

数据非依赖采集张量质谱数据计算平台的开发

周海洋, 刘朋欢, 金尚忠

(中国计量大学光学与电子科技学院, 浙江 杭州 310000)

摘要: 数据非依赖采集张量 (data independent acquisition tensor, DIAT) 是一种质谱数据格式, 用于处理和分析数据非依赖采集方法获得的蛋白质组学数据。与传统方法相比, DIAT 技术具有便捷的数据可视化处理和高效的深度学习模型训练等优势。但由于目前缺乏支持 DIAT 格式数据的软件平台, 限制了其应用。为解决这一问题, 本文基于 PyQt 框架设计了一款用于处理和分析 DIAT 数据的软件, 涵盖了与 DIAT 技术相关的所有功能, 使用户能够轻松地利用 DIAT 数据进行复杂分析, 降低了使用门槛, 为数据非依赖采集 (DIA) 质谱数据分析注入了活力。

关键词: 质谱; 数据非依赖采集 (DIA); 图形化用户交互界面 (GUI); 深度学习; 视觉变换网络

中图分类号: O657.63; TP311.5

文献标志码: A

文章编号: 1004-2997(2024)03-0412-10

doi: 10.7538/zpxb.2023.0113

Development of a Computing Platform for Data Independent Acquisition Tensor Data

ZHOU Hai-yang, LIU Peng-huan, JIN Shang-zhong

(School of Optics and Electronic Technology, China Jiliang University, Hangzhou 310000, China)

Abstract: Data independent acquisition tensor (DIAT), a specialized mass spectrometry data format, is intricately crafted for acquiring the meticulous processing and analysis of proteomics data through the advanced methodology of data independent acquisition (DIA). Compared to conventional approaches, DIAT technique has the advantages of the seamless processing of data visualization and efficient deep learning model training, ensuring a convenient user experience. Despite these merits, the DIAT mass spectrometry data format remains a relatively recent introduction. As a consequence, comprehensive principles and methodologies elucidating the nuances of this data format are predominantly found within the confines of specialized literatures. Furthermore, the absence of robust software platform supporting for the utilization of DIAT format data is a key impediment, hindering the widespread application in various scientific domains. In response to these challenges, a meticulously designed software solution for the comprehensive handling and analyzing of DIAT data was introduced in this study. Leveraging the robust capabilities of the PyQt framework, the software embodied a spectrum of functionalities intricately tied to DIAT technique, including DIAT data format conversion, the intuitive visualization of DIAT data, the training of classification models using

DIAT data, and the accurate prediction of DIAT data labels through the utilization of trained models. Crucially, each of these functionalities underwent rigorous test using authentic mass spectrometry data. The test results unequivocally showcased the prowess of the DIAT computational software, empowering users to engage effortlessly in complex DIAT data analysis. This not only lowered the entry barriers for users, but also injected a renewed vigor into the field of DIA mass spectrometry data analysis. In summary, DIAT emerged as a trailblazing mass spectrometry data format meticulously tailored for the expeditious processing and analysis of proteomics data acquired through the sophisticated techniques of DIA. This study introduced a groundbreaking software solution, which was developed on the robust PyQt framework, aimed at surmounting the existing limitations associated with the nascent DIAT format. The implemented software was validated through rigorous real-world data testing, not only facilitated sophisticated DIAT data analysis but also significantly contributed to enhance the accessibility and dynamism of DIA mass spectrometry data analysis. This innovative approach will hold immense promise for advancing research and applications in the ever-evolving field of proteomics.

Key words: mass spectrometry; data independent acquisition (DIA); graphical user interface (GUI); deep learning; visual transformer

质谱技术被广泛应用于蛋白质组学研究中,基于数据独立采集策略(DIA)^[1]的质谱技术能同时采集所有的离子数据。与基于数据依赖采集(DDA)的质谱技术^[2]相比,DIA具有更高的可重复性和覆盖度,能够提供更全面的样品信息,在复杂样品分析方面有着显著优势。

数据非依赖采集张量(DIAT)是一种 DIA 质谱数据格式,可用于处理和分析 DIA 蛋白质组学数据,能够将原始 DIA 质谱数据转换为张量格式,便于可视化和处理所有的离子信号。DIAT 技术还可以直接应用于深度学习^[3]模型中,用于生物和临床表型分类、生物标志物发现等领域^[4]。例如,使用 DIAT 数据进行深度学习模型的训练和预测可实现对肝癌样本和正常肝组织样本的分类,其准确率高达 0.968^[5],高于目前常用的基于蛋白质矩阵分析方法得到的准确率 0.933^[6]。此外,DIAT 可以为 DIA 蛋白质组学数据的处理和分析提供新的思路和方法。

尽管 DIAT 数据具备诸多优势,但目前尚未出现一款能够完全支持 DIAT 格式数据的软件平台,这给其推广和使用带来了较大的障碍,特别是对于缺乏编程基础的用户,使用 DIAT 格式数据进行 DIA 质谱数据分析反而增加了工作的复杂性,违背了 DIAT 格式数据的初衷。

为了降低 DIAT 格式数据的使用门槛,提高其在分析 DIA 质谱数据时的使用效率,本文拟

设计一款基于 PyQt 的 DIAT 计算软件,该软件的概况图示于图 1。该软件将涵盖所有与 DIAT 技术相关的功能,包括基本功能(如数据格式转换、DIAT 格式数据的可视化)和与深度学习相关的功能(如使用 DIAT 数据训练人工智能模型和应用预训练的 AI 模型对 DIAT 样本类型进行预测),希望使用户更轻松地利用 DIAT 数据进行复杂分析。

