

融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统

V1.0

操作手册

目录

一、引言.....	2
1.1 开发背景.....	2
1.2 总体目标.....	2
1.3 范围.....	3
1.4 参考资料.....	3
二、软件概述.....	4
2.1 目标.....	4
2.2 性能.....	4
2.2.1 数据精确性.....	4
2.2.2 时间特性.....	4
2.2.3 用户友好性.....	4
2.3 运行环境.....	4
2.3.1 硬件设备.....	4
2.3.2 软件环境.....	5
三、用户端.....	5
3.1、融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统登陆.....	5
3.2、登陆后-首页.....	5
3.3、数据大屏.....	6
3.4、数据分析-特征筛选.....	7
3.5、数据分析-异常检测.....	10
3.6、数据分析-辅助识别.....	14

一、引言

1.1 开发背景

近年来,随着深度学习领域的迅速发展,人工智能在诸多与人类生活息息相关的行业中得到了广泛的应用并取得了众多突破性成果,为社会的运作注入了源源不断的动力。其中,人工智能在医学诊断中出现的主要驱动力是希望在医疗诊断中提高疗效和效率,推动疾病早诊早筛、快诊易诊,提升医疗领域的技术能力和服务水平。医疗行业整体面临着资源分布不均、服务水平不高、监管不力等现状。由于医生资源、医疗器械、治疗质量等均存在不确定不平衡的问题,患者往往难以获取高品质的医疗服务。而人工智能有助于改变诊断和治疗模式,推动医疗健康服务模式的变革。

在大数据遍布的信息时代,临床数据、病理图像、生物特征正持续以不成比例的速度增长,这些因素导致医疗工作者的工作量急剧增加。例如,在某些情况下,放射学专家必须在8小时的工作日内每3-4秒解读一张图像以满足工作量需求。然而,由于临床指标的决策存在不确定性,不可避免会出现人为的误判,尤其是在医学知识仍在不断扩展的情况下。当临床问题超出医生的能力范围时,咨询专家是一种解决方法,但是毫无疑问专家的资源十分稀缺,难以及时得到反馈意见,而且专家之间的诊断存在着高度变异性,这些因素将大大降低诊断的工作效率,尤其是在缺乏医疗资源的基层医院。因此,实现医疗数据处理工作流程中无缝集成人工智能组件,将提高效率、减少错误,为医疗工作者临床诊断提供迅速且精准的辅助决策。如今人工智能算法在许多临床环境中已得到广泛应用并不断发展,例如通过图像识别对肿瘤进行早期筛查并对其进行精准放疗,帮助麻醉师避免手术过程中的低氧情况,利用机器学习模型对乳腺癌患者的病变进行早期预测治疗。人工智能方法在解决复杂的医疗数据问题中表现出前所未有的性能水平。然而,现有的算法大多集中在监督学习领域,需要大量的标签数据,且数据集的海量性、多维性、异构型、模糊性对数据集的标注工作提出了巨大的挑战。此外,数据标注的准确性也将决定着模型训练的性能。

为了解决这些问题,需要开发一种能够融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统。通过引入模糊粒信息,可以更好地处理医疗数据中的不确定性和模糊性,提高诊断模型的鲁棒性和准确性。该系统将深度学习技术和模糊粒计算方法相结合,实现对医疗数据的智能分析和诊断,不仅能够提高医疗诊断的效率和准确性,还能够减轻医疗工作者的工作压力,改善医疗服务水平,促进社会医疗体系的进步。

1.2 总体目标

融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统利用粒计算、粗糙集等深度学习方法实现医疗辅助诊断,是一个旨在提高诊断效率和准确性的医疗辅助诊断平台。该系统通过实时数据监控和智能数据分析,为医疗工作者提供全面的数据支持和智能

决策，帮助他们更好地了解患者的疾病状态，及时发现异常情况，并做出准确的病情诊断和治疗方案。通过融合模糊粒信息，系统能够有效处理医疗数据中的不确定性和模糊性，提高诊断的准确性和鲁棒性。这一系统的目标是减轻医疗工作者的工作压力，改善医疗服务水平。

融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统主要由：实时监控、特征筛选、异常检测、辅助识别构成，具体要求表现为：

1. 实时监控：对就诊患者的年龄性别、各科室就诊人数、患者医疗数据等进行实时监控；
2. 特征筛选：根据用户设置，对医疗数据进行特征筛选并输出可视化结果；
3. 异常检测：根据用户设置，对医疗数据进行异常检测并输出可视化结果；
4. 辅助识别：根据用户设置，对医疗数据进行辅助识别并输出可视化结果。

1.3 范围

说明：

- a. 此软件系统的名称：融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统。
- b. 任务提出者：四川大学计算机学院。
- c. 开发者：吴衍、朱陶涛。
- d. 用户：医疗工作者。
- e. 运行该软件的单位：医疗领域相关的机构。

1.4 参考资料

- a. HTML 语法教程
- b. CSS 样式布局
- c. TS 语法教程
- d. Vue3 开发文档
- e. Element-plus 组件文档
- f. Echarts 可视化图表库

二、软件概述

2.1 目标

该系统旨在利用先进的人工智能技术和模糊粒计算方法，为医疗工作者提供辅助决策，提高医疗诊断的效率和准确性。通过展示医疗实时数据和智能数据分析，包括特征筛选、异常检测和辅助识别，帮助医疗工作者更好地了解患者的疾病状态，及时发现异常情况，并做出准确的诊断和治疗安排，提供了一个具有实时性和智能化的医疗辅助诊断平台。

2.2 性能

2.2.1 数据精确性

- a. 对于文件上传，在上传框中做了必要限制，防止上传文件格式或数量有误。
- b. 对于数值型的数据，采用的 float 双精度取 2 位小数的算法。
- c. 对于文字录入，在特定的录入框中做了必要的限制

2.2.2 时间特性

时间由网络的快慢和计算机性能来决定。

2.2.3 用户友好性

系统具有直观的界面和易于操作的功能，并且对于检测结果可进行可视化展示，使医疗工作者能够轻松地使用系统进行数据分析和诊断，提高工作效率。

2.3 运行环境

2.3.1 硬件设备

处理器：AMD Ryzen 7 5800H with Radeon Graphics

显卡：NVIDIA GeForce RTX 3060 Laptop GPU 6GB

机带 RAM：16.0 GB

系统类型：64 位操作系统，基于 x64 的处理器

2.3.2 软件环境

A.服务器（软件发布端）

- 1.安装 Web 服务器 IIS6.X 以上
- 2.NET Framework 2.0
- 3.安装简体中文语言包 langpack.exe

B.开发端

- 1.安装 Visual Studio Code、Pycharm 开发工具
- 2.至少要安装 Windows XP 以上的操作系统
- 3.安装 WEB 服务器 IIS6.X 以上

三、用户端

3.1、融合模糊粒信息的医疗辅助诊断系统登陆

1、打开浏览器，在 IE 栏中输入网址：<http://xxxxxxxxxxxx.com.cn>；会看到以下界面（如图 3.1.1）。正确输入账号和密码，点击“登录”按钮，即可成功登录。



