9721
Proposed Method	0.9731	0.9991	0.9872

由表 2 可以看出,本文提出的模型能够获得较好的综合性能。 M_{IoU} 为 0.9731, R 为 0.9991, m_{AP} 为 0.9872。与 TransUNet 网络相比, M_{IoU} 高出 1.38%, R 高出 1.06%, m_{AP} 高出 1.51%。与其他的轻量级网络相比,分割精度均有提升。此结果一方面验证了本文所提方案的可行性;另一方面, TransUNet 作为骨干网络,充分验证了改进方案的可行性。

为了更直观地展示改进算法的分割效果,给出本文方法与其他轻量级网络在脑肿瘤图像上分割结果的对比图,如下图 4 所示。

从视觉上可以直接观察到,各类模型均能分割出脑肿瘤不同区域的位置和大体轮廓,但是在各区域形状不规则或模糊的边缘位置,本文模型能得到与真实标签最为接近的结果,这与表 2 中的结果保持一致。

综上所述,本文所提方法在分割精度方面较经典模型有了明显的提升,其结果可为临床诊断提供更为精确的指导。

3 结 论

脑肿瘤的精准分割对于脑癌的早期诊断至关重要。根据 MRI 脑肿瘤图像的特点以及针对目前分割算法中存在的问题,提出了改进的 TransUNet 网络。通过在编码器部分加入坐标注意力 CA 模块,使模型定位更精确,同时加强对待分割区域的关注,取得更好的分割结果。同时,在上采样过程中,改变特征融合的方式,加入 BiFusion 模块来同时获得局部和全局信息,大大提升了分割的精确度。将模型在 Kaggle 脑肿瘤数据集上进行实验,结果表明,本文提出的改进 TransUNet 网络的 M_{IoU} 、 R 和 m_{AP} 分别为 97.31%, 99.91% 和

98.72%，相比 TransUNet 以及 U-Net 等主流网络有较为明显的精度优势。但是该模型以 2D 数据集为划分依据，不能充分挖掘 3D 空间信息。所

以，如何构建 3D 模型，并更加有效地提升分割效果是下一步研究的重点。

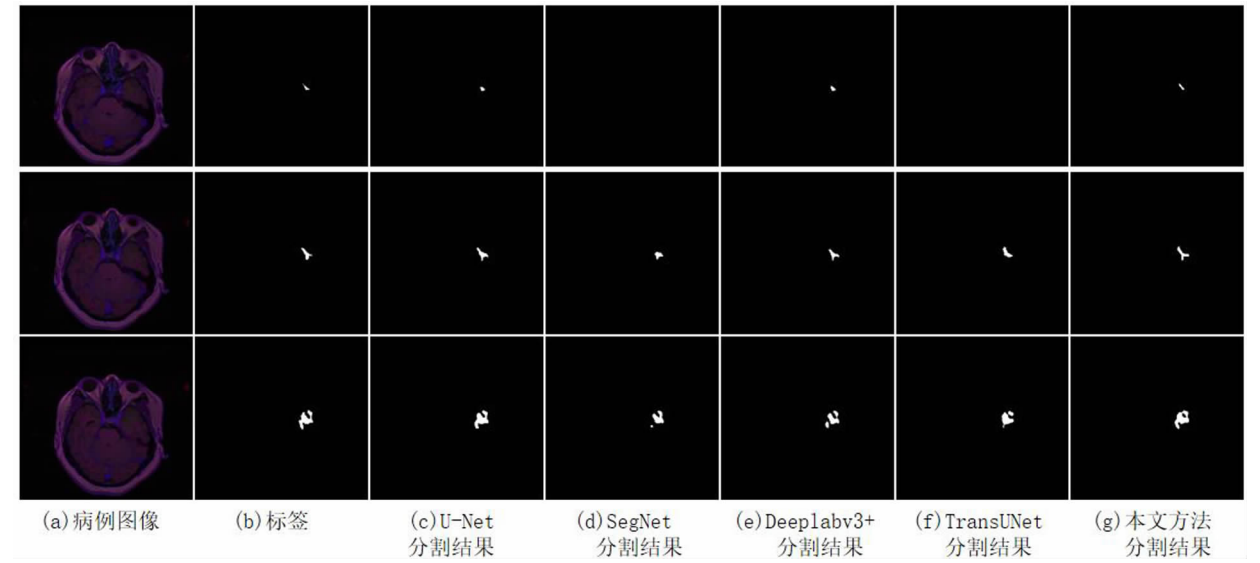


图 4 与其他经典网络的分割对比图

参考文献

[1] 吴量,付殿臣,程超. 基于 Unet 的多注意力脑肿瘤图像分割算法[J]. 计算机技术与发展,2021,31(12):85-91.

[2] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [C]// Proceedings of the 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Piscataway:IEEE,2015:3431-3440.

[3] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation [J]. CoRR,2015,abs/1505.04597.

[4] DONG H, YANG Guang, LIU Fang, et al. Automatic brain tuomr dection and segmentation using U-net based fully convolutional networks [J]. Medical Image Understanding and Analysis,2017,723:506-517.

[5] 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(0):1993-2024.

[6] CHEN Hao, DOU Qi, YU Lequan, et al. VoxResNet: deep voxelwise residual networks for brain segmentation from 3D

MR images [J]. NeuroImage,2018(170):446-455.

[7] OKTAY O, SCHLEMPER J, FOLGOC L L, et al. Attention U-Net: learning where to look for the pancreas [J]. arXiv preprint arXiv:1804.03999,2018.

[8] CHEN Jieneng, LU Yongyi, YU Qihang, et al. Transunet: transformers make strong encoders for medical image segmentation [J]. arXiv preprint arXiv:2102.04306,2021.

[9] ZHANG Yundong, LIU Huiye, HU Qiang, et al. TransFuse: fusing transformers and CNNs for medical image segmentation [J]. arXiv preprint arXiv:2102.08005,2021.

[10] 丁才富, 杨晨, 纪秋浪, 等. MCA-Net: 多尺度综合注意力 CNN 在医学图像分割中的应用[J]. 微电子学与计算机, 2022,39(3):71-77.

[11] 杨其晟, 李文宽, 杨晓峰, 等. 改进 YOLOv5 的苹果花生长状态检测方法[J]. 计算机工程与应用,2022,58(4):237-246.

[12] 唐秉航, 王艳芳, 马力, 等. 基于混合注意力机制的肺结节假阳性降低[J]. CT 理论与应用研究,2022,31(1):63-72.

[13] 陈旋, 蔡宇佳, 冉文兵, 等. SECU-Net: 一种结合 SE 和 CRF 的皮肤病图像分割网络[J]. 智能计算机与应用,2022,12(11):71-77+86.

[14] 方新林, 方艳红, 王迪. 基于多模态特征融合的脑瘤图像分割方法[J]. 中国医学物理学杂志,2022,39(6):682-689.