



计算机工程与应用
Computer Engineering and Applications
ISSN 1002-8331, CN 11-2127/TP

《计算机工程与应用》网络首发论文

题目: 基于 SENet 多路网络的乳腺癌转移检测
作者: 刘琳琳, 叶强, 何灵敏
网络首发日期: 2020-10-26
引用格式: 刘琳琳, 叶强, 何灵敏. 基于 SENet 多路网络的乳腺癌转移检测. 计算机工程与应用. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.2127.tp.20201025.1347.002.html>



网络首发: 在编辑部工作流程中, 稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定, 且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式 (包括网络呈现版式) 排版后的稿件, 可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定; 学术研究成果具有创新性、科学性和先进性, 符合编辑部对刊文的录用要求, 不存在学术不端行为及其他侵权行为; 稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准, 正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性, 录用定稿一经发布, 不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容, 只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认: 纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊 (光盘版)》电子杂志社有限公司签约, 在《中国学术期刊 (网络版)》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版, 以单篇或整期出版形式, 在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊 (网络版)》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物 (ISSN 2096-4188, CN 11-6037/Z), 所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

基于 SENet 多路网络的乳腺癌转移检测

刘琳琳, 叶强, 何灵敏

中国计量大学 信息工程学院, 杭州 310018

摘要: 乳腺癌细胞转移是影响病患预后的重要因素, 检查前哨淋巴结病理切片可诊断转移情况。传统病理学医生检查过程冗余费时且极易漏检微转移病灶。目前已有利用卷积神经网络研究乳腺癌前哨淋巴结转移的成果, 但准确率不高且对微转移情况检测效果不佳。针对以上问题, 本研究基于乳腺癌前哨淋巴结病理图像数据集(PCam), 设计提出了 SENet 多路卷积神经网络模型, 模型使用堆叠多路卷积单元和 SENet 模块, 采用跳跃跨层连接、标准卷积与深度可分离卷积融合、加和与串联操作组合等策略。使用 50% 的图像迭代训练 35 次获得模型权重, 后采用准确率与 AUC 值指标对测试图像进行测试, 准确率为 97.32%, AUC 值为 98.05%。对比已有研究成果和主流卷积网络模型, 本模型在 50%、51%、100% 测试集情况下, AUC 值均排名第一。结果表明, 本研究模型对淋巴结转移检测准确率较高, 且对微转移也有很好的检测性能。

关键词: 乳腺癌; 前哨淋巴结转移; PCam; 多路卷积网络; SENet

文献标志码:A doi: 10.3778/j.issn.1002-8331.2005-0248

刘琳琳, 叶强, 何灵敏. 基于 SENet 多路网络的乳腺癌转移检测. 计算机工程与应用

LIU Linlin, YE Qiang, HE Lingmin. Detection of breast cancer metastasis based on SENet multi-channel network. Computer Engineering and Applications

Detection of breast cancer metastasis based on SENet multi-channel network

LIU Linlin, YE Qiang, HE Lingmin

School of Information Engineering, China Jiliang University, Hangzhou 310018, China

Abstract: Metastasis of breast cancer cells is an important factor affecting the prognosis of patients. The traditional pathologist's examination process is redundant and time-consuming and easy to miss the micrometastases. At present, there have been achievements in the study of sentinel lymph node metastasis of breast cancer using convolutional neural network, but the accuracy is not high and the detection effect of micrometastasis is not good. Based on the breast cancer sentinel lymph node pathological image data set (PCam), this study designed and proposed a SENet multichannel convolutional neural network model, using stacked multichannel convolutional units and SENet modules, skipping cross-layer connections, standard convolution and depthwise separable convolution fusion, addition and concatenation operations. The model weight was obtained by using 50% image iteration training for 35 times, and then the accuracy and AUC value indexes were used to test the test image. The accuracy was 97.32% and the AUC value was 98.05%. Compared with the existing research results and the mainstream convolutional network model, the AUC value of this model ranked first in the case of 50%, 51% and 100% test sets. The results show that

基金项目: 国家自然科学基金(No.61303146)。

作者简介: 刘琳琳(1995-),男,硕士研究生,研究领域为计算机视觉,E-mail:workliulin@163.com;叶强(1972-),男,硕士,教授,研究领域为信息处理;何灵敏(1974-),男,博士,副教授,研究领域为机器学习与大数据处理。

this model has a high accuracy in the detection of lymph node metastasis, and a good detection performance for micrometastasis.

Key words: Breast cancer; Sentinel node metastasis; PCam; Multichannel convolutional network; SENet

1 引言

乳腺癌是全世界妇女中最常见和最致命的癌症之一^[1]。虽然乳腺癌患者的预后情况总体较好,5年平均生存率为90%,10年平均生存率为83%,但当乳腺癌转移时,预后会明显恶化^[2]。因此,淋巴结转移是影响乳腺癌患者预后的关键因素之一。临床上前哨淋巴结病理切片的检查结果作为最为准确可靠的“金标准”^[3-4],在临床和科研有着重要的作用。

但前哨淋巴结组织内往往存在较小的微转移^[5],甚至是小到单个癌细胞的转移,诊断工作量较大。对于前哨淋巴结,必须检查至少3个不同水平的淋巴结切片^[6,7]。因此传统病理医生诊断过程是冗长费时的,且极易错过较小的微转移病灶。许多研究人员研究了传统机器学习算法在全视野数字化切片(WSI)^[8]中的应用^[9-11],但传统的机器学习算法多应用于小型数据集,且通常采用人工特征提取的方法,难以提取出有区分性的、高质量的特征。

