

DOI:10.19651/j.cnki.emt.2210222

基于改进的YOLOX血细胞检测算法研究^{*}

易见兵 黄苏泉 曹锋 李俊

(江西理工大学信息工程学院 赣州 341000)

摘要: 血细胞计数是一种常见的临床检验方法。针对血液显微镜图像中的血细胞种类不均匀、密集且相互遮挡导致现有血细胞检测方法准确率不高,提出了一种改进的YOLOX血细胞检测算法。该算法首先在损失函数中引入Focal loss以改善单阶段目标检测算法正负样本的不平衡和细胞种类不均匀的问题;接着在残差模块中引入混合注意力机制,减少了血细胞相互遮挡造成的漏检、错检的概率;然后在特征融合尾部引入自适应空间特征融合模块以提高特征表达能力;最后在残差模块中引入逆深度可分离卷积模块在减少模型参数的同时还略微提高检测精度。提出的算法在BCCD血细胞数据集进行了测试,改进后的YOLOX算法在血细胞数据集上的检测精度达到了92.5%,相比YOLOX算法提升了2.4%,且减少了8%的模型参数量;该算法在COCO2017通用数据集上的检测精度达到了41.7%,相对于原始YOLOX算法提升了1.2%。

关键词: 目标检测;分离卷积;注意力机制;特征融合;Focal loss

中图分类号: TP391.4 文献标识码: A 国家标准学科分类代码: 510.4

Research on improved blood cell detection algorithm based on YOLOX

Yi Jianbing Huang Suquan Cao Feng Li Jun

(College of Information Engineering, Jiangxi University of Science and Technology, Ganzhou 341000, China)

Abstract: Blood count is a common clinical test. Aiming at the low accuracy of the existing blood cell detection methods due to the uneven, dense and mutual occlusion of blood cells in blood microscope images, an improved YOLOX blood cell detection algorithm is proposed. The algorithm firstly adds Focal loss into the loss function to improve the imbalance of positive and negative samples and uneven cell types in the single-stage target detection algorithm. Then, a mixed attention mechanism is added into the residual module, which reduces the probability of missed detection and false detection caused by the mutual occlusion of blood cells. Then an adaptive spatial feature fusion module is added at the end of the feature fusion to improve the feature expression ability. Finally, an inverse depth separable convolution module is added into the residual module to reduce model parameters and slightly improve detection precision. The proposed algorithm is tested on the BCCD blood cell data set, and the detection accuracy of the improved YOLOX algorithm on the blood cell data set is 92.5%, which is 2.4% higher than that of the YOLOX algorithm, and the model parameters are reduced by 8%; The detection accuracy of the algorithm on the COCO2017 general data set is 41.7%, which is 1.2% higher than that of the original YOLOX algorithm.

Keywords: object detection; separable convolution; attention mechanism; feature fusion; Focal loss

0 引言

血液显微镜图像分析是临床检验中的一种常见方法,通过统计不同血细胞的数量能够有效辅助医生的临床诊断。血液中含有3种重要成分:白细胞(white blood cell, WBC),红细胞(red blood cell, RBC)和血小板(Platelets)^[1]。

当红细胞数量增多时容易造成血管阻塞,而减少时容易产生贫血症状,并且可通过观察白细胞数量的变化判断人体内是否有细菌侵入。因此血细胞数量统计在很多疾病发病初期有非常显著的诊断效果,而基于图像处理的血细胞检测是一种常见的血细胞数量统计方法^[2-3]。

由于显微图像数据形态多样性,传统的图像处理算

收稿日期:2022-06-05

*基金项目:国家自然科学基金(62066018)、江西省自然科学基金(2018BAB202004)、江西省教育厅科技项目(GJJ210828,GJJ200818,GJJ180482)、赣州市科技计划项目(GZKJ20206030)资助

^[4-6]因为其检测效率低和准确度不高等原因已不能满足研究人员在细胞检测计数中遇到的复杂问题。随着深度学习技术的不断发展,为细胞自动准确的检测创造了条件。当前基于深度神经网络的目标检测算法主要分为两大类,即一阶段算法和二阶段算法^[7-8]。二阶段算法先对候选区域进行提取,然后再进行分类和位置调整,这类算法精度高但是检测速度较慢^[9],代表性算法有 Fast-RCNN^[10]、Faster-RCNN^[11]等。不同于 Faster-RCNN, Cai 等^[12]提出的 Cascade-RCNN 主干网络采用了 Resnet 结构,它可以有效阻止因为网络结构加深而导致的梯度消失等问题。Qin 等^[13]为了提高二阶段算法的实时推理性能提出了 ThunderNet,设计了 SNet 作为轻量级主干网络用并且引入空间注意力机制(spatial attention mechanisms, SAM)用于优化特征分布。一阶段算法不像二阶段算法那样分成两个步骤,而是对输入图像直接在其原本位置上进行分类和回归物体边框。Redmon 等^[14]提出了 YOLOv3 算法,其在前期工作的基础上引入了 FPN 并且使用 Darknet-53 网络进行特征提取,使检测性能得到提高。Bochkovskiy 等^[15]提出了 YOLOv4 算法,其在 YOLOv3 的基础上主干网络替换为 CSPDarknet53,并且采用 Mosaic 数据增强,使得模型更加轻量化的同时保持准确率。由于上述两大类算法都是基于锚框来生成预测框的,锚框的定义在一定程度上也会限制检测算法的性能,所以 Duan 等^[16]提出了基于无锚框的检测算法 CenterNet,该算法去除了低效的锚框操作从而提升了检测算法性能。Zhu 等^[17]提出了 DETR 算法,该算法基于 Transformer 的端到端目标检测,不需要 NMS 后处理也不需要锚框,大大简化了目标检测的过程。Xiong 等^[18]提出了轻量级算法 MobileDets,该算法引入了一种基于正则卷积构建的增强搜索空间方法从而在移动端有更快的检测速度。Ge 等^[19]在 2021 年对 YOLO 系列算法进行

