

DOI:10.3969/j.issn.1005-202X.2024.04.006

医学影像物理

## 自适应特征融合和条件随机场的乳腺病理图像诊断算法

陈杰<sup>1</sup>, 陈金令<sup>1</sup>, 陆浩<sup>1</sup>, 陈百合<sup>1</sup>, 唐卓葳<sup>2</sup>

1. 西南石油大学电气信息学院, 四川 成都 610500; 2. 绵阳中心医院/电子科技大学医学院附属绵阳医院, 四川 绵阳 621000

**【摘要】**肿瘤病理学分析是常见的癌症诊断方法之一。基于深度学习的病理检测方法取得了良好性能,然而针对组织切片的处理方法往往会忽略病理组织空间相关性,为了更加准确地获取乳腺癌分类结果和恶性肿瘤位置信息,提出嵌入自适应特征融合模块和均值条件随机场的Transformer框架,利用反向传播算法端到端地训练整个框架。自适应特征融合模块采用可学习参数将改进的自注意力和多感受野卷积模块自适应结合,获取多尺度语义特征,从全局和局部的角度增强模型特征提取能力;提出均值条件随机场与主干网络结合,整合组织切片间的空间相关性,获取病理组织间的形态学信息。实验结果表明:所提方法在切片级图像上准确率高达95.51%,在全切片扫描图像的AUC、FROC分别为0.974 5、0.810 2,有较好的可行性,提高了病理图像分类临床诊断准确率。

**【关键词】**乳腺;图像处理;自适应特征融合;条件随机场;病理切片

**【中图分类号】**R318;TP391.4

**【文献标志码】**A

**【文章编号】**1005-202X(2024)04-0433-06

## Breast pathological image diagnosis algorithm incorporating adaptive feature fusion and conditional random field

CHEN Jie<sup>1</sup>, CHEN Jinling<sup>1</sup>, LU Hao<sup>1</sup>, CHEN Baihe<sup>1</sup>, TANG Zhuowei<sup>2</sup>

1. School of Electrical Engineering and Information, Southwest Petroleum University, Chengdu 610500, China; 2. Mianyang Central Hospital/Affiliated Mianyang Hospital, School of Medicine, University of Electronic Science and Technology of China, Mianyang 621000, China

**Abstract:** Pathological analysis is one of the common methods for cancer diagnosis. Although pathological examination based on deep learning exhibits good performance, the processing method for tissue slices tends to ignore the spatial correlation of pathological tissues. In order to obtain breast cancer classification results and malignant tumor location more accurately, a Transformer framework embedded with adaptive feature fusion module and mean value conditional random field is proposed, and the whole framework is trained end-to-end using back propagation algorithm. The adaptive feature fusion module uses learnable parameters to combine the improved self-attention and multi receptive field convolution module adaptively for obtaining multi-scale semantic features and enhancing the model feature extraction capability from both global and local perspectives. The proposed mean value conditional random field is combined with the backbone network to integrate the spatial correlation between tissue slices and obtain morphological information between pathological tissues. Experimental results show that the proposed method yields 95.51% accuracy on slice images, and achieves 0.974 5 AUC and 0.810 2 FROC on whole-slice images, demonstrating its feasibility and higher diagnostic accuracy for pathological image classification.

**Keywords:** breast; image processing; adaptive feature fusion; conditional random field; pathological slice

**【收稿日期】**2023-10-21

**【基金项目】**四川省重点研发计划(重大科技专项)项目(2022YFS0020);四川省卫生健康委员会临床研究项目(23LCYJ020);南充市市校科技战略合作专项(22SX-QT0292)

**【作者简介】**陈杰,硕士,研究方向:医学图像处理、模式识别、目标检测, E-mail: 202121000155@stu.swpu.edu.cn

**【通信作者】**陈金令,博士,教授,研究方向:深度学习和医学图像处理, E-mail: 201899010004@swpu.edu.cn

### 前言

乳腺癌是全球第5大致死癌症,已成为我国重大公共卫生难题<sup>[1]</sup>。根据患者的身体情况,采用精准及时的诊断和治疗方法可以有效地提高患者的存活率,改善患者生活质量。因此对病理图像分类预测和恶性区域定位成为急需解决的问题<sup>[2]</sup>。由于千万像素的全切片图像(WSI)需要大量时间才能得到结果,使得传统方法产生的效率无法满足如今临床诊

