

DOI: 10.7652/xjtub201911018

## 多卷积神经网络模型融合的皮肤病识别方法

许美凤<sup>1</sup>, 国雷达<sup>2</sup>, 宋盼盼<sup>2</sup>, 迟玉婷<sup>2</sup>, 杜少毅<sup>3</sup>, 耿松梅<sup>1</sup>, 张勇<sup>4</sup>

(1. 西安交通大学第二附属医院皮肤病院, 710004, 西安; 2. 西安交通大学软件学院, 710049, 西安;  
3. 西安交通大学人工智能与机器人研究所, 710049, 西安; 4. 西安交通大学第一附属医院胸外科, 710061, 西安)

**摘要:** 针对皮肤病中基底细胞癌与脂溢性角化病的临床特征非常相似、不易区分的问题,提出了一种面向皮肤病识别的多卷积神经网络(CNN)模型融合方法。使用迁移学习方法训练 ResNet、Xception、DensNet 共 3 个 CNN 模型,获得每个模型的最佳识别结果。在此基础上,利用传统融合方法、投票法和均方误差作为损失函数来融合多模型的识别结果,从而提高皮肤病的识别精度。为了有效克服皮肤病识别中噪声的影响以提高模型的精度和泛化能力,提出将最大相关熵准则(MCC)作为多 CNN 模型融合的目标函数,并使用梯度上升法学习不同模型对最终结果的贡献权重,从而建立基于 MCC 的多 CNN 融合模型。在基底细胞癌和脂溢性角化病数据集上的实验结果表明:相比于多个单模型的预测结果,提出的使用模型融合的方法取得了更高的识别准确率;相比于传统模型融合方法,提出的基于 MCC 的多 CNN 融合识别模型可以较好地克服噪声并具有较强的泛化能力,识别准确率达到 97.07%,超过了 CNN 单模型和传统的多模型融合方法。

**关键词:** 卷积神经网络;多模型融合;皮肤病识别;均方误差;最大相关熵准则

**中图分类号:** TP38 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-987X(2019)11-0125-06

## Skin Disease Recognition Method Based on Multi-Model Fusion of Convolutional Neural Network

XU Meifeng<sup>1</sup>, GUO Leida<sup>2</sup>, SONG Panpan<sup>2</sup>, CHI Yuting<sup>2</sup>, DU Shaoyi<sup>3</sup>,  
GENG Songmei<sup>1</sup>, ZHANG Yong<sup>4</sup>

(1. Department of Dermatology, The Second Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710004, China;  
2. School of Software Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China; 3. Institute of Artificial  
Intelligence and Robotics, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China; 4. Department of Thoracic  
Surgery, The First Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710061, China)

**Abstract:** To solve the problem that the clinical features of basal cell carcinoma and seborrheic keratosis in skin diseases are very similar and difficult to classify, a multi-model fusion method of convolutional neural network (CNN) for dermatological recognition is proposed. The transfer learning method is used to train various CNN models, such as ResNet, Xception, and DensNet, to obtain the best recognition result for each model. Then, following the traditional fusion principle, voting and mean square error are considered as loss functions to fuse these three models to improve the recognition accuracy. To eliminate the influence of noise on skin disease recognition, and to heighten the accuracy and generalization ability of the proposed model, the maximum correntropy criterion (MCC) is used as the objective function of the multi-CNN fusion

收稿日期: 2019-04-04。 作者简介: 许美凤(1977—),女,主治医师;张勇(通信作者),男,副主任医师。 基金项目: 国家重点研发计划资助项目(2017YFA0700800)。

网络出版时间: 2019-07-16

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1069.T.20190715.0953.002.html>

<http://zkxb.xjtu.edu.cn>

model, and the gradient ascent method is used to learn the contribution weight of different models according to the final results, thus a multi-CNN fusion model based on MCC is established. Experimental analysis is performed on the established basal cell carcinoma and seborrheic keratosis datasets. Compared with the prediction results of several single-model methods, the proposed multi-model fusion method achieves higher recognition accuracy. And compared with the traditional model fusion method, the proposed MCC-based multi-CNN fusion classification model gains strong generalization ability and can more effectively eliminate noise, it achieves an accuracy of 97.07%, exceeding that of the CNN single-model method and traditional multi-model fusion method.

