

长尾分布下的宫颈细胞分割与分类框架

杨晓娜¹, 李超炜¹, 邵慧丽¹, 何勇军²

(1. 哈尔滨理工大学 计算机科学与技术学院, 哈尔滨 150080;

2. 哈尔滨工业大学 计算机科学与技术学院, 哈尔滨 150006)

摘要:目前利用深度学习识别宫颈异常细胞有两个难题:(1)宫颈细胞种类多样且宫颈细胞图像因人而异;(2)宫颈细胞呈现长尾分布,影响宫颈细胞的分类精度。本文提出了一种基于深度学习的宫颈细胞分割与分类框架。本框架首先进行细胞核分割,使用 U-Net 作为基础模型进行减层,加入 AG 模块,并使用 ACBlock 模块代替传统标准卷积块;然后使用 ResNeSt 对分割数据进行粗分类,将根据医生经验提取的人工特征和 ResNeSt 网络提取的机器特征进行融合进行细分类,利用主动学习迭代地扩充宫颈细胞类别,并在 BBN 模型中融合 ACBlock 模块处理长尾数据;最后根据 TBS 诊断标准和医生的诊断经验提炼出异常细胞的诊断指标,筛选异常细胞。实验表明,本文的分割算法较原方法提升了 3.52%,加入所有特征的分类算法提升了 1.2%。针对阳性病人,癌细胞诊断准确率达到 91%。

关键词:U-Net; ResNeSt; 细胞核分割; 细胞核分类; 长尾分布

DOI:10.15938/j.jhust.2023.06.014

中图分类号: TP315.69 **文献标志码:** A **文章编号:** 1007-2683(2023)06-0121-09

A Framework for Segmentation and Classification of Cervical Cells Under Long-tailed Distribution

YANG Xiaona¹, LI Chaowei¹, SHAO Huili¹, HE Yongjun²

(1. School of Computer Science and Technology, Harbin University of Science and Technology, Harbin 150080, China;

2. School of Computer Science and Technology, Harbin Institute of Technology, Harbin 150006, China)

Abstract: Currently, there are two challenges in identifying abnormal cervical cells using deep learning: (1) cervical cells are diverse and cervical cell images vary from person to person. (2) Cervical cells show long-tailed distribution, which affects the classification accuracy of cervical cells. In this paper, a deep learning-based cervical cell segmentation and classification framework is proposed. This framework first performs cell nucleus segmentation, uses U-Net as the base model for layer reduction, adds AG module, and uses ACBlock module instead of traditional standard convolutional blocks; then uses ResNeSt for coarse classification of segmented data, fuses manual features extracted based on physicians' experience and machine features extracted by ResNeSt network for fine classification, and uses active learning iteratively to expand the cervical cell categories and fuse the ACBlock module in the BBN model to process the long-tail data; finally, the diagnostic indexes of abnormal cells are refined and abnormal cells are screened according to the TBS diagnostic criteria and the physician's diagnostic experience. Experiments show that the segmentation algorithm in this paper improves 3.52% compared with the original method, and the classification algorithm that incorporates all features improves 1.2%. For positive patients, the accuracy of cancer cell diagnosis reached 91%.

Keywords: U-Net; ResNeSt; cell nucleus segmentation; cell nucleus classification; long-tail distribution

收稿日期: 2022-04-26

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(61673142); 黑龙江省自然科学基金杰出青年项目(JJ2019JQ0013); 哈尔滨市杰出青年人才基金(2017RAYXJ013); 哈尔滨理工大学杰出青年人才项目(20200203)。

作者简介: 杨晓娜(2000—), 女, 硕士研究生;

李超炜(1999—), 男, 硕士研究生。

通信作者: 何勇军(1980—), 男, 博士, 博士研究生导师, E-mail: holywit@163.com。

0 引 言

宫颈癌是女性癌症中高爆发率和高死亡率的癌症之一,目前的宫颈癌诊断主要依赖于病理医生人工阅片,费事费力,还会受主观影响,且传统方式无法推进大面积筛查,而深度学习的兴起为推进宫颈癌的筛查带来了希望。