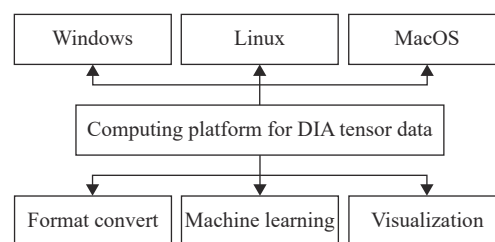


图 1 DIAT 计算平台的概况图

Fig. 1 Overview diagram of the DIAT computational platform software

1 软件平台设计中的 Qt 技术

本文提出的 DIAT 数据计算软件是在 Python 环境下开发的。Python 是一门脚本语言,本身并不具备图形化用户交互界面(graphical user interface, GUI)开发功能,但由于其强大的可扩展性,已经有许多种 GUI 模块库可以在 Python 中使用,其中,PyQt5 是最强大、开发效率最高的。因此,本

研究选择 PyQt5 作为软件的 GUI 开发框架。

PyQt 是基于 Digia 公司强大的图形程序框架 Qt 的 Python 接口,由 1 组 Python 模块构成,是 1 个创建 GUI 应用程序的工具包,由 Phil Thompson 开发。自 1998 年首次将 Qt 移植到 Python 上形成 PyQt 以来,已经发布了 PyQt3、PyQt4 和 PyQt5 等 3 个主要版本,目前最新版本为 PyQt5.14。PyQt5 具有以下主要特点:对 Qt 库进行完全封装;使用信号/槽机制进行通信;提供了一整套进行 GUI 程序开发的窗口控件;本身拥有超过 620 个类和近 6 000 个函数及方法^[7];可以跨平台运行在所有的主要操作系统上,如 UNIX、Windows 和 MacOS 等;支持使用 Qt 的可视化设计器进行图形界面设计,并能够自动生成 Python 代码^[8]。

借助 PyQt5 的强大功能和出色的开发效率,可以轻松地实现各种交互式用户界面(UI)应用程序,包括但不限于创建直观的桌面应用、设计复杂的图形用户界面、实现动态数据可视化、以及构建自定义工具和软件解决方案。PyQt5 还为开发人员提供了丰富的工具和库,以简化任务,使开发人员能够更专注于应用程序功能和用户体验,从而缩短开发周期、提高软件质量。无论是初学者还是经验丰富的开发者,PyQt5 都为使用者提供了一个强大的工具,将创意变成现实,为用户提供卓越的应用体验。

2 DIAT 计算平台的设计

2.1 软件的架构设计

DIAT 计算软件是一种分层架构(layered architecture)^[9],架构图示于图 2。这种架构也被称为层次化架构,是一种常见的软件设计架构,旨在将应用程序划分为多个逻辑层,每层都有特定的功能和任务^[10]。分层架构通过将不同的功能模块分开形成不同的层次,每个层次都是 1 个独立的模块,具有清晰的接口和职责,使代码变得模块化且具有良好的可维护性^[11],团队成员可以独立地开发、测试和修改各个层次的功能。同时,也正是因为程序被划分为多个独立的层,每个层次只依赖其下方的层次,而不直接依赖其他层次,从而降低了组件之间的耦合度,提高了代码的重用性、系统的灵活性和可扩展性^[12]。

本文设计的软件架构分为 4 层,即用户界面

层、业务逻辑层、数据访问层和数据层。

用户界面层为 DIAT 计算软件的人机交互层,在 PC 端(包括 Mac、Linux 和 Windows 系统)的软件操作界面下,用户可以通过界面中的功能选项、调节按钮和输入框等组件向软件发送不同的指令,还可以通过界面中的输出文本框查看程序的运行状态和可视化结果等信息。

业务逻辑层包含应用程序的核心业务逻辑,负责处理应用程序的业务规则和功能。本文中的业务逻辑层主要根据用户界面层中的请求信息选择数据处理的逻辑,然后向数据获取层发出请求获取相关数据,数据获取后,业务逻辑层将按照既定的数据处理逻辑处理数据,并在数据处理完成后进行保存或展示等工作。

数据访问层负责与数据源(如数据库、文件系统等)进行交互,提供数据的读取、写入和更新操作。本文提到的软件架构中,该层主要包括 raw file reader、mzML file reader、mzXML file reader、diat file reader 等文件读取操作,以及 save diat file、save mzML file、save mzXML file、save image 等文件写入操作,负责为业务逻辑层提供数据支持以及将处理结果写入数据层。

数据层负责规范化和管理软件运行过程中用到的质谱数据,相当于一个简单的数据库系统,为软件的运行过程提供稳定的数据支持。

2.2 软件的功能设计

根据 DIAT 数据的主要应用场景以及使用 DIAT 数据进行分析时的需求,该软件功能主要包括通用质谱数据格式(包括.mzML、.mzXML 等)和 DIAT 格式的相互转化、一些原始质谱数据格式(比如.raw 格式)向 DIAT 格式的转化、DIAT 格式数据的可视化展示、DIAT 格式数据训练分类模型以及使用 DIAT 数据进行表型预测等,示于图 3。

3 DIAT 计算平台功能的实现

本文提出的 DIAT 计算软件是在 Python 3.9 编程环境下开发的,利用 PyTorch1.9.1+cu102 进行深度学习模型训练和预测,PyOpenMS2.7.0 处理质谱数据,PyQt5.15.7 构建用户友好的图形界面,同时借助 NumPy1.24.1 进行高效的数值计算和数据处理,使用 H5py3.5.0 进行数据存储管

