周晓晨, 玄萍. 基于 AGCN 的肾脏和肿瘤三维 CT 图像分割方法[J]. 智能计算机与应用,2026,16(1):24-29. DOI:10.20169/j.issn.2095-2163.24032106

基于 AGCN 的肾脏和肿瘤三维 CT 图像分割方法

周晓晨[1], 玄 萍[1,2]
(1 黑龙江大学 计算机科学技术学院, 哈尔滨 150080; 2 汕头大学 工学院, 广东 汕头 515063)

摘 要: 电子计算机断层(CT)扫描是目前辅助诊断肾脏肿瘤的影像学检查方法,所以识别出肾脏、肿瘤对于肾肿瘤患者的确诊至关重要。由于不同患者的肾脏、肿瘤的尺寸和所在位置各不相同,并且肿瘤与周围组织具有相似的纹理特征,因此通过 CT 扫描自动分割肿瘤是一项具有挑战性的任务。研究提出了一个新颖的基于自适应图卷积的分割模型,可以有效学习全局和局部图像区域节点间的空间关系。根据动态学习的特征为节点生成自适应卷积核,从而自适应地学习图像区域节点的特征。对比实验结果表明,本文提出的模型与几个先进的分割方法相比在 Dice、IoU 和 HD 距离方面均有所提升。

关键词: CT 图像分割; 自适应图卷积; 图像区域节点; 空间关系
中图分类号: TP391 **文献标志码**: A **文章编号**: 2095-2163(2026)01-0024-06

AGCN-based segmentation method of 3D CT images of kidney and tumor

ZHOU Xiaochen[1], XUAN Ping[1,2]
(1 School of Computer Science and Technology, Heilongjiang University, Harbin 150080, China;
2 School of Engineering, Shantou University, Shantou 515063, Guangdong, China)

Abstract: Computed Tomography (CT) scanning is currently an imaging examination method used to assist in the diagnosis of kidney tumors. Therefore, identifying the kidney and tumor is crucial for the diagnosis of the patients with kidney tumors. Due to the different sizes and locations of kidneys and tumors from the different patients, as well as the similar texture characteristics between the tumors and their surrounding tissues, automatically segmenting the tumors through CT scanning is a challenging task. The paper proposes a novel segmentation model based on adaptive graph convolution, which can effectively learn the spatial relationships among the global and local image region nodes. Adaptive convolution kernels are generated for the nodes based on dynamically learned features to adaptively learn the features of image region nodes. The comparative experimental results show that the proposed model outperforms several advanced segmentation methods in terms of Dice, IoU, and HD distance.

Key words: CT image segmentation; adaptive graph convolution; image region nodes; spatial relationships

0 引 言

肾癌是最常见的泌尿系统癌症之一,致死率不高,但在大多数国家发病率且仍在上升[1]。电子计算机断层扫描图像对于肾癌检测和诊断具有独特的优势。从 CT 图中分割正常肾脏区域和肿瘤位置通常都需要相关领域知识扎实的临床医生和放射科医生手动描绘不仅费力、而且耗时。医疗技术结合人工智能,特别是基于深度学习的应用,在执行自动化的医疗图像分割的任务中已经取得了很大的进展[2]。然而从 CT 图像中准确分割正常器官和肿瘤仍是一项具有挑战性的任务[3-4]。首先,肿瘤与周围的正常肾脏器官组织的纹理特征分布比较接近,因此辨识度很低。其次,不同病患的肾肿瘤的形状、大小和位置各不相同。通常一个人都有 2 个肾,左肾和右肾具有相似的语义特征,但左右 A 器官在 CT 图像中位于较远的区域。因此,成功分割正常器官和肿瘤的关键是对 2 个肾脏之间的长距离语义依赖以及其与肿瘤的特征分布进行建模。

基于深度学习的方法已广泛应用于图像分割任务,尤其是卷积神经网络 (CNN)[5-7]。其中,包括肾脏和肿瘤的分割[8-9]。由于 CNN 具有局部感知的特性,只依赖于局部信息来推断空间关系,所以在