了改进,构建了一个新的高性能检测算法——YOLOX,该算法将 YOLO 检测器变成无锚框模式,还将检测头分成两部分来减小一个解耦头对物体识别带来的影响并且采用引导标签分配策略 SimOTA 为不同大小的目标动态匹配正样本,以此来提高算法的检测精度,但其损失函数不适合数据集分类不平衡问题,且提取的特征细节不够丰富。由于在血液细胞检测过程中,存在血细胞相互遮挡、红细胞和白细胞的分类不平衡等问题,本文提出了一种改进的 YOLOX 血细胞检测算法来提高其检测精度。本文的主要工作包括:

1) 针对单阶段目标检测算法正负样本的不平衡和血细胞数据集分类不平衡的问题,本文在损失函数中将置信度损失更换为 Focal loss^[20] 函数,以提高算法的检测精度;

2) 针对血细胞相互遮挡造成的漏检、错检,本文在残差模块中使用了 CBAM^[21]混合域注意力机制,CBAM 模块可以提高神经网络对有用信息的关注,抑制无关信息;

3) 针对 YOLOX 算法在特征表达能力不足问题,本文提出在特征融合尾部引入 ASFF^[22]自适应空间特征融合模块,通过学习得到不同的权重自适应地去融合不同的特征,以提高算法的特征表达能力;

4) 为提高计算效率,本文通过在残差模块中引入逆深度可分离卷积模块以减少模型的参数量,同时还能提高算法的检测精度。

1 YOLOX 算法原理

YOLOX 的网络结构主要包含 4 个部分: 输入端(input), 主干特征提取部分(backbone), 颈部特征融合部分(neck), 分类回归预测部分(prediction), YOLOX 的网络结构如图 1 所示。

