



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 113838558 A

(43) 申请公布日 2021. 12. 24

(21) 申请号 202110934848.1

G16H 50/20 (2018.01)

(22) 申请日 2021.08.16

G16H 70/60 (2018.01)

(71) 申请人 电子科技大学

地址 610000 四川省成都市高新区(西区)
西源大道2006号

(72) 发明人 殷晋 洪磊 邱甲军

(74) 专利代理机构 成都众恒智合专利代理事务
所(普通合伙) 51239

代理人 王育信

(51) Int. Cl.

G16H 30/20 (2018.01)

G06K 9/46 (2006.01)

G06K 9/62 (2006.01)

G06N 3/04 (2006.01)

G06N 3/08 (2006.01)

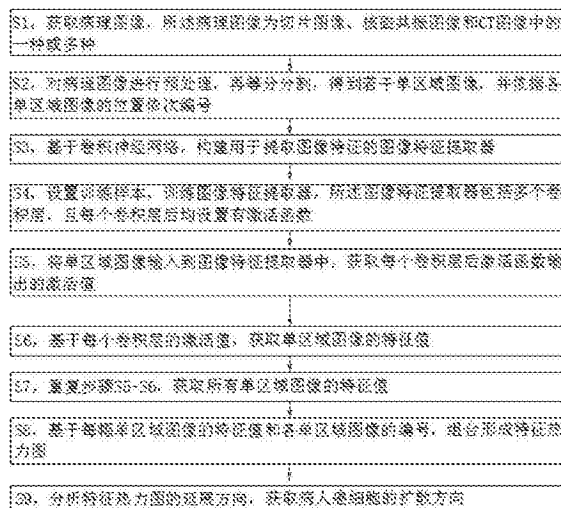
权利要求书2页 说明书6页 附图2页

(54) 发明名称

基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析
方法及装置

(57) 摘要

本发明公开了基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法及装置。本发明包括以下步骤：S1，获取病理图像；S2，得到病理图像分割后的若干单区域图像，并依据各单区域图像的位置依次编号；S3，基于卷积神经网络构建图像特征提取器；S4，设置训练样本，训练图像特征提取器；S5，将单区域图像输入到图像特征提取器中，获取每个卷积层后激活函数输出的激活值；S6，基于每个卷积层的激活值，获取单区域图像的特征值；S7，重复步骤S5-S6，获取所有单区域图像的特征值；S8，组合形成特征热力图；S9，基于特征热力图获取病人癌细胞的扩散方向。具有能够辅助医生对癌细胞的扩散方向和扩散范围进行判断的效果。



1. 一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,包括以下步骤,
 - S1,获取病理图像,所述病理图像为切片图像、核磁共振图像和CT图像中的一种或多种;
 - S2,对病理图像进行预处理,再等分分割,得到若干单区域图像,并依据各单区域图像的位置依次编号;
 - S3,基于卷积神经网络,构建用于提取图像特征的图像特征提取器;
 - S4,设置训练样本,训练图像特征提取器;所述图像特征提取器包括多个卷积层,且每个卷积层后均设置有激活函数;
 - S5,将单区域图像输入到图像特征提取器中,获取每个卷积层后激活函数输出的激活值;
 - S6,基于每个卷积层的激活值,获取单区域图像的特征值;
 - S7,重复步骤S5-S6,获取所有单区域图像的特征值;
 - S8,基于每幅单区域图像的特征值和各单区域图像的编号,组合形成特征热力图;
 - S9,分析特征热力图的延展方向,获取病人癌细胞的扩散方向。
2. 根据权利要求1所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,在步骤S2中,所述对病理图像进行预处理具体包括,裁剪、放大和旋转。
3. 根据权利要求1所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,所述图像特征提取器包括输入层、隐藏层和输出层,其中,所述隐藏层包括13个卷积层,3个全连接层和5个池化层,每个卷积层后均设置有激活函数。
4. 根据权利要求4所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,所述卷积层中,卷积核尺寸为 3×3 ,步长 $\text{strid}=1$,填充方式为输入输出相同。
5. 根据权利要求1所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,在步骤S6中,基于每个卷积层的激活值,获取每幅单区域图像的特征值具体包括,
 - S61,构建二分类器;
 - S62,将每层卷积层输出的激活值输入到二分类器中,再将二分类器的输出值组合形成特征向量;
 - S63,将形成的特征向量输入到一个二分类器中,则该二分类器的输出值即为每幅单区域图像的特征值。
6. 根据权利要求5所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,所述二分类器基于卷积神经网络构建,所述二分类器包括输入层、隐藏层和输出层,其中,
 - 输入层,用于输入激活函数的值;
 - 隐藏层,包括512个神经元,且设置有激活函数;
 - 输出层,包括2个神经元,用于输出二分类结果。
7. 根据权利要求5所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,所述二分类器的训练中还设置有损失函数,所述损失函数采用softmax交叉熵损失函数。
8. 根据权利要求7所述的一种,其特征在于,所述softmax的表达式如下:

