

# 基于深度学习的疟疾检测

刘银萍<sup>1</sup>, 尹 明<sup>2</sup>, 陈 平<sup>2</sup>, 曾奕秋<sup>2</sup>

(1. 广东工业大学 实验教学部, 广东 广州 510006;

2. 广东工业大学 自动化学院, 广东 广州 510006)

**摘 要:** 针对疟疾检测方法中的模型存在训练时间过长, 权重参数冗余等问题, 用疟疾数据集从头开始训练, 更改输入图像的大小, 直接对 ResNet-50 网络的深度和宽度进行缩减, 研究采用深度学习技术快速、准确地检测疟疾。该方法缩短了模型训练时间, 提高了疟疾分类精确度, 缩小了模型权重参数大小。

**关键词:** 疟疾检测; 深度学习; 从头训练

**中图分类号:** R531.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1002-4956(2020)02-0067-05

## Malaria detection based on in-depth learning

LIU Yinping<sup>1</sup>, YIN Ming<sup>2</sup>, CHEN Ping<sup>2</sup>, ZENG Yiqiu<sup>2</sup>

(1. Experiment Teaching Department, Guangdong University of Technology, Guangzhou 510006, China;

2. School of Automation, Guangdong University of Technology, Guangzhou 510006, China)

**Abstract:** In view of the problems of long training time and redundant weight parameters in the model of malaria detection method, we use the malaria data set from the beginning for training, change the size of input image, directly reduce the depth and width of resnet-50 network, and study the rapid and accurate malaria detection method by using the in-depth learning technology. This method shortens the training time of the model, improves the accuracy of malaria classification and reduces the weight parameters of the model.

**Key words:** malaria detection; in-depth learning; training from beginning

本文提出了一种改进的疟疾检测方法, 该方法针对已有深度学习疟疾检测方法中的模型存在训练时间过长, 权重参数冗余的问题, 改进的实验方法采用与之相似的模型结构, 并进行了从头训练。在相似的实验条件中, 与原方法相比, 本实验缩短了近 12 倍的模型训练时间, 提高了 1% 疟疾分类精确度, 缩小了模型大小 (最小的模型仅为 0.5 MB)。

### 1 基于深度学习的疟疾检测研究现状

2018 年, 美国国立卫生研究院 (NIH) Rajaraman 等采集了血细胞图像, 制作疟疾数据集<sup>[1]</sup>, 并用该数据集训练疟疾分类卷积神经网络, 发表了论文, 见文献[2]。在文献[2]中, 分别采用 5 个预训练卷积神经网络

络的最后一层卷积层的输出作为特征提取, 进而对疟疾分类。其中, 采用预训练卷积神经网络 ResNet-50<sup>[3-4]</sup>作为特征提取, 疟疾分类精确度达到了 95.7%。同时, 在特异性、灵敏性等综合测试中, 性能都比用其他卷积神经网络作为特征提取优异 (见表 1), 表中 AUC 为曲线面积, MCC 为马修斯相关系数。

2018 年 12 月, Adrian<sup>[5]</sup>指出文献[2]存在的缺陷: (1) 采用特征提取的方法进行疟疾分类, 虽然达到了 95.7% 的精确度, 但是每一次特征提取的训练时间都超过 24 h, 训练效率低下; (2) 模型权重大小为 96 MB, 权重参数冗余, 计算效率不高, 不易部署到物联网 (IoT) 设备。

Adrian 不采取特征提取的方式, 而是保证疟疾分类精度不变的前提下, 对 ResNet-50 神经网络进行缩减后, 利用疟疾数据集<sup>[2]</sup>从头训练一个新的疟疾分类神经网络。Adrian 改进的疟疾分类模型精度略高于文献[2], 在训练集上精度 (acc) 达到 96.5%, 在验证集精度 val\_acc 上达到 96.78%, 在测试集上精度达到 97%。同时, 由于网络深度和宽度被缩减, 模型权重

收稿日期: 2019-06-26

基金项目: 国家自然科学基金面上项目 (61876042)

