

文章编号:1000-2375(2025)03-0319-08

基于 YOLOv8x 的 EGFR 基因突变检测

王凯祎¹, 杨旭恺¹, 李雅婧¹, 陈璐¹, 丁晓阳²

(1. 兰州财经大学信息工程与人工智能学院, 甘肃 兰州 730020; 2. 甘肃农业大学信息科学技术学院, 甘肃 兰州 730070)

摘要:传统的 EGFR 基因突变检测方法存在侵入性强、耗时长和成本高的问题。为解决上述问题,提出一种基于 3D 两阶段深度学习模型来无创预测患者的 EGFR 突变状态。第一阶段,运用 YOLOv8x 对 PET/CT 图像中的肿瘤区域进行位置检测;第二阶段,使用分层自适应交互和加权网络(H2CLS)来探索内在的跨模态相关性和传递潜在的互补信息。具体来说,本文中设计了一个模态合作空间注意模块,该模块在全局和局部进行模态内和模态间的交互。将网络输出的深度学习特征与临床信息结合起来预测 EGFR 基因突变状态。在非小细胞肺癌 EGFR 基因突变数据集上训练和测试。实验结果表明,本研究所提出的方法相较于传统深度学习技术更精确,可以为患者提供快速、准确的检测,促进精准医疗和改善患者预后。

关键词:YOLOv8x;深度学习;transformer;肺腺癌;注意力机制

中图分类号:TP391 **文献标志码:**A **DOI:**10.3969/j.issn.1000-2375.2025.00.003

著录信息:王凯祎,杨旭恺,李雅婧,等.基于 YOLOv8x 的 EGFR 基因突变检测[J].湖北大学学报(自然科学版),2025,47(3):319-326.
DOI:10.3969/j.issn.1000-2375.2025.00.003.

WANG K Y, YANG X K, LI Y J, et al. Detection of EGFR gene mutations based on YOLOv8x[J]. Journal of Hubei University (Natural Science), 2025, 47(3): 319-326. DOI: 10.3969/j.issn.1000-2375.2025.00.003.

Detection of EGFR gene mutations based on YOLOv8x

WANG Kaiyi, YANG Xukai, LI Yajing, CHEN Lu, DING Xiaoyang

(1. School of Information Engineering and Artificial Intelligence, Lanzhou University of Finance and Economics, Lanzhou 730020, China; 2. College of Information Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: Traditional EGFR mutation detection methods are highly invasive, time-consuming, and costly. In order to solve the above problems, we proposed a 3D two-stage deep learning model to non-invasively predict the EGFR mutation status of patients. In the first stage, yolov8x was used to detect the location of the tumor area in PET/CT images. In the second stage, a hierarchical adaptive interaction and weighted network (H2CLS) was used to explore the intrinsic cross-modal correlation and transfer of potentially complementary information. Specifically, we designed a modal cooperative space attention module, which interacted with and between modalities globally and locally. Combine the deep learning features output from the network with clinical information to predict the mutation status of the EGFR gene. Advanced training and testing on the EGFR gene mutation dataset for non-small cell lung cancer. Experimental results show that the proposed method is more accurate than traditional deep learning technology, and can provide patients with rapid and accurate detection, promote precision medicine and improve patient prognosis.

Key words: YOLOv8x; deep learning; transformer; lung adenocarcinoma; attention mechanism

收稿日期:2024-12-12

作者简介:王凯祎(2002-),女,硕士生;丁晓阳(1969-),通信作者,博士,教授,主要研究领域为医学影像识别, E-mail: 1591519612@qq.com

0 引言

在非小细胞肺癌(NSCLC)的治疗领域,表皮生长因子受体(EGFR)基因突变的检测和分类是实现精准医疗的关键步骤。全球范围内,肺癌的发病率和死亡率均居高不下,其中 NSCLC 占肺癌的大多数^[1]。在亚洲,尤其是中国,EGFR 基因突变的发生率在 NSCLC 患者中相对较高^[2],大量的研究表明,EGFR 基因的突变或基因的过度表达会导致癌症的发生。EGFR 基因不仅与癌症密切相关,还在靶向药物的使用上具有一定贡献^[3]。对于 EGFR 突变晚期 NSCLC 患者,中枢神经系统(CNS)转移是其最常出现的远处转移,发生率约为 44%~63%。针对 EGFR 突变的 NSCLC 患者,已有多种靶向治疗药物被开发并应用于临床,显著提高了患者的生存期^[4]。