$$\text{softmax}(y_i) = \frac{e^{y_i}}{\sum_{j=1}^n e^{y_j}};$$

所述交叉熵损失函数的表达式如下:

$$\text{loss} = -\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^n y_{ji} \log(y_{ji});$$

其中,m代表样本数量,n代表分类数量, y_{ji} 指的是softmax归一化后的逻辑概率值。

9. 根据权利要求1所述的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,其特征在于,在步骤S10中,所述分析特征热力图的延展方向的具体方法为,比较相邻两幅单区域图像中特征值的大小,则延展方向为从大到小。

10. 一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析装置,其特征在于,所述装置执行权利要求1-9任一所述的分析方法。

基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法及装置

技术领域

[0001] 本发明涉及一种图像分析方法,特别涉及基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法及装置。

背景技术

[0002] 根据目前世界卫生组织的相关数据显示,乳腺癌成为了女性发病率最高的癌症,严重危害了女性的身体健康。基于病理图像的检查是诊断乳腺癌的重要依据,通过对病理图像的分析,医生能够对乳腺癌患者的病情进行判断,从而提高治疗成功率。

[0003] 由于病理图像的复杂性和多样性,对病理图像的分析十分依赖于主治医师的经验和知识;在对病理图像的分析中,因为原发灶基本都是聚集在一起,经验丰富的医生能够识别原发灶的位置;但是若癌细胞发生扩散,出现转移灶,在初期的扩散过程中,仅通过肉眼观察不易对癌细胞的扩散方向和扩散范围做出准确的判断,会导致治疗过程中失去最佳的治疗时机。

发明内容

[0004] 为了辅助医生对癌细胞的扩散方向和扩散范围进行判断,本申请提供基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法及装置。

[0005] 一方面,

[0006] 本申请提供的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法采用如下的技术方案:

[0007] 一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,包括以下步骤,

[0008] S1,获取病理图像,所述病理图像为切片图像、核磁共振图像和CT图像中的一种或多种;

[0009] S2,对病理图像进行预处理,再等分分割,得到若干单区域图像,并依据各单区域图像的位置依次编号;

[0010] S3,基于卷积神经网络,构建用于提取图像特征的图像特征提取器;

[0011] S4,设置训练样本,训练图像特征提取器;所述图像特征提取器包括多个卷积层,且每个卷积层后均设置有激活函数;

[0012] S5,将单区域图像输入到图像特征提取器中,获取每个卷积层后激活函数输出的激活值;

[0013] S6,基于每个卷积层的激活值,获取单区域图像的特征值;

[0014] S7,重复步骤S5-S6,获取所有单区域图像的特征值;

[0015] S8,基于每幅单区域图像的特征值和各单区域图像的编号,组合形成特征热力图;

[0016] S9,分析特征热力图的延展方向,获取病人癌细胞的扩散方向。

[0017] 通过采用上述方案,医生在对病人病情分析的时候,能够通过图像特征提取器获取每张病理图像中各个区域中所包含病灶特征的激活值,再通过二分类器对激活值进行处

理,得到单区域图像的特征值,特征值能够反馈在单区域图像中,病灶细胞与正常细胞之间的比值;形成特征热力图后,医生能够通过热力图中各单区域图像中特征值的大小,来判断癌细胞的扩展方向,以达到辅助医生对癌细胞的扩散方向和扩散范围进行判断的效果。

