

在这项研究中，我们提出了 HISTEX，一个旨在预测超分辨率空间基因表达的多模态信息融合模型。HISTEX 的第一步是生成高密度的基因表达和丰富的组织学特征。第二步涉及通过本文提出的双向交叉注意力进行深度多模态信息融合。最后，超分辨率空间基因表达谱通过多实例学习框架进行预测。通过对多个数据集的数值评估实验和空间可视化结果表明，HISTEX 优于其他最先进的方法。此外，HISTEX 还可以为生物医学研究提供新的见解，促进研究人员对生物过程的深入理解。

在这项研究中，我们提出了 HISTEX，一个旨在预测超分辨率空间基因表达的多模态信息融合模型。HISTEX 的第一步是生成高密度的基因表达和丰富的组织学特征。第二步涉及通过本文提出的双向交叉注意力进行深度多模态信息融合。最后，超分辨率空间基因表达谱通过多实例学习框架进行预测。通过对多个数据集的数值评估实验和空间可视化结果表明，HISTEX 优于其他最先进的方法。此外，HISTEX 还可以为生物医学研究提供新的见解，促进研究人员对生物过程的深入理解。

在这项研究中，我们提出了 HISTEX，一个旨在预测超分辨率空间基因表达的多模态信息融合模型。HISTEX 的第一步是生成高密度的基因表达和丰富的组织学特征。第二步涉及通过本文提出的双向交叉注意力进行深度多模态信息融合。最后，超分辨率空间基因表达谱通过多实例学习框架进行预测。通过对多个数据集的数值评估实验和空间可视化结果表明，HISTEX 优于其他最先进的方法。此外，HISTEX 还可以为生物医学研究提供新的见解，促进研究人员对生物过程的深入理解。