

基于深度学习的 SPECT/CT 骨显像病灶区域自动分割模型开发

王雪婷¹ 谢伟明² 苗瑀嘉¹ 姚翌旻² 戴盈欣¹

刘凤敏¹ 陆国秀¹ 张国旭¹ 王治国¹

¹北部战区总医院核医学科, 沈阳 110016; ²东北大学医学与生物信息工程学院, 沈阳 110169; ³

通信作者: 王治国, Email: wangzhiguo5778@163.com

【摘要】 目的 开发一种基于深度学习的分割模型 MT-UNet, 用于 SPECT/CT 骨显像中骨转移瘤和骨良性病变的自动分割。方法 回顾性纳入 2023 年 6 月至 2023 年 12 月于北部战区总医院核医学科接受 SPECT/CT 骨显像的 93 例患者(男 48 例、女 45 例, 年龄 28~84 岁), 184 个骨病灶(良性病变 94 个、转移瘤 90 个)。采用 MT-UNet 分别对 SPECT、CT 及 SPECT/CT 图像上的骨病灶进行自动分割, 并与 8 种分割模型进行对比。采用 5 折交叉验证划分训练集与验证集, 并引入迁移学习进一步增强模型的鲁棒性。另纳入 2023 年 4 月至 2023 年 5 月于北部战区总医院核医学科接受 SPECT/CT 骨显像的 22 例患者(男 15 例、女 7 例, 年龄 37~87 岁), 40 个骨病灶(良性病变 22 个, 转移瘤 18 个)作为 MT-UNet 的测试集。采用准确性、灵敏度、特异性、AUC、交并比、Dice 相似性系数(DSC)评估不同模型的分割性能, 采用 Delong 检验比较测试集中不同模型的分割效果。结果 在验证集中, MT-UNet 分割 SPECT、CT、SPECT/CT 图上骨病灶的 DSC 分别为 0.940、0.962、0.963, 优于其他模型。使用迁移学习后, 模型的分割性能进一步提升, SPECT/CT 模型的 DSC 为 0.984。在测试集中, MT-UNet 的分割性能与验证集相当, 分割 3 种图像对应的 AUC 差异有统计学意义(Z 值: $-15.42 \sim -9.27$, 均 $P < 0.01$)。与传统阅片相比, MT-UNet 分割后的骨病灶使医师诊断时长由 164 min 缩短至 102 min。结论 MT-UNet 在骨转移瘤和骨良性病变的自动分割中展现出较好的性能, 有望成为 SPECT/CT 图像骨转移瘤智能诊断系统的重要组成部分。

【关键词】 肿瘤转移; 骨骼; 深度学习; 图像处理, 计算机辅助; 体层摄影术, 发射型计算机, 单光子; 体层摄影术, X 线计算机; 99m 锝美罗酸盐

基金项目: 北部战区总医院自主科研项目(ZZKY2024003)

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20241106-00384

A automatic segmentation model of bone lesion in bone SPECT/CT based on deep learning

Wang Xueting¹, Xie Weiming², Miao Yujia¹, Yao Zhaomin², Dai Yingxin¹, Liu Fengmin¹, Lu Guoxiu¹, Zhang Guoxu¹, Wang Zhiguo¹

¹Department of Nuclear Medicine, General Hospital of Northern Theater Command, Shenyang 110016, China;

²School of Medical and Biological Information Engineering, Northeastern University, Shenyang 110169, China

