



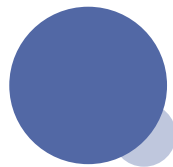
天津大学  
Tianjin University

# Report

SMART lab

汇报人: Lilian

2023/4/13



## Reference

### **3D Graph Anatomy Geometry-Integrated Network for Pancreatic Mass Segmentation, Diagnosis, and Quantitative Patient Management**

Tianyi Zhao<sup>\*1,2</sup>, Kai Cao<sup>\*3</sup>, Jiawen Yao<sup>1</sup>, Isabella Nogues<sup>4</sup>, Le Lu<sup>1</sup>, Lingyun Huang<sup>5</sup>, Jing Xiao<sup>5</sup>,  
Zhaozheng Yin<sup>2</sup>, Ling Zhang<sup>1</sup>

<sup>1</sup>PAII Inc., <sup>2</sup>Stony Brook University, <sup>3</sup>Changhai Hospital, <sup>4</sup>Harvard University, <sup>5</sup>Ping An Technology

用于胰腺肿块分割、诊断和定量病人管理的三维图形解剖学几何学集成网络

2021 CVPR



# Abstract

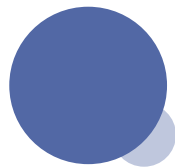
---

胰腺疾病分类学包括10种类型的肿块（肿瘤或囊肿）。以前的工作集中在只针对某些质量类型开发分割或分类方法。所有肿块类型的鉴别诊断在临床上是非常理想的，但尚未使用自动图像理解方法进行研究。我们探讨了应用多期CT影像鉴别胰腺导管腺癌(PDAC)和其他9个非PDAC肿块的可行性。

**本文提出了一个完整的分割-网格分类网络(SMCN)，充分利用几何和位置信息，将解剖结构和语义分割检测网络相结合，提供患者级别的诊断，用于胰腺肿块分割、诊断和定量患者管理。**

SMCNN学习胰腺和肿块分割任务，并通过在原始分割掩模上逐步变形胰腺原型（即掩模到网格）来构建解剖学对应感知器网格模型。提出了一种新的基于图的残差卷积网络（GraphresNet），该网络的节点融合了网格模型和从分割网络中提取的特征向量的信息，产生了患者级的差分分类结果。

对661例患者的CT扫描（每个患者5个阶段）的广泛实验表明，SMCN与强基线方法NNUNET相比，可以提高肿块分割和检测的准确性（例如，对于非PDAC, DICE: 0.611 vs.0.478; 检出率: 89%vs.70%），在区分PDAC和非PDAC方面达到与专家放射科医生相似的敏感性和特异性（即94%和90%），并获得与结合临床、影像和分子测试用于患者临床管理的多模态测试[20]相当的结果。



# Introduction

胰腺癌是美国癌症相关死亡的第三大原因\是所有实体恶性肿瘤中预后最差的，5年生存率约10%[7,2]。早期诊断是至关重要的，因为它有可能将五年生存率提高到大约50%。胰腺疾病患者的临床治疗是基于肿块成为浸润性癌症的潜力。与其他器官的肿块不同，由于胰腺位于腹部深处，周围器官和血管网络复杂，胰腺肿块往往不能通过针穿刺活检准确到达。因此，可靠的影像学诊断对于及时识别真正需要癌症治疗（如手术）的患者至关重要，同时避免不必要的医源性发病率。开发深度学习方法来检测肿块、识别肿瘤、提供诊断和预测癌症预后有可能彻底改变胰腺癌成像

多期计算机断层扫描(CT)是诊断胰腺疾病的一线影像学手段。胰腺肿块的鉴别诊断具有挑战性，原因有几个。

- (1) 同一类型的肿块可在不同的CT分期表现出不同的纹理、形态、对比及不同的增强模式。
- (2) 胰腺癌专科医院病例以胰腺导管腺癌(PDAC)居多，造成长尾问题。
- (3) 肿块有时被发炎的组织包围，因此不易辨认。

# Introduction

数据库中的胰腺疾病包括10种类型的肿块(图1)：PDAC,壶腹癌(AC),胆管癌(DC),胰腺神经内分泌肿瘤(PNET),罕见肿瘤(RARE),实性假乳头状肿瘤(SPT),慢性胰腺炎(CP),导管内乳头状粘液性肿瘤(IPMN),粘液性囊性肿瘤(MCN)和浆液性囊性肿瘤(SCN)。为此，我们开发3D Graph Anatomy Geometry-Integrated Network来自动分割、检测和执行基础疾病的鉴别诊断。

