



· 论 著 ·

基于深度学习构建高频超声-病理图像配准及组织成分预测模型的体外研究

周文文^{1, 2}, 柴志菲^{3, 4}, 徐明¹, 黄通毅¹, 赵泽⁴, 任菲⁴, 张晓儿¹, 谢晓燕¹

1. 中山大学附属第一医院超声医学科, 广东广州 510080;
2. 南京医科大学附属苏州医院苏州市立医院超声中心, 江苏苏州 215002;
3. 中国科学院大学计算机学院, 北京 101408;
4. 中国科学院计算技术研究所, 北京 100190

[摘要] 目的: 探讨基于深度学习 (deep learning, DL) 网络, 在体外模型中建立高频超声 (high-frequency ultrasound, HFUS)-病理图像融合配准方法并构建病理组织成分模型的可行性及预测价值。方法: 制备包含4种不同生物组织和定位颗粒的60个体外仿肿瘤模型, 在物理匹配下获取同一切面的HFUS图像和全视野切片图像 (wide slide image, WSI)。对图像进行质量控制和筛选, 在WSI中沿组织边缘手动勾画感兴趣区域 (region of interest, ROI) 并转移至HFUS图像上。以原始图像及对应ROI为数据集, 按照13:1:1分为训练集 ($n=462$)、验证集 ($n=34$) 和测试集 ($n=38$)。通过迁移学习DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3网络构建DL模型, 并输出自动分割图像, 最终采用像素准确度 (pixel accuracy, PA)、精确度、灵敏度和F1-score指标量化和比较训练集和测试集中各模型预测效能。结果: 基于DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3网络的DL模型自动分割测试集中不同组织成分的准确度和相似度均较高, 其中MobileNetV3模型效能最优, 其PA为91.4%、F1-score为87.1%。不同网络模型效能之间差异无统计学意义 ($P>0.05$)。各模型预测体外不同组织成分的效能差异之间差异有统计学意义 ($P<0.001$), 其中肝脏组织效果最佳。结论: 本研究构建的超声-病理融合模型能够有效地识别超声图像中体外组织成分, 为进一步临床应用提供方法学依据。

[关键词] 高频超声; 体外模型; 深度学习; 全视野数字切片; 图像配准; 预测

中图分类号: R445.1 文献标志码: A DOI: 10.19732/j.cnki.2096-6210.2024.06.003

In vitro study of constructing a high-frequency ultrasound-pathology image registration and tissue composition predictive model based on deep learning ZHOU Wenwen^{1, 2}, CHAI Zhifei^{3, 4}, XU Ming¹, HUANG Tongyi¹, ZHAO Ze⁴, REN Fei⁴, ZHANG Xiaoe¹, XIE Xiaoyan¹ (1. Department of Medical Ultrasound, The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510080, Guangdong Province, China; 2. Center for Medical Ultrasound, Suzhou Municipal Hospital, The Affiliated Suzhou Hospital of Nanjing Medical University, Suzhou 215002, Jiangsu Province, China; 3. School of Computer Science, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China; 4. Institute of Computing Technology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China)

Correspondence to: XIE Xiaoyan E-mail: xiexyan@mail.sysu.edu.cn

[Abstract] **Objective:** To investigate the feasibility of fusion registration of high-frequency ultrasound (HFUS)-pathology images and predictive value of model for predicting the pathological tissue components in *in vitro* models based on deep learning (DL) networks. **Methods:** Sixty *in vitro* mimetic tumor models containing four different biological tissues and localized particles were prepared. HFUS images and wide slide images (WSI) of the same slide were obtained under physical registration. The obtained images were quality controlled and selected, and the region of interest (ROI) was manually outlined along the edges of the tissues in the WSI and then transferred to HFUS images. The datasets were consisted of original images and corresponding ROIs and were divided into the training set ($n=462$), validation set ($n=34$) and testing set ($n=38$) at the ratio of 13:1:1. DL models were developed via transfer learning DeepLabV3, FCN-50 and MobileNetV3 networks. The pixel accuracy (PA), precision, recall and F1-score were used to quantify and compare the performance of each model in the training and testing datasets. The automatically segmented images were output. **Results:** The DL models based on DeepLabV3, FCN-50 and MobileNetV3 networks had high accuracy and similarity