[0018] 进一步,在步骤S2中,所述对病理图像进行预处理具体包括,裁剪、放大和旋转。

[0019] 进一步,所述图像特征提取器包括输入层、隐藏层和输出层,其中,所述隐藏层包括13个卷积层,3个全连接层和5个池化层,每个卷积层后均设置有激活函数。

[0020] 进一步,所述卷积层中,卷积核尺寸为 3×3 ,步长 $\text{strid}=1$,填充方式为输入输出相同。

[0021] 进一步,在步骤S6中,基于每个卷积层的激活值,获取每幅单区域图像的特征值具体包括,

[0022] S61,构建二分类器;

[0023] S62,将每层卷积层输出的激活值输入到二分类器中,再将二分类器的输出值组合形成特征向量;

[0024] S63,将形成的特征向量输入到一个二分类器中,则该二分类器的输出值即为每幅单区域图像的特征值。

[0025] 进一步,所述分类器基于卷积神经网络构建,所述二分类器包括输入层、隐藏层和输出层,其中,

[0026] 输入层,用于输入激活函数的值;

[0027] 隐藏层,包括512个神经元,且设置有激活函数;

[0028] 输出层,包括2个神经元,用于输出二分类结果。

[0029] 进一步,所述二分类器的训练中还设置有损失函数,所述损失函数采用softmax交叉熵损失函数。

[0030] 进一步,所述softmax的表达式如下:

$$[0031] \quad \text{softmax}(y_i) = \frac{e^{y_i}}{\sum_{j=1}^n e^{y_j}};$$

[0032] 所述交叉熵损失函数的表达式如下:

$$[0033] \quad \text{loss} = -\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^n y_{ji} \log(y'_{ji});$$

[0034] 其中,m代表样本数量,n代表分类数量, y_{ji} 指的是softmax归一化后的逻辑概率值。

[0035] 进一步,在步骤S10中,所述分析特征热力图的延展方向的具体方法为,比较相邻两幅单区域图像中特征值的大小,则延展方向为从大到小。

[0036] 另一方面,本申请提供的一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析装置采用如下的技术方案:

[0037] 一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析装置,

[0038] 所述装置能够执行上述的分析方法。

[0039] 与现有技术相比,本发明的有益效果:医生在对病人病情分析的时候,能够通过图像特征提取器获取每张病理图像中各个区域中所包含病灶特征的激活值,再通过二分类器对激活值进行处理,得到单区域图像的特征值,特征值能够反馈在单区域图像中,病灶细胞

与正常细胞之间的比值;形成特征热力图后,医生能够通过热力图中各单区域图像中特征值的大小,来判断癌细胞的扩展方向,以达到辅助医生对癌细胞的扩散方向和扩散范围进行判断的效果。

附图说明:

[0040] 图1为本发明方法流程框图;

[0041] 图2为本发明使用的神经网络结构示意图。

具体实施方式

[0042] 下面结合试验例及具体实施方式对本发明作进一步的详细描述。但不应将此理解为本发明上述主题的范围仅限于以下的实施例,凡基于本发明内容所实现的技术均属于本发明的范围。

[0043] 实施例1

[0044] 本实施例提供一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析方法,包括如下步骤:

[0045] S1,获取病理图像,病理图像为切片图像、核磁共振图像和CT图像中的一种或多种。在对乳腺癌进行诊断的过程中,有这几种方法获取病理图像,切片图像、核磁共振图像和CT图像,通过对病理图像的分析,医生能够较为准确的判断病人病情。

[0046] 在医院进行病理图像采集时,均通过专用的采集设备,如CT装置和核磁共振仪,这些专用采集设备输出的图像均能够直接输入到计算机中使用;若是需要使用切片图像,则在制作好切片后,采用高精度的电子显微镜进行采集。且制作出来的病理图像,其实际上为存储在计算机中的二进制数据文件。

[0047] S2,对病理图像进行预处理,再等分分割,得到若干单区域图像,并依据各单区域图像的位置依次编号。

[0048] 对病理图像进行预处理具体包括下列方法;放大,放大病理图像,使得病理图像中的病灶特征更加明显。旋转,对病理图像进行旋转,在对病理图像进行等分分割时,能够囊括更多的病灶特征。

