

基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析



张桂凤*

(黑龙江科技大学电气与控制工程学院 哈尔滨 150022)

【摘要】随着现代社会中脑部肿瘤发病率的日渐上升,脑肿瘤患者存活周期分析在临床中的意义也日渐凸显。为解决当前方法分析准确率不高的问题,该文提出一种基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析系统,首先对脑肿瘤患者的 MR 进行预处理、归一化、获取 ROI 和分割等处理,随后提取脑肿瘤患者的多序列 MR 的纹理特征以及进行以互信息为评价标准的特征选择并得到特征子集,最后搭建以 Adaboost.R2 为核心的分析模型,并利用特征子集完成分析模型的训练和调优,以完成肿瘤患者存活周期的分析。Brats2018 训练数据上的交叉验证实验结果证实该系统的分析准确率优于 Brats2018 challenge 前 3 名的方法和传统回归分析方法。

关键词 Adaboost.R2; 脑部肿瘤; MR; 存活周期分析; 纹理特征
中图分类号 TP391.4 **文献标志码** A **doi**:10.12178/1001-0548.2019101

Life Cycle Analysis for Brain Tumor Patients Based on Adaboost

ZHANG Gui-feng*

(Institute of Electrical and Control Engineering, Heilongjiang University of Science and Technology Harbin 150022)

Abstract With the increasing incidence of brain tumors in modern society, the analysis of the survival cycle of patients with brain tumors has become increasingly significant in clinical practice. In order to solve the problem of low accuracy of the current method, this paper proposes a life cycle analysis system for brain tumor patients based on Adaboost. Firstly, preprocessed magnetic resonance images and obtained its region of interest (ROI) and segmentation part, then extracted the texture features of multi-sequence MR for brain tumor patients, and performed feature selection using mutual information as the evaluation standard to obtain feature subset. Finally, this article builds an analysis model with Adaboost.R2 as the core method, and uses the feature subset to complete the training and tuning of the analysis model to complete the analysis of the survival period of tumor patients. The cross-validation experimental results on Brats2018 training data confirm that the analysis accuracy of this system is better than the Top3 methods of Brats2018 challenge and the traditional regression analysis methods.

Key words Adaboost.R2; brain tumors; MR; overall survival prediction; texture features

脑肿瘤是指发生于颅腔内的神经系统肿瘤,又称颅内肿瘤,其主要发生于成年人,特别是老年人,具有复发率高、病死率高以及治愈率低 3 大特点^[1]。脑肿瘤产生的常见危害是造成脑内组织水肿和压迫中枢神经等脑内正常组织。脑肿瘤伴随的脑水肿会导致颅内压升高,在临床上脑肿瘤患者多表现为头痛、呕吐或瞳孔病变等。脑肿瘤的生长会直接压迫正常脑内功能结构,诱发认知能力下降、偏瘫、失语症、反应迟钝等局部神经症状的发生。

脑部磁共振成像(magnetic resonance images, MR)是脑肿瘤疾病检查的主要手段之一,具有实时成像、无创伤性成像、无辐射性成像、成像分辨

率高等优点。MR 利用原子核自旋运动的特点,成像设备对脑组织进行外加磁场干预,并用探测器检测射频脉冲激发脑内原子后所产生的信号,再由计算机对探测器检测的信号处理成图像^[2]。脑肿瘤疾病诊断普遍使用的 MR 是结构性磁共振影像(structural magnetic resonance imaging, sMRI),sMRI 能够定性地展现大脑中肿瘤组织和正常组织的位置、形状和大小,为医生把握患者的病情提供有效参考。sMRI 在成像过程中可以通过调节参数生成 T1、T2、T1ce(T1 增强)、Flair(液体衰减反转恢复)等多种序列,以不同方式呈现组织特性,为临床诊断提供多角度、多方位的准确信息。如,肿

