· 论著 ·

基于 YOLOv11 模型实现高通量血小板细胞图像精准分割

张思源 马严
(武汉血液中心,湖北 武汉 430030)

摘要:目的 建立面向结构光超分辨显微成像高通量数据的血小板自动化实例分割方法,提升宽场明场图像中血小板分割精度。**方法** 以明场图像为输入,构建基于 YOLOv11 的检测、分割一体化网络,采用统一标注格式进行训练与推理。网络由主干特征提取、改进多尺度特征融合及检测分割联合预测头组成,以增强小目标与拥挤场景表征。训练阶段采用预训练权重初始化,输入分辨率 1 024×1 024,训练 200 轮、训练批次为 4 并启用自动混合精度;对灰度 1%与 99%分位数之外像素进行裁剪并线性映射至 8 位;采用翻转、旋转、平移与缩放等增强策略;损失函数为二元交叉熵损失函数与 Dice 损失函数。**结果** 在胃癌数据集五折交叉验证中,YOLOv11-m 获得较均衡的精确率与召回率,mAP50-95 达到 0. 848;与 Mask R-CNN、YOLOv8-m、YOLOv9-c、YOLO26-m 相比模型权重更小,单图总耗时 14. 85 ms。模型直接迁移至胆管癌、肝癌、肝硬化及卵巢癌等验证集,检测与分割指标保持稳定,表明该方法在不同数据来源与成像差异下具有泛化能力。**结论** 本方法可实现血小板高通量、稳定的实例分割,能够有效应对宽场明场血小板显微图像中目标尺度小、密集分布以及局部重叠等复杂场景,并兼顾分割精度与推理效率,可作为血小板图像自动化分析流程中的可靠预处理工具。

关键词:血小板;光学超分辨成像;细胞分割;深度学习
中图分类号:R457. 1 R331. 1⁺43 TP **文献标识码:**A **文章编号:**1004-549X(2026)8-1033-06
DOI:10. 13303/j. cjbt. issn. 1004-549x. 2026. 08. 006

Accurate segmentation of high-throughput platelet cell images based on the YOLOv11 model

ZHANG Siyuan, MA Yan.
Wuhan Blood Center, Wuhan 430030, *China.*
Corresponding author: MA Yan, Email: ma. y@ whblood. org. cn

Abstract: Objective To develop an automated platelet instance segmentation method for high-throughput structured illumination microscopy (SIM) data, with the goal of improving segmentation accuracy in wide-field bright-field images. **Methods** Bright-field images were used as input to build a YOLOv11-based unified detection-and-segmentation network, trained and inferred with a standardized annotation format. The network consists of a backbone for feature extraction, an improved PAFPN neck for multi-scale feature fusion, and a joint detection/segmentation prediction head, enhancing representation of small targets and crowded scenes. Training was initialized with pretrained weights, using an input resolution of 1 024×1 024 for 200 epochs with a batch size of 4 and automatic mixed precision enabled. Pixels outside the 1st and 99th grayscale percentiles were clipped and linearly mapped to 8-bit intensity values. Data augmentation included flipping, rotation, translation, and scaling. The loss function combined binary cross-entropy loss and Dice loss. **Results** In five-fold cross-validation on the gastric cancer dataset, YOLOv11-m achieved balanced precision and recall, with an mAP50−95 of 0. 848. Compared with Mask R-CNN, YOLOv8-m, YOLOv9-c, and YOLO26-m, it used a smaller model size and achieved a total processing time of 14. 85 ms per image. When directly transferred to validation sets of cholangiocarcinoma, hepatocellular carcinoma, liver cirrhosis, and ovarian cancer, the model maintained stable detection and segmentation performance, indicating good generalization across data sources and imaging variations. **Conclusion** The proposed method enables high-throughput, robust platelet instance segmentation and effectively handles challenging bright-field scenarios involving small targets, dense distributions, and local overlaps. By balancing segmentation accuracy and inference efficiency, it serves as a reliable preprocessing component in automated platelet image-analysis pipelines.

