

李雅婧, 陈璐, 杨旭恺, 等. 基于端到端模型的淋巴结转移分类研究[J]. 智能计算机与应用, 2026, 16(2): 147-154. DOI: 10.20169/j. issn. 2095-2163. 25010601

基于端到端模型的淋巴结转移分类研究

李雅婧, 陈璐, 杨旭恺, 王凯祎, 杨春林

(兰州财经大学 信息工程与人工智能学院, 兰州 730020)

摘要: 在非小细胞肺癌中, 淋巴结的转移是一个关键的疾病进展标志, 并对患者的预后有着显著影响。因此, 对于早期非小细胞肺癌患者来说, 准确识别淋巴结转移对于制定治疗计划至关重要。本研究开发了一个名为 ASCLS 的诊断模型, 该模型结合了 PET/CT 影像和临床文本信息, 旨在提升非小细胞肺癌转移诊断的精确度。ASCLS 模型利用深度学习框架从 PET/CT 影像中提取特征, 并应用表格 Transformer 技术来处理患者的临床文本数据, 从而学习不同数据模态间的相关性, 为转移性诊断提供更全面的依据。研究的实验结果表明, ASCLS 模型在诊断的准确性、敏感性和特异性方面均表现出色, 其 AUC 值高达 0.83。这项研究不仅证明了多模态数据在癌症诊断中的有效性, 而且为非小细胞肺癌的精准治疗提供了新的方法论支持。

关键词: 非小细胞肺癌; PET/CT; 多模态融合; 淋巴结转移; 癌症诊断

中图分类号: TP391; R734.2; R445.3

文献标志码: A

文章编号: 2095-2163(2026)02-0147-08

Research on lymph node metastasis classification based on end-to-end model

LI Yajing, CHEN Lu, YANG Xukai, WANG Kaiyi, YANG Chunlin

(School of Information Engineering and Artificial Intelligence, Lanzhou University of Finance and Economics, Lanzhou 730020, China)

Abstract: In Non-Small Cell Lung Cancer (NSCLC), lymph node metastasis is a critical marker of disease progression and significantly impacts patient prognosis. Therefore, for early-stage NSCLC patients, accurately identifying lymph node metastasis is crucial for treatment planning. This research develops a diagnostic model called ASCLS, which combines PET/CT imaging and clinical text information to enhance the precision of NSCLC metastasis diagnosis. The ASCLS model uses a deep learning framework to extract features from PET/CT images and applies table Transformer technology to process patients' clinical text data, thereby learning the correlations between different data modalities to provide a more comprehensive basis for metastatic diagnosis. The experimental results of the study show that the ASCLS model performs excellently in terms of diagnostic accuracy, sensitivity, and specificity, with an AUC value as high as 0.83. This research not only proves the effectiveness of multi modal data in cancer diagnosis, but also provides new methodological support for the precision treatment of Non-Small Cell lung Cancer.

Key words: Non-Small Cell Lung Cancer; PET/CT; multi modal fusion; lymph node metastasis; cancer diagnosis

0 引言

肺癌是导致死亡的主要癌症之一, 2020 年全球因肺癌相关死亡的患者约为 180 万例^[1]。在这些病例中, 大约 85% 的患者被诊断为非小细胞肺癌 (NSCLC^[2])。而淋巴结转移是 NSCLC 患者主要转移途径, 并与患者近远期预后关系密切^[1]。因此, 判断是否存在淋巴结转移对早期肺癌患者制定治疗方案尤为重要^[3]。在临床诊断和治疗中, 常使用增强 CT 或 PET-CT 以评估淋巴结状态^[4]。以 18 F-

氟代脱氧葡萄糖正电子发射断层扫描/计算机断层扫描为核心的核医学分子功能成像技术, 在医疗领域得到了广泛的应用^[5]。随着深度学习技术的发展, 基于医学影像的深度学习模型在非小细胞肺癌的诊断和治疗中展现出巨大潜力。

近年来, 影像组学在肿瘤方面的应用迅速发展。该方法最初由 Lambin 等学者于 2012 年提出^[6], 通过高通量技术从医学影像中提取出大量肉眼难以识别的定量影像特征, 这些特征涵盖了肿瘤代谢、形态、纹理等多方面的定量影像信息^[6-7]。Hou 等学

作者简介: 李雅婧(2000—), 女, 硕士研究生, 主要研究方向: 医学影像计算机辅助诊断。

通信作者: 杨春林(1966—), 男, 教授, 硕士生导师, 主要研究方向: 计算机应用, 电子商务和软件工程。Email: 2905208182@qq.com。