收稿日期:2019-04-16; 修回日期:2020-03-10

作者简介:张桂凤(1976-),女,副教授,主要从事工电电子及信号处理方面的研究. E-mail: zgfzgf99@126.com

瘤和纤维组织在 T1 序列中均多呈低信号,而在 T2 序列中肿瘤多呈现为高信号,纤维组织呈现低信号。这样,就可以通过 T1、T2 序列的结合来对目标组织进行判断。通常脑肿瘤在多序列 MR 中呈现出的肿瘤区域由 3 个子区域组成,分别为水肿区域 (edema tumor, ED)、增强区域 (GD-enhancing tumor, ET)、非坏死区域 (necrotic and non-enhancing tumor, NCR)。

基于 MR 的脑肿瘤患者存活周期预测研究,能够为临床诊断效果的判别和医师相关治疗计划的调整提供相应的辅助参考信息。因此,基于 MR 的脑肿瘤患者存活周期预测在临床中也极具意义。但是,基于 MR 的脑肿瘤患者存活周期分析是一项极具挑战的工作,因为临床中保留下的可供分析的完备且有效的样本数量相对较少,增加了分析难度。随着机器学习等人工智能技术的不断成熟,基于 MR 的脑肿瘤患者存活周期预测的研究也取得了一些进展。文献 [3] 提出了一种基于图像特征和非图像特征的线性回归模型的分析方法,其从脑肿瘤 MR 的 Groundtruth 中提取了 ED、ET 以及 NCR 部分的体素数目和表面积等 6 种图像特征以及患者的年龄和手术状态 2 种非图像特征,最后将 8 种特征输入到线性回归 (linear regression, LR)^[4] 模型中进行学习训练以进行存活周期分析。文献 [5] 提出了一种基于纹理特征和多层感知机 (multi-layer perception, MLP)^[6] 模型的分析方法,其通过计算肿瘤 MR 的一阶统计、形状特征、灰度共生矩阵和灰度运行长度矩阵特征,并从 ED、肿瘤核区域 (tumor core, TC) 及 ET 区域中提取了 468 个特征,并将提取的 468 种特征输入到 MLP 中学习训练,经过相关模型调优后完成脑肿瘤患者存活周期分析的工作。文献 [7] 提出了一种基于脑肿瘤患者年龄和 LR 的分析方法,其直接将患者年龄输入到 LR 模型中训练以进行存活周期分析。以上 3 种方法在 Brats2018 Challenge^[8] 的脑肿瘤患者存活周期分析赛道中取得了前 3 名的成绩。除了以上方法外,相关的机器学习回归方法,如支持向量机模型 (support vector machine, SVM)^[9]、K 近邻 (K-nearest neighbor, KNN)^[10]、随机森林 (random forest, RF)^[11] 等模型,也在此领域中有着相关应用。

虽然脑肿瘤患者存活周期分析领域已经取得了一些进展,但是仍存在一些问题待解决。首先,一些方法在前期特征工程阶段存在特征提取针对性不强和特征选择缺失的问题。现行系统中的许多方法在特征提取阶段针对性不强,没有根据分析目的进

行特征提取。并且相关方法没有对所提特征集进行去冗余和去相关处理,在特征提取阶段提取的原始特征集中可能存在大量的冗余特征和相关特征。如果直接利用原始特征集进行模型的训练不仅增大模型的训练代价而且可能会限制模型泛化能力的提升。其次,分析模型选择目的性不明确。由于临床中可用的训练样本较少,所以在进行分析时就应该尽可能地选取泛化能力高的分析模型。虽然 MLP、LR 等模型具有简单、可操作性高等优点,但是通过优化目标的分析可以了解到这些模型的泛化能力与基于 MR 的脑肿瘤患者存活周期分析的要求还相距较远。为解决以上问题,本文提出了一种基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析系统。