近年来深度学习广泛的用于病理学图像的研究中^[12,13],目前已有使用卷积神经网络对乳腺癌病理图像进行的相关研究^[14,15]。Spanhol 等人^[16]基于 AlexNet 卷积网络,对 BreaKHis 数据集进行分类,准确率比传统机器学习算法高出 6%。Bayramoglu 等人^[17]采用基于放大倍数独立的卷积网络对 BreaKHis 数据集进行分类,其准确率约 83%。Deniz E 等人^[18]通过微调预训练好的 AlexNet 网络,对乳腺癌的组织病理学图片进行分类,结果证明迁移学习比支持向量机^[19]的识别效果更好。Litjens G 等人^[20]证明使用卷积神经网络 CNN 检测淋巴结中的癌症转移是可行的。Liu Y 等人^[21]利用卷积神经网络在 Camelyon16 数据集上取得了 92.4%的准确率。Veeling B S 等人^[22]公开了 PCam 数据集证明 WSI 图像具有旋转对称和反射对称的特性,并使用旋转等效 CNN 网络进行测试。

虽然目前利用卷积神经网络进行检测已经取得

了诸多成果,但仍存在一些问题,如:(1)已有研究的数据集多为乳腺本身的病理图像,缺乏对乳腺前哨淋巴结转移病理图像的研究;(2)已有的研究中模型往往对癌细胞宏观转移检测效果较好,但对较小的微转移检测效果较差,导致整体检测准确率偏低。

针对以上问题,本研究基于乳腺癌前哨淋巴结病理图像数据集(PCam),设计提出 SENet^[23]多路卷积神经网络模型,用于检测前哨淋巴结病理图像中是否存在乳腺癌细胞转移。本文主要贡献如下:

(1)基于全新的乳腺癌前哨淋巴结病理图像数据集(PCam)进行研究,可检测乳腺癌细胞在前哨淋巴结中的转移情况,对及时诊断乳腺癌病情、确定治疗方案有一定的现实意义。

(2)设计提出了新的网络模型。模型使用堆叠卷积单元的结构以及跨层跳跃连接(Skip connection)的方式,可以不使用池化操作从而增加网络的表征深度;拥有更多的非线性变换,可以加强模型对特征的学习能力;可以减少参数的数量。

(3)设计了 SENet 多路卷积单元。卷积单元内使用标准卷积(Convolution)与深度可分离卷积(Depthwise separable convolution)^[24],分两路进行卷积操作,获取不同粒度特征图谱;后通过加和(Add)和串联(Concatenate)操作将特征图谱进行组合,获取更丰富、更高维度的特征信息来表征图像,防止遗漏较小的特征区域。同时在卷积单元内加入 SENet 注意力模块,可使网络学习利用全局信息执行特征重新校准,从而增强整个网络的表示能力。

2 方法

2.1 总体网络模型设计

本研究设计全新的卷积神经网络模型(见图1),模型使用堆叠多路卷积单元(见图2)的结构和跨层跳跃连接的方式。多路卷积单元内使用标准卷积与深度可分离卷积、加和操作与串联操作组合、SENet 模块(见图5)等组合而成。

网络模型中堆叠使用3个多路卷积单元,每个

卷积单元采用上述方式组合而成，卷积单元内分为两路进行：A路作深度可分离卷积操作获取特征图谱，通过跨层跳跃连接与下一层卷单元A路进行串联操作；B路作标准卷积操作和 SENet 模块获取特征图谱，作为下一层卷积单元 B 路的输入；A、B

两路获取的特征图谱进行串联操作作为下一层卷积单元 A 路的输入。该网络模型可以获得更高维度和更加丰富的特征数据用以表征图像，有效避免在训练过程中模型易忽略较微小转移特征区域的情况，提高整体检测的准确率。

