

基于机器视觉的肿瘤标志物检测设备设计

李 辉^{1,2}, 刘 柱¹, 顾苏杭¹, 朱培逸¹

(1. 苏州工学院 电气与自动化工程学院, 江苏 苏州 215500;

2. 盐城工学院 电气工程学院, 江苏 盐城 224051)

摘要: 针对人工成本高涨、人工操作效率低及化验检测质量不佳等问题, 对基于电气控制的肿瘤标志物自动化检测系统进行了研究; 对系统整合机械臂模块、样本加样模块、温育模块、洗涤模块、撬壳模块及视觉识别模块等硬件部分并结合软件控制的设计方案进行了分析, 采用电气控制技术和视觉检测技术, 在系统硬件整合与软件协同控制方面实现技术创新; 经实验测试, 该系统实现了从样本加注到检测分析过程的自动化, 能显著减轻人工操作负担并提高检验准确率; 经实际应用, 该系统有望在未来临床应用中发挥重要作用。

关键词: 机械设计; 自动控制; 机器视觉; 生物检测; 图像处理

Design of Tumor Marker Detection Equipment Based on Machine Vision

LI Hui^{1,2}, LIU Zhu¹, GU Suhang¹, ZHU Peiyi¹

(1. School of Electrical and Automation Engineering, Suzhou University of Technology, Suzhou 215500, China;

2. School of Electrical Engineering, Yancheng Institute of Technology, Yancheng 224051, China)

Abstract: To address issues such as high labor costs, low efficiency of manual operations, and poor quality of laboratory testing, research is conducted on an automated tumor biomarker detection system based on electrical control. This paper analyzes the hardware components of the system, including a robotic arm module, a sample loading module, an incubation module, washing module, a pry shell module, and a visual recognition module with software control. The electrical control technology and visual inspection technology are used to achieve the technological innovation of its hardware and software collaborative control. Through experimental testing, the system has achieved an automatic process from sample addition to detection and analysis, significantly reducing the burden of manual operations and improving inspection accuracy. Through practical application, this system can play an important role in future clinical applications.

Keywords: mechanical design; automatic control; machine vision; biological testing; image processing

0 引言

当前全球临床医学诊断领域中, 体外诊断技术 (IVD, in vitro diagnostic) 占据主导地位, 其临床应用覆盖率超过 80%^[1]。该技术通过快速、精准的生物样本分析, 为疾病预防、诊疗及预后评估提供关键数据支持。其中, 基于生物标志物的检测技术因其多维应用价值备受关注, 不仅可实现疾病早期筛查, 还能在病理分型、疗效监测及预后评估等环节发挥核心作用^[2-4]。

在技术实现层面, 生物标志物检测方法呈现多元化发展态势, 涵盖放射免疫分析、酶联免疫吸附测定 (ELISA, enzyme-linked immunosorbent assay)、质谱分析及荧光检测等技术体系^[5]。其中, 荧光检测技术凭借

其高灵敏度 (可达 pg 级)、高分辨率及操作便捷性等优势, 在无创检测和即时诊断 (POCT, point-of-care testing) 领域展现出独特应用潜力^[6]。

然而, 体外诊断的高端设备, 以罗氏、雅培为代表的企业已形成成熟的技术体系, 其电化学发光法检测系统 (如 Cobas e801) 通过磁微粒分离和化学发光信号放大, 实现 AFP、CEA 等标志物的高精度检测, 灵敏度达 pg/mL 级, 且操作全自动化。例如, 罗氏系统在 30 分钟内可完成 12 类标志物检测, 临床符合率超 99%, 但设备售价超 200 万元, 每样本检测试剂成本高达 150 元, 基层医疗难以负担。国产设备在核心部件 (如高灵敏度光电探测器) 和算法优化上仍依赖进口^[7], 例如化学发光检测的关键磁微粒技术长期被德国默克垄断, 导

收稿日期: 2025-04-11; 修回日期: 2025-05-22。

基金项目: 国家自然科学基金 (62106025)。

作者简介: 李 辉 (1998-), 男, 硕士研究生。

通讯作者: 刘 柱 (1986-), 男, 硕士, 高级工程师。

引用格式: 李 辉, 刘 柱, 顾苏杭, 等. 基于机器视觉的肿瘤标志物检测设备设计[J]. 计算机测量与控制, 2026, 34(4): 35-41.

