arXiv:2602.18329v1 [cs.CV] 20 Feb 2026

用于医学图像分类的 G-LOG 双过滤

QINGSONG WANG、JIAXING HE、BINGZHE HOU、TIERU WU、YANG CAO 与 CAILING YAO

摘要。在对象上构建实用的过滤以检测拓扑特征和几何特征，是拓扑数据分析（TDA）领域的一项重要任务。本文利用高斯拉普拉斯算子增强医学图像边界的能力，定义了 G-LoG（高斯-高斯拉普拉斯）双过滤，以生成更适合多参数持久模的特征。通过将体积图像建模为有界函数，我们进而证明：由有界函数上的双过滤得到的持久模的交错距离，相对于有界函数的最大范数是稳定的。最后，我们在 MedMNIST 数据集上进行实验，将我们的双过滤与单参数过滤以及已有的深度学习基线进行比较，包括 Google AutoML Vision、ResNet、AutoKeras 和 auto-sklearn。实验结果证明，我们的双过滤显著优于单参数过滤。值得注意的是，在由我们的双过滤生成的拓扑特征上训练的简单多层感知机（MLP），其性能可与在原始数据集上训练的复杂深度学习模型相媲美。

1. 引言

近年来，拓扑数据分析（TDA），尤其是持久同调，在理论和应用领域都展现出显著的效用（综述见 [41, 29, 7] 及其中的参考文献）。持久同调由过滤生成，不同的过滤可捕捉不同的拓扑特征。在单参数情形下，通常使用四种广为人知的过滤：针对点云的 Vietoris-Rips、Čech 和 alpha 过滤，以及针对立方复形的下星过滤。

由于单个过滤往往无法充分捕捉足够多的结构，多参数持久同调的概念因而至关重要。与单参数持久同调不同，Carlsson 和 Zomorodian 证明，多参数模不存在类似的完备离散不变量 [8]。多年来，人们提出了多种为点云构造多参数过滤的方法。例如，Lesnick 和 McCabe 研究了细分双过滤的神经模型[22], ；Alonso 等人提出了 Delaunay 双过滤 [2]，Corbet 等人则提出了菱形双过滤 [12]。有关这些方法的更多详情，请参见 [5]。

然而，迄今为止，直接从图像构建双过滤的方法仍然很少。 [9], Carrière 和 Blumberg 利用一组成对图像构建了双过滤，其中每对图像都包含乳腺癌患者的人体组织样本成像数据。[17], He 等人在 MNIST 上构建了 mix-GENEO 双过滤，并证明了多参数过滤优于单参数过滤。鉴于 GENEO 算子需要以特定方式仔细选择， [3], 因此需要更易于使用的替代方案。由于

2020 数学主题分类。55N31, 68T09。关键词和短语。持久同调、多重滤子、高斯核、医学成像。

Qingsong Wang 和 Jiaxing He 对本研究贡献相同。

高斯滤波后的图像能够消除噪声，而拉普拉斯算子能够检测图像中的边缘，因此拉普拉斯-高斯算子（LoG）已成为边缘检测和纹理增强中的核心算子。我们提出了一种更简单、更高效的双参数过滤方法，称为 G-LoG。随后，我们在 MedMNIST（v2）数据集上评估了其性能 [40]。图 1 和图 2 分别展示了 G-LoG 双过滤方法在二维和三维医学图像上的应用。

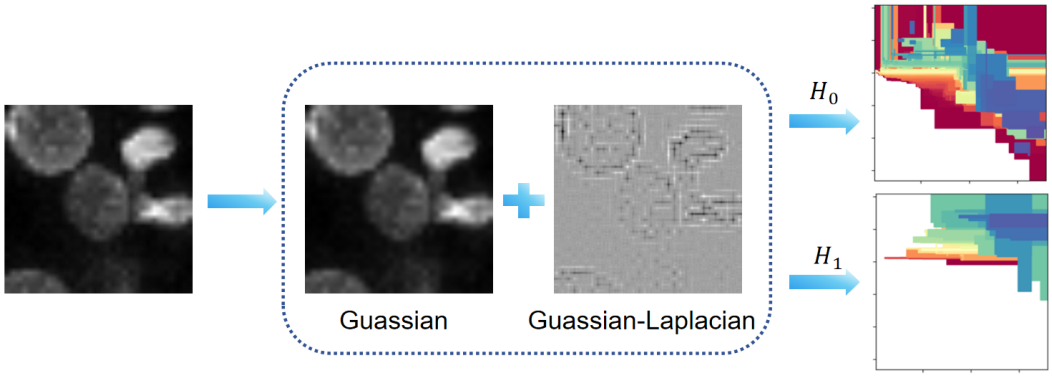


图 1. 由医学组织图像的 G-LoG 双过滤生成的双参数持久模 H_0 和 H_1 。

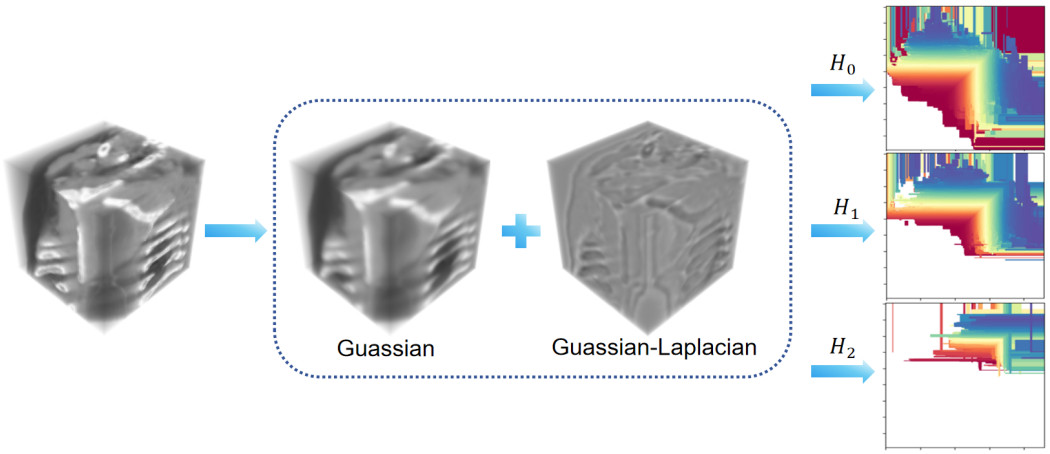


图 2. 由三维医学器官体积的 G-LoG 双过滤生成的双参数持久模 H_0、 H_1 和 H_2 。

1.1. **概述**。 近年来，深度学习迅速成为医学分析的基石。在医学图像分析中，利用深度学习发现或学习信息特征，对众多任务都发挥着至关重要的作用。然而，该领域仍面临

持续存在的挑战，包括拓扑不确定性 [34], 、与高维数据相关的问题 [37], 、可解释性问题，以及对大量标注数据的依赖 [31]。拓扑数据分析（TDA）是一种强大的方法，可用于刻画医学图像的连通性和内在特征，因此受到了广泛关注。