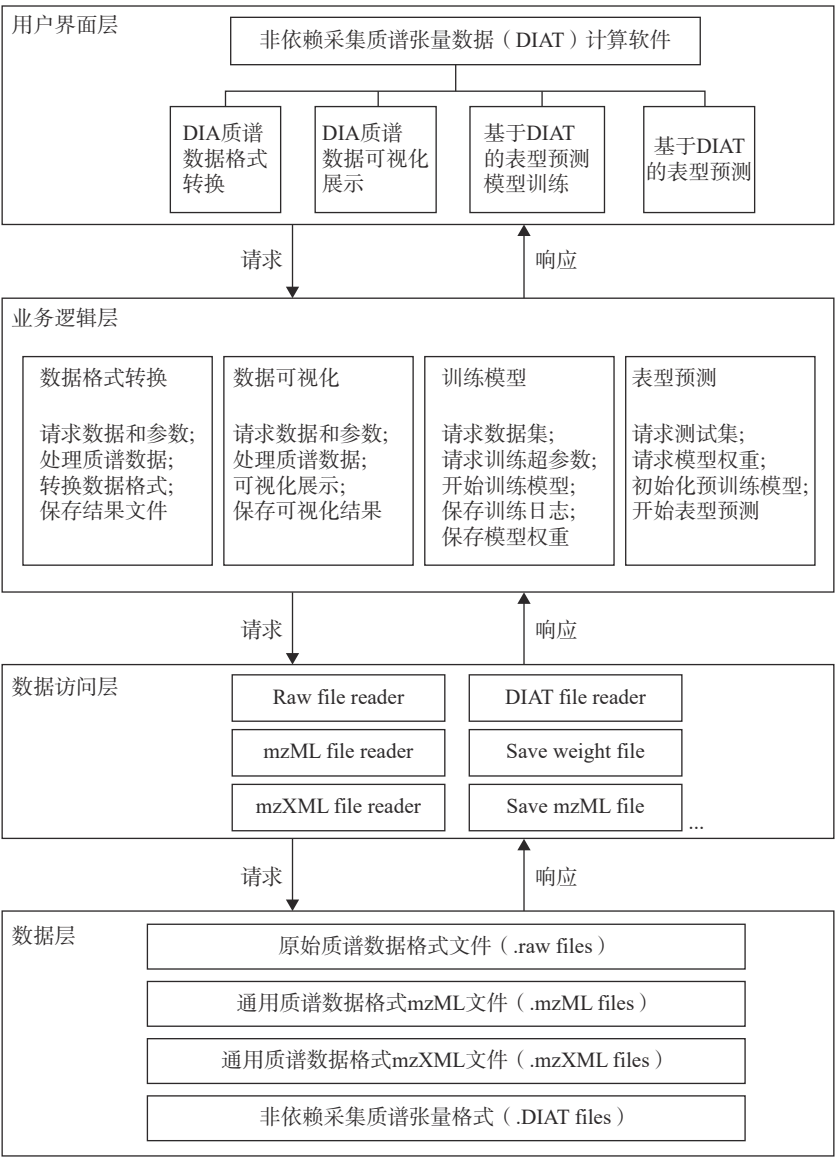


图 2 数据非依赖采集张量质谱数据计算软件架构图
Fig. 2 Architecture diagram of DIAT calculation software

非依赖采集质谱张量数据 (DIAT) 计算软件											
格式转化模块			可视化模块			深度学习模块					
输入格式选择	输出格式选择	格式转化参数设定	可视化模式选择	RGB色彩下限设定	RGB色彩上限设定	可视化结果展示和保存	分类模型选择	模型训练超参数设定	表型预测模型训练	训练集选择	测试集选择

图 3 软件的功能设计
Fig. 3 Functional design of software

理。硬件方面, 开发环境使用 AMD A5700X CPU 和 NVIDIA RTX 4070 GPU 为软件提供稳定的计算性能和深度学习加速。开发过程中, 使用 PyCharm Community 2023.1.4 作为集成开发环境, 包括代码编辑、调试和版本控制等功能。

该软件的功能主要包含 3 大模块: 格式转化模块、可视化模块和深度学习模块。这些模块将使用公开甲状腺结节的 DIA 质谱数据^[6]进行测试, 原始质谱数据存储在 iProX(IPX0001444000)中。

3.1 格式转化模块

格式转化模块的实现流程示于图 4, 主要分

为数据读取、数据转换和数据保存3个关键步骤。首先,通过MSConvert将原始质谱文件转换为方便使用Python读取的mzXML格式。一旦将质谱文件中的数据读入内存,即进行缺失值检