断的需求<sup>[3]</sup>。随着信息技术的发展,深度学习技术被广泛应用于计算机视觉领域。大多数病理专家倾向于直接从扫描仪得到的 WSI 中获取需要的结果。针对 WSI 的处理过程中面临着分辨率高、标注不足等挑战,现有研究者提出多种智能诊断系统方法来协助病理学家检测疾病。一些学者采用端到端的多示例方法同时学习示例和包级别的嵌入信息<sup>[4-6]</sup>,也有学者提出新型的图卷积网络,将 WSI 转为图结构进行病理诊断<sup>[7-10]</sup>。上述方法需要从 WSI 中采集大量的 Patch 作为单独的输入,最后聚合得到 WSI 整体的分类结果<sup>[11]</sup>。但是从某种程度上来说,病理图像诊断准确率不仅取决于图像和标签的质量,还取决于特征突出区域的邻域,用相对狭窄的 Patch 提取病理图像之后会破坏病理组织间的形态学特征,忽略相邻 Patch 之间的空间依赖性<sup>[12]</sup>。

针对上述问题,提出基于 Transformer 骨干网络

用于减少病理组织处理过程造成的信息丢失。首先将多感受野卷积模块与多头自注意力模块整合,提出自适应特征融合模块(AFFM),该模块通过模拟词符到区域(Token-to-Region)的关系获取 Patch 之间的上下文信息。其次提出均值条件随机场(MVCRF)进一步处理特征信息,通过反向传播算法端到端地训练网络模型,评估组织之间的空间相关性获取形态学特征,进一步细化分类结果,同时得到更平滑的边缘分布。最后在 Patch 和 WSI 级别公共数据集上验证所提模型的有效性。

## 1 实验方法

在超高分辨率的 WSI 诊断过程中,从 WSI 中采用非重叠的方式采集低分辨率的 Patch 图像,根据 Patch 分类结果推理 WSI 中恶性肿瘤区域,整个过程采用反向传播算法端到端地完成训练。总体架构如图 1 所示。

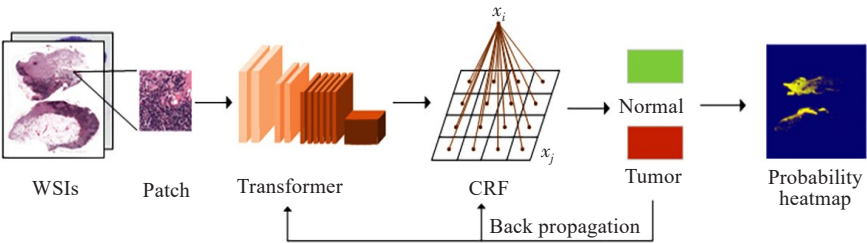


图 1 模型总体框架  
Figure 1 Overall framework of the model

为了更好地获取病理图像诊断结果,提出了新的 Transformer 骨干网络,该网络提出 AFFM 和 MVCRF 处理特征信息,获取病理组织的形态学特征,以平均场推理法计算每个 Patch 图像的边缘分布,完成病理图像分类。

### 1.1 AFFM

病理学图像组织区域复杂,类内差异较小,在诊断过程中良性易混淆。在深度学习应用中,卷积对局部区域信息更感兴趣<sup>[13]</sup>。相较于卷积,自注意力更加关注全局信息<sup>[14]</sup>。考虑到病理图像分析十分依赖空间信息,为了更好地检测恶性肿瘤,提出 AFFM 模拟词符到区域的关系,其结构如图 2。该模块采用两个可学习参数  $\alpha$  和  $\beta$  分别将多感受野卷积 (MRFC) 和自注意力融合,使模型同时获取病理图像局部与全局信息特征。

AFFM 将尺寸为  $H \times W \times C$  的图像分别输入 MRFC 和自注意力模块两个分支进行特征信息提取。自注意力分支将特征集合归一化后映射为 3 个相同

