

基于多尺度特征融合与自注意力的MRI脑胶质瘤分割算法

谭淇方

大连艺术学院艺术科技产业学院, 辽宁 大连

收稿日期: 2026年9月21日; 录用日期: 2026年10月12日; 发布日期: 2026年10月27日

摘要

针对核磁共振图像(MRI)脑胶质瘤分割过程中存在特征信息丢失、边界模糊、错误分割等问题, 设计一种脑胶质瘤分割算法。该算法基于DenseU-Net网络模型构建了混合型损失函数, 提升网络的综合性能, 并结合多尺度卷积并行合并结构, 减少肿瘤边缘细节特征信息的丢失。借助部署在网络底层的池化单元, 采集多感受野下脑胶质瘤的轮廓特征, 提高特征信息的重复利用率, 利用注意力机制使模型更加关注肿瘤区域。在脑胶质瘤数据集上进行本文算法有效性验证实验, 本文算法的WT Dice值可以达到87.94%, 证明了本文算法在脑胶质瘤分割任务中的有效性。

关键词

脑胶质瘤分割, DenseU-Net模型, 非局部自注意力, 多尺度特征融合, 磁共振图像

Glioma Segmentation Algorithm of MRI via Multi-Scale Feature Fusion and Self-Attention

Qifang Tan

School of Art and Technology Industry, Dalian Art College, Dalian Liaoning

Received: September 21, 2026; accepted: October 12, 2026; published: October 27, 2026

Abstract

To address issues such as feature information loss, blurred boundaries, and incorrect segmentation in the segmentation of gliomas from magnetic resonance imaging (MRI) scans, a glioma segmentation

algorithm was designed. This method constructs a hybrid loss function based on the DenseU-Net network model to enhance the network's overall performance. It also incorporates a multi-scale convolutional parallel merging structure to reduce the loss of detailed edge features in tumor margins. By utilizing pooling units deployed in the shallow layers of the network, it captures contour features of gliomas under multiple receptive fields, improving the reuse rate of feature information. The attention mechanism is employed to make the model focus more on tumor regions. Experiments on glioma datasets validate the effectiveness of this algorithm, achieving a WT Dice score of 87.94%, demonstrating the efficacy and superiority of the proposed network in glioma segmentation tasks.

Keywords

Glioma Segmentation, DenseU-Net Model, Non-Local Self-Attention, Multi-Scale Feature Fusion, Magnetic Resonance Images

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

脑胶质瘤是一种恶性概率较高的脑肿瘤，根据肿瘤细胞在病理学上的恶性程度，可将脑胶质瘤分为低级别脑胶质瘤(LGG)和高级别脑胶质瘤(HGG) [1]，HGG 致死率非常高，患者的平均生存期仅为 12 个月左右，随着脑胶质瘤细胞剧烈繁殖，LGG 可转化为 HGG，因此，及早发现并治疗脑胶质瘤可以帮助提高患者的生存率。

在脑肿瘤医学图像处理任务中，通常使用核磁共振成像技术获得不同模态的图像，每种模态能够为临床诊断提供不同的肿瘤信息[2]。由于脑胶质瘤为渗透性肿瘤，其位置随机且边界模糊[3]，现有工作仍无法在临床上取得满意效果[4]，因此，获得高精度的脑胶质瘤分割结果仍具有很大挑战。

近年来，计算机视觉和深度学习技术的快速发展为 MRI 脑胶质瘤分割任务提供了新的研究方向，其中，基于卷积神经网络的分割方法展现出巨大的应用潜力[5] [6]。SHELHAMER 等[7]提出了全卷积网络(Fully convolution network, FCN)，实现了脑肿瘤图像像素级别的分类。受 FCN 的启发，Ronneberger 等人[8]提出了 U-Net 模型，模型很好地适应了医学图像分割任务，也成为脑肿瘤分割的主流算法之一。KERMI 等[9]提出了一种全自动高效脑肿瘤分割方法，采用两种损失函数进行实验，提高了网络的脑肿瘤分割性能。ZHOU 等[10]提出了一种基于特征增强和多模态特征融合的 DNNs 模型，用于分割缺失模态下 MR 图像中的脑肿瘤。Isensee 等人[11]提出了一种用于脑肿瘤分割的改进 U-Net 网络，通过跨步卷积和深度监督模块提高模型分割肿瘤区域的精度。柴文光等[12]结合多任务学习结构和 U-Net 网络，提出了一种基于 TDDU-Net 的脑肿瘤分割算法，通过采用三个不完全相同的解码器对三个分割区域进行解码，准确地分割出 MRI 中较小的肿瘤区域。SINGH 等[13]将 3D-Unet 进行调整，在模型中添加额外的卷积块，并将上一卷积块的特征传递到下一卷积块的输出中，使模型能够有效提取到各个模态的肿瘤特征信息。Zhao [14]等提出了一种多模态脑肿瘤分割网络，通过三编码器网络提取多模态 MRI 信息，并设计基于注意力机制的融合模块关注分割重要特征。毋小省等[15]基于注意力机制设计了 MMS-Net 网络，提高了模型对不同模态特征之间联系的捕获，更高效地定位肿瘤位置以及识别边界特征。也有研究者将 Dense 块、密集连接引入 U-Net，改进后的两个模型均引入了多级特征融合机制，获得了更精确的脑肿瘤分割结果[16]-[20]。

尽管基于深度学习的脑胶质瘤分割方法虽具有良好的特征提取能力和泛化能力，但分割过程中仍存在特征信息丢失、肿瘤边界分割不清等情况。并且，采用 2D 切片建模，相较于 3D 方式，虽计算高效，