查和填充的操作,然后对质荷比进行分箱。分箱完成后,按照DIAT数据的3个维度将处理后的数据重新组合,得到1种三维的张量数据,并将该张量数据保存为.diat文件。

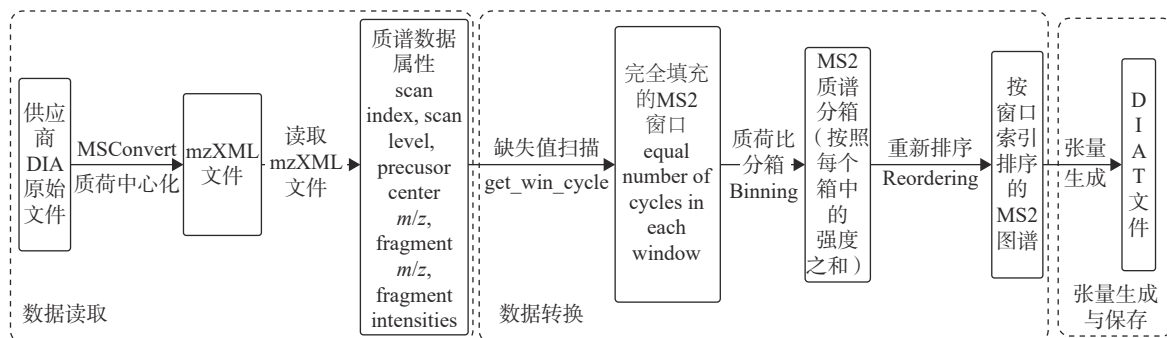


图4 格式转化功能实现流程

Fig. 4 Format conversion function implementation process

格式转化模块的功能界面示于图5、6。其中,图5是其他格式(包括.mzML、.mzXML)的质谱文件向.diat格式转化的用户交互界面;图6是.diat格式数据向其他格式(包括.mzML和.mzXML)质谱文件转化的用户交互界面。

DIAT是由3个维度组成的MS2强度值张量,第1个维度是循环索引,第2个维度是质荷比分箱,第3个维度是MS2窗口索引^[5]。在生成.diat格式文件的过程中,需要3个必要的参数来确定质荷比分箱的范围和精细度,分别为最小质荷

