

DOI:10.13288/j.11-2166/r.2026.07.011

痔病理图像自动化分割视觉大模型的构建及其在中医临床证型分析中的应用

张诗杰¹, 张澳¹, 王康¹, 康彬², 俞晓帆², 冯旭静¹, 曹金字¹, 黄文贞¹, 丁康^{1✉}

1. 南京中医药大学附属南京市中医院, 江苏省南京市秦淮区大明路157号, 210022; 2. 南京邮电大学物联网学院

[摘要] 提出一种融合视觉大模型与扩散模型的两阶段方法, 采用分割一切模型 (SAM) 作为视觉大模型代表, 结合 SegRefiner 扩散模型构建 SAM-SegRefiner 模型框架, 用于痔核组织病理图像中水肿、炎症及血栓区域的自动化分割, 为病理形态的客观量化及其中医证候学研究提供可重复的技术工具。通过多中心回顾性数据进行训练与验证, SAM-SegRefiner 模型在独立测试集上平均像素准确率达 95.32%, 平均交并比为 66.81%, 显著优于 U-Net、MixU-Net、SAM-Med2D 等对比模型, 并展现出良好的跨中心泛化能力。进一步将模型量化分割结果与患者中医证型进行关联分析, 探索病理形态学特征与中医辨证分型之间的潜在联系, 发现不同证型间的炎症浸润与血栓形成程度未呈现统计学显著差异, 提示局部病理改变与整体证候表征之间关系复杂。

[关键词] 痔; 病理诊断; 视觉大模型; 分割一切模型; 中医证型

痔是肛肠外科的常见病, 主要表现为出血、肿胀、脱出、疼痛、瘙痒和肛门不适等, 严重影响患者生活质量。痔组织常见炎症细胞浸润、间质水肿、静脉血栓形成及纤维化等改变, 其中血栓形成尤为常见^[1]。手术切除组织需常规进行病理学检查, 以明确病变性质和严重程度, 并与肛肠恶性肿瘤等疾病相鉴别^[2], 为术后治疗决策和并发症风险评估提供依据。目前手术治疗因其根治性优势而应用逐渐增多^[3], 术后病理标本数量大幅增加, 而传统病理诊断高度依赖医师经验, 判读一致性受限, 且病理医师资源长期短缺^[4], 亟需借助新技术手段提升诊断效率与稳定性。随着人工智能技术的演进, 视觉大模型 (visual foundation model, VFM) 在医学图像分割领域展现出巨大潜力, 该类模型通过大规模预训练可提取具有较强可迁移性的通用视觉表征^[5]。分割一切模型 (segment anything model, SAM) 是一种基于提示 (prompt) 驱动的 VFM, 能够适应多种成像模态图像, 为医学图像分割领域提

供了新思路^[5]。研究表明, SAM 及其衍生方法在消化系统病理图像的分割任务中具备良好的可迁移性与实用性^[6], 故本研究尝试将其应用于痔术后病理图像分割中, 聚焦痔术后病理分型与辅助诊断这一临床场景, 采用 SAM 作为基础框架, 协同 SegRefiner 扩散模型对边界进行像素级优化, 构建 SAM-SegRefiner 模型框架, 并与其他常用模型进行对比分析, 分析其在痔病理图像分割中的作用。

中医学认为, 痔的发生与气血运行失调密切相关, 病机涉及血脉损伤、瘀血阻络及气机不畅, 形成气滞血瘀的状态。我们在临床中观察到, 不同证型患者在气血运行及脏腑功能方面存在差异, 可能对应不同的病理形态学特征。本研究在实现痔术后病理图像精准分割的基础上, 引入中医证型信息进行辅助性分析, 旨在评估模型输出结果在中医临床分型研究中的应用潜力, 为中西医结合诊疗研究提供技术支持。本研究经南京中医药大学附属南京市中医院伦理委员会批准, 伦理批件号: KY2025129。

1 数据构建与预处理

1.1 数据来源与标注

本研究采用多中心回顾性研究设计, 收集

基金项目: 江苏省自然科学基金 (BK20221178); 南京市医疗机构中药传统制剂研究项目 (NJCC-ZJ-202413)

