

基于 Group-Depth U-Net 的电子显微图像中神经元结构分割

李玉慧, 梁创学, 李军

华南师范大学物理与电信工程学院, 广东 广州 510006

【摘要】针对电子显微(EM)成像存在边界有损、模糊不均匀以及神经元结构本身轮廓纹理复杂难以定位的问题,提出一种深层卷积神经网络模型 Group-Depth U-Net,以实现EM图像中神经元结构的自动分割。该模型采用更加深层的U-Net架构作为骨干网络,以获取更加丰富的图像特征信息;同时采用分组卷积网络结构,使模型更加高效、防止过拟合,从而提高分割的准确性与效率。公开的数据集实验表明该模型相比U-Net达到了更好的分割准确率。

【关键词】深层卷积神经网络;分组卷积网络;神经元结构分割;电子显微成像;Group-Depth U-Net

【中图分类号】R318;TP391

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2020)06-0720-06

Segmentation of neural structure in electron microscopy image based on Group-Depth U-Net

LI Yuhui, LIANG Chuangxue, LI Jun

School of Physics and Telecommunication Engineering, South China Normal University, Guangzhou 510006, China

Abstract: Aiming at the problems of electron microscopy (EM) imaging, such as boundary damage, fuzzy inhomogeneity and difficulty of localization due to the complex contour texture of neural structure itself, a deep convolutional neural network model, Group-Depth U-Net, is proposed to realize automatic segmentation of neural structure in EM image. In the proposed model, a deeper U-Net architecture is used as the backbone network to obtain more abundant image feature information. Meanwhile, group convolutional network structure is adopted to make the model more efficient and prevent over-fitting, thus improving the accuracy and efficiency of segmentation. The experiments on the open data set show that the proposed model achieves a higher segmentation accuracy than U-Net.

Keywords: deep convolutional neural network; group convolutional network; neural structure segmentation; electron microscopy imaging; Group-Depth U-Net

前言

神经元结构分割是目前生物医学图像分析的重要课题之一^[1]。然而,通过重建神经元结构来获得对人类或动物神经系统功能连接性的深入了解是神经解剖学者们面临的重大挑战^[2]。电子显微成像(Electron Microscope, EM)是神经元结构成像的重要设备,但其成像数量巨大,采用人工分割的方式虽然能获得很好的分割效果,但这却是一项枯燥、繁琐且耗时耗力的任务^[3]。Helmstaedter等^[4]使用20 000 h

的人工仅从小鼠视网膜重建了大约1 000个神经元。自U-Net在神经元结构分割中取得当时最好的效果后,基于深度学习的分割算法成为医学图像分割算法的主流方法^[5-6]。因此,设计一种基于深度学习的精确、快速、有效的神经元结构分割算法对于研究神经系统功能有着重大意义。

自AlexNet在2012年的ImageNet竞赛中取得冠军后,卷积神经网络(Convolutional Neural Network, CNN)逐渐成为图像特征提取的主流工具^[7-8]。CNN的典型使用是在图像分类任务上,一些优秀的模型如AlexNet^[7]、VGG^[9]、GoogleNet^[10]、ResNet^[11]等都会在网络的最后加入一层全连接层,然后经过softmax后获得图像的类别信息。在生物医学图像分割任务中,期望的输出应当是每个像素对应的类别。Long等^[12]提出了全卷积网络(Fully Convolutional Network, FCN),主要思想是用卷积层代替全连接层,使得任意图像大小的输入成为可能,开启了一种端

【收稿日期】2020-01-11

【基金项目】广东省自然科学基金(2015A030313384);广州市科技计划项目(201607010275)