收稿日期: 2025-01-06

者^[8]提出了一种通过融合成像数据和遗传数据来预测非小细胞肺癌淋巴结转移的方法。首先,将CT3D图像映射到2D平面,对重要基因信息进行过滤,然后将图像和基因信息作为输入,最终输出为淋巴结转移概率值。Zhong等学者^[9]开发了一种深度学习模型用于I期NSCLC的N2淋巴结转移预测和预后分层的研究,该研究中深度学习特征能够准确预测临床I期非小细胞肺癌N2疾病并分层预后。此后,Zhong等学者^[10]又开发了一种基于正电子发射断层扫描/计算机断层扫描的深度学习特征,以预测临床N0期非小细胞肺癌的隐匿性淋巴结转移。

既往研究表明,18氟-脱氧葡萄糖(18F-Fluoro Deoxy Glucose, 18F-FDG)正电子发射计算机断层显像(Positron Emission Tomography, PET)/计算机断层扫描(Computed Tomography, CT)影像组学在肺癌的鉴别诊断、基因预测、疗效及预后评估等方面均具有较高的临床应用价值^[10]。借助深度学习方法能够有效地处理大量的、多维度的影像组学数据,通过降维或特征选择等技术来减少冗余信息,并筛选出与肿瘤密切相关的特征^[11-14],识别出与淋巴结转移相关的特征,从而辅助临床医生进行更准确的诊断。

在非小细胞肺癌淋巴结转移的研究中,深度学习技术的应用也在不断进展。例如,通过深度学习模型预测淋巴结转移,以及基于CT图像的放射基因组系统,CT是目前肺癌诊断、分期、疗效评价和随诊的主要影像学检查手段^[15]。用于非侵入性识别多个可操作的突变和PD-L1表达。这些技术的发展为非小细胞肺癌的精准治疗提供了新的工具。

因此,深度学习技术在非小细胞肺癌淋巴结转移的诊断和治疗中扮演着越来越重要的角色,其在

提高诊断准确性、预测治疗效果以及指导个体化治疗方面的应用前景广阔。随着技术的不断进步和临床数据的积累,基于深度学习的非小细胞肺癌淋巴结转移诊断模型有望在未来的临床实践中发挥更大的作用。本研究提出了一种名为ASCLS并融合PET/CT影像和临床文本信息的诊断模型,用于提高非小细胞肺癌转移的诊断准确性。该模型展示了多模态数据在癌症诊断中的潜力,为非小细胞肺癌的精准医学诊疗提供了新的方法支持。

1 实验方法

1.1 方法框架

ASCLS模型是一个自适应模型,用于肿瘤分割和淋巴结转移预测。图1展示了ASCLS模型的体系架构。阶段1的肿瘤分割训练了一个自适应融合(AS-fusion)编码器和自适应聚焦(AS-focus)解码器^[16]。

其中,AS-fusion编码器使用基于数据驱动的融合策略从PET/CT图像中提取特征^[16]。AS-focus解码器采用注意力门控模块(Gate Attention Modules)来自适应地聚焦于与任务相关的目标区域^[16]。将阶段1分割出的肿瘤掩码分别与原PET/CT图像输入到阶段2。阶段2是通过AS编码器输出最终的淋巴结转移分类结果。编码器包括2个特定用于PET和CT图像的特征学习分支,并包括混合同并行交叉注意(PHCA)块,通过并行卷积层和交叉注意变压器有效地融合多模态特征。ASCLS模型通过自监督学习策略进行训练,其中首先进行肿瘤分割的预训练,然后进行淋巴结转移预测。

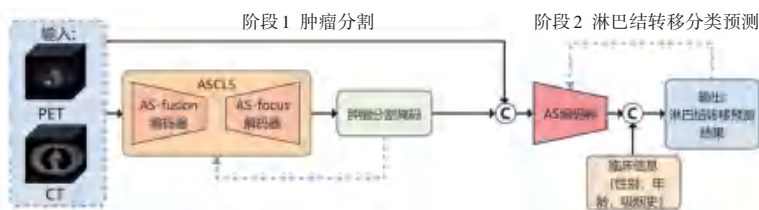


图1 ASCLS体系架构

Fig. 1 System architecture of ASCLS

1.2 AS-fusion 编码器与 AS-focus 解码器

AS-fusion 编码器包括3个用于特征提取和融合的分支。图2中,2个分支从PET和CT图像中分别提取特征,而另一个融合分支首先从连接后的PET/CT图像中提取特征,然后使用融合门控模块将PET和CT的特征进行融合^[16]。每个分支包含

