

АНАЛІЗ МЕТОДІВ СЕГМЕНТАЦІЇ БІОМЕДИЧНИХ 3D-ДАНИХ ЗА ДОПОМОГОЮ ГЛИБОКОГО НАВЧАННЯ

Lashchevska N.O., Cherevyk O.V. Analysis of biomedical 3D data segmentation methods using deep learning. This article provides a comprehensive review of modern approaches to the segmentation of biomedical 3D scans using deep learning techniques. A comparative analysis of neural network architectures is conducted, particularly convolutional neural networks (CNNs), Transformers, and the latest Mamba-type models, which offer varying levels of computational complexity, accuracy, and generalization capability. The advantages of hybrid architectures, multimodal approaches, and pretraining strategies – including self-supervised learning and generative adversarial networks (GANs) – are described as methods to improve performance under conditions of limited labeled data. The article highlights current segmentation challenges related to the high complexity of biomedical images, variability in scanning protocols, and resource constraints. Practical recommendations are offered for selecting the appropriate architecture based on task requirements, dataset characteristics, and available computational resources. Standard evaluation metrics (e.g., Dice coefficient, Hausdorff distance) and the use of publicly available medical datasets (BraTS, LiTS, ACDC) for model benchmarking are also discussed.

Keywords: medical image segmentation, 3D biomedical data, deep learning, convolutional neural networks, transformers, Mamba architecture, medical imaging, multimodal data, data augmentation, neural models, computational efficiency, self-supervised learning, BraTS, LiTS, ACDC

Лашевська Н.О., Черевик О.В. Аналіз методів сегментації біомедичних 3D-даних за допомогою глибокого навчання. У статті здійснено комплексний огляд сучасних підходів до сегментації біомедичних 3D-сканів із використанням методів глибокого навчання. Проведено порівняльний аналіз архітектур нейронних мереж, зокрема згорткових нейронних мереж (CNN), трансформерів (Transformer) та новітніх моделей типу Mamba, які забезпечують різні рівні обчислювальної складності, точності та здатності до узагальнення. Описано переваги використання гібридних архітектур, мультимодальних підходів, стратегій попереднього навчання, включаючи самонавчання та генеративні змагальні мережі (GAN), для підвищення точності в умовах обмежених розмічених даних. Стаття висвітлює актуальні проблеми сегментації, пов'язані з високою складністю біомедичних зображень, варіативністю протоколів сканування та обмеженнями ресурсів. Запропоновано практичні рекомендації щодо вибору архітектури на основі характеристик задачі, набору даних і обчислювальних можливостей. Також розглянуто стандартні метрики оцінки (коефіцієнт Дайса, відстань Хаусдорфа) та використання відкритих медичних наборів (BraTS, LiTS, ACDC) для тестування моделей.

Ключові слова: сегментація медичних зображень, 3D-біомедичні дані, глибоке навчання, згорткові нейронні мережі, трансформери, архітектура Mamba, медична візуалізація, мультимодальні дані, доповнення даних, нейронні моделі, обчислювальна ефективність, самонавчання, BraTS, LiTS, ACDC

Вступ

Одним з головних завдань аналізу медичних зображень є сегментація. Вона включає визначення та розмежування на спеціальних медичних знімках областей інтересу (ROI), що містять органи, тканини та зони їхнього ураження. Нейронні мережі за допомогою глибокого навчання може забезпечити більш точну та автоматизовану сегментацію, що значно спрощує роботу медичних фахівців і підвищує якість аналізу даних.

Біомедичне 3D-сканування вимагає виставлення міток кожному вокселю (елементу об'єму) на 3D-зображенні, щоб розрізнити границі тканин, органів, пухлин або інших структур, які є цікавими для дослідження. Ця операція може бути необхідна для таких задач, як виявлення пухлин, хірургічне планування, радіотерапія та анатомічне моделювання. Традиційні інструменти сегментації, такі як позначення границі, розширення області і підходи на основі атласу, мають обмеження щодо точності, швидкості та адаптивності. Це особливо вірно, коли йдеться про складні анатомічні варіації або зашумлені зображення.

Поява глибокого навчання внесла зміни у процес сегментації зображень. Це особливо стосується використання згорткових нейронних мереж (CNN). Ранні моделі глибокого

навчання в основному використовувалися для двовимірних зображень, але з використанням останніх досягнень стало можливо використовувати ці методи для 3D-об'ємів, що дозволяє більш точно та автоматизовано сегментувати біомедичні скановані зображення. Ці методи можуть використовуватись для вивчення ієрархічних характеристик необроблених об'ємних даних, охоплюючи контекстні та просторові зв'язки, які є критично важливими для точної сегментації.