宫颈癌的诊断和分析主要取决于三个方面:细胞分割、特征提取和细胞分类。目前国内外研究者展开了对医学图像的分割和分类的研究。Jia 等^[1]首先基于区块最大类间方差和梯度矢量流 Snake 模型的 2 层分割算法获得感兴趣区域(ROI),然后提取宫颈细胞特征,最后基于人工鱼群算法(AFSA)的随机森林算法用于宫颈上皮细胞的识别和分类,为宫颈癌的诊断提供了实用的分类框架。Liu 等^[2]基于宫颈癌癌变前期的关键生理现象—乙酰白上皮(AW)区域进行分割,首先采用 k 均值聚类算法从原始阴道镜图像中提取宫颈区域,使用 DeepLab V3+ 网络分割宫颈图像中的 AW 区域。Robert 等^[3]提出了基于形态学的医学图像分割方法,首先将 RGB 图像转换为 HIS 颜色模型,在饱和度和强度应用阈值获得二进制图像,然后将二进制图像组合在一起获得新的掩码,使用连接组件的概念分割出细胞核和细胞质。Zhang 等^[4]提出了 DSD-UNET,该网络是一种新的 3D 卷积神经网络架构,通过基于 DSD-UNET 的涂药器组件分割细胞,然后进行 3D 骨架化和多项式曲线拟合,该方法有助于提高宫颈癌 BT 治疗计划的效率和一致性。Wang 等^[5]针对宫颈细胞重叠、染色不均匀和涂片图像对比度的问题,提出了一种基于深度优先搜索策略的树域结构和筛选算法,首先得到候选细胞核的区域,然后基于自适应半径扩张的迭代水平集算法对候选核区域进行精细分割。Huang 等^[6]提出了一种基于多尺度的模糊聚类算法的宫颈细胞核分割方法,分割不同尺寸的宫颈细胞团。Huang 等^[7]提出了一种基于最小绝对收缩率和选择算子(LASSO)和集成学习支持向量机(EL-SVM)的宫颈组织图像分类方法。Dong 等^[8]结合 Incentive v3 和人工特征,旨在解决宫颈细胞多样复杂和宫颈细胞结构域知识易丢失的问题,并使用迁移学习解决数据量少的问题,实现了准确有效的宫颈细胞图像分类。

另外,由于宫颈异常细胞种类呈现长尾分布,长

尾数据直接影响分类的正确性和精度。长尾数据是指数据类别分布不均衡,目前解决长尾的方法有重采样、重加权 and 迁移学习等。Zhou 等^[9]提出了 BBN 网络用来兼顾网络的特征表示能力和分类能力。Hu 等^[10]针对长尾数据对分类网络的不良影响,根据多专家提炼知识与类平衡采样,提出基于通道激活的知识蒸馏方法,提高了网络表示和分类器。Halder 等^[11]使用主动学习解决微阵列表达数据不足的问题,提出了一种粗糙模糊分类器(ALRFC)的新型主动学习方法。

综上所述,大部分学者只进行了单独的分割和分类研究,很少有人加入专业医生的诊断经验并提出较为完整的宫颈异常细胞识别框架。宫颈细胞图像内容复杂且因人而异,如何有效将宫颈细胞准确分割和分类仍是一个难题。为了解决以上难题,本文创新性的结合分割和分类方法,并根据专业病理医生的诊断依据与诊断经验制定筛查指标,提出了一种宫颈异常细胞识别框架。首先对 U-Net 减少两层上采样和两层下采样,提高网络执行效率,将传统标准卷积块改为 ACBlock 卷积块,有效地提高了精度,然后融合人工特征与 ResNeSt(split-attention networks)^[12]提取出的深度学习特征,使用多次主动学习提高分类精度,并添加长尾数据处理模块,最后对异常细胞进行筛查。实验表明,本文提出的分割与分类方法都较原方法有提高,得到了较为精准的异常细胞筛查结果。

1 模型与方法

本文提出的宫颈异常细胞的识别框架主要分为三个阶段:首先对 1024×1024 尺寸的宫颈细胞进行细胞核分割,选取在医学图像上表现良好的 U-Net 网络作为基础模型,并根据实际需求进行改进,使用 ResNeSt 对细胞进行粗分类,对得到的分类数据通过主动学习的方式进行数据扩充和类别扩充,接着进行长尾数据的权重调节,使之更关注尾部数据,最后依据医生诊断经验和不同类别的细胞特征,对每个类别进行异常细胞的筛选。

1.1 细胞核分割

Ronneberger 等^[13]于 2015 年提出了 U-Net 网络,该网络基于全卷积神经网络进行改进,在医学图像上表现出良好的分割效果。首先,减少 U-Net 网络的两次上采样和两次下采样,然后添加了论文^[14]

提出的 AG 注意力机制,在保证网络精度的同时提升了网络的效率。最后,引入非对称卷积 ACBlock, ACBlock 是由 Ding 等^[15]提出的非对称卷积块,本文将这种改进算法称为 UAC 算法。本文核分割结构图如图 1 所示。