✉ 通讯作者: fsyy00237@njucm.edu.cn

2024 年 1 月 1 日至 2025 年 6 月 30 日南京中医药大学附属南京市中医院病理科的 500 例痔核组织石蜡 HE 切片（每例 1 张），涵盖不同类型和严重程度的痔病例。此外，收集 5 家协作医疗中心的 100 例痔核组织 HE 切片（每例 1 张），其中常州市德安医院、淮安华锦医院、扬州妙手中医医院、无锡医博中医肛肠医院、昆山市中西医结合医院各 20 例。所有采集到的样本组织切片图均使用型号为 KF-PRO-005-EX 的 3D 病理切片扫描仪进行数字化扫描，最终获得×20 的高分辨率数字病理全片图像、病变区域由具有超过 15 年经验的病理医师进行精细的像素级别标注，标注软件为 Labelme 4.5。采用多人标注和共识机制，对每张病理图像中的水肿、血栓、炎症组织区域进行轮廓标注与标签分类。不同病理医师对标注结果进行多轮审核并达成一致意见，最终标注准确率达到 98% 以上。为保证数据集中每一类病理标注及其常见组合均有代表性，我们首先为每张切片构建存在性向量，并将其编码为标签向量，随后按复合分层键进行分层，并在每一分层单元内使用随机种子 seed=42 进行随机抽样，将样本划分为三个不同的子集，70% 用于训练，15% 用于验证，15% 用于测试。

1.2 数据预处理

针对医学影像数据集中存在的尺寸差异和色彩分布不均等问题，本研究实施了一系列标准化预处理操作。考虑到原始数据分辨率普遍较高（约 100 000×100 000 像素），首先利用 Open CV 库中的双线性插值技术将输入图像降维至 512×512 像素，同时采用最近邻域插值算法处理对应的 ground truth 标注数据，以降低计算复杂度并保持标注一致性。为进一步提升图像质量，在模型训练和测试阶段均应用了限制对比度自适应直方图均衡化技术，有效改善了图像对比度和亮度分布。为增强模型的泛化能力并预防过拟合现象，本研究实施了全面的数据增强策略。对训练集样本进行了多方位空间变换，

包括随机旋转、镜像翻转以及仿射变换等几何操作。同时，引入了多种图像退化模拟方法，添加高斯噪声和脉冲噪声、施加高斯模糊和运动模糊效果、随机调整对比度参数以及实施局部区域遮挡等数据扰动操作，从而构建出更加丰富多样的训练样本集。

2 模型构建

2.1 模型架构

2.1.1 两阶段病理组织分割方法 本研究参考文献 [7-8] 提出基于 SAM 与扩散模型的两阶段病理组织分割方法。第一阶段，利用通用图像分割 SAM 模型对输入的病理组织图像生成初步的病灶区域分割掩码，快速捕获病变区域的大致轮廓。第二阶段，将分割掩码图像作为 SegRefiner 扩散模型的输入，通过扩散去噪机制进一步细化病灶分割区域，使边界更加清晰，有效提升分割精度。流程图参见图 1。

2.1.2 粗粒度分割 SAM 是一种基于视觉变换器的通用分割框架，能够通过用户输入的点、框或文本描述生成目标区域的分割掩码。该模型系统架构由图像编码单元、提示符编码单元以及掩码解码单元三大核心功能模块构成。图像编码单元提取病理图像特征并生成多尺度特征表示；提示符编码单元处理输入的点、框或文本，以提高分割的交互性；掩码解码单元结合图像特征和提示信息，预测分割掩码。SAM 具备较强的泛化能力，能够有效识别病变区域的轮廓（流程如附图 1a 所示，请扫描本文二维码获取），但由于病理组织形态复杂且边界模糊，仍需进一步优化分割结果。

图像编码单元在 SAM 中具有关键作用，其参数量庞大，是模型中最为复杂的部分。若对图像编码器进行全量更新，将产生极高的计算成本，难以满足实际应用中的资源限制。为此本研究创新性地引入适配器技术：采用冻结原始图像编码器参数的策略，使其在特定阶段不再更新，从而有效降低计

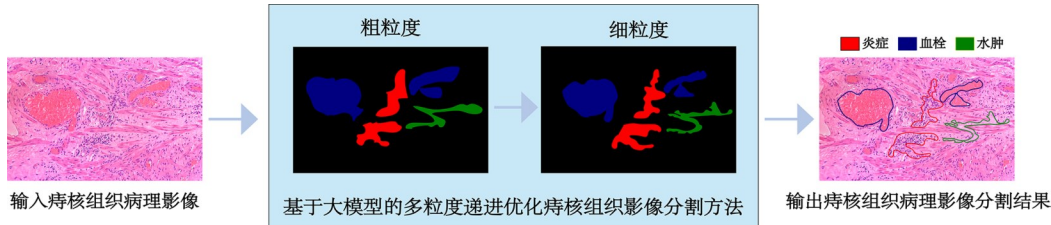


图 1 基于分割一切模型与扩散模型的两阶段痔核组织病理影像分割流程图
Figure 1 Flowchart of a two-stage method for pathological image segmentation of hemorrhoid tissue based on segment anything model and diffusion models