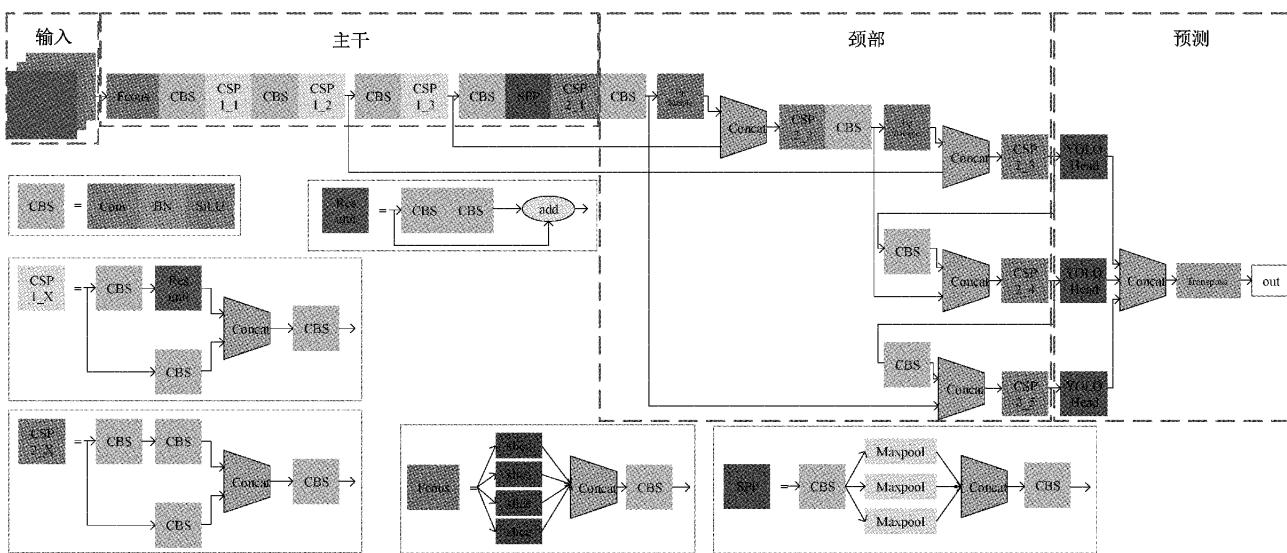


图 1 YOLOX 网络结构

输入端, YOLOX 主要采用了 Mosaic、Mixup 两种数据增强方法。Mosaic 数据增强的方式是通过随机缩放、随机裁剪、随机排布的方式进行拼接, 对小目标的检测效果提升明显。Mixup 数据增强是将正负样本融合成一组样本, 使得样本量翻倍, 从而扩充训练数据集。在主干特征提取部分, 输入图像通过 Focus 网络每隔一个像素获取一个特征值, 即获得 4 个独立的特征层, 然后将 4 个独立的特征层进行堆叠, 宽高信息就集中到了通道信息, 输入通道扩充了 4 倍, 拼接起来的特征层相对于原先的 3 通道变成了 12 个通道。接着特征图像分别经过 1 个 1×1 和 1 个 3×3 普通卷积的残差模块堆叠的 CSPDarknet 结构, 该结构可以分成两部分, 其中主干部分继续进行残差模块的堆叠, 另一部分则经过少量的图像处理和主干部分直接相

连。通过 SPP 网络的不同大小核的最大池化层进行特征提取, 以提高网络的感受野。

颈部特征融合部分采用路径聚合网络 PANet 结构, 在原始的 FPN 网络基础上添加了一个自下向上的连接, 增强在较低层中准确的定位信息流, 建立底层特征和高层特征之间的信息路径, 从而增强整个特征的层次架构。将不同尺寸的特征图进行特征融合, 有利于提高特征的表达能力。利用颈部特征融合以后, 就可以分别获得 3 个不同尺度的加强特征图, 然后将这 3 个不同尺度的特征图传入预测端。回归预测部分与之前 YOLO 系列的算法不一样, 分类和回归在一个解耦头实现。但在 YOLOX 中, YOLO Head 被分成两部分, 最后预测的时候才整合在一起。图 2 所示为两者的不同。

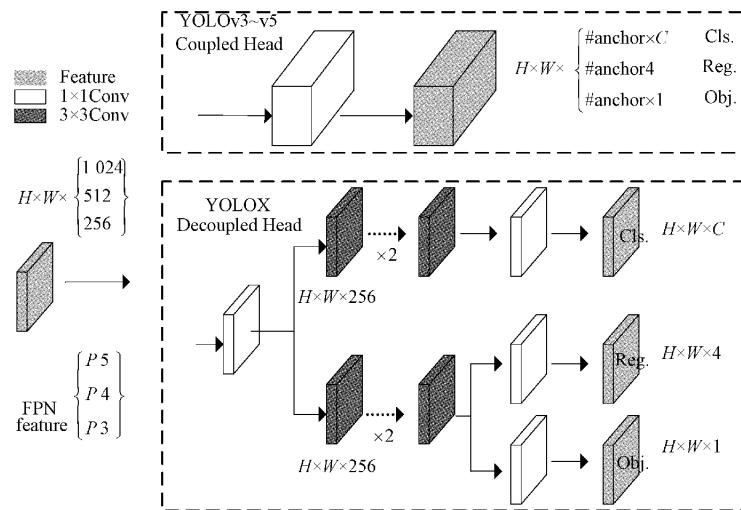


图 2 耦合头和解耦头的对比图

YOLOX 算法的损失函数由预测框回归损失、置信度损失和分类损失共同构成, 其中预测框回归损失采用的是 IOU 损失, 置信度损失和分类损失都是采用的二元交叉熵损失。

2 基于 YOLOX 算法的改进

2.1 损失函数的改进

为了增强复杂条件下检测血细胞的能力, 同时由于本文中的置信度损失是针对目标框和筛选出的正负样本预测框进行的, 本文提出采用 Focal Loss 代替 BCEloss(二元交叉熵损失函数)对物体置信度损失进行优化。Focal loss 函数在目标检测算法中可用于解决模型中背景分类不平衡和正负样本严重不平衡的问题, 它在训练中降低了大量简单负样本的权重, 也可以看作是一种对困难样本的挖掘。Focal Loss 的数学表达式如式(1)所示。

$$L_{f\ell} = \begin{cases} -\alpha(1-y')^\gamma \log y', & y = 1 \\ -(1-\alpha)y^\gamma \log(1-y^\gamma), & y = 0 \end{cases} \quad (1)$$

其中, $y = 1$ 代表的是正样本, $y = 0$ 代表的是负样

本, y' 为预测值且它的值在 0~1 之间。 γ 因子的作用是减少容易分类的样本的损失, 并使损失函数更加关注困难和错误分类的样本。均衡因子 α 用于平衡正负样本比例不均的问题, 在本文中 $\gamma = 2$, $\alpha = 0.25$ 。

2.2 混合注意力机制

目标像素值的大小可以通过卷积神经网络中的周围像素来计算。然而, 局部信息计算的结果通常会导致全局信息的丢失和偏差。为了减轻信息偏差, 可以使用更大的卷积滤波器, 也可以构建更深的卷积神经网络, 但是计算量上升得也比较快且效果不明显。