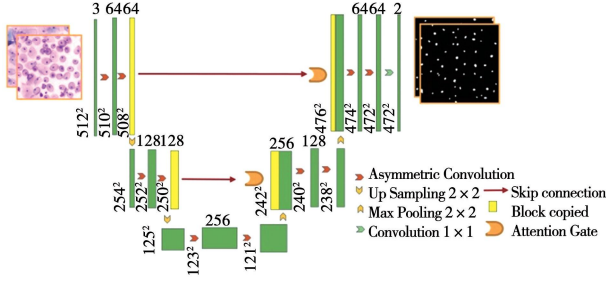


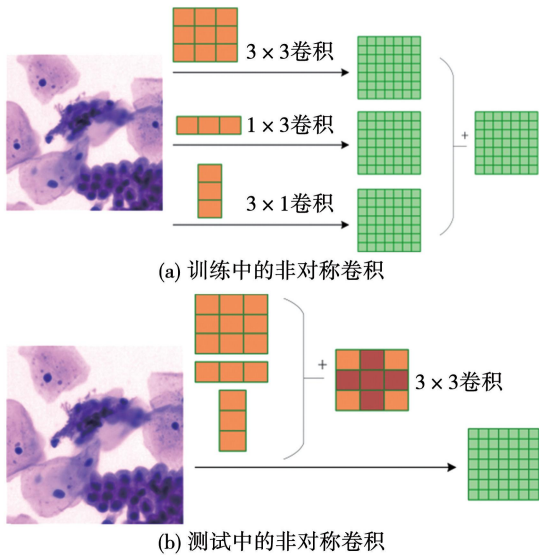
图 1 细胞核分割模型总结构图

Fig. 1 Nucleus segmentation model summary composition

训练过程中,该算法使用 3 个并行的 $d \times d, d \times 1$ 和 $1 \times d$ 核来代替原始的 $d \times d$ 核,再将它们的输出进行相加,如图 2(a) 所示。训练完成后,该算法将模型转换为与原模型相同的结构,利用卷积的可加性,将非对称卷积块融合到标准卷积核中,避免产生额外的推理计算负担,如图 2(b) 所示。具体可表示为下式:

$$I * K^{(1)} + I * K^{(2)} = I * (K^{(1)} \oplus K^{(2)}) \quad (1)$$

式中: I 是一个矩阵; $K^{(1)}$ 和 $K^{(2)}$ 是两个尺寸兼容的 2D 核; $\oplus$ 是在相应位置的参数相加操作。



(b) 测试中的非对称卷积

图 2 非对称卷积 (ACB)

Fig. 2 Asymmetric convolution

1.2 MRESNEST 分类模型

本文首先采用 ResNeSt50 残差网络提取细胞核图像的卷积特征 CFeature, 然后计算 UAC 分割模型

分割后的细胞核的指标特征,根据医生诊断知识提取人工特征 MFeature。最后将人工提取的特征 MFeature 和 ResNeSt50 模型提取的特征 CFeature 进行连接,再经过全连接层和 softmax 激活函数得到分类结果。此模型取名为 MResNeSt,其模型结构如图 3 所示。

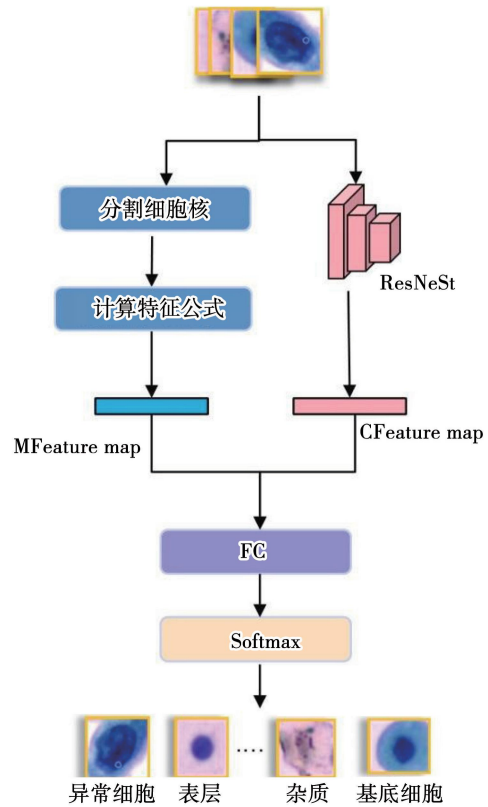


图 3 MResNeSt 分类模型结构图

Fig. 3 MResNeSt classification model structure diagram

1.3 主动学习

在深度学习领域,训练阶段需要大量的标注数据,为了解决数据标注需耗费大量的人力物力问题,Shao 等^[16]提出了一种 DAPC 的方法,以主动选择最有价值的细胞核进行人工标注。本文方法基于少量的人工干预迭代式的训练,通过多次的训练与预测过程,得到大量的准确的多类别训练样本,并得到高性能的分类模型。

在本文方法中,首先根据经验将细胞核分为 6 类,即表层、中层、基底层、萎缩细胞核、中性粒、团、杂质,在后续训练过程中选择分类错误的样本进行人工纠错,从而更新样本的类别与数量。具体更新方法如下:①由于细胞核分割阶段可以产生大量的细胞核切割样本,首先选择少量细胞核按照预先设定的 6 类进行标注;②使用标注完成的样本训练分

类模型;③使用前一个阶段训练好的分类模型对未标注的样本分类,并将分类结果交由专业医生进行验证与纠错;④将明显错分的一类作为新类别,并更新训练集;⑤重复②、③、④,更新分类结构与训练样本库,直到形成分类精度较高的多类别分割模型。使用主动学习进行数据扩充与类别细分过程如图4所示。不同阶段的主动学习分类结果如表1所示。主动学习数据扩充流程如图5所示。