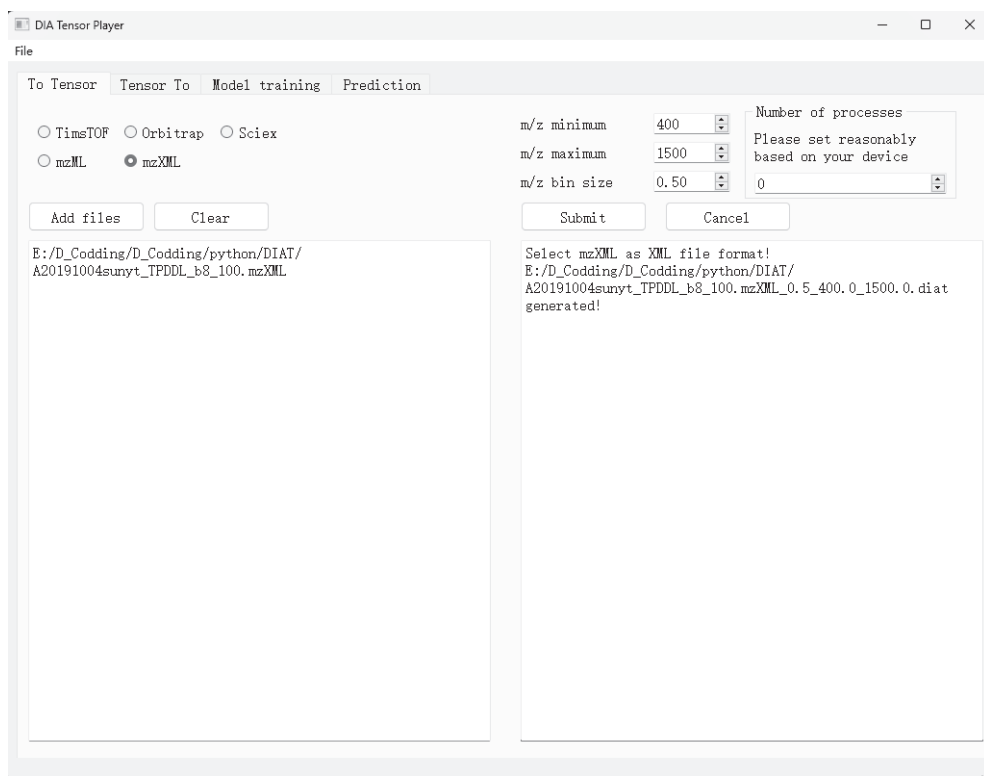


图5 生成DIAT数据的用户界面展示

Fig. 5 User interface display of generating DIAT data

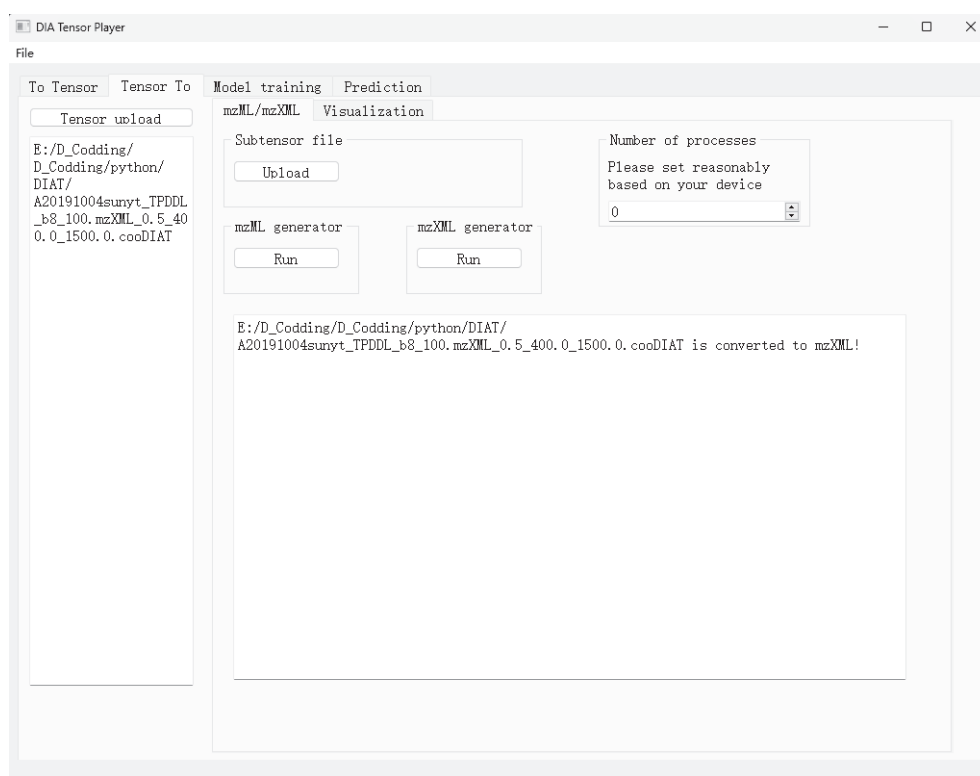


图6 DIAT数据向其他格式数据转换的用户界面展示

Fig. 6 User interface display of converting DIAT data to other formats data

比、最大质荷比和质荷比分箱尺寸。一般来说,使用越精细的质荷比分箱,DIAT中包含的信息就越多,同时对应的.diat文件所占的存储空间也会越大,这给后续的分析带来困难和挑战。所以,具体使用的质荷比范围和质荷比分箱尺寸需要根据实际情况进行确定。

在生成.diat格式文件的数据过程中,操作人员先通过界面左上角的单选框选中用于生成.diat文件的质谱数据格式或原始格式质谱数据的厂商,然后点击“Add files”按钮,选择需要处理的质谱文件路径和文件名信息,被选中的文件信息将在界面左下角的文本框中显示,示于图5。然后,操作人员需要在界面右上角设定3个必要参数,点击“Submit”按钮,开始按照设定的参数转化选定的质谱文件,转化完成后,在界面右下角的文本框中会输出转化完毕文件的路径信息和转化过程的耗时信息。

将.diat文件转化为其他质谱格式文件的过程与前面相似,操作人员需要先点击“Tensor upload”按钮,然后选中需要转化格式的.diat文件的路径和文件名,最后点击目标文件格式下面的“Run”按钮,即开始转化,选中的文件信息和

输出的结果信息将分别展示在界面的2个输出文本框中,示于图6。

本工作对格式转化模块进行简单测试,使用公开的甲状腺结节DIA质谱数据集^[6]中的回顾性测试集的1个随机采样,共选取了10个质谱文件。因为原始数据为.raw格式,所以使用MSConvert对原始质谱数据进行简单处理,将其转化成.mzXML格式的质谱数据。

使用DIAtensor^[5]软件作为对照实验的工具,但其只能用于.mzXML格式的质谱数据向DIAT数据的转化。将格式转化过程中用到的3个参数设置为500、1500、0.5,然后开始转化10个测试文件并记录每个文件所需的转化时间,结果列于表1。可以看到,实验组的平均转化耗时仅1.1s,而对照组的平均转化耗时为69.5s,表明本文设计的软件转化文件格式的效率优于DIAtensor软件。

3.2 可视化模块

可视化模块的任务是将.diat格式的质谱数据以图像或者视频的形式展示出来,这不仅可以使用户对质谱数据有直观的感受,还可以将可视化得到的图像用于深度学习模型的训练,从而完成样本的分类预测、生物标志物的发现等任务。

表 1 2 种格式化工具的耗时对比
Table 1 Comparison of time consumption between two format conversion tools

测试文件编号 Test file number	耗时Time/s	
	实验组 Experimental group	对照组 Control group
1	1.0	68.7
2	0.8	70.2
3	1.3	71.9
4	1.0	68.6
5	1.4	69.9
6	1.3	70.4
7	0.5	68.8
8	0.9	66.2
9	1.5	70.3
10	0.9	69.9

使用.diat 格式数据进行可视化展示的用户界面示于图 7。操作人员点击“Tensor upload”按钮选择需要可视化的.diat 文件信息,然后分别选择最低值的颜色和最高值的颜色,最后选择输出路径,即可得到.diat 文件可视化的结果预览图,

响应的可视化结果也将自动保存至选择的路径中。

3.3 深度学习模块

深度学习模块为该软件的核心模块,同时也最能体现 DIAT 数据的应用价值,使用 DIAT 数据可以实现直接的、端到端的分析,这是传统的蛋白质矩阵分析不能实现的。深度学习模块主要用于表型预测模型的训练和使用训练得到的模型对测试样本进行表型预测的工作。

模型训练用户界面示于图 8。在该软件中,分别集成了 ResNet-34^[13]和视觉 Transformer 网络 (visual transformer, ViT)^[14] 这 2 个用于图像分类任务的模型,它们在图像分类任务中各具优势和适用性,操作人员可以直接在用户界面进行选择。

首先, ResNet-34 作为经典的图像处理模型,以其在特征提取和位置不变性方面的卓越性能而备受推崇。ResNet-34 采用残差学习块,通过引入残差连接,解决了深度网络训练中梯度消失的问题。这种结构使 ResNet-34 能够更深层次地捕捉图像中的局部特征,在相对规则结构的图像任务(如数字识别和物体检测等方面)中