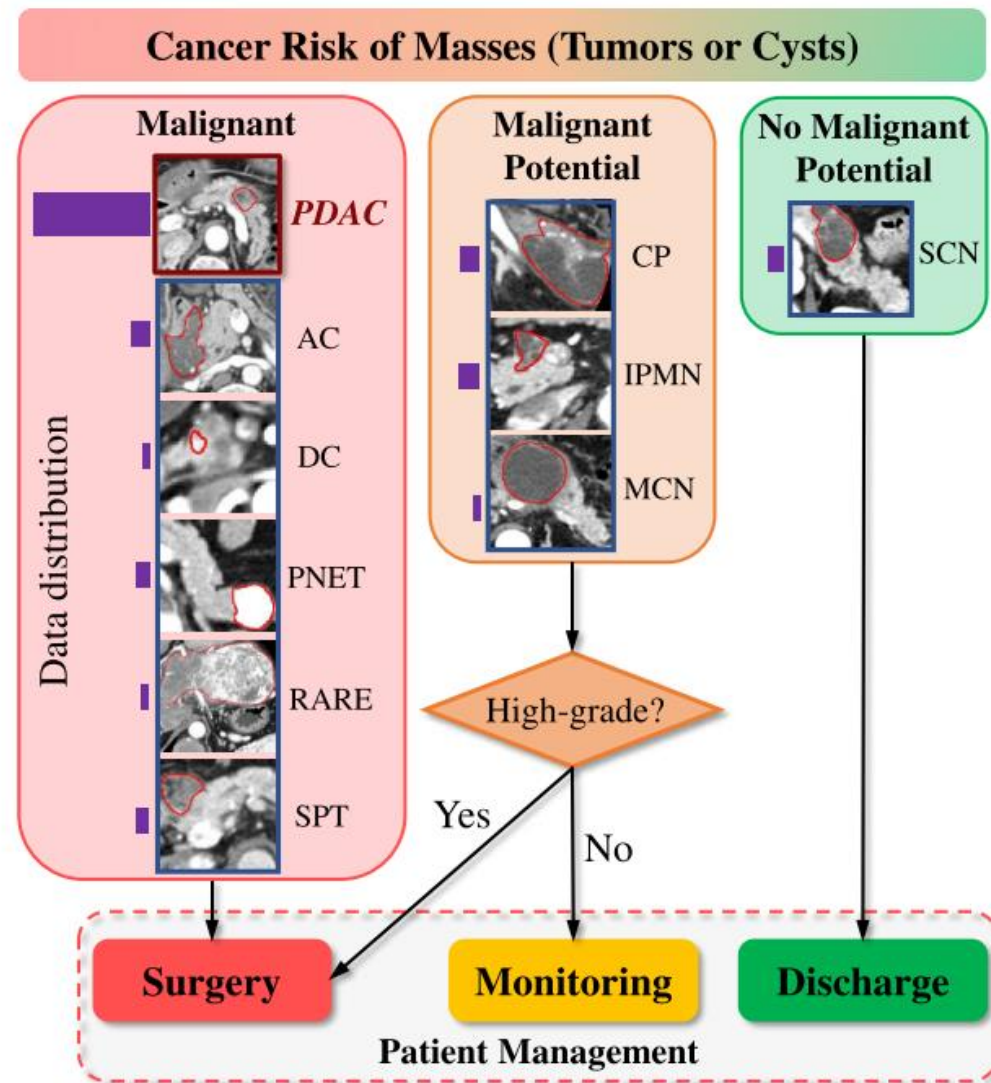


Figure 1. Disease taxonomy of the ten types of pancreatic masses (tumors, cysts). Mass type diagnosis determines the clinical malignancy indications that lead to the proper patient risk stratification and management. The purple histogram bars represent their relative frequencies. All images are in the arterial-late CT phase.



# Introduction

---

## 本文内容

- (1) 提出了一种基于分割的检测网络，可以同时分割和识别胰腺疾病区域。该分割网络以多相CT扫描为输入，输出胰腺（作为研究对象）和肿块的分割掩模。还开发了一种弱监督的分割方法，用于仅具有非PDAC标签的所有像素级PDAC注释的情况。
- (2) 使用mask到网格（mesh）算法从胰腺分割输出中构建了一个三维对应感知网格。胰腺的几何形状以及检测到的肿块的位置、形状和分布都可以被网格模型捕获/编码。我们提出了一种基于网格的特征汇集方法，从分割网络中提取特征并保留解剖结构（网格的每个顶点都有其解剖学意义）。基于一个固定的顶点索引列表，胰腺可以自动分成四个主要部分：头部、腹部、背部和尾部。
- (3) 一种几何集成的图分类网络利用基于三维解剖学对应感知网格的深度特征汇集来预测胰腺肿块类型。该网络由基于图形的残差卷积块和基于解剖学的图形汇集层组成。所有网络都可以通过梯度优化的端到端训练基于组合分割损失、网格顶点分类损失和全局图分类损失的损失函数。



# Introduction

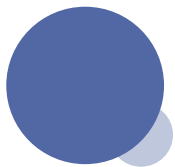
---

## 该论文的主要贡献有三个方面：

(1) 提出了一种多相CT成像分析方法，用于全谱胰腺肿块/疾病诊断的分类，这是目前为止的首次尝试。

(2) 首次将3D几何感知网格模型集成到胰腺肿块（肿瘤或囊肿）成像分析中，明确捕获解剖学-肿块一体化几何和纹理线索。

(3) 在661名患者（每名患者进行五相CT扫描）上进行了广泛的模型评估。与强基线方法nnUNet相比，我们实现了新的PDAC分割准确性最高（Dice系数：0.738），非PDAC分割（Dice系数：0.611 vs. 0.478）和检测准确性（检测率：89% vs. 70%）也有显著提高。我们的成像自动化方法在区分PDAC与非PDAC方面展现了与专家放射科医师和一种最先进的基于机器学习的临床患者管理系统（即手术、监测、出院）使用多模态测试相当的性能水平。



## Related Work

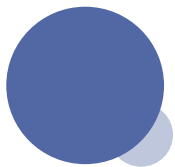
---

### *Deep Mesh Learning.*

深度三维重建(Deep 3D reconstruction)在计算机视觉和图形学领域得到了广泛的研究[1,12,22,25], 并提出了从医学图像中学习器官三维形状的各种方法[17,29,26]。网格学习方法的关键组成部分是图卷积神经网络(GCN)[15], 通常用于图结构化数据处理。受Pixel2Mesh算法[22]的启发, [29]提出了一种肝脏网格建模方法, 该方法同时生成网格模型和分割掩模, 提高了几何精度和分割精度。Voxel2Mesh[26]通过一种新的网格去池操作直接从3D图像体积中学习肝脏的网格, 以更好地重建网格。

然而, 这些方法都是专门为器官分割而设计的, 它们的分割和网格结果如何用于诊断尚不清楚。





## Related Work

---

### *Pancreatic Image Analysis.*

当可以手工分割肿块时，放射组学方案通常用于疾病类型的分类[3,6,4]。然而，对手工注释口罩的严重依赖会使放射学模型的重复性和可扩展性降低。为了实现自动化，研究人员使用分段检测网络[35, 36, 27, 33]和U-NET作为共同的骨干网[18]。

NNUNET[13]（基于Vanilla UNETs的自适应框架）及其自学习版本在PDAC分割上取得了具有竞争力的准确性[19,23,32]。形状诱导的信息，例如扩张导管的管状结构，已经与PDAC分割任务一起被利用[16, 27, 23]来提高诊断。

现有的研究主要集中在PDAC[36,27,27,33,3,24]或PNET[35]上，不能完全满足常规临床对胰腺肿瘤全分类学诊断的需要。

临床上定义了一个全面的胰腺疾病分类法，以帮助管理/治疗患者[20]，其中机器学习模型建立在临床因素、成像特征和分子生物标志物的基础上。这些复杂的测量需要密集的人力成本和人工干预，并降低了泛化和重复性。

