

基于 CNN 的血液细胞图像自动识别算法

李国权, 姚凯, 庞宇

引用本文

李国权, 姚凯, 庞宇. 基于 CNN 的血液细胞图像自动识别算法[J]. 计算机科学, 2022, 49(4): 247-253.

LI Guo-quan, YAO Kai, PANG Yu. Automatic Identification Algorithm of Blood Cell Image Based on Convolutional Neural Network[J]. Computer Science, 2022, 49(4): 247-253.

相似文章推荐 (请使用火狐或 IE 浏览器查看文章)

Similar articles recommended (Please use Firefox or IE to view the article)

基于时空自适应图卷积神经网络的脑电信号情绪识别

EEG Emotion Recognition Based on Spatiotemporal Self-Adaptive Graph Convolutional Neural Network
计算机科学, 2022, 49(4): 30-36. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.210900200>

共享浅层参数多任务学习的脑出血图像分割与分类

Intracerebral Hemorrhage Image Segmentation and Classification Based on Multi-task Learning of Shared Shallow Parameters
计算机科学, 2022, 49(4): 203-208. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.201000153>

基于多级特征融合与注意力模块的场景识别方法

Scene Recognition Method Based on Multi-level Feature Fusion and Attention Module
计算机科学, 2022, 49(4): 209-214. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.210100135>

基于混合字词特征的中文短文本分类算法

Chinese Short Text Classification Algorithm Based on Hybrid Features of Characters and Words
计算机科学, 2022, 49(4): 282-287. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.210200027>

基于生成对抗网络去影像的多基频估计算法

Multiple Fundamental Frequency Estimation Algorithm Based on Generative Adversarial Networks for Image Removal
计算机科学, 2022, 49(3): 179-184. <https://doi.org/10.11896/jsjcx.201200081>

基于 CNN 的血液细胞图像自动识别算法



李国权^{1,2} 姚 凯^{1,2} 庞 宇²

1 重庆邮电大学通信与信息工程学院 重庆 400065

2 光电信息感测与传输技术重庆市重点实验室 重庆 400065

摘 要 全血细胞计数是医学诊断中评价健康状况的重要检测手段。为解决传统血细胞计数器及其他设备对血细胞人工计数程序繁琐且耗时较长的问题,提出了一种基于卷积神经网络的血液细胞识别算法,即基于 Res2Net 和 YOLO 对象检测算法对 3 种类型的血液细胞进行自动识别和计数。通过将 Res2Net 融入 YOLO 模型来提取更细粒度表示的多尺度特征和增加每个网络层的感受野范围,以提升血液细胞识别模型的性能。在公开血液涂片图像数据集的训练和测试结果表明,所提方法能够自动识别和计数红细胞、白细胞和血小板,识别准确率分别达到了 96.09%,93.44%,96.36%。与其他基于卷积神经网络的识别模型相比,所提方法识别准确率高且具有较强的泛化性,能显著提升血液检测的效率。

关键词: 卷积神经网络;Res2Net;YOLO 算法;血液细胞识别

中图法分类号 TP391

Automatic Identification Algorithm of Blood Cell Image Based on Convolutional Neural Network

LI Guo-quan^{1,2}, YAO Kai^{1,2} and PANG Yu²

1 School of Communication and Information Engineering, Chongqing University of Posts and Telecommunications, Chongqing 400065, China

2 Chongqing Key Laboratory of Photoelectronic Information Sensing and Transmitting Technology, Chongqing 400065, China

Abstract A complete blood cell count is an important testing technique to evaluate overall health condition in medical diagnosis. In order to solve the problem that traditional blood cell counters and other devices are cumbersome and time-consuming for the artificial counting procedure of blood cells, a blood cell recognition algorithm based on convolutional neural networks is proposed, that is, three types of blood cells are automatically identified and counted based on Res2Net and YOLO object detection algorithm. The performance of the blood cell identification model is enhanced by incorporating Res2Net into the YOLO model to extract multiscale features represented by fine-grained and increase the range of receptive field in each network layer. After training and testing on an public blood smear image dataset, it can automatically identify and count red blood cells, white blood cells, and platelets, and the accuracy of identification reaches 93.44%, 96.09%, and 96.36%, respectively. Compared with other recognition models based on convolutional neural networks, the efficiency of blood detection can be significantly improved due to the high recognition accuracy and strong generalization.

Keywords Convolutional neural network, Res2Net, YOLO algorithm, Blood cell identification

1 引言

全血细胞(Complete Blood Cell, CBC)计数是评估健康状况时的一项重要检查^[1-2]。血液细胞主要包含 3 种类型细胞,分别为红细胞(Red Blood Cell, RBC)、白细胞(White Blood Cell, WBC)和血小板。由于这些血细胞数量庞大,传统的人工血细胞计数系统使用的血细胞仪非常耗时,而且误差很大,在大多数情况下,其准确度很大程度上取决于临床实验室分析人员的经验^[3-4]。因此,从血液涂片图像中自动计数不同血细胞的方法将提升整个计数过程的效率。

一般来说,在血液细胞的自动计数过程中有两种不同的方法:传统图像处理方法和机器学习方法。Acharya 等提出了一种红细胞计数的方法,他们采用 K-medoids 算法从图像中提取血细胞,并采用颗粒度分析法将红细胞与白细胞分离,然后利用标记算法和循环霍夫变换(Circular Hough Transform, CHT)对红细胞进行计数^[5]。Sarrafzadeh 等提出在灰度图像上采用环形变换(Circlet Transform, CT)来计数红细胞,然后采用迭代软阈值法来达到细胞识别和计数的目的^[6]。Kaur 等提出了一种对显微镜血细胞图像应用 CHT 从而实现自动计数血小板的方法,在计数过程中使用了来自 CHT 的

到稿日期:2021-02-09 返修日期:2021-05-26 本文已加入开放科学计划(OSID),请扫描上方二维码获取补充信息。

基金项目:国家重点研发计划基金(2019YFC1511300);重庆市自然科学基金(cstc2019jcyj-msxmX0666, cstc2019jcyj-xfkxX0002)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China(2019YFC1511300) and Natural Science Foundation of Chongqing(cstc2019jcyj-msxmX0666, cstc2019jcyj-xfkxX0002).

