

基于测地线图像先验驱动 PET 肿瘤分割的网络框架

杨霖^{1,2} 邵丹³ 黄振兴¹ 梁栋¹ 郑海荣¹ 胡战利¹

¹中国科学院深圳先进技术研究院医学人工智能研究中心, 深圳 518055; ²中国科学院深圳先进技术研究院, 北京 101408; ³广东省人民医院核医学科, 广州 510060

通信作者: 胡战利, Email: zl.hu@siat.ac.cn

【摘要】 目的 利用 PET 本身性质构造先验, 以准确分割病变区域。**方法** 提出一种基于测地线先验驱动 PET 肿瘤分割的网络框架(简称测地线网络), 即通过构建偏微分方程来刻画 PET 不同区域的测地线距离。以 CT 标签定位的肿瘤标记点作为方程的初始条件, 利用光滑 Heaviside 函数对测地线距离进行映射, 以增强肺部肿瘤或乳腺肿瘤与正常组织的对比度。网络框架采用双分支架构, 利用测地线先验辅助 PET 图像分割。**结果** 所提方法在肺癌分割中, Dice 系数达到 94.92%。乳腺癌分割达 90.12%。在 Unet 中加入测地线先验后, 乳腺癌 Dice 系数上升 32.37% (由 42.50% 上升至 74.87%)。**结论** 测地线先验可以较好地提升分割结果并增强网络泛化能力。

【关键词】 PET 图像; 肿瘤分割; 图像先验; 测地线距离; 深度学习

基金项目: 国家自然科学基金 (82372038); 深圳市优秀技术创新人才培养计划 (RCJC20200714114436080); 深圳市医学研究基金 (B2301002); 深圳市科技计划 (JCYJ20220818101804009)

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20240531-00186

Network framework for PET tumor segmentation driven by geodesic image prior

Yang Lin^{1,2}, Shao Dan³, Huang Zhenxing¹, Liang Dong¹, Zheng Hairong¹, Hu Zhanli¹

¹Research Center for Medical Artificial Intelligence, Shenzhen Institutes of Advanced Technology, Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518055, China; ²Shenzhen College of Advanced Technology, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China; ³Department of Nuclear Medicine, Guangdong Provincial People's Hospital, Guangzhou 510060, China

Corresponding author: Hu Zhanli, Email: zl.hu@siat.ac.cn

【Abstract】 Objective To construct a prior based on the inherent properties of PET to accurately segment the lesion areas. **Methods** A network framework for PET tumor segmentation driven by geodesic priors was proposed (geodesic network for short). Specifically, partial differential equations were constructed to characterize the geodesic distances between different regions in PET images. Tumor marker points identified by CT labeling were used as the initial conditions for the equations. To enhance the contrast between areas of lung or breast tumors and normal tissues, a smooth Heaviside function was utilized to map the geodesic distances. The network framework adopted a dual-branch architecture, using geodesic priors to assist in PET image segmentation. **Results** The proposed method achieved a Dice coefficient of 94.92% in lung cancer segmentation and 90.12% in breast cancer segmentation. With the addition of geodesic priors in the Unet, the Dice coefficient for breast cancer increased by 32.37% (from 42.50% to 74.87%). **Conclusion** Geodesic priors can significantly improve segmentation outcomes and enhance the generalization capability of the network.

【Key words】 PET imaging; Tumor segmentation; Image prior; Geodesic distance; Deep learning

Fund program: National Natural Science Foundation of China (82372038); Shenzhen Excellent Technology Innovation Talent Training Program (RCJC20200714114436080); Shenzhen Medical Research Fund (B2301002); Shenzhen Science and Technology Plan (JCYJ20220818101804009)

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20240531-00186

PET 在检测肿瘤区域方面具有很高的灵敏度和特异性, 可以在形态学改变发生前检测到疾病组织中的代谢变化^[1]。PET 图像空间分辨率较低, 对比度较高, 虽易于识别病变区域, 但边界模糊且难以确

