

## 基于3D深度残差网络和多模态MRI的脑胶质瘤自动分级

王瑞<sup>1</sup>, 刘志强<sup>2</sup>, 齐崇<sup>1</sup>, 孟蓝熙<sup>1</sup>, 李少武<sup>1</sup>

1. 北京市神经外科研究所/首都医科大学附属北京天坛医院, 北京 100070; 2. 国家癌症中心/国家肿瘤临床医学研究中心/中国医学科学院北京协和医学院肿瘤医院放疗科, 北京 100021

**【摘要】目的:**利用3D深度残差网络和多模态MRI实现对脑胶质瘤的自动分级。**方法:**利用BraTS2020公共数据集的293例高级别胶质瘤(HGG)和76例低级别胶质瘤(LGG)的多模态MRI数据训练和测试3D深度残差卷积网络模型。多模态MRI图像经过3D剪裁、重采样和归一化的预处理,随机分组为训练(64%)、验证(16%)和测试(20%)样本,将预处理后的多模态MRI图像和分级标注输入到网络模型进行训练、验证和测试。利用准确率(ACC)和受试者工作特征(ROC)曲线下面积(AUC)评价分级结果。**结果:**在59例(48例HGG和11例LGG)验证数据集上,ACC和AUC分别为0.93和0.97,在75例(62例HGG和13例LGG)测试数据集上,ACC和AUC分别为0.89和0.93。**结论:**3D深度残差网络在多模态MRI数据集上获得了较好的脑胶质瘤自动分级结果,可以为确定治疗方案和预测预后方面提供重要参考。

**【关键词】**脑胶质瘤;自动分级;3D深度残差网络;多模态MRI

**【中图分类号】**R318;R739.4

**【文献标志码】**A

**【文章编号】**1005-202X(2022)10-1236-08

## Automated glioma grading based on 3D deep residual network and multimodal MRI

WANG Rui<sup>1</sup>, LIU Zhiqiang<sup>2</sup>, QI Chong<sup>1</sup>, MENG Lanxi<sup>1</sup>, LI Shaowu<sup>1</sup>

1. Beijing Neurosurgical Institute/Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University, Beijing 100070, China; 2. National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Department of Radiotherapy, Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing 100021, China

**Abstract: Objective** To achieve automated glioma grading using 3D deep residual network and multimodal MRI. **Methods** The multimodal MRI data of 293 high grade gliomas (HGG) and 76 low grade gliomas (LGG) from the BraTS2020 public dataset were used to train and test the 3D deep residual network. After being preprocessed by 3D clipping, resampling and normalization, the multimodal MRI images and grade labeling were input into the network model for training (64%), validation (16%) and testing (20%). The glioma grading performance of the 3D deep residual network was evaluated in terms of accuracy (ACC), area under the receiver operating characteristic (ROC) curve (AUC). **Results** The ACC and AUC were 0.93 and 0.97 in the 59 cases from validation dataset (48 cases of HGG and 11 cases of LGG), and 0.89 and 0.93 in the 75 cases from testing dataset (62 cases of HGG and 13 cases of LGG). **Conclusion** The 3D deep residual network has a good performance in automated glioma grading on multi-modal MRI dataset, and it can provide significant reference for treatment option determination and prognosis prediction.

**Keywords:** glioma; automated grading; 3D deep residual network; multimodal MRI

**【收稿日期】**2022-05-26

**【基金项目】**中国医学科学院医学与健康科技创新工程项目(2022-I2M-C&T-B-075);国家自然科学基金(11905295, 81901115);中国癌症基金会“北京希望马拉松”专项基金(LC2021B01)

**【作者简介】**王瑞,博士,讲师,主要研究方向:多模态磁共振影像, E-mail: ruiwang0903@sina.com

**【通信作者】**刘志强,博士,副研究员,主要研究方向:人工智能在肿瘤放射治疗中的应用, E-mail: zhiqiang.liu@cicams.ac.cn; 李少武,博士,主任医师,主要研究方向:功能磁共振影像, E-mail: lys5@sina.com

## 前言

脑胶质瘤是最常见的脑部肿瘤<sup>[1]</sup>,根据2016版世界卫生组织(World Health Organization, WHO)中枢神经系统肿瘤分类标准<sup>[2]</sup>,脑胶质瘤可以分为I~IV级:I级和II级为低级别脑胶质瘤(Low Grade Gliomas, LGG), III级和IV级为高级别脑胶质瘤(High Grade Gliomas, HGG)。其中LGG生长速度较慢,通常手术辅助其他治疗手段预后较好,而HGG生长迅速、恶性程度高、侵袭性强,患者在手术切除后仍有很高的病死率,术后需要进一步辅助放疗和化疗,生存预后差。因此,脑胶质瘤