通信作者:李国权(liqg@cqupt.edu.cn)

血小板的大小和形状特征^[7]。Cruz 等提出了一种计数血细胞的图像处理系统^[1],采用色度、饱和度、阈值法和连接组件标签法对血细胞进行识别和计数。Acharjee 等提出了一种半自动化的计数方法,该方法通过应用霍夫变换检测红细胞椭圆和双凹的形状来计数红细胞^[3]。Syed 等提出了一种利用极限学习机(Extreme Learning Machine,ELM)自动计数和分类红细胞的方法^[4]。

机器学习技术的快速发展,使其在图像识别中的应用越来越广泛,能显著地提升图像识别的准确率。因此,基于机器学习的方法被应用在不同的领域。特别是深度学习方法在不同的医疗应用中得到了广泛的应用,如胸部 X 射线中的异常检测和定位^[8]、心脏 MRI 中左心室的自动分割^[9]、视网膜眼底照片中糖尿病视网膜病变的检测^[10]。应用基于深度学习的方法对血液图像中的血液细胞进行识别和计数意义重大。Zhao 等提出了一种利用卷积神经网络(Convolutional Neural Network,CNN)对白细胞进行自动分类识别的系统^[11],首先从显微镜血细胞图像中检测出白细胞,然后采用 CNN 检测白细胞的类别。Habibzadeh 等提出了一种对 5 种不同类型的白细胞进行分类的系统,他们使用了 3 个分类器,包括两个不同的 SVM 分类器和一个 CNN 分类器^[2]。Habibzadeh 等使用了预训练的 CNN,ResNet^[12]和 Inception Net^[13],以从分割图像中计算白细胞的数量,同时使用色彩空间分析对图像进行分割^[14]。Xu 等在预处理的图像上使用块大小归一化,然后应用 CNN 从镰状细胞病患者的显微镜图像中对红细胞进行分类^[15]。Macawile 等先通过 HSV 和 Blob 分析对白细胞进行分割,再采用 CNN 分类器对白细胞进行分类^[16]。Acevedo 等通过改进 Inception-v3 对 8 类血细胞进行分类,达到了 90%的准确率^[17]。Wang 等结合 YOLOv3 算法和 SSD 算法来检测全血细胞图像中的白细胞,达到了 93.1%的准确率^[18]。Togacar 等采用最大信息系数和脊特征选择方法提取最相关的特征,再通过 CNN 分类器进行白细胞分类,达到了较高的识别准确率^[19]。Malkawi 等先采用 VGGNet 提取白细胞特征,然后将特征发送至支持向量机以实现白细胞分类,总体分类准确率达到 98.7%^[20]。Sahlol 等提出了一种基于 CNN 的白细胞分类算法,首先通过 VGGNet 从白细胞图像中提取特征,然后采用统计增强的 Salp Swarm 算法对提取的特征进行过滤,以消除高度相关特征和噪声干扰,最后通过 CNN 分类器对白细胞进行分类识别^[21]。Long 等提出了 BloodCaps,它是一种基于胶囊网络的模型,旨在对多种血细胞进行准确的分类,与 AlexNet,VGG16,ResNet-18 和 Inceptionv3 进行比较,BloodCaps 对血细胞进行分类的准确率得到了显著地提升^[22]。可见,使用改进的 CNN 分类器可实现血细胞的高精度分类。

然而,目前血液细胞识别与计数的研究依旧存在三大问题:1)传统血液细胞识别与计数算法的计数准确率相对较低;2)以往基于 CNN 的识别算法的结构相对复杂,识别与计数单独处理;3)以往的研究大多只针对一种血液细胞数据集,缺少对网络泛化性的验证。为了解决上述问题,本文提出了一种基于深度学习的对象检测方法来检测不同类型的血液细胞,使用改进的 YOLO 对象检测算法对 3 种类型的血液细胞

进行自动识别和计数。为了提升识别效率,采用简化后的 Tiny YOLOv4^[23]模型,将 Res2Net^[24]融入 Tiny YOLOv4 模型,以提取更细粒度表示的多尺度特征,同时增加每个网络层的感受野范围,从而提升血液细胞识别模型的性能。为了提高计数精度,本文开发了一种基于 KNN 和 DIOU 的验证方法,用于解决血小板被重复计数的问题。使用训练后的模型对另一个数据集进行了测试,以观察该模型的泛化性。本文方法不需要任何灰度转换或二进制分割,整个过程是完全自动、快速、准确的。

2 研究方法

本文的目标是使用改进的 Tiny YOLOv4 对象检测和分类算法直接从血液涂片图像中识别和计数 3 类血液细胞。需要用带标签的血液细胞图像训练集来训练基于 Tiny YOLOv4 的血液细胞识别模型。图 1 为基于 Tiny YOLOv4 的血液细胞识别和计数系统流程图。