连续的残差块,并在相邻的残差块之间应用最大池化层以降低特征图分辨率^[16]。 F_i 表示PET和CT每一层的融合特征。AS-focus解码器整合了来自AS-fusion编码器的特征,并通过注意力门控模块逐步筛选出与任务相关的特征。具体来说,AS-focus解码器包含1个分支解码器(见图3),用于肿瘤分

割。解码器与编码器分支的 PET/CT 对称, 也由连续的残差块组成。其中, F_i 表示由阶段 1 通过门控融合模块得到的每一层的特征, 将每一层特征通过跳跃连接输入到 AS-focus 解码器当中^[16]。在解码器中, 在每个残差块之前嵌入了个注意力门控模块 (AG), 用于过滤通过跳跃连接传播的特征。借助从前一个残差块中提取的上下文信息, 注意力门控模块可以在空间上抑制无关区域并突出任务相关区域。来自注意力门控模块的特征与从前一个残差块中获得的上采样特征进行拼接, 然后输入下一个残差块以进一步筛选特征。

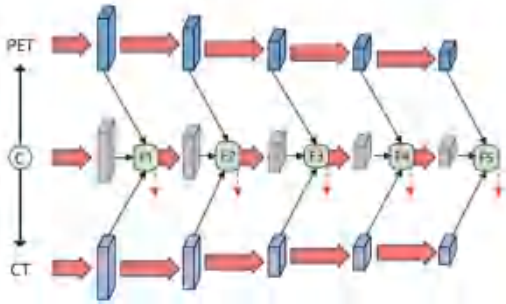


图 2 AS-fusion 编码器
Fig. 2 AS-fusion encoder

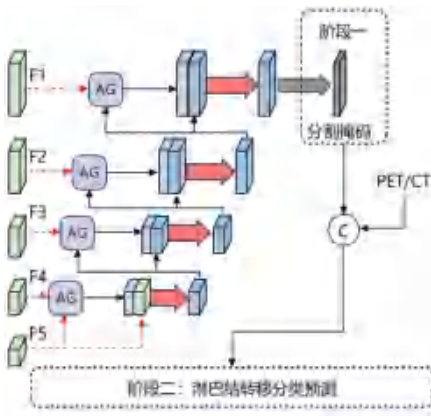


图 3 AS-focus 解码器
Fig. 3 AS-focus decoder

为了实现数据驱动融合策略, 设计了一个融合门控模块 (见图 4) 来控制如何进行特征融合。对于融合门模块 pet 和 ct 的特征首先通过 $3 \times 3 \times 3$ 卷积层融合为 [pet, ct] 的联合特征。[pet, ct] 联合特征与上一层融合后的特征通过 2 个 $1 \times 1 \times 1$ 和 Softmax 层连接并映射到 2 个自适应权重, 分别与 [pet, ct] 特征和上一层的融合特征相乘得到最终的融合特征 F_i 。该融合特征会被送入下一个残差块进行后续融合, 同时通过跳跃连接传播到 AS-focus 解码器。AS 编码器能够在训练过程中自适应地优化其融合策略。所有的融合门控模块都起到门控作

用, 用于控制信息的融合方式, 其中可以根据需要灵活地采用早期融合、中间融合或晚期融合^[16]。

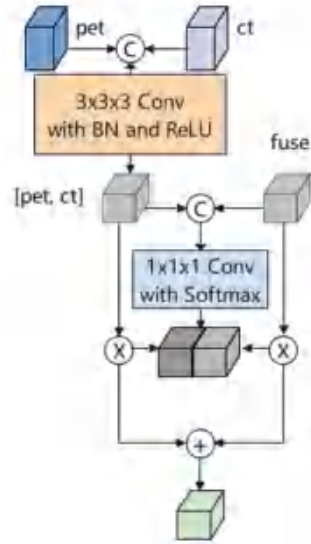
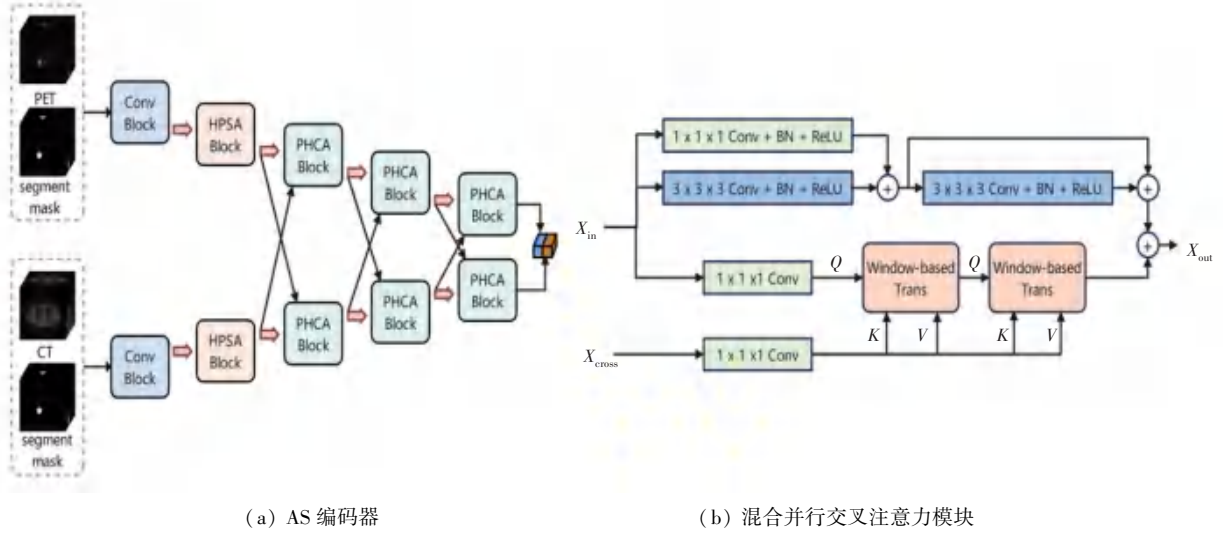


