



基于深度学习的阴道微生态病理图像自动诊断*

姚泽欢¹⁾ 陈微^{1)**} 李晨¹⁾ 杨浩艺¹⁾ 何玉麟¹⁾ 谭郁松¹⁾ 李非^{2)**}⁽¹⁾ 国防科技大学计算机学院, 长沙 410073; ⁽²⁾ 中国科学院计算机网络信息中心, 北京 100850

摘要 阴道微生态病理图像是诊断细菌性阴道病的重要依据, 但对其人工分析需要花费大量时间精力, 导致诊断效率不高, 因此需要寻求针对病理图像的自动诊断新方法. 本文提出一种阴道微生态病理图像自动诊断模型 ResLab, 该模型以阴道微生态病理图像作为训练数据集, 利用深度学习技术对病理图像进行端到端分析, 预测 Nugent 评分, 辅助医生进行分级诊断. 为提升模型预测的精确率, 本文综合采用多种方法对模型加以改进, 包括增加网络层数以提取更深特征, 采用两个小卷积核叠加以增大感受野, 减少 ReLU 激活层以降低复杂性, 用最大池化层替换平均池化层以提取最显著特征. 实验证明, 各优化方案均能明显提升模型性能, ResLab 模型预测精确率达到 82.19%, 超过 VGG、GoogLeNet、ResNet 等网络模型. 结果表明, ResLab 模型能为医生提供较准确的参考结果, 从而提高诊断效率, 减少诊断误差.

关键词 深度学习, 图像分类, 病理诊断, Nugent 评分

中图分类号 Q811.4, TP389.1

DOI: 10.16476/j.pibb.2021.0061

女性阴道是其身体微生态系统组成之一, 系统微生物菌群种类繁多, 相互共生和拮抗, 易受体内各种因素影响, 且该系统结构复杂. 阴道微生态平衡失调时, 症状多表现为阴道内菌群和 pH 值异常, 皆呈趋势性的变化, 可导致对有害微生物的抵抗力降低, 继发感染^[1]. Nugent 评分是该系统检测指标之一, 医生根据妇科检查病理图像计算阴道内菌群密集度, 给出 Nugent 评分, 从而诊断是否患有细菌性阴道病. Nugent 分值越高, 代表细菌感染可能性越大. 0~3 分诊断为正常, 无需治疗; 4~6 分诊断为中间型感染, 医生结合临床判断是否治疗; 7~10 分诊断为感染, 治疗以甲硝唑类或克林霉素类抗生素为主.

临床上, 医生能够根据 Nugent 评分为患者提供正确的诊断并制定针对性的治疗方案. 然而, 仅依赖医学专家快速统计并分析病理图像难度极大. 一方面, 分析病理图像需要医生长时间高度集中精力, 检测的准确率取决于专家的知识储备和主观判断, 难免产生不确定性与误差; 另一方面, 人工检测的速度慢、耗时长、效率低, 与临床诊断的高吞吐量需求不一致. 基于深度学习的病理图像自动分

析技术能够有效克服上述困难. 该技术通过快速、持续地自动分析病理图像, 能够有效提升医生读片诊断的能力和效率.

此外, 目前国内外都存在明显的高水平医学专家地域性分配不均衡的问题, 而分析病理图像对医生的专业知识和临床经验要求较高, 偏远医院对病理图像精确分析的条件欠缺. 因此, 借助计算机技术辅助偏远地区医生进行病理图像的分析, 可以缓解医疗资源地域性分配不均衡的问题. 而基于深度学习的计算机技术正是计算机辅助诊断的有效途径.

目前, 深度学习技术主要用于肿瘤和癌症的病理诊断, 在阴道微生态领域还处于空白阶段. 因此, 本文提出一种面向阴道微生态病理图像分类的 Nugent 评分预测模型 ResLab, 并采用增加网络层

* 国家重点研究发展计划(2018YFB0204301), 国家自然科学基金(81973244)和国防科技大学高性能计算国家重点实验室资助项目.

** 通讯联系人.

陈微. Tel: 13687311490, E-mail: chenwei@nudt.edu.cn

李非. Tel: 15901517510, E-mail: pittacus@gmail.com

收稿日期: 2021-03-12, 接受日期: 2021-07-05

数、增大感受野、减少ReLU激活层、用最大池化层替换平均池化层等优化方法提高模型精度。ResLab以ResNet和DeepLab网络为基础架构,以端到端的方式对妇科检查病理图像进行自动分析,预测得到Nugent评分,根据评分结果对细菌性阴道病进行分类,辅助医生诊断阴道微生态疾病。

1 计算机辅助诊断与卷积神经网络

1.1 计算机辅助诊断

1959年,Ledley等^[2]首次将数学模型运用到肺癌诊断中,并首次提出了计算机辅助诊断(computer-aided diagnosis, CAD)的概念。计算机辅助诊断技术利用计算机技术对医学影像进行临床分析,辅助医生检测、识别、分割、解析医学影像,进而提高诊断的准确率。CAD系统通常由数据预处理、数据特征提取、数据后处理三个环节组成。经过数十年发展,计算机辅助诊断技术伴随着计算机技术的高速发展,已经成功应用于临床实践^[3-6],CAD系统在提高医生诊断效率、减少误诊、提高准确率等方面起到了极大的促进作用。