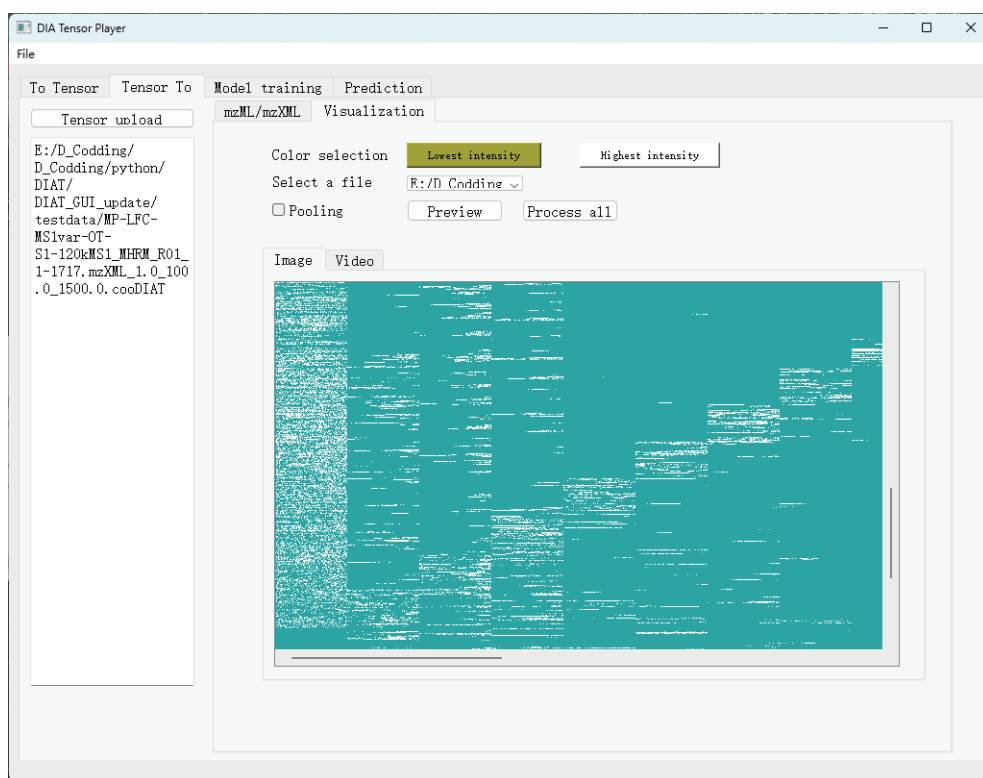


图 7 DIAT 数据可视化的用户界面展示

Fig. 7 User interface display of DIAT data visualization

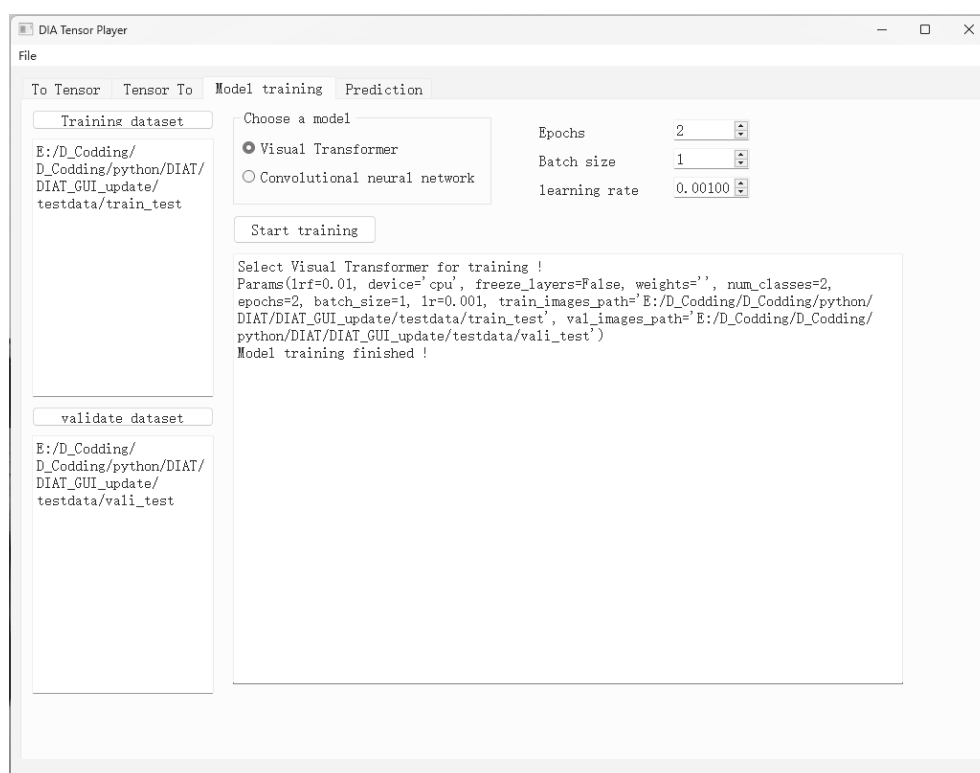


图8 模型训练用户界面展示

Fig. 8 User interface display of model training

表现出色。ResNet-34之所以包含34个卷积层,是因为相较于更轻量的ResNet-18具有更深的网络结构,能够学习更复杂、更抽象的特征,有利于提取DIAT数据中的重要特征。其次,ResNet-34相对更深层的ResNet网络具有适中的复杂度,使ResNet-34更适用于计算资源有限的场景,如在个人计算机上进行运算。