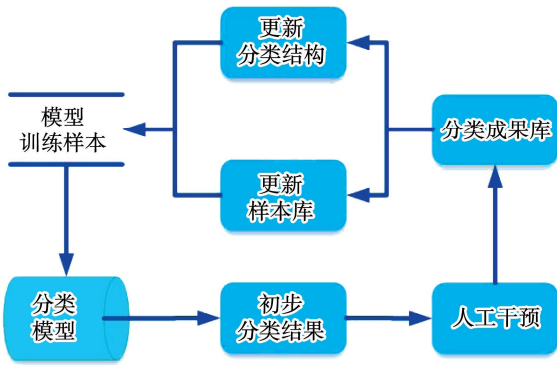


图4 模型训练样本主动学习流程

Fig. 4 Active learning process for model training samples

表1 不同阶段的分类结果

Tab. 1 Classification results at different stages

次数	类别
第一次	表层、中层、基底层\萎缩细胞核、中性粒、团、杂质
第二次	表层、中层、基底层\萎缩细胞核、中性粒、中性粒细胞、细胞团、杂质
第三次	表层、中层、基底层\萎缩细胞核、中性粒、中性粒细胞、2个细胞团、大细胞团、杂质
第四次	表层、中层、基底层\萎缩细胞核、中性粒、中性粒细胞、2个细胞团、大细胞团、杂质、异常细胞
最终	表层、中层、基底层\萎缩细胞核、长条细胞核、中性粒、中性粒细胞、2个细胞团、大细胞团、杂质、异常细胞

1.4 长尾数据处理

在宫颈图像中,大概包括以下几种类型的细胞:表层细胞、中层细胞、基底层细胞、中性粒、细胞团、杂质和异常细胞。一张宫颈 WSI (Whole Slide Image)^[18] 图像中的异常细胞数量约为 0~100 个,而一张 WSI 上有上万个细胞,足可以看出异常细胞属于尾部类别。从大量细胞中准确筛查出异常细胞是宫

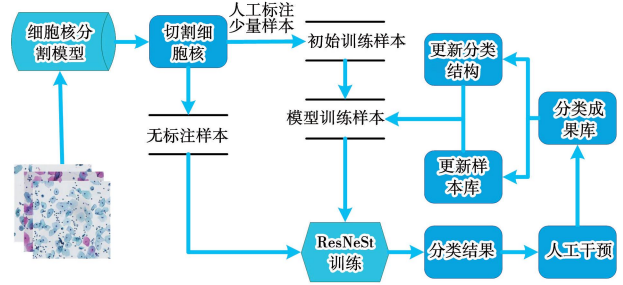


图5 主动学习数据扩充流程

Fig. 5 Active learning process for data expansion

颈癌计算机辅助治疗的意义所在。

极端不平衡的长尾分布影响分类的准确性,处理长尾数据主要目的是为了解决分类准确率的问题,解决长尾分布问题主流的方法是类重平衡策略,这种方法通过提升网络深度提高长尾数据分类准确率,但同时会损害特征的表示能力。带有积累学习策略的双分支 BBN 网络同时考虑表征学习和分类器学习。BBN 网络结构如图6所示。BBN 网络通过设计传统卷积学习分支得到表示学习能力,通过重平衡分支得到分类能力。最后通过累积学习聚合双边分支的结果,累积学习采用自适应权衡参数 α 的方式调节对尾部数据的关注程度, α 可以控制每个分支的参数更新, α 的公式如下:

$$\alpha = 1 - \left(\frac{T}{T_{\max}} \right)^2 \quad (2)$$

式中: $T_{\max}$ 为模型最大训练轮数; T 为当前的轮数。

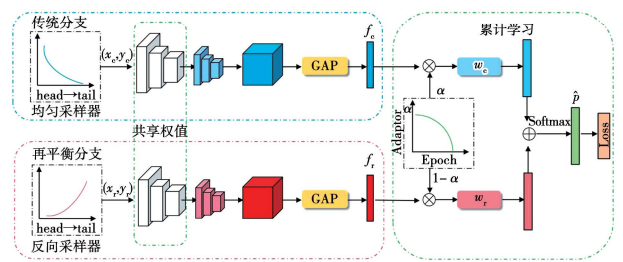


图6 BBN模型结构图

Fig. 6 Structure diagram of BBN model

将传统卷积学习分支和重平衡分支提取到的特征与权衡权重相乘后进行加权。随着训练轮次的增加逐步调节自适应权衡参数 α ,使之逐步关注尾部数据。累积学习融合公式如下:

$$z = \alpha \mathbf{W}_c^T f_c + (1 - \alpha) \mathbf{W}_r^T f_r \quad (3)$$

式中: α 为自适应权衡参数; $\mathbf{W}_c^T$ 和 $\mathbf{W}_r^T$ 均为分类器权重; f_c 为统一采样器提取的特征; f_r 为反向采样器提取的特征。

1.5 异常细胞筛选策略

不同病人的宫颈细胞形态各异,如图7所示。年轻人的细胞较有活力,细胞密集,胞浆较多,而老年人的细胞固缩核较多,因此需要综合考虑不同病人的细胞形态和大小来制定指标。

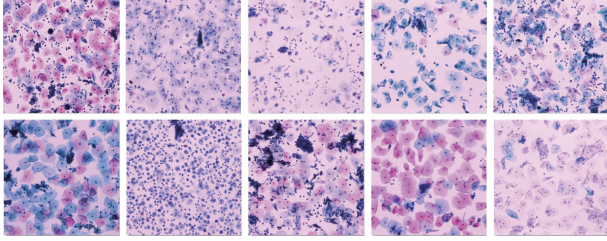


图7 形态各异的病人细胞图像

Fig.7 Images of patient cells in various shapes and sizes

通过咨询专业病理医生并查阅相关文献,具体可以量化的指标如下:

