



(12) 发明专利



(10) 授权公告号 CN 115601749 B

(45) 授权公告日 2023. 03. 14

(21) 申请号 202211566089.9

(22) 申请日 2022.12.07

(65) 同一申请的已公布的文献号

申请公布号 CN 115601749 A

(43) 申请公布日 2023.01.13

(73) 专利权人 赛维森(广州)医疗科技服务有限公司

地址 510220 广东省广州市海珠区瑞宝瑞
兴街一横街3号106铺

(72) 发明人 姚沁玥 汪进 陈睿

(74) 专利代理机构 广州嘉权专利商标事务所有
限公司 44205

专利代理师 梁嘉琦

(51) Int. Cl.

G06V 20/69 (2022.01)

G06T 7/00 (2017.01)

G06V 10/44 (2022.01)

G06V 10/764 (2022.01)

G06V 10/82 (2022.01)

(56) 对比文件

CN 114140465 A, 2022.03.04

CN 110689091 A, 2020.01.14

CN 115170571 A, 2022.10.11

CN 115239705 A, 2022.10.25

CN 114187277 A, 2022.03.15

审查员 曹春晓

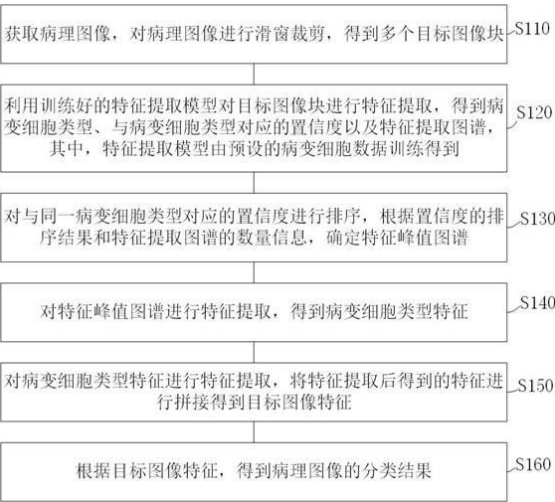
权利要求书2页 说明书11页 附图4页

(54) 发明名称

基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图
像分类装置

(57) 摘要

本申请公开了一种基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图像分类装置、介质,包括获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪得到多个目标图像块;利用特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱;根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息确定特征峰值图谱;对特征峰值图谱进行特征提取得到病变细胞类型特征;对病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;根据目标图像特征得到病理图像的分类结果,根据本申请的技术方案,对目标图像块进行多次特征的自动提取之后得到表征能力更强的目标图像特征,达到提高分类结果的准确性的目的。



1. 一种基于特征峰值图谱的病理图像分类方法,其特征在于,包括:

获取病理图像,对所述病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块;

利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,所述特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到;

对与同一所述病变细胞类型对应的所述置信度进行排序,根据所述置信度的排序结果和所述特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱;

对所述特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征;

对所述病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;

根据所述目标图像特征,得到所述病理图像的分类结果;

其中,所述根据所述置信度的排序结果和所述特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱,包括:

在所述特征提取图谱的数量为0的情况下,将特征值全为0的特征图谱作为特征峰值图谱;

在所述特征提取图谱的数量大于0,且所述特征提取图谱的数量小于预设的数量阈值的情况下,选取与同一所述病变细胞类型对应的所有的所述特征提取图谱作为特征峰值图谱;

在所述特征提取图谱的数量大于预设的数量阈值的情况下,根据所述置信度的排序结果选取所述数量阈值的所述特征提取图谱作为特征峰值图谱。

2. 根据权利要求1所述的病理图像分类方法,其特征在于,所述对所述病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征,包括:

利用预设的第一特征提取模块对所述病变细胞类型特征进行特征提取,其中,所述病变细胞类型特征均对应设置有所述第一特征提取模块,所述第一特征提取模块共用第一权重值;

将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征。

3. 根据权利要求1所述的病理图像分类方法,其特征在于,在所述根据所述置信度的排序结果和所述特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱之前,包括:

获取目标图像块对于所述病理图像的目标位置信息;

根据置信度的排序结果以及所述目标位置信息查找得到对应的所述特征提取图谱。

4. 根据权利要求1所述的病理图像分类方法,其特征在于,所述利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,包括:

利用病变细胞数据对特征提取模型进行训练,得到训练好的特征提取模型;

根据利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度;

根据所述特征提取模型的骨干网络的网络层信息,确定与所述目标图像块对应的特征提取图谱。

5. 根据权利要求4所述的病理图像分类方法,其特征在于,所述特征提取模型为目标检

测网络模型,根据利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度,包括:

利用训练好的所述目标检测网络模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞位置信息;

根据所述病变细胞位置信息确定病变细胞类型和与所述病变细胞类型对应的置信度。

6.根据权利要求4所述的病理图像分类方法,其特征在于,所述特征提取模型为分割网络模型,根据利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度,包括:

利用训练好的所述分割网络模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞的掩码信息;

根据所述掩码信息确定所述病变细胞类型和与所述病变细胞类型对应的置信度。

7.根据权利要求1所述的病理图像分类方法,其特征在于,所述对所述特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征,包括:

利用预设的第二特征提取模块对所述特征峰值图谱进行特征提取,得到中间特征图谱,其中,每一个所述特征峰值图谱均对应有一个所述第二特征提取模块,所述第二特征提取模块共用第二权重值;

将所述中间特征图谱输入带注意力模块的池化层,得到病变细胞类型特征。

8.一种图像分类装置,其特征在于,包括:存储器、处理器及存储在存储器上并可在处理器上运行的计算机程序,所述处理器执行所述计算机程序时实现如权利要求1至7任意一项所述的病理图像分类方法。

9.一种计算机可读存储介质,存储有计算机可执行指令,其特征在于,所述计算机可执行指令用于执行权利要求1至7任意一项所述的病理图像分类方法。

基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图像分类装置

技术领域

[0001] 本申请涉及图像分类技术领域,尤其是一种基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图像分类装置、介质。

背景技术

[0002] 将计算机视觉技术应用于细胞病理辅助诊断系统中,可以减轻检验人员的工作量,排除阴性,筛查出阳性,提高对全切片图像(Whole-Slide Image,WSI)的分析效率。然而,由于WSI非常大,如何对全图进行特征提炼,从而得到更优的特征信息以提高分类的准确性,是亟待解决的技术问题。