Corresponding author: Wang Zhiguo, Email: wangzhiguo5778@163.com

【Abstract】 Objective To develop a deep learning-based segmentation model MT-UNet to automatically segment bone metastases and benign bone lesions in bone scintigraphy with SPECT/CT. **Methods** A total of 93 patients (48 males and 45 females, age 28–84 years) who underwent bone SPECT/CT in the Department of Nuclear Medicine, General Hospital of Northern Theater Command from June 2023 to December 2023 were enrolled retrospectively in this study, with a total of 184 bone lesions (94 benign lesions and 90 metastatic tumors). The MT-UNet was employed to segment bone lesions in SPECT, CT and SPECT/CT images respectively. Comparative analysis with 8 segmentation models was performed. The training set and validation set were divided by using 5-fold cross-validation and transfer learning was introduced to further enhance the robustness of the model. An additional cohort of 22 patients (15 males and 7 females, age 37–87 years) who received bone SPECT/CT in the Department of Nuclear Medicine, General Hospital of Northern Theater Command from April 2023 to May 2023 were included, comprising 40 bone lesions (22 benign lesions and 18 metastatic tumors) as the test set of MT-UNet. Segmentation performance of different models was assessed using accuracy, sensitivity, specificity, AUC, intersection over union and Dice similarity coefficient (DSC). Delong test was used to compare the segmentation efficacy among different models in the test

set. **Results** In the validation set, MT-UNet demonstrated DSC of 0.940, 0.962, and 0.963 for SPECT, CT, and SPECT/CT bone lesion segmentation, respectively, which were outperformed other models. Following transfer learning implementation, the SPECT/CT model's DSC was improved to 0.984. In the test set, MT-UNet maintained comparable segmentation performance to the validation set, with significant AUC differences among the three models (Z values: from -15.42 to -9.27 , all $P < 0.01$). Compared with conventional image interpretation, MT-UNet-based segmentation reduced physician interpretation time from 164 min to 102 min. **Conclusion** MT-UNet has shown good performance in automatic segmentation of bone metastases and benign bone lesions, and is expected to become an important part of SPECT/CT image intelligent diagnosis system for bone metastases.

【Key words】 Neoplasm metastasis; Skeleton; Deep learning; Image processing, computer-assisted; Positron-emission tomography; Tomography, X-ray computed; Technetium Tc 99m medronate

Fund program: Independent Scientific Research Project of the General Hospital of Northern Theater Command (ZZKY2024003)

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20241106-00384

许多癌症晚期患者易发生骨转移,严重影响其生存质量,间接导致生存期缩短^[1]。准确诊断骨转移对于个体化患者治疗非常重要。全身骨显像已成为筛查骨转移的首选方式,但假阳性率高,对于尚未明确诊断的病变往往需要进一步行 SPECT/CT 骨显像^[2]。CT 能够清晰显示骨质形态并精确定位, SPECT 提供骨骼代谢信息,并可早于 X 线检查 3~6 个月发现异常,从而提高诊断的准确性和灵敏度^[3]。计算机辅助诊断系统能够挖掘肉眼无法观察到的信息,辅助诊断医师提高诊断效能^[4],其中图像分割是实现准确诊断的前提,分割质量直接影响诊断效能^[5]。本研究开发了一种用于自动分割 SPECT/CT 骨图像中骨转移瘤和骨良性病变的深度学习模型 MT-UNet,以减轻医师的工作负担,并提高对病灶的检出率。

资料与方法

1. 临床资料。回顾性纳入 2023 年 6 月至 2023 年 12 月于北部战区总医院核医学科接受 SPECT/CT 骨显像的患者 93 例(男 48 例、女 45 例,年龄 28~84 岁),共 184 个骨病灶(良性病变 94 个、转移瘤 90 个),用于模型训练和交叉验证。

纳入标准:(1)恶性肿瘤病史;(2)包含 SPECT/CT 骨显像全部序列;(3)经完整病理或影像、临床随访记录(≥ 6 个月)确诊为骨转移瘤或骨良性病变。排除标准:(1)无明确诊断的异常骨病变;(2)原发恶性骨肿瘤;(3)曾接受放化疗或手术治疗;(4)图像质量不佳或存在伪影,病灶难以勾画。

另纳入 2023 年 4 月至 2023 年 5 月于北部战区总医院核医学科接受 SPECT/CT 骨显像并经临床证实为骨转移或骨良性病变的患者 22 例(男 15 例、女 7 例,年龄 37~87 岁),共 40 个骨病灶(良性病变 22 个、转移瘤 18 个),作为测试集。本研究经北部战区总医院医学伦理委员会批准[批件号:伦审 Y(2024)