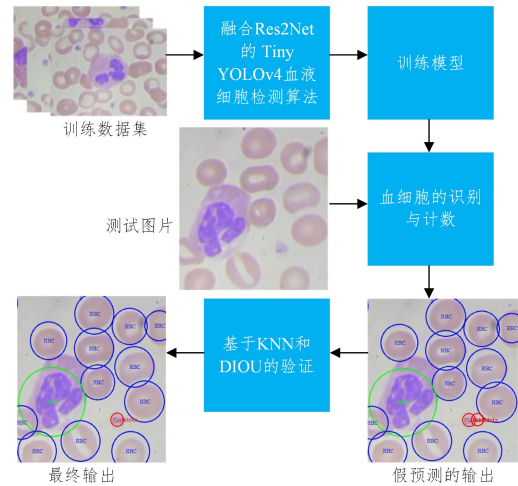


图 1 血液细胞自动识别与计数的系统流程图
Fig. 1 System flow diagram for automatic identification and counting of blood cells

2.1 YOLO 算法

YOLOv4(You only look once v4)是一种快速的对象检测分类算法^[25],该算法把对象检测当作一个回归问题。只需要通过网络进行一次前向传播就可以对图像类别和位置进行快速预测。首先,该算法将图像大小调整为 $416 \times 416 \times 3$,然后将整个图像划分为 7×7 的网格单元,并且每个单元格负责检测那些中心点落在该网格内的目标。划分后的每个单元格会预测两个边界框以及边界框的置信度,其中,置信度包含两个方面:1)边界框含有目标的概率;2)边界框的准确度。为了提升模型的识别速率,本文将采用简化后的 Tiny YOLOv4 检测模型,使用两个特征层对血液细胞进行快速的分类与回归预测。为了提升简化后的模型的识别准确率,本文将用 Res2Block 模块替换 Yolov4-tiny 的 backbone 网络中的两个 CSPBlock 模块,以提升识别准确率,Res2Block 和 CSPBlock 如图 2 所示。在 Res2Block 中,直接使用两个路径网络来处理输入特征图。路径 A 网络包含 Res2Net 网络;路径 B 网络包含两部分,分别为步幅为 2 的 2×2 平均池化层和 1×1 的

卷积层。与 CSPBlock 相比,Res2Block 网络引入了 Res2Net 网络以提取更细粒度表示的多尺度特征,增加每个网络层的感受野范围,从而提升模型的识别准确率。

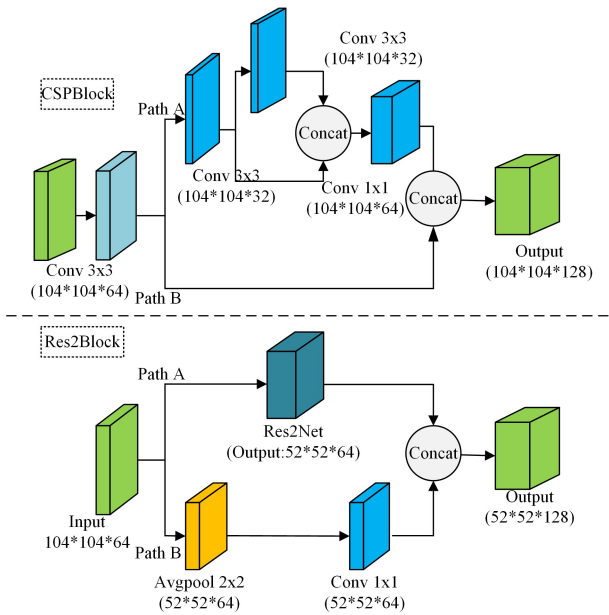


图 2 CSPBlock 和 Res2Block 的结构图

Fig. 2 Structure diagram of CSPBlock and Res2Block

本文将 $104 \times 104 \times 64$ 的输入特征图通过 2×2 卷积层变成 $52 \times 52 \times 64$ 的特征图。由于滤波器组数 $s=4$,因此需要将特征图划分为 4 个 $52 \times 52 \times 16$ 的特征图,分别通过 4 个滤波器组向后传播。为了减少参数量,忽略第一个滤波器组的卷积,因此可以将图 3 的 x_1 特征图再利用。从图 3 可以看出,每个

3×3 的卷积核可以接受来自该层前面的所有分离的特征,因此每次分类特征经过 3×3 的卷积处理后,其输出的感受野要比输入更大。由于组合方式不同,Res2Net 的输出包含不同大小及数量的感受野。在 Res2Net 中,特征图以多尺度的方式进行处理,有利于提取全局及局部特征信息。最后,每组输出的 $52 \times 52 \times 16$ 的特征图通过拼接操作送入 1×1 的卷积中用于进行特征融合,得到 $52 \times 52 \times 64$ 的特征图。本文使用一个 s 作为控制尺寸维度的参数量, s 越大,多尺度表征能力越强,引入拼接操作并未增加卷积计算及计算机内存消耗。基于 Res2Net 的 Yolov4-tiny 对象检测识别算法的结构如图 4 所示。