- 1) 异常细胞的细胞核面积大约为正常中层鳞状上皮细胞核的2.5~3倍;
- 2) 异常细胞常伴随核深染、核异形的变化;
- 3) 异常细胞的核常呈粗颗粒状,有时染色质浓缩不透明。

本文根据以上诊断指标分析并提炼出诊断指标:

- 1) 核面积:细胞核像素点的累积和。
- 2) 核灰度系数:

$$\bar{f}_{index} = \frac{\bar{f}_n}{\bar{f}_m} \quad (4)$$

式中: $\bar{f}_n$ 为细胞核灰度值; $\bar{f}_m$ 为同层细胞核灰度值均值。

- 3) 核圆度:

$$O = \frac{Area_n}{\pi LD} \quad (5)$$

式中: $Area_n$ 为细胞核面积; L 为细胞核外接矩形的长轴。

- 4) 椭圆度:

$$O = \frac{Area_n}{\pi LD} \quad (6)$$

式中: $Area_n$ 为细胞核面积; D 为细胞核外接矩形的短轴; L 为细胞核外接矩形的长轴。

- 5) 伸长度:

$$E = \frac{D}{L} \quad (7)$$

式中: D 为细胞核外接矩形的短轴; L 为细胞核外接

矩形的长轴。

对分割后的细胞核计算以上指标,在进行筛选时,从非异常类筛选出核面积大于2.5的细胞核和核灰度系数大于1.5的细胞核和识别的异常类别作为异常细胞推荐给病理医生。设计异常程度得分策略如下:

$$BC_2 \subset \begin{cases} Area_n > 2.5 Area_{index} & CNum \in \{1, 2, 3, 4\} \\ \bar{f}_n > 1.5 \bar{f}_{index} & CNum \in \{1, 2, 3, 4\} \\ Area_n > 5 Area_{index} & CNum \in \{7\} \end{cases} \quad (8)$$

式中: BC_2 为从各个类别中筛选出来的异常细胞; $Area_n$ 为初步检测到的异常细胞核面积; $Area_{index}$ 为初步检测到的异常细胞核面积系数; $\bar{f}_n$ 为初步检测到的异常细胞核灰度值; $\bar{f}_{index}$ 为初步检测到的异常细胞核灰度系数; $CNum$ 为初步检测到的细胞的分类类别号。

$$BC = BC_1 \cup BC_2 \quad (9)$$

式中: BC 为最终模型检测到的该病人所有异常细胞; BC_1 为异常细胞类的异常细胞; BC_2 为从其他类别中筛选出来的异常细胞。

本文对从不同类别中检测出来的异常细胞进行评分,评分公式如下所示。最后按照得分降序排列,选出置信度大的一定数量的异常细胞。

$$Score = Area_{index} + \frac{CNum}{10} + \bar{f}_{index} \quad (10)$$

式中: $Area_{index}$ 为异常细胞的面积系数; $CNum$ 为该细胞的分类类别号; $\bar{f}_{index}$ 为该细胞的核灰度系数。

2 实验分析

2.1 数据准备

1) 分割数据准备

随机选择了18张形态各异的WSI细胞图像,并将百万像素的病理图像切割成 1024×1024 大小的瓦片,并标注细胞核区域,具体如图8所示。

本文从每张WSI图像中随机选取500张 1024×1024 的图片,共得到9000张图像,并按照6:2:2的比例划分数据集,训练集共5400张,测试集与验证集均为1800张。

2) 分类数据准备

经过U-Net分割后,为进行宫颈细胞分类实验,本文采用多轮主动学习为细胞划分类别,并请专家

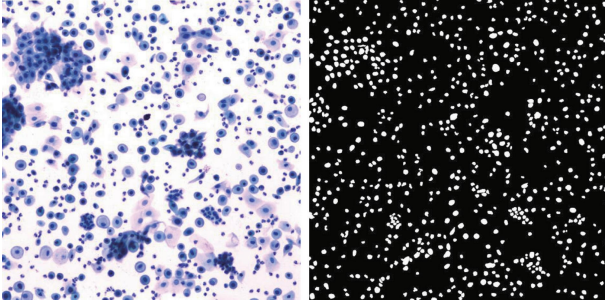


图8 原图像和标记图像

Fig. 8 Original image and marker image

进行验证与人工标注,同时为了减少类之间的不平衡,采用多种数据增强方法进行数据扩充,最终每类得到9 000张图像数据,按照 7:1.5:1.5 的比例划分数据集,训练集每类6 300张,测试集与验证集每类1 350张。

3) 异常细胞筛选

本文选取 40 张 WSI 阴性样本与 60 张 WSI 阳性样本,裁剪为 $1\,024 \times 1\,024$,本文选取的 100 名病人的细胞形态各异,囊括中性粒、细胞萎缩、杂质、细菌感染、背景复杂等情况。并请专业医生进行标注异常细胞。通过提出的异常细胞分割与分类方法得到每个细胞与其类别,并通过 1.5 提出的异常细胞筛选策略筛选出异常细胞。