拓扑数据分析可追溯至 20 世纪 90 年代，当时 Morse-Smale 复形、Reeb 图和尺寸理论等方法被提出并得到研究。在此期间，Ferri、Frosini、Landi 及其合作者还提出了秩 0 秩不变量和多参数持久性中的持久同伦群的早期版本（参见综述 [4] 及其中的参考文献）。不久之后，Edelsbrunner、Letscher 和 Zomorodian 创立了一种称为持久同调的同调理论，该理论有助于揭示在不同尺度下持续存在的拓扑特征 [15]。迄今为止，拓扑数据分析方法已在多个医学领域得到研究，包括神经病学、心脏病学、肝脏病学、基因组学和单细胞转录组学、药物发现、进化研究及蛋白质结构分析 [33]。例如，Hu 等人利用离散 Morse 理论对生物医学图像中的精细结构进行分割 [19], ； Shen 等人则在 [32] 中引入了纽结数据分析，用于捕捉数据中的局部结构和连通性。Casaclang-Verzosa 等人 [10] 利用拓扑数据分析表征了心血管研究中主动脉瓣狭窄的自然进展。

持久同调是拓扑数据分析中一种无处不在的工具，可向量化为特征（例如持久性景观 [6], 持久图像 [1], Betti 曲线 [11], 核方法 [30], B 样条网格[14]），并已成功用于医学图像分析。例如，Crawford 等人设计了平滑欧拉示性数变换，用于量化肿瘤的磁共振图像 [13]。Yadav 等人将持久同调用于组织病理学癌症检测 [38]。

还有一些研究探讨了多参数持久模在医学图像分析中的应用。Vipond 等人采用通过半径-余密度双滤过构建的多参数持久性景观，研究头颈癌数字组织学图像中的免疫细胞位置 [36]。Carrière 和 Blumberg 提出了多参数持久图像 [9] ，并利用这种向量化方法分析定量免疫荧光图像。

大多数医学影像数据集的构建依赖于计算机视觉或医学领域的先验知识，因此难以直接使用。为避免这一问题，MedMNIST 数据集的两个版本 [40, 39] 已相继发布。为在这一领域建立基准，开发者采用了多种模型作为 MedMNIST 的基线分类器：ResNet [18] 以及各种自动机器学习模型（包括 auto-sklearn [16], 、AutoKeras [20]和 Google AutoML Vision https://cloud.google.com/automl）。近年来，许多研究通过修改网络架构来提升 MedMNIST 上的分类性能，例如 FPVT [23], 、MedViT [26] 和 C-Mixer [35]。在 [28], ，Nuwagira 等人验证了 Top-Med 在 MedMNIST 上的有效性，并表明整合拓扑特征向量可以提升深度学习模型的准确率和鲁棒性。与近期作者致力于验证网络学习能力的工作不同，我们仅使用多层感知机（MLP），对通过多参数持久同调从 MedMNIST（v2）中提取的特征进行分类。本文将 MedMNIST（v2） [40] 和 Top-Med [28] 的结果作为基线。

1.2. **动机**。 选择合适的多参数过滤函数在多参数持久同调的分类任务中起着重要作用。如果我们选择不合适的过滤函数 $\vec{\gamma} = (\gamma^1, \gamma^2)$来获得多参数持久同调，则多参数持久同调可能产生与由 γ^1 和

γ^2 分别诱导的单参数持久同调相当的结果。届时我们将无法利用多参数持久同调的优势。我们基于以下三点为图像处理构造双参数滤波函数。

(1) 为了提取更适合持久同调的特征，我们采用两种方法：首先，使用次水平集函数捕获图像原始的持久同调特征；其次，为了使图像更适用于持久同调框架中的分类任务，我们利用拉普拉斯算子提取图像边缘。

(2) 我们所选的两个参数的水平集应当相交。如果我们构造的多参数过滤函数彼此“独立”，那么多参数过滤本质上就是单参数的。我们给出以下示例，说明在某些条件下，沿各个方向的双参数持久模可以分解为单参数持久模的直和（该示例的相关定义见预备知识）。

例1.1. （本质单参数）

设 $\mathcal{M}$ 和 $\mathcal{N}$ 为 $\mathbb{R}^n$的两个紧致且不相交的 n维子流形。设 $f\colon \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ 和 $g : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ 为两个满足以下条件的连续次水平集函数

$$f|_{\mathcal{M}} \geq 0, f|_{\mathbb{R}^n \setminus \mathcal{M}} = 0,$$
$$g|_{\mathcal{N}} \geq 0,\ g|_{\mathbb{R}^n \setminus \mathcal{N}} = 0.$$

我们给出图3作为上述定义的一个例子。

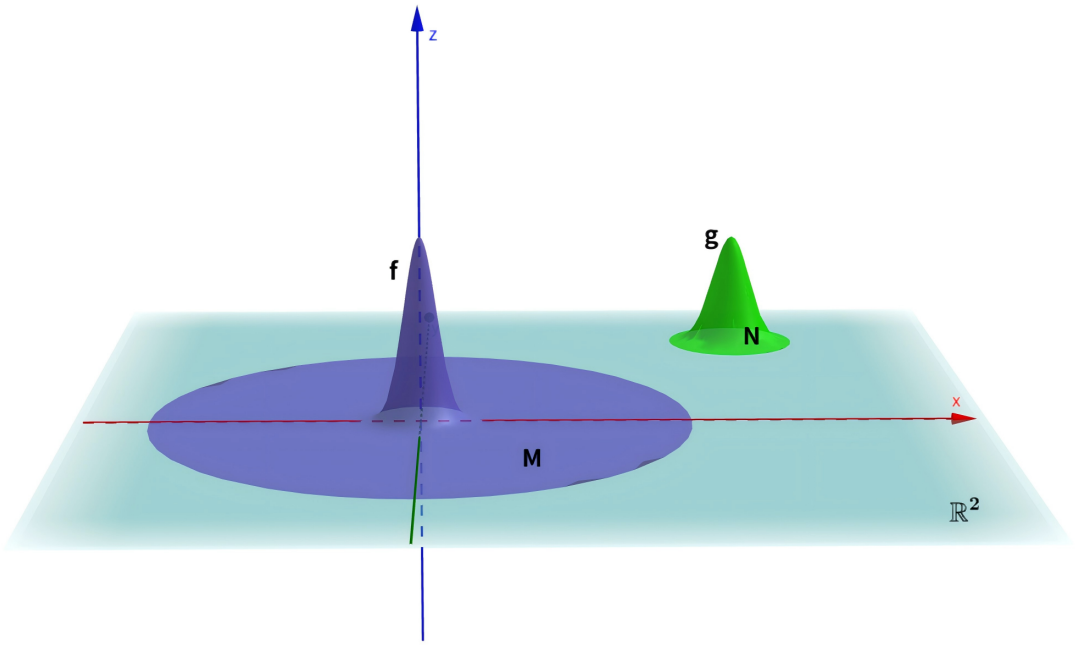


图3. 紫色和绿色区域的原像分别对应于流形 $\mathcal{M}$ 和 $\mathcal{N}$。

设 $\mathcal{M}_i = \{x \in \mathbb{R}^n;\ f(x) \leq i\}$, $\mathcal{N}_j = \{x \in \mathbb{R}^n;\ g(x) \leq j\}$, 其中 $i, j \in \mathbb{R}$。由于 $\mathbb{R}^n = \mathcal{M}_i \cup \mathcal{N}_j$，我们可以得到以下正合序列，即 Mayer-Vietoris 序列，

$$\cdots \to H_k(\mathcal{M}_i \cap \mathcal{N}_j) \xrightarrow{\Phi} H_k(\mathcal{M}_i) \oplus H_k(\mathcal{N}_j) \xrightarrow{\Psi} H_k(\mathbb{R}^n) \xrightarrow{\partial} H_{k-1}(\mathcal{M}_i \cap \mathcal{N}_j) \to \cdots \to H_0(\mathbb{R}^n) \to 0.$$