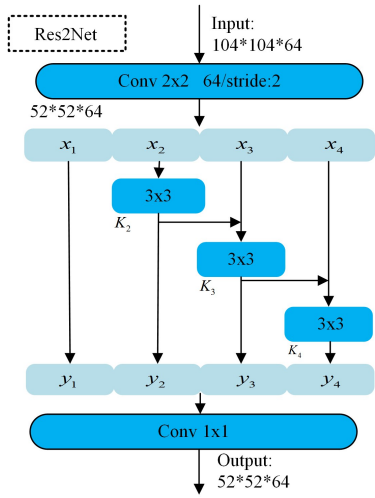


图 3 Res2Net 结构图

Fig. 3 Structure diagram of Res2Net

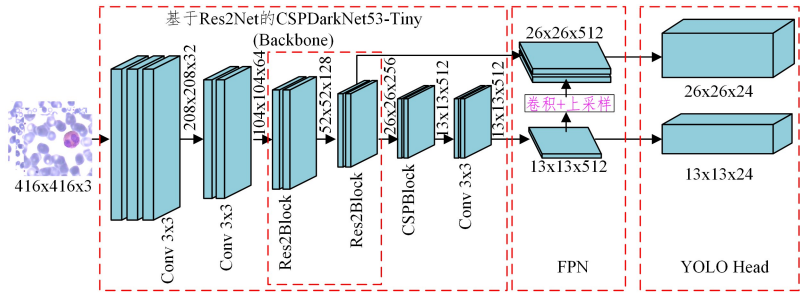


图 4 基于 Res2Net 的 Yolov4-tiny 对象检测识别算法

Fig. 4 Yolov4-tiny object detection and recognition algorithm based on Res2Net

2.2 模型训练

Tiny YOLOv4 配置的原始实现是对多个不同类进行训练。为了将其用于血液细胞识别,本文对其结构进行了修改,以适应白细胞、红细胞和血小板等 3 类血液细胞的检测。由于修改了类的数量,因此需要对改进的 Yolov4-tiny 的 yolo 层和与之相邻的卷积层滤波器大小进行调整。改进的模型为每个锚框预测 5 个值以及类概率,这些值分别代表在一个网格单元中检测对象的概率、 x 轴坐标、 y 轴坐标、高度、宽度。在本文的方案中,锚框的数量为 3,因为它将根据对象的长宽比提供更好的灵活性来放置边界框^[26]。yolo 层的 classes 设置为 3,与 yolo 层相邻的卷积层滤波器的大小为 N_T ,可以由锚框数 N_A 和类的数量 N_C 按式(1)来计算。由于实验中 N_A 为 3, N_C 为 3,因此得到 N_T 为 24。

$$N_T = N_A \times (N_C + 5) \tag{1}$$

本文使用 300 张带标签的血液涂片图像进行训练,使用 60 张用于测试。在每个步骤的训练中记录损失和移动平均损失,共记录 1800 个步骤的数据,并使用两种不同的学习率。对于步骤 1—步骤 1 000,我们规定学习率为 10^{-3} ;对于步骤 1001—步骤 1 800,规定学习率为 10^{-5} 。可以发现,在后面的步骤中,较低的学习率可以实现更好的收敛。每隔 125 个步骤后,记录一次权重,并对模型进行评估。图 5 给出了基于 Tiny YOLOv4 的血液细胞检测算法在损失方面的学习曲线。损失值以损失函数的移动平均数来表示。从图 5 中可以看出,在学习率为 10^{-7} 的情况下,识别模型在步骤 1375 上发现最小移动平均损失,其值为 8.2366。本文将使用这一步的权重作为测试集的权重。

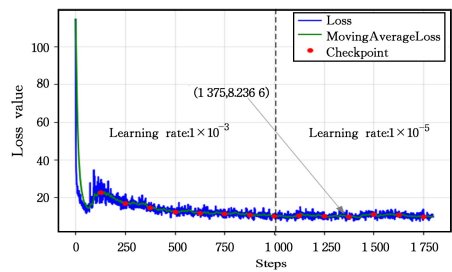


图 5 基于 YOLO 框架的血细胞识别损失学习曲线图
Fig. 5 Loss learning curve diagram of blood cells identification based on YOLO framework

2.3 血液细胞的识别与计数

本文提出了一种基于 Tiny YOLOv4 的算法来自动识别和计数血液细胞。通过修改识别模型的网络配置来适配血液细胞识别,其中修改了最终卷积层的 3 个输出,用一个适当的阈值来识别血液细胞,并根据预测标签对血细胞进行计数。本文根据 ground truths 与细胞估计数之间的平均绝对误差来选择适当的阈值。每种类型的血液细胞选择的阈值都需要确保在验证数据集中获取最小平均绝对误差,以获得精确的血液细胞识别模型。该方法不会在细胞间产生错误的识别,如将红细胞识别为白细胞、将血小板识别为红细胞等,但血小板可能会产生重复计数的情况。本文通过对每个已检测的血小板使用 K-近邻算法(K-Nearest Neighbour, KNN)和交并比(Distance Intersection Over Union, DIU^[27])来解决此问题。本文方法能快速、准确地对血液细胞进行识别和计数。血液细胞识别与计数算法如算法 1 所示。

算法 1 血液细胞识别与计数算法

1. 导入测试图片
2. 导入已训练的权重
3. 使用对象检测算法进行预测
4. 使用适当的阈值去除假预测
5. RBC=0, WBC=0, Platelet=0
6. # 遍历所有细胞预测
7. for i in range(length of Predictions) do
8. (x_1, y_1) = 边界框的左上角坐标
9. (x_2, y_2) = 边界框的右下角坐标
10. label = 细胞的标签
11. # 检查假重叠的血小板预测方法
12. if label == 'Platelet' then
13. 使用 KNN 查找最近的血小板
14. 应用 DIU 计算已检测的血小板和与它最近的血小板之间的重叠区
15. # 仅允许 10% 的重叠
16. if 重叠区 > 10% then
17. continue
18. end if
19. end if
20. # 细胞计数
21. if label == 'RBC' then RBC <- RBC + 1
22. else if label == 'WBC' then WBC <- WBC + 1
23. else if label == 'Platelets' then Platelet <- Platelet + 1
24. end if