基金项目: 国家自然科学基金重大项目 (92059201); 国家自然科学基金面上项目 (82071951); 国家自然科学基金青年项目 (82402297)
通信作者: 谢晓燕 E-mail: xiexyan@mail.sysu.edu.cn

for automatically segmentation of different tissue components in the testing set, and the MobileNetV3 model outperformed others with the PA of 91.4% and F1-score of 87.1%. There was no significant difference between performance of models (all $P > 0.05$). There were statistically significant differences between the efficiencies of models for predicting different *in vitro* biological tissue components (all $P < 0.001$), with the best of liver tissue. **Conclusion:** The constructed ultrasound-pathology fusion models in this study can effectively recognize the *in vitro* tissue components in ultrasound images and provide the methodological basis for further clinical applications.

[**Key words**] High-frequency ultrasound; *In vitro* model; Deep learning; Wide slide image; Image registration; Prediction

恶性肿瘤一直是世界范围内的主要公共卫生问题之一^[1]，其复杂的时间、空间上的病理学异质性信息是反映肿瘤生物学特性的基础^[2]，与疾病发展、治疗抵抗和复发密切相关^[3]。超声成像作为无创性评估肿瘤的有效手段之一，具有简便直观、实时动态、应用广泛等优势。其中，高频超声（high-frequency ultrasound, HFUS）提供了包含更多微观信息的高分辨率图像^[4]，为实现肿瘤组织成分可视化提供可能。组织病理学检查仍是评估肿瘤异质性的金标准，通常应用全视野切片图像（whole slide image, WSI）技术获取优质的病理可视化数据^[5]。深度学习（deep leaning, DL）通过直接学习原始输入数据和目标输出之间的相关性，利用多层次的表征学习方法自动发现数据中的复杂模式，从中提取高通量特征进行定量评估。基于DL方法深入挖掘超声图像中肉眼不可见的高维度特征，有望提高数据利用效率和模型预测效能，从而建立微观病理和宏观影像之间高质量的配准和进行融合分析^[6]。目前，关于医学图像对病理组织学预测的相关研究较少^[7]，两者间的精准匹配尚缺乏可靠的方法学。如果能够通过分析HFUS图像，从而直观、定量显示肿瘤内部病理学异质性信息，进一步开发自动化评估

工具，将辅助肿瘤精准诊疗的临床决策制订。本研究探讨基于DL构建HFUS-病理图像融合配准并预测体外模型病理组织成分的可行性。

1 材料与方法

1.1 构建体外模型

采用透明胶体、生物组织和定位颗粒，以不同大小、形态和排列组合方式构建直径3 cm的仿肿瘤小球模型。实验时取猪新鲜肝脏、肾脏、肌肉和脂肪组织，切割和脱水固定后得到0.5~1.5 cm大小不等的不规则组织条备用；再取已固定肝脏组织，切割得到直径约1 mm的立方体定位颗粒备用。称取1 g琼脂糖（德国Biofroxx公司）、2 g明胶（德国Sigma-Aldrich公司）至200 mL纯水中，加热溶解后静置1 min消泡作为包裹溶液。将上述溶液缓慢滴注至球形硅胶模具1/2处，室温下自然冷却凝固，形成无色透明的均质胶体。随机选择2~4种不同生物组织，以不同顺序和位置在模型中组合排列，保证数据多样性。使用每3颗定位颗粒确定一个观察切面进行定位标记。继续滴注溶液至填充满整个模具，待凝固制备完成（图1）。