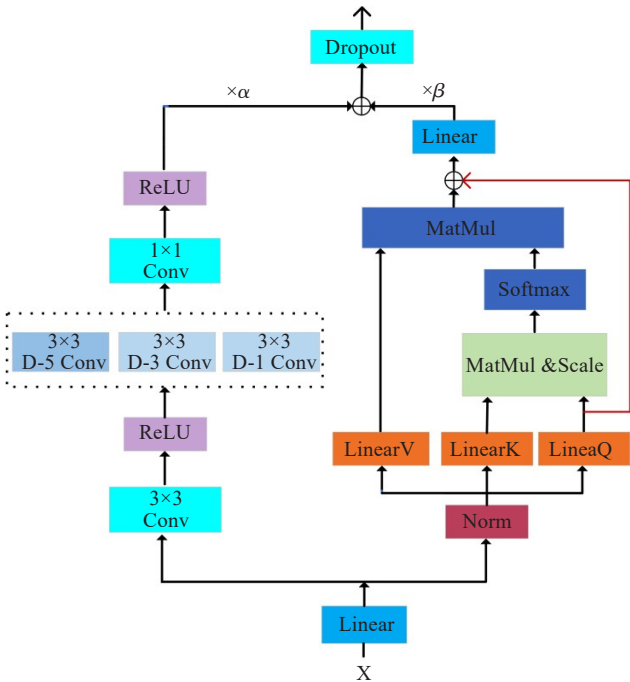


图 2 自适应融合注意力模块  
Figure 2 Adaptive feature fusion block

维度的向量 Query、Key、Value, 共同控制学习到的相对位置对全局上下文信息的影响。在自注意力机制计算非局部特征时没有包含任何位置信息, 但位置信息在视觉任务中是非常关键的, 于是在 Query 张量中加入残差连接, 以增加信息流通, 同时弥补自注意力计算过程中点积操作造成的张量信息丢失。该分支上的方法可表示为:

$$F(Q, K, V) = \text{Soft max}\left(\frac{QK^T}{\sqrt{d}}\right) \times V + Q \quad (1)$$

其中,  $Q, K$  是计算注意力权重的特征向量,  $V$  表示输入特征的向量,  $\text{Soft max}$  为激活函数,  $d$  为维度, 防止偏导数趋于 0。

MRFC 首先采用一个  $3 \times 3$  的普通卷积将  $H \times W \times C$  的特征变成  $H \times W \times C/2$  的特征块, 完成初步的特征提取, 并采用 ReLU 过滤冗余信息。考虑到病理组织间的关系极其依赖全局和局部信息, 而传统卷积采用翻转位移、相乘求和等方式处理中间特征在一定程度上会破坏数据的局部特征, 难以矢量化应用, 所以在同一阶段采用 3 个膨胀率分别为 1、3 和 5 的深度可分离卷积并联合形成 MRFC 替代传统卷积共同提取特征, 从而获取不同感受野的信息。在特征提取的过程中过度使用非线性操作会提高计算复杂度, 却不一定能得到更好的结果<sup>[15]</sup>, 所以在融合多个感受野的特征之后先使用  $1 \times 1$  卷积进一步提取特征, 再采用非线性函数 ReLU 进行特征整合, 最后得到与输入相同尺寸的特征块。该模块可以归纳为:

$$x_1 = \text{ReLU}(\text{BN}(\text{Conv}(x))) \quad (2)$$

$$F_{\text{conv}} = \text{Conv}(D_n \text{Conv}(x_1)) \quad (3)$$

其中,  $F_{\text{conv}}$  表示经过 MRFC 模块后的输出特征图,  $x$  和  $x_1$  为输入特征,  $\text{Conv}$ 、 $\text{BN}$ 、 $\text{ReLU}$  分别为卷积、归一化、激活函数, 而  $D_n \text{Conv}$  为空洞卷积, 其下标  $n$  为膨胀率, 分别取值为 1、3 和 5。

