



四川大學

大学生创新训练计划

创新类项目申报书

项目名称： 基于粒球表示学习的医学图像异常检测技术

项目负责人： 杜博源

所在学院： 计算机学院（软件学院、智能科学与技术学院）

专业年级： 2025 级

学 号：

手 机：

电子邮箱：

指导教师： 袁钟

项目起止年月： 2025 年 11 月至 2026 年 10 月

项目参与学生人数： 5

四川大学教务处制

2025年 11月

填写说明

一、凡申报四川大学“大学生创新训练计划”必须填写本申报书。创新类项目是本科生个人或团队，在导师指导下，自主完成创新性研究项目设计、研究条件准备和项目实施、研究报告撰写、成果（学术）交流等工作。

二、“项目所属一级学科和代码”参考《普通高等学校本科专业目录和专业介绍（2012年）》。

三、“项目开展支撑平台”指支撑本项目开展的国家级和省部级重点实验室（中心、平台等）、国家双创示范基地平台、教学实验中心（实验室）、企业、事业或其他单位等，表中填写平台名称，可以多个。

四、“项目组成员”人数原则上不超过五人，应排序。

五、“项目成熟度”请参考附件《项目成熟度量表》。

六、本书应该填写完整、内容详实、表达准确，数字一律填写阿拉伯数字。

七、报送申报书的电子文档至负责人所在学院。

项目名称	基于粒球表示学习的医学图像异常检测技术		
项目属性	<input type="checkbox"/> 面上项目 <input checked="" type="checkbox"/> “人工智能+新质战略育苗”（含 2035 特区子计划项目） <input type="checkbox"/> 交叉学科子计划项目		
申请类别	<input checked="" type="checkbox"/> 科学探索与工程技术类 <input type="checkbox"/> 人文艺术与社会科学类 <input type="checkbox"/> 软件信息与文创类 <input type="checkbox"/> 智能装备与医疗器械类 <input type="checkbox"/> 生物医药与新材料类		
申请经费	10000 元	起止时间	2025 年 11 月 至 2026 年 10 月
项目所属一级学科和代码	0812 计算机科学与技术		
项目开展支撑平台	四川省工程实验室		
项目来源（可多选）	<input checked="" type="checkbox"/> 十大重点支持领域的项目 <input checked="" type="checkbox"/> 进课题组、进实验室、进科研团队参与的项目 <input checked="" type="checkbox"/> 国家级和省部级重点实验室（中心、平台等）、国家双创示范基地平台支持申报项目 <input type="checkbox"/> 交叉学科创新项目 <input type="checkbox"/> “青年红色筑梦之旅”计划项目 <input type="checkbox"/> 基于前期研究实践成果、继续深入研究实践的创新项目 <input checked="" type="checkbox"/> 高水平课题 <input type="checkbox"/> 其他_____		
高水平课题名称（非高水平课题可不填）	命题名称	基于粒球表示学习的医学图像异常检测技术	
	校内指导老师姓名 （非交叉学科子计划项目一般仅允许一位指导老师）	袁 钟	

所属重点支持领域（可不选）	选择 1 项：E A.不填 B.泛终端芯片及操作系统应用开发 C.重大应用关键软件 D.云计算和大数据 E.人工智能 F.无人驾驶 G.新能源与储能技术 H.生物技术与生物育种 I.绿色环保与固废资源化 J.第五代通信技术和新一代 IP 网络通信技术 K.社会事业与文化遗产		
负责人之前参与大创项目情况	无		
项目成员之前参与大创项目情况	1. 苏泳豪：团队成员，C202413017，领域知识问答能力测评方法研究，院级，面上项目，已结题 2. 苏泳豪：团队成员，202510610016，基于子空间学习的粒网络威胁诊断关键技术，国家级，创新类，已结题		
项目负责人基本信息			
姓名	学号	专业年级	所在学院
杜博源		2025 级	计算机学院（软件学院、智能科学与技术学院）
性别	手机	电子邮箱	身份证号
男			

项目组成员基本信息				
序号 (含排序)	1	2	3	4
姓名/性别	苏泳豪/男	汪铭杰/男	周雨龙/男	仵怡飞/男
学号				
专业年级	2023 级	2023 级	2023 级	2025 级
所在学院	计算机学院 (软件学院、智能科学与技术学院)	计算机学院 (软件学院、智能科学与技术学院)	计算机学院 (软件学院、智能科学与技术学院)	计算机学院 (软件学院、智能科学与技术学院)
手机				
电子邮箱				
身份证号				
签名	苏泳豪	汪铭杰	周雨龙	仵怡飞
指导教师 1 基本信息 (非交叉学科子计划项目一般仅允许一位指导老师)				
姓名	所在学院或单位	研究方向	职称/职务	
袁钟	计算机学院 (软件学院、智能科学与技术学院)	不确定性人工智能	副研究员、硕导	
性别/年龄	手机	电子邮箱	签名	
男				

项目摘要(限 200 字以内)

随着人工智能快速发展,其在医学图像异常检测中的应用日益广泛,但深度神经网络以单像素为输入,依赖高算力,面临低效、鲁棒性差和解释性不足的挑战。粒球表示学习基于自适应粒球生成算法,兼具信息整合简化的高效性、鲁棒性和可解释性。本项目以医学异常图像为研究对象,融合粒球表示学习与图神经网络等技术,研发新型检测系统。预期成果将推动该领域技术发展,显著提升“检测—分割—诊断”全流程的效率、鲁棒性与可解释性。

特色创新点 (限 100 字以内, 建议 2-3 点)

- 1.提出基于粒球表示学习的神经网络模型
- 2.构建融合粒球表示学习的医学图像异常检测、分割模型
- 3.构建粒球表示学习医学图像诊断解释模型

基于上述创新点设计算法,研发新型医学图像异常检测系统。

报告正文

(一) 立项依据与研究内容 (建议 8000 字以下 (不包括文献))

1. 项目的立项依据 (【理工医科】研究意义、国内外研究现状及发展动态分析, 需结合科学研究发展趋势来论述科学意义; 或结合国民经济和社会发展中迫切需要解决的关键科技问题来论述其应用前景。附主要参考文献目录【哲学社会学科】国内外相关研究的学术史梳理及研究动态; 本课题相对于已有研究的独到学术价值和应用价值等。附主要参考文献目录) 究的学术史梳理及研究动态; 本课题相对于已有研究的独到学术价值和应用价值等。)

1. 项目背景及挑战

1.1 背景

在现代医学场景中, 医学影像已成为临床检测诊断的最基础、最重要的根据和参考。随着现代 医疗影像采集技术的发展, 医学影像的样本基数、数据规模与分辨率持续攀升, 例如 CT、MRI、超声图像等^[1]。如今, 医生阅片的负荷和难度显著升高, 并且不同设备间的差异与噪声干扰也在不断扩大, 在传统医学诊断的过程中极易引发漏诊、误诊以及结论不一致的后果^[2]。《中国医疗机构影像科现状调查报告 (2024)》白皮书中明确指出: 2024 年, 我国 CT、MRI 等大型影像设检查量达 6.8 亿人次, 同比增长 12%, 而影像科医生数量仅增长 3.5%。三甲医院影像科医生日均工作时间超 12 小时, 人均年阅片量达 8.5 万例, 疲劳诊断导致的误诊率上升至 8.2%^[3]。

如今, 医学图像异常检测作为计算机辅助诊断的新技术之一, 帮助医生提升了发现识别医学图像中可疑区域的效率和精准度如图 1 所示。然而, 在以深度学习和机器学习为基础的计算机视觉系统中^[4], 现有医学图像作为学习样本, 在医学图像异常检测“检测—分割—诊断”的链条中仍具有很大缺陷, 对于检测部分, 医学图像中小病灶、微异常区域极易被淹没, 其体积小、异常少、对比度低的特点 导致检测算法中, 图像背景噪声往往会将其覆盖; 分割步骤中, 许多病

灶与临近组织灰度接近，边界与轮廓模糊，并且作为部分学习样本的人工勾边图像主观性强，边界一致性差；诊断过程中，医学图像异常检测方法是基于深度学习网络的算法，其本身具有端到端、过程不可解释的特性^[5]，在以病人作为对象的疾病诊断过程中，无法给出诊断结果的核查证据，在有限的训练样本条件下，泛化性较差^[6]。

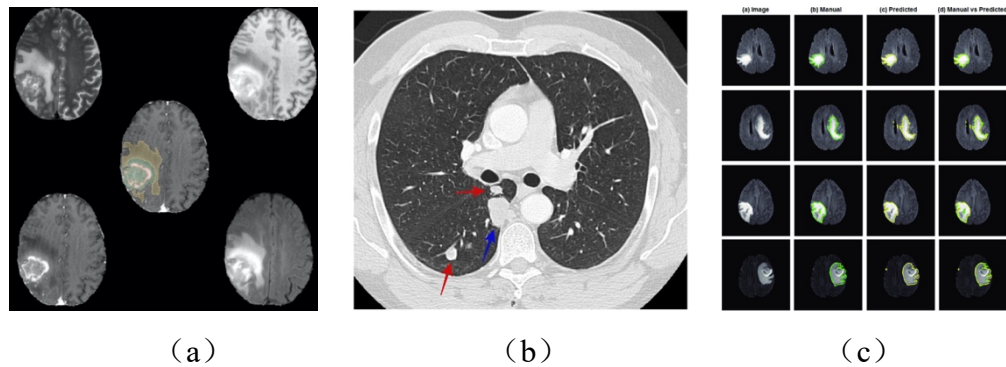


图 1 经典医学图像（MRI、CT 图）异常检测图

《AI 医学影像诊断现状报告》中指出，医学影像异常检测 AI 在胸部 X 光诊断中的误诊率约为 3%，而在乳腺超声诊断中，误诊率高达 10%^[7]。对此，改进医学图像异常检测检测技术中的技术缺陷和不足、提高异常检测的效率及精准度、鲁棒性以及可解释性是在解放医疗生产力的同时提高检测与诊断的准确性的关键与重点，对于降低误诊风险具有重要意义，是医疗图像异常检测的优化和发展方向。

早期的图像分析主要在像素网格上做计算^[8]，后来为了减轻计算量与噪声干扰，出现了“超像素”等固定分块的方法，但它们的粒度不够灵活^[9]。学界随后提出“粒球计算”，用更贴近数据结构的“颗粒”来表示信息^[10]；在此基础上，粒球表示学习把“相似像素自动抱团成球”的想法落到了实处：平坦区域自然合并，细节和边界自动细化。随着图学习的兴起，这一思路被发展为粒球图表示学习——先把图像转成由粒球组成的图，再用 GNN、Transformer 等深度神经网络进行学习^[11]。近年，它因同时兼顾效率、精度与可解释而受到关注，并逐步被引入到医学影像等对可靠性要求极高的场景中^[12]，成为“从像素到结构化表示”的一条新路径。

粒球表示学习神经网络（GBR-Net）的核心是把图像像素自动聚合成不同大

小的“粒球”，并在这些粒球构成的网络结构上完成特征提取与分析判断。具体来说，它会依据相关指标，将位置相邻、特征相似的像素自动聚合，形成不同尺度的粒球并建立关联，再通过特征处理让粒球承载图像关键信息，最终完成异常区域定位、边界稳定分割与有依据的诊断判断如图 2 示例所示。该方法的核心优势集中在粒球的特性上，即大粒球能快速概括图像中均匀的背景区域，大幅减少多余计算和存储占用，提升处理速度；密集的小粒球则能精准贴合图像细节与模糊边界，有效缓解噪声、数据不平衡等带来困难。同时粒球及粒球间的关联可作为明确的判断依据，让结果更具可信度。GBR-Net 有望应用于更多医学图像场景最终形成具备可视化证据链的临床诊断工具，为医学影像诊断提供可靠支撑。

