

# 弱监督学习在医学图像提取中的应用研究

冯娇娇

温州职业技术学院

DOI:10.32629/bmtr.v8i1.18561

**[摘要]** 医生能够借助血液细胞形态分析诊断多种病症,在此过程中,细胞提取作为形态分析的关键环节,对后续细胞分类具有重要意义。本研究提出一种融合弱监督多示例学习与深度学习技术的细胞定位方法,通过在像素级别对血液细胞位置进行预测,并设定概率阈值生成对应掩膜,实现细胞的精准定位。进一步采用基于标记的分水岭分割算法,完成单个细胞的分离提取。实验结果表明,该方法具有优越的性能表现。传统显微镜下人工观察细胞的方式存在效率低下、易导致漏诊误诊等问题,而本方法可为医生提供直接可用的分割细胞结果,显著提升分析效率,减轻工作负担。

**[关键词]** 细胞; 医疗图像; 弱监督; 细胞提取

中图分类号: Q343 文献标识码: A

## Research on the Application of Weakly Supervised Learning in Medical Image Extraction

Jiaojiao Feng

Wenzhou Vocational and Technical College

**[Abstract]** Doctors can use blood cell morphology analysis to diagnose various diseases. In this process, cell extraction, as a key step in morphology analysis, is of great significance for subsequent cell classification. This study proposes a cell localization method that integrates weakly supervised multi instance learning and deep learning techniques. By predicting the position of blood cells at the pixel level and setting a probability threshold to generate corresponding masks, precise cell localization is achieved. Further use marker based watershed segmentation algorithm to separate and extract individual cells. The experimental results show that this method has superior performance. The traditional method of manually observing cells under a microscope has problems such as low efficiency and easy misdiagnosis. However, this method can provide doctors with directly usable segmentation results of cells, significantly improving analysis efficiency and reducing workload.

**[Key words]** cells; Medical imaging; Weak supervision; Cell extraction

### 1 前言

随着深度学习的发展与进步,图像处理在医学研究与临床医学中的应用越来越广泛,常见的有癌细胞图像识别、尿红细胞识别和乳腺癌细胞识别等等。其中血液细胞研究是医学诊断的关键,通过分析血细胞数量与形态异常,可精准诊断贫血、感染、白血病等疾病。血液细胞分析计数是现代医学中一项不可或缺的临床检验基础,对于疾病的诊断、疗效观察及预后判断具有至关重要的背景意义。

在血液细胞图像分析中主要通过对红、白细胞的图像进行分析计数,达到疾病诊断的目的。但是这种观测方法容易使医生疲劳,出现漏检的情况。针对上述问题,考虑采用机器学习和深度学习相结合的方法,对细胞图像进行分割计数,辅助医生诊断。

在医学图像分析的研究实践中,传统机器学习分割方法因

其特征依赖性强、泛化能力有限,已难以满足临床实际应用对精度与效率的苛刻需求。随着深度学习技术的崛起,诸如Fast R-CNN、UNet和YOLO等一系列先进模型已成为有效的目标检测与分割解决方案。其中,UNet凭借其独特的编码器-解码器结构和跳跃连接设计,能够精准捕捉医学图像中的细微特征与空间上下文信息,尤其在处理细胞、组织等生物医学目标时表现出色,因而被广泛确立为医学图像分割领域的标杆性算法<sup>[1]</sup>。

然而,这些高性能深度模型的成功严重依赖于大规模、高质量标注数据集的支持,对细胞、病灶等目标进行像素级精细标注本身就是一项极其耗时费力的工程。以细胞分割为例,在一张高分辨率图像中手动勾画成千上万个细胞的精确轮廓,需要投入巨大的人力成本。更重要的是,此项工作绝非普通标注员所能胜任,它强烈依赖于资深医师或病理专家的专业知识和临床经验,这使得标注过程成本高昂、周期漫长,且难以实现规模化。

为破解这一标注困境,本研究探索引入基于弱监督学习的细胞提取方法。该方法的核心思想是,不再强求大量费时费力的像素级精细标注,而是转而利用易于获取的粗糙标注形式作为监督信号。例如,仅提供图像中细胞的大致边界框、一系列中心点,甚至仅提供图像级别的标签(即仅标明图像中是否含有细胞)。通过这些“弱标签”来引导模型学习细胞的特征与分布,从而显著降低标注工作对专业人力与时间的依赖,将医生从繁重的标注劳动中解放出来。

