

基于集成自编码器和伪异常生成的前列腺癌异常检测^①



刘凌杰^{1,2}, 唐郑熠^{1,2}, 曾 坤^{3,4}, 林清华^{1,2}, 许清江⁵, 李佐勇^{3,4}

¹(福建理工大学 计算机科学与数学学院, 福州 350118)

²(福建理工大学 福建省大数据挖掘与应用技术重点实验室, 福州 350118)

³(闽江学院 计算机与大数据学院, 福州 350121)

⁴(闽江学院 福建省信息处理与智能控制重点实验室, 福州 350121)

⁵(福州大学附属省立医院 泌尿外科, 福州 350001)

通信作者: 唐郑熠, E-mail: tangzy84@126.com; 李佐勇, E-mail: fzulzytdq@126.com

摘 要: 前列腺癌是男性常见的恶性肿瘤, 其 MRI 图像的自动异常检测对于提升诊断效率和减轻医生负担具有重要意义. 针对现有方法依赖大量标注样本且对细微病灶检测能力有限的问题, 本文提出了一种基于集成自编码器与残差伪异常生成的无监督前列腺癌异常检测方法. 具体而言, 首先引入中心化核对齐 (CKA) 损失的集成自编码器, 有效抑制特征冗余并生成多样化的重建结果. 其次, 通过融合多分支自编码器残差的一致高响应区域, 在无标注情况下注入解剖约束扰动, 生成更加贴近真实病灶的伪异常样本. 再次, 提出在检测网络中引入频域对比损失, 以放大正常与异常样本在频域空间的区分能力. 最后, 采用双阶段流程, 确保训练与推理过程一致, 提升模型鲁棒性. 大量实验证明, 所提方法在公开前列腺 MRI 及脑部 MRI 数据集上均取得了优异的检测准确率和良好的跨域泛化能力. 其中, 在 PICAI、PMU 及 BTM 数据集上, 图像级 AUC 分别达到 84.00%、89.20% 和 89.50%, AP 值分别达到 82.5%、87.00% 和 88.80%, 优于现有主流方法.

关键词: 异常检测; 前列腺癌; 集成模型; 合成数据

引用格式: 刘凌杰, 唐郑熠, 曾坤, 林清华, 许清江, 李佐勇. 基于集成自编码器和伪异常生成的前列腺癌异常检测. 计算机系统应用. <http://www.c-s-a.org.cn/1003-3254/10089.html>

Prostate Cancer Anomaly Detection Based on Ensemble Autoencoder and Pseudo-anomaly Generation

LIU Ling-Jie^{1,2}, TANG Zheng-Yi^{1,2}, ZENG Kun^{3,4}, LIN Qing-Hua^{1,2}, XU Qing-Jiang⁵, LI Zuo-Yong^{3,4}

¹(School of Computer Science and Mathematics, Fujian University of Technology, Fuzhou 350118, China)

²(Fujian Provincial Key Laboratory of Big Data Mining and Applications, Fujian University of Technology, Fuzhou 350118, China)

³(School of Computer and Data Science, Minjiang University, Fuzhou 350121, China)

⁴(Fujian Provincial Key Laboratory of Information Processing and Intelligent Control, Minjiang University, Fuzhou 350121, China)

⁵(Department of Urology, Fuzhou University Affiliated Provincial Hospital, Fuzhou 350001, China)

Abstract: Prostate cancer is a common malignant tumor among men, and the automatic anomaly detection of its MRI images is crucial for improving diagnostic efficiency and reducing doctors' workload. To address the problem that existing methods rely on large amounts of labeled data and have limited ability to detect subtle lesions, this paper proposes an unsupervised prostate cancer anomaly detection method based on ensemble autoencoders (EAE) and residual-based pseudo-anomaly generation. Specifically, an EAE with centered kernel alignment (CKA) loss is first introduced to suppress feature redundancy and produce diverse reconstruction results. Secondly, by integrating the consensus high-response regions from the multi-branch EAE, anatomically constrained perturbations are injected in the condition of no

① 基金项目: 国家自然科学基金面上项目 (62471207); 福建省自然科学基金重点项目 (2024J02029); 福建省科技创新联合资金 (2024Y9028, 2023Y9280)

收稿时间: 2025-08-13; 修改时间: 2025-09-04, 2025-09-24; 采用时间: 2025-10-09; csa 在线出版时间: 2026-01-08

manual labels to generate pseudo-anomaly samples that more closely resemble real lesions, all without manual labels. Furthermore, a frequency-domain contrastive loss is introduced in the detection network to enhance the ability to distinguish between normal and anomaly samples in the frequency domain space. Finally, a two-stage process is adopted to maintain consistency between training and inference, thus improving model robustness. Extensive experiments show that the proposed method yields superior detection accuracy and generalization ability on public prostate MRI and brain MRI datasets. Specifically, on datasets such as PICAI, PMU and BTM, the image-level AUC reaches 84.00%, 89.20%, and 89.50% respectively, and the AP values are 82.5%, 87.00%, and 88.80% respectively, outperforming current state-of-the-art methods.

Key words: anomaly detection; prostate cancer (PCa); ensemble model; synthetic data

前列腺癌 (prostate cancer, PCa) 是男性最常见的恶性肿瘤之一, 目前临床主要通过 MRI 检查和穿刺活检进行诊断^[1]. 然而, MRI 诊断特异性不高, 患者易出现不必要的活检, 增加医疗成本和患者痛苦^[2]. 因此, 借助计算机辅助诊断系统, 进行 MRI 图像的自动前列腺癌检测有助于减少医生的工作量以提高诊断效率.

最近, 有监督深度学习方法在 PCa 检测中取得一定进展^[3]. 例如, Salman 等人^[4]先使用 YOLO 算法定位前列腺腺体区域, 再对这些区域进行准确分类. Huang 等人^[5]通过迁移学习将大规模数据集上预训练的卷积神经网络 (convolutional neural network, CNN) 迁移至超声图像任务, 显著提升了前列腺癌的检测性能. 然而, 这些方法往往依赖高质量的标注数据. 但是, 前列腺癌病灶的影像改变并非其特有, 而且病灶常呈散在性、多发性, 通过磁共振影像辨别浸润范围存在主观性, 不同医生、不同医疗单位和不同研究队列对前列腺磁共振影像的评判存在明显的异质性. 因此, 大量标记的、可用的数据难以获取, 这促使了无监督异常检测方法的研究.

最近, 无监督异常检测方法得益于仅使用正常数据训练, 能够有效减少模型对标签的依赖性, 在 PCa 检测中取得了不错的进展^[6]. 其中, 基于自编码器 (autoencoder, AE) 的重建误差方法由于结构简单、训练稳定, 已广泛应用于医学图像异常检测领域^[7]. 该方法通过在仅含正常样本的训练集中学习正常数据的分布特征, 以重建误差作为异常评分指标, 从而识别测试集中与训练数据分布差异明显的异常区域^[8]. 然而, 在实际应用中, 基于单一自编码器的重建方法存在一定的局限性. 在前列腺癌 MRI 影像中, 当病灶体积较小或与正常组织差异不明显时, 重建误差并不能有效体现异常

区域与正常区域之间的差异, 导致异常检测能力不足且容易漏诊^[9].