# Methods

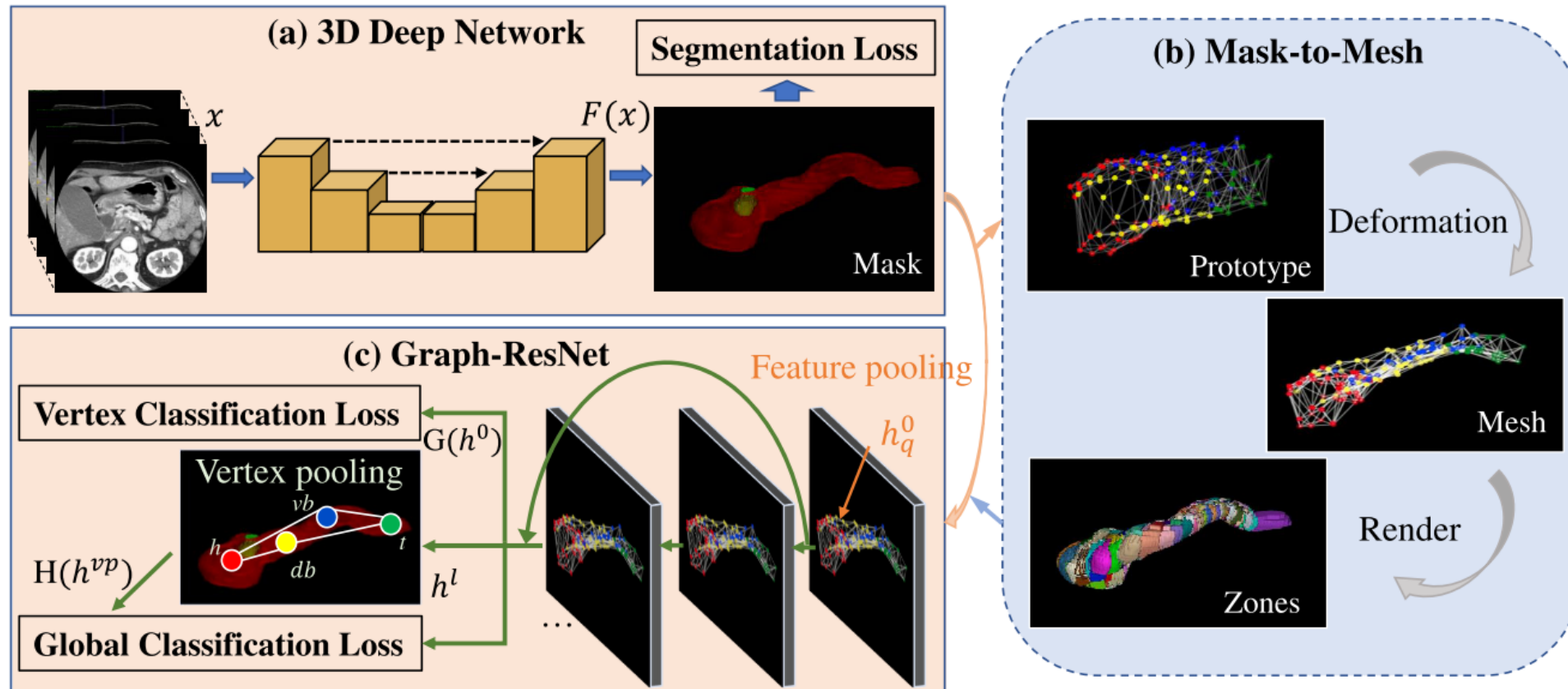
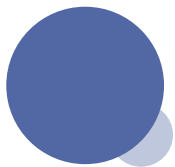


Figure 2. Flowchart of our proposed Segmentation-Mesh-Classification Network (SMCN). SMCN has three components: the pancreas-mass segmentation network, the mask-to-mesh 3D anatomy modeling, and the global mass classification network. The mesh model is the bridge between the segmentation network and the classification network, who pools the features from the segmentation network into the vertex feature vectors in the graph classification network.



# Methods

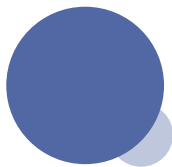
---

## 二进制掩模

在医学影像学中，二进制掩模（Binary Mask）是一种用于表示图像中特定区域的二进制图像。在二进制掩模中，像素值为 1 表示该像素属于特定区域，而像素值为 0 则表示该像素不属于该区域。

二进制掩模通常用于分割医学影像中的特定结构或病变区域。例如，在肝脏 CT 扫描中，我们可以使用二进制掩模来分割肝脏组织和肝脏病变区域。在二进制掩模中，肝脏组织区域的像素值为 1，而病变区域的像素值为 0，这样我们就可以通过对二进制掩模进行数学运算来提取肝脏组织或病变区域的特征。

二进制掩模通常是由医学影像学中的分割算法生成的，并且是许多医学影像学应用程序的基础。例如，医生可以使用二进制掩模来制定手术计划、评估病变区域的大小和形状、以及跟踪病变区域的变化。



## Methods

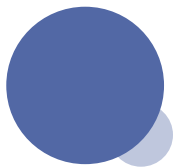
### 3.1. Anatomy-Mass Segmentation Network(解剖-肿块分割网络)

分割网络的输入 $x$ 为多期三维CT扫描，并将其串联成一个输入 $x \in \mathbb{R}^5 \times W \times H \times D$ 。输入 $y$ 是标签/注释，包括自动分割的胰腺（通过在公共胰腺数据集上训练的集成NNUNET[13]模型[19]）和放射科医生分割的PDAC和非PDAC肿块。

它由一个one-hot 编码 $y \in \mathbb{R}^K \times W \times H \times D$ 表示。标签 $K$ 的数量可能因任务而异，即PDAC与非PDAC或患者管理。我们的骨干网是NNUNET，像素级分割损失结合了交叉熵和骰子损失：

$$\begin{aligned} L_{CE} &= - \sum_{w,h,d} \sum_k y_{k,w,h,d} \log(F(x)_{k,w,h,d}), \\ L_{DC} &= -2 \sum_k \frac{\sum_{w,h,d} F(x)_{k,w,h,d} y_{k,w,h,d}}{\sum_{w,h,d} F(x)_{k,w,h,d} + \sum_{w,h,d} y_{k,w,h,d}}, \\ L_{Seg} &= L_{CE} + L_{DC}. \end{aligned} \tag{1}$$

其中， $f(x)$ 是网络的softmax输出， $f(x) \in \mathbb{R}^k \times W \times H \times D$ 。



## Methods

---

**非胰腺导管腺癌 (non-PDAC) 标签具有长尾的现象。**这意味着在这个数据集中，非PDAC标签的样本数量相对较少，而PDAC标签的样本数量相对较多。因此，我们可以仅使用PDAC掩码注释（当非PDAC掩码注释不可用时）执行PDAC与非PDAC的任务：

首先，单独在PDAC数据上训练一个分割模型，重点研究PDAC分割；

将最终的PDAC分割模型应用于非PDAC数据。大部分非PDAC肿块是实体瘤，可能被误诊为PDAC。

通过PDAC分割模型从非PDAC数据集中收集的所有原始检测作为伪非PDAC标签。

最后，使用原始PDAC和伪非PDAC标签训练一个新的分割网络。

# Methods

## 3.2. 3D Mesh-based Anatomy Representation

### *Pancreas Anatomy.* (胰腺解剖学)

首先根据training fold.中的平均胰腺形状创建一个原型网格。然后，我们在Prototype的表面放置156个均匀分布的顶点来构建一个解剖学结构。特别地，我们将它们分为胰腺的四个解剖区域，即胰头、腹体、背体和胰尾。前48个顶点属于胰头，在图3用红点表示 第49-90个顶点属于胰腺腹体，由蓝色圆点描绘。第91-135个顶点与胰腺背侧体相对应，以黄色圆点显示。最后21个顶点组成胰腺尾部，用绿点表示。