269 号]。

2. 图像采集。采用德国 Siemens 公司 Symbia T16 SPECT/CT 仪显像,配备低能高分辨率平行孔准直器和 16 排螺旋 CT。⁹⁹Tc^m-亚甲基二膦酸盐(methylene diphosphonate, MDP)由钨-铈发生器淋洗获得,予每例患者经肘静脉注射⁹⁹Tc^m-MDP 740~925 MBq,注射后 3~4 h 行全身骨显像,对图像中显像剂浓聚异常的区域行 SPECT/CT 显像。SPECT 采集参数:双探头分别旋转 180°,10 s/帧,矩阵 128×128;CT 扫描参数:管电压 130 kV、管电流 190 mA,应用自动辐射剂量调整技术减少辐射暴露,采用锐化滤波器(B70s sharp)高分辨率算法重建图像,重建层厚 3 mm。在 Siemens 后处理工作站上获得 SPECT 和 CT 的融合图像。

3. 数据预处理及手动注释。本研究采用的窗宽和窗位分别为 1 500 和 50。先裁剪 SPECT、CT 和 SPECT/CT 图像,重采样为 256×256 矩阵,像素间距 1 mm×1 mm,再对图像进行 Z-score 标准化处理;将所有病灶最大横截面的图像导入 3D Slicer 软件(版本 5.2.2),由 1 名低年资核医学医师分别在 3 种图像上勾画 ROI,由 1 名高年资核医学医师对 ROI 进行检查校正,以校正后的结果作为骨病灶分割的“金标准”。最后,将处理后的原始图像及相对应的 ROI 一同导入分割模型中进行训练。

4. 模型构建及性能评估。基于 U-Net 编码器-解码器架构^[6],开发深度学习模型 MT-UNet,通过跳跃连接实现多尺度特征融合,用于骨病灶自动分割。模型采用移动翻转瓶颈卷积(MBConv)模块替代传统卷积层,逐步提取特征,进行下采样;同时引入三重注意力机制,以增强特征表达能力,降低计算成本,提升分割性能。

行 5 折交叉验证,评估 MT-UNet 的稳定性和可靠性。采用数据增强策略,以提高模型的泛化能力,

包括随机旋转 ($\pm 15^\circ$)、水平翻转、垂直翻转以及添加高斯噪声等,每次模型训练时随机生成增强样本。另外,引入迁移学习以优化模型性能:在 CT 和 SPECT 上进行预训练,再将模型迁移至 SPECT/CT 融合图像任务中进行微调。在模型的训练中,学习率设定为 0.000 1,优化器选择 Adam,确保模型的快速收敛与稳定性。采用 Dice 损失函数作为目标函数,提升模型对病灶边界的精准分割能力。

纳入 8 种基于 U-Net 架构但修改了编码器的分割模型,包括采用残差网络 (ResNet34、ResNet101)、高效网络 (EfficientNet)、移动网络 (MobileNet)、规则化网络 X (RegNetX)、视觉几何组网络 (VGG11、VGG16) 及密集卷积网络 (DenseNet169) 作为编码器的模型,将 MT-UNet 性能与其进行对比。采用准确性、灵敏度、特异性、Dice 相似性系数 (Dice similarity coefficient, DSC)、AUC、交并比评价分割模型的性能,其中交并比和 DSC 用于评估模型预测结果与实际结果间的相似性,2 个指标值越大,模型预测结果与实际结果相似程度越高。

本研究的模型训练基于高性能计算环境,主要硬件包括 NVIDIA 4090 图形处理器 (graphics processing unit, GPU) (显存 16G)、Intel i9-13900H 中央处理器 (central processing unit, CPU) 和 32G 内存。