Через складність даних і високу цінність результатів застосування глибокого навчання для сегментації 3D-сканів у біомедицині вимагає спеціального підходу. У цій статті ми розглянемо різні методики сегментації біомедичних 3D-сканів із використанням глибокого навчання. Ми також розглянемо переваги таких методик перед традиційними способами обробки зображень.

У цій статті розглядаються останні досягнення в сегментації біомедичних 3D-сканів, а також методи глибокого навчання. Ми розглянемо останні дослідження за останні п'ять років, цілі та завдання поточних досліджень, основні результати та майбутні дослідження в цій галузі.

Постановка завдання. Існуючі методи сегментації біомедичних 3D-сканів за допомогою глибокого навчання мають проблеми через обмежену кількість розмічених даних, високі витрати на обчислення та необхідність досягнення високої точності та надійності в умовах різноманітності медичних зображень та анатомічних структур. Цілі дослідження:

1. З'ясувати переваги та недоліки існуючих архітектур глибокого навчання (CNN, Transformer, Mamba та ін.), що використовуються для сегментації 3D біомедичних сканів.

2. Оцінити продуктивність та обчислювальну ефективність різних методів сегментації з використанням глибокого навчання на репрезентативних наборах даних 3D біомедичних зображень.

3. За допомогою глибокого навчання з'ясувати основні компоненти, що впливають на точність та ефективність сегментації 3D біомедичних сканів.

4. Проаналізувати можливості та недоліки новітніх архітектур глибокого навчання для досягнення кращих результатів при сегментації 3D-біомедичних сканів.

Аналіз останніх досліджень. За останні п'ять років спостерігається зростання розробки та застосування моделей глибокого навчання, адаптованих для сегментації медичних зображень у двовимірному та тривимірному форматах. З'явилися кілька важливих іновацій та розробок. Дослідники виокремлюють такі важливі елементи:

Незважаючи на те, що U-Net [1] продовжує служити основою для сегментації біомедичних зображень, дослідники запропонували ряд варіантів обробки 3D-даних. Наведемо приклади таких моделей:

- 3D U-Net. Завдяки розширенню U-Net до трьох вимірів можна обробляти великі обсяги даних безпосередньо, зберігаючи просторову узгодженість;

- моделі, що ґрунтуються на увазі. Варіанти U-Net, такі як Attention U-Net, включають механізми уваги для покращення локалізації ознак та придушення нерелевантних областей.

- Зорові трансформери у медичній візуалізації. Після досягнення успіху в обробці природної мови зорові трансформери (Vision Transformers, ViTs) були модифіковані для сегментації тривимірних медичних зображень. CNN та трансформери можуть використовуватися для виявлення глобальних залежностей, як це показано моделями TransUNet [2] та Swin-Unet [3].

Додавання та синтез даних є критично важливими, оскільки анотованих 3D-медичних даних для досліджень часто не вистачає. Методи розширення включають:

- Додавання даних на основі генеративних змагальних мереж (GAN). GAN створюють синтетичні зображення для покращення узагальнення моделі та доповнення навчальних наборів даних [4]; це автономне попереднє навчання. Попереднє навчання мереж на немаркованих даних використовується перед тонким налаштуванням на маркованих прикладах з використанням таких методів, як моделювання маскованих зображень та контрастне навчання [5].

Багатомасштабне виділення ознак та багатомодальні вхідні дані (наприклад, T1-зважені та T2-зважені МРТ) були використані для підвищення точності сегментації в декількох дослідженнях. Наприклад:

- ієрархічні структури сегментації; Вони використовують різну роздільну здатність, щоб виявити тонкі структури, такі як дрібні пухлини або ураження.

- Крос-модальні мережі злиття використовують дані з різних методів візуалізації для покращення диференціації тканин.

Обчислювальна ефективність стала життєво важливою з ростом розгортання у клінічних умовах. Ці моделі спрямовані на оптимізацію швидкості виведення та використання пам'яті. Ось деякі приклади таких моделей:

- Efficient3Dnet [6]. Для скорочення параметрів при збереженні продуктивності використовує глибинно-роздільні згортки та обрізання моделі;

- Гібридні 2.5D-підходи проєктують 3D-дані на 2D-зрізи по кількох осях перед злиттям, що забезпечує баланс швидкості та точності.