Key words: platelets; optical super-resolution imaging; cell segmentation; deep learning

---

基金项目:湖北省自然科学基金青年项目(2026AFB461)
第一作者简介:张思源(1995-),男,输血技师,Email:siyuan. z@ whblood. org. cn;**通信作者:**马严,Email:ma. y@ whblood. org. cn

血小板是外周血中重要的无核细胞成分,除参与止血与血栓形成外,还在炎症反应、免疫调控以及多种疾病发生发展过程中发挥关键作用。近年来,对于血小板的研究已逐步扩展至肿瘤诊疗领域。研究表明,肿瘤细胞会通过一系列的“教育事件”显著改变血小板的结构和生物学特性,形成肿瘤教育性血小板(tumor-educated platelets, TEPs),结合血小板高丰度、易获取、动态监测以及患者接受程度高等特点,TEPs 已经成为液体活检领域的重要新型靶标[1-4]。最新研究进一步发现,上述“教育”过程还可能引起血小板形态及亚细胞结构的变化[5-6]。因此,围绕血小板亚细胞结构开展定量分析,有望为探索 TEPs 作为肿瘤相关标志物提供新的信息维度。

在实际显微图像中,血小板常呈密集分布,且视野内往往伴随相互贴靠甚至局部重叠等情况。因此,从大视野的显微图像中,稳定地定位并分割出单个、独立且完整的血小板是开展血小板亚细胞结构分析的前提。传统采用人工勾画或半自动交互式分割的方法,不仅耗时耗力、难以满足高通量分析需求,而且分割质量受操作者经验影响较大,容易引入主观偏差与人为误差,进而影响下游定量特征的稳定性与研究结论的可重复性。如何实现对单个血小板的快速、精准、可批量处理的分割,是提升血小板图像分析效率与一致性的关键。深度学习方法在医学图像分析中已显示出良好的特征学习能力,其中目标检测与实例分割框架能够同时解决“定位目标”和“输出像素级掩码”的需求,更适用于血小板这类小目标、多实例且相互邻近的场景。YOLO 系列模型凭借端到端、高效率的优势,被广泛用于目标检测与分割任务[6-7];其中 YOLOv11 作为近期提出的目标检测与实例分割网络,在模型结构、特征提取与多尺度融合等方面进行了改进,兼顾推理速度与分割精度,为高通量血小板图像处理提供了可行选择[8-9]。

基于此,我们提出 1 种基于 YOLOv11 的血小板细胞图像精准分割方法,用于实现宽场显微图像中单个血小板的自动化实例分割。该方法旨在在保证分割精度的同时显著提升处理效率,减少人工参与和主观误差,并为后续血小板亚细胞结构特征的定量提取、跨病种对比分析以及 TEPs 相关肿瘤筛查研究提供稳定可靠的预处理工具。

1　对象与方法

1.1　研究对象

本研究以 20 例患者的外周血血小板显微图像(自制)为研究对象。20 例患者中主队列为胃癌患者 4 例;泛化验证队列包括胆管癌 3 例、肝癌 4 例、肝硬化 4 例、卵巢癌 3 例及胃癌 2 例。所有患者均经组织病理学确诊,且采血前未接受手术、化疗或放疗等抗肿瘤治疗;标本采集和处理过程遵循《赫尔辛基宣言》相关的伦理准则,并经伦理审查批准后实施。上述患者的血液标本来自多家临床机构,包括华中科技大学同济医学院附属同济医院、附属协和医院及武汉市第一医院。

1.2　试剂与仪器

PBS 缓冲液(Biosharp 生物科技公司,批号:35025968AG);氢氧化钠(Na0H)(批号:20250214)、六水氯化镁(MgC1 · 6HO)(批号:20241218)均为国药集团药业公司产品;4-羟乙基哌嗪乙磺酸(HEPES)(批号:EZ67EEC2BE)、聚乙二醇单辛基苯基醚(Triton X-100)(批号:EZ1609D345)、牛血清蛋白(BSA)(批号:EZ6904E788),均为无锡药科美公司产品;多聚甲醛(PFA)(伊势久公司,批号:1610718);山羊血清(NAS)(上海碧云天公司,批号:A574260114)Tween-20(批号:30425014EE)、10mL 离心管(批号:BS-100-MY),均为兰杰柯公司产品;共聚焦培养皿(Cellvis 公司,批号:260406);抗-VWF(美国丹科北美有限公司,批号:41715493);Anti-rabbit Alexa Fluor 488(艾博抗公司,批号:H5E9X7HF);多聚-L-赖氨酸溶液(1 ×)(普诺赛公司,批号:WH3926P128)。BY-400C 医用离心机(北京白洋公司);手动移液器(艾本德公司);YH-C1003 电子分析天平(东阳市英衡智能设备有限公司,);BJPX-H200Ⅱ恒温孵育箱(博科公司);1300-1374Ⅱ生物安全柜(赛默飞世尔公司);GI-SIM 结构光照明超分辨显微镜(北京纳析公司);Classic DU15 纯水仪(赛多利斯公司);MC-5L956 医用冰箱(合肥美的生物医疗有限公司);MPR-310 医用冷藏箱(冰山松洋公司)。

