

基于 YOLOv8 - SCG 轻量级模型的血细胞分类方法

李小奇¹ 吴重庆² 陆梓豪² 李红旭²

(¹上海交通大学医学院附属瑞金医院无锡分院检验科 无锡 214000

²无锡学院集成电路科学与工程学院 无锡 214105)

[摘要] **目的/意义** 探索适用于血细胞分类的轻量级模型, 助力血液疾病快速辅助诊断。**方法/过程** 基于 YOLOv8 架构设计 YOLOv8 - SCG 轻量级模型, 在公开血细胞检测数据集 BCCD 上进行多种模型对比实验和消融实验, 基于 Leukemia - cell 数据集完成泛化性测试。**结果/结论** YOLOv8 - SCG 模型的检测精度与计算量较 YOLOv8n、YOLOv11n 等主流模型显著提升; 在 Leukemia - cell 病理异常血细胞数据集上精确率、召回率、mAP 分别达 94.3%、95.6%、95.4%, 泛化能力优异, 为血细胞自动化分类提供了高效可行的方法。

[关键词] 血细胞; 目标检测; 医学图像分析; YOLOv8; 轻量级模型

[中图分类号] R - 058 **[文献标识码]** A **[DOI]** 10.3969/j.issn.1673-6036.2026.01.012

Study on Blood Cell Classification Method Based on YOLOv8 - SCG Lightweight Model

LI Xiaoqi¹, WU Chongqing², LU Zihao², LI Hongxu²

¹Department of Clinical Laboratory, Wuxi Branch of Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Wuxi 214000, China; ²School of Integrated Circuit Science and Engineering, Wuxi University, Wuxi 214105, China

[Abstract] **Purpose/Significance** To explore lightweight model suitable for blood cell classification, so as to facilitate rapid auxiliary diagnosis of blood diseases. **Method/Process** A lightweight model YOLOv8 - SCG is designed based on the YOLOv8 architecture. Comparative experiments and ablation experiments are conducted on the public blood cell count and detection dataset (BCCD), and generalization testing is completed based on the Leukemia - cell dataset. **Result/Conclusion** The detection accuracy and lightweight performance of the YOLOv8 - SCG model are significantly improved compared with mainstream models such as YOLOv8n and YOLOv11n. The precision, recall and mAP on the Leukemia - cell pathological abnormal blood cell dataset reach 94.3%, 95.6% and 95.4% respectively, with excellent generalization ability, providing an efficient and feasible method for the automatic classification of blood cells.

[Keywords] blood cell; object detection; medical image analysis; YOLOv8; lightweight model

[修回日期] 2025 - 12 - 08

[作者简介] 李小奇, 主管技师, 发表论文 1 篇; 通信作者: 李红旭, 博士, 副教授。

[基金项目] 江苏省基础研究计划重点项目 (项目编号: BK20243021); 无锡市科技创新创业资金“太湖之光”科技攻关计划 (项目编号: K20241049)。

1 引言

血细胞分类是临床诊断血液疾病的关键环节,其结果直接影响疾病的早期发现、病情评估与治疗方案制定^[1]。传统方法依赖人工镜检,耗时费力,且易受检验人员经验、疲劳程度等主观因素影响,结果一致性差、漏检误检率高^[2-5]。随着便携式医疗设备的普及,越来越需要自动化、轻量级的血细胞分类模型,以适配资源受限的边缘计算场景^[6]。研发兼具高精度与低计算量的血细胞分类方法,对提升基层医疗诊断效率、降低人力成本具有重要现实意义^[7-9]。

近年来,深度学习技术快速发展,为血细胞自动化分类提供了新途径^[10]。YOLO 系列算法因检测速度快、适应性强成为研究热点^[11]。YOLOv5、YOLOv8 等模型通过优化网络结构提升精度,但参数量与计算量大,难以满足边缘设备部署需求;而 YOLOv10、YOLOv11 等轻量级版本在小目标(如血小板)检测和复杂场景(如红细胞密集分布)中的适应性不佳^[12]。此外,既有研究多聚焦单一性能优化,对“精度-计算量”协同提升关注较少,导致模型在临床实际应用中难以兼顾效率与准确性^[13]。

针对上述问题,本研究提出基于 YOLOv8 的改进模型 YOLOv8-SCG。通过引入轻量化骨干网络、优化特征融合模块、设计高效检测头等策略,在保证分类精度的同时显著降低模型复杂度。