的准确分级在确定治疗方案和预测预后方面起着重要作用。磁共振成像(Magnetic Resonance Imaging, MRI)已被广泛应用于脑胶质瘤的无创诊断、监控和随访<sup>[3]</sup>。与单模态MRI相比,多模态MRI:包括T<sub>1</sub>加权像(T<sub>1</sub>)、T<sub>1</sub>对比增强加权像(T<sub>1</sub>C)、T<sub>2</sub>加权像(T<sub>2</sub>)、T<sub>2</sub>液体衰减反转恢复像(FLAIR)、灌注加权像、弥散加权像、弥散张量加权像和波谱等,可以提供更丰富的肿瘤信息,为肿瘤的精确分级提供基础。目前,脑胶质瘤分级的标准方法基于组织病理学分析,存在以下局限性:(1)活检是一种侵入性手术,有潜在的风险;(2)由于MRI图像上的肿瘤信号不均匀,活检可能存在固有的取样误差;(3)不同检验者之间可能存在观察的不确定性;(4)组织病理学分析费时,可能会延误诊断。为克服以上缺点,发展计算机辅助脑胶质瘤的自动分级技术尤为重要。如何利用多模态MRI提供的丰富信息,快速实现脑胶质瘤精确的自动分级是具有挑战性的问题。

传统的模式识别和机器学习方法(如线性判别分析<sup>[4-5]</sup>、K-均值聚类<sup>[6]</sup>、决策树<sup>[7]</sup>、支持向量机<sup>[8-9]</sup>等)已经应用于单模态或多模态MRI图像实现脑胶质瘤的分级,传统的方法需要手动勾画感兴趣区域(Region of Interests, ROIs),基于ROIs提取肿瘤形状和统计特征、MRI图像强度特征、以及图像纹理特征等用于图像分类。这些方法训练模型前需手动勾画ROIs和特征提取,这个过程耗费时间和精力、并且依赖经验,从而影响分级效率和准确性。

深度卷积神经网络在图像识别方面有很好的应用效果<sup>[10-14]</sup>,与传统方法相比,训练模型的过程中可自动提取全面的图像特征,在肿瘤自动分级应用方面有很大的潜力,尤其是深度残差网络(Residual Network, ResNet)<sup>[15-16]</sup>,它具有容易优化、增加深度提高准确性而不引起梯度消失的特点,同时考虑不同层面的MRI图像具有序列信息,二维网络提取特征会丢失掉部分信息,而三维(3D)网络可以更好地捕获序列信息和空间维度特征,而且不同模态的MRI具有不同的图像信息。本研究基于3D深度残差网络和多模态MRI图像实现脑胶质瘤的自动分级。

# 1 资料和方法

脑胶质瘤自动分级工作流程(图1)主要包括:(1)多模态MRI图像预处理;(2)预处理后的多模态MRI图像和胶质瘤分级标签(LGG或HGG)输入3D深度残差网络模型进行训练和验证,确定最终的模型;(3)新患者的多模态MRI图像进行预处理;(4)预处理后的多模态MRI图像输入到已经训练好的3D深度残差网络模型得到分级结果(LGG或HGG)。

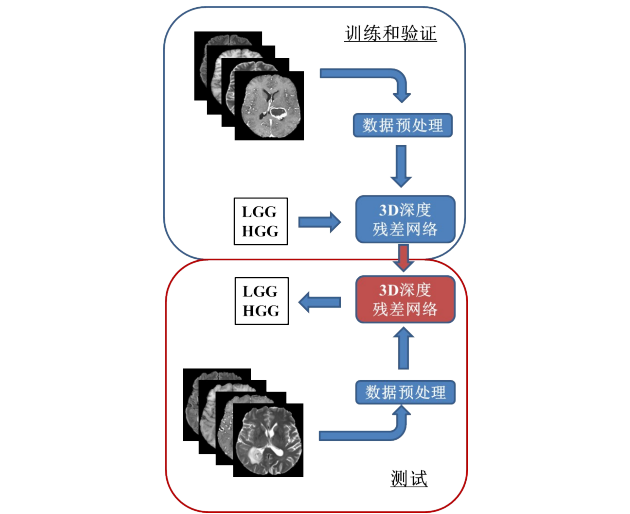


图1 基于3D深度残差网络和多模态MRI的脑胶质瘤自动分级流程图  
Figure 1 Flowchart of automated glioma grading based on 3D deep residual network and multimodal MRI

## 1.1 数据

本研究中用于训练和测试3D深度残差网络模型的数据来自BraTS2020公共数据集<sup>[17-19]</sup>,包括369例脑胶质瘤,其中HGG 293例、LGG 76例。每例术前MRI图像均包含T<sub>1</sub>、T<sub>1</sub>C、T<sub>2</sub>和FLAIR 4个模态的图像(图2)。这些数据来自于多家机构的不同扫描设备,由1~4名医生手动勾画肿瘤区域,包括增强肿瘤区(Enhancing Tumor, ET)、瘤周水肿区域(Peritumoral Edema, ED)、坏死和非增强肿瘤核心区域(Necrotic/Non-enhancing Tumor Core, NCR/NET),并由神经放射科医生确认,根据组织病理学分析确定胶质瘤分级并作为金标准用于模型训练和测试。多模态MRI图像已经与标准空间的参考图像进行配准,并将颅骨剥离分离出大脑区域,将大脑图像重新采样至(1×1×1) mm<sup>3</sup>体素分辨率,所有肿瘤区域的并集生成MASK结构。