2.2 评价指标

1) 分割方法评价指标

本文从准确率 (Accuracy)、Dice 系数和 Jaccard 系数 3 个方面评价 UAC 算法的分割性能。公式如下:

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (11)$$

$$JS = \frac{TP}{TP + FP + FN} \quad (12)$$

$$Dice = \frac{2TP}{FP + FN + 2TP} \quad (13)$$

式中: TP 为真实标签和预测均为细胞核; TN 为真实标签和预测均为背景; FP 为真实标签为背景而预测为细胞核; FN 为真实标签为细胞核而预测为背景。

2) 细胞分类指标

TP 表示各类别检测正确个数和, DS (dataset size) 表示整个分割数据集的数量。则分类准确率 (classify accuracy, CACC) 公式为

$$CACC = \frac{TP}{DS} \quad (14)$$

3) 异常细胞筛选指标

在本文的异常细胞筛选算法中,对阳性病人用以下公式评判:

$$SACC_i = \frac{TP}{FP + TP} \quad (15)$$

$$REC_i = \frac{TP}{FN + TP} \quad (16)$$

$$SACC = \sum_{i=0}^n SACC_i \quad (17)$$

$$PEC = \sum_{i=0}^n PEC_i \quad (18)$$

式中: n 为病人的个数; TP 为真实标签和模型预测均为异常细胞的细胞个数; FP 为真实标签为正常细胞而模型预测为异常细胞的个数; FN 为真实标签为异常细胞而模型预测为正常细胞的个数; $SACC_i$ 为每个病人筛选出来的异常细胞的概率; REC_i 为一个病人真实异常细胞被检出的概率; $SACC$ 为平均准确率; REC 为平均召回率。

对阴性病人,用以下公式评判:

$$SACC = \frac{nz}{nznum} \quad (19)$$

式中: $nznum$ 为阴性病人的个数; nz 为阴性病人中检测结果为阴性的病人个数。

2.3 实验设置

2.3.1 实验平台

本文的实验基于 Ubuntu20.04 操作系统,深度学习环境搭载于 CUDA11.4、Pytorch1.8.1 框架,使用 NVIDIA RTX2080Ti GPU 加速模型训练,深度学习软件平台为 Visual Studio Code,训练模型参数设置如下:

1) UAC 细胞核分割实验: max epoch 设为 300 轮, batch size 设为 8, 优化器采用 Adam。对于 $1\,024 \times 1\,024$ 的图像,训练过程中采用多尺度的方式输入到网络中。在学习率的调节上,使用 warm up 和余弦退火调整学习率预热模型,即先用较小的学习率,每个 step 增大一点学习率,直到达到预设的相对较大的学习率,能够加快模型收敛速度,实验时预设学习率为 1×10^{-3} 。所有的对比实验,除 epoch、batch size 保持一致外,其余参数按框架的默认推荐值进行训练。

2) MResNeSt 分类实验: max epoch 设为 300 轮, batch size 设为 8, 在本实验中设置的网络训练尺寸为 224×224 , 学习率设为 1×10^{-3} 。其余参数设置与 ResNeSt^[12] 一致。

2.3.2 UAC 分割算法实验

本节主要将本文算法与文[13]的 U-Net 改进方法(R2U)、文[14]的 U-Net 改进方法 AU 以及 R2U 和 AU 相结合的方法(R2UA)在本文实验数据上做对比实验,实验结果如表 2 所示。实验效果如图 9 所示。

表 2 与其他 U-Net 改进模型结果对比

Tab. 2 Comparison of results with other U-Net improvement models

	Acc(%)	JS(%)	Dice(%)	Time(ms)
R2U	97.86	70.27	82.28	50.1
R2UA	96.49	61.67	75.86	53.4
AU	97.35	68.19	80.63	38.7
UAC	98.08	73.79	84.71	39.5

由表 2 可以看出本文提出的 UAC 算法在分割精度上高于 R2U、R2UA 和 AU 算法。推理时间略低于 AU 方法。

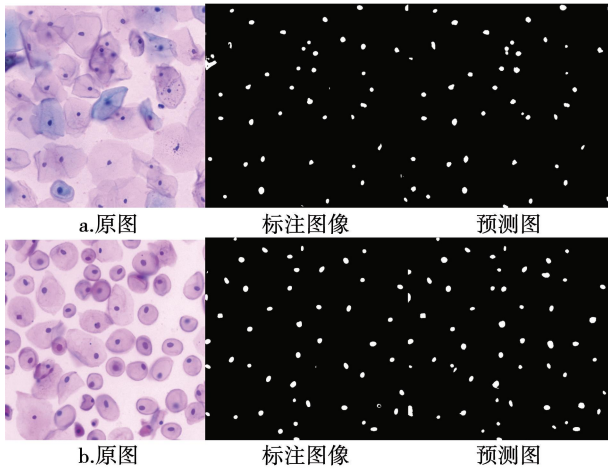


图 9 细胞分割效果图

Fig. 9 Cell division effect

2.3.3 MRESNEST 分类实验

针对于本文分类数据集,采用基于 ResNet 的分类方法。首先对比 ResNet、ResNeXt 和 ResNeSt 在本文数据集上的准确率,结果如表 3 所示。由表 3 可以看出 ResNeSt 的分类准确度最高,然后在 ResNeSt 网络的基础上添加人工特征作消融实验,包括添加面积、添加面积和灰度值、添加 1.5 提出的所有人工特征。实验结果如表 3 所示。从表 3 可以看出,本文提出的 MResNeSt 算法优于其他方法,准确率达到 98.1%。