2 实验与方法

2.1 数据来源与预处理

采用公开血细胞检测数据集(blood cell count and detection dataset, BCCD)作为实验数据来源。该数据集广泛用于血细胞分类与检测任务模型训练及性能验证,行业认可度高、代表性强^[14-15]。其包含 364 张经专业标注的血细胞显微图像,图像分辨率统一为 640×480 像素,格式为 JPG,单张图像

20~25 kB。根据细胞类型,标注信息分 3 类:白细胞(white blood cell, WBC)、红细胞(red blood cell, RBC)及血小板(platelets)。其中,白细胞因细胞核形态清晰、体积大,在图像中易被初步识别^[16];红细胞数量占比最高,呈双凹圆盘状,常密集分布^[17];血小板体积最小(直径 2~4 μm),多呈不规则散在分布,检测中易受背景噪声干扰,是分类任务难点^[18]。典型细胞形态,见图 1。

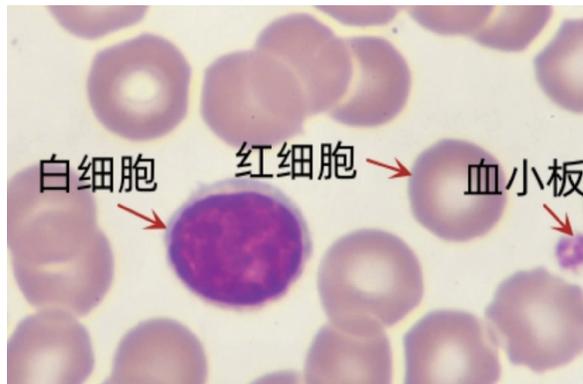


图 1 红细胞、白细胞和血小板图像

将原始数据集 XML 格式的标注文件转换为 YOLO 系列模型支持的 TXT 格式。标注文件包含细胞类别(以数字 0、1、2 分别代表白细胞、红细胞、血小板)及目标边界框坐标(归一化至 [0, 1] 区间),格式为“类别 x_center y_center width height”。

将预处理后的数据按 7:2:1 的比例随机划分为训练集、验证集和测试集。其中,训练集 255 张图像,用于模型参数迭代更新;验证集 73 张图像,用于训练过程中模型超参数调优与过拟合监测;测试集 36 张图像,用于最终模型性能评估,确保结果客观性。划分后各类别样本数量均衡,避免类别不平衡影响模型训练效果。

2.2 YOLOv8-SCG 轻量级网络模型构建

对 YOLOv8 架构^[19]进行轻量化改进,构建 YOLOv8-SCG 模型,以平衡血细胞检测精度与计算效率。其整体结构由骨干网络、颈部网络及检测头 3 部分组成,见图 2。

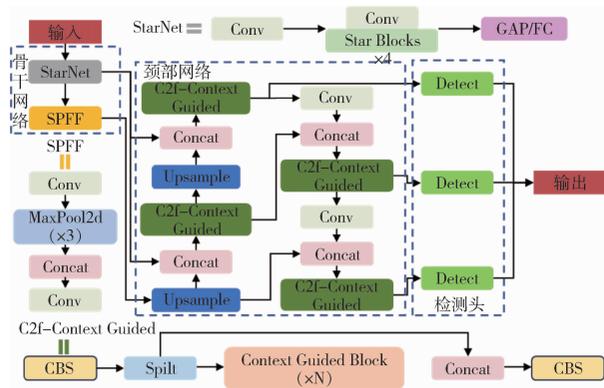


图 2 YOLOv8 - SCG 网络结构

在骨干网络部分，为解决 YOLOv8 中 Darknet53 框架参数量较大的问题，采用 StarNet 轻量化网络进行替换。StarNet 采用分层设计思路^[20]，包含 4 个特征提取阶段。每阶段先通过 Conv 卷积层完成下采样，以缩小特征图尺寸，并提取初步特征；随后通过 StarBlocks 层进行高效特征融合，即通过星操作（元素逐点相乘）实现特征在高维空间的映射与融合；同时在 StarBlocks 层前后引入深度可分离卷积层，使每阶段的通道数翻倍，以增强特征表示能力。此外，将 StarNet 中的层归一化替换为批量归一化，以提升计算效率，将通道扩展因子设置为 4，保证网络宽度，在降低参数的同时保留对血细胞细微特征（如血小板小尺寸形态）的提取能力。