25. Center = (int(($x_1 + x_2$)/2), int(($y_1 + y_2$)/2))
26. Radius = int(($x_2 - x_1$)/2)
27. 绘制圆形边界框,并在其上贴上标签
28. $i < -i + 1$
29. end for
30. 保存图片

对于每个检测到的细胞,可以从 YOLO 模型中获得 4 个参数,即细胞的标签、细胞的置信度、预测框左上角和右下角的位置。为了在血液涂片图像中显示哪些细胞被检测到,利用左上角和右下角坐标生成一个矩形的边界框,将每个已检测的细胞进行标注,以便检测模型的识别性能。由于血液细胞的形状并不是矩形而是接近于圆形,矩形框占据的冗余空间较大。因此,需要将生成的矩形框通过计算转换为圆形框,以便更好地标注已检测的血液细胞。该计算是将左上角和右下角的坐标转换为圆形框的半径和圆心。然后,通过使用预测标签对红细胞、白细胞、血小板进行计数。经过改进的 Tiny YOLOv4 模型根据检测到的细胞返回 3 种标签“RBC”“WBC”和“Platelets”,血液涂片图像中预测的血小板总数将是标签“WBC”的总数,红细胞总数将是标签“RBC”的总数,血小板总数将是标签“Platelets”的总数。

给定左上角和右下角的坐标分别为 (x_1, y_1) 和 (x_2, y_2) ,通过式(2)和式(3)可以计算出细胞的圆形标注框的圆心 C 和半径 R。

$$C = \left(\frac{x_1 + x_2}{2}, \frac{y_1 + y_2}{2} \right) \tag{2}$$

$$R = \left| \frac{x_2 - x_1}{2} \right| \tag{3}$$

在某些情况下,本文模型为同一个血小板提供了两个不同的检测结果。我们观察到的原因是,从两个连续的网格单元中检测到了同一个血小板,因此同一个血小板被计数两次。为了避免这种重复计数的问题,对每个检测到的血小板应用 KNN 算法以确定其最近邻的血小板,然后利用两个血小板之间的交并比(DIU)来计算它们的重叠程度。通过实验观察,本文允许血小板与其最近邻的血小板之间有 10% 的重叠度。如果重叠度大于 10%,我们将该血小板做单次计数,以摆脱虚假计数的情况。图 6 给出了虚假计数的情况,即一个血小板被改进的 Tiny YOLOv4 算法检测了两次,然后利用基于 KNN 和 DIU 的技术消除了血小板被重复检测的问题。

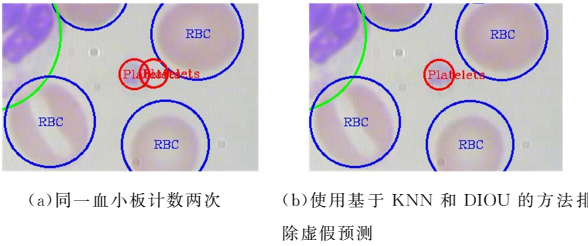


图 6 血液涂片图像示例
Fig. 6 Example of blood smear image

3 实验结果分析

3.1 实验平台

实验平台为自行组装的 Windows PC 机,主要配置如下:

CPU 为 Intel Core i5-6500k@3.2GHz,显卡(GPU)为英伟达 GeForce RTX 2080,内存为 DDR4 16 GB,硬盘为三星 SSD 950 Pro 256GB(系统盘)+希捷 ST2000 1.0TB(数据盘)。

操作系统为 Windows10 专业版, Tensorflow 框架是 Windows 版本。其他软件有 Matlab R2018b, Microsoft Visual Studio 2017 等。

3.2 实验数据

本文使用公开带标签的血细胞图像数据集,称其为血液细胞计数数据集¹⁾(Blood Cell Count Dataset, BCCD)。最初它总共有 364 张带标注的血液细胞涂片图像,但该数据集中有 4 张图像存在一些缺陷,为了保证数据集的准确性,需要将其删除,最后数据集变为 360 张血液细胞图像,将其分为训练集(300 张)和测试集(60 张)。随机选择 60 张带有标注的训练集图像作为验证集,用于调整模型的超参数和测试模型的泛化性能。为了在不同的数据集上验证模型,使用文献[6]提供的数据集,该数据集包括 100 张分辨率为 3246×2448 的图像,由安装在尼康 ECLIPSE 50i 显微镜上的尼康 V1 相机采集后放大 100 倍得到。

3.3 实验结果

本文方法实现了红细胞、白细胞和血小板的自动识别与计数。本文使用一个由 60 张血液图像组成的测试数据集来测试本文模型,其中标签是已知的。首先,在不同置信度阈值下,使用本文模型对验证数据集中的不同血液细胞进行计数。需要注意的是,阈值在 Tiny YOLOv4 中起着重要的作用,因为模型使用这个阈值预测每个网格单元,而不是整个图像。含有无血液细胞的网格单元的置信度较低,因此可以通过选择适当的置信度阈值来消除冗余和虚假的预测。在不同的置信度阈值下,本文计算了验证数据集中 ground truths 与估计细胞数之间的平均绝对误差。选择合适的阈值使得每一种血液细胞的平均绝对误差值最小,并在测试集血液细胞图像的识别过程中选择这些置信度阈值,误差通过式(4)计算得到。

$$e^{class} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |x_{groundtruths}^{(i)} - x_{estimated}^{(i)}| \tag{4}$$