## 1.2 数据预处理

脑胶质瘤多模态MRI图像3D空间每个维度都具有复杂的成像特征,为了充分利用所有空间维度信息,本研究利用3D空间表示脑胶质瘤的异质性,即按照3D脑组织的边界轮廓对MRI图像和MASK结构进行3D裁剪,并重新采样到64×64×64的体素,多模态MRI图像和MASK结构作为模型输入。为了减少非标准MRI强度值伪影,对多模态MRI图像进行归一化处理,如公式(1)所示:

$$x_{\text{norm}} = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

(1)

其中,x表示每个模态MRI的强度值,μ表示MRI图像中整个大脑非肿瘤区域强度值的平均值,σ表示对应的标准差。归一化后的强度值截断在[-5, 5]区间,并最终归一到[0, 1]之间,图3是归一化后的多模态MRI图像强度值分布。

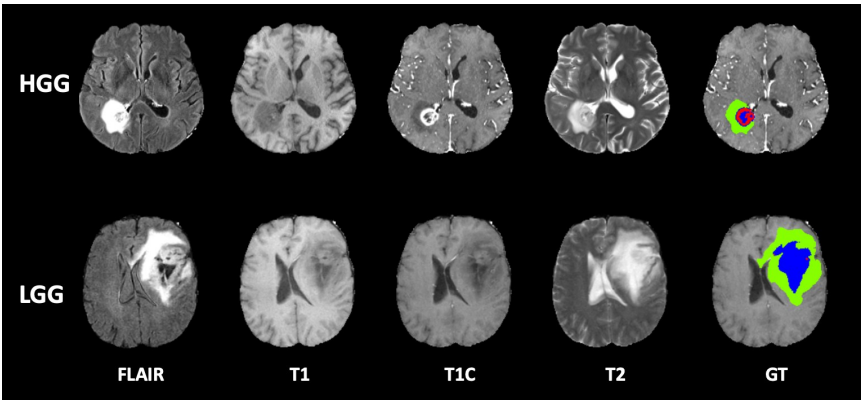


图2 脑胶质瘤多模态MRI图像和肿瘤区域

Figure 2 Multimodal MRI of glioma and tumor regions

蓝色: ET,红色:NCR/NET,绿色:ED

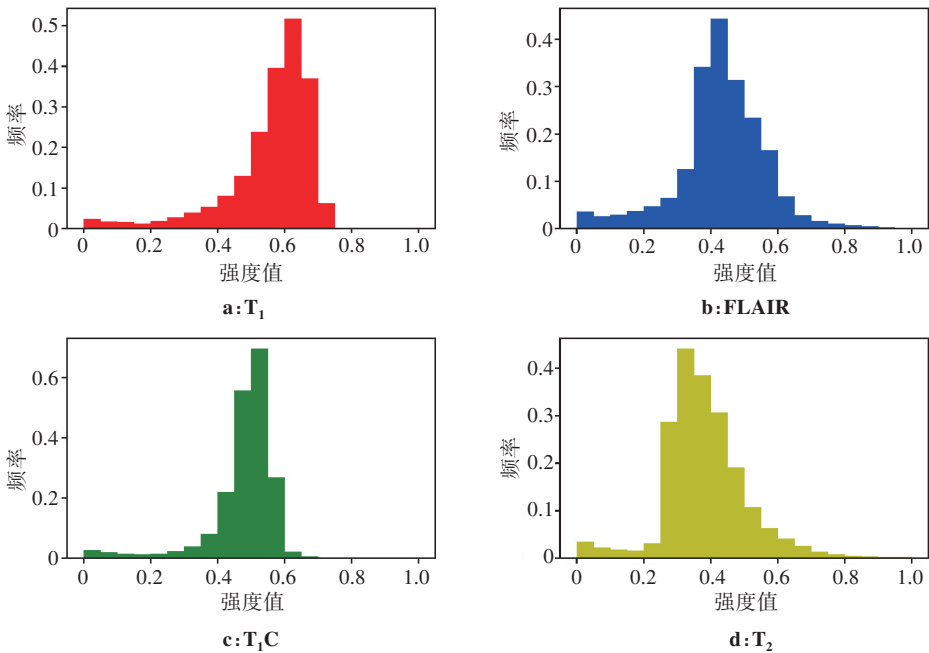


图3 脑胶质瘤多模态MRI图像归一化后的强度值分布

Figure 3 Image intensity distributions after normalization of multimodal MRI of glioma

1.3 3D深度残差网络模型

本研究采用的3D深度残差网络模型如图4所示,图4a是20层的3D残差网络模型框架,图4b~d分别是3个残差模块:Res-Block 0、Res-Block 1、Res-Block 2<sup>[16]</sup>。多模态的3D-MRI图像和肿瘤区3D-MASK作为模型输入,经过卷积核是3×3×3、特征图数量是16、步长(Stride)是1的3D卷积(Conv3D),连接正则归一化Batch Norm和激活函数ReLU,连接残差块 Res-Block 0和Res-Block 1的组合、两次残差块 Res-Block 2和Res-Block 1的组合,特征图数量从64过渡到256,图像尺寸从64×64×64降到16×16×16,连接正则归一化Batch Norm、激活函数ReLU、平均池化(Average Pooling)和Flatten,经过全连接层Fully-connected layer后,通过分类器Softmax classifier实现