1 脑肿瘤患者生存周期分析

图 1 为本文提出的基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析系统图。为增强影像样本中有关信息的可检测性、最大限度地简化数据以及改进特征提取和识别的可靠性,首先对脑肿瘤患者的多序列功能性磁共振样本进行时间层校正、头动校正、图像配准、空间配准、空间标准化等预处理。之后通过读取肿瘤区域标注的 Groundtruth 进行肿瘤感兴趣区域 (region of interest, ROI) 的确定和肿瘤目标区域的分割。通过以上预处理等操作,本文对脑肿瘤多序列 MR 影像提取纹理特征以获取原始特征集。在特征提取之后,为减少模型训练过程中的时间代价、资源占耗和提高模型预测的结果,利用前向分布算法以互信息 (mutual information, MI)^[12] 为评价准则对原始特征集进行去冗余和去相关性等降维处理,并获取原始特征集的有益特征子集。在特征选择之后,利用特征子集和对应样本的存活情况对 Adaboost.R2^[13] 进行学习训练,并在经过调优后输出相关样本的存活周期的分析结果。

1.1 特征提取

由于 MR 样本的体素数目巨大,直接利用 MR 进行学习分析就变得十分困难。为了减少学习代价和最大化模型的泛化效果,必须从脑肿瘤 MR 中提取具有信息量和非冗余性的派生值,这样不仅能够尽可能无差性地描述原始数据,而且能够简化学习过程。纹理是一种反映图像中同质现象的视觉特征,它体现了物体表面具有缓慢变化或者周期性变化的表面结构组织排列属性^[14]。通过像素及其周围空间邻域的灰度分布展现的纹理可以了解肿瘤等病变组织的发展区域和恶化程度,从而了解脑部肿瘤的本质属性。同时,纹理特征具有旋转不变性和对

于噪声有较强的抵抗能力，因此，本文采用纹理特征作为进行脑肿瘤患者存活周期分析的主要特征。

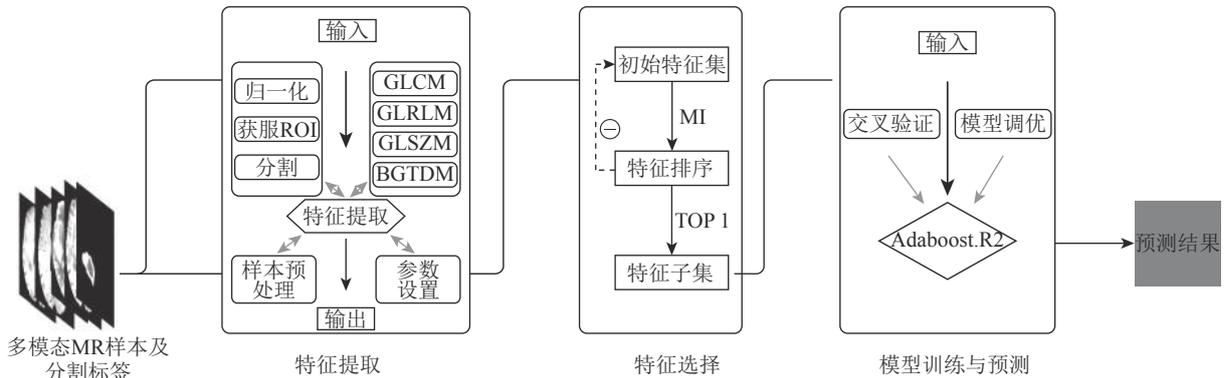


图1 基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析系统图

对脑肿瘤患者的 MR 影像进行多序列、多重分形的纹理特征提取。首先，要获取应用于肿瘤分析的感兴趣区域 (ROI)，采取的方法是读取脑肿瘤患者影像的分割标签 (groundtruth)，这些分割标签是由脑肿瘤影像分析专家逐层勾画

的，能够精准表示肿瘤的区域。脑肿瘤患者 MR 影像的标注、分割、三维 ROI 示例如图 2 所示。其中图 2a 为脑肿瘤患者的 MR 影像，左上曲线为肿瘤边界，图 2b 为分割结果，图 2c 为 ROI 示意图。