1.3　方法

1.3.1　血小板标本制备

血小板标本制备方法参照文献[10-11]。献血者外周静脉全血采集于含 EDTA 抗凝剂的紫头真

空采血管中,室温静置≥15 min,随后在室温下 200×g 离心 12 min,收集上清制备富血小板血浆(platelet-rich plasma, PRP)。随后将 PRP 以由 10% ACD(acid citrate dextrose)与 90% Tyrode's-HEPES 缓冲液组成的稀释液进行稀释,稀释后的 PRP 在 37 ℃孵育 2 h 以恢复血小板状态并尽量减小处理诱导的激活影响。血小板固定采用 8% PFA 成品固定。血固定后在 22℃下 1 500×g 离心 3 min,弃上清后将沉淀物以 PBS 重悬并稀释。将血小板铺于 0.01% poly-L-lysine 处理的培养皿表面,使其以约 60%~90%的密度贴附,以满足后续显微成像采集需求。以上全部操作需在血液采集后 24 h 内完成。

1.3.2 血小板图像采集与标注

明场图像通过结构光超分辨显微镜明场成像模式在室温条件下采集,作为血小板图像精准分割方法的输入输入。采集得到的原始图像以 TIFF 格式保存,图像尺寸为 1 024×1 024 像素。每个血液标本采集 50~60 个明场视野进行分析。其余采集参数采用系统常规设置。所有明场图像均未进行后处理。

所有数据均采用单一血小板标注格式,包含类别、检测框位置及边缘掩码坐标,以支持目标检测与实例分割任务的训练和评估。数据标注流程具体为:由经过培训的实验人员完成初次标注,标注对象限定为单一、独立、非重叠的血小板及其边缘轮廓;完成初标后,由另 1 名实验人员进行 2 次复核,重点检查是否存在漏标、误标及轮廓边界不一致等问题,并对存在争议的标注进行统一修订,以尽量减少相邻目标带来的标注歧义、提高标注一致性。

1.3.3 血小板图像精准分割方法

本研究采用基于 YOLOv11 的目标检测与实例分割框架,对外周血来源的血小板明场显微图像进行自动识别与分割。整体流程见图 1。收集血小板显微图像作为深度学习网络模型输入,模型输出识别和分割结果;网络模型通过标注后的血小板图像,完成模型参数训练;训练集数据标注包括目标类别、边界框以及对应的实例掩码轮廓坐标;模型训练完成后,对待处理血小板图像进行推理,输出单个血小板的检测框、类别/置信度以及对应的实例分割掩码,作为血小板分割结果。

本研究选用 YOLOv11 实例分割网络作为基础网络,网络主要由主干网络、颈部网络和检测头组成。颈部网络作为特征融合的关键环节,利用专门设计的层结构对不同尺度的特征进行聚合与增强;检测头则作为预测模块,负责输出目标框的类别预测和位置参数(中心点、宽高及置信度),以及每个目标的二值化分割掩码,即血小板细胞分割结果。为实现精确的细胞分割,我们采用二值交叉熵损失 L_{BCE}(binary cross-entropy loss, BCE)和 Dice 损失 L_{Dice} 作为网络的损失函数,用来衡量预测掩码与真实掩码之间的差异[12-13]。

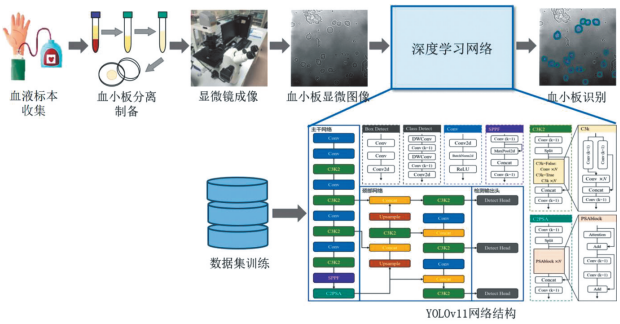


图 1 血小板显微图像分割算法流程图

Figure 1 Workflow of the proposed platelet microscopy image segmentation algorithm