定^[2], 可能导致与实际病变边界的较大偏差, 影响肿瘤进一步治疗。因此, 在临床应用和医学诊断中, 实现病变区域的精确分割仍具挑战。

近些年, 随着深度学习的兴起, 一些基于网络的

方法相继被提出^[3],这些方法通常与其他模态(如CT)相结合。然而,多模态分割意味着额外的扫描剂量或扫描时间。不同的成像机制也可能导致其提供的病变信息不一致,造成错误分割。本研究探索了一种与 PET 提供的病理信息一致且能弥补 PET 固有缺陷(如模糊边界、低分辨率)的图像先验,并将该先验与深度学习结合,提出基于测地线图像先验驱动的 PET 肿瘤分割网络框架。

资料与方法

一、数据来源

1.肺癌数据。由广东省人民医院 PET/CT(德国 Siemens Biograph 16 HR)扫描获得。本研究经广东省人民医院伦理委员会批准(编号:KY-Z-2021-075-03)。本研究侧重于肺部癌症区域的分割,因此数据裁剪后仅包括肺部器官。肺癌 PET/CT 数据集包括 118 例患者,其中男 62 例、女 56 例,年龄 35~85 岁;肿瘤均为原发病灶。其中 48 例肿瘤区域最大径 ≤ 3 cm, 70 例 >3 cm。

2.乳腺癌数据。来源同上,使用相同 PET/CT 仪对不同部位进行扫描。研究经本院伦理批准(编号:GDREC2019696H)。该数据仅保留乳腺区域。乳腺癌 PET 数据集包括 92 例患者,均为女性,年龄 27~87 岁;肿瘤均为原发病灶。由于部分患者存在多个肿瘤,本研究旨在进行单目标分割,因此选择其中 50 例进行测试,年龄 31~82 岁。

二、参数介绍

1.测地线距离 $D(x)$ 。距离可以衡量两点之间的空间信息,为分割提供较好的先验信息。常见的

距离包括有欧氏距离、测地线距离等。欧氏距离缺乏图像本身的物理信息,在分割中的作用较为有限。测地线距离计算两点在黎曼测度下的最短距离^[4]。通过对 PET 图像 ROI 进行标记,测地线距离可以捕获与标记点具有相同代谢情况的像素点。理想的参数应具备自适应特性。本研究根据 PET 的特点,重新构造测地线距离(方程 1):

$$\begin{cases} \|\nabla D(x)\| = \varepsilon + \beta(x) \|\nabla P(x)\|^2, & \dots\dots\dots \text{方程(1)} \\ D(x) = 0, & \text{当 } x \in M \text{ 时,} \end{cases}$$

其中 $\varepsilon > 0$ 为较小常数, M 为标记点集合, $P(x)$ 为标准 PET 图像, ∇ 为梯度算子, $\|\cdot\|$ 为 L2 范数。 $\beta(x) = \mu E(x)(1 - P(x))$ 代表惩罚因子,其中 μ 为较大常数, $E(x)$ 为到标记点的欧氏距离。

2.测地线先验。为进一步增强病变信息与正常组织的对比度,利用光滑化 Heaviside 函数对 $D(x)$ 进行映射,得到测地线先验(公式 1):

$$D_{\xi,v}(x) = \frac{1}{2} \left(1 + \frac{2}{\pi} \arctan \left(\frac{-(D(x) - \xi)}{v} \right) \right) \dots\dots\dots \text{公式(1)}$$

其中 ξ 为平移参数, v 为缩放参数。

3.网络框架。利用测地线先验构造双分支网络架构,以辅助 PET 图像分割。整体网络框架(图 1A)由 2 个分支的编码器和 1 个共同的解码器构成。2 个分支分别学习 PET 图像特征和测地线特征,每层特征分别表示为 p^l 和 g^l , 其中 $l=1, \dots, L$ 。 p^0 和 g^0 是网络输入,分别表示 PET 图像 $P(x)$ 和测地线先验 $D_{\xi,v}(x)$ 。网络使用图像特征和测地线特征构建注意力系数 α (图 1B),以保留与任务相关的激活,并增强网络对高摄取区域的关注。在解码器模块中,2 个分支被融合,以共同解码 PET 特征和测地