深度学习技术在多任务研究中发挥着重要作用,其核心优势在于能够自动从大量数据中提取复杂特征,显著提高诊断的准确性和效率^[5]。在医学影像领域,深度学习模型通过图像重建、病灶检测、分割等任务,辅助医生进行更精确的诊断^[6]。在多模态数据的融合处理方面,深度学习通过构建多模态学习模型,将不同来源的数据进行融合处理,充分利用各自的优势,提高诊断的全面性和准确性^[7]。例如,将 CT 影像与患者的临床信息相结合,可以更全面地评估患者的病情。

现有对 EGFR 基因突变状态的研究可能存在分割技术局限、肿瘤异质性、样本采集困难和成本高等问题^[8]。例如,肿瘤的异质性导致单一活检样本可能无法全面代表整个肿瘤的基因状态,而多次活检不仅增加患者风险,也增加了医疗成本^[9]。同时样本采集的困难也是一个重要问题。由于肿瘤的异质性,可能需从肿瘤的不同部位获取样本以获得全面的基因信息^[10]。此外,大多数的研究依赖医生手动分割肿瘤,这对医生来说也是一种负担,并且只在肿瘤区域内研究缩小了特征提取范围^[11]。

为了解决上述问题,提出一种先检测肿瘤位置后结合 PET/CT 图像用深度学习方法进行分类的两阶段框架,以提高 EGFR 基因突变预测的准确性。这种方法能够减少活检次数,降低成本和患者风险,提供更精确的基因突变信息,有助于制定个性化治疗方案。

1 相关工作

1.1 医学图像检测

在医学图像检测领域,深度学习技术尤其是 YOLOv8 算法的应用正变得越来越重要。YOLOv8,即 You Only Look Once 的第八个版本,是由 Ultralytics 在 2023 年 1 月发布的最新目标检测算法。它以其高效的检测速度和准确的识别能力在医学影像分析中发挥着重要作用。YOLOv8 在设计上采用了新的骨干网络 Darknet-53,增强了特征提取能力,并采用了无锚点检测头,直接预测物体中心,而不是依赖于预定义锚框的偏移值^[12]。

在医学影像分析中,YOLOv8 的意义重大。它能够快速而准确地定位图像中的病理特征,为疾病的诊断和治疗提供强有力的支持^[13]。YOLOv8 的应用基础包括医疗影像数据的预处理技术,如图像增强和降噪,以及图像分割和目标提取,这些技术可以有效改善图像质量,提高目标检测的准确性^[14]。YOLOv8 在医学影像分析中的应用案例广泛,包括但不限于肺结节检测、骨折检测和癌症图像检测。例如,基于 YOLOv8 的系统能够自动识别和定位图像中的肺结节,提高医学影像诊断的效率^[15]。此外,YOLOv8 也被用于骨折检测诊断系统,为临床医生提供智能化的辅助诊断工具,提升诊断效率与准确性^[16]。

1.2 医学图像分类

医学图像分类是计算机辅助诊断和模式识别领域的一个重要研究方向。它涉及将医学图像根据其特征分为不同的类别,例如区分良性和恶性病变,或识别不同类型的疾病^[17]。这项技术能够辅助医生更精确、更快速地诊断病情,提高医疗效率并减轻医生的工作负担。

在技术进展方面,深度学习理论在医学图像分类中的应用日益广泛,如卷积神经网络(CNN)和自编码器,能够直接从原始图像数据中学习特征表示和分类模型^[18]。

在实际应用方面,医学图像分类技术在多个医学领域都有应用,包括病理学、放射学、眼科学和神经科学等^[19]。例如,在病理学中,分类技术可以帮助医生诊断疾病和评估疾病的严重程度;在放射学中,它可以辅助医生发现异常情况,如肿瘤、骨折等^[20]。最新的研究进展表明,状态空间模型(SSMs)如 Mamba 能够有效建模长期依赖关系,同时保持线性计算复杂度,这对于医学图像分类尤为重要^[21]。MedMamba^[22]作为一种新型的视觉 Mamba 模型,结合了卷积层和 SSM 的能力,以捕获长期依赖关系,有效地建模不同图像模态的医学图像。这项工作为医学图像分类建立了新的基准,并为开发更强大的基于 Mamba 的医学人工智能算法和应用提供了宝贵的见解。