为了融合来自卷积和自注意力两个分支的信息, 在两个分支中加入可学习参数提高网络灵活性, 自适应地调整来自两分支的特征强度。最终的计算结果可以表示为:

$$F_{\text{out}} = \alpha F_{\text{conv}} + \beta F(Q, K, V) \quad (4)$$

## 1.2 MVCRF

为了获取病理组织形态学特征和边缘信息, 计算空间置信度, 在条件随机场<sup>[12, 16]</sup>的基础上提出了 MVCRF, 如图 3 所示。

在该方法中, 采用滑动窗口法从 WSI 中提取 Patch 级图片  $I$ , 并以  $I$  的中心坐标为基准与 WSI 建立映射关系。随后将  $I$  切割为  $N$  个特征块, 即随机场序列  $X = \{x_i\}_{i=1}^N$ , 同时有对应的特征块标签序列  $Y = \{y_i\}_{i=1}^N$ , 表示每个随机场序列  $x_i$  的标签类别。根据条件随机场理论, 随机场序列  $X$  和给定标签  $Y$  之间的联合分布可用如下函数表示:

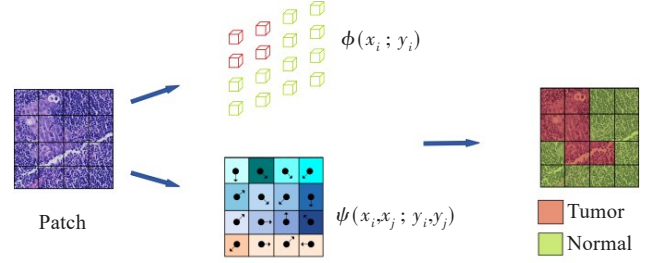


图3 条件随机场结构图

Figure 3 Structure diagram of conditional random field

$\{y_i\}_{i=1}^N$ , 表示每个随机场序列  $x_i$  的标签类别。根据条件随机场理论, 随机场序列  $X$  和给定标签  $Y$  之间的联合分布可用如下函数表示:

$$P(Y|X) = \frac{1}{Z(x)} \exp(-E(y, x)) \quad (5)$$

其中,  $E(y, x)$  代表能量函数, 用以衡量概率分布  $Y$  的损失;  $Z(x)$  代表归一化系数, 保证  $P(Y|X)$  是一个有效的概率分布。

由概率分布公式知, 概率分布的关键在于对能量函数  $E(y, x)$  的计算, 其计算公式如下:

$$E(y, x) = \sum_{i \leq n} \phi(x_i; y_i) + \sum_{i \neq j \leq n} \psi(x_i, x_j; y_i, y_j) \quad (6)$$

其中  $\phi(x_i; y_i)$  为一元特征势能函数, 即全连接层输出结果的负似然对数, 用来计算给定特征块  $x_i$  取标签  $y_i$  的概率, 判断特征块所属类别; 而  $\psi(x_i, x_j; y_i, y_j)$  为成对势能函数, 计算相邻特征块  $x_i, x_j$  之间的空间相关性。其计算公式为:

$$\psi(x_{ij}; y_{ij}) = w_{ij} \cdot \Gamma \cdot \text{ad cos}(x_i, x_j) \quad (7)$$

其中,  $w_{ij}$  是控制特征块  $x_i$  和  $x_j$  之间空间关联强度的可训练权重; 指标函数  $\Gamma$  只有在两个特征块的标签完全相等时等于 1, 其他情况则为 0。

在求取特征块之间度量关系的过程中, 为了解决数据集运算量大而导致运算时间长、效率低等特点, 将特征块  $x_i, x_j$  减去对应特征块的均值  $\bar{x}_i$  和  $\bar{x}_j$ , 有效降低因数值不敏感导致的相似度偏差。于是采用均值余弦相似度作为  $x_i, x_j$  之间的距离度量方法, 测量两个相邻特征块之间的相似度, 其公式如下:

$$\text{ad cos}(x_i, x_j) = 1 - \frac{(x_i - \bar{x}_i)(x_j - \bar{x}_j)}{\|x_i - \bar{x}_i\| \cdot \|x_j - \bar{x}_j\|} \quad (8)$$