发明内容

[0003] 本申请实施例提供了一种基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图像分类装置、介质,能够得到表征能力更强的目标图像特征,从而提高分类的准确性。

[0004] 第一方面,本申请实施例提供了一种病理图像分类方法,包括:

[0005] 获取病理图像,对所述病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块;

[0006] 利用训练好的特征提取模型对所述目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与所述病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,所述特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到;

[0007] 对与同一所述病变细胞类型对应的所述置信度进行排序,根据所述置信度的排序结果和所述特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱;

[0008] 对所述特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征;

[0009] 对所述病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;

[0010] 根据所述目标图像特征,得到所述病理图像的分类结果。

[0011] 第二方面,本申请实施例还提供了一种图像分类装置,包括:存储器、处理器及存储在存储器上并可在处理器上运行的计算机程序,所述处理器执行所述计算机程序时实现如上所述的病理图像分类方法。

[0012] 第三方面,本申请实施例还提供了一种计算机可读存储介质,存储有计算机可执行指令,所述计算机可执行指令用于执行如上所述的病理图像分类方法。

[0013] 本申请实施例包括:获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块;利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到;对与同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱;对特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征;对病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;根据目标图像特征,得到病理图像的分类结果,根据本申请的技术方案,对目标图像

块进行多次特征的自动提取之后得到表征能力更强的目标图像特征,达到提高分类结果的准确性的目的。

附图说明

- [0014] 图1是本申请一个实施例提供的病理图像分类方法的流程图;
- [0015] 图2是图1中步骤S150的具体方法的流程图;
- [0016] 图3是图1中步骤S130的具体方法的流程图;
- [0017] 图4是本申请另一个实施例提供的病理图像分类方法的流程图;
- [0018] 图5是图1中步骤S120的具体方法的流程图;
- [0019] 图6是图5中步骤S520的具体方法的流程图;
- [0020] 图7是图5中步骤S520的具体方法的流程图;
- [0021] 图8是图1中步骤S140的具体方法的流程图;
- [0022] 图9是本申请一个实施例提供的图像分类装置的结构示意图。

具体实施方式

[0023] 为了使本申请的目的、技术方案及优点更加清楚明白,以下结合附图及实施例,对本申请进行进一步详细说明。应当理解,此处所描述的具体实施例仅用以解释本申请,并不用于限定本申请。

[0024] 需要说明的是,虽然在流程图中示出了逻辑顺序,但是在某些情况下,可以以不同于流程图中的顺序执行所示出或描述的步骤。说明书和权利要求书及上述附图中的术语“第一”、“第二”等是用于区别类似的对象,而不必用于描述特定的顺序或先后次序。

[0025] 需要说明的是,在本申请的各个具体实施方式中,当涉及到需要根据目标对象(例如用户等)的属性信息或属性信息集合等与目标对象的特性相关的数据进行相关处理时,都会先获得目标对象的许可或者同意,而且,对这些数据的收集、使用和处理等,都会遵守相关国家和地区的相关法律法规和标准。此外,当本申请实施例需要获取目标对象的属性信息时,会通过弹窗或者跳转到确认页面等方式获得目标对象的单独许可或者单独同意,在明确获得目标对象的单独许可或者单独同意之后,再获取用于使本申请实施例能够正常运行的必要的目标对象的相关数据。

[0026] 将计算机视觉技术应用于细胞病理辅助诊断系统中,可以减轻检验人员的工作量,排除阴性,筛查出阳性,提高对全切片图像(Whole-Slide Image,WSI)的分析效率。然而,由于WSI非常大,如何对全图进行特征提炼,从而得到更优的特征信息以提高分类的准确性,是亟待解决的技术问题。

[0027] 目前对全切片的分类器通常是基于全片各个小图像块通过前置模型检测出的各类型细胞的置信度、数量、形状等手工构造的统计数据,或是基于前置特征提取器获得的全切片特征拼接起来的全局特征,然而,前者信息颗粒度过粗,且过度依赖于前置检测模型,当染色、制片、扫描等因素造成的数据差异导致检测模型的置信度出现分布上的改变时,模型的稳定性将大打折扣,同时这种粗颗粒度的信息,在输入分类器时并没有很好地利用图像本身的特征信息,有较大信息损失,对模型性能有一定影响。

[0028] 而后者使用的全局特征虽然信息损失最小,但又使得特征过于冗余,在一张切片

中,即使在典型的阳性切片中,也会有大量的区域是明显不含有阳性细胞的,将大量的冗余信息输入分类器,使得分类器更容易拟合到一些伪相关的特征上去。

[0029] 本申请提供了一种基于特征峰值图谱的病理图像分类方法、图像分类装置、介质,包括获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块;利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到;对与同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱;对特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征;对病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;根据目标图像特征,得到病理图像的分类结果,根据本申请的技术方案,对目标图像块进行多次特征的自动提取之后得到表征能力更强的目标图像特征,达到提高分类结果的准确性的目的。

[0030] 下面结合附图,对本申请实施例作进一步阐述。

[0031] 如图1所示,图1是本申请一个实施例提供的病理图像分类方法的流程图,该识别方法可以包括但不限于有步骤S110、步骤S120、步骤S130、步骤S140、步骤S150、步骤S160。

[0032] 步骤S110:获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块。

[0033] 本步骤中,病理图像(Whole-Slide Image,WSI)指的是相关技术中任意的病理图像,例如胸腹水细胞病理图像、乳腺癌病理图像等。获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块,其中,多个目标图像块能够表征病理图像的全部的信息。得到目标图像块是为了便于后续步骤中得到病理图像的分类结果。

[0034] 本申请另一个实施例中,滑窗裁剪(shift window crop)指的是通过相关技术中的任意技术手段实现的滑窗裁剪,例如通过OpenCV中的slidingWnd函数,从而能够对病理图像进行裁剪,得到多个目标图像块。

[0035] 步骤S120:利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到。

[0036] 本步骤中,特征提取模型指的是相关技术中的任意形式的特征提取模型,在此不作具体限定。训练好的特征提取模型指的是由预设的病变细胞数据训练得到的特征提取模型,预设的病变细胞数据中有包括病变细胞类型信息。利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,从而能够得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,特征提取图谱能够表征目标图像块经过特征提取后得到的特征信息。

[0037] 本申请另一个实施例中,特征提取模型能够得到病变细胞类型以及与病变细胞类型对应的置信度,特征提取模型可以是分类模型,还可以是目标检测网络模型或者分割模型,只要能够得到病变细胞类型以及与病变细胞类型对应的置信度即可,在此不做具体限定。