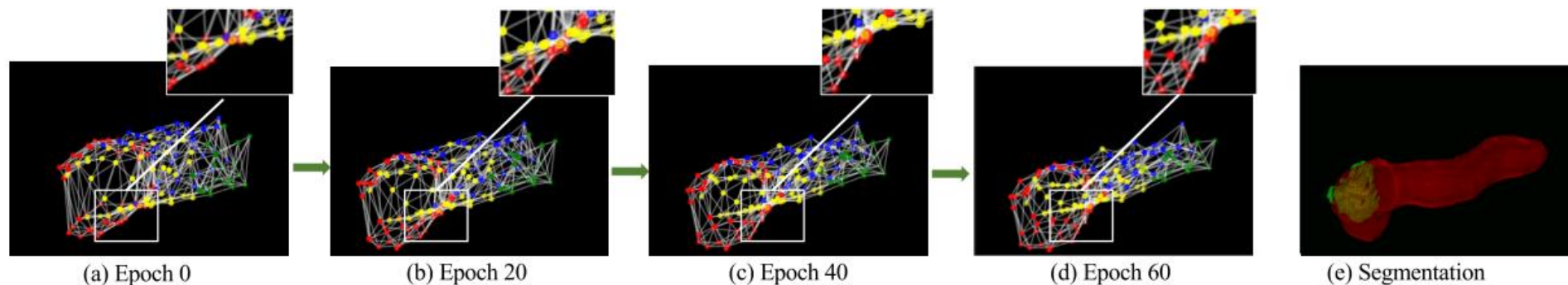


Figure 3. The 3D mesh deformation process. The mesh is initialized as the pancreas prototype (a). Given the pancreas-mass segmentation mask (e), the geometry of the mesh is deformed gradually to fit the surface of the segmentation mask, as in (b-d). Red: the head of pancreas; Blue: the ventral body of pancreas; Yellow: the dorsal body of pancreas; Green: the tail of pancreas.



## Methods

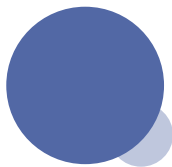
---

### *Mask-to-mesh Process.*

"Mask-to-Mesh" 是用于将医学影像学中的肿瘤分割结果（即二进制掩模）转换为三维网格模型的方法。这个过程是通过将掩模转换为三维点云数据，然后使用 Delaunay 三角剖分方法将点云转换为三角网格模型来实现的。具体来说，Mask-to-Mesh 的过程包括以下几个步骤：

- 从医学影像学中获取肿瘤的二进制掩模。
- 将掩模转换为三维点云数据，其中每个点的位置由掩模中对应像素的位置确定。
- 使用 Delaunay 三角剖分方法将点云转换为三角网格模型。
- 对生成的三角网格模型进行平滑处理，以消除三角形之间的不连续性，并提高模型的质量。

通过将掩模转换为三维网格模型，可以更方便地对肿瘤进行形态学和几何学分析，并为后续的医学图像处理和分析提供更多的信息。此外，三维网格模型还可以用于可视化和手术规划等应用。



## Methods

### *Mask-to-mesh Process.*

下一步是变形mesh以每个病人的胰腺mask为目标 (图3-(E))。 mesh的几何形状可以逐渐变形以适应segmentation mask的表面, 就像在图中一样 3(A-D), 以保留胰腺的真实解剖。 这样, 我们的mesh在变形后仍能保持其解剖学意义。 为了指导这一变形过程, 定义了一个由三项组成的损失函数: 点损失和两个边缘正则化项。 我们定义P为网格中的顶点, Q为分割掩模中曲面的体素。 点损失, 直观地衡量每个点到分割表面最近点的距离。

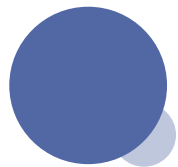
$$L_{pt} = \sum_p \min_q \|p - q\|_2^2.$$

通过点损失, 可以驱动胰腺网格来拟合segmentation mask。 然后, 为了保持网格mesh的几何形状, 我们提出了第一个边正则化项:

$$L_{e_1} = \sum_e \|e - \text{mean}(e)\|_2^2, \quad e = \|p - p'\|_2, \quad p' \in N(p)$$

其中 $n(p)$ 是 $p$ 的相邻顶点





## Methods

为了惩罚飞行顶点（即变形过程中随机更新的异常顶点，导致结构缺陷），我们提出了第二种边缘正则化损失来简单地最小化边缘长度：

$$L_{e2} = \sum_e e.$$

最后，总体损失是

$$L_{meshfit} = L_{pt} + \lambda_1 L_{e1} + \lambda_2 L_{e2} \quad (2)$$

注意网格顶点即使在变形过程之后也能保持其解剖学意义。网格拟合过程能自动解析胰腺头部、腹体、背体和尾部，并能较好地保存网格变形中的解剖信息。

# Methods

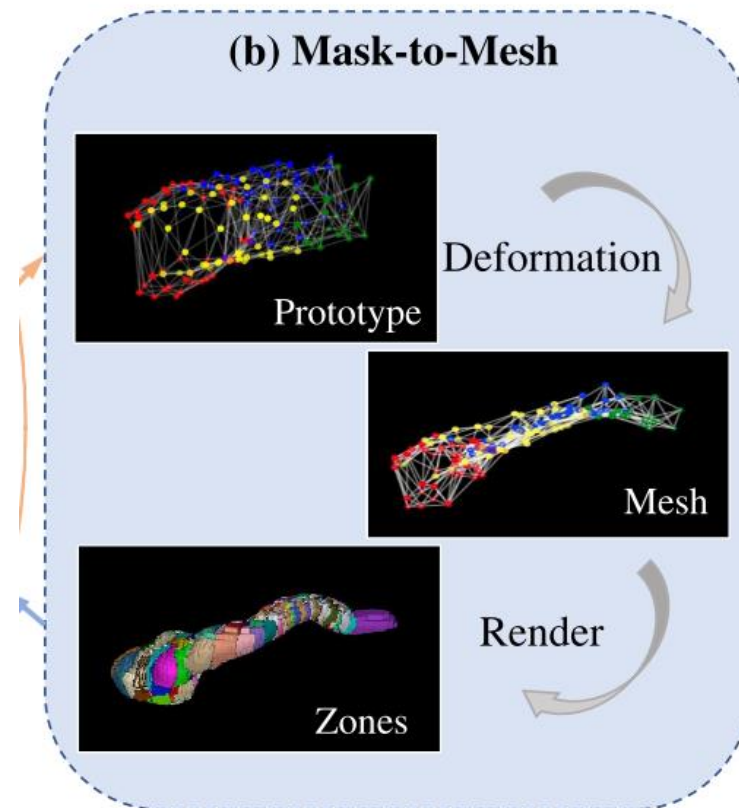
## Rendering

根据网格顶点的坐标，我们将胰腺划分为 $z(p)$ 区。分割后的胰腺体积的每个体素由其最近的顶点定义在一个区域中，如图图所示2(b)。本发明公开了一种三维体 $A \in RW, H, D$ 的绘制方法，该方法包括以下步骤：

1) 将三维体 $A \in RW, H, D$ 中的顶点按其索引标记，即在 $(w, d, d)$ 处的顶点标记为 $i, A_{w,h,d}=i$ 。所有其他体素都设置为零。

2) 3D体积 $A$ 被扩张一个体素作为 $A'$ 。在分割输出 $F(x)$ 中具有属于胰腺的 $A'$ 中的对应非零体素的 $A$ 中的每个零体素被替换为 $A'$ 中的对应体素。

