

文章编号: 2095-2163(2022)06-0155-06

中图分类号: TP391.7

文献标志码: A

基于卷积神经网络的白细胞二分类的研究

崔兆文, 王 武

(贵州大学 电气工程学院, 贵阳 550025)

摘要: 随着计算机技术的快速发展,利用深度学习和图像处理技术辅助医师完成医疗诊断成为研究的热点问题之一。在医疗临床领域,人体外周血白细胞的检测对疾病的判断有不可或缺的作用,提出了基于深度学习的一种人体外周血白细胞分类的方法。首先建立了卷积神经网络模型,采用中值滤波和图像压缩技术对人体外周血血液图像进行预处理。利用衰减因子防止卷积神经网络过拟合,同时利用粒子群算法对衰减因子进行优化,寻找最优的衰减因子。实验表明,优化后的神经网络模型对无颗粒白细胞识别率为96.61%,对有颗粒白细胞识别率为96.56%,基本满足既定目标。利用卷积神经网络的方法,在避免精确分割细胞复杂性的同时避免人工选取特征的差异性,而且取得了不错的准确率。

关键词: 卷积神经网络; 白细胞分类; 图像预处理; 衰减因子; 粒子群算法

Research on the two classification of white blood cells based on Convolutional Neural Network

CUI Zhaowen, WANG Wu

(School of Electrical Engineering, Guizhou University, Guiyang 550025, China)

[Abstract] With the rapid development of computer technology, the use of deep learning and image processing technology to assist physicians in completing medical diagnosis has become one of the research hotspots. In the medical and clinical fields, the detection of human peripheral blood leukocytes plays an important role in the judgment of diseases. Based on deep learning, this paper designs a classification method for human peripheral blood leukocytes. This article first establishes a convolutional neural network model, using median filtering and image compression technology to preprocess human peripheral blood images. The attenuation factor is used to prevent the convolutional neural network from overfitting, and the Particle Swarm Optimization algorithm is used to optimize the attenuation factor to find the optimal attenuation factor. Experiments show that the optimized neural network model has a recognition rate of 96.61% for mononuclear white blood cells and 96.56% for polynuclear white blood cells, which basically meets the established target. The convolutional neural network method avoids the complexity of accurately segmenting cells while avoiding the difference of artificially selected features, and has achieved good accuracy.

[Key words] Convolutional Neural Network (CNN); white blood cell classification; image preprocessing; attenuation factor; Particle Swarm Optimization (PSO)

0 引言

人体外周血是人体的不可或缺的成分,血液细胞数量的检测是评估健康状况的一项重要指标。血液细胞基本分为3种,分别是红细胞(Red Blood Cell, RBC)、白细胞(White Blood Cell, WBC)和血小板。传统的血细胞仪耗时较长,并且会破坏血液中血细胞的形态,不便于医生对血液细胞的形态进一步观察。

随着计算机水平的不断提高,机器学习与深度学习迎来了快速的发展,特别是在图像处理领域得到了越来越广泛的应用。本文主要研究血液中白细胞二分类的问题,即血液中白细胞分为有粒白细胞

(又称为粒细胞)和无粒白细胞。

赵晓晴等人^[1]的研究将血液细胞色彩空间从RGB转到HSV,从而在HSV图层进行分析,同时利用基于距离的分水岭算法对图像进行分割。贾洪飞^[2]利用HIS色彩空间对白细胞进行定位,同时利用深度学习网络完成对白细胞进一步的分类。Bodzús等人^[3]提出一种基于传统数字图像处理技术和机器学习算法的自动识别急性淋巴细胞白血病的的方法,引入三阶段过滤算法获取最佳分割结果,应用机器学习分类器、人工神经网络和支持向量机完成分类工作。Chen等人^[4]将特征提取和深度学习与光子时间拉伸实现的高通量定量成像相结合,捕获定量光学相位和强度图像,并提取单个细胞的多

作者简介: 崔兆文(1996-),男,硕士研究生,主要研究方向:嵌入式系统;王 武(1970-),男,副教授,主要研究方向:嵌入式系统。

通讯作者: 王 武 Email: 1141720187@qq.com

收稿日期: 2021-12-27

哈尔滨工业大学主办 ◆ 科技创新与应用

种生物物理特征,这些生物物理测量形成一个多维特征空间,用于细胞分类。

本文使用改进的卷积神经网络对人体外周血白细胞进行分类,并在卷积神经网络的基础上引入衰减因子,防止卷积神经网络出现过拟合的情况,再通过粒子群算法优化衰减因子参数。数据集为 Kaggle 上 2018 年发布的数据集。

