

文章编号:1007-2780(2018)06-0528-10

基于深度卷积神经网络的宫颈细胞病理 智能辅助诊断方法

廖欣^{1,2}, 郑欣³, 邹娟^{1,2}, 冯敏^{1,2}, 孙亮^{1,2}, 杨开选^{1,2*}

- (1. 四川大学华西第二医院 病理科, 四川 成都 610041;
2. 四川大学 出生缺陷与相关妇儿疾病教育部重点实验室, 四川 成都 610041;
3. 电子科技大学 计算机科学与工程学院, 四川 成都 611731)

摘要:针对宫颈细胞病理自动筛查问题,提出一种基于深度卷积神经网络智能辅助诊断方法。首先采用基于改进UNet深度卷积神经网络模型的语义分割方法,检测出宫颈细胞病理涂片扫描图像中的细胞(粘连簇团)区域。接着,利用VGG 16深度卷积神经网络模型,结合迁移学习技术,对检测出的细胞(粘连簇团)区域进行精确识别。为了提高深度卷积神经网络模型的性能,在进行细胞(粘连簇团)区域检测、识别的过程中,采用了数据增强技术。同时,针对该领域相关研究缺乏宫颈细胞病理液基涂片扫描图像数据集的问题,我们收集四川大学华西附二院的典型LCT筛查病例,建立了宫颈细胞病理图像HXLCT数据集,并由资深病理医生完成数据标注。实验表明,本文方法能够较好地完成宫颈细胞病理涂片扫描图像中的细胞(粘连簇团)区域检测(正确率为91.33%),并能对检测出的区域完成正常、疑似病变二分类识别(正确率为91.6%,召回率为92.3%,ROC曲线线下面积为0.914)。本文工作将有助于宫颈细胞病理自动筛查系统的开发,对于宫颈癌早期防治具有重要意义。

关键词:宫颈;细胞病理;深度卷积神经网络;数据增强;迁移学习;智能辅助筛查

中图分类号:TP394.1;TH691.9 **文献标识码:**A **doi:**10.3788/YJYXS20183306.0528

Intelligent auxiliary diagnosis method of cervical cytopathology based on deep convolutional neural networks

LIAO Xin^{1,2}, ZHENG Xin³, ZOU Juan^{1,2}, FENG Min^{1,2}, SUN Liang^{1,2}, YANG Kai-xuan^{1,2*}

- (1. Department of Pathology, West China Second University Hospital, Chengdu 610041, China;
2. Key Laboratory of Birth Defects and Related Disease of Women and Children, Ministry of Education, Sichuan University, Chengdu 610041, China
3. College of Computer Science and Engineering, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 611731, China)

Abstract: Aiming to the automatic screening of cervical cytology, an intelligent auxiliary diagnosis method was proposed. At first, semantic segmentation method based on the improved UNet deep con-

收稿日期:2018-03-16;修订日期:2018-04-17.

基金项目:四川省重点实验室开放基金(No.2017LF3008);广东省应用型研发重大专项基金(No.2015BD10131002)

Supported by Program of Key Laboratory Open Fund in Sichuan Province(No. 2017LF3008); The Important Special Fund for Applied R & D in Guangdong Province(No.2015BD10131002)

* 通信联系人, E-mail: huaxipath@aliyun.com

volution neural network model was applied to detect the region of cells (cell clusters) on the scanning image of cervical cytology. Secondly, VGG 16 deep convolution neural network model combined with transfer learning was utilized for the exact diagnosis of the detected region of cells (cell clusters). The data augmentation technique was applied in the process of cells (cell clusters) detection and diagnosis to improve the performance of deep convolution neural network model. Meanwhile, considering the deficiency of scanning image datasets for the cervical cytology in the research of relevant fields, we collected the typical cases of liquid based cytology (LCT) for cervical cytological screening in West China Second Hospital of Sichuan University, set up HXLCT dataset of cervical cytological images, which were labeled by the experienced pathologists. The result of the experiment showed that, the cells (cell clusters) in the scanning images of cervical cytology could be effectively detected by the proposed method (accuracy rate was 91.6%, recall rate was 92.3%, and the area under ROC was 0.914). This method may assist in the development of automatic screening system of cervical cytology, which could be of great significance for the early prevention and treatment of endocervical carcinoma.

Key words: cervix; cytopathology; deep convolution neural network; data augmentation; transfer learning; intelligence-assist screening test

1 引言

宫颈细胞筛查是最普遍也是最有效的宫颈癌及其癌前病变的早期诊断与防治手段^[1-2]。由于国内细胞病理医生严重匮乏,其总体筛查覆盖率及诊断水平并不理想。因此,利用人工智能技术对宫颈细胞病理涂片进行辅助筛查,在当前细胞病理医疗资源匮乏的情况下具有重要意义。国内外研究者们将人工智能技术应用于实验或临床病理分析,为宫颈细胞病理辅助诊断提供了新的工具。美国出现了宫颈细胞病理自动检测设备^[3-4],但这些设备均存在价格昂贵,操作复杂,准确率不高的缺陷,宫颈细胞病理涂片仍然依靠病理医生阅片诊断。粒子滤波、遗传算法等机器学习技术^[5-8]也应用到宫颈细胞病理自动分析领域。然而,针对宫颈细胞病理图像自动分析、识别的相关研究依然存在以下问题^[9]:(1) 缺乏宫颈细胞病理涂片扫描图像数据集,尤其经过病理医生标注的高质量数据更是难以获取。(2) 现有研究大多针对单个细胞进行分类识别^[10],缺乏针对细胞簇团的相关研究,难以满足辅助诊断的实际要求。(3) 由于细胞个体及制片工艺的差异,采用基于知识描述的传统特征构造方式难以提取出有效识别特征。