图 3.1.1

3.2、登陆后-首页

1、在左侧导航栏包括：“首页”、“数据大屏”、“数据分析”；“数据分析”中包括：“特征筛选”、“异常检测”、“辅助识别”。首页卡片左侧四个按钮，点击分别可转到“数据大屏”、“特征筛选”、“异常检测”、“辅助识别”界面。首页卡片中间可展示患者信息评估列表，包含患者序号、卡号、姓名、科室、指标、风险系数的数据。首页卡片右侧可展示待办事务。首页下方是一组轮播图展示（如图

3.2.1)。



图 3.2.1

2、点击右上角头像旁边的箭头图标，将出现“退出登录”按钮，点击按钮，将返回登录界面（如图 5.2.2）。



图 3.2.2

3.3、数据大屏

- 1、点击首页左侧导航栏的“数据大屏”或者首页卡片左侧的“数据大屏”按钮，将进入数据大屏界面（如图 3.3.1）。医疗数据可视化大屏一共分为 7 个板块，可将医疗机构传入的数据实时展示出来，包括：“今日就诊患者性别年龄分布图”、“手术情况统计表”、“医师门诊人次”、“科室就诊量分布图”、“今日就诊量动态图”、“科室就诊量一览表”、“患者信息评估列表”。
- 2、点击右上角的“退出”按钮，即可返回首页。

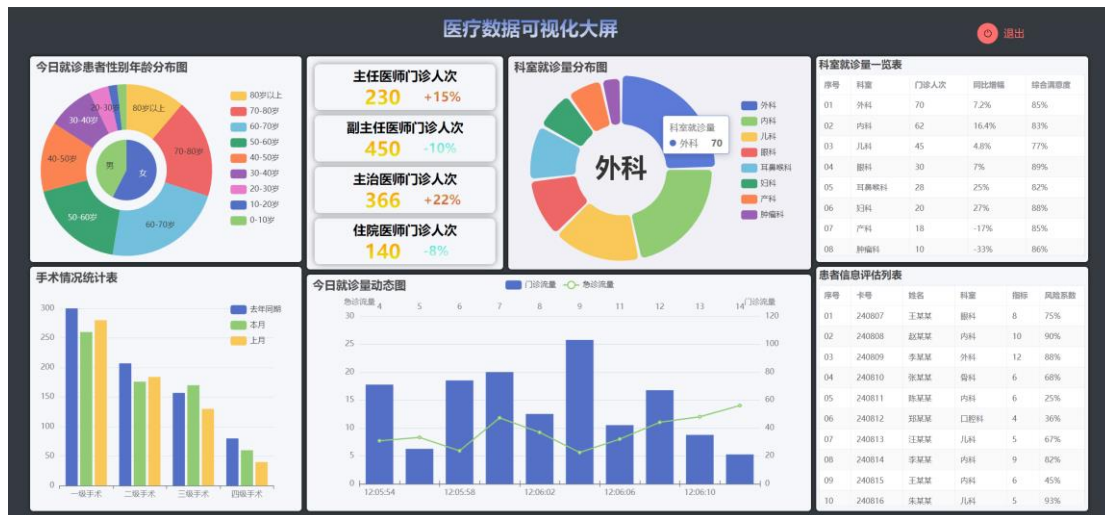


图 3.3.1

3.4、数据分析-特征筛选

1、点击左侧导航栏的“特征筛选”或者首页卡片左侧的“特征筛选”按钮，即可进入特征筛选页面（如图 3.4.1）。特征筛选界面上方是一个文件上传框，上传框下方有四个按钮，分别是：“点击上传”、“文件详情”、“立即筛选”、“可视化结果”，按钮下方是一个结果展示框。

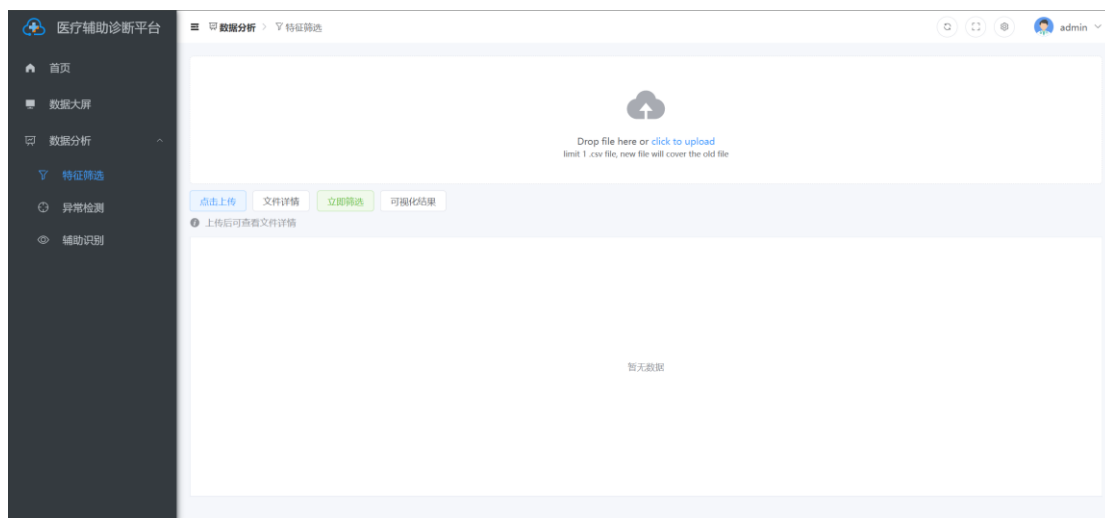


图 3.4.1

2、对于文件上传，可以将文件拖拽至上传框或点击上传框进行文件选择（注意：上传框中限制 1 个.csv 文件，新的文件将会覆盖旧的文件）。选择好文件后，选择的文件将展示在上传框下方（如图 3.4.2）。