5. 分割模型的临床测试。测试集中的 40 个骨病灶由 1 名低年资医师进行独立诊断,医师在未被提供任何临床资料、仅被告知图像中存在骨良性病变或骨转移瘤的情况下进行 2 次诊断,第 1 次在原始 3 种图像上进行诊断,1 周后在 MT-UNet 分割结果的基础上进行第 2 次诊断。以 1 名高年资核医学科医师根据影像信息及临床资料确定的诊断结果作为参考标准,评估前述 2 次骨病灶诊断的准确性。

6. 统计学处理。使用 IBM SPSS Statistics 27.0 和 Python 3.7.1 软件进行统计学分析。采用 Shapiro-Wilk 检验判断变量是否符合正态分布,符合正态分布的定量资料采用 $\bar{x} \pm s$ 表示,用两独立样本 t 检验比较 2 组间差异;分类变量用例数或百分比描述,采

用 χ^2 检验比较组间差异。采用 Delong 检验比较不同模型间 AUC 的差异, $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义 (双侧检验)。

结 果

1. 患者特征。训练集+验证集和测试集病灶的比较见表 1,2 组间临床特征的差异均无统计学意义 ($t = -0.71, \chi^2$ 值:0.21~4.63,均 $P > 0.05$)。

2. 模型性能评估。经 5 折交叉验证,不同分割模型在验证集中的平均效能见表 2。与其他模型相比,MT-UNet 的整体性能具有优势,其在 SPECT/CT 图像方面,DSC 为 0.963,优于单独的 SPECT 和 CT 图像 (0.940 和 0.962)。迁移学习后,SPECT/CT 模型整体上分割性能进一步提高 (表 3),指标均高于其他模型,表明迁移学习能够有效提升模型对多模态数据的适应性。

在测试集中,MT-UNet 对于 3 种图像的分割能力与验证集中的性能相当,对于 SPECT/CT 的分割效果尤为显著 (表 4)。MT-UNet 分割 3 种图像的 AUC 差异均有统计学意义 (SPECT 与 CT: $Z = -15.42$, SPECT 与 SPECT/CT: $Z = -9.27$, CT 与 SPECT/CT: $Z = -12.18$;均 $P < 0.01$)。

3. 分割实例。图 1 展示了 MT-UNet 对不同解剖部位的骨良性病变和骨转移瘤的分割效果。MT-UNet 不仅能够准确地勾画病灶边界,还能区分细微结构及邻近正常组织,即使在复杂情况下,仍能实现精准分割。

4. 临床测试结果。第 1 次阅片,低年资医师共检出 39 个骨病灶,其中 21 个被判定为骨良性病变,17 个被判定为骨转移瘤,1 个疑似骨转移瘤;第 2 次阅片时,检出全部 40 个骨病灶。经高年资医师评估,第 2 次阅片的准确性为 100%。在阅片用时方面,第 1 次和第 2 次阅片总用时分别为 164 和 102 min。相较于第 1 次阅片,MT-UNet 分割出 1 个被肉眼遗漏的最大径小于 5 mm 的微小病灶,结合病灶特点及发生部位诊断为骨良性病变;另外,第 1 次阅片中疑似骨转移的病灶经 MT-UNet 分割后,CT

表 1 训练集+验证集和测试集骨骼病变患者的临床资料

组别	患者 (例)	病灶 (个)	年龄 (岁; $\bar{x} \pm s$)	性别 (例)		病灶位置 (个)					原发肿瘤 (例)			
				男	女	颅骨	肋骨及胸骨	脊椎	上肢骨	下肢骨	肺癌	乳腺癌	前列腺癌	其他肿瘤
训练集+验证集	93	184	65.6 \pm 11.3	48	45	7	55	74	15	33	47	8	11	27
测试集	22	40	67.6 \pm 12.6	15	7	1	13	20	4	2	15	2	2	3
检验值			-0.71 ^a		0.21		4.63						2.70	
P 值			0.476		0.686		0.327						0.452	

注:^a为 t 值,余检验值为 χ^2 值

表 2 深度学习模型 MT-UNet 和 8 种分割模型在验证集中的平均分割性能比较 ($n = 37$)