3) 重复步骤2)，直到所有体素都更新完毕。



# Methods

## 3.3. Global Mass Classification Network

### Vertex Feature Pooling.

将胰腺的解剖结构以及肿瘤的纹理和几何形状编码到特征向量中。因此，特征向量可以被视为感兴趣的胰腺和肿瘤的解剖表示。我们将 $h_p^0$ 定义为附接到胰腺网格的顶点 $p$ 的初始化特征向量，如图4 (a, c) 所示。解剖特征表示包含顶点坐标  $(x_p, y_p, z_p)$ 、到其邻居的平均边缘长度 $e_p$ 、从 $p$ 到最近的肿瘤表面点的距离 $d_p$ 、以及从分割网络的预测概率图汇集的局部和全局特征向量。

$$e_p = \sum_{p' \in N(p)} e_{pp'} / |N(p)| \text{ (Fig. 4(d))}$$

$$d_p = \min_r \|p - r\|_2$$

图4。图的特征向量 $h_i$ 为第 $i$ th顶点。  $x_i, y_i, z_i$ 代表顶点的位置。  $e_i$ 是所有边长 $e_{ij}$ 的平均值（即从每个相邻顶点 $j$ 到的距离）。  $d_i$ 表示从第 $i$ th顶点到肿瘤表面的最短距离。

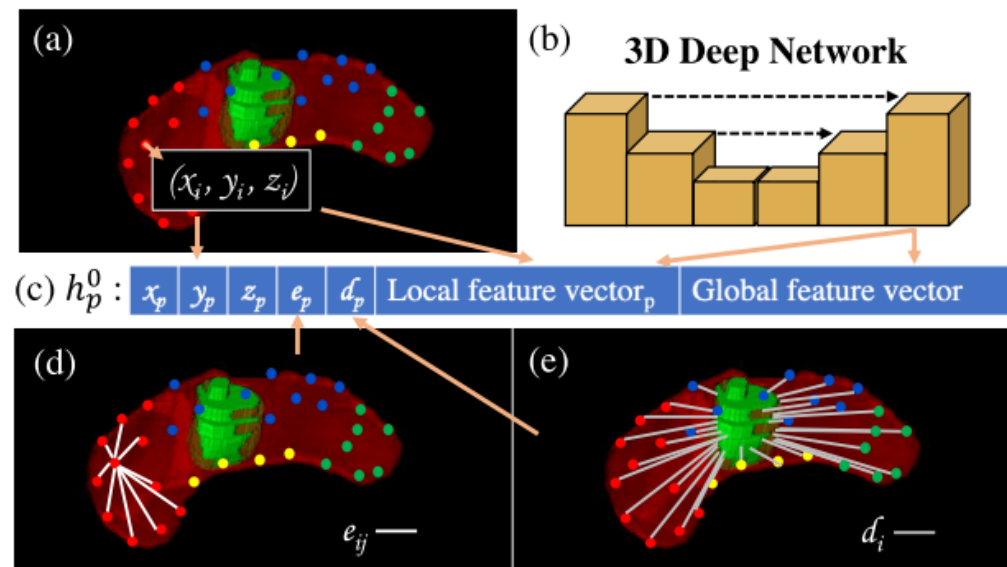
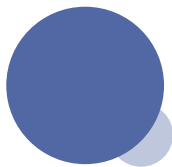
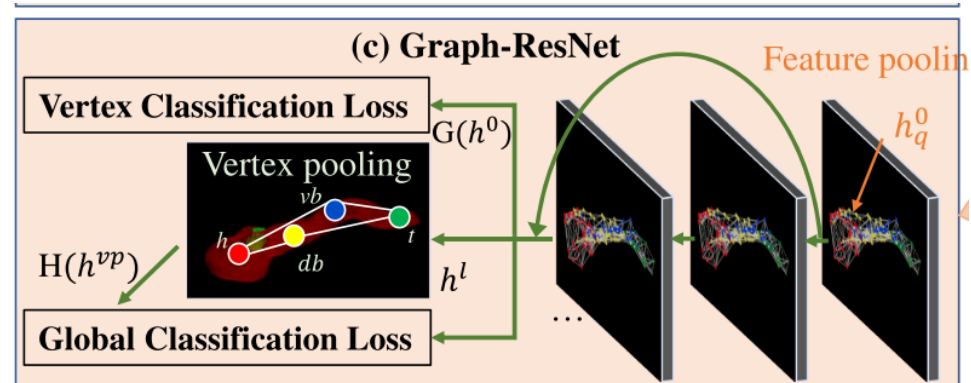


Figure 4. Illustration of the feature vector  $h_i$  for the  $i$ th vertex.  $x_i, y_i, z_i$  represents the location of the  $i$ th vertex.  $e_i$  is the average of all edge lengths  $e_{ij}$  (i.e., the distance from every neighboring vertex  $j$  of to  $i$ ).  $d_i$  denotes the shortest distance from the  $i$ th vertex to the tumor surface.



# Methods

## Graph-Resnet



在获得每个顶点的特征向量 $h_i$ 之后，我们将它们输入到基于图的残差卷积网络（Graph-ResNet）中，该网络在最近的一个深度网格学习应用中被证明是成功的[22]。我们将原图Resnet简化为一个包含六个图卷积层和每两层之间的快捷连接的较小网络，以执行三个粒度级别下的肿瘤分类任务。每个基于图的卷积层定义为：

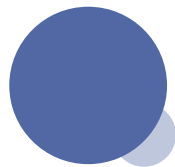
$$h_p^{l+1} = w_0 h_p^l + \sum_{p' \in N(p)} w_1 h_{p'}^l \quad (3)$$

基于图的卷积层解释了与给定顶点相邻的顶点正则化顶点到邻居信息交换的方式。我们使用了两种分类训练损失：顶点级分类损失和全局分类损失。将顶点分类损失定义为交叉熵损失，并将其应用于每个顶点

$$L_{Vertex} = - \sum_p \sum_k^K y_{k,p}^v \log(G(h^0)_{k,p}), \quad (4)$$

顶点标签 $y_{pv}$ 是从标记的遮罩推断的。背景体素标记为0，胰腺体素标记为1，所有质量类型的体素标记大于1。顶点 $q$ 使用其对应区域 $Z(p)$ 中的体素的最大值来标记，

$$\hat{y}_p^v = \max_{(w,h,d) \in Z(p)} \hat{y}_{w,h,d}.$$

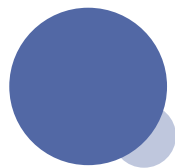


# Experiments

---

## *Data and Preprocessing.*

我们的数据集包含661例经手术病理证实的胰腺肿块患者（366例PDAC、46例AC、12例DC、35例PNET、13例RARE、32例SPT、43例CP、61例IPMN、7例MCN和46例SCN）。每例患者均进行5期CT扫描：非造影剂（NC）、动脉早期（AE）、动脉晚期（AL）、静脉（V）和延迟（D）。平均体素尺寸为 $0.419 \times 0.419 \times 3$  mm。由经验丰富的胰腺影像放射科医师在AL期对肿块进行手动注释；来自其他四个阶段的CT扫描通过DEEDS配准到AL [11]。数据增强在运行中执行。这包括空间变换、高斯模糊和对比度偏移[13]。根据初步实验，超参数设定为 $\lambda_1 = 10^{-4}$ ， $\lambda_2 = 10^{-2}$ ， $\eta_1 = \eta_2 = 0.1$ 。所有实验均使用嵌套三重交叉验证进行。在每个折叠中，网络被训练1000个epochs。基于其在验证集上的性能来选择最佳模型。然后将其应用于测试集以生成最终的实验结果。



# Experiments

## 4.1. Evaluation on Mass Segmentation

### 定量评价

Table 1. Segmentation and detection results over the ten types of pancreatic masses. Note that in this experiment, networks are trained with four labels: background, pancreas, PDAC, and nonPDAC. micro: result for all patients; macro: average of the metrics of the ten classes.