[0038] 步骤S130:对与同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱。

[0039] 本步骤中,特征峰值图谱指的是根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,从而确定的特征图谱。病变细胞类型可以是多个,对与同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,从而得到的排序结果能够表征目标图像块与病变细胞类型的对应情况。特征提

取图谱指的是对目标图像块进行特征提取后得到的特征图谱,根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱,从而能够得到的特征峰值图谱能够表征同一病变细胞类型对应的置信度最高的特征图谱,得到特征峰值图谱是为了便于后续步骤中得到病变细胞类型特征。

[0040] 本申请另一个实施例中,对于一个目标图像块,可以包括有多个病变细胞类型、与多个病变细胞类型分别对应的多个置信度,经过对所有目标图像块得到的同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,从而能够确定用于表征同一病变细胞类型的特征峰值图谱。

[0041] 步骤S140:对特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征。

[0042] 本步骤中,特征提取指的是通过相关技术中的任意技术手段进行特征提取,由于特征峰值图谱是根据同一病变细胞类型的置信度的排序结果确认得到,对特征峰值图谱进行特征提取,从而能够得到病变细胞类型特征。得到病变细胞类型特征是为了便于后续步骤中得到目标图像特征。

[0043] 步骤S150:对病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征。

[0044] 本步骤中,特征提取指的是通过相关技术中的任意技术手段进行特征提取,对病变细胞类型特征进行特征提取,可以是与对特征峰值图谱进行特征提取相同的特征提取方式进行特征提取,从而使得到的目标图像特征更能够表征病理图像中的病变细胞信息,提高目标图像特征的表征能力。

[0045] 本申请另一个实施例中,病变细胞类型特征的数量可以是任意数量,对病变细胞类型特征进行特征提取后拼接,即是说,将病变细胞类型特征分别进行特征提取,进而将经过特征提取之后得到的特征进行连接,得到目标图像特征。拼接指的是相关技术中的任意的将特征进行连接的方式,例如通过concatenate函数将特征进行拼接,得到目标图像特征。

[0046] 步骤S160:根据目标图像特征,得到病理图像的分类结果。

[0047] 本步骤中,根据目标图像特征,得到病理图像的分类结果,指的是通过相关技术中的任意分类方法或者实用相关技术中的任意形式的分类器,从而对目标图像特征进行分类,得到病理图像的分类结果。目标图像特征能够表征病理图像中的病变细胞信息,目标图像特征的表征能力提高,从而能够提高得到的分类结果的准确性。

[0048] 本申请另一个实施例中,可以是使用全连接层作为分类器,将目标图像特征经过一个全连接层和一个激活层(例如softmax函数形成的激活层),从而得到病理图像的分类结果,达到对病理图像进行分类的目的。

[0049] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S110至步骤S160的病理图像分类方法,获取病理图像,对病理图像进行滑窗裁剪,得到多个目标图像块;利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型、与病变细胞类型对应的置信度以及特征提取图谱,其中,特征提取模型由预设的病变细胞数据训练得到;对与同一病变细胞类型对应的置信度进行排序,根据置信度的排序结果和特征提取图谱的数量信息,确定特征峰值图谱;对特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征;对病变细胞类型特征进行特征提取,将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征;根据目标图像特征,得到病理图像的分类结果,根据本申请实施例的方案,根据目标图像块得到的特征按照不同的病

变细胞类型进行分别提取,从而减少病变细胞的类型数量差距过大导致分类结果不准确的情况,达到提高分类结果的准确性的目的。

[0050] 值得注意的是,本申请的技术方案先对特征峰值图谱进行特征提取,得到病变细胞类型特征,再对病变细胞类型特征进行特征提取,从而得到目标图像特征,即是说,先针对同一病变细胞类型进行表达,再根据同一病变细胞类型的表达结构总结得到一个所有病变细胞类型的目标图像特征,符合对病理图像的诊断分类逻辑,减少病变细胞类型总体分布上数量偏少而被弱化特征的情况,有利于提升分类过程的敏感性,且解决切片中细胞数量的类别不均衡问题,达到提高分类结果的准确性的目的。

[0051] 在一实施例中,如图2所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,步骤S150还可以包括但不限于有步骤S210、步骤S220。

[0052] 步骤S210:利用预设的第一特征提取模块对病变细胞类型特征进行特征提取,其中,病变细胞类型特征均对应设置有第一特征提取模块,多个第一特征提取模块共用第一权重值。

[0053] 本步骤中,预设的第一特征提取模块指的是预先设置的特征提取模块,第一特征提取模块可以是一个由两层全连接层、激活层、随机失活层(Dropout)组成的模块,也可以是随机的其他自行设计的神经网络模块。病变细胞类型可以包括至少一个病变细胞类型,在存在多个病变细胞类型的情况下,利用预设的第一特征提取模块对病变细胞类型特征进行特征提取,其中,病变细胞类型特征均对应设置有第一特征提取模块,第一特征提取模块共用第一权重值,即是说,由于本申请中的方法用于对病理图像进行分类,关注的是病理图像的分类结果,可以对每一个病变细胞类型特征设置有对应的第一特征提取模块,第一特征提取模块之间共用第一权重值,从而让得到目标图像特征能够表征所有的病变细胞类型的情况,达到提高分类的准确性的目的。

[0054] 本申请另一个实施例中,在对第一特征提取模块及进行训练时,可以是利用所有病变细胞类型对第一特征进行训练,从而得到训练好的第一特征提取模块。由于第一特征提取模块共用权重值,利用第一特征提取模块对病变细胞类型特征进行特征提取,能够提高第一特征提取模块对所有病变细胞类型的表征能力,从而得到更加准确的目标图像特征,进而提高分类的准确性。

[0055] 步骤S220:将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征。

[0056] 本步骤中,在病变细胞类型只有一个的情况下,可以是将特征提取后得到的特征作为目标图像特征;在存在多个病变细胞类型的情况下,将特征提取后得到的特征进行拼接从而得到目标图像特征,得到目标图像特征是为了便于后续步骤中得到病理图像的分类结果。

[0057] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S210至步骤S220的病理图像分类方法,利用预设的第一特征提取模块对病变细胞类型特征进行特征提取,其中,病变细胞类型特征均对应设置有第一特征提取模块,多个第一特征提取模块共用第一权重值;将特征提取后得到的特征进行拼接得到目标图像特征,根据本申请实施例的方案,第一特征提取模块共用权重值,从而能够提高对病变细胞类型的表征能力,提高分类的准确性,并且,还能够提高对第一特征提取模块训练的便捷性。