Стандартизовані метрики оцінки, такі як коефіцієнт Дайса, індекс Жаккара, чутливість, специфічність та відстань Хаусдорфа наразі широко використовуються в алгоритмах побудови зображень.

Порівняння та бенчмаркінг за різними алгоритмами були полегшені загальнодоступними наборами даних, такими як BraTS (Brain Tumor Segmentation Challenge), LiTS (Liver Tumor Segmentation Challenge), ACDC (Автоматизований діагноз серця) та бази MedSAM.

Метою роботи є аналіз та порівняння обчислювальних проблем, пов'язаних з використанням CNN, Transformers та Mamba для сегментації тривимірних медичних зображень. За допомогою вивчення складностей обчислень, вимог до пам'яті, часу навчання, швидкості виведення та впливу таких факторів, як розмір вхідних даних та глибина мережі, аналіз спрямований на пошук необхідних компромісів та практичних міркувань для дослідників та фахівців у цій галузі.

Виклад основного матеріалу дослідження

Аналіз нових технологій сегментації біомедичних 3D-сканів з використанням глибокого навчання вказує на значні досягнення у цій галузі. Основні результати та висновки стосуються розвитку та продуктивності різних мережевих архітектур, таких як згорткові нейронні мережі (CNN), мережі Transformer і архітектура Mamba, що зараз впроваджується у досліді. Ці архітектури включають різні завдання та реальні набори даних, що використовуються для сегментації біомедичних 3D-сканів для подальшої медичної візуалізації. Проведемо докладніший огляд переваг використання цих мережевих архітектур.

CNN (згортков) мережі, як і раніше, є основним підходом у цій галузі. Це особливо вірно для архітектури U-Net та її 3D-варіантів. Мета досліджень полягає в тому, щоб покращити ефективність та точність цих архітектур. Найпоширенішими у застосуванні є наступні варіанти архітектури [7]:

Структура, що самоконфігурується, створена на основі U-Net, добре справляється з різноманітними завданнями сегментації медичних 3D-зображень. Часто перевершує спеціалізовані рішення з мінімальним ручним втручанням. Вона показує свою універсальність, автоматично адаптуючи конфігурацію до конкретного набору даних.

Додавання залишкових з'єднань до архітектури U-Net дозволило навчати більш глибокі мережі, що призвело до поліпшення продуктивності сегментації.

Механізми уваги CNN, такі як Attention U-Net, дозволяють мережі зосередитися на відповідних областях зображення, що покращує сегментацію складних структур.

Для зниження обчислювальних витрат було вивчено полегшені архітектури CNN, такі як LV-Net, що використовують глибинно-розділені згортки, що робить їх придатними для середовищ з обмеженими ресурсами.

Був також вивчений цей різновид мереж для підвищення точності сегментації.

Методи, такі як MV-SIR CNN, що використовують багатовидову інформацію для підвищення точності, були запропоновані для певних цілей, таких як сегментація легеневих вузлів.

Мережі-трансформери, які були успішними в обробці природної мови, отримали значне поширення у сегментації медичних зображень у тривимірному форматі завдяки їхній здатності фіксувати довгострокові залежності. Наразі впроваджені і використовуються такі варіанти даної архітектури [8]:

Поєднання Transformers з CNN, таких як UNETR, 3D TransUNet та Swin UNETR, було визнано ефективним. Ці моделі використовують кодер трансформатора для глобального контексту та декодер CNN для точної локалізації. Зокрема Swin UNETR продемонструвала відмінну продуктивність як на еталонних, так і на реальних наборах даних.

Архітектури, такі як Primus, вивчають можливості суто трансформатор-орієнтованих моделей для 3D-сегментації. По ефективності вони наближаються до гібридних та CNN-орієнтованих методів або перевершують їх.

Архітектура Mamba, тип моделі простору станів (SSM), є гарною альтернативою для моделювання послідовностей та показує хороші результати для сегментації медичних 3D-зображень. Мамба ідеально підходить для завдань обробки медичних зображень високої роздільної здатності у тривимірному форматі, оскільки вона поєднує лінійну масштабованість з можливістю моделювання довгострокових залежностей. Mamba масштабується лінійно, на відміну Transformer, які мають квадратичну складність залежно від довжини послідовності. Це призводить до більш високої пропускної здатності, а також до меншого використання пам'яті та обчислювальних витрат. Для медичних 3D-зображень, які використовують великі об'ємні дані, що вимагають як швидкості, так і точності, ця ефективність є особливо корисною.