图 4 门控融合模块
Fig. 4 Gate fusion module

1.3 AS 编码器

在阶段 2 当中, 使用 AS 编码器进行淋巴结转移预测。图 5 (a) 中每个编码器分支包含卷积块 (Conv)、混合同行自注意力 (Hybrid Parallel Self-Attention, HPSA) 块和混合同行卷积与交叉注意力 (Parallel Hybrid Convolution and Attention, PHCA) 块^[17]。在块之间应用最大池化, 并通过跳跃连接将池化前的特征传递到解码器。PHCA 块并行执行卷积和交叉注意力操作。此外, 卷积块 (Conv) 执行与 PHCA 块相同的卷积操作, 但不包含交叉注意力操作; HPSA 块与 PHCA 块的整体架构相同, 但在输入内部执行自注意力。采用卷积和 Transformer 并行操作的想法此前已在分割任务中有所探索, 研究表明并行聚合全局和局部信息有助于特征学习^[17]。图 5 (b) 中 PHCA 块执行并行卷积和交叉注意操作。简单来说, 卷积操作通过连续的卷积层和残差连接实现, 而交叉注意力操作通过 Swin Transformer 实现, 其中来自同一编码器分支的输入 x_{in} 被投影为 Q , 来自另一个编码器分支的输入 x_{cross} 被投影为 K 和 V 。在 AS 编码器之后加入临床信息 (包括性别、年龄、吸烟史), 对于临床表格数据使用 FT-Transformer^[18] 进行处理。FT 即 Feature Tokenizer 的意思, 可以将结构化数据中的离散特征和连续特征都像单词一样编码成一个向量, 从而就能像对文本数据那样应用 Transformer 对表格数据进行特征抽取。具体是对 Transformer 做了一些改动以适应表格数据。图 6 展示了 FT-Transformer 的主要结构^[18]。



(a) AS 编码器 (b) 混合并行交叉注意力模块

图 5 AS 编码器与混合并行卷积与交叉注意力模块

Fig. 5 AS Encoder and Parallel Hybrid Convolution and Attention module



图 6 FT-Transformer 结构图

Fig. 6 Structure of FT-Transformer

2 实验

2.1 实验数据

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 2008 年 4 月 7 日至 2012 年 9 月 15 日期间收集的 211 例非小细胞肺癌患者,数据集包括 PET/CT 影像、肿瘤的语义标注、CT 扫描中的肿瘤分割图(Tumor)以及 PET/CT 扫描中获得的定量值。每个患者均接受了 PET/CT 预处理,并有临床指标。本研究使用的数据集可以在 <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/NSCLC+Radiogenomics> 上免费访问和下载。

2.1.1 数据筛选

(1) 纳入标准

- ① 经过病理检测为非小细胞肺癌的患者^[14]。
- ② 有淋巴结转移的病理结果。
- ③ 图像和临床资料完整。

(2) 排除标准

- ① 发生了远处转移。
 - ② 图像或临床数据信息不完整或质量差。
- 数据筛选过程如图 7 所示。

实验中共纳入了 127 名非小细胞肺癌患者,127 名患者当中有 102 名患者发生了淋巴结转移,有 25

名患者没有发生淋巴结转移。将 127 名患者按 4 : 1 分为训练集和测试集。由于数据存在类别不平衡,对训练集的数据进行过采样,使 0 类和 1 类数据达到平衡状态。