## 2 实验结果与分析

### 2.1 实验参数

全部实验都是在 Linux 系统下完成, 该主机配置内存为 64 GB, 显卡为 RTX3080ti。同时基于 Cudnn 加速的 Pytorch 框架完成高性能计算。在未采用预训



练的情况下分别对 Patch 和 WSI 级别病理图像进行独立实验。在训练过程中, BatchSize 设置为 10, 采用 SGD 优化器, 学习率为 0.001 以及动量 0.9, Patch 和 WSI 级别的 epoch 分别为 100 和 20。

2.2 数据集

BreakHis, 该数据集为一个由良性和恶性乳腺肿瘤的显微活检图像组成的公共数据集, 良恶性肿瘤分别有 4 种亚型<sup>[17]</sup>。数据集中获得的乳腺组织样本通过手术活检收集, 并由病理学家标记用于图像分析。该数据集含有 7 909 张不同的放大倍数 (40×、100×、200× 和 400×) 的图像, 且所有图像分辨率均为 752×582。

Camelyon16, 该数据集为公开可用的乳腺癌转移检测数据集, 共包含 400 张 WSI, 其中训练集含有 270 张, 测试集 130 张。该数据集将含有癌症转移的 WSI 定义为阳性, 其他定义为阴性, 同时癌症转移区域提供了像素级别的标签。在训练过程中, 从训练集 WSI 中提取 20 000 张 Patch 用以训练网络模型, 再提取 5 000 张 Patch 作为验证集微调网络参数, 测试集在预测恶性肿瘤转移情况时以完整 WSI 形式输入。

2.3 评估标准

为了验证模型对 Patch 级别病理数据的检测能力, 采用准确率 (Acc)、精确率 (Precision)、召回率 (Recall) 和特异度 (Specificity) 对模型进行评估。可用如下公式表示:

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + TN + FN + FP}$$
 (9)

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$$
 (10)

$$Recall = \frac{TP}{FN + TP}$$
 (11)

$$Specificity = \frac{TN}{TN + FP}$$
 (12)

其中, TP、TN、FN、FP 分别代表检测结果中真阳性、假阴性、真阴性、假阳性。

为了验证提出模型对于 WSI 图片的性能, 分别采用曲线下面积 (AUC) 和 FROC (Free Response Operating Characteristic) 评估模型。

通过真阳性率 (TPR) 和假阳性率 (FPR) 的关系可以得到 AUC, 其公式如下:

$$TPR = \frac{TP}{TP + TN}$$
 (13)

$$FRP = \frac{FP}{FP + TN}$$
 (14)

$$AUC = \int_0^1 TPR(FPR^{-1}(x))dx$$
 (15)

FROC 用于肿瘤检测和定位的性能评估, 越高的 FROC 分数意味着越好的模型。

2.4 结果与分析

2.4.1 消融实验 为了测试并验证提出的 AFFM 与 MVCRF 对算法的增益作用, 采用逐步向 Transformer 中加入两个模块的方式, 在 BreakHis 数据集上进行八分类性能评估, 其结果如表 1 所示。由表 1 可以看出, 所提的 AFFM 和 MVCRF 都对算法有一定程度的性能提升。在准确率方面, AFAM 和 MVCRF 在基准模型的基础上增加了大约 2%, 在精确率、召回率和特异度指标上都有了一定程度的增长。两种模块同时加入一个框架中时, 4 种评估标准都达到最高。说明提出的 AFAM 和 MVCRF 在特征提取阶段和分类阶段均能够提升模型性能, 可以有效地完成病理图像识别任务。

表 1 消融实验结果 (%)  
Table 1 Ablation experimental results (%)

基线	AFAM	MVCRF	准确率	精确率	召回率	特异度
Transformer	-	-	91.41	91.24	88.87	98.52
	√	-	93.07	93.53	91.87	98.81
	-	√	93.84	92.67	92.46	98.96
	√	√	95.51	95.43	95.97	99.25

AFFM 模块对经过自注意力和多感受野卷积两条分支的特征图进行自适应融合, 以此得到更丰富的特征信息。为验证自适应特征融合的作用, 分别对来自多感受野卷积和自注意力的特征赋予不同权重作为对比试验, 测试在不同权重下模型病理识别能力的变化, 其结果如表 2 所示。