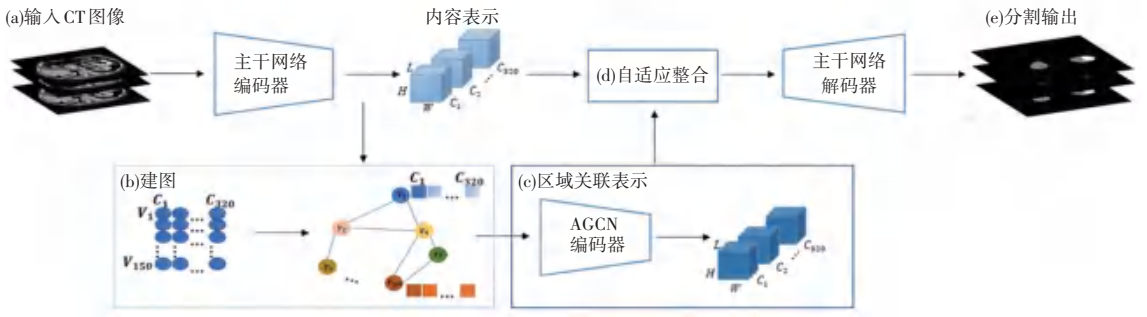
基金项目: 国家自然科学基金 (62172143); 黑龙江省自然科学基金项目 (LH2023F044)。
作者简介: 周晓晨(1997—),男,硕士研究生,主要研究方向:计算机视觉。
通信作者: 玄 萍(1979—),女,博士,教授,主要研究方向:医学图像处理与分析,深度学习。Email:xuanping@hlju.edu.cn。
收稿日期: 2024-03-21

捕捉距离比较遥远的图像区域的空间依赖性方面具有挑战性。在 CT 图像上肾脏和肾肿瘤图像区域之间存在空间依赖性，CNN 在远程区域之间的上下文联系的提取具有挑战性。可以通过扩大卷积的感知域缓解此问题，将图像信息的全局上下文引入卷积层。Dutande 等学者[10]提出的 ASPP 通过整合不同区域的上下文信息来获取全局的上下文连接内容，扩大了空间位置采样的范围。Zhu 等学者[11]提出的 DCN v2 通过使用额外的偏移量来增强模块中空间采样位置，能够在更大范围的特征层上控制采样，从而获得更大的感受区域。然而，这种解决方法需要大量卷积层堆叠，导致计算复杂度增加。

由于不同患者的肾肿瘤或肺肿瘤的大小、形状和位置各不相同，肿瘤分割一直是相关人员研究的重点。当肿瘤附着在强度分布相似的其他器官和软组织上时，很难识别肿瘤边界。Isensee 等学者[12]设计了一种基于三维（3D）U-Net 的 nnU-Net 网络框架来优化预处理、训练、推理和后处理。该框架在 2019 年肾脏和肿瘤图像分割挑战赛（KiTS19）[13]中取得成功。然而，这些方法对于肿瘤边界模糊的病例的分割结果并不令人满意。基于 U-Net 框架采用自动编码器形式，忽略了图像区域节点之间的空间联系和局部信息。

1　材料和方法

为了更好实现肾肿瘤的分割，研究提出了基于自适应图卷积自动编码器分割模型。模型设计如图 1 所示。首先，选用主干网络 3D nnU-Net 的编码器作为图像特征提取器来学习肾肿瘤图像的内容表示，包括肾肿瘤图像的纹理和语义特征。其次，建立了基于自适应图卷积的模块，根据动态学习的特征生成自适应卷积核，用于学习图像目标节点特有的邻居节点特征。最后，内容表示和邻居节点信息再经自适应整合，通过主干网络解码器来取得分割的结果。