1 理论与方法

改进卷积神经网络方法血液白细胞图像的总体分布框图如图 1 所示。由图 1 可知,首先设计初始的卷积神经网络,然后导入通过预处理的外周血白细胞图片的数据集。在原有卷积神经网络的基础上引入衰减因子,防止卷积神经网络出现过拟合的情况,同时利用粒子群算法对衰减因子的参数进行优化,找到最适合卷积神经网络的衰减因子的参数。每一次衰减因子参数的更新都需要重新运行一次网络。接下来,本文拟介绍卷积神经网络(Convolutional Neural Networks, CNN)结构设计、图像预处理、学习率衰减以及粒子群算法^[5]。

胞二分类的方法。卷积神经网络是一类含卷积计算的前馈神经网络,是深度学习的代表算法之一,卷积神经网络具有表征学习的能力,能够对输入信息进行平移不变分类。

卷积神经网络一般由输入层、卷积层、池化层、全连接层和输出层组成。其中,卷积层是实现卷积神经网络特征提取功能的核心,相当于特征提取器。池化层能够压缩数据和减少提取出图像中的特征,进而压缩图片。全连接层的输入是将卷积层和池化层提取的特征进行加权,将特征空间通过非线性变换映射到样本标记空间。

卷积神经网络架构如图 2 所示。研究中,建立初步卷积神经网络框架,卷积神经网络由 1 个输入层、6 个卷积层、2 个池化层、1 个全连接层以及 1 个输出层组成。本文卷积核的大小均为 3×3 ,步长均为 1,采用“SMAE”方式,保证输入图片和输出图片大小一致。本文池化核大小为 2×2 ,步长为 2,采取最大池化的方法。文中设计的卷积神经网络,以二分类为例,得到的每层信息见表 1。由表 1 可知,第一个卷积层的卷积核个数为 32,第二个卷积层的卷积核个数为 64,第三个卷积层的卷积核个数为 128,第四个卷积层的卷积核个数为 192,第五个卷积层的卷积核个数为 128,全连接层神经元个数为 256,输出层神经元个数为 2。

表 1 二分类卷积神经网络信息表

Tab. 1 Information table of binary convolutional neural network

层	数据	参数
输入层	(None, 56, 56, 3)	0
卷积层 1	(None, 56, 56, 32)	896
池化层 1	(None, 28, 28, 32)	0
卷积层 2	(None, 28, 28, 64)	18 496
卷积层 3	(None, 28, 28, 128)	73 856
卷积层 4	(None, 28, 28, 192)	221 376
池化层 2	(None, 14, 14, 192)	0
卷积层 5	(None, 14, 14, 128)	221 312
全连接层	(None, 256)	6 422 784
输出层	(None, 2)	514

本文选取的作为神经元在卷积层与全连接层的激活函数的数学公式可写为:

$$Relu = \max(0, x) \quad (1)$$

其中, \max 表示取 0 和 x 中的最大值。

本文选取的作为神经元在输出层的激活函数,可使得输出层神经元输出映射到 $(0, 1)$ 区间内,方便损失函数的建立。该激活函数的数学公式为:

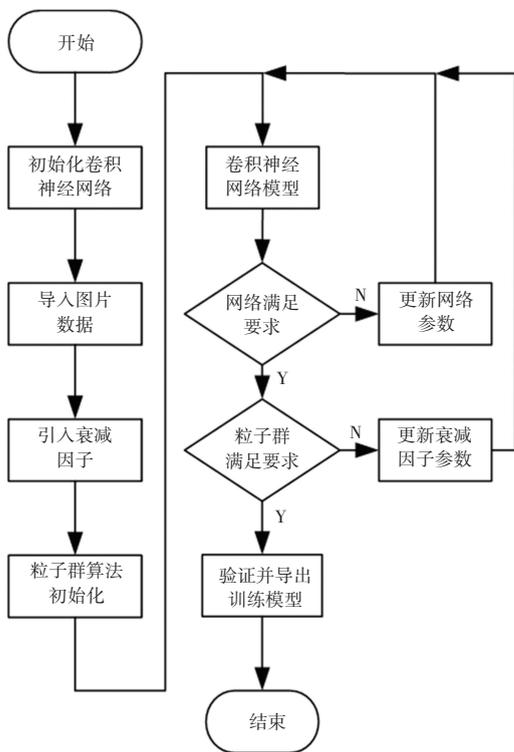


图 1 改进卷积神经网络方法血液白细胞图像的总体分布框图

Fig. 1 General distribution block diagram of blood leukocytes images by improved convolutional neural network method