1.3 EGFR 基因突变

Shao 等^[23]提出一种三维卷积神经网络,利用迁移学习融合 PET/CT 图像和临床数据来预测肺腺癌的 EGFR 突变状态。Hector 等^[24]提出利用从 PET-CT 图像中提取的影像组学特征预测非小细胞肺癌患者 EGFR 的突变状态。Liu 等^[25]提出了一种基于¹⁸F-FDG PET/CT 放射组学特征的预测模型,利用放射组学特征,来非侵入性地预测肺腺癌患者的 EGFR 突变亚型。Shang 等^[26]提出了一种基于计算机断层扫描(CT)影像组学特征的方法,用于预测肺腺癌患者中的 EGFR 突变状态。研究者们从 CT 图像中提取了肿瘤内部和周围的影像组学特征,并利用这些特征来构建预测模型。Mu 等^[27]提出了一种基于¹⁸F-FDG-PET/CT 的深度学习模型,用于非小细胞肺癌(NSCLC)治疗的非侵入性决策支持。该模型能够高精度预测 EGFR 突变状态,并根据深度学习评分(EGFR-DLS)来预测患者对 EGFR-TKI 或 ICI 治疗的敏感性。Wang 等^[28]提出了一个全自动人工智能系统(FAIS),利用 CT 影像从全肺信息中无创预测肺癌患者的 EGFR 基因突变状态和对 EGFR 靶向治疗的反应。

2 方法

2.1 数据预处理

为了保证图像质量的一致性,本研究对 PET/CT 图像进行了预处理。首先计算 PET 的 SUV 值。其次为了减少域间的差异,将体素大小调整为统一值(0.976 6,0.976 6,3),并将 CT 值归一化为(-800,400)HU。最后,使用 lungmask 库对肺部区域进行分割,后续研究仅用处理好的该区域。

2.2 模型介绍

本文中设计了一种 3D 两阶段基于 YOLOv8x 分层自适应交互和加权网络(H2CLS)来预测患者的 EGFR 突变状态。如图 1 所示,其中第一阶段使用 YOLOv8,它是 YOLO 系列中提出的算法,尤其是在计算速度上超越了之前的 YOLOv4,YOLOv5 等算法,同时准确率也有大幅提高。YOLOv8 系列一共有 4 种类型,分别是 YOLOv8s、YOLOv8m、YOLOv8l、YOLOv8x,可以适应不同的应用环境。第二阶段 H2CLS 框架将两个模态自适应组件引入双分支分层特征融合结构中进行 EGFR 基因突变预测。在每个级别上,特征融合模块执行模态内部和模态之间的特征交互,收集丰富的互补信息以改进特征表示。最后得到的特征图与经过表格 Transformer 的临床特征相结合通过全连接层输出分类概率。

2.3 H2CLS 模块

H2CLS 模块使用模态-合作空间注意模块(DBAM)在不同级别执行模态交互,其中窗口间和窗口内双向空间注意机制(TSAM)架起了全局和局部模态之间的联系,丰富了互补信息。图 2 展示了 H2CLS 模块的整体流程。从中看到,数据首先经过特征提取阶段,然后进入 DBAM 进行模态

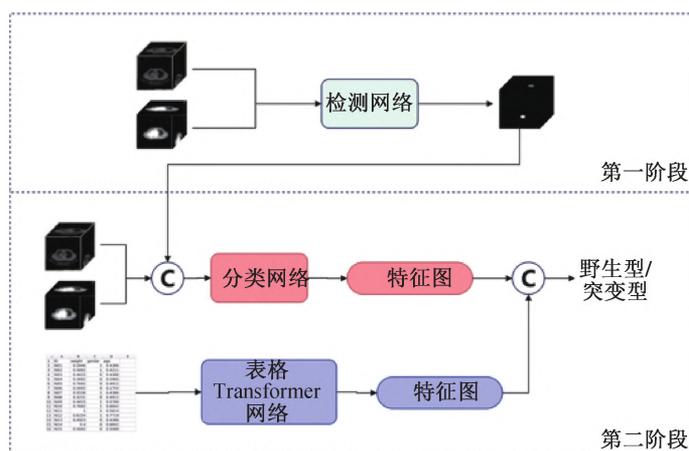


图 1 网络架构

交互。在 DBAM 中,TSAM 起到关键作用,它通过空间注意力机制对局部特征进行加权,同时通过通道注意力机制对全局特征进行整合。这种双向的注意机制使得模型不仅能够关注到局部区域的重要特征,还能够考虑到全局上下文的信息,从而在特征层面实现了模态之间的深度融合。