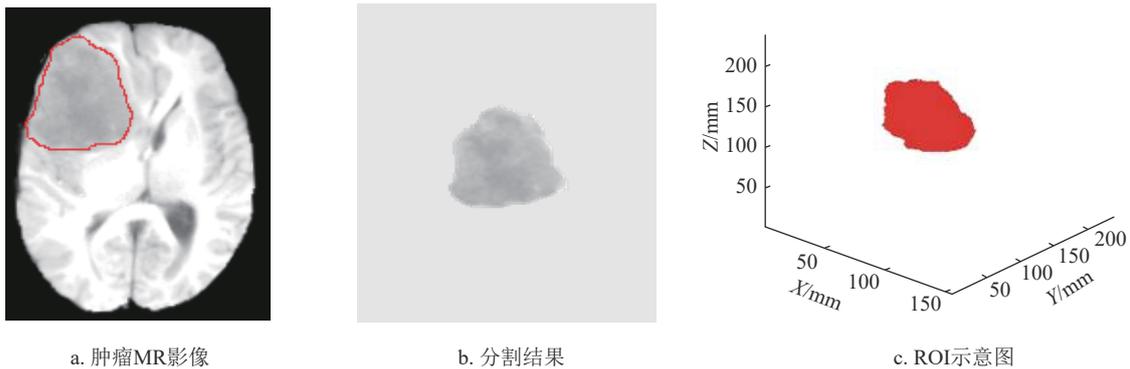


图2 脑肿瘤 MR 标注、分割、ROI 示意图

在获取脑肿瘤 MR 的 ROI 之后，通过 Pyradiomics^[15] 分别计算脑肿瘤 MR 的三维灰度共生矩阵 (gray-level co-occurrence matrix, GLCM)^[16]、灰度游程矩阵 (gray-level run-length matrix, GLRLM)^[17]、灰度级带矩阵 (gray-level size zone matrix, GLSZM)^[18]、灰度空间依赖矩阵 (gray level dependence matrix, GLDM)^[19] 及其相关矩阵属性值，提取 70 种纹理特征。最后，按照以上特征提取方法在脑肿瘤患者的 T1、T2、T1ce、Flair 4 个模态以及 ED、ET、NCR 3 个肿瘤子区域中，分别提取了以上 70 种特征。综上，本文共提取了 490(7×70) 种纹理特征。

1.2 特征选择

本文在特征提取阶段提取了 490 种特征，这些特征为后续预测模型的学习提供了学习依据。由于

所提取的原始特征集可能存在冗余特征和相关特征，如果这些特征全部用于预测模型的建立，必然会增大预测模型训练代价和降低学习模型的预测效果。因此，在预测模型学习之前需要进行特征选择将提取的原始特征集进行去冗余性和去相关性操作，即进行特征选择。本文使用前向逐步算法以 MI，如式 (1) 为评价准则提取的原始特征集选出了一个包含 70 个特征的特征子集。式 (1) 互信息描述的是两个特征的分布相似度。

$$MI(X;Y) = \sum_{y \in Y} \sum_{x \in X} p(x,y) \log \left(\frac{p(x,y)}{p(x)p(y)} \right) \quad (1)$$

式中， $p(x,y)$ 是特征 X 和特征 Y 的联合概率分布函数； $p(x)$ 和 $p(y)$ 分别是特征 X 和特征 Y 的边缘概率分布函数。

对原始特征集进行特征选择的步骤如下: 1) 计算原始特征集中每一个特征与其他特征的互信息之和, 将原始特征集中与其他特征互信息之和最小的特征放入特征子集中; 2) 更新原始特征集和特征子集; 3) 依次迭代, 直到特征子集中包含 70 个特征为止。具体算法结构如算法 1 所示, 算法 1 中 index 表示每次迭代时选择的特征的序号。