1.1 卷积神经网络结构设计

本文研究基于卷积神经网络的人体外周血白细

$$S_i = \frac{e^{z_i}}{\sum e^{z_i}} \quad (2)$$

$$Loss = -\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m y_j \log \hat{y}_j \quad (3)$$

其中, z_i 表示输出层第 i 激活函数的输入。

本文选取的作为卷积神经网络的损失函数的数学公式具体如下:

其中, $Loss$ 表示神经网络的损失值; n 表示训练数据的个数; m 表示训练数据的分类个数; y_j 表示训练数据的标签; \hat{y}_j 表示训练数据的预测值。

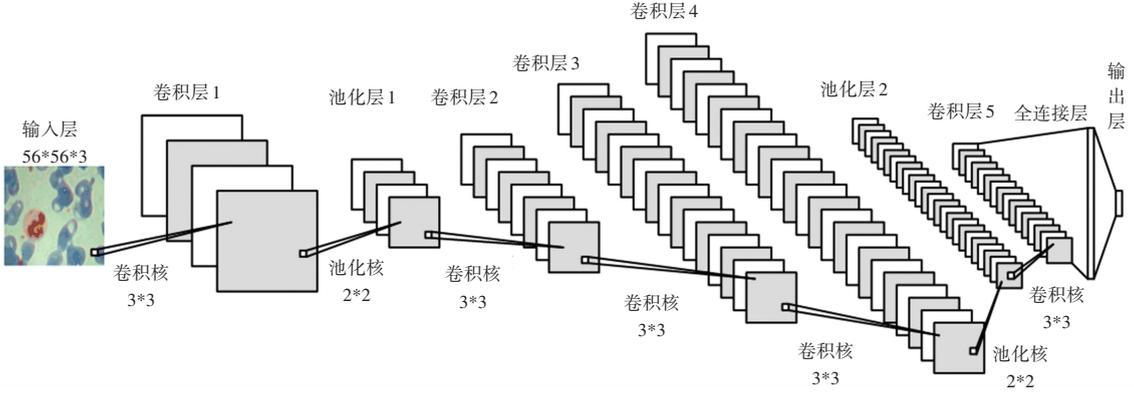


图 2 卷积神经网络架构图

Fig. 2 Architecture of convolutional neural network

1.2 图像预处理

数字图像的采集是在复杂的环境中进行的,在采集与传输的过程中,难免会引入噪声,为了能够对血液图像做到更好的识别,即需对原始血液图像进行处理。所以首先需要进行图像滤波。图像滤波的方式主要有 2 种:线性滤波和非线性滤波。其中,线性滤波的方式、比如均值滤波,对高斯噪声有较好的抑制作用,但是并不能较好地保护图像的细节信息,导致图片变得模糊。非线性滤波、比如中值滤波,能够较好地保护图像的细节信息,保持图片的清晰度。本文选用的是中值滤波。

中值滤波公式如下(4)所示:

$$M = MID\{x_1, x_2, x_3, \dots, x_n\} = x_{n \frac{1+n}{2}} \quad n \text{ 为奇数} \quad (4)$$

其中, M 表示求取 n 个数据的中值,这里的 n 为奇数; $MID()$ 是计算给定数据的中值的符号; $x_1, x_2, x_3, \dots, x_n$ 表示原图像临近领域的像素点值,且其大小排序为 $x_{n1} \leq x_{n2} \leq x_{n3} \leq \dots \leq x_{nm}$,排在中间的数据则为 $x_{n \frac{1+n}{2}}$ 。

在中值滤波后,需要对图片的尺寸进行处理,原图像是 $640 * 480 * 3$ 像素,本文将图片压缩成 $56 * 56 * 3$ 像素的图片,方便计算机处理与识别。