[0058] 在一实施例中,如图3所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,步骤S130还

可以包括但不限于有步骤S310、步骤S320、步骤S330。

[0059] 步骤S310:在特征提取图谱的数量为0的情况下,将特征值全为0的特征图谱作为特征峰值图谱。

[0060] 本步骤中,在特征提取图谱的数量为0的情况下,表征目标图像块均不具有对应的病变细胞类型,所以,可以构建一个特征值全为0的特征图谱,从而将特征值全为0的特征图谱作为特征峰值图谱,减少发生参数出错导致后续步骤中得到的分类结果出错的情况,提高分类方法的合理性。

[0061] 步骤S320:在特征提取图谱的数量大于0,且特征提取图谱的数量小于预设的数量阈值的情况下,选取与对与同一病变细胞类型对应的所有的特征提取图谱作为特征峰值图谱。

[0062] 本步骤中,预设的数量阈值指的是根据需求预先设置的任意数量阈值,例如预设的数量阈值可以是10。在特征提取图谱的数量大于0,且特征提取图谱的数量小于预设的数量阈值的情况下,表征对于需要预设数量个特征提取图谱的情况下,得到的特征提取图谱的数量不足,所以,只需要选取与同一病变细胞类型对应的所有的特征提取图谱作为特征峰值图谱。

[0063] 步骤S330:在特征提取图谱的数量大于预设的数量阈值的情况下,根据置信度的排序结果选取数量阈值的特征提取图谱作为特征峰值图谱。

[0064] 本步骤中,预设的数量阈值指的是根据需求预先设置的任意数量阈值,在特征提取图谱的数量大于预设的数量阈值的情况下,表征存在多个特征提取图谱可以作为特征峰值图谱。置信度的排序结果能够表征在同一病变细胞类型中,特征提取图谱对应的目标图像块与病变细胞类型的相关程度,根据置信度的排序结果选取数量阈值的特征提取图谱作为特征峰值图谱,即是说,选取出与病变细胞类型最相关的特征提取图谱作为特征峰值图谱,从而能够提高分类方法的表征能力,达到提高分类的准确性的目的。

[0065] 本申请另一个实施例中,由于目标图像块中可以包括有多个病变细胞类型的病变细胞,在目标图像块存在相同的多个病变细胞类型的病变细胞的情况下,能够得到重复的特征提取图谱,在这种情况下,可以是将重复的特征提取图谱作为一个特征峰值图谱,并且,根据置信度的排序结果继续选取后续的特征提取图谱作为特征峰值图谱,直到特征峰值图谱的数量等于预设的数量阈值。

[0066] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S310至步骤S330的病理图像分类方法,在特征提取图谱的数量为0的情况下,将特征值全为0的特征图谱作为特征峰值图谱;在特征提取图谱的数量大于0,且特征提取图谱的数量小于预设的数量阈值的情况下,选取与同一病变细胞类型对应的所有的特征提取图谱作为特征峰值图谱;在特征提取图谱的数量大于预设的数量阈值的情况下,根据置信度的排序结果选取数量阈值的特征提取图谱作为特征峰值图谱,根据本申请实施例的方案,特征峰值图谱能够表征同一病变细胞类型中置信度最高的特征提取图谱,从而能够便于后续步骤中得到目标图像特征,达到提高分类的准确性的目的。

[0067] 在一实施例中,如图4所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,在步骤S140之前还可以包括但不限于有步骤S410、步骤S420。

[0068] 步骤S410:获取目标图像块对于病理图像的目标位置信息。

[0069] 本步骤中,由于目标图像块是对病理图像进行滑窗裁剪后得到,目标图像块对应病理图像的不同位置。在一个可选的实施方式中,可以是在滑窗裁剪的时候对应记录下目标图像块对于病理图像的目标位置信息,也可以是在对目标图像块进行特征提取之后,确定目标图像块对于病理图像的目标位置信息。获取目标图像块对于病理图像的目标位置信息是为了便于后续步骤中查找得到对应的特征提取图谱。

[0070] 步骤S420:根据置信度的排序结果以及目标位置信息查找得到对应的特征提取图谱。

[0071] 本步骤中,特征提取图谱是对目标图像块进行特征提取之后得到的特征图谱,目标位置信息能够用于在病理图像中查找得到目标图像块。置信度的排序结果表征同一病变细胞类型的置信度的大小顺序,根据置信度的排序结果以及目标位置信息查找得到对应的特征提取图谱,即是说,根据置信度的排序结果,从对应的目标位置信息中查找得到与对应的目标图像块对应的特征提取图谱。得到对应的特征提取图谱是为了便于后续步骤中确定特征峰值图谱。

[0072] 本申请另一个实施例中,在多个目标图像块经过特征提取模型后得到多个特征提取图谱的情况下,可以先将特征提取图谱缓存起来,并且,特征提取图谱与目标图像块对应。当根据置信度的排序结果确定需要选取的目标为与目标位置的目标图像块对应的特征提取图谱,则可以根据目标位置信息查找得到对应的特征提取图谱。

[0073] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S410至步骤S420的病理图像分类方法,获取目标图像块对于病理图像的目标位置信息;根据置信度的排序结果以及目标位置信息查找得到对应的特征提取图谱,根据本申请实施例的方案,特征提取图谱与目标图像块关联,从而能够根据目标图像块的目标位置信息查找对应的特征提取图谱,不需要在特征提取模型中进行设置,降低了训练特征提取模型的内存消耗,便于后续步骤中得到特征峰值图谱。

[0074] 值得注意的是,由于同一目标图像块中可以包括有多个病变细胞类型,从而能够得到多个特征提取图谱,所以,根据置信度的排序结果确定同一病变细胞类型中表征能力高的特征提取图谱对应的目标位置信息之后,查找得到与目标图像块对应的特征提取图谱,从而能够便于后续步骤中确定特征峰值图谱。

[0075] 在一实施例中,如图5所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,步骤S120还可以包括但不限于有步骤S510、步骤S520和步骤S530。