[0049] 裁剪,对病理图像进行裁剪,将病理图像边缘处无效的部分删除,仅保留有效部分。由于在图像采集的过程中,不能完全保证每幅图像的大小或范围均一致,所以需要对采集到的图像进行预处理,预处理主要是对图像进行裁剪,首先选择裁剪模板,裁剪模板的大小与训练样本的大小一致,将裁剪模板覆盖在采集到的图像中,且调节裁剪模板在病理图像中的位置,使得裁剪模板能够框选到最多的病灶数量,让裁剪后的病理图像不会遗漏病灶。通过对病理图像进行裁剪,能够去除病理图像处理过程中不需要的部分,这部分即为图像噪声,通过预处理来减少病理图像的噪声,能够获得更好的图像处理效果,且能够减少计算量。

[0050] 等分分割即将病理图像n等分,使得每个单区域图像占据的比例一致,且所有的病灶特征均包括在单区域图像中;在未分割前,病灶特征不均匀的分布在病理图像中的各个位置,对病理图像进行等分分割后,每幅单区域图像中均含有部分病灶特征,通过对单区域图像进行分析,获取个单区域图像中病灶特征所占据的区域,就能够对病灶的扩散方向和

扩散范围有一个初步的判断,从而辅助医生进行治疗。

[0051] 将病理图像n等分后,针对单区域图像在病理图像的位置,以从上到下,从左到右的方式对各幅单区域图像进行标号,以在对单区域图像进行处理后,能够将其排列成病理图像,以便于对病灶的扩散方向和扩散范围进行分析判断。

[0052] S3,基于卷积神经网络,构建用于提取图像特征的图像特征提取器。

[0053] S4,设置训练样本,训练图像特征提取器。图像特征提取器包括多个卷积层,且每个卷积层后均设置有激活函数。

[0054] 图像特征提取器包括输入层、隐藏层和输出层,其中,隐藏层包括13个卷积层,3个全连接层和5个池化层,每个卷积层后均设置有激活函数。在本实施例中,卷积神经网络选择VGG神经网络家族中的VGG16,该网络是一种深度卷积网络,它突破了以往的卷积网络,将卷积神经网络的深度提升到了一个新的层次,具有更强的分析能力。

[0055] 其结构参照图2,包括13个卷积层、3个全连接层和5个池化层;从输入到输出首先以2个卷积层开始,后面接一个池化层和2个卷积层,后面再接一个池化层和3个卷积层,后面又是1个池化层和三个卷积层,再后面又是1个池化层和三个卷积层,最后接三个全连接层。

[0056] 其输入的图片的标准大小是 $224 \times 224 \times 3$,对图片的处理中,包含了卷积和池化的操作。在卷积层中,卷积核尺寸为 3×3 ,步长 $\text{strid}=1$ 。说明在执行卷积计算的时候并没有改变输入的长、宽尺寸,填充方式为输入输出相同。并且所有池化层均采用核参数 2×2 ,步长 $\text{stride}=2$,基于max函数求取最大值来压缩特征图。

[0057] 池化层主要用于特征降维,压缩数据和参数的数量,减小过拟合,同时提高模型的容错性。在本模型中,通过设置多个池化层,能够尽可能的减少过拟合的情况出现。

[0058] 在本实施例中,激活函数选用ReLU激活函数,如下式所示:

[0059] $f(x) = \max(0, x)$;

[0060] 其具有能够加快训练速度的优点,且ReLU函数输出要么是0,要么是正数,也就是ReLU函数不是以0为中心的函数。

[0061] 训练样本的构建选用病理图像中病灶特征较多的图像;因为训练样本难以获取,在设置训练样本时,要通过增强样本的方式来获取到更多的样本,以减少过拟合的情况出现。增强训练样本主要采用随机翻转裁剪的方式,这种方法可以形象的比喻为当我们看见一个人的时候,即便是他用手遮住了脸,但我们依然能够看出他是一个人,这是因为我们对于人的概念从小到大我们见过太多姿态的人,并不是仅仅因为看见了他的脸才会认为他是人。因此在训练图像特征提取的时候随机遮住一些特征实际上更有利于训练。得到训练样本后,将训练样本输入到构建好的卷积神经网络中,计算机能够对特征的情况来调节神经元中的权重,从而得到能够识别病灶特征的图像特征提取器。

[0062] S5,将单区域图像输入到图像特征提取器中,获取每个卷积层后激活函数输出的激活值。

[0063] S6,基于每个卷积层的激活值,获取单区域图像的特征值。

[0064] 在构建训练得到图像特征提取器后,将单区域图像输入到图像特征提取器中。图像特征提取器基于卷积神经网络形成,在本实施例中,图像特征提取器主要起到提供特征的作用。在每个卷积层后均设置有激活函数,通过获取激活函数参数的激活值,能够在对单