其中, class 表示细胞的类型(包括白细胞、红细胞以及血小板), N 表示验证集的大小(实验用的验证集包含 60 张血液细胞图像), x 表示细胞的数量, e 表示每一类血液细胞的平均绝对误差值。计算出的误差值如表 1 所列。

表 1 在不同置信度阈值下,红细胞、白细胞和血小板的估计数与对应 ground truths 之间的平均绝对误差

Table 1 Average absolute error between ground truths and estimated number of RBCs, WBCs, and platelets at different confidence thresholds			
Confidence Threshold	RBCs	WBCs	Platelets
25%	4.42	0.05	0.08
30%	3.35	0.03	0.08
35%	2.75	0.02	0.08
40%	2.50	0.05	0.08
45%	2.18	0.10	0.10
50%	2.13	0.15	0.10
55%	2.08	0.20	0.12
60%	2.10	0.33	0.15

从表 1 可以看出,对于红细胞计数,可以采用 0.55 的阈值。然而,白细胞和血小板的阈值要低很多。因此,为每种类型的血液细胞选择了合适的阈值,红细胞的置信度阈值为 0.55,白细胞的置信度阈值为 0.35,血小板的置信度阈值为 0.25。

然后,在测试数据集中通过标注细胞的总数和正确预测细胞的总数计算出模型的识别准确率。在红细胞的置信度阈值为 0.55 的情况下,红细胞的识别准确率达到了 96.09%,但在白细胞的置信度阈值为 0.35 的情况下,白细胞的识别准确率仅仅只有 93.44%,有待进一步的提升。表 2 列出了不同类型血液细胞的总预测数量,以及在适当的置信阈值下计算出的识别准确率。从表 2 可以看出,本文算法计算出了更多或额外的红细胞,而这些红细胞并不在图像中。需要指出的是,对于一些处于图像边缘的红细胞来说,标注标签并不存在,但改进的 Tiny YOLOv4 算法可以检测到这些红细胞,这是红细胞计数增大的主要原因。

表 2 采用提出的方法计算 RBC, WBC 和血小板的准确率
Table 2 Accuracy of counting RBC, WBC and platelets using the proposed method

	RBCs	WBCs	Platelets
Ground Truths	792	61	55
estimated	823	57	53
Accuracy/%	96.09	93.44	96.36

为了直观地检测本文模型识别血液细胞的性能,图 7 给出了测试集中一张血液涂片图像样本的实验结果与其对应的真实标注图像。可以看出,所有的白细胞和血小板都被无误地检测出来。然而,该方法在图片中间漏检了一个红细胞,而从图像边缘检测到了另一个红细胞,而这个红细胞并没有出现在真实标注的图像中。

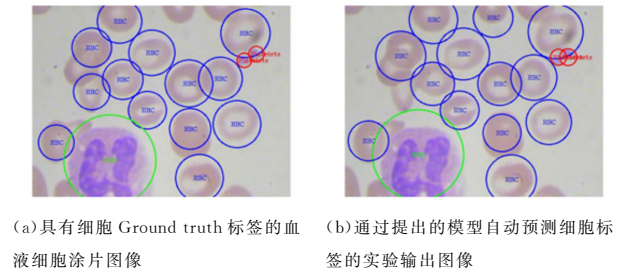


图 7 标注图像与实验输出图像
Fig. 7 Labeled image and experimental output image

3.4 对比分析

Tiny YOLOv4 具有用于分类的受 GoogleNet 架构启发的内置 CNN 架构。除了用 YOLO 后端的 CNN 训练血液细胞识别模型外,本文还采用其他主流的 CNN 架构进行实验。本文采用 VGG-16^[28], ResNet50^[12], Inceptionv3^[13] 和 MobileNet^[29]等 CNN 架构替换 Tiny YOLOv4 算法内置的 CSP-DarkNet53-tiny 来训练模型。为了在后端使用这些网络训练识别模型,将训练数据集分为两部分,其中,带有标注的前 250 张血细胞图像用于训练目的,其余 50 张图像用于验证目的。首先分别对 4 个模型进行训练,然后利用测试集对 4 个

¹⁾ BCCD: https://github.com/Shenggan/BCCD_Dataset

模型进行验证。测试集中红细胞、白细胞、血小板的计数准确率如表 3 所列。

表 3 Tiny YOLOv4 算法在不同 CNN 架构下检测不同血液细胞的准确率

Table 3 Accuracy of detecting different blood cells using different CNN architecture with Tiny YOLOv4 algorithm

Model	Ground Truths	RBCs/% 792	WBCs/% 61	Platelets/% 55	mAP	Execution time/ms
Our method	Estimated	823	57	53	0.738 7	61
	Accuracy	96.09	93.44	96.36		
Tiny YOLOv4	Estimated	802	53	50	0.657 2	70
	Accuracy	90.28	86.89	90.91		
VGG-16	Estimated	1 006	57	60	0.713 2	106
	Accuracy	72.98	93.44	90.91		
ResNet-50	Estimated	952	61	48	0.743 7	118
	Accuracy	88.80	100.00	87.27		
Inceptionv3	Estimated	889	61	57	0.682 6	130
	Accuracy	87.75	100.00	96.36		
MobileNet	Estimated	588	55	46	0.520 7	80
	Accuracy	74.24	90.16	83.64		