**Keywords:** convolutional neural network; multi-model fusion method; dermatological recognition; mean square error; maximum correntropy criterion

皮肤癌的发病率非常高,是最常被诊断的癌症类型。基底细胞癌是最常见的皮肤癌,所以尽早发现基底细胞癌对预防和治疗很关键<sup>[1]</sup>。脂溢性角化病与基底细胞癌的临床症状和皮肤病理影像具有非常高的相似性。医生一般通过观察每个切片的皮肤病理影像特征来判断所属类别,由于医生具有个体差异性,一旦医生出现判别疲劳,准确率将会下降。在医疗条件不完善的情况下,基底细胞癌和脂溢性角化病的误诊率很高,这导致许多患者无法得到及时有效的治疗。随着机器学习技术的发展,可以使用机器学习方法对它们进行自动识别,以提高医生的效率,并解决医疗条件不足时病患的确诊和治疗。

随着数据量的扩增和计算能力的提高,深度学习已广泛用于医学影像诊断中,例如:使用3D全卷积网络分割器官和血管<sup>[2]</sup>;使用无监督GANet对病理图像进行识别<sup>[3]</sup>;使用目标检测方法在乳房X光照片上检测并识别恶性或者良性病变<sup>[4]</sup>;使用生成对抗网络生成高质量的肝脏病变感兴趣区域,用于提高肝脏病变识别准确率<sup>[5]</sup>等。卷积神经网络(CNN)是深度前馈神经网络,已成功应用于图像识别研究。自Lecun等识别手写数字<sup>[6]</sup>以来,基于CNN的图像识别、检测、分割、配准和检索已成为热门话题。虽然CNN单模型如AlexNet<sup>[7]</sup>、PCANet<sup>[8]</sup>、VGG<sup>[9]</sup>和GoogLeNet<sup>[10]</sup>已经能够获得较准确的图像识别结果,但仍有很大的改进空间。

本文为了提高模型的识别准确性,首先在基底细胞癌和脂溢性角化数据集上训练多个单模型,以获得良好的识别结果。由于单个模型的准确性有限,可以使用多个模型集合来准确识别病理切片。其次,由于投票和线性回归等传统融合方法无法很好地处理噪声,因此提出了一种基于最大相关熵准则(MCC)的多模型融合方法,用于降低噪声干扰并

提高模型的准确性<sup>[11-12]</sup>。最后,对基底细胞癌和脂溢性角化病进行了识别实验,结果表明,本文提出的模型相比单个模型具有很高的准确性和抗噪性。

## 1 卷积神经网络

随着硬件设备性能的提高和数据量的急速增加,深度学习方法已成为医学图像的主要处理方法,图1为CNN方法的结构。CNN通过卷积核对原始图像进行卷积以提取图像的特征,然后使用激活函数使神经网络具有非线性特征。池化层用于在缩小图像尺度的同时保留提取到的图像相关特征。全连接层能够将前面层的特征融合在一起,并最终产生预测输出。批量归一化方法<sup>[13]</sup>对每层的输入分布进行调整,从而加速神经网络计算并改善神经网络梯度。神经网络通过反向传播来学习每个参数的权重<sup>[14]</sup>。每层卷积核所学习的特征是不同的,前面的卷积层的卷积可以学习图像的局部特征,后面的卷积层能够学习图像的全局特征,因此在识别相似的图像时,提取局部特征的网络层更为重要<sup>[15]</sup>。在医学图像处理中,标注数据的数量通常是有限的,因此许多医学图像处理需要使用迁移学习<sup>[16]</sup>。迁移学习是一种可以将现有任务上表现良好的模型迁移到类似的任务中并取得较好效果的方法<sup>[17]</sup>。因此,可以使用在其他大型数据集上的预训练模型作为初始模型的参数,然后将其在目标任务上进行迁移学习,以便模型可以快速收敛到更好的结果。