为解决上述问题, 近年来部分研究提出了通过合成伪异常样本以提高模型对异常模式敏感度的方法^[10,11]. 例如, Li 等人^[10]提出的 CutPaste 方法通过随机裁剪并粘贴图像片段来模拟伪异常. Tan 等人^[11]通过泊松融合方法生成更为自然的伪异常样本, 这些方法一定程度上提高了模型对异常区域的检测能力. 然而, 这些随机生成的伪异常样本缺乏解剖学先验知识, 所合成的异常区域与真实病灶在位置和外观上存在明显差异, 导致模型泛化能力不足, 难以适应前列腺癌病灶分布多样性的特点.

因此, 为了解决前列腺 MRI 细小病灶难以分辨、高频异常特征易被卷积网络忽略以及标注样本不足等问题, 本文提出一种残差伪异常-频域对比的无标注自监督异常检测框架. 该方法由 3 部分构成: 第 1 部分采用集成自编码器^[12]重构正常影像并融合残差, 其中各自编码器在训练时同时最小化重构误差并引入中心化核对齐 (centered kernel alignment, CKA)^[13]损失以鼓励潜在空间的特征多样性, 再依据多模型残差的一致高响应区域施加解剖约束扰动, 生成形态丰富且贴近真实病灶的伪异常图像; 第 2 部分在异常检测器中加入频域对比学习模块, 对提取的特征进行傅立叶变换, 在频谱空间构造对比损失, 以放大正常与伪异常的频域差异; 第 3 部分采用双阶段流程, 先用正常影像训练集成自编码器并生成伪异常, 再固定集成自编码器权重训练检测网络, 推理时同样先行重构后检测, 保证训练与测试数据流一致. 具体而言, 方法先建立正常分布模型并合成伪异常样本, 再将正常与伪异常影像共同输入检测器, 通过频谱对比学习强化对细微病灶的判别

能力,同时利用重构图提供的正常参考降低域偏移风险.本文通过大量实验证明了所提出方法的有效性和先进性.综上所述,方法的贡献可总结如下.

(1) 设计了结合 CKA 损失的集成自编码器残差伪异常生成策略,该策略能够在没有真实标注的情况下,通过残差引导合成分布内的异常数据.

(2) 引入了检测器内部的频域对比学习模块,保持正常样本的频域特征紧致性,同时扩大其与伪异常样本频域特征的距离,增强模型对高频细节和微小病灶的敏感性.

(3) 构建了训练与推理一致的双阶段流程,稳定模型表现并降低输入分布变化带来的性能退化.

(4) 在真实前列腺 MRI 及脑部 MRI 数据集上进行的广泛实验验证了本方法在检测准确性和跨域泛化能力上的优势.

1 相关模型和技术

现有的医学异常检测领域中可把检测方法大致分为 3 类:基于有监督学习的方法、基于无监督学习的方法和基于自监督学习的方法.

1.1 基于有监督学习的方法

传统的有监督异常检测方法主要将任务视为分类或分割问题,利用 CNN 等深度模型对医学影像进行训练.典型策略是收集包含正常组织和病变区域的标注数据,通过 CNN 或集成模型学习二分类或分割器.例如, Yang 等人^[14]利用多模态 MRI 训练分类器,获得较高准确率. Pellicer-Valerod 等人^[15]提出一个基于深度学习的全自动检测-分割系统,在多参数 MRI 上对前列腺病灶进行定位、分割和 Gleason 分级.这些方法表明,基于卷积网络的有监督学习在 MRI 图像上 PCa 检测方面具有很高的准确性和诊断效率.也有研究人员使用 U-Net^[16]系列网络用于像素级分割、ResNet^[17]等用于切片分类.这些深度网络能够自动提取复杂的图像特征,实现异常与正常组织的区分或标记,许多工作已证明在临床前列腺癌检测中有良好表现.然而,这类监督方法严重依赖标注数据,耗时且需要医学专家参与.数据集大小、标注质量等都对模型效果影响显著,但高质量标注往往难以获得.

1.2 基于无监督学习的方法

无监督异常检测方法仅使用正常组织样本进行模型训练,假设模型只能重构或刻画正常图像分布,从而

在测试时通过重构误差或异常分数识别病灶.生成对抗网络 (generative adversarial network, GAN) 也可用于无监督检测,经典方法如 AnoGAN^[18]、f-AnoGAN^[19]等.此类方法通常训练生成器和判别器,有的还引入额外的编码器以将输入映射至潜在空间,然后通过生成器重构图像,计算重构误差用于异常评分.但由于 GAN 训练不稳定且可能生成模糊结果,这类方法设计和优化难度较高.

最新研究^[20]发现,单纯的自编码器往往过于理想地重构了异常样本,出现了完全重建现象.针对此类现象, Astrid 等人^[21]通过学习自编码器的自适应噪声并将其加到正常图像上,从而构造伪异常样本.这样训练后的网络对这些合成异常能够做出较差重构,有助于扩大正常异常之间的重构差距. Pantin 等人^[22]提出的集成自编码器方法通过归一化每个自编码器的重构误差,再取中值和投票的方式综合各自结果,从而降低单模型的偏差和方差.

尽管这些无监督策略规避了标注需求,但也存在不足:重构式模型容易出现特征冗余,出现完全重建现象;GAN 方法尽管理论上强大,却容易出现训练不稳定、难以收敛等问题;集成方法需要额外的计算资源,且各模型之间如何有效协同、如何选择归一化策略等仍需设计;伪异常构造依赖噪声设计,需要平衡其与真实异常的相似性,否则可能引入偏差.针对这些问题,本文引入了基于相似度的 CKA 损失以增强各自编码器的表征多样性,同时结合伪异常残差的策略,期望进一步提升无监督异常检测的性能.

1.3 基于自监督学习的方法

自监督学习方法作为无监督学习的重要分支,其在异常检测中通过设计代理任务为网络生成伪标签,利用仅含正常样本的训练集学习有辨识力的特征.常见代理任务包括几何变换预测(如旋转角度判断、拼图重建)或局部图像扰动.例如, CutPaste^[10]方法通过在正常图像上剪切并粘贴图像块来生成仿真缺陷,并训练网络区分原图与剪贴图.此外,还有基于旋转预测、翻转、图像拼图等任务的工作,将这些变换作为自监督任务来训练特征提取器.

近年来,对比学习也被引入自监督异常检测.对比学习通过最大化同一图像不同增强视图的特征相似度,同时最小化不同图像间的相似度,实现高质量的特征学习.在异常检测领域,可将不同变换后的正常图像视

为正则, 将其他样本 (或经过扰动生成的“伪异常”) 视为负例, 训练网络学习将正常样本聚集而将异常样本区分开来. 通用的对比学习框架 (如 SimCLR^[23]、MoCo^[24]) 在异常检测场景下往往需要精心设计负样本.

最近, 频域特征在异常检测中也越来越受到重视. 研究发现, 正常图像与异常图像在频谱空间的分布往往存在显著差异. 基于这一观察, Liang 等人^[25]提出了 OCR-GAN, 其核心思想是将输入图像通过频域分解模块分解为多个频带, 并对每个频带信息进行并行重构. 同时, 通过通道选择模块实现不同频率通道间的交互, 使模型能够自适应地利用不同频段的信息.

综上所述, 自监督学习通过构造图像扰动或对比目标来挖掘正常图像的内在结构, 提高了无标注情形下的特征表达能力. 频域分析则为异常检测提供了新的视角, 不同频段的信息可以揭示空间域难以察觉的病变模式. 当前研究多将这两者结合, 例如在自监督任务中引入频谱增强或多频分支结构, 以期同时利用频域和空间域的信息.