1.3.4 训练设置

本研究中 YOLOv11 网络模型均采用文献[14]提供的预训练权重进行初始化(明确官方)。训练输入分辨率统一设置为 1 024×1 024。训练轮数为 200,批次为 4,并启用自动混合精度训练以提升训练效率与显存利用率。在数据预处理方面,对每张图像分别计算其灰度值的 1%与 99%分位数,仅对分位数范围之外的像素进行裁剪,随后将裁剪后的灰度值线性映射至 8 位。数据增强策略如下:随机水平翻转概率为 0.5,随机垂直翻转概率为 0.5;随机旋转角度范围为 180;随机平移比例为 0.1;随机缩放比例为 0.2。所有实验均在 Ubuntu 操作系统下完成,使用 NVIDIA RTX 4090(24 GB)GPU 进行训练,基于 PyTorch 框架实现,采用 Adam 优化器[15]。

1.3.5 模型验证与对比方案

1.3.5.1 验证指标

模型的验证指标包括:精确率(precision, P)、召回率(recall, R)、mAP50(mean average precision at IoU = 0.50)和 mAP50:95(mean average precision from IoU = 0.50 to 0.95)[16]。精确率表示模型检测到的目标中,实际为正样本的比例,计算公式为:$P=\frac{TP}{TP+FP}$,其中,TP(true positives)为正确检测为正样本的数量;FP(false positives)为错误检测为正样本的数量。召回率表示模型检测到的目

标占所有实际正样本的比例,计算公式为:$R=\frac{TP}{TP+FN}$,其中 FN (false negatives)为错误检测为负样本的数量。在目标检测/实例分割任务中,mAP 用于综合评价模型在不同置信度阈值下的整体性能。mAP50 表示交并比(intersection over union, IoU)为 0.50 时,预测框与真实框之间匹配程度的平均精度。而 mAP50:95 表示在 IoU 从 0.50-0.95 的范围内,以 0.05 为步长,计算所有 IoU 值的平均精度。

1.3.5.2　五折交叉验证

本研究的模型训练与方法对比在主队列上完成。主队列数据采用 5 折交叉验证:将全部主队列图像划分为 5 个子集,每次选取其中 4 折用于训练,剩余 1 折用于测试,循环重复直至 5 折均作为测试集 1 次。各折划分与实验记录按统一流程执行,以保证不同方法在相同数据划分下进行比较。为验证所采用 YOLOv11 在血小板检测任务中的适用性与有效性,本研究在相同的数据划分与训练配置下,选取多种代表性检测模型进行对比实验,具体包括 Mask R-CNN、YOLOv8-m、YOLOv9-c、YOLO26-m 以及 YOLOv11-m[17-20]。模型名称后缀用于区分不同规模版本:"-m"表示中等规模版本;"-c"表示 1 种轻量化配置。

1.3.5.3　模型规模对比

在 5 折交叉验证的基础上,对于 Mask R-CNN、YOLOv8-m、YOLOv9-c、YOLO26-m 以及 YOLOv11-m 网络模型规模进行对比,包括不同模型的参数规模(权重大小)以及端到端运行时间,用于评估其计算开销与部署成本。其中 P95 是指第 95 百分位耗时,代表较慢场景下的尾部延迟,反映 95%的任务能在多长时间内完成。

1.3.5.4　不同空间场景下的检出率分析

为分析模型在不同空间场景下的稳定性,我们对血小板目标的形态与空间分布特征进行分层统计,并将每个血小板按目标尺寸、局部密度以及边界关系等维度划分子类,用以评估模型在不同目标尺度、图像拥挤程度及贴边情形下是否存在系统性漏检倾向。其中,大中小目标的区分标准为实例标注多边形的最小外接矩形的大小,矩形面积<25%的为小目标,25%-75%的为中目标,>75%的为大目标;密度区分标准为 1 个图像中标注目标的数量多少,数量<25%、25%~75%以及>75%分别对应稀疏、中等密度和密集;贴边的区分标准为实例标注多边形的最小外接矩形是否接触图像边界。

1.3.5.5　泛化性验证

为评估 YOLOv11 模型在跨疾病场景下的迁移能力,我们将训练于胃癌血小板数据的模型直接应用于胆管癌、肝癌、肝硬化、卵巢癌以及额外胃癌病例的泛化验证队列图像,并分别报告检测框(Box)与实例分割(Mask)2 类任务的客观评价指标。我们额外训练了 YOLOv11 的小参数量模型和大参数量模型,分别对应 v11-n 与 v11-l。