深度卷积神经网络 (Depth convolutional

neural networks, DCNN) 在图像处理领域取得突破性进展^[11-12],并已在肺部 CT、脑组织 MRI、乳腺癌等医疗图像识别^[13-17]中展现出优异性能。因此,本文将 DCNN 引入病理图像辅助诊断领域,结合数据增强、迁移学习技术,提出了基于 UNet 与 VGG 16 模型的宫颈细胞病理图像智能辅助诊断方法。此外,我们通过收集四川大学华西第二医院的典型病例,建立了高质量的宫颈细胞病理涂片扫描图像数据集。

2 宫颈细胞病理图像数据集构建方法

收集四川大学华西第二医院的典型宫颈细胞病理筛查病例,建立了基于液基薄层细胞学检查 (Liquid-based cytology test, LCT)^[18] 制片技术的宫颈细胞病理涂片扫描图像 HXLCT 数据集。依据宫颈细胞病理 TBS 分级诊断标准, HXLCT 数据集收集的典型病例包括正常 NILM、低度病变 LSIL 及高度病变 HSIL 三种类型^[19]。针对筛选出的典型图像,由两名资深病理医生基于宫颈细胞病理诊断标准 (The Bethesda system for reporting cervical cytology, TBS) 对其中的典型宫颈病理细胞 (粘连簇团) 进行标注。若标注结果不同,则第三位病理医生加入,由三人联合复阅,完成标注。具体的镜下视野图像选择方法及数据标

注规则阐述如下。

(1) HXLCT 数据集中收集的典型 NILM 镜下视野图像选自阴性病例涂片的扫描图像。

(2) HXLCT 数据集中收集的典型 LSIL 镜下视野图像选自低度病变病例涂片的扫描图像。图 1 是一幅同时包含单个病变细胞与病变细胞簇团的 LSIL 镜下图像。其中,图 1(a)为原始图像,图 1(b)是标注后的图像,图 1(c)~(e)分别是图 1(b)中标注出的低度病变区域。

(3) HXLCT 数据集中收集的典型 HSIL 镜下视野图像选自高度病变病例涂片的扫描图像。图 2 所示是一幅同时包含单个病变细胞与病变细胞簇团的 HSIL 镜下图像。其中,图 2(a)为原始图像,图 2(b)是标注后的图像,图 2(c)~(g)分别是图 2(b)中标注出的高度病变区域。

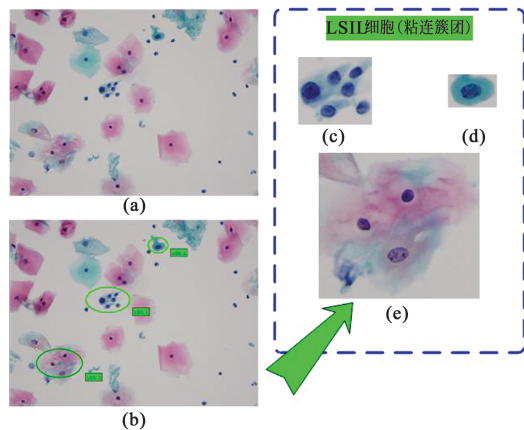


图 1 典型 LSIL 镜下图像及其标注

Fig.1 Typical LSIL images with labels under microscope

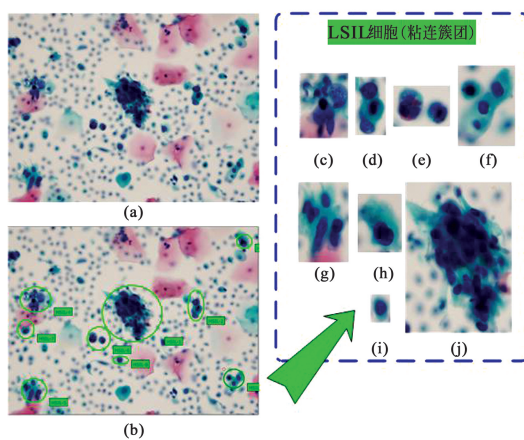


图 2 典型 HSIL 镜下图像及其标注

Fig.2 Typical HSIL images with labels under microscope

根据上述方法建立的 HXLCT 数据集,包含了来自不同典型病例的 1 000 幅镜下视野区域图像。其中,典型 NLIM 图像 400 幅,典型 LSIL 图像 300 幅,典型 HSIL 图像 300 幅。

3 宫颈细胞病理智能辅助诊断方法

基于深度卷积神经网络的宫颈细胞病理辅助诊断方法,包括细胞(粘连簇团)区域初步检测以及精确识别两个阶段,流程如图 3 所示。利用改进 UNet 模型^[20]检测细胞(粘连簇团)区域,再采用 VGG 16 模型^[21]针对检测出的细胞(粘连簇团)区域,完成精确识别,识别结果包括正常、疑似病变两种类型。