2 方法

2.1 概述与定义

对于 PCa 检测任务, 本文仅使用正常前列腺 MRI T2 加权图像 $\mathcal{D}_{\text{norm}}: \{\mathbf{x}_n\}_{n=1}^N$ 进行训练, 不包含任何病灶标签. 本文旨在学习一个映射 $o(\cdot)$, 使其在推理阶段面对 $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{H \times W}$ 任意切片时, 能够直接给出异常概率 $p = o(\mathbf{x}) \in [0, 1]$.

如图 1 所示, 本文方法依次包含 3 大环节. 首先, 使用多分支自编码器对正常切片进行重建, 并通过重建误差与 CKA 损失联合约束, 获得稳定且一致的正常表征. 接着, 依据各分支残差图在高残差区域随机注入局部扰动, 生成形态多样且贴近真实病灶的伪异常图像. 最后, 在检测阶段采用以 ResNet-18 为骨干并结合窗口注意力的轻量检测头, 训练时将多分支重建图与伪异常图在通道维拼接后送入检测器, 原图仅用于构建频域对比目标以强化判别; 推理阶段沿用相同数据流, 确保训练与测试分布一致, 只接收待检测数据多分支重建结果的通道拼接, 从而在无标注条件下实现对细微异常的可靠检测.

2.2 集成自编码器训练

在无监督异常检测场景中, 单一自编码器往往容易对局部纹理产生过拟合, 导致重建误差分布不稳定.

为获得更可靠的正常基线. 同时, 基于近年关于集成有效性的研究^[26], 在成员存在相关性时, 集成收益会随成员数增加逐步减小, 成员数增加还会近线性提高推理时间与显存占用. 因此, 本文在训练阶段构建了由 3 条对称编码-解码器组成的集成自编码器, 并采用逐分支递进式训练策略: 先训练第 1 条分支并冻结其参数, 再依次解锁其余分支. 这样既保留不同视角的重建能力, 又避免了同时更新所带来的梯度干扰. 这 3 条分支在网络结构与超参数上保持一致, 参数彼此独立, 输入数据保持一致, 差异来自不同随机种子的轻量初始化与训练过程的随机性. 每条分支均采用四级卷积-上采样骨架和对称的四级卷积-下采样骨架, 在瓶颈层额外输出一组 128 维潜向量; 为抑制多分支潜在空间的冗余表示, 训练过程中额外引入 CKA 损失, 使不同分支在全局结构上保持一致而在细节层面保留差异, 从而保证重建结果稳定且可比, 为后续伪异常生成奠定基础.

如图 1 (a) 左侧部分所示, 先训练一个集成自编码器, 首先对正在训练的第 t 条自编码器分支 $f_t(\cdot)$ 计算像素级重建误差, 其具体定义为:

$$L_{\text{MSE}}^{(t)} = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N \left\| \mathbf{x}_n - \hat{\mathbf{x}}_n^{(t)} \right\|_2^2 \quad (1)$$

其中, \mathbf{x}_n 为第 n 张正常图像, $\hat{\mathbf{x}}_n^{(t)} = f_t(\mathbf{x}_n)$ 是该分支的重建结果, N 为批量大小. 像素误差保证输出在局部纹理和全局轮廓上贴合输入, 但无法约束不同分支的潜在空间差异. 为此, 需在潜在空间引入去冗余正则. 计算在瓶颈层的 128 维潜向量上进行. 当前小批量的第 t 条分支与第 i 条分支的特征矩阵分别记为 $Z_t \in \mathbb{R}^{m \times 128}$ 与 $Z_i \in \mathbb{R}^{m \times 128}$, 其中 m 为批大小, 样本在行, 特征在列. 中心化的 Gram 矩阵定义为:

$$K_t = H Z_t Z_t^T H, \quad K_i = H Z_i Z_i^T H \quad (2)$$

其中, $H = I_m - \frac{1}{m} \mathbf{1}_m \mathbf{1}_m^T$ 为批内中心化矩阵, 在样本维中心化, I_m 是 $m \times m$ 单位矩阵, $\mathbf{1}_m$ 为全 1 列的 m 维列向量, m 表示当前批次样本数. 对已冻结的第 i 条分支 ($i < t$) 亦可得对应矩阵 \tilde{K}^i .

CKA 相似度具体定义为:

$$\text{CKA}(Z_t, Z_i) = \frac{\langle K_t, K_i \rangle_F}{\|K_t\|_F \|K_i\|_F} \quad (3)$$

其中, $\langle A, B \rangle_F = \text{tr}(A^T B)$ 为 Frobenius 内积, $\|\cdot\|_F$ 为 Frobenius 范数. CKA 具备显著的尺度与正交不变性, 当特征整体放缩 $Z' \rightarrow cZ'$ 或左乘任意正交矩阵 QZ' 仅发生

同尺度因子或相似变换,分子与分母同步变化,使 \tilde{K} 数值保持恒定. Kornblith 等人^[13]经过大量实验表明,相较于

于欧氏距离、最大均值差异 (MMD) 或奇异向量典型相关分析 (SVCCA), CKA 在表征对齐任务中更加稳健.