区域图像进行处理时,获取到单区域图像中所包含的特征差异性,通过将这种差异性量化,就能够得到相应的特征值,在本实施例中,对差异性的量化选用二分类器进行处理。

[0065] 在步骤S6中,基于每个卷积层的激活值,获取每幅单区域图像的特征值具体包括以下步骤,

[0066] S61,构建二分类器。

[0067] 二分类器的构建方式与图像特征提取器的构建方式一致,此处不再赘述。

[0068] 二分类器与图像特征提取器在本实施例中的不同之处在于,图像特征提取器用于提取单区域图像中的病灶特征的差异性,二分类器用于对图像特征提取器输出的激活值进行处理,以量化其差异性。

[0069] 二分类器也是基于卷积神经网络构建,二分类器与图像特征提取器一样,也包括输入层、隐藏层和输出层,其作用也一致;输入层用于输入激活函数的值;隐藏层,包括512个神经元,且设置有激活函数;输出层,包括2个神经元,用于输出二分类的结果。

[0070] 且二分类器的中还设置有损失函数,损失函数设置在每个激活函数之后,损失函数采用softmax交叉熵损失函数。

[0071] softmax的表达式如下:

$$[0072] \quad \text{softmax}(y_i) = \frac{e^{y_i}}{\sum_{j=1}^n e^{y_j}};$$

[0073] 交叉熵损失函数的表达式如下:

$$[0074] \quad \text{loss} = -\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^n y_{ji} \log(y'_{ji});$$

[0075] 其中,m代表样本数量,n代表分类数量, y_{ji} 指的是softmax归一化后的逻辑概率值。

[0076] 即先进行softmax归一化处理,将神经网络输出的逻辑值处理成概率,然后再计算交叉熵.softmax归一化函数将二分类器输出后的逻辑值归一化为0和1之间的概率值,其中概率值最大的类别就是最终的输出结果。

[0077] S62,将每层卷积层输出的激活值输入到二分类器中,再将二分类器的输出值组合形成特征向量。

[0078] 此处用到的二分类器的个数与图像特征提取器中卷积层的层数一致,能够对各卷积层得到的差异性进行量化,不会产生遗漏。

[0079] S63,将形成的特征向量输入到一个二分类器中,则该二分类器的输出值即为每幅单区域图像的特征值。

[0080] 多个二分类器的输出值均为0和1之间的概率值,得到该值后,将其组合成一个特征向量,该特征向量就能够反馈单区域图像经过各卷积层后,总体的病灶特征情况。再将特征向量输入到另一个二分类器中,则这个二分类器输出的值就为单区域图像的特征值。

[0081] S7,重复步骤S5-S6,获取所有单区域图像的特征值。

[0082] 将所有单区域图像均通过步骤S5-S6处理后,就能够得到每幅单区域图像的特征值,特征值能够描述癌细胞在病理图像中的占比情况。

[0083] S8,基于每幅单区域图像的特征值和各单区域图像的编号,组合形成特征热力图。

[0084] 得到单区域图像的特征值后,按照病理图像的大小,将各单区域图像以标号进行排列,就能够还原出在病理图像中,各单区域图像中癌细胞的占比情况,以热力图的方式

展现具有较为直观的视觉效果,以便于医生进行分析。

[0085] S9,分析特征热力图的延展方向,获取病人癌细胞的扩散方向。

[0086] 通过上述方法得到的热力图是一整个图像,在图像中的每个区域中均写有特征值,特征值为0-1之间的数字;在分析病人癌细胞的扩散方向时,通过比较相邻两幅单区域图像中特征值的大小,就能够得到热力图的延展方向,则延展方向即为从特征值大的单区域图像扩散到特征值较小的单区域图像方向。

[0087] 因为特征值代表了在单区域图像中癌细胞所占据的比例,在特征值较大的单区域图像中,则癌细胞所占据的比例大,在特征值较小的单区域图像中,则癌细胞所占据的比例小,所以癌细胞的扩散方向即为热力图中,数字从大到小的延展方向。通过热力图的表示方式,医生能够较为直观的看出癌细胞的扩散方向,从而辅助医生对癌细胞的扩散方向和扩散范围进行判断。