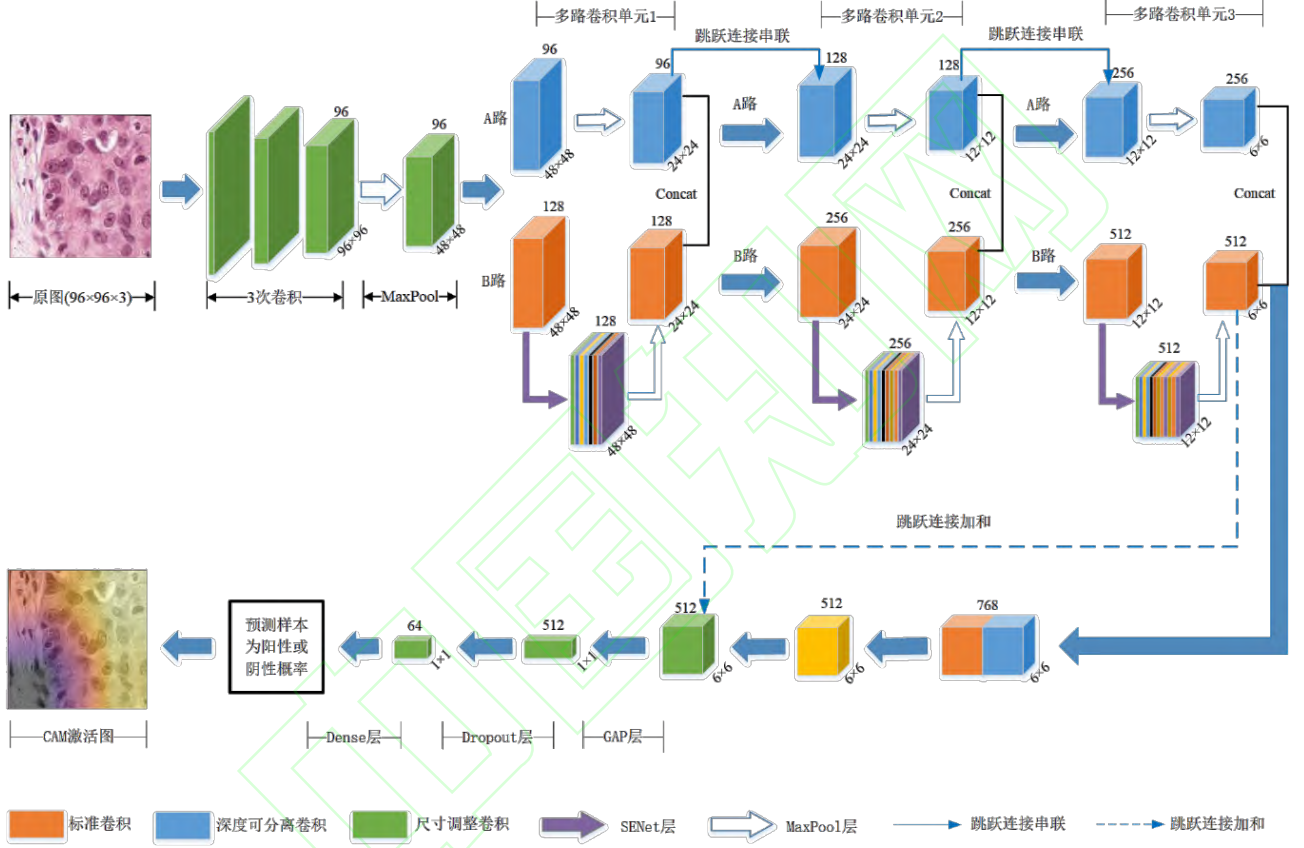


图 1 多路卷积神经网络模型结构

Fig.1 Multi-channel convolutional neural network model structure

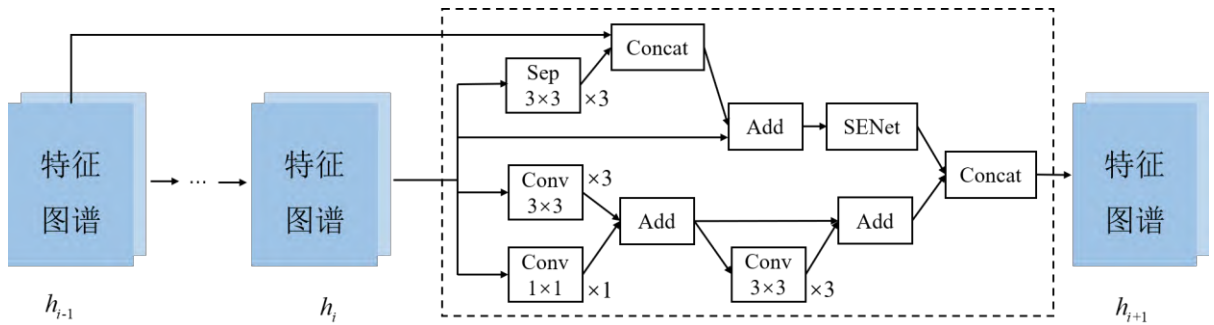


图 2 多路卷积单元结构

Fig.2 Multi-channel convolution unit structure

2.2 多路卷积单元设计

2.2.1 标准卷积与深度可分离卷积

本研究将两种类型的卷积进行融合，以获得更高维度和不同粒度的特征数据表征图像。标准卷积是每个卷积核与输入图片的区域和通道同时进行操作，实现通道相关性和空间相关性的联合映射；设前哨淋巴结病理图像的输入特征 F 的尺寸为 (D_F, D_F, M) ，采用标准卷积核 K 为 (D_K, D_K, M, N) ，输出的特征 G 的尺寸为 (D_G, D_G, N) ， D_F 与 D_G 为每个通道的区域尺寸， M 与 N 为通道数。标准卷积的操作如图 3(a)所示，其计算公式为：

$$G_{k,l,n} = \sum_{i,j,m} K_{i,j,m,n} \cdot F_{k+1,l+j-1,m} \quad (1)$$

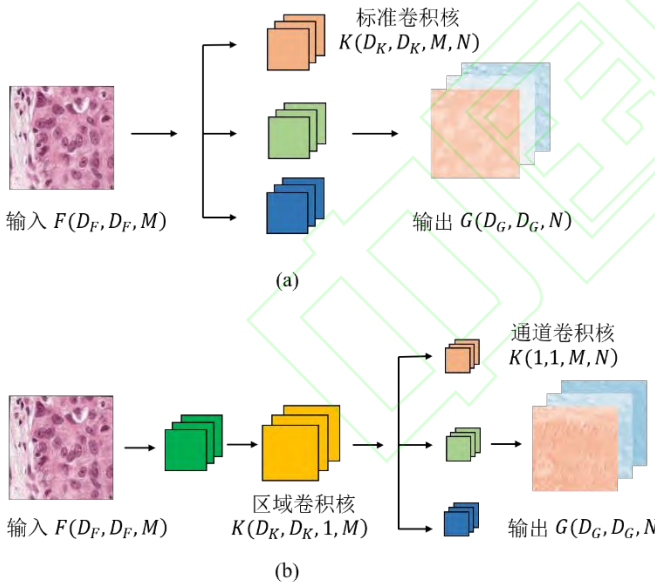


图 3 卷积方式

Fig.3 Convolution method.