当 $k \geq 1$, $H_k(\mathbb{R}^n) = 0$。那么，对于 $k \geq 1$，我们有 $H_k(\mathcal{M}_i \cap \mathcal{N}_j) \cong H_k(\mathcal{M}_i) \oplus H_k(\mathcal{N}_j)$。通过设定 $M_{i,j}(f, g) = H_*(\mathcal{M}_i \cap \mathcal{N}_j)$，定义双参数持久模 (M, π)；并通过以下方式定义单参数持久模 $(M(f, g)|_{\vec{l}}, \pi(f, g)|_{\vec{l}})$

$$(M(f,g)|_{\vec{l}})_t := M_{at+b},\ (\pi(f,g)|_{\vec{l}})_{s,t} := \pi(f,g)|_{as+b,at+b},$$

其中，$l \in \mathbb{R}^n$ 是由 $t \in \mathbb{R} \mapsto at + b$ 参数化的直线，且 $a \in (\mathbb{R}_+)^n \setminus \{0\}$。现在，我们分别通过 $M_i(g) = H_*(\mathcal{M}_i)$ 和 $M_j(f) = H_*(\mathcal{N}_j)$，定义单参数持久模 $(M(f)\ \pi(f))$ 和 $(M(g)\ \pi(g))$。

设 $\vec{u} = (u_1,\ u_2)$、$\vec{v} = (v_1,\ v_2)$。存在 $\vec{l'} = a't + b'$、s' 和 t'，使得 $(u_1,\ u_2) = a's' + b'$，$(v_1,\ v_2) = a't' + b'$，于是我们得到如下交换图，

$$\begin{array}{ccc} (M(f,g)|_{\vec{l'}})_{s'} & \xrightarrow{\pi(f,g)_{s',t'}} & (M(f,g)|_{\vec{l'}})_{t'} \\ \downarrow\cong & & \downarrow\cong \\ M(f)_{u_1} \oplus M(g)_{u_2} & \xrightarrow{\pi(f)_{u_1,v_1} \oplus \pi(g)_{v_1,v_2}} & M(f)_{u_2} \oplus V(g)_{v_2} \end{array}$$

于是我们有 $\mathbb{M}(f,\ g)|_{\vec{l'}} \cong \mathbb{M}(f) \oplus \mathbb{M}(g)$。

在这种情况下，双参数持久模在每个方向上都恰好分解为两个单参数持久模的直和。因此，与直接使用两个独立的单参数持久同调进行分类相比，采用这种双参数滤过进行分类并未带来根本性的改进或差异。

(3) 受动机（2）的启发，应将两个选定的过滤函数定义为使其次水平集的交集非空；因此，我们对体素值和拉普拉斯算子（高斯拉普拉斯算子，LoG）都应用高斯平滑。

1.3. **贡献**。 本文提出了一个在体数据上构建双参数过滤的框架。

- G-LoG 双过滤与稳定性：我们定义了 G-LoG 双过滤，并证明由我们在有界函数上构建的双过滤所得到的持久模之间的交错距离相对于有界函数的最大范数是稳定的。
- 实验验证：我们在 MedMNIST 数据集上开展实验，以评估我们的双过滤在数据丰富环境中的性能。我们的主要发现包括：
  - 优于单参数持久同调：结果表明，我们的双过滤优于单参数持久同调。
  - 二维图像分类中的性能：我们的结果与若干成熟的基线方法相比具有竞争力。
  - 三维图像分类中的有效性：对于三维图像分类，与领先的基线方法相比，我们的方法取得了具有竞争力的性能。

为推动多参数持久同调交叉领域的进一步发展，我们在以下地址发布了源代码：
https://github.com/HeJiaxing-hjx/G-LoG-bifiltration-for -medical-imaging-classification.git。

2. 预备知识

本节将介绍本文中用到的一些定义和性质

令 $\mathbb{R}$ 为实数集。对于向量 $\boldsymbol{s}=(s_1,\ \cdots,\ s_m)$、 $\boldsymbol{t}=(t_1,\ \cdots,\ t_m)\in\ \mathbb{R}^m$，在 $\mathbb{R}^m$ 上有一个自然的偏序：当且仅当对所有 $1\leq i\leq m$ 都有 $s_i\leq t_i$ 时，取 $\boldsymbol{s}\leq_m\boldsymbol{t}$。考虑子水平集过滤

$$X_{\boldsymbol{s}}^{\vec{\gamma}}:=\{\ x\in X\mid\vec{\gamma}(x)\leq_m\boldsymbol{s}\ \}$$

带有自然包含关系 $\iota_{\boldsymbol{s},\ \boldsymbol{t}}$，其中 $\vec{\gamma}=(\gamma^1,\ \cdots,\ \gamma^m)$，我们称其为过滤函数。

我们记作 $M_{\boldsymbol{s}}=H_*(X_{\boldsymbol{s}};\mathbb{F})$。本文中，我们只考虑 $X=\mathbb{R}^n$。

定义 2.1。持久性模 $(M,\ \pi)$ 是一族 $\mathbb{F}$-模 $\{M_{\boldsymbol{s}}\}_{\boldsymbol{s}\in\mathbb{R}^m}$，并配有同态 $\{\pi_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}:M_{\boldsymbol{s}}\to M_{\boldsymbol{t}}\}_{\boldsymbol{s},\ \boldsymbol{t}\in\mathbb{R}^m,\ \boldsymbol{s}\leq_m\boldsymbol{t}}$，满足 $\pi_{\boldsymbol{s},\ \boldsymbol{u}}=\pi_{\boldsymbol{t},\ \boldsymbol{u}}\circ\pi_{\boldsymbol{s},\ \boldsymbol{t}}$ 且 $\pi_{\boldsymbol{s},\ \boldsymbol{s}}=$ 对任意 $\boldsymbol{s}\leq_m\boldsymbol{t}\leq_m\boldsymbol{u}$ 均为恒等映射。

我们将 (M,π) 简记为 $\mathbb{M}$，并将 $\{\pi_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}\}$ 称为 $\mathbb{M}$ 的过渡映射。设 (M,π)、(M',π') 为两个持久模。

定义 2.2. 持久性态射 $\varphi:(M,\pi)\ \to(M',\pi')$ 是一族线性映射 $h_{\boldsymbol{s}}:M_{\boldsymbol{s}}\to M'_{\boldsymbol{s}}$，使得下列图表对所有 $\boldsymbol{s}\leq_m\boldsymbol{t}$ 均交换，

$$\begin{array}{ccc} M_{\boldsymbol{s}} & \xrightarrow{\pi_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}} & M_{\boldsymbol{t}} \\ \downarrow{\scriptstyle h_{\boldsymbol{s}}} & & \downarrow{\scriptstyle h_{\boldsymbol{t}}} \\ M'_{\boldsymbol{s}} & \xrightarrow{\pi'_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}} & M'_{\boldsymbol{t}} \end{array}$$

两个持久模 $\mathbb{M}\ =(M,\pi)$ 与 $\mathbb{M}'\ =(M',\pi')$ 同构，如果存在两个态射 $h_1:\ \mathbb{M}\to\mathbb{M}'$ 与 $h_2:\ \mathbb{M}'\to\mathbb{M}$，使得两个复合 $h_1\circ h_2$ 与 $h_2\circ h_1$ 均为相应持久模上的恒等态射，其中 $\mathbb{M}$ 上的恒等态射对所有 $\boldsymbol{t}$ 都是 $M_{\boldsymbol{t}}$ 上的恒等映射。