【作者简介】李玉慧,硕士研究生,研究方向:图像处理、深度学习等,E-mail: 1320106222@qq.com

【通信作者】李军,副教授,研究方向:光学、图像处理、人工智能等,E-mail: lijunc@126.com

到端的训练模式。但是这种模型进行语义分割时有一个主要的问题:下采样操作(比如 pooling 层)会降低空间分辨率,削弱了空间“位置”信息。这个问题在编码器-解码器的结构(Encoder-Decoder)中得到有效解决。编码器经过下采样逐渐减小空间维度提取高维信息,而解码器逐渐恢复细节信息和空间维度。可利用 shortcut connctions 连接编码解码器不断补全空间细节信息。U-Net 是生物医学分割中的一种非常流行的编码器-解码器结构^[5]。在大规模数据集情况下,随着网络层数的加深,网络的表达能力以及抽象能力也会随之提高,并且已经有实验证明,对于时间复杂度相同的两种网络结构,深度较深的网络性能会有所提升^[13]。比如 ResNet 在图像识别中,ResNet101 的识别效果要优于 ResNet34 和 ResNet18^[11]。同理,在语义分割任务中,一定情况下,模型越深分割效果越佳,DeepLab 利用 ResNet101 作为骨架网络,在 PASCAL VOC 2012 以及 MS-COCO 数据集中取得了最好的结果^[14-16]。然而,医学图像有一个比较严重的问题:数据量小,深层模型在小样本

的情况下训练时容易出现过拟合的问题。有研究者们发现,分组卷积能够使过拟合问题得到有效解决^[17]。MobileNet 和 Xception 成功地借鉴了这种思想,在图像分类和目标检测中能够达到较好的实时性和性能^[18-19]。

在医学图像分割中,损失函数的设计与选用尤为重要,常用的损失函数包括像素级交叉熵损失、Dice coefficient^[20]、MSEloss 等。如何针对特定的样本选用合适的损失函数,是目前研究的重点问题之一。

基于此,本研究提出一种用于 EM 图像中神经元结构的分割深度学习模型:Group-Depth U-Net(G-D U-Net),实验结果表明该学习模型取得了比 U-Net 更好的分割效果。