[0088] 本实施例还提供了一种基于卷积神经网络的乳腺癌病理图像分析装置,该装置能够执行上述的分析方法。

[0089] 以上所述仅为本发明的较佳实施例而已,并不用以限制本发明,凡在本发明的精神和原则之内所作的任何修改、等同替换和改进等,均应包含在本发明的保护范围之内。

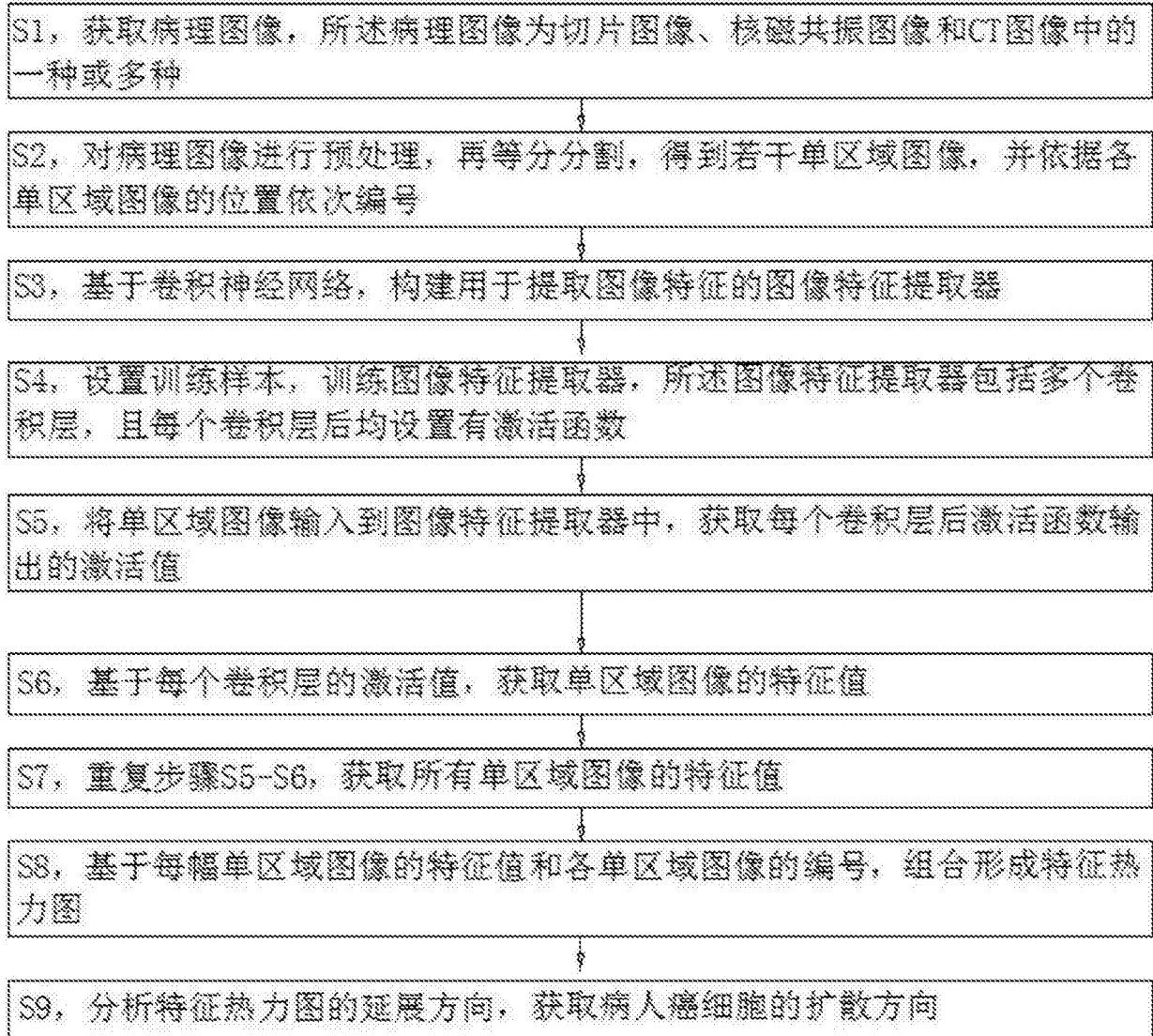


图1