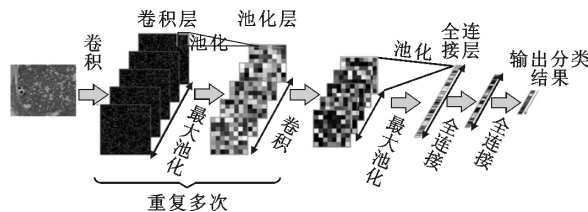


图1 CNN方法的结构

在 CNN 模型中, ResNet<sup>[18]</sup>、Xception<sup>[19]</sup> 和 DensNet<sup>[20]</sup> 为主要的图像识别网络,其原理如下。随着神经网络的深度增加,梯度消失和梯度爆炸使得网络变得难以训练。ResNet 使用深度残差网络,可以有效地解决此问题。作为 Inception v3 的改进,Xception 引入了基于 Inception v3 的深度可分卷积,在不增加网络复杂度的同时提高了精度。DensNet 是一种新的卷积网络架构,引入了相同尺度的特征之间的密集连接。DenseNet 的优点是减轻了消失梯度,增强了特征的传播,促进了特征的重用,并大大减少了参数的数量。在一系列图像识别数据集上,DenseNet 以较少的计算实现了更高的性能。

## 2 多卷积神经网络模型融合方法

### 2.1 多模型融合框架

虽然 CNN 单模型取得了很大进展,但准确性仍然有限。为了解决这个问题,通常使用多模型融合方法。传统的多模型融合方法,例如基于投票和线性回归的方法等,虽然可以提高模型的准确性<sup>[21]</sup>,但是还有可以改进的空间。投票法的缺点是准确率高的模型与准确率低的模型的权重相同,使得具有最高准确率的单个模型对集合模型的贡献变小。因此,融合模型方法的核心是如何学习权重以最大化准确率。图 2 显示了模型融合的框架,其中包括在数据集上训练 DensNet、Xception 和 ResNet 模型,然后学习每个单模型对最终模型的权重。

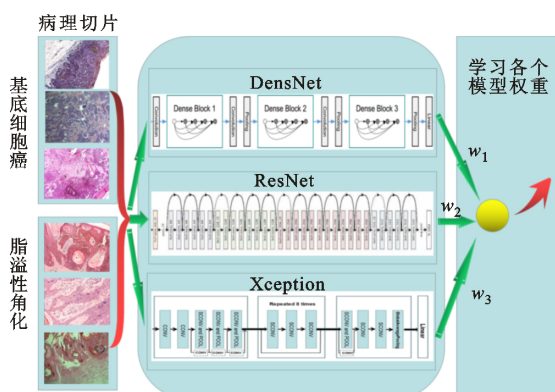


图 2 基于 DensNet、Xception 和 ResNet 的融合模型框架

学习不同模型权重的经典方法是线性回归,通常使用均方误差(MSE)作为线性回归损失函数<sup>[22]</sup>,MSE 用于度量预测值与真实值之间差异。因此,基于已训练的 3 个单模型,使用 MSE 来学习每个模型的参数。

使用  $f(x_i)$  来表示集合模型中的第  $i$  个样本预测值。 $x_i = [p_{i1}, p_{i2}, p_{i3}]^T$  表示第  $i$  个样本在 3 个模

型中的输出概率,其中  $p_{ij} = [p_{ij1}, p_{ij2}]^T, j = 1, 2, 3$ , 表示第  $i$  个样本在第  $j$  个模型中分别属于基底细胞癌的概率和脂溢性角化病的概率。使用  $w = [w_1, w_2, w_3]$  表示融合模型的权重, $w_j$  表示第  $j$  个模型的权重。因此, $f(x_i)$  可以表示为

$$f(x_i) = w_1 \begin{bmatrix} p_{i11} \\ p_{i12} \end{bmatrix} + w_2 \begin{bmatrix} p_{i21} \\ p_{i22} \end{bmatrix} + w_3 \begin{bmatrix} p_{i31} \\ p_{i32} \end{bmatrix} + b = w_1 p_{i1} + w_2 p_{i2} + w_3 p_{i3} + b = [\omega_1, \omega_2, \omega_3][p_{i1}, p_{i2}, p_{i3}]^T + b = wx_i + b \quad (1)$$

式中  $b$  是常数项。现假设有  $m$  个样本,可以通过最小化 MSE 来测量预测值  $f(x_i)$  和第  $i$  个样本真实标签  $y_i$  之间的差异,即

$$J_1(w, b) = \min_{w, b} \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \|f(x_i) - y_i\|_2^2 = \min_{w, b} \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \|wx_i + b - y_i\|_2^2 \quad (2)$$