算开销；同时引入多层感知机（MLP）作为适配器核心。MLP 具备强大的非线性映射能力，能够在不改变原始编码器结构的前提下，实现特征的高效转换与适配。在掩码解码单元的处理上，我们遵循保持模型稳定性与结构连贯性的原则，未对其结构进行改动。在整个训练过程中，掩码解码单元持续进行参数更新，以确保其能够准确融合图像特征与提示信息，生成精确的分割掩码。值得注意的是，为增强模型的鲁棒性和对复杂病理图像的适应能力，尤其是在存在歧义的情况下，本研究设计每个提示同时预测多个掩码。该设计基于病理图像中病变区域的多样性与不确定性，通过生成多个掩码来捕捉不同可能的分割结果。

在反向传播阶段，我们以具有最高交并比（IoU）分数的掩码计算损失。IoU 分数衡量预测掩码与真实标注的重叠程度，是评估分割准确性的重要指标^[9]。基于最高 IoU 分数计算得到的损失用于反向传播和梯度更新，从而有效优化模型参数，提升其在术后病理图像分割任务中的性能表现。

2.1.3 细粒度优化 由于 SAM 缺乏医学图像-文本对齐的大规模预训练模型，所以在医学病理影像（尤其是不规则的病理组织影像）分割中无法精细化分割出各组织的边界与结构。因此，本研究将 SAM 模型输出得到的粗粒度病灶区域图像，作为 SegRefiner 扩散模型的输入，利用扩散去噪机制逐步还原病理组织边界，提高病灶区域的分割精度（流程如附图 1b 所示，请扫描本文二维码获取）。SegRefiner 扩散模型引入二元扩散来重建一维噪声二元序列。参考文献 [8]，设 x_t 遵循伯努利分布 $B(x_t|0.5)$ 。正向过程和反向过程如下。

$$q(x_t|x_{t-1}) = B(x_t|x_{t-1}(1 - \beta_t) + 0.5\beta_t) \quad (1)$$

$$p_\theta(x_t|x_{t-1}) = B(x_t|fb(x_t, t)) \quad (2)$$

其中 $\beta_t \in (0, 1)$ 是超参数， $fb(x_t, t)$ 是预测伯努利概率的模型。将前向过程定义为在多个状态之间转换的离散随机变量，并使用状态转换矩阵 Q_t 来表征该过程：

$$[Q_t]_{m,n} = q(x_t = n|x_{t-1} = m) \quad (3)$$

正向扩散模拟掩码模糊过程，将精细掩码转换为粗略掩码；逆向扩散则利用条件去噪网络逐步恢复清晰边界，实现病变区域的精准分割。与此同时，通过状态转换矩阵计算像素状态变化，并结合 Gumbel-max 采样控制像素状态更新，以条件去噪的方式逐层迭代预测每个像素的精确标签及其状态

转移概率，进而从粗粒度掩码信息中提取并强化病理组织结构的局部细节，显著提升病理组织图像分割的整体质量和实用性。

2.2 训练策略及模型评价

模型采用常规深度学习训练流程完成参数优化。训练过程中，通过合理设置学习率衰减及正则化策略，以提高模型的收敛稳定性并减少过拟合风险。训练与验证过程在统一的计算环境下完成，主要训练参数设置见附表 1（请扫描本文二维码获取）。

为了全面评估深度学习模型在医学影像语义分割任务中的表现，本研究选取常见指标像素准确率（Acc）、类别像素精度（CPA）、灵敏性（Sen）、特异性（Spe）、平均交并比（MIoU）、Disc 相似系数（DSC）。MIoU 是评估语义分割模型性能的核心指标之一，其通过计算预测区域与真实标注区域的重叠比例来评估模型性能；DSC 是医学影像分割中广泛使用的指标，重点关注预测分割结果与真实标注之间的重叠一致性，其值为 0 到 1，1 表示完全重合；Sen 指模型正确分割出的目标类别像素数量占所有真实目标类别像素数量的比例，反映模型对正样本的识别能力，高灵敏性意味着模型较少漏诊真实病变区域；Spe 指模型正确分割出的非目标类别像素数量占所有真实非目标类别像素数量的比例，体现模型对负样本的区分能力，高特异度表明模型较少将正常组织误判为病变区域，对降低误诊率具有重要意义^[10-11]。