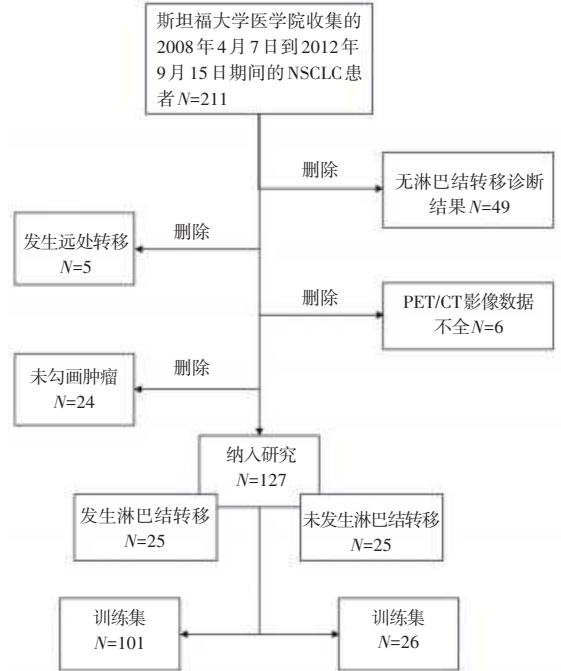


图 7 数据筛选流程

Fig. 7 Data selection process

2.1.2 数据预处理

(1) 将影像数据的 dicom 文件转为 nii 文件;计算 PET 的 SUV 值,对 PET/CT 进行配准,在空间上进行对齐。

(2) 将 PET/CT 图像重新采样为各向同性体素,其中 1 体素对应的是 1 mm³。每张图像被裁剪

为 $128 \times 128 \times 128$ 体素,肿瘤位于中心。对 PET 图像进行标准化处理,而 CT 图像调整到 $[-15, 450]$ HU,并通过最小最大值归一化进一步映射到 $[0, 1]$ 。

(3) 由于非小细胞肺癌的淋巴结转移主要发生在肺门、纵隔和锁骨上淋巴结,尤其是肺门和纵隔淋巴结。所以使用公开的器官分割开源工具

TotalSegmentator 分割出脑和脾两个器官,取出 2 个器官中间对应的切片生成 3D 的 PET/CT 以及 Tumor 图像。

2.2 实验环境与参数

本实验的环境以及 ASCLS 模型超参数设置见表 1。

表 1 实验环境与参数设置

Table 1 Experimental environment and parameter settings

实验环境	相关配置	实验环境	相关配置
操作系统	Ubuntu 22.04.5 LTS	深度学习框架	Pytorch2.3.0
CPU	Intel i9-14900KF	批量大小	4
GPU	NVIDIA GeForce RTX 4090	权重衰减	0.000 1
内存	128 GB	学习率	0.000 1
编程语言	Python 3.10	Epoch	200

在训练过程中实时应用随机翻转、高斯噪声、随机仿射和随机放缩等数据增强方式,以最小化过拟合,包括随机仿射变换和随机裁剪到 $128 \times 128 \times 128$ 体素。并在训练迭代 200 次后进行验证,同时保留了获得最高验证结果的模型。

2.3 损失函数

根据现有的两阶段以及端到端模型,ASCLS 模型对阶段 1 的肿瘤分割和阶段 2 的淋巴结转移预测使用联合损失,计算公式为:

$$L = L_{\text{seg}} + L_{\text{cls}} \quad (1)$$

阶段 1 肿瘤分割损失是一种用于二分类任务的 BCE 损失函数,定义公式为:

$$L_{\text{seg}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \cdot \log(p_i) + (1 - y_i) \cdot \log(1 - p_i)] \quad (2)$$

其中, N 表示样本数; y_i 表示真实标签,取值为 0 或 1; p_i 表示模型预测的概率值,范围在 $[0, 1]$; \log 表示自然对数。

阶段 1 肿瘤分割损失主要用于衡量预测值与真实标签之间的差异,在深度学习中广泛应用于二分类问题,如图像分类、文本分类以及语义分割的单类掩码预测中。

阶段 2 淋巴结转移预测使用的是 BCEWithLogitsLoss,结合了 Sigmoid 激活函数和二元交叉熵损失(Binary Cross Entropy Loss),常用于二分类问题。BCEWithLogitsLoss 的定义公式为:

$$L_{\text{cls}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \cdot \log(\sigma(x_i)) + (1 - y_i) \cdot \log(1 - \sigma(x_i))] \quad (3)$$