其次,本工作引入了视觉Transformer网络,它是一种基于Transformer架构的创新模型。相较于传统的卷积神经网络(convolutional neural networks, CNN),ViT通过全局注意力机制引入了更强大的上下文理解能力,特别适用于处理非结构化、充满变化的图像数据。通过将图像划分为块,并利用自注意力机制建立全局关联,ViT在处理大规模图像任务时表现出显著的性能优势,为基于DIAT数据的数据标签预测提供了方案。ViT具有2个重要的超参数,即image size和patch size,分别代表输入图像的大小和划分成块的大小。在该软件中,这2个参数分别设置为224和16,可以有效平衡计算复杂度和模型的性能。具体而言,224的较大图像允许模型在输入中包含更多的细节信息,提高了特征的表达能力,同

时将图像划分为大小为16的块,能够更好地处理图像中的局部关系,实现对图像全局结构的有效理解。

DIAT数据通常包含复杂的、非规则的图像结构,所以这一设置特别符合DIAT数据的特性。通过引入全局注意力机制,ViT能够捕捉图像中不同部分之间的复杂关系,为软件的数据标签预测功能提供更全面、更准确的信息。在实际应用中能够观察到基于这些参数设置的ViT在DIAT数据处理中的出色表现,为用户提供了更可靠、更高效的数据分析工具。

在用户界面提供了这2个模型的选择,以便操作人员根据任务需求和数据特性做出合适的选择。该设计不仅提高了软件的灵活性,也使用户能够更好地理解和运用这些先进的深度学习模型。

本工作基于公开的甲状腺结节的DIA质谱数据对深度学习模型进行简单测试,这些原始质谱数据存储在iProX(IPX0001444000)中,包含B(benign)和M(malignant)2种标签,分别代表甲状腺结节良性或恶性。测试数据是公开数据集的1个随机采样,包含4个良性和4个恶性,其

中3个良性和3个恶性用于训练,1个良性和1个恶性用于测试。获取这些数据后需要进行简单的处理:首先,使用MSConvert将原始质谱数据转化为mzXML格式文件;接着,使用本文开发的软件将mzXML格式文件转化为.diat格式文件,并进行可视化处理,参数设置为1、350、1800;最后,将可视化生成的图像作为分类模型的数据集。

用户可以在DIAT数据训练分类模型界面选择模型的类型并且设置一些对应的模型超参数,然后选择训练数据集和测试数据集的位置,点击“Start training”开始训练分类模型,模型训练结束后,软件将输出1个模型的最佳权重至文

件系统。

使用.diat格式的质谱数据进行表型预测的图形化用户交互界面示于图9。在界面的左上方,选择前期训练得到的模型权重文件;在界面的左下方,选择用于表型预测的.diat测试文件对应的图像数据;最后,选择用于预测的模型并点击“Start prediction”开始预测。在右下角的输出文本框中,可以看到模型的预测结果和用于预测样本的标签信息。在该示例中,模型预测样本属于类别B和类别M的概率分别为0.998、0.001,而测试样本的标签为B,表明对于这个测试样本,模型的预测结果正确,证明了该深度学习模块的可行性。

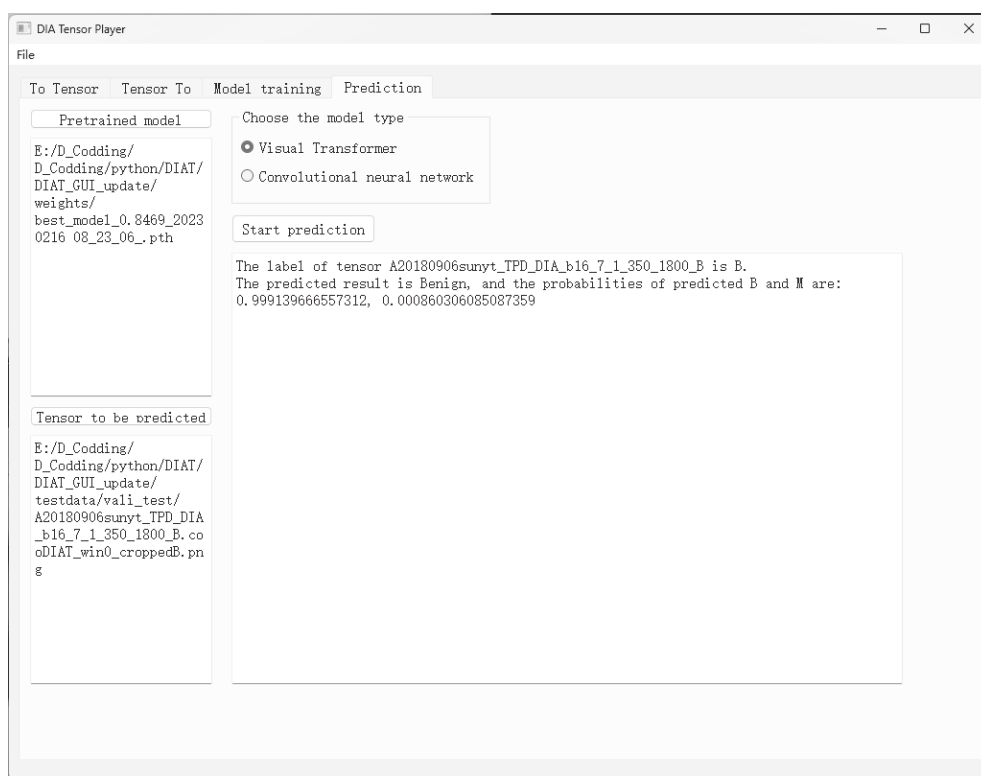


图9 表型预测用户界面展示

Fig. 9 User interface display of phenotypic prediction

4 结语

本文基于DIAT技术在实际使用中因缺乏配套软件支持而带来的分析复杂性高、对用户相关知识要求较高的问题,设计了基于PyQt实现的数据非依赖采集张量质谱数据计算软件。根据DIAT技术的应用场景和使用习惯,将软件功能分成格式转化模块、可视化模块和深度学习模块。该设计可以为用户提供更方便易用的