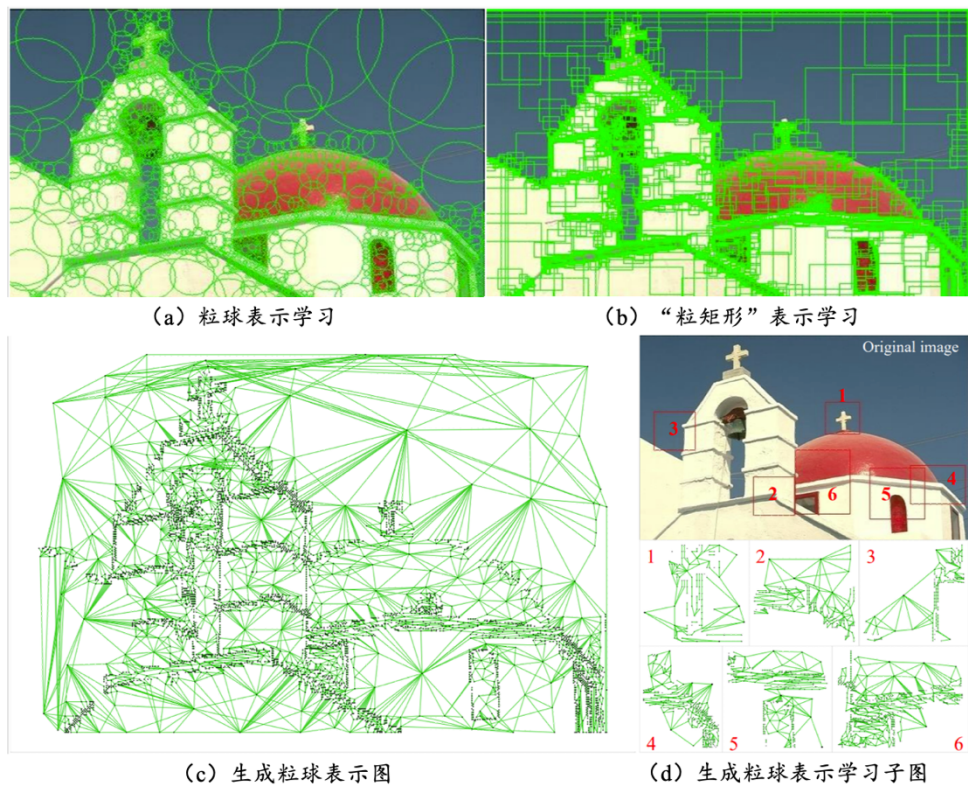


图 2 粒球表示学习过程示意图

1.2 存在挑战

传统诊疗方式十分依赖于医生的个人经验，对于大量影像逐张审阅的方式已经难以匹配临床需求。尽管以机器学习和深度学习神经网络为技术核心的医学图像异常检测已在医疗诊断中取得广泛应用，有效提升了诊断效率，但其“检测—分割—诊断”的技术链条仍面临下述阶段性挑战：

(1) 检测阶段：大数据量的像素级输入导致计算效率低，依赖高算力

医学影像往往分辨率极高且呈三维、多序列的形态，现有医学图像异常检测方法，在检测环节采用像素级的数据输入，神经网络的学习和训练都面临着巨大的计算压力。全图尺度的前向和反向传播需处理大量的背景噪声像素，进一步放慢深度学习过程中的参数训练速度并提高了对 GPU 和 TPU 的算力依赖。在极度类不平衡的数据分布下，损失函数还会被“易负样本”的大量像素主导，降低了算力利用效率。

粒球表示学习的“自生成”机制，将阈值范围内相似度高、空间相邻的像素自聚为同一粒球，以粒球中心的位置、均值、方差、梯度等统计属性代表其内部所有像素，作为神经网络的多粒度输入单元。与逐像素输入相比，这种粒球表示学习的多粒度输出信息在保持判别信息与局部上下文的同时，显著压缩了输入数据的规模，大幅减少了噪声背景中的易负样本，降低显存占用与重复计算；从而减轻对超大显存与高算力硬件的依赖。在检测阶段，粒球表示学习既能抑制噪声与伪影对像素级特征的不稳定影响，又能通过多粒度上下文增强对小体积、低对比度病灶的检出率，从而在保证精度的同时显著提升计算效率。

(2) 分割阶段：单一粒度输入导致算法鲁棒性不足

医学图像进行采集、压缩、传输与储存的过程中，易发生噪声叠加和伪影生成的现象，限制了对组织细节的观察与识别并且干扰特征的提取，现有以像素为单一粒度的输入的医学图像异常检测算法，在分割阶段对此具有较低的准确性和鲁棒性。医学图像中病灶普遍体积小、对比度低、形态多变，更容易与噪声、伪影混淆。这种特征不仅降低了局部信噪比、削弱边缘与纹理，还会改变图像的强度分布与对比度，从而在异常检测的分割环节引发阈值敏感、边界锯齿状、漏割、错割并存等问题。

粒球表示学习将像素局部同质化处理，把相邻像素自聚为粒球。其自生成的半径天然对细节和局部的尺度和数据有高敏感的处理特性，在异常区域的边界部分生成小粒球来保存微小异常的数据信息从而成为分割算法的数据输入。同时，粒球表示学习在粒球边界的生成过程中，保留了重叠像素的信息，做到了重叠建边，保留了小病灶以及弱对比边界的数据信息，大幅提高了算法的鲁棒性以及分割的准确性和全面性。

在实际图像数据中，异常区域在整体图像中占比极低，而正常背景占绝大多数^[13]。所以在训练时，模型易被大量“正常区域”——易负样本牵引，出现对多数类过拟合、对少数类欠拟合的现象^[14]。同时，对于不同设备间跨设备、跨中心的图像生成风格和细节差异，使得异常检测模型在不同医院和医学研究中心的数据中泛化性差^[15]。类别极不平衡与分布差异叠加，常导致模型决策边界偏离，以及稳定性下降。这些因素共同作用，导致了医学图像异常检测技术在图像分割阶段的低鲁棒性结果。

(3) 诊断阶段：基于神经网络的算法生成的结果可解释性不足

医学图像实际诊断的过程中往往需要多模态、多序列与临床背景信息的综合判断，但跨来源、跨设备数据的风格差异使得信息的综合整合与校准更具挑战。由于目前医学图像异常检测的技术基础是深度学习神经网络，其本身端到端的模型过程具有不可解释性，往往难以给出诊断结果的核查证据^[18]，在有限样本和外部数据条件下容易出现泛化不稳定、校准偏差的问题。在医学诊断领域，对于方法的鲁棒性和泛化性——剂证据化输出有很高的需求和要求^[19]。

粒球表示学习把原本离散的像素组织成少量的、空间连续的并且统计稳定的“粒球”，把原本的像素数据和邻接包含等关系显示连接起来如图 1 所示。医生据此可以直接定位诊断结果的证据所在处。更重要的是，粒球自生成的特征体现了从粗到细的多粒度结构，弱化了像素级学习的单一粒度特征，符合人类大脑对图像认知的逻辑过程。上述两点，使得粒球表示学习有效提高了诊断结果的可解释性。

2. 研究内容

粒球表示学习（Granular-Ball Representation Learning）是一种把大量像素数据，先自适应聚成若干个区域块——“粒球”，再把这些粒球按区域重叠生成边界，进行连接，生成新图进而进行深度学习的表示技术。粒球表示学习技术会将同质区域自动合成大球，而细节、边界、可疑处会细化成小球，用一个质量阈值 T 作为像素合并的标准，是一个具有自适应优势的数据降维的技术。每一个粒球作为一个节点包含了其位置、尺度、均值、方差、梯度、极值等数据，随后用图神经网络进行表征与读出。如图 1 所示，相比像素级方法，它单元更少、计算复杂度

显著低，同时因关键差异处进行“细节处理”——“小粒球”而无关相同处进行“粗处理”——更大区域粒球，从而达到更抗噪，更稳定的效果；在成图过程中，不同粒球的边界区域的生成过程保留了重合信息，在诊断决策的过程中可以自然的标记和表出异常粒球及其边界信息，使得其可解释性更好。此外，旋转、翻转、上下采样等数据增广可直接在图坐标完成，避免反复重建图，训练更高效、复用性更强，从而提高了其鲁棒性和泛化能力。

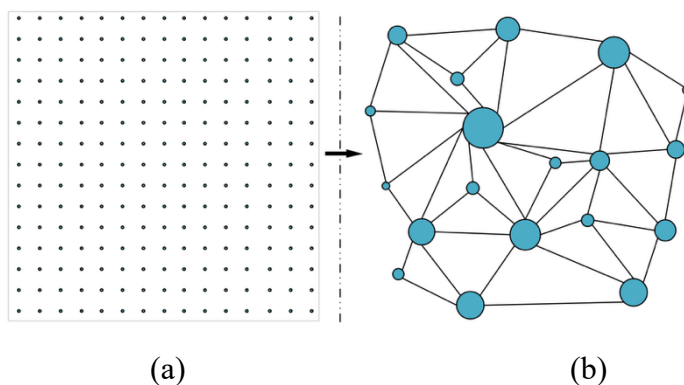


图 3 传统“单一且最细粒度”表示与多粒度表示的对比图

粒球表示学习以其对图像和像素独特的处理方法，为解决医学图像异常诊断的三个阶段问题上带来了新的启发和解决思路。粒球表示学习技术具有自适应多粒度的优势，在处理医学图像时，背景自动合成大球，可疑处和异常处细化，保留细节成为小球，使得小异常不再被大背景稀释，可以针对性解决检测阶段“小病灶被易噪声淹没”的问题，同时粒球相邻小球间的一致性约束，以及其在每个粒球节点上所做的原型距离评分可以提升异常检测对稀有异常的敏感度并且降低噪声带来的散点误报。对于分割阶段“弱对比、若便捷导致轮廓识别、对齐失败的问题”，粒球在边界处用密集小球保留并且强化数据，显式保留重叠边界的过渡关系，可以解决“漏抠”和“过抠”的分割问题。在诊断过程中，神经网络中的注意力机制可以直接读出并定位哪些粒球是支撑诊断结果的证据，使得结论可复合、可解释、可溯源，同时其进行粒球生成的过程中，自适应多粒度的机制和更少的学习单元与参数，可以降低过拟合的风险，同时提高泛化能力和鲁棒性。同时、粒球技术在生成粒球的过程中针对其半径和数量以“先粗后细”的逻辑过程自适应的形成粒球，与人类大脑认知事物时“大范围首先的认知机制”匹配并且合

同，从根本逻辑基础上具有良好的解释性。所以对于基于粒球表示学习对医学图像异常检测技术进行改进和优化，是一个具有前景，具有建设性的思路。

2.1 基于粒球表示学习的神经网络模型

在当前图像异常检测领域，大多数技术仅以像素为输入单位，产生了大量无用背景数据与重复计算，模型训练和实际应用都容易被密集卷积运算、分块处理降低效率。本项目提出的“基于粒球表示学习的神经网络模型”，核心并非直接将像素作为神经网络的数据输入，而是采用“从粗到细”的多粒度思路，先对图像做高斯抑噪，再以梯度强度较小的像素为中心沿横纵扩张。在纯度、方差双阈值及质量下界 T 的约束下，生成覆盖全图的多尺度粒球，接着按“重叠即连边”规则装配成粒球图，前端可在原图直接成图（Granular Ball on Image），也能先在预训练 CNN 特征图上成图。之后接入图注意力网络（Graph Attention Network）聚合邻域信息并做全局池化，经 Softmax 实现异常检测，必要时还能把节点置信度反投影回像素域进行分割与可视化的处理。

这种多粒度、自生成的数据输入具有显著优势。大粒球能快速概括大面积均匀背景，大幅减少无效样本与重复卷积计算，提高了计算效率，减少了对高算力的依赖，同时，小粒球只在疑似异常处精细建模，计算资源自然集中到关键部位，提高了图像检测识别的准确性，并且小粒球的自生成算法能够大幅提高图像检测的鲁棒性。同时，该模型结合证据子图与热度反投影，使得模型判断依据可视、可追溯，配合概率校准与多次随机失活进行数据汇总，还能给出可解释性高的置信区间。整体而言，该模型在高背景噪声、弱对比、小目标及边界模糊等场景下，既提升了吞吐与速度、降低了对高性能硬件的依赖。上述特点对于医学图像中图像分辨率高，像素数据量大，以及病灶对比度低、体较小的难点具有针对性优势，同时，对于提高现有医学图像异常检测中以神经网络为基础的端到端输出模型的可解释性具有独一无二的优势。