定义 2.3. 设 (M,π)、(M',π') 为两个持久模。它们的直和 (N,θ) 是一个持久性模，其底层模为 $N_{\boldsymbol{t}}=M_{\boldsymbol{t}}\oplus M'_{\boldsymbol{t}}$，相应地，$\theta_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}=\pi_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}\oplus\pi'_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}$。

对于一个持久性模 (M,π) 和 $\boldsymbol{\epsilon}\in\mathbb{R}^m$，通过取 $(M[\boldsymbol{\epsilon}])_{\boldsymbol{s}}=M_{\boldsymbol{s}+\boldsymbol{\epsilon}}$ 和 $(\pi[\boldsymbol{\epsilon}])_{\boldsymbol{s},\boldsymbol{t}}=\pi_{\boldsymbol{s}+\boldsymbol{\epsilon},\boldsymbol{t}+\boldsymbol{\epsilon}}$，定义一个持久性模 $(M[\boldsymbol{\epsilon}],\pi[\boldsymbol{\epsilon}])$。这个新的持久性模称为 $\mathbb{M}$ 的 $\boldsymbol{\epsilon}$-移位。映射 $\Phi^{\boldsymbol{\epsilon}}:(M,\pi)\ \to(M[\boldsymbol{\epsilon}],\pi[\boldsymbol{\epsilon}])$，由 $\Phi^{\boldsymbol{\epsilon}}_{\boldsymbol{t}}=\pi_{\boldsymbol{t},\boldsymbol{t}+\boldsymbol{\epsilon}}$ 定义，是持久模之间的一个 $\boldsymbol{\epsilon}$-移位态射。

现在我们来引入持久模空间上的交错距离。如果 h 是从 $\mathbb{M}$ 到 $\mathbb{M}'$ 的同态，那么 $h(\boldsymbol{\epsilon}):\ \mathbb{M}(\boldsymbol{\epsilon})\ \to\mathbb{M}'(\boldsymbol{\epsilon})$。

定义 2.4。给定 $\epsilon>0$，如果存在两个态射 $h_1:\ \mathbb{M}\to\mathbb{M}'(\boldsymbol{\epsilon})$ 和 $h_2:\ \mathbb{M}'\to\mathbb{M}(\boldsymbol{\epsilon})$，使得 $h_2(\boldsymbol{\epsilon})\ \circ h_1=\Phi^{2\boldsymbol{\epsilon}}_{\mathbb{M}}$ 和 $\Phi^{2\boldsymbol{\epsilon}}_{\mathbb{M}'}=h_1(\boldsymbol{\epsilon})\circ h_2$，其中 $\mathbb{M}(\boldsymbol{\epsilon})$ 是移位模 $\{M_{\boldsymbol{s}+\boldsymbol{\epsilon}}\}_{s\in\mathbb{R}^m}$，$\boldsymbol{\epsilon}=(\epsilon,\cdots,\epsilon)\ \in\mathbb{R}^m$，而 $\Phi^{2\boldsymbol{\epsilon}}_{\mathbb{M}}$ 和 $\Phi^{2\boldsymbol{\epsilon}}_{\mathbb{M}'}$ 是移位态射，则称两个持久模 $\mathbb{M}$ 和 $\mathbb{M}'$ 是 $\boldsymbol{\epsilon}$-交错的。

两个多参数持久模 $\mathbb{M}$ 和 $\mathbb{M}'$ 之间的交错距离定义为

$$d_I(\mathbb{M},\mathbb{M}')=\inf\{\epsilon>0\mid\mathbb{M}\text{ and }\mathbb{M}'\text{ are }\epsilon\text{-interleaved}\}.$$

d_I 的主要性质是，对于由函数的次水平集得到的多参数过滤，它具有稳定性。更准确地说，给定两个连续函数 $\vec{\gamma}_1,\vec{\gamma}_2:\ X\ \to$

$\mathbb{R}^m$，我们将由相应的过滤 $X^{\vec{\gamma}_1}$ 和 $X^{\vec{\gamma}_2}$得到的多参数持久模分别记为 $\mathbb{M}(\vec{\gamma}_1)$和 $\mathbb{M}(\vec{\gamma}_2)$，那么

$$d_I(\mathbb{M}(\vec{\gamma}_1), \mathbb{M}(\vec{\gamma}_2)) \leq \|\vec{\gamma}_1 - \vec{\gamma}_2\|_\infty,$$

其中

$$\|\vec{\gamma}\|_\infty = \begin{cases} \sup_{p\in X} \|\vec{\gamma}(p)\|_\infty = \sup_{p\in X} \max\{|\gamma^1(p)|, \cdots, |\gamma^m(p)|\} & \text{if } X \neq \emptyset, \\ 0 & \text{if } X = \emptyset. \end{cases}$$

定理 2.5 （[21]）。 d_I 是稳定的。

3. G-LoG 双过滤及其稳定性

多参数持久模在拓扑数据分析中广受欢迎的一个原因是，将数据集转换为多参数持久模的过程相对于交错距离是稳定的（Lipschitz 连续）。本节将给出 G-LoG 双过滤的定义，并证明其稳定性。

为了从体数据和图像构造双过滤，我们采用与 [3] 一致的记号。我们将数据表示为函数空间 Φ，其定义为从拓扑空间 $\mathbb{R}^n$ 到 $\mathbb{R}$ 的实值函数 $\{\varphi_i\}_i$ 所组成的集合；我们有 $\|\varphi_1 - \varphi_2\|_\infty = \sup_{x\in\mathbb{R}^n} |\varphi_1(x) - \varphi_2(x)|$。

然后我们可以给出 G-LoG 双过滤的定义。

设 $x = (x_1, \cdots, x_n) \in \mathbb{R}^n$，并设 G 为定义在 $\mathbb{R}^n$ 上的高斯核，

$$G(x_1, \cdots, x_n) = \exp\{\frac{-\sum_{i=1}^n x_i^2}{2\sigma^2}\}, \tag{3.1}$$

我们有

$$\triangle G(x_1, \cdots, x_n) = \sum_{i=1}^n \frac{\partial^2}{\partial^2 x_i} G(x_1, \cdots, x_n) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i^2 - n\sigma^2}{\sigma^4} \exp\{\frac{-\sum_{i=1}^n x_i^2}{2\sigma^2}\}.$$

定义 3.1. 设 φ 为从 $\mathbb{R}^n$ 到 $\mathbb{R}$ 的连续函数。我们通过 $\vec{\gamma}_\psi = (\gamma^1_\varphi, \gamma^2_\varphi)$ 在 φ上定义 G-LoG 双过滤，其中

$$\gamma^1_\varphi(x) = \int_{\mathbb{R}} \cdots \int_{\mathbb{R}} \varphi(x_1 - \alpha_1, \cdots, x_n - \alpha_n) \cdot G(\alpha_1, \cdots, \alpha_n) d\alpha_1 \cdots d\alpha_n,$$
$$\gamma^2_\varphi(x) = \int_{\mathbb{R}} \cdots \int_{\mathbb{R}} \varphi(x_1 - \alpha_1, \cdots, x_n - \alpha_n) \cdot \triangle G(\alpha_1, \cdots, \alpha_n) d\alpha_1 \cdots d\alpha_n.$$

然后我们可以得到交错距离在$\vec{\gamma}_{\varphi_1}$ 与 $\vec{\gamma}_{\varphi_2}$ 上关于 φ_1 与 φ_2上最大范数的如下稳定性。