1 方法与原理

1.1 G-D U-Net 模型结构

本研究的模型结构见图 1,主要由 4 部分组成,即分组卷积、下采样、特征图融合和上采样。

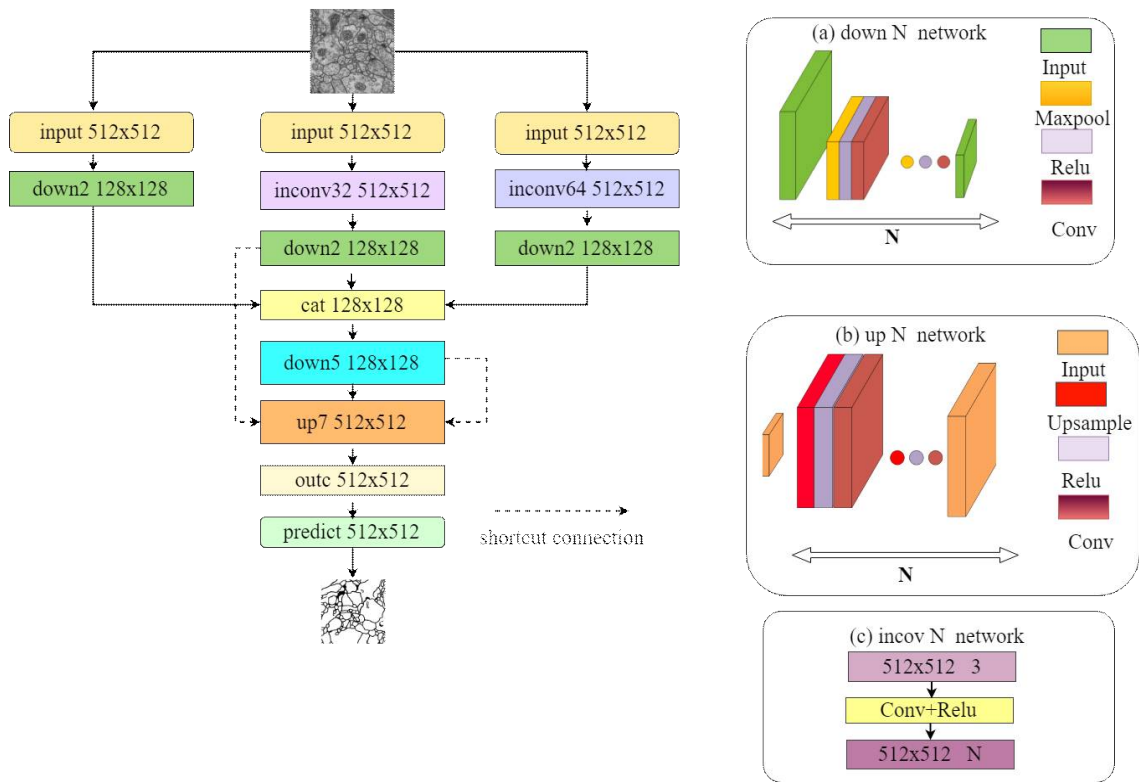


图1 G-D U-Net 模型示意图
Fig.1 Schematic representation of G-D U-Net model

1.1.1 分组卷积 本研究的模型起始端分3组卷积,因为过多的分组会增加卷积层的乘累加运算(Multiply Accumulate, MAC)^[17],导致 GPU 运算量过大。第一组由输入图片直接进行两次下采样,得到

128 张 feature map;第二组开始由输入图片进行卷积,得到 32 张 feature map,具体过程如图 1c 所示,然后进行两次下采样,得到 128 张 feature map;第三组和第二组类似,只是开始时由输入图卷积得到 64 张

feature map。

MAC公式如下：

$$MAC = hw(c_1 + c_2) + \frac{c_1 c_2}{g} = hwc_1 + \frac{Bg}{c_1} + \frac{B}{hw} \quad (1)$$

其中, h 、 w 分别表示输出特征图的高度与宽度; c_1 、 c_2 分别表示输入的通道数和输出的通道数; g 表示分组卷积数。

1.1.2 特征图融合 模型起始端的3组卷积得到了384不同的 feature map, 将其进行融合为下一步下采样过程做准备。

1.1.3 下采样 模型的下采样过程是在原来的 U-Net 下采样改进的, 原始的 U-Net 一共下采样4次, 由于前面进行了分组卷积, 为防止模型过深而过拟合, 所以本研究增加了3次下采样, 一共7次下采样。每次下采样都是由 3×3 的卷积核、ReLU 激活以及最大池化(Maxpooling)组成, 具体过程见图 1a 所示。ReLU 激活函数表示为：

$$\text{ReLU}(x) = \begin{cases} x, & \text{if } x > 0 \\ 0, & \text{if } x \leq 0 \end{cases} \quad (2)$$

1.1.4 上采样 为了恢复细节信息和空间维度, 本研究的模型进行了7次上采样, 用的是双线性插值(Bilinear Interpolation)^[21], 实现端到端的训练, 见图 1b 所示。同时利用 shortcut connction 连接上采样和下采样, 不断补全空间细节信息, 插值公式如下：

$$f(x, y) = [1 - x \ x] \begin{bmatrix} f(0, 0) & f(0, 1) \\ f(1, 0) & f(1, 1) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 - y \\ y \end{bmatrix} \quad (3)$$

1.2 算法流程

提出的算法框图如图 2 所示, 主要分两大部分：(1) 训练过程。为了训练本研究的分割模型, 使用提供的标准 EM 神经元细胞图像以及对应的标签同时对训练集进行适当的数据增强, 以提高模型的鲁棒性。输入训练的神经元图像, 然后经过 G-D U-Net 模型, 得到一个预测分割图像, 与相对应的标签做 loss, 然后经过优化器不断优化, 直到 loss 降到最低, 模型训练完成, 保存训练好的权重。(2) 测试过程。输入需要测试的 EM 神经元图像, 加载步骤 1 训练好权重, 然后经过已经训练好的 G-D U-Net 模型, 从而得到预测的分割图像。