从表中可以看出,红细胞和血小板的计数准确率最高的是 Tiny YOLOv4,其中,红细胞的计数准确率达到 96.09%,

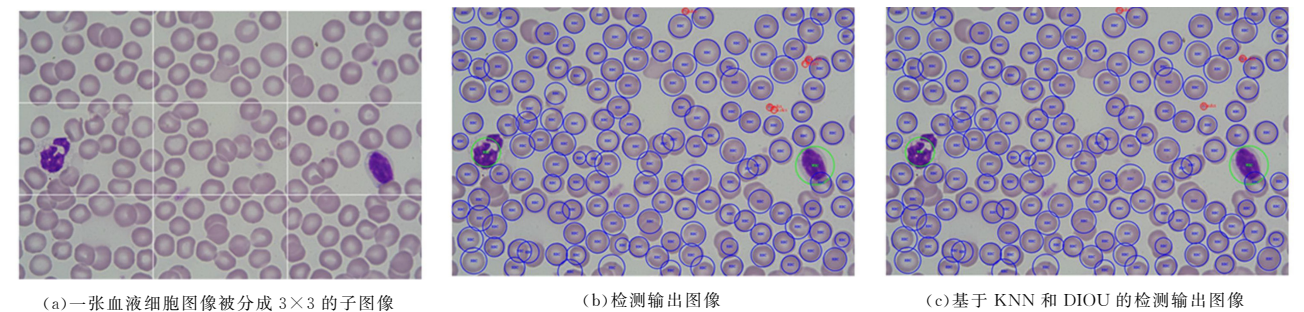


图 8 文献[6]中的数据集中一张血液细胞图像的检测
Fig. 8 Detection of a blood cell image in the dataset of literature

结束语 本文提出了一种结合 Res2Net 和 Tiny YOLOv4 的自动识别和计数血液细胞方法。为了提高血小板的识别准确率,采用了基于 KNN 和 DIOU 的技术来解决同一个血小板被多次检测的问题。本文方法在公开的 BCCD 数据集上进行了评估。通过测试数据集可以看出,本文方法可以准确地识别红细胞、白细胞和血小板,甚至可以准确地识别出数据集中未标记的某些细胞。在 Tiny YOLOv4 后端尝试运用了不同的卷积神经网络架构,通过观察可知不同的模型可以对不同的血细胞提供最佳的识别准确率。通过对比分析发现,对于识别血小板和红细胞,本文方法获得了最高的识别准确率,但对于白细胞的识别准确率还需进一步提升。同时,本文方法还在不同的血液涂片图像数据集上进行了测试,表现出了较强的泛化性。在未来的工作中,我们希望继续完善现有的网络架构,结合迁移学习开发出一种自动分类系统,使该系统不仅能识别 3 类血细胞,还能对 5 类白细胞进行识别与计数,从而更好地辅助医生诊断。

参 考 文 献

[1] CRUZ D, JENNIFER C, VALIENTE L C, et al. Determination of blood components (WBCs, RBCs, and Platelets) count in microscopic images using image processing and analysis[C]// 2017

血小板的计数准确率达到 96.36%。但在白细胞计数中, VGG-16 和 Inceptionv3 达到了最高的计数准确率(100%)。结果表明,不同的模型可以为不同的细胞实现最高的计数准确率。本文还计算了这些 CNN 结构的平均精度均值(Mean Average Precision, mAP),以及它们对每张测试图像的执行时间。从表中可以看出, ResNet50 实现了最高的 mAP 值,本文方法识别细胞的速度最快。本文计算了每个测试图像的正向传播时间,其估计时间是通过计算所有测试图像执行时间的平均值得到的。

为了观察训练后的模型是否依赖于特定的数据库,本文还使用来自另一个数据集[6]的血液涂片图像测试了本文模型。该数据集的图像分辨率较高,需要将图像划分为多个网格来创建子图像,并在所提模型中对每个子图像进行单独处理。然后,将每个子图像的检测和计数结果投射回原始图像,如图 7 所示。一张血液涂片图像被划分为 3×3 的网格后得到 9 个子图像,然后通过本文提出的识别模型对其进行血液细胞识别与计数。从图 8 可以看出,输出图像被正确地识别出了红细胞、白细胞和血小板,达到了令人满意的性能。

IEEE 9th International Conference on Humanoid, Nanotechnology, Information Technology, Communication and Control, Environment and Management (HNICEM). Manila: IEEE Press, 2017:1-7.

[2] HABIBZADEH M, KRZYAIJAK A. White blood cell differential counts using convolutional neural networks for low resolution images[J]. Proc. Int. Conf. on Artificial Intelligence and Soft Computing, 2013, 7895(8): 263-274.

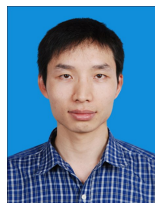
[3] ACHARJEE S, CHAKRABARTTY S M I, ALAM M I, et al. A semiautomated approach using GUI for the detection of red blood cells[C]// 2016 International Conference on Electrical, Electronics and Optimization Techniques (ICEEOT). Chennai: IEEE Press, 2016: 525-529.

[4] SYED H S, ARIF I U, NUHMANUI H, et al. Extreme learning machine based microscopic red blood cells classification[J]. Cluster Computing, 2018, 21(1): 691-701.

[5] ACHARYA V, KUMAR P. Identification and red blood cell automated counting from blood smear images using computer-aided system[J]. Medical & Biological Engineering & Computing, 2018, 56(3): 483-489.