模型	分割算法	准确性	灵敏度	特异性	AUC	交并比	DSC
SPECT	ResNet34	0.999	0.693	0.998	0.826	0.545	0.706
	ResNet101	0.999	0.715	0.998	0.866	0.521	0.685
	EfficientNet	0.998	0.926	0.998	0.973	0.858	0.924
	MobileNet	0.998	0.890	0.998	0.948	0.795	0.886
	RegNetX	0.998	0.867	0.998	0.943	0.763	0.866
	VGG16	0.999	0.706	0.998	0.925	0.584	0.738
	DenseNet169	0.999	0.754	0.998	0.911	0.588	0.741
	VGG11	0.998	0.789	0.998	0.942	0.663	0.798
CT	MT-UNet	0.998	0.955	0.998	0.982	0.887	0.940
	ResNet34	0.999	0.759	0.998	0.906	0.683	0.812
	ResNet101	0.999	0.764	0.998	0.916	0.689	0.816
	EfficientNet	0.998	0.947	0.998	0.985	0.891	0.943
	MobileNet	0.998	0.907	0.998	0.967	0.855	0.922
	RegNetX	0.998	0.873	0.998	0.929	0.817	0.899
	VGG16	0.998	0.884	0.998	0.962	0.844	0.916
	DenseNet169	0.998	0.844	0.998	0.918	0.772	0.872
SPECT/CT	VGG11	0.998	0.858	0.998	0.944	0.803	0.891
	MT-UNet	0.998	0.974	0.998	0.989	0.926	0.962
	ResNet34	0.997	0.803	0.998	0.933	0.648	0.787
	ResNet101	0.998	0.854	0.999	0.951	0.754	0.860
	EfficientNet	0.998	0.957	0.998	0.988	0.891	0.943
	MobileNet	0.999	0.939	0.998	0.983	0.882	0.938
	RegNetX	0.999	0.942	0.998	0.977	0.882	0.938
	VGG16	0.997	0.772	0.999	0.949	0.638	0.779
	DenseNet169	0.998	0.814	0.998	0.939	0.684	0.813
	VGG11	0.998	0.910	0.998	0.952	0.857	0.923
	MT-UNet	0.998	0.981	0.998	0.991	0.928	0.963

注:每一折验证集来自骨良性病变和骨转移瘤患者的 37 个病灶;DSC 为 Dice 相似性系数

表 3 使用迁移学习后不同分割算法构建的 SPECT/CT 模型在验证集的平均分割性能比较 ($n = 37$)

分割算法	准确性	灵敏度	特异性	AUC	交并比	DSC
ResNet34	0.998	0.805	0.998	0.940	0.660	0.801
ResNet101	0.998	0.856	0.999	0.957	0.769	0.878
EfficientNet	0.999	0.959	0.999	0.995	0.904	0.957
MobileNet	0.999	0.941	0.999	0.989	0.894	0.951
RegNetX	0.999	0.943	0.999	0.984	0.897	0.954
VGG16	0.998	0.774	0.998	0.955	0.654	0.799
DenseNet169	0.999	0.816	0.999	0.946	0.698	0.830
VGG11	0.999	0.911	0.999	0.959	0.876	0.944
MT-UNet	0.999	0.982	0.999	0.997	0.948	0.984

表 4 MT-UNet 在测试集中的分割性能 ($n = 40$)

模型	准确性	灵敏度	特异性	AUC	交并比	DSC
SPECT	0.999	0.858	0.999	0.891	0.844	0.915
CT	0.999	0.930	0.999	0.969	0.869	0.930
SPECT/CT	0.999	0.966	0.999	0.972	0.884	0.938

注:测试集为来自 22 例骨良性病变和骨转移瘤患者的 40 个病灶

图上分割区域边界粗糙,内部骨质可观察到轻微破坏,结合 SPECT 图上病灶代谢高度异常的特点,最终诊断为早期骨转移瘤。上述表明,在 MT-UNet 分割后的图像上进行骨病灶诊断,较传统阅片更有利