对颈部网络中 C2f 模块进行优化，采用 Context Guided Block 替代原有 Bottleneck 结构，构建 C2f - Context Guided 模块^[21]。Context Guided Block 通过多分支设计增强上下文信息理解能力：利用 3 × 3 标准卷积作为局部特征提取器，结合 3 × 3 空洞卷积作为周围上下文特征提取器，二者输出经联合特征提取器融合后，经批量归一化与参数化 ReLU 激活函数处理得到联合特征；通过全局平均池化层与多层感知机聚合全局上下文特征，经加权操作与局部特征融合，有效提升血细胞密集分布场景（如红细胞聚集区域白细胞的定位）中模型对上下文依赖关系的捕捉能力。同时，将模块内标准卷积替换为深度可分离卷积，通过深度卷积提取空间特征、逐点卷积整合通道特征，显著降低计算量与参数冗余。

检测头部分采用轻量化共享设计精简模型参

数，见图 3。首先，检测头接收 3 个不同层级的检测分支特征，各分支特征首先通过 1 × 1 Conv_GN 卷积将输出特征图维度统一压缩至 256 × 256，大幅精简计算量。Conv_GN 卷积模块中采用 Group-Norm2d 替代传统 BatchNorm2d，借助通道分组归一化的方式减少计算开销，同时摆脱对批尺寸的依赖，更适配血细胞检测场景中的小样本训练需求。其次，将 3 个分支的特征汇合并串联为两个 3 × 3 Conv_GN 卷积，实现检测头参数共享，进一步精简模型参数体量。再次，经过共享卷积处理的特征，分别接入 Conv_Reg（边界框回归分支）与 Conv_Cls（类别分类分支），以完成回归与分类任务。最后，引入 Scale 层对不同尺度特征图自适应缩放，解决血细胞多尺度检测难题（如大尺寸白细胞与小尺寸血小板的差异化识别）。

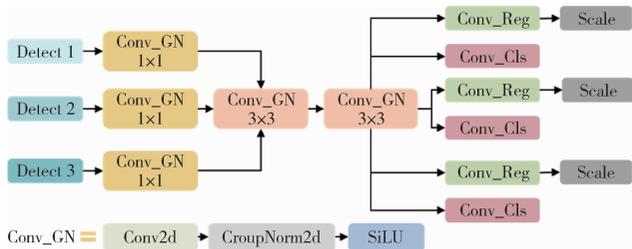


图 3 轻量化共享检测头结构

此外，在模型训练过程中引入形状交并比（shape intersection over union, ShapeIoU）^[22] 优化边界框回归精度。该损失函数在传统 IoU 损失基础上融入目标形状特征，依托形状权重动态分配与尺度自适应机制，针对血细胞形态差异（如红细胞特有的双凹圆盘形态、白细胞的不规则形态）精准计算损失，有效降低形态拟合偏差导致的检测误差，显著提升模型对血细胞的检测准确性与场景鲁棒性。其计算方式如下，IoU 为交并比损失，用于衡量预测框与真实框的空间重叠度； D 表示形状距离损失，表征预测框拟合目标真实形状的偏差程度； Ω^{shape} 表示形状的价值损失。

$$ShapeIoU = 1 - IoU + D + 0.5 \times \Omega^{shape} \quad (1)$$

2.3 评价指标

从检测精度、模型复杂度两个维度选取评价指

标。检测精度方面，采用目标检测领域常用的精确率 (precision)、召回率 (recall) 和平均精度均值 (mean average precision, mAP) 作为核心指标^[23-24]。精确率衡量模型识别结果中真阳性样本占比，TP 为正确检测的血细胞数量，FP 为错误检测样本数量。召回率衡量模型成功识别所有真实目标的比例，FN 为未被检测到的真实血细胞数量。mAP 是各类别平均精度 (average precision, AP) 的算术平均值，AP 为单个类别的精确率，mAP 综合反映模型对不同类型血细胞的整体分类性能，是评估模型检测效果的关键指标。模型复杂度方面，选取参数数量和浮点运算量作为评价指标^[25]。