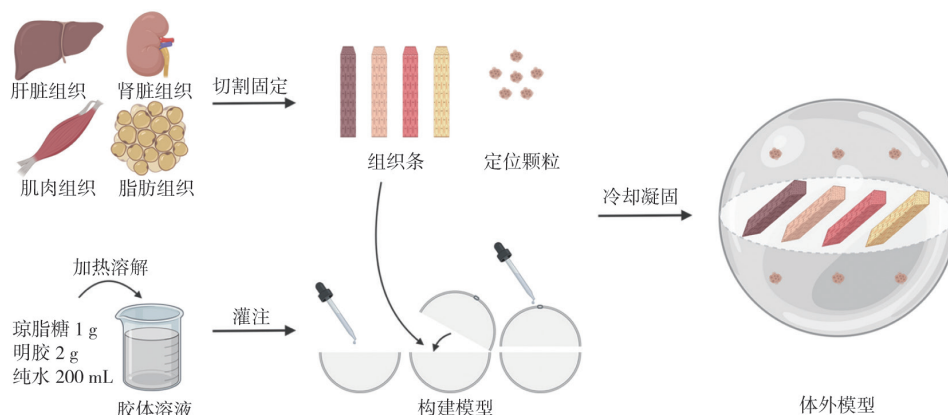


图1 体外模型构建流程示意图

1.2 仪器与方法

1.2.1 HFUS采集

采用配备有高频线阵探头(频率18 MHz)的日本Canon公司的Aplio i900超声诊断仪,由1名具有5年以上诊断经验的超声科医师按以下流程进行图像采集。将模型浸泡于纯水中,以生物组织定位横切面为标准切面,匀速移动探头并存储动态扫查视频,从中等间距抽取并存储每个标准切面各3张灰阶HFUS图像。对所有图像进行质量控制,去除含有严重伪影或分辨率显著降低的低质量超声图像,合格图像均完整显示所有定位物和生物组织。

1.2.2 WSI采集

将完成超声扫查的体外模型沿定位物切开,获得目标切面的组织块,行病理制片和HE染色。采用宁波江丰生物信息技术有限公司KF-PRO-020全自动数字病理切片扫描仪,将上述HE染色玻片置于切片载盘,在400倍放大倍数下扫描获得对应WSI。

1.3 图像标注及数据预处理

采用Aperio ImageScope 12.3.3数字化阅片分析软件(<https://www.leicabiosystems.com/>)在WSI中沿定位切面中各组织轮廓手动标注出肝脏、肾脏、肌肉和脂肪组织的感兴趣区(region of interest, ROI),并给予对应标签。所有WSI的ROI勾画均由1名具有2年诊断经验的病理科医师完成。

使用RadiAnt DICOM Viewer™ 2022.1.1医学图像软件(<https://radiantviewer.cn/>)先将DICOM

格式的HFUS图像转换为JEPG格式,并作像素归一化处理(像素值:960×720)。随后使用基于Python环境的Labelme 5.1.0开源标注软件,以配准WSI为金标准,将标注信息转移至同一切面HFUS图像中获得对应组织成分ROI。所有HFUS图像的勾画由1名具有2年诊断经验的超声科医师完成,并由1名具有10年以上工作经验的诊断医师校对。采用Python 3.7.15软件和Numpy 1.21.6(<https://numpy.org/>)软件包对HFUS图像及其ROI进行预处理,得到标准的VOC格式数据集用于构建DL模型和评估效能。

1.4 DL模型构建

基于8块GeForce RTX 3090 GPU服务器,以PyTorch 1.10.0为框架的Python 3.8.11编程语言训练模型。由于模型中各切面信息独立,以图像为单位使用留出法划分集合。通过多次随机划分和分层抽样减少随机误差并保持数据分布的一致性,按13:1:1将数据集分为训练集($n=462$)、验证集($n=34$)和测试集($n=38$)。采用迁移学习策略^[8],将训练集原始HFUS图像及标签导入DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3网络^[9-11]构建组织分割模型。使用随机几何变换和像素变换等进行数据增强。以交叉熵损失函数^[12]训练网络。采用批量多次迭代训练方法使模型稳定收敛,采用数据权重衰减和拟正则化等方法优化超参数。输入验证集选择并保存最优参数作为最终网络模型。将测试集数据输出模型,得到预测图像和分割结果。技术路线图见图2。