(a) 标准卷积；(b) 深度可分离卷积

(a) Convolution; (b) depthwise separable convolution

深度可分离卷积是将标准卷积分为逐点卷积和深度卷积，即卷积核进行的区域卷积提取区域特征后，再进行 1×1 的通道卷积，从而实现区域相关性

和通道相关性的分开映射。设前哨淋巴结病理图像的输入特征 F 的尺寸为 (D_F, D_F, M) ，深度卷积核尺寸为 $(D_K, D_K, 1, M)$ ，输出特征为 (D_G, D_G, M) ；逐点卷积负责转换通道，卷积核尺寸为 $(1, 1, M, N)$ ，输出特征为 (D_G, D_G, N) ，深度可分离卷积的操作如图 3(b)所示，其计算公式为：

$$\hat{G}_{k,l,n} = \sum_{i,j} \hat{K}_{i,j,m} \cdot F_{k+i-1,l+j-1,m} \quad (2)$$

深度可分离卷积的参数数量和计算量约为标准卷积操作的 $1/9$ ，且只会损失很小的精度。

2.2.2 加和操作与串联操作

加和操作是两特征图谱在同一维度数值的叠加，即描述图像特征的每一维信息量增加，但是描述图像的维度没有增加；该操作可避免模型忽略微小的特征区域，避免遗漏病理图像中较小的微转移组织。串联操作是两特征图谱作通道数的合并，即描述图像本身的特征维度增加，但描述图像特征的每一维信息量没有增加；该操作可级联不同粒度的特征信息，多粒度特征有利于图像准确分类。图 4 为第一个卷积单元内，病理图像经过卷积后进行的加和及串联操作进行信息融合的示意图。

假设两路输入的通道数据分别为 x_1, x_2, \dots, x_c 和 y_1, y_2, \dots, y_c ，卷积核为 K_i ， \otimes 表示卷积运算，则：加和操作计算公式为：

$$Z_{add} = \sum_{i=1}^c (X_i + Y_i) \otimes K_i = \sum_{i=1}^c X_i \otimes K_i + \sum_{i=1}^c Y_i \otimes K_i \quad (3)$$

串联操作计算公式为：

$$Z_{concat} = \sum_{i=1}^c X_i \otimes K_i + \sum_{i=1}^c Y_i \otimes K_{i+c} \quad (4)$$

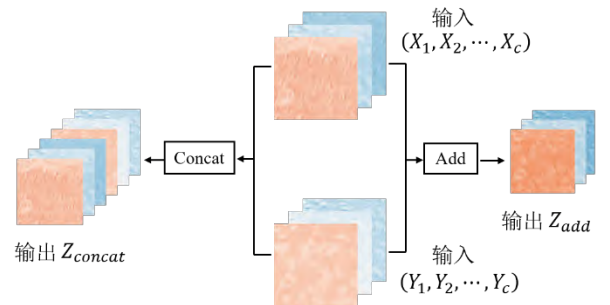


图 4 加和及串联操作

Fig.4 Operation of add and concatenate

2.3 SENet 模块

本研究通过加入 SENet 网络模块作为注意力机制，显式的建模通道之间的相互依赖关系，重新自适应地校准通道式的特征响应。模块主要包含全局信息嵌入(Squeeze)和自适应重新校正(Excitation)两个关键部分，可使神经网络学习利用全局信息执行特征重新校准，来选择性地强调重要的特征并抑制不重要的特征，增强整个网络中表示能力。

2.3.1 全局信息嵌入

Squeeze 操作依据通道信息将空间维度进行特征压缩，即把全局空间信息压缩成一个具有全局的感受野的通道描述符，且输出的维度和输入的特征通道数相匹配，用于表征在特征通道上响应的全局分布。统计信息 $z \in R^c$ 是通过在空间维度 $W \times H$ 上压缩生成的，其中 z 的第 c 个元素通过下式计算：

$$z_c = F_{sq}(\mathbf{u}_c) = \frac{1}{W \times H} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W u_c(i, j) \quad (5)$$

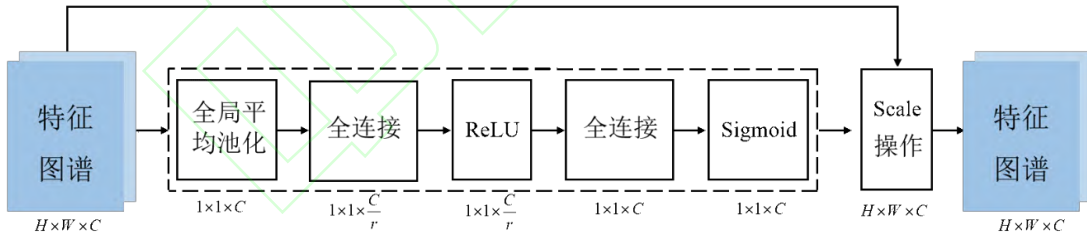


图5 SENet 模块网络结构

Fig.5 Network structure of SENet module

2.4 跨层跳跃连接

跳跃连接可以融合多层高层语义特征信息和低层特征图的细节信息，能够更好地提取不同尺度物体对应的特征信息。同时卷积神经网络层数越深，则模型表征能力越强、性能越好，但是在通过反向传播进行参数更新、最小化损失函数时，会产生梯度消失问题。这是因为反向传播使用链式法，需要