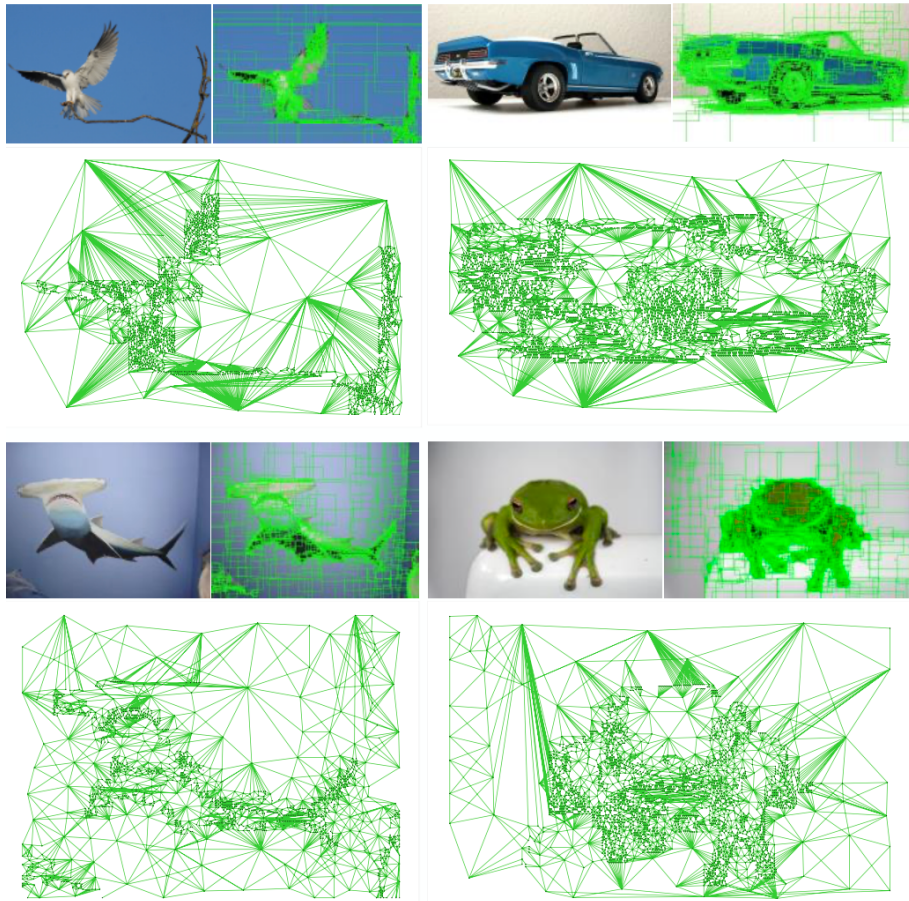


图 4 一些基于粒球表示学习的神经网络模型处理图像的实例

2.2 基于粒球表示学习神经网络的医学图像异常检测模型

在当前医学图像异常检测中，要是只把像素当作输入单位，会产生大量无用的背景数据和重复计算，无论是模型训练还是实际应用，都会被密集的卷积运算和分块处理拖慢速度。粒球表示学习采用“从粗到细”的多粒度思路，能自动把空间上靠近、统计特征相似的像素聚合成一个个“粒球节点”，用少量带有中心、半径等明确属性的“区域单元”，代替成千上万的单个像素。其中，大粒球可以快速概括图像中均匀的背景区域，大幅减少无效的背景样本和重复的计算操作。小粒球只在图像中可能有异常的细节部位，做精细的特征提取和计算。这样一来，模型的计算过程就能在数量更少有效样本上完成，显存占用量和重复的卷积计算都能得到系统性减少，模型一次能处理的数据量和处理速度会明显提升，对高性能计算资源的依赖也会降低。

同时，通过粒球节点之间的相似度对比和检索，代替逐像素的扫描，让候选

异常区域的筛选和异常判断更有针对性,不用做多余计算,能精准命中关键部位。这种先按区域划分、再用多粒度处理的输入方式,本质上是一种“有结构的降维的聚焦任务核心”的做法,能把有限的计算资源集中用在和病灶相关的区域上,这样既不会降低异常检测的灵敏度,又能大幅提高整个检测流程的计算效率,让技术更容易落地应用。相关研究也表明,粒球通过“粗粒度处理输入数据、多粒度衡量特征关系”形成的高效计算模式,是它在效率上具备优势的理论基础。

2.2 基于粒球表示学习神经网络的异常分割模型

在分割阶段,以像素为单一粒度的输入会让模型对图像噪声和模糊的边界异常敏感,经常出现分割遗漏或分割过多的情况,并且阈值调整、标注误差带来的影响也会被放大。

粒球表示学习神经网络采用“从粗到细”的多粒度处理方式,自动把位置相邻、特征相似的像素聚合成粒球,图像中均匀的区域会自动合并成“大粒球”。这种自生成粒球的表示学习方式能够抑制噪声,让区域内的统计特征更稳定,而边界和细节部位会形成“密集的小粒球”,从而保留病灶的真实轮廓和边界,提高了鲁棒性。这种方式从输入层面就为分割提供了既平滑又能精准捕捉关键信息的依据,提高了异常检测分割阶段的鲁棒性。

粒球表示学习的核心思路是用不同大小的粒球覆盖整个图像样本,形成能自适应数据的多粒度表示,进而建立使用不同粒度粒球来覆盖数据样本。实现对数据自适应和高效的多粒度表示,并形成高效、鲁棒和可解释的多粒度计算模式,实现粗粒度的学习输入以及多粒度关系度量,利用“粒球”覆盖或部分覆盖样本空间。

在这个模型下,分割模型不再被大量无关的背景像素干扰,而是以“粒球”为基本单元进行特征整合和关系建模。大粒球提供稳定的区域特征和上下文信息,小粒球突出边界和细节特征。由此,即使处理对比度低、边界模糊的图像,异常检测系统也能准确分割出的连贯的轮廓,对阈值调整和标注误差的敏感度更低,在不同设备、不同医疗中心的图像风格差异下,也能保持更强的稳定性和鲁棒性。

2.3 基于粒球表示学习的异常诊断模型

粒球表示技术，在将多粒球建边、构建成新图的过程中，保留了粒球之间的重叠区域数据。粒球之间的边界不仅能表示空间上的接触关系，还能以统计数据的形式储存组织之间的过渡与连接信息。这种“重叠建边”方式能够更真实、可溯源的反应器官与病灶之间的连接层次，为结果解释提供了可溯源的数据指针。同时，我们在粒球上引入注意力机制，使学习算法自动聚焦于异常相关的节点与边，并将注意力权重进行反投影至原图形成“证据热图”。这样生成的可视化结果呈现出连贯的结构性子图用于诊断结果的解释与核实，提高了诊断模型的可回溯性、和复用性，同时显著增强了医学图像异常检测技术的临床可解释性。

3. 国内外研究现状

3.1 粒球表示学习技术

信息粒化思想可追溯至 Zadeh (1979) 的模糊粒计算，随后粗糙集、商空间、云模型等理论为“多粒度—可解释”范式奠定了基础。近年来，国内学界在此脉络上提出“多粒度粒球计算 (Granular-Ball Computing, GBC)”，这是一个用大小自适应的“粒球”而非最细粒度“点”来表示与覆盖样本空间的技术，使学习过程在更贴近人类“先粗后细”的认知机制下获得“高效、鲁棒、可解释”的优势。

2019 年以来，夏书银、王国胤和高新波教授带领以国内团队推进了粒球计算的理论与算法，^[22]提出从“以点为输入”的分类器，转向“以粒球为输入”的多粒度学习框架。在粒球生成方面，提出由标签引导的有序稳定的初始化过程，从而使得结果稳定并且收敛。

同时，国内其他学者，将早期依赖 k-means 的聚类方法进行改进，以划分作为依据，不仅提高了处理效率，还将生成和计算复杂度降至 $O(mn)$ ，并以单一阈值 T 控制最小粒度，提高了算法和系统的鲁棒性、解释性以及泛化能力。上述一系列的发展与成果，将“多粒度表示”“计算效率”“可解释边界”统一到一个可工程化的框架之中，并据此扩展到图像表征 (GBRI) 等应用方向，使中国在粒计算、粒球表示学习的理论与技术领域获得了巨大的原创优势。

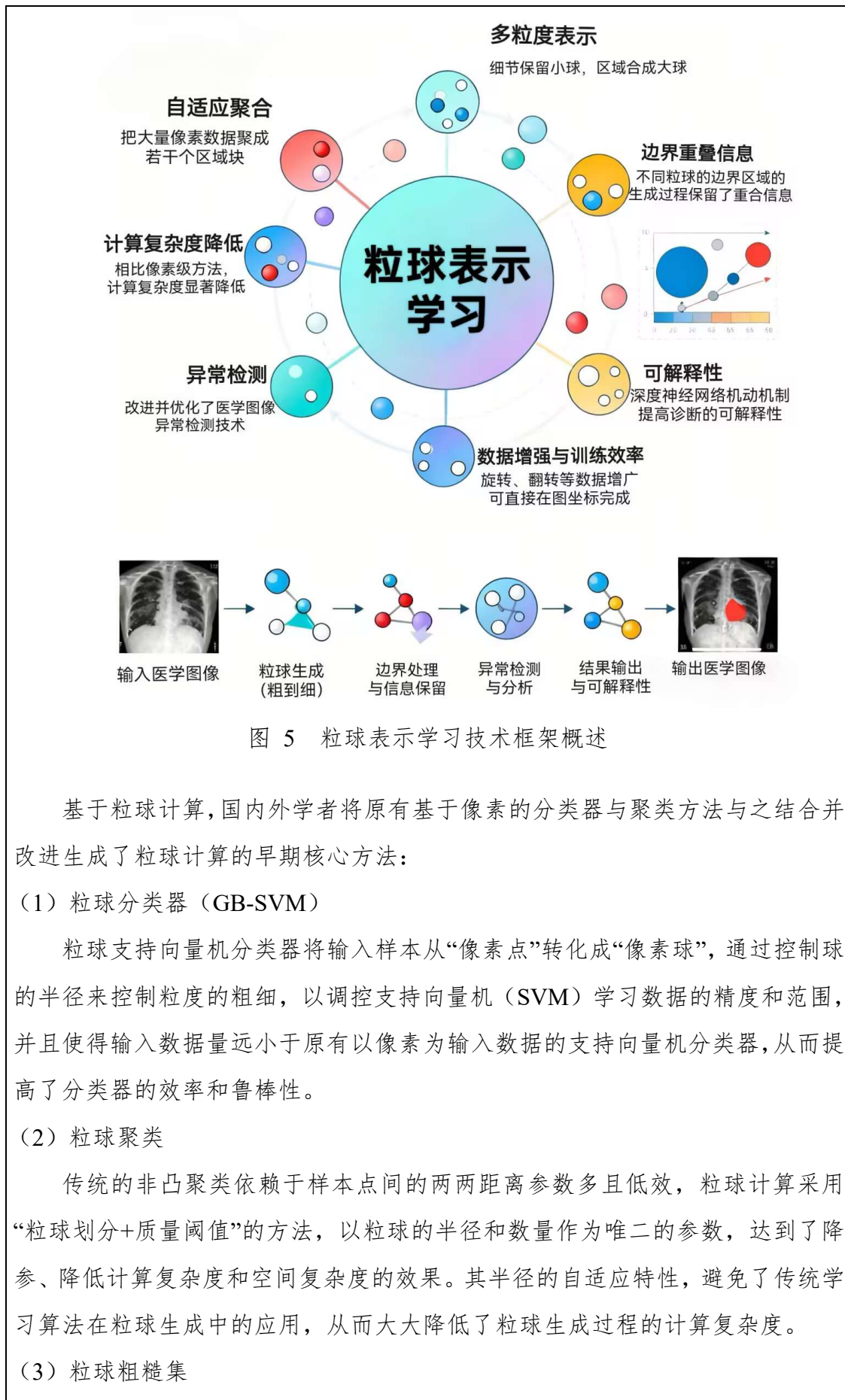


图 5 粒球表示学习技术框架概述

基于粒球计算,国内外学者将原有基于像素的分类器与聚类方法与之结合并改进生成了粒球计算的早期核心方法:

(1) 粒球分类器 (GB-SVM)

粒球支持向量机分类器将输入样本从“像素点”转化成“像素球”,通过控制球的半径来控制粒度的粗细,以调控支持向量机 (SVM) 学习数据的精度和范围,并且使得输入数据量远小于原有以像素为输入数据的支持向量机分类器,从而提高了分类器的效率和鲁棒性。

(2) 粒球聚类

传统的非凸聚类依赖于样本点间的两两距离参数多且低效,粒球计算采用“粒球划分+质量阈值”的方法,以粒球的半径和数量作为唯二的参数,达到了降参、降低计算复杂度和空间复杂度的效果。其半径的自适应特性,避免了传统学习算法在粒球生成中的应用,从而大大降低了粒球生成过程的计算复杂度。

(3) 粒球粗糙集

传统粗糙集通常依赖于单一半径或固定邻域，难以自适应连续的数据，同时又带来了许多重复性计算。粒球粗糙集以多粒度粒球族构造近似与简化，以粗粒度球简化并统一易负样本和特征相仿的样本点，细粒度球补充边界区域的数据信息，实现对边界从粗到细的逐级逼近，既减少冗余，又保持了划分分割的准确度。整体上，粒球粗糙集的方法在连续属性、噪声环境与大样本场景中更高效、更稳定，也更易解释。

对比来看，国外长期在“超像素和区域图与 GNN 和 CNN”的工程体系上进行研究，但受制于单一粒度以及在高算力基础上过分追求像素级精细划分导致的算法和系统性缺陷，比如本文提到的“小病灶被淹没”“弱对比弱边界”“可解释性差”等关键问题。国内以 GBC 为核心提出“自适应多粒度”的统一生成与学习机制，使“结构语义—多尺度—可解释”在同一框架内得到兼顾。二者在目标上具有一致性，都致力于提升图表示质量与图学习性能，但路径不同。

