**技术参数**

**一、肺结节CT影像辅助检测软件**

1. 自动识别可疑结节，并标记一个可疑结节所在的范围区域。
2. ★肺结节轮廓自动标记，并可手动调整结节的轮廓。
3. ★自动定位结节所在的肺叶及肺段、胸膜或叶间裂，自动计算结节的肋胸膜距离。
4. ★自动测量结节的最大径、最小径、体积、密度，自动分析磨玻璃结节的质量。
5. 自动对结节进行分型，如实性、部分实性、磨玻璃、钙化、肿块。
6. 自动预测结节的恶性概率，提供高危、低危分级与恶性概率百分比评估。
7. ★自动生成结节密度分布图和结节影像组学等相关信息，包括峰度、偏度、紧凑度、球形度、能量、熵。
8. 具备结节随访功能，自动匹配前后两次检查的同一结节。自动对比结节的参数变化，包括结节的体积、长/短径、CT值、实性占比、恶性概率等。
9. 自动计算肿瘤倍增时间。
10. 自动生成结构化报告，并提供结节随访报告。根据病灶情况，在印象中智能显示指南建议，包括NCCN、LUNG-RADS、Fleischner、亚太肺结节评估指南、肺结节中国专家共识、肺结节亚洲共识等。

**二、科研平台**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **序号** | **功能模块** | **功能参数要求** |
| **一、平台架构** | | |
|  | 系统架构 | 要求基于B/S架构的平台架构设计 |
| **二、课题管理模块** | | |
|  | 创建课题 | 要求支持课题名称、立项日期、课题介绍等信息自定义 |
|  | 编辑课题 | 要求支持课题相关信息编辑，如：日期，参与人等 |
|  | 参与人权限 | 要求支持课题参与者分类，包括管理员、研究员及标记员三类，针对不同类别配置不同权限 |
|  | 课题管理 | 要求支持课题删除、结题等操作 |
|  | 课题类型 | 要求支持影像科研和临床科研两类课题类型，课题内包含不同模块支持不同类型课题 |
| 三、**样本中心模块** | | |
|  | 实验数据获取 | 要求支持平台用户手动上传数据 |
|  | 数据上传 | 1.要求支持影像数据、标注数据等多种数据  2.要求支持单个文件上传、压缩包上传等多种上传方式  3.要求支持实时显示上传进度  4.要求支持断点续传 |
|  | ★数据脱敏 | 1.需要提供数据脱敏工具，支持用户在本地对DICOM数据脱敏  2.要求支持批量脱敏  3.要求支持脱敏字段配置、主要字段脱敏规则配置  4.要求支持脱敏过程实时显示 |
|  | 患者列表 | 1.要求提供样本列表，支持按照患者ID、图像类型、上传文件名称、创建人、创建日期等字段展示  2.要求支持查看样本图像详情  3.要求支持按照图像类型、上传文件名称，患者ID 模糊检索样本 |
|  | 多模态影像数据 | 要求支持CT、X光、超声、MR、MG等标准DICOM格式影像数据管理 |
| **四、数据标注模块** | | |
|  | 线上和线下标注 | 1.要求支持在线标注、离线标注后上传两种标注模式  2.离线标注数据上传时，应支持标注和影像的智能配对 |
|  | 创建标注任务 | 1.要求支持CT、X光、超声、MR、MG等标准DICOM格式影像数据标注  2.要求支持窗宽窗位自定义，提供预设窗宽窗位≥10种  3.要求支持配置主分类项、病灶征象、患者信息等标注内容  4.要求支持基于一个或多个已上传数据集创建标注任务 |
|  | 查看标注任务 | 要求支持查看标注任务详情，包括：标注任务的配置，主分类项，病灶征象以及患者信息等 |
|  | 补充标注数据 | 要求支持向已创建的标注任务中补充数据 |
|  | 窗口布局调整 | 要求支持多种不同窗口布局，如1×1,2×2等 |
|  | 多种标注工具 | 应支持手动、点画、连线、画线、多笔、选框、点选等多种标注工具 |
|  | 自动标注 | 应支持基于用户输入的矩形框生成更加准确的标注轮廓 |
|  | 自动选框 | 要求支持基于用户输入的矩形框生成更加准确的矩形框 |
|  | 点状标注 | 要求支持对影像的多点钙化标注 |
|  | 插值标注功能 | 应支持基于病灶开始层、最大层、结束层的标注结果自动完成病灶整体标注 |
|  | 扩展标注功能 | 应支持标注病灶的任意一层，然后向标注层的前后层进行扩展标注，从自动对整个病灶轮廓标注 |