具体到细胞计数任务,本研究将首先利用弱监督学习方法从医学图像中初步提取细胞区域,可靠地识别并定位出图像中的绝大多数细胞目标。在此基础上,后续只需结合简单的后处理算法或轻量级的计数模型,即可实现对细胞数量的快速、准确统计。这种方法在保证计数核心任务准确性的同时,极大地缓解了模型训练对标注数据的依赖,为在医疗资源受限场景下高效开展细胞定量分析提供了一条切实可行的技术路径。

## 2 相关理论知识

### 2.1 多示例学习

多示例学习<sup>[2]</sup>的提出是为了找到触发药物活性的因子,在本文中的应用是为了代替人眼定位医学图像中的细胞。在医学中,医生依靠肉眼对细胞进行分析,效率低下、繁琐又费时。通过现有的深度学习算法可以大大减轻医生的工作量,促进深度学习在医学领域的应用。在多示例学习中,把单个对象当作一个包,包中包含的内容为示例。给定 $\{(X_1, y_1), (X_2, y_2), \dots, (X_m, y_m)\}$ ,  $X_i$ 表示输入的第*i*张图片,  $y_i \in \{0, 1\}$ 是第*i*张图片对应的标签,  $y_i=0$ 表示图片中不包含任何细胞,  $y_i=1$ 表示图片包含至少一个细胞,多示例学习可以通过图像级标签预测到像素级的标签。

### 2.2 神经网络

神经网络<sup>[3]</sup>是一种受生物神经系统启发的计算模型,由大量互连的节点(神经元)构成。通过多层非线性变换,它能够从数据中自动学习复杂的特征表示。深度学习通过构建多层次的神经网络结构,在图像识别、自然语言处理等领域取得了突破性进展,其核心优势在于强大的端到端特征学习与函数拟合能力。

在深度学习的演进历程中,神经网络的深度被视为提升其性能的关键。然而,随着层数的不断增加,网络并未如预期般持续提升,反而暴露出了梯度消失/爆炸与网络退化两大核心难题。梯度消失/爆炸使得模型在训练中难以有效更新参数,而网络退化则是指更深模型的训练误差反而比其较浅版本更高,这并非由过拟合引起,表明深层网络的学习能力遇到了瓶颈。

为了攻克这一挑战,残差网络通过引入革命性的“快捷连接”或“跳跃连接”结构,巧妙地解决了上述问题。其核心构建单元是残差块。与传统网络层直接学习一个未知的底层映射不同,残差块转而学习的是残差函数。具体而言,它通过一条跨层的恒等映射路径,将输入直接传递到输出端,与经过层层加权变换后的输出相加。

正是凭借这一简洁而强大的机制,研究者们得以成功训练出数百层甚至上千层的超深度残差网络(如ResNet-152及更深

变体)。这些网络在图像识别、目标检测等多项任务上取得了突破性进展,显著提升了模型的特征提取能力与整体表达能力,奠定了现代深度卷积网络的基础架构之一。

### 2.3 分水岭分割方法

传统的分水岭分割算法<sup>[4]</sup>是基于图像的灰度值和拓扑理论的形态学分割方法,把整个图像看作地貌,不同的灰度值代表不同的海拔。通过在每个极小值点注水,由低到高淹没整个地形,当每个聚水盆地的水要汇合时修筑大坝,大坝的边界对应于分水岭的分割线。传统的分水岭分割方法是通过灰度值和距离变换结果找到分割位置,但这样容易导致过度分割。基于标记的分水岭分割算法是利用原图中的内外部标记来引导算法进行分割,借助标记可以避免过度分割。

基于标记的分水岭分割方法是一种有效的改进方案,旨在解决传统分水岭算法对噪声和局部梯度变化过于敏感而导致的严重过分割问题。该方法的核心思想是从被动识别转为主动引导,通过预先定义“标记”来指定图像中我们真正关心的前景物体和背景区域。

## 3 细胞识别提取模型

本研究第一阶段使用了一种基于多示例学习(MIL)框架的细胞识别模型,通过将MIL机制与ResNet网络相结合,构建了MIL-ResNet分类模型<sup>[5]</sup>。该方法采用图像级标签进行监督,显著降低了标注成本。在数据预处理阶段,依据多示例学习范式将数据集构建为“包”的集合:其中包含细胞的图像被定义为正包,不包含细胞的图像被定义为负包,以此作为模型训练的基础。第二阶段在识别到的细胞区域通过利用分水岭分割算法对图片中的细胞进行分割计数。

### 3.1 细胞识别模型

模型训练流程中,选择以ResNet18作为基础的特征提取网络结构。构建的数据集由两类图像构成:一类是明确包含目标细胞的正样本图像,另一类则是完全不包含细胞的背景图像,作为负样本。在数据预处理阶段,所有输入图像被统一划分为 $250 \times 250$ 像素的较小图像块。这一操作不仅增大了训练样本的数量,更有助于模型聚焦于局部细微特征,每个图像块经由ResNet18模型计算后,会输出一个介于0到1之间的分类概率值,代表该图像块被判别为包含细胞的置信度。