于病变的检出,且诊断效率更高(图 2)。

讨 论

在目前的智能诊断 SPECT/CT 图像骨转移瘤的

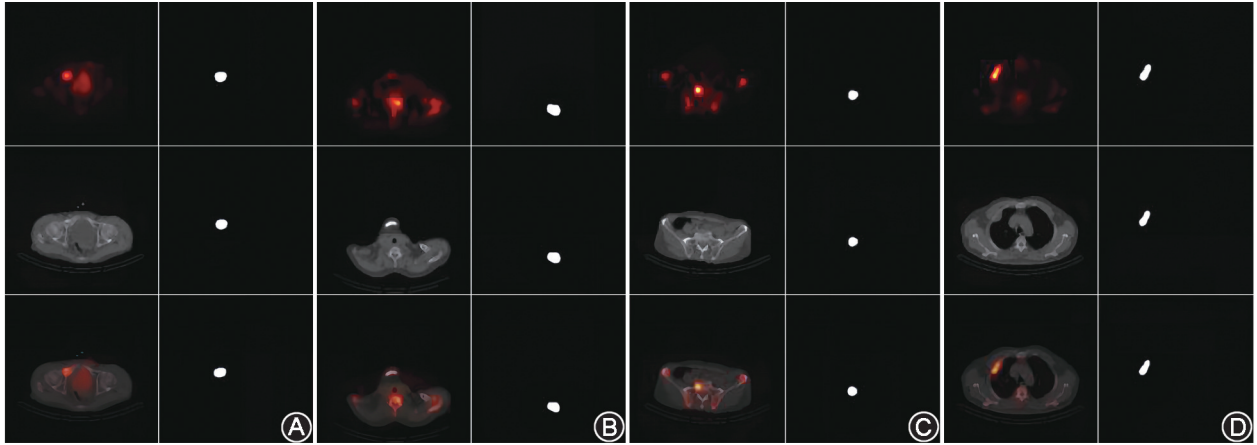


图 1 深度学习模型 MT-UNet 分割骨病灶的临床实例图(各序号图左列为 MT-UNet 分割前的 SPECT、CT、SPECT/CT 原始图像,右列为 MT-UNet 分割后的 ROI)。A.耻骨外伤后骨折患者(男,63 岁)图像;B.颈椎退行性变患者(女,55 岁)图像;C.骶椎骨转移瘤患者(女,66 岁)图像;D.肋骨骨转移瘤患者(男,72 岁)图像。可见 MT-UNet 对 3 种模态图像中的病灶位置预测一致,病灶边界仅有轻微差异

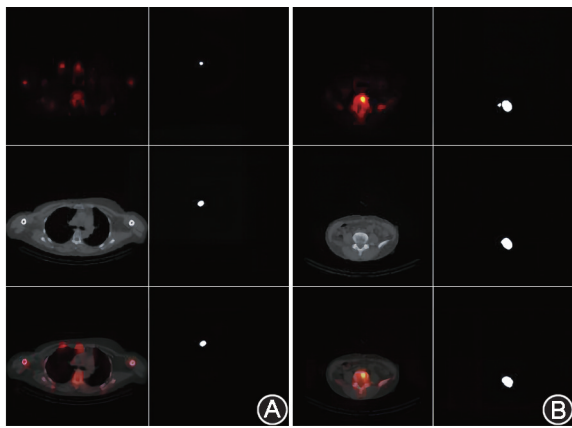


图 2 MT-UNet 分割前后阅片存在诊断变更的患者图像(各序号图左列为 MT-UNet 分割前的 SPECT、CT、SPECT/CT 原始图像,右列为 MT-UNet 分割后的 ROI)。A.乳腺癌患者(女,40 岁),MT-UNet 分割后发现右侧第 2 肋骨有微小的外伤病灶,对应原始图像有轻微的显像剂浓聚;B.肺癌患者(女,52 岁),L₄ 椎体未见明显骨质变化,但显像剂异常浓聚,MT-UNet 分割后确诊为早期转移瘤