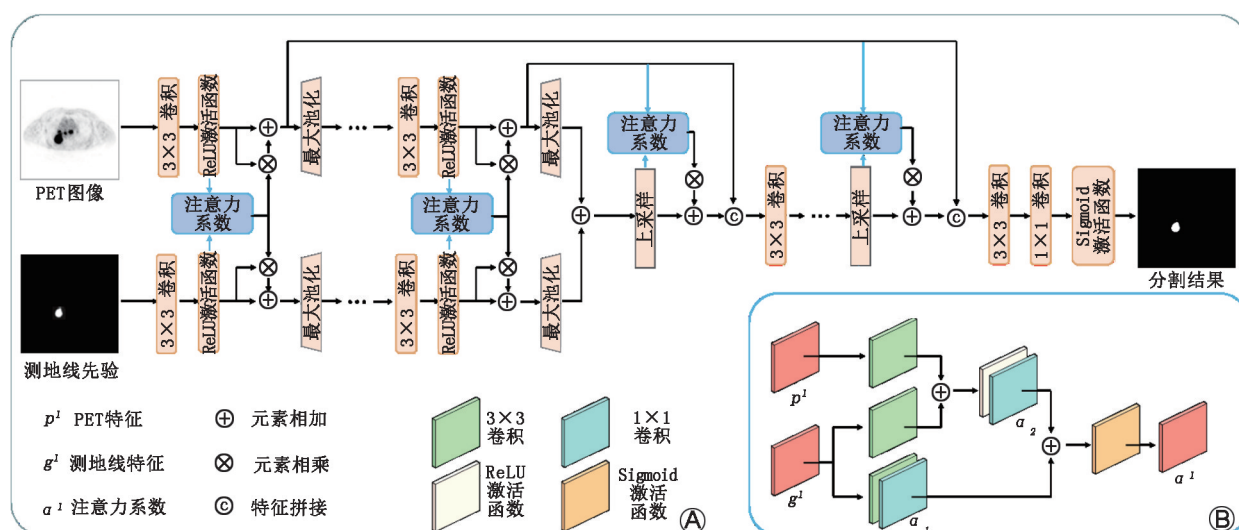


图1 网络框架(A)及注意力系数(B)示意图。A.双分支 PET 肿瘤网络分割架构。采用双分支编码器,输入分别为 PET 图像和测地线先验;B.利用图像特征和测地线特征构造注意力系数

线特征。

4. 注意力系数 α 。注意力机制能够捕捉图像中具有长程依赖关系的上下文信息^[5]。其聚焦于图像的特定区域,而忽略其他区域^[6]。本研究提出的测地线先验具有类似的功能。因此,网络中利用测地线先验构建注意力系数 α 。如图 1B 所示,通过测地线特征构建 α_1 ,以突出病变信息。耦合图像特征与测地线特征构建 α_2 ,以捕获 PET 图像结构信息。采用 $\text{ReLU}(\cdot)$ 函数消除其他区域的影响。 α_1 和 α_2 直接求和,用以增强两者共同关注的区域。采用 $\text{Sigmoid}(\cdot)$ 函数将其缩放至 $[0,1]$,得到 α 。具体为:

$$\alpha_1(g^l) = W_{1 \times 1} * W_g * g^l,$$

$$\alpha_2(p^l, g^l) = W_{1 \times 1} * \text{ReLU}(W_p * p^l + W_g * g^l), \dots \dots \text{公式(2)}$$

$$\alpha(p^l, g^l, \theta) = \text{Sigmoid}(\alpha_1(g^l) + \alpha_2(p^l, g^l)),$$

其中 $*$ 为卷积算子, θ 包含在 α 中的一系列参数,包括 $W_{1 \times 1}$ 、 W_g 、 W_p 等。

5. 编码器-解码器网络。编码器-解码器网络是一种非常有效的深度学习框架,特别在图像分割任务中性能优越^[7]。编码器模块捕获高级语义信息,而解码器模块重建图像的空间信息^[6]。在第 l 层编码器模块,利用特征 p^l 和 g^l 计算 α , $\alpha^l = \alpha(p^l, g^l; \theta)$ 。网络同时集成注意力残差结构,以增强目标特征,并抑制低摄取区域噪声。经过注意力机制增强后的特征 p^l 和 g^l 表示为: $\hat{p}^l = (1 + \alpha^l) \otimes p^l$, $\hat{g}^l = (1 + \alpha^l) \otimes g^l$, 其中 \otimes 表示逐元素相乘。在编码器的第 L 层,对 PET 特征 \hat{p}^L 和测地线特征 \hat{g}^L 进行特征融合,得到新的融合特征 f^L : $f^L = \hat{p}^L + \hat{g}^L$ 。解码器模块对融合特征 f^l 进行操作。遵循与编码器类似的策略,利用特征 \hat{p}^{l-1} 和融合特征 f^l 来构建注意力系数 $d^l = \alpha(f^l, \hat{p}^{l-1}; \theta)$ 。更新后的融合特征 \hat{f}^l 表示为: $\hat{f}^l = \text{Concat}((1 + d^l) \otimes f^l, \hat{p}^{l-1})$ 。其中 $\text{Concat}(\cdot)$ 为拼接函数。