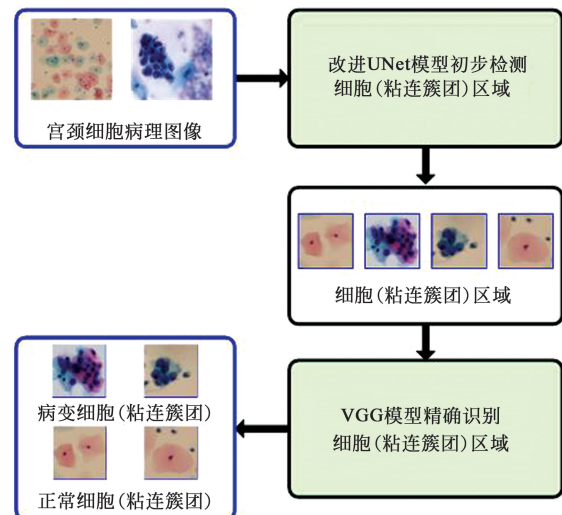


图 3 基于深度卷积神经网络的宫颈细胞病理辅助诊断流程

Fig.3 Flow chart of auxiliary diagnosis based on deep convolutional neural networks in cervical cytology

3.1 基于语义分割的细胞(粘连簇团)区域检测

实现细胞(粘连簇团)区域检测的改进 UNet 模型的网络结构如图 4 所示。其中,蓝色代表 conv 3X3 卷积层和激活函数 ReLU,灰色代表复制及裁剪,红色代表 max 2X2 下采样,绿色代表上采样然后再卷积 up-conv 2X2,conv 1 * 1 代表核为 1 * 1 的卷积操作。

由图 4 可知,改进 UNet 模型中包含 26 个 conv 3X3 卷积层,12 个 up-conv 2X2 卷积层,6 个 max 2X2 的池化层,并且 conv 3X3 卷积层、up-

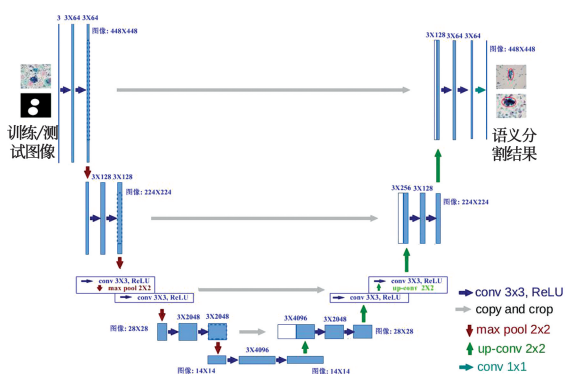


图4 改进 UNet 模型的网络结构

Fig.4 Network structure of improved UNet model

conv 2X2 卷积层后均连接一个采用 ReLU 激励函数的激励层以及局部正则化层。在模型输出端,连接一个 conv 1X1 卷积层,以及采用 Sigmoid 激励函数的激励层。改进 UNet 模型通过增加一个卷积模块(3 个卷积层,1 个 Relu 激励层,1 个最大池化层),增大模型网络的尺寸(模型分辨率的长、宽从 224 增大到 448),提高了模型分辨率。针对改进 UNet 模型采用高斯分布初始化模型权重,训练过程中采用了小批量数据的随机梯度信息对权重系数进行迭代更新。迭代方式采用分段权重衰减方法,以提高学习速率,降低模型过拟合。达到指定迭代次数后训练结束,选择具有最小可验证损失率的模型为最终使用的模型。同时,采用数据增强^[22]增加训练样本的数量。由于宫颈细胞具有旋转不变的性质,针对每一个细胞(粘连簇团)区域围绕区域中心进行旋转,每次旋转 90°。同时,对每一个细胞(粘连簇团)区域分别进行水平、垂直镜像。

3.2 基于 VGG 16 模型的宫颈细胞(簇团)精确识别

针对检测出的细胞(粘连簇团)区域,采用 VGG 16 模型完成精确识别。该模型卷积层输入的是图像像素(原始像素值减去训练图像集的均值),输出层由多个神经元组成(每个神经元对应一个类别)。

VGG 16 模型结构如表 1 所示,包含 13 个卷积层、5 个池化层,以及 3 个全连接层,以及一个输出层 softmax。将卷积层参数表示成“conv<感受野大小>-<通道数量>”,并以列展示(针对所有卷积层连接的隐藏层都使用 ReLU 激活函数,为了简洁,未列出 ReLU 激活函数)。针对

表 1 VGG 16 模型的网络结构

Tab.1 Network structure of VGG 16 model

层	结构	层	结构
权重第 1 层	Conv3-64	权重第 9 层	Conv3-512
权重第 2 层	Conv3-64	权重第 10 层	Conv3-512
池化层	Maxpool2 * 2	池化层	Maxpool2 * 2
权重第 3 层	Conv3-128	权重第 11 层	Conv3-512
权重第 4 层	Conv3-128	权重第 12 层	Conv3-512
池化层	Maxpool2 * 2	权重第 13 层	Conv3-512
权重第 5 层	Conv3-256	池化层	Maxpool2 * 2
权重第 6 层	Conv3-256	权重第 14 层	FC-4096
权重第 7 层	Conv3-256	权重第 15 层	FC-4096
池化层	Maxpool2 * 2	权重第 16 层	FC-6
权重第 8 层	Conv3-512	输出层	FC-6