定理 3.2. 设 φ_1、 $\varphi_2 : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ 为两个连续函数，并设 $\mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_1})$ 与 $\mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_2})$分别为由 $\vec{\gamma}_{\varphi_1} = (\gamma^1_{\varphi_1}, \gamma^2_{\varphi_1})$ 与 $\vec{\gamma}_{\varphi_2} = (\gamma^1_{\varphi_2}, \gamma^2_{\varphi_2})$诱导的相应多参数持久模。则如下稳定性不等式成立，

$$d_I(\mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_1}), \mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_2})) \leq \max((2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}, \frac{2n(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}}{\sigma^2}) \cdot \|\varphi_1 - \varphi_2\|_\infty$$

证明。 回忆一下，高斯积分给出

$$\int_{\mathbb{R}^n} \exp\{-\frac{\sum_{i=1}^n \alpha_i^2}{2\sigma^2}\} d\alpha_1 \cdots d\alpha_n = (2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}. \tag{3.2}$$

由此，我们得到

$$\begin{aligned}\|\gamma^1_{\varphi_1}-\gamma^1_{\varphi_2}\|_\infty &\le \|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty \int_{\mathbb{R}^n}|G(\alpha_1,\dots,\alpha_n)|d\alpha_1\cdots d\alpha_n\\ &= (2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}\|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty.\end{aligned}$$

类似地，对于双过滤的第二个分量，我们有

$$\begin{aligned}&\|\gamma^2_{\varphi_1}-\gamma^2_{\varphi_2}\|_\infty\\ &\le \|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty \int_{\mathbb{R}^n}\frac{1}{\sigma^4}\left(\left|\sum_{i=1}^n\alpha_i^2G(\alpha)\right|+\left|n\sigma^2G(\alpha)\right|\right)d\alpha_1\cdots d\alpha_n.\end{aligned}$$

由 (3.2) 可得 $\alpha_i\sim N(0,\ \sigma^2)$，并注意到二阶矩为 $\mathbb{E}[\sum_{i=1}^n\alpha_i^2]=n\sigma^2$，因此可得

$$\begin{aligned}&\frac{1}{\sigma^4}\left(\int_{\mathbb{R}^n}\left|\sum_{i=1}^n\alpha_i^2\exp\{-\frac{\sum\alpha_i^2}{2\sigma^2}\}\right|d\alpha_1\cdots d\alpha_n+\int_{\mathbb{R}^n}n\sigma^2\exp\{-\frac{\sum\alpha_i^2}{2\sigma^2}\}d\alpha_1\cdots d\alpha_n\right)\\ &=\frac{1}{\sigma^4}\left(n\sigma^2\cdot(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}+n\sigma^2\cdot(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}\right)=\frac{2n(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}}{\sigma^2}.\end{aligned}$$

因此，我们建立了组合函数 $\vec{\gamma}_\varphi$的界:

$$\|\vec{\gamma}_{\varphi_1}-\vec{\gamma}_{\varphi_2}\|_\infty\le\max\left\{(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}},\frac{2n(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}}{\sigma^2}\right\}\cdot\|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty.$$

最后，根据定理 2.5 关于交错距离稳定性的结论，我们得到,

$$\begin{aligned}d_I(\mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_1}),\mathbb{M}(\vec{\gamma}_{\varphi_2}))&\le\|\vec{\gamma}_{\varphi_1}-\vec{\gamma}_{\varphi_2}\|_\infty=\sup_{x\in\mathbb{R}^n}\|\vec{\gamma}_{\varphi_1}-\vec{\gamma}_{\varphi_2}\|_\infty\\ &=\max\{\|\gamma^1_{\varphi_1}-\gamma^1_{\varphi_2}\|_\infty,\|\gamma^2_{\varphi_1}-\gamma^2_{\varphi_2}\|_\infty\}\le C\cdot\|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty,\end{aligned}$$

其中 $C=\max\left\{(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}},\ \frac{2n(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}}{\sigma^2}\right\}$。 □

注3.3。 为了快速构建双过滤，我们使用在 [24], 中定义的近似多参数持久模 $\tilde{M}_\delta^{MMA}$ $\delta>0$。他们证明，对于两个连续函数 f、g： $X\to\mathbb{R}^m$，以下稳定性成立,

$$d_I(\tilde{M}_\delta^{MMA}(f),\tilde{M}_\delta^{MMA}(g))\le\|f-g\|_\infty+\delta,$$

令 f 和 g 分别为 $\vec{\gamma}_{\varphi_1}$ 和 $\vec{\gamma}_{\varphi_2}$，我们有以下稳定性,

$$\begin{aligned}&d_I(\tilde{M}_\delta^{MMA}(\vec{\gamma}_{\varphi_1}),\tilde{M}_\delta^{MMA}(\vec{\gamma}_{\varphi_2}))\\ &\le\max\{(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}},\frac{2n(2\pi\sigma^2)^{\frac{n}{2}}}{\sigma^2}\}\cdot\|\varphi_1-\varphi_2\|_\infty+\delta.\end{aligned}$$

4. 实验

我们在 MedMNIST 数据集上进行实验，以评估我们的 G-LoG 双过滤的有效性。我们将结果与 MedMNIST [40], 中报告的所有基线机器学习模型以及单参数 Topo-Med 方法 [28]的结果进行比较。双参数立方过滤使用 multipers 库（ https://davidlap ous.github.io/multipers/）和 GUDHI 库（ https://gudhi.inria.fr/）实现。我们提出以下通过 G-LoG 双过滤进行特征生成的流程（如图 4 所示）。

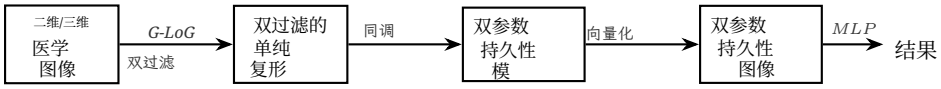


图 4. 使用 G-LoG 双过滤的分类流程

我们的双过滤在配备 AMD Ryzen 7 5800H（Radeon Graphics）和 16GB 内存的笔记本电脑上生成。随后，多层感知机模型在配备 Intel Core Ultra 9 185H（2.30 GHz）和 32GB 内存的系统上进行训练。

数据集MedMNIST 是一个受 MNIST 格式启发的大规模标准化生物医学图像集合，包含 12 个二维数据集和 6 个三维数据集。所有图像均被预处理为统一分辨率 28×28（二维）或 $28 \times 28 \times 28$（三维），并配有相应的分类标签，使没有先验领域专业知识的用户也能使用。MedMNIST 涵盖生物医学图像的主要数据模态，旨在对轻量级二维和三维图像进行分类，数据规模多样（从 100 到 100,000），任务类型多样（二分类/多分类、序数回归和多标签）。该数据集共计约 708,000 张二维图像和 10,000 个三维样本，可支持生物医学图像分析、计算机视觉和机器学习领域广泛的研究与教育需求。