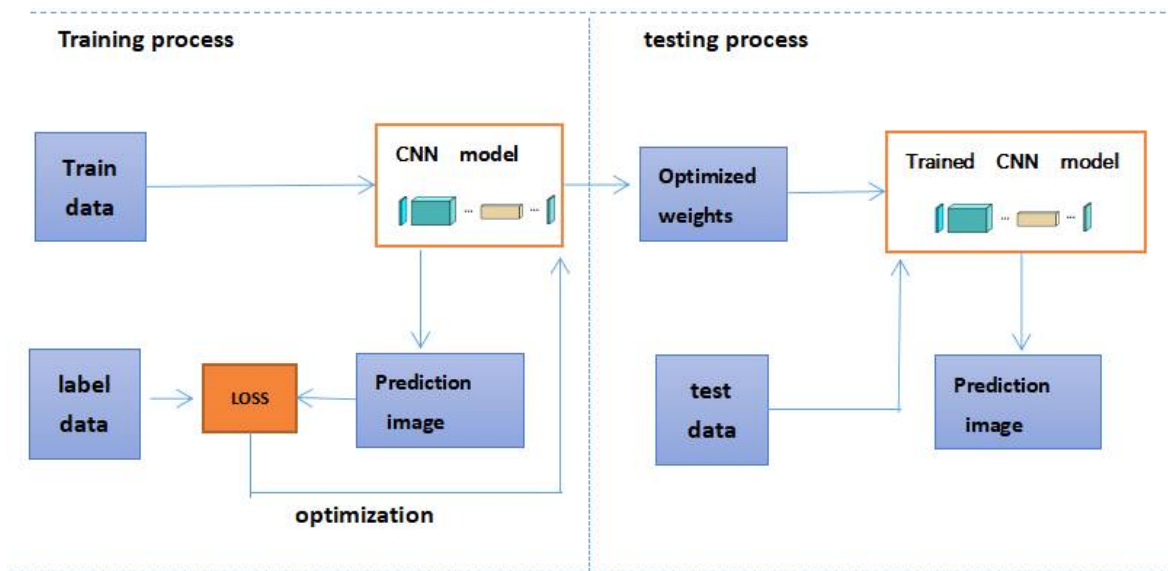


图2 算法流程框图

Fig.2 Flowchart of the algorithm

2 结果

2.1 实验数据

本研究采用的数据集为 ISBI 2012 提供的数据集^[22-23], 训练数据是来自果蝇第一龄幼虫腹侧神经索(VNC)的连续部分透射电子显微镜(ssTEM)数据集的30个部分, 共30张图片。微管尺寸约为 $2.0 \mu\text{m} \times 2.0 \mu\text{m} \times 1.5 \mu\text{m}$, 分辨率为 $4 \times 4 \times 50 \text{ nm/像素}$ 。相应的标签以二进制的方式提供, 即分割对象的像

素为白色, 其余像素为黑色(主要对应于细胞膜)。为达到实验需求, 本研究将其中的25张图像作为训练集, 剩下的5张图像作为测试集。为了避免过度拟合, 本研究采用旋转、翻转和弹性变形等增强策略来扩充数据集。经过数据扩充, 本研究的训练数据达到800张, 其中90%作为训练集, 10%作为验证集。同样, 将测试集扩充为30张。模型框架的实现是基于开源软件库 pytorch 0.4 版本, 并在 NVIDIA GeForce 1080Ti GPU 上采用端到端的方式训练。