深度网络需要大量已标注样本,然而已标注数据有限的特点,我们采用了迁移学习技术^[23],即在 ImageNet 数据集预训练好的初始权重基础上,利用 HXLCT 数据集进行调优,具体描述如下:将卷积层 1 到池化层 13 直接迁移到模型中相同的位置(标记为 ConvNet-T,即 conv1 到 conv13,以及 pool1 到 pool5 直接从预训练网络 ConvNet-B 进行复制。此外,fc6-fc8 层的权重 W 则采用随机高斯分布进行初始化,并采用反向传播算法进行优化。设置 ConvNet-T 的 3 个 FC 层神经元数目分别为 1024-256-2。

图 5 展示了 VGG 16 模型迁移学习^[23]过程。首先采用 ImageNet 数据集^[24]完成 VGG 16 模型预训练(上层模型),接着采用宫颈细胞病理数据集 HXLCT 进行调优(下层模型),过程如下:VGG 16 模型中最初的卷积层、池化层采用 ImageNet 分类数据集完成预训练。然后将预训练模型(上半部分)中相同的网络层(卷积层、池化层)在同一个位置的参数(W1, W2, ..., Wk)迁移到 HXLCT 数据集上的微调模型(下半部分)的相同位置,最后再连接几个基于任务的,采用高斯分布初始化权重的全连接层。VGG 16 模型以 R、G、B 通道进行输入,使用宫颈细胞病理 HXLCT 数据集针对网络层、全连接层进行联合训练(调优)。转移层学习率设为原来的 1/10,进行微调,全连接层则使用原始学习率进行完全训练。训练过程

中,权重系数采用损失函数的梯度方向进行迭代更新,采用小批量数据的随机梯度信息。达到指定迭代批次,训练结束,选择具有最小可验证损失的网络作为最终模型。

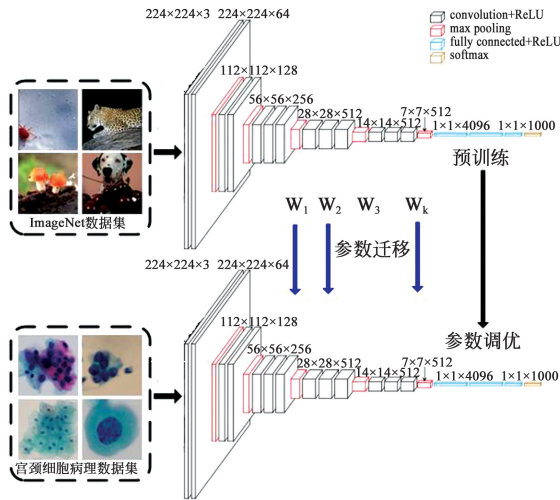


图5 HXLCT 宫颈细胞病理图像数据集对 VGG 16 模型调优示意图

Fig.5 Illustration of VGG 16 model fine-tuning based on HXLCT dataset of cervical cytological images

同时,通过数据增强提高 VGG 16 模型性能。首先,针对每一个细胞(粘连簇团)区域围绕区域中心进行旋转,每次旋转 90° 。同时,分别进行水平镜像,垂直镜像变换。此外,对细胞(粘连簇团)分别进行上、下、左、右各 5~10 个像素的随机移动^[10]。通过上述数据增强方法,一幅原始细胞(粘连簇团)区域图像可以得到 12 幅增强后的图像。

4 实验及分析

我们利用 HXLCT 数据集进行了相关实验,包括基于改进 UNet 深度卷积神经网络的语义分割,以及基于 VGG 16 深度卷积神经网络的细胞(粘连簇团)区域精确识别。

4.1 基于语义分割的细胞(簇团)检测实验及分析

采用改进 UNet 模型进行语义分割的目的是检测出宫颈细胞病理镜下视野图像中的细胞(粘连簇团)区域,是利用 VGG 16 模型进行精确识别的基础。针对 HXLCT 数据集中的原始图像以及对应的数据增强图像进行四折交叉验证,每个数据子集包含 2 000 幅图像(250 幅原始图像,1 750