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

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

$$\text{mAP} = \frac{1}{m} \sum_{i=0}^n \text{AP}_i \quad (4)$$

3 结果与分析

3.1 实验配置

本研究所有实验在统一硬件与软件环境中完成。实验平台采用 64 位 Windows 10 操作系统，配备 Intel Core i7 - 12700K 处理器 (3.6GHz)、32GB DDR5 内存及 NVIDIA GeForce RTX 3080Ti 显卡 (12GB 显存)，通过 CUDA 11.8 进行 GPU 加速计算，提升模型训练与推理效率。软件框架基于 Python 3.10，依赖 Pytorch 1.13.1 深度学习库构建模型。模型训练时，设置总迭代次数 (Epoch) 为 200 轮，初始学习率为 0.01，采用 SGD 优化器 (动量值 0.937，权重衰减系数 0.0005)，批处理大小 (Batch Size) 设为 16。

3.2 不同方法对比

选取 YOLO 系列主流轻量级模型、经典两阶段模型 Faster R - CNN 及近期提出的 YOLO - BioFusion 模型^[26]为对照，在 BCCD 数据集上开展同环境性能测试，对比结果，见表 1。YOLOv8 - SCG 的精确率与 mAP 均最高，mAP 比当前轻量级模型中精度较

优的 YOLOv11n 提升 1.5 个百分点。YOLOv8 - SCG 的参数量是最小的 (1.77M)，浮点运算量也最低 (5.6G)。不同模型可视化检测结果，见图 4。YOLOv8 - SCG 对各类血细胞定位更准确，边界框与真实目标贴合度更高。例如，在红细胞密集分布区域，其能有效区分重叠细胞并减少漏检；对体积较小的血小板，检测置信度普遍在 0.8 以上，明显高于 YOLOv8n 和 YOLOv10n；对白细胞，置信度稳定在 0.9 以上，与人工标注一致性最高。综合来看，YOLOv8 - SCG 在保证检测精度的同时，通过轻量化设计显著降低了模型复杂度，更适合部署于医疗边缘设备，为临床血细胞快速检测提供了高效方案。

表 1 不同模型对比结果

模型	精确率 (%)	mAP (%)	参数量 (M)	浮点运算量 (G)
YOLOv5n	86.1	92.5	2.50	7.1
YOLOv7 - tiny	80.1	89.0	6.01	13.1
YOLOv8n	85.4	91.9	2.26	6.5
YOLOv9t	86.3	91.4	3.0	8.1
YOLOv10n	85.4	89.2	1.97	7.6
YOLOv11n	86.2	91.4	2.58	6.3
Faster R - CNN	81.2	84.0	144.70	15.5
YOLO - BioFusion	87.3	92.5	2.88	6.5
YOLOv8 - SCG	88.7	92.9	1.77	5.6

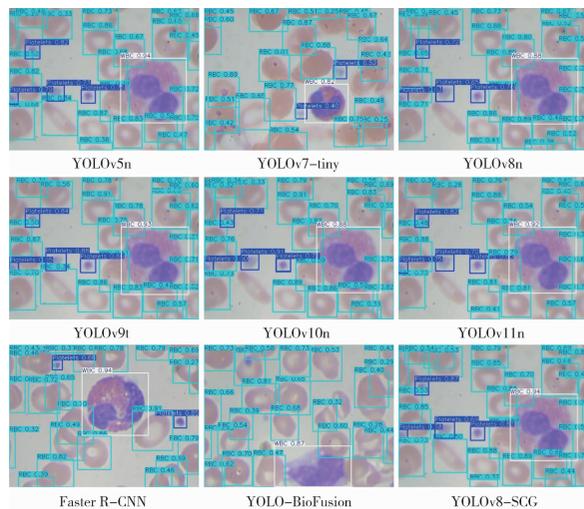


图 4 不同模型可视化检测结果

为验证 ShapeIoU 损失函数在小目标（如血小板）检测中的性能优势，设计损失函数对比实验，见表 2。ShapeIoU 损失函数的 mAP 达到 92.9%，显著优于其他主流损失函数。这是由于 ShapeIoU 突破了传统损失函数仅关注边界框空间重叠的局限，将形态特征纳入损失计算，通过动态分配形状权重，优化了对小目标与异形细胞的边界框回归精度。

表 2 不同损失函数对比实验结果 (%)