2.2 模型评估指标

本研究采用近年来比较常用的医学图像分割评价指标,其中包含 HD 系数、Dice 系数、Conformity 系数^[24]、Sensitivity 系数和 RECALL 系数。为了与 U-Net 进行对比,同样使用了 Warping Error^[25]、Rand Error^[26]、Pixel Error 这 3 个评价指标。每种指标的介绍见表 1。

表 1 医学图像分割评价指标介绍
Tab.1 Introduction to the evaluation indexes of medical image segmentation

指标	值域	指标介绍
Dice ↑	(0, 1)	一种评估相似度的函数,通常用于算两个样本的相似度或者重叠度
HD ↓	(0, —)	计算两样本之间的对称距离
RECALL ↑	(0, 1)	在预测结果中,实际上正确的结果占有所有实际上正确结果的百分比
Conformity ↑	(0, 1)	衡量两个样本之间的一致性
Sensitivity ↑	(0, 1)	灵敏度,评价两个样本间的变化程度
Warping Error ↓	(0, 1)	基于数字拓扑的翘曲误差
Rand Error ↓	(0, 1)	两个样本聚类的相似性评价方法
Pixel Error ↓	(0, 1)	衡量两个样本之间的像素误差
Vrand ↑ ^[27]	(0, 1)	前景限制兰德得分
Vinfo ↑ ^[27]	(0, 1)	信息理论评分

↑表示越接近 1 性能越好; ↓表示越接近 0 性能越好

2.3 实验结果分析

在 ISBI 2012 数据集集中的测试效果如图 3 所示。从视觉感受上可以看出,本研究的模型在细节处理方面表现优于原始的 U-Net,对于神经结构内部的一些不明确区域和复杂区域的分割效果更好。

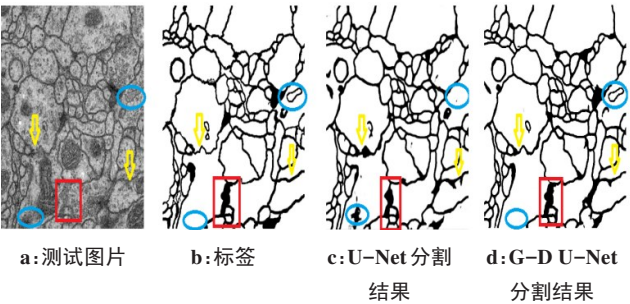


图 3 分割结果的可视化

Fig.3 Visualization of segmentation results

红色框:不明确区域;黄色箭头:细胞膜;蓝色椭圆:细胞内部的复杂区域

具体定性分析见表 2~表 4。表 2 为 ISBI 2012 旧的评分指标,从表 2 可知,G-D U-Net 模型在 Rand Error 和 Pixel Error 两项指标中优于 U-Net 模型,这是因为 G-D U-Net 模型不仅加深了网络层数,而且增加了分组卷积,从而补全了细节信息。表 3 为 ISBI 2012 新的评分指标,从表 3 可知,G-D U-Net 模型在新的评分指标中也有优异的表现。同样,从表 4 可知,G-D U-Net 模型在 5 种常用的医学图像分割指标中表现比 U-Net 模型好,从而验证了模型设计的有效性。

表 2 不同模型分割效果的对比(a)

Tab.2 Comparison of results of segmentation by different models (a)

模型	Warping Error ↓	Rand Error ↓	Pixel Error ↓
Marijn F ^[28]	0.000 5	0.470 0	0.062 0
L-FCN ^[29]	-	-	0.059 7
IDSIA ^[2]	0.000 4	0.048 0	0.060 0
U-Net	0.000 3	0.038 2	0.061 1
G-D U-Net	0.001 7	0.029 4	0.042 0

表 3 不同模型分割效果的对比(b)

Tab.3 Comparison of results of segmentation by different models (b)

模型	Vrand ↑	Vinfo ↑
U-Net	0.943 2	0.956 2
Contextual U-Net ^[30]	0.936 6	0.973 7
G-D U-Net	0.951 4	0.979 6