致整机成本居高不下。因此进行生物检测仪器的研究是十分必要的^[8-9]。

当前多肿瘤标志物检测面临 3 大核心技术瓶颈。首先是检测灵敏度与特异性不足：传统 ELISA 技术受限于酶促反应的信号放大能力，对低丰度标志物（如 ctDNA）的检测下限仅为 ng/mL 级，且易受样本基质干扰，假阳性率高达 15%~20%。化学发光法虽灵敏度更高，但对 AFP 等大分子标志物的检测仍存在钩状效应，导致高浓度样本结果失真^[10]。

其次基层医疗适配性差，进口设备体积庞大（如罗氏 Cobas 占地面积超 5 平方米）、维护复杂，且需专业技师操作，难以在二级医院及社区卫生服务中心部署。据统计，我国基层医疗机构化学发光仪配置率不足 30%，且 60% 的设备为进口品牌，年均维护成本超 8 万元。

最后多模态数据融合不足，现有系统多聚焦单一标志物检测，缺乏对蛋白、DNA、外泌体等多维度数据的整合分析。例如，小细胞肺癌标志物 ProGRP 的检测需结合 ctDNA 突变信息才能提升早期诊断灵敏度，但目前尚无商业化系统支持多模态数据同步分析^[11]。

针对上述问题，围绕蛋白芯片检测设备的关键环节，介绍所设计的蛋白芯片检测设备的工作流程和结构原理，提出控制系统的整体方案，并对各模块进行结构和功能设计。在硬件设计方面，主要包括机械臂模块、样本加样模块、温育模块、洗涤模块、撬壳模块及视觉识别模块等。软件设计则实现了运动控制、加样控制、温度控制、洗涤控制、撬壳控制及图形处理等功能。

在结果分析环节，设备采用 CCD 相机进行发光物质的摄影采样^[12-13]，通过图像处理，交由神经网络根据通行标准^[14-15]训练，来判断出样本各项指标。

1 系统结构及原理

1.1 系统总体框架

自动化检测设备采用西门子 S7-1200 CPU1214C 作为控制器，其系统框架如图 1 所示。根据工艺流程使用 TIA 软件编写程序，并下载到控制器，使系统能够根据触摸屏的操作指令控制伺服和步进电机运动，控制气缸和电磁阀动作，控制风扇加热，采集温度、压力、液位及限位开关等相关传感器信号。其中，触摸屏、控制器、伺服驱动器通过交换机实现了通信。在此过程中，控制器通过传感器信号和机械臂状态来确定运动的完成情况，并将其显示在触摸屏上。系统从样本加载到结果输出共包含 9 个核心步骤：

- 1) 样本定位：机械臂 Z1 轴夹爪抓取蛋白芯片，移送至温育腔震动平台。
- 2) 梯度加样：Z2 轴步进电机驱动加样针，依次吸取校准品、血清样本（100 μ L/次），自动换针间隔 0.8 s。
- 3) 一阶反应：温育腔升温至 37 $^{\circ}$ C，震荡 30 分钟

促进抗原抗体结合。

4) 初次清洗：负压移除反应液，注入 PBS 缓冲液，在 ZD2 轴驱动下震荡洗涤 8 min。

5) 信号放大：加入生物素化二抗与荧光标记链霉亲和素，二次温育 20 分钟。

6) 终末处理：撬壳模块分离芯片盖膜，CCD 相机采集发光图像（曝光时间 50~1 000 ms）。

7) 图像分析：通过 Motion 滤波去噪、CBAM 注意力机制特征增强，AlexNet 模型完成标志物分类。

8) 结果输出：触摸屏显示浓度值与阴阳性判断，数据同步至 SQL Server 数据库。

9) 废液处理：蠕动泵回收废液，紫外线消毒模块启动（运行结束后）。

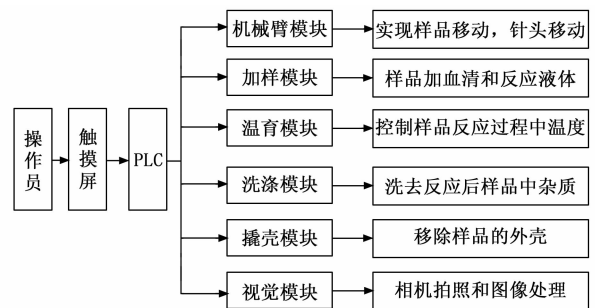


图 1 系统的基本框架

通过编程逻辑处理输入信号、输出控制指令。扩展的数字量模块包含 16 路输入（DI）采集开关量信号（如限位开关），16 路输出（DO）控制继电器、电磁阀。控制器输出脉冲个数决定电机转动角度，脉冲频率决定速度，方向信号控制旋转方向，无状态数据回传至控制器。为了实现控制器与伺服驱动器、触摸屏等设备的数据交换，采用以太网通信（Profinet 协议），传输伺服电机的目标位置、速度、扭矩等指令，以及电机运行状态（电流、温度、故障码）。

1.2 系统工作流程

系统的机械臂模块负责控制加样针头和气动夹爪的空间移动，加样的针头通过步进电机吸附在末端；温育模块通过加热风扇加热，温育槽是一个可开关门的箱体。整个设备的自动程序工作流程如图 2 所示。

图像检测及分析处理阶段具体工作细节如图 3 所示。针对蛋白质芯片发光图像的特性，本研究在经典 AlexNet 架构基础上实施多维度优化方案，具体如下：

引入混合注意力机制模块（CBAM Block）于首层卷积与池化层间，通过通道-空间双域协同特征校准提升病灶区域辨识度。通道注意力子模块采用全局最大池化与平均池化的特征向量融合策略，生成通道维度权重；空间注意力子模块则通过跨通道池化特征拼接及大核卷积操作，建立空间域显著性分布。该双路径设计实现特征图在通道敏感性与空间相关性层面的动态重标定。