以上指标的计算依赖于分类任务中的四种基本样本类型：真正例（TP）代表实际类别与预测结果均为正类的样本；假正例（FP）对应于实际为负类但被错误分类为正类的实例；真负例（TN）指代实际与预测均为负类的样本；假负例（FN）则反映实际为正类但被误判为负类的情况。上述指标的具体定义如下^[10-11]。

$$\text{Acc} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{TP} + \text{TN} + \text{FP} + \text{FN}} \quad (1)$$

$$\text{CPA} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}} \quad (2)$$

$$\text{MIoU} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP} + \text{FN}} \quad (3)$$

$$\text{Sen} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} \quad (4)$$

$$\text{Spe} = \frac{\text{TN}}{\text{TN} + \text{FP}} \quad (5)$$

$$\text{DSC} = \frac{2\text{TP}}{2\text{TP} + \text{FP} + \text{FN}} \quad (6)$$

上述指标的取值范围均为 0 至 1，通常数值越

大表明模型算法的分割效果越好，但某些指标相对片面，如针对灵敏性优化的模型倾向于将样本预测为正样本，以期减小漏检率，此时假正率会上升，因此需要在灵敏性之外关注特异性。同时，单一指标往往难以全面反映模型的综合性能，因此在实际应用中为确保评估结果的全面性和可靠性，需要采用多维度指标协同分析的方法进行综合性能评估。

3 模型应用潜力评估

3.1 模型性能对比分析

本研究首先收集了2024年1月1日至2025年6月30日于南京中医药大学附属南京市中医院行痔切除术且符合《中国痔病诊疗指南（2020）》^[1] 诊断标准并具备完整中医四诊资料的183例患者资料。根据文献[1]标准，将患者辨证分为风伤肠络证、湿热下注证、气滞血瘀证及脾虚气陷证四个证型。为验证模型性能，采用五折交叉验证方法，在500张痔核组织石蜡HE切片的单中心训练集上进行模型训练，并选取U-Net^[12]、SegFormer^[13]、MixU-Net^[14]和SAM-Med2D^[15]四种主流分割网络作为对比模型。模型性能通过在测试集上计算

Acc、CPA、Sen、Spe、MIoU、DSC进行评估。表1示，SAM-SegRefiner模型在所有指标上均表现最优，Acc达到95.32%，MIoU、DSC分别为66.81%、78.23%，表明其在区分水肿、炎症和血栓等病灶区域方面具有更高的精度。