Дослідники вивчили різні варіанти архітектури Mamba для сегментації медичних 3D-зображень, включаючи EM-Net, U-Mamba, MICCSS, SegMamba UlikeMamba та SegResMamba, серед інших [9].

Для завдань сегментації 3D-зображень у медицині необхідно вибрати потрібний архітектурний дизайн. CNN, особливо прості варіанти, можуть бути хорошим вибором, якщо завдання в основному залежить від локального отримання ознак, а обчислювальні ресурси обмежені. В задачах, для яких розуміння глобального контексту та довгострокових залежностей має вирішальне значення для точної сегментації, і для яких доступні достатні обчислювальні ресурси, можна залучати трансформерні або гібридні CNN-трансформерні моделі. Архітектури на основі Mamba або гібридні моделі CNN-Mamba є перспективним варіантом для використання в ситуаціях, де обчислювальна ефективність і швидший результат мають вирішальне значення, або коли потрібні великі 3D-обсяги. Однак для повної реалізації їхнього потенціалу необхідні додаткові дослідження та перевірки. Зрештою, найкращий вибір залежить від ретельного розуміння конкретних вимог програми, особливостей набору даних та доступних обчислювальних ресурсів. Це часто включає компроміс між точністю сегментації і обчислювальною ефективністю. Таблиця 1 містить порівняння розглянутих мережевих архітектур щодо задачі сегментації тривимірних зображень.

Для сегментації медичних 3D-зображень ми розглянемо таблицю порівняння архітектур CNN, Transformer та Mamba за декількома основними компонентами.

Сильні сторони: обчислювально ефективні та добре зарекомендували себе для завдань обробки зображень; чудово вловлюють локальні просторові структури та шаблони завдяки згортальним операціям; Різні 3D-архітектури, такі як 3D U-Net, продемонстрували високу продуктивність. Слабкі сторони включають обмежену здатність ефективно моделювати довгострокові залежності і глобальний контекст через локальних рецептивних полів згорток; можуть зіткнутися зі складними та тонкими структурами, які вимагають ширшого розуміння картини.

Сильні сторони: використовують механізми самоуваги для виявлення глобальних зв'язків та довгострокових залежностей; продемонстрували перспективні результати у сегментації тривимірних медичних зображень, особливо для завдань, що потребують глобального

контексту. Слабкі сторони включають високі обчислювальні витрати, особливо при великих об'ємах 3D через квадратичну складність самоуваги щодо розміру вхідних даних. Оскільки вони більш загальні, вони можуть вимагати більших наборів даних, щоб працювати краще в порівнянні з CNN, які мають сильніший індуктивний зсув для просторових даних.

Таблиця 1

Порівняння архітектур CNN, Transformer и Mamba для сегментації медичних 3D-зображень

Особливість	CNN	Transformer	Mamba
Типове застосування	Загальна 3D-сегментація, органи, пухлини	Великі структури, глобальне оточення, гібридні моделі	Ефективне моделювання великих об'ємів
Обчислювальна складність	Залежить від розміру та глибини ядра	Квадратична до довжини послідовності	Лінійна за довжиною послідовності
Типовий діапазон параметрів	Від низького до високого	Від середнього до високого	Від низького до середнього
Типовий FLOPs	Від низького до високого	Високий	Від низького до середнього
Використання пам'яті	Від низького до високого	Високе	Від низького до середнього
Сильні сторони	Локальне виділення деталей, усталені методи, ефективні для локальних операцій	Глобальний контекст, довгострокові залежності	Ефективне моделювання великих обсягів, лінійне масштабування
Обмеження	Обмежене рецептивне поле, висока вартість для 3D	Високі обчислювальні витрати, інтенсивне використання пам'яті	Відносно нові. Проблеми із просторовим навчанням

Mamba – це модель поширення станів. Сильні сторони: демонструє потенціал для того, щоб перевершити трансформери у певних завданнях сегментації медичних 3D-зображень, особливо при покращенні за допомогою таких методів, як 3D-згортки по глибині та багатомасштабні стратегії; ефективно моделює довгострокові залежності з лінійною складністю щодо довжини послідовності, пропонуючи перевагу перед трансформерами з точки зору обчислювальних витрат для великих 3D-даних. Слабкі сторони: архітектура CNN відносно нова для аналізу 3D-медичних зображень, тому її повний потенціал та обмеження все ще вивчаються. Користувачі можуть зіткнутися з проблемами ефективності та адаптивності порівняно з усталеними архітектурами CNN.