高低级别胶质瘤分类。

1.4 训练和测试

369例脑胶质瘤(293例HGG和76例LGG)数据样本分别被随机分成训练样本(64%),验证样本(16%)和测试样本(20%)。训练过程中通过优化输入数据结构和模型超参数,最终确定4个MRI模态的整个脑部区域和1个肿瘤MASK区域同时作为输入,网络模型的输入数据维度是5×64×64×64,设置超参数BatchSize为2,选择Adam优化器沿着梯度下降的方向优化模型,即每迭代2个训练样本更新一次优化权值,设置最大迭代次数Epochs为100,设置初始学习率(Learning Rate, LR)为1e<sup>-4</sup>。

本研究采用二值交叉熵函数Binary Crossentropy作为损失函数,如公式(2)所示:



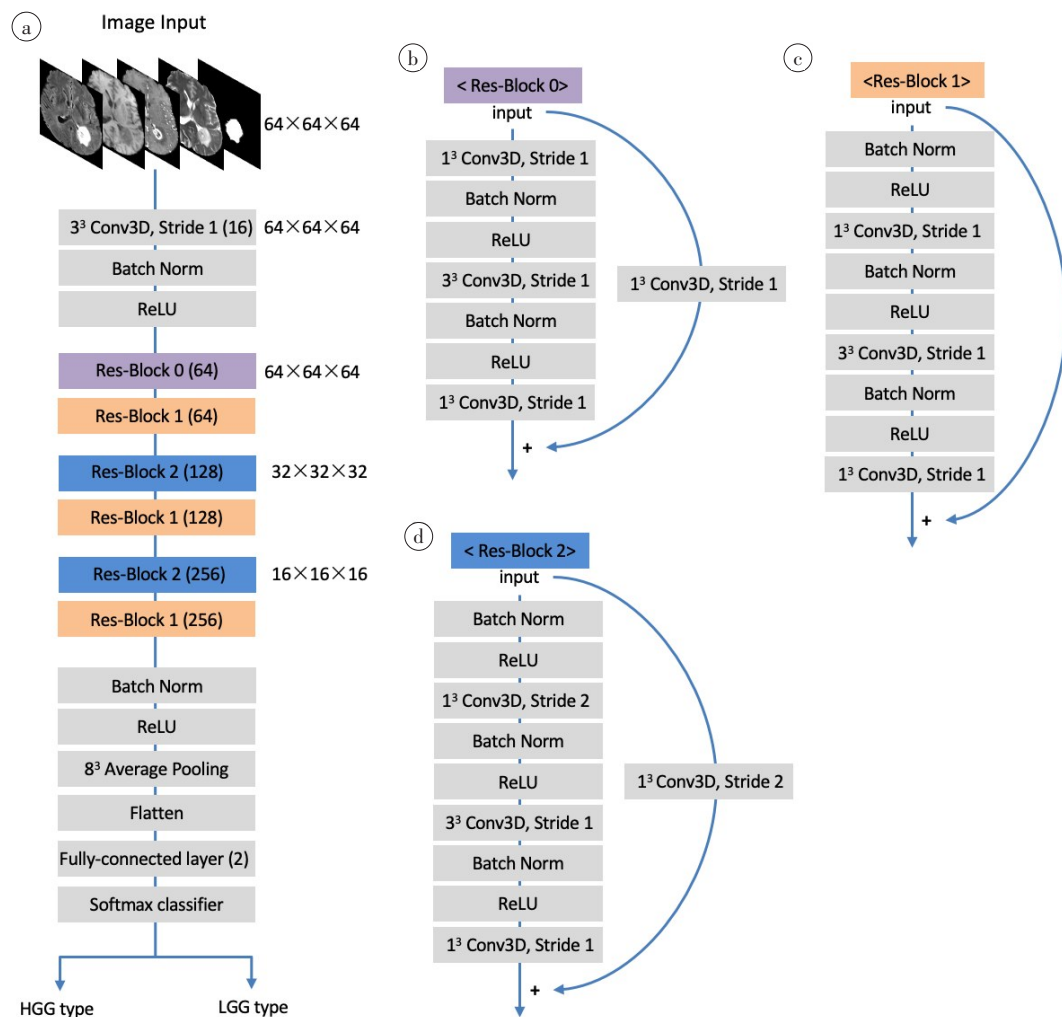


图4 基于3D深度残差网络的脑胶质瘤自动分级模型

Figure 4 Automated glioma grading model based on 3D deep residual network

a: 20层的3D残差网络模型框架,图b~d分别为残差模块 Res-Block 0、Res-Block 1、Res-Block 2

$$\text{Loss}_{\text{BC}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \{ y_i \cdot \log(p(y_i)) + (1 - y_i) \cdot \log(1 - p(y_i)) \} \quad (2)$$

其中,  $y_i$  是第  $i$  个样本的标签, HGG 标记为 1, LGG 标记为 0,  $N$  是参与计算的样本数量,  $p(y_i)$  代表第  $i$  个样本预测为 HGG 的概率。

