arXiv:2304.02353v1 [cs.CV] 5 Apr 2023

使用 U-Net 对全骨髓照射 CT 序列中的计划靶区进行分割

Ricardo Coimbra Brioso†、Damiano Dei‡§、Ciro Franzese‡§、Nicola Lambri‡§、Daniele Loiacono†、Pietro Mancosu§和 Marta Scorsetti‡§
*米兰理工大学电子、信息与生物工程系，意大利米兰
‡Humanitas大学生物医学科学系，意大利米兰皮耶韦·埃马努埃莱§Humanitas研究医院放射治疗与放射外科部（IRCCS），意大利米兰罗扎诺

摘要——**放射治疗（RT）是治疗多种癌症的重要组成部分，包括急性淋巴细胞白血病（ALL）和急性髓系白血病（AML）。精确勾画危及器官（OARs）和靶区对于制定有效的治疗计划至关重要。与全身照射（TBI）相比，调强放射治疗（IMRT）技术（如全骨髓照射（TMI）和全骨髓及淋巴结照射（TMLI））能够更精确地递送放射剂量。然而，这些技术需要放射肿瘤科医生（RO）在计算机断层扫描（CT）图像上耗时地手动分割各类结构。本文提出了一种基于深度学习的自动勾画方法，采用U-Net架构对接受 TMLI 治疗的患者进行计划靶体积（PTV）分割。我们使用 Humanitas研究医院于2011年至2021年间接受 TMLI 治疗的100名患者构成的数据集，训练并比较了采用两种不同损失函数的两个分割模型。尽管淋巴结区域存在挑战，表现最佳的模型在 PTV 分割任务中取得了0.816的平均 Dice 系数。我们的研究结果是开发分割模型的初步但重要的一步；该模型有望为放射肿瘤科医生节省大量时间，从而使其能够治疗更多患者，提高临床实践效率，并提升轮廓的可重复性。**

索引词—**深度学习、计划靶区、全身照射、全骨髓及淋巴结照射、分割、放射治疗**

I. 引言

放射治疗（RT）在多种癌症的治疗中发挥着至关重要的作用，准确勾画危及器官（OARs）和靶区对于制定有效的治疗计划至关重要 [1]。勾画过程包括界定需要避免受到高剂量照射的健康组织（危及器官）边界，以及需要接受照射的肿瘤区域（靶区）。精确勾画可确保将最佳辐射剂量递送至肿瘤，同时最大限度地减少对周围健康组织的损伤，从而改善接受放射治疗的患者的治疗效果并减少副作用。

急性淋巴细胞白血病（ALL）和急性髓系白血病（AML）常采用放射治疗，以靶向骨髓、淋巴结和循环血液中的恶性细胞。全身照射（TBI）是一种广泛使用的放射治疗技术；然而，由于放射毒性和晚期效应，它引发了人们的担忧 [2]。其他替代治疗方法，例如调强放射治疗（IMRT）能够更好地控制照射剂量和照射部位。该领域的最新进展促成了专门化调强放射治疗技术的发展，例如全骨髓照射（TMI）和全骨髓及淋巴结照射（TMLI） [2]。与全身照射相比，这些治疗可实现更精确的放射剂量递送，聚焦于靶区，同时尽量减少健康组织的受照 [3]。然而，制定这些治疗计划需要放射肿瘤科医生对多个结构进行手动分割，包括危及器官（OARs）和临床靶区（CTV），后者涵盖骨骼、骨髓、脾脏和淋巴结。计划靶体积（PTV）是在CTV基础上外加边界而生成的，以考虑摆位和内部运动的不确定性 [4]。

手动勾画的质量对于IMRI技术的成功至关重要，但会给放射肿瘤科医生（ROs）带来沉重的时间负担，因此需要对计算机断层扫描（CT）图像中的结构进行自动分割。传统的自动勾画方法，如可变形图像配准（DIR）、概率方法和基于图谱的方法，为该领域作出了重要贡献。然而，这些方法往往受到患者解剖结构差异和成像伪影的影响，并且依赖预先定义的图谱，而这些图谱可能无法准确代表个体患者，因此存在局限性。近年来，深度学习在医学影像分割领域的发展展现出生成高质量分割结果、支持临床医生工作的潜力 [5], [6]。尽管已有自动勾画解决方案并集成于Raystation [7] 和Limbus AI [8],等商业软件中，但它们主要针对危及器官分割以及特定肿瘤类型的局部计划靶区分割。目前，尚无商业软件能够对全骨髓及淋巴结照射治疗的计划靶区进行分割，文献中探讨这一任务的研究也很少。本文提出一种基于深度学习的自动勾画方法，用于分割全骨髓及淋巴结照射治疗的计划靶区。