|  | ★AI辅助标注 | 1.要求支持实时的、交互式的AI辅助标注  2.要求支持通过选择感兴趣区域，平台自动识别CT肺结节、肺炎、肺叶肺段、纵膈淋巴结、MR脑缺血病灶，并自动标注病灶。 |
|  | ★病灶外扩 | 1.支持基于原始进行向内、向外，外扩比例，外扩大小，病灶类型进行扩展；  2.支持生成环状病灶； |
|  | 标注修改 | 应支持拖动修改、画线修改、轮廓增加、轮廓删除、轮廓修改等标注修改工具 |
|  | 图像缩放 | 要求支持便捷操作放大缩小图像 |
|  | 多种测量功能 | 1.应支持任意点到点之间的长度测量  2.应支持三点之间的角度测量  3.应支持任意点CT值测量、选定区域平均CT值测量 |
|  | 显示要求 | 要求支持黑白色翻转显示，支持伪彩模式显示 |
|  | 交互式多平面重组 | 要求支持图像MPR重建 |
|  | 图像注释隐藏 | 要求支持图像4角区域注释文本隐藏 |
|  | 图像标注隐藏 | 要求支持当前层面标注信息隐藏 |
|  | 图像联动 | 要求支持多个窗口影像联动 |
|  | 图像移动 | 要求支持图像移动 |
|  | 局部放大 | 要求支持局部图像快速放大 |
|  | 影像自动播放 | 要求支持以一定速度播放多层图像 |
|  | 快捷键设置 | 要求支持常见操作快捷键 |
|  | 病灶自动合并 | 要求支持系统智能的将不同层面的同一病灶合并为一个ROI |
|  | 病灶手动合并 | 要求支持手动将病灶或病灶中的某些层，合并至其他病灶 |
|  | 删除病灶 | 要求支持删除整个ROI |
|  | 逐层删除 | 要求支持删除ROI的单层或多层 |
|  | 病灶与分类项关联 | 要求支持标注ROI后对病灶和患者的相关属性进行标注 |
|  | 标注保存 | 要求支持随时保存标注结果 |
|  | 标注任务跳过 | 要求支持跳过当前标注任务 |
|  | ★标注结果导出 | 要求支持以.nrrd、.mha、.nii、.nii.gz、.json等5种格式批量导出标注结果 |
|  | 组学特征提取 | 要求支持基于图像类型、参数和标注结果，自动计算影像组学特征，用于组学分析 |
|  | 组学特征滤波变换 | 要求支持原始、小波变换、拉普拉斯高斯变换等至少10种图像预处理技术 |
|  | 组学特征类型 | 要求支持一阶特性、形状特征、灰度共生矩阵（GLCM）、灰度区域矩阵（GLSZM）、灰度游程矩阵（GLRLM）、灰度相依矩阵（GLDM）、邻域灰度差分矩阵（NGTDM）等7类及以上组学特征 |
|  | ★影像特征提取 | 要求支持超过2000种影像特征的批量计算及导出 |
|  | 生成深度学习数据集 | 要求支持基于图像类型、参数和标注结果，生成深度学习数据集 |
| **五、数据集管理模块** | | |
|  | 实验数据获取 | 要求支持平台用户手动上传数据 |
|  | 数据上传 | 1.要求支持临床组学特征数据上传  2.要求支持组学特征变量类型识别  3.要求支持实时显示上传进度  4.要求支持对数据上传进行校验 |
|  | 数据集管理 | 1.要求提供数据集管理列表，支持按照数据集名称、数据类型、数据来源，创建人、创建日期等字段查看  2.要求支持查看数据集操作日志、数据集详情  3.要求支持按照数据集类型、数据集名称模糊检索数据集 |
|  | 组学特征数据 | 要求支持第三方影像标注并提取后的组学特征数据管理 |
| **六、传统统计学模块** | | |
|  | 描述性统计 | 1. 要求根据变量类型自动计算出描述变量分布规律及数量特征分析的相关指标，如平均值、P25、P75、众数、偏度、峰值、频数、占比等 2. 要求根据变量类型智能输出箱式图或饼状图 3. 要求支持对图片的颜色，字体，坐标轴进行设置，并能按照主题进行修改 |
|  | 显著性分析 | 1. 两组或者两组以上独立定性样本显著性分析 2. 支持T检验，卡方检验，方差分析，非参数性检验 |
|  | ROC曲线 | 要求支持自动生成模型ROC曲线，并计算AUC值 |
|  | 相关性分析 | 1. 要求定量数据的相关性分析 2. 要求支持pearson，sparman分析，并支持生成相关视图 |