通过在神经网络中加入注意力机制来定位感兴趣的信息, 同时抑制无用的信息。注意力机制主要分为: 空间注意力机制、通道注意力机制、以及混合域注意力机制。空间注意力机制负责目标位置的建立, 通道注意力机制主要负责目标的分类。混合域注意力机制 CBAM 是一种高效、轻量级的注意力模块, 可以集成到任何卷积神经网络架构中, 并且可以与基础网络进行端到端的训练, CBAM 模块结构如图 3 所示。

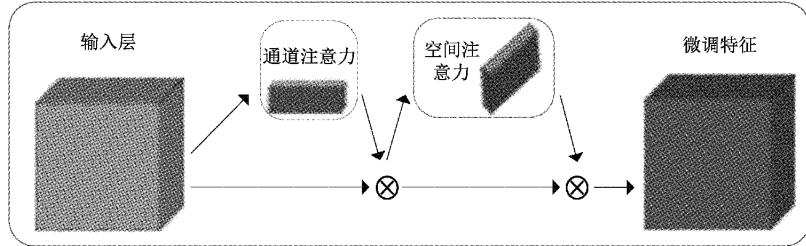


图 3 CBAM 模块结构

CBAM 模块分为通道注意力模块和空间注意力模块。

首先将特征图输入通道注意力模块，输出对应的特征注意力图，然后将输入的特征与特征注意力相乘，数学表达式如式(2)所示；通道注意力模块输出特征经过空间注意力模块，进行同样的操作，最后得到 CBAM 输出特征图，数学表达式如式(3)所示。

$$F' = M_c(F) \otimes F \quad (2)$$

$$F'' = M_s(F') \otimes F' \quad (3)$$

其中， \otimes 代表逐元素乘法， F 是输入特征图， $M_c(F)$ 是通道注意力模块输出的通道注意力图， $M_s(F')$ 是空间注意力模块输出的空间注意力图， F'' 是 CBAM 输出的特征图。

为了获得更高效的网络结构，本文在 YOLOX 特征提取网络的残差模块中间添加 CBAM 模块，如图 4 所示，从而提高了网络的感受野，并且在网络提取特征的过程中进行自适应细化处理，使提取的特征表达能力更强。针对血细胞目标密集、相互遮挡、多个小目标的特点，通过在特征提取网络中集成 CBAM 模块，使其具备通道特征和空间特征的权重调节能力，从而增加有用特征的权重，同时抑制无效特征的权重，即更加关注包含重要信息的目标区域，抑制不相关信息，达到提高血细胞检测精度的目的。

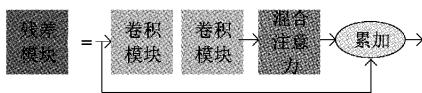


图 4 加入 CBAM 后的残差模块

2.3 自适应空间特征融合

虽然 YOLOX 中使用 PANet 结构将不同尺度的特征图进行特征融合有利于提取出更好的特征，但是这样的特征融合方式只是将相同大小特征图进行叠加，并没有更好的融合它们之间不同的特征细节。因此本文提出在 PANet 的尾部引入自适应空间特征融合网络，通过学习得到不同的权重来自适应融合不同的特征细节，改进后的 PANet 结构如图 5 所示。以 ASFF-0 为例，Leve0、Level1、Level2 的特征与来自不同层的特征乘上权重参数 α_0 、 β_0 、 γ_0 并相加，就能得到新的融合特征 ASFF-0，需要强调的是特征融合时要求 Level0~2 层输出的特征图大小和通道数都相同。以 ASFF-0 为例，对于 Level1 到 Level0 特征图，只需要用一个卷积核大小为 3、步长为 2 的卷积操作即可；对于 Level2 到 Level0 特征图，则需要先进行最大池化操作，其池化核大小为 3、步长为 2，然后进行卷积操作，卷积核大小为 3、步长为 2，这样就能把 Level1 和 Level2 特征图的尺寸调整到与 Level0 特征图完全一致，式(4)为 ASFF 的计算公式。

$$y_{ij}^l = \alpha_{ij}^l \cdot x_{ij}^{0 \rightarrow l} + \beta_{ij}^l \cdot x_{ij}^{1 \rightarrow l} + \gamma_{ij}^l \cdot x_{ij}^{2 \rightarrow l} \quad (4)$$

其中， $x_{ij}^{n \rightarrow l}$ 表示的是从其它层到第 l 层变换的特征图 ($l \in \{0, 1, 2\}$)， y_{ij}^l 表示的是 ASFF 的各层输出，权重参数 α_{ij}^l 、 β_{ij}^l 和 γ_{ij}^l 满足 $\alpha_{ij}^l + \beta_{ij}^l + \gamma_{ij}^l = 1$ 且 $\alpha_{ij}^l, \beta_{ij}^l, \gamma_{ij}^l \in [0, 1]$ 。