[0076] 步骤S510:利用病变细胞数据对特征提取模型进行训练,得到训练好的特征提取模型。

[0077] 本步骤中,特征提取模型指的是相关技术中的任意特征提取模型。病变细胞数据可以包括病变细胞类型、病变细胞的形状等数据,病变细胞类型指的是对病理图像进行分类后,关注的病理图像中的相关病变细胞类型,例如胸腹水病变细胞、腺病变细胞等。利用病变细胞类型对特征提取模型进行训练,得到训练好的特征提取模型,从而能够便于后续步骤中对目标图像块进行特征提取。

[0078] 本申请另一个实施例中,在训练特征提取模型的过程中,可以采用数据集扩增(Data Augmentation)的方式来防止过拟合,具体地,可以是给图像增加噪声、对图像进行扰动等方式进行图像增广,从而减少得到的特征提取模型出现过拟合的情况。

[0079] 步骤S520:利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细

胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0080] 本步骤中,利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,即是说,将目标图像块输入特征提取模型中,从而能够得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度,可以理解的是,置信度指的是目标图像块中的细胞包括对应的病变细胞类型的可能程度,得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度是为了便于后续步骤中确定与每一个病变细胞类型对应的病变细胞类型特征。

[0081] 本申请另一个实施例中,特征提取模型可以是相关技术中的任意分类网络模型、目标检测网络模型或者分割网络模型,可以对每一个目标图像块均设置有一个特征提取模型,也可以是将多个目标图像块依次输入特征提取模型,从而得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0082] 步骤S530:根据特征提取模型的骨干网络的网络层信息,确定与目标图像块对应的特征提取图谱。

[0083] 本步骤中,特征提取模型的骨干网络指的是与特征提取模型对应的任意骨干网络,可以理解的是,骨干网络的参数可以在训练特征提取模型的过程中进行调整,骨干网络输出的特征经过分类可以得到特征提取模型对应的分类结果。根据特征提取模型的骨干网络的网络层信息,确定与目标图像块对应的特征提取图谱,即是说,将骨干网络输出的特征作为对应目标图像块的特征提取图谱;或者,利用相关技术中的任意特征连接的方式将骨干网络中的各个层次的信息进行连接,得到特征提取图谱。

[0084] 本申请另一个实施例中,特征提取模型的骨干网络最后一层输出的尺寸为 $h \times w \times c$ 的特征图谱作为特征提取图谱;或者,利用特征金字塔网络 (Feature Pyramid Networks, FPN) 的结构,根据骨干网络的网络层信息选取预设数量个网络层特征图谱,从而将网络层特征图谱经过分类处理得到尺寸为 $1 \times 1 \times c$ 的多个特征图谱,将特征图谱串联起来得到特征提取图谱。

[0085] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S510至步骤S530的病理图像分类方法,利用病变细胞类型对特征提取模型进行训练,得到训练好的特征提取模型;利用训练好的特征提取模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度;根据特征提取模型的骨干网络的网络层信息,确定与目标图像块对应的特征提取图谱,根据本申请实施例的方案,根据骨干网络的网络层信息确定特征提取图谱,从而能够提高特征提取图谱的表征能力,达到提高后续得到的分类结果的准确性的目的。

[0086] 在一实施例中,如图6所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,特征提取模型为目标检测网络模型,步骤S520还可以包括但不限于有步骤S610、步骤S620。

[0087] 步骤S610:利用训练好的目标检测网络模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞位置信息。

[0088] 本步骤中,目标检测网络模型指的是相关技术中的任意目标检测网络模型,例如EfficientDet、Yolo等。利用训练好的目标检测网络模型对目标图像块进行特征提取,即是说将目标图像块输入目标检测网络模型,从而得到病变细胞位置信息。得到病变细胞位置信息是为了便于后续步骤中得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0089] 步骤S620:根据病变细胞位置信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0090] 本步骤中,病变细胞位置信息指的是目标图像中病变细胞的位置信息,由于目标检测网络模型经过病变细胞数据的训练得到,可以是设置多个目标检测网络模型分别检测不同类型的病变细胞,从而可以根据检测到的病变细胞的位置信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0091] 本申请另一个实施例中,当存在两种病变细胞类型,目标检测网络模型分别检测得到对应的病变细胞位置信息,根据目标检测网络模型可以得到该目标图像块中是否存在对应的病变细胞类型以及与病变细胞类型对应的置信度。

[0092] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S610至步骤S620的病理图像分类方法,利用训练好的目标检测网络模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞位置信息;根据病变细胞位置信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度,根据本申请实施例的方案,确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度,从而便于后续步骤中得到同一病变细胞类型最相关的特征图谱,达到提高分类结果的准确性的目的。

[0093] 在一实施例中,如图7所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,特征提取模型为分割网络模型,步骤S520还可以包括但不限于有步骤S710、步骤S720。

[0094] 步骤S710:利用训练好的分割网络模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞的掩码信息。

[0095] 本步骤中,分割网络模型指的是相关技术中的任意分割网络模型,例如Unet、LinkNet等。利用训练好的分割网络模型对目标图像块进行特征提取,即是说将目标图像块输入分割网络模型,从而得到病变细胞的掩码信息。得到病变细胞的掩码信息是为了便于后续步骤中得到病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0096] 步骤S720:根据掩码信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0097] 本步骤中,病变细胞的掩码信息指的是经过分割网络模型后,得到的目标图像中病变细胞对应位置的掩码信息,由于分割网络模型经过病变细胞数据的训练得到,对于每一个病变细胞类型均加上不同的掩码信息,从而可以根据病变细胞的掩码信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度。

[0098] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S710至步骤S720的病理图像分类方法,利用训练好的分割网络模型对目标图像块进行特征提取,得到病变细胞的掩码信息;根据掩码信息确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度,根据本申请实施例的方案,确定病变细胞类型和与病变细胞类型对应的置信度,从而便于后续步骤中得到同一病变细胞类型最相关的特征图谱,达到提高分类结果的准确性的目的。

[0099] 在一实施例中,如图2所示,对病理图像分类方法进行进一步的说明,步骤S140还可以包括但不限于有步骤S810、步骤S820。

[0100] 步骤S810:利用预设的第二特征提取模块对特征峰值图谱进行特征提取,得到中间特征图谱,其中,每一个特征峰值图谱均对应有一个第二特征提取模块,第二特征提取模块共用第二权重值。

[0101] 本步骤中,预设的第二特征提取模块指的是预先设置的任意特征提取模块,第二权重值指的是与病变细胞类型相关的权重值,利用预设的第二特征提取模块对特征峰值图谱进行特征提取,得到中间特征图谱,其中,每一个特征峰值图谱均对应有一个第二特征提取模块,第二特征提取模块共用第二权重值,所以,中间特征图谱能够表征特征峰值图谱中