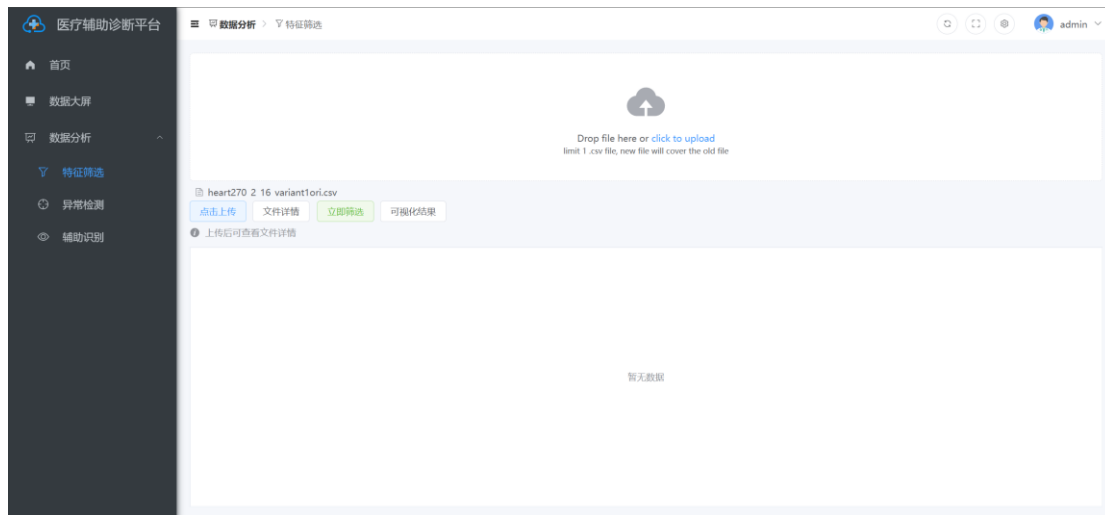


图 3.4.2

3、在确定好选择的文件后，点击“点击上传”按钮，文件将会上传至后端，并且网页会出现“文件已成功上传”的提示（如图 3.4.3）。

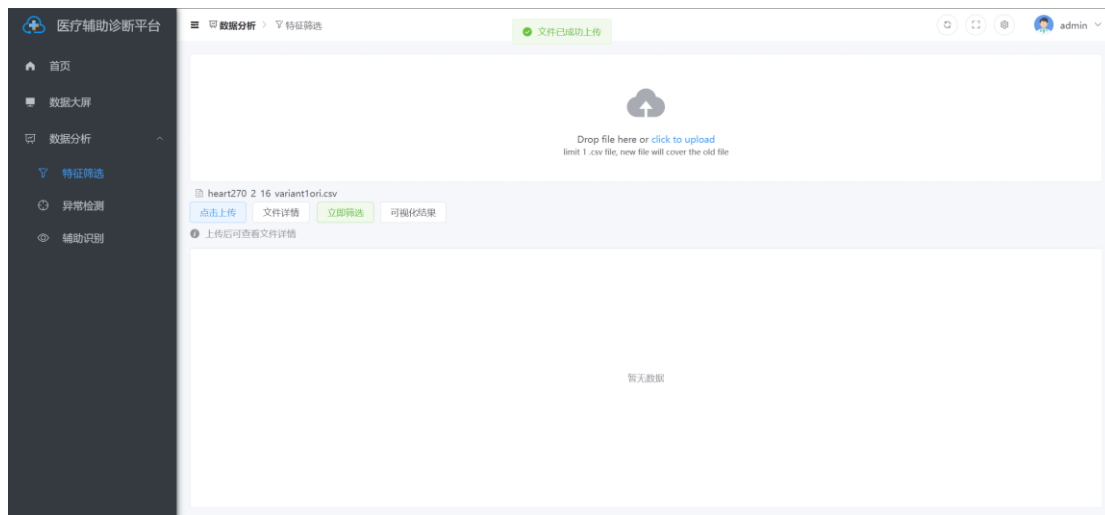


图 3.4.3

4、文件成功上传后，点击“文件详情”按钮可查看上传文件的详细信息。文件详情中第一行展示文件名、样本个数和指标个数。表格中展示文件的具体内容，第一列表示样本的 id 编号，后面的列表示样本的各项指标。对于超出详情框的样本和指标，可以通过拖动滚动条来进行查看。点击详情框外的任意地方，即可退出文件详情页面（如图 3.4.4）。

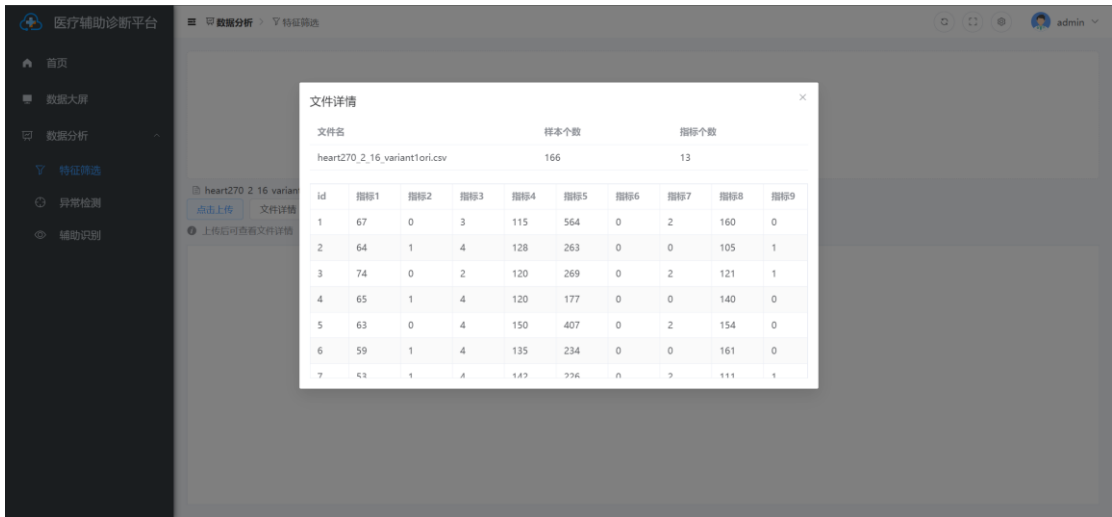


图 3.4.4

5、点击“立即筛选”按钮，将会出现参数设置，选择属性约简方法并设置合适的参数。点击确认，即可开始检测（如图 3.4.5）。

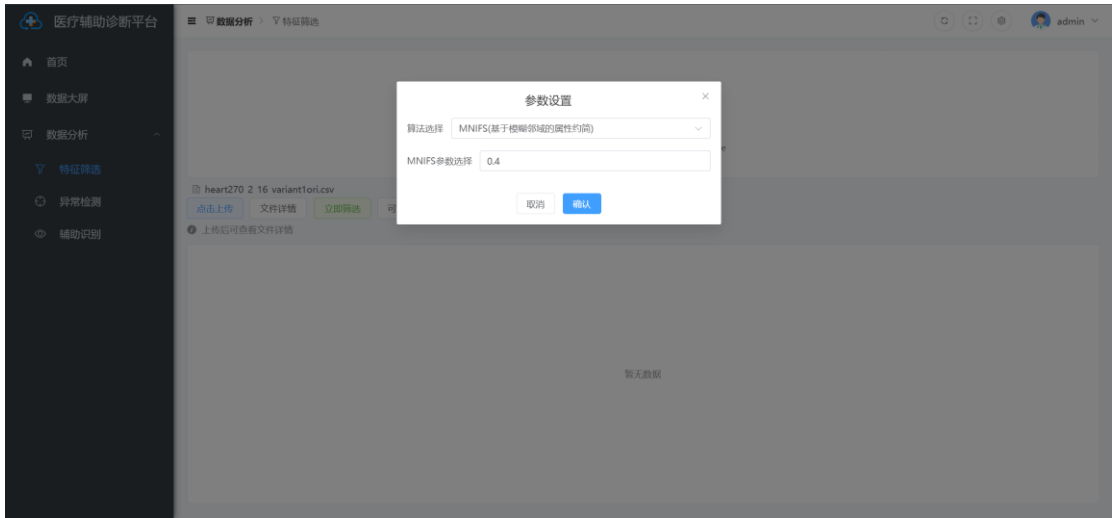


图 3.4.5

6、特征筛选结果将以表格的形式展示在界面下方的展示框内，表格中包含了指标编号、指标相关度和指标重要性排名（如图 3.4.6）。点击指标重要性排名栏右侧的排序按钮，可对指标进行降序排序、升序排序或原始排序。指标排名值越小说明该指标的重要性越大，医疗工作者可参考指标重要性并根据实际情况对指标进行筛选。