表 3 细胞核分类实验结果表

Tab. 3 Table of results of experiments on the classification of cell nuclei

描述	模型	准确率(CACC)
ResNet 系列模型	ResNet	90.0%
	ResNeXt	93.1%
	ResNeSt	96.9%
+ 面积	ResNeSt + Area	97.1%
+ 面积 + 灰度值	ResNeSt + Area + Gray	97.5%
加入所有特征	MResNeSt	98.1%

2.3.4 长尾数据均衡实验

对于传统学习分支特征和通用特征,通过权重 α 来调整模型学习尾部数据的特征。并对以下权重系数 α 的函数进行实验。函数公式如下所示:

$$\alpha = 1 - \left(\frac{T}{T_{\max}} \right) \quad (20)$$

$$\alpha = 1 - \left(\frac{T}{T_{\max}} \right)^2 \quad (21)$$

$$\alpha = 1 - \left(\frac{T}{T_{\max}} \right)^{2.5} \quad (22)$$

$$\alpha = 1 - \left(\frac{T}{T_{\max}} \right)^3 \quad (23)$$

$$\alpha = \cos \left(\frac{\pi T}{2 T_{\max}} \right) \quad (24)$$

$$\alpha = 0.5 \times \cos \left(\pi \frac{T}{T_{\max}} \right) + 0.5 \quad (25)$$

式中: T 为当前轮数; $T_{\max}$ 为训练最大轮数。上述函数如图 10 所示,图中 x 的公式为:

$$x = \left(\frac{T}{T_{\max}} \right) \quad (26)$$

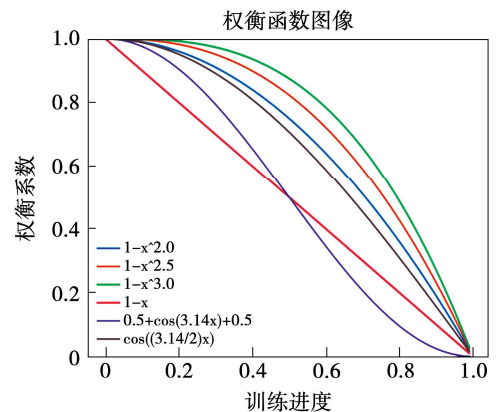


图 10 权重函数

Fig. 10 Weight function

本文采用原始 BBN 网络、修改为非对称卷积的 BBN 网络、非对称卷积和 $\alpha = 2.5$ 时 BBN 网络作消融实验。本文采用 CIFAR-10 数据集上的分类错误率为指标,实验如表 4 所示。

表 4 Cifar-10 数据集上消融实验 Top-1 error 分类结果

Tab. 4 Top 1 error of the ablation experiment on Cifar-10 dataset

数据集	Long-tailed CIFAR-10
原方法 BBN	17.63%
BBN + ACBlock	16.60%
BBN + ACBlock + 2.5	16.47%

由表 4 可以看出,在 BBN 网络的基础上添加非对称卷积块(ACBlock)并选择在长尾数据中 α 表现最好值的分类准确率最高,较原始 BBN 网络提升 1.16 个百分点。改进模型在 CIFAR-10 数据集的 3 种长尾分布比例数据上训练和测试,结果如表 5 所示。

表 5 Cifar-10 数据集 Top-1 error 分类结果

Tab. 5 Top-1 error Classification result of Cifar-10 dataset

数据集	平衡比率		
	100	50	10
Manifold Mixup	26.9%	20.79%	13.17%
CE-DRW	23.66%	20.03%	12.44%
CB-Focal	25.43%	20.73%	12.9%
LDAM-DRW	22.97%	18.97%	11.84%
BBN	20.18%	17.82%	11.68%
Our CBBN	16.72%	16.47%	11.35%

由表 5 可以看出,在 CIFAR-10 不同的长尾数据比率中本文提出的算法均优于其他对比方法。实验结果可以看出,用本方法对长尾数据作重平衡处理,分类准确率有一定提升。

2.3.5 异常细胞筛选实验

本部分采用 1.5 所提出的筛选策略筛选检测出的异常细胞,每张样本选择置信度由高到低排列的前 20 个异常细胞,并使用 2.2 所提出的异常细胞筛选指标,并根据专业病理诊断书的判定阴阳性的方法对样本进行阴阳性的判定,实验结果如表 6 所示。由表 6 可以看出,对阳性病人来讲,异常细胞检出召回率为 91%。对阴性病人来讲,有 83% 的病人检测