|  | 一致性检验 | 支持Cohen's Kappa方法；Fleiss' Kappa方法；Kendall W协调系数；ICC组内相关系数；Bland-Altman法来进行多种诊断方法的一致性检验 |
|  | 逻辑回归分析 | 1. 要求支持分类数据的logistic回归分析 2. 要求支持模型似然比检验、平行性检验、二元logistic、有序分类logistic、多元logistic、模型预测准确率计算 3. 要求提供列线图 |
|  | 生存率分析 | 1. 要求支持Kaplan Meier方法进行单因素生存分析 2. 要求支持生成整体生存率和标准误 3. 要求支持生成整体或分组生存率表 4. 要求支持生成整体或分组的生存曲线 |
|  | Cox比例风险回归 | 1. 要求支持生成Cox比例风险单因素分析或多因素分析结果 2. 要求支持生成生存曲线 3. 要求支持生成列线图以及校准曲线 4. 要求支持生成PI预后指数 |
|  | 多元回归分析 | 1. 要求根据变量类型智能进行单因素变量筛选 2. 要求支持前进法；后退法；逐步回归法进行多因素模型建立 3. 要求支持生成残差图 4. 要求支持各因素系数的结果展示 |
| **七、机器学习模块** | | |
|  | 配置因变量 | 要求支持用户选择任何的分类变量作为因变量进行分析 |
|  | 配置临床变量 | 要求支持用户灵活配置进入模型的临床变量 |
|  | 配置组学特征滤波变换 | 要求支持用户灵活配置建模所用组学特征所使用的滤波变换 |
|  | 配置组学特征类型 | 要求支持灵活配置建模所用组学特征的类别 |
|  | 配置模型验证方法 | 1.要求支持以K折交叉验证、指定测试集或者随机拆分方法进行模型验证  2.要求支持多次重复建模 |
|  | 特征清洗 | 要求支持删除缺失值比例大于一定阈值的变量 |
|  | 特征相关性分析 | 要求支持移除某些变量，以缓解变量间的共线性问题 |
|  | 特征筛选 | 要求支持F-test、皮尔逊、互信息、L1正则、树模型、循环特征删除等6种及以上特征筛选方式 |
|  | 特征降维 | 要求支持15种及以上特征降维算法，包括相关性分析、PCA、各种特征筛选算法等 |
|  | 机器学习模型 | 要求支持Logistic Regression、SVM、Linear SVC、Decision Tree、Random Forest、Ada Boost、Gradient Boosting、XG Boost、Bernoulli NB、Gaussian NB、K Nearest Neighbors、Linear Discriminant Analysis、SGD、Multilayer Perceptron等14种及以上机器学习模型 |
|  | ★模型调参 | 1.要求支持手动配置模型参数  2.要求支持超参搜索，由系统选择当前模型最优参数 |
|  | ★全局超参搜索 | 要求支持系统搜索多种模型，以找出最优的特征筛选算法、分类模型及其参数 |
|  | 模型效果评价 | 要求支持自动计算模型准确率、精确率、灵敏度、特异度等 |
|  | 混淆矩阵 | 要求支持提供模型混淆矩阵结果 |
|  | 特征权重分析 | 要求支持自动排序参与建模的特征权重，提供每一特征的中英文解释，并绘制特征权重图 |
|  | ROC曲线 | 要求支持自动生成模型ROC曲线，并计算AUC值 |
|  | PR曲线 | 要求支持自动生成PR曲线，直观展现不同阈值下模型精确度和召回率关系 |
|  | 决策曲线 | 要求支持生成临床决策曲线 |
|  | 校准曲线 | 要求支持生成校准曲线 |
|  | ★诺模图 | 要求支持在LR回归模型的结构化报告中提供nomogram图 |
|  | 模型训练日志 | 要求支持实时查看模型训练过程记录 |
|  | 数据下载 | 要求支持下载实验分析数据和结果，包括ROC曲线、特征提取结果、训练日志、样本真实标签和模型预测结果等 |
|  | 报告下载 | 要求支持下载实验的结构化报告到本地，包括课题背景、实验数据、模型参数、训练过程、训练结果的内容 |
|  | 模型下载 | 要求支持用户下载训练模型 |
|  | ★外部验证 | 要求支持对运行成功的模型进行外部验证，并生成相关模型效果评价结果 |
|  | 外部验证结果下载 | 要求支持下载外部验证结果 |
|  | 模型导入 | 要求支持用户上传从科研平台下载的机器学习模型 |