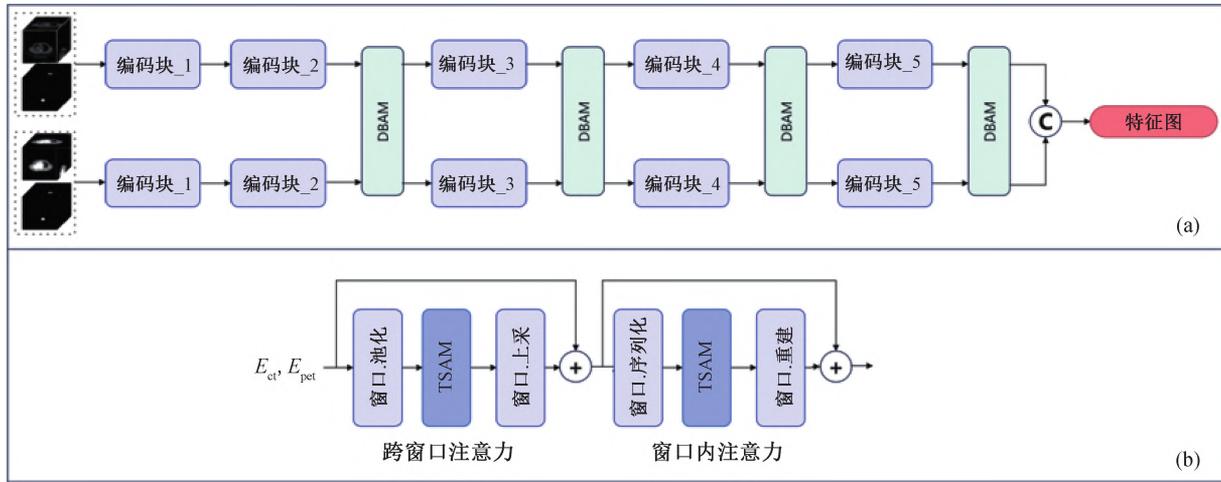


图 2 H2CLS 模块整体流程

给定来自第 k 个编码器块的输出特征 E_{ct}^k, E_{pet}^k , 特征融合模块将它们视为两组 3 D 窗口, 通道数为 C^k , 窗口大小为 $(H_{win}^k \times W_{win}^k \times D_{win}^k)$ 。如图 2(b) 所示, DBAM 首先执行窗口间注意, 建立窗口间的远程依赖关系, 然后通过窗口内注意捕获细节。在此过程中, 使用双向空间注意 (TSAM) 机制进行模态内部和模态之间的特征交互, 以收集互补信息。

具体来说, 在跨窗口注意力中, 输入的每个窗口被卷积层池化为一个 token, 其核大小和步长等于窗口大小 $(H_{win}^k \times W_{win}^k \times D_{win}^k)$ 。在此过程中, E_{pet}^k 和 E_{ct}^k 的大小由 $(C^k \times H^k \times W^k \times D^k)$ 变为 $(C^k \times \frac{H^k}{H_{win}^k} \times \frac{W^k}{W_{win}^k} \times \frac{D^k}{D_{win}^k})$ 。随后, TSAM 用于对跨窗口的远程依赖关系进行建模。之后, 使用窗口上采样, 利用一种三线插值操作, 将上述形状变化反转, 生成中间输出。

在窗口内注意力中, 先将特征划分为两个有序集, 即预设形状窗口的 S_{ct}^k, S_{pet}^k 。然后, 在每个窗口中实现 TSAM 以增强局部细节。最后, 通过窗口重构将窗口按顺序重新排列, 得到最终输出 F_{ct}^k, F_{pet}^k 。

2.4 双向空间注意机制

图 3 显示了 TSAM 的结构, 可以将其简化为两个平行的单向过程, 分别以 PET 和 CT 为源, 另一个为靶。给定源特征 E_s , 目标特征 E_t , TSAM 进行 $1 \times 1 \times 1$ 次卷积得到两个三元组 (Q_s, K_s, V_s) 和 (Q_t, K_t, V_t) , 其中 K_s 和 V_s 由 E_s 计算, Q_t, K_t, V_t 和 Q_s 由 E_t 计算。其次, TSAM 将这些特征平坦化为 $(C \times H \times W \times D)$, 并计算自注意力 A_{self} 和交叉注意力 A_{cross} 。最后, 将 A_{self} 和 A_{cross} 连接起来。将融合特征重构为 $(C \times H \times W \times D)$, 使用 $3 \times 3 \times 3$ 卷积得到改进的目标特征 E'_t 。

$$A_{self} = V_s \times \text{Softmax} \left(\frac{Q_s^T \times K_s}{\sqrt{C}} \right)^T \tag{1}$$

$$A_{cross} = V_t \times \text{Softmax} \left(\frac{Q_t^T \times K_t}{\sqrt{C}} \right)^T \tag{2}$$