表 4 不同模型分割效果的对比(c)

Tab.4 Comparison of results of segmentation by different models (c)

模型	Dice ↑	HD ↓	Recall ↑	Sensitivity ↑	Conformity ↑
U-Net	0.954 4	88	0.948 9	0.945 5	0.904 4
G-D U-Net	0.958 5	85	0.957 3	0.958 5	0.912 1

2.3.1 模型的不同深度对分割性能的影响 为了进一步验证模型的深度对于分割效果的影响,本研究在 G-D U-Net 模型原来 7 次上下采样的基础上进行改进,得到两个较浅的模型,一个是 5 次上下采样的模型:G-D U-Net1;另一个是 6 次上下采样的模型:G-D U-Net2。然后训练相同的次数对其进行测试,得到的分割指标如表 5 所示。从表 5 可知,模型的深度对

分割效果有一定的影响,在一定范围内模型越深,分割效果会更好,但是网络过深训练时容易过拟合,且容易出现计算机显存不足的情况。

表 5 不同深度的模型分割效果的对比
Tab.5 Comparison of results of segmentation by different deep models

模型	Dice ↑	HD ↓	Recall ↑	Sensitivity ↑	Conformity ↑
G-D U-Net1	0.944 1	89	0.944 7	0.943 4	0.881 5
G-D U-Net2	0.947 5	87	0.950 0	0.945 0	0.889 1
G-D U-Net	0.958 5	85	0.957 3	0.958 5	0.912 1

2.3.2 分组卷积对分割性能的影响 同理,为了验证分组卷积对分割性能的影响,本研究在 G-D U-Net 的基础上,移除第一组,得到 G-D U-Net3;移除第一组和第二组卷积,保留第三组,得到新的模型 G-D U-Net4。测试效果如表 6 所示。模型起始端加入分割后,能够在一定程度上提高分割效果。

表 6 分组卷积对分割性能的影响
Tab.6 Effect of group convolution on segmentation performance

模型	Dice ↑	HD ↓	Recall ↑	Sensitivity ↑	Conformity ↑
G-D U-Net3	0.952 5	88	0.944 9	0.950 3	0.900 2
G-D U-Net4	0.949 2	89	0.943 2	0.948 9	0.892 9
G-D U-Net	0.958 5	85	0.957 3	0.958 5	0.912 1

2.3.3 不同的损失函数对分割性能的影响 实验发现使用不同的损失函数对分割性能有一定的影响。本研究提出的 G-D U-Net 模型采用的是 L1 loss,为了进行对比,本研究把 loss 换成 MSE loss 和交叉熵损失函数(Cross Entropy loss, BCE loss),得到两个新的模型,记为 G-D U-Net5、G-D U-Net6。3 种 loss 的分割效果图如图 4 所示,从视觉感受 L1 loss 最接近理想效果,其他两种 loss 分割后图比较模糊。3 种损失函数的公式如下:

$$L1\ loss(x,y)=\{l_1,\cdots,l_N\}^T,l_n=|x_n-y_n| \tag{4}$$

$$MSE\ loss(x,y)=\{l_1,\cdots,l_N\}^T,l_n=(x_n-y_n)^2 \tag{5}$$

$$BCE\ loss(x,y)=\{l_1,\cdots,l_N\}^T,l_n=-w_n[y_n\cdot\log x_n+(1-y_n)\cdot\log(1-x_n)] \tag{6}$$