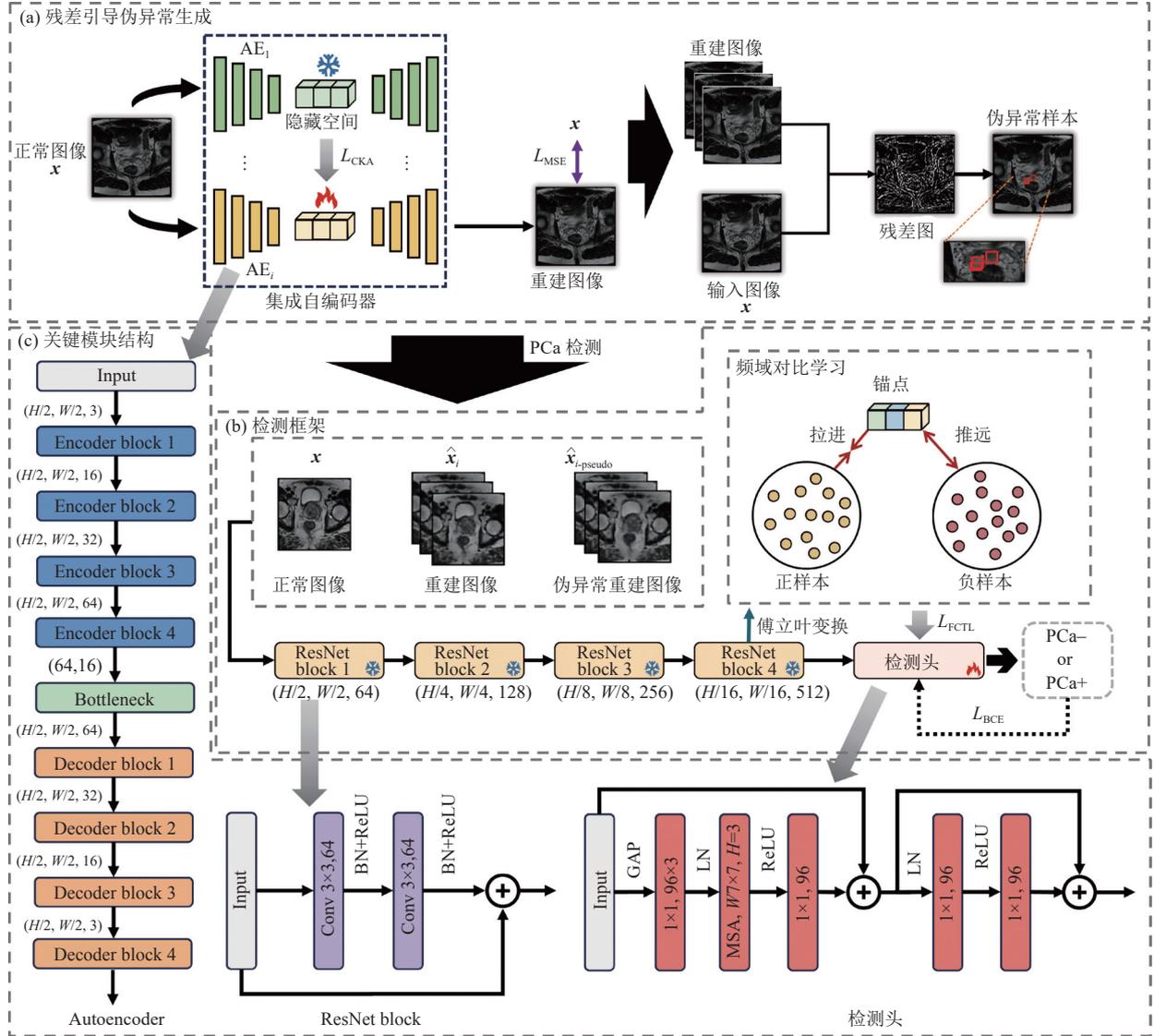


图1 方法模型架构图

本文基于相似度构造跨分支冗余损失,具体表示为:

$$L_{CKA}^{(t)} = \frac{1}{t-1} \sum_{i=1}^{t-1} (CKA(Z_t, Z_i) - 1) \quad (4)$$

其中,训练时仅对当前分支参数反向传播梯度,其余分支保持前向运算以提供 CKA 参考,均为冻结状态,仅与先前冻结分支配对.相似度越高,惩罚项越大.最终,第 t 条分支的阶段性优化目标具体表示为:

$$L^{(t)} = L_{MSE}^{(t)} + \lambda_{CKA} L_{CKA}^{(t)} \quad (5)$$

其中, λ_{CKA} 为权衡系数.训练时仅对当前分支参数反向传播梯度,其余分支保持前向运算以提供 CKA 参考;当第 t 分支收敛后冻结权重并纳入参考集合,再优化下一分支.该逐枝对齐策略兼顾全局一致与细节互补,使重建残差聚焦于潜在异常区域,为后续伪异常生成与检测器训练奠定稳定基础.

2.3 残差引导伪异常生成

在完成集成自编码器训练并获得稳定的正常重建结果后,本文进一步利用多分支重建残差来自动合成伪异常样本.由于3条分支在真正难以复原的区域往

往产生高度重叠的误差,取其平均绝对残差不仅能抑制随机噪声,还能突出潜在病灶位置,因此本文取平均绝对残差作为异常热图.具体而言,如图1(a)左侧所示,首先将输入影像依次送入冻结后的3条自编码器,计算输入与对应重建结果之间的残差图,具体定义为:

$$R = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T |\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}^{(t)}| \quad (6)$$

其中, \mathbf{x} 为输入正常影像, $\hat{\mathbf{x}}^{(t)}$ 是第 t 条冻结分支的重建结果, T 为分支数, R 为平均绝对残差图.多分支残差在空间上往往呈高度一致的分布,可视为模型最难复现、亦最可能潜藏病灶的位置.为充分利用这一线索,本文对多分支残差图进行像素级归一化与平均融合,得到具有解剖一致性的掩码,具体表示为:

$$M(i) = \begin{cases} 1, & R(i) > \tau \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (7)$$

其中, i 表示像素索引, τ 为残差阈值(残差直方图第95百分位数).得到的二值掩码 M 指示最难重建的高响应区域.随后在残差图的高响应区域施加局部扰动(包括对比度缩放、纹理噪声注入和形态学伪影叠加)从而生成覆盖多形态、多尺度的高仿真伪异常样本,具体表示为:

$$\mathbf{x}_{\text{pseudo}} = (1 - M) \odot \mathbf{x} + M \odot (\mathcal{T}(\mathbf{x})) \quad (8)$$

其中, \odot 为 Hadamard 逐像素乘, $\mathcal{T}(\cdot)$ 表示针对局部块的随机扰动算子(对比度缩放、Perlin 噪声、滤波模糊).该残差引导策略避免了随机剪贴方法与前列腺组织结构相冲突的问题,同时使伪异常专注于模型最薄弱的重建区域,为第2.4节的频域对比学习提供判别力更强的正负样本对.

在仅使用正常样本而不引入外部先验的设定下,常见的生成模型 GAN 和扩散模型不适应本任务.对抗重建往往把体积较小、对比度较低的病灶趋向正常化,削弱异常与正常的可分性^[27];扩散的伪异常重建在生成病灶的同时容易改变未受累的健康区域,并带来多步采样的额外开销与对条件先验的依赖,稳定性与可控性难以保证^[28].基于多分支残差一致性确定局部生成域并实施幅度受限的扰动,更能保持解剖连续性,训练信号与判别位置保持一致,结合频域对比提升对细粒度差异的响应,从而在不改变健康组织结构的前提下获得更稳定的判别效果.

2.4 检测框架与频域对比学习

如图1(b)所示完成EAE训练并得到3类输入(原始正常影像 \mathbf{x} 、对应重建 $\hat{\mathbf{x}}$ 以及伪异常影像 $\mathbf{x}_{\text{pseudo}}$)后,本文构建一个卷积特征与窗口注意力相结合的端到端检测器.检测器的监督信号完全来自算法自动生成的伪异常掩码, ResNet-18 仅作为骨干结构,训练与推理均不依赖人工标签.骨干网络选择轻量级 ResNet-18^[17],经4个残差阶段输出形状的特征映射可表示为 $F \in \mathbb{R}^{\frac{H}{16} \times \frac{W}{16} \times 512}$.

在此基础上, Swin-Style 检测头引入 Swin Transformer^[29]的滑动窗口思想,仅对固定大小窗口内的特征建立长程依赖,可在保持低计算量的同时捕获异常纹理所需的上下文.具体而言,首先使用 1×1 卷积对通道进行线性映射以重组信息并压缩维度,随后施加 Layer-Norm 完成归一化,在 7×7 窗口内执行多头自注意力(multi-head self-attention, MSA),移窗步长为3,接 ReLU 激活与第2个 1×1 卷积恢复信息通路,并通过残差跳连与输入特征相加,确保梯度顺畅传播.其后叠加一级轻量前馈子模块,依次为 LayerNorm、 1×1 卷积、ReLU 与再次 1×1 卷积,再与上一残差结果相加,为特征注入额外非线性而不显著增加参数.两级堆叠后,对输出特征执行全局平均池化并连接一层全连接节点,得到异常概率 \hat{y} .在保持 Swin Transformer 架构优势的同时,将原 GELU 激活统一替换为 ReLU,以适配 ResNet-18 提取的卷积特征分布并降低推理延迟.这种卷积与窗口注意力相结合的设计在不增加显著开销的前提下,为后续频域对比学习提供了兼具局部纹理和长程上下文的信息表达.