三、网络训练

1. 训练方法。网络训练分为 2 个阶段。第一阶段:使用医师提供的 CT 标签定位 PET 病变区域并标注,获取标记点 M 。根据 M 计算测地线距离和测地线先验。本研究的标记点均为肿瘤区域中心点。对于方程(1),使用快速行进算法求解^[8]。第二阶段:将测地线先验与 PET 图像结合,作为网络的输入。本研究采用交叉熵损失函数,设置 $L=5$ 。所提出的模型在批量大小为 8 的情况下,训练 300 次。网络采用 Adam 优化器,学习率为 0.000 1,每层使用批量归一化,以保持网络稳定性。训练采用数据增强技术,包括随机旋转、翻转和镜像。网络框架使用 PyTorch 在 RTX 3090 GPU 上实现。参数设置: $\varepsilon =$

$$10^{-3}, \mu = 10^3。$$

2. 数据处理。肺癌患者 PET 数据大小为 $168 \times 168 \times 49$, CT 数据大小为 $512 \times 512 \times 49$ 。对数据进行切片处理,获得二维图像。本研究使用的标签均为 PET 标签,由专业医师注释。模型仅使用 CT 标签粗略定位肿瘤区域,因此未行额外的 PET 和 CT 图像配准。采用简单随机抽样选择数据集的 75% (88 例) 进行训练,余 25% (30 例) 用于测试。乳腺癌患者 PET 数据大小为 $168 \times 168 \times 49$, CT 数据大小为 $512 \times 512 \times 49$ 。

3. 评价指标。评价指标包括 Dice 系数 (Dice)、Hausdorff 距离 (Hausdorff distance, HD)、平均对称表面距离 (average symmetric surface distance, ASSD) 及临床指标 SUV_{mean} ^[9-10]。具体公式如下:

$$\text{Dice} = \frac{2 \times |S_1 \cap S_2|}{|S_1| + |S_2|} \dots \dots \dots \text{公式(3)}$$

$$\text{HD} = \max \left\{ \sup_{a \in \partial S_2} \inf_{b \in \partial S_1} \|a - b\|, \sup_{b \in \partial S_1} \inf_{a \in \partial S_2} \|b - a\| \right\} \dots \text{公式(4)}$$

$$\text{ASSD} = \frac{1}{|S_1| + |S_2|} \left(\sum_{a \in S_2} \|a - S_1\| + \sum_{b \in S_1} \|b - S_2\| \right) \dots \dots \dots \text{公式(5)}$$

其中, $\max\{\cdot, \cdot\}$ 代表取两者中的最大值, \sup 和 \inf 分别表示集合的上确界和下确界, S_1 表示分割后目标物体的面积, S_2 表示标签面积, ∂S_1 表示分割边界, ∂S_2 表示真实边界。Dice (以及 HD 和 ASSD) 的值越大 (或越小), 分割结果越准确。

4. 测地线先验参数选取。平移参数 ξ 为光滑的 Heaviside 函数的平移幅度, 主要控制测地线先验中肿瘤区域的范围。当 ξ 较小时, 先验集中关注标记点附近的肿瘤信息。当 ξ 增大时, 将包含肿瘤周围弱边界信息。缩放参数 ν 控制测地线先验中肿瘤区域与正常组织的对比度。随着 ν 的增加, 目标区域和背景区域之间的对比度减弱。为了确认两者的具体取值, 探究其对测地线先验的影响。固定 $\nu = 0.02$, 分别调整 ξ 为 $[0.01, 0.05, 0.1, 0.5]$ 。同样, 固定 $\xi = 0.2$, 分别调整 ν 为 $[0.01, 0.05, 0.1, 0.2, 0.5]$ 。不同参数设置下, 测地线先验的变化见图 2。图 2 中, 正常区域的测地线先验从蓝色逐渐变成黄色。在考虑弱边界信息和图像对比度情况下, 本研究分别选择 $\xi = 0.2$ 和 $\nu = 0.01$, 处理其他数据集时, 可以适当调整。