（a）给定输入 CT 图像；（b）建图提取内容表示；（c）构建具有节点属性的新图；（d）自适应整合提取的区域关联表示和内容表示；（e）分割输出结果

图 1　提出的模型概述

Fig. 1　Overview of the proposed model

1.1　相关数据集

在实验中，使用的肾脏 CT 图像数据集来自于 2019 年肾肿瘤分割挑战数据集。数据集包含在医院接受部分或根治性肾切除术的 210 名个体肾癌患者的动脉期 CT 扫描图及其相应的正确的图像标签 Ground Truth（GT）。首先 210 个案例被随机划分成 5 组，其中 1 组（42 个案例）用于测试，其余的 4 组（168 个案例）用于训练。在训练过程中，168 个案例中随机挑选 20%用于验证，剩余 80%用于训练。由于此数据集是由多家医院收集，不同医院所用的扫描仪型号差异导致收集的数据尺寸多种多样，因此数据集中存在 CT 像素间距有所不同的问题。于是，对所有 CT 图像的体素进行了重新采样，统一成 1 mm×1 mm×1 mm 的体素大小。随后，通过仿射变换、轴向翻转、随机裁剪等来进行数据增强。

1.2　方法

1.2.1　学习内容表示

研究中，将 3D nnU-Net 作为主干分割架构来学习内容表示，3D 编码器由 6 个编码层组成，解码器有 6 个解码层。所有编码层包含一系列 3×3×3 卷积块，1×1×0 填充、1×1×1 步幅，实例归一化和 LeakyRelu 激活函数的操作。在每个下采样阶段使用跨步卷积来提取更有代表性的内容表示特征。在每层解码层中，转置卷积被执行用来获取上采样特征。研究中在编码层和解码层之间添加了残差连接，用于将编码层的细节特征补充解码层。令 $\boldsymbol{Z} \in \mathbb{R}^{H\times W\times D\times C}$ 表示 3D nnU-Net 编码器的输出特征矩阵，其中 H、W、D 分别表示高度、宽度和深度，C 表示从图像提取的特征中的通道数。F 被认为是输入图像的内容表示 R_c。

1.2.2 图节点属性构建

通过对 3D nnU-Net 编码器输出特征矩阵 $\boldsymbol{Z}$ 进行编码,构造一个由图像节点组成的图 $G=(V,E,\boldsymbol{P})$ 来学习图像各节点的邻居信息和节点的特征分布,其中 V 和 E 分别表示图像节点和边,$\boldsymbol{P}$ 表示图像区域节点特征矩阵。$Z_i \in \mathbb{R}^{H\times W\times D\times C}$ 作为 $\boldsymbol{Z}$ 的第 i 个位置,将 $\boldsymbol{Z}$ 重塑为 $P \in \mathbb{R}^{A_V\times C}$,这里图节点的数量为 $A_V=H\times W\times D$。经过 Backbone 的一系列卷积操作之后得到的图像节点 v_i 对应于 3D CT 图像的一个特定区域。$\boldsymbol{P}$ 的第 i 行 P_i 是节点的属性向量。

给定属于 v_i 和 v_j 节点的属性向量 P_i 和 P_j,若 P_i 和 P_j 的分布相似度越高,则 v_i 和 v_j 节点之间相关性的概率越高。这里用 $L1$ 距离来度量 P_i 和 P_j 之间的相似度,数学定义公式如下:

$$\varphi_{ij}=\exp\{-\|P_i-P_j\|_1\} \tag{1}$$

其中,exp 表示将相似度重新调整到[0,1]。φ_{ij} 被认为是 $e_{ij}\in E$ 连接节点 v_i 和 v_j 的边权。如果 2 个节点边权值越接近 1,则其相似度越大;反之,若边权值越接近 0,则其相似度越小。进一步地对 $\boldsymbol{\Phi}=[\varphi_{ij}]\in R^{A_V\times A_V}$ 进行拉普拉斯归一化,得到邻接矩阵 $\boldsymbol{Q}_m$ 为:

$$\boldsymbol{Q}_m=\boldsymbol{D}_1^{-1/2}\boldsymbol{\Phi}\boldsymbol{D}_1^{-1/2} \tag{2}$$