具体而言，我们基于 U-Net架构 [9] 训练并比较了两个采用不同损失函数的分割模型。这些模型使用一组数据进行训练和评估，该数据集包含 2011年 至 2021年 期间在 Humani- tas 研究医院接受全骨髓及淋巴结照射的 100 名患者。结果表明，尽管淋巴结区域存在挑战，表现最佳的模型在计划靶区分割任务中取得了 0.816 ± 0.064 的 Dice 系数。这些令人鼓舞的结果标志着迈出了一步

本研究获得意大利卫生部资助（资助编号：GR- 2019-12370739，项目：AuToMI）。

朝着开发计划靶区分割模型的方向前进，该模型有望在临床实践中得到有效应用，从而为放射肿瘤科医生节省大量时间，并使更多患者能够接受治疗。

本文组织如下：第二节回顾了全骨髓及淋巴结照射治疗中计划靶区分割的相关研究。第四节介绍数据集、模型以及训练和评估流程。最后，第五节展示实验结果，第六节总结全文并展望未来研究方向。

II. 相关研究

过去几十年来，研究人员投入了大量精力，致力于开发可靠的自动勾画方法，以替代手动勾画。早期的自动勾画研究着重采用可变形图像配准（DIR）、概率方法和基于图谱的方法 [10]–[16]。近年来，深度学习（DL）已成为一种极具前景的方法，可用于创建能够有效应用于放射治疗（RT）计划的自动勾画工具 [5], [6]。众多研究已成功将深度学习应用于不同解剖区域的危及器官和靶区自动勾画，例如头颈部 [17], [18], 胸部 [19], [20], 腹部 [21], [22], 和盆腔 [23]–[25]。

全骨髓照射（TMI）是一项重大挑战，因为它需要在患者全身范围内勾画危及器官和靶区。关于危及器官的分割，近期有少数研究证明，针对全身计算机断层扫描图像开发稳健的危及器官自动勾画方案是可行的。一个值得关注的例子是 Chen 等人 [26], 开发的 WBNet：该系统由多个分割模型组成 [9], [27], [28], 用于在全身计算机断层扫描图像中分割 50 个危及器官。Zhou [29]比较了采用二维和三维卷积神经网络（CNN）对计算机断层扫描图像中的 17 个结构进行分割的方法，发现三维方法的平均 Dice 系数（DSC）为 0.79，而二维方法为 0.67。不过，这一性能提升是以增加训练和推理时间为代价的。该三维分割框架分为两个步骤：首先检测感兴趣体积（VOI），即包含目标结构的三维边界框；随后聚焦于该边界框，对结构进行分割。Wasserthal 等人 [30] 推出了一种基于 nnU-Net [31]的新模型，用于分割全身计算机断层扫描图像中的 104 个解剖结构（危及器官、骨骼、肌肉和血管）；大多数结构的 DSC 均超过 90%。此外，RayStation [7] 和 Limbus AI [8] 等厂商开发的商业解决方案现已可用于计算机断层扫描图像中的危及器官分割。

另一方面，只有少数作者提出了用于分割全骨髓照射目标的方法。Shi 等人 [32]提出了一种双编码器网络，将 Swin Transformer [33]与 ResNet [34], 相结合，然后使用解码器对计算机断层扫描图像中的淋巴结和骨骼进行分割；这些结构是计划靶体积（PTV）不可或缺的一部分。这种新架构的表现略优于 U-Net、U-Net++和 DeepLabV3+在分割任务中的表现。此外，Watkins 等人 [35]训练了一套基于 U-Net 的商业系统，用于分割全骨髓照射的计划靶区。该模型经过训练，可分割骨骼计划靶区、淋巴结计划靶区、肋骨计划靶区和颅骨计划靶区，其 DSC 分别为 0.851、0.830、0.946 和 0.814。

III. 数据

本研究使用的数据集由100名经病理确诊为血液系统恶性肿瘤的患者影像组成。这些患者被确定为异基因移植候选者，并于2011年至2021年间在Humanitas研究医院（意大利米兰罗扎诺）接受了非清髓性预处理全骨髓及淋巴结照射（TMLI）。所有接受TMLI的患者均取仰卧位，双臂置于身体两侧，并使用院内专用框架及多个人体定制面罩进行固定 [36]。每位患者均使用BigBore CT系统（Philips Healthcare，荷兰贝斯特）采集自由呼吸、未使用对比剂的计算机断层扫描（CT），层厚为5毫米。