损失函数	mAP	损失函数	mAP
DIoU	92.2	NWD	92.3
GIoU	92.4	MPDIoU	92.1
EIoU	91.9	CIoU	92.1
WIoU	92.6	ShapeIoU	92.9

3.3 消融实验

为验证 YOLOv8 - SCG 模型各改进模块的独立作用与协同效果，采用控制变量法设计消融实验，实验结果，见表 3。将 YOLOv8 模型骨干网络替换为 StarNet 后，模型 mAP 提升 1 个百分点，参数量从 3.00 M 降至 2.21 M，浮点运算量从 8.1 G 降至

6.5 G。这表明 StarNet 精简参数的同时，通过分层特征提取提升了对血细胞细微形态（如血小板小尺寸轮廓、红细胞双凹圆盘结构）的捕捉能力。在采用 StarNet 作为骨干网络的基础上，将颈部网络改为 C2f - Context Guided 模块，模型 mAP 进一步提升 1.5 个百分点，参数增至 2.56M，浮点运算量升至 7.2G。这是因为 C2f - Context Guided 通过局部 - 全局上下文特征融合，增强了对红细胞密集区域、细胞边缘粘连场景的特征解析能力，能有效减少漏检与误检。将检测头从 BatchNorm2d 替换为 GroupNorm2d 后，参数量进一步压缩至 1.91M，mAP 仍有提升。这说明轻量化检测头通过共享分支权重、简化归一化操作，在降低冗余参数的同时保留了对细胞特征的判别能力。引入 ShapeIoU 损失后，模型 mAP 提升至 92.9%。ShapeIoU 通过融入细胞形态特征动态分配损失权重，进一步优化边界框回归精度。最终，YOLOv8 - SCG 模型 mAP 较基准提升 4.2 个百分点，参数量减少 41%，浮点运算量减少 30.9%，综合性能显著优于单一模块改进的子模型，验证了各改进模块的有效性与协同性。

表 3 不同模块组合的 YOLOv8 - SCG 消融实验结果

骨干网络	颈部网络	检测头	损失函数	精确率 (%)	召回率 (%)	mAP (%)	参数量 (M)	浮点运算量 (G)
Darknet53	Bottleneck	BatchNorm2d	CIoU	83.9	88.4	88.7	3.00	8.1
StarNet	Bottleneck	BatchNorm2d	CIoU	85.1	88.5	89.7	2.21	6.5
StarNet	Context Guided	BatchNorm2d	CIoU	85.8	90.2	91.2	2.56	7.2
StarNet	Context Guided	GroupNorm2d	CIoU	87.3	91.8	92.1	1.91	5.8
StarNet	Context Guided	GroupNorm2d	ShapeIoU	88.7	91.9	92.9	1.77	5.6

3.4 泛化实验

引入 Leukemia - cell 公开数据集，验证 YOLOv8 - SCG 模型在病理异常血细胞场景下的泛化能力。该数据集含急性髓系白血病细胞、L1 型/L2 型/L3 型急性淋巴细胞 4 类病理异常细胞样本，覆盖临床常见血液系统疾病细胞形态，有训练集 1 500 张、验证集 165 张，可有效检验模型对非标准形态细胞的检测与分类性能。YOLOv8 - SCG 和 YOLOv8 在 Leukemia - cell 验证集上的测试结果，见表 4。

YOLOv8 - SCG 的 mAP 比 YOLOv8 提升 7.5 个百分点，表明本研究提出的 StarNet 轻量化骨干网络对异常细胞细微形态特征（如白血病细胞的核质比异常、淋巴细胞的不规则轮廓）有较强捕捉能力。同时，ShapeIoU 损失函数对细胞形态差异化拟合，增强了模型对病理细胞非标准形态的适应能力，使模型在病理样本场景保持高检测精度，验证了 YOLOv8 - SCG 具备较好的泛化性能，为其临床病理诊断场景应用提供实验支撑。