基于 MSE 的多模型融合方法学习每个模型的不同权重,可以结合每个单模型的优点,以最大化每个模型对最终效果的贡献,提高模型的灵敏度和准确性。预测值与真实值越接近,则最终的损失越小;反之,预测值与真实值之间的损失呈二次方增加。这意味着噪声和异常值对整体影响很大。在正常情况下,MSE 适用于遵循正态分布的数据,但如果存在许多噪声,MSE 则不是最优的相似性估计器。

### 2.2 基于相关熵准则的多模型融合方法

众所周知,MSE 并不能有效克服数据中的噪声,但基底细胞癌和脂溢性角化病的数据有很多噪声,各个单模型的判别结果也不稳定,所以基于 MSE 的方法效果不佳。因此,本文提出了一种基于 MCC 的多模型融合方法来解决这个问题。

相关熵与 MSE 非常类似,也适用于量化两个随机变量  $A$  和  $B$  之间的相似性,变量  $A$  和  $B$  的相关熵为

$$V_\sigma(A, B) = E[\partial_\sigma(A - B)] = E\left[\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{(A - B)^2}{2\sigma^2}\right)\right] \quad (3)$$

式中: $\partial_\sigma(\cdot)$  是核函数; $\sigma$  是核宽度; $E(\cdot)$  代表数学期望。核宽度控制评估相似性的窗口,核函数将输入空间映射到更高维度的空间, $1/2\sigma^2$  称为核参数。

本文将相关熵准则应用于学习多个单模型的参数并减少噪声的影响。相关熵目标函数定义为

$$J_2(w, b) = \max_{w, b} \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{\|wx_i + b - y_i\|_2^2}{2\sigma^2}\right) \quad (4)$$

相关熵准则用于量化预测值和真实值之间的相似性。当预测值等于真实值时,熵准则获得最大值。随着预测值和真实值之间的差异增加,熵的极限趋近于0。这意味着当预测值和真值之间存在较大差异时,该方法对噪声和异常值具有良好的抑制效果。

优化目标是通过最大化式(4)的值来学习参数  $w$  和  $b$ 。梯度上升方法可迭代地求解目标函数的最大值。梯度上升方法意味着每次迭代都在函数的当前梯度的正方向上执行。 $w^{k-1}$ 、 $w^k$  分别表示第  $(k-1)$  次和第  $k$  次权重更新的矩阵, $b^{k-1}$  和  $b^k$  分别表示第  $(k-1)$  次和第  $k$  次更新的值。可对目标函数执行梯度上升方法,即

$$w^k = w^{k-1} + \lambda \frac{\partial J_2(w^{k-1}, b^{k-1})}{\partial w^{k-1}} = w^{k-1} + \lambda \frac{(y_i - w^{k-1}x_i - b^{k-1})x_i}{\sqrt{2\pi\sigma^3}} \exp\left(-\frac{(y_i - w^{k-1}x_i - b^{k-1})^2}{2\sigma^2}\right) \quad (5)$$

$$b^k = b^{k-1} + \lambda \frac{\partial J_2(w^{k-1}, b^{k-1})}{\partial b} = b^{k-1} + \lambda \frac{y_i - w^{k-1}x_i - b^{k-1}}{\sqrt{2\pi\sigma^3}} \exp\left(-\frac{(y_i - w^{k-1}x_i - b^{k-1})^2}{2\sigma^2}\right) \quad (6)$$

式中  $\lambda$  为学习速率。通过对熵准则进行梯度上升,经过多次迭代使目标函数接近最大值,以达到学习参数  $w$ 、 $b$  的目的。

参数  $\sigma$  影响所提方法中的回归效果和抵抗噪声的能力。从式(4)可知:如果  $\sigma$  较大,则所提方法具有与基于 MSE 的融合方法类似的性能,这意味着它不能有效克服噪声;如果  $\sigma$  较小,则所提方法将能抵抗噪声并产生更好的结果。另外,方法的收敛速度也受  $\sigma$  的影响, $\sigma$  越大,则收敛速度越快。