病变细胞的类型信息,得到中间特征图谱是为了便于后续步骤中得到病变细胞类型特征。

[0102] 本申请另一个实施例中,本申请实施例的技术方案用于对病理图像进行分类,共用第二权重值,从而能够将特征峰值图谱之间的病变细胞类型信息统一起来,减少病变细胞类型分布不平衡导致分类结果出错的情况,提高了分类方法对各种不同分布的样本的适应性。

[0103] 步骤S820:将中间特征图谱输入带注意力模块的池化层,得到病变细胞类型特征。

[0104] 本步骤中,将中间特征图谱输入带注意力模块的池化层,得到病变细胞类型特征。

[0105] 在一个可选的实施方式中,一共有n个特征峰值图谱 $B_i = \{F_1, \dots, F_n\}$,特征峰值图谱 B_i 经过第二特征提取模块进行特征提取后得到中间特征图谱 $B_i' = \{X_1, \dots, X_n\}$,其中 $X_j \in R^{L \times 1}$, X_j 之间为无序的相互独立关系。获取病变细胞类型特征 Z_i 的方法如下:

$$[0106] \quad Z_i = \sum_{j=1}^N \alpha_j X_j$$

[0107] 当

$$[0108] \quad \alpha_j = \text{softmax}(w^T(\tanh(VX_j^T) \cdot \text{sigmoid}(UX_j^T)))$$

[0109] 即

$$[0110] \quad \alpha_j = \frac{\exp\{w^T(\tanh(VX_j^T) \cdot \text{sigmoid}(UX_j^T))\}}{\sum_{m=1}^N \exp\{w^T(\tanh(VX_m^T) \cdot \text{sigmoid}(UX_m^T))\}}$$

[0111] 其中,w、U和V均为第二特征提取模块中对应的神经网络参数, $w \in R^{L \times 1}$, $U \in R^{L \times M}$, $V \in R^{L \times M}$,M和L都为可调的超参,M和L均为特征的长度。此时 $\sum \alpha_j = 1$ 。可以得到K个病变细胞类型特征 $\{BF_1, \dots, BF_n\}$ 。

[0112] 本实施例中,通过采用包括有上述步骤S810至步骤S820的病理图像分类方法,利用预设的第二特征提取模块对特征峰值图谱进行特征提取,得到中间特征图谱,其中,每一个特征峰值图谱均对应有一个第二特征提取模块,第二特征提取模块共用第二权重值;将中间特征图谱输入带注意力模块的池化层,得到病变细胞类型特征,根据本申请实施例的方案,根据特征峰值图谱和共用第二权重值的第二特征提取模块得到病变细胞特征,减少病变细胞类型分布不平衡导致分类结果出错的情况,提高了分类方法对各种不同分布的样本的适应性。

[0113] 另外,如图9所示,本申请的一个实施例还提供了一种图像分类装置1000,该图像分类装置1000包括:存储器1002、处理器1001及存储在存储器1002上并可在处理器1001上运行的计算机程序。

[0114] 处理器1001和存储器1002可以通过总线或者其他方式连接。

[0115] 存储器1002作为一种非暂态计算机可读存储介质,可用于存储非暂态软件程序以及非暂态性计算机可执行程序。此外,存储器1002可以包括高速随机存取存储器,还可以包括非暂态存储器,例如至少一个磁盘存储器件、闪存器件、或其他非暂态固态存储器件。在一些实施方式中,存储器1002可选包括相对于处理器1001远程设置的存储器1002,这些远程存储器可以通过网络连接至该处理器1001。上述网络的实例包括但不限于互联网、企业内部网、局域网、移动通信网及其组合。

[0116] 实现上述实施例的病理图像分类方法所需的非暂态软件程序以及指令存储在存储器1002中,当被处理器1001执行时,执行上述实施例中的病理图像分类方法,例如,执行以上描述的图1中的方法步骤S110至S160、图2中的方法步骤S210至S220、图3中的方法步骤S310至S330、图4中的方法步骤S410至S420、图5中的方法步骤S510至S530、图6中的方法步骤S610至S620、图7中的方法步骤S710至S720、图8中的方法步骤S810至S820。

[0117] 此外,本申请的一个实施例还提供了一种计算机可读存储介质,该计算机可读存储介质存储有计算机可执行指令,该计算机可执行指令被一个处理器或控制器执行,例如,被上述装置实施例中的一个处理器执行,可使得上述处理器执行上述实施例中的病理图像分类方法,例如,执行以上描述的图1中的方法步骤S110至S160、图2中的方法步骤S210至S220、图3中的方法步骤S310至S330、图4中的方法步骤S410至S420、图5中的方法步骤S510至S530、图6中的方法步骤S610至S620、图7中的方法步骤S710至S720、图8中的方法步骤S810至S820。

[0118] 本领域普通技术人员可以理解,上文中所公开方法中的全部或某些步骤、基站系统可以被实施为软件、固件、硬件及其适当的组合。某些物理组件或所有物理组件可以被实施为由处理器,如中央处理器、数字信号处理器或微处理器执行的软件,或者被实施为硬件,或者被实施为集成电路,如专用集成电路。这样的软件可以分布在计算机可读介质上,计算机可读介质可以包括计算机存储介质(或非暂时性介质)和通信介质(或暂时性介质)。如本领域普通技术人员公知的,术语计算机存储介质包括在用于存储信息(诸如计算机可读指令、数据结构、程序模块或其他数据)的任何方法或技术中实施的易失性和非易失性、可移除和不可移除介质。计算机存储介质包括但不限于RAM、ROM、EEPROM、闪存或其他存储器技术、CD-ROM、数字多功能盘(DVD)或其他光盘存储、磁盒、磁带、磁盘存储或其他磁存储装置、或者可以用于存储期望的信息并且可以被计算机访问的任何其他的介质。此外,本领域普通技术人员公知的是,通信介质通常包含计算机可读指令、数据结构、程序模块或者诸如载波或其他传输机制之类的调制数据信号中的其他数据,并且可包括任何信息递送介质。