|  | 模型链接 | 要求生成的模型分类器可以生成链接在PC端和手机端使用，输入参数，输出正样本的概率 |
| **八、深度学习模块** | | |
|  | 多维分析 | 要求支持2D、3D维度分析 |
|  | ★深度学习场景 | 要求支持整图分类、病灶分类、病灶检测、病灶分割四种深度学习场景 |
|  | ★数据增强方式 | 要求支持包括镜像（Mirroring）、弹性变换（Elastic Deformations）、旋转（Rotations）、缩放（Scaling）、重采样（Resampling）、亮度（Brightness）、 对比度（Contrast）、伽马变换（Gamma）、高斯噪声（Gaussian Noise）、、随机裁剪（Random Crop）、中央裁剪（Center Crop）等12种及以上数据增强方式 |
|  | ★分类算法模型 | 1. 要求支持至少包括Resnet、AlexNet、DenseNet、SqueezeNet、ResNext、Xception、InceptionNet、VggNet等8种及以上2D分类模型  2. 要求支持至少包括ResNet3D、DenseNet3D的3D病灶分类模型 |
|  | ★检测算法模型 | 要求支持2D分割模型，提供Unet |
|  | ★分割算法模型 | 要求支持2D检测模型，提供RetinaNet |
|  | ★超参数调参 | 要求支持对8项及以上超参数进行调参，包括学习率，参数优化算法、batch size、迭代轮数等 |
|  | 模型效果评价 | 要求支持模型效果可视化评价，提供混淆矩阵、损失函数训练曲线、评价指标训练曲线、 学习率变化曲线等可视化评价模型 |
|  | 模型日志 | 要求支持查看深度学习任务运行日志 |
|  | 模型训练过程可视化 | 要求支持查看可视化模型训练过程 |
|  | 结果导出 | 要求支持导出实验结果 |
|  | ★报告导出 | 要求支持下载深度学习分类实验的结构化报告到本地，包括课题背景、实验数据、模型参数、训练过程、训练结果的内容 |
|  | 外部验证 | 要求支持对运行成功的模型进行外部验证，并生成相关模型效果评价结果 |
|  | 外部验证结果下载 | 要求支持下载外部验证结果 |
| **九、辅助功能模块** | | |
|  | 脱敏工具 | 要求提供数据脱敏工具，支持用户在本地对DICOM数据脱敏 |
|  | ★PCA降维 | 要求支持PCA降维 |
|  | ★ICC分析 | 要求支持一致性分析，包括观察者内一致性分析和观察者间一致性分析 |
|  | ★Delong检验 | 要求支持对不同模型的AUC值进行比较 |
| **十、数据预处理模块** | | |
|  | 变量处理 | 1. 要求修改变量类型时，具有错误提示功能，方便修改类型 2. 要求支持变量检索，从而快速定位待处理变量 3. 支持变量删除 |
|  | 变量自定义 | 1. 要求支持根据原变量，新建多种不同规则，生成新的分组变量 2. 要求新的分组变量可进行有序变量定义，通过拖动即可保存变量顺序 3. 支持对于数值型变量自动进行等宽离散化 4. 支持对数值型变量自动进行等频离散化 5. 要求根据设置规则进行变量离散化情况预览 |
|  | 离群值处理 | 1. 要求智能选择分析方法对多个数值型变量进行离群值分析 2. 要求展示变量离群值详情，离群值的界值 3. 要求单个/批量变量离群值的处理 4. 要求支持针对离群值分析结果和处理结果的保存 |
|  | 缺失值处理 | 1. 要求支持变量的缺失值分析，并展示各个变量缺失率的情况 2. 要求支持单个/批量变量缺失值的处理 3. 要求支持查看单个变量缺失的样本的数据填充率情况 4. 要求支持缺失值分析结果和处理方式的保存 |
|  | 样本处理 | 1. 要求支持样本数据的直接编辑 2. 要求支持删除样本 |
|  | 数据导出 | 要求支持处理好的xlsx数据进行导出 |

**三、系统硬件服务器**

|  |  |
| --- | --- |
| **序号** | **参数要求** |
| 1 | CPU：英特尔处理器，≥1块 |
| 2 | 内存：32G，≥2块 |
| 3 | GPU：英伟达RTX系列，≥1块 |
| 4 | 硬盘  系统盘：512G SSD  ，≥1块  数据盘：4TB ，≥2块 |