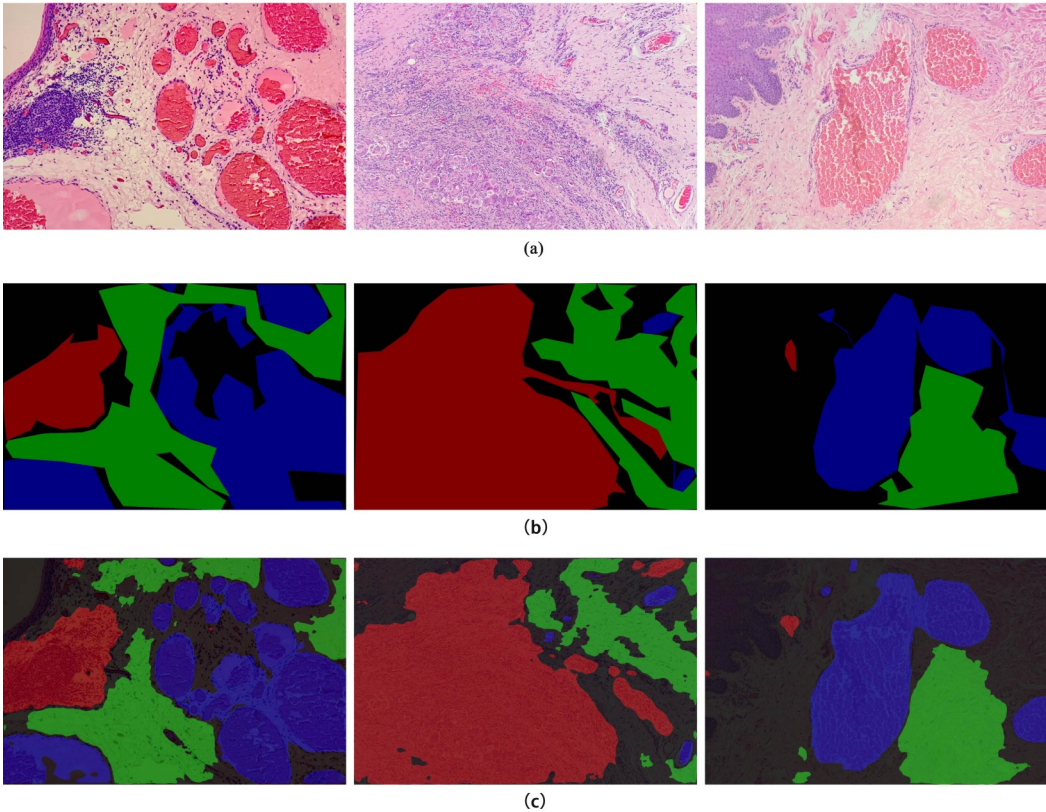
表1 不同模型在痔核组织病理图像分割任务中的性能指标对比

Table 1 Comparison of performance indexes of different models in hemorrhoid tissue pathological image segmentation task

模型	Acc	CPA	Sen	Spe	MIoU	DSC
U-Net	91.15	72.29	65.91	70.23	55.87	69.43
SegFormer	92.41	74.45	68.31	72.71	58.74	72.59
MixU-Net	93.13	75.84	71.19	75.63	63.21	75.92
SAM-Med2D	95.16	78.65	74.89	78.94	65.48	77.58
SAM-SegRefiner	95.32	79.95	75.48	80.35	66.81	78.23

注：Acc，像素准确率；CPA，类别像素精度；Sen，灵敏性；Spe，特异性；MIoU，平均交并比；DSC，Disc相似系数。

在可视化结果中，背景、水肿、炎症、血栓四个分类中，模型能够精准地区分各病灶区域（分割结果如图2所示），尤其在复杂边界的水肿与炎症组织、高密度血栓区域的细节识别上表现突出。



注：(a) 痔病理切片（HE染色，×10）；(b) 痔病理切片标注结果（红色代表炎症，绿色代表水肿，蓝色代表血栓）；(c) 痔病理切片模型预测结果。

图2 痔核组织病理图像多分类分割结果

Figure 2 Multi-classification segmentation results of pathological images of hemorrhoids

3.2 多中心数据实验评估模型泛化能力

为了评估本研究算法的泛化能力,选取南京市中医院病理科的痔核组织石蜡 HE 切片 500 张作为训练集,同时将常州德安医院、淮安华锦医院、昆山中西医结合医院等 5 家协作医疗机构的痔核组织石蜡 HE 切片 100 张构建为独立多中心测试集,与 U-Net 和 SAM-Med2D 模型进行对比。该测试集未参与模型训练过程,且覆盖不同地域、不同设备扫描及不同染色批次的样本,可有效模拟临床多中心应用中图像来源异质性的场景。对比结果显示, U-Net 模型的 MIoU 为 $55.87\% \pm 4.59\%$, $95\%CI$ (48.36% , 63.38%); SAM-Med2D 模型的 MIoU 为 $65.48\% \pm 3.56\%$, $95\%CI$ (60.01% , 70.95%); 本研究构建的 SAM-SegRefiner 融合模型的 MIoU 达到 $66.81\% \pm 3.39\%$, $95\%CI$ (61.52% , 72.10%)。结果表明,本研究的模型在 MIoU 指标上均取得最优结果,且标准差与 95% 置信区间表现更优,体现出更高的分割精度与跨中心稳定性。

3.3 基于模型分割结果的病理特征与中医证型关联分析

在上述模型实现对痔术后病理组织中水肿、炎症及血栓区域进行精准分割与量化的基础上,进一步探索其在中医证候客观化研究中的潜在应用价值。本研究采用 Kruskal-Wallis H 检验对不同中医证型患者痔组织的炎症浸润程度和血栓形成程度进行组间差异分析。炎症浸润评分标准^[16]: 无炎症浸润计 0 分,炎症浸润至黏膜层计 1 分,至黏膜下层计 2 分,至肌层及以下计 3 分。血栓形成评分标准^[16]: 无出血或血栓形成计 0 分,组织内出血计 1 分,组织内血栓形成计 2 分,组织内血栓机化计 3 分。