算法 1 特征选择

输入: 原始特征集 X

输出: 特征子集 Y

初始化:

$Y = \emptyset$

featnum=70

for j to featnum do

 for i to length(X) do

 index = $\arg \min_i \sum_{m=1, m \neq i}^{\text{len}} \text{MI}(X_i, X_m)$

$Y = Y + X_{\text{index}}$

$X = X - X_{\text{index}}$

 end

end

1.3 Adaboost.R2

Adaboost.R2 算法是一种前向分布算法, 即此模型是由基本分类器组成的加法模型:

$$f(x) = \sum_{t=1}^T \alpha_t B_t(x) \quad (2)$$

式中, $B_t(x)$ 是基学习器; α_t 是基学习器的系数, 其预测结果是各个基学习器预测结果的加权和, 所以在训练过程中, 依次迭代训练各个学习器及其系数。在这一训练过程中, 为了增大学习器的收敛效果, 采用平方误差以监督模型的学习, 即:

$$L(y^i, f(x^i)) = (y^i - f(x^i))^2 \quad (3)$$

为简化计算, 用归一化因子 D 将以上损失函数进行归一化:

$$L(y, f(x)) = \frac{(y^i - f(x^i))}{D} \quad (4)$$

式中,

$$D = \sup \{y^i - f(x^i) | i \in \{1, 2, \dots, N\}\} \quad (5)$$

根据 Adaboost.R2, 假设经过 $t-1$ 轮迭代训练生成的预测学习器

$$f_{t-1}(x) = f_{t-2} + \alpha_{t-1} B_{t-1}(x) = \alpha_1 B_1(x) + \alpha_2 B_2(x) + \dots + \alpha_{t-1} B_{t-1}(x) \quad (6)$$

则在第 t 轮迭代学习训练中得到 α_t 、 $B_t(x)$ 和 $f_t(x)$ 为: $f_t(x) = f_{t-1}(x) + \alpha_t B_t(x)$, 其中:

$$(\alpha_t, B_t(x)) = \arg \min_{\alpha, B} \sum_{i=1}^N \frac{(y^i - (f_{t-1}(x^i) + \alpha B_t(x^i)))^2}{(D_t^i)^2} \times p_t^i \quad (7)$$

式中, $p_t^i = \frac{W_t^i}{\sum W_t^i}$ $i = 1, 2, \dots, N$

Adaboost.R2 的算法伪代码如算法 2 所示。

算法 2 Adaboost.R2

输入: 训练集 $(x^1, y^1), (x^2, y^2), \dots, (x^N, y^N)$ 。其中 x^i 为训练样本; y^i 为回归标签; 最大迭代次数 T ; 当前迭代指数 t ; 学习损失 L ; T 次迭代生成的学习器映射权重 W_t 。

输出: 预测函数 $f(x) = \sum_{t=1}^T \alpha_t B_t(x)$

$t=1$

$L < 0.5$

$W_t^i = \frac{1}{N} \quad \forall i \in \{1, 2, \dots, N\}$

while $L < 0.5$ do

 for t to T do

$D \leftarrow \sup (y^i - f(x^i)) \quad i=1, 2, \dots, N$

$p_t^i \leftarrow \frac{W_t^i}{\sum W_t^i}$

$L \leftarrow \sum_{i=1}^m \frac{(y^i - (f_{t-1}(x^i) + \alpha_t B_t(x^i)))}{D_t^i} \times p_t^i$

$a_t \leftarrow \frac{L_t}{1 - L_t}$

$W_{t+1}^i \leftarrow \frac{W_t^i \alpha_t^{1-L_t^i}}{Z_t}$

 end

end

2 实验与分析

2.1 实验数据

Brats2018 数据集是一个开源的多序列的脑肿瘤 MR 数据集, 由训练数据 (train data)、验证数据 (validation data)、测试数据 (test data) 3 个部分组成。其中, 只有训练部分公开了相关样本的存活情况, 所以本文使用 Brats2018 的训练数据进行相关实验验证。Brats2018 的训练数据包括 210 个高级别受试 MR 和 75 个低级别受试 MR。每例受试 MR 中分别包含 T1、T2、T1ce、Flair 4 个序列的 sMRI 和肿瘤区域标注 Groundtruth。在肿瘤区