3.2 医学图像异常检测技术

2019 年以来，国内团队围绕“只学正常样本+度量偏离”的弱监督技术方案，推进了医学图像异常检测发展。一方面，引入了自监督预训练与教师—学生蒸馏热图，提高了少标注条件下的异常定位和可视化能力；另一方面，围绕临床高分辨率数据，突破国内算力有限的瓶颈，提出了“轻量、少参数解码器 + 多尺度融合 + 频域增强”的组合方案。上述进展在肝、脑、肺等多部位数据集上在效率与精度的平衡上取得了较为理想的这种结果。逐步形成了以数据定量为主的评测手段，例如 Dice、HD95、FROC，提高了医学图像异常检测算法与系统的复用性。

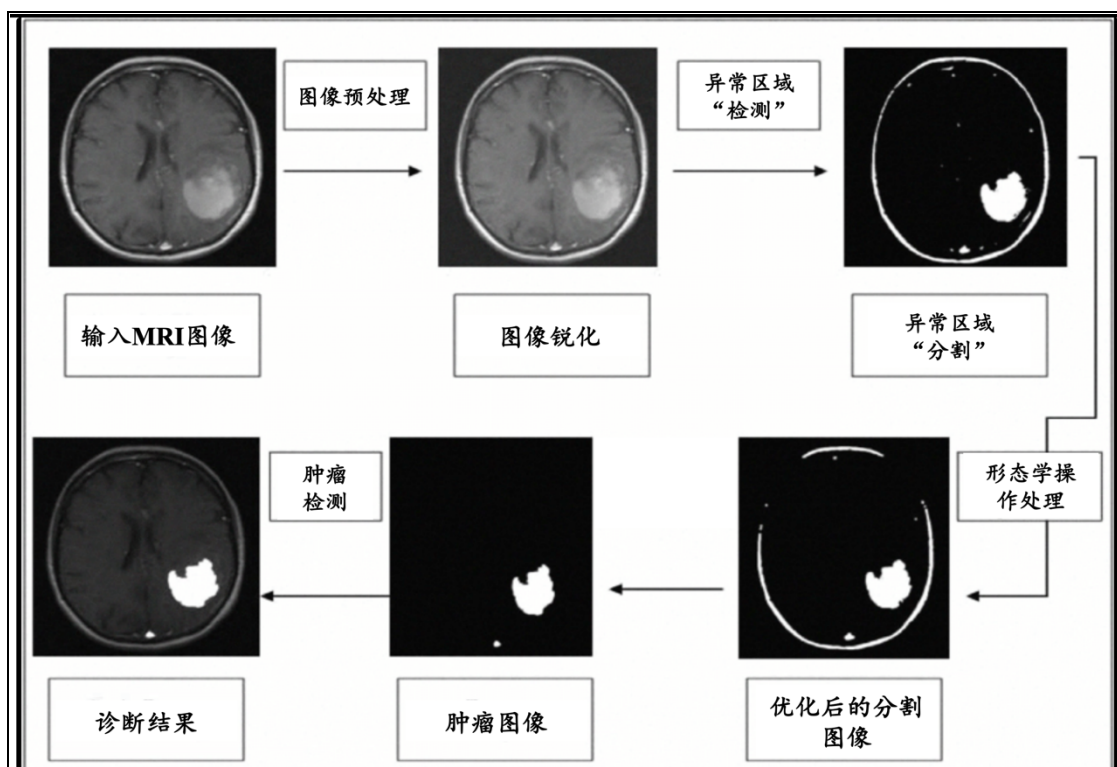


图 6 传统医学图像异常检测检测-分割-诊断流程图

对比来看，国外长期在“生成式与单类学习“GAN+Deep-SVDD”、特征记忆与学生—教师“Student-Teacher”、Transformer 与扩散模型等方向持续深度的进行研究挖掘，并借助大规模预训练与跨模态信息的综合构建了较为完善的技术标准。然而，这个研究方向仍然严重受制于单一粒度、对高算力环境的依赖，从而产生了下述三个问题。对于下述缺陷，国际研究学者做出了技术上的探索，各种弥补方案的尝试于实践，但仍未能解决以算力依赖为核心的问题根源。

(1) 像素级输入神经网络计算效率低，具有高算力依赖性

针对这一问题，国际研究常用 3D 卷积神经网络与 Transformer 混合编码，结合自监督预训练、“粗到细”强化微小病灶与跨尺度结构的刻画。但医学影像“高分辨率、像素量大、异常区域小”的特性，仍使其面临像素级密集计算压力，且对阈值、数据差异以及漏检比较敏感，同时对于小病灶识别的精度与稳定性、鲁棒性提升受限。相比之下，粒球表示学习神经网络以少量“粒球节点”替代大量像素数据，按“从粗到细”准则自适应构建跨尺度粒球图，输入端即完成降维，大粒球概括背景降算，小粒球聚焦边界与微小异常，在低计算预算下兼顾检出率、边界稳定性与可解释性，为小病灶检测提供更具可行性的方案。

(2) 单一粒度输入的低鲁棒性

针对“单一粒度输入导致鲁棒性低”的难题，国际前沿多通过多尺度与层级化表征破解。借助特征金字塔、层次化 Transformer 实现多分辨率特征融合，搭配动态卷积、注意力门控、域自适应、超像素区域建模等手段，缓解弱对比、小体积及跨中心分布差异引发的分割不准问题，以及低鲁棒性问题。但这类方案多依赖预设尺度或离散层级，难以在单幅图像中同时实现背景的自适应合并与真实边界的局部细节强化。并且多尺度融合仍局限于像素级密集计算，背景噪声与“易负样本”干扰未从输入端根除，两阶段 ROI 策略还存在候选漏检风险。相比之下，粒球表示学习神经网络通过自适应聚合，将相邻同质像素形成可重叠的多尺度粒球并构建跨尺度关联，以更少节点承载全局上下文，在边界处自动细化，从输入端完成结构化降维去噪，能在更低算力下同步强化弱对比和小病灶场景的稳健性和鲁棒性。

(3) 可解释性差——以神经网络为基础的单一粒度像素输入算法缺陷

目前的医学图像异常检测技术多以深度学习为算法基础。然而其技术基础——神经网络的端到端、过程“黑盒”特性，往往会使结果的可解释性严重降低。临床诊断对于检测与诊断过程的透明与可解释性具有极高的要求。即便给出 CAM 图像，但仍缺乏更详细、更可信的因果层面解释与证据链。相较之下，粒球表示学习可直接在结果中呈现“关键结构子图”，每个粒球作为节点会保存关键的节点信息如梯度、方差、位置等等，为证据热图的生成提供了直接数据基础。其对于边界重叠数据的保留以及利用注意力读出的方案可以形成更清晰的“证据热图”以供医生进行复合和查验。

4. 研究意义

4.1 理论意义

本项目围绕粒球表示学习神经网络展开研究，核心在于挖掘其在医学图像异常检测领域的理论创新价值。该模型通过自适应聚合同质像素形成粒球节点，并以重叠区域构建邻接结构，突破性实现从像素级到区域级的多粒度表示，既完整保留局部统计特征与空间关联信息，大大提高了**计算效率**，减少了医学图像异常检测对**高算力的依赖**。同时为弱边界刻画、小病灶识别等复杂场景提供了**高鲁棒**

性的表征基础。通过融合频域能量分析、多尺度特征提取与注意力机制优化，粒球表示学习神经网络进一步构建了一体化的技术路径，使异常诊断结果具备明确的可追溯性和**较高的可解释性**。这一研究不仅拓展了粒球表示学习的理论应用边界，而且突破了传统像素级建模的局限，为医学图像异常检测技术的性能优化与可解释性提升提供了新的理论框架与研究思路。

4.2 应用意义

在应用层面，本项目紧扣医学图像异常检测技术在临床应用的核心需求，以粒球表示学习神经网络为基础，面向医学图像异常检测中像素级输入计算效率低、依赖高算力、鲁棒性不足与可解释性不足等缺陷，提出轻量且可解释的“检测—分割—诊断”全过程优化方案。该网络利用粒球图的多粒度特性，可高效适配 CT、MRI 等不同分辨率影像。以大粒球压缩冗余背景、以小粒球聚焦病灶细节，实现对病灶的精准定位与异常的全面检测，并同步输出准确度较高的分割结果与可视化证据。其注意力读出机制能够生成直观的证据图，清晰呈现诊断依据的溯源路径，便于临床医生快速核验结果，在提升智能辅助诊断信任度与效率的同时，为技术落地临床奠定实用基础。

5. 具体目标

5.1 对于像素级输入神经网络计算效率低，具有高算力依赖性的问题

本项目针对“像素级输入神经网络计算效率低、高算力依赖性”的问题，通过粒球将大量像素自适应聚合为少量区域节点，以“大粒球概括背景、小粒球聚焦关键区域”的多粒度策略减少重复计算与显存占用。通过粒球与高效特征映射、轻量化编码相结合的技术，实现不牺牲检测精度的前提下，显著降低模型对高端算力的依赖、提升训练与推理速度的目标。同时，量化的目标是使得模型显存占用量与推理耗时显著降低，数据吞吐量同步提升。

5.2 对于单一粒度输入的低鲁棒性问题

本项目针对“单一粒度输入导致模型鲁棒性不足”的问题，借助粒球自适应生成多尺度区域节点，以大粒球稳定均质区域特征、小粒球精细刻画细节与弱边界

的协同模式，缓解成像噪声、伪影及跨设备、跨中心数据分布差异带来的干扰，结合多粒度特征融合与节点级关系建模强化模型对复杂场景的适配能力。通过粒球与自适应特征校准、跨尺度关联度量相结合的技术，实现不额外增加算力的前提下，提升模型对小病灶的识别稳定性、降低阈值敏感与误检、漏检率的目标。同时，量化的目标是使得模型在跨中心验证集上的 Dice 系数波动减小、HD95 值降低，整体鲁棒性指标显著提升。

5.3 对于诊断结果可解释性差的问题

面向“结果可解释性”提升，项目以粒球+注意力读出形成“证据子图”，通过重叠建边保留器官—病灶之间的过渡区，连贯的结构化证据，生成“证据热图”，便于医生复核与追踪溯源。该机制同时服务于临床沟通，增强医学图像异常检测技术在临床诊断应用的可信度，为智能随访与影像档案管理提供可解释的数据基础。

参考文献

- [1] Litjens G, Kooi T, Bejnordi B E, et al. A survey on deep learning in medical image analysis[J]. *Medical Image Analysis*, 2017, 42: 60-88.
- [2] Shen D, Wu G, Suk H I. Deep learning in medical image analysis[J]. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 2017, 19: 221-248.
- [3] 中国医疗机构影像科现状调查报告(2024)[R]. *中国医学影像学杂志*,2024.
- [4] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[C]//*International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer, 2015: 234-241.
- [5] Castelvechi D. Can we open the black box of AI?[J]. *Nature*, 2016, 538(7623): 20-23.
- [6] Zech J R, Badgeley M A, Liu M, et al. Variable generalization performance of a deep learning model to detect pneumonia in chest radiographs: a cross-sectional study[J]. *PLoS Medicine*, 2018, 15(11): e1002683.
- [7] AI 医学影像诊断现状报告[R]. 国家卫生健康委员会,2025.
- [8] Achanta R, Shaji A, Smith K, et al. SLIC superpixels compared to state-of-the-art superpixel methods[J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2012, 34(11): 2274-2282.
- [9] Stutz D, Hermans A, Leibe B. Superpixels: An evaluation of the state-of-the-art[J]. *Computer Vision and Image Understanding*, 2018, 166: 1-27.
- [10] Zadeh L A. Toward a theory of fuzzy information granulation and its centrality in human reasoning and fuzzy logic[J]. *Fuzzy Sets and Systems*, 1997, 90(2): 111-127.
- [11] Kipf T N, Welling M. Semi-supervised classification with graph convolutional networks[C]//*International Conference on Learning Representations*, 2017.
- [12] Zhou J, Cui G, Hu S, et al. Graph neural networks: A review of methods and applications[J]. *AI Open*, 2020, 1: 57-81.
- [13] He H, Garcia E A. Learning from imbalanced data[J]. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 2009, 21(9): 1263-1284.
- [14] Buda M, Maki A, Mazurowski M A. A systematic study of the class imbalance problem in convolutional neural networks[J]. *Neural Networks*, 2018, 106: 249-259.