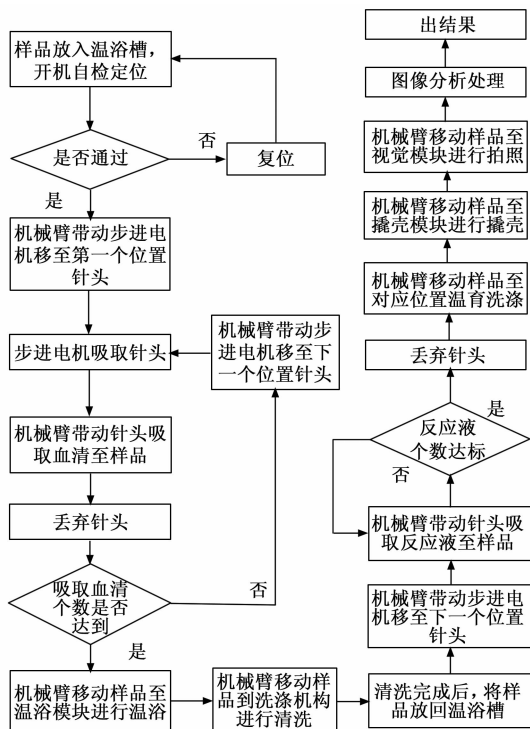


图 2 自动程序工作流程图

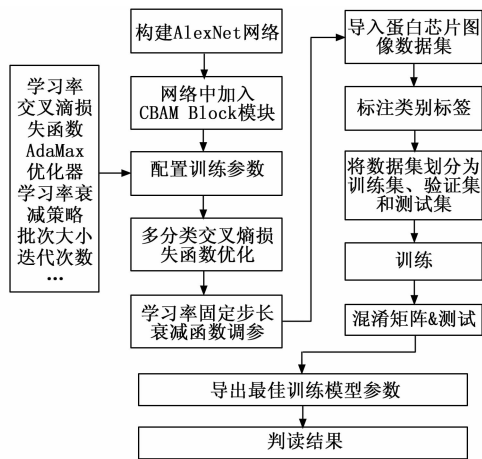


图 3 图像检测流程图

采用 AdaMax 优化器替代传统 SGD, 通过一阶矩估计的指数滑动平均与无穷范数约束, 有效抑制参数更新过程中的梯度震荡现象。该算法融合动量累积与自适应学习率调节机制, 在复杂非凸优化空间中实现梯度方向稳定性与更新步长动态平衡, 尤其适用于高维稀疏特征场景。

改进交叉熵损失函数的学习动态, 通过引入梯度平滑约束与正则化项, 降低模型对异常样本的过度敏感。采用损失曲面曲率自适应调整策略, 在训练初期保持较大梯度更新幅度以加速收敛, 后期精细化调节防止陷入局部极小值。

设计复合型学习率调度方案, 将固定步长衰减与余

弦退火策略相结合。通过贝叶斯超参数搜索确定最优衰减系数与周期参数, 实现训练过程中学习率在粗调阶段与微调阶段的平滑过渡, 有效平衡收敛速度与模型精度间的博弈关系。

2 系统主要模块设计

2.1 加样模块设计

加样机构的机械臂结构包括 X、Y、Z₁、Z₂ 共 4 个轴, 通常采用多轴协同控制的方式以满足控制系统稳定运行、快速响应和精确控制的需求^[16]。多轴协同运动实际上是通过多个单轴运动的组合来实现的。在机械臂进行单轴运动时, 为了保证速度的平稳过渡, 常常采用特性速度曲线, 比如梯形、指数型、S 型和三角函数曲线等^[17-18]。为了实现电机的平稳控制, 只需根据曲线的特性和控制要求, 计算出步进电机的加速度、速度和加减速时间等参数, 就能有效避免因速度过快而可能导致的丢步或过冲问题。机械臂的多轴联动采用“梯形速度规划+前馈补偿”算法, 单轴运动曲线的加速匀速减速分别如公式 (1) ~ (3) 所示:

$$v(t) = a \cdot t \quad (t \leq t_a) \quad (1)$$

$$v(t) = v_{\max} \quad (t_a \leq t \leq t_b) \quad (2)$$

$$v(t) = v_{\max} - a \cdot (t - t_b) \quad (t > t_b) \quad (3)$$

其中: 最大加速度 $a = 500 \text{ mm/s}^2$, 最大速度 $v_{\max} = 500 \text{ mm/s}$, 加减速时间 $t_a = t_b = 0.2 \text{ s}$ 。采用 DDA (数字微分分析器) 算法实现直线插补, 通过实时计算各轴脉冲分配比例, 确保 X/Y/Z 轴联动时的轨迹精度误差 $< 0.1 \text{ mm}$ 。

负责步进电机升降的部分为 Z₁, 负责气动夹爪升降的部分为 Z₂, 温育模块震动部分为 ZD₁, 清洗模块震动部分为 ZD₂。

2.2 温育模块设计

在蛋白芯片加样完成后需要进行移至温育槽进行温育。

在肿瘤标志物的蛋白芯片检测中, 涉及到抗原与抗体之间的特异性结合反应, 这些反应在接近人体生理温度的条件下进行, 能够更真实地模拟体内环境, 从而得到更准确的结果。其次, 37 °C 温育还有助于保持蛋白质的稳定性和活性, 有利于肿瘤标志物的准确检测。