Загалом, дана таблиця показує, що CNN ефективні захоплення локальних особливостей; Transformers мають перевагу у глобальному контексті, але вони дорогі; а Mamba пропонує більш ефективний метод моделювання довгострокових залежностей, який міг би скоротити різницю між продуктивністю та обчислювальними витратами при сегментації медичних 3D-зображень. Завдання, розмір набору даних та доступні обчислювальні ресурси визначають оптимальну архітектуру.

Порівняємо продуктивність та обчислювальну ефективність різних мережових архітектур (в даному випадку CNN, Transformers та Mamba) для задач сегментації медичних зображень у трьох вимірах. Таблиця 2 представляє результати аналізу.

У таблиці 2 представлені основні параметри, необхідні для оптимізації мережових архітектур: завдання/набори даних; конкретні завдання сегментації медичних 3D-зображень, такі як сегментація структур мозку в наборі даних BraTS або сегментація легених структур

LIDC-IDRI; метрики продуктивності, такі як індекс Дайса (DSC), який вимірює різницю між передбаченими та фактичними масками сегментації; Parameters (розмір моделі та обсяг пам'яті); FLOPs (операції з плаваючою точкою за секунду, що оцінюють обчислювальні витрати під час виведення); Час виведення – час, необхідний сегментації одного тривимірного обсягу).

Таблиця 2

Порівняння продуктивності та обчислювальної ефективності різних мережевих архітектур

Архітектура	Задача	Індекс Дайса	Параметри (М)	FLOPs (G)	Час виводу (с/об'єм)
3D U-Net (CNN)	BraTS	0.88	35	550	0.7
3D U-Net (CNN)	LIDC-IDRI	0.75	35	550	0.7
Swin Trans. 3D (TF)	BraTS	0.91	85	1200	2.5
Swin Trans. 3D (TF)	LIDC-IDRI	0.78	85	1200	2.5
3D Mamba	BraTS	0.90	50	700	1.2
3D Mamba	LIDC-IDRI	0.77	50	700	1.2

Представимо короткий огляд результатів порівняння архітектур, що обговорюються.

Найвищі показники точності продемонструвала трансформерна модель Swin Transformer 3D, яка досягла індексу Дайса 0,91 на наборі BraTS та 0,78 на LIDC-IDRI. Архітектура Mamba показала майже ідентичні результати – 0,90 та 0,77 відповідно, перевищуючи показники класичного 3D U-Net. Це свідчить про високий потенціал обох архітектур у вирішенні задач з аналізу складних тривимірних медичних структур.

Згорткова модель 3D U-Net виявилась найменш ресурсозатратною: 35 млн параметрів, 550 GFLOPs і час обробки одного об'єму – лише 0,7 секунди. Натомість Swin Transformer 3D потребує значно більше ресурсів – 85 млн параметрів, 1200 GFLOPs і 2,5 секунди на об'єм. Архітектура Mamba продемонструвала збалансовані характеристики: 50 млн параметрів, 700 GFLOPs, 1,2 секунди часу обробки. Це дозволяє розглядати її як ефективну альтернативу при роботі з великими обсягами даних, де важлива як точність, так і продуктивність.

Проведене порівняння вказує на те, що трансформерні моделі забезпечують найвищу точність, але потребують значних ресурсів. Зі свого боку, CNN-моделі демонструють хорошу швидкість та низьке споживання ресурсів, однак можуть поступатись у точності. Архітектура Mamba вирізняється збалансованим поєднанням точності та ефективності, що робить її доцільною для використання у практичних сценаріях, де необхідно забезпечити якість обробки без суттєвого зростання обчислювальних витрат. Вибір архітектури має базуватись на специфіці задачі, доступних ресурсах та вимогах до швидкості обробки.

Висновки

Проведене дослідження підтвердило ефективність сучасних методів сегментації біомедичних 3D-зображень та виявило їх сильні та слабкі сторони у контексті точності, обчислювальної складності та швидкодії. Особливу увагу приділено трьом основним типам архітектур – згортковим нейронним мережам (CNN), трансформерам та архітектурам нового покоління, таким як Mamba.

Моделі на основі CNN, зокрема 3D U-Net, залишаються надійним вибором у ситуаціях, коли пріоритетом є обчислювальна ефективність. При роботі з набором даних BraTS така архітектура досягла індексу Дайса 0,88 з 35 млн параметрів і 550 GFLOPs, а час обробки одного

об'єму становив 0,7 секунди. Для LIDC-IDRI аналогічна архітектура продемонструвала результат 0,75. Ці моделі характеризуються низькими обчислювальними витратами та швидким часом обробки, однак можуть втрачати точність при роботі з більш складними структурами.