- [15] Geirhos R, Jacobsen J H, Michaelis C, et al. Shortcut learning in deep neural networks[J]. *Nature Machine Intelligence*, 2020, 2(11): 665-673.
- [16] Karimi D, Salcudean S E. Reducing the hausdorff distance in medical image segmentation with convolutional neural networks[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2020, 39(2): 499-513.
- [17] Karimi D, Rollins C K, Velasco-Annis C, et al. Learning to segment fetal brain tissue from noisy annotations[J]. *Medical Image Analysis*, 2023, 85: 102731.
- [18] Selvaraju R R, Cogswell M, Das A, et al. Grad-cam: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization[C]//*Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*, 2017: 618-626.
- [19] Tjoa E, Guan C. A survey on explainable artificial intelligence (XAI): Toward medical XAI[J]. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 2021, 32(11): 4793-4813.
- [20] Campanella G, Hanna M G, Geneslaw L, et al. Clinical-grade computational pathology using weakly supervised deep learning on whole slide images[J]. *Nature Medicine*, 2019, 25(8): 1301-1309.
- [21] 健康中国2030规划纲要[R]. 中共中央、国务院, 2016.
- [22] Wang G, Yang J, Xu J. Granular computing: From granularity optimization to multi-granularity joint problem solving[J]. *Granular Computing*, 2017, 2(3): 105-120.

2. 项目拟解决的关键科学问题，研究内容、总体框架、重点难点、主要目标（此部分为重点阐述内容）

1. 项目拟解决的关键科学问题

本项目围绕医学影像“检测—分割—诊断”整个流程，准备聚焦三类相互关联的关键科学问题：一是面对高分辨率、多序列且类别极不平衡的数据，研究如何用自适应多粒度表征代替像素级输入，在有限算力下，大幅压缩数据量，提高模型的计算效率；二是针对单一粒度输入下医学图像异常检测分割阶段鲁棒性差的问题。面对采集噪声、伪影以及跨设备差异带来的弱边界和小病灶难检出等难点，探索如何构建以粒球表示学习为基础的，能兼容多尺度的鲁棒分割表示与学习机制，稳定描述异常的边界和纹理，降低对分割阈值的敏感度，减少漏割、错割情况；三是在端到端深度模型可解释性不足，思考如何将具有显式证据和可溯源的粒球表示学习引入神经网络模型，让诊断结果和可复核的证据明确对应，形成从粗到细可追溯的证据链，进而大幅提高医学图像异常检测诊断结果的可解释性。为解决这些难题，项目会以粒球表示学习为核心，研究粒球自生成与建边、节点统计特征。

2. 重点难点

（一）面向效率的检测阶段模型

技术上，用粒球表示学习代替传统的像素级输入，构建“先整体粗略、后局部精细”的自适应多粒度覆盖方式。用质量阈值和方差、纯度标准，把大面积相同的背景自动合并成大粒球，把可疑和细节部分细化成小粒球，让少量稳定的节点来记录主要信息，再通过优先重叠的方式建立连接形成稀疏粒球图。这样计算时，就从按像素卷积变成按节点和稀疏边传递信息，从源头上减少显存和算力的需求。

难点有三个，一是对阈值和停止标准的设定要精准，要在“分割太细导致计算量暴增，或者合并太粗导致细节丢失”之间找到平衡；二是数据中类别极

度不平衡，容易分类的负样本对损失影响大，使得召回率和精度的平衡更难；三是工程方面的并行计算和缓存重复利用，要在大体积数据上实现细化、快速统计和分块推理。

总体目标是，在保证能把需要检测的异常可疑小粒球充分保留的同时，把大部分计算集中在有高价值的小粒球子图上，实现“用更少计算单元，达到相同甚至更高检测灵敏度”的效率提升。

(二) 高鲁棒性的异常分割

利用粒球在边界处形成的“密集小球和重叠建边”，清晰显示弱对比和过渡关系。通过多粒度图的生成，把大粒球提供的区域整体信息和小粒球承载的精细结构融合，并且在分割输出端引入邻接关系清晰并且显式输出边界的损失函数，稳定描绘连续的轮廓，降低对分割阈值的敏感度，减少漏割和过度分割的情况。

难点主要有两方面：一是采集的噪声、伪影和低对比造成边界模糊，会放大像素级输入的不稳定，要求模型在输入层面就能有“平滑但不模糊边界”的结构表达；二是不同设备、不同中心的风格差异带来的域偏移，要求分割的表征在统计和空间结构上都能够迁移适用。

(三) 提高以神经网络为基础的诊断结果可解释性

把像素组织成空间连续、统计稳定的粒球节点，在重叠的边上保留器官和病灶的过渡信息，通过注意力读出的方式输出形成结构化的“证据子图”，并把节点、边的权重稳定地反投影到像素区域生成证据热图，让诊断结论和可复核的证据一一对应，最终以“结论—证据—置信度”的形式输出。

难点首先是注意力可解释性的可信度提高，要避免模型捕捉训练数据里的偶然关联，而不是真正的病灶线索；其次是证据的可追溯和一致性，要求从图空间到像素空间的映射在不同视图、序列下保持稳定，并且和分割、检

测结果对齐；最后是在小样本和外部数据情况下的校准和不确定性量化，既要给出可靠的置信区间，又要在不同设备的数据上保持证据表述的一致。

整体目标是在保持诊断性能的同时，提供临床能读懂、能核查、能追踪的证据链条，提升结果的可信度和实际应用价值。

3. 总体框架

基于粒球表示学习神经网络的医学图像异常检测模型总体框架

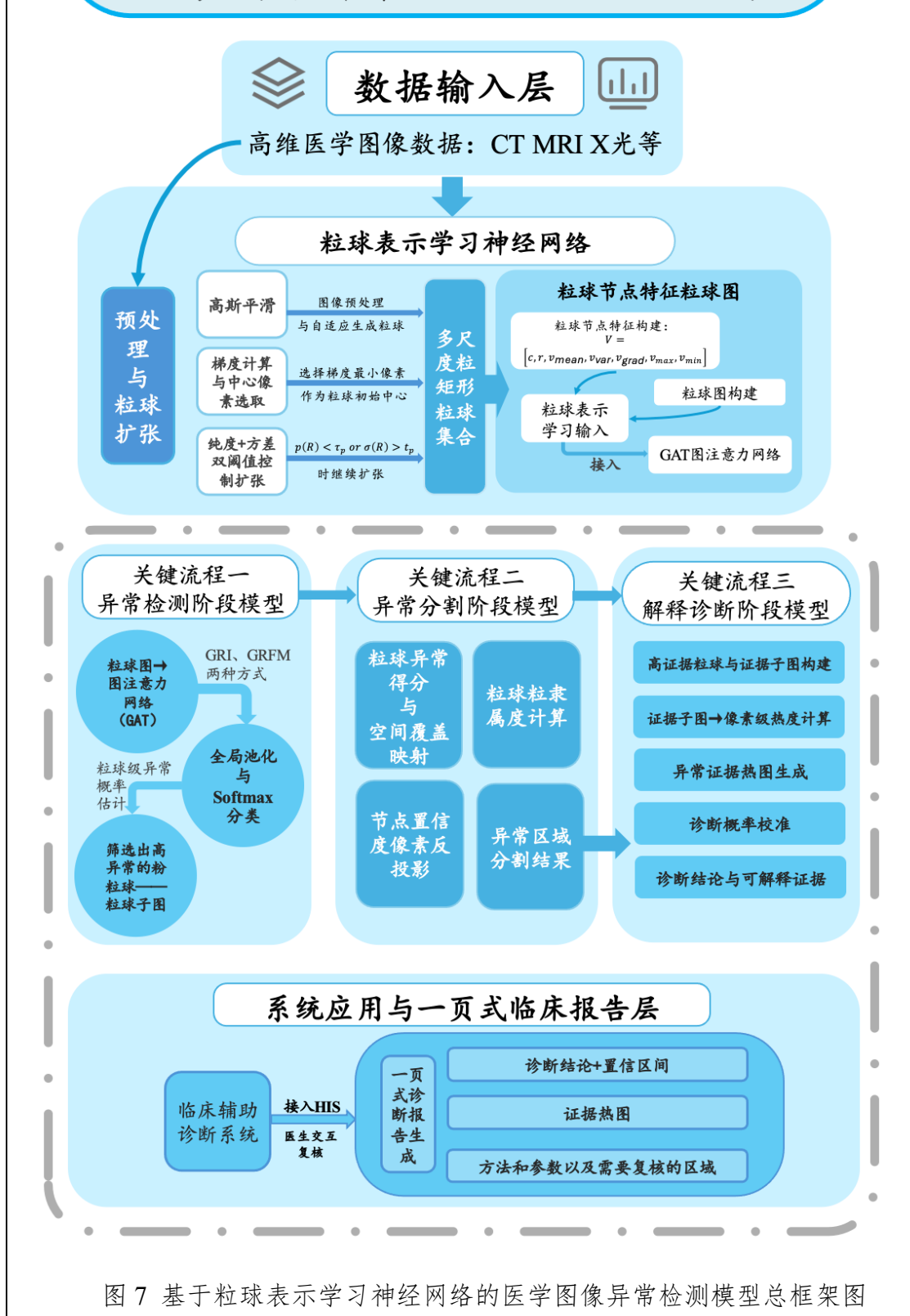


图 7 基于粒球表示学习神经网络的医学图像异常检测模型总框架图

本项目拟构建一个高效、鲁棒、可解释的医学影像异常诊断系统，整体由粒球生成与图构建、异常检测、分割、诊断与报告、系统开发五个模块构成，模块之间数据与模型主干共享，形成“检测→分割→诊断”的一体化流水线。

3.1 粒球表示学习的神经网络

对输入影像执行“先粗后细”的粒球自适应生成。同质像素区域自动合并为大粒球，可疑异常与边界区域细化为小粒球。然后以空间重叠关系连边形成稀疏粒球图。该模块输出统一的粒球节点与重叠建边结构化表示，作为检测、分割与诊断三项任务的共同输入并接入图注意力神经网络（GAT），实现对高分辨率影像的高效压缩，减少对高算力的依赖，提高计算效率与速度。

3.2 粒球表示学习神经网络异常检测

在粒球图上以轻量注意力聚合获取节点嵌入，计算各个节点的异常分数并产生候选异常粒球与候选子图，仅对候选子图执行判定与更新。该设计在保证高召回率的同时显著降低显存与计算量，为后续分割与诊断提供高价值、低冗余的输入。

3.3 粒球表示学习神经网络异常分割

复用同一粒球图主干，对候选子图和异常区域进行分割读出。凭借“密集小粒球和重叠建边”，系统能够保留弱对比边界的渐变关系，结合邻接一致性与包含边界信息的损失函数，输出连贯、抗噪的病灶掩膜。必要时在像素域做轻量细化比如 CRF 或者引导滤波，在精度与速度之间取得平衡。

3.4 粒球表示学习神经网络异常诊断

对粒球图中异常粒球信息进行读出，同时利用注意力和节点分数构建证据子图，并按粒球覆盖关系反投影生成证据热图。结合温度标定和随机失活等方法给出置信区间。最终形成“结论—证据热图—置信度”的一页式临床报告，支持临床核查与追踪。

3.5 系统开发

系统开发阶段，我们采用“后端推理服务、前端可视化客户端”的工程体系。后端实现粒球生成、图推理与三任务头的统一接口，支持批量处理与分块并行。

前端提供数据导入、参数配置、候选预览、分割掩膜与证据热图展示、报告导出等功能。系统将于代表性数据集与院内样本上进行精度、计算效率、显存占用、跨中心泛化与鲁棒性评测，确保在真实临床流程中稳定、可复用、可扩展。

3. 【理工医科】拟采取的研究方案及可行性分析（包括研究方法、技术路线、实验手段、关键技术等说明）；【哲学社会学科】思路方法（本课题研究的基本思路、具体研究方法、研究计划及其可行性等）

1.研究方案

本方案围绕一个核心技术、三个关键流程的核心思路展开研究。按照总体实施方案，本项目拟研究的技术、模型、及路线等内容如下：

1.1 核心技术：基于粒球表示学习的自适应多粒度表示与图构建

（一）自适应粒球生成与质量约束

在图像预处理阶段，首先对原始图像执行高斯平滑操作以抑制噪声干扰，随后计算图像梯度分布，以梯度强度最小的像素点作为初始中心，自适应扩张形成矩形粒球（granular-rectangle）结构。此扩张过程遵循“先粗后细”的动态调整逻辑顺序，通过纯度与方差双阈值机制实现生长与终止的精准控制。如图 12 所示，以中心点 (x_c, y_c) 为起点，沿水平与垂直方向逐步扩展区域 R 。每次扩张后，需评估区域的纯度 $p(R)$ 。此处纯度定义为“正常像素”也就是灰度值与中心像素差异处于较小范围的像素，在区域总像素数 N 中的占比：

$$p(R) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \delta(f(c_i), f(c_k)) < thr_1 \quad (1)$$