传统CAD系统基于数学模型对图像特征进行分类处理,常用的数学模型有回归模型和灰色系统预测模型。回归模型是分析疾病与致病因子之间的联系,建立回归模型预测疾病在医学中应用广泛,能够综合考虑多种因素共同作用,但该方法具有误差较大、外推性差、数据量需求大的特点,并且对样本分布要求较高。1982年,邓聚龙^[7]提出灰色系统理论,通过对原始数据的处理和灰色模型的建立,发现疾病的发展规律。灰色系统预测模型对于数据量少的图像具有较高的预测精度,但在随机性和波动性较大的数据上表现较差。

近十年来,随着人工智能取得重大突破,基于神经网络的CAD系统逐渐替代了传统CAD系统。神经网络模仿动物神经网络行为特征,具有自学能力和记忆能力。在分类方面,神经网络方法比传统的方法具有更优越的性能。在胸部疾病上,Rajpurkar等^[8]基于DenseNet提出改进的121层CheXnet,对胸部X光片上的14种疾病分类,精确率达到了放射科专家的水平。在腹部疾病上,Xu等^[9]提出一个利用多模态信息诊断子宫发育不良的深度学习框架,在大数据集上取得了87.83%的灵敏度和90%的特异性。在眼部疾病上,Pratt等^[10]提出了一个10层卷积层和3层全连接层

的卷积神经网络,在大约90 000张眼底图像上训练,预测糖尿病视网膜病变(DR)严重程度,准确率为75%。

1.2 卷积神经网络

卷积神经网络是一种前馈人工神经网络,将特征提取和分类两个步骤合二为一,能够有效识别图像模式。卷积神经网络包含以下组件:卷积层、池化层、全连接层、激活函数、损失函数、优化算法^[11]。卷积层对输入进行卷积,能够充分利用输入的空间或时间信息。池化层能减少神经网络中的参数个数,减少过拟合。全连接层每一个结点都与上一层所有结点相连,用以对提取到的特征进行综合。激活函数通过增加非线性来增强网络性能,常见的有sigmoid、softmax、整流线性单元(rectified linear units, ReLU)。损失函数用于评估神经网络的性能,是目标函数的一部分。优化算法决定神经网络中参数的优化方向,常用随机梯度下降(stochastic gradient descent, SGD)、Adagrad、Adam等优化算法^[12-13]。

2012年,Krizhevsky等^[14]用深度学习算法实现图像特征自动提取,提出AlexNet网络,此后深度学习成为图像分类的首选方法。Simonyan和Zisserman^[15]利用堆叠小的卷积核增大感受野同时增加网络深度,提出了VGG网络。Szegedy等^[16]通过设计网络的拓扑结构,在保持网络复杂度不变的前提下,提高网络的深度和宽度,提出了GoogLeNet。但随着网络越来越深,网络的训练也越来越困难,准确率逐渐达到饱和甚至下降。2015年,He等^[17]将残差网络ResNet引入深度学习领域,解决了网络退化问题,网络深度从22层提高到152层。DeepLab使用空洞卷积增大感受野,使用多孔空间金字塔池化(astrous spatial pyramid pooling, ASPP)提取多尺度信息^[18]。

本文将ResNet的残差网络和DeepLab的ASPP模块相结合,用于阴道微生态病理图像的分析诊断,在提升网络深度的同时充分利用多尺度信息,增强模型对病理图像中细菌特征的抽象能力。

2 基于深度学习的阴道微生态病理图像自动诊断模型ResLab设计与实现

本文针对阴道微生态病理图像特点,以ResNet、DeepLab为基础模型,吸收AlexNet和VGG的设计思想,提出ResLab模型预测Nugent评

分, 并从增加网络层数、增大感受野等方面对网络结构进行优化. 在由三甲医院提供的 3 374 份病理报告组成的数据集上进行测试表明, 与 VGG、GoogLeNet、ResNet 等 ILSVRC 比赛 (国际顶尖机器视觉图像识别竞赛) 中表现突出的网络模型相比, ResLab 模型具有更高的预测精确率.

2.1 ResLab模型基础架构

ResLab 模型架构以 ResNet、DeepLab 为基础,

一方面, 保留残差模块以减少语义信息在池化过程中的损失, 有效避免网络退化, 解决深度网络难以训练的问题, 另一方面, 将 ResNet 替换 DeepLab 中的特征提取器 VGG16, 同时将全连接层替换为卷积层, 并保留多孔空间金字塔池化模块, 从而提取病理图像中的多尺度信息. 本文将 ResLab 基础架构命名为 **ResLab-0**, 其网络结构可以分为三个部分 (图 1). 表 1 给出了具体的网络参数.