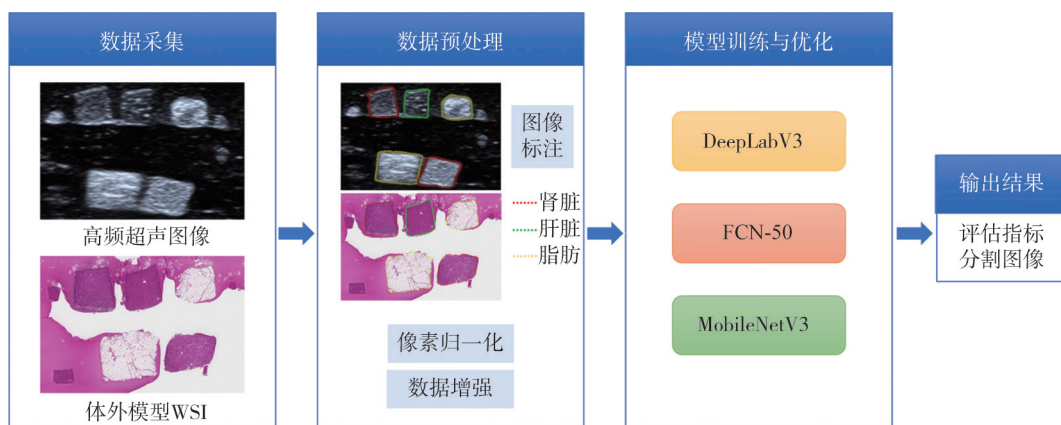


图2 DL模型构建技术路线图

1.5 模型效能比较与评估

建立分别以DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3网络为框架的DL模型。采用像素准确度 (pixel accuracy, PA)、精确率、灵敏度评估各DL模型的分割效能, 并计算F1-score综合衡量模型灵敏度和精确度。计算公式如下:

$$PA = \frac{\sum_{i=0}^k p_{ii}}{\sum_{i=0}^k \sum_{j=0}^k p_{ij}} \quad (1)$$

$$F1\text{-score} = 2 \times \frac{\text{精确度} \times \text{灵敏度}}{\text{精确度} + \text{灵敏度}} \quad (2)$$

其中, 公式中的 p_{ii} 代表实际类别和预测类别均为*i*的像素总数量; p_{ij} 代表实际类别为*i*而预测类别为*j*的像素总数量。

1.6 统计学处理

采用R 4.2.1软件进行统计学分析和绘图。采用Shapiro-Wilk正态性检验判断连续变量是否符合正态分布, 符合正态分布者以 $\bar{x} \pm s$ 形式表示。采用独立样本*t*检验或Kruskal-Wallis秩和检验进

行组间比较。采用混淆矩阵评价图像像素分类结果。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 数据集资料

最终共建立60个体外仿肿瘤模型, 获取534张合格HFUS图像作为数据集, 包括训练集 ($n=462$)、验证集 ($n=34$) 和测试集 ($n=38$), 不同组织在各集合之间平衡分布。

2.2 模型像素分类效能

以各组织成分像素点为单位, 将分类正确像素和总像素分别相加, 绘制各模型混淆矩阵 (图3)。整体上各模型对角线上数值远高于其他位置, 表明不同DL模型均能识别HFUS图像中大多数组织像素。比较不同类型组织对应像素结果, 对角线上肝脏组织分类正确像素值远高于其他组织, 说明肝脏分割效果最优。而对于肾皮质、脂肪和肌肉组织对应像素, 模型分类时会将其与肝脏组织像素混淆。