其中,$\boldsymbol{D}_1$ 表示对角矩阵,$(\boldsymbol{D}_1)_{ii}=\sum_j \boldsymbol{\Phi}_{ij}$;$\boldsymbol{Q}_m=\{z_i \mid i=1,2,\cdots,n\}\in\mathbb{R}^{A_v\times A_v}$ 表示边的邻接矩阵。由式(2)进行初始化,反映了边连接和图的拓扑结构,并在训练过程中通过编码层来进行演化和学习。

1.2.3 自适应图卷积模块学习区域关联表示

自适应图卷积在目标节点 x_i 附近的处理流程如图 2 所示。给定节点特征矩阵 $\boldsymbol{P}$,相应的第 i 个节点 P_i 的特征向量定义为 D_i。以前的方法通常对目标节点 P_i 的所有邻居节点应用固定的卷积核函数来提取特征。然而,对于 P_i 不同的邻居区域节点可能表示的特征并不相同,特别是当 P_i 位于突出的区域,如肾脏的边缘。固定的卷积核可能会使图卷积无法学习准确的节点特征表示,从而无法进行精确分割。研究中设计一个自适应卷积核来获取图像区域节点中每对目标节点和相邻节点之间的独特关系,来产生一个新的 m 维相同节点数的特征集。相比以往的图卷积,可以更好利用拓扑图中的局部几何特征,自动调整节点信息和拓扑结构,能更准确地反映局部几何特征。对于输出多维特征中的每个通道,研究中利用目标节点对应的邻居节点特征(D_i,D_j)来动态生成自适应卷积核。研究推得的公式如下:

$$\hat{u}_{ijm}=g_m(\Delta D_{ij}),\ j\in N(i) \tag{3}$$

$$\Delta P_{ij}=[D_i,\ P_j-P_i] \tag{4}$$

其中,$m=1,2,\cdots,M$ 表示输出维度;$g(\,)$ 表示使用一个多层感知机的特征映射函数。自适应卷积核的卷积权重定义为 $\theta=(g_1,g_2,\cdots,g_m)$;$\Delta P_{ij}$ 表示自适应卷积核的输入特征;"[ ]"表示连接操作,用来考虑图像整体形态结构与局部邻近区域所特有的特征差别。

为了图中节点形成的拓扑和各节点属性进行充分融合,研究中将图像特征与图节点和拓扑相关联,将其送入模型。利用边的信息对节点信息进行聚合从而生成新的节点表示,更好地提取拓扑图的空间特征。文中的自适应卷积核与相应的点 (x_i,x_j) 进行卷积运算,具体公式如下:

$$k_{ijm}=\sigma\langle\hat{u}_{ijm},\Delta x_{ij}\rangle \tag{5}$$

其中,"< >"表示 2 个向量的内积输出 $k_{ijm}\in\mathbb{R}$;σ 表示一个 Simon 激活函数;类似地,Δx_{ij} 定义为 $[x_i,x_j-x_i]$,第 m 个自适应卷积核映射 $\hat{u}_{ijm}$ 与 Δx_{ij} 进行特征融合。使得能够通过点积将区域关联表有效地结合到每一层中,并结合从卷积核中动态提取的特征对应关系。将每个通道的多个边叠加起来,得到节点之间的边缘特征、当前节点和其他边连接的信息 $k_{ij}=[k_{ij1},k_{ij2},\cdots,k_{ijm}]\in\mathbb{R}^m$。最后,通过对邻域中所有特征采用池化函数,得到第 i 个目标节点的新属性向量 $\boldsymbol{D}_i'$:

$$\boldsymbol{D}_i'=\max_{j\in N(i)}k_{ij} \tag{6}$$

其中,max 表示对通道维度进行最大池化。

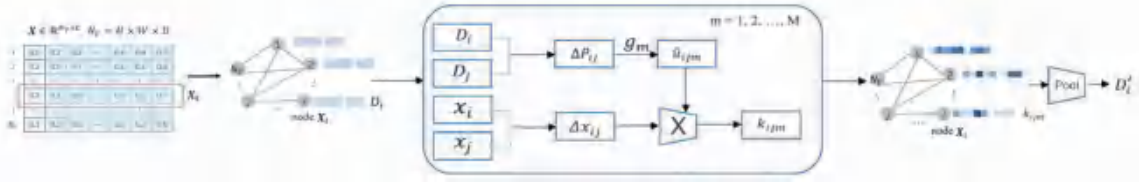


图 2 自适应图卷积在目标节点 x_i 附近进行处理的流程

Fig. 2 Illustration of adaptive graph convolution processing near target node x_i