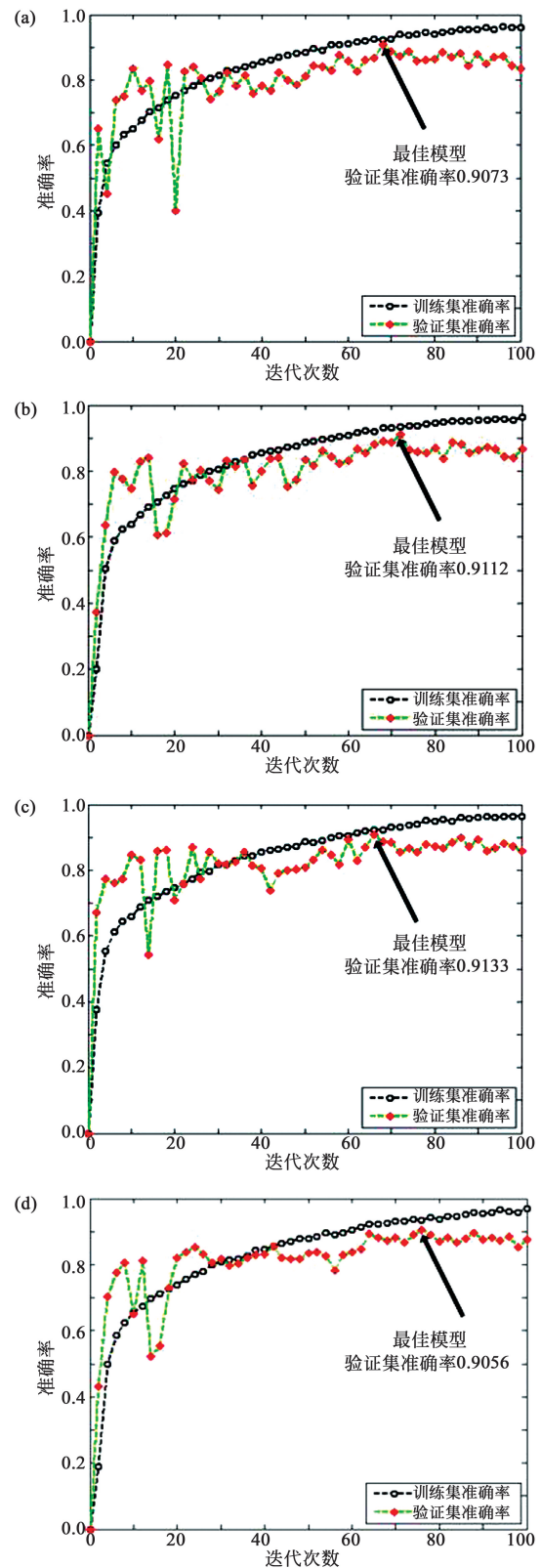


图6 改进 UNet 模型训练过程(四折交叉验证)

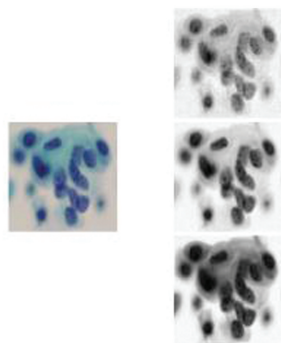
Fig.6 Training process of improved UNet deep convolutional neural networks (four-fold cross validation)

幅数据增强后的图像)。训练时,采用数据子集中的全部 2 000 幅图像,而作为验证集的数据子集,则只采用 250 幅原始图像进行测试。实验时,改进 UNet 模型的训练参数设置如下:输入、输出图像的长、宽均为 448 pixel,代价函数采用 dice 系数,如公式(1)所示, batch size 设为 4,最大迭代次数设为 100。

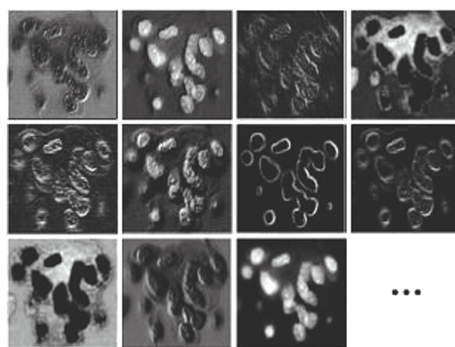
图 6 给出了在 HXLCT 数据集上采用改进 UNet 模型进行语义分割的 fine-tuning 过程(采用四折交叉验证,每次迭代 100 轮),图 6(a)~(d)分别展示了以数据子集 1~4 中的原始图像作为验证数据的 fine-tuning 迭代过程。随着迭代次数增加,训练集准确率逐渐上升。验证集的准确率在模型开始迭代时,会在较大范围内震荡,随着迭代进行,其震荡幅度减小。进行四折交叉验证实验时,改进 UNet 模型分别在第 78 轮、72 轮、76 轮、82 轮迭代结束后,对应验证集的准确率分别取得最大值 0.907 3、0.911 2、0.913 3、0.905 6。以子集 3 为验证集,准确率为 0.9133 的改进 UNet 模型作为最终的语义分割模型。根据实验结果可知,改进 UNet 模型可以较好地完成细胞(粘连簇团)区域的检测任务。

4.2 基于 VGG 16 模型的细胞(粘连簇团)识别实验及定性分析

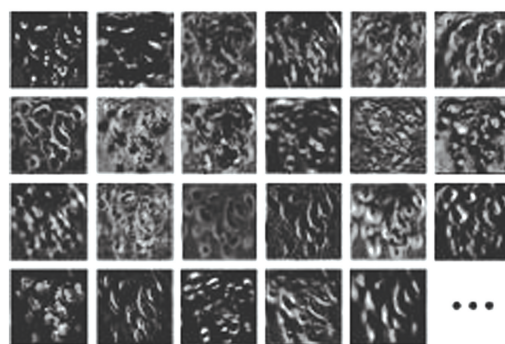
设置 3.3 节所述 VGG 16 模型中第一个卷积输入层的长、宽均为 300 pixel(即输入图像将转换为 300 pixel $\times$ 300 pixel 大小),并分别在 R、G、B 通道上减去训练集图像的均值。设置最小 256 个/批量(batch size),网络最大迭代次数设置为 100 次。卷积层学习率设为 0.001,全连接层学习率为 0.01,每迭代 10 次,衰减 10。设置衰减权重、动量为 0.001 到 0.8,全连接层的丢弃率取 0.5。