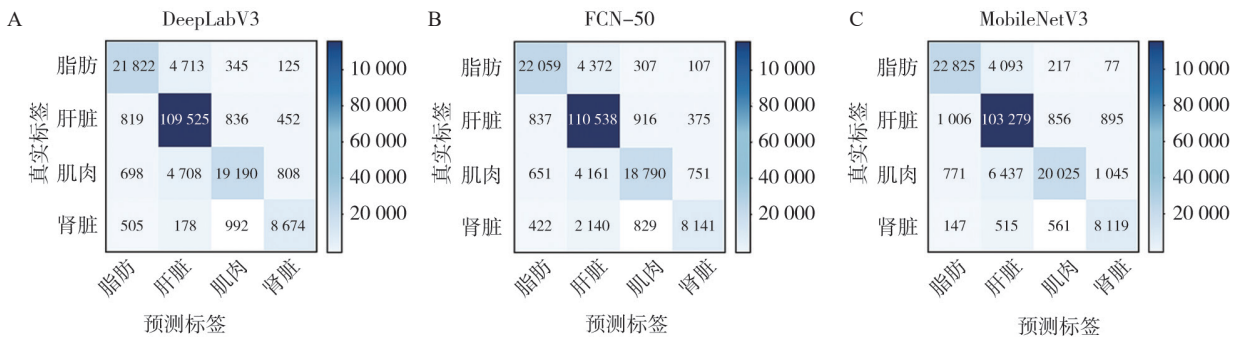


图3 3种DL模型预测组织像素的混淆矩阵图

A: DeepLabV3; B: FCN-50; C: MobileNetV3。

2.3 模型分割效能

基于DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3网络的DL模型分割组织成分的准确度和相似度良好, PA均>0.90, F1-score均>0.87。而3种网络模型分割效能差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 具有良好的鲁棒性 (表1)。同一网络模型分割不同种类组织成分的效能之间差异有统计学意义 ($P < 0.001$), 其中肝脏组织灵敏度最高, 而脂肪组织精确率最高。综合灵敏度和精确度分析显示, 与其他生物组织相比, 肝脏组织的F1-score最高, 表明其分割模型稳健性最好 (表2)。

表1 3种DL模型整体预测效能比较

效能评估指标	DeepLabV3 (95% CI)	FCN-50 (95% CI)	MobileNetV3 (95% CI)	P值
PA	90.7 (87.5~93.9)	91.1 (88.0~94.2)	91.4 (88.4~94.4)	0.407
精确率	90.6 (89.2~92.1)	90.9 (89.5~92.3)	90.5 (88.5~92.6)	0.206
灵敏度	85.4 (83.1~87.8)	86.1 (83.7~88.5)	85.8 (83.2~88.4)	0.480
F1-score	87.2 (85.3~89.1)	87.6 (85.7~89.5)	87.1 (85.2~89.0)	0.744

表2 3种DL模型中不同种类组织预测效能比较

预测模型	效能评估指标	脂肪 (95% CI)	肝脏 (95% CI)	肌肉 (95% CI)	肾皮质 (95% CI)	P值
DeepLabV3	精确率	95.2 (89.1~100.0)	90.6 (87.5~93.7)	89.8 (88.1~91.5)	89.4 (85.9~93.0)	<0.001
	灵敏度	77.6 (63.9~91.3)	98.0 (97.7~98.4)	76.0 (74.5~77.4)	84.3 (82.0~86.6)	<0.001
	F1-score	83.8 (69.5~98.1)	93.9 (91.8~96.0)	82.1 (81.1~83.2)	86.4 (84.5~88.3)	<0.001
FCN-50	精确率	97.6 (96.7~98.4)	90.6 (87.7~93.6)	89.7 (87.7~91.7)	89.5 (86.5~92.5)	<0.001
	灵敏度	79.9 (71.2~88.7)	98.0 (97.6~98.4)	77.6 (75.9~79.4)	83.7 (76.8~90.7)	<0.001
	F1-score	87.1 (80.1~94.1)	93.9 (92.2~95.7)	83.0 (81.8~84.3)	84.9 (78.4~91.3)	<0.001
MobileNetV3	精确率	97.8 (96.5~99.2)	88.7 (86.0~91.4)	92.9 (90.5~95.2)	86.0 (78.5~93.4)	<0.001
	灵敏度	83.1 (80.2~86.0)	96.6 (94.3~98.9)	72.1 (68.6~75.7)	90.8 (85.8~95.9)	<0.001
	F1-score	89.7 (88.3~91.2)	92.4 (90.1~94.6)	80.7 (77.9~83.4)	87.2 (81.3~93.1)	<0.001