	Metric	PDAC	NonPDAC	AC	CP	DC	IPMN	MCN	PNET	RARE	SCN	SPT	micro	macro
nnUNet[13]	Average Dice	0.734	0.478	0.423	0.533	0.001	0.151	0.924	0.514	0.849	0.585	0.762	0.618	0.548
	Detection rate	0.959	0.693	0.7	0.778	0.0	0.308	1.0	0.833	1.0	0.8	1.0	0.838	0.738
SMCN (Ours)	Average Dice	0.738	0.611	0.438	0.668	0.006	0.602	0.924	0.514	0.824	0.666	0.801	0.681	0.618
	Detection rate	0.972	0.887	0.8	0.889	0.0	1.0	1.0	1.0	1.0	0.8	1.0	0.934	0.846

将我们的SMCN网络与强大的基线3D nnUNet [13]进行比较，该基线在我们的数据集上从头开始训练。我们发现，将基于3D网格的解剖表示集成到Graph-ResNet中显著提高了质量分割和检测准确性，特别是对于非PDAC，如通过Wilcoxon符号秩检验（Dice：0.611对0.478;检出率：88.7%对69.3%）。

# Experiments

## 4.1. Evaluation on Mass Segmentation

### 定性评价

SMCN可以通过整合几何线索来引导分割网络，并实现更完整的分割结果，特别是对于较难和相对罕见的nonPDAC类。在图5中，nnUNet**完全误检AC（恶性）**，因为**肿瘤在胰头外部**。我们的SMCN模型**反而检测到了这个AC发现**。对于IPMN病例（恶性潜能），我们的模型提供了比3D nnUNet模型**更完整的分割**，包括**胰管扩张的临床关键次要体征[13]**。对于SCN（良性），SMCN分割**整个肿瘤表面**。所有这些都表明，我们的解剖几何感知SMCN网络产生了优于最先进的3D nnUNet [13]上级分割结果，广泛用于医学成像应用。

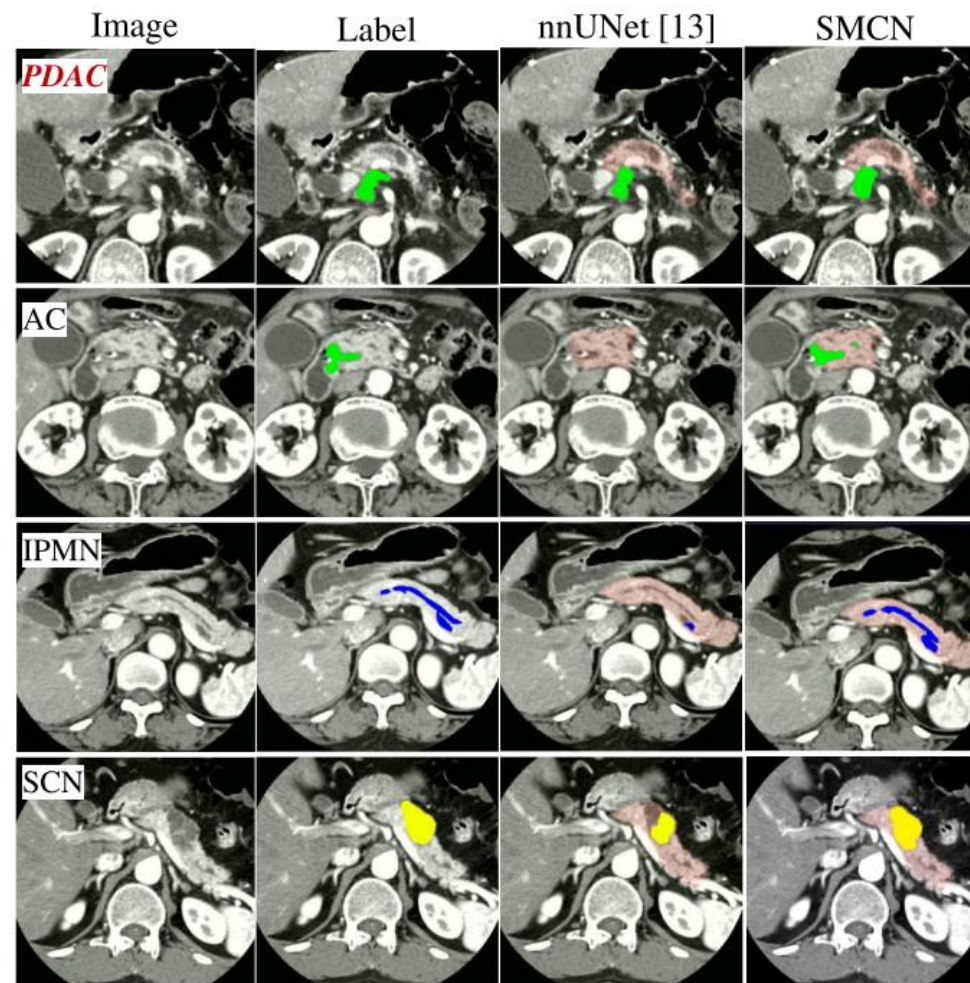
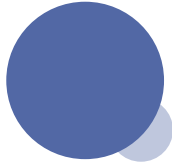


Figure 5. Examples of pancreas-mass segmentation results. Light red: pancreas. Green: surgery mass. Blue: monitoring mass. Yellow: discharge mass.



# Reference

## nature communications

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾

[nature](#) > [nature communications](#) > [articles](#) > article

Article | [Open Access](#) | [Published: 25 April 2023](#)

## Fast, accurate antibody structure prediction from deep learning on massive set of natural antibodies

[Jeffrey A. Ruffolo](#), [Lee-Shin Chu](#), [Sai Pooja Mahajan](#) & [Jeffrey J. Gray](#) 

[Nature Communications](#) **14**, Article number: 2389 (2023) | [Cite this article](#)