1.2.4　内容表示和区域关联表示的自适应整合

设 $\boldsymbol{Z} \in \mathbb{R}^{N_v \times N_f}$ 表示最后一个编码层的输出，其中 N_f 是节点特征的数量，$(Z)_i$ 表示第 i 个节点的区域关联表示，用 $\boldsymbol{R}_r$ 来表示 $\boldsymbol{Z}$。同时，可以通过 nnU-Net 编码器获得特征图 $\boldsymbol{F} \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times C}$。文中通过将 $\boldsymbol{F}$ 重塑为大小为 $N_v \times C$ 的矩阵来引入内容表示矩阵 $\boldsymbol{R}_c$，其中 $N_v = H \times W \times D$，$(\boldsymbol{R}_c)_i$ 是内容表示的第 i 个节点。

由于 $\boldsymbol{R}_r$ 和 $\boldsymbol{R}_c$ 中的特征对分割结果有不同的作用，对 $\boldsymbol{R}_r$ 和 $\boldsymbol{R}_c$ 进行 N_{conv} 1×1 卷积运算来学习自适应权重。令 w_k 表示第 k 个 1×1 卷积核，w_k 中的第 j 个值表示第 j 个特征的权重。因此，通过加权积分得到的第 k 个特征为：

$$(z_i)_k = \boldsymbol{w}_k * [(\boldsymbol{R}_r)_i, (\boldsymbol{R}_c)_i] \tag{7}$$

其中，“$*$”表示卷积运算，“[ ]”表示串联运算。整合后的矩阵 $\boldsymbol{Z} = [(z_i)_1, (z_i)_2, \cdots, (z_i)_{N_{\text{conv}}}]$ 重新塑造成 $H \times W \times D \times N_{\text{conv}}$。接下来，通过将 $\boldsymbol{Z}$ 发送到 nnU-Net 中相应的解码层得到最终的分割结果。

2　实验结果与分析

2.1　评价指标

为了评估训练所得的模型对 CT 图肿瘤的分割性能，研究中将预测分割结果和 GT 进行对比，策略采用通过 Dice 相似系数（Dice）[14] 和联合交集（IoU）[15] 评估空间体积重叠度以及 Hausdorff 距离（HD）[16] 方面评估形状相似性。

Dice 和 IoU 分别被定义为：

$$\text{Dice}_{\text{tumor}} = \frac{2 \times |C^{\text{GT}} \cap C^{\text{pred}}|}{|C^{\text{GT}}| + |C^{\text{pred}}|} \tag{8}$$

$$\text{IoU}_{\text{tumor}} = \frac{|C^{\text{GT}} \cap C^{\text{pred}}|}{|C^{\text{GT}} \cup C^{\text{pred}}|} \tag{9}$$

其中，C^{GT} 和 C^{pred} 分别表示 GT 和分割结果；$\text{Dice}_{\text{tumor}}$ 和 $\text{IoU}_{\text{tumor}}$ 取值范围均为 [0,1]，且值越接近 1 表示分割效果越好。同理，可以得到肾脏的 Dice 为 $\text{Dice}_{\text{kidney}}$，肿瘤的 IoU 为 $\text{IoU}_{\text{tumor}}$，肾脏的 IoU 为 $\text{IoU}_{\text{kidney}}$。

分割的肿瘤边界和 GT 边界之间的 HD 定义为：

$$\text{HD}_{\text{tumor}}(C^{\text{GT}}, C^{\text{pred}}) = \max\{h(C^{\text{GT}}, C^{\text{pred}}), h(C^{\text{pred}}, C^{\text{GT}})\} \tag{10}$$