2.5 表格 Transformer

图 4 展示了表格-Transformer 的主要部分。它专门设计用于处理表格数据, 包括分类和数值特征。这种模型的核心优势在于其能够将所有类型的数据转换为统一的嵌入表示, 使得模型能够更有效地捕捉特征之间的复杂关系。

在具体操作中, 模型首先对输入的表格数据进行预处理, 将分类特征通过嵌入层转换为连续的向量

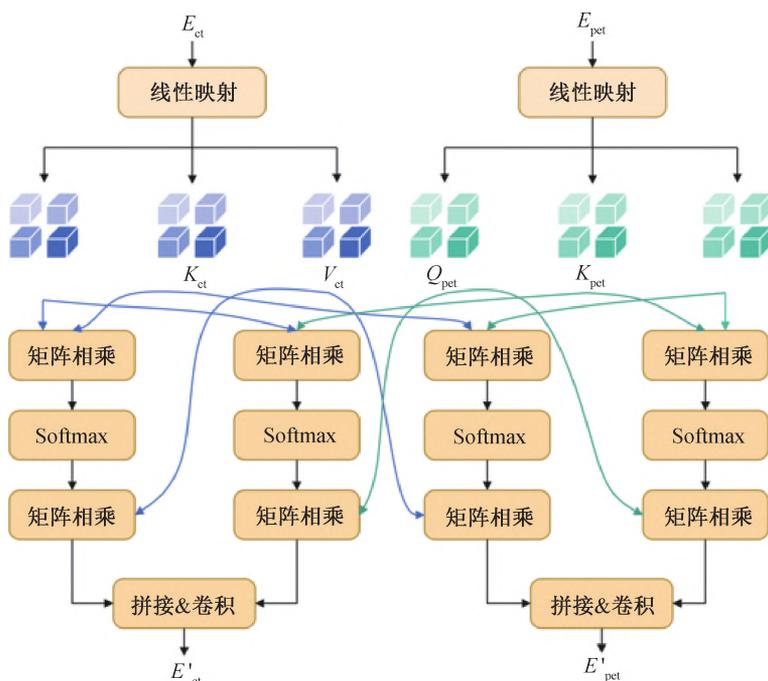


图 3 TSAM 框架

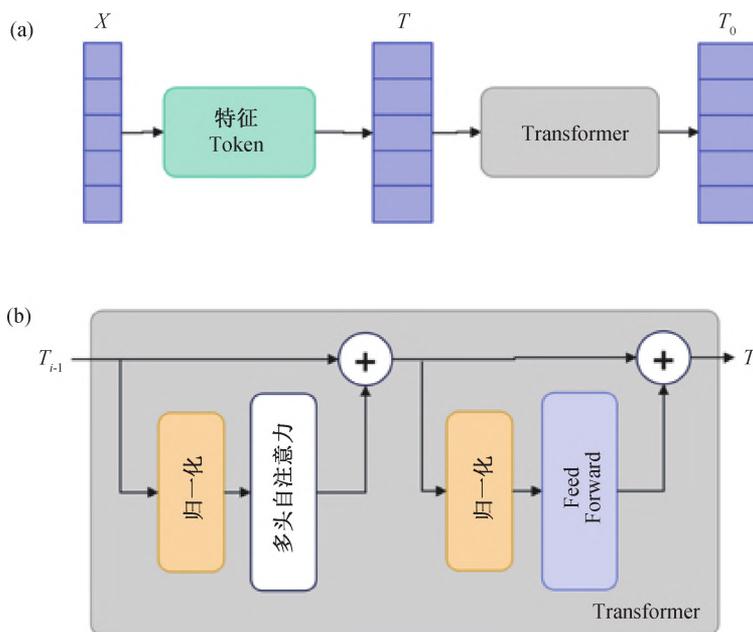


图 4 表格-Transformer 框架

表示,而数值特征则可以直接使用或者经过标准化处理。这样的转换使得原本异构的数据能够在同一空间中被比较和处理,为后续的模型训练打下基础。

接下来,模型将这些嵌入后的特征输入到 Transformer 层堆栈中。Transformer 是一种基于自注意力机制的架构,它能够捕捉序列数据中的长距离依赖关系。在表格-Transformer 模型中,每个 Transformer 层都在特征级别上进行操作,这意味着模型不仅能够理解单个特征的重要性,还能够学习特征之间的相互作用和依赖性。