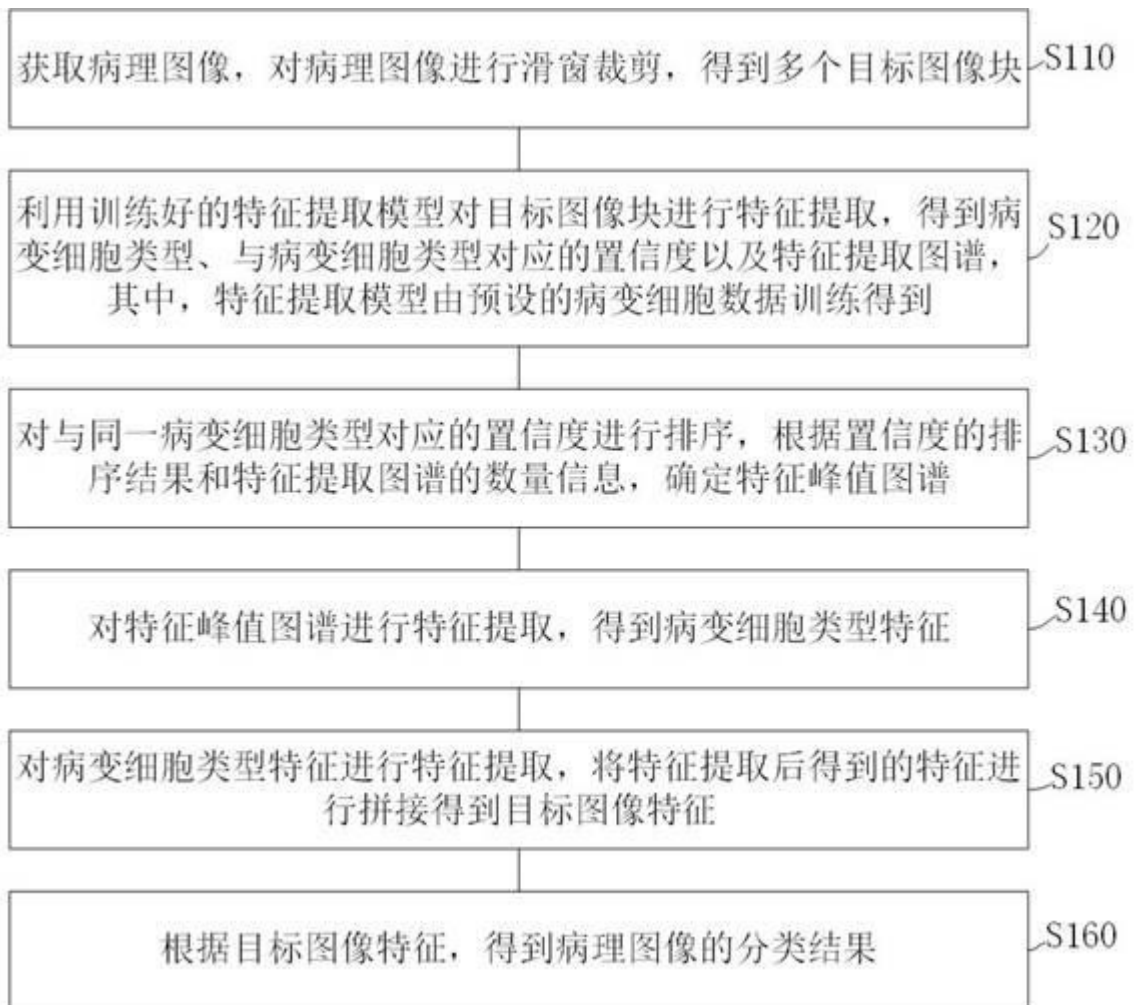


图1

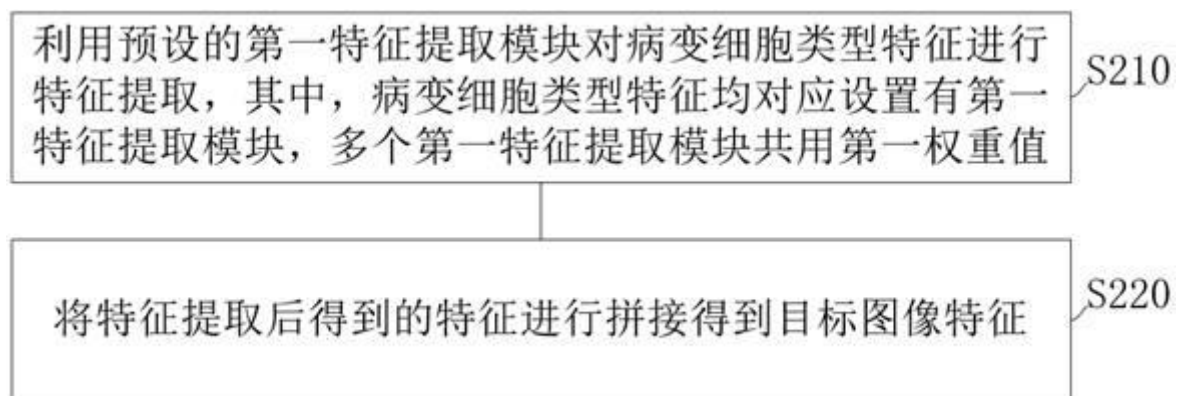


图2

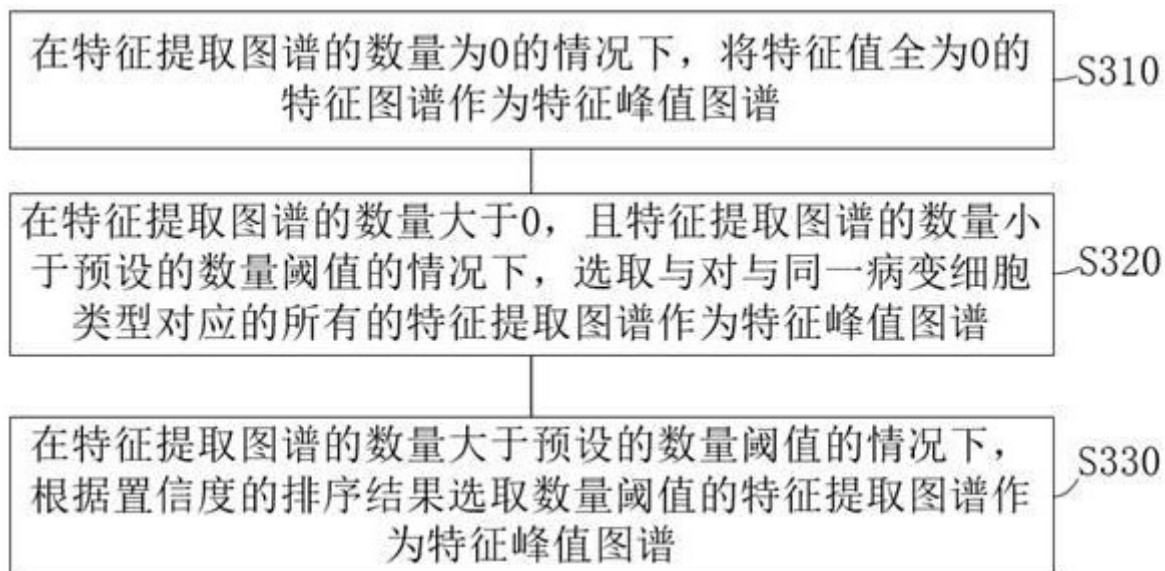


图3

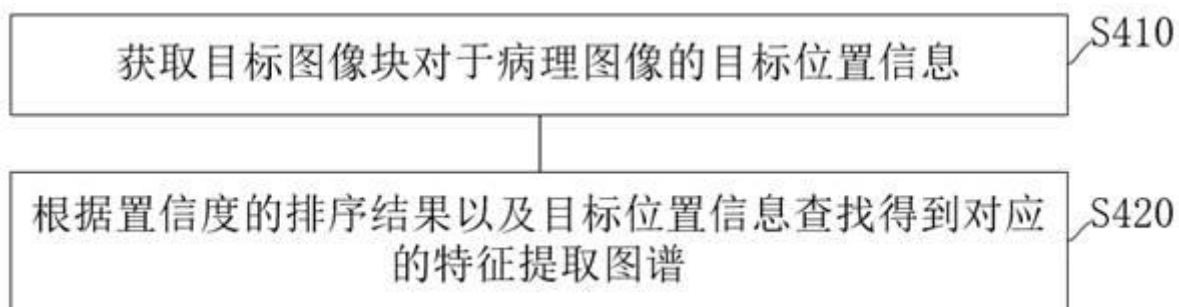


图4