表 2 AFFM 模块特征权重融合测试 (%)  
Table 2 AFFM feature weight fusion test (%)

$\alpha:\beta$	准确率	精确率	召回率	特异度
1:1	92.18	91.26	89.58	98.66
1:2	70.82	73.44	59.14	95.04
1:3	57.56	40.47	34.12	91.77
1:4	49.74	30.56	18.45	89.20
2:1	60.77	55.95	48.61	93.36
3:1	55.89	45.13	34.99	91.81
4:1	36.41	34.68	15.88	88.51
本文方法	95.51	95.43	95.97	99.25

表 2 中第一列  $\alpha:\beta$  为卷积分支与自注意力分支的权重比值。可以看出, 自注意力分支占比更大往

往对模型性能提升更多,如 $\alpha:\beta$ 比值为1:2时准确率为70.82%,而 $\alpha:\beta$ 为2:1时准确率只有60.77%。当比值为1:1时可以在一定程度上达到令人满意的效果,可以看出卷积与自注意力两分支间的差距越小,模型的作用也会更好,两分支在特征提取阶段都发挥着巨大作用。通过数据对比,所提自适应特征融合的方法应用于模型中所产生的效果是最好的,在准确率、特异性、召回率和精确率多个指标上均达到了最佳。

**2.4.2 与其他文献中方法对比** 为了验证所提出的模型的性能优越性,将该模型在BreakHis上的实验结果与近年其他病理图像处理算法进行对比,其结果如表3所示。

表3 与其他工作的对比结果  
Table 3 Comparison with other methods

方法	准确率/%			
	40×	100×	200×	400×
Kumar等 <sup>[18]</sup>	94.11	95.12	97.01	93.40
Gour等 <sup>[19]</sup>	87.40	87.20	91.10	86.20
Boumaraf等 <sup>[20]</sup>	94.49	93.27	91.29	89.56
Erfankhah等 <sup>[21]</sup>	88.30	88.30	87.10	83.40
Ameh Joseph等 <sup>[22]</sup>	90.87	89.57	91.58	88.67
本文方法	95.51	95.24	95.02	93.83

该实验在4个放大倍数的病理图像中分别验证BreakHis八分类准确性,在忽略所有算法的训练和验证步骤的情况下,所有的实验数据均来自于对应方法所获取到最好的性能。由表3可知,所提方法的性能优于大多数其他模型,在40×、100×和400×这3个放大倍数下模型的准确率超过其他所有算法,分别为95.51%、95.24%和93.83%。仅仅在200×时其准确率落后于Kumar所提算法的97.01%,但其准确率仍超过大多数算法。

**2.4.3 对比实验** 为了充分评估算法对病理检测性能的影响,将算法在采用相同训练策略的情况下与其他主流算法,包括ResNet18、DenseNet121、Swin-tiny、Vit-tiny进行比较,并采用WSI级别病理图像的数据评估指标FROC和AUC进行对比评估。

表4列出了5种网络模型的性能对比,从实验结果可以看出:基于CNN和Transformer框架的算法不存在孰优孰劣的问题,FROC作为恶性肿瘤区域检测指标,与分类评估指标AUC之间并没有成正比例关

系。相较于现有的基准模型,本文的模型在检测能力上取得了大幅度的提升,在评估准确率指标AUC上达到0.9745,而在恶性肿瘤转移区域检测方面同样取得更优的性能,在FROC指标上高达0.8102,能够有效检验恶性肿瘤转移区域。

表4 对比实验结果  
Table 4 Comparative experimental results

方法	FROC	AUC
ResNet18	0.7436	0.9254
DenseNet121	0.7563	0.9136
Swin	0.7717	0.9498
Vit	0.6798	0.9189
本文方法	0.8102	0.9745