2.4 逆深度可分离卷积

YOLOX 网络的 Cspdarknet 模块为模型的基础网络，

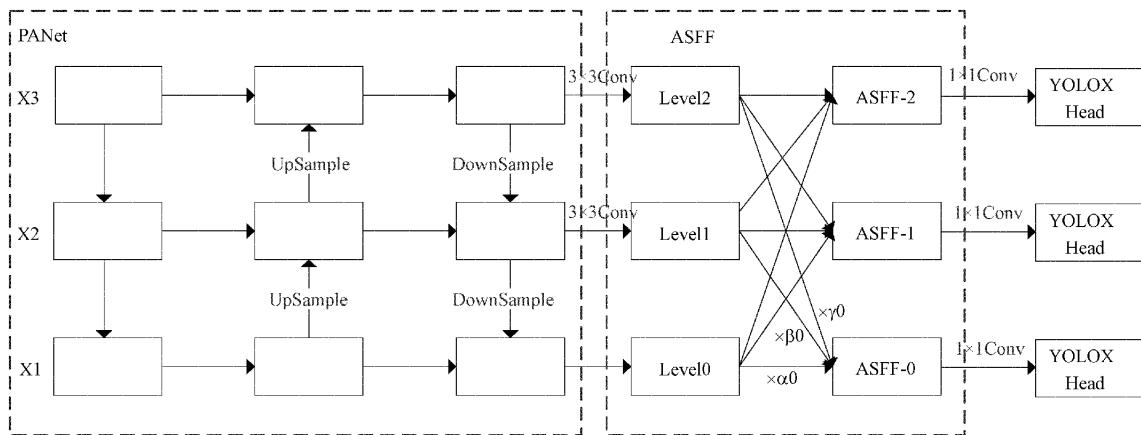


图 5 改进后的 PANet 结构

Cspdarknet中的残差模块主要由普通的 1×1 卷积和 3×3 卷积堆叠而成,每个特征图都必须进行 1×1 卷积和 3×3 卷积,大大增加了模型的参数量。为了在减少参数量的同时还能尽量不降低精度,受深度可分离卷积(DSC)^[23]的启发,本文对它进行了改进,提出了逆深度可分离卷积(IDSC)并在残差模块中加入IDSC, IDSC是由 1×1 卷积、批归一化(BN)层,SiLU激活函数和 3×3 逐通道卷积构成。

图6和7分别展示了深度可分离卷积和逆深度可分离卷积的结构和区别。IDSC模块是先采用 1×1 卷积,接着采用 3×3 逐通道卷积,和残差结构中的主干部分类似,都是 1×1 和 3×3 卷积的堆叠,但是在引入逐通道卷积后明显减少了模型的参数量。假设特征图输入维度是 M ,需要输出 N 维的特征图,卷积核大小是 3×3 ,通过普通卷积后的参数量为 $3\times 3\times M\times N$ 所示,而通过IDSC后的参数量为 $1\times 1\times M\times N + 3\times 3\times M$, IDSC与普通卷积参数量的比值如式(5)所示。

$$\frac{1\times 1\times M\times N + 3\times 3\times M}{3\times 3\times M\times N} = \frac{1}{9} + \frac{1}{N} \quad (5)$$



图6 深度可分离卷积结构

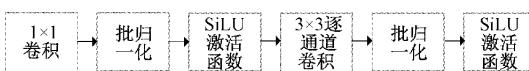


图7 逆深度可分离卷积结构

图8和9展示了带普通卷积的残差模块和引入IDSC后的残差模块的区别。值得注意的是,在原始的残差模块中用的是普通的 3×3 卷积,而在IDSC中用的是 3×3 的逐通道卷积。如果将IDSC模块分解,它仍然是 1×1 卷积和 3×3 卷积。换个角度讲,在残差模块中采用IDSC模块后,这就是一个稀疏版的主干特征提取网络。

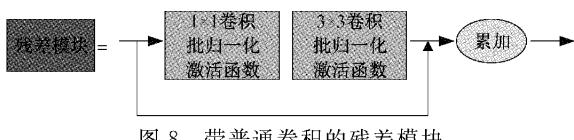


图8 带普通卷积的残差模块

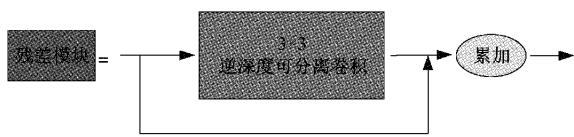


图9 引入IDSC后的残差模块

3 分析与讨论

3.1 实验设置

实验中的硬件环境:处理器为Intel(R) Xeon(R) W-2123 CPU @ 3.60 GHz,显卡为NVIDIA Geforce RTX

2080Ti;软件环境:操作系统为Window10,显卡驱动为CUDA10.1,加速库为Cudnn7.6.5,深度学习框架为Pytorch1.7。采用随机梯度下降法进行训练,学习率为0.0025并且采用余弦学习率策略,权重衰减为0.0005,随机梯度下降法的动量为0.9,batchsize为16,一共训练120个epoch。