3 实验设计

3.1 实验设置

实验环境采用 Python3.10 和 torch2.4.0 搭建,采用 NVIDIA RTX3090 GPU 进行模型训练。所有的

训练和测试步骤都是在相同的硬件环境中执行的。此外,本文中使用的初始学习率为 0.000 1 的 AdamW 优化器来训练所有模型。迭代次数和批次大小分别设置为 100 和 2。此外,为了防止类别不平衡,损失函数使用 Focal Loss。

$$L_{\text{focal}} = -\alpha_i(1-p_i)^\gamma \log(p_i) \quad (3)$$

其中, p_i 是模型对目标类的预测概率; α_i 是平衡因子,用于调整正负样本之间的影响; γ 是焦点因子,用于调整易样本的权重。

3.2 数据集

本研究使用的医学图像数据集来自 TCIA 平台,由斯坦福大学的研究团队提供。共包含 211 例非小细胞肺癌患者,数据集包括 CT、PET/CT 影像、肿瘤的语义标注、CT 扫描中的肿瘤分割图以及 PET/CT 扫描中获得的定量值。本研究经排除标准和纳入标准后共有 132 例患者纳入研究(阳性 29 例,阴性 103 例),为满足网络输入的需要,将图片大小统一调整 $128 \times 128 \times 128$,按照 4:1 的比例将数据随机划分为训练集跟测试集。由于数据不平衡,在训练时通过向上采样的方式来增加少数类的样本数量,以满足数据相对平衡。

3.3 评价指标

在本研究中,使用 AUC、准确率、精确率、召回率和特异性来评估 EGFR 突变预测结果。其中,AUC 表示 ROC 曲线下的面积,即 ROC 曲线与坐标轴所围成的面积。

$$R_{\text{Accuracy}} = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \quad (4)$$

$$R_{\text{Precision}} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (5)$$

$$R_{\text{Recall}} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (6)$$

$$R_{\text{Specificity}} = \frac{TN}{TN + FP} \quad (7)$$

其中, TP 、 FP 、 FN 、 TN 分别代表真阳性、假阳性、假阴性、真阴性。

4 实验结果及分析

4.1 对比实验

为了验证所提出网络的有效性,本文中几种现有的分类方法进行了比较。表 1 显示了这些算法在预测 EGFR 突变状态方面的性能。混淆矩阵如图 5 所示。

表 1 中,ResNet50 是一种深度卷积神经网络模型,它通过引入残差学习框架解决了深层网络训练中的退化问题,使得网络能够达到更深的层次。Dense Net 也是一种深度学习网络架构,它通过在卷积神经网络中引入密集连接,这样可以缓解梯度消失问题,加强特征传播,并且大幅减少了参数数量。Swin UNETR 是一种结合了 Swin Transformer 编码器和 U-Net 结构的深度学习模型。它通过 Swin Transformer 编码器提取多尺度特征,并利用 U-Net 的解码器结构进行精确的像素级预测。SRes 是一种将 PET 和 CT 图像融合,构建一个包含整个肿瘤及其周边区域的感兴趣区域(ROI),并利用这个融合图像来训练和验证深度学习模型,从而预测 EGFR 突变状态。

从表 1 中可以看出,本研究提出的方法在预测 EGFR 突变状态方面取得了显著的效果。具体而言,所提出的 H2CLS 方法的 AUC 为 0.85,并且对突变状态阴性和阳性的预测都相对平衡,与几种对比分类算法相比,本文中提出的方法在测试中都表现出优异的性能。此外,研究还发现,与仅在肿瘤区域进行研究^[27]相比,在全肺区域上进行分析能获得更好的结果。实验结果也表明 EGFR 不仅与肿瘤区域有关,还与整个肺部有关。

图 5 所示为 H2CLS 模型进行 EGFR 基因突变预测结果的混淆矩阵,不仅显示了模型在类别不平衡情况下的高准确率,还说明了模型在各个方面的性能平衡。

表 1 H2CLS 方法与其他模型的性能比较

模型	AUC	准确率	精确率	召回率	特异性
Resnet50 ^[29]	0.65	0.80	0.50	0.40	0.90
Densenet121 ^[30]	0.78	0.84	0.75	0.60	0.95
Swin UNETR ^[31]	0.67	0.84	0.67	0.40	0.95
SRes ^[27]	0.80	0.80	0.50	0.80	0.80
H2CLS	0.85	0.88	0.67	0.80	0.90