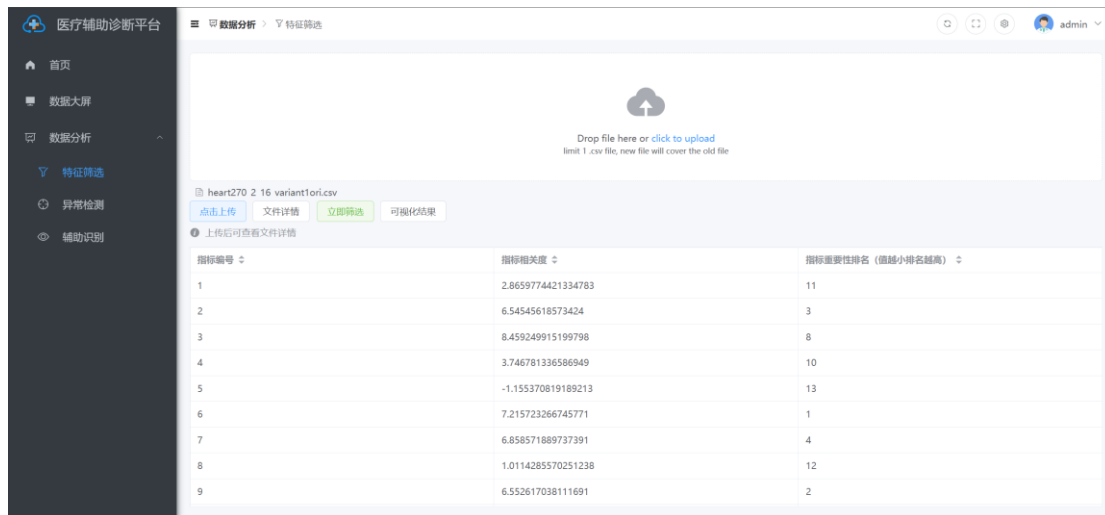


图 3.4.6

7、点击“可视化结果”按钮，可查看检测结果的柱状图。其中，x 轴表示指标编号，y 轴表示指标重要程度（如图 3.4.7）。

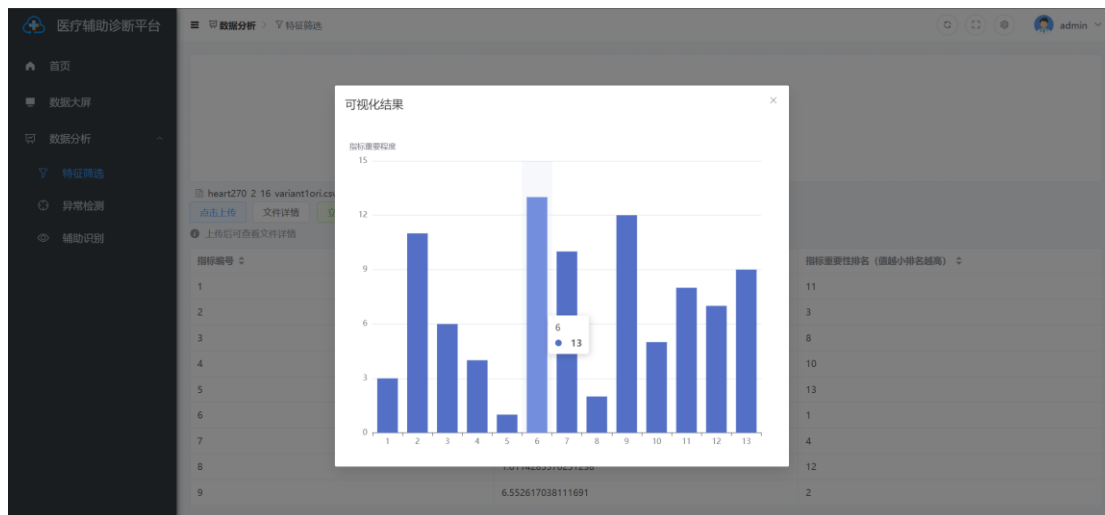


图 3.4.7

3.5、数据分析-异常检测

1、点击左侧导航栏的“异常检测”或者首页卡片左侧的“异常检测”按钮，即可进入异常检测页面（如图 3.5.1）。异常检测界面上方是一个文件上传框，上传框下方有四个按钮，分别是：“点击上传”、“文件详情”、“立即检测”、“可视化结果”，按钮下方是一个结果展示框。

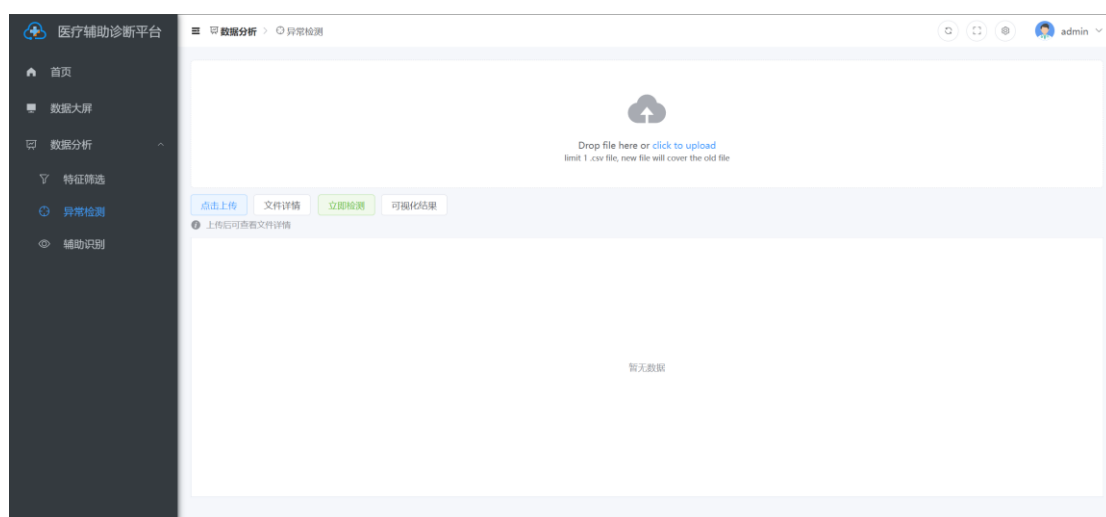


图 3.5.1

2、对于文件上传，可以将文件拖拽至上传框或点击上传框进行文件选择（注意：上传框中限制 1 个.csv 文件，新的文件将会覆盖旧的文件）。选择好文件后，选择的文件将展示在上传框下方（如图 3.5.2）。