作者简介: 刘银萍 (1980—), 女, 广东潮州, 硕士, 实验师, 主要研究方向为自动化控制。

E-mail: 27949334@qq.com

通信作者: 尹明 (1975—), 男, 湖南永州, 博士, 教授, 主要研究方向为模式识别、机器学习及智能图像处理。

表 1 预训练疟疾分类卷积神经网络性能对比图

模型	准确率	AUC	敏感性	特异性	F1 分数	MCC
AlexNet	0.937±0.012	0.981±0.007	0.940±0.017	0.933±0.034	0.937±0.011	0.872±0.024
VGG-16	0.945±0.015	0.981±0.007	0.939±0.022	0.951±0.019	0.945±0.016	0.887±0.030
ResNet-50	0.957±0.007	0.990±0.004	0.945±0.020	0.969±0.009	0.957±0.008	0.912±0.014
Xception	0.890±0.107	0.948±0.062	0.931±0.039	0.835±0.218	0.895±0.100	0.772±0.233
DenseNet-12	0.931±0.018	0.976±0.023	0.942±0.023	0.926±0.032	0.931±0.017	0.894±0.036

大小为 17.7 MB,比文献[2]的 96 MB 缩小了约 5.4 倍;训练模型时间为 54 min(epoch 为 50),训练时间缩小约 27 倍,实验结果见图 1 和图 2。

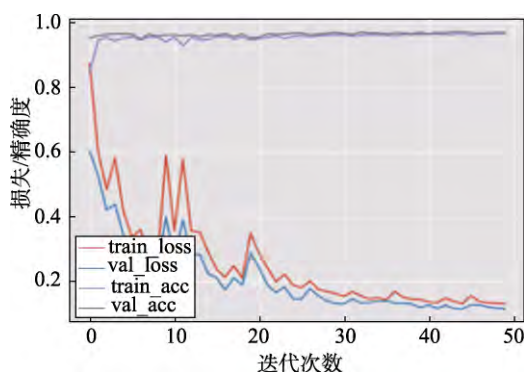


图 1 模型训练过程损失函数和精确率的变化

```

Deep Learning and Medical Image Analysis with Keras
1 $ python train_model.py
2 Found 19842 images belonging to 2 classes.
3 Found 2204 images belonging to 2 classes.
4 Found 5512 images belonging to 2 classes.
5
6 Epoch 1/50
7 620/620 [=====] - 67s - loss: 0.8723 - acc: 0.8459 - val
8 _loss: 0.6020 - val_acc: 0.9508
9 Epoch 2/50
10 620/620 [=====] - 66s - loss: 0.6017 - acc: 0.9424 - val
11 _loss: 0.5285 - val_acc: 0.9576
12 Epoch 3/50
13 620/620 [=====] - 65s - loss: 0.4834 - acc: 0.9525 - val
14 _loss: 0.4210 - val_acc: 0.9609
15 Epoch 48/50
16 620/620 [=====] - 65s - loss: 0.1343 - acc: 0.9646 - val
17 _loss: 0.1216 - val_acc: 0.9659
18 Epoch 49/50
19 620/620 [=====] - 65s - loss: 0.1344 - acc: 0.9637 - val
20 _loss: 0.1184 - val_acc: 0.9678
21 Epoch 50/50
22 620/620 [=====] - 65s - loss: 0.1312 - acc: 0.9658 - val
23 _loss: 0.1162 - val_acc: 0.9678
24 [INFO] serializing network...
25 [INFO] evaluating network...
26
27 precision recall f1-score support
28 Parasitized 0.97 0.97 0.97 2786
29 Uninfected 0.97 0.97 0.97 2726
30 avg / total 0.97 0.97 0.97 5512
  