双参数过滤的构造首先，我们将二维彩色图像转换为灰度图，并将像素值归一化到 $[0, 255]$ 至 $[0, 1]$的范围内。接下来，我们构造双参数过滤函数。正如我们在研究动机（2）的讨论中所指出的，如果两个次水平集函数的原像交集过小，提取出的拓扑特征就会退化为分别应用两种单参数过滤所得到的特征，导致相应特征数量减少。为直观说明捕捉这一交集的重要性，我们将高斯卷积和高斯-拉普拉斯卷积用作医学图像上的两种次水平集过滤。高斯核的参数设置为 $\sigma = 0$（表示不进行卷积）、0.5、1 和 1.5，而高斯-拉普拉斯（LoG）核的 σ 固定为 1。最后，我们构造双参数持久模。GUDHI 库在生成单参数立方复形方面效率很高，而 multipers 库 [25] 为多参数持久同调提供了一个易用且高性能的框架，可用于生成近似持久模，并集成多种向量化方法。借助 GUDHI [27] 和 multipers，我们能够构造近似双参数持久模。

运行时间 从一张28×28 医学图像生成双参数持久模约需 0.1 秒，而从一个 $28 \times 28 \times 28$ 医学体数据生成则约需 90 秒。

向量化我们利用 multipers 库从多参数持久模中提取向量化特征。具体而言，我们使用带宽为 0.01 、权重参数为 $p = 2$ 的高斯核来生成多参数持久图像（ MPIs ） [9] 。对于每个 i 维持久同调 H_i，生成的持久图像分辨率为 50×50。对于二维图像数据，我们为 H_0 和 H_1生成 MPIs；拼接后，每张二维图像由一个 5000 维向量表示。对于三维体数据，我们为 H_0、 H_1 和H_2生成 MPIs。将这些图像拼接后，每个三维体数据可表示为一个 7500 维向量。

网络超参数 与 [28], 中的方法一致，我们采用包含三个隐藏层的多层感知机（MLP），在多参数持久图像上进行训练。MLP 架构由一个输入层、三个隐藏层和一个输出层组成。具体而言，三个隐藏层分别为：一个包含 256 个神经元并采用 ReLU 激活的全连接层，后接

一个包含 128 个神经元并采用 ReLU 激活的全连接层，以及最后一个包含 64 个神经元并采用 ReLU 激活的隐藏层。输出层采用 Softmax 激活函数。模型优化方面，我们使用交叉熵损失函数和 Adam优化器，学习率为 0。001。训练进行 100 轮，批量大小为 32。此外，我们采用耐心值为 20 的早停策略，并保存验证集上 AUC分数最高的模型用于最终评估。

评估指标与以往研究一致，我们采用曲线下面积（AUC）和准确率（ACC）的平均值作为评估指标。AUC 是一种无阈值指标，用于评估连续的预测分数；而 ACC 则根据给定的阈值（或最大值索引）评估离散的预测标签。这些指标的计算流程与 [40]中所述相同。

4.1. **结果**。 如表1、表2和表3所示，我们将所提出方法的性能与 [40] 和 [28] 中报告的 MedMNIST 数据集基线结果进行了比较。

方法		PathMNIST		ChestMNIST		DermaMNIST		OCTMNIST		PneumoniaMNIST		RetinaMNIST	
		AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC
ResNet-18（28）		0.983	0.907	0.768	0.947	0.917	0.735	0.943	0.743	0.944	0.854	0.717	0.524
ResNet-18（224）		0.989	0.909	0.773	0.947	**0.920**	0.754	0.958	0.763	0.956	0.864	0.710	0.493
ResNet-50（28）		**0.990**	**0.911**	0.769	0.947	0.913	0.735	0.952	0.762	0.948	0.854	0.726	0.528
ResNet-50（224）		0.989	0.892	0.773	**0.948**	0.912	0.731	0.958	**0.776**	0.962	0.884	0.716	0.511
auto-sklearn		0.934	0.716	0.649	0.779	0.902	0.719	0.887	0.601	0.942	0.855	0.690	0.515
AutoKeras		0.959	0.834	0.742	0.937	0.915	0.749	0.955	0.763	0.947	0.878	0.719	0.503
Google AutoML Vision		0.944	0.728	0.778	**0.948**	0.914	**0.768**	**0.963**	0.771	**0.991**	**0.946**	**0.750**	**0.531**
Topo-Med（多层感知机）		0.942	0.683	**0.787**	0.530	0.904	0.669	0.710	0.450	0.845	0.762	0.728	0.458
Ours（多层感知机）	$\sigma = 0$	0.955	0.753	0.606	0.947	0.809	0.703	0.859	0.522	0.907	0.817	0.611	0.518
	$\sigma = 0.5$	0.954	0.753	0.608	0.947	0.806	0.708	0.872	0.567	0.910	0.825	0.624	0.500
	$\sigma = 1$	0.940	0.708	0.610	0.947	0.815	0.700	0.869	0.548	0.906	0.825	0.643	0.498
	$\sigma = 1.5$	0.939	0.702	0.603	0.947	0.816	0.698	0.854	0.529	0.891	0.795	0.638	0.483

表1. MedMNIST2D (I) 上七种深度学习基线、单参数方法与我们的 G-LoG 双过滤方法的比较。

方法		BreastMNIST		BloodMNIST		TissueMNIST		OrganAMNIST		OrganCMNIST		OrganSMNIST	
		AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC
ResNet-18（28）		0.901	**0.863**	**0.998**	0.958	0.930	0.676	0.997	0.935	0.992	0.900	0.972	0.782
ResNet-18（224）		0.891	0.833	**0.998**	0.963	0.933	0.681	**0.998**	**0.951**	**0.994**	**0.920**	0.974	0.778
ResNet-50（28）		0.857	0.812	0.997	0.956	0.931	0.680	0.997	0.935	0.992	0.905	0.972	0.770
ResNet-50（224）		0.866	0.842	0.997	0.956	0.931	0.680	**0.998**	0.947	0.993	0.911	**0.975**	0.785
auto-sklearn		0.836	0.803	0.984	0.878	0.828	0.532	0.963	0.762	0.976	0.829	0.945	0.672
AutoKeras		0.871	0.831	**0.998**	0.961	**0.941**	**0.703**	0.994	0.905	0.990	0.879	0.974	**0.813**
Google AutoML Vision		**0.919**	0.861	**0.998**	**0.966**	0.924	0.673	0.990	0.886	0.988	0.877	0.964	0.749
Topo-Med（多层感知机）		0.821	0.737	0.973	0.798	0.837	0.450	0.921	0.523	0.894	0.489	0.910	0.532
Ours（多层感知机）	$\sigma = 0$	0.820	0.731	0.977	0.847	0.849	0.537	0.934	0.591	0.935	0.593	0.927	0.605
	$\sigma = 0.5$	0.784	0.814	0.979	0.844	0.845	0.533	0.936	0.584	0.933	0.601	0.929	0.588
	$\sigma = 1$	0.752	0.750	0.977	0.840	0.840	0.529	0.931	0.562	0.931	0.588	0.918	0.573
	$\sigma = 1.5$	0.730	0.763	0.978	0.846	0.837	0.528	0.927	0.559	0.922	0.565	0.910	0.565