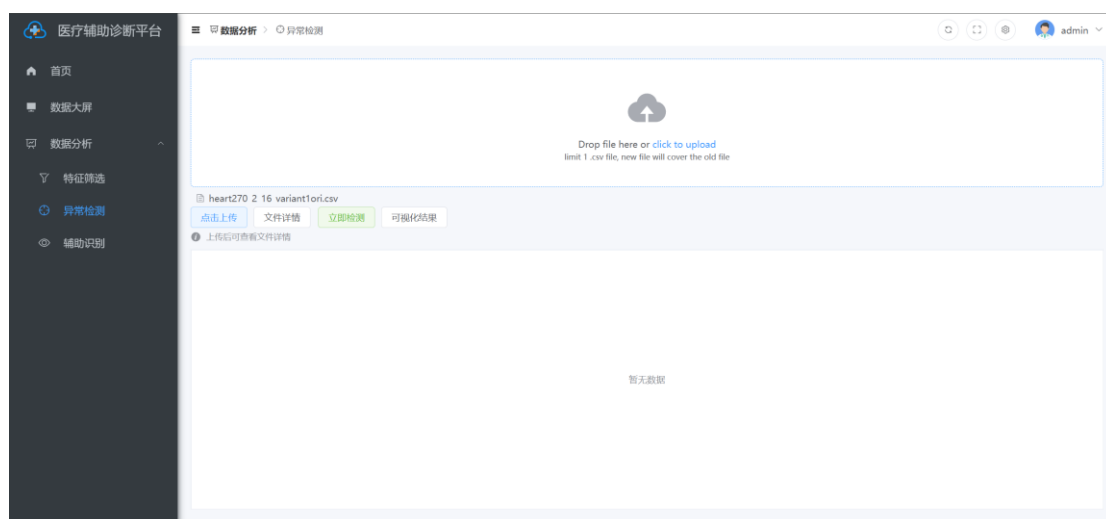


图 3.5.2

3、在确定好选择的文件后，点击“点击上传”按钮，文件将会上传至后端，并且网页会出现“文件已成功上传”的提示（如图 3.5.3）。

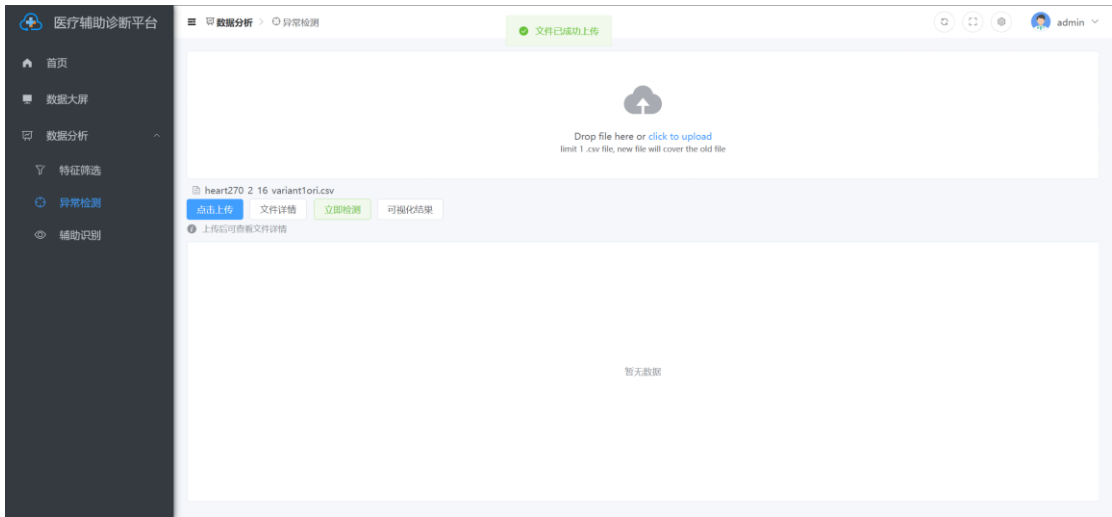


图 3.5.3

4、文件成功上传后，点击“文件详情”按钮可查看上传文件的详细信息。文件详情中第一行展示文件名、样本个数和指标个数。表格中展示文件的具体内容，第一列表示样本的 id 编号，后面的列表示样本的各项指标。对于超出详情框的样本和指标，可以通过拖动滚动条来进行查看。点击详情框外的任意地方，即可退出文件详情页面（如图 3.5.4）。

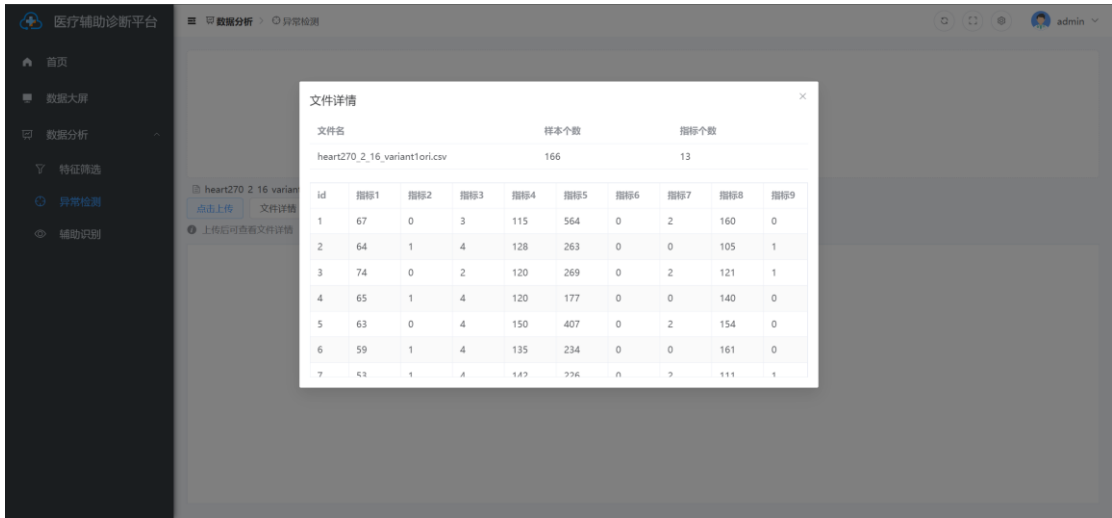


图 3.5.4

5、点击“立即检测”按钮，将会出现异常检测参数设置，包括：算法选择、异常阈值、核参数设置（如图 3.5.5）。对于 KFRAD 异常检测算法，参数设置框中给出了对于不同病例的异常阈值和参数设置参考。根据参考选择合适的阈值和参数后，点击确认，即可开始检测。