### 3 实验比较和分析

本节通过实验评估了本文方法在基底细胞癌和脂溢性角化病的病理切片上的识别表现。实验数据来自西安交通大学第二附属医院皮肤病院,基底细胞癌病理切片有 1 100 例,脂溢性角化病理切片有 2 000 例,通过旋转与部分裁剪来获得更多的训练数据。实验中将单模型与本文方法在识别精确率、召回率和准确率共 3 个方面进行比较,同时也将本文方法与传统的融合模型进行比较,以证明基于 MCC 的多模型融合方法的有效性。

#### 3.1 与单模型比较

使用在 ImageNet 上预训练的网络模型作为初

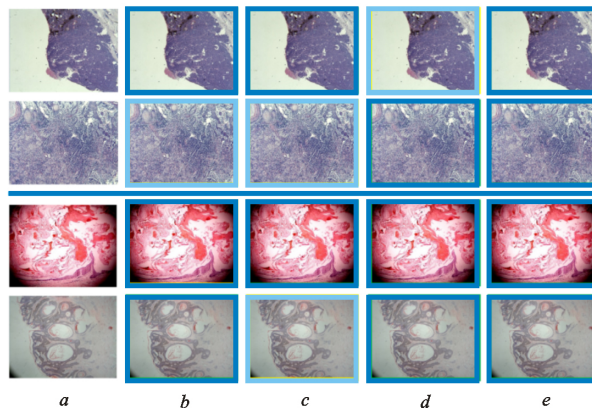
始权重,将其用于训练 CNN 模型。ResNet 的输入图像尺寸为  $224 \times 224$  像素,Xception 与 DensNet 的输入图像尺寸为  $299 \times 299$  像素。使用 Adam 优化方法<sup>[23]</sup>,初始学习率为 0.01。学习率衰减策略为在 10 个迭代周期中验证集损失不再下降时,设置学习率为原来学习率的 1/10。模型训练的迭代周期为 300 次。

表 1 给出了本文提出的基于 MCC 的融合方法与单模型 DensNet、Xception 和 ResNet 在基底细胞癌与脂溢性角化数据集上的效果,可以看出:在 3 个单模型中,DensNet 具有最高的精度,ResNet 精度和灵敏度最低,基于 MCC 的多模型融合方法的准确性和灵敏度高于单模型。图 3 显示了各个单模型和基于 MCC 的融合方法预测结果,图中:中间横线上方是基底细胞癌图像,横线下方是脂溢性角化图像,浅色框表示样本识别错误,深色框表示样本识别正确。从图 3 可以看出:在基底细胞癌和脂溢性角化病数据集中,单模型 ResNet、Xception、DensNet 在给出的案例图片中都有错误识别结果,而提出的融合模型可以对案例中单模型识别错误的图像进行正确地识别,说明本文方法有效。

表 1 本文 MCC 方法与单模型方法在基底细胞癌与脂溢性角化数据集上的识别效果比较

模型类别	方法	灵敏度/%	特异度/%	准确率/%
单模型	ResNet	0.924 1	0.973 3	0.930 3
	Xception	0.944 8	0.930 0	0.961 7
	DensNet	0.944 8	0.973 3	<b>0.964 0</b>
多模型融合	本文方法	<b>0.965 5</b>	0.973 3	<b>0.970 7</b>

注:表中加粗数据为最优值。



a:原始病理图像;b:ResNet 识别结果;c:Xception 识别结果;d:DensNet 识别结果;e:基于 MCC 的融合方法识别结果

图 3 ResNet、Xception、DensNet 和基于 MCC 的融合方法分类结果比较



### 3.2 与多模型方法比较

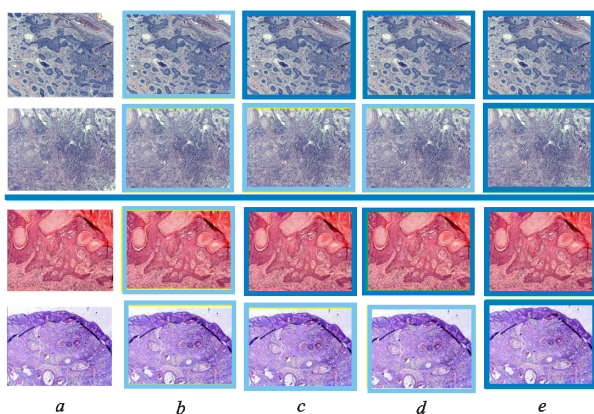
将所提方法与传统的多模型融合方法进行比较。由于每个单模型的输出可以是标签或相应的概率,所以将它们分别用作多模型融合方法的输入。