式中，中 $F_{sq}(\cdot)$ 为压缩操作， \mathbf{u}_c 为第 c 个特征。

2.3.2 自适应重新校正

Excitation 操作以捕捉通道的依赖关系为目的，通过学习显式地建模特征通道间的相关性，为每个特征通道生成权重。该操作需要捕捉通道之间的非线性相互作用关系，同时为防止模型变得复杂和提高泛化性需设置两层全连接层。故 Excitation 操作主要由两个全连通(FC)层和两个激活函数组成，表示为：

$$\mathbf{S} = F_{ex}(\mathbf{Z}, \mathbf{W}) = \sigma(g(\mathbf{Z}, \mathbf{W})) = \sigma(\mathbf{W}_2 \delta(\mathbf{W}_1 \mathbf{Z})) \quad (6)$$

式中， $F_{ex}(\cdot)$ 为激励操作， $\sigma(x) = \frac{1}{1+e^{-x}}$ 为 Sigmoid 激活函数， $\delta(x) = \max(0, x)$ 为 ReLU 激活函数；

$s_k \in R^{H \times W}$ ($k = 1, 2, 3, \dots, c$) $\mathbf{S} = \{s_1, s_2, s_3, \dots, s_c\}$ ；

降维层参数 $\mathbf{W}_1 \in R^{\frac{c}{r} \times c}$ ，升维层参数 $\mathbf{W}_2 \in R^{c \times \frac{c}{r}}$ 。

最终的输出通过输入通道与各自的权值相乘得：

$$\mathbf{x}_c = F_{scale}(\mathbf{u}_c, s_c) = s_c \cdot \mathbf{u}_c \quad (7)$$

式中， $\mathbf{X} = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_c]$ ， $F_{scale}(\mathbf{u}_c, s_c)$ 指的是特征映射 $\mathbf{u}_c \in R^{H \times W}$ 和标量 s_c 之间的对应通道乘积。

进行一系列的连乘运算，导致浅层隐层网络梯度出现剧烈的衰减造成的。因此，本研究在卷积单元间使用跳跃连接进行跨层连接（见图 2，b 中虚线）解决此问题，计算公式为^[25]：

$$h_{i+1} = h_i + F(h_i, \theta_i) \quad (8)$$

式中 h_i 表示第 i 层特征输入， h_{i+1} 表示输出， F 表示残差函数， θ_i 表示权重。

3 实验设计

3.1 数据集描述

本文采用数据集 PatchCamelyon(PCam) [21,22], 该数据集是在 10 倍物镜, $2.43\mu\text{m}$ 像素分辨率下, 对整张 H&E 染色的前哨淋巴结切片图像进行采样, 提取到 327680 张 RGB 三通道 $96\text{px} \times 96\text{px}$ 的彩色图像。每个图像注有 0 或 1 的标签: 标签为 1 表示阳性样本标记, 表示图像 $32\text{px} \times 32\text{px}$ 的中心区域至少有一个肿瘤组织像素(即存在癌细胞转移), 如图 6 所示。

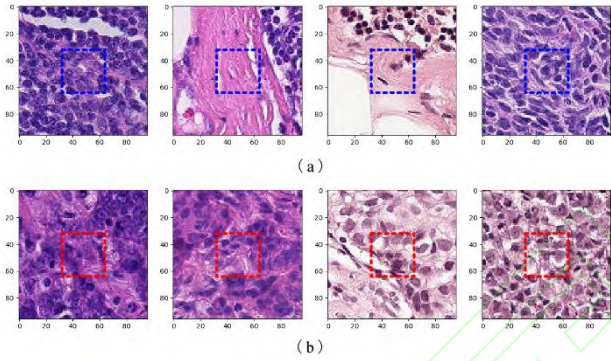


图 6 PCam 数据集部分图像

Fig.6 The partial images of PCam dataset

(a) 阴性样本; (b) 阳性样本

(a) Negative samples; (b) positive samples

为了提高模型对未知图像的泛化性能, 本研究应用了以下图像增强方法: 水平旋转、垂直旋转、图像缩放 80%~110%、每边裁剪 0~25%、平移 -20%~+20%、剪切 -18~+18、旋转 -45°~+45°、锐化 0~1.0、浮雕 0~1.0、高斯模糊 0~3.0、局部模糊 2~7。

3.2 实验环境

实验使用的环境如下: 处理器, Intel(R) Xeon(R) CPU E5-2630 v4 @ 2.20 GHz; 内存(RAM), 128 GB; 独立显卡, GeForce GTX Titan X; 系统类型, 64 位 Ubuntu16.04; 开发工具, Python 3.6, Keras 框架。

3.3 训练策略

网络的训练初始学习率设置为 0.1, 衰减率为 0.1, 优化器为 Adam, 动量为 0.9, 损失函数为 Binary crossentropy, 迭代次数为 35 次。图像数据集被随机分为三部分: 50% 作训练集、25% 作验证集、25% 作测试集。其中训练集用于训练以获取权重和参数;