为阴性,有一定的误检率。综上所述,本文异常细胞识别方法在一定程度上可以辅助医生掌握病人的各类细胞的信息,有一定的使用价值。

表 6 筛选病人异常细胞实验结果

Tab. 6 Screening patients for abnormal cell results

检测方法	平均准确率 (SACC)	平均召回率 (PEC)
阴性病人	0.83	—
阳性病人	0.80	0.91

3 结 论

本文针对宫颈细胞背景复杂、形态各异且因人而异,并且宫颈细胞呈长尾分布,导致分类精度较低这一问题。本文首先改进了 U-Net 网络进行细胞核分割,然后基于 ResNeSt 方法融合人工提取特征对细胞核进行分类,通过主动学习扩充细胞类别,使用添加 ACBlock 的 BBN 网络对长尾数据进行重平衡处理,最后根据专业病理医生诊断经验设计筛选策略,筛选出置信度较高的异常细胞。实验结果表明,本文分割和分类算法都较原方法有提升,本文提出的宫颈细胞分割与分类框架可以有效辅助医生诊断。

参 考 文 献:

- [1] JIA D, LI Z, ZHANG C. A Parametric Optimization Oriented, Afsa Based Random Forest Algorithm: Application to the Detection of Cervical Epithelial Cells[J]. IEEE Access, 2020, 8: 64891.
- [2] LIU J, LIANG T, PENG Y, et al. Segmentation of Acetowhite Region in Uterine Cervical Image Based on Deep Learning[J]. Technology and Health Care, 2021 (Preprint): 1.
- [3] ROBERT P, KAVIDA A C. Morphological Based Medical Image Processing on Cervical Cytology Cancer Images Using Connected Component Techniques[J]. Current Medical Imaging, 2021, 17(12): 1439.
- [4] ZHANG D, YANG Z, JIANG S, et al. Automatic Segmentation and Applicator Reconstruction for CT-based Brachytherapy of Cervical Cancer Using 3D Convolutional Neural Networks[J]. Journal of Applied Clinical Medical Physics, 2020, 21(10): 158.
- [5] WANG T, HUANG J, ZHENG D, et al. Nucleus Seg-

- mentation of Cervical Cytology Images Based on Depth Information[J]. IEEE Access, 2020, 8: 75846.
- [6] HUANG J, WANG T, ZHENG D, et al. Nucleus Segmentation of Cervical Cytology Images Based on Multi-scale Fuzzy Clustering Algorithm [J]. Bioengineered, 2020, 11(1): 484.
- [7] HUANG P, ZHANG S, LI M, et al. Classification of Cervical Biopsy Images Based on LASSO and EL-SVM [J]. IEEE Access, 2020, 8: 24219.
- [8] DONG N, ZHAO L, WU C H, et al. Inception v3 Based Cervical Cell Classification Combined with Artificially Extracted Features[J]. Applied Soft Computing, 2020, 93: 106311.
- [9] ZHOU, BOYAN, et al. Bbn: Bilateral-branch Network with Cumulative Learning for Long-tailed Visual Recognition[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2020.
- [10] HU H, GAO M, WU M. Relieving the Incompatibility of Network Representation and Classification for Long-Tailed Data Distribution [J]. Computational Intelligence and Neuroscience, 2021, 2021.
- [11] HALDER A, KUMAR A. Active Learning Using Rough Fuzzy Classifier for Cancer Prediction from Microarray Gene Expression Data[J]. Journal of Biomedical Informatics, 2019, 92: 103136.
- [12] ZHANG H, WU C, ZHANG Z, et al. Resnest: Split-attention Networks[J]. arXiv Preprint arXiv,2004:08955.
- [13] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation [C] //International Conference on Medical Image Computing And Computer-assisted Intervention. Springer, Cham, 2015:234.
- [14] OKTAY O, SCHLEMPER J, FOLGOC L L, et al. Attention U-net: Learning Where to Look for The Pancreas[J]. arXiv Preprint arXiv,1804:03999.
- [15] DING X, GUO Y, DING G, et al. ACNet: Strengthening the Kernel Skeletons for Powerful CNN Via Asymmetric Convolution Blocks[J]. 2019.
- [16] SHAO W, SUN L, ZHANG D. Deep Active Learning for Nucleus Classification in Pathology Images [C]// 2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging ISBI 2018, 2018:199.
- [17] CONCEIÇÃO, TERESA. A Review of Computational Methods for Cervical Cells Segmentation and Abnormality Classification [J]. International Journal of Molecular Sciences,2019: 5114.
- [18] LE Hou, DIMITRIS Samaras, TAHSIN M Kurc, et al. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2016: 2424.
- [19] VERMA V, LAMB A, BECKHAM C, et al. Manifold Mix-up: Better Representations by Interpolating Hidden States [C]//International Conference on Machine Learning. PMLR,2019:6438.
- [20] CUI Y, SONG Y, SUN C, et al. Large Scale Fine-Grained Categorization and Domain-Specific Transfer Learning [C]//Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition,2018:4109.
- [21] CAO K, WEI C, GAIDON A, et al. Learning Imbalanced Datasets with Label-Distribution-Aware Margin Loss [C]//Advances in Neural Information Processing Systems,2019:1567.

(编辑:温泽宇)