```

图 2 模型精度、训练时间结果

## 2 模型训练方法方案对比

### 2.1 特征提取

文献[1]采用的 ResNet-50<sup>[3-4]</sup>网络结构,如图 3 中方框内所示。

layer name	output size	18-layer	34-layer	50-layer	101-layer	152-layer
conv1	112×112			7×7, 64, stride 2		
conv2_x	56×56	3×3, 64	3×3, 64	3×3 max pool, stride 2	3×3, 64	3×3, 64
conv3_x	28×28	3×3, 128	3×3, 128	3×3, 128	3×3, 128	3×3, 128
conv4_x	14×14	3×3, 256	3×3, 256	3×3, 256	3×3, 256	3×3, 256
conv5_x	7×7	3×3, 512	3×3, 512	3×3, 512	3×3, 512	3×3, 512
	1×1			average pool, 1000-d fc, softmax		

图 3 ResNet-50 网络结构

由图 3 方框中可知,ResNet-50 网络结构分为 1 个全连接层及 5 个残差卷积块 (conv1、conv2\_x、conv3\_x、conv4\_x、conv5\_x)。其中,残差卷积块 conv1 的主要作用是迅速减少输入图像大小,残差卷积块 conv2\_x、conv3\_x、conv4\_x、conv5\_x 由多个残差模块<sup>[3-4]</sup>组成,对缩减后的图像进行特征提取,以便后续的疟疾图像分类。

特征提取的实现方式就是保留网络中所有的卷积块及相应的权重参数、更换输入图像数据集 (更换为疟疾数据集)、更换输出标签 (更换为未感染疟疾和已感染疟疾)、替换 ResNet-50 的全连接层为别的分类器,如逻辑回归、SVM 向量机等,具体做法如图 4 所示。



图 4 特征提取的网络结构

采用特征提取的方法,可以利用主干网络训练得到更高难度数据集 ImageNet 权重参数,直接对新的疟疾图像进行特征提取,再通过选取恰当的分类器,对疟疾图像进行分类,获得较高的准确度。然而,特征提取具有局限性:主干网络上的权重参数虽然在更高难度数据集上训练得到,具有强大的特征提取能力,但是新的数据集中,无法采用梯度下降法进行参数调整,仅能调整分类器上的权重参数,对新的数据集适应性差,限制了准确性进一步的提高。

### 2.2 从头训练

疟疾数据集<sup>[2]</sup>共有 27 588 个图像,包含未感染疟疾和感染疟疾 2 类。每个类别有 13 794 个图像。该数据集的数据量充足,且每一类的图像数量均匀,可以尝试从头训练一个新的卷积神经网络,对疟疾图像进行分类。

对比于特征提取方式,从头训练能够采用梯度下

降法对神经网络的权重参数进行调整, 以适应疟疾数据集。在文献[5]中, Adrian 对 ResNet-50 网络进行缩减后, 利用疟疾数据集对网络从头训练。为了减少训练时间, Adrian 将 ResNet-50 输入图像大小从 224×224 像素调整为 64×64 像素, 同时将 Resnet-50 网络中卷积块 conv1 的卷积核大小从 7×7 像素改为 5×5 像素, 去除了 max pool 层; 为了减少网络的深度和权重参数的大小, 寻找 ResNet-50 网络的最佳特征层, 去除了残差卷积块 conv5\_x, 将残差卷积块 conv2\_x、conv3\_x、conv4\_x 的卷积核数量缩减为原来的 50%, 网络层数从 50 层缩减为 41 (1+3×3+3×4+3×6+1) 层, 网络结构如图 5 所示。在进一步提高疟疾分类的精度情况下, 模型权重大小及训练时间均优于特征提取的方式。

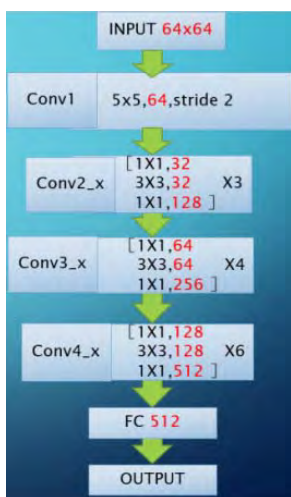


图 5 Resnet-41 网络结构

### 3 改进的实验思路和方案设计

#### 3.1 改进的实验思路

本实验遵循 Adrian 的改进思路: 用疟疾数据集, 从头开始训练; 更改输入图像的大小, 以减少训练时间; 直接对 ResNet-50 网络的深度和宽度进行缩减, 保证精度不下降的情况下, 减少模型权重参数大小, 改进的实验思路如图 6 所示。