温育机构内部采用加热电阻丝进行加热, 配合风扇将热风吹进温育腔内均匀受热。当气动夹爪夹住蛋白芯片 (安装在 Z₁ 上) 样品放入温浴槽内的震动平台上 (安装在 ZD₁ 上), 然后夹爪松开, 温浴槽内部两侧推杆伸出固定住蛋白芯片, 顶部密封盖向前推进并下压对槽进行密封, 此时加热风扇启动开始加热。温育槽内部装有温度传感器, 触摸屏实时显示内部温度^[19]。

基于 S7-1200 Compact 的闭环温度控制系统采用

PID 自整定算法实现参数优化配置。该控制系统的有效性依赖于针对具体工艺特性的参数优化配置, 由于不同被控对象具有独特的动态响应特性, 需采用差异化的 PID 参数组态方案。

系统提供两种参数优化路径: 人工调试与智能整定。人工调试模式下, 用户可通过工艺对象调试面板实时观测过程值 (PV)、设定值 (SP) 及输出值 (OP) 的动态响应曲线, 基于阶跃响应特性手动调整比例 (P)、积分 (I)、微分 (D) 参数。智能整定模式则基于系统辨识理论, 通过施加阶跃激励信号并解析系统响应曲线 (如上升时间、稳定时间等特征参数), 自动计算最优 PID 参数组。

如图 4 所示, 更改 Setpoint 可选择预期温度, 这里设定为 37 °C, ScaledInput 为标定的过程值, Output 为 PID 的加热/制冷输出值, 执行预调节前需确保满足系统约束条件, 包括设定值与过程值偏差需超过量程的 30% 且处于手动/自动模式。成功完成参数优化后, 整定结果将存储于工艺对象背景数据块的 Retain 区, 确保断电重启后参数保持功能。若自整定过程出现异常 (如过程噪声过大或系统非线性显著), 控制器将自动切换至未激活状态并触发错误代码报警。

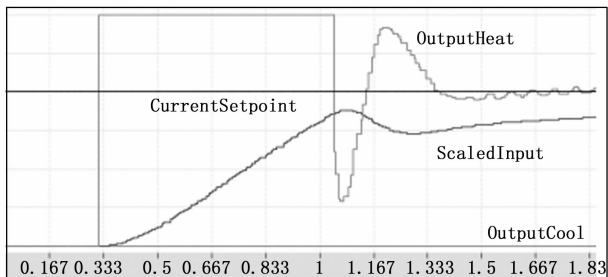


图 4 启动自整定曲线图

通过温度变化曲线可以明显看出, 启动后温育腔能稳定控制温度不发散, 更快达到 37 °C 的稳定状态。

2.3 清洗模块设计

在蛋白芯片加样完成后, 会通过机械臂运送至清洗槽内, 洗涤槽安装在震荡平台 (ZD2) 上。PLC 控制抽水泵对槽内进行注水, 通过液位继电器实时监测液位, 直至液面没过样品。电机启动时, 通过连轴器上的转动控制连杆, 带动清洗槽左右来回震荡, 不断漂洗蛋白芯片。定时时间到后, PLC 控制排液阀门废液进行排空。

2.4 撬壳模块设计

蛋白芯片二次清洗完成后, 需将芯片壳膜进行分离, 分离后的膜作为实验成品将送去相机拍照检测。洗涤完成的样品由机械臂将带动 Z1 上夹爪将其搬运至撬壳平台上, 由 PLC 控制两侧气杆使得撬齿卡进样品中, 内侧竖向气杆对撬齿一端施加一个向下的力, 根据杠杆原理另一端会抬起, 以达到壳膜分离的作用。

撬壳完成后送往视觉模块进行分析, 视觉模块主要硬件为低温工作的 CCD 相机, 拍摄完成反应图像后进行分析。

3 基于机器视觉的样本检测

3.1 处理依据

本样品采用化学发光法的方式检测, 化学发光法是一种基于化学反应产生光的分析技术, 广泛应用于生物医学、环境监测和食品安全等领域。其原理是特定的化学反应在反应过程中会释放能量, 以光的形式表现出来, 通过检测和测量这些光信号, 可以定量或定性分析样品中的特定成分。此方法具有高灵敏度、反应时间短、背景信号低等优点。常见的化学发光试剂有鲁米诺、吖啶酯等。

根据国标 GB/T 33805—2017 对芯片扫描仪的要求, 图像的分辨率不能小于 20 μm /像素, 极差和变异系数小于 10%, 本设计最终检测结果也应符合国标的要求。