当区域纯度 $p(R)$ 低于阈值 thr_1 时，继续对区域进行扩张。式中 $f(c_k)$ 与 $f(c_i)$ 分别对应区域中心像 c_k 与任意像 c_i 的灰度值， δ 函数的定义为：

$$\delta(f(c_i), f(c_k)) = \begin{cases} 1, & \text{if } |f(c_i) - f(c_k)| = \text{var}, \text{var} < \text{thr}_2 \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

其中var表示像素 c_i 与中心像素 c_k 之间的灰度绝对差值。若像素的灰度差小于预设阈值 thr_2 ，则该像素被判定为“正常像素”。若区域纯度 $p(\mathbf{R})$ 未达到预设阈值 thr_1 ，区域会继续扩张；反之，扩张过程终止，且区域 \mathbf{R} 内的所有位置都会被标记为已访问。这一机制可确保仅对均匀性足够高的区域进行扩展。

在表征层面，粒球生成需同时达成“覆盖范围最大化、粒球数量最小化、信息损失最低化”的多目标优化要求，并受“质量阈值 T ”的硬性约束，可表示为：

$$\begin{aligned} f(x, \vec{\alpha}) &\rightarrow g(GB, \vec{\beta}) \\ \text{s.t. } \min &\frac{n}{\sum_{i=1}^k |GB_i|} + k + \text{loss}(GB) \\ \text{s.t. } &\text{quality}(GB_i) \geq T \end{aligned} \quad (3)$$

该定式明确以“粒球”替代传统像素作为基础学习单元，其中阈值 T 限定最小粒度规模，粒球半径则根据图像局部特征自适应调整，实现了处理效率、抗干扰能力与信息保真性的三者平衡。图12完整呈现了“平滑→梯度计算→中心选择→粒球扩张→阈值控制→拓扑建边”的闭环处理流程，为算法的工程化落地与复现提供了清晰指引。图12中图中三种粒球的颜色分别对应三种样本点颜色分别表示三类类别标签。其中图(a)展示了第一次迭代生成的粒球，数据标签3类，所以总共有3个粒球。图(b)是第二次粒球分裂细化后的结构，图(c)-(d)展示了粒球表示学习的中间结果。最后图(e)是最终稳定的结果。图(f)展示了提取出的粒球，也是我们生成的粒球表示图。

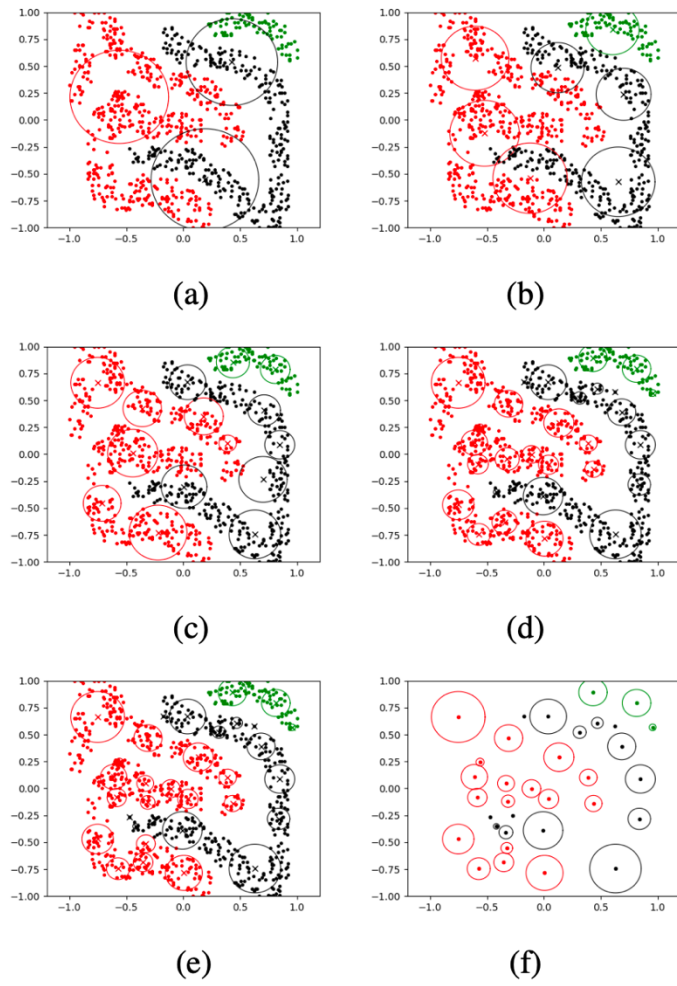


图 8 在 UCI 数据集 fourclass 上的粒球分裂生成过程，纯度阈值为 1

(二) 粒球表示缩减数据规模：粒球表示学习数据作为神经网络模型的输入

当粒球完成全图像覆盖后，采用“重叠即连边”的拓扑构建规则将所有粒球组装为图结构，如图五的示例所示。这种构建方式在保留图像边界细节的同时，显式刻画了局部区域间的相互邻接关系，为后续子空间特征聚合与后续分割任务的学习奠定基础。每个粒球节点的低维特征向量定义如下式所示：

$$V = [c, r, v_{mean}, v_{var}, v_{grad}, v_{max}, v_{min}] \quad (4)$$

其中 $c = (c_x, c_y)$ 表示粒球中心位置， $r = (r_w, r_l)$ 描述粒球尺度参数，各统计

量均基于原始图像对应区域计算，由纯度的阈值约束保证区域内像素特征近似同质，通过这种方式极大压缩了输入数据维度，同时增强了特征的统计的稳定性。

此外，对于“重心与半径”的统计定义我们用以下公式进行定义：

$$C = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i, \quad r = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |x_i - C| \quad (5)$$

阈值 T 是控制粒球最细粒度的唯一的下界参数，半径参数全程自适应生成，必要时可通过算法优化进一步消去 T 的人工设定的依赖，从而实现完全自适应生成粒球，保障了粒球表示学习的高效性和鲁棒性。上述粒球节点特征与拓扑结构可直接输入图注意力网络（GAT）进行特征读出，其整体结构如图 9 所示通过 GRI 或 GRFM 双路径输入，然后进行 GAT 特征聚合和全局池化最后通过 Softmax 神经网络算法进行检测和分类。

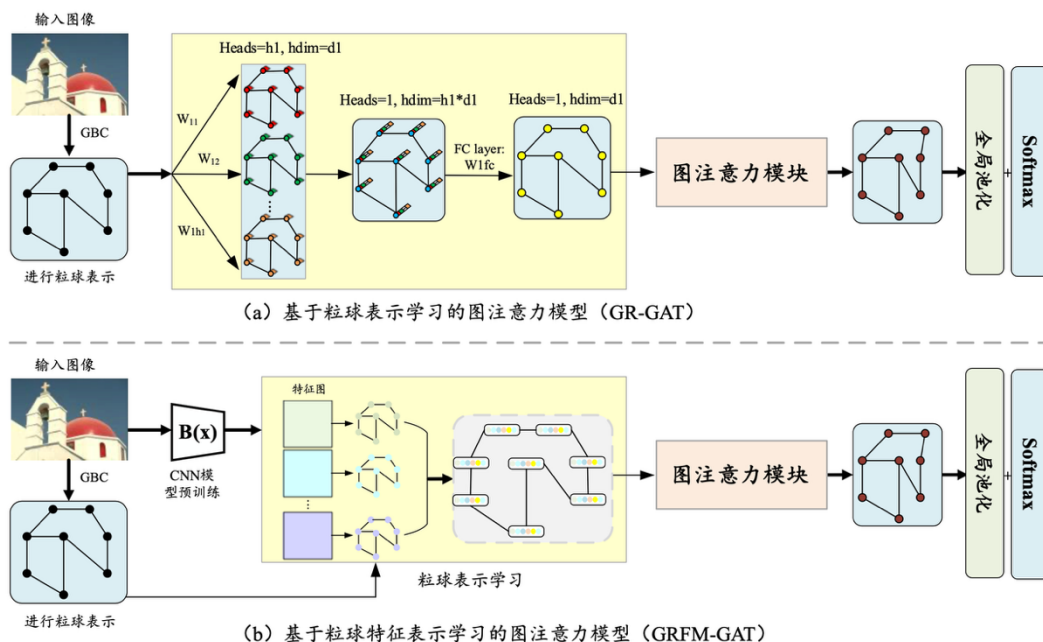


图 9 粒球表示学习神经网络整体框架

1.2 关键流程一：粒球表示学习神经网络的医学图像异常检测阶段

检测阶段直接基于“粒球图”完成：图像先被转化为由多尺度矩形区域构成的节点集合，通过空间重叠关系建立节点间的边，以多粒度的粒球信息替代像素作为计算基本单元，再接入图注意力网络（GAT）→全局池化→Softmax 层，最终输出异常概率，具体流程如图 9 所示。

由于粒球节点对应的区域内像素由纯度约束保证特征相似性，仅需低维向量即可描述节点属性。相比直接在图像上构建粒球图的 GRI 方法，先在预训练 CNN 特征图上成图再接入 GAT 的 GRFM 方法，收敛速度更快、泛化性能更优。检测效率的理论支撑，来自构图流程的复杂度分解：梯度计算复杂度为 $O(N)$ 、梯度幅值排序为 $O(N \log N)$ 、结构区域搜索为 $O(kN)$ ——全程仅需阈值比较，避免了海量冗余的距离计算。

这套机制，与后续在粒球图上以轻量注意力聚合获取节点嵌入，计算异常分数并筛选候选异常粒球/子图，仅对候选子图执行判定更新”的设计形成呼应，既通过少节点、强结构的粒球表示，大幅减少了像素级输入带来的背景冗余与重复计算，又能将计算资源聚焦于候选区域，在保证高召回率的同时降低显存与算力依赖，为后续分割、诊断环节提供高价值的输入。

1.3 关键流程二：融合粒球表示学习神经网络的异常分割阶段

分割环节全程依托粒球表示学习神经网络构建的“粒球图”推进，核心流程为“节点信息读取→像素域反投影”，极强的分割鲁棒性是其最核心的技术优势。该网络通过聚合特征相似像素形成粒球，粒球间采用重叠建边的关联方式，这种结构天然具备捕捉边界区域特征渐变与局部关联的能力——即便面对医学图像中常见的对比度低、体积小、边界模糊等复杂情况，也能凭借这种结构化关联突破传统分割技术的局限，实现高鲁棒性的精准分割，有效抵御图像噪声、特征变异带来的干扰。

在处理过程中，图像边缘、病灶边界等关键区域会被自动聚合为密集的小粒

球，进行精细化特征刻画，大面积均匀背景则仅需少量大粒球即可概括，如图 10 所示。这种“多粒度”处理方式既将图像信息量压缩一个数量级，又完整保留了核心结构细节，通过聚焦关键区域、过滤冗余干扰，强化了分割的鲁棒性，完美契合粒球表示学习“聚焦关键、精简冗余”的核心思路。

在粒球图域得到的节点异常分数，可依据粒球的空间覆盖范围映射回像素区域。为进一步提升分割鲁棒性，明确每个粒球对分割掩膜的贡献权重，综述结合粒球表示学习特性定义了“粒球隶属度”，即对粒球内所有像素的隶属度取平均，公式为：

$$\mu(\text{GB}) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mu(x_i) \quad (6)$$

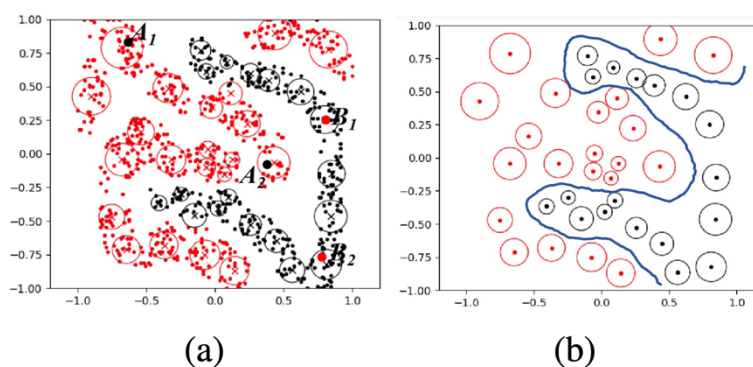


图 10 粒球表示学习对边界和边缘的小粒球处理展示图

通过这一方式，节点置信度能被传递到像素层，有效规避局部像素对分割结果的影响，既保证了分割轮廓的连贯性，又兼顾了细节的保留，进一步巩固了高鲁棒性优势。在实践应用中，还可结合粒球表示学习输出的粒球位置、尺度等属性，对反投影过程做权重的调节，比如依据中心位置、尺度大小限定影响范围，精准适配不同形态、大小的异常区域，有效减少“漏分割”或“过度分割”问题，让分割鲁棒性在各类复杂临床场景中持续生效。