结果显示,在炎症浸润程度方面,各证型组间差异无统计学意义 ($H=6.813$, $P=0.078$), 平均秩分别为: 湿热下注证 85.42 (84 例)、气滞血瘀证 105.33 (59 例)、脾虚气陷证 92.00 (21 例)、风伤肠络证 79.91 (19 例)。在血栓形成程度方面,组间差异无统计学意义 ($H=1.881$, $P=0.597$), 四组平均秩依次为: 湿热下注证 87.55 (84 例)、气滞血瘀证 97.62 (59 例)、脾虚气陷证 98.07 (21 例)、风伤肠络证 87.53 (19 例)。结果表明,上述两种病理改变在不同中医证型间未呈现特异性分布。

4 讨论

本研究在中医证型分组条件下,对人工智能模

型量化得到的炎症浸润、血栓形成等病理特征进行比较分析,结果显示不同证型之间上述病理指标差异均未达到统计学显著性,提示传统基于宏观证候的辨证分型与组织层面的具体病理表现之间并非简单的线性对应关系,这种“整体功能”与“局部病理”在表征上的不对称性以及本研究的样本量较少,可能是导致未发现显著相关性的重要原因。同时也提示,在证候相关研究中引入客观、定量的人工智能病理分析手段,有助于从组织学层面为中医证候研究提供更加稳定和可重复的参考信息。

近年来,数字病理学与视觉大模型技术的融合推动了临床诊疗模式的革新。既往研究表明,基于 SAM 的改进模型在小样本泛化能力、多尺度病理图像分割及跨场景迁移方面具有一定优势^[17-19],为痔术后病理诊断提供了解决方案。依托大规模预训练, SAM 模型具备较强的通用视觉理解能力,在本研究仅 600 例多中心数据条件下,对痔术后图像中水肿、炎症及血栓区域仍实现较高分割精度,平均准确率达 95.32%,显示出对不同染色条件及扫描设备异质性的良好适应性。 SAM 模型强大的零样本学习能力使其可以在没有任何额外训练的情况下分割其没有看到的类型的对象从而减少费时费力的注释过程^[20-21]。目前,基于 SAM 模型的病理图像分割技术在细胞、组织和肿瘤分析领域表现出良好性能^[22-23],进一步验证了其临床应用价值。

在此基础上,本研究构建了由粗到细的递进式图像分割框架。与传统单一粒度分割方法相比,多粒度分割策略显著改善了痔核组织病理图像的分割质量,提升了分割精度。在粗粒度分割阶段所采用的通用图像分割框架凭借其强大的语义理解能力,可从小样本组织病理学图像中提取高级抽象特征,并根据用户提供的输入提示(如点、框)灵活确定分割目标,显著降低了对高精度标注样本的依赖,有效节约了数据标注的经济与时间成本。本模型采用提示引导的交互式分割策略,能够契合病理医师的临床诊断流程,在处理水肿与炎症混合区域的复杂边界时表现突出。结合 SegRefiner 扩散模型进行边界细化后,分割精度得到进一步提升,表明“粗分割-精细优化”的两阶段策略可有效改善复杂病理边界的识别效果。

在临床应用层面,本研究构建的人工智能病理分割结果可为病理医师提供水肿、炎症及血栓分布的可视化与量化参考,有助于提高病理判读的一致性和效率。未来研究将进一步扩大多中心样本规

模,将病理量化结果与中医证候演变、术后恢复及复发风险等临床结局相结合,为中西医结合诊疗提供更具证据基础的支持。需要指出的是,本研究仍存在一定局限性。其一,研究对象主要集中于痔术后常见病理改变,尚未纳入恶性病变等复杂情况,模型对良恶性组织鉴别的泛化能力有待进一步验证;其二,样本量及病理类型相对有限,对广泛纤维化或异常血管增生等特殊病理表现的识别能力仍需在更大样本中评估;其三,模型分割结果在一定程度上依赖于初始人工标注质量,极端染色或强伪影条件下的鲁棒性仍有提升空间。