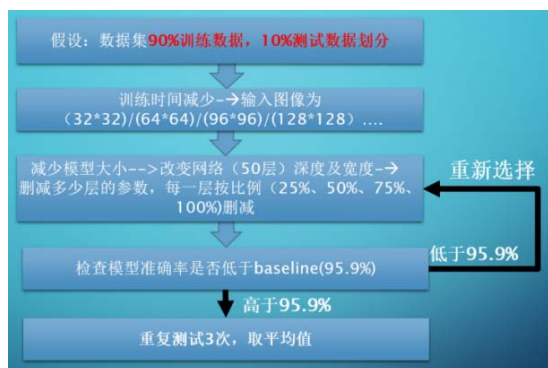


图 6 实验思路流程

#### 3.2 实验方案设计

实验用的图像处理器为单个 1080ti, (数据集) 迭代次数 epoch 为 150。实验的具体实现借鉴了文献[3]的实现方式: 对训练集使用标准的颜色数据增强 (standard color augmentation) [6]; 由于疟疾分类为二分类任务, 其损失函数为

$$J(w, b) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m L(\hat{y}^{(i)}, y^{(i)}) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (-y^{(i)} \lg \hat{y}^{(i)} - (1 - y^{(i)}) \lg (1 - \hat{y}^{(i)}))$$

其中:  $m$  为批的数量 (Batch size) 的大小, 本设计中取 64;  $L$  为交叉熵函数;  $y$  为真实值;  $\hat{y}$  为预测值。采用文献[7]的方法进行权重初始化; 采用随机梯度下降法 (SGD) 进行参数更新; 初始学习率为 0.1 (每当 loss 损失处于稳定、不下降时, 则学习率乘以 0.1), 参照文献[8]的做法, 未使用 dropout 层[9]进行正则化。

首先, 先对 Adrian 的改进方案进行复现, 将 epoch 从 50 调整 150, 与后续实验 epoch 保持一致, 即训练时间约 2.8 h, (在单个 1080ti 的实验环境下, 每一个 epoch 为 67 s); 模型参数大小 17.7 MB, 训练集精度为 96.7%, 验证集精度为 97.5%, 测试集精度为 96.6% (约 97%)。复现的结果与 Adrian 基本一致, 见图 7—图 9。

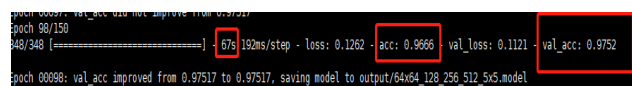


图 7 模型训练集精度 96.7% 验证集精度 97.5%

[INFO] evaluating network...				
	precision	recall	f1-score	support
Uninfected	0.9839	0.9455	0.9643	1358
Parasitized	0.9490	0.9850	0.9667	1398
micro avg	0.9655	0.9655	0.9655	2756
macro avg	0.9665	0.9652	0.9655	2756
weighted avg	0.9662	0.9655	0.9655	2756

图 8 测试集精度 96.6%

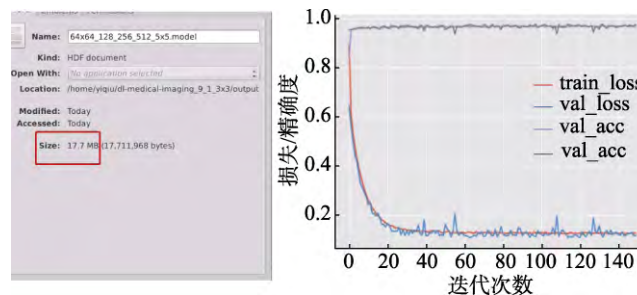


图 9 模型参数大小 17.7 MB 及训练过程 (迭代次数 150)