训练过程中自动调整 LR, 即训练迭代次数增加 10 次后, 验证数据集上的损失函数不再减小, LR 减小为原来的一半。为避免出现过拟合现象, 训练过程中应用数据增强和 Early-Stopping 技术, 数据增强是训练过程中将数据进行随机翻转或旋转以增加训练数据的多样性, Early-Stopping 是训练迭代 30 次后, 验证数据集上的损失函数不再减小, 停止继续迭代, 保留在验证数据上损失函数最小的模型作为最终的模型。

对于测试样本, 将每例患者的多模态 MRI 图像经过 1.2 节中的预处理后输入到已经训练好的 3D 深度残差网络模型, 即可以得到肿瘤的自动分级结果。

1.5 评价

分类结果的评价基于准确率 (Accuracy, ACC)、敏感性 (Sensitivity, SEN)、特异性 (Specificity, SPE)、受试者工作特征 (Receiver Operating Characteristic, ROC) 曲线下面积 (Area Under Curve, AUC)。定义高低级别胶质瘤混合矩阵 (表 1), 即患者被识别为 HGG 为正例 (Positive) 事件, 被识别为 LGG 为负例 (Negative) 事件。预测为 HGG, 实际为 HGG, 即为正确的正例事件 (True Positive, TP); 预测为 LGG, 实际为 LGG, 即为正确的负例事件 (True Negative, TN); 预测为 HGG, 实际为 LGG, 即为错误的正例事件 (False Positive, FP); 预测为 LGG, 实际为 HGG, 即为错误的负例事件 (False Negative, FN), 其中计算概率阈值设置为 0.5, 即预测概率  $\geq 0.5$  时被识别为高级别 HGG, 否则被识别为 LGG。

ACC 表示预测正确的样本占有所有样本的比例, 如公式 (3) 所示:

$$ACC = \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN} \tag{3}$$

SEN 表示实际为正例的样本中,被预测为正例的样本比例,即 HGG 样本中被预测为 HGG 的比例,如公式(4)所示:

$$SEN = \frac{TP}{TP + FN} \tag{4}$$

SPE 表示在实际为负例的样本中,被预测为负例的样本比例,即 LGG 样本中被预测为 LGG 的比例,如公式(5)所示:

$$SPE = \frac{TN}{TN + FP} \tag{5}$$

表 1 高低级别脑胶质瘤混合矩阵  
Table 1 Confusion matrix of high and low grade gliomas

	HGG(预测)	LGG(预测)	合计
HGG(实际)	TP	FN	TP+FN
LGG(实际)	FP	TN	FP+TN
合计	TP+FP	FN+TN	TP+FN+FP+TN

## 2 结 果

本研究的验证数据集包括随机选出的 59 例脑胶质瘤样本,其中 HGG 48 例、LGG 11 例;测试数据集包括随机选出的 75 例脑胶质瘤样本,其中 HGG 62 例、LGG 13 例。图 5 是 3D 深度残差网络预测脑胶质瘤分级表现的 ROC 曲线,对于验证数据集,SEN、SPE、ACC 和 AUC 分别为 0.94、0.91、0.93、0.97;对于测试数据集,SEN、SPE、ACC 和 AUC 分别为 0.95、

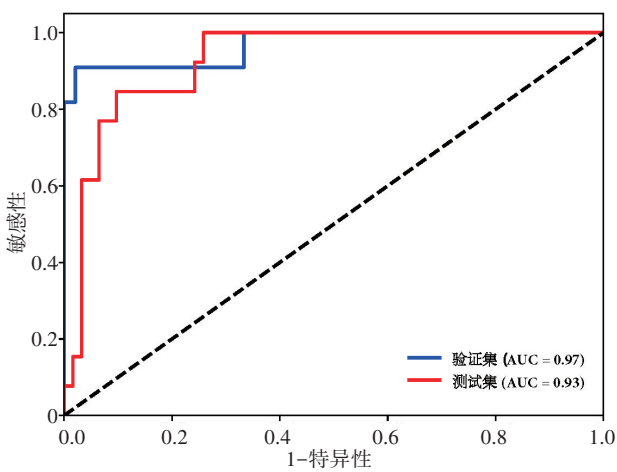


图 5 3D 深度残差网络预测脑胶质瘤的分级表现  
Figure 5 Performance of 3D deep residual network in glioma grading

0.62、0.89 和 0.93。  
本研究分别探究了不同的图像区域、不同的 MRI 模态组合作为输入数据,以及使用不同的数据增强方式和网络模型超参数组合时数据的分类结果。(1)表 2 是不同的图像区域作为输入数据的分类结果,其中参考模型代表 1.2 小节数据预处理中的输入数据,肿瘤区域代表只提取多模态 MRI 图像中的肿瘤 MASK 区域;(2)表 3 是不同的 MRI 模态组合作为输入数据的分类结果,其中参考模型代表 4 个模态(T<sub>1</sub>、T<sub>1</sub>C、T<sub>2</sub>和 FLAIR)MRI 和 MASK 区域;(3)表 4 是不同数据增强方式的分类结果,其中参考模型代表使用翻转和旋转的组合作为数据增强方式;(4)表 5 是使用不同网络模型超参数组合的分类结果,其中参考模型代表使用 1.3 和 1.4 小节描述的超参数。