其中, $\sigma(x)$ 表示 Sigmoid 函数; y_i 表示真实的标签,取值为 0 或 1; x 表示模型的 logits 输出。

BCEWithLogitsLoss 在内部实现了 Sigmoid 函数和二元交叉熵的计算,因此不需要额外的激活步骤。

2.4 评价指标

在分类任务中,评估模型性能的指标有很多种,主要根据任务类型和目标来选择合适的指标。本文使用准确率(Accuracy)、AUC 值、精确率(Precision)、召回率(Recall)、特异性(Specificity)、F1 得分作为评价指标。各指标的定义公式具体如下:

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

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

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

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

$$\text{F1_score} = \frac{2 \times \text{Recall} \times \text{Precision}}{\text{Recall} + \text{Precision}} \quad (8)$$

其中,TP (True Positive) 表示预测为正类且实际为正类的样本数量;FP (False Positive) 表示预测为正类但实际为负类的样本数量;TN (True Negative) 表示预测为负类且实际为负类的样本数量;FN (False Negative) 表示预测为负类但实际为正类的样本数量。

3 实验结果及分析

3.1 对比实验

在本文提出的 ASCLS 模型中,淋巴结转移分类

预测性能的评估指标使用准确率 (Accuracy), AUC 值, 精确率 (Precision), 召回率 (Recall), 特异性 (Specificity) 和 $F1$ 得分。

为了评估该模型的性能, 将 ASCLS 模型与 4 种经典的方法进行了比较, 结果见表 2。为了确保比

较的公平性, 所有方法均使用相同的预处理图像和临床指标作为输入。每项评价指标对应的最佳结果采用加粗字体表示, 而下划线字体表示的是仅次于本研究所使用方法的最佳结果。

表 2 在不同方法上对淋巴结转移预测结果进行比较

Table 2 Comparison of lymph node metastasis prediction results using different methods

方法	AUC	准确率	精确率	召回率	特异性	$F1$ 得分
Radiologist	-	0.62	0.27	<u>0.60</u>	0.62	0.37
3D-U-Net ^[19]	<u>0.71</u>	<u>0.77</u>	0.43	<u>0.60</u>	0.81	<u>0.50</u>
ViT ^[20]	0.64	0.54	0.27	0.80	0.48	0.40
ResNet50 ^[21]	0.55	<u>0.77</u>	0.33	0.20	<u>0.90</u>	0.25
DenseNet121 ^[22]	0.60	0.85	1.00	0.20	1.00	0.33
ASCLS(本文)	0.83	0.85	<u>0.57</u>	0.80	0.86	0.67

3.2 消融实验

此外, 本研究进行了项消融实验(无阶段 1, 不结合临床信息, 仅使用 PET 或 CT 的单模态图像)以观察不同模块的组成对模型总体效果的影响, 比

较结果见表 3。每项评价指标对应的最佳结果采用加粗字体表示, 而下划线字体表示的是仅次于本研究所使用方法的最佳结果。

表 3 对比不同的组成部分对淋巴结转移预测结果的影响

Table 3 Comparing the impact of different components on lymph node metastasis prediction results

阶段 1	PET	CT	临床	AUC	准确率	精确率	召回率	特异性	$F1$ 得分
-	√	√	√	<u>0.65</u>	<u>0.81</u>	0.50	<u>0.40</u>	0.90	<u>0.44</u>
√	√	√	-	0.60	0.85	1.00	0.20	1.00	0.33
√	√	-	√	0.60	0.73	0.33	<u>0.40</u>	0.81	0.36
√	-	√	√	0.58	<u>0.81</u>	0.50	0.20	<u>0.95</u>	0.20
√	√	√	√	0.83	0.85	<u>0.57</u>	0.80	0.86	0.67

为评估模型在非小细胞肺癌淋巴结转移预测任务中的性能, 使用混淆矩阵对二分类结果进行了详细分析, 具体结果如图 8 所示。ASCLS 模型在非小细胞肺癌淋巴结转移预测中取得了较为优异的效果, 尤其是在非转移病例的识别方面表现优异, 但在转移病例的检测方面仍有进一步优化的空间。

为了直观展示了模型的诊断能力, 使用热力图对模型的性能进行可视化。图 9 展示了不同病人的 PET 切片图(图 9(a)左、图 9(b)左)及对应的模型生成的热力图(图 9(a)右、图 9(b)右)。从图 9 中可以观察到, 红色和黄色区域表示高代谢活性区域, 与 PET 图像中的高亮区域高度重合。这一结果表明, 所提出的 ASCLS 模型能够准确捕捉非小细胞肺癌淋巴结转移的特征区域。热力图的可视化不仅验证了模型的准确性, 还增强了结果的可解释性, 有助于临床医生快速定位病灶区域, 辅助诊断与决策。