2　结果

2.1　血小板图像采集结果

本研究共纳入 20 例患者外周血标本,获得血小板显微图像 368 个。其中文本研究主队列的胃癌患者 4 例共 263 个图像;用于泛化验证的队列共 16 例,包括胆管癌 3 例 17 个、肝癌 4 例 19 个、肝硬化 4 例 18 个、卵巢癌 3 例 19 个,以及额外胃癌患者 2 例 50 个图像。

2.2　5 折交叉验证结果

5 折交叉验证下不同模型在测试集上的主要检测指标见表 1。YOLOv11-m 在 P、R、mAP50 以及 mAP50-95 下取得了较优或同等水平,YOLOv11-m 在精确率和召回率 2 方面保持较为均衡的结果,表明其在误检与漏检之间不存在明显偏置。不同模型在部分样本上的预测可视化对比见图 2。整体上各方法均能在多数清晰、边界明显的血小板目标上给出较一致的检出结果。

表 1　不同模型的 5 折交叉验证结果

Table 1　Five-fold cross-validation results for different models

	P($\bar{x}\pm s$)	R($\bar{x}\pm s$)	mAP50 ($\bar{x}\pm s$)	mAP50-95 ($\bar{x}\pm s$)	mAP50-95 (95% CI)
Mask R-CNN	0.824±0.026	0.923±0.015	0.939±0.007	0.857±0.008	0.847-0.868
YOLOv8-m	0.884±0.009	0.892±0.023	0.953±0.007	0.843±0.008	0.832-0.853
YOLOv9-c	0.872±0.016	0.900±0.009	0.953±0.005	0.844±0.006	0.837-0.852
YOLO26-m	0.864±0.019	0.901±0.014	0.952±0.004	0.840±0.004	0.836-0.845
YOLO11-m	0.889±0.010	0.896±0.026	0.955±0.007	0.848±0.007	0.839-0.857

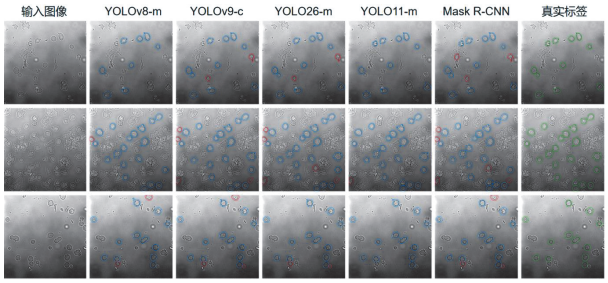
2.3　模型规模对比结果

不同模型的参数规模(权重大小)以及端到端运行时间见表 2。YOLOv11-m 的权重大小为 43.2 MB,明显小于其他对比模型(约 52~54 MB),同时端到端耗时平均为 179 ms/图,维持在可接受范围内。

2.4　不同空间场景下的检出率分析结果

不同模型的差异主要集中在更具挑战的情形,

包括:小目标、低对比度目标、密集/相互靠近目标以及靠近图像边界的贴边目标。YOLOv11-m 在上述困难场景中同时保持较低误检与较少漏检情况。YOLOv11-m 的检出率见表 3。各场景下的检出率均保持在 98.5%~100.0%,表明模型在小目标、密集场景与贴边目标等常见难例中仍能维持较高的检出水平。



注:绿色为真实标注血小板目标,蓝色是模型正确检测出的目标,红色代表模型误检出的假阳性目标。

图 2 不同模型的部分可视化结果

Figure 2 Representative qualitative results for different models

表 2 不同模型的参数规模与运行时间

Table 2 Parameter size and runtime of different models

	权重(MB)	端到端耗时(ms/图)	P95(ms/图)
Mask R-CNN	367.5	194.84±83.60	369.80
Yolov8-m	52.4	173.09±84.17	356.26
Yolov9-c	53.7	179.50±86.03	367.68
Yolo26-m	52.0	182.10±93.97	388.61
Yolo11-m	43.2	179.27±86.33	360.05

表 3 YOLOv11-m 对不同空间场景下的血小板细胞的检出率

Table 3 Detection rate of platelet cells under diverse spatial scenarios by YOLOv11-m