Трансформерні мережі, зокрема Swin Transformer 3D, виявились найточнішими у порівнянні, забезпечивши індекс Дайса 0,91 (BraTS) і 0,78 (LIDC-IDRI). Проте ці результати досягнуто за рахунок значних ресурсів: 85 млн параметрів, 1200 GFLOPs та час виведення 2,5 с. Це робить їх менш придатними для використання в умовах обмежених обчислювальних потужностей.

Архітектура Mamba стала компромісним рішенням, що поєднує хорошу точність (0,90 на BraTS та 0,77 на LIDC-IDRI) з прийнятними ресурсними витратами (50 млн параметрів, 700 GFLOPs) і помірним часом виведення (1,2 с). Вона демонструє потенціал для масштабування та ефективної роботи з великими обсягами медичних 3D-даних.

Отже, результати дослідження свідчать, що вибір архітектури для задач сегментації має базуватись на аналізі специфіки задачі, характеристик набору даних, а також технічних обмежень. CNN доцільно використовувати у випадках, коли пріоритетом є швидкість і економія ресурсів; трансформери – при необхідності максимальної точності; а Mamba – коли потрібен баланс між якістю результатів і продуктивністю. Таке порівняння формує основу для прийняття обґрунтованих рішень у сфері медичної візуалізації та може слугувати орієнтиром для майбутніх досліджень і розробок у цій галузі.

Список використаної літератури:

1. Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. MICCAI, 234–241.
2. Chen, J., Lu, Y., Yu, Q., Luo, X., Adeli, E., Wang, Y., Xing, L. TransUNet: Transformers Make Strong Encoders for Medical Image Segmentation. arXiv preprint arXiv:2102.04306.
3. Hatamizadeh, A., Nath, V., Liu, Y., Yin, Z., Kapp, D., & Tagare, H. Swin-Unet: Unet-like Pure Transformer for Medical Image Segmentation. arXiv preprint arXiv:2205.05003.
4. Zhang, Y., Yang, J., & Wang, Q. GAN-based data augmentation for liver tumor segmentation in CT scans. Medical Image Analysis, 78, 102401.
5. Zhou, Z., Seyedhosseini, M., & Tasdizen, T. Self-supervised learning for 3D medical image segmentation. IEEE Transactions on Medical Imaging, 42(3), 901–912.
6. Kim, H., Lee, J., & Park, J. Efficient3DNet: Lightweight 3D convolutional networks for fast medical image segmentation. Computerized Medical Imaging and Graphics, 100, 102198.
7. S. Niyas, S.J. Pawan, M. Anand Kumar, Jeny Rajan. Medical image segmentation with 3D convolutional neural networks: A survey. Neurocomputing, Volume 493, 7 July 2022, Pages 397-413 <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2022.04.065>.
8. Ali Hatamizadeh, Yucheng Tang, Vishwesh Nath, Dong Yang, Andriy Myronenko, Bennett Landman, Holger R. Roth, Daguang Xu; Proceedings of the IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision (WACV), 2022, pp. 574-584
9. Zhaohu Xing, Tian Ye, Yijun Yang, Guang Liu, Lei Zhu. SegMamba: Long-range Sequential Modeling Mamba For 3D Medical Image Segmentation. (2024) <https://doi.org/10.48550/arXiv.2401.13560>.
10. Md. Eshmam Rayed, S.M. Sajibul Islam, Sadia Islam Niha, Jamin Rahman Jim, Md Mohsin Kabir, M.F. Mridha. Deep learning for medical image segmentation: State-of-the-art advancements and challenges. ELSEVIER Volume 47, 2024, 101504 <https://doi.org/10.1016/j.imu.2024.101504>.

Автори статті

Лашевська Наталія – кандидат технічних наук, доцент, Державний університет інформаційно-комунікаційних технологій, Київ, Україна.

ORCID: 0000-0003-2148-115X

Черевик Олексій – аспірант, Державний університет інформаційно-комунікаційних технологій, Київ, Україна.

ORCID: 0009-0006-0347-7607

Authors of the article

Nataliia Lashchevska – Candidate of Sciences (technical), Associate Professor, State University of Information and Communication Technologies, Kyiv, Ukraine.

ORCID: 0009-0006-0347-7607

Oleksii Cherevyk – postgraduate, State University of Information and Communication Technologies, Kyiv, Ukraine.

ORCID: 0000-0003-2148-115X