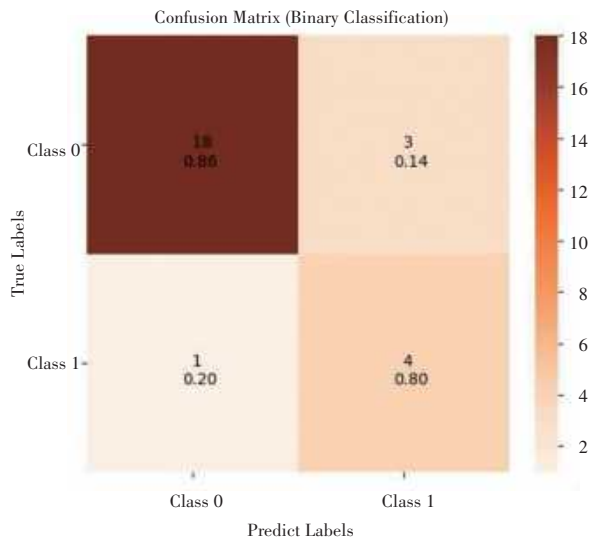


图 8 混淆矩阵可视化结果 (Binary Classification)

Fig. 8 Confusion matrix visualization results (Binary Classification)

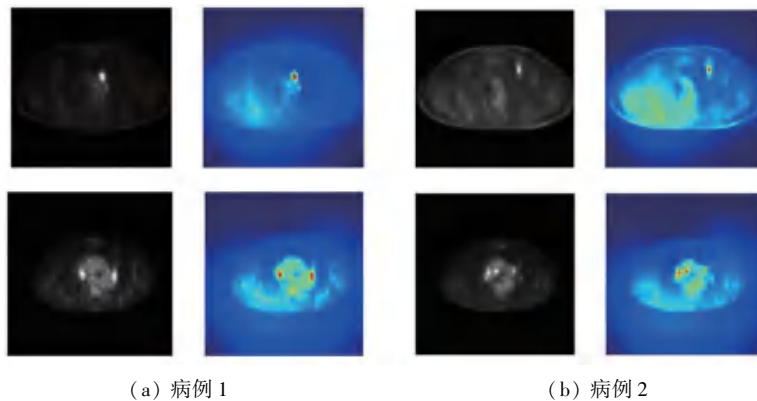


图9 不同病人的 PET 切片对应的热力图

Fig. 9 Heatmaps corresponding to PET slices of different patients

4 结束语

近年来,研究者们不断探索可用于识别淋巴结转移的影像学技术,如腹腔镜下前哨淋巴结显影技术^[23],以提高影像学技术对淋巴结转移的识别准确度,但多为有创性^[4]。本研究提出了一种自适应多模态分割到淋巴结转移预测模型(ASCLS),用于PET/CT图像的淋巴结转移预测。ASCLS模型引入了一种用于模型训练的分割到分类学习(SSL)策略和一种数据驱动的多模态图像信息融合策略,其优于现有的单任务学习策略和多任务学习策略以及现有的经验设计的融合策略。此外,AS编码器利用合并学习框架、混合并行交叉注意(HPCA),从多模态图像中学习互补信息用于NSCLC淋巴结转移预测。通过SSL和数据驱动的融合策略,ASCLS模型能够在训练过程中优化其焦点区域和融合策略的适应性,从而使其能够在淋巴结转移预测和肿瘤分割方面实现一致的改进。NSCLC淋巴结转移的预测对于个性化治疗计划至关重要,不仅影响疾病的分期、治疗策略的选择,还显著影响患者的生存率和预后。ASCLS模型在非小细胞肺癌淋巴结转移预测中取得了较为优异的效果,尤其是在非转移病例的识别方面表现优异,但在转移病例的检测方面仍有进一步优化的空间。

参考文献

[1] SUNG H, FERLAY J, SIEGEL R L, et al. Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries[J]. CA: A Cancer Journal for Clinicians, 2021, 71(3):209-249.

[2] 中华医学会肿瘤学分会, 中华医学会杂志社. 中华医学会肿瘤学分会肺癌临床诊疗指南(2021版)[EB/OL]. (2021-06-23). <https://10.3760/cma.j.cn112152-20210207-00118>.

[3] 余小静, 李长鸿, 王丽丽, 等. CT影像学特征和PET代谢参数

对临床N0期实性肺腺癌隐性淋巴结转移的预测价值[J]. 江苏医药, 2024, 50(11):1151-1154.