在完成骨干特征提取后,本文进一步在频域构造对比目标,以增强检测头的判别力.设检测头输入的顶层特征向量为 $\mathbf{f} \in \mathbb{R}^d$,其二维离散傅立叶变换的幅值谱记为:

$$A = |\mathcal{F}(\mathbf{f})| \quad (9)$$

对同一批次样本,可获得3类幅值谱: A_{norm} (源于正常 \mathbf{x}), A_{recon} (源于重建 $\hat{\mathbf{x}}$), A_{pseudo} (源于伪异常 $\hat{\mathbf{x}}_{\text{pseudo}}$),以 $(A_{\text{norm}}, A_{\text{recon}})$ 为正对、 $(A_{\text{norm}}, A_{\text{pseudo}})$ 为负对,构造频域对比损失,具体定义为:

$$L_{\text{FCL}} = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \frac{\|A_{\text{norm}}^{(k)} - A_{\text{pseudo}}^{(k)}\|_1}{\|A_{\text{norm}}^{(k)} - A_{\text{recon}}^{(k)}\|_1 + \varepsilon} \quad (10)$$

其中, K 为批量大小, $\|\cdot\|_1$ 表示 L1 范数, $\varepsilon = 10^{-6}$ 防止除零. 该损失鼓励网络在频域上拉近正常样本与其重建结果, 同时远离伪异常样本, 从而促进特征空间对异常分布的区分.

检测头的最终分类采用二元交叉熵损失, 具体定义为:

$$L_{\text{BCE}} = -\frac{1}{K} \sum_{k=1}^K [y^{(k)} \log \hat{y}^{(k)} + (1 - y^{(k)}) \log (1 - \hat{y}^{(k)})] \quad (11)$$

其中, $y^{(k)} \in \{0, 1\}$ 为真值标签. 训练阶段固定基层自编码器与 ResNet-18 权重, 仅更新检测头参数. 联合优化目标具体定义为:

$$L = L_{\text{BCE}} + \lambda L_{\text{FCL}} \quad (12)$$

3 实验分析

实验将从使用数据集、实施方案、对比方法的介绍、定量分析、定性分析、消融实验这 6 部分展开.

3.1 数据集

本文实验选取 3 个公开 MRI 数据集: 多中心前列腺癌数据集 PICA1^[30]、单中心前列腺癌数据集 Prostate-MRI-US (PMU)^[31] 以及脑部肿瘤数据集 BTM^[32]. 各数据集在本文中实际采用的训练和测试样本数量见表 1.

表 1 数据统计表

Dataset	训练级 (切片)	测试集 (正常/异常)	备注
PICA1	1200	600/600	依据病理数据标注
Prostate-MRI-US	1200	600/600	依据报告格里森分级标注
BTM	1567	600/600	—

3.2 实施方案

本文算法基于 Python 3.9 与 PyTorch 2.0.0 实现, 全部训练与推理均在配备 NVIDIA GeForce RTX 3090 显卡、Intel Xeon Gold 6148 处理器的 CentOS 7.9 服务器上完成. 训练流程分两阶段: 首先按逐支冻结策略依次训练 3 条自编码器分支, 批大小 64, AdamW 优化器, 初始学习 5×10^{-4} , 权重衰减 1×10^{-4} , 共 250 个 epoch; 随后固定集成自编码器权重, 仅更新 Swin-Style 检测头, 批大小 16, 学习率降至 1×10^{-5} , 再训练 100 个 epoch, 并在两阶段均采用余弦退火调整学习率. 相似度损失权重 λ_{CKA} 取 1.0, 频域对比损失权重 λ_{FCL} 取 0.5, 两者依据损失项梯度量级平衡原则^[33]并结合小规模预实验确定, 在所有数据集与全部实验中保持不变, 不再额外调

优. 所有输入图像在送入网络前统一执行 Z-score 归一化并随机水平翻转与小角度旋转, 以提升模型对形态差异的鲁棒性; 推理阶段沿用训练时的数据流向, 待测影像先经冻结的集成自编码器重建, 再送入检测器输出异常概率, 从而降低输入分布漂移带来的性能退化. 在评估所提出的方法时, 使用异常检测中的标准指标受试者工作特征曲线下面积 (area under ROC curve, AUC) 和平均精度 (average precision, AP) 两项常用指标.

3.3 对比方法介绍

本文将通过与多个先进的无监督学习算法和自监督学习算法的比较以证明所提出方法的有效性. 其中 AE^[12]、GANomaly^[6]和 AnoDDPM^[34]属于无监督范式; CutPaste^[10]、Skip-TS^[35]属于自监督范式; DDAD^[9]、D2UE^[36]则引入多分支或不确定性建模, 代表最新的集成自编码器思路. 对比方法的简要介绍如下.

AE: 该方法基于自编码器重建误差, 以正常样本训练, 通过重建误差识别异常.

GANomaly: 该方法在 GAN 框架中引入编码-解码结构, 通过对抗与重建联合优化实现异常检测.

AnoDDPM: 基于扩散模型的无监督重建方法, 推理阶段对输入加噪并执行部分去噪重建, 利用重建残差进行异常评分.

CutPaste: 该方法通过随机剪贴图像局部区域生成伪异常, 训练分类器识别异常.

Skip-TS: 该方法基于教师-学生结构和多尺度特征一致性提升异常敏感性.

DDAD: 该方法提出双分支自编码器结构, 通过分支差异建模异常相关不确定性.

D2UE: 该方法基于深度集成学习的不确定性建模框架, 利用双空间不确定性增强异常识别能力.

3.4 定量分析

在 3 个公开 MRI 数据集 (PICA1、Prostate-MRI-US、BTM) 上的定量实验结果如表 2 所示. 本文方法在前列腺癌公开数据集 (PICA1、Prostate-MRI-US) 上取得了最高的 AUC 和 AP, 整体优于主流无监督异常检测算法, 验证了方法在前列腺异常检测任务中的有效性和适应性. 在脑部 MRI 数据集 (BTM) 上, Skip-TS 方法取得了最高得分, 但本方法依然保持较高水平, 显示出良好的泛化能力和稳定性.

表2 各方法 AUC 和 AP 比较 (%)

方法	PICA1		PMU		BTM	
	AUC	AP↑	AUC	AP↑	AUC	AP↑
AE	75.83	75.02	85.63	84.76	79.74	71.96
GANomaly	60.54	60.54	51.66	52.57	75.18	69.70
CutPaste	63.41	64.27	51.10	54.27	69.70	65.60
Skip-TS	66.16	70.75	84.20	80.71	94.27	90.26
DDAD	80.27	79.43	85.46	85.93	82.17	70.86
D2UE	66.14	64.12	74.81	68.13	89.26	83.01
AnoDDPM	60.23	54.56	58.17	62.34	85.23	84.97
Ours	84.00	82.50	89.20	87.00	89.50	88.80

首先, 本文方法在前列腺 MRI 两组公开数据集上均取得最优成绩. 在 PICA1 数据集上, AUC 和 AP 分别达到 84.0% 和 81.7%, 较 DDAD 方法提升了 3.7%; 在 Prostate-MRI-U (PMU) 数据集上, AUC 和 AP 分别为 89.2% 和 86.5%, 同样明显优于主流对比算法. 前列腺癌病灶在 MRI 中通常表现为体积小、分布散、结构复杂, 对自动检测算法提出了较高的判别和适应要求^[37]. 本方法基于集成自编码器的残差伪异常生成与频域对比机制, 能够显著提升模型对细粒度局部异常的检测能力, 有效适应前列腺影像中复杂病灶和多变结构的检测需求. GANomaly 与 AnoDDPM 在 PICA1 和 PMU 的 AUC 与 AP 均低于本文方法, 差距在小体积和弱对比病灶上更为明显. 结果与方法部分的取舍

分析一致.