4.2 消融实验

本研究进行了消融实验,以证明模型每个组成部分的贡献和有效性,选择用 AUC、准确率、精确率、召回率、特异性等 5 个指标进行评估。验证单个模块的有效性,实验结果如表 2 所示。基准网络的实验结果见表格第一行并用于后续的性能比较。向基准网络依次添加检测模块、临床特征模块,实验结果显示 AUC 相较于基准分别提高 7%、15% 和 25%。由于数据不平衡,在基准网络中训练时都偏向于多的一类,这表明本文中引

入的模块可以使模型专注于更全面的区域,有效地提高预测 EGFR 状态方面的性能。

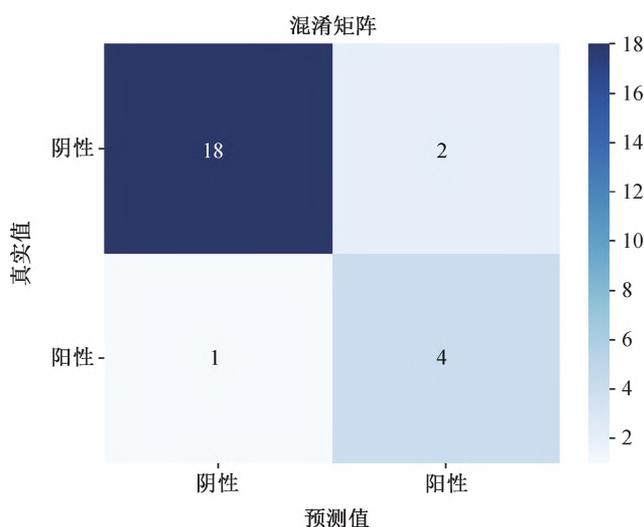


图 5 混淆矩阵

表 2 各模块消融实验结果

模型	AUC	准确率	精确率	召回率	特异性
基线	0.60	0.84	1.00	0.20	1.00
基线+检测	0.67	0.84	0.67	0.40	0.95
基线+临床信息	0.75	0.84	0.60	0.60	0.90
H2CLS	0.85	0.88	0.67	0.80	0.90

5 结论

本研究提出了一种不需要医生分割肿瘤的两阶段网络,先利用 YOLOv8x 检测出肿瘤区域,接着通过 H2CLS 网络对 EGFR 突变状态进行预测,在第二阶段分类中的 TSAM 模块利用注意力机制,进行了跨模态之间的交互,架起了全局和局部模态之间的联系。大量的实验结果表明,本研究提出的网络模型在分类性能上优于目前先进的网络,这得益于模型在处理类别不平衡数据时的高准确率和性能平衡;同时,也证明了 EGFR 的突变状态不仅与肿瘤区域有关,还与整个肺部有关。

6 参考文献

- [1] 王炎,靳红领,董嘉兴. 肺腺癌伴区域淋巴结转移患者驱动基因突变情况及与临床特征的关系[J]. 癌症进展, 2024, 22(17): 1960-1964.
- [2] 史志琦,赵丽丽,朱艺宸,等. 表皮生长因子受体酪氨酸激酶抑制剂耐药后非小细胞肺癌免疫治疗的研究进展[J/OL]. 肿瘤学杂志, 1-8[2024-12-11].
- [3] 孙婷婷,石乐民,徐任,等. EGFR 基因突变检测方法建立及方法学比较[J]. 长春理工大学学报(自然科学版), 2020, 43(6): 135-142.