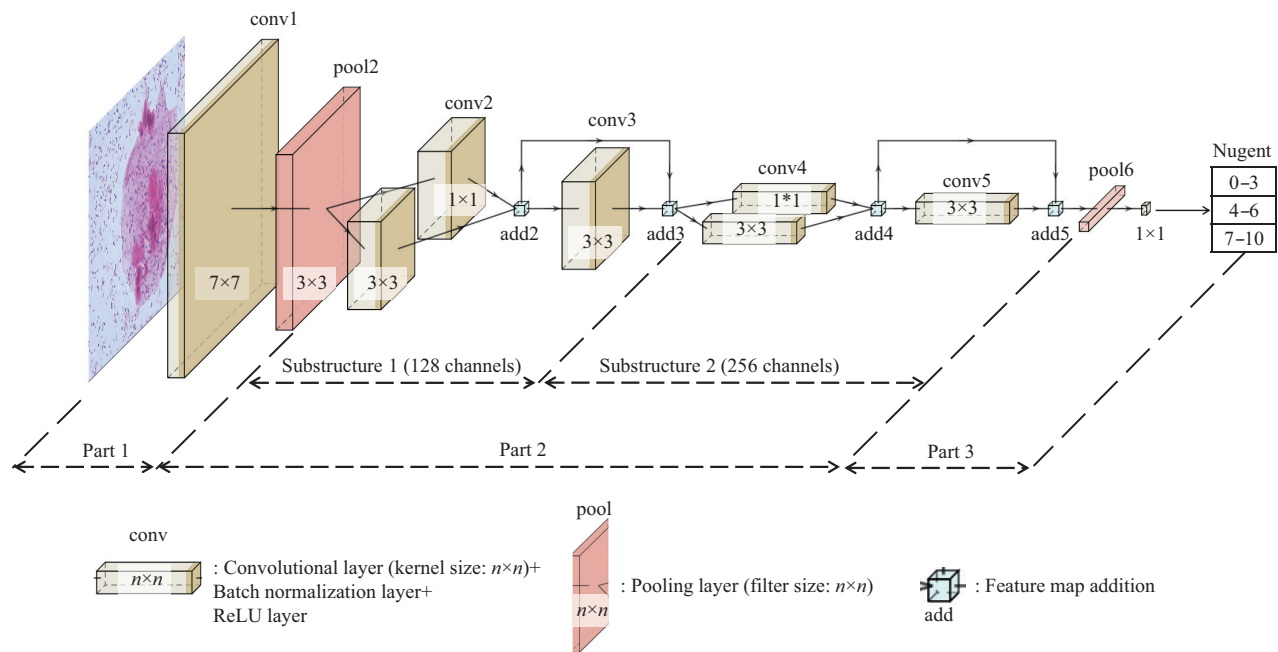


Fig. 1 Network structure of ResLab-0

从输入图像到 pool2 层为第一部分 (Part 1), 共分三层. 第一层是卷积层, 由 64 个尺寸为 7×7 的卷积核构成, 对边缘填充. 该层输入图像大小为 224×224×3 像素, 输出为 64 个 112×112 的特征图. 为了保证图像位移鲁棒性并保留特征的相对位置, 将步长设为 2×2, 中间有重叠部分, 因此特征将出现在局部感受野 (receptive field) 中的各个位置. 第二层是批量标准化与激活函数层, 采用 ReLU 激活函数, 避免梯度消失或者梯度爆炸, 同时提高网络的泛化能力. 第三层是最大池化层, 输出为 64 个 56×56 的特征图. 该层采用尺寸为 3×3 的过滤器, 设置步长为 2×2, 对边缘填充, 弱化图像特征精确位置信息, 减少网络模型参数.

pool2 层与 pool6 层之间为第二部分 (Part 2), 该部分堆叠两个通道数分别为 128 和 256 的子结

构, 子结构 1 (Substructure 1) 由四层组成. 第一层包括两个分支, 第一个分支采用 128 个 3×3 的卷积核, 步长为 2×2, 对边缘填充; 第二个分支采用 128 个 1×1 的卷积核, 相当于快捷连接, 通过恒等映射避免网络退化. 两个分支输出都为 128 个 28×28 的特征图. 第二层为叠加层, 将两个分支的特征图进行通道维度的叠加. 第三层为卷积层, 由 128 个尺寸为 3×3 的卷积核构成. 第四层为叠加层, 将第二层输出结果和第三层输出结果进行通道维度叠加, 得到 128 个 14×14 的特征图. 子结构 2 (Substructure 2) 同样采用四层结构, 但通道数为 256, 输出为 256 个 7×7 的特征图, 子结构 2 具体参数见表 1.

从 pool6 层到输出层为第三部分 (Part 3), 共分两层. 第一层是平均池化层, 采用尺寸为 7×7 的

过滤器, 不对边缘填充, 该层输出 256 个 1×1 的特征图. 第二层是全连接层, 采用 3 个尺寸为 1×1 的

卷积核, 最终输出得到 3 类 Nugent 评分的分类结果.

Table 1 Network parameters of ResLab-0

Network Structure		Note	
Part 1	conv1	64 kernels, size 7×7 , stride 2×2	
	activation	ReLU function	
	pool2	Size 3×3 , stride 2×2	
Part 2	Substructure 1	conv2	Branch 1: 128 kernels, size 3×3 , stride 2×2 Branch 2: 128 kernels, size 1×1 , stride 1×1
		add2	Add the output of the two branches in conv2
		conv3	128 kernel, size 3×3 , stride 2×2
	Substructure 2	add3	Add the output of add2 to the output of conv3
		conv4	Branch 1: 256 kernels, size 3×3 , stride 2×2 Branch 2: 256 kernels, size 1×1 , stride 1×1
		add4	Add the output of two branches in conv4
		conv5	256 kernels, size 3×3 , stride 2×2
		add5	Add the output of add4 to the output of conv5
		pool6	Size 7×7 , stride 2×2
Part 3	fully connected	3 kernels, size 1×1	

2.2 ResLab模型优化方法

ResLab-0 是本文提出的基础架构, 本节将在此基础上根据以下 4 种方案进行优化, 以期提高模型的预测精确率.