5. 对比实验。选取几种先进模型进行对比实验, 分别为 Unet^[11]、Unet++^[12]、Att-unet^[5]、SD-unet^[13]、Eff-unet^[14]。同时, 将阈值成二值图像的测地线先验纳入比较, 记为 Prior。为了更为公平地展现测地线先验刻画肿瘤区域的优越性, 对比网络中融合了测地线先验。将测地线先验和 PET 图像按通道连

接作为对比网络的输入。利用肺癌数据集训练网络参数,利用乳腺癌数据进行测试,以验证模型的泛化能力。此外,本研究旨在探究测地线网络良好的分割性能是否只局限于 SUV 参数,并未对乳腺癌计算 SUV 参数而是使用 PET 原图。

四、统计学处理

采用 Python(版本 1.13.1)中 scipy.stats 库函数进行统计学分析。符合正态分布的定量资料用 $\bar{x} \pm s$ 表示。采用配对 t 检验分析加入测地线先验前后网络结果的差异。 $P < 0.01$ 为差异有统计学意义(双侧检验)。

结 果

不同方法在肺癌数据集上可视化分割结果见图 3 第 1 行,测地线先验与真实肿瘤区域相似度非常高。在测地线先验的引导下,各法均能较精准地区分肿瘤区域和正常组织。相比之下,Unet 和 Att-unet 分割效果较差,过分割情况严重。Eff-unet 和 SD-unet 在捕获肿瘤区域信息能力方面有所改善,但难以识别弱边界区域。本研究的测地线网络分割结果与真实肿瘤区域更为接近,优于其他方法。各法定量指

标结果见表 1。

不同方法在乳腺癌数据集上的可视化分割结果见图 3。在测地线先验引导下,即使没有利用乳腺癌数据训练,各法均有较好的分割效果。相比于其他方法,本研究的测地线网络在肺癌和乳腺癌上的 Dice 系数分别为 94.92% 和 90.12%,优于其他方法。对比所有方法加入测地线先验前后的指标结果(表 2)可知,测地线先验能有效提高网络泛化能力(t 值:6.94~25.99,均 $P < 0.01$)。

讨 论

本研究旨在探索一种利用 PET 图像中固有信息(如测地线信息)来辅助分割 PET 肿瘤区域的方法。通过针对 PET 图像固有特性(如高对比度、低对比度和边界模糊),设计偏微分方程(1),求解出测地线距离。偏微分方程(1)刻画 PET 内在物理特性。满足 $\|\nabla P(x)\| \approx 0$ 且 $P(x) \approx 1$ 的像素点代表图像高摄取区域。在该区域距离受 ε 主导,变化缓慢,确保与标记点距离值一致。在图像边界或噪声处,像素值满足 $\|\nabla P(x)\| \gg 0$ 。此时惩罚因子 $\beta(x)$ 主导不同区域的距离变化速率。 $\beta(x)$ 中的欧氏