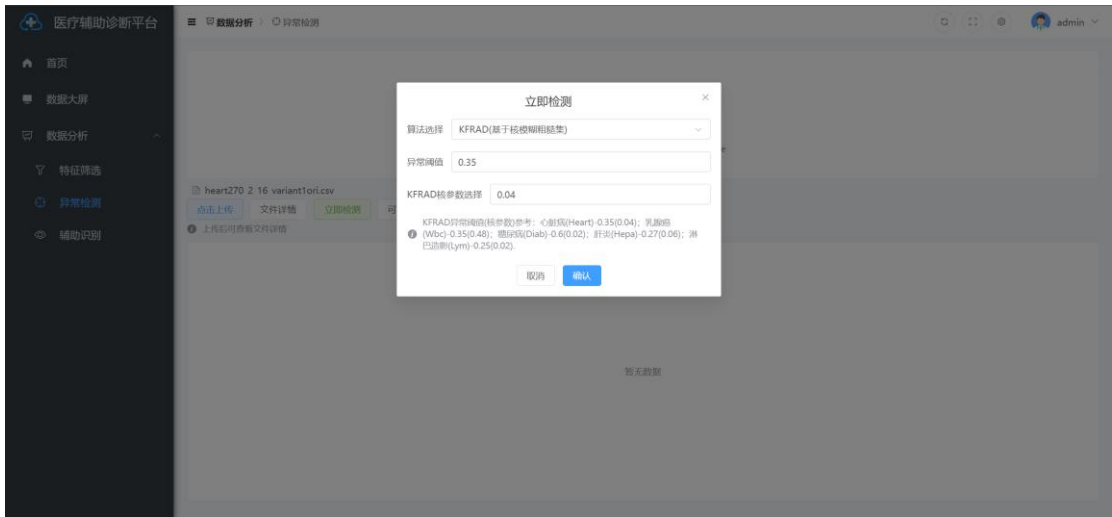


图 3.5.5

6、检测结果将以表格的形式展示在界面下方的展示框内，表格中包含了样本 id 编号、样本的各项指标以及异常分数（如图 3.5.6）。异常分数大于等于异常阈值的样本将被判定为异常对象，并在表格中标红表示。点击异常分数栏的排序按钮，可对异常分数分别进行降序排序、升序排序和原始排序，根据标红的样本 id 编号，医疗工作者可进一步查看患者的病情（如图 3.5.7）。