优化方案 1: 增加网络层数. 通过在第二部分增加子结构以增加网络层数, 由此增加的卷积操作

使输出的特征图更小、深度更深. 如图 2 中增加了 1 个通道数为 512 的子结构 3 (Substructure 3), 改进后的网络结构命名为 **ResLab-L1**, 同样还可以继续增加通道数为 1 024 的子结构. 改进后的网络结构命名为 **ResLab-L2** (以此类推), 增加网络层数.

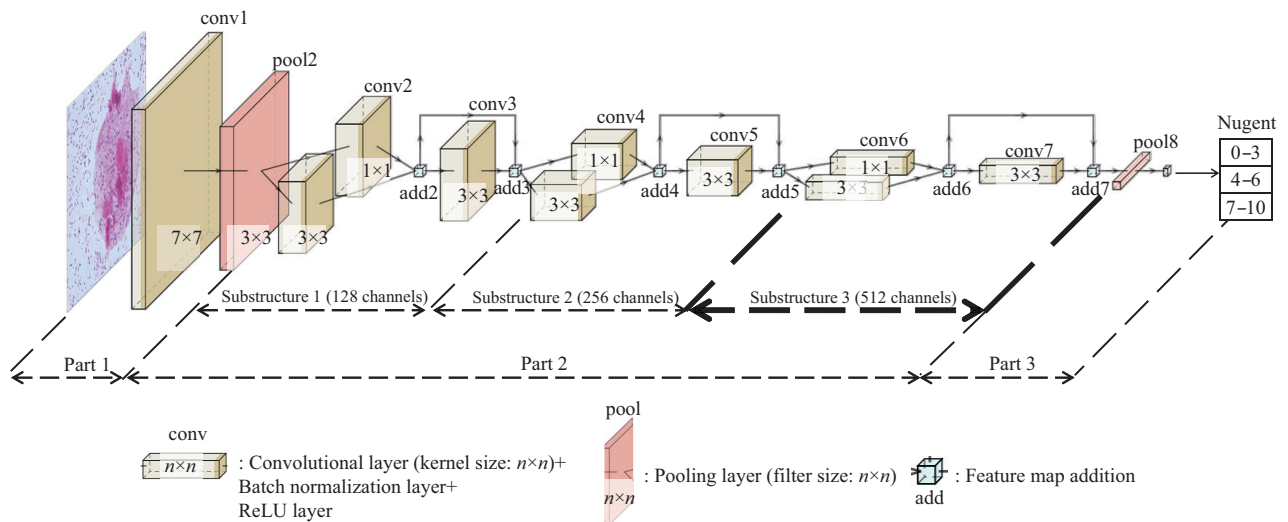


Fig. 2 Network structure of ResLab-L1

On the basis of ResLab-0, a substructure with 512 channels is added, which deepens the number of network layers.

优化方案2: 增大感受野. 在步长不变的情况下增大感受野, 可以增加特征图的重叠, 增强特征位移的鲁棒性并保留特征相对位置. 将第二部分每个分支1中的 3×3 卷积核替换为2个叠加的 3×3 卷积核, 在增大感受野同时避免参数量剧增(图3). 改进后的网络结构命名为**ResLab-RF**.

优化方案3: 减少ReLU激活层. DeepLab中批量标准化层后的ReLU激活层与卷积层后的ReLU激活层效果重复, 因此将ResLab中所有卷积层后的ReLU激活层去除, 仅保留批量标准化层后的

ReLU激活层. 改进后的网络结构命名为**ResLab-ReLU**.

优化方案4: 最大池化层替换平均池化层. 将ResLab-0第三部分中pool6的平均池化层替换为最大池化层, 同时过滤器尺寸保持不变, 由此可以避免计算区域平均值, 从而减少计算量. 改进后的网络结构命名为**ResLab-MaxPool**.

本文提出以上4种方案对ResLab-0进行优化, 并在实验验证环节对各优化方案进行测试分析, 探讨各方案对改进模型预测精确率的影响.