验证集用于验证效果调整参数, 在训练过程中使用模型对验证集数据进行预测, 根据验证集结果进行微调, 以选出结果最优的模型所对应的参数和激活函数; 测试集用于测试模型的检测精度与泛化性能。

3.4 评价标准

3.4.1 准确率

准确率是测试集中模型正确的分类样本数占总样本数的比例, 反映了模型的预测分类能力, 公式为:

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{P + N} \quad (9)$$

式中: P 表示阳性样本数, N 表示阴性样本数, TP 表示实际为阳性且被预测为阳性的数目, TN 表示实际为阴性且被预测为阴性的数目。

3.4.2 ROC 曲线和 AUC 值

使用 ROC 曲线 (Receiver Operating Characteristic) 对预测结果进行评估。ROC 曲线无法定量分析, 故使用曲线下的面积 AUC (Area Under Roc Curve) 作评估指标, 公式^[26]为:

$$\begin{aligned} AUC = 1 - \frac{1}{m^+ m^-} \sum_{x^+ \in D^+} \sum_{x^- \in D^-} (W(f(x^+) < f(x^-))) - \\ \frac{1}{m^+ m^-} \sum_{x^+ \in D^+} \sum_{x^- \in D^-} \left(\frac{1}{2} W(f(x^+) = f(x^-)) \right) \end{aligned} \quad (10)$$

式中, D^+ 为所有阳性样本的集合, x^+ 为其中一个阳性样本, D^- 为所有阴性样本的集合, x^- 为其中一个阴性样本, $f(x)$ 是模型对样本 x 的预测结果, 在 0~1 之间, $W(x)$ 仅在 x 为真时取 1, 否则取 0。

4 结果及分析

本研究模型训练过程中损失值变化情况如图 7 所示, 可见: 前 10 次迭代训练过程以初试学习率 0.1 进行, 验证集损失值快速下降, 效果较为明显; 之后的训练过程中, 损失值发生小幅度上升, 表明在该学习率下模型已经达到局部最优, 故学习率衰减为 0.01 继续训练; 迭代至 34 次时, 网络逐渐收敛趋于稳定, 模型达到最优。利用训练后的模型对测试集中图像进行测试, 实验的精度值可达到 97.32%, ROC 曲线的 AUC 值为 98.05% (见图 8)。

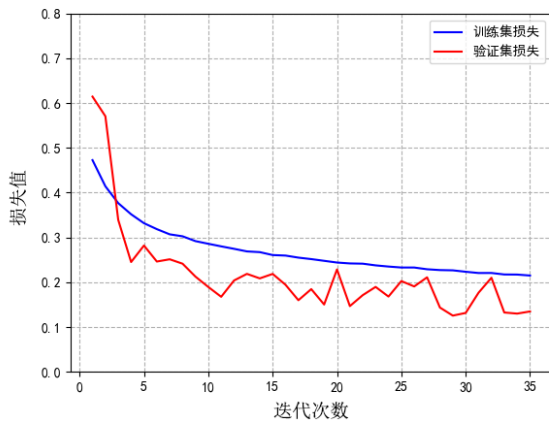


图 7 训练过程中损失值变化情况

Fig.7 Change of accuracy during training

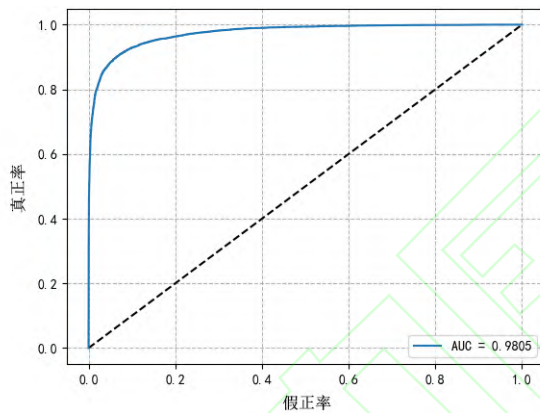


图 8 测试集 ROC 曲线及 AUC 值

Fig.8 ROC curve and AUC value of test set

为评估该模型的检测性能，分别于已有研究成果和主流卷积神经网络模型在相同实验环境下，对相同的测试集进行对比试验。同时为避免模型过拟合，以得到泛化能力好的模型，设置 49%、51%、100%的测试集分别进行测试。结果见表 1，表内数据为各模型对不同比例的测试集进行测试获得的 AUC 值。由表 1 可知，在不同比例的测试集上，本研究模型预测的 AUC 值均高于其他模型，表明该模型具有较好的检测性能，且模型在不同比例的测试集情况下测试结果相近，表明模型的泛化性较好。

选取部分阳性样本，绘制其类激活映射（Class Activation Mapping, CAM）图^[27]，如图 9 所示。通过 CAM 图可确定模型所关注的图像具体特征区域，即图像中高亮显示的区域为模型检测到的乳腺癌转移组织所在区域。

表 1 本模型与其他模型对比实验结果

Table 1 The results of model compared with other models

模型	49%测试集	51%测试集	100%测试集
VGG16	83.57%	83.54%	83.56%
ResNet50	92.75%	92.76%	92.76%
ResNet101	90.21%	90.03%	90.12%
DenseNet121	94.67%	94.69%	94.68%
DenseNet169	92.85%	92.88%	92.87%
NasNet	95.76%	95.73%	95.75%
GDenseNet[21]	—	—	96.30%
本研究模型	98.03%	98.06%	98.05%