研究^[7-8],分割骨病灶常依靠手动勾画,繁琐耗时,还可能受主观因素的影响存在偏倚^[9]。本研究提出的 MT-UNet,可分别为 SPECT、CT 及 SPECT/CT 图像提供 ROI 的快速和准确分割。

本研究中,MT-UNet 有较高的分割性能,与传统分割模型相比,其架构能够适应不同肿瘤大小和形状的变化,在验证集中,分割 SPECT、CT 及 SPECT/CT 图像的 DSC 分别为 0.940、0.962 和 0.963,交并比分别为 0.887、0.926 和 0.928,这表明模型预测区域与真实区域的相似性较高;在测试集中,3 种图像的 DSC 分别为 0.915、0.930 和 0.938,交并比分别为 0.844、0.869 和 0.884,验证集和测试集的性能差异小,表明 MT-UNet 具有较强的泛化能力和鲁棒性。

在特征提取方面,MT-UNet 采用移动翻转瓶颈卷积模块,通过深度可分离卷积和扩展率因子显著提高计算效率,同时降低了模型参数量和内存消耗,这在其他模型中较为罕见。例如,ResNet 和 VGG 等编码器架构虽能够提取多尺度特征,但计算资源消耗较大,尤其在深层网络中易导致过拟合和训练效率降低。同时,传统网络在处理多模态影像时缺乏针对融合特征的高效机制,而 MT-UNet 通过在跳跃连接中结合多模态特征,进一步增强了分割的准确性和一致性。

本研究结果显示,在 MT-UNet 分割的基础上进行诊断可提高病变的检出率。这是因为一些微小病灶和早期病灶在 SPECT 图上的代谢信号非常微弱,肉眼易误判为伪影或生理性摄取,而 MT-UNet 通过纹理信息(如灰度方差)来量化代谢异质性,可有效甄别伪影和真实病灶。同样,一些骨转移瘤在 CT 检查中仅表现为骨小梁微结构破坏或局部骨密度梯度变化,这些细微差异易被肉眼忽略,但 MT-UNet 可通过多尺度卷积核捕捉细微密度变化、形态学特征(如骨皮质破坏)来进行精准分割。对于 SPECT/CT,MT-UNet 利用三重注意力机制将早期提取的 SPECT 特征和 CT 特征在更高层次上相互融合,模型可学习到多模态联合特征,从而定位 SPECT 图上核素异常浓聚的病灶,并精准勾勒 CT 图上病灶边缘结构,由此提高鉴别性能^[10]。本研究结果显示,SPECT/CT 图像的分割效果(AUC=0.972)优于单模态图像(AUC:0.891、0.969),表明多模态融合提升了分割的整体性能,在临床诊断中具备应用潜力。然而,本研究中模型对于 SPECT 图像的分割效果稍逊于 CT 图像,可能与 SPECT 的空间分辨率较差,导

致目标结构模糊和混叠有关。此外,在 MT-UNet 协助下诊断比传统阅片时长缩短了 62 min,这显著提高了诊断医师的工作效率。

本研究还存在以下不足之处:(1)数据规模较小,有待纳入多中心数据,以增强模型的鲁棒性。(2)采用二维截面作为模型输入,降低了计算能力的需求,但提取特征信息有限。未来计划基于三维卷积神经网络的全体分割方法,进一步提升模型性能。(3)在少数病例中,MT-UNet 仍存在欠分割现象,尤其是病灶边界模糊或与周围组织信号相近时,这可能与训练数据中小病灶样本较少或特征提取对低信噪比区域的表现不够有关。后续研究将引入更多边界复杂的小病灶病例,并优化模型的注意力机制(如自适应权重分配),进一步提升分割精度。通过持续优化,MT-UNet 有望在医学影像分割和核医学诊断系统中发挥更重要的作用,为临床诊断与治疗提供技术支持。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 王雪婷:文章撰写、研究实施;谢伟明、苗瑀嘉、姚昱昊:技术支持;戴盈欣、刘凤敏:数据采集;陆国秀:统计学分析;张国旭、王治国:论文指导、经费支持