为了更加直观地显示各模型之间的差异,采用恶性肿瘤转移可视化的方法,将提出的算法与几种基准模型进行对比,将病理图像中的恶性肿瘤检测结果以分割的方式展示在图4中,对比原始图像可以明显看出如ResNet等基准模型对恶性肿瘤的区域诊断结果存在一定程度的误诊,特别是将良性区域误判为恶性肿瘤转移区域的情况较多,往往在病理良性组织越多的区域更容易造成误判。相较于基准模型,本文方法检测出的恶性肿瘤转移区域与病理学家标注的区域有更好的一致性。在图中一大块恶性组织中存在一些诊断为良性区域的部分,这是由于病理学家在标注时往往以病理组织为整体,大块恶性肿瘤中存在小部分良性区域并未做精细标注。良好的深度学习算法可以区分出其中的良性组织,从另一方面展现出本文算法在性能方面的优越性和鲁棒性。

3 结 论

提出一种基于AFFM和MVCRF的病理图像诊断算法。该算法提出AFFM嵌入到网络框架中,通过可学习参数调整多感受野卷积和自注意力的融合权重以增强模型特征信息提取能力,引入MVCRF模型解决Patch作为输入导致空间信息丢失、忽略病理组织形态学特征的问题。最终实验结果表明,本文提出的病理图像诊断算法能够有效提升乳腺病理检测准确性,并采用恶性肿瘤分割图为医生分析诊断提供了一定参考价值。