实验结果分析发现,一些由切片制作过程中产生的异常数据被错误识别,对于这些含有噪声的异常数据,单模型的判别结果误差较大。基于 MCC 的多模型可以减少噪声数据与相同类型数据之间的差异,从而减少噪声数据对结果的影响。表 2 是本文 MCC 方法与其他融合方法在基底细胞癌与脂溢性角化数据集上的识别效果比较。图 4 为多种模型上基底细胞癌与脂溢性角化的识别结果。图中:中间横线上方是基底细胞癌图像,横线下是脂溢性角化图像;浅色框表示样本识别错误,深色框表示样本识别正确。

表 2 本文 MCC 方法与其他融合方法在基底细胞癌与脂溢性角化数据集上的识别效果比较

融合类别	方法	灵敏度/%	特异度/%	准确率/%
基于标签的融合方法	投票法	0.958 6	0.973 3	0.968 5
	线性回归法	0.944 8	0.970 0	0.961 7
	本文方法	<b>0.958 6</b>	0.973 3	<b>0.968 5</b>
基于概率的融合方法	投票法	0.944 8	0.973 3	0.964 0
	线性回归法	0.951 7	0.973 3	0.966 2
	本文方法	<b>0.965 5</b>	0.973 3	<b>0.970 7</b>

注:表中加粗数据为最优值。



a:原始病理图像;b:准确率最高单模型 DensNet 识别结果;  
c:基于概率的投票法识别结果;d:基于概率的 MSE 方法  
识别结果;e:基于概率的 MCC 方法识别结果

图 4 基底细胞癌与脂溢性角化图像的识别结果

比较表 1 和表 2 可知,融合模型的准确率高于单模型。由表 2 可知:基于标签的投票法的结果优于基于概率的投票法的结果,因此如果使用投票法,则输入最好是标签;基于 MCC 的多模型融合方法

的灵敏度和准确度优于其他集合模型,因此本文方法可以有效地克服噪声并获得更好的结果。

若基底细胞癌与脂溢性角化图像非常相似,则单模型识别概率接近 0.5,即单模型对这类图像识别效果较差。融合模型可以在此类数据上获得更好的结果。这是由于单模型学到的特征不足以区分这种小差距,多模型融合方法可以通过学习权重来扩大间隙,从而获得可靠的结果。综上可知,基于 MCC 的多模型融合方法比其他融合方法效果更好。

## 4 结 论

本文针对皮肤病临床特征非常相似、不易区分且带有大量噪声等问题,建立了一种基于 MCC 的多 CNN 模型融合方法,并在皮肤病识别中获得了较高的识别率。本文得出的主要结论如下。

(1)建立了多深度学习模型融合方法。使用迁移学习方法训练获得各个单模型的最佳结果,并利用投票法、回归分析法等方法分别进行多个模型的融合,在构建的皮肤病数据集上的实验证明了多模型融合方法相比于单模型具有更高的准确率。

(2)提出了基于 MCC 的多深度学习模型融合方法。该方法能有效克服皮肤病切片中噪声多的问题,学习多个单模型对最终结果的贡献程度。实验结果表明,该方法能够有效地提高模型识别的灵敏度和准确度,获得更好的泛化能力。

### 参考文献:

- [1] 焦大凯,徐凯,张辉,等. 基底细胞癌研究进展 [J]. 山西医科大学学报, 2007, 38(2): 173-177.
- [2] 卢宏涛,张秦川. 深度卷积神经网络在计算机视觉中的应用研究综述 [J]. 数据采集与处理, 2016, 31(1): 1-17.  
LU Hongtao, ZHANG Qinchuan. Applications of deep convolutional neural network in computer vision [J]. Journal of Data Acquisition and Processing, 2016, 31(1): 1-17.
- [3] SHI J, ZHENG X, WU J J, et al. Quaternion Grassmann average network for learning representation of histopathological image [J]. Pattern Recognition, 2019, 89: 67-76.
- [4] RIBLI D, HORVÁTH A, UNGER Z, et al. Detecting and classifying lesions in mammograms with deep learning [J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 4165.
- [5] FRID-ADAR M, DIAMANT I, KLANG E, et al. GAN-based synthetic medical image augmentation for increased CNN performance in liver lesion classification