表2. MedMNIST2D（II）上七种深度学习基线、单参数方法与我们提出的 G-LoG 双过滤的比较。

方法		OrganMNIST3D		NoduleMNIST3D		FractureMNIST3D		AdrenalMNIST3D		VesselMNIST3D		SynapseMNIST3D	
		AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC	AUC	ACC
ResNet-18+2.5D		0.977	0.788	0.838	0.835	0.587	0.451	0.718	0.772	0.748	0.846	0.634	0.696
ResNet-18+3D		**0.996**	**0.907**	0.863	0.844	0.712	0.508	0.827	0.721	0.874	0.877	0.820	0.745
ResNet-18+ACS		0.994	0.900	0.873	0.847	0.714	0.497	0.839	0.754	0.930	0.928	0.705	0.722
ResNet-50+2.5D		0.974	0.769	0.835	0.848	0.552	0.397	0.732	0.763	0.751	0.877	0.669	0.735
ResNet-50+3D		0.994	0.883	0.875	0.847	0.725	0.494	0.828	0.745	0.907	0.918	**0.851**	0.795
ResNet-50+ACS		0.994	0.889	0.886	0.841	0.750	0.517	0.828	0.758	0.912	0.858	0.719	0.709
auto-sklearn		0.977	0.814	**0.914**	**0.874**	0.628	0.453	0.828	0.802	0.910	0.915	0.631	0.730
AutoKeras		0.979	0.804	0.844	0.834	0.642	0.458	0.804	0.705	0.773	0.894	0.538	0.724
Topo-Med（多层感知机）		0.837	0.554	0.808	0.736	0.653	0.480	0.837	0.554	0.808	0.736	0.653	0.480
Ours（多层感知机）	$\sigma = 0$	0.958	0.684	0.564	0.774	0.697	0.554	0.742	0.789	0.813	0.887	0.783	0.796
	$\sigma = 0.5$	0.961	0.702	0.789	0.852	0.704	0.579	**0.870**	**0.847**	0.877	0.898	0.810	**0.827**
	$\sigma = 1$	0.953	0.656	0.838	0.852	0.753	0.579	0.867	0.829	0.915	0.908	0.805	0.813
	$\sigma = 1.5$	0.941	0.634	0.803	0.848	**0.774**	**0.588**	0.850	0.829	**0.933**	**0.937**	0.752	0.776

表3. G-LoG 双过滤在 MedMNIST3D（I）上的表现与八种深度学习基线及单参数方法的比较。

二维数据集的结果 如表1和表2所示，除 ChestMNIST、DermaMNIST 和 RetinaMNIST 上的 AUC 分数外，我们的模型在所有数据集上的表现均优于单参数持久同调。我们观察到，大多数数据集的性能提升了 5–10%，其中 ChestMNIST 上的准确率显著提升了 41.7%。

尽管我们在二维数据集上的表现未能超过性能最佳的基线模型，但在 PathMNIST 数据集上，我们的结果达到了 95.5% 的曲线下面积和 75.3% 的准确率，优于 Auto-sklearn（曲线下面积为 93.4%，准确率为 71.6%）。在 ChestMNIST 数据集上，我们的准确率达到 94.7%，超过了 Auto-sklearn（77.9%）和 AutoKeras（93.7%）。这一表现与 ResNet-18 (28)、ResNet-18 (224) 和 ResNet-50 (28) 相当，仅低于 ResNet-50 (224) 和 Google AutoML Vision（94.8%）。在 BreastMNIST 数据集上，我们的准确率为 81.4%，高于 ResNet-50 (28)（81.2%）和 Auto-sklearn（80.3%）。最后，在 TissueMNIST 数据集上，我们的曲线下面积和准确率分别为 84.9% 和 53.7%，优于 Auto-sklearn 的结果（曲线下面积为 82.8%，准确率为 53.2%）。

在大多数数据集上， $\sigma = 0.5$ 的结果优于 $\sigma = 0$，1 和 1。5。这从经验上验证了我们的动机 (2)：有必要恰当地求取多参数下水平集的交集。这些结果凸显了持久同调的潜在能力，表明仅凭这种拓扑方法提取的特征就足以训练模型。

三维数据集的结果 从表3可以看出，与单参数持久同调相比，我们的方法提取的特征更优，同时结果与基线方法相比仍具有很强的竞争力。我们选取 $\sigma = 0$，0.5，1，1.5 来生成双参数持续同调特征。显然， $\sigma = 0$ 的 AUC 和准确率始终低于 $\sigma = 0.5$，1，1.5，这验证了我们的初始动机（2）。具体而言，我们的方法在 FractureMNIST3D 上取得了 77.4% 的 AUC 和 58.8% 的准确率；在 AdrenalMNIST3D 上分别取得了 87.0% 和 84.7%；在 VesselMNIST3D 上分别取得了 93.3% 和 93.7%。在 SynapseMNIST3D 数据集上，我们的准确率达到 82.7%。总体而言，在 FractureMNIST3D、AdrenalMNIST3D 和 VesselMNIST3D 数据集上，我们的方法在 AUC 和准确率两项指标上均优于基线模型；在 SynapseMNIST3D 数据集上，我们的准确率也优于基线方法。

因此，通过选择合适的滤波函数，多参数持久同调能够为分类任务提取足够的几何与拓扑特征，甚至可能超越原始特征的表现。

5. 结论与未来工作

本文介绍了一种名为 G-LoG 的双参数持久过滤。我们从理论上证明，对于体积图像，所得持久模相对于图像数据的最大范数，在交错距离下具有稳定性。由 G-LoG 双过滤诱导的持久模在计算上易于生成。我们的实验结果凸显了多参数持久模在生物医学图像分析中的巨大潜力。

未来，我们主要计划从两个方向扩展本方法。首先，我们计划开发一个更稳健的框架，以处理具有更多参数的过滤，例如三参数过滤，从而捕捉更复杂的拓扑特征。我们相信，通过选择更合适的过滤参数，可以提升多参数持久模的性能。其次，我们打算将双过滤框架整合到优化流程中，使其能够应用于更广泛的领域，包括计算机图形学和端到端深度学习架构。

参考文献

[1] H. Adams, T. Emerson, M. Kirby, R. Neville, C. Peterson, P. Shipman, S. Chepushtanova, E. Hanson, F. Motta, and L. Ziegelmeier. 持久图像：持久同调的稳定向量表示。《机器学习研究期刊》，18(8)：1–35，2017年。[2] Á. J. Alonso, M. Kerber, T. Lam, and M. Lesnick. 点云上函数的德劳内双过滤。载于《*2024*年*ACM-SIAM*离散算法年会（*SODA*）论文集》，第4872–4891页。SIAM，2024年。[3] M. G. Bergomi, P. Frosini, D. Giorgi, and N. Quercioli. 迈向用于数据分析与机器学习的群等变非扩张算子的拓扑—几何理论。《自然·机器智能》，1 433，2019 9 423( )：–。[4] S. Biasotti, L. De Floriani, B. Falcidieno, P. Frosini, D. Giorgi, C. Landi, L. Papaleo, and M. Spagnuolo. 通过实函数的几何—拓扑性质描述形状。《*ACM*计算调查》，40(4)，2008年10月。[5] A. J. Blumberg and M. Lesnick. 二参数持久同调的稳定性。《计算数学基础》，24(2)：385–427，2024年。[6] P. Bubenik. 利用持久景观进行统计拓扑数据分析。《机器学习研究期刊》，16 102，2015 77：–。[7] G. Carlsson and M. Vejdemo-Johansson. 拓扑数据分析及其应用。剑桥大学出版社，剑桥，2021年。[8] G. Carlsson and A. Zomorodian. 多维持久性的理论。《离散与计算几何》，42(1)：71–93，2009年。[9] M. Carrie`re and A. Blumberg. 用于拓扑机器学习的多参数持久图像。载于神经信息处理系统进展，第33卷，第22432–22444页，纽约，2020年。Curran Associates, Inc. [10] G. Casaclang-Verzosa, S. Shrestha, M. J. Khalil, J. S. Cho, M. Tokodi, S. Balla, M. Alkhouli, V. Badhwar, J. Narula, J. D. Miller, et al. 用于理解主动脉瓣狭窄表型表现的网络断层成像。《*JACC*：心血管成像》，12(2)：236–248，2019年。[11] Y. M. Chung and A. Lawson. 持久曲线：总结持久图的规范框架。《计算数学进展》，48(1)：6，2022年。[12] R. Corbet, M. Kerber, M. Lesnick, and G. Osang. 多重覆盖双过滤的计算。《离散与计算几何》，70(2)：376–405，2023年。