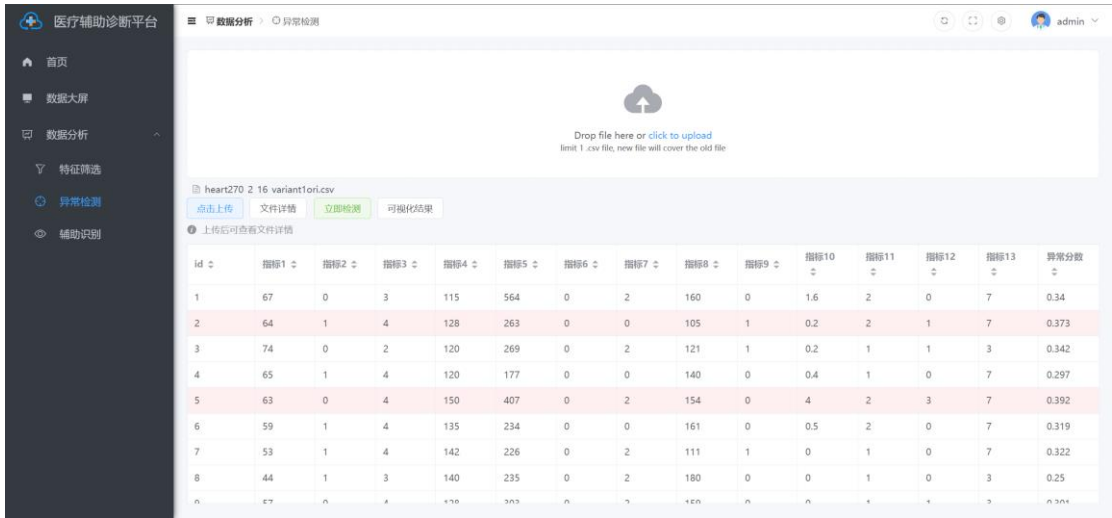


图 3.5.6

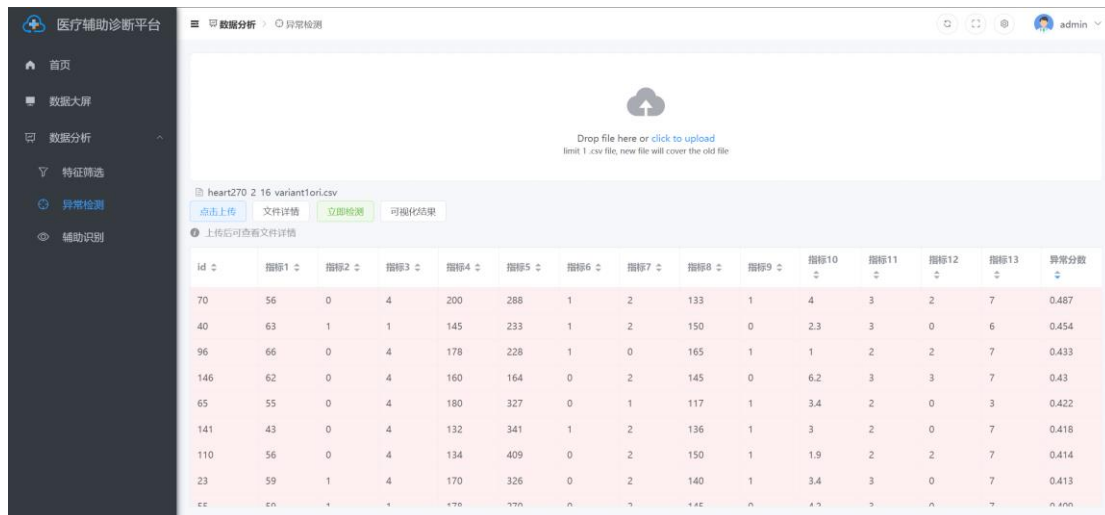


图 3.5.7

7、点击“可视化结果”按钮，可查看检测结果的散点图。其中，红色水平线表示异常阈值，红色水平线上方的样本即异常对象（如图 3.5.8）。

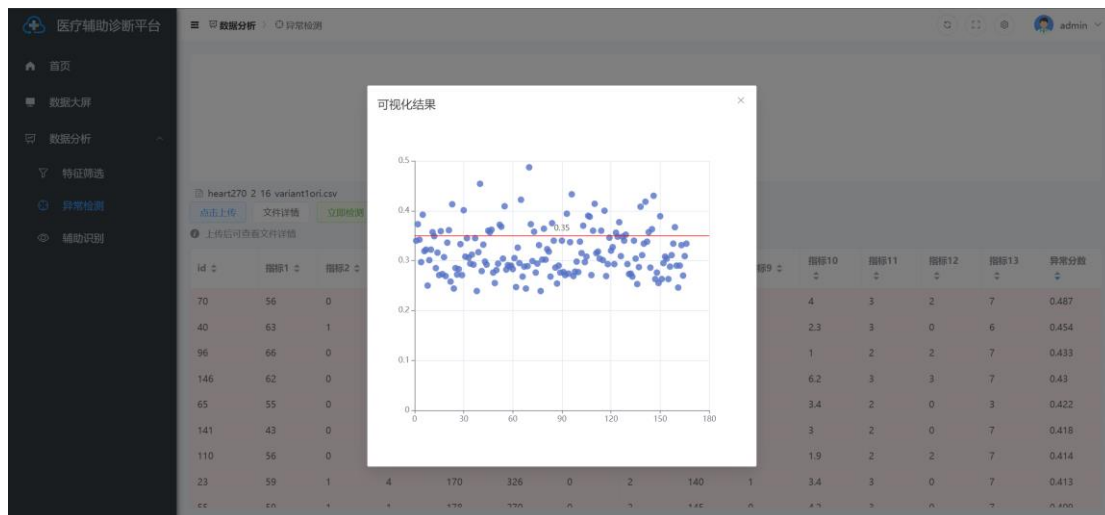


图 3.5.8

3.6、数据分析-辅助识别

1、点击左侧导航栏的“辅助识别”或者首页卡片左侧的“辅助识别”按钮，即可进入辅助识别页面（如图 3.6.1）。辅助识别界面上方是一个文件上传框，上传框下方有四个按钮，分别是：“点击上传”、“文件详情”、“立即检测”、“可视化结果”，按钮下方是一个结果展示框。

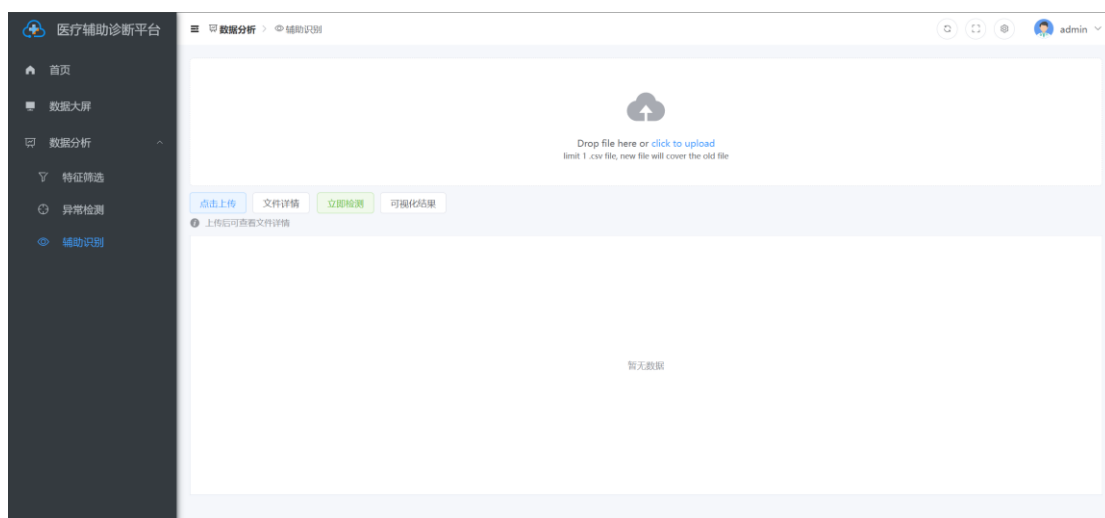


图 3.6.1

2、对于文件上传，可以将文件拖拽至上传框或点击上传框进行文件选择（注意：上传框中限制 1 个.csv 文件，新的文件将会覆盖旧的文件）。选择好文件后，选择的文件将展示在上传框下方（如图 3.6.2）。