这里的 $h(C^{\text{GT}}, C^{\text{pred}})$ 表示 C^{GT} 和 C^{pred} 表面之间的距离，具体公式如下：

$$h(C^{\text{GT}}, C^{\text{pred}}) = \max_{x \in C^{\text{GT}}} \min_{y \in C^{\text{pred}}} \|x - y\| \tag{11}$$

其中，x 来自 C^{GT}，y 来自 C^{pred}。同理，更小的 HD_{tumor} 值表示更好的分割结果。同理，可以计算得到 $\text{HD}_{\text{kidney}}$。

2.2　与其他方法的比较

本文的方法与其他 10 种最先进的肾肿瘤分割方法进行比较以进一步评估本文模型的分割性能。对比方法包括：2D_PSPNET[17]、3D_FCN PPM[18]、3D U-Net[19]、3D nnU-Net[13]、3D ResNet[20] 和 MSS U-Net[21]。在 KiTS19 数据集分割结果如图 3 所示，结果数据见表 1。

表 1　本文的模型和其他先进模型比较的结果

Table 1　Results comparing the proposed model with other advanced models

Method	$\text{Dice}_{\text{kidney}}$	$\text{IoU}_{\text{kidney}}$	$\text{HD}_{\text{kidney}}$/mm	$\text{Dice}_{\text{tumor}}$	$\text{IoU}_{\text{tumor}}$	HD_{tumor}/mm
2D_PSPNET[17]	0.902	–	–	0.638	–	–
3D_FCN_PPM[18]	0.927	–	–	0.802	–	–
3D U-Net[19]	0.964	0.931	26.704	0.811	0.718	69.560
3D nnU-Net[13]	0.961	0.926	26.549	0.851	0.766	39.305
3D ResNet[20]	0.964	0.931	18.259	0.851	0.765	39.736
MSS U-Net[21]	0.958	0.920	21.123	0.821	0.720	49.347
本文模型(3D nnU-Net backbone)	0.967	0.937	17.705	0.880	0.795	17.441

由表 1 可知，本文提出的模型获得了最佳的 $\text{Dice}_{\text{kidney}}$ 为 0.967，$\text{IoU}_{\text{kidney}}$ 为 0.937，$\text{HD}_{\text{kidney}}$ 为 17.705 mm。与此同时在 $\text{IoU}_{\text{kidney}}$ 方面，本文提出的模型比 3D U-Net[19] 高 0.6%。$\text{HD}_{\text{kidney}}$ 的第 2 名和第 3 名分别是 3D ResNet[20] 的 18.259 mm、MGRSeg 的 18.787 mm 和 MSS U-Net[21] 的 21.123 mm。在肿瘤分割性能方面，本文提出的模型取得最高的 $\text{Dice}_{\text{tumor}}$、为 0.880，$\text{IoU}_{\text{tumor}}$ 为 0.795，HD_{tumor} 为 17.441。$\text{Dice}_{\text{tumor}}$ 比 3D U-Net[19]、3D nnU-Net[13]、3D ResNet[20]、MSS U-Net[21] 分别高了 6.9%、2.9%、2.9%

和 5.9%,IoU_{tumor} 比第 2 名 3D nnU-Net[13] 和第 3 名 3D ResNet[20] 高了 2.9% 和 3.0%。本文模型的 HD_{tumor} 取得大幅提升,优于第 2 名 3D nnU-Net[13] 的 21.864 mm。