但难以捕捉脑胶质瘤的层间连续性与三维空间结构，层间特征关联和全局几何信息被削弱，在肿瘤上下端边界及小病灶分割上易产生偏差。为克服前述局限，本文构建一种脑胶质瘤分割网络，减轻特征损失，优化肿瘤分割效果。

2. 研究方法

本文以 DenseU-Net 网络[21]模型为主体框架，在模型底部嵌入空洞空间金字塔池化(ASPP)模块[22]，并向横向跳跃连接处引入非局部自注意力(Non-local)机制[23]，同时将网络中稠密块部分的标准卷积替换为一种多尺度卷积并行合并(MSC)结构，如图 1 所示。

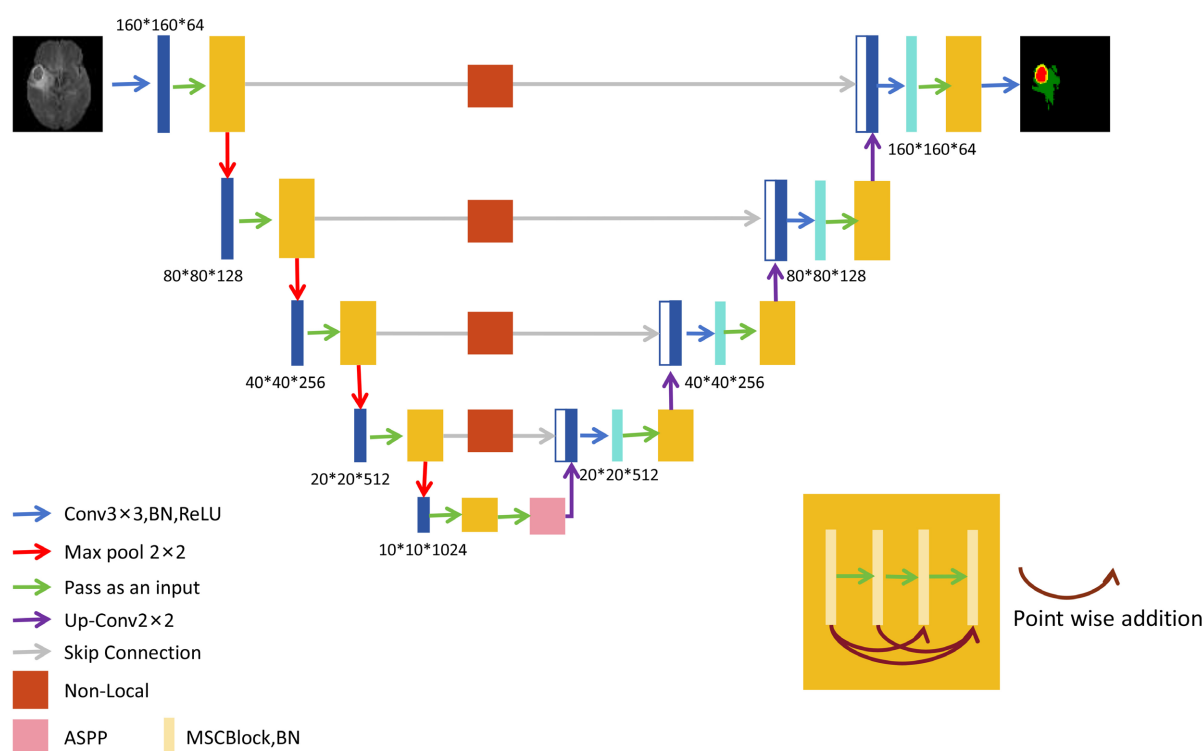


Figure 1. Network structure diagram of this article

图 1. 本文网络结构图

模型采用编码器-解码器架构和跳跃连接方式，网络接收多模态 MRI 数据，输入张量规格设定为 $4 \times 160 \times 160$ ，4 代表成像模态通道，图像平面大小为 160×160 。本文对 DenseU-Net 稠密块内部卷积单元进行改造，采用 MSC 结构代替原有标准卷积。稠密单元配合上采样操作共同搭建解码器。卷积后的特征送入上采样层，设置步长为 2，在恢复特征图空间分辨率的同时压缩通道维度，实现图像空间结构与特征表示的重构。非局部自注意力模块部署在编解码器之间的跨层连接位置，削弱无效背景信息带来的干扰，提升网络对肿瘤特征的感知能力。

2.1. 多尺度卷积并行合并结构

为改善模型在多模态 MRI 胶质瘤任务上的特征提取效果，降低特征信息损失，本文通过 Inception [24] 的多分支思想，设计 MSC 结构增强肿瘤表征学习，并在 DenseU-Net 中集成此结构，对稠密块内原有的两个基础卷积进行替换，实现特征挖掘，调整后的稠密块结构如图 2 所示。