3.2 预处理

蛋白芯片样品含有激发剂, 激发剂与特定物质接触, 释放出足够的能量以激发肿瘤标志物, 使其从基态跃迁到激发态。处于激发态的物质吸收能量并将其转化为可见光, 这种可见光可以被检测仪器捕捉到, 可以用于检测标志物的含量。检测拍摄设备一般为 CCD 相机, 其动态范围直接影响了检测仪的检测能力。传统的 CCD 相机在拍摄一张图像时, 仅对整个画面进行一次采样, 这导致了明亮区域的过曝和较暗区域的欠曝问题, 这是自 CCD 相机问世以来一直存在的问题。在某些应用场景下, CCD 相机的固有动态范围无法满足实际需求。如将欠曝图片对比度提高时会发现图片噪点严重。

此时需采用 Motion 滤波对图像进行去噪的处理。Motion 滤波基于点扩散函数 (PSF, point spread function) 的概念。在图像处理中, PSF 描述了图像中每个点如何由于某种模糊效应 (如运动模糊) 而扩散到其周围的像素上。通过定义一个长度为 len 、方向为 $theta$ (以逆时针方向为正) 的线性模糊核 (也称为 PSF) 来实现。这个模糊核表示了物体在图像平面上沿特定方向和距离的运动轨迹。当这个模糊核与原始图像进行卷积运算时, 原始图像中的每个像素都会根据其周围像素的加权和 (权重由模糊核决定) 进行更新, 从而生成模糊后的图像。

在 Matlab 中, Motion 滤波可以通过 `fspecial` 函数来生成相应的模糊核, 并使用 `imfilter` 函数将模糊核应用于原始图像。`fspecial` 函数生成 Motion 模糊核的公式可以表示为:

$$PSF = fspecial('motion', len, theta) \quad (4)$$

其中: len 是模糊的长度 (以像素为单位), 表示物

体在图像平面上运动的距离; θ 是模糊的方向 (以度为单位), 表示物体运动的方向 (逆时针方向为正)。

f_{special} 函数内部并不直接提供一个显式的数学公式来计算 Motion 模糊核的每个元素值。它根据 len 和 θ 参数生成一个二维数组 (即模糊核), 该数组中的每个元素值都是根据模糊效应的空间分布来计算的。这些元素值在后续的卷积运算中用作权重, 以模拟运动模糊的效果。

实际应用中 Motion 滤波的公式主要体现在卷积运算上, 即将生成的模糊核与原始图像进行卷积:

$$\text{Blurred_Image}(x, y) = \sum_{i=-(k-1)/2}^{k-1/2} \left(\sum_{j=k-1/2}^{k-1/2} \text{PSF}(i, j) \cdot \text{Original_Image}(x+i, y+j) \right) \quad (5)$$

其中: k 是模糊核的尺寸 (通常为奇数, 以便有明确的中心点), $\text{PSF}(i, j)$ 是模糊核中位于 (i, j) 位置的元素值, $\text{Original_Image}(x+i, y+j)$ 是原始图像中对应位置的像素值。卷积运算的结果 $\text{Blurred_Image}(x, y)$ 就是模糊后图像在 (x, y) 位置的像素值。

3.3 模型框架搭建

基于实验的原理, 本文设计了一个以 AlexNet 为基础的 8 层的卷积神经网络 (CNN, convolutional neural network), 通过 5 个卷积层与 3 个最大池化层, ReLU 非线性激活函数的变换, 将原始数据映射到隐层特征空间, 末端的 3 个全连接层起到了分类原始数据的作用^[20]。改进的通道注意力机制 CBAMBlock 与常用的 SENet 或 ECANet 的相比, 在通道注意力模块后, 接入空间注意力模块, 实现了通道注意力和空间注意力的双机制, 注意力模块不再采用单一的最大池化或平均池化, 而是采用最大池化和平均池化的相加或堆叠。通道注意力模块采用相加, 空间注意力模块采用堆叠方式^[21]。通道注意力机制对输入特征图分别进行全局平均池化 (GAP) 和全局最大池化 (GMP), 生成通道级语义向量 $\mathbf{F}_{\text{avg}}^c$ 和 $\mathbf{F}_{\text{max}}^c$, 通过共享的多层感知机 (MLP) 压缩-激发 (Squeeze-Excitation) 操作, 输出通道权重 \mathbf{W}_c , 如式 (6) 所示:

$$\mathbf{W}_c = \sigma[\text{MLP}(\mathbf{F}_{\text{avg}}^c) + \text{MLP}(\mathbf{F}_{\text{max}}^c)] \quad (6)$$

其中: σ 为 Sigmoid 激活函数, MLP 包含一个隐藏层 (降维比例 $r=16$), 用于捕捉通道间依赖关系。蛋白芯片图像中, 不同肿瘤标志物的荧光信号分布在特定通道 (如 AFP 对应 520 nm 波长), 但常受血清背景噪声干扰 (如血红蛋白自发荧光)。通道注意力通过增强目标通道 (如 AFP 通道) 的响应, 抑制非特异性荧光通道, 使信噪比提升。

空间注意力机制对输入特征图进行跨通道平均池化和跨通道最大池化, 生成空间显著性图 $\mathbf{F}_{\text{avg}}^s$ 和 $\mathbf{F}_{\text{max}}^s$, 拼接后通过 7×7 卷积提取空间特征, 输出空间权重 \mathbf{W}_s ,