2.4 DL模型自动分割组织成分结果可视化

为了更直观地反映和定性评估模型预测结果, 将各模型HFUS原始图像、自动分割结果与手动标注区域的金标准进行比较(图4), 增加

模型的可解释性和实用性。在不同测试集样本中, 各模型自动分割结果与实际病理学特征之间具有较高的相似度和重合度, 这与定量分析结果一致。

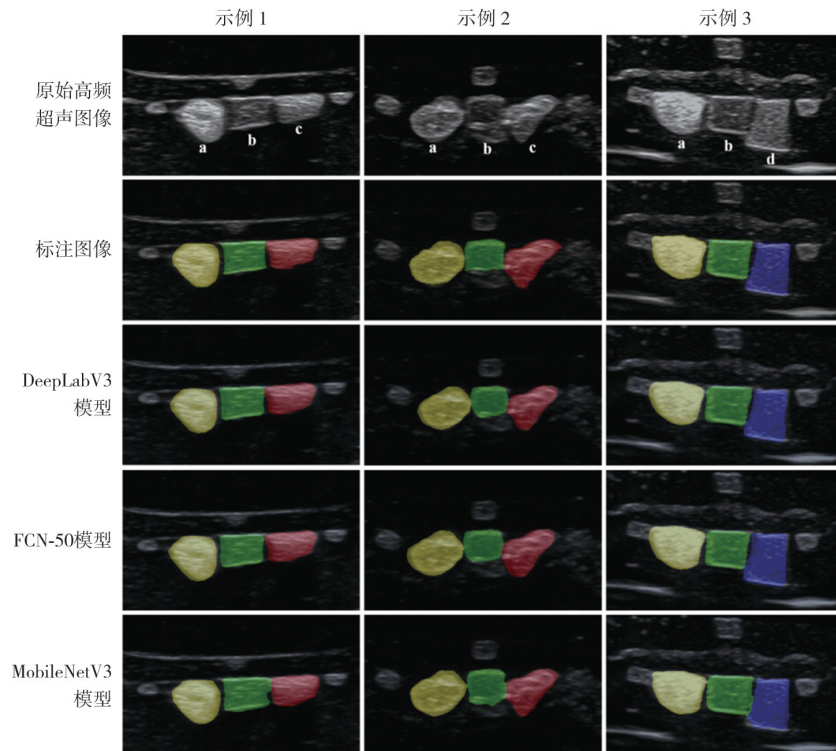


图4 3种DL模型自动分割HFUS图像中不同生物组织成分结果示意图

a、b、c、d分别代表肌肉、肝脏、脂肪和肾皮质组织(分别对应标注图像及各模型分割结果中黄色、绿色、红色和蓝色区域)。

3 讨论

肿瘤异质性已成为临床诊疗的重要难题，通过手术标本或穿刺标本进行的病理组织学检查目前仍是评估肿瘤异质性的金标准。但在实际临床应用中，可能因标本代表性不足而导致部分癌种被低估或误诊，并且这种有创性操作在长期随访中具有局限性^[13]。因此，利用无创的影像学数据或仅通过影像引导下获取少量代表性标本，利用DL方法构建预测模型，从而实现肿瘤内组织层面上的可视化评估，符合临床精准诊断和降级治疗的迫切需求。目前有少量关于影像-病理图像配准的研究^[14]发现，利用影像数据和WSI信息之间进行体素级匹配后建立DL模型，能够在影像图像中映射生成相关病理组织分布图，但都是基于磁共振成像（magnetic resonance imaging, MRI）组学的研究，并且其匹配精度和实用性仍有待验证和完善。