TMLI临床靶体积（CTV）包括骨髓（CTV BM）、脾脏（CTV Spleen）和所有淋巴结链（CTV LN）。CTV BM被视为与骨骼等同；为考虑呼吸运动，将胸壁纳入肋骨范围。为尽量降低口腔毒性，CTV BM中排除了下颌骨；此外，手部骨髓含量极少，因此也予以排除。总计划靶区（PTV Tot）定义为三个PTV的并集；这三个PTV分别由对应的三个CTV进行各向同性扩张得到，具体如下：(i) PTV BM = CTV BM + 2 毫米（手臂和腿部为+8 毫米），以考虑摆位边界；(ii) PTV Spleen = CTV Spleen+ 5 毫米，以考虑呼吸运动和摆位边界；(iii) PTV LN = CTV LN + 5 毫米，以考虑靶区残余运动和摆位边界。图1展示了一名患者的PTV Tot示例。该数据集包含每位患者的CT扫描图像及相应的PTV Tot结构，并以DICOM-RT格式存储。本研究训练了一个模型，用于直接分割PTV Tot靶区。与其他PTV和CTV不同，PTV Tot是唯一由放射肿瘤科医生（RO）为数据集中全部100名患者持续标注的靶区。

IV. 方法与实验设计

本研究训练了一个卷积神经网络（CNN），用于从患者的全身CT扫描中分割PTV Tot靶区。本节详细介绍数据准备、卷积网络的架构以及所采用的损失函数。

A. 数据准备

我们从每位患者的 DICOM-RT 数据中提取了轴向切片及其对应的 PTV Tot 分割掩膜。每位患者的轴向切片数量为 164 至 534 张不等，切片大小为 512 x 512 像素，分辨率为 1.2 mm x 1.2 mm。像素



(a) (b)

图1：PTV Tot示例：(a) 患者的冠状面图像，(b) 矢状面图像。

值代表组织的放射密度，以亨斯菲尔德单位（HU）表示。为增强计划靶区内所有解剖结构的对比度，根据放射肿瘤科医生的建议，对每个像素值应用了线性查找表（LUT），范围为 -160 HU 至 240 HU。因此，每张切片均编码为 8 位图像，像素值范围为 0 至 255。

*B. CNN*架构

本研究使用的分割模型是 U-Net[9]。U-Net架构由收缩路径和扩展路径组成。网络输入一张 512 x 512 的计算机断层扫描切片图像，并输出一张 512 x 512 的分割掩膜。它通过重复执行两个 3x3 卷积（无填充卷积），每个卷积后接一个修正线性单元（ReLU）和一个用于下采样的 2x2 最大池化操作。扩展路径先对特征图进行上采样，再通过一个 2x2 反卷积（“上卷积”）使特征通道数加倍，然后与收缩路径中相应裁剪的特征图拼接，最后进行两个 3x3 卷积，每个卷积后接一个 ReLU。最后一层是一个 1x1 卷积，将每个 64 维特征向量映射到所需类别数。该网络总共有 23 个卷积层，参数略少于 800 万。

C. 损失函数

本研究使用两种不同的损失函数训练了两个模型，分别是二元交叉熵损失（BCEL） [4]和 DiceLoss（DL） [37], , 如公式 1 和公式 2 所述。在这两个公式中， p 表示预测结果中的每个像素， y 表示真实标注中的像素。

$$BCE(p,y) = -(y\log(p) + (1-y)\log(1-p)) \quad (1)$$

$$DL(p,y) = 1 - \frac{2yp+1}{y+p+1} \quad (2)$$

二元交叉熵损失（BCEL）逐个计算像素的损失，而 DL 则计算真实标注与预测结果之间的重叠情况。DL 通过仅考虑预测结果与真实标注重叠部分的比例，而非预测结果的大小，来处理类别不平衡问题。

D. 训练过程

为训练并评估分割模型的性能，我们采用了图 2 所示的 5 折交叉验证方法。数据集被划分为五个大小相等的折（每折 20 名患者），其中三折用于训练，一折用于验证，一折用于测试。为考虑勾画流程和设备的差异，我们确保五折数据按照计算机断层扫描序列的采集日期进行均匀抽样。训练时批量大小设为 4，学习率为 10^{-5}。当验证损失连续 10 个周期没有显著变化时，训练即终止。