3.2 数据集介绍

实验采用的是公共数据集BCCD(血细胞计数数据集),该数据集包含364张大小为 $640\times 640\times 3$ 的图片,其中RBC的数量较多,WBC和Platelets的数量较少。BCCD数据集按7:2:1随机分为训练集,验证集和测试集,各数据集的详细信息如表1所示。本算法在输入端采用Mosaic数据增强和Mixup数据增强,所以本文在数据预处理阶段没有进行数据扩增。

表1 血细胞数据集详细信息

数据集分类	种类	每种类型 的数量	合计数量
训练集	RBC	2 938	3 450
	WBC	263	
	Platelets	249	
验证集	RBC	819	967
	WBC	72	
	Platelets	76	
测试集	RBC	398	471
	WBC	37	
	Platelets	36	

3.3 实验结果与分析

1) 算法中改进模块的实验结果

为了体现本文改进思路以及方法的有效性,本文采用消融实验来分析验证不同改进方法对整个算法的影响。将本文算法分别进行六组实验,第1组为原始的YOLOX算法;第2组为在第1组的基础上将物体置信度损失替换为Focal loss函数;第3组为在第2组的基础上在残差模块中引入CBAM模块;第4组在第3组的基础上在特征融合的尾部引入ASFF模块;第5组为在第4组的基础上在残差模块中引入DSC模块;第6组,即本文提出最终改进的算法,在第4组的基础上引入IDSC模块与第5组实验进行对比。BCCD数据集的实验结果如表2所示,其中的评价指标具体为:Ap表示某一类的精度值;mAp表示的是所有类别的平均精度值;Pamars表示的是模型参数量;GFLOPs表示的是模型计算量。

从第2组实验可以看出,物体置信度损失由BCEloss替换为Focal loss后,mAp值提升了0.7%,并且血小板的精度提升了3.9%,说明Focal loss能够有效改善单阶段目标检测算法正负样本的不平衡和细胞种类不均匀的问题。

表 2 本文算法中改进模块的实验结果

分组	Focal loss	CBAM	ASFF	DSC in ResUnit	IDSC in ResUnit	WBC Ap	RBC Ap	Platelets Ap	mAp@.5	Params	GFLOPs
1						96.7	88.9	84.8	90.1	8.94 M	26.64
2	✓					96.3	87.4	88.7	90.8	8.94 M	26.64
3	✓	✓				96.9	88.6	89.6	91.7	8.99 M	26.67
4	✓	✓	✓			97.2	89.4	90.6	92.4	9.18 M	27.04
5	✓	✓	✓	✓		96.8	88.1	89.9	91.6	8.44 M	22.91
6	✓	✓	✓		✓	97.2	89.5	90.8	92.5	8.44 M	24.42

从第 3 组实验可以看出,网络中引入 CBAM 模块后,mAp 值上升 0.9%,虽然参数量和计算量分别上升了 0.05 M 和 0.03 G,但都在合理范围之内且推理时间几乎没有变。第 4 组实验将 ASFF 模块引入特征融合尾部后,虽然参数量和计算量分别上升了 0.19 M 和 0.37 G,但是对应的 mAp 值提高了 0.7%。第 5 组实验将 DSC 引入残差模块以后虽然参数量、计算量都分别下降了 0.74 M、4.13 G,但是平均精度也降低了 0.8%。将第 6 组实验与第 5 组实验对比可以看出,采用 IDSC 模块替换 DSC 模块后,只稍微增加了一点计算量,但平均精度比第 5 组实验上升 0.9%,比第 4 组

实验还上升了 0.1%,从而证明在本算法中采用 IDSC 模块效果显著。

从测试集中随机抽出 1 张血细胞图片进行测试,其检测结果如图 10 所示,图中显示了原始图片如图 10(a)所示、YOLOX 算法的检测图如图 10(b)所示和本文算法的检测图如图 10(c)所示。可以明显看出图 10(b)中的 YOLOX 算法的红细胞漏检率较高,且在图中可以看到右下角有一个血小板漏检,而本文算法的红细胞漏检率明显降低且白细胞和血小板全部检出,说明本文所提出算法的检测效果提升明显。

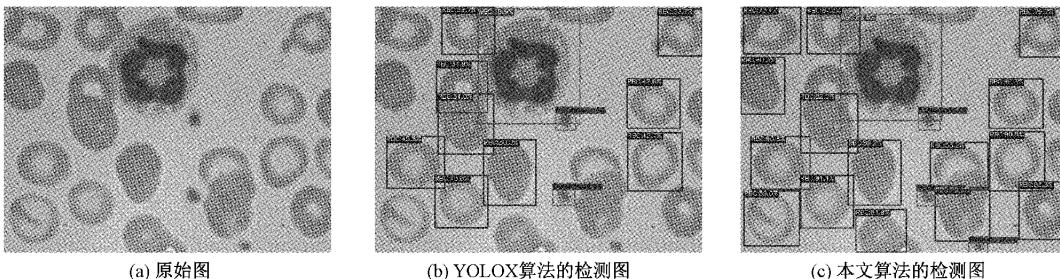


图 10 算法改进前后检测效果对比

为了验证算法的收敛效果,本文给出了模型训练过程中的损失函数值变化曲线图,如图 11 所示。在图 11 中,横轴表示迭代次数,纵轴表示损失值,可以看出迭代在 60 次左右,损失值就缓慢下降并且趋于稳定,从而可以看出算法能够快速收敛,训练效率较高。