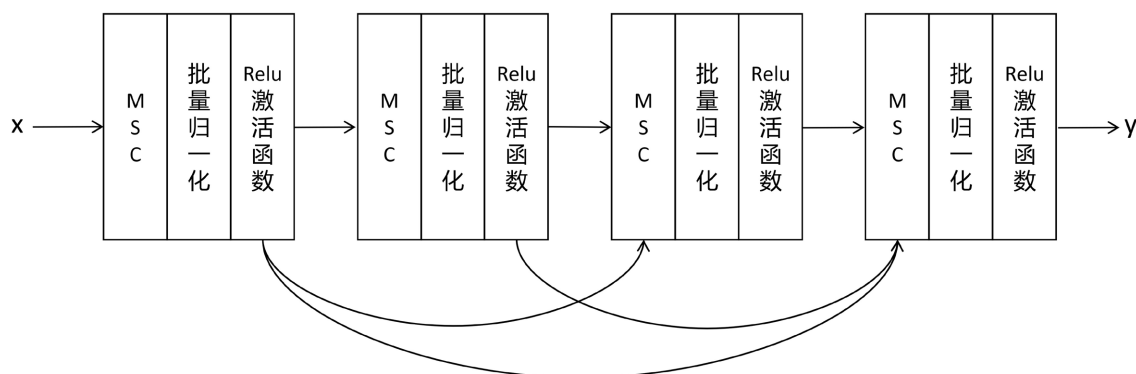


Figure 2. Improved dense block structure

图 2. 改进后稠密块结构

稠密块经过重新设计，内部卷积层之间保持密集连接，具体计算公式如下式(1)所示：

$$X_i = H_i([X_{i-1}, X_{i-2}, \dots, X_0]) \quad (1)$$

i 是当前层序号， X_i 表示第 i 层输出， $[X_{i-1}, X_{i-2}, \dots, X_0]$ 是由前置各层特征在通道维度拼接后， $H_i(\cdot)$ 是对特征图施加非线性计算。

MSC 结构采用多分支并行架构，各个分支拥有 1、3、5 不同规格的感受野，小感受野卷积能够捕捉肿瘤的细节特征；大感受野分支可以挖掘像素间的位置关联，获取更多空间上下文。上述机制有助于减少特征信息损失，MSC 结构如图 3 所示。

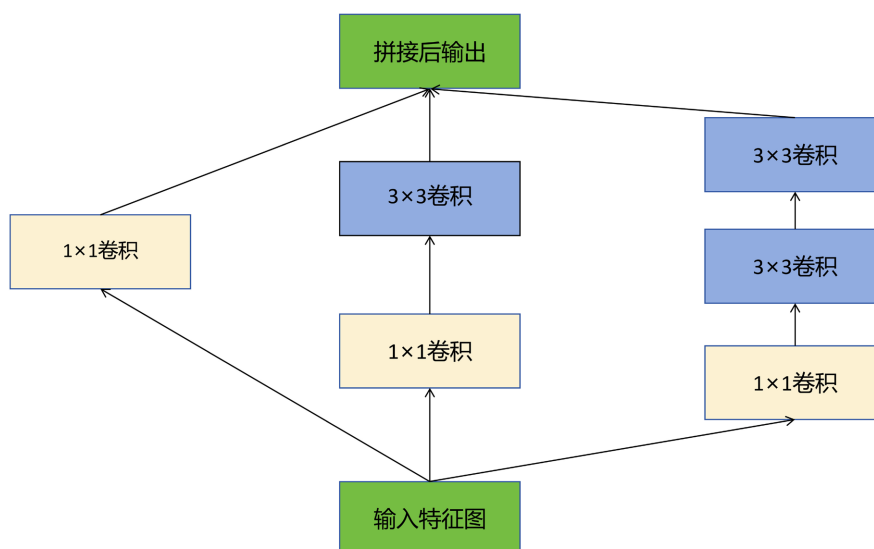


Figure 3. MSC structure

图 3. MSC 结构

在 MSC 结构中，单个 5×5 卷积可拆解为两级相连的 3×3 卷积，多层卷积堆叠会增设更多激活单元，提升网络的非线性表达，在感受野保持一致的情况下，该策略能够降低模型参数规模。

2.2. 非局部自注意力机制

MRI 脑胶质瘤分割任务中，背景干扰会影响深度模型的预测效果，使分割出的肿瘤边界不够清晰。

本文模型将非局部自注意力应用于编码器所有层级输出的特征图[25], 以此应对该问题, 非局部自注意力机制结构如图 4 所示。

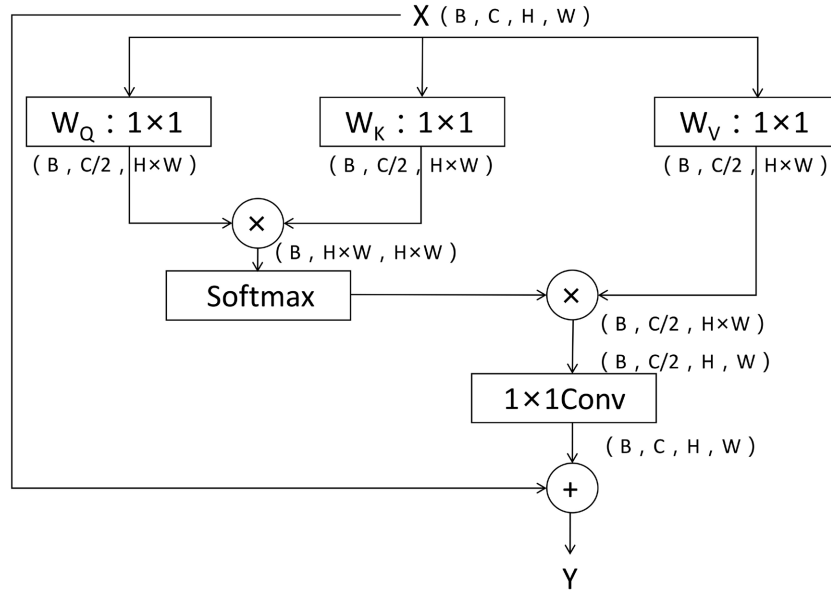


Figure 4. Non-local self-attention structure
图 4. 非局部自注意力结构

非局部自注意力在本网络中的运算步骤描述如下。编码器各层输出特征图分别输入注意力模块, 经过三次 1×1 卷积映射, 生成 Q 、 K 、 V 三组特征矩阵。该操作可以压缩通道维度, 减少计算开销, 相关计算如式(2):

$$Q = \text{Expand}(XW_Q), K = \text{Expand}(XW_K), V = \text{Expand}(XW_V) \quad (2)$$