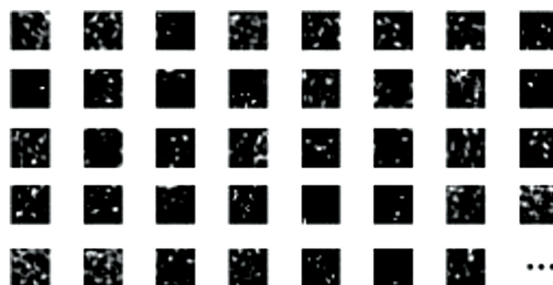
(a)输入图像及其 RGB 三通道分量
6.4@300 $\times$ 300



(b)第 2 个 Conv 层特下映射
6.4@300 $\times$ 300



(c)第 5 个 Conv 层特征映射
256@75 $\times$ 75



(d)第 11 个 Conv 层特征映射
512@18 $\times$ 18

图 7 细胞粘连簇团在 VGG 16 模型中三个卷积层(Conv2、Conv5、Conv11)的特征映射可视化

Fig.7 Visualization of the feature mapping of cell clusters in the three convolution layers (Conv2, Conv5, and Conv11) of VGG 16 model

训练 VGG 16 模型时,采用原始图像中标注的细胞(粘连簇团)区域以及其对应的数据增强后的图像,进行正常、异常(包括 LSIL、HSIL)二分类训练。再利用训练完成后的 VGG 16 模型,对改进 UNet 网络模型检测出的细胞(粘连簇团)区域进

行正常、异常二分类识别。需要注意的是,为了避免 VGG 16 模型出现训练数据、测试数据混淆的情况,进行实验时,应针对原始细胞病理图像进行训练集、测试集的划分。为了与 4.1 节中的语义分割实验保持一致,我们采用了相同的四折交叉验证方式,且在针对原始数据图像划分训练数据、测试数据时保持一致。

VGG 16 模型中的卷积层,由能够自动学习滤波器通过在不同频率、方向上的特征映射组成,这些特征是进行宫颈细胞(粘连簇团)区域精确识别任务所必需。图 7 展示了一个病变细胞粘连簇团通过 fine-tuning 后的 VGG 16 模型时,其原始输入图像及其 R、G、B 三通道分量,以及在不同卷积层(Conv2、Conv5、Conv11)上的特征映射。

图 8、图 9 展示了 fine-tuning 后的 VGG 16 模型针对 HXLCT 数据集中部分细胞(粘连簇

团)区域的分类识别结果。为了便于分析 VGG 16 模型的分类识别性能,所展示的病变粘连细胞簇团均是改进 UNet 网络中,检测精度较高,区域中心定位准确的区域。其中,异常度 abnormal 的取值表示对应细胞(粘连簇团)区域病变的概率。

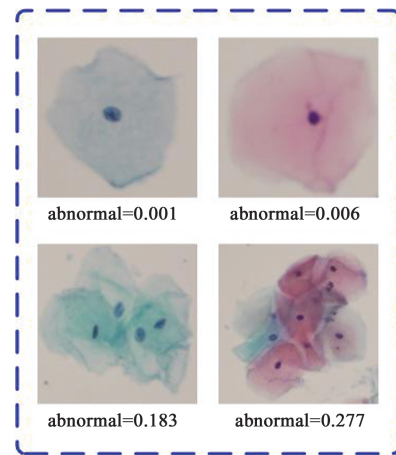


图 9 HXLCT 数据集正常细胞(粘连簇团)正确分类示例

Fig.9 Examples of well-classified normal cervical cells (cell cluster) in HXLCT dataset

图 8 给出针对 HXLCT 数据集中部分病变细胞(粘连簇团)区域正确分类示例,第 1~4 行分别是高度病变细胞簇团、高度病变细胞、低度病变细胞簇团、低度病变细胞。图 9 给出了针对 HXLCT 数据集中部分正常细胞(粘连簇团)区域正确分类示例,第 1~2 行分别是单个正常细胞、正常细胞粘连簇团。

4.3 VGG 16 模型识别结果的定量分析

对应 4.1、4.2 采用的四折交叉验证,采用 HXLCT 的子集 1、2、4 为训练集,子集 3 为测试集,与文献[5-7]方法进行比较。对比方法参数设置均采用文献中的优选值。采用表 2 中的方法对改进 UNet 模型检测出的细胞(粘连簇团)区域进行正常、疑似病变二分类识别,并返回 0.0~1.0 之间的异常度 abnormal 取值,设置疑似病变概率阈值为 0.5。对比指标包括准确率 Accuracy、召回率 Recall、ROC 曲线线下面积 ROC^[26],实验结果见表 2。