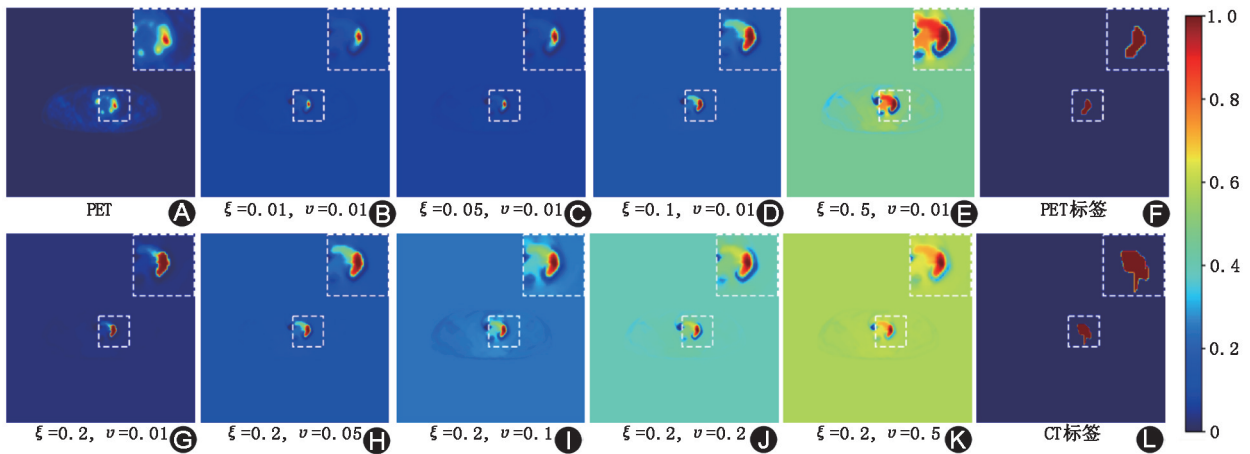


图 2 参数影响图。平移参数 ξ 和缩放参数 ν 对测地线先验的影响,其中白色虚框为局部放大图。可见 ξ 影响测地线先验的注意力范围, ν 影响测地线先验的对比度

表 1 不同方法在肺癌(118 例)和乳腺癌(50 例)患者数据集的量化结果($\bar{x} \pm s$)

方法	肺癌				乳腺癌		
	Dice(%)	HD	ASSD	SUV _{mean}	Dice(%)	HD	ASSD
Unet	89.89±5.87	3.60±1.99	0.11±0.16	4.26±1.99	74.87±9.79	5.58±4.19	0.56±0.26
Unet++	91.48±9.96	3.36±8.55	0.09±1.31	4.35±2.46	85.81±11.33	6.74±11.15	0.88±2.95
Att-unet	93.67±5.76	3.02±1.84	0.08±0.15	4.25±2.41	85.95±8.61	6.27±8.06	0.56±0.92
SD-unet	94.18±4.18	3.15±2.44	0.07±0.13	4.77±1.66	84.74±13.41	9.86±13.40	1.15±2.21
Eff-unet	93.37±4.52	3.16±3.19	0.07±0.12	4.86±1.72	84.43±10.19	6.18±8.15	0.45±0.46
Prior	81.65±8.96	3.79±2.13	0.93±0.61	4.71±1.60	70.14±19.26	8.51±11.09	2.79±2.96
Proposed	94.92±4.49	2.26±1.54	0.04±0.11	4.94±1.38	90.12±5.30	4.06±3.51	0.25±0.16

注:Proposed 为本研究提出的方法,亦为最佳实验结果。Dice 为 Dice 系数,HD 为 Hausdorff 距离,ASSD 为平均对称表面距离

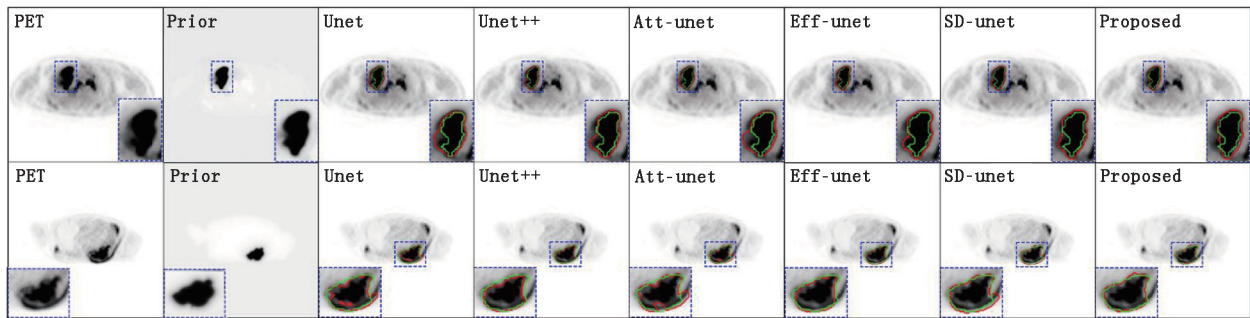


图3 不同方法在 PET 肺癌和乳腺癌数据集上分割结果,上排为肺癌结果,下排为乳腺癌结果,其中绿色为真实肿瘤区域,红色为各方法分割结果。Proposed 为本研究提出的方法;可见相比于其他方法,本研究指出的测地线网络分割结果与真实分割的轮廓更加贴合