域标注 Groundtruth 中, Brats2018 对脑肿瘤的 ED、ET 和 NCR 的不同区域用不同标签进行了标记。除此之外, Brats2018 训练数据集还提供了 163 例高级别受试 MR 对应的生存周期、年龄、手术情况信息。本文利用 Brats2018 训练数据中拥有存活周期信息的 160 例受试 MR 进行训练和

验证。图 3 为 Brats2018 训练数据集中某一受试样本的 T1、T2、T1ce、Flair 及分割 Groundtruth 像。其中图 3a 为 T1 序列; 图 3b 为 T2 序列; 图 3c 为 T1ce 序列; 图 3d 为 Flair 序列; 图 3e 为 Groundtruth; 图 3f 为 Brats2018 训练数据的存活周期分布直方图。

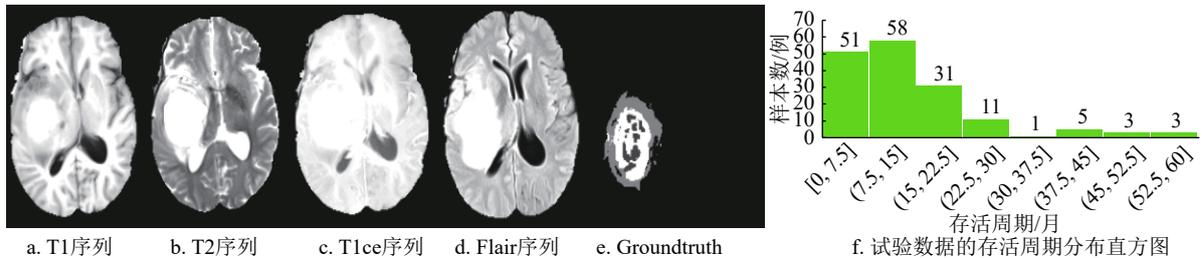


图3 Brats2018 训练数据样本

2.2 特征子集

表 1 为通过以 MI 为评价准则对原始特征集进行特征选择之后得到的特征子集, 其中包括 14 个 T1 序列的纹理特征, 11 个 T2 序列的纹理特征, 13 个 Flair 序列的纹理特征, 16 个 T1ce 序列的纹理特征以及 ED、ET、NCR 这 3 个肿瘤子区域的 16 个纹理特征, 共 70 种特征。表 1 中特征名称的书写规则为: 模态_纹理矩阵_矩阵属性。

2.3 实验结果及分析

为了对比本文提出的脑肿瘤的生存周期预测框架的表现能力, 本文在进行相关调研的基础上设计了 5 种对比实验, 前 3 种为 Brats2018 Challenge 的脑肿瘤患者存活周期分析赛道中取得前 3 名算法: Xue^[3]、Baid^[5]、Weninger^[7]。除此之外, 本文还通过对当前领域中常用的传统方法的进行了调研, 设计了 ICA^[20]+LR、PCA^[21]+RF 两种对比实验, 其中 ICA+LR 的计算原理是: 提取与本文相同的特征, 以 ICA 为评价准则进行特征选择后用 LR 进行存活时间的预测。与 ICA+LR 类似, PCA+RF 的计算原理是: 提取与本文相同的特征, 以 PCA 为评价准则进行特征选择后用 RF 进行存活时间的预测。