[4] 袁晓瑞, 谭延林, 符淳. 上皮性卵巢癌患者淋巴结转移预测模型的构建:基于18F-氟代脱氧葡萄糖正电子发射计算机断层摄影-CT影像组学技术[J]. 中国全科医学, 2025, 28(12):1465-1472.

[5] 刘佳璠, 付伟, 王健庄, 等. 基于PET/CT代谢参数的NSCLC纵隔淋巴结转移预测模型构建[J]. 安徽医学, 2024, 45(11):1403-1407.

[6] MAYERHOEFER M E, MATERKA A, LANGS G, et al. Introduction to radiomics [J]. Journal of Nuclear Medicine, 2020, 61:488-495.

[7] GILLIES R J, KINAHAN P E, HRICAK H. Radiomics: Images are more than pictures, they are data [J]. Radiology, 2016, 278:563-577.

[8] HOU Guojie, JIA Liye, ZHANG Yanan, et al. Deep learning approach for predicting lymph node metastasis in non-small cell lung cancer by fusing image - gene data [J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2023, 122: 106140.

[9] ZHONG Yifan, SHE Yunlang, DENG Jiajun, et al. Deep learning for prediction of N2 metastasis and survival for clinical stage I non-small cell lung cancer [J]. Radiology, 2022, 302: 200-211.

[10] ZHONG Yifan, CAI Chuang, CHEN Tao, et al. PET / CT based cross - modal deep learning signature to predict occult nodal metastasis in lung cancer [J]. Nature Communications, 2023, 14: 7513.

[11] LIU Qiufang, SUN Dazhen, LI Nan, et al. Predicting EGFR mutation subtypes in lung adenocarcinoma using 18F-FDG PET/CT radiomic features [J]. Translational Lung Cancer Research, 2020, 9(3):549-562.

[12] 张建媛, 赵新明, 赵妍, 等. 18F-FDG PET/CT影像组学预测非小细胞肺癌患者表皮生长因子受体基因突变亚型[J]. 中华核医学与分子影像杂志, 2023, 43(8): 480-485.

[13] 杨天红, 张胤, 李淑仪, 等. 18F-FDG PET/CT影像组学在预测肺腺癌患者EGFR突变中的价值[J]. 中华核医学与分子影像杂志, 2021, 41(2): 65-70.

[14] 于军, 李洋, 杨雪, 等. 基于18F-FDG PET/CT影像组学的机器学习模型预测非小细胞肺癌病理分化程度的价值[J]. 温州医科大学学报, 2024, 54(9):709-717.

[15] 周洁, 郑燕婷, 江舒琪, 等. 影像组学对非小细胞肺癌患者分期的机器学习预测模型研究[J]. CT理论与应用研究(中英

- 文), 2025, 34 (5):855-863 .
- [16] MENG Mingyuan, GU Bingxin, MICHAEL F, et al. Adaptive segmentation-to-survival learning for survival prediction from multi-modality medical images[J]. NPJ Precis, 2024, 8:232.
- [17] MENG Mingyuan, BI Lei, MICHAEL F et al. Merging - diverging hybrid Transformer networks for survival prediction in head and neck cancer[J]. arXiv preprint arXiv, 2307. 03427, 2023.
- [18] GORISHNIY Y, RUBACHEV I, KHRULKOV V, et al. Revisiting deep learning models for tabular data [J]. arXiv preprint arXiv, 2106. 11959, 2023.
- [19] ÇIÇEK Ö, ABDULKADIR A, LIENKAMP S S, et al. 3D UNet: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation [C]//Proceedings of the 19th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham: Springer, 2016: 424-432.
- [20] DOSOVITSKIY A, BEYER L, KOLESNIKOV A, et al. An image is worth 16×16 words: Transformers for image recognition at scale[J]. arXiv preprint arXiv, 2010.11929, 2020.
- [21] HE Kaiming, ZHANG Xiangyu, REN Shaoqing, et al. Deep residual learning for image recognition [C]// Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ: IEEE, 2016:770-778.
- [22] HUANG Gao, LIU Zhuang, MAATEN L V D, et al. Densely connected convolutional networks [C]//Proceedings of 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ: IEEE, 2016: 2261-2269.
- [23] SCAMBIA G, NERO C, UCCELLA S, et al. Sentinel - node biopsy in early stage ovarian cancer: A prospective multicentre study (SESKIYLLY) [J]. International Journal of Gynecological Cancer: Official Journal of the International Gynecological Cancer Society, 2019, 29(9):1437-1439.