此外, 在 BTM 数据集上, Skip-TS 方法取得 94.27% 的 AUC 和 90.26% 的 AP, 略高于本文方法的 89.5% 和 86.3%. 但本文方法依然优于除 Skip-TS 外的所有对比算法. 这是由于脑部 MRI 结构相对规整, 异常区域边界清晰, 在此类任务中部分教师-学生结构方法表现突出. 总体来看, 本文方法不仅具备较高的检测准确性, 也在不同类型医学影像场景下展现出良好的稳定性和泛化能力. 同类型医学影像场景下展现出良好的稳定性和泛化能力.

3.5 定性分析

图 2 展示了各方法在 3 组 MRI 数据集上典型样本的 Grad-CAM^[38]热图可视化结果. 可以看出, 本文方法在前列腺 MRI (PICA1、Prostate-MRI-US) 数据集上的异常区域响应最为集中, 显著区域与实际病灶分布较为一致, 背景干扰较少, 能够更好地突出潜在异常结构. 相比之下, 传统自编码器 (AE)、GANomaly 和 CutPaste 等方法普遍存在响应分散、背景噪声大等问题, 难以准确聚焦于关键异常区域. DDAD 和 D2UE 方法在部分样本上存在误检或区域定位不精确的现象. Skip-TS 方法在 BTM 上的表现相对突出, 但在前列腺影像场景下对复杂结构的判别能力有限.

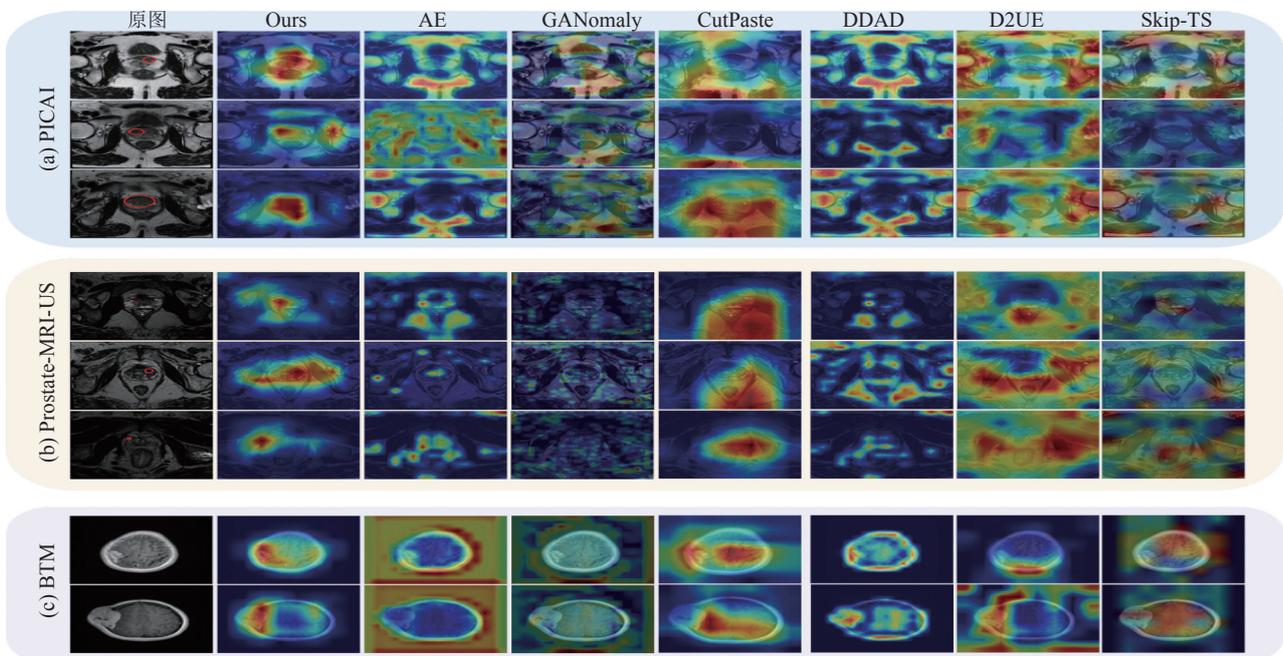


图2 Grad-CAM 热图

图 3 展示了基于检测器倒数第 4 层特征的 t-SNE 可视化结果, 为了获得更直观的展示, 拆分 3 条分支获

得特征并合并绘制. 可以看到在 PICA1 与 Prostate-MRI-US 以及 BTM 这 3 组数据上, 真实异常与伪异常在主要

密度区域高度重叠并且簇中心接近,少量样本位于真实异常簇的边缘地带,反映异常形态的多样性.该现象表明伪异常在判别表征上贴近真实异常,能够为训练阶段提供有效的异常信号.图4展示伪异常生成的像素级案例,左上为重建图像,左下为原图;二者用于计算残差并得

到中部的残差图.依据高残差区域在原图内施加局部扰动并与原图混合,得到右侧的伪异常样本;右下为叠加与局部放大(红框为放大区域,橙色虚线指示对应位置).可以看到伪异常主要位于一致高残差区域,伪异常保持与周围组织一致的解剖边界与纹理分布.

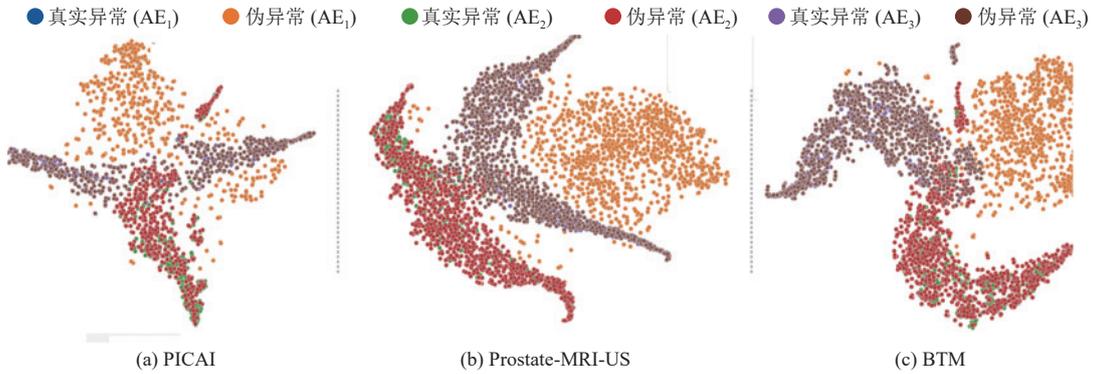


图3 t-SNE图

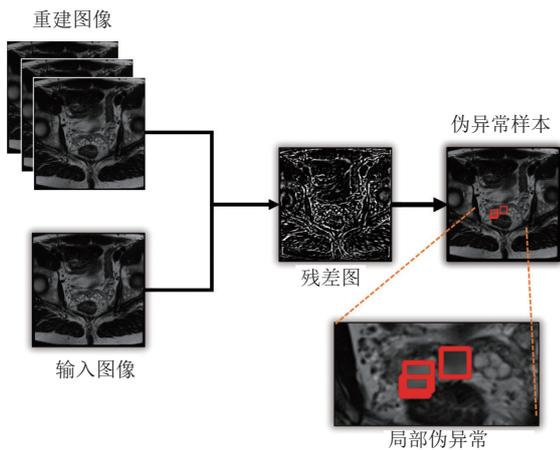


图4 伪异常生成示例

整体来看,本文方法不仅在前列腺癌MRI等结构复杂、病灶细小的数据集上具备更强的异常区域感知能力,也能在脑部数据集上保持稳定检测性能.这一结果验证了本文方法在多类型医学图像异常检测任务中的泛化能力和实际应用价值,有助于为临床智能辅助诊断提供更可靠的支持.