本文在相同的实验环境下进行了以上对比方法的实验验证。为了直观反映本文提出的基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期分析系统的泛化能力, 本文按照 Brats2018 的评测方法进行评测, 即将回归问题转为分类问题进行评测。在本文提出的分析模型输出相关样本的存活周期预测结果之后, 按照 Brats2018 的方法将预测结果映射为

3 个类别: 长期、中期、短期, 再以 3 个存活类别的分析准确率作为评测结果。其中, 长期为样本的存活周期大于 15 个月, 中期为存活周期大于 10 个月小于 15 个月, 短期为存活周期小于 15 个月。为了得到准确、可靠、有说服力的实验结果, 本文对整个训练验证的过程进行 5 折交叉验证, 并以 5 折交叉验证结果的均值作为最终输出结果, 具体实验结果如表 2 所示。通过表 2 可以看出, 本文提出的脑肿瘤患者存活周期分析系统的预测准确率优于 Xue、Baid 和 Weninger 的方法, 其中比 Xue 的方法提高了 5%, 比 Baid 提高了 18.35%, 比 Weninger 提高了 9.66%, 比 ICA+LR 提高了 10.625%, 比 PCA+RF 的方法提高了 14.375%。从以上实验结果可以得出, 对于基于 MR 的脑肿瘤患者存活分析来说, 显著特征的选择至关重要。本文在特征选择阶段选取了一个包含了 70 种特征的特征子集, 特征子集的个数既保证了特征中相对较低的冗余度, 又最大程度地保留了显著特征。相较于 Xue、Weninger 的方法, 本文提取和选择的特征是以上两种方法的 8~35 倍, 提升了显著特征的范围, 从而为提升脑肿瘤患者存活分析的准确率提供更多可学习特征。相较于 Baid 的方法, 本文通过特征选择得到的特征子集是其应用特征的 1/7, 降低了可训练特征的冗余度, 减小了噪声特征的影响, 从而为提升脑肿瘤患者存活分析的准确率提供了低冗余有益信息。基于传统降维的方法在处理大量特征的时候可能会产生部分显著特征丢失的问题, 从而限制了传统机器学习分析方法的分析效果, 所以本文也比基于降维

的传统方法有实质提升。

表1 特征子集

序号	特征名称	序号	特征名称
1	T1_glcmlm2	36	Flair_gldm_SDE
2	T1_glrmlm_RLNU	37	Flair_gldm_SDHGLE
3	T1_glrmlm_SRHGLE	38	Flair_gldm_SDLGLE
4	T1_glszm_LAHGLE	39	T1ce_glcmlm_DE
5	T1_glszm_SZNUN	40	T1ce_glcmlm_SE
6	T1_glszm_SAE	41	T1ce_glrmlm_LRHGLE
7	T1_glszm_SAHGLE	42	T1ce_glrmlm_RLNU
8	T1_glszm_ZE	43	T1ce_glszm_GLNUN
9	T1_gldm_DV	44	T1ce_glszm_GLV
10	T1_gldm_LDHGLE	45	T1ce_glszm_LAHGLE
11	T1_gldm_LDLGLE	46	T1ce_glszm_LGLZE
12	T1_gldm_SDE	47	T1ce_glszm_SZNUN
13	T1_gldm_SDHGLE	48	T1ce_glszm_SALGLE
14	T1_gldm_SDLGLE	49	T1ce_glszm_ZE
15	T2_glcmlm1	50	T1ce_gldm_LDHGLE
16	T2_glcmlm2	51	T1ce_gldm_LDLGLE
17	T2_glrmlm_RLNU	52	T1ce_gldm_SDE
18	T2_glszm_SZNUN	53	T1ce_gldm_SDHGLE
19	T2_glszm_SALGLE	54	T1ce_gldm_SDLGLE
20	T2_glszm_ZE	55	Ncr_glrmlm_RE
21	T2_gldm_DV	56	Ncr_glrmlm_RLNUN
22	T2_gldm_LDLGLE	57	Ncr_glszm_SAE
23	T2_gldm_SDE	58	Ncr_glszm_ZP
24	T2_gldm_SDHGLE	59	Ed_glszm_GLNU
25	T2_gldm_SDLGLE	60	Ed_glszm_SZNUN
26	Flair_glrmlm_RLNU	61	Ed_glszm_SAHGLE
27	Flair_glrmlm_SRHGLE	62	Ed_glszm_SALGLE
28	Flair_glszm_SZNUN	63	Ed_gldm_SDHGLE
29	Flair_glszm_SAE	64	Ed_gldm_SDLGLE
30	Flair_glszm_SALGLE	65	Et_glrmlm_GLNU
31	Flair_glszm_ZP	66	Et_glrmlm_RV
32	Flair_glszm_ZV	67	Et_glszm_LALGLE
33	Flair_gldm_DV	68	Et_gldm_DNU
34	Flair_gldm_LDHGLE	69	Et_gldm_DV
35	Flair_gldm_LDLGLE	70	Et_gldm_GLNU