$$\text{Accuracy} = \frac{|C_1 \cup C_2|}{|\Omega_1 \cup \Omega_2|}, \quad (2)$$

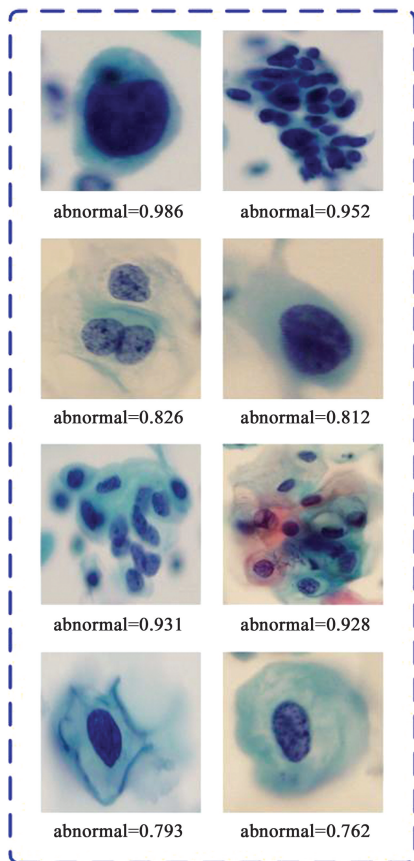


图 8 HXLCT 数据集病变细胞(粘连簇团)正确分类示例

Fig.8 Examples of well-classified abnormal cervical cells (cell cluster) in HXLCT dataset

$$\text{Recall} = \frac{C_2}{\Omega_2}. \quad (3)$$

式(2)、(3)中, C_1 、 C_2 分别为正确判断的正常、疑似病变细胞(粘连簇团)的数量, Ω_1 、 Ω_2 分别为正常、疑似病变细胞(粘连簇团)的数量。

表2 本文方法与现有方法的性能对比

Tab.2 Comparison of performance between the proposed method and existed methods

方法	准确率/%	召回率/%	AUC
PSO-LNN[5]	80.8	82.4	0.721
GEN-LNN[6]	82.7	83.1	0.785
ANN[7]	86.1	86.4	0.831
本文方法	91.6	92.3	0.914

由表2可知,本文方法对正常细胞(粘连簇团)区域以及疑似病变细胞(粘连簇团)区域表现出良好的分类性能,其准确率、召回率、AUC的取值分别为91.6%、92.3%及0.914,优于文献[5-7]方法,原因在于:本文方法突破了传统方法以细胞(粘连)簇团的精确分割为前提的限制,并且不需要人工设计特征,依赖于深度卷积网络根据实际数据,自动构造有效识别特征。此外,文献[5-7]方法的性能相比 Herlev 数据集结果有所下降,原因在于进行对比实验时,我们采用了更符合宫颈细胞病理辅助筛查系统实际应用场景的实验设置,包括:(1)采用改进UNet模型检测出的细胞(粘连簇团)区域作为表2中各种识别模型的输入。文献[5-7]均基于细胞能够准确定位的假设前提,回避了在细胞病理涂片扫描图像中针对细胞(粘连簇团)区域进行检测的难点。(2)采用表2中的方法,在 HXLCT 数据集上同时识别单个细胞、粘连簇团。

4.4 模型运行环境及计算速度

使用表3配置的服务器训练模型,改进UNet网络完成100轮迭代的平均训练时间约为42 h,针对一张病理涂片扫描视野图像的语义

分割时间约为5 s。针对VGG 16模型进行100轮迭代 fine-tuning 的平均训练时间约14 h,针对一个宫颈细胞(粘连簇团)进行识别的平均时间约为3 s。

表3 运算服务器配置

Tab.3 Computing server configuration

名称	数量	型号
CPU	2	Intel(R) Xeon(R) CPU E5-2609v4 1.70 GHz (8核)
GPU	1	CTX1080TI 8 G
内存	8	16 G
硬盘	4	2 TB

5 结 论

所提宫颈细胞病理智能辅助诊断方法,采用改进UNet深度卷积神经网络模型检测出宫颈细胞病理图像中的细胞(粘连簇团)区域,为进一步精确识别宫颈细胞(粘连簇团)区域奠定了基础。然后采用VGG 16深度卷积神经网络模型,结合迁移学习技术,对检测出的细胞(粘连簇团)区域完成精确识别。同时,我们建立了宫颈细胞病理液基涂片扫描图像 HXLCT 数据集,并由资深病理医生完成数据标注,从而填补了该领域研究缺乏符合TBS诊断标准的液基LCT图像数据集的空白。此外,本文还首次针对宫颈细胞粘连簇团的精确识别进行了研究。实验表明,本文方法针对细胞(粘连簇团)区域的检测准确率为91.33%,识别准确率为91.6%,召回率为92.3%,AUC为0.91,表明深度卷积神经网络可以捕获细胞(粘连簇团)区域潜在的基本特征,展现出了促进早期宫颈癌自动辅助筛查系统开发的巨大潜力。本文工作将促进早期宫颈癌自动筛查系统的开发,对于高发病率、高死亡率宫颈癌的早期预防、诊断具有重要意义。

参 考 文 献:

- [1] HUTCHINSON M, SHERMAN M R, ALFARO M, *et al.* Utility of liquid-based cytology for cervical carcinoma screening: results of a population-based study conducted in a region of costa rica with a high incidence of cervical carcinoma.[J]. *Cancer*, 1999, 87(2): 48-55.