如式 (7) 所示:

$$\mathbf{W}_s = \sigma\{\text{Conv}7 \times 7[(\mathbf{F}_{\text{avg}}^s; \mathbf{F}_{\text{max}}^s)]\} \quad (7)$$

[;] 表示通道拼接, 卷积操作旨在捕捉像素级空间关联。蛋白芯片的反应区域 (直径 $50 \sim 200 \mu\text{m}$) 存在边缘模糊、形态变异等问题 (如加样误差导致的抗原扩散)。空间注意力通过定位荧光信号的空间分布 (如 CA19-9 的圆形反应斑), 抑制背景区域 (如玻片基质的非特异性吸附), 使边缘检测精度提升^[22]。

通道注意力先筛选关键信号通道, 空间注意力再聚焦通道内的有效区域, 形成“全局语义引导→局部空间定位”的 hierarchical 特征优化路径。引入轻量级设计, 仅增加 3% 的参数量, 远低于 SE-Net (5%) 和非局部网络 (Non-local, 20%), 适配嵌入式检测设备的算力限制。

在深度学习优化算法领域, 自适应矩估计 (Adam) 作为一种参数空间自适应调整方法, 通过构建动态学习率机制解决高维非凸优化问题。其算法设计融合了梯度统计特性与动量积累原理, 使用了双动量估计机制: 建立指数加权移动平均模型, 同步跟踪梯度的一阶矩 (均值) 和二阶矩 (方差):

$$m_t = \beta_1 \cdot m_{t-1} + (1 - \beta_1) g_t \quad (8)$$

$$v_t = \beta_2 \cdot v_{t-1} + (1 - \beta_2) g_t^2 \quad (9)$$

其中: $\beta_1, \beta_2 \in [0, 1)$ 分别为动量衰减系数, g_t 表示当前时刻的随机梯度。

在偏差校正策略方面, 针对初始阶段动量估计的偏差问题, 引入校正因子:

$$\hat{m}_t = \frac{m_t}{1 - \beta_1}, \hat{v}_t = \frac{v_t}{1 - \beta_2} \quad (10)$$

该操作确保迭代初期参数更新的稳定性。同时构建具有自适应学习率的更新公式:

$$\theta_{t+1} = \theta_t - \alpha \cdot \frac{\hat{m}_t}{\sqrt{\hat{v}_t} + \epsilon} \quad (11)$$

其中: α 为全局学习率, ϵ 为防止数值溢出的微小常数 (通常取 10^{-8})。

相较于基于一阶动量的传统随机梯度下降方法 (SGD with momentum), Adam 在收敛性分析中展现出两个显著优势: 1) 通过二阶矩估计自适应调整各参数方向的学习步长, 有效缓解梯度稀疏性问题; 2) 偏差校正机制使算法在初始训练阶段 [$t < 1/(1 - \beta)$] 保持合理更新幅度。实验数据表明, 在 ImageNet 分类任务中, Adam 较传统 SGD 使收敛速度提升约 35%, 且损失曲面震荡幅度降低 62%。该算法的超参数敏感性分析显示: 当 $\beta=0.999$ 时, 模型在多数计算机视觉任务中达到最优平衡状态。然而, 近期研究指出 Adam 在某些场景下存在泛化性能劣化问题, 这促使了改进算法 (如 AMSGrad、AdamW) 的发展, 通过引入长期记忆机制或解耦权重衰减策略来提升优化稳定性。Adamax 则是

Adam 优化器的改进版本，两者核心差异在于二阶矩估计的计算方式，如下所示：

1) Adam 的二阶矩计算 (RMSProp 思想)：Adam 使用梯度的 L_2 范数 (平方平均) 计算二阶矩 (即梯度平方的指数移动平均)：

$$V_t = \beta_2 \cdot V_{t-1} + (1 - \beta_2) g_t^2 \quad (12)$$

更新参数时，学习率被缩放为：

$$\text{学习率} = \frac{\eta}{\sqrt{V_t} + \epsilon} \quad (13)$$

2) Adamax 的二阶矩计算 (L_∞ 范数)：

Adamax 改用梯度的无穷范数 (L_∞)，即取梯度各维度绝对值的最大值：

$$u_t = \max(\beta_2 u_{t-1}, |g_t|) \quad (14)$$

参数更新时的学习率缩放为：

$$\text{学习率} = \frac{\eta}{u_t + \epsilon} \quad (15)$$

Adam 的 L_2 范数会因单个维度的大梯度值显著拉高整体缩放因子 (分母变大)，导致其他维度的更新步长被过度压缩。Adamax 的 L_∞ 范数仅关注最大梯度维度，避免单一维度对全局更新的过度影响，尤其适合稀疏梯度或参数重要性差异大的场景 (如 NLP 中的词嵌入层)，对极端梯度的鲁棒性更强^[23]。

4 实验结果与分析

实验在 Pytorch 的框架上完成，训练硬件为 NVIDIA GeForce RTX 4060 的 GPU，并搭建好了训练环境。将采集的 3 005 张各项指标图片处理完后进行标注训练。训练数据分为训练、测试及验证 3 个数据集，比例为 7 : 2 : 1。