[6] SARRAFZADEH O, DEHNAVI A M, RABBANI H, et al. Circlet based framework for red blood cells segmentation and counting[C]// 2015 IEEE Workshop on Signal Processing Systems (SiPS). Hangzhou, China: IEEE Press, 2015: 1-6.

- [7] KAUR P, SHARMA V, GARG N. Platelet count using image processing[C]//2016 3rd International Conference on Computing for Sustainable Global Development (INDIACom). New Delhi, India: IEEE Press, 2016: 2574-2577.
- [8] ISLAM M T, AOWAL M A, MINHAZ A T, et al. Abnormality detection and localization in chest X-rays using deep convolutional neural networks[EB/OL]. (2017-9-27) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/1705.09850v3>.
- [9] AVENDI M R, KHERADVAR A, JAFARKHANI H. A combined deep-learning and deformable-model approach to fully automatic segmentation of the left ventricle in cardiac MRI[J]. Medical Image Analysis, 2016, 30(6): 108-119.
- [10] GULSHAN V, PENG L, CORAM M, et al. Development and validation of a deep learning algorithm for detection of diabetic retinopathy in retinal fundus photographs[J]. J Am Med Assoc, 2016, 316(22): 2402-2410.
- [11] ZHAO J W, ZHANG M S, ZHOU Z H, et al. Automatic detection and classification of leukocytes using convolutional neural networks[J]. Medical & Biological Engineering & Computing, 2017, 55(8): 1287-1301.
- [12] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Deep Residual Learning for Image Recognition[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Las Vegas, NV, USA: IEEE Press, 2016: 770-778.
- [13] SZEGEDY C, VANHOUCKE V, IOFFE S, et al. Rethinking the Inception Architecture for Computer Vision[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Las Vegas, NV, USA: IEEE Press, 2016: 2818-2826.
- [14] HABIBZADEH M, JANNESARI M, REZAEI Z, et al. Automatic white blood cell classification using pre-trained deep learning models: ResNet and inception[C]//Tenth International Conference on Machine Vision (ICMV). Vienna, Austria: SPIE, 2017: 1-8.
- [15] XU M, PAPAGEORGIOU D P, ABIDI S Z, et al. A deep convolutional neural network for classification of red blood cells in sickle cell anemia[J]. PLoS Comput Biol, 2017, 13(10): 1-27.
- [16] MACAWILE M J, QUINONES V V, BALLADO A, et al. White blood cell classification and counting using convolutional neural network[C]//2018 3rd International Conference on Control and Robotics Engineering (ICCRE). Nagoya, Japan: IEEE Press, 2018: 259-263.
- [17] ACEVEDO A, ALFEREZ S, MERINO A, et al. Recognition of peripheral blood cell images using convolutional neural networks[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2019, 180(6): 105020-105036.
- [18] WANG Q, BI S, SUN M, et al. Deep learning approach to peripheral leukocyte recognition[J]. PLOS ONE, 2019, 14(6): 218-236.
- [19] TOGACAR M, ERGEN B, COMERT Z. Classification of white blood cells using deep features obtained from Convolutional Neural Network models based on the combination of feature selection methods[J]. Applied Soft Computing, 2020, 97(2): 1568-1592.
- [20] MALKAWI A, SALAMEH T, SHEYAB B, et al. White Blood Cells Classification Using Convolutional Neural Network Hybrid System[C]//2020 IEEE 5th Middle East and Africa Conference on Biomedical Engineering (MECBME). Amman, Jordan: IEEE Press, 2020: 1-5.
- [21] SAHLOL A T, KOLLMANNSSBERGER P, EWEEES A. Efficient Classification of White Blood Cell Leukemia with Improved Swarm Optimization of Deep Features[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 2536-2547.
- [22] LONG F, PENG J J, SONG W T, et al. BloodCaps: A capsule network based model for the multiclassification of human peripheral blood cells[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2021, 202(8): 105972-105972.
- [23] JIANG Z C, ZHAO L Q, LI S Y, et al. Real-time object detection method based on improved YOLOv4-tiny[EB/OL]. (2020-11-09) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/2011.04244v1>.
- [24] GAO S H, CHENG M M, ZHAO K, et al. Res2Net: A New Multi-scale Backbone Architecture[EB/OL]. (2019-09-01) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/1904.01169v2>.
- [25] BOCHKOVSKIY A., WANG C Y, LIAO H Y. YOLOv4: Optimal Speed and Accuracy of Object Detection[EB/OL]. (2020-04-23) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/2004.10934v1>.
- [26] REDMON J, FARHADI F. YOLO9000: Better, Faster, Stronger[C]//2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Honolulu, HI, USA: IEEE Press, 2017: 6517-6525.
- [27] ZHENG Z H, PANG W, LIU W, et al. Distance-IoU Loss: Faster and Better Learning for Bounding Box Regression[EB/OL]. (2019-11-19) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/1911.08287v1>.
- [28] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[C]//2015 International Conference on Learning Representations. San Diego, 2015: 1-14.
- [29] HOWARD A G, ZHU M, KALENICHENKO B, et al. MobileNets: efficient convolutional neural networks for mobile vision applications[EB/OL]. (2017-4-17) [2020-11-30]. <https://arxiv.org/abs/1704.04861>.



LI Guo-quan, born in 1980, Ph.D, professor, master supervisor. His main research interests include wireless communication transmission technology, heterogeneous wireless network transmission technology and medical signal processing and so on.

(责任编辑:喻黎)