3.6 消融实验

本文方法面向小体积与弱对比的前列腺病灶检测,首先以多分支自编码器形成互补的重建视角,通过跨分支残差的一致性指引定位可疑区域,同时以去冗余相似性约束保持分支差异,避免表征趋同.随后在一致高残差的位置注入幅度受控的伪异常,使训练信号与

判别关注的像素保持一致,并尽量不改变健康组织.为了提升对微弱纹理与边界的敏感性,引入频域对比损失强调高频成分,检测头采用Swin-Style风格结构以同时汇聚局部与全局信息.基于上述设计,消融实验逐项检验3类因素的贡献,移除频域对比损失用于评估频域判别的独立增益,将多分支替换为单自编码器用于评估融合与去冗余带来的收益,将Swin风格检测头替换为传统检测头用于评估表征汇聚方式对性能的影响.同时参考表2中的普通自编码器结果,可作为未引入伪异常与频域约束的间接对照,在3个公开MRI数据集(PICAI、Prostate-MRI-US、BTM)上进行了消融实验,具体结果如表3所示.

表3 消融实验AUC和AP比较(%)

Model	指标	PICAI	PMU	BTM
去除频域对比损失 (w/o FCL)	AUC	81.20	86.70	87.40
	AP↑	79.90	85.00	86.20
单自编码器 (w/o Ensemble)	AUC	80.90	86.20	86.00
	AP↑	79.50	84.40	85.00
传统ResNet检测头 (w/o Swin-Style)	AUC	82.50	87.60	88.10
	AP↑	81.10	86.90	87.70
Ours	AUC	84.00	89.20	89.50
	AP↑	82.50	87.00	88.80

在频域对比损失去除的消融下,PICAI的AUC由84.00%降至81.20%且AP由82.50%降至79.90%,PMU的AUC由89.20%降至86.70%且AP由87.00%降至85.00%,BTM的AUC由89.50%降至87.70%且

AP 由 88.80% 降至 86.20%，结果显示频域判别带来稳定增益。将多分支替换为单自编码器后，PICAI 的 AUC 降至 80.90% 且 AP 降至 79.50%，PMU 的 AUC 降至 86.20% 且 AP 降至 84.40%，BTM 的 AUC 降至 86.00% 且 AP 降至 85.00%，与其他两项消融相比在 3 个数据集上呈现出更大的变化幅度。将 Swin 风格检测头替换为传统检测头后，PICAI 的 AUC 降至 82.50% 且 AP 降至 81.10%，PMU 的 AUC 降至 87.60% 且 AP 降至 86.90%，BTM 的 AUC 降至 88.10% 且 AP 降至 87.70%，表现为幅度较小但一致的下降。综合表 3 可见，这 3 项设计均对性能具有正向作用，频域对比提供稳定提升，分支融合带来的影响相对更为明显，检测头改进形成补充性增益。同时，为了说明分支数量的设定，我们在 PICAI 数据集比较了不同分支数量模型的性能与效率比较，如表 4 所示，在分支数量为 1-3 时，AUC 随分支数量增加持续提升至最佳性能，扩展至 4 分支时训练时间大幅增加，且性能下降了 0.2%，是因为分支数量过多，产生了边际递减效应，且成本增加，因此本文采用 3 分支作为默认配置。

表 4 不同分支数量在 PICAI 数据集上的 AUC 与效率比较

分支数量	AUC (%)↑	参数量 (M)	训练时间 (h)
1	80.90	16.86	约5
2	82.34	33.70	约9
3	84.00	50.56	约14
4	83.78	67.42	约28

综上所述，本文提出的频域对比损失、集成自编码器结构和 Swin-Style 检测头这 3 大模块均能有效提升模型的异常检测性能。各组消融实验均未超过完整方法，验证了整体设计的合理性和有效性。

4 结论与展望

本文针对 PCa 检测任务中异常区域分布复杂、数据标签稀缺等实际问题，提出了一种基于集成自编码器和伪异常生成的无标注的自监督异常检测方法，并结合频域对比学习进一步提升模型的异常判别能力。通过在前列腺癌和脑部 MRI 等多个公开数据集上的实验，验证了所提方法在多种场景下的有效性和鲁棒性。实验结果表明，本文方法能够更好地适应复杂病灶和多变结构的影像检测需求，在前列腺 MRI 等难度较高的数据集上取得了领先的检测性能。尽管如此，仍存在一些不足之处。例如，模型训练过程中对不同模块参

数的选择与优化仍需进一步完善，在脑部结构相对规则的数据集上，教师-学生结构方法的表现仍优于本方法。此外，本文尚未对异常区域的像素级定位能力进行深入分析，未来可进一步结合弱监督等方式提升模型的空间分辨能力。后续工作将从病灶级定位、跨域泛化与多序列协同 3 个方面推进。我们在不依赖密集标注的前提下引入弱监督信号，结合残差响应与伪异常掩码开展病灶级定位与评测，补充目前以图像级指标为主的不足。面向不同中心与设备及采集协议，进一步研究域泛化与自适应并建立稳定的阈值标定流程，提升在新场景下的稳健性。为降低单序列带来的表征偏置，探索多序列或多模态协同与跨序列一致性约束，加强对细微病灶的敏感性。

参考文献

- 李应蕃, 李鸿欣, 王为服, 等. 前列腺癌早期筛查及诊断模式的新进展. 中华男科学杂志, 2025, 31(5): 462-467.
- 贝明洁, 祝新. 集成磁共振成像技术在前列腺癌中的研究进展. 磁共振成像, 2025, 16(2): 210-214.
- Labus S, Altmann MM, Huisman H, *et al.* A concurrent, deep learning-based computer-aided detection system for prostate multiparametric MRI: A performance study involving experienced and less-experienced radiologists. *European Radiology*, 2023, 33(1): 64-76.
- Salman ME, Çakar GÇ, Azimjonov J, *et al.* Automated prostate cancer grading and diagnosis system using deep learning-based YOLO object detection algorithm. *Expert Systems with Applications*, 2022, 201: 117148. [doi: 10.1016/j.eswa.2022.117148]
- Huang TL, Lu NH, Huang YH, *et al.* Transfer learning with CNNs for efficient prostate cancer and BPH detection in transrectal ultrasound images. *Scientific Reports*, 2023, 13(1): 21849. [doi: 10.1038/s41598-023-49159-1]
- Akçay S, Atapour-Abarghouei A, Breckon TP. GANomaly: Semi-supervised anomaly detection via adversarial training. *Proceedings of the 14th Asian Conference on Computer Vision (ACCV)*. Perth: Springer, 2018. 622-637.
- Baur C, Denner S, Wiestler B, *et al.* Autoencoders for unsupervised anomaly segmentation in brain MR images: A comparative study. *Medical Image Analysis*, 2021, 69: 101952. [doi: 10.1016/j.media.2020.101952]
- Bao JN, Sun HS, Deng HQ, *et al.* BMAD: Benchmarks for medical anomaly detection. *Proceedings of the 2024 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern*