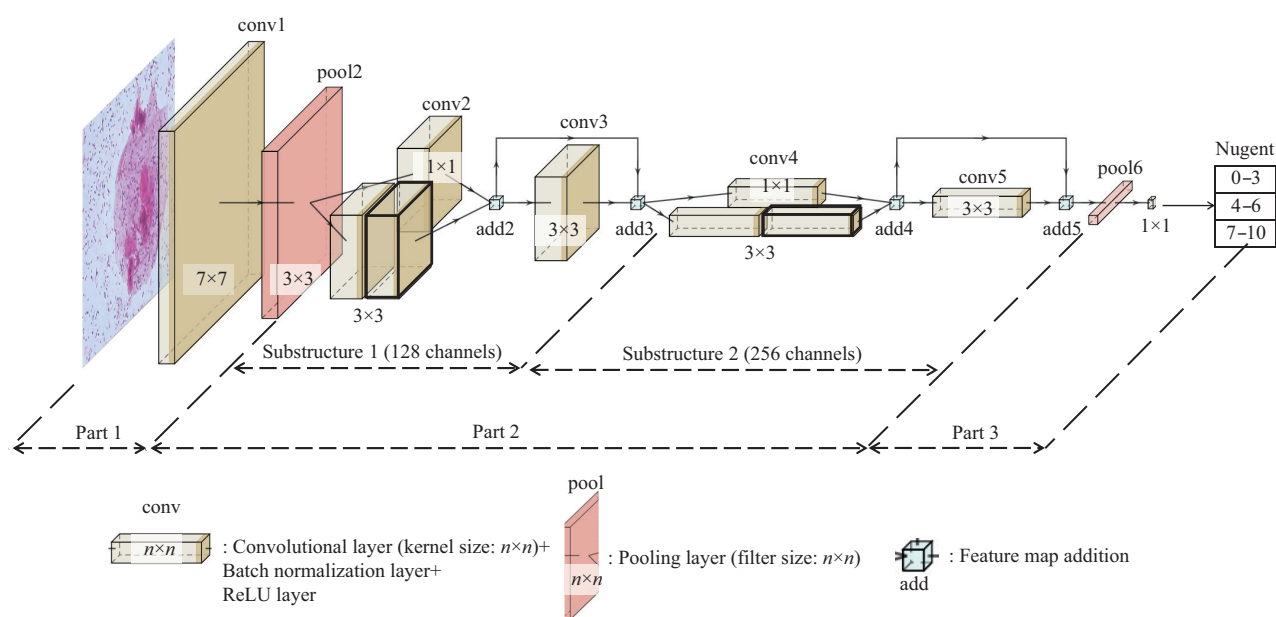


Fig. 3 Network structure of ResLab-RF

On the basis of ResLab-0, the receptive field is increased by stacking the convolution kernel.

3 实验验证

3.1 数据集与实验设置

本文用于训练和评估的数据来自某三甲医院提供的3 374张妇科检查病理报告, 每张报告包括患者的病理图像以及对应的病理诊断结果Nugent分数(图4).

在数据预处理环节, 首先提取检查报告中的病理图像, 其次利用插值算法将每个病理图像大小调整成 224×224 像素, 然后将图像范围内所有像素减去平均值, 对图像进行中心化, 最后将中心化后的数据集按照9:1的比例进行划分, 对应得到训练集和测试集. 在网络训练环节, 采用学习率0.001的Adadelta^[19]作为优化器, 并利用交叉熵损失函

数开展模型训练, batch-size设置为64.

3.2 实验结果与分析

3.2.1 ResLab模型的Nugent分数预测

本文首先对ResLab-0以及采用各方案优化后的ResLab模型展开Nugent分数预测实验, 实验结果用混淆矩阵可视化表示(图5). 混淆矩阵的纵坐标为类别的分数, 横坐标为模型预测的结果, 其中不同深浅的颜色代表数量的差异. 当混淆矩阵中展示的结果越趋近于对角线时, 代表着模型的预测准确率越高.

a. ResLab-0的预测精确率. 对于ResLab-0模型, 0~3区间的预测精确率为61%, 4~6区间的预测精确率为83%, 7~10区间的预测精确率仅为17%, 整体预测精确率为64%(图5a).

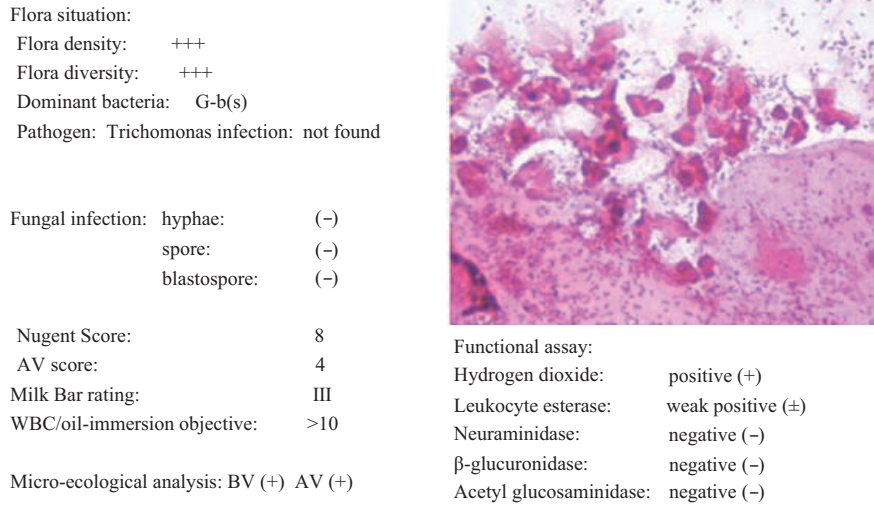


Fig. 4 An example of gynecological examination pathological report

b. 增加网络层数对预测精确率的影响. ResLab-L1在ResLab-0的基础上增加一个512通道子结构, 即网络层数增加一层, 此时测试结果如图5b所示. 0~3区间的样本预测精确率达到93%, 较网络层数未增加时提升了32个百分点; 4~6区间预测精确率为52%; 7~10区间预测精确率为0%, 代表模型无法学习到该区间的典型特征; 整体预测精确率为

79%.

ResLab-L2在ResLab-0的基础上再增加一个1024通道的子结构, 即网络层数增加两层, 此时测试结果显示: 0~3区间样本预测精确率达到92%; 4~6区间的预测精确率为48%; 7~10区间预测精确率为33%; 整体预测精确率为80% (图5c).