表 4 泛化性测试结果

模型	精确率 (%)	召回率 (%)	mAP (%)
YOLOv8	81.6	85.1	87.9
YOLOv8 - SCG	94.3	95.6	95.4

4 讨论

本研究针对传统人工血细胞镜检效率低、主观性强,以及现有深度学习模型难以兼顾检测精度与计算量的痛点,提出基于 YOLOv8 改进的 YOLOv8 - SCG 轻量级血细胞分类模型。引入 StarNet 轻量化骨干网络,通过分层特征提取与深度可分离卷积结合,将模型参数量从 YOLOv8 的 3M 降至 2.21M,同时保留对血小板小尺寸形态、红细胞双凹圆盘状等细微特征的捕捉能力,奠定轻量化改进的核心基础。C2f - Context Guided 模块融合局部 - 全局上下文特征,有效解决红细胞密集分布区域的目标混淆问题,消融实验显示该模块使 mAP 较基线提升 2.5 个百分点。ShapeIoU 损失函数将细胞形态特征融入边界框回归过程,针对不同类型血细胞形态差异实现差异化损失计算,进一步降低因轮廓拟合偏差导致的误检与漏检,使白细胞检测置信度稳定在 0.9 以上,血小板检测置信度提升至 0.87。最终模型在精度与计算量上较 YOLOv8n、YOLOv11n 等主流轻量级模型实现突破。轻量化共享检测头通过 GroupNorm2d 进一步压缩 25.4% 参数量。泛化性能验证中, YOLOv8 - SCG 在 Leukemia - cell 病理异常血细胞数据集上的精确率与 mAP 较 YOLOv8 模型分别提升 12.7 和 7.5 个百分点,表明模型对白血病细胞核质比异常、淋巴细胞不规则轮廓等病理特征有较强识别能力,为其临床病理诊断场景应用奠定实验基础。但是,本研究仍存在明显局限性,对于 3 个及以上细胞重度粘连图像,虽较 YOLOv8 分类精度有所提升,但仍存在边界框定位不精准、分类置信度偏低的问题。

5 结语

本研究成功构建 YOLOv8 - SCG 轻量级血细胞

分类模型,通过 StarNet 轻量化骨干网络、C2f - Context Guided 上下文增强模块、ShapeIoU 形态感知损失函数及轻量化共享检测头多维度改进,实现检测精度与模型计算量的协同提升。实验证实,该模型在 BCCD 数据集上 mAP 达 92.9%、精确率达 88.7%,参数量降至 1.77M、浮点运算量仅 5.6G,充分验证轻量化设计与检测性能协同优化效果。在 Leukemia - cell 病理异常血细胞数据集上,模型精确率、召回率与 mAP 分别达 94.3%、95.6% 与 95.4%,泛化能力优异,可满足医疗边缘设备部署需求。未来研究将构建多中心、多病理类型血细胞数据集,结合图像分割算法解决粘连问题,并探索结合血液生化指标等多模态信息,进一步增强模型临床价值。

作者贡献: 李小奇负责实验实施与分析、论文撰写与修订;吴重庆负责数据收集、清洗、预处理;陆梓豪负责模型设计、可视化展示;李红旭负责提供指导、论文审核。

利益声明: 所有作者均声明不存在利益冲突。

参考文献

- LINCZ L F, MAKHIJA K, ATTALLA K, et al. A comparative evaluation of three consecutive artificial intelligence algorithms released by Techcyte for identification of blasts and white blood cells in abnormal peripheral blood films [J]. *International journal of laboratory hematology*, 2024, 46 (1): 92 - 98.
- LEHMANN T M, GÜLD M O, THIES C, et al. Content - based image retrieval in medical applications [J]. *Methods of information in medicine*, 2004, 43 (4): 354 - 361.
- MIAO H, XIAO C. Simultaneous segmentation of leukocyte and erythrocyte in microscopic images using a marker - controlled watershed algorithm [J]. *Computational and mathematical methods in medicine*, 2018 (2): e7235795.
- SUSANA A, GALLETI G, DE SIMONE G, et al. Identification and analysis of alloreactive T lymphocytes from peripheral blood mononuclear cells [J]. *Methods in cell biology*, 2024, 189: 71 - 84.
- CHENG W, LIU J, WANG C, et al. Application of image recognition technology in pathological diagnosis of blood