		检出率(%)
目标	小	98.6
	中	99.8
	大	99.1
密集程度	稀疏	100
	中等	99.2
	密集	99.3
贴边	是	98.5
	否	99.4

2.5 泛化性验证结果

泛化性验证结果见表 4。YOLOv11 在各疾病验证集上均能获得较高的 mAP50,说明模型在不同疾病下维持着较高的血小板目标的识别能力。同时,中/大模型(如 v11-m、v11-l)整体表现更稳定。在大多数病变类型上 v11-l 均取得了最高 mAP50 和 mAP50-95,分别达到 0.985 和 0.854(卵巢癌分割任务),表明该模型在目标检测框与真实框的匹配精度上具有显著优势。同时,YOLOv11-l 的精确率和召回率也在多种任务中表现突出,例如肝硬化分割任务中,召回率达到 0.944,显示出强大的目标检测能力。

表 4 YOLOv11 模型在不同疾病类型数据上的客观指标比较

Table 4 Comparison on objective metrics for YOLOv11-m across various disease types

	Model	P	R	Box		Mask	
				mAP50	mAP50-95	mAP50	mAP50-95
胆管癌	Yolov11-n	0.902	0.889	0.958	0.793	0.959	0.764
	Yolov11-m	0.921	0.907	0.958	0.828	0.959	0.789
	Yolov11-l	0.928	0.894	0.968	0.827	0.968	0.779
肝癌	Yolov11-n	0.842	0.838	0.921	0.745	0.923	0.705
	Yolov11-m	0.892	0.808	0.908	0.776	0.909	0.723
	Yolov11-l	0.877	0.779	0.886	0.743	0.886	0.686
肝硬化	Yolov11-n	0.869	0.855	0.946	0.784	0.946	0.746
	Yolov11-m	0.896	0.944	0.941	0.823	0.941	0.775
	Yolov11-l	0.912	0.824	0.933	0.795	0.933	0.747
卵巢癌	Yolov11-n	0.971	0.935	0.985	0.798	0.985	0.766
	Yolov11-m	0.974	0.938	0.980	0.854	0.982	0.802
	Yolov11-l	0.988	0.909	0.980	0.840	0.980	0.782
胃癌	Yolov11-n	0.897	0.819	0.932	0.867	0.933	0.757
	Yolov11-m	0.892	0.851	0.940	0.894	0.948	0.766
	Yolov11-l	0.883	0.842	0.937	0.891	0.942	0.792

3 讨论

我们提出了 1 种基于 YOLOv11 模型的血小板细胞图像精准分割方法,成功实现了高效、高精度的显微图像分割。模型在 CSPDarknet53 主干网络的基础上进行了优化,并结合改进的 PAFPN 特征金字塔网络,显著增强了多尺度特征提取与融合能力,使其在复杂背景下对小目标的识别具有较强的鲁棒性。研究结果表明,YOLOv11 在不同病变类型的血小板细胞图像分割任务中均取得了优异表现。YOLOv11-m 在保持检测质量处于前列的同时,能够以较小模型规模和可接受的推理耗时完成推断。因此,综合精度、模型规模与推理效率,YOLOv11-m 在大规模细胞检测所需的高通量处理与部署场景下更具适配性。此外,模型对多种肿瘤患者的血小板图像分割任务展现了良好的泛化能力,为血小板功能研究及肿瘤相关液体活检技术提供了可靠的技术支持,同时也为其他类型的细胞图像分割任务提供了新的解决方案。

利益冲突说明/Conflict of Interests

所有作者均声明不存在利益冲突。

伦理批准及知情同意/Ethics Approval and Donor/Patient Consent

本研究已通过华中科技大学同济医学院附属同济医院伦理

审查委员会审批(批准号:2024-S116);本研究纳入的患者均已签署知情同意书。

作者贡献/Authors' Contribution

张思源:研究设计、试验实施、数据分析、文章撰写;马严:研究指导、论文审阅、经费支持。

[参考文献]

[1] WURDINGER T. Tumor-educated platelets[J]. Blood, 2019, 133(22):2359-2364.

[2] BEST M G, WESSELING P, WURDINGER T. Tumor-educated platelets as a noninvasive biomarker source for cancer detection and progression monitoring[J]. Cancer Research, 2018, 78(13):3407-3412.