表2 实验结果

算法	准确率/%
Xue	48.750
Baid	35.400
Weninger	44.090
ICA+LR	43.125
PCA+RF	39.375
本文	53.750

3 结束语

为了提高脑肿瘤患者存活周期分析的准确性，

本文提出一种基于 Adaboost 的脑肿瘤患者存活周期预测系统，通过对脑肿瘤患者多序列 MR 进行纹理特征提取、特征选择以及分析模型训练等一系列工作，完成了对脑肿瘤患者存活周期的分析。通过对 Brsts2018 训练数据的交叉验证实验表明，本文提出的分析系统的分析准确率优于当前领域的一些典型算法。

参考文献

- [1] 赖小波, 许茂盛, 徐小媚. 多模态 MR 图像和多特征融合的胶质母细胞瘤自动分割[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2019, 31(3): 421-430.
- [2] 侯超. 核磁共振的成像原理及临床应用研究[J]. 影像研究与医学应用, 2017, 1(9): 25-26.
- [3] LAI Xiao-bo, XU Mao-sheng, XU Xiao-mei. Multi-modal MR images and multi-feature fusion for automatic segmentation of glioblastoma[J]. Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics, 2019, 31(3): 421-430.
- [4] HOU Chao. The imaging principle and clinical application of NMR[J]. Image Research and Medical Applications, 2017, 1(9): 25-26.
- [5] FENG X, TUSTISON N, MEYER C. Brain tumor segmentation using an ensemble of 3D U-nets and overall survival prediction using radiomic features[C]// International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 279-288.
- [6] MONTGOMERY D C, PECK E A, VINING G G. Introduction to linear regression analysis[M]. New York: Wiley, 1982.
- [7] BAID U, TALBAR S, RANE S, et al. Deep learning radiomics algorithm for gliomas (DRAG) model: a novel approach using 3D UNET based deep convolutional neural network for predicting survival in gliomas[C]// International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 369-379.
- [8] ZHANG Z, LYONS M, SCHUSTER M, et al. Comparison between geometry-based and Gabor-wavelets-based facial expression recognition using multi-layer perceptron[C]// IEEE International Conference on Automatic Face & Gesture Recognition. Japan: IEEE, 1998: 454-459.
- [9] WENINGER L, RIPPEL O, KOPPERS S, et al. Segmentation of brain tumors and patient survival prediction: methods for the BraTS 2018 challenge[C]// International MICCAI Brainlesion Workshop. Cham: Springer, 2018: 3-12.
- [10] SPYRIDON, B, MAURICIO R, ANDRAS J, et al. Identifying the best machine learning algorithms for brain tumor segmentation, progression assessment, and overall survival prediction in the BRATS challenge[EB/OL]. [2019-03-19]. <https://arxiv.org/abs/1811.02629>.
- [11] CORTES C, VAPNIK V. Support-vector networks[J]. Machine Learning, 1995, 20(3): 273-297.

(下转第 480 页)