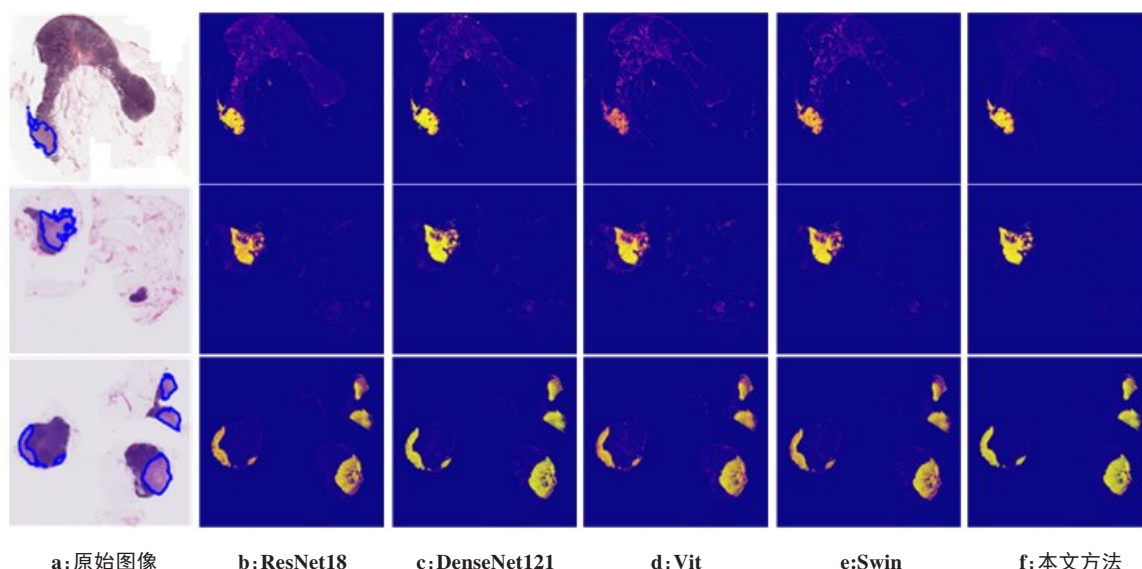


图4 恶性肿瘤检测结果

Figure 4 Malignant tumor detection results

## 【参考文献】

- [1] Fan L, Strasser-Weippl K, Li JJ, et al. Breast cancer in China[J]. Lancet Oncol, 2014, 15(7): e279-e289.
- [2] 颜锐, 梁智勇, 李锦涛, 等. 基于深度学习和H&E染色病理图像的肿瘤相关指标预测研究综述[J]. 计算机科学, 2022, 49(2): 69-82.
- [3] Gurcan MN, Boucheron LE, Can A, et al. Histopathological image analysis: a review[J]. IEEE Rev Biomed Eng, 2009, 2: 147-171.
- [4] Thandiackal K, Chen BQ, Pati P, et al. Differentiable zooming for multiple instance learning on whole-slide images[C]//Computer Vision-ECCV 2022. Cham: Springer Nature Switzerland, 2022: 699-715.
- [5] Lin T, Guo Y, Xu Y, et al. Identifying key factors in multi-instance learning for whole-slide pathological images designing assumption-guided feature extractor[J]. SSRN Electron J, 2022.
- [6] Shi BR, Liu XY, Zhang F. MLCN: metric learning constrained network for whole slide image classification with bilinear gated attention mechanism[C]//Computational Mathematics Modeling in Cancer Analysis. Cham: Springer Nature Switzerland, 2022: 35-46.
- [7] Zheng YS, Jiang ZG, Shi J, et al. Encoding histopathology whole slide images with location-aware graphs for diagnostically relevant regions retrieval[J]. Med Image Anal, 2022, 76: 102308.
- [8] Chen RJ, Lu MY, Shaban M, et al. Whole slide images are 2D point clouds: context-aware survival prediction using patch-based graph convolutional networks[C]//Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention-MICCAI 2021. Cham: Springer International Publishing, 2021: 339-349.
- [9] Zheng YS, Jiang ZG, Zhang HP, et al. Histopathology WSI encoding based on GCNs for scalable and efficient retrieval of diagnostically relevant regions[EB/OL]. <https://arxiv.org/abs/2104.07878>.
- [10] Lu WQ, Toss M, Dawood M, et al. SlideGraph+: whole slide image level graphs to predict HER2 status in breast cancer[J]. Med Image Anal, 2022, 80: 102486.
- [11] Wu HP, Xiao B, Codella N, et al. CvT: introducing convolutions to vision transformers[C]//2021 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2021: 22-31.
- [12] Shen YQ, Ke J. Sampling based tumor recognition in whole-slide histology image with deep learning approaches[J]. IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform, 2022, 19(4): 2431-2441.
- [13] Pan XR, Ge CJ, Lu R, et al. On the integration of self-attention and convolution[C]//2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2022: 805-815.
- [14] 陈金令, 程茂凯, 徐紫涵. 改进型FCOS目标检测算法[J]. 计算机科学, 2022, 49(11A): 455-460.
- [15] Chen JL, Cheng MK, Xu ZH. Improved FCOS target detection algorithm[J]. Computer Science, 2022, 49(11A): 455-460.
- [16] Wei HR, Liu X, Xu SC, et al. DWRSeg: rethinking efficient acquisition of multi-scale contextual information for real-time semantic segmentation[EB/OL]. <https://arxiv.org/abs/2212.01173>.
- [17] Li Y, Ping W. Cancer metastasis detection with neural conditional random field[EB/OL]. <https://arxiv.org/abs/1806.07064>.
- [18] Spanhol FA, Oliveira LS, Petitjean C, et al. A dataset for breast cancer histopathological image classification[J]. IEEE Trans Biomed Eng, 2016, 63(7): 1455-1462.
- [19] Kumar A, Singh SK, Saxena S, et al. Deep feature learning for histopathological image classification of canine mammary tumors and human breast cancer[J]. Inf Sci, 2020, 508: 405-421.
- [20] Gour M, Jain S, Sunil Kumar T. Residual learning based CNN for breast cancer histopathological image classification[J]. Int J Imaging Syst Technol, 2020, 30(3): 621-635.
- [21] Boumaraf S, Liu XB, Zheng ZS, et al. A new transfer learning based approach to magnification dependent and independent classification of breast cancer in histopathological images[J]. Biomed Signal Process Control, 2021, 63: 102192.
- [22] Erfankhah H, Yazdi M, Babaie M, et al. Heterogeneity-aware local binary patterns for retrieval of histopathology images[J]. IEEE Access, 2019, 7: 18354-18367.
- [23] Ameh Joseph A, Abdullahi M, Junaidu SB, et al. Improved multi-classification of breast cancer histopathological images using handcrafted features and deep neural network (dense layer)[J]. Intell Syst Appl, 2022, 14: 200066.

(编辑:黄开颜)