考虑到在 Adrian 的 Resnet-41 中, conv1 为标准卷积, 主要作用是减少输入的图像大小, 以便后续的残差卷积块 conv2\_x、conv3\_x 和 conv4\_x 进行特征提



取及分类。Adrian 将输入图像调整为  $64 \times 64$  像素, 卷积块 conv1 的卷积核大小从  $7 \times 7$  像素改为  $5 \times 5$  像素, 去除了 pool 层, 减少了卷积块 conv1 的作用。经过卷积块 conv1 后输出图像的大小为  $32 \times 32$  像素。

基于上述的讨论可得出以下猜想: 改变输入图像的大小可以缩小训练时间, 而 conv1 的主要作用将图像大小从  $64 \times 64$  像素缩减为  $32 \times 32$  像素。那么将输入图像大小改为  $32 \times 32$  像素, 将卷积块 conv1 去除, 能否保持原来精度不变, 进一步缩短训练时间?

将输入图像大小改为  $32 \times 32$  像素, 去除卷积块 conv1, 其他实验条件不变, 结果见图 10—图 12。

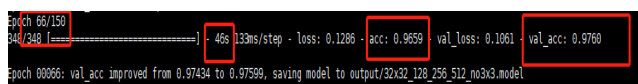


图 10 模型训练集精度 96.6%和验证集精度 97.6%

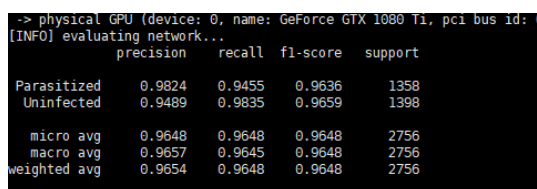


图 11 测试集精度 96.5%

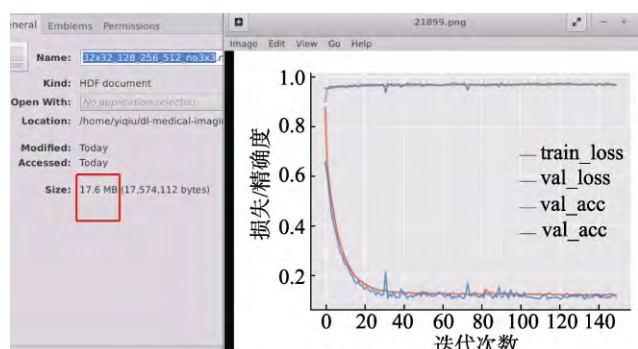


图 12 模型参数大小 17.6 MB 及训练过程 (迭代次数 150)

可见, 训练集精度为 96.6%, 验证集精度为 97.6%, 测试集精度为 96.5% (约 97%), 模型的精度基本不变, 训练时间约为 1.9 h (每一 epoch 约 46 s, epoch 为 150)。同时, 模型的权重参数为 17.6 MB, 比 Adrian 的模型小了 0.1 MB (删除了卷积块 conv1)。

由此可得出: 将模型的输入图像修改为  $32 \times 32$  像素, 去除 ResNet-41 的卷积块 conv1, 变成为 ResNet-40, 模型的精度可保持不变, 训练时间明显缩短, 有利于后续的实验的进行。

在文献[1]中, Rajaraman 等证明更浅的 ResNet 层更有利于疟疾分类精度的提高。在文献[10]中, Huang 等证明 ResNet<sup>[3-4]</sup>并不是所有的层都是必要的, 存在大量的冗余参数。基于此, Adrian 不仅缩减了 ResNet-50 的层数, 提高了疟疾分类精度, 还将 ResNet-50 的

宽度 (每一层的卷积核数量) 缩减了 50%。通过对神经网络深度和宽度同时缩减, 文献[1]的模型权重大小从 96 MB 缩减到了 17.7 MB。

在本设计中, 在保证分类精度不变的情况下, 仅对网络的宽度进一步地缩减, 试图使模型大小变得更小。基于上述的 ResNet-40, 即输入图像为  $32 \times 32$  像素, 网络宽度缩减程度为 50% (缩减程度相对于 ResNet-50<sup>[3-4]</sup>), 训练时间为 1.9 h (epoch 为 150), 分别进行 6 组实验, 实验结果见表 2。