表 2 不同图像区域作为输入数据的分类结果  
Table 2 Classification results with different image regions as input

模型	验证数据集				测试数据集			
	SEN	SPE	ACC	AUC	SEN	SPE	ACC	AUC
参考模型	0.94	0.91	0.93	0.97	0.95	0.62	0.89	0.93
肿瘤区域	0.98	0.73	0.93	0.90	0.92	0.54	0.85	0.78

## 3 讨 论

脑胶质瘤的准确分级在精确制定治疗方案和预测预后方面起着重要作用,侵入性活检存在潜在风险和固有的取样误差,不同检验者的观察存在不确定性且组织病理分析费时费力,自动分级技术可以克服活检存在的以上缺点。相比于传统的模式识别和机器学习方法,基于深度学习方法近几年的研

究热点,非常具有潜力。本文将 3D 深度残差网络应用在多模态 MRI 数据上实现了对高低级别脑胶质瘤的自动分级,文中利用的 BraTS2020 数据集是目前公开可以利用的多模态 MRI 数据样本,包含的数据丰富,是测试算法的优质数据库。本文采用了 20 层的 3D 深度残差网络模型,二值交叉熵函数 BinaryCrossentropy 作为损失函数,从不同角度(即不同的图像区域、MRI 模态组合作为输入数据,使用不

表3 不同MRI模态组合作为输入数据的分类结果

Table 3 Classification results with different combinations of MRI modality as input

模型	验证数据集				测试数据集			
	SEN	SPE	ACC	AUC	SEN	SPE	ACC	AUC
参考模型	0.94	0.91	0.93	0.97	0.95	0.62	0.89	0.93
[T <sub>1</sub> , MASK]	0.98	0.64	0.92	0.92	0.89	0.46	0.81	0.70
[T <sub>1</sub> C, MASK]	0.96	0.73	0.92	0.92	0.92	0.62	0.87	0.90
[FLAIR, MASK]	0.98	0.36	0.86	0.92	0.97	0.08	0.81	0.78
[T <sub>2</sub> , MASK]	0.85	0.82	0.85	0.87	0.73	0.46	0.68	0.73
[T <sub>1</sub> , T <sub>1</sub> C, MASK]	1.00	0.91	0.98	0.94	0.92	0.62	0.87	0.88
[T <sub>1</sub> , FLAIR, MASK]	1.00	0.45	0.90	0.80	0.97	0.31	0.85	0.81
[T <sub>1</sub> , T <sub>2</sub> , MASK]	0.96	0.73	0.92	0.92	0.94	0.54	0.87	0.85
[T <sub>1</sub> C, FLAIR, MASK]	0.98	0.64	0.92	0.80	0.92	0.62	0.87	0.94
[T <sub>1</sub> C, T <sub>2</sub> , MASK]	0.90	0.82	0.88	0.88	0.85	0.54	0.80	0.87
[FLAIR, T <sub>2</sub> , MASK]	0.98	0.55	0.90	0.87	0.89	0.54	0.83	0.82
[T <sub>1</sub> , T <sub>1</sub> C, FLAIR, MASK]	1.00	0.64	0.93	0.80	0.89	0.46	0.81	0.88
[T <sub>1</sub> , T <sub>1</sub> C, T <sub>2</sub> , MASK]	0.98	0.73	0.93	0.96	0.95	0.54	0.88	0.90
[T <sub>1</sub> C, FLAIR, T <sub>2</sub> , MASK]	1.00	0.55	0.92	0.78	0.95	0.38	0.85	0.79
[T <sub>1</sub> , FLAIR, T <sub>2</sub> , MASK]	0.96	0.64	0.90	0.92	0.85	0.62	0.81	0.85
[T <sub>1</sub> , T <sub>1</sub> C, FLAIR, T <sub>2</sub> ]	0.94	0.73	0.90	0.92	0.92	0.38	0.83	0.90

表4 不同数据增强方式的分类结果

Table 4 Classification results of different data augmentation manners

模型	验证数据集				测试数据集			
	SEN	SPE	ACC	AUC	SEN	SPE	ACC	AUC
参考模型	0.94	0.91	0.93	0.97	0.95	0.62	0.89	0.93
不增强	1.00	0.45	0.90	0.76	0.95	0.23	0.83	0.84
翻转	0.94	0.73	0.90	0.89	0.94	0.69	0.89	0.89
旋转	1.00	0.55	0.92	0.76	0.94	0.46	0.85	0.86
缩放	0.98	0.45	0.88	0.79	0.92	0.38	0.83	0.83
翻转和缩放	0.98	0.64	0.92	0.82	0.98	0.31	0.87	0.90
旋转和缩放	1.00	0.45	0.90	0.78	0.92	0.31	0.81	0.72