参 考 文 献

- [1] Yip R, Rimes JS, Capaldo BD, et al. Mammary tumour cells remodel the bone marrow vascular microenvironment to support metastasis[J]. Nat Commun, 2021, 12(1): 6920. DOI: 10.1038/s41467-021-26556-6.
- [2] Kapsoritakis N, Stathaki M, Bourogianni O, et al. Clinical impact of targeted single-photon emission computed tomography/computed tomography (SPECT/CT) bone scintigraphy on the assessment of bone metastasis in cancer patients[J]. Nucl Med Commun, 2021, 42(11): 1202-1208. DOI:10.1097/MNM.0000000000001455.
- [3] 王新华,赵艳萍,陆海健,等. SPECT/CT 显像诊断转移性骨肿瘤的临床意义[J].中华核医学杂志, 2010, 30(2): 106-109. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9780.2010.02.010.
Wang XH, Zhao YP, Lu HJ, et al. Clinical value of SPECT/CT imaging in the diagnosis of bone metastasis[J]. Chin J Nucl Med, 2010, 30(2): 106-109. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9780.2010.02.010.
- [4] Chen X, Wang X, Zhang K, et al. Recent advances and clinical applications of deep learning in medical image analysis[J]. Med Image Anal, 2022, 79: 102444. DOI: 10.1016/j.media.2022.102444.
- [5] Gul S, Khan MS, Bibi A, et al. Deep learning techniques for liver and liver tumor segmentation: a review[J]. Comput Biol Med, 2022, 147: 105620. DOI:10.1016/j.compbiomed.2022.105620.
- [6] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation[J]. Springer, Cham, 2015. DOI:10.1007/978-3-31.
- [7] Wang H, Chen Y, Qiu J, et al. Machine learning based on SPECT/CT to differentiate bone metastasis and benign bone lesions in lung malignancy patients[J]. Med Phys, 2024, 51(4): 2578-2588. DOI:10.1002/mp.16839.
- [8] Jin Z, Zhang F, Wang Y, et al. Single-photon emission computed tomography/computed tomography image-based radiomics for discriminating vertebral bone metastases from benign bone lesions in patients with tumors[J]. Front Med (Lausanne), 2021, 8: 792581. DOI:10.3389/fmed.2021.792581.
- [9] Chen J, Li Y, Luna LP, et al. Learning fuzzy clustering for SPECT/CT segmentation via convolutional neural networks[J]. Med Phys, 2021, 48(7): 3860-3877. DOI:10.1002/mp.14903.
- [10] 牟玮,田捷. PET/CT、SPECT/CT 影像组学:沟通宏观影像和微观分子的桥梁[J].中华核医学与分子影像杂志, 2024, 44(2): 65-67. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20231212-00134.
Mu W, Tian J. Radiomics in PET/CT and SPECT/CT: the bridge between macroscopic images and microscopic molecules[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2024, 44(2): 65-67. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20231212-00134.

(收稿日期:2024-11-06)

· 读者 · 作者 · 编者 ·

关于论文写作中的“志谢”

对给予实质性帮助但不符合作者条件的单位或个人应在文后给予志谢。志谢中应说明被志谢者的姓名、单位及其贡献,且需经被志谢者同意后方可刊载。被志谢者包括:(1)对研究提供资助的单位和个人、合作单位;(2)协助完成研究工作和提供便利条件的组织和个人;(3)协助诊断和提出重要建议的人;(4)给予转载和引用权的资料、图片、文献、研究思想和设想的所有者;(5)做出贡献又不能成为作者的人,如提供技术帮助和给予财力、物力支持的人,此时应阐明其支援的性质;(6)其他。不宜将应被志谢人放在作者的位置上,混淆作者和被志谢者的权利和义务。

本刊编辑部