表 2 不同宽度缩减程度 Resnet-40 的精度及模型大小

组别	宽度缩减程度 %	训练集精度 %	验证集精度 %	测试集精度 %	模型大小 MB
1	50.00	96.6	97.6	96.5	17.7
2	62.50	96.7	97.4	96.6	10.1
3	75.00	96.9	97.6	97.2	4.8
4	81.25	97.1	97.7	97.3	2.9
5	87.50	96.7	97.6	97.0	1.5
6	93.75	96.6	97.5	96.8	0.72
7	96.875	96.4	97.4	96.8	0.5

从实验结果可以得出: 实验精度均比文献[1]高了近 1%, 与 Adrian 的 Resnet-41 的精密相同。在保持精度不变的情况下, 随着不断缩减宽度程度, 模型大小也随之减少。在组别 (4) 中, 模型的精度与模型大小达到较好平衡。实验结果见图 13—图 15。

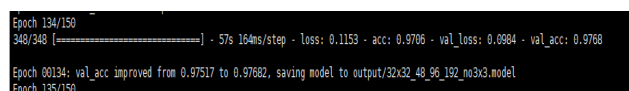


图 13 模型训练集精度 97.6%和验证集精度 97.7%

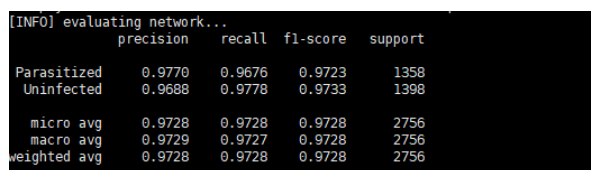


图 14 测试集精度 97.3%

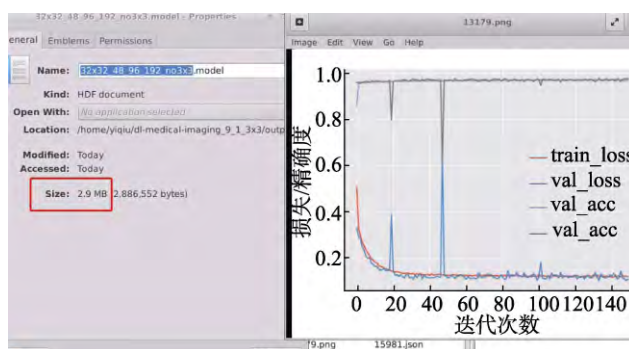


图 15 模型参数大小 2.9 MB 及训练过程 (迭代次数 150)

在组别(7)中,模型宽度缩减程度达到近97%,模型大小仅有0.5 MB,仍具有较高的分类精度。实验结果见图16—图18。

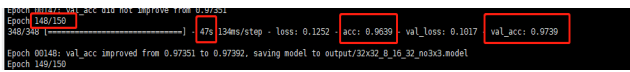


图16 模型训练集精度96.4%和验证集精度97.4%

[INFO] evaluating network...

	precision	recall	f1-score	support
Uninfected	0.9810	0.9529	0.9668	1358
Parasitized	0.9555	0.9821	0.9686	1398
micro avg	0.9677	0.9677	0.9677	2756
macro avg	0.9683	0.9675	0.9677	2756
weighted avg	0.9681	0.9677	0.9677	2756

图17 测试集精度96.8%

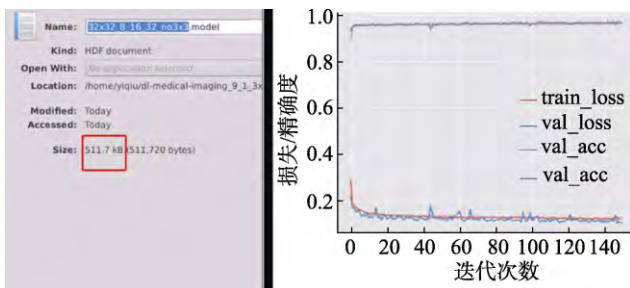


图18 模型参数大小0.5 MB及训练过程(迭代次数150)