- [4] 袁悦. EGFR 信号通路促进 EMT 影响鼻咽癌血管生成拟态的研究[D]. 广州:南方医科大学, 2022.
- [5] 谷飞. 认知增强 AI 与教育共生: 未来教育新生态[J]. 开放教育研究, 2024, 30(6): 13-20.
- [6] 王军霞. 结合信息瓶颈与深度学习的乳腺肿瘤分割方法研究[D]. 济南:山东师范大学, 2022.
- [7] 林小红, 钟柏昌. 人工智能教育大模型赋能综合素质评价: 理念、模型与展望[J]. 开放教育研究, 2024, 30(6): 72-78.
- [8] 王梦杰. 基于类器官及代谢组学筛选紫杉醇治疗结直肠癌的敏感性标志物[D]. 南京:南京中医药大学, 2024.
- [9] 张文雕, 殷星宇, 古海霞, 等. 人源类器官表型组学的研究进展及展望[J]. 中国科学(生命科学), 2024, 54(11): 2125-2142.
- [10] 金娣, 周笨, 李滋聪, 等. 基于胸部 CT 的影像组学对周围型肺癌和肺炎性肌纤维母细胞瘤的鉴别价值[J]. 实用癌症杂志, 2024, 39(11): 1858-1862.
- [11] 黄浩. 基于 DeepSORT 多目标跟踪算法的研究与实现[D]. 南京:南京信息工程大学, 2024.
- [12] 曾钰琦, 刘博, 钟柏昌, 等. 智慧教育下基于改进 YOLOv8 的学生课堂行为检测算法[J]. 计算机工程, 2024, 50(9): 344-355.
- [13] 朱春原. 基于改进 YOLOv8 算法的小目标检测研究[D]. 大连:大连交通大学, 2024.
- [14] 孙铁强, 魏光辉, 宋超, 等. 基于 YOLO 的多模态钢轨表面缺陷检测方法[J/OL]. 电子测量技术, 1-11[2024-12-12].
- [15] 曹益铭. 多模态数据与知识双驱动的医学诊断报告生成关键技术研究[D]. 济南:山东大学, 2023.
- [16] 齐凤林, 沈佳杰, 王茂异, 等. 人工智能在高校信息化中的应用研究综述[J/OL]. 计算机工程, 1-17[2024-12-12].
- [17] 刘天宇, 刘静, 马金刚, 等. 深度学习在皮肤癌病变分类诊断中的应用进展[J]. 计算机系统应用, 2024, 33(12): 1-15.
- [18] 李婉芸, 张雅声, 方宇强, 等. 基于深度学习的三维重建方法综述[J/OL]. 激光与光电子学进展, 1-32[2024-12-12].
- [19] 王玮. 面向医学图像的神经网络模型鲁棒性研究[D]. 贵州:贵州大学, 2024.
- [20] 张啸成. 基于全局-局部注意力机制的脑部多区域分割方法的研究[D]. 长春:吉林大学, 2024.
- [21] 滕尚志, 龚曦, 李宝安, 等. 基于状态空间模型的航拍图像小目标检测算法[J/OL]. 北京航空航天大学学报, 1-12[2024-12-12].
- [22] YUE Y B, LI Z Z. MedMamba: vision mamba for medical image classification[EB/OL]. 2024; 2403.03849. <https://arxiv.org/abs/2403.03849v5>.
- [23] SHAO X N, GE X Y, GAO J X, et al. 基于迁移学习的 PET/CT 三维卷积神经网络融合图像和临床信息预测肺腺癌 EGFR 突变[J/OL]. BMC 医学成像, 2024, 54(24). DOI: 10.1186/s12880-024-01232-5.
- [24] HENRIQUEZ H, FUENTES D, SUAREZ F, et al. EGFR mutation prediction using F18-FDG PET-CT based radiomics features in non-small cell lung cancer[EB/OL]. 2023; 2303.08569. <https://arxiv.org/abs/2303.08569v1>.
- [25] LIU Q F, SUN D Z, LI N, et al. Predicting EGFR mutation subtypes in lung adenocarcinoma using ¹⁸F-FDG PET/CT radiomic features[J]. Transl Lung Cancer Res, 2020, 9(3): 549-562.
- [26] SHANG Y L, CHEN W D, LI G, et al. Computed Tomography-derived intratumoral and peritumoral radiomics in predicting EGFR mutation in lung adenocarcinoma[J]. Radiol Med, 2023, 128(12): 1483-1496.
- [27] MU W, JIANG L, ZHANG J Y, et al. Non-invasive decision support for NSCLC treatment using PET/CT radiomics[J]. Nat Commun, 2020, 11(1): 5228.
- [28] WANG S, YU H, GAN Y C, et al. Mining whole-lung information by artificial intelligence for predicting EGFR genotype and targeted therapy response in lung cancer: a multicohort study[J]. Lancet Digit Health, 2022, 4(5): e309-e31.
- [29] 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 (CVPR). Las Vegas, 2016: 770-778.
- [30] HUANG G, LIU Z, VAN DER MAATEN L, et al. Densely connected convolutional networks[C]//2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Honolulu, 2017: 2261-2269.
- [31] HATAMIZADEH A, NATH V, TANG Y C, et al. Swin UNETR: swin transformers for semantic segmentation of brain tumors in MRI images[M]//Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries. Cham: Springer International Publishing, 2022: 272-284.

(责任编辑 江津)