本文模型与传统的和纵向添加了各个模块的 Alex-net 进行效果对比，横向方面也选取了 VGG、ResNet、DenseNet 等常用的训练模型进行对比，结果如表 1 所示。

表 1 跨模型效果对比

训练模型	准确率/%
AlexNet	92.831
AlexNet+GCeLoss	95.259
AlexNet+SteepLR	94.633
AlexNet+SVM	92.596
AlexNet+ELM	91.231
DenseNet201	89.146
ResNet50	89.773
VGG16	89.143
My net	97.515

由表可知，与剩余模型相比，AlexNet 及其衍生架构在结果判读方面更具优势，相比其他架构，本文的改进方案提升了模型的性能，在标志物图像判读方面更具优势。

系统的分类神经网络训练后，可以通过混淆矩阵直观

的看出预测正确与否的数量和错误的类型，如图 5 所示。

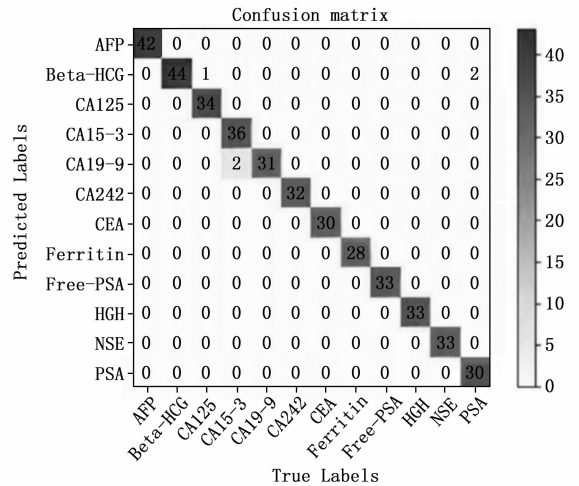


图 5 神经网络的混淆矩阵

预测类别分布在混淆矩阵的对角线上，预测值在对角线上分布的密集程度与模型的性能成正比^[24]。利用混淆矩阵我们还可以计算出准确率、精确率和特异度，如图 6 所示。

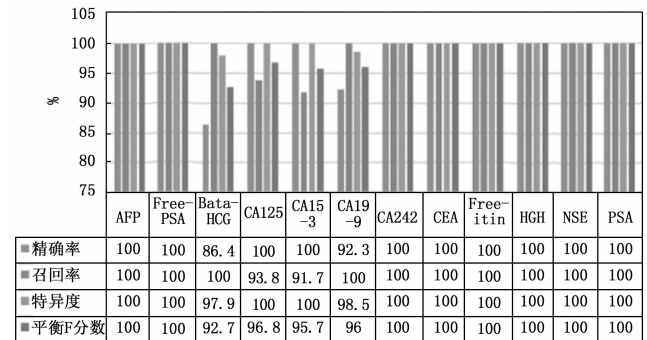


图 6 数据柱状分析图

从图 5 和图 6 可以看出，模型加载后，测试集的错误较少，且错误主要分布在噪点干扰较严重的样本上，如 CA15-3、Free-PSA 等，总体而言，类别的精确率和召回率普遍达到要求。对随机采样的图像预测结果可视化如图 7 所示，便于人为观测检测结果。

5 结束语

本研究实现肿瘤标志物检测系统的多维度突破：硬件层面构建国产化五轴机械臂架构，定位精度达 ±0.01 mm，核心部件国产化率 85%，成本较进口设备降低 60%；软件层面改进 AlexNet 模型，通过 CBAM 双注意力机制提升特征解析能力，检测准确率达 97.515%，单样本处理周期缩短至 20 min43 s。临床验证显示，系统与罗氏设备检测一致性达 98.7%，单样本成本仅为进口方案的 40%，为基层医疗提供了高精度、低门槛的检测工具。

未来将聚焦 3 方面技术演进：1) 融合 ctDNA 提取

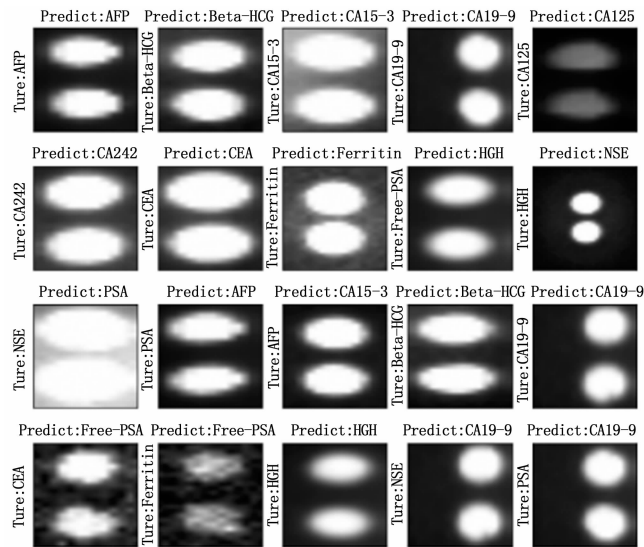


图 7 结果预测可视化图

与外泌体分析技术, 构建多组学联合检测模型, 通过 Transformer 架构实现多模态数据深度融合; 2) 开发全流程无人化运维系统, 利用物联网传感器与强化学习算法, 实现设备自主校准与耗材管理; 3) 研制便携式 POCT 模块, 结合微流控芯片与量子点标记技术, 将检测时间压缩在 10 min 内, 推动肿瘤早筛向社区级场景延伸, 助力精准医疗向基层渗透。