[13] L. Crawford, A. Monod, A. X. Chen, S. Mukherjee, and R. Rabadán. 胶质母细胞瘤临床结局预测：拓扑与函数数据分析的应用。《美国统计学会杂志》，115 1150，2020 531 1139( )：–。[14] Z. Dong, H. Lin, C. Zhou, B. Zhang, and G. Li. 持久B样条网格：基于数据拟合的持久图稳定向量表示。《机器学习》，113(3)：1373–1420，2024年。[15] H. Edelsbrunner, D. Letscher, and A. Zomorodian. 拓扑持久性与简化。《离散与计算几何》，28(4)：511–533，2002年。[16] M. Feurer, K. Eggensperger, S. Falkner, M. Lindauer, and F. Hutter. Auto-sklearn 2.0：通过元学习实现免手动自动机器学习。《机器学习研究期刊》，23(261)：1–61，2022年。[17] J. He, B. Hou, T. Wu, and Y. Xin. Mix-geneo：一种用于多参数持久同调的灵活过滤，可检测数字图像。《AIMS数学》，10(10)：24153–24178，2025年。[18] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun. 用于图像识别的深度残差学习。载于《IEEE计算机视觉与模式识别会议论文集》，第770–778页，2016年。[19] X. Hu, Y. Wang, L. Fuxin, D. Samaras, and C. Chen. 使用离散 Morse 理论进行拓扑感知分割。载于国际学习表征会议，2021年。[20] H. Jin, Q. Song, and X. Hu. Auto-Keras：高效的神经架构搜索系统。载于第25届ACM SIGKDD知识发现与数据挖掘国际会议论文集，第1946–1956页，2019年。[21] M. Lesnick. 多维持久模上交错距离的理论。《计算数学基础》，15(3)：613–650，2015年。[22] M. Lesnick and K. McCabe. 细分双过滤的神经模型。arXiv预印本 arXiv:2406.07679，2024年。[23] J. Liu, Y. Li, G. Cao, Y. Liu, and W. Cao. 用于MedMNIST分类十项全能的特征金字塔视觉Transformer。载于2022年国际联合神经网络会议（IJCNN），第1–8页。IEEE，2022年。[24] D. Loiseaux, M. Carrière, and A. J. Blumberg. 多参数模近似：一种高效且可解释的不变量，用于带有保证的多参数持久模。《应用与计算拓扑杂志》，9(4)：1–60，2025年。[25] D. Loiseaux and H. Schreiber. Multipers：面向机器学习的多参数持久性。《开放源代码软件杂志》，9(103)：6773，2024年11月。[26] O. N. Manzari, H. Ahmadabadi, H. Kashiani, S. B. Shokouhi, and A. Ayatollahi. MedViT：一种用于通用医学图像分类的鲁棒视觉Transformer。《计算生物学与医学》，157：106791，2023年。[27] C. Maria, J. D. Boissonnat, M. Glisse, and M. Yvinec. GUDHI库：单纯复形与持久同调。载于《数学软件——ICMS 2014：第四届国际大会，韩国首尔，2014年8月5日至9日。论文集》第4卷，第167–174页。施普林格，2014年。[28] B. Nuwagira, K. Caner, K. P. Fan-Hsi, and B. Coskunuzer. 面向低数据医学成像的拓扑机器学习。载于机器学习与健康（ML4H），第824–838页。PMLR，2025年。[29] L. Polterovich, D. Rosen, K. Samvelyan, and J. Zhang. 几何与分析中的拓扑持久性，大学讲座丛书第74卷。美国数学学会，罗得岛州，2020年。[30] J. Reininghaus, S. Huber, U. Bauer, and R. Kwitt. 用于拓扑机器学习的稳定多尺度核。载于《IEEE计算机视觉与模式识别会议论文集》，第4741–4748页，2015年。[31] D. R. Sarvamangala and R. V. Kulkarni. 医学图像理解中的卷积神经网络：综述。《进化智能》，15(1)：1–22，2022年。[32] L. Shen, H. Feng, F. Li, F. Lei, J. Wu, and G. Wei. 利用多尺度高斯链接积分进行纽结数据分析。《美国国家科学院院刊》，121(42)：e2408431121，2024年。[33] Y. Singh, C. M. Farrelly, Q. A. Hathaway, T. Leiner, J. Jagtap, G. E. Carlsson, and B. J. Erickson. 医学成像中的拓扑数据分析：当前最先进水平。《影像洞察》，14(1)：58，2023年。[34] Y. Singh, Q. A. Hathaway, K. Dinakar, L. J. Shaw, B. Erickson, F. Lopez-Jimenez, and D. L. Bhatt. 量化斑块形态的未知因素：拓扑不确定性在冠状动脉疾病中的作用。《梅奥诊所论文集：数字健康》，3(2)：100217，2025年。[35] S. Sun, X. Jia, and Z. Zheng. 用于MedMNIST分类十项全能的复数混合器。《应用智能》，55 12，2025 16 1( )：–。[36] O. Vipond, J. A. Bull, P. S. Macklin, U. Tillmann, C. W. Pugh, H. M. Byrne, and H. A. Harrington. 多参数持久同调景观揭示肿瘤中的免疫细胞空间模式。《美国国家科学院院刊》，118(41)，2021年。[37] C. Wu and C. A. Hargreaves. 面向混合数值与类别数据的拓扑机器学习。《国际人工智能理论与实践杂志》，30(05)：2150025，2021年。

[38] A. Yadav、F. Ahmed、O. Daescu、R. Gedik和B. Coskunuzer。基于拓扑签名的组织病理学癌症检测。见*2023*年*IEEE*生物信息学与生物医学国际会议（*BIBM*），第1610–1619页。IEEE，2023年。[39] J. Yang、R. Shi和B. Ni。MedMNIST分类十项全能：面向医学图像分析的轻量级自动机器学习基准。见*IEEE*第*18*届生物医学成像国际研讨会（*ISBI*），第191–195页，2021年。[40] J. Yang、R. Shi、D. Wei、Z. Liu、L. Zhao、B. Ke、H. Pfister和B. Ni。MedMNIST v2：面向二维和三维生物医学图像分类的大规模轻量级基准。科学数据，10(1):41，2023年。[41] A. J. Zomorodian。《计算拓扑学》，剑桥应用与计算数学专著丛书第16卷。剑桥大学出版社，剑桥，2005年。Qingsong Wang，吉林大学数学学院，130012，长春，中国电子邮箱：qswang21@mails.jlu.edu.cn Jiaxing He，吉林大学数学学院，130012，长春，中国电子邮箱：547337872@qq.com Bingzhe Hou，吉林大学数学学院，130012，长春，中国电子邮箱：houbz@jlu.edu.cn Tieru Wu，吉林大学数学学院，130012，长春，中国，吉林大学人工智能学院，130012，长春，中国电子邮箱：wutr@jlu.edu.cn Yang Cao，吉林大学数学学院，130012，长春，中国电子邮箱：caoyang@jlu.edu.cn Cailing Yao，吉林大学数学学院，130012，长春，中国电子邮箱：1290279144@qq.com