$\text{Expand}(\cdot)$ 表示经过降维处理的特征, 通过维度调整, 转换为 $(B, C/2, H \times W)$ 的张量形式。

完成 Q 的转置后, 计算其与 K 的矩阵乘积, 借助 Softmax 归一化得到注意力系数, 权重矩阵进一步和 V 矩阵相乘, 运算结果的张量维度是 $(B, C/2, H \times W)$, 重塑为四维张量 $(B, C/2, H, W)$ 。又通过卷积和通道拼接的方式, 得到输出, 相关公式见式(3):

$$Y = \text{Conv1}\left(\text{flood}\left(\text{Softmax}\left(Q^T K\right) \cdot V\right)\right) + X \quad (3)$$

其中, Y 表示模块最终输出, Conv1 为代 1×1 卷积层, 用于完成通道维度的调整, $\text{flood}(\cdot)$ 为矩阵展平的逆运算, 用来恢复张量的空间维度。

2.3. 空洞空间金字塔池化

针对 MRI 脑胶质瘤分割过程中出现的错误分割、过度分割情况, 本文在模型底部嵌入一种空洞空间金字塔池化模块, 模块内部配置膨胀系数互不相同的卷积核。该设计能够拓展感受野, 同时不会增加参数与计算开销, 模型由此增强多尺度特征感知能力, 减少预测阶段的错分与过分割。该模块的详细结构如图 5 所示。

输入特征数据借助 1×1 卷积、不同膨胀率空洞卷积与自适应平均池化提取全局上下文, 将各路分支特征在通道维度融合, 再通过 1×1 卷积完成通道维度的映射, 得到输出特征。

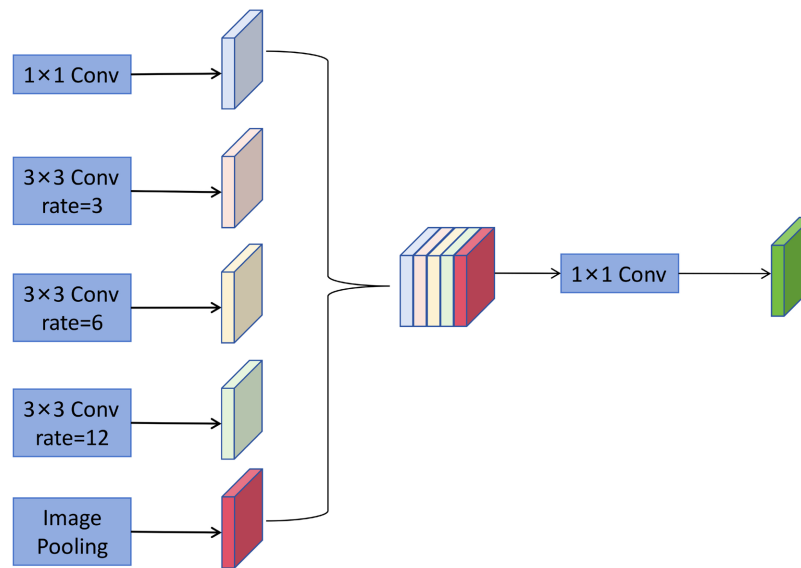


Figure 5. ASPP structure
图 5. ASPP 结构

2.4. 损失函数

二元交叉熵损失(BCE) [26]是医学图像分割中较为通用的损失选择。脑胶质瘤分割存在类别不均衡现象：肿瘤形态多样，微小病灶像素占比很小，背景像素远多于肿瘤像素，会让模型训练偏向学习背景特征。Dice 系数用来评估集合相似度，对应的 Dice 损失把同一类别所有像素作为整体，计算交集占比，不容易被大量背景像素影响，适合样本不均衡场景[27]。但 Dice 损失对噪声较为敏感，容易丢失边界细节，造成目标轮廓分割效果欠佳。因此本文结合 BCE 损失与 Dice 损失，构建混合损失函数，二者计算公式见式(4)、式(5)。

$$L_{\text{Dice}} = 1 - \frac{2 \sum_i^N p_i y_i + \varepsilon}{\sum_i^N p_i + \sum_i^N y_i + \varepsilon} \quad (4)$$

$$L_{\text{BCE}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(p_i) + (1 - y_i) \log(1 - p_i)] \quad (5)$$

其中 N 代表输出图谱中全部像素的数量， y_i 记录第 i 个像素的真实类别信息，并且 p_i 为模型在第 i 个像素位置输出的预测结果。

综上，本文的混合型损失函数如式(6)所示：

$$L = \alpha L_{\text{Dice}} + \beta L_{\text{BCE}} \quad (6)$$

其中 α 和 β 代表权重系数，本文使用基础模型 DenseU-Net 在测试集上进行五组实验，从而确定 $\alpha = 1$ 、 $\beta = 0.5$ 为最优值。

3. 实验结果与分析

3.1. 数据集

本文采用 MICCAI 脑肿瘤分割挑战赛 BraTS2018、BraTS2019 数据集，用来训练模型并评估胶质瘤

分割效果。BraTS2018 数据集内包含 210 例高级别胶质瘤、75 例低级别胶质瘤，验证子集包含 66 例病例；BraTS2019 在 BraTS2018 基础上，新增 49 例 HGG 样本与 1 例 LGG 样本。本文将 BraTS2018 数据划分成训练、验证子集，BraTS2019 新增的 50 组样本用作测试数据。每位受试者的 MRI 数据包含四种模态：T1、T1CE、T2 以及 FLAIR 序列图像。数据配套的分割真值图，由临床经验充足的医师手动勾画标注。图 6 为脑胶质瘤样本实例图像。