致谢

江苏省中医药管理局指导及江苏省中医优势病种诊疗大数据平台支持。

参考文献

- [1]中国中西医结合学会大肠肛门病专业委员会. 中国痔病诊疗指南(2020)[J]. 结直肠肛门外科, 2020, 26(5): 519-533.
- [2]MEN V, KAUR D, BAHL P, et al. Is routine histopathological analysis of hemorrhoidectomy specimens necessary? A systematic review and meta-analysis[J]. World J Surg, 2024, 48(8): 1981-1989.
- [3]刘宁远, 刘殿龙, 郑丽华. 痔的治疗现状与展望[J]. 中国临床医生杂志, 2024, 52(1): 1-3.
- [4]卞修武, 平轶芳. 我国病理学科发展面临的挑战和机遇[J]. 第三军医大学学报, 2019, 41(19): 1815-1817.
- [5]孙兴, 蔡肖红, 李明, 等. 视觉大模型sam在医学图像分割中的应用综述[J]. 计算机工程与应用, 2024, 60(17): 1-16.
- [6]LI L, WANG C, GENG Y, et al. Segment anything model for gastric cancer[J]. Cancer Med, 2025, 14(18): e71246.
- [7]KIRILLOV A, MINTUN E, RAVI N, et al. Segment anything [EB/OL]. (2023-04-05) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2304.02643>.
- [8]WANG M, DING H, LIEW JH, et al. SegRefiner: towards model-agnostic segmentation refinement with discrete diffusion process [EB/OL]. (2023-12-19) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2312.12425>.
- [9]TRIGKA M, DRITSAS E. A comprehensive survey of deep learning approaches in image processing [J]. Sensors, 2025, 25(2): 531.
- [10]梁仲达, 仇大伟, 刘静. 基于多尺度特征维度频域筛选的医学图像分割算法[J/OL]. 激光与光电子学进展. (2026-01-22) [2026-02-18]. <https://link.cnki.net/urlid/31.1690.TN.20260121.1807.080>.
- [11]卢力玮, 汪洋, 柳杨, 等. 基于多尺度通道融合注意力的皮肤癌 U-Net 分割模型[J]. 信息与控制, 2025, 54(5): 787-800.
- [12]RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-net: convolutional networks for biomedical image segmentation [EB/OL]. (2015-03-18) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/1505.04597>.
- [13]XIE E, WANG W, YU Z, et al. SegFormer: simple and efficient design for semantic segmentation with transformers [EB/OL]. (2021-03-31) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2105.15203>.
- [14]丁维龙, 宗泽永, 朱红波, 等. 基于 CNN 和 Transformer 的组织病理图像分割方法[J]. 浙江工业大学学报, 2024, 52(6): 591-600.
- [15]CHENG J, YE J, DENG Z, et al. SAM-Med2D [EB/OL]. (2023-08-30) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2308.16184>.
- [16]席作武, 杨娅娟. 内痔病理学本质与中医证型相关性研究[J]. 国医论坛, 2021, 36(5): 23-25.
- [17]MA J, HE Y, LI F, et al. Segment anything in medical images[J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 654.
- [18]LIU H, YANG H, VAN DIEST PJ, et al. WSI-SAM: multi-resolution segment anything model (SAM) for histopathology whole-slide images [EB/OL]. (2023-04-18) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2304.09257>.
- [19]CHEN T, ZHU L, DING C, Et al. SAM fails to segment anything? SAM-adaptor: adapting SAM in underperformed scenes: camouflage, shadow, medical image segmentation, and more [EB/OL]. (2023-04-18) [2025-12-16]. <https://arxiv.org/abs/2304.09148>.
- [20]MAZUROWSKI MA, DONG H, GU H, et al. Segment anything model for medical image analysis: an experimental study[J]. Med Image Anal, 2023, 89: 102918. doi: 10.1016/j.media.2023.102918.
- [21]CAZZANIGA G, DEL CARRO F, ECCHER A, et al. Improving the annotation process in computational pathology: a pilot study with manual and semi-automated approaches on consumer and medical grade devices[J]. J Imaging Inform Med, 2024, 38(2): 1112-1119.
- [22]SHEN Z, SIMARD M, BRAND D, et al. A deep learning framework deploying segment anything to detect pancreatic mitotic figures from haematoxylin and eosin-stained slides[J]. Commun Biol, 2024, 7(1): 1674.
- [23]WANG C, WAN Y, LI S, et al. SegAnyPath: a foundation model for multi-resolution stain-variant and multi-task pathology image segmentation[J]. IEEE Trans Med Imaging, 2025, 44(10): 3924-3937.

(下转第 775 页)