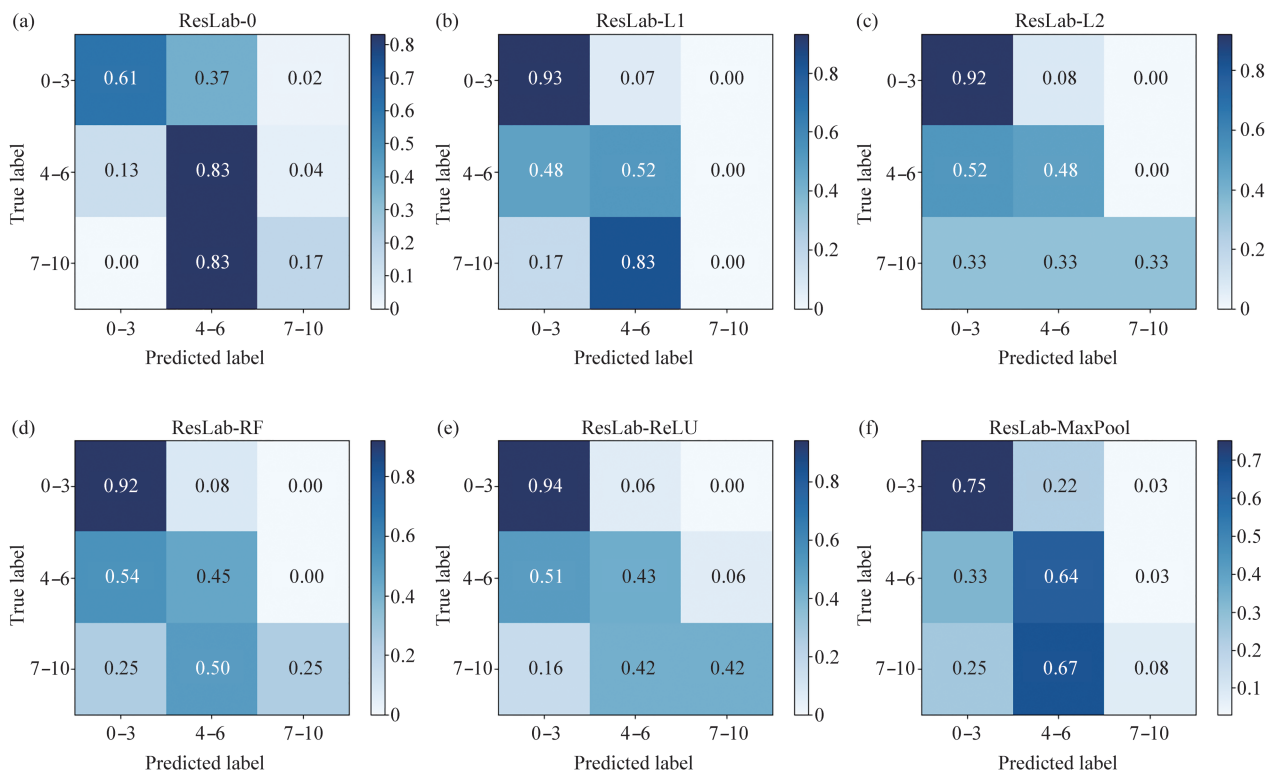


Fig. 5 Confusion matrix of each optimization method

当网络层数增加3层时,所有样本预测结果都在0~3区间,整体预测精确率为46%.

因此,网络层数仅在增加一层或两层时可以有效提高模型的预测精确率.

c. 增大感受野对预测精确率的影响. ResLab-RF将网络第二部分每个分支1中的3×3卷积核替换为2个叠加的3×3卷积核,测试结果显示:0~3区间的预测精确率为92%;4~6区间预测精确率为45%;7~10区间的预测精确率为25%;整体预测精确率为79% (图5d).

d. 减少ReLU激活层对预测精确率的影响. ResLab-ReLU将每一卷积层后的ReLU激活层去掉,激活层保持不变,测试结果显示:0~3区间预测精确率为94%;4~6区间预测精确率为43%;7~10区间的预测精确率为42%;整体预测精确率为80% (图5e).

e. 最大池化层替换平均池化层对预测精确率的影响. ResLab-MaxPool采用最大池化层提取7×7的特征图为1×1的特征图,测试结果显示:其中,0~3区间预测精确率为75%;4~6区间预测精确率为64%;7~10区间预测精确率为8%;整体预测精确率为70% (图5f).

3.2.2 消融实验

表2列出了对ResLab模型排列组合使用4种优化方案后,在测试集上进行消融实验的测试结果.其中,每一行代表一种排列组合后的优化方案,第一行的测试结果为ResLab-0预测精确率,即64.06%,第一列代表增加网络层数,空表示不增加子结构,L1表示增加一个通道数为512的子结构,L2表示在L1基础上再增加一个通道数为1024的子结构.后面各列的优化方案依次为增大感受野、减少ReLU激活层(ReLU)、用最大池化层替换平均池化层(MaxPool),空表示不采用对应优化方案,“√”表示采用对应优化方案.

由表2可知,相比于ResLab-0,本文提出的所有优化方案都能影响模型的预测精确率.下面对各自优化方案带来的性能改变逐一进行分析:

对于优化方案1:增加网络层数,L1的预测精确率最高,L2的精确率比L1低.原因是增加网络层数能提取到更抽象的特征并提高分类器性能,但网络过深会增大网络训练难度,导致网络难以拟合,因此预测精确率反而降低.

对于优化方案2:增大感受野,模型预测精确率的改变仍与网络层数相关.在不增加网络层数或

Table 2 Accuracy of each optimization method

Layer	Receptive field	ReLU	MaxPool	Accuracy/%
				64.06
		√		80.94
			√	70.31
		√	√	76.88
	√			79.69
	√	√		80.00
	√		√	74.06
	√	√	√	77.50
L1				80.94
L1		√		81.25
L1			√	74.06
L1		√	√	76.56
L1	√			75.63
L1	√	√		82.19
L1	√		√	74.06
L1	√	√	√	77.50
L2				80.63
L2		√		80.94
L2			√	72.81
L2		√	√	80.00
L2	√			73.44
L2	√	√		78.13
L2	√		√	73.13
L2	√	√	√	74.38

者采用L1优化时,增大感受野能够提升预测精确率,采用L2优化时反而降低精确率.原因是网络感受野增大之后和细菌尺寸匹配,从而提高模型预测精确率,但增大感受野也会增加模型复杂度,而采用L2优化的模型已经难以拟合,再增大感受野则预测精确率反而降低.