1.4 关键流程三：基于粒球表示学习的医学图像异常检测诊断阶段

诊断环节的核心优势的在于极强的可解释性，全程以“粒球”为核心载体，让模型诊断逻辑可追溯、结论可验证。首先，从粒球图中筛选出异常程度高的粒球，结合模型输出的注意力分数，保留这些关键粒球间的重要关联，构建一张“证据子图”——这一步相当于把模型判断异常的核心依据，以结构化的方式明确呈现。接着，将这张证据子图反投影到原始图像，生成直观的证据热图：热图中亮度越高的区域，代表模型判定该区域与异常相关的置信度越强。针对 CT、MRI 等三维数据，可按关键切片或投影视图叠加热图展示，让医生快速锁定重点关注区域，清晰知晓模型的判断焦点。

为了让热图的“亮度”具备明确的计算依据，确保可解释性有量化支撑，我们通过加权公式将粒球证据精准投射到像素层面：

$$H(p) = \frac{1}{Z_p} \sum_{i: p \in GB_i} w_i \gamma_i \quad (7)$$

其中， $H(p)$ 表示像素 p 的热度值， γ_i 是第 i 个粒球的证据分数，比如异常概率、注意力强度等核心指标， w_i 是与粒球大小、中心距离相关的权重系数， Z_p 为归一化项。直观来看，一个像素若被更多高证据分数的粒球覆盖，且这些粒球的权重越高，其热度值就越高——这种量化逻辑让热图的每个亮度细节都有迹可循，避免了端到端的“黑箱式”判断。

为进一步强化诊断结论的可信度与可解释性，我们增加了双重保障：一是通过温度标定对模型输出的概率进行校准，使其更贴近临床实际情况；二是在推理阶段引入多次随机失活操作，让模型从不同角度进行判断，再综合多次结果给出诊断结论的置信区间——相当于给结论附上“可靠性说明”，让医生清晰了解模型判断的稳定程度。

最后，将所有信息整合为一页式临床报告，兼顾实用性与可解释性：上半部分明确给出诊断结论，同步标注对应的概率值与置信区间，让医生知晓结论的可靠程度；中间区域展示叠加在关键切片上的证据热图，并标注核心“证据粒球”的位置，直观呈现模型判断的核心依据；下半部分简要说明诊断所采用的方法及关键参数，同时标记需要重点复核的区域。这份报告完整涵盖“结论—证据热图—

置信度”三大核心模块，既让医生快速获取诊断结果，又能清晰追溯模型的判断逻辑，为临床核查与后续追踪提供了有力支撑。

2.系统搭建

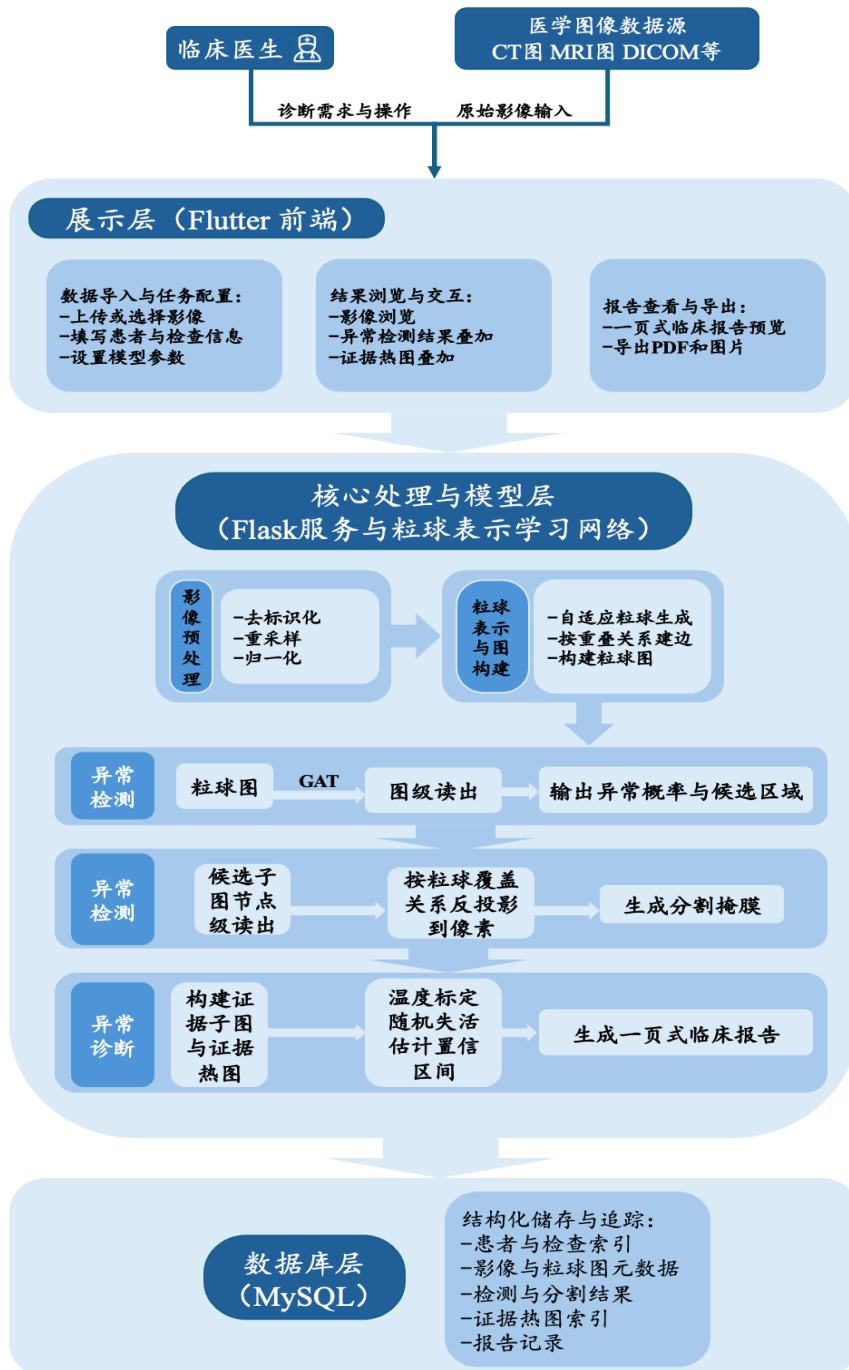


图 11 系统搭建图

2.1 系统架构设计

2.1.1 概述

本系统是一个医学影像异常诊断系统，依托粒球表示学习神经网络，面向“检测—分割—诊断”全链条，支撑 CT、MRI 等多源影像的高效处理与可解释输出。系统分为四个层次：数据库层、操作层、业务层、展示层。

2.1.2 组件

影像预处理模块：DICOM 导入、去标识化、重采样、归一化。

粒球表示与图构建模块：自适应生成粒球，以重叠关系建边形成粒球图。

异常检测模块：基于粒球图的 GAT 主干全局池化与 Softmax 输出异常概率。

分割模块：节点级分数在图域读出并按覆盖关系反投影到像素域，生成异常分割掩膜。

诊断与报告模块：注意力与节点分数构建证据子图，生成证据热图；温度标定与随机失活给出置信区间，输出“一页式临床报告（结论—证据热图—置信度）”。

用户界面：使用 Flutter，提供数据导入、参数配置、结果展示与报告导出。

数据库：使用 MySQL，存储影像索引、结构化特征、推理结果与报告。

服务器和网络：支持模型推理与数据传输。

2.2 数据流和处理流程

2.2.1 数据输入

系统接收医学影像数据，如 CT、MRI 等，及其元数据与基础标注，支持批量导入与在线上传。

2.2.2 数据处理

预处理：去标识化、重采样、归一化，形成标准化体/片。

粒球表示与图构建：自适应聚合同质像素生成粒球，以重叠关系连边，得到粒球图。

异常检测：粒球图输入 GAT→全局池化→Softmax，输出异常概率并筛选候选区域。

分割：在候选子图上进行节点级读出，按粒球覆盖关系反投影生成分割掩膜。

诊断与证据：读出注意力与节点分数构建证据子图并生成证据热图；温度标定与随机失活估计置信区间；形成一页式报告。

2.2.3 结果输出

系统输出异常检测结果、分割掩膜、证据热图与带置信区间的临床报告，并通过前端可视化展示，支持结果下载与追踪。

2.3 技术选型

2.3.1 编程语言和框架

后端：Python 的 Flask 框架（提供数据与推理服务接口）。

前端：Flutter 框架（跨平台 UI）。

2.3.2 数据库技术

数据库：MySQL，用于存储影像索引、图结构元数据、推理日志与报告。

2.4 系统详细设计

数据库层：

存储患者与检查序列索引、粒球节点与边的结构化信息、模型版本与参数、推理结果例如检测分数、分割掩膜索引、证据热图索引、报告记录。

操作层：

提供影像与结果的增删查改接口；任务队列与批处理接口；模型推理与报表生成接口；权限与审计日志。

业务层：

- 1.影像预处理服务：导入、标准化。
- 2.粒球表示与图构建服务：自适应生成、重叠建边。
- 3.检测服务：GAT 读出异常概率，候选区域筛选。

4.分割服务：图域读出→像素反投影，生成掩膜。

5.诊断与报告服务：注意力证据子图、证据热图、温度标定与随机失活置信区间、一页式临床报告生成。

展示层：

Flutter 界面实现影像浏览、参数配置、检测与分割结果叠加显示、证据热图可视化、报告预览与导出。

2.5 系统实现

后端实现：

采用 Flask 构建 RESTful 服务，封装预处理、粒球图构建、检测/分割/诊断推理与报告生成接口；支持批量推理与任务排队。

前端实现：

采用 Flutter 实现上传/导入、参数设置（阈值、Top-K 等）、结果可视化（掩膜与证据热图叠加）、报告查看与导出。

数据库实现：

采用 MySQL 管理核心表（患者/检查、影像索引、粒球节点/边、推理记录、报告记录），与后端服务联动，保障数据一致性与可追踪性。

3.可行性分析

3.1 理论可行性

医学图像异常检测面临“低效率、低鲁棒性、可解释性差”三大核心痛点，其关键在于传统方法难以兼顾计算成本、分割的准确性与鲁棒性与诊断的可解释性。本项目以粒球表示学习神经网络为核心技术支撑，通过自适应聚合相邻同质像素形成粒球节点，并以重叠建边构建结构化图模型，精准化解平衡这一问题。检测阶段借助大粒球概括均匀背景、小粒球聚焦疑似异常区，从源头减少冗余计算与显存占用，大幅提升处理效率；分割阶段利用边界区域的密集小粒球与重叠拓扑结构，捕捉弱对比区域的特征渐变，保障分割轮廓的连续性与稳定性，强化鲁棒性；诊断阶段融合注意力机制与节点分数筛选关键粒球，构建证据

子图并反投影生成直观热图，再通过温度标定与多次随机失活输出置信区间，最终整合为“结论—证据—置信度”一页式临床报告。这套以粒球为核心的技术路径，实现了“检测—分割—诊断”全链条的高效、高鲁棒、强可解释性，在理论逻辑与实际应用中均与医学图像异常诊断的核心需求高度契合。

3.2 技术可行性

本项目核心技术均基于成熟领域且创新路径清晰：粒球计算的理论，如粒球生成算法、粒球构建逻辑，已由国内团队验证并应用于图像分析；团队提出的“粒球表示学习神经网络”模型，都是基于成熟框架的优化创新，而非无依托的全新探索。系统研发层面，拟采用国内普及的 **Vue3.0** 框架搭建前端以保障临床使用便捷性，后端选用高效的 **Java Spring Boot** 框架以适配算法部署与数据交互，以 **MySQL** 存储影像数据与诊断报告，服务器部署可依托云平台实现灵活扩展，相关技术栈均有丰富开源资源与实践案例支撑，技术落地难度低，可行性强。

3.3 团队可行性

本项目组的指导老师是四川大学副研究员、硕士生导师，近年来一直从事不确定性异常检测关键技术研究，在国际国内权威学术期刊和会议发表论文 **60** 余篇，是多个国际重要期刊的审稿人，主持国家或省部级项目多项，曾指导多项大创项目，具有丰富的指导经验。

本项目组成员均来自计算机学院（软件学院、智能科学与技术学院），其中包含一名计算机金融双学位的成员，成员们专业能力与学习能力较强，均具有强烈的科研热情，对异常检测领域有浓厚的兴趣，并且组内成员均熟悉 **Python**、**C/C++**、**Java** 等主流编程语言，对相关模型已有预先了解。项目负责人与第一成员均为 **2023** 级计算机科学与技术拔尖计划的学生，具有扎实的科研基础。组内第二成员为计算机学院（软件学院、智能科学与技术学院）树人班学生，曾获国家奖学金，综合能力扎实。在前后端搭建方面，组内成员也富有经验，相关成员曾为四川大学中国联通网点编写管理系统，具有丰富项目经历。