图 3 展示了 6 个不同肾脏和肿瘤分割结果的样品。图 3 中,绿色图显示肾脏,红色图显示肿瘤。与正确的图像标签(GT)相比,nnU-Net 存在肿瘤分割的遗漏以及肿瘤边缘分割不准确等问题。当肿瘤尺寸较小时、例如图 3(a)~(f)第 5、第 6 列中的情况,其他模型存在未能检测到整个肿瘤区域或只能检测到整个肿瘤区域的一小部分的问题。本文提出模型基于 AGCN 的模块则成功识别肾肿瘤。在图 3(a)~(f)第 1、第 2 列中肿瘤较大的情况下,本文提出的模型仍有精确的分割能力。在图 3(a)~(f)第 3、第 4 列中的情况,其他模型在识别肿瘤边缘时会将附近相似纹理特征的健康组织区域错误分割成肾肿瘤。本文的分割模型提高了这 2 个案例的分割性能,肿瘤的定位和弱边界识别结果更好。实验结果表明,包含本文模型在内的前五名的模型均使用基于 U-Net 框架,并且本文提出模型具有图推理的模块,相比没有基于图推理的模型在肾肿瘤分割上取得了更好的结果。本文所提的模型基于图推理,传播肾脏图像局部区域和肿瘤之间的空间分布,从而取得了最好的肾脏和肿瘤分割结果。

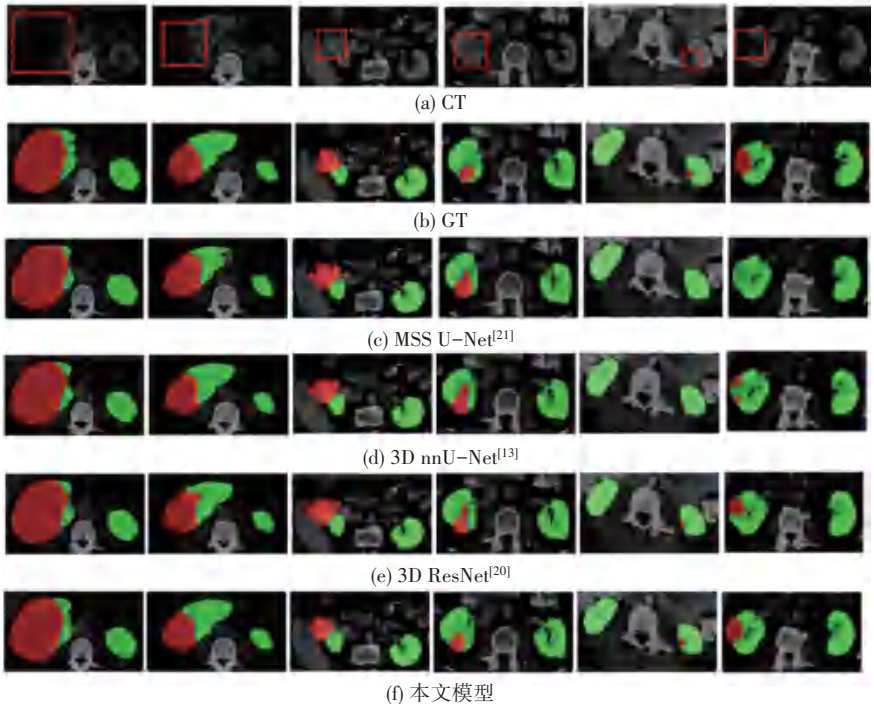


图 3 分割结果

Fig. 3 Segmentation results

3 结束语

在这项研究中,本文提出了一种基于自适应图卷积的分割模型。本文的方法的主要贡献是在卷积中加入了自适应卷积核,是根据节点特征动态生成的。本文的模型可以更灵活地生成节点特征,而不是使用捕获点之间无法区分的对应关系的固定卷积核。本文模型的有效性通过在 CT 的肾脏和肿瘤分割公共数据集 KiTS19 上进行验证,由此得到模型表现优于最新技术。

参考文献

[1] CHOW W H, DONG L M, DEVESA S S. Epidemiology and risk factors for kidney cancer[J]. Nature Reviews Urology, 2010, 7(5):245-257.

[2] LITJENS G, KOOI T, BEJNORDI B E, et al. A survey on deep learning in medical image analysis[J]. Medical Image Analysis, 2017, 42: 60-88.

[3] CUINGNET R, PREVOST R, LESAGE D, et al. Automatic detection and segmentation of kidneys in 3D CT images using random forests[C]// Proceedings of the International Conference on Medical Image Computing and Computer - Assisted Intervention. Cham:Springer, 2012: 66-74.