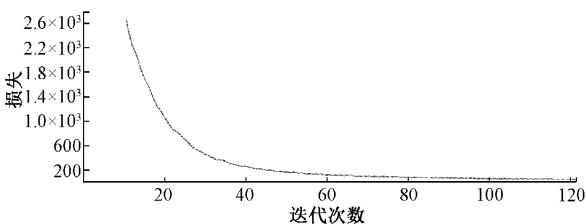


图 11 损失函数收敛曲线

2) 本文算法与现有主流算法的比较结果

由于现有算法比较方式存在差异,为公平对比实验效果,本文在 $IOU=0.5$ 、 $IOU=0.4$ 分别进行了两组实验对比。表 3 表示在 $IOU=0.5$ 时的各个算法的检测精度,表 4 表示在 $IOU=0.4$ 时的各个算法的检测精度,从表 3、4

可以看出,不论是参数量、计算量还是平均检测精度值,改进的 YOLOX 算法在血细胞检测数据集上都优于现有的其它主流算法。

表 3 在血细胞数据集上 $IOU=0.5$ 时与主流算法比较结果

模型	mAp@.5	Params	GFLOPs
Deformable DETR ^[24]	87.7	40 M	173 G
YOLOV3 ^[14]	88.3	62 M	193 G
YOLOF ^[25]	89.0	42 M	98 G
YOLOX	90.1	8.94 M	26.64 G
本文	92.5	8.44 M	24.42 G

表 4 在血细胞数据集上 $IOU=0.4$ 时与主流算法比较结果

模型	mAp@.4	Params
FED ^[26]	89.9	13.68 M
TE-YOLOF-B3 ^[27]	91.9	16.76 M
YOLOX	90.3	8.94 M
本文	92.7	8.44 M

3)改进算法在通用数据集上的检测效果

为验证本文算法的泛化性能,本文在COCO2017数据集上进行了测试。检测结果如表5所示,可以看出本文算法比原始算法YOLOX的精度值提升了1.2%,相对于其

它主流算法,其检测精度也有一定优势。通过上述实验可以证明本文算法对普通物体的检测效果也较好,模型具有一定的泛化能力。

表5 在通用数据集上本文算法与主流算法比较结果

模型	mAp			mAp		
	IOU=0.5 : 0.95	IOU=0.5	IOU=0.75	area : S	area : M	area : L
Mask-RCNN ^[28]	38.2	60.3	41.7	20.1	41.5	48.2
PP-YOLO(320) ^[29]	39.3	59.3	42.7	16.7	41.4	57.8
EfficientDet-D1 ^[30]	39.6	58.6	42.3	17.9	44.3	56.0
YOLOX	40.5	59.3	43.7	23.2	44.8	54.1
YOLOV4(416) ^[15]	41.2	62.8	44.3	20.4	44.4	56.0
本文	41.7	62.9	45.1	25.1	46.1	54.8

4 结论

针对血细胞种类不均匀、密集且相互遮挡从而造成算法的检测精度不高的问题,本文提出了一种基于改进的YOLOX血细胞检测算法,该算法在血细胞数据集上提升检测精度的同时适当减少了模型的参数量。针对血细胞种类不均匀和单阶段目标检测算法引起的正负样本不均匀的问题,将原本置信度损失BCEloss替换为Focal loss,可以有效对困难样本进行挖掘从而改善了细胞种类不均匀和正负样本不均匀;在残差模块中引入注意力机制,使神经网络更加关注包含重要信息的目标区域同时抑制无关信息;在特征融合尾部引入自适应特征融合模块从而学习得到不同的权重来自适应融合不同的特征;逆深度可分离卷积的提出使模型适当减少参数量的同时还提高了算法的检测精度。同时模型在通用数据集COCO2017上的检测效果也较好,说明该模型具有一定的泛化能力。下一步研究工作将会重点关注模型的检测速度,使得模型的检测效率较高的同时检测效果也较好。