4. 本项目的特色与创新点（建议 2-3 点）；

本项目的特色创新点如下：

1. 提出基于粒球表示学习的神经网络模型

本项目提出了一类以“粒球表示学习（Granular-Ball Representation Learning, GBRL）”为核心的全新神经网络模型，实现了图像由粗到细、自适应、多粒度的结构化表达。

传统视觉模型都是直接用像素作为输入，在医学图像这类“分辨率高、异常区域特别小、背景冗余数据极多”的场景中，很容易出现问题，比如大量像素级数据输入导致计算效率低下、单一粒度输入导致异常检测鲁棒性差以及以神经网络为算法基础的检测模型生成结果的可解释性差的缺陷。而粒球表示学习借鉴了认知科学中“先看整体、再看细节”的视觉认知机制，能自动把空间上靠近、统计属性相似的像素，聚合成不同尺度的“粒球单元”。这些粒球的大小和数量不是固定的，而是通过纯度、方差等客观规则自动调整，大面积的简单背景会被快速压缩成少量大粒球，而结构复杂、可能存在异常的局部区域，则会用细粒球来精细表示，自然形成了数据的多层级表达。

每个粒球单元都有明确的特征描述，比如中心位置、覆盖半径、包含的区域范围、统计特征、频域能量等，同时还能通过粒球之间的重叠关系，构成一张结构化的图（GB-Graph）。由此，网络输入端就不再是杂乱无章的像素集合，而是有清晰结构的多粒度表示，让后续的特征提取和推理过程更高效、更稳定，而且模型的判断依据也能说得明白。

除此之外，这种方式大幅减少了输入网络的单元数量，让模型的计算量和内存消耗显著下降，为医学影像这类“大尺寸、三维结构、多切片”的高负载任务，提供了一套通用、轻量化、容易部署的基础表征框架。值得注意的是，粒球表示学习在本项目中不只是简单改变了输入层的形式，而是成为了支撑整个系统的核心基础，让后续所有算法天然具备低计算成本、高鲁棒性、强可解释性等关键优势，在国际相关研究中具有明显的原创性。

2. 基于粒球表示学习神经网络的医学图像异常检测模型

2.1 异常检测阶段模型

基于粒球表示学习神经网络模型，本项目对于医学图像异常检测技术中检测阶段提出了一个新的具有高效性和低算力依赖的检测模型。

该模型的核心创新点在于，不再沿用传统的像素级输入模式，而是用多尺度的粒球节点作为计算基本单元，通过粒球间的空间重叠关系构建成粒球图。由于粒球内部的像素特征相似性有纯度约束做保障，只需要低维向量就能精准描述每个节点的属性，从根本上解决了像素级输入带来的背景冗余多、重复计算多的问题。

同时，该模型中还设包含了 GRFM 成图方法，先借助预训练 CNN 提取图像的特征图，再基于特征图构建粒球图。和直接在原图上成图的 GRI 方法比起来，这种方式不仅让模型收敛速度更快，而且构图过程中只需要进行阈值比较，经过复杂度分解后，避免了大量冗余的距离计算，从理论上确保了成图的高效性。

除此之外，模型采用“GAT 注意力聚合→全局池化→Softmax”的精简推理流程，再搭配“只对候选异常粒球或子图进行判定更新”的设计，能把计算资源集中用到关键区域上。这样一来，既保证了模型的高召回率，又大幅降低了对显存和算力的需求，真正实现了检测效率与检测精度的双重提升。

2.2 异常区域分割模型

该分割环节的核心创新的是全程基于粒球表示学习神经网络展开，核心流程就是“读取节点信息→反投影到像素域”。该模型最大的技术优势的是分割鲁棒性极强。粒球是通过聚合特征相似的像素形成的，粒球之间又靠重叠关系建立关联，这种结构天生就能捕捉边界区域的特征渐变和局部关联——就算遇到医学图像里常见的对比度低、病灶体积小、边界模糊这些复杂情况，也能凭着

这种结构化关联打破传统分割技术的局限，实现精准分割，还能有效抵抗图像噪声和特征变异带来的干扰。

处理时，图像边缘、病灶边界这些关键区域会被自动聚合成密集的小粒球，进行精细化的特征刻画，而大面积的均匀背景，只用少量大粒球就能概括，这完全契合粒球表示学习“聚焦关键、精简冗余”的核心思路。这种“多粒度”处理方式，不仅能把图像信息量压缩一个数量级，还能完整保留核心结构细节，通过聚焦关键区域、过滤冗余干扰，进一步强化了分割的鲁棒性。

另外，我们还结合粒球表示学习的特性，创新定义了“粒球隶属度”——就是取粒球内所有像素隶属度的平均值，用这个方法把粒球图域里得到的节点异常分数，按照粒球的空间覆盖范围映射回像素区域。这样一来，节点的置信度能传递到像素层，有效避免局部像素对分割结果的影响，既保证了分割轮廓的连贯性，又不遗漏细节，让高鲁棒性的优势更稳固。在实际应用中，还能利用粒球表示学习输出的位置、尺度等属性，调节反投影过程的权重，比如根据中心位置、尺度大小限定影响范围，精准适配不同形态、大小的异常区域，减少“漏分割”或“过度分割”的问题，让分割鲁棒性在各种复杂的临床场景中都能稳定发挥作用。

2.3 异常诊断结果解释模型

该诊断环节的核心创新，是以粒球表示为核心载体，搭建可追溯、可验证的强可解释性体系，打破传统 AI 诊断“黑箱”效应。

首先从粒球图筛选高异常度粒球，结合注意力分数构建“证据子图”，清晰呈现模型判断核心依据；再反投影生成证据热图，亮度越高代表异常置信度越强，三维数据可按切片/投影视图叠加热图，方便医生锁定重点。模型中包含了加权公式，将粒球证据量化投射到像素层，让热图亮度有迹可循。同时增加双重保障：温度标定校准概率，多次随机失活生成置信区间，为结论附上“可靠性说明”。

最后整合为一页式临床报告，涵盖“诊断结论+概率与置信区间、证据热图+核心粒球标注、方法参数+重点复核区域”，既方便医生快速获取结果，又能追溯判断逻辑，为临床核查提供有力支持。

(二) 研究基础与工作条件

1. 项目负责人研究基础（建议 300 字以内）

本项目负责人为四川大学 2025 级（降转）软件学院本科生，专注异常检测、计算机视觉及医学图像领域研究。大一就读建筑与环境学院工科试验班时，学业成绩位列年级第三，具备扎实学术功底。

专业能力方面，负责人熟练掌握主流编程语言，修读机器学习、深度学习等课程，完成斯坦福大学 CS229、CS231N 课程，精通 PyTorch 框架，曾获校优秀学生、综合二等奖学金。外语能力突出，四六级高分通过，曾任校模拟联合国英文委员会副主席。

研究中，负责人深耕粒球表示学习与神经网络技术融合及实际场景应用，持续追踪领域前沿文献。具备优秀团队领导能力，可高效统筹成员协同推进，有信心攻克项目难题、达成目标。

2. 指导教师研究基础（与本项目相关的研究工作积累和已取得的研究工作成绩，建议 300 字以内）；

袁钟，工学博士，四川大学计算机学院（软件学院、智能科学与技术学院）副研究员，硕士生导师。近年来，一直从事不确定性异常检测关键技术研究，研究领域为不确定性人工智能、机器学习及知识发现，具体研究兴趣包括不确定信息处理、粒计算、异常检测及其应用等。目前已在国际国内权威学术期刊和会议上发表论文 70 余篇，担任多个国际重要 SCI 期刊审稿人，申请或授权国家发明专利多项，主持或主研国家或省部级项目多项。

3. 工作条件（建议 200 字以内）

四川大学计算机学院师资雄厚，学科建设成熟，近年来先后承担了国家科技攻关项目、国家自然科学基金项目等国家级和省部委项目 80 多项，累计总科研经费超过四亿元。学院掌握复杂多维信息数字处理技术，与本项目所需技术十分契合。同时，学院配套支持学生科技训练项目，鼓励学生在科研训练过程中提炼科学问题，不断创新，开展相关领域的应用基础、关键技术等方面的深入研究。因此，本项目有良好的工作条件作为依托，能够顺利开展。

（三）承担的与本项目相关的科研项目情况

<p>指导教师曾经和正在承担和参加的省部级以上科研和教改项目情况</p>	<p>1.国家自然科学基金青年科学项目，62306196，模糊粗糙集离群检测模型与算法研究，2024/01-2026/12，30.00 万元，在研，主持。</p> <p>2.四川省科技厅项目，2023YFQ0020，基于粒计算的用电信息异常检测关键技术，2023/01-2024/12，40.00 万元，在研，主持。</p> <p>3.技术开发，23H0660，异常用电行为智能分析技术研究，2023/06-2023/10，43.00 万元，已结题，主持。</p> <p>4.国家自然科学基金面上项目，61976182，基于粗糙集的稳健特征选择方法研究，2020/01-2023/12，61.00 万元，已结题，主研。</p>
<p>负责人之前参与大创项目情况</p>	<p>无</p>
<p>项目成员之前参与大创项目情况</p>	<p>1. 苏泳豪：团队成员，C202413017，领域知识问答能力测评方法研究，院级，面上项目，已结题。</p> <p>2. 苏泳豪：团队成员，202510610016，基于子空间学习的粒网络威胁诊断关键技术，国家级，创新类，已结题。</p>

（四）完成大创项目情况（对负责人负责的前一个大创（项目名称

及编号)完成情况、后续研究进展及与本申请项目的关系加以详细说明。另附该已结题项目研究工作总结摘要和创新点(限200字)和相关成果的详细目录。未承担过的写“无”)。

项目名称及编号	无
完成情况与后续研究进展	无
与本申请项目的关系	无
工作总结摘要及创新点	无

(五) 申请人成果和奖励情况

(请注意:①投稿阶段的论文可以列出;②对期刊论文:应按照论文发表时作者顺序列出全部作者姓名、论文题目、期刊名称、发表年代、卷(期)及起止页码(摘要论文请加以说明);③对会议论文:应按照论文发表时作者顺序列出全部作者姓名、论文题目、会议名称(或会议论文集名称及起止页码)、会议地址、会议时间;④应在论文作者姓名后注明第一/通讯作者情况:所有共同第一作者均加注上标“#”字样,通讯作者及共同通讯作者均加注上标“*”字样,唯一第一作者且非通讯作者无需加注;⑤所有代表性研究成果和学术奖励中本人姓名加粗显示。)

1.代表性成果(包括论文、专利、专著、科创竞赛获奖、学术交流活动、奖学金等,限合计5项)

论文	无
专利	无
专著	无

科创竞赛获奖	中国国际大学生创新大赛（2025）校赛银奖（成员）
学术交流活动	2025 年中国计算机大会
奖学金	负责人：2025 四川大学建筑与环境学院学院综合二等奖学金 第一主研：2024 四川大学长江电力奖学金 2024 计算机学院单项一等奖学金

2.代表性之外成果和奖励（限合计不超过 5 项）。

无

（六）预期成果形式（可多选）

<p>1. <input checked="" type="checkbox"/> SCI 论文 <u>1</u> 篇</p> <p>2. <input checked="" type="checkbox"/> 核心期刊论文 <u>1</u> 篇</p> <p>3. <input type="checkbox"/> 会议论文 <u> </u> 篇</p> <p>4. <input type="checkbox"/> 内部编印期刊论文 <u> </u> 篇</p> <p>5. <input type="checkbox"/> 授权发明专利 <u> </u> 项</p> <p>6. <input checked="" type="checkbox"/> 申请发明专利 <u>1</u> 项</p> <p>7. <input checked="" type="checkbox"/> 创新创业类竞赛获奖</p> <p>8. <input type="checkbox"/> 参加国际国内学术交流活动</p> <p>9. <input checked="" type="checkbox"/> 其他 名称：<u>软件著作权 1 项</u></p>

(七) 项目经费概要 (按申报项目目标任务需要进行预算, 经费执行情况将与结题考核成绩挂钩)

1. 申请经费明细

(1) 仪器设备费 0

(2) 耗材费 2000

(3) 测试加工费 0

(4) 国内会务及差旅费 2000

(5) 国外会务及差旅费 0

(6) 文献/知识产权事务费 5000

(7) 办公费 (含文印、办公用品等) 1000

(8) 其他费用 0

2. 合计 10000

评审情况

指导教师意见:

指导教师 (签名):

年 月 日

学院推荐意见:

主管院长签名:

年 月 日

学校专家评审意见:

组长签名:

年 月 日

学校认定意见及批准经费:

学校负责人签名:

年 月 日