表2 不同患者数据集中各法未加入测地线先验的 Dice 量化结果 (%; $\bar{x}\pm s$)

数据集	例数	Unet	Unet++	Att-unet	SD-unet	Eff-unet
肺癌	40	70.87±22.32	80.87±15.67	68.14±21.62	82.46±9.96	82.57±9.99
乳腺癌	50	42.50±18.21	50.96±18.45	47.96±22.30	60.24±23.17	64.42±22.65

注:Dice 为 Dice 系数

距离惩罚远离标记点的噪声或正常组织。对于病变周围的弱边界,其灰度值 $P(x) \approx 1$ 。惩罚因子在弱边界处权重函数近似为零,以保留弱边界信息。为了突出正常组织和病灶组织的对比度,本研究利用公式(1)对测地线距离进行增强,得到测地线先验。如图2中,该先验在正常组织中显示高权重,在病理组织中显示低权重,从而可有效衡量不同像素与标记点的相似性。由图2中与PET切片对应的CT切片的肿瘤区域可见,CT标签与PET标签差异较大。因此,利用CT辅助PET分割可能造成错误引导。相比于CT标签,本研究测地线先验与真实肿瘤区域更为接近。

在实验中,病变区域的确定可以通过其他模态的信息获得,如CT或MR图像标签。本研究利用同一患者的CT标签确定PET肿瘤区域。CT或MR标签仅用于对病变进行粗略定位,不提供额外信息。对于标记点的选取,可以选择在肿瘤区域内的任意地方。本研究统一选择肿瘤区域的中心位置。本研究结果表明,测地线先验可以显著提高网络的泛化能力。通过肺癌训练的网络参数,对乳腺癌数据集进行测试,各法指标均较低。而网络加入测地线先验后,Unet在乳腺癌测试集中的Dice系数上升了32.37%(由42.50%上升至74.87%),其他方法分割结果也得到显著提高,且各法加入先验前后的结果差异有统计学意义(t 值:6.94~25.99,均 $P<0.01$)。

综上,本研究构造测地线先验辅助网络进行分割,显著提高了肺癌及乳腺癌的分割结果。未来将探究测地线距离在多模态或多器官分割中的应用;另外,进一步简化测地标记点的标记策略,实现在图像

ROI内自动注释标记点,从而降低手动注释的成本。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 杨霖:论文撰写、研究设计、数据分析;邵丹:数据采集及分析;黄振兴:研究设计、数据分析;梁栋、郑海荣:技术支持、经费支持;胡战利:论文修改、数据采集、经费支持

参 考 文 献

- [1] Jiang C, Zheng S, Li L. PET/CT co-segmentation based on hybrid active contour model[C]//2022 IEEE International Conference on Image Processing (ICIP). IEEE, 2022; 4143-4147. DOI: 10.1109/ICIP46576.2022.9897798.
- [2] Kligerman S, Digumarthy S. Staging of non-small cell lung cancer using integrated PET/CT[J]. AJR Am J Roentgenol, 2009, 193(5): 1203-1211. DOI:10.2214/AJR.09.3193.
- [3] 刘思敏,冯明,蔡海东,等.基于深度学习的核素骨显像中骨转移瘤的诊断及评估[J].中华核医学与分子影像杂志, 2022, 42(1): 22-26. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20200906-00337. Liu SM, Feng M, Cai HD, et al. Automatic diagnosis and assessment of bone metastases on bone scans based on deep learning[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2022, 42(1): 22-26. DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20200906-00337.
- [4] Roberts M, Chen K, Irion KL. A convex geodesic selective model for image segmentation[J]. J Math Imaging Vis, 2019, 61: 482-503. DOI:10.1007/s10851-018-0857-2.
- [5] Maji D, Sigedat P, Singh M. Attention Res-UNet with guided decoder for semantic segmentation of brain tumors[J]. Biomed Signal Proces, 2022, 71: 103077. DOI:10.1016/j.bspc.2021.103077.
- [6] Pan X, Cheng J, Hou F, et al. SMILE: cost-sensitive multi-task learning for nuclear segmentation and classification with imbalanced annotations[J]. Med Image Anal, 2023, 88: 102867. DOI: 10.1016/j.media.2023.102867.
- [7] Isensee F, Jaeger PF, Kohl S, et al. nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation[J]. Nat Methods, 2021, 18(2): 203-211. DOI:10.1038/s41592-020-01008-z.
- [8] Sethian JA. Fast marching methods[J]. SIAM Review, 1999, 41(2): 199-235. DOI:10.1137/S0036144598347059.