本研究在体外标准化模型中，建立HFUS-WSI之间的合理配准方法，并基于3种经典DL网络构建预测模型，可准确地自动分割HFUS图像中的不同病理组织成分，为后续应用于在体肿瘤组织学异质性提供实验依据。同时，将分割结果中复杂的定量指标转化为可视化图像，增加了模型可解释性和临床实用性。目前尚未见到类似报道，本研究具有创新性。由于超声检查受主观选择的典型切面限制，且超声-病理成像分辨率间存在差距，两者之间的精准匹配是宏观超声特征和微观病理学特征的有效结合和融合分析的重要前提。本研究原创性设计并建立体外仿肿瘤模型，以透明胶体为背景，以离体组织为预测目标，从而减少组织变形等干扰，引入定位物确定标准切面，并通过WSI至HFUS标注转移保证空间像素的精确映射，从而在较理想的标准化条件下实现配准图像采集、取材和标注。通过在多样化模型中采用不同生物组织大小、形态和组合，提高实验可重复性和数据信息量丰度。本研究结果表明，同一切面的组织成分分割预测图与实际病理分布基本一致。

作为人工智能的重要分支，DL方法通过复杂的神经网络结构直接学习输入的原始图像数据，利用多层次表征学习方法提取高通量特征构建模型。既往已有研究基于DL模型在计算机断层成像（computed tomography, CT）^[15]及MRI^[16]图像中实现特定解剖结构或病灶的整体自动分割，但超声图像的同质性问题使其对模型构建有更高要求。同时，对于组织成分或更微观层面的混杂结构，当相邻结构声学-力学特性相似时直接在超声图像中进行识别具有挑战性^[17]。本研究采用包括DeepLabV3、FCN-50和MobileNetV3在内的3种较为经典的神经网络架构建模，避免了预设特定算法带来的可信度和泛化性问题，同时探究超声-病理融合预测任务中的最优算法。本研究结果显示，基于不同DL算法构建的模型分割效能之间差异无统计学意义（均 $P>0.05$ ），泛化能力良好。各模型对HFUS图像中各组织成分的自动分割结果与手动标注之间具有较高重合度，测试集F1-score均 >0.87 ；以病理组织成分种类为分类标准，对图像以像素为单位进行分类结果评估，各模型精确率均 $>90.0\%$ ，灵敏度均 $>85.0\%$ ，其分割效能与既往直接在WSI中进行分割的研究^[18]结果接近。

当前计算机视觉领域内的DL算法层出不穷，但体积大、结构复杂的模型对硬件要求高，一定程度上限制其临床应用和普及^[19]。本研究采用轻量级的MobileNetV3网络架构建模，在保持模型精度的基础上减少参数量和计算量，结果显示该模型对整体分割HFUS图像中组织成分的准确度最高。观察数据集图像发现，其可能原因在于各生物组织的ROI形状较为规则，并且背景混杂回声干扰较少。本研究利用简约的浅层网络提取图像中较少的特征并构建超声-病理融合预测模型，不仅有望解决目前超声图像中组织成分可视化难题，为后续探索肿瘤异质性提供实时、量化的新型成像辅助工具；同时兼具小体积和快运算优势的高性能模型具有一定的临床实用性，具有运行于移动终端或嵌入式设备的潜能。

本研究尚存在局限性：①原创性制备的体外模型中目标组织成分较为单一、结构较为简单，

无法完全模拟生物体肿瘤的复杂异质性; ② 各目标组织成分的ROI以及超声-病理之间标注转移是手工勾画的, 可能存在一定主观性影响。

本研究建立了该创新方法的可行性研究, 为后续深入研究提供初步探索和体外实验依据, 目前进一步的动物或临床验证尚在进行中, 未在本文中展示。

综上所述, 基于超声-病理图像配准构建的DL模型对HFUS图像中不同体外组织成分的自动分割效能较优, 可为进一步将其应用于复杂临床肿瘤提供方法学依据。

[参 考 文 献]