1.3 学习率衰减

在卷积神经网络学习的过程中,随着训练的进行,学习率将逐渐衰减,这样有利于卷积神经网络学习模型的建立。在训练过程开始时,使用较大的学习率值,可以使结果快速收敛,随着训练的进行,逐

步降低学习率和收敛的速度,有助于找到最优结果。目前,比较常用的 2 种学习率衰减方法:线性衰减和指数衰减。本文采用的是指数衰减的方式。指数衰减的数学定义的公式表述为:

$$lrate = Init_lrate \times drop^{\lfloor \frac{1+epoch}{epochs_drop} \rfloor} \quad (5)$$

其中, $lrate$ 表示当前学习率; $Init_lrate$ 表示初始学习率; $drop$ 表示衰减指数; $epoch$ 表示当前迭代次数; $epochs_drop$ 表示调整系数; $\lfloor \cdot \rfloor$ 表示对符号内的数值向下取整。

利用这种衰减方式进行学习率的更新,可以使学习率的更新速度较慢,容易建立识别率较高的深度学习模型。

1.4 粒子群算法

粒子群算法 (Particle Swarm Optimization, PSO),从随机解出发,并利用迭代寻找最优解,通过适应度来评定解的品质。这种算法具有实现容易、精度高、收敛快等优点。

在 D 维空间中,设有 N 个粒子,粒子 i 的位置为 $x_i = (x_{i1}, x_{i2}, x_{i3}, \dots, x_{iD})$,将 x_i 代入适应函数 $f(x_i)$ 可以求取函数值;粒子的速度为 $v_i = (v_{i1}, v_{i2}, v_{i3}, \dots, v_{iD})$,粒子 i 个体经过的最佳位置: $pbest_i = (p_{i1}, p_{i2}, p_{i3}, \dots, p_{iD})$,种群所经历的最佳位置 $gbest_i = (g_1, g_2, g_3, \dots, g_D)$,通常迭代中粒子的速度和位置应该被限制,即在第 $d (1 \leq d \leq D)$ 维的位置变化范围限定在 $[X_{min,d}, X_{max,d}]$ 内,速度变化范围限定在 $[-V_{min,d}, V_{max,d}]$ 内,粒子 i 在第 d 维的速度更新公

式见如下:

$$v_{id}^k = wv_{id}^{k-1} + c_1r_1(pb_{best_{id}} - x_{id}^{k-1}) + c_2r_2(pb_{best_{id}} - x_{id}^{k-1}) \quad (6)$$

$$x_{id}^k = x_{id}^{k-1} + v_{id}^k \quad (7)$$

其中, v_{id}^k 表示第 k 次迭代粒子 i 第 d 维飞行速度; x_{id}^k 表示第 k 次迭代粒子 i 第 d 维飞行位置; c_1, c_2 表示学习最大步长; r_1, r_2 表示 2 个随机数, 取值为 $[0, 1]$, 增加搜索随机性; w 表示惯性权重, 用于调节搜索范围。

由以上公式推知, 粒子速度的更新与粒子先前的速度有关, 粒子当前位置与粒子最佳位置的偏差以及粒子当前位置与种群最佳位置的偏差有关。

粒子群算法优化流程如图 3 所示。由图 3 可知, 首先对粒子群进行初始化, 包括群体的规模大小、粒子的随机位置以及粒子的初始速度。根据适应度评价函数, 确定每个粒子的适应度, 每个粒子将其当前适应度与历史最佳适应度做比较, 如果当前适应值比历史最佳适应值更高, 更新当前位置为粒子历史最佳位置; 同样地, 将粒子当前位置与种群最佳位置进行比较, 如果当前适应度高, 更新当前位置为粒子历史最佳位置。根据式(6)和式(7)更新粒子的速度与位置。继续根据适应度评价函数来判断, 确定更新后的参数。继续反复进行参数的更新, 直到满足条件或达到最大迭代次数。