- [2] ASHTARIAN H, MIRZABEIGI E, MAHMOODI E, *et al.* Knowledge about cervical cancer and pap smear and the factors influencing the pap test screening among women[J]. *International Journal of Community Based Nursing & Midwifery*, 2017, 5(2): 188-195.
- [3] BIBBO M, HAWTHORNE C. Performance of the autopap primary screening system at jefferson university hospital [J]. *Acta Cytologica*, 1999, 43(1): 27-29.
- [4] THOMAS F K M D. The focalpoint system[J]. *Cancer Cytopathology*, 2004, 102(6): 334-339.
- [5] MARINAKIS Y, MARINAKI M, DOUNIAS G. Particle swarm optimization for pap-smear diagnosis[J]. *Expert Systems with Applications*, 2008, 35(4): 1645-1656.
- [6] MARINAKIS Y, DOUNIAS G, JANTZEN J. Pap smear diagnosis using a hybrid intelligent scheme focusing on genetic algorithm based feature selection and nearest neighbor classification[J]. *Computers in Biology & Medicine*, 2009, 39(1): 69-78.
- [7] CHANKONG T, THEERAUMPON N, AUEPHANWIRIYAKUL S. Automatic cervical cell segmentation and classification in pap smears[J]. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 2014, 113(2): 539-556.
- [8] BORA K, CHOWDHURY M, MAHANTA L B, *et al.* Automated classification of pap smear images to detect cervical dysplasia[J]. *Computer Methods & Programs in Biomedicine*, 2017, 138(1): 31-47.
- [9] JANTZEN J, NORUP J, DOUNIAS G, *et al.* Pap-smear benchmark data for pattern classification[J]. *Nisis*, 2005, 32(1): 1-9.
- [10] Zhang L, Lu L, Nogues I, *et al.* DeepPap: deep convolutional networks for cervical cell classification[J]. *IEEE Journal of Biomedical & Health Informatics*, 2017, 21(6): 1633-1643.
- [11] 刘智, 黄江涛, 冯欣. 构建多尺度深度卷积神经网络行为识别模型[J]. *光学精密工程*, 2017, 25(3): 799-805.
Liu Z, HUANG J T, FENG X. Action recognition model construction based on multi-scale deep convolution neural network[J]. *Optics and precision Engineering*, 2017, 25(3): 799-805. (in Chinese)
- [12] LITJENS G, KOOI T, BEJNORDI B E, *et al.* A survey on deep learning in medical image analysis[J]. *Medical Image Analysis*, 2017, 42(9): 60-88.
- [13] SHIN H C, ROTH H R, GAO M, *et al.* Deep convolutional neural networks for computer-aided detection: cnn architectures, dataset characteristics and transfer learning[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2016, 35(5): 1285-1298.
- [14] MARON H, GALUN M, AIGERMAN N, *et al.* Convolutional neural networks on surfaces via seamless toric covers[J]. *Acm Transactions on Graphics*, 2017, 36(4): 71-95.
- [15] LISKOWSKI P, KRAWIEC K. Segmenting retinal blood vessels with deep neural networks[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2016, 35(11): 2369-2380.
- [16] CHOUGRAD H, ZOUAKI H, ALHEYANE O. Deep convolutional neural networks for breast cancer screening [J]. *Computer Methods & Programs in Biomedicine*, 2018, 157(2): 19-30.
- [17] 周同雪, 朱明. 视频图像中的运动目标检测[J]. *液晶与显示*, 2017, 32(1): 40-47.
ZHOU T X, ZHU M. Moving target detection of the video images[J]. *Chinese Journal of Liquid Crystals Displays*, 2017, 32(1): 40-47. (in Chinese)
- [18] LATSUZBAIA A, HEBETTE G, FISHER M, *et al.* Introduction of liquid-based cytology and human papilloma-virus testing in cervical cancer screening in luxembourg[J]. *Diagnostic Cytopathology*, 2017, 45(5): 384-390.
- [19] BITLER M P, CARPENTER C S. Effects of state cervical cancer insurance mandates on pap test rates[J]. *Health Services Research*, 2017, 52(1): 156-175.
- [20] 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*. Cham, Switzerland, Springer, 2015: 234-241.
- [21] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[J]. *Computer Science*, 2014, 52(3): 1-14.
- [22] HAN D, LIU Q, FAN W. A new image classification method using cnn transfer learning and web data augmentation[J]. *Expert Systems with Applications*, 2018, 95(2): 43-56.

- [23] 余镇,吴凌云,倪东,等. 基于深度学习的胎儿颜面部超声标准切面自动识别[J]. 中国生物医学工程学报, 2017, 36(3): 267-275. YU Z, W L Y, NI D, *et al.* Fetal facial standard plane recognition via deep convolutional neural networks[J]. *Chinese Journal of Biomedical Engineering*, 2017, 36(3): 267-275. (in Chinese)
- [24] RUSSAKOVSKY O, DENG J, SU H, *et al.* ImageNet large scale visual recognition challenge[J]. *International Journal of Computer Vision*, 2015, 115(3): 211-252.

作者简介:廖欣(1981—),女,四川成都人,硕士,病理主治医师;研究方向:妇产科临床病理诊断;人工智能在疾病诊断与病理分析中的应用等。E-mail:xinty927@163.com

郑欣(1981—),男,四川绵阳人,博士后;研究方向:健康大数据;人工智能在大健康及医疗领域的应用等。E-mail:1820745320@qq.com

杨开选(1953—),女,教授,博士后,主要研究方向为妇产科肿瘤病理及人工智能在疾病诊断中的应用。E-mail:huaxipath@aliyun.com