表5 不同网络模型超参数组合的分类结果

Table 5 Classification results of different model superparameter combinations

模型	验证数据集				测试数据集			
	SEN	SPE	ACC	AUC	SEN	SPE	ACC	AUC
参考模型	0.94	0.91	0.93	0.97	0.95	0.62	0.89	0.93
4 <sup>3</sup> Avg Pooling	1.00	0.45	0.90	0.85	0.90	0.38	0.81	0.81
8 <sup>3</sup> Max Pooling	1.00	0.36	0.88	0.87	0.98	0.15	0.84	0.74
BatchSize=4	0.96	0.73	0.92	0.86	0.90	0.46	0.83	0.85
BatchSize=1	0.98	0.45	0.88	0.79	0.89	0.08	0.75	0.66
LR=1e <sup>-5</sup>	1.00	0.09	0.83	0.76	0.98	0.0	0.81	0.78
LR=1e <sup>-3</sup>	1.00	0.09	0.83	0.73	0.94	0.08	0.79	0.64

同的数据增强方式和网络模型超参数组合)来优化模型,初步结果表明多模态 MRI 和肿瘤 MASK 区域的组合比只考虑多模态 MRI 肿瘤 MASK 区域的结果要好(表 2);如果只考虑单模态 MRI 图像序列,  $T_1C$  的预测效果最好,如果考虑 2 个模态 MRI 图像序列,  $[T_1C, T_1]$ 或 $[T_1C, FLAIR]$ 的组合预测效果较好,如果考虑 3 个模态的 MRI 图像序列,  $[T_1, T_1C, T_2]$ 的组合

预测效果较好(表 3);训练过程中数据进行增强处理可以提高预测精度,旋转和翻转组合的方式预测效果最好(表 4)。同时,进一步探究了通过增加网络深度评价模型的表现,从初步实验结果(表 6)可以看到通过将网络深度增加到 56 层<sup>[15-16]</sup>,测试数据集的 ACC 和 AUC 并没有提高。

表 6 不同深度的残差网络模型的分类结果  
Table 6 Classification results of residual networks with different depths

模型	验证数据集				测试数据集			
	SEN	SPE	ACC	AUC	SEN	SPE	ACC	AUC
本文模型	0.94	0.91	0.93	0.97	0.95	0.62	0.89	0.93
ResNet56v2 <sup>[7-8]</sup>	1.00	0.82	0.97	0.95	0.95	0.46	0.87	0.93

不同研究者利用深度学习网络在脑胶质瘤自动分级方面进行了不同的探索(表 7)。Yang 等<sup>[20]</sup>利用 2D 的 GoogLeNet 和 AlexNet 网络,在 113 例 5 折交叉验证数据集上,考虑  $T_1C$  模态作为输入从头开始训练,GoogLeNet 网络在验证数据集的 ACC、测试数据集的 ACC 和 AUC 分别为 0.87、0.91 和 0.94, AlexNet 网络在验证数据集的 ACC、测试数据集的 ACC 和 AUC 分别为 0.87、0.86 和 0.90。Naser 等<sup>[21]</sup>利用 VGG16 网络,在 110 例 LGG 的 5 折交叉验证数据集上,考虑  $T_1$ 、FLAIR、 $T_1C$  的 MRI 图像数据作为输入进行迁移学习,实现对 II 级和 III 级胶质瘤的分级 ACC 为 0.89。Ge 等<sup>[22]</sup>基于 2D CNN 模型,在 295 例

BraTS2017 数据集上,考虑 4 个模态 MRI 图像作为输入,在测试数据集上实现 LGG 和 HGG 分类的 ACC 为 0.91。Shahzadi 等<sup>[23]</sup>使用 VGGNet-LSTM 模型,在 60 例 BraTS2015 数据集上,考虑单模态 FLAIR 图像作为输入数据,在测试数据集上实现 LGG 和 HGG 分类 ACC 为 0.84。与前述研究相比,本文在 BraTS2020 数据集上,考虑 4 个模态的 MRI 数据和肿瘤 MASK 区域作为模型输入从头开始训练,在验证数据集上,ACC 和 AUC 分别为 0.93 和 0.97,在测试数据集上,ACC 和 AUC 分别为 0.89 和 0.93。本研究采用的数据是目前公开可以利用的数据,虽然与其他研究者用的数据不同,但初步结果表明与其他研究者的结果相近。

表 7 不同模型预测脑胶质瘤分级结果比较  
Table 7 Comparison of the performances of different models in glioma grading

模型	结果	数据源	MRI 模态
本文模型	ACC=0.93	BraTS2020	$T_1, T_1C, T_2, FLAIR$
GoogLeNet <sup>[20]</sup>	ACC=0.91	113 Glioma (Local Hospital)	$T_1C$
AlexNet <sup>[20]</sup>	ACC=0.87	113 Glioma (Local Hospital)	$T_1C$
VGG16 <sup>[21]</sup>	ACC=0.89	TCIA <sup>[24]</sup>	$T_1, T_1C, FLAIR$
2D CNN <sup>[22]</sup>	ACC=0.91	BraTS2017	$T_1, T_1C, T_2, FLAIR$
VGGNet-LSTM <sup>[23]</sup>	ACC=0.84	BraTS2015	FLAIR