[3] 余恋雨,王宇,唱凯,等.肿瘤教育血小板源性 miRNA-122 和 miRNA-21 在肝癌早期诊断中的应用研究[J].国际检验医学杂志,2022,43(5):519-522.
YU L, WANG Y, CHANG K, et al. Application study of tumor-educated platelet-derived miRNA-122 and miRNA-21 in the early diagnosis of hepatocellular carcinoma [J]. Inter J Lab Med,2022, 43(5):519-522.

[4] 苟葆城,李萍,马兵.肿瘤教育血小板联合二代测序技术在肿瘤诊断中的应用[J].医药前沿,2021,11(7):16-17,23.
GOU B, LI P, MA B. Application of tumor-educated platelets combined with next-generation sequencing in tumor diagnosis[J]. Medical Frontier,2021,11(7):16-17,23.

[5] GLEBOTSKY A C, BLUTEAU D, ESPASANDIN Y R, et al. Mechanisms underlying platelet function defect in a pedigree with familial platelet disorder with a predisposition to acute myelogenous leukemia: potential role for candidate RUNX1 targets[J]. J Thrombosis Haemostasis, 2014, 12(5):761-772.

[6] ZHUGE Y, ZHOU J, YANG G, et al. Activated changes of platelet ultra microstructure and plasma granule membrane protein 140 in patients with non-small cell lung cancer[J]. Chin Med J, 2009, 122(9):1026-1031.

[7] VARGHESE R, SAMBATH M. Yolov8:A novel object detection algorithm with enhanced performance and robustness[C]//2024 International Conference on Advances in Data Engineering and Intelligent Computing systems (ADICS). Chennai, India:IEEE, 2024:1-6.

[8] LIU Y, Wu J, Chen L. MEIS-YOLO: Improving YOLOv11 for Efficient Aerial Object Detection with Lightweight Design[J]. Intelligent and Converged Networks, 2025, 6(2):151-163.

[9] GAO L, CHEN G. YOLO11-RLN:An aerial UAV algorithm for forest fire detection[J]. Annals of the New York Academy of Sciences, 2025,1551(1):312-324.

[10] MA Y, DENG H, LIU Z, et al. Large-scale quantitative morphometry of platelet α-granules via SIM super-resolution microscopy for cancer liquid biopsy[J]. Advanced Science, 2026,13(34).

[11] XU P, DENG H, Hong Z, et al. Superresolution fluorescence microscopy of platelet subcellular structures as a potential tumor liquid biopsy[J]. Small Methods, 2023, 7(10).

[12] MAO A, MOHRI M, ZHONG Y. Cross-entropy loss functions:Theoretical analysis and applications[C]//International conference on Machine learning. Honolulu Hawaii USA:pmlr, 2023:23803-23828.

[13] LI X, SUN X, MENG Y, et al. Dice loss for data-imbalanced NLP tasks[C]//Proceedings of the 58th annual meeting of the association for computational linguistics. Online:Association for Computational Linguistics, 2020:465-476..

[14] JOCHER G, QIU J, LIU M, et al. Ultralytics YOLO26: Unified real-time end-to-end vision models [J/OL]. (2026-06-02)[2026-07-07]. https://arxiv. org/abs/2606. 03748.

[15] KINGMA D P, BA J. Adam:a method for stochastic optimization[J/OL]. (2014-12-22)[2026-07-07]. https://arxiv. org/abs/1412. 6980.

[16] ZOU Z, CHEN K, SHI Z, et al. Object detection in 20 years:A survey[J]. Proceedings of The IEEE, 2023, 111(3):257-276.

[17] HE, K, GEORGIA G, PIOTR D, et al. Mask r-cnn [C]//Proceedings of The IEEE International Conference on Computer Vision. Venice, Italy:IEEE,2017:2961-2969.

[18] VARGHESE R, SAMBATH M. YOLOv8:a novel object detection algorithm with enhanced performance and robustness[C]//2024 International Conference on Advances in Data Engineering and Intelligent Computing Systems (ADICS), Chennai, India:IEEE,2024:1-6.

[19] WANG C Y, YEH I H, LIAO H M. YOLOv9:learning what you want to learn using programmable gradient information[C]//European Conference on Computer Vision. Milan, Italy:Springer, Cham, 2024:1-21.

[20] SAPKOTA R, CHEPPALLY R H, SHARDA A, et al. YOLO26:key architectural enhancements and performance benchmarking for real-time object detection[J/OL]. (2025-09-29)[2026-07-07]. https://arxiv. org/abs/2509. 25164.

(2026-07-07 收稿,07-20 修回,07-31 接收)

本文编辑:闻欣