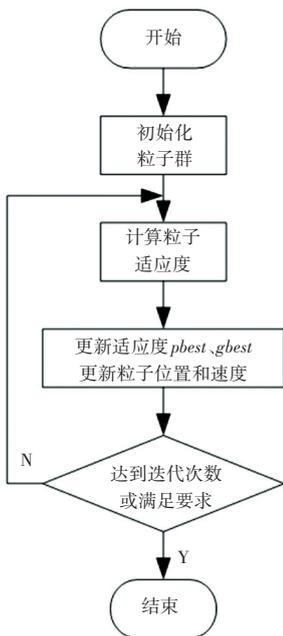


图3 粒子群算法优化流程图

Fig. 3 Flow chart of Particle Swarm Optimization algorithm

本文主要是使用粒子群算法对衰减因子中的 $Init_lrate, drop$ 和 $epochs_drop$ 参数进行优化。同

时, 本文选取的粒子群优化算法的适应度函数可写为如下形式:

$$F(X) = 0.5Loss_{train}(X) + 0.5Loss_{test}(X) \quad (8)$$

其中, $F(X)$ 表示适应度函数; $Loss_{train}(X)$ 表示训练数据的损失函数; $Loss_{test}(X)$ 表示测试数据的损失函数; X 表示衰减因子 ($Init_lrate, drop, epochs_drop$) 三个参数的集合变量。

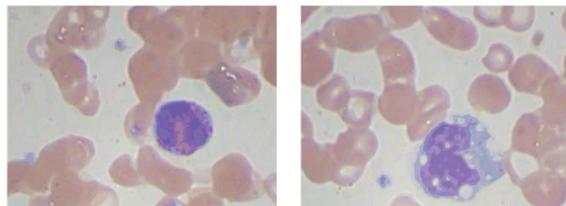
为了减少神经网络每次初始参数不一致带来的偏差, 取同一参数下 3 次神经网络的损失函数的平均值作为某一粒子的适应度函数。同时, 当粒子参数一致时, 能够直接获取其适应函数, 不需要进行复杂的计算就能得到其适应度函数。

2 实验数据与结果分析

图像处理与分析实验的结果是基于 Tensorflow 的 Kears 深度学习框架下进行的, 操作系统是 Windows10, 编程语言为 Python, 使用的编译软件是 Pycharm 与 Spyder。硬件配置的处理为 Intel(R) Core(TM) i5-9400F CPU, 运行内存为 16 G, 显卡型号为 NVIDIA GeForce GTX 1650。

2.1 实验数据

数据集为 Kaggle 上发布的数据集, 数据集中原始图片共计 400 张, 数据集发布者通过数据增强手段将 400 张原始图片拓展成 12 444 张图片。在原始数据中, 无粒白细胞图片为 54 张, 有粒白细胞图片为 346 张, 无粒白细胞与有粒白细胞数据相差较大, 这是上文中提到的要改进损失函数的原因。发布拓展后的图片训练集与测试集, 训练数据图片 9 957 张, 测试数据图片 2 487 张。在训练集中, 无粒白细胞图片为 4 961 张, 有粒白细胞图片为 4 996 张; 在测试集中, 无粒白细胞图片为 1 240 张, 有粒白细胞图片为 1 247 张。血液细胞的示意如图 5 所示。



(a) 有粒白细胞

(b) 无粒白细胞

图4 血液细胞原始图片

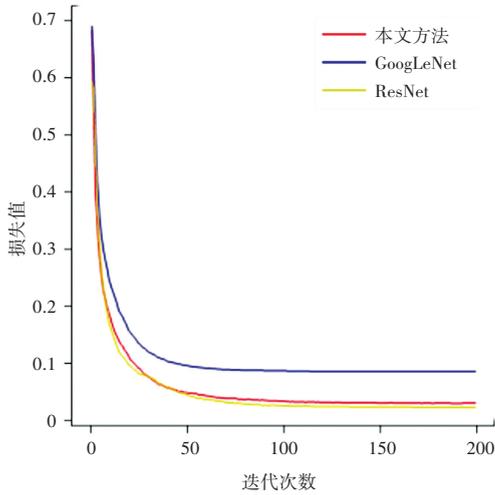
Fig. 4 Original picture of blood cells

2.2 模型对比

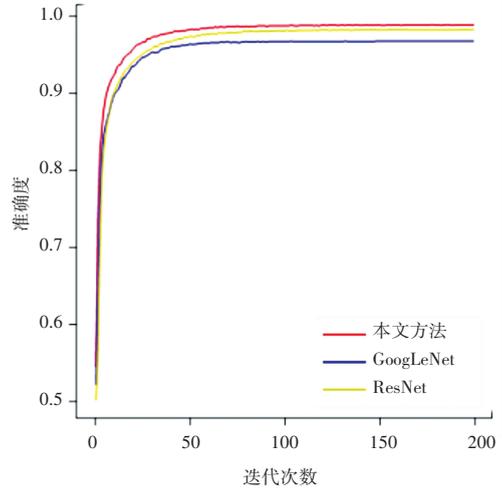
本文做了 3 种网络模型的对比实验, 分别是: 本文提出的网络、GoogLeNet 网络和 ResNet 网络。实验对比结果如图 6 所示。由图 6 可知, 本文的算法