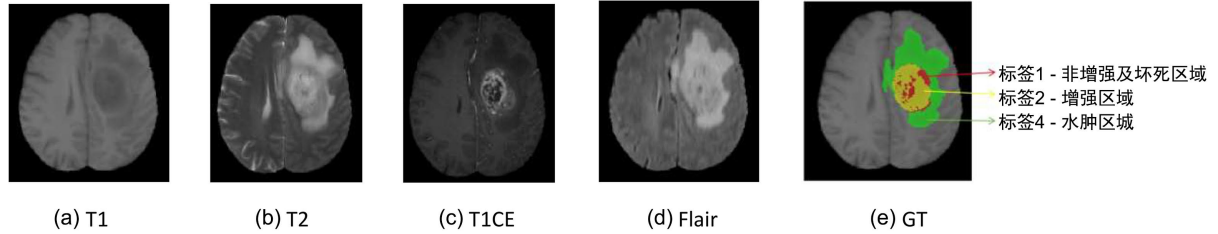


Figure 6. Example of a glioma sample
图 6. 脑胶质瘤样本实例

3.2. 实验设置

本文提出的脑胶质瘤分割模型基于 Windows 11 操作系统，GPU 为 NVIDIA A10 (24 GB)，深度学习框架选用 PyTorch1.13，GPU 加速版本为 CUDA12.1。利用 SGD 优化算法[28]更新网络权重参数，初始学习率配置为 0.0002，训练 100 轮，批次设置为 10。

3.3. 数据预处理

由于不同的 MR 图像采集设备和采集参数不同，使序列之间的最大强度在 300 到 4000 之间，为了让不同模态的数据强度均衡，帮助模型充分利用不同模态间的互补信息，对训练和测试数据进行归一化处理，归一化操作如式(7)所示。

将图像大小裁剪至 160 像素 × 160 像素 × 155 的大小，降低无关背景的影响。由于输入 3D 图像的模型训练周期长，故在将原始 3D 数据切片为 2D 数据，并将切片中不含有病灶部分的数据及标签舍弃，防止无关数据对模型肿瘤特征提取能力造成影响。

经上述处理，最终得到 18,923 张切片数据，以 8:2 的比例划分为训练集和验证集。对 BraTS2019 中增加的 50 组数据也进行相同处理，得到 3219 张切片数据作为本文实验的测试集。

$$z = \frac{x - \bar{x}}{\lambda} \quad (7)$$

其中， x 代表输入图像的像素值， $\bar{x}$ 是输入图像的像素平均值， λ 是输入图像的像素标准差， z 是经过归一化处理后的图像。

3.4. 评价指标

本文采用多项量化指标评估模型效果，选取 Dice 相似系数、阳性预测值 PPV、豪斯多夫距离，分别评价 WT、TC、ET 肿瘤子区域。Dice 指标用于衡量模型预测分割区域与真值标注之间的重合程度，PPV 衡量了在所有预测为阳性的样本中，真实为阳性的比例，豪斯多夫距离关注两组点集里相距最远的匹配点。先计算某一集合所有点到另一集合的最短距离，再取这些距离里的最大值。该指标可以体现真实轮廓与模型预测轮廓之间的最大偏差。本文取豪斯多夫距离第 95 分位值即 HD_{95} ，以避免少量离群值的影响。

3.5. 消融实验

为了验证本文提出各模块的有效性，设置消融实验，并使用 Dice 值、PPV 值、HD₉₅ 距离、参数量和计算量(每秒浮点运算次数)进行评估。消融实验结果如表 1 所示，实验组 a~h 为逐渐增加模块至所提出的分割方法，对比 b、c 两组实验，引入非局部自注意力能够提升模型在三个肿瘤区域的分割性能。对比 b 组和 f 组，增加 MSC 结构后，三个区域的分割效果同样得到改善。这证明在编码器与网络底层开展多尺度特征提取，能够帮助网络捕获更丰富的细节特征。g 组通过加入非局部自注意力机制，特征聚合过程中可动态调整特征间的依赖联系，降低融合阶段的信息损耗。h 组实验是在基础网络中同时搭载设计的三个模块，也就是最终模型。综合八组消融实验结果进行对比，该模型在三个目标区域的各项指标表现较好。本文模型总参数量为 2.102 M，计算量为 61.416 G，和 a 组基线模型相比，参数规模与计算开销略有增加。实验表明，在该参数与计算成本下，模型整体性能得到提升。

Table 1. Quantitative analysis results of ablation experiment

表 1. 消融实验定量分析结果

实验	ASPP	Non-local	MSC	Dice/%			PPV/%			HD ₉₅ /mm			参数量 /M	计算量 /G
				WT	ET	TC	WT	ET	TC	WT	ET	TC		
a	×	×	×	78.24	70.26	78.67	82.30	78.31	83.78	2.7369	2.8603	1.6493	1.892	49.063
b	√	×	×	79.48	71.51	79.35	83.66	79.37	84.48	2.7103	2.8463	1.6464	1.967	53.287
c	×	√	×	79.04	71.70	80.91	83.34	79.06	84.38	2.7101	2.8492	1.6335	2.025	55.240
d	×	×	√	81.30	72.62	81.73	84.90	79.92	85.01	2.7054	2.8250	1.6377	1.901	51.359
e	√	√	×	83.37	72.82	81.62	85.03	81.53	85.14	2.6705	2.8198	1.6274	2.095	59.671
f	√	×	√	84.80	74.10	83.01	87.31	83.30	86.44	2.6819	2.8178	1.6205	1.979	55.114
g	×	√	√	85.09	77.54	83.46	86.80	84.86	87.62	2.6652	2.8029	1.6128	2.035	57.062
h (本文模型)	√	√	√	87.94	79.01	86.92	88.25	85.04	90.67	2.6024	2.7730	1.5731	2.102	61.416