- [1] SIEGEL R L, MILLER K D, FUCHS H E, et al. Cancer statistics, 2022 [J] . CA Cancer J Clin, 2022, 72(1): 7-33.
- [2] LÜÖND F, TIEDE S, CHRISTOFORI G. Breast cancer as an example of tumour heterogeneity and tumour cell plasticity during malignant progression [J] . Br J Cancer, 2021, 125(2): 164-175.
- [3] SHARMA S, GEORGE P, WADDELL N. Precision diagnostics: integration of tissue pathology and genomics in cancer [J] . Pathology, 2021, 53(7): 809-817.
- [4] RIX A, LEDERLE W, THEEK B, et al. Advanced ultrasound technologies for diagnosis and therapy [J] . J Nucl Med, 2018, 59(5): 740-746.
- [5] NIAZI M K K, PARWANI A V, GURCAN M N. Digital pathology and artificial intelligence [J] . Lancet Oncol, 2019, 20(5): e253-e261.
- [6] SHAO L Z, LIU Z Y, FENG L L, et al. Multiparametric MRI and whole slide image-based pretreatment prediction of pathological response to neoadjuvant chemoradiotherapy in rectal cancer: a multicenter radiopathomic study [J] . Ann Surg Oncol, 2020, 27(11): 4296-4306.
- [7] ZHANG Z H, WU H H, PRIESTER A, et al. Prostate microstructure in prostate cancer using 3-T MRI with diffusion-relaxation correlation spectrum imaging: validation with whole-mount digital histopathology [J] . Radiology, 2020, 296(2): 348-355.
- [8] TAJBAKHS N, SHIN J Y, GURUDU S R, et al. Convolutional neural networks for medical image analysis: full training or fine tuning? [J] . IEEE Trans Med Imaging, 2016, 35(5): 1299-1312.
- [9] LONG J, SHEHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation [C] // 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). June 7-12, 2015. Boston, MA, USA. IEEE, 2015: 3431-3440.
- [10] CHEN L C, PAPANDREOU G, SCHROFF F, et al. Rethinking atrous convolution for semantic image segmentation [EB/OL] . 2017: arXiv: 1706.05587. <http://arxiv.org/abs/1706.05587>
- [11] HOWARD A, SANDLER M, CHEN B, et al. Searching for MobileNetV3 [C] // 2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). October 27-November 2, 2019. Seoul, Korea (South). IEEE, 2019: 1314-1324.
- [12] WANG R, LEI T, CUI R, et al. Medical image segmentation using deep learning: a survey [J] . IET Image Processing, 2022, 16(5): 1243-1267.
- [13] YOON M A, CHUNG H W, CHEE C G, et al. Risk factors for diagnostic failure of ultrasound-guided core needle biopsy of soft-tissue tumors based on World Health Organization classification category and biologic potential [J] . AJR Am J Roentgenol, 2020, 214(2): 413-421.
- [14] BHATTACHARYA I, SEETHARAMAN A, KUNDER C, et al. Selective identification and localization of indolent and aggressive prostate cancers via CorrSigNIA: an MRI-pathology correlation and deep learning framework [J] . Med Image Anal, 2022, 75: 102288.
- [15] 李新彤, 姚 宁, 闫 东, 等. 基于V-Net卷积神经网络深度学习模型自动分割腰椎CT图像中的椎旁肌 [J] . 中国医学影像技术, 2023, 39(6): 890-894.
- [16] YU X H, CHEN J X, FANG B, et al. Cardiac LGE MRI segmentation with cross-modality image augmentation and improved U-net [J] . IEEE J Biomed Health Inform, 2023, 27(2): 588-597.
- [17] RYU H, SHIN S Y, LEE J Y, et al. Joint segmentation and classification of hepatic lesions in ultrasound images using deep learning [J] . Eur Radiol, 2021, 31(11): 8733-8742.
- [18] HERMSEN M, BEL T D, DEN BOER M, et al. Deep learning-based histopathologic assessment of kidney tissue [J] . J Am Soc Nephrol, 2019, 30(10): 1968-1979.
- [19] ZHOU W Y, YANG Y, YU C, et al. Ensembled deep learning model outperforms human experts in diagnosing biliary atresia from sonographic gallbladder images [J] . Nat Commun, 2021, 12(1): 1259.

(收稿日期: 2024-10-05 修回日期: 2024-11-04)