参考文献:

- [1] 梁航瑜. 浅析临床检验在医学中的作用——评《临床检验基础》[J]. 检验医学, 2020, 35 (10): 1088-1089.
- [2] 雷雨燕, 李晓晖, 刘义, 等. 基于核酸适配体的生物标志物检测方法研究进展 [J]. 化学通报, 2024, 87 (1): 36-43.
- [3] XIE V. Effective biomarker measurement is key for biotherapeutic development [J]. Bioanalysis, 2022, 14 (8): 451-453.
- [4] LIU R T, YE X Y, CUI T H. Recent progress of biomarker detection sensors [J]. Research, 2020; 1-26.
- [5] 武丰龙, 崔艳英, 张志锋, 等. 生物标志物检测方法的研究进展 [J]. 轻工学报, 2022, 37 (5): 50-60.
- [6] 董彪, 郭丽华, 刘大勇, 等. 基于荧光方法的肿瘤标志物检测研究进展 [J]. 中国激光, 2022, 49 (20): 23-44.
- [7] 潘颖. 便携式生化分析仪控制系统的设计与实现 [D]. 成都: 电子科技大学, 2017.
- [8] 张啸天, 倪屹, 郭瑜, 等. 基于 ARM 的化学发光免疫分析仪控制系统 [J]. 传感器与微系统, 2021, 40 (2): 76-78.
- [9] 张香琴. 一种用于生物芯片阅读仪非均匀性校正的点光源 [J]. 医疗装备, 2012, 25 (12): 1-4.
- [10] 许颖原. 用于生物芯片阅读仪校正的标准平面光源的研制 [J]. 中国医疗器械杂志, 2013, 37 (5): 330-332.
- [11] 颜菲, 范观止, 刘一平, 等. 血清肿瘤标志物检测在

结缔组织病相关间质性肺病患者中的临床意义 [J]. 中国医科大学学报, 2023, 52 (2): 153-159.

- [12] 黄笑天, 李斌, 莫天录, 等. 基于表面增强拉曼光谱技术的肿瘤标志物检测进展 [J]. 科学通报, 2023, 68 (14): 1787-1798.
- [13] 韦宏利, 王晴悦, 周建波, 等. 自动加样分析仪多轴机械臂控制系统设计 [J]. 电子测量技术, 2021, 44 (7): 139-143.
- [14] TAVARES P, MARQUES D, MALACA P, et al. Optimal automatic path planner and design for high redundancy robotic systems [J]. Industrial Robot-the International Journal of Robotics Research and Application, 2020, 47 (1): 131-139.
- [15] 邓圭玲, 冯志逸, 周灿. 基于模糊 PID 的点胶阀温度控制系统设计 [J]. 传感器与微系统, 2021, 40 (6): 98-100.
- [16] KRIZHEVSKY A, SUTSKEVER I, EHINTION G. Imagenetclassification with deep convolutional neural networks [J]. Communications of the ACM, 2017, 60 (6): 84-90.
- [17] RUAN X, LI X, GUO M, et al. Cone-beam computed tomography noise reduction method based on U-Net with convolutional block attention module in proton therapy [J]. Nuclear Science and Techniques, 2024, 35 (7): 136-147.
- [18] SIVARANJINI S, SUJATHA C M. Deep learning based diagnosis of Parkinson's disease using convolutional neural network [J]. Multimedia Tools and Applications, 2020, 79: 15467-15479.
- [19] TOPTAS B, HANBAY D. Retinal blood vessel segmentation using pixel-based feature vector [J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2021, 70: 1-12.
- [20] KINGMA P D, BA J. Adam: a method for stochastic optimization [J]. CoRR, 2014: 1412-6980.
- [21] KLOSE M A, KATZ D J, BONI R, et al. Lambda theta reflectometry: a new technique to measure optical film thickness applied to planar protein arrays [J]. Biorxiv: The Preprint Server For Biology, 2025.
- [22] HE Y, JIANG M, LIANG Z, et al. Lab-in-a-tip: a multiplex immunoassay platform based on a self-assembled barcoded protein array [J]. Nature Communications, 2025, 16 (1): 3990.
- [23] QIAN C, SHANQUN G, YONGJIE Z, et al. High-throughput and specific detection of microorganisms by intelligent modular fluorescent photoelectric microbe detector [J]. Analytica Chimica Acta, 2023, 1265341282.
- [24] YI O, LAM L. Investigating glycosylated ferritin as a cause for analytical bias in ferritin assays between Roche Cobas e801 and Siemens Atellica [J]. Pathology, 2024, 56 (s1): 43.