对于优化方案3:减少ReLU激活层能够提升分类精确率.原因是去掉了冗余的ReLU激活层,降低了网络的复杂度,从而提取到更适合当前分类任务的特征.

对于优化方案4:用最大池化层替换平均池化层,会导致精确率下降.原因是最后一层是用于输出预测结果,极大池化层虽然能减少计算复杂度,但是缺少平均池化层整合全局空间信息的能力,因此会导致精确率下降.

上述消融实验的结果表明,本文中最优模型的预测精确率为82.19%,该模型是在ResLab-0的基础上,增加一个512通道子结构以网络层数,使用2个叠加的3×3卷积核以增大感受野,减少ReLU

激活函数。

3.2.3 ResLab模型与典型模型的对比

本节选取3种典型模型在本文使用的数据集上进行测试, 并与最优ResLab模型预测精确率进行对比。选取的3种典型系统包括:

a. VGG. ILSVRC2014 比赛 (国际顶尖机器视觉图像识别竞赛) 分类项目第二名, 包含16个隐藏层, 其中13个卷积层和3个全连接层, 拓展性强, 迁移到其他图像数据泛化性好。

b. GoogLeNet. ILSVRC2014 比赛分类项目第一名, 采用了Inception_v1结构, 利用不同大小卷积核提取图像不同尺度的信息然后融合, 从而得到图像更好的表征。

c. ResNet. ILSVRC2015 比赛分类项目第一名, 在VGG的基础上加入快捷链接形成残差网络。本文具体采用ResNet-v2-152。

使用上述3种典型模型对本文使用的3374张病理图像进行预测。结果显示, VGG精确率为79.38%, GoogLeNet精确率为74.69%, ResNet精确率为75.63%, 而本文所提出的ResLab精确率最高, 为82.19%, 相对GoogLeNet、ResNet和VGG分别提高了7.5、6.56和2.81个百分点 (表3)。

Table 3 Accuracies of baseline systems

Network	Accuracy/%
VGG [15]	79.38
GoogLeNet [16]	74.69
ResNet [17]	75.63
ResLab	82.19

3.2.4 其他指标对照实验

在数据集中还给出了其他菌群情况的指标, 包括优势菌、病原体、真菌感染。其中病原体指标在数据集中没有变化, 因此对优势菌、真菌感染两个指标通过对照实验验证其是否影响预测结果。对优势菌指标, 将数据集按照G-b(s)和G+b(L)划分, 对两个子数据集预测Nugent评分, 检测是否影响精确率。同理对真菌感染的3项: 菌丝 (hyphae)、孢子 (spore)、芽生孢子 (blastospore) 分别按照阴性 (-) 和阳性 (+) 划分, 对两个子数据集预测Nugent评分。

从表4可见, 对优势菌种, ResLab模型在革兰阴性短杆菌 (G-b(s)) 对应子数据集上预测精确率降低1.21个百分点, 在革兰阳性大杆菌 (G+b(L)) 对应子数据集上预测精确率提升0.12个百分点。对

Table 4 Accuracies of index control experiments

Index	Accuracy/%	
Dominant bacteria	G-b(s)	80.98
	G+b(L)	82.31
Hyphae	(-)	82.13
	(+)	82.32
Spore	(-)	81.98
	(+)	81.76
Blastospore	(-)	82.18
	(+)	82.23

真菌感染划分得到的子数据集上, ResLab模型预测精确率偏差均在1个百分点以内。总体来说优势菌和真菌感染这两个指标对分类结果影响不大, 说明ResLab模型对菌群形态变化具有较好鲁棒性。

4 结 论

本文针对细菌性阴道病分类诊断的应用背景, 提出了一种应用于阴道微生态病理图像的端到端辅助诊断模型。该模型首先利用基于深度学习的图像分类方法预测Nugent评分, 用于辅助医生对该病症进行分析与诊治。其次, 为了提高预测精确率, 本文提出了4种优化方案, 包括增加网络层数、增大感受野、减少ReLU激活层、用最大池化层替换平均池化层。最后, 将所有优化方案进行排列组合开展消融实验, 并与3种典型模型开展对比实验。结果表明, 本文提出的ResLab模型预测精确率达到82.19%, 相比于GoogLeNet提升了7.50个百分点, 比ResNet提升了6.56个百分点, 比VGG提升了2.81个百分点。因此, ResLab模型能为医生提供一个较准确的参考, 提高医生诊断效率, 减少医生诊断误差。

参 考 文 献

- [1] 廖秦平. 阴道微生态评价的临床应用专家共识. 中华妇产科杂志, 2016, 51(10): 721-723
- [2] Liao Q P. Chinese Journal of Obstetrics and Gynecology, 2016, 51(10): 721-723
- [3] Ledley R S, Lusted L B. Reasoning foundations of medical diagnosis: symbolic logic, probability, and value theory aid our understanding of how physicians reason. Science, 1959, 130(3366): 9-21
- [4] Payan A, Montana G. Predicting Alzheimer's disease: a neuroimaging study with 3D convolutional neural networks. arXiv, 2015: 1502.02506. <https://arxiv.org/abs/1502.02506>
- [4] Hosseini-Asl E, Ghazal M, Mahmoud A. Alzheimer's disease diagnostics by a 3D deeply supervised adaptable convolutional