参考文献

- [1] ATKINS C G, BUCKLEY K, BLADES M W, et al. Raman spectroscopy of blood and blood components[J]. Applied Spectroscopy, 2017, 71(5): 767-793.
- [2] BURGARA-ESTRELLA A J, ACOSTA-ELÍAS M A, ÁLVAREZ-BAJO O, et al. Atomic force microscopy and Raman spectra profile of blood components associated with exposure to cigarette smoking [J]. RSC Advances, 2020, 10(20): 11971-11981.
- [3] LÓPEZ-CANIZALES A M, ANGULO-MOLINA A, GARIBAY-ESCOBAR A, et al. Nanoscale changes on RBC membrane induced by storage and ionizing radiation: A mini-review[J]. Frontiers in Physiology, 2021, 12: 1-8.
- [4] PATIL P R, SABLE G S, ANANDGAONKAR G. Counting of WBCs and RBCs from blood images using gray thresholding [J]. International Journal of Research in Engineering and Technology, 2014, 3(4): 391-395.
- [5] REDDY V H. Automatic red blood cell and white blood cell counting for telemedicine system [J]. International Journal of Research in Advent Technology, 2014, 2(1): 294-299.
- [6] HARI J, PRASAD A S, RAO S K. Separation and counting of blood cells using geometrical features and distance transformed watershed [C]. the 2nd International Conference on Devices, Circuits and Systems, 2014: 1-5.
- [7] 曹红燕,沈小林,刘长明,等.改进的YOLOv3的红外目标检测算法[J].电子测量与仪器学报, 2020, 34(8): 188-194.
- [8] 张培培,王昭,王菲.基于深度学习的图像目标检测算法研究[J].国外电子测量技术, 2020, 39(8): 34-39.
- [9] 蓝金辉,王迪,申小盼.卷积神经网络在视觉图像检测的研究进展[J].仪器仪表学报, 2020, 41(4): 167-182.
- [10] GIRSHICK R. Fast r-cnn [C]. Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision, 2015: 1440-1448.
- [11] REN S, HE K, GIRSHICK R, et al. Faster r-cnn: Towards real-time object detection with region proposal networks [J]. Advances in Neural Information Processing Systems, 2015, 28: 1-9.
- [12] CAI Z, VASCONCELOS N. Cascade r-cnn: Delving into high quality object detection[C]. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2018: 6154-6162.

- [13] QIN Z, LI Z, ZHANG Z, et al. ThunderNet: Towards real-time generic object detection on mobile devices [C]. Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019: 6718-6727.
- [14] REDMON J, FARHADI A. Yolov3: An incremental improvement [J]. ArXiv Preprint, 2018, ArXiv: 1804.02767, 2018.
- [15] BOCHKOVSKIY A, WANG C Y, LIAO H Y M. Yolov4: Optimal speed and accuracy of object detection[J]. ArXiv preprint, 2020, ArXiv: 2004.10934: 1-16.
- [16] DUAN K, BAI S, XIE L, et al. Centernet: Keypoint triplets for object detection[C]. Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019: 6569-6578.
- [17] ZHU X, SU W, LU L, et al. Deformable detr: Deformable transformers for end-to-end object detection [J]. ArXiv Preprint, 2020, ArXiv: 2010. 04159.
- [18] XIONG Y, LIU H, GUPTA S, et al. Mobiledet: Searching for object detection architectures for mobile accelerators [C]. Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2021: 3825-3834.
- [19] GE Z, LIU S, WANG F, et al. Yolox: Exceeding yolo series in 2021 [J]. ArXiv Preprint, 2021, ArXiv: 2107.08430.
- [20] LIN T Y, GOYAL P, GIRSHICK R, et al. Focal loss for dense object detection[C]. Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision, 2017: 2980-2988.
- [21] WOO S, PARK J, LEE J Y, et al. Cbam: Convolutional block attention module[C]. Proceedings of the European Conference on Computer Vision, 2018: 3-19.
- [22] LIU S, HUANG D, WANG Y. Learning spatial fusion for single-shot object detection [J]. ArXiv Preprint, 2019, ArXiv: 1911. 09516.
- [23] CHOLLET F. Xception: Deep learning with depthwise separable convolutions[C]. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2017: 1251-1258.
- [24] ZHU X, SU W, LU L, et al. Deformable DETR: Deformable transformers for end-to-end object detection[C]. International Conference on Learning Representations, 2020.
- [25] CHEN Q, WANG Y, YANG T, et al. You only look one-level feature[C]. Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2021: 13039-13048.
- [26] SHAKARAMI A, MENHAJ M B, MAHDAMI-HORMAT A, et al. A fast and yet efficient YOLOv3 for blood cell detection [J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2021, 66: 102495.
- [27] XU F, LI X, YANG H, et al. TE-YOLOF: Tiny and efficient YOLOF for blood cell detection [J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2022, 73: 103416: 1-9.
- [28] HE K, GKIOXARI G, DOLLÁR P, et al. Mask r-cnn [C]. Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision, 2017: 2961-2969.
- [29] LONG X, DENG K, WANG G, et al. PP-YOLO: An effective and efficient implementation of object detector [J]. ArXiv Preprint, 2020, ArXiv: 2007.12099.
- [30] TAN M, PANG R, LE Q V. Efficientdet: Scalable and efficient object detection[C]. Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2020: 10781-10790.

作者简介

易见兵(通信作者),博士,副教授,硕士生导师,主要从事计算机视觉、图像配准、高性能计算等方面的研究。

E-mail:yijianbing8@163.com

黄苏泉,硕士研究生,主要从事计算机视觉、目标检测等方面的研究。

E-mail:huangsquan0413@foxmail.com

曹峰,博士,讲师,主要从事计算机视觉、自动推理、一阶逻辑自动定理证明器等方面的研究。

E-mail:caofeng19840301@163.com

李俊,博士,讲师,主要从事计算机视觉等方面的研究。

E-mail:399058314@qq.com