另外，为深入验证非局部自注意力模块的实际作用，本文进一步对网络首层特征图开展了可视化分析，并将加入该模块前后的输出结果进行对照，如图 7 所示。其中，图 7(a)给出的是包含病灶的原始 MR 切片，图 7(b)则对应引入非局部自注意力机制后的特征响应图。对比可见，加入该机制后，病灶区域在特征图中呈现出明显的高亮响应，说明该模块能够有效引导网络聚焦于病灶位置，进而改善肿瘤边缘的分割效果。

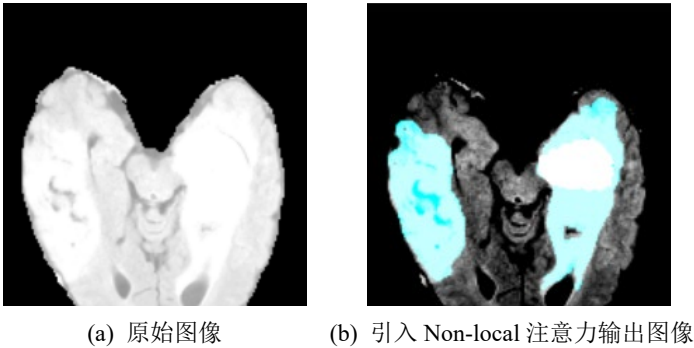


Figure 7. Attention diagram visualization
图 7. 注意力图可视化

3.6. 对比实验

为检验所提模型的分割性能，在保证相同实验数据的情况下，将本文模型与其他现有模型，如传统网络模型 U-Net、U-Net++、基础网络模型 DenseU-Net、当前先进的 3D 网络模型 nnU-Net [29]、TransBTS [30]、Swin-UNet [31]和 SDS-MSA-Net [32]在选取的测试集上进行对比，各模型采用与本文模型相同的数
据预处理方式，利用 Dice 等评价指标对测试集结果的平均值进行评估，对比实验结果如表 2 所示。

Table 2. Quantitative analysis results of comparative experiments
表 2. 对比实验定量分析结果

模型	Dice/%			PPV/%			HD ₉₅ /mm		
	WT	ET	TC	WT	ET	TC	WT	ET	TC
U-Net	76.84	70.85	76.86	79.62	72.35	82.35	2.7775	2.9524	1.6920
U-Net++	78.13	72.41	78.22	82.15	75.47	84.40	2.7252	2.8551	1.6466
DenseU-Net	78.24	70.26	78.67	82.30	78.31	83.78	2.7369	2.8603	1.6493
nnU-Net	78.68	74.45	77.26	81.69	78.56	87.12	2.7260	2.9274	1.7157
TransBTS	83.99	77.79	80.46	84.32	79.13	86.21	2.6886	2.8110	1.6273
Swin-UNet	82.78	74.72	84.00	85.48	80.60	87.33	2.6887	2.8210	1.6063
SDS-MSA-Net	85.30	77.90	81.73	85.01	80.86	87.44	2.6752	2.7978	1.6079
本文模型	87.94	79.01	86.92	88.25	85.04	90.67	2.6024	2.7730	1.5731

所有对比模型的结果显示，本文模型分割性能整体更佳，肿瘤核心区域的改善效果较为突出。TC 区域的 Dice 指标，比 DenseU-Net 基线高约 8.25%，比原始 U-Net 高 10.06%，该结果说明模型可以更好地学习胶质瘤轮廓细节与肿瘤核心特征。HD₉₅ 指标结果表明，3D 模型 SDS-MSA-Net 在三个区域的 HD₉₅ 优于 U-Net 系列和 TransBTS，轮廓与真值更加接近。本文模型的 HD₉₅ 指标优于 SDS-MSA-Net，证明新增的三类模块强化肿瘤特征提取，分割边缘更贴合真实标签。在 PPV 指标上，本文模型同样领先其他对比方案。WT 区域 PPV 相比 Swin-Unet 提升约 2.77%，TC 区域 HD₉₅ 相比 nnU-Net 低 0.1426 mm，说明本文模型的肿瘤特征提取性能更好。为直观检验模型性能，将各对比网络的分割预测结果可视化，并标注出核心分割区域，如图 8 所示。