其中, l_N 表示第 N 个样本中预测值与标签的误差。
从以上的损失函数表达式可以看出,采用 BCE

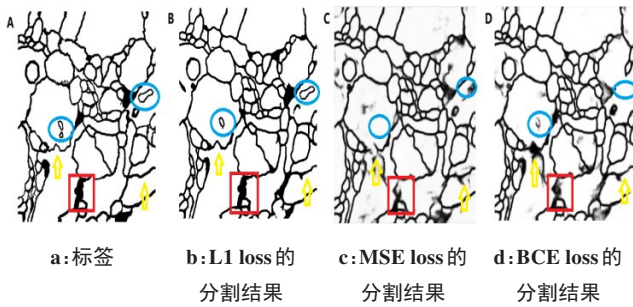


图 4 不同的损失函数对分割性能的影响
Fig.4 Effect of different loss functions on segmentation performance

loss 单独评估每个像素矢量的分类预测,然后对所有像素求平均值,基本上假定同等地对待图像中每个像素点。如果各种类在图像分布不平衡时,这可能是一个问题,因为训练过程将受到最多的类所支配。MSE loss 同样也是利用预测的像素值与标签的像素值的 loss 的平方求平均,所以也会出现上述问题。因为此分割任务是预测一张二值图(细胞膜像素值为 1,非膜像素为 0),如果采用 BCE loss 或者 MSE loss,预测结果就会出现如图 4c 和 4d 上的“阴影”,而 L1 loss 是将预测值与实际值误差的绝对值作为 loss,这样预测值就能够不断接近真实值,不会出现“阴影”,因此 L1 loss 将更适用于此分割任务。

本研究对 3 种不同损失函数的模型进行测试,得到的分割指标如表 7 所示。其中,G-D U-Net 模型(采用 L1 loss)在神经元结构的分割中表现最佳。

表 7 不同的损失函数对分割性能的影响
Tab.7 Effect of different loss functions on segmentation performance

模型	Dice ↑	HD ↓	Recall ↑	Sensitivity ↑	Conformity ↑
G-D U-Net5	0.946 7	86	0.933 8	0.947 6	0.887 3
G-D U-Net6	0.949 9	88	0.939 8	0.940 3	0.894 4
G-D U-Net	0.958 5	85	0.957 3	0.958 5	0.912 1

3 总结与讨论

本研究提出一种用于 EM 图像中神经元结构的分割深度学习模型 G-D U-Net,在 EM 神经细胞的分割实验中,相比于原始的 U-Net 模型,该模型获得了较好的分割效果。同时本研究经过大量的实验,验证了分组卷积、加深模型深度以及使用 L1 loss 对分割效果的提升,为研究神经结构的生物医学专家提供了一定的参考,也为其他生物图像图像分割领域提供一定的方法借鉴。