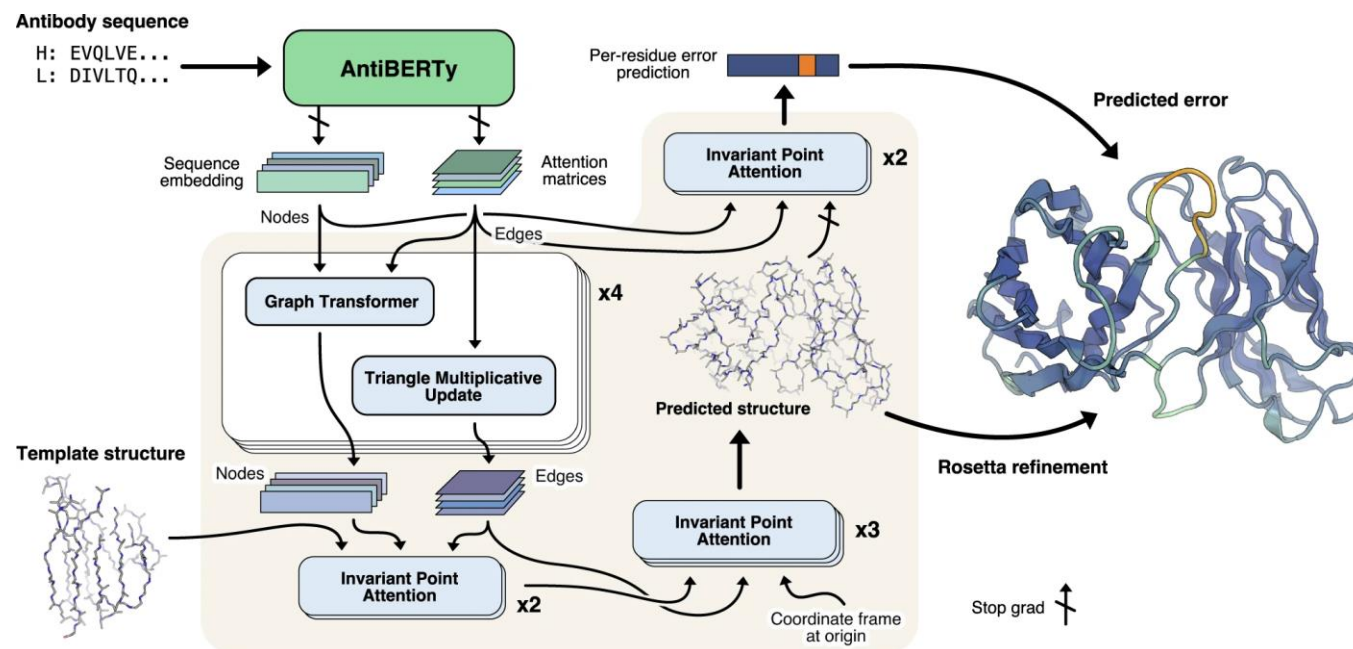
**1** Altmetric | [Metrics](#)

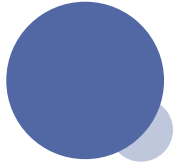
通过深度学习对大量天然抗体进行快速、准确的抗体结构预测



# 主要内容

抗体具有结合多种抗原的能力，它们已成为关键的治疗方法和诊断分子。抗体的结合由一组六个高变环促进，这些环通过基因重组和突变多样化。即使取得了最新进展，对这些环路的准确结构预测仍然是一个挑战。在这里，我们介绍了IgFold，一种用于抗体结构预测的快速深度学习方法。IgFold由一个预先训练的语言模型组成，该模型经过558.25亿个天然抗体序列的训练，然后是直接预测骨架原子坐标的图形网络。IgFold在更短的时间内（不到1秒）预测与其他方法（包括AlphaFold）相似或更好的结构。在这个时间尺度上准确的结构预测使得以前不可行的研究途径成为可能。为了证明 IgFold 的能力，我们预测了 4 万个配对抗体序列的结构，为比实验确定的结构多 500 倍的抗体提供了结构见解。





# Reference

## nature communications

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾

[nature](#) > [nature communications](#) > [articles](#) > article

Article | [Open Access](#) | [Published: 20 April 2023](#)

### Interstitial lung disease diagnosis and prognosis using an AI system integrating longitudinal data

[Xueyan Mei](#) , [Zelong Liu](#), [Ayushi Singh](#), [Marcia Lange](#), [Priyanka Boddu](#), [Jingqi Q. X. Gong](#), [Justine Lee](#), [Cody DeMarco](#), [Chendi Cao](#), [Samantha Platt](#), [Ganesh Sivakumar](#), [Benjamin Gross](#), [Mingqian Huang](#), [Joy Masseaux](#), [Sakshi Dua](#), [Adam Bernheim](#), [Michael Chung](#), [Timothy Deyer](#), [Adam Jacobi](#), [Maria Padilla](#), [Zahi A. Fayad](#)  & [Yang Yang](#) 

[Nature Communications](#) **14**, Article number: 2272 (2023) | [Cite this article](#)

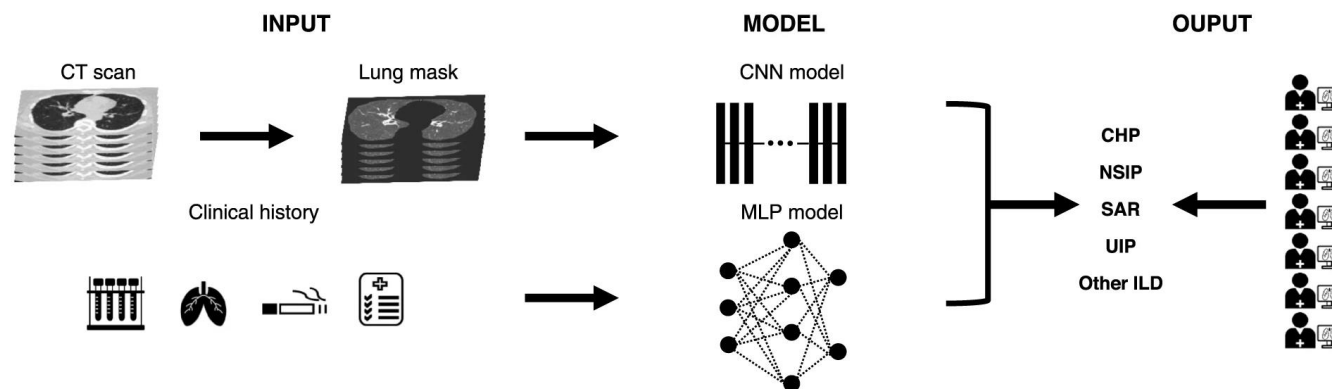
**717** Accesses | **10** Altmetric | [Metrics](#)