BraTS: Brain Tumor Segmentation; TCIA: The Cancer Imaging Archive

本文利用 BraTS2020 公开数据集,应用 3D 深度残差网络在多模态的 MRI 图像上实现了对高、低级别脑胶质瘤的自动分级。研究采用的网络模型不局限于对脑胶质瘤的自动分级,还可以实现对其他肿

瘤的分级。同时可以应用在更多的医学图像处理领域,比如可用于脑胶质瘤基因状态预测和患者生存期预测等方面,从而为精准医疗的实现提供更多助力。

## 【参考文献】

- [1] Inda MM, Bonavia R, Seoane J. Glioblastoma multiforme: a look inside its heterogeneous nature[J]. *Cancers*, 2014, 6(1): 226-239.
- [2] Van Den Bent MJ, Weller M, Wen PY, et al. A clinical perspective on the 2016 WHO brain tumor classification and routine molecular diagnostics[J]. *Neuro Oncol*, 2017, 19(5): 614-624.
- [3] Mohan G, Subashini MM. MRI based medical image analysis: survey on brain tumor grade classification[J/OL]. *Biomed Signal Proces*, 2018, 39: 139-161.
- [4] Caulo M, Panara V, Tortora D, et al. Data-driven grading of brain gliomas: a multiparametric MR imaging study[J]. *Radiology*, 2014, 272(2): 494-503.
- [5] Tate AR, MajóS C, Moreno A, et al. Automated classification of short echo time *in vivo* 1H brain tumor spectra: a multicenter study[J]. *Magn Reson Med*, 2003, 49(1): 29-36.
- [6] Mouthuy N, Cosnard G, Abarca-Quinones J, et al. Multiparametric magnetic resonance imaging to differentiate high-grade gliomas and brain metastases[J]. *J Neuroradiol*, 2012, 39(5): 301-307.
- [7] Zacharaki EI, Morita N, Bhatt P, et al. Survival analysis of patients with high-grade gliomas based on data mining of imaging variables[J]. *AJNR Am J Neuroradiol*, 2012, 33(6): 1065-1071.
- [8] Zacharaki EI, Wang S, Chawla S, et al. Classification of brain tumor type and grade using MRI texture and shape in a machine learning scheme[J]. *Magn Reson Med*, 2009, 62(6): 1609-1618.
- [9] Emblem KE, Zoellner FG, Tennoe B, et al. Predictive modeling in glioma grading from MR Perfusion images using support vector machines[J]. *Magn Reson Med*, 2008, 60(4): 945-952.
- [10] Krizhevsky A, Sutskever I, Hinton GE. Imagenet classification with deep convolutional neural networks[C]. *Advances In Neural Information Processing Systems*, 2012: 1-9.
- [11] Simonyan K, Zisserman A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[J]. *Arxiv*, arxiv: 1409.1556, 2015.
- [12] Sermanet P, Eigen D, Zhang X, et al. Overfeat: integrated recognition, localization and detection using convolutional networks[J]. *Arxiv*, arxiv: 1312.6229, 2013.
- [13] Girshick R, Donahue J, Darrell T, et al. Rich feature hierarchies for accurate object detection and semantic segmentation[C]. *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 2015, 794: 1-15.
- [14] Ren SQ, He K, Girshick R, et al. Faster R-CNN: towards real-time object detection with region proposal networks[J]. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell*, 2017, 39(6): 1137-1149.
- [15] He KM, Zhang XY, Ren SQ, et al. Resnet: deep residual learning for image recognition[J]. *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 27-30 June 2016, Las Vegas, NV, USA, 2016.
- [16] He KM, Zhang XY, Ren SQ, et al. Identity mappings in deep residual networks[C]. *European Conference on Computer Vision*, 2016: 630-645.
- [17] Menze BH, Jakab A, Bauer S, et al. The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS)[J/OL]. *IEEE Trans Med Imaging*, 2015, 34(10): 1993-2024.
- [18] Bakas S, Akbari H, Sotiras A, et al. Advancing the cancer genome atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features[J]. *Sci Data*, 2017, 4(1): 170117.
- [19] 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*, arxiv: 1811.02629v2, 2018.
- [20] Yang Y, Yan LF, Zhang X, et al. Glioma grading on conventional MR images: a deep learning study with transfer learning[J]. *Front Neurosci*, 2018, 12: 804.
- [21] Naser MA, Deen MJ. Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in MRI images[J]. *Comput Biol Med*, 2020, 121: 103758.
- [22] Ge CJ, Gu YH, Jakola AS, et al. Deep semi-supervised learning for brain tumor classification[J]. *BMC Med Imaging*, 2020, 20(1): 87.
- [23] Shahzadi I, Tang TB, Meriadeau F, et al. CNN-LSTM: cascaded framework for brain tumour classification[C]. *2018 IEEE-EMBS Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES)*. IEEE, 2018: 633-637. DOI:10.1109/IECBES.2018.8626704.
- [24] National Cancer Institute. TCGA-LGG - the cancer imaging archive (TCIA) public access - cancer imaging archive wiki [EB/OL]. <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/TCGA-LGG>.

(编辑:薛泽玲)