- [9] Shin DJ, Choi H, Oh DK, et al. Correlation between standardized uptake value of ^{18}F -FDG PET/CT and conductivity with pathologic prognostic factors in breast cancer[J]. Sci Rep, 2023, 13(1): 9844. DOI:10.1038/s41598-023-36958-9.
- [10] 牛荣,王跃涛,邵晓梁,等. ^{18}F -FDG PET/CT 显像中 SUV 指数与早期肺腺癌浸润性的关联分析[J].中华核医学与分子影像杂志, 2022, 42(5): 257-262. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20201029-00397.
- Niu R, Wang YT, Shao XL, et al. Correlation analysis between SUV index in ^{18}F -FDG PET/CT imaging and invasiveness of early lung adenocarcinoma[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2022, 42(5): 257-262. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20201029-00397.
- [11] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation[M]//Navab N, Hornegger J, Wells W, et al. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention—MICCAI 2015. Cham: Springer International Publishing, 2015: 234-241. DOI:10.1007/978-3-319-24574-4_28.
- [12] Zhou Z, Siddiquee M, Tajbakhsh N, et al. UNet++: redesigning skip connections to exploit multiscale features in image segmentation[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2020, 39(6): 1856-1867. DOI:10.1109/TMI.2019.2959609.
- [13] Yin S, Deng H, Xu Z, et al. SD-UNet: a novel segmentation framework for CT images of lung infections[J]. Electronics, 2022, 11(1): 130. DOI:10.3390/electronics11010130.
- [14] Baheti B, Innani S, Gajre S, et al. Eff-UNet: a novel architecture for semantic segmentation in unstructured environment[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops, 2020: 358-359.
- (收稿日期:2024-05-31)

· 读者 · 作者 · 编者 ·

中华医学会杂志社对一稿两投问题处理的声明

为维护中华医学会系列杂志的声誉和广大读者的利益,现将中华医学会系列杂志对一稿两投和一稿两用问题的处理声明如下:

1.本声明中所涉及的文稿均指原始研究的报告或尽管 2 篇文稿在文字的表达和讨论的叙述上可能存在某些不同之处,但这些文稿的主要数据和图表是相同的。所指文稿不包括重要会议的纪要、疾病的诊断标准和防治指南、有关组织达成的共识性文件、新闻报道类文稿及在一种刊物发表过摘要或初步报道而将全文投向另一种期刊的文稿。上述各类文稿如作者要重复投稿,应向有关期刊编辑部做出说明。

2.如 1 篇文稿已以全文方式在某刊物发表,除非文种不同,否则不可再将该文投寄给他刊。

3.请作者所在单位在来稿介绍信中注明该文稿有无一稿两投问题。

4.凡来稿在接到编辑部回执后满 3 个月未接到退稿,则表明稿件仍在处理中,作者欲投他刊,应事先与该刊编辑部联系并申述理由。

5.编辑部认为文稿有一稿两投嫌疑时,应认真收集有关资料并仔细核实后再通知作者,同时立即进行退稿处理,在做出处理决定前请作者就此问题做出解释。期刊编辑部与作者双方意见发生分歧时,应由上级主管部门或有关权威机构进行最后仲裁。

6.一稿两用一经证实,期刊编辑部将择期在杂志中刊出其作者姓名和单位及撤销该论文的通告;对该作者作为第一作者所撰写的一切文稿,中华医学会系列杂志 2 年内将拒绝其发表;并就此事件向作者所在单位和该领域内的其他科技期刊进行通报。

中华医学会杂志社