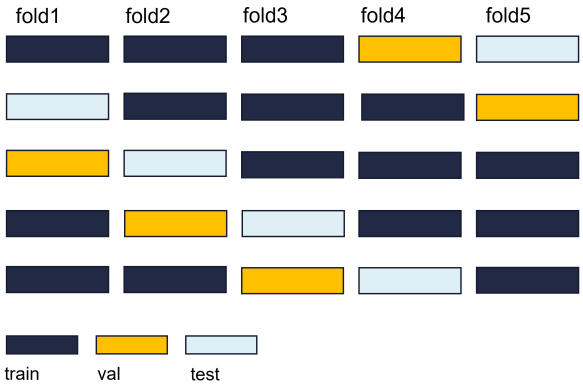


图 2：用于评估训练后模型性能的交叉验证方案。

E. 评估指标

为评估模型的分割性能，我们按照公式 3 和公式 4 分别计算了 Dice 系数（DSC）和豪斯多夫距离（HD）。DSC 用于衡量真实标注与预测掩膜之间的重叠程度，其中 X 表示真实标注中的正像素集合， Y 表示预测结果中的正像素集合。

$$DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (3)$$

HD 表示两组表面之间所有最近距离中的最大值，记为 X 和 Y，分别表示为 S_X 和 S_Y。为减轻离群值对 HD 值的影响，我们采用了 95%豪斯多夫距离（HD95），它排除了最高的 5% HD 值。

$$HD = max\left\{\max_{x\in S_X} d(x, S_Y), \max_{y\in S_Y} d(y, S_X)\right\}, \quad (4)$$

V. Results

本节介绍并讨论使用两种不同损失函数——Dice 损失（DL）和二元交叉熵损失（BCEL）——训练的两个模型对计划靶区（PTV Tot）进行分割的结果。我们评估它们在分割过程中的有效性，并提供分割结果的可视化示例，以识别并了解模型难以准确分割的区域。

图3比较了采用二元交叉熵损失（BCEL）和DL损失函数训练的模型的分割性能。左侧箱线图展示了Dice相似系数（DSC）的数值，右侧箱线图展示了所有折次中全部患者的95%豪斯多夫距离（HD95）数值及其标准差。采用BCEL训练的模型在这两项指标上始终优于采用DL训练的模型。值得注意的是，BCEL模型的DSC值（0.816 ± 0.064）高于DL模型（0.806 ± 0.072），表明预测分割与真实标注的重叠程度更高。此外，BCEL模型的HD95平均值为13.81 mm $\pm$ 7.602 mm，低于DL模型的17.575 mm$\pm$ 17.386 mm。BCEL模型中患者DSC值的范围为39%至89%，DL模型中为38%至90%；而在HD95方面，BCEL模型的范围为7mm至100 mm，DL模型的范围为8 mm至205 mm。较低的HD95值表明，按预测结果与真实标注之间的最大距离和第95百分位距离衡量，BCEL模型能够实现更准确的分割。此外，还可以看出，BCEL模型的性能更加稳定，分布范围较小，离群值也较少。

为了进一步了解模型未能准确分割计划靶区的区域，我们在图4中提供了一些分割效果不佳的示例图像。图4第一行展示了BCEL模型分割效果不佳的四个切片示例。第一个切片（图4a）对应头颈部区域。头部左右两侧的分割误差（即绿色区域）可能是由于真实标注对颈部第二组淋巴结采取了较保守的分割方式。分割这些淋巴结的标准参考点可能位于稍高的切片上，但由于计算机断层扫描层厚较大（5 mm），放射肿瘤科医生可能将靶区纳入了这一切片。第二个切片（图4b）显示肝门淋巴结缺失。该区域的解剖结构变异较大，而且由于数据采集早期缺少勾画指南 [38]，放射肿瘤科医生经常会遗漏该区域。第三个切片（图4c）显示骶前淋巴结（位于骶骨前方）缺失。此外，外髂淋巴结的预测分割也不准确。该靶区通过在髂血管周围添加边界来界定。这一靶区