相较于 GoogLeNet 网络无论在损失、还是在准确度上都有着较为明显的提升,和 ResNet 网络在训练集的运行效果上相差不大。在测试集上,本文提出的

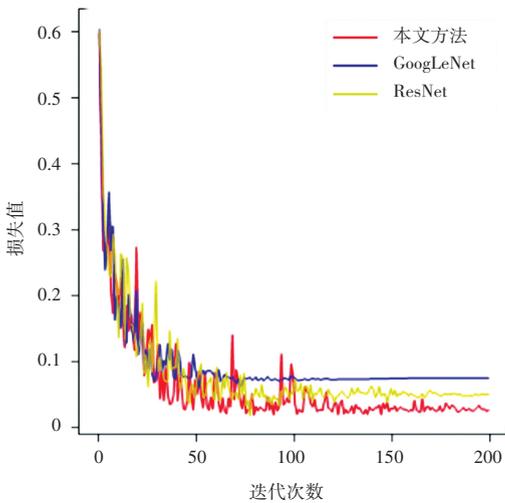
网络优于 ResNet 网络。结果说明本文提出的网络无论在训练集、还是测试集均有着较好的效果,即本文模型要优于 GoogLeNet 网络和 ResNet 网络。



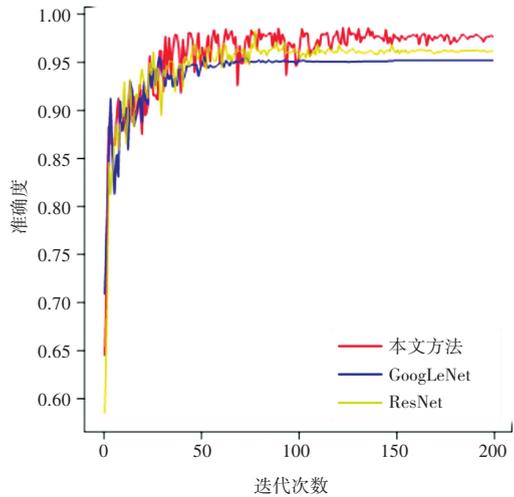
(a) 训练集损失函数



(b) 训练集准确度



(c) 测试集损失函数



(d) 测试集准确度

图 5 不同模型下的损失函数和准确度

Fig. 5 Loss function and accuracy under different models

本文建立的模型混淆矩阵如图 7 所示。图 7 中,‘A’表示无粒白细胞,‘B’表示有粒白细胞。由图 7 分析可知, $(A,A) = 1198$ 表示血液图片中实际标签与预测标签均为无粒白细胞有 1198 个,识别正确; $(B,B) = 1201$ 表示血液图片中实际标签与预测标签均为有粒白细胞有 1201 个,识别正确; $(A,B) = 42$ 表示实际标签为有粒白细胞、但识别标签为无粒白细胞有 42 个,识别错误; $(B,A) = 46$ 表示实际标签为无粒白细胞、但识别标签为有粒白细胞有 46 个,识别错误。卷积神经网络模型对无粒白细胞识别率为 96.61%,对有粒白细胞识别率为 96.56%,识别效果基本一致。

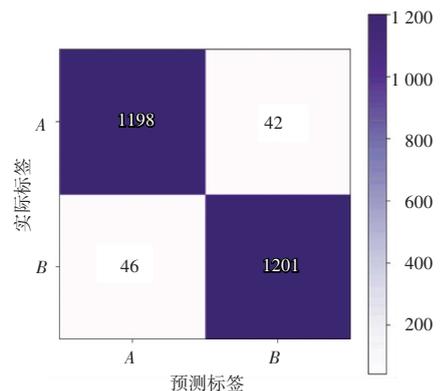


图 6 卷积神经网络模型混淆矩阵

Fig. 6 Convolutional neural network model confusion matrix

(下转第 165 页)