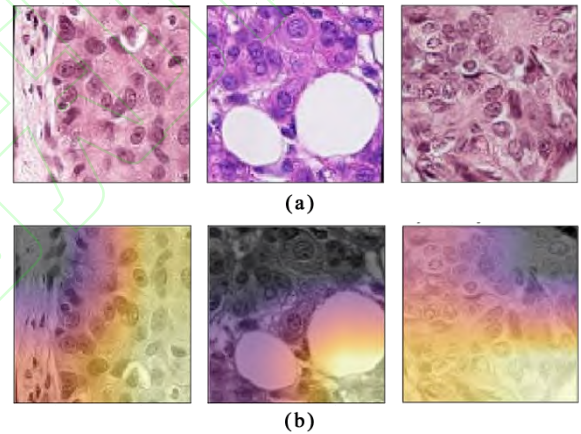


图 9 原始图与 CAM 激活图

Fig.9 Original images and class activation mappings

(a)原始图; (b)CAM 激活图

(a) Original images; (b) class activation mappings

为探究本模型的检测机理以及各模块的检测效果，通过设置不同的网络结构对测试集中图像进行测试，结果如表 2 所示。

表 2 不同网络结构的对比实验结果

Table 2 Comparison of results of different network structures

网络结构设置	49%测试集	51%测试集	100%测试集
多路无 SENet	94.56%	94.53%	94.55%
单路加 SENet	93.74%	93.75%	93.75%
1 个卷积单元	81.20%	81.02%	81.11%
2 个卷积单元	90.68%	90.70%	90.69%
4 个卷积单元	87.81%	87.80%	87.81%
本研究模型	98.03%	98.06%	98.05%

由表 2 中数据可分析：在 SENet 模块方面，本研究模型中 SENet 模块和多路网络的设计，可以有效地提高模型的检测性能。在卷积单元的数量上，设置为 3 个可达到最好效果，若卷积单元数量较少、卷积网络较浅，则无法高度概括图像和获取图像的特征信息，造成检测精度较低；而卷积单元超过 3 个以后，检测精度反而下降，这可能是由于网络层数的加深，对图像特征信息进行高度概括，导致对特征区域较小的微转移检测效果较差甚至忽略，从而导致模型在测试过程中整体的预测精度下降。

进一步探究本模型对特征区域较小的微转移情况的检测效果，选取存在有多个微转移病灶的病理图像，在相同训练条件下，使用不同的模型和结构进行测试绘制 CAM 激活图，如图 10 所示。

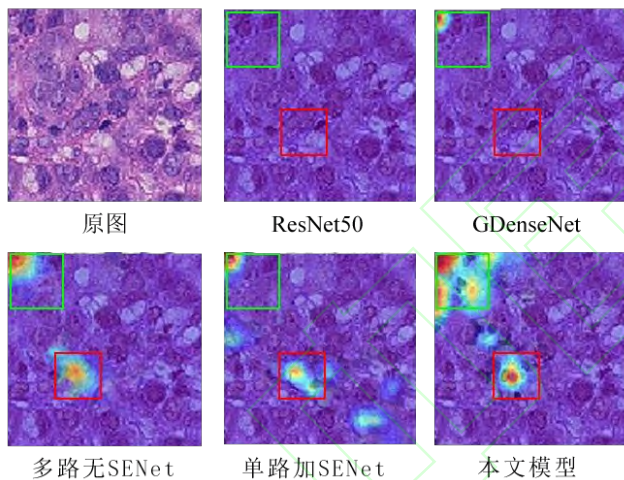


图 10 各模型对微转移情况检测效果

Fig.10 Detection effect of each model for micrometastasis

由图 10 中标记的两处矩形框区域可分析：已有的 ResNet50、GDenseNet 等网络模型对微转移情况检测效果不佳。多路无 SENet 和单路加 SENet 两种结构可以识别出部分微转移区域。本研究模型使用多路 SENet 的结构，可以更为详尽、准确的识别微转移区域。这是由于卷积单元内两种卷积方式的加和、串联操作，获取了更高维度、多粒度的特征信息；SENet 模块作为注意力机制，可以突出重要的特征区域。通过多路卷积单元和 SENet 模块的有机结合，使得本模型对特征区域较小的微转移也有很好的检测效果。

5 结论

本研究基于乳腺癌前哨淋巴结病理图像（PCam）数据集，设计提出了新的 SENet 多路卷积神经网络模型。模型堆叠使用 SENet 多路卷积单元和跨层跳跃连接的结构进行图像特征提取和乳腺癌前哨淋巴结转移检测。

实验结果表明，该模型对乳腺癌前哨淋巴结转移有较好的检测效果，对比目前已有研究和主流的卷积神经网络，检测精度均有明显的提升。同时探究了模型的检测机理和对微转移区域的检测效果：

由于多路卷积单元内使用标准卷积与深度可分离卷积融合、加和操作与串联操作组合、跳跃连接等方式，使得模型可以获取更高维度、更丰富的多粒度图像特征信息；SENet 模块可使神经网络学习利用全局信息执行特征重新校准，突出特征信息，避免忽略较小的微转移特征区域，因此对乳腺癌的宏观转移与微转移情况都有较好的检测效果。

为进一步提高模型检测的准确率，后续还有很多工作要做，例如：在数据集上，可增加训练样本数量，对数据进行扩充，进一步增强模型的泛化能力；在网络模型上，可修改网络结构，增加其他注意力机制，进一步提高模型对特征区域较小的微转移情况的检测精度。