使用集成纵向数据的AI系统进行间质性肺疾病诊断和预后

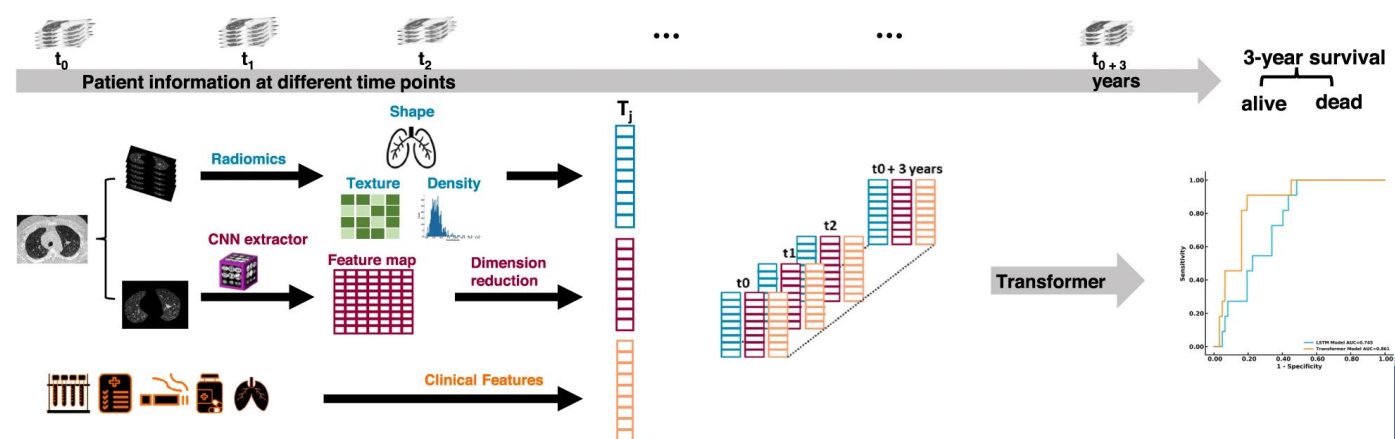
# 主要内容

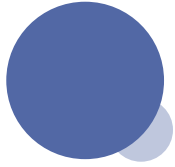
为了准确诊断间质性肺疾病 (ILD)，放射学、病理学和临床表现的共识至关重要。ILD 的管理还需要通过计算机断层扫描 (CT) 检查和肺功能检查进行全面随访，以评估疾病进展、严重程度和对治疗的反应。然而，ILD 亚型的准确分类可能具有挑战性，特别是对于那些不习惯定期阅读胸部 CT 的患者。由于疾病的复杂性、变异性和不规则的就诊间隔，基于纵向数据预测患者生存率的动态模型具有挑战性。

a) ILD subcategory classification by joint CNN models



b) 3-year survival prediction based on longitudinal data by transformer





# Reference

npj | digital medicine

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾

[nature](#) > [npj digital medicine](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Open Access](#) | [Published: 07 April 2023](#)

## Deep learning based automatic detection algorithm for acute intracranial haemorrhage: a pivotal randomized clinical trial

[Tae Jin Yun](#), [Jin Wook Choi](#) , [Miran Han](#), [Woo Sang Jung](#), [Seung Hong Choi](#), [Roh-Eul Yoo](#) & [In Pyeong Hwang](#)

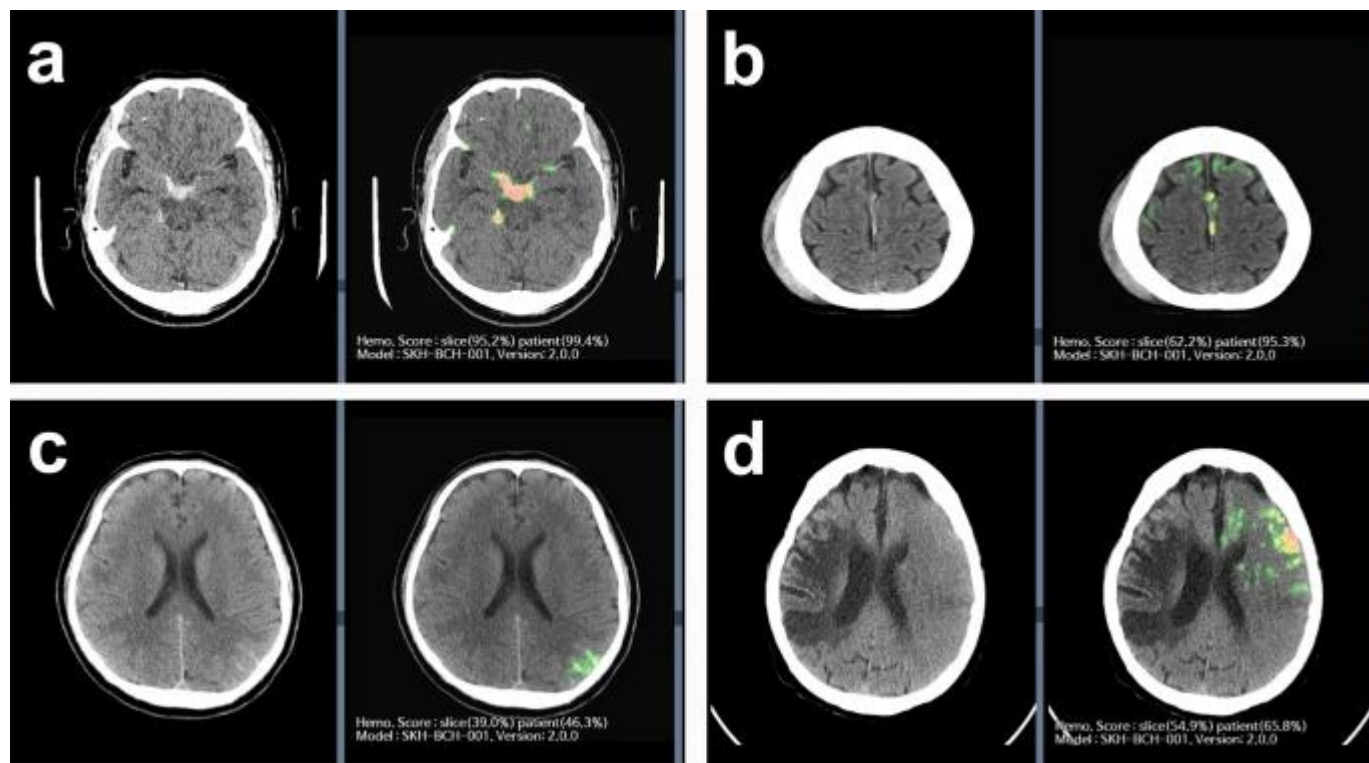
[npj Digital Medicine](#) **6**, Article number: 61 (2023) | [Cite this article](#)

**897** Accesses | **14** Altmetric | [Metrics](#)

基于深度学习的急性颅内出血自动检测算法：一项关键的随机临床试验

# 主要内容

使用基于深度学习的自动检测算法进行急性颅内出血检测的CT扫描的目的是提高颅内出血的检测准确性和缩短检测时间。颅内出血是一种严重的疾病，如果不能及时诊断和治疗，可能会导致严重的后果，包括死亡。因此，准确快速地诊断颅内出血对于患者的生命安全至关重要。传统上，颅内出血的诊断需要经验丰富的医生进行人工检测，这需要耗费大量的时间和精力。使用基于深度学习的自动检测算法可以大大提高颅内出血的检测准确性，并缩短检测时间，从而更快速地诊断出颅内出血，为患者提供更及时的治疗，提高治疗效果和生存率。使用基于深度学习的自动检测算法还可以减轻医生的工作负担，让医生有更多的时间和精力关注患者的治疗和护理，提高医疗服务的质量和效率。



使用自动检测算法和使用传统的人工检测方法进行颅内出血检测的CT扫描图像。