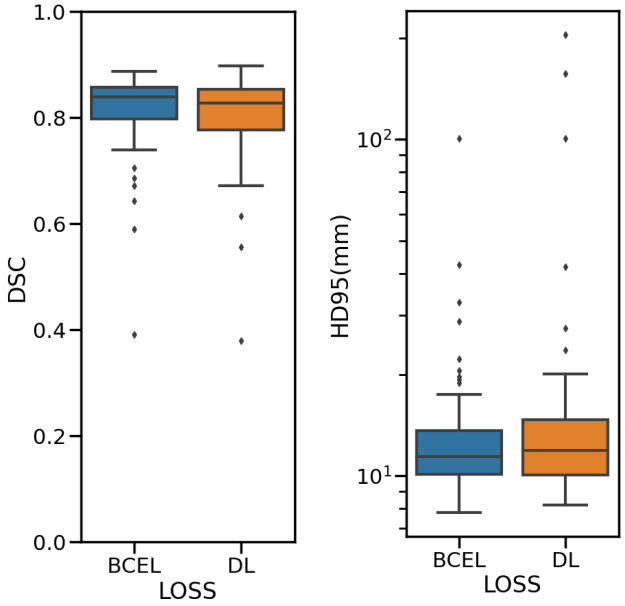
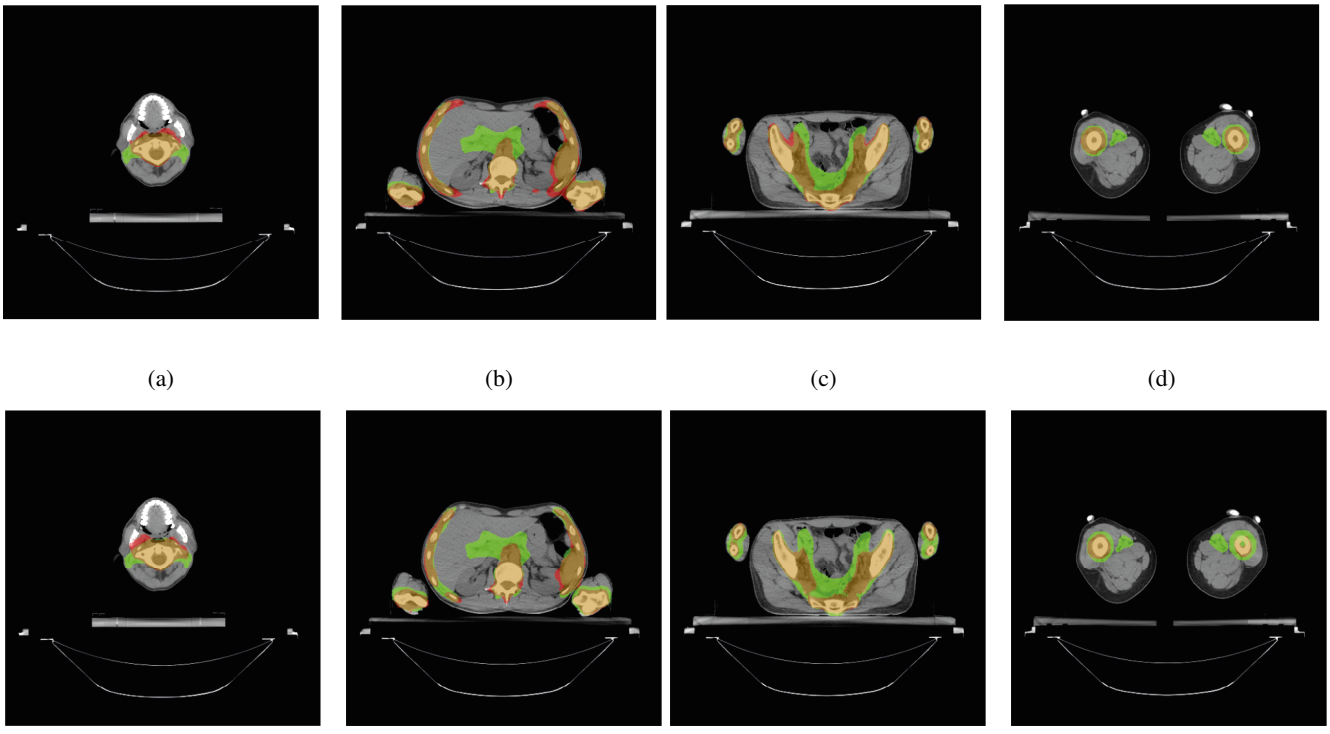


图3：二元交叉熵损失和深度学习模型的DSC（左）及95%豪斯多夫距离（右）值箱线图。

在第四个切片（图4d）中，该切片代表腿部区域，模型未能分割腹股沟淋巴结，这可能是因为医生经常会遗漏这些淋巴结。图4第二行展示了相同切片叠加深度学习模型预测结果后的图像。值得注意的是，深度学习模型的分割错误与前文讨论的BCEL模型错误十分相似。请注意，深度学习模型的分割错误与前文讨论的BCEL模型错误十分相似。不过，深度学习模型的分割结果更容易出现假阴性，这一点从图4h中骨骼周围以及图4g中髂淋巴结区域内更大的绿色区域可以看出。

VI. 结论

本研究训练了两个采用不同损失函数的 U-Net 分割模型，用于勾画全骨髓照射（TMLI）治疗的计划靶体积（PTV）。模型使用一个数据集进行训练，该数据集包含2011年至2021年在 Humanitas研究医院接受治疗的100名患者。PTV涵盖若干复杂结构，这些结构存在解剖变异，并根据特定临床指南包含额外边缘。复杂性增加给准确的PTV分割带来了挑战，其中最显著的困难出现在淋巴结区域。此外，对分割错误的目视检查表明，由于缺乏全面的勾画指南，真实标注存在较大差异，这可能影响了模型的性能。尽管面临这些挑战，表现最佳的