参考文献：

- [1] Siegel R L, Miller K D, Jemal A. Cancer statistics, 2016[J]. CA: a cancer journal for clinicians, 2016, 66(1): 7-30.
- [2] Howlader N, Noone A M, Krapcho M, et al. SEER cancer statistics review, 1975-2014, National Cancer Institute[J]. Bethesda, MD, 2017: 1-12.
- [3] Fischer A H, Jacobson K A, Rose J, et al. Hematoxylin and eosin staining of tissue and cell sections[J]. Cold spring harbor protocols, 2008(5): pdb. prot4986.
- [4] Kovach A E. Rubin's Pathology, Clinicopathologic Foundations of Medicine[J]. The American Journal of Surgical Pathology, 2008, 32(9): 1427.
- [5] Litjens G, Bandi P, EhteshamiBejnordi B, et al. 1399 H&E-stained sentinel lymph node sections of breast cancer patients: the CAMELYON dataset[J]. GigaScience, 2018, 7(6): giy065.
- [6] Weaver D L. Pathology evaluation of sentinel lymph nodes in breast cancer: protocol recommendations and rationale[J]. Modern Pathology, 2010, 23(2): S26-S32.
- [7] Somner J E A, Dixon J M J, Thomas J S J. Node retrieval in axillary lymph node dissections: recommendations for minimum numbers to be confident about node negative status[J]. Journal of clinical pathology, 2004, 57(8): 845-848.
- [8] Webster J D, Dunstan R W. Whole-slide imaging and au-

- tomated image analysis: considerations and opportunities in the practice of pathology[J]. *Veterinary Pathology*, 2014, 51(1): 211-223.
- [9] Wolberg W H, Street W N, Mangasarian O L. Machine learning techniques to diagnose breast cancer from image-processed nuclear features of fine needle aspirates[J]. *Cancer Letters*, 1994, 77(2-3): 163-171.
- [10] Wang P, Hu X, Li Y, et al. Automatic cell nuclei segmentation and classification of breast cancer histopathology images[J]. *Signal Processing*, 2016, 122: 1-13.
- [11] Spanhol F A, Oliveira L S, Petitjean C, et al. A dataset for breast cancer histopathological image classification[J]. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 2015, 63(7): 1455-1462.
- [12] LeCun Y, Bengio Y, Hinton G. Deep learning[J]. *Nature*, 2015, 521(7553): 436-444.
- [13] He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//*IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Las Vegas: IEEE, 2016:770-778.
- [14] 闫雯, 汤焱, 张益肇, 等. 深度学习在数字病理中的应用[J]. *中国生物医学工程学报*, 2018, 37(1):95-105.
Yan W, Tang Y, Zhang Y Z, et al. Application of deep learning in digital pathology[J]. *Chinese Journal of Biomedical Engineering*, 2018, 37 (1): 95-105
- [15] Steiner D F, MacDonald R, Liu Y, et al. Impact of deep learning assistance on the histopathologic review of lymph nodes for metastatic breast cancer[J]. *The American Journal of Surgical Pathology*, 2018, 42(12): 1636.
- [16] Spanhol F A, Oliveira L S, Petitjean C, et al. Breast cancer histopathological image classification using convolutional neural networks[C]//*2016 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN)*. Vancouver:IEEE,2016:2560-2567.
- [17] Bayramoglu N, Kannala J, Heikkilä J. Deep learning for magnification independent breast cancer histopathology image classification[C]//*2016 23rd International Conference on Pattern Recognition (ICPR)*. Cancun: IEEE, 2016:2440-2445.
- [18] Deniz E, Şengür A, Kadiroğlu Z, et al. Transfer learning based histopathologic image classification for breast cancer detection[J]. *Health Information Science and Systems*, 2018, 6(1): 18.
- [19] Hearst M A, Dumais S T, Osuna E, et al. Support vector machines[J]. *IEEE Intelligent Systems and Their Applications*, 1998, 13(4): 18-28.
- [20] Litjens G, Sánchez C I, Timofeeva N, et al. Deep learning as a tool for increased accuracy and efficiency of histopathological diagnosis[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 26286.
- [21] Liu Y, Gadepalli K, Norouzi M, et al. Detecting cancer metastases on gigapixel pathology images[J]. *arXiv Preprint arXiv:1703.02442*, 2017.
- [22] Veeling B S, Linmans J, Winkens J, et al. Rotation equivariant CNNs for digital pathology[C]//*International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI)*. Cham:Springer International Publishing,2018:210-218.
- [23] Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks[C]//*Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 2018: 7132-7141.
- [24] Chollet, Francois. Xception: Deep learning with depth-wisely separable convolutions[C]//*IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Honolulu: IEEE, 2017: 1251-1258.
- [25] Chen R T Q, Rubanova Y, Bettencourt J, et al. Neural ordinary differential equations[C]//*Conference and Workshop on Neural Information Processing Systems (NIPS)*. Montreal:Curran Associates,2018:6571-6583.
- [26] 周志华. 机器学习[M]. 北京:清华大学出版社. 2016.01.
Zhou Z H. *Machine learning* [M]. Beijing: Tsinghua University Press. January 2016.
- [27] Zhou B, Khosla A, Lapedriza A, et al. Learning deep features for discriminative localization[C]//*IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Las Vegas: IEEE,2016:2921-2929.