- smears [J]. *Clinical and experimental medicine*, 2024, 24 (1): 181.
- 6 CHOUDHARY S, KUMAR S, SIDDHAARTH P S, et al. Advancing blood cell detection and classification: performance evaluation of modern deep learning models [J]. *BMC medical informatics and decision making*, 2025, 25 (1): 207.
- 7 VISHRAJ R, GUPTA S, SINGH S. A comprehensive review of content – based image retrieval systems using deep learning and hand – crafted features in medical imaging: research challenges and future directions [J]. *Computers and electrical engineering*, 2022, 104 (12): 108450.
- 8 DOUGLASS P M, O'CONNOR T, JAVIDI B. Automated sickle cell disease identification in human red blood cells using a lensless single random phase encoding biosensor and convolutional neural networks [J]. *Optics express*, 2022, 30 (20): 35965 – 35977.
- 9 冯馨锐, 吴韦铷, 张晓丽, 等. 人工智能辅助血细胞形态学检查的机遇与挑战 [J]. *现代检验医学杂志*, 2025, 40 (1): 189 – 195.
- 10 SHAHIN A I, GUO Y, AMIN K M, et al. White blood cells identification system based on convolutional deep neural learning networks [J]. *Computer methods and programs in biomedicine*, 2019, 168 (1): 69 – 80.
- 11 XU C, ZHANG Y, FAN X, et al. An efficient fluorescence in situ hybridization (FISH) – based circulating genetically abnormal cells (CACs) identification method based on multi – scale MobileNet – YOLO – V4 [J]. *Quantitative imaging in medicine and surgery*, 2022, 12 (5): 2961 – 2976.
- 12 LI H, YANG F, HUO J, et al. ZoomHead: a flexible and lightweight detection head structure design for slender cracks [J]. *Sensors*, 2025, 25 (13): 3990.
- 13 孙凯, 姚旭峰, 马凤玲, 等. 基于机器学习的血细胞分类研究进展 [J]. *中国医学物理学杂志*, 2020, 37 (1): 127 – 132.
- 14 RASOOL A, BUNTERNGCHIT C, TIEJIAN L, et al. Improved machine learning – based predictive models for breast cancer diagnosis [J]. *International journal of environmental research and public health*, 2022, 19 (6): 3211.
- 15 WU Y, GAO D, FANG Y, et al. SDE – YOLO: a novel method for blood cell detection [J]. *Biomimetics*, 2023, 8 (5): 404.
- 16 CHEN H, LIU J, HUA C, et al. Accurate classification of white blood cells by coupling pre – trained ResNet and DenseNet with SCAM mechanism [J]. *BMC bioinformatics*, 2022, 23 (1): 282.
- 17 MOLINA A, RODELLAR J, BOLDÚ L, et al. Automatic identification of malaria and other red blood cell inclusions using convolutional neural networks [J]. *Computers in biology and medicine*, 2021, 136 (9): 104680.
- 18 ZINI G. How I investigate difficult cells at the optical microscope [J]. *International journal of laboratory hematology*, 2021, 43 (3): 346 – 353.
- 19 YUAN Z, SHAO P, LI J, et al. YOLOv8 – ACU: improved YOLOv8 – pose for facial acupoint detection [J]. *Front neurorobot*, 2024, 18 (2): 1355857.
- 20 WANG X, YANG W, QI W, et al. STaRNet: a spatio – temporal and Riemannian network for high – performance motor imagery decoding [J]. *Neural networks*, 2024, 178 (10): 106471.
- 21 WU T, TANG S, ZHANG R, et al. CGNet: a light – weight context guided network for semantic segmentation [J]. *IEEE transactions on image processing*, 2021, 30 (12): 1169 – 1179.
- 22 QUAN Z, SUN J. A feature – enhanced small object detection algorithm based on attention mechanism [J]. *Sensors*, 2025, 25 (2): 589.
- 23 王杰, 王至诚, 娄帅, 等. 基于深度学习算法 Mask R – CNN 的甲状腺结节检测模型研究 [J]. *医学信息学杂志*, 2025, 46 (3): 84 – 89.
- 24 赵姗姗, 史浩霖, 王颖帅, 等. 一种基于改进 Swin Transformer 模型的阿尔茨海默病 MRI 图像分类方法研究 [J]. *医学信息学杂志*, 2025, 46 (5): 79 – 85, 97.
- 25 SARANYA E, CHINNADURAI M. Medical application driven content based medical image retrieval system for enhanced analysis of X – ray images [J]. *Scientific reports*, 2025, 15 (1): 29115.
- 26 张傲, 刘微, 刘阳, 等. 基于 YOLO – BioFusion 的血细胞检测模型 [J]. *电子测量技术*, 2025, 48 (18): 177 – 188.