(a) (b) (c) (d)

(e) (f) (g) (h)

图4：分割效果不佳的CT切片示例。每张切片中，计划靶区的真实标注以绿色叠加显示，预测结果以红色叠加显示。第一行展示BCEL模型的预测结果，第二行展示深度学习模型的预测结果。因此，每张切片中的假阴性区域显示为绿色，假阳性区域显示为红色，真阳性区域显示为黄色。

模型仍展现出良好的前景，Dice相似系数（DSC）为 0.816 ± 0.064。

我们认为，研究结果令人鼓舞，标志着朝着开发计划靶区分割模型迈出了一步。该模型有望有效应用于临床实践，从而节省大量时间并生成更可靠的轮廓。未来的研究将探索其他深度学习架构，并通过纳入与计划靶区分割相关的解剖结构勾画来改进模型输入。此外，我们计划深入检查本研究所用数据集中的真实标注，以提高其对勾画指南的遵循程度。

参考文献

[1] C. L. Brouwer, R. J. Steenbakkers, J. Bourhis, W. Budach, C. Grau, V. Gr´egoire, M. van Herk, A. Lee, P. Maingon, C. Nutting, B. O'Sullivan, S. V. Porceddu, D. I. Rosenthal, N. M. Sijtsema, 和 J. A. Langendijk, "头颈部区域危及器官的CT影像勾画：DAHANCA、EORTC、GORTEC、HKNPCSG、NCIC CTG、NCRI、NRG Oncology和TROG共识指南", 《放射治疗与肿瘤学》, 第117卷, 第83–90页, 2015年10月。 [在线]。可访问：https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0167814015004016

[2] J. Y. C. Wong、S. Hui、M. Scorsetti、P. Mancosu、A. R. Filippi、P. S. Matteo、J. Y. C. Wong、M. Scorsetti、S. Hui、L. P. Muren 和 P. Mancosu, "急性白血病骨髓移植中的全骨髓照射和全淋巴照射", 综述《柳叶刀·肿瘤学》, 第21卷, 第477–87页, 2020年。 [在线]。可获取：www.thelancet.com/oncology

[3] J. Y. Wong、A. Liu、T. Schultheiss、L. Popplewell、A. Stein、J. Rosenthal、M. Essensten、S. Forman和G. Somlo, "使用三维图像引导断层调强放射治疗的靶向全骨髓照射：标准全身照射的替代方案", 《血液与骨髓移植生物学》, 第12卷, 第3期, 第306–315页, 2006年。 [在线]。可获取：https: //www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1083879105007263

[4] N. G. Burnet、S. J. Thomas、K. E. Burton和S. J. Jefferies, "界定放射治疗的肿瘤体积与靶区体积", 《癌症影像学》, 第4卷, 第153页, 2004年。

[5] J. Wong、V. Huang、D. Wells、J. Giambattista、J. Giambattista、C. Kolbeck、K. Otto、E. P. Saibishkumar和A. Alexander, "在两家癌症中心实施基于深度学习的自动分割以用于放射治疗计划结构：一项工作流程研究", 《放射肿瘤学》, 第16卷, 第101页, 2021年12月。

[6] K. Harrison、H. Pullen、C. Welsh、O. Oktay、J. Alvarez-Valle和R. Jena, "放射治疗计划中自动分割的机器学习", 《临床肿瘤学》, 第34卷, 第74–88页, 2022年2月。

[7] R. Laboratories, "深度学习分割", 2022年。 [在线]。可获取：https://www.raysearchlabs.com/machine-learning-in-raystation/

[8] L. AI, "Limbus轮廓", 2022年。 [在线]。可获取：https://limbus.ai/

[9] O. Ronneberger、P. Fischer和T. Brox, "U-net：用于生物医学图像分割的卷积网络", 2015年。 [在线]。可获取：https://arxiv.org/abs/1505 04597 。

[10] T. R. Langerak、F. F. Berendsen、U. A. Van der Heide、A. N. T. J. Kotte和J. P. W. Pluim, "结合预配准图谱选择的基于多图谱的分割", 《医学物理学》, 第40卷, 第9期, 第091701页, 2013年。 [在线]。可获取：https://aapm.onlinelibrary.wiley. com/doi/abs/10.1118/1.4816654