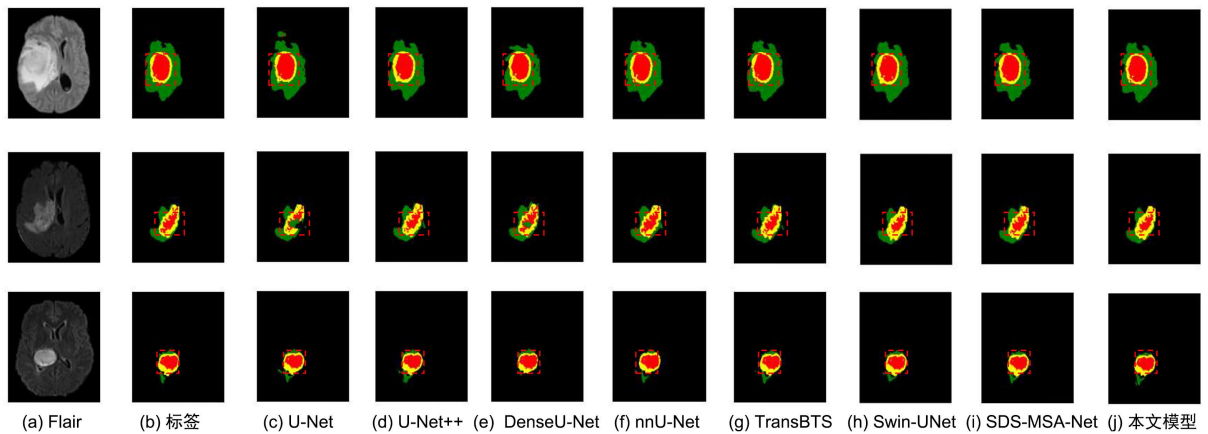


Figure 8. Display of segmentation results
图 8. 分割结果可视化

从图 8 中可以看出, U-Net 处理第一例影像时, 水肿区域存在过分割问题, 第二例中, 肿瘤核心区域被该模型误识别为水肿与正常脑组织, 第三例存在轻微错分, 部分正常脑组织被划分成肿瘤水肿区域。由于 U-Net 模型在下采样过程中会出现重要特征信息的丢失现象以及 U-Net 模型中仅有普通 3×3 卷积使模型感受野受限进而特征信息提取不全面, 使得该模型的分割效果一般。TransBTS 和 SDS-MSA-Net 网络结构更复杂, 病例 1 肿瘤分割结果贴近真值, 但在病例 2 和病例 3 上, 仍然存在一定程度的过分割现象。nnU-Net 和 Swin-Unet 模型具有良好的自适应能力, 在三个病例的预测结果上较好地保留了分割区域的细节信息, 但在分割精度的综合表现上仍有提升空间。对比其余模型, 本文模型在三个肿瘤区域的分割结果更贴近人工标注金标准, 模型预测得到的病灶轮廓具备更高的准确度。实验结果说明, 本文向模型引入了 MSC 结构, 同时加入空洞空间金字塔池化模块, 从不同尺度上提取肿瘤特征信息并进行融合, 减轻误分割, 减少特征信息丢失, 非局部自注意力帮助模型捕捉像素间长距离依赖, 缓解分割边界模糊的问题。

4. 结束语

在 MRI 脑胶质瘤分割任务中, 深度学习模型架构丰富多样, 模型容易受到无关背景信息干扰, 进而产生特征丢失、分割边界模糊、区域错分等问题。本文将 MSC 结构、Non-local 机制和 ASPP 模块加入到 DenseU-Net 模型中, 搭建面向磁共振脑胶质瘤图像的分割网络, 并在 BraTS2018、BraTS2019 数据集上进行实验, 通过设置消融实验和对比实验, 验证了本文方法中提出的各个模块的有效性。实验结果表明, 本文方法可以有效提取多模态 MRI 中不同区域的肿瘤特征, 预测出的肿瘤各区域完整且边界清晰, 在 Dice 值、PPV 值和 HD95 值上均具有一定优势。

参考文献

- [1] 张奕涵, 柏正尧, 尤逸琳, 等. 自适应模态融合双编码器 MRI 脑肿瘤分割网络[J]. 中国图象图形学报, 2024, 29(3): 768-781.
- [2] 孙家阔, 张荣, 郭立君, 汪建华. 多尺度特征融合与加性注意力指导脑肿瘤 MR 图像分割[J]. 中国图象图形学报, 2023, 28(4): 1157-1172.
- [3] 赵奕名, 李铨, 关欣. 组卷积轻量级脑肿瘤分割网络[J]. 中国图象图形学报, 2020, 25(10): 2159-2170.
- [4] 江宗康, 吕晓钢, 张建新, 等. MRI 脑肿瘤图像分割的深度学习方法综述[J]. 中国图象图形学报, 2020, 25(2): 215-228.
- [5] Ghazouani, F., Vera, P. and Ruan, S. (2024) Efficient Brain Tumor Segmentation Using Swin Transformer and Enhanced Local Self-Attention. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, **19**, 273-281. <https://doi.org/10.1007/s11548-023-03024-8>
- [6] Zhu, Z., He, X., Qi, G., Li, Y., Cong, B. and Liu, Y. (2023) Brain Tumor Segmentation Based on the Fusion of Deep Semantics and Edge Information in Multimodal MRI. *Information Fusion*, **91**, 376-387. <https://doi.org/10.1016/j.inffus.2022.10.022>
- [7] Shelhamer, E., Long, J. and Darrell, T. (2017) Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **39**, 640-651. <https://doi.org/10.1109/tpami.2016.2572683>
- [8] Ronneberger, O., Fischer, P. and Brox, T. (2015) U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. In: Navab, N., Hornegger, J., Wells, W. and Frangi, A., Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 234-241. https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28
- [9] Kermi, A., Mahmoudi, I. and Khadir, M.T. (2019) Deep Convolutional Neural Networks Using U-Net for Automatic Brain Tumor Segmentation in Multimodal MRI Volumes. In: Crimi, A., Bakas, S., Kuijff, H., Keyvan, F., Reyes, M. and van Walsum, T., Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 37-48. https://doi.org/10.1007/978-3-030-11726-9_4
- [10] Zhou, Z., He, Z. and Jia, Y. (2020) AFPNet: A 3D Fully Convolutional Neural Network with Atrous-Convolution Feature Pyramid for Brain Tumor Segmentation via MRI Images. *Neurocomputing*, **402**, 235-244. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2020.03.097>