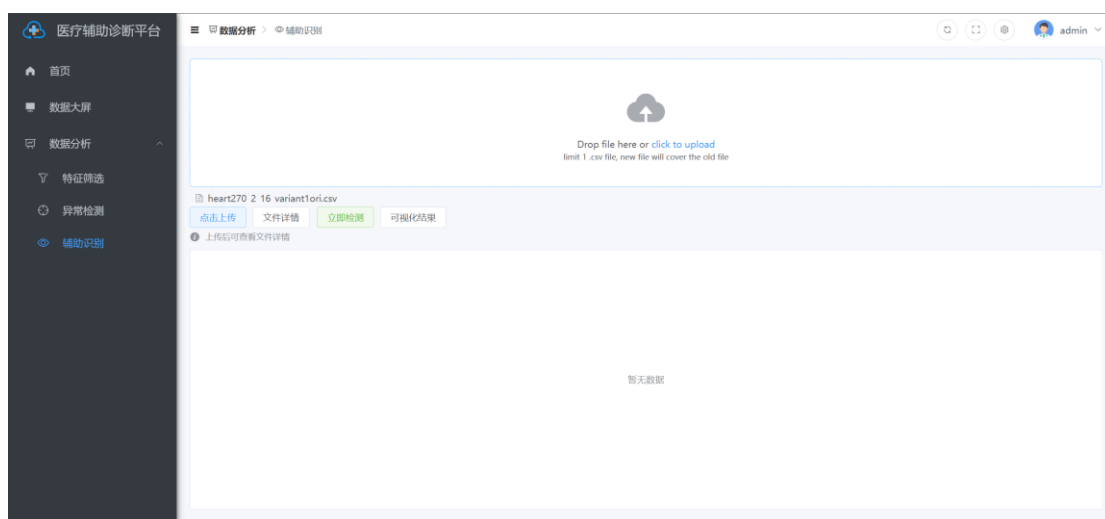


图 3.6.2

3、在确定好选择的文件后，点击“点击上传”按钮，文件将会上传至后端，并且网页会出现“文件已成功上传”的提示（如图 3.6.3）。

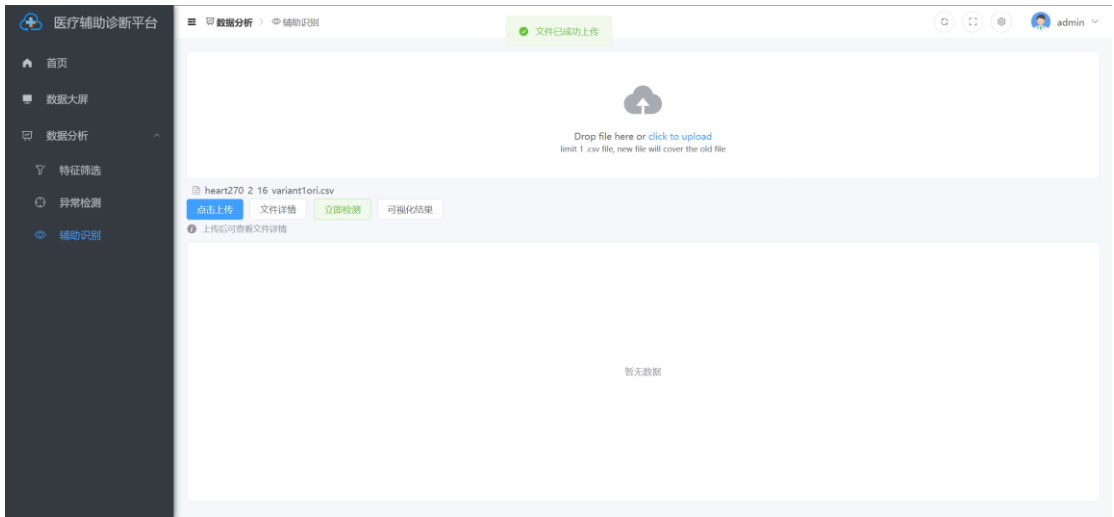


图 3.6.3

4、文件成功上传后，点击“文件详情”按钮可查看上传文件的详细信息。文件详情中第一行展示文件名、样本个数和指标个数。表格中展示文件的具体内容，第一列表示样本的 id 编号，后面的列表示样本的各项指标。对于超出详情框的样本和指标，可以通过拖动滚动条来进行查看。点击详情框外的任意地方，即可退出文件详情页面（如图 3.6.4）。

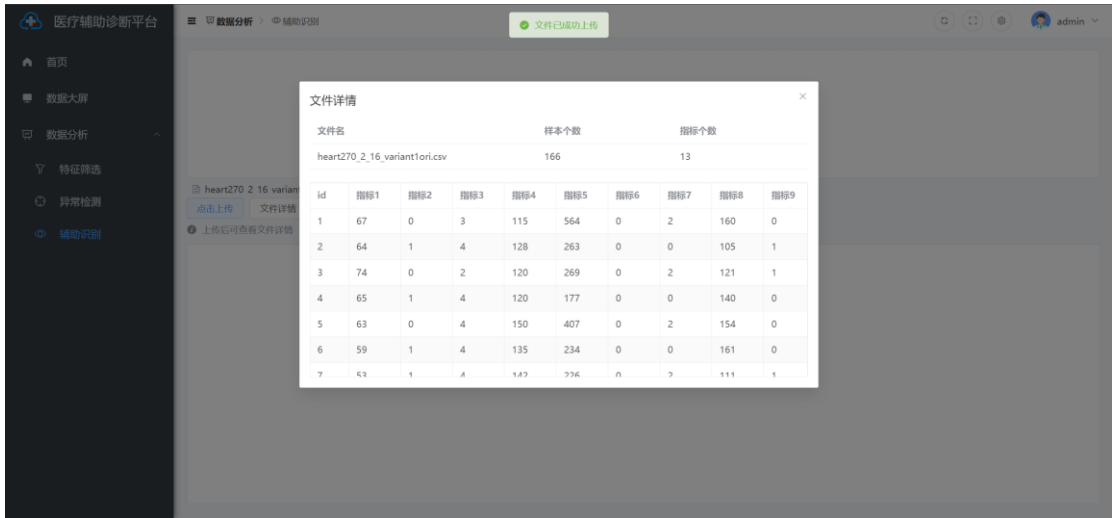


图 3.6.4

5、点击“立即检测”按钮，将会出现辅助识别参数设置，包括：算法选择（Mean Shift、KMEANS、GMM）。选择好检测算法后，点击确认，即可开始检测（如图 3.6.5）。

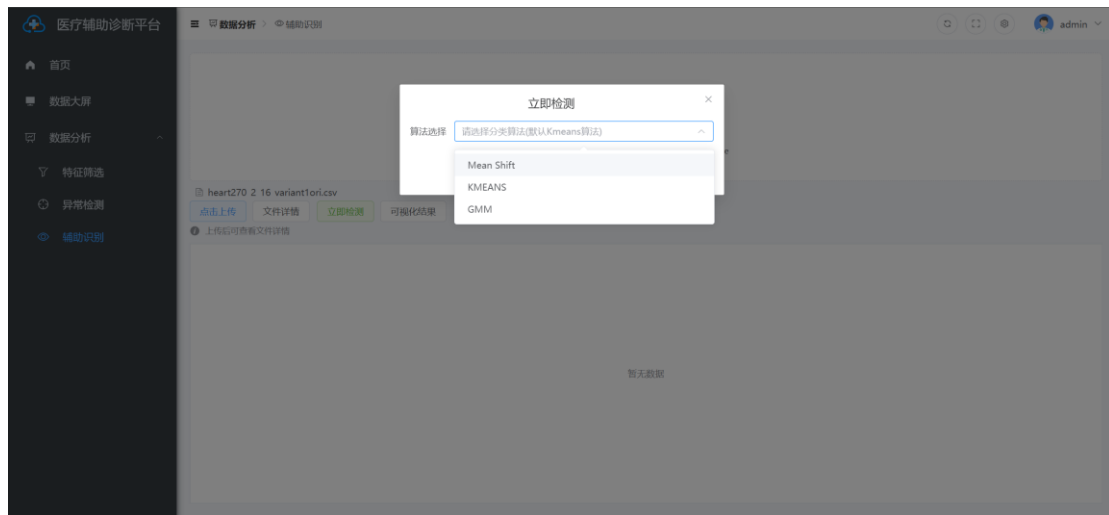


图 3.6.5

6、检测结果将以表格的形式展示在界面下方的展示框内，表格中包含了样本 id 编号、样本的各项指标以及识别结果（如图 3.6.6）。

id	指标1	指标2	指标3	指标4	指标5	指标6	指标7	指标8	指标9	指标10	指标11	指标12	指标13	分类结果
1	67.0	0.0	3.0	115.0	564.0	0.0	2.0	160.0	0.0	1.6	2.0	0.0	7.0	高血压型心脏病
2	64.0	1.0	4.0	128.0	263.0	0.0	0.0	105.0	1.0	0.2	2.0	1.0	7.0	冠心病
3	74.0	0.0	2.0	120.0	269.0	0.0	2.0	121.0	1.0	0.2	1.0	1.0	3.0	高血压型心脏病
4	65.0	1.0	4.0	120.0	177.0	0.0	0.0	140.0	0.0	0.4	1.0	0.0	7.0	心肌炎
5	63.0	0.0	4.0	150.0	407.0	0.0	2.0	154.0	0.0	4.0	2.0	3.0	7.0	冠心病
6	59.0	1.0	4.0	135.0	234.0	0.0	0.0	161.0	0.0	0.5	2.0	0.0	7.0	心肌炎
7	53.0	1.0	4.0	142.0	226.0	0.0	2.0	111.0	1.0	0.0	1.0	0.0	7.0	冠心病

图 3.6.6

7、点击“可视化结果”按钮，可将检测结果可视化。（如图 3.6.7）。



图 3.6.7