[11] K. D. Fritscher、M. Peroni、P. Zaffino、M. F. Spadea、R. Schubert、

和G. Sharp，“利用多图谱、统计外观模型和测地线活动轮廓进行放射治疗计划的头颈部CT图像自动分割”，《医学物理学》，第41卷，第5期，第051910页，2014年。 [在线]。可获取：https://aapm.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/ 10 1118 1 4871623 . / . J. E. Iglesias和 [12] M. R. Sabuncu，“生物医学图像的多图谱分割：综述”，医学图像分析，第24卷，第1期，第205–219页，2015年。[13] G. Sharp、K. D. Fritscher、V. Pekar、M. Peroni、N. Shusharina、H. Veeraraghavan和J. Yang，“Vision 20/20：放射治疗自动图像分割的展望”，《医学物理学》，第41卷，第5期，第050902页，2014年。 [在线]。可获取：https: //aapm.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/ 10 1118 1 4871620 . / . K. K. Brock、S. [14] Mutic、T. R. McNutt、H. Li和M. L. Kessler，“图像配准与融合算法及技术在放射治疗中的应用：AAPM放射治疗委员会第132工作组报告”，《医学物理学》，第44卷，第7期，第e43–e76页，2017年。 [在线]。可获取：https://aapm.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/ 10 1002 12256 . /mp. A. A. Qazi、 [15] V. Pekar、J. Kim、J. Xie、S. L. Breen和D. A. Jaffray，“头颈部CT图像中正常组织和靶区结构的自动分割：一种特征驱动的基于模型方法”，《医学物理学》，第38卷，第11期，第6160–6170页，2011年。 [在线]。可获取：https://aapm.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/ 10 1118 1 3654160 . / . B. Rigaud、A. [16] Simon、J. Castelli、C. Lafond、O. Acosta、P. Haigron、G. Cazoulat和R. de Crevoisier，“用于放射治疗的可变形图像配准：原理、方法、应用与评估”，《肿瘤学学报》，第58卷，第9期，第1225–1237页，2019年，pMID：31155990。 [ ] 10 1080 0284186 2019 1620331 在线。可获取： [17] https://doi.org/ . / X. . Y. Liu、Y. Lei、Y. Fu、T. Wang、J. Zhou、X. Jiang、M. McDonald、J. J. Beitler、W. J. Curran、T. Liu和X. Yang，“借助合成MRI对CT图像进行头颈部多器官自动分割”，《医学物理学》，第47卷，第4294–4302页，2020年9月。[18] C. E. Cardenas、A. S. R. Mohamed、J. Yang、M. Gooding、H. Veeraraghavan、J. Kalpathy-Cramer、S. P. Ng、Y. Ding、J. Wang、S. Y. Lai、C. D. Fuller和G. Sharp，“用于通过专家手动分割确定T2加权磁共振成像自动分割准确性的头颈癌患者图像”，《医学物理学》，第47卷，第2317–2322页，2020年5月。[19] J. Yang、H. Veeraraghavan、W. van Elmpt、A. Dekker、M. Gooding和G. Sharp，“带有胸部癌症专家手动勾画轮廓的CT图像，用于基准评估自动分割准确性”，《医学物理学》，第47卷，2020年7月。[20] X. Feng、K. Qing、N. J. Tustison、C. H. Meyer和Q. Chen，“使用裁剪后的三维图像分割胸部危及器官的深度卷积神经网络”，《医学物理学》，第46卷，2019年5月。[21] N. Tong、S. Gou、T. Niu、S. Yang和K. Sheng，“用于腹部CT图像多器官自动分割的带边界约束自适应节奏DenseNet”，《医学与生物学中的物理学》，第65卷，2020年7月。[22] H. Kim、J. Jung、J. Kim、B. Cho、J. Kwak、J. Y. Jang、S. wook Lee、J. G. Lee和S. M. Yoon，“使用基于三维图块的深度卷积神经网络进行腹部多器官自动分割”，《科学报告》，第10卷，2020年12月。[23] C. Y. Ma、J. Y. Zhou、X. T. Xu、J. Guo、M. F. Han、Y. Z. Gao、H. Du、J. N. Stahl和J. S. Maltz，“基于深度学习的宫颈癌放射治疗临床靶体积自动分割”，《应用临床医学物理学杂志》，第23卷，2022年2月。[24] R. Kalantar、G. Lin、J. M. Winfield、C. Messiou、S. Lalondrelle、M. D. Blackledge和D. M. Koh，“使用深度学习自动分割盆腔癌：前沿方法与挑战”，《诊断学》，第11卷，2021年11月。[27] H. Tang、X. Chen、Y. Liu、Z. Lu、J. You、M. Yang、S. Yao、G. Zhao、Y. Xu、T. Chen、Y. Liu和X. Xie，“用于CT图像危及器官勾画的临床适用的深度学习框架”，《自然·机器智能》，第1卷，第480–491页，2019年9月。