[4] HELLER N, ISENSEE F, MAIER-HEIN K H, et al. The state of the art in kidney and kidney tumor segmentation in contrast-enhanced CT imaging: Results of the KiTS19 Challenge[J]. Medical Image Analysis, 2019,67:101821.

[5] JIN Qiangguo, CUI Hui, SUN Changming, et al. Cascade knowledge diffusion network for skin lesion diagnosis and

segmentation[J]. Applied Soft Computing, 2021, 99: 106881.
[6] CUI Hui, XU Yiyue, LI Wanlong, et al. Collaborative learning of cross-channel clinical attention for radiotherapy-related esophageal fistula prediction from CT[C]//Proceedings of the International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2020: 212-220.
[7] GUO Yanming, LIU Yu, GEORGIOU T, et al. A review of semantic segmentation using deep neural networks [J]. International Journal of Multimedia Information Retrieval, 2018, 7: 87-93.
[8] PELT D M, SETHIAN J A. A mixed-scale dense convolutional neural network for image analysis[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018, 115: 254-259.
[9] ZHAO Wenshuai, JIANG Dihong, QUERALTA J P, et al. MSS U-Net: 3D segmentation of kidneys and tumors from CT images with a multi-scale supervised U-Net[J]. Informatics in Medicine Unlocked, 2020, 19: 100357.
[10] DUTANDE P, BAID U, TALBAR S. Deep residual separable convolutional neural network for lung tumor segmentation [J]. Computers in Biology and Medicine, 2022, 141: 105161.
[11] ZHU Xizhou, HU Han, LIN S, et al. Deformable convnets v2: More deformable, better results[C]// Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Piscataway, NJ: IEEE, 2019: 9308-9316.
[12] ISENSEE F, PETERSEN J, KLEIN A, et al. NNU-net: Self-adapting framework for u-net-based medical image segmentation [J]. Nature Methods, 2021, 18: 203-211.
[13] HELLER N, SATHIANATHEN N, KALAPARA A, et al. The kits19 challenge data: 300 kidney tumor cases with clinical context, ctsemantic segmentations, and surgical outcomes [J]. arXiv preprint arXiv, 1904. 00445, 2019.
[14] ZOU K H, WARFIELD S K, BHARATHA A, et al. Statistical validation of image segmentation quality based on a spatial overlapindex1: scientific reports[J]. Academic Radiology, 2004, 11(2): 178 - 189.
[15] CSURKA G, LARLUS D, PERRONNIN F, et al. What is a good evaluation measure for semanticsegmentation? [C]// Proceedings of the British Machine Vision Conference. Bristol, UK: BMVA, 2013: 32.
[16] HUTTENLOCHER D P, KLANDERMAN G A, RUCKLIDGE W J. Comparing images using the hausdorffdistance[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis Machine Intelligence, 1993, 15: 850-863.
[17] ZHAO Hengshuang, SHI Jianping, QI Xiaojuan, et al. Pyramid scene parsing network[C]// Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Piscataway, NJ: IEEE, 2017: 2881-2890.
[18] YANG Guanyu, LI Guoqing, PAN Tan, et al. Automatic segmentation of kidney and renal tumor in ct images based on 3D fully convolutional neural network with pyramid pooling module [C]// Proceedings of the 24th International Conference on Pattern Recognition (ICPR). Piscataway, NJ: IEEE, 2018: 3790-3795.
[19] CICEK O, ABDULKADIR A, LIENKAMP S S, et al. 3D U-net: Learning dense volumetric segmentation from sparse annotation[C]//Proceedings of the International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2016: 424-432.
[20] CHEN Yunpeng, ROHRBACH M, YAN Zhicheng, et al. Graph-based global reasoning networks [C]// Proceedings of 2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ: IEEE, 2019: 433-442.
[21] HE Kaiming, ZHANG Xiangyu, REN Shaoqing, et al. Deep residual learning for image recognition[C]// Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Piscataway, NJ: IEEE, 2016: 770-778.