图5

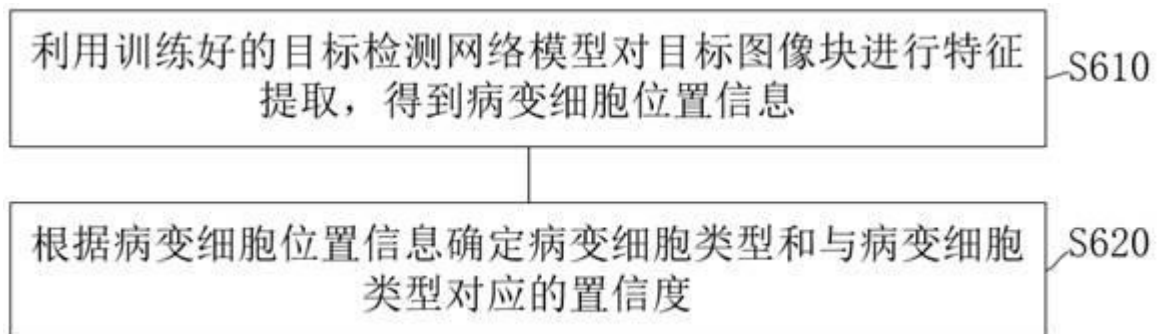


图6

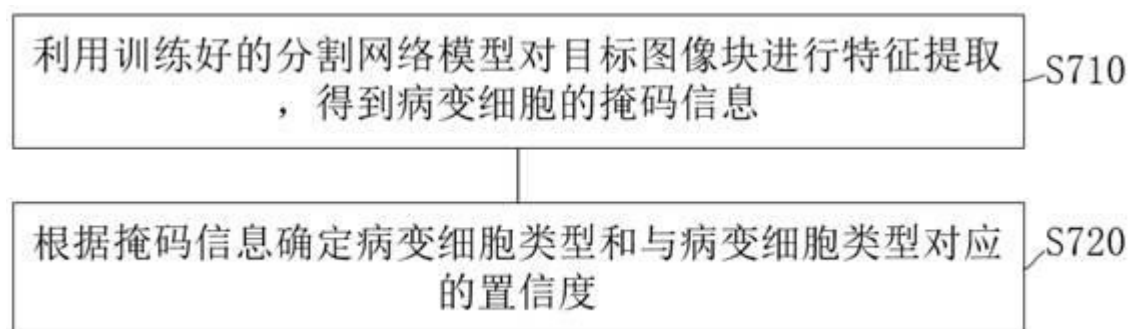


图7

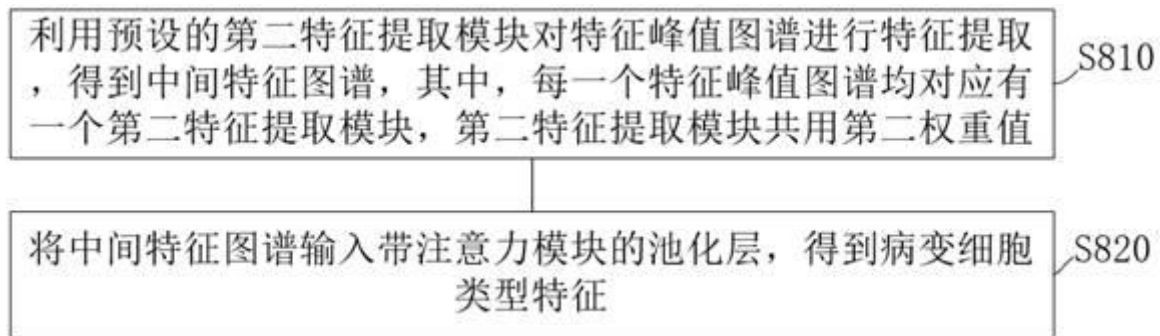


图8

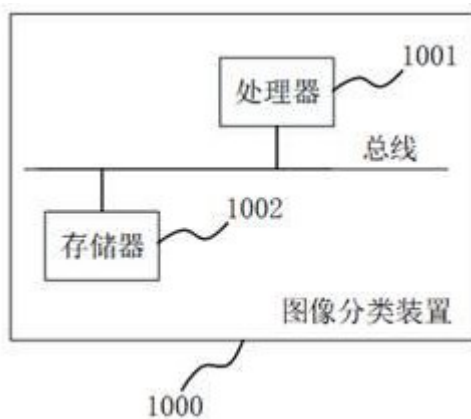


图9