- [J]. Neurocomputing, 2018, 321: 321-331.
- [6] LECUN Y, BOTTOU L, BENGIO Y, et al. Gradient-based learning applied to document recognition [J]. Proceedings of the IEEE, 1998, 86(11): 2278-2324.
- [7] KRIZHEVSKY A, SUTSKEVER I, HINTON G E. ImageNet classification with deep convolutional neural networks [J]. Communications of the ACM, 2017, 60(6): 84-90.
- [8] SHI J, WU J J, LI Y, et al. Histopathological image classification with color pattern random binary hashing-based PCANet and matrix-form classifier [J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2017, 21(5): 1327-1337.
- [9] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition [EB/OL]. (2014-09-04)[2019-03-30]. <https://arxiv.org/abs/1409.1556>.
- [10] SZEGEDY C, LIU W, JIA Y Q, et al. Going deeper with convolutions [C] // 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA; IEEE, 2015: 1-9.
- [11] HE R, ZHENG W S, HU B G. Maximum correntropy criterion for robust face recognition [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2011, 33(8): 1561-1576.
- [12] CHEN Badong, XING Lei, LIANG Junli, et al. Steady-state mean-square error analysis for adaptive filtering under the maximum correntropy criterion [J]. IEEE Signal Processing Letters, 2014, 21(7): 880-884.
- [13] SERGEY I, CHRISTIAN S. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift [C] // International Conference on Machine Learning. Lille, France; JMLR, 2015: 448-456.
- [14] LECUN Y, BOSER B E, DENKER J S, et al. Handwritten digit recognition with a back-propagation network [M] // Advances in Neural Information Processing Systems; 2. San Francisco, CA, USA; Morgan Kaufmann Publishers Inc., 1990: 396-404.
- [15] 陈寿宏, 柳馨雨, 马峻, 等. 深度卷积神经网络胸片肺结节分类识别研究 [J]. 计算机工程与应用, 2018, 54(24): 176-181.
- CHEN Shouhong, LIU Xinyu, MA Jun, et al. Research of deep convolution neural network in classification of chest radiographs and pulmonary nodules [J]. Computer Engineering and Applications, 2018, 54(24): 176-181.
- [16] LITJENS G, KOOI T, BEJNORDI B E, et al. A survey on deep learning in medical image analysis [J]. Medical Image Analysis, 2017, 42: 60-88.
- [17] PAN S J, YANG Q. A survey on transfer learning [J]. IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, 2010, 22(10): 1345-1359.
- [18] 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). Piscataway, NJ, USA; IEEE, 2016: 770-778.
- [19] 张兆晨, 冀俊忠. 基于卷积神经网络的fMRI数据分类方法 [J]. 模式识别与人工智能, 2017, 30(6): 549-558.
- ZHANG Zhaochen, JI Junzhong. Classification method of fMRI data based on convolutional neural network [J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2017, 30(6): 549-558.
- [20] 唐智川, 张克俊, 李超, 等. 基于深度卷积神经网络的运动想象分类及其在脑控外骨骼中的应用 [J]. 计算机学报, 2017, 40(6): 1367-1378.
- TANG Zhichuan, ZHANG Kejun, LI Chao, et al. Motor imagery classification based on deep convolutional neural network and its application in exoskeleton controlled by EEG [J]. Chinese Journal of Computers, 2017, 40(6): 1367-1378.
- [21] DIETTERICH T G. Ensemble methods in machine learning [M] // Multiple Classifier Systems. Berlin, Germany: Springer Verlag, 2000: 1-15.
- [22] HUANG G, LIU Z, VAN DER MAATEN L, et al. Densely connected convolutional networks [C] // 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA; IEEE, 2017: 4700-4708.
- [23] EDWARDS D, HANDSLEY M, PENNINGTON C. The ADAM metalloproteinases [J]. Molecular Aspects of Medicine, 2008, 29(5): 258-289.

(编辑 陶晴)