图形化用户界面。该软件覆盖了目前DIAT技术的常用功能,从格式转换到深度学习,支持用户更轻松、高效地分析DIAT数据,促进DIAT技术的广泛应用,为DIA质谱数据分析注入新活力。

参考文献:

- [1] KITATA R B, YANG J, CHEN Y. Advances in data-

- independent acquisition mass spectrometry towards comprehensive digital proteome landscape[J]. *Mass Spectrometry Reviews*, 2023, 42(6): 2 324-2 348.
- [2] DOERR A. DIA mass spectrometry[J]. *Nature Methods*, 2015, 12(1): 35.
- [3] MU R, ZENG X. A review of deep learning research[J]. *KSII Transactions on Internet and Information Systems*, 2019, 13(4): 23-79.
- [4] XIAO Q, ZHANG F, XU L, YUE L, KON O L, ZHU Y, GUO T. High-throughput proteomics and AI for cancer biomarker discovery[J]. *Advanced Drug Delivery Reviews*, 2021, 176: 113 844.
- [5] ZHANG F, YU S, WU L, ZANG Z, YI X, ZHU J, LU C, SUN P, SUN Y, SELVARAJAN S, CHEN L, TENG X, ZHAO Y, WANG G, XIAO J, HUANG S, KON O L, IYER N G, LI S Z, LUAN Z, GUO T. Phenotype classification using proteome data in a data-independent acquisition tensor format[J]. *Journal of the American Society for Mass Spectrometry*, 2020, 31(11): 2 296-2 304.
- [6] SUN Y, SELVARAJAN S, ZANG Z, LIU W, ZHU Y, ZHANG H, CHEN W, CHEN H, LI L, CAI X, GAO H, WU Z, ZHAO Y, CHEN L, TENG X, MANTOO S, LIM T K H, HARIRAMAN B, YEOW S, ALKAFF S M F, LEE S S, RUAN G, ZHANG Q, ZHU T, HU Y, DONG Z, GE W, XIAO Q, WANG W, WANG G, XIAO J, HE Y, WANG Z, SUN W, QIN Y, ZHU J, ZHENG X, WANG L, ZHENG X, XU K, SHAO Y, ZHENG S, LIU K, AEBERSOLD R, GUAN H, WU X, LUO D, TIAN W, LI S Z, KON O L, IYER N G, GUO T. Artificial intelligence defines protein-based classification of thyroid nodules[J]. *Cell Discovery*, 2022, 8(1): 1-17.
- [7] 王晓辉, 聂小华, 常亮. 基于 Qt 的专用有限元软件 GUI 模块的设计与开发[J]. *计算机应用与软件*, 2020, 37(1): 21-26.
- WANG Xiaohui, NIE Xiaohua, CHANG Liang. Design and development of special finite element software GUI module based on Qt[J]. *Computer Applications and Software*, 2020, 37(1): 21-26(in Chinese).
- [8] 任丽垒. 基于 PYQT 的水压致裂地应力测量软件设计与实现[D]. 北京: 中国地质大学 (北京), 2021.
- [9] HAKEEM H. Layered software patterns for data analysis in big data environment[J]. *International Journal of Automation and Computing*, 2017, 14(6): 650-660.
- [10] 陆伟. 一种工业机器人三层软件架构的设计与实现[J]. *电气自动化*, 2016, 38(2): 18-19.
- LU Wei. Design and implementation of a three-layer software architecture for industrial robots[J]. *Electrical Automation*, 2016, 38(2): 18-19(in Chinese).
- [11] 陈丽, 于霞, 李晓利, 余俊. 基于结构化方法编写软件设计说明[J]. *电子技术与软件工程*, 2022(5): 56-59.
- CHEN Li, YU Xia, LI Xiaoli, YU Jun. Writing software design description based on structured method[J]. *Electronic Technology & Software Engineering*, 2022(5): 56-59 (in Chinese).
- [12] 王矾, 吴树谦, 吴国庆. 多功能激光微结构加工软件系统设计及开发[J]. *计算机应用与软件*, 2021, 38(1): 1-5.
- WANG Fan, WU Shuqian, WU Guoqing. Design and development of multifunctional laser micro-texture processing software system[J]. *Computer Applications and Software*, 2021, 38(1): 1-5(in Chinese).
- [13] HE K, ZHANG X, REN S, SUN J. Deep residual learning for image recognition[EB/OL]. (2015-12-10)[2023-10-01]. <https://arxiv.org/abs/1512.03385.pdf>.
- [14] VASWANI A, SHAZEER N, PARMAR N, USZKOREIT J, JONES L, GOMEZ A N, KAISER L, POLOSUKHIN L. Attention is all you need[EB/OL]. (2017-01-12)[2023-10-01]. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1706.03762>.
- (收稿日期: 2023-10-07; 修回日期: 2023-12-05)