- [11] Isensee, F., Jäger, P.F., Full, P.M., Vollmuth, P. and Maier-Hein, K.H. (2021) NNU-Net for Brain Tumor Segmentation. In: Crimi, A. and Bakas, S. Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 118-132. https://doi.org/10.1007/978-3-030-72087-2_11
- [12] 柴文光, 李文浩, 闫敬文. 基于多任务的脑肿瘤 MRI 分割算法[J]. 光电子·激光, 2024, 35(9): 1001-1008.
- [13] Singh, G. and Phophalia, A. (2022) Multimodal Brain Tumor Segmentation Using Modified UNet Architecture. In: Crimi, A. and Bakas, S., Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 295-305. https://doi.org/10.1007/978-3-031-08999-2_24
- [14] Zhao, C., Liu, K., Chen, W., Pei, Z. and Feng, Y. (2022) Multi-Modality Brain Tumor Segmentation Network Based on Collaborative Feature Fusion. 2022 *IEEE 17th Conference on Industrial Electronics and Applications (ICIEA)*, Chengdu, 16-19 December 2022, 1122-1127. <https://doi.org/10.1109/iciea54703.2022.10005998>
- [15] 毋小省, 杨奇鸿, 唐朝生, 等. 融合注意力机制的多模态脑肿瘤 MR 图像分割[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2023, 35(9): 1429-1438.
- [16] Shaikh, M., Anand, G., Acharya, G., Amrutkar, A., Alex, V. and Krishnamurthi, G. (2018) Brain Tumor Segmentation Using Dense Fully Convolutional Neural Network. In: Crimi, A., Bakas, S., Kuijf, H., Menze, B. and Reyes, M. Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 309-319. https://doi.org/10.1007/978-3-319-75238-9_27
- [17] Zhou, Z., Siddiquee, M.M.R., Tajbakhsh, N. and Liang, J. (2019) UNet++: Redesigning Skip Connections to Exploit Multiscale Features in Image Segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **39**, 1856-1867. <https://doi.org/10.1109/tmi.2019.2959609>
- [18] 周涛, 侯森宝, 陆惠玲, 等. 探析 U-Net 的改进机制及其在医学图像分割的应用[J]. 生物医学工程学杂志, 2022, 39(4): 806-825.
- [19] Senapati, P., Basu, A., Deb, M. and Dhal, K.G. (2024) Sharp Dense U-Net: An Enhanced Dense U-Net Architecture for Nucleus Segmentation. *International Journal of Machine Learning and Cybernetics*, **15**, 2079-2094. <https://doi.org/10.1007/s13042-023-02017-y>
- [20] 万雨龙, 周冬明, 王长城, 等. 基于像素编码和空间注意力的多尺度医学图像分割方法[J]. 生物医学工程学杂志, 2024, 41(3): 511-519.
- [21] Li, X., Chen, H., Qi, X., Dou, Q., Fu, C. and Heng, P. (2018) H-DenseUNet: Hybrid Densely Connected UNet for Liver and Tumor Segmentation from CT Volumes. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **37**, 2663-2674. <https://doi.org/10.1109/tmi.2018.2845918>
- [22] Chen, L., Papandreou, G., Kokkinos, I., Murphy, K. and Yuille, A.L. (2017) Deeplab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **40**, 834-848. <https://doi.org/10.1109/tpami.2017.2699184>
- [23] Wang, X., Girshick, R., Gupta, A. and He, K. (2018) Non-Local Neural Networks. 2018 *IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Salt Lake City, 18-23 June 2018, 7794-7803. <https://doi.org/10.1109/cvpr.2018.00813>
- [24] 张耀, 刘艳君, 刘磊. 基于 Inception 模块的 CNN-BiLSTM 房颤检测与心拍分类算法[J]. 中国生物医学工程学报, 2024, 43(4): 447-454.
- [25] 熊亮, 秦小林, 刘欣. 基于非局域注意力和多任务学习的胸部 X 线片肺实质分割方法[J]. 生物医学工程学杂志, 2023, 40(5): 912-919.
- [26] He, K., Zhang, X., Ren, S. and Sun, J. (2015) Delving Deep into Rectifiers: Surpassing Human-Level Performance on Imagenet Classification. 2015 *IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, Santiago, 7-13 December 2015, 1026-1034. <https://doi.org/10.1109/iccv.2015.123>
- [27] Li, X., Sun, X., Meng, Y., Liang, J., Wu, F. and Li, J. (2020) Dice Loss for Data-Imbalanced NLP Tasks. *Proceedings of the 58th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*, Online, 5-10 July 2020, 465-476. <https://doi.org/10.18653/v1/2020.acl-main.45>
- [28] Wu, X., Huang, F. and Huang, H. (2022) Fast Stochastic Recursive Momentum Methods for Imbalanced Data Mining. 2022 *IEEE International Conference on Data Mining (ICDM)*, Orlando, 28 November 2022-1 December 2022, 578-587. <https://doi.org/10.1109/icdm54844.2022.00068>
- [29] Isensee, F., Jaeger, P.F., Kohl, S.A.A., Petersen, J. and Maier-Hein, K.H. (2020) NNU-Net: A Self-Configuring Method for Deep Learning-Based Biomedical Image Segmentation. *Nature Methods*, **18**, 203-211. <https://doi.org/10.1038/s41592-020-01008-z>
- [30] Wang, W., Chen, C., Ding, M., Yu, H., Zha, S. and Li, J. (2021) TransBTS: Multimodal Brain Tumor Segmentation Using Transformer. In: de Bruijne, M., et al. Eds., *Lecture Notes in Computer Science*, Springer International Publishing, 109-119. https://doi.org/10.1007/978-3-030-87193-2_11

-
- [31] Xie, E., Wang, W., Yu, Z., *et al.* (2021) SegFormer: Simple and Efficient Design for Semantic Segmentation with Transformers. *Advances in Neural Information Processing Systems*, **34**, 12077-12090.
- [32] Rehman, A., Usman, M., Shahid, A., *et al.* (2023) Selective Deeply Supervised Multi-Scale Attention Network for Brain Tumor Segmentation. *Sensors*, **23**, 2346-2361. <https://doi.org/10.3390/s23042346>