- Recognition (CVPR). Seattle: IEEE, 2024. 4042–4053.
- 9 Cai Y, Chen H, Yang X, *et al.* Dual-distribution discrepancy for anomaly detection in chest X-rays. Proceedings of the 25th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI). Singapore: Springer, 2022. 584–593.
 - 10 Li CL, Sohn K, Yoon J, *et al.* CutPaste: Self-supervised learning for anomaly detection and localization. Proceedings of the 2021 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Nashville: IEEE, 2021. 9659–9669.
 - 11 Tan J, Hou B, Day T, *et al.* Detecting outliers with poisson image interpolation. Proceedings of the 24th International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention (MICCAI). Strasbourg: Springer, 2021. 581–591.
 - 12 Sakurada M, Yairi T. Anomaly detection using autoencoders with nonlinear dimensionality reduction. Proceedings of the 2nd MLSDA Workshop on Machine Learning for Sensory Data Analysis. Gold Coast: ACM, 2014. 4–11.
 - 13 Kornblith S, Norouzi M, Lee H, *et al.* Similarity of neural network representations revisited. Proceedings of the 36th International Conference on Machine Learning (PMLR). Long Beach: PMLR, 2019. 3519–3529.
 - 14 Yang CG, Li BS, Luan Y, *et al.* Deep learning model for the detection of prostate cancer and classification of clinically significant disease using multiparametric MRI in comparison to PI-RADs score. Urologic Oncology: Seminars and Original Investigations, 2024, 42(5): 158. e17–158. e27.
 - 15 Pellicer-Valero OJ, Marengo Jiménez JL, Gonzalez-Perez V, *et al.* Deep learning for fully automatic detection, segmentation, and Gleason grade estimation of prostate cancer in multiparametric magnetic resonance images. Scientific Reports, 2022, 12(1): 2975. [doi: [10.1038/s41598-022-06730-6](https://doi.org/10.1038/s41598-022-06730-6)]
 - 16 Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. Proceedings of the 18th International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention (MICCAI). Munich: Springer, 2015. 234–241.
 - 17 He KM, Zhang XY, Ren SQ, *et al.* Deep residual learning for image recognition. Proceedings of the 2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Las Vegas: IEEE, 2016. 770–778.
 - 18 Schlegl T, Seeböck P, Waldstein SM, *et al.* Unsupervised anomaly detection with generative adversarial networks to guide marker discovery. Proceedings of the 25th International Conference on Information Processing in Medical Imaging. Boone: Springer, 2017. 146–157.
 - 19 Schlegl T, Seeböck P, Waldstein SM, *et al.* f-AnoGAN: Fast unsupervised anomaly detection with generative adversarial networks. Medical Image Analysis, 2019, 54: 30–44. [doi: [10.1016/j.media.2019.01.010](https://doi.org/10.1016/j.media.2019.01.010)]
 - 20 Cai Y, Chen H, Cheng KT. Rethinking autoencoders for medical anomaly detection from a theoretical perspective. Proceedings of the 27th International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention (MICCAI). Marrakesh: Springer, 2024. 544–554.
 - 21 Astrid M, Zaheer MZ, Aouada D, *et al.* Exploiting autoencoder’s weakness to generate pseudo anomalies. Neural Computing and Applications, 2024, 36(23): 14075–14091. [doi: [10.1007/s00521-024-09790-z](https://doi.org/10.1007/s00521-024-09790-z)]
 - 22 Pantin J, Marsala C. A robust autoencoder ensemble-based approach for anomaly detection in text. arXiv:2405.13031, 2024.
 - 23 Chen T, Kornblith S, Norouzi M, *et al.* A simple framework for contrastive learning of visual representations. Proceedings of the 37th International Conference on Machine Learning. PMLR, 2020. 149.
 - 24 He KM, Fan HQ, Wu YX, *et al.* Momentum contrast for unsupervised visual representation learning. Proceedings of the 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Seattle: IEEE, 2020. 9726–9735.
 - 25 Liang YF, Zhang JN, Zhao SW, *et al.* Omni-frequency channel-selection representations for unsupervised anomaly detection. IEEE Transactions on Image Processing, 2023, 32: 4327–4340. [doi: [10.1109/TIP.2023.3293772](https://doi.org/10.1109/TIP.2023.3293772)]
 - 26 Kim H, Hodgkinson L, Theisen R, *et al.* How many classifiers do we need? Proceedings of the 38th International Conference on Neural Information Processing Systems. Vancouver: Curran Associates Inc., 2024. 2745.
 - 27 Zhu LX, Pan JH, Mou WM, *et al.* Harnessing artificial intelligence for prostate cancer management. Cell Reports Medicine, 2024, 5(4): 101506. [doi: [10.1016/j.xcrm.2024.101506](https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2024.101506)]
 - 28 Bercea CI, Wiestler B, Rueckert D, *et al.* Diffusion models with implicit guidance for medical anomaly detection. Proceedings of the 27th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention. Marrakesh: Springer, 2024. 211–220.
 - 29 Liu Z, Lin YT, Cao Y, *et al.* Swin Transformer: Hierarchical

- vision Transformer using shifted windows. Proceedings of the 2021 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). Montreal: IEEE, 2021. 9992–10002.
- 30 Saha, AnindoSaha, Anindo, *et al.* Artificial intelligence and radiologists in prostate cancer detection on MRI (PI-CAI): An international, paired, non-inferiority, confirmatory study. *The Lancet Oncology*, 2024, 25(7): 879–887.
- 31 Natarajan S, Priester A, Margolis D, *et al.* Prostate MRI and ultrasound with pathology and coordinates of tracked biopsy (Prostate-MRI-US-Biopsy) (version 2) [Data set]. *The Cancer Imaging Archive*, 2023. <https://www.cancerimagingarchive.net/collection/prostate-mri-us-biopsy/>. [2024-06-13]
- 32 Nickparvar M. Brain tumor MRI dataset [DB/OL]. Kaggle, 2021. <https://www.kaggle.com/datasets/unidpro/brain-cancer-dataset>. [2024-07-12]
- 33 Chen Z, Badrinarayanan V, Lee CY, *et al.* GradNorm: Gradient normalization for adaptive loss balancing in deep multitask networks. Proceedings of the 35th International Conference on Machine Learning. Stockholm: PMLR, 2018. 793–802.
- 34 Wyatt J, Leach A, Schmon SM, *et al.* AnoDDPM: Anomaly detection with denoising diffusion probabilistic models using simplex noise. Proceedings of the 2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops. New Orleans: IEEE, 2022. 650–656.
- 35 Liu MX, Jiao YR, Lu JQ, *et al.* Anomaly detection for medical images using teacher-student model with skip connections and multiscale anomaly consistency. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, 2024, 73: 2520415.
- 36 Gu Y, Lin Y, Cheng KT, *et al.* Revisiting deep ensemble uncertainty for enhanced medical anomaly detection. Proceedings of the 27th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI). Marrakesh: Springer, 2024. 520–530.
- 37 Turkbey B, Pinto PA, Mani H, *et al.* Prostate cancer: Value of multiparametric MR imaging at 3T for detection—histopathologic correlation. *Radiology*, 2010, 255(1): 89–99. [doi: 10.1148/radiol.09090475]
- 38 Selvaraju RR, Cogswell M, Das A, *et al.* Grad-CAM: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization. Proceedings of the 2017 IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV). Venice: IEEE, 2017. 618–626.

(校对责编: 李慧鑫)