[25] X. Dong、Y. Lei、S. Tian、T. Wang、P. Patel、W. J. Curran、A. B. Jani、T. Liu 和 X. Yang，“利用循环一致性深度注意力网络进行男性盆腔计算机断层扫描的合成 MRI 辅助多器官分割”，《放射治疗与肿瘤学》，第 141 卷，第 192–199 页，2019 年 12 月。[26] X. Chen、S. Sun、N. Bai、K. Han、Q. Liu、S. Yao、H. Tang、C. Zhang、Z. Lu、Q. Huang、G. Zhao、Y. Xu、T. Chen、X. Xie 和 Y. Liu，“用于放射治疗的全身计算机断层扫描图像中危及器官的深度学习自动分割系统”，《放射治疗与肿瘤学》，第 160 卷，第 175–184 页，2021年。 [在线]。获取地址：https:// www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167814021062174[28] O. C¸ic¸ek、A. Abdulkadir、S. S. Lienkamp、T. Brox 和 O. Ronneberger，“3D U-Net：从稀疏标注中学习密集体积分割”，载于医学图像计算与计算机辅助干预 – *MICCAI 2016*，S. Ourselin、L. Joskowicz、M. R. Sabuncu、G. Unal 和 W. Wells 编。Cham：施普林格国际出版公司，2016年，第 424–432 页。[29] X. Zhou，“利用深度学习方法对三维计算机断层扫描图像中的多个器官进行自动分割”，实验医学与生物学进展，第 1213 卷，第 135–147 页，2020年。[30] J. Wasserthal、M. Meyer、H.-C. Breit、J. Cyriac、S. Yang 和 M. Segeroth，“TotalSegmentator：对计算机断层扫描图像中 104 种解剖结构进行稳健分割”，2022年。[31] F. Isensee、J. Petersen、A. Klein、D. Zimmerer、P. F. Jaeger、S. Kohl、J. Wasserthal、G. Koehler、T. Norajitra、S. Wirkert 和 K. H. Maier-Hein，“nnU-Net：用于基于 U-Net 的医学图像分割的自适应框架”，2018年。[32] J. Shi、Z. Wang、H. Kan、M. Zhao、X. Xue、B. Yan、H. An、J. Shen、J. Bartlett、W. Lu 和 J. Duan，“骨髓移植中全骨髓及淋巴组织照射靶结构的自动分割”，载于*2022*年第*44*届*IEEE*医学与生物学工程学会年度国际会议（*EMBC*），2022年，第 5025–5029 页。[33] Z. Liu、Y. Lin、Y. Cao、H. Hu、Y. Wei、Z. Zhang、S. Lin 和 B. Guo，“Swin Transformer：采用移位窗口的分层视觉变换器”，2021年。[34] K. He、X. Zhang、S. Ren 和 J. Sun，“用于图像识别的深度残差学习”，载于*2016*年*IEEE*计算机视觉与模式识别会议（*CVPR*），2016年，第 770–778 页。[35] W. T. Watkins、K. Qing、C. Han、S. Hui 和 A. Liu，“全骨髓照射的自动分割”，肿瘤学前沿，第 12 卷，文章编号 4166，2022年8月。[36] P. Mancosu、P. Navarria、L. P. Muren、L. Castagna、G. Reggiori、E. Clerici、B. Sarina、S. Bramanti、C. De Philippis、S. Tomatis、A. Santoro 和 M. Scorsetti，“全骨髓照射固定装置的开发”，《实用放射肿瘤学》，第 11 卷，第 1 期，第 e98–e105 页，2021年。 [在线]。获取地址：https: // www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1879850020300588[37] C. H. Sudre、W. Li、T. Vercauteren、S. Ourselin 和 M. Jorge Cardoso，“广义Dice重叠：针对高度不平衡分割的深度学习损失函数”，载于医学图像分析中的深度学习与临床决策支持的多模态学习，M. J. Cardoso、T. Arbel、G. Carneiro、T. Syeda-Mahmood、J. M. R. Tavares、M. Moradi、A. Bradley、H. Greenspan、J. P. Papa、A. Madabhushi、J. C. Nascimento、J. S. Cardoso、V. Belagiannis 和 Z. Lu 编。Cham：施普林格国际出版公司，2017年，第 240–248 页。[38] D. Dei、N. Lambri、S. Stefanini、V. Vernier、R. C. Brioso、L. Crespi、E. Clerici、L. Bellu、C. D. Philippis、D. Loiacono、P. Navarria、G. Reggiori、S. Bramanti、M. Rodari、S. Tomatis、A. Chiti、C. Carlo-Stella、M. Scorsetti 和 P. Mancosu，“降低全骨髓及淋巴结照射中淋巴结勾画变异性的内部指南”，《癌症》，第 15 卷，文章编号 1536，2023年2月。 [在线]。获取地址：https://www.mdpi.com/2072-6694/15/5/1536