【参考文献】

- [1] PHAM D L, XU C, PRINCE J L. Current methods in medical image segmentation[J]. *Annu Rev Biomed Eng*, 2000, 2(1): 315-337.
- [2] CIRESAN D, GIUSTI A, GAMBARDILLA L M, et al. Deep neural networks segment neuronal membranes in electron microscopy images [C]. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 2012: 2843-2851.
- [3] JURRUS E, WHITAKER R, JONES B W, et al. An optimal path approach for neural circuit reconstruction[J]. *Proc IEEE Int Symp Biomed Imaging*, 2008: 1609-1612.
- [4] HELMSTAEDTER M, BRIGGMAN K L, TURAGA S C, et al. Connectomic reconstruction of the inner plexiform layer in the mouse retina[J]. *Nature*, 2013, 500: 168-174.
- [5] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation [C]. *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 2015: 234-241.
- [6] LITJENS G, KOOI T, BEJNORDI B E, et al. A survey on deep learning in medical image analysis[J]. *Med Image Anal*, 2017, 42: 60-88.
- [7] KRIZHEVSKY A, SUTSKEVER I, HINTON G E. Imagenet classification with deep convolutional neural networks[C]. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 2012: 1097-1105.
- [8] RUSSAKOVSKY O, DENG J, SU H, et al. ImageNet large scale visual recognition challenge[J]. *Int J Comput Vision*, 2015, 115(3): 211-252.
- [9] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition [C]. *The 3rd International Conference on Learning Representations*, 2014.
- [10] SZEGEDY C, LIU W, JIA Y Q, et al. Going deeper with convolutions [C]//2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2015: 1-9.
- [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, 2016: 770-778.
- [12] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[C]. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 2015: 3431-3440.
- [13] HE K, SUN J. Convolutional neural networks at constrained time cost [C]//Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2015: 5353-5360.
- [14] CHEN L C, PAPANDREOU G, KOKKINOS I A, et al. DeepLab: semantic image segmentation with deep convolutional nets, Atrous convolution, and fully connected CRFs[J]. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell*, 2018, 40(4): 834-848.
- [15] EVERINGHAM M, ESLAMI S M, VAN GOOL L, et al. The pascal visual object classes challenge: a retrospective[J]. *Int J Comput Vision*, 2005, 111(1): 98-136.
- [16] LIN T, MAIRE M, BELONGIE S, et al. Microsoft COCO: common objects in context[C]. *European Conference On Computer Vision*, 2014: 740-755.
- [17] MA N, ZHANG X, ZHENG H T, et al. Shufflenet v2: practical guidelines for efficient CNN architecture design[C]. *Proceedings of the European Conference on Computer Vision*, 2018: 116-131.
- [18] HOWARD A, ZHU M, CHEN B, et al. MobileNets: efficient convolutional neural networks for mobile vision applications[C]. *arXiv: Computer Vision and Pattern Recognition*, 2017. arXiv: 1704.04861.
- [19] CHOLLET F. Xception: deep learning with depthwise separable convolutions[C]. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 2017: 1251-1258.
- [20] THADA V, JAGLAN V. Comparison of Jaccard, Dice, Cosine similarity coefficient to find best fitness value for web retrieved documents using genetic algorithm[J]. *Int J Innovations Eng Technol*, 2013, 2(4): 202-205.
- [21] LI X, ORCHARD M T. New edge-directed interpolation[J]. *IEEE Trans Image Process*, 2001, 10(10): 1521-1527.
- [22] CARDONA A, SAALFELD S, SCHINDELIN J, et al. TrakEM2 software for neural circuit reconstruction.[J]. *PLoS One*, 2011, 7(6): e38011.
- [23] CARDONA A, SAALFELD S, PREIBISCH S, et al. An integrated micro- and macroarchitectural analysis of the drosophila brain by computer-assisted serial section electron microscopy[J]. *PLoS Biol*, 2010, 8(10): e1000502.
- [24] CHANG H H, ZHUANG A H, VALENTINO D J, et al. Performance measure characterization for evaluating neuroimage segmentation algorithms[J]. *Neuroimage*, 2009, 47(1): 122-135.
- [25] JAIN V, BOLLMANN B, RICHARDSON M, et al. Boundary learning by optimization with topological constraints [C]. *2010 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, San Francisco, IEEE Computer Society, 2010: 2488-2495.
- [26] TURAGA S, BRIGGMAN K, HELMSTAEDTER M, et al. Maximin affinity learning of image segmentation[J]. *Adv Neural Info Proc Syst*, 2009, 22: 1865-1873.
- [27] ARGANDA-CARRERAS I, TURAGA S C, BERGER D R, et al. Crowdsourcing the creation of image segmentation algorithms for connectomics[J]. *Front Neuroanat*, 2015, 9: 142.
- [28] STOLLENGA M F, BYEON W, LIWICKI M A. Parallel multi-dimensional LSTM, with application to fast biomedical volumetric image segmentation[C]//*Advances in Neural Information Processing Systems* 28, 2015: 2998-3006.
- [29] LI K Y, DING G T, WANG H T. L-FCN: a lightweight fully convolutional network for biomedical semantic segmentation[C]//*Proceedings 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, 2018: 2363-2367.
- [30] ONORORUBIO D, NIEPERT M. Contextual Hourglass networks for segmentation and density estimation[C]. *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2018. arXiv: 1806.04009, 2018.

(编辑:谭斯允)