- network. *Front Biosci (Landmark Ed)*, 2016, **23**(3): 584-596
- [5] Sarraf S, Tofghi G. Classification of Alzheimer's disease using fmri data and deep learning convolutional neural networks. *arXiv*, 2016:1603.08631. <https://arxiv.org/abs/1603.08631>
- [6] Suk H I, Shen D. Deep ensemble sparse regression network for Alzheimer's disease diagnosis//*International Workshop on Machine Learning in Medical Imaging*. Athens: Springer, 2016: 113-121
- [7] 邓聚龙. 灰色控制系统. *华中工学院学报*, 1982(3):11-20
Deng J L. *Journal of Huazhong University of Science and Technology*. 1982(3):11-20
- [8] Rajpurkar P, Irvin J, Zhu K, *et al*. Chexnet: radiologist-level pneumonia detection on chest X-rays with deep learning. *arXiv*, 2017:1711.05225. <https://arxiv.org/abs/1711.05225>
- [9] Xu T, Zhang H, Huang X, *et al*. Multimodal deep learning for cervical dysplasia diagnosis//*International Conference on Medical Image Computing and Computer-assisted Intervention*. Athens: Springer, 2016: 115-123
- [10] Pratt H, Coenen F, Broadbent D M, *et al*. Convolutional neural networks for diabetic retinopathy. *Procedia Computer Science*, 2016, **100**(90): 200-205
- [11] Yu K H, Beam A L, Kohane I S. Artificial intelligence in healthcare. *Nat Biomed Eng*, 2018, **2**(10): 719-731
- [12] Duchi J, Hazan E, Singer Y. Adaptive subgradient methods for online learning and stochastic optimization. *Journal of Machine Learning Research*, 2011, **12**(7):2121-2159
- [13] Kingma D P, Ba J. Adam: a method for stochastic optimization. *arXiv*, 2014:1412.6980. <https://arxiv.org/abs/1412.6980>
- [14] Krizhevsky A, Sutskever I, Hinton G E. Imagenet classification with deep convolutional neural networks. *Communication of the ACM*, 2017, **60**(6): 84-90
- [15] Simonyan K, Zisserman A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *arXiv*, 2014: 1409.1556. <https://arxiv.org/abs/1409.1556>
- [16] Szegedy C, Liu W, Jia Y, *et al*. Going deeper with convolutions//*Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. Piscataway: IEEE, 2015: 1-9
- [17] He K, Zhang X, Ren S, *et al*. Deep residual learning for image recognition//*Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. Piscataway: IEEE, 2016: 770-778
- [18] Chen L C, Papandreou G, Kokkinos I, *et al*. DeepLab: semantic image segmentation with deep convolutional nets, atrous convolution, and fully connected CRFs. *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, 2018, **40**(4): 834-848
- [19] Zeiler MD. ADADELTA: an adaptive learning rate method. *arXiv*, 2012:1212.5701. <https://arxiv.org/abs/1212.5701>

Automatic Diagnosis of Vaginal Microecological Pathological Images Based on Deep Learning*

YAO Ze-Huan¹⁾, CHEN Wei^{1)**}, LI Chen¹⁾, YANG Hao-Yi¹⁾, HE Yu-Lin¹⁾, TAN Yu-Song¹⁾, LI Fei^{2)**}

¹⁾College of Computer, National University of Defense Technology, Changsha 410073, China;

²⁾Computer Network Information Center, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100850, China)

Abstract Vaginal microflora pathological image is an important basis for the diagnosis of bacterial vaginosis, but analysis of the images manually takes a lot of time and effort, leading to low diagnosis efficiency, so new methods of automatic pathological image diagnosis need to be sought. In this paper, we proposed a model, ResLab, to diagnose vaginal microflora pathological image automatically. It took the pathological reports of gynecological examination as training set, and used deep learning technology to perform end-to-end analysis on the pathological images. The ResLab model predicted Nugent score to assist doctors in grading diagnosis. We optimized the ResLab in multiple ways to improve the prediction accuracy, by increasing the number of layers to extract deeper features, stacking two small convolution kernels to increase the receptive field, removing ReLU layers to reduce complexity, and replacing average pooling layer with max pooling layer to extract the most salient feature. It was proven that each optimization plan can significantly improve the performance of the model. The prediction accuracy of the ResLab model reached 82.19%, which outperformed VGG, GoogLeNet, ResNet. The ResLab model can provide doctors with relatively accurate reference results, thereby improving diagnosis efficiency and reducing diagnostic error.

Key words deep learning, image classification, pathological diagnosis, Nugent score

DOI: 10.16476/j.pibb.2021.0061

* This work was supported by grants from National Key Research and Development Program of China (2018YFB0204301), The National Natural Science Foundation of China (81973244) and State Key Laboratory of High Performance Computing, National University of Defense Technology.

** Corresponding author.

CHEN Wei. Tel: 86-13687311490, E-mail: chenwei@nudt.edu.cn

LI Fei. Tel: 86-15901517510, E-mail: pittacus@gmail.com

Received: March 12, 2021 Accepted: July 5, 2021