## 4 结语

建立快速、高效、经济的疟疾诊断方法,已成为疟疾防治问题的迫切需要<sup>[11-12]</sup>。本文针对疟疾检测的现实需求,利用数字图像处理、模式识别、机器学习的相关理论知识,改进和设计了一种基于深度学习的疟疾检测方法。实验结果表明,在相同数据集、采用相似的卷积神经网络结构的情况,更改输入图像大小为32×32像素,训练仅需1.9 h,缩短了模型的训练时间;与文献[2]实验模型(96 MB)相比,在提高了1%分类精度的情况下,本设计缩小了模型权重参数大小(最小的模型仅为0.5 MB),模型的部署环境对硬件方面要求更低。本实验仅对ResNet-50网络进行实验,未对基于ResNet的更先进卷积分类神经网络进行测试,例如采用分组卷积的ResNeXt<sup>[13]</sup>,引入通道注意力机制的SE-Net<sup>[14]</sup>,对通道进行随机打乱的ShuffleNet<sup>[15]</sup>。今后,将继续研究新的检测技术,使疟疾检测朝着更准确更省时的方向不断改进和发展。

## 参考文献 (References)

- [1] RAJARAMAN S, ANTANI S, POOSTCHI M, et al. Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved parasite detection in thin blood smear images[J/OL]. (2018-04-16). <https://doi.org/10.7717/peerj.4568>.
- [2] RAJARAMAN S, ANTANI S, POOSTCHI M, et al. Malaria dataset[DB/OL]. (2018-04-16). [https://ceb.nlm.nih.gov/proj/malaria/cell\\_images.zip](https://ceb.nlm.nih.gov/proj/malaria/cell_images.zip).
- [3] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proc of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2016.
- [4] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Identity mappings in deep residual networks [C]//Proc of European Conference on Computer Vision. 2016: 630–645.
- [5] ADRIAN R. Deep Learning and Medical Image Analysis with Keras[EB/OL]. (2018-12-03). <https://www.pyimagesearch.com/2018/12/03/deep-learning-and-medical-image-analysis-with-keras>.
- [6] KRIZHEVSKY A, SUTSKEVER I, HINTON G. ImageNet classification with deep convolutional neural networks[J]. Communications of the ACM, 2017, 60(6): 84–90.
- [7] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Delving deep into rectifiers: surpassing human-level performance on ImageNet classification[C]//Proc of IEEE International Conference on Computer Vision. 2015: 1026–1034.
- [8] IOFFE S, SZEGEDY C. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift[C]//Proc of International Conference on International Conference on Machine Learning. 2015: 448–456.
- [9] HINTON G, SRIVASTAVA N, KRIZHEVSKY A, et al. Improving neural networks by preventing co-adaptation of feature detectors[J]. Computer Science, 2012, 3 (4): 212–223.
- [10] HUANG G, SUN Y, LIU Z, et al. Deep networks with stochastic depth[J]. Computer Vision-ECCV, 2016(9908): 646–661.
- [11] 唐克香, 综述, 杨恒林, 等. 疟疾病原学检测研究进展[J]. 中国病原生物学杂志, 2011, 6(9): 694–696.
- [12] 李欢, 王晓春. 分子技术在快速检测疟疾中的应用进展[J]. 广东医学, 2013, 34(16): 2583–2584.
- [13] XIE S, GIRSHICK R, DOLLA'R P, et al. Aggregated residual transformations for deep neural networks[C]//Computer Vision and Pattern Recognition. 2017: 5987–5995.
- [14] 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.
- [15] ZHANG X Y, ZHOU X Y, LIN M X, et al. ShuffleNet: An extremely efficient convolutional neural network for mobile devices[C]//Proc of IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2018: 6848–6856.