模型训练的核心在于一个精心设计的迭代式困难样本挖掘策略。在每一轮训练迭代中,模型并非使用全部图像块,而是执行一个动态的筛选步骤:首先,从每张正样本图像的所有图像块中,仅选取模型预测概率最高的一个图像块。此步骤旨在众多正样本中,找出模型当前最为确信的阳性区域,强化对典型细胞特征的学习。其次,从每张负样本图像中,提取模型预测概率排名前五的图像块。这些是模型最容易误判为细胞的背景区域,即“困难负样本”。

将这些筛选出的、最具信息量的图像块合并,共同构成新一轮训练所使用的数据集。通过设定固定的迭代次数,重复执行上述“预测-筛选-再训练”的步骤,实现对模型参数的持续优化,最终达成对细胞精准且鲁棒的识别。

### 3. 2细胞分割模型

根据细胞识别实验结果, 细胞对应的预测概率值通常高于0.8, 而背景区域的概率值普遍低于0.5。基于此分布特征, 采用双阈值策略引导分水岭分割: 以0.8作为内部标记的判定阈值, 用于定位目标细胞; 以0.5作为外部标记的划定边界, 用于界定背景区域。具体实现过程如下: 首先, 对模型输出的概率图进行二值化处理, 将概率值大于0.5的像素设为1, 其余设为0, 生成用于分水岭分割的初始区域图; 接着, 将概率值大于0.8的像素标记为1, 其余为0, 形成内部标记图像。最后, 基于这两组标记, 应用基于标记控制的分水岭算法实现细胞的精确提取。



图1—流程图

### 4 实验结果

采用公开数据集Complete-Blood-Cell-Count-Dataset, 该数据集主要是细胞血液图像, 共364张大小为640\*480的细胞图片, 因为采集到的细胞图片均含有细胞, 且细胞与背景颜色差异较大, 采用了在原数据灰度填充的方式创造背景图, 将数据集分为正例(有细胞)和负例(无细胞)。由于数据集较少, 分别对原数据集和背景图进行水平翻转、垂直翻转、同时水平和垂直翻转, 将数据扩充了三倍, 共2912张。

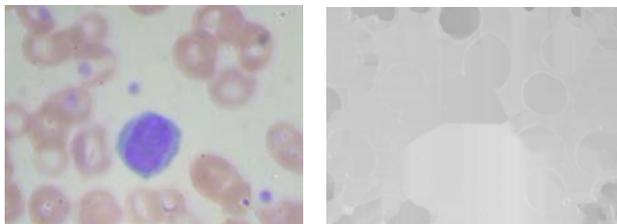


图2—正例、负例图像

表1-1显示了细胞识别模型的预测结果, 该步骤主要按照8:2的比例划分数据集, 训练10个epoch然后对100张图片进行测试。将测试结果与图片已有的标注结果进行对比。通过实验结果可以得知, 细胞提取的准确率可以达到92.8%。

表1-1 实验结果

Epochs	提取细胞个数	真实细胞个数	准确率
10	1753	1889	0.928

### 5 结论

血液细胞识别研究对于后续身体疾病诊断具有重要价值。该研究提出一种结合MIL与ResNet的细胞定位方法, 在实现有效识别的基础上, 采用基于标记的分水岭算法完成红细胞提取。此研究一方面解决了细胞定位问题, 另一方面显著降低了后续细胞分类研究所需的标注成本。研究表明: 当置信度阈值设为0.8时, 细胞提取效果最佳; 研究提出的模型需10个训练周期可达到理想识别效果, 且对训练数据量的需求较低。目前该研究的提取效果仍较依赖热力图提供的细胞定位信息, 对存在粘连现象的细胞处理能力有待提升。后续研究将重点改进算法, 以进一步提升细胞提取的准确性与鲁棒性。

#### [基金项目]

温州职业技术学院2025年温州职业技术学院校级科研项目“基于多示例弱监督的细胞图像分割模型构建研究”(项目编号: WZY2025030)。

#### [参考文献]

- [1]李钦华. 基于深度学习的医学图像分割技术研究与应用[J]. 信息系统工程, 2025, (01): 50-53.
- [2]蔡自兴, 李枚毅. 多示例学习及其研究现状[J]. 控制与决策, 2004, (06): 607-610+615.
- [3]王利平, 刘任任. 基于BP神经网络的红细胞识别[J]. 计算机与数字工程, 2018, 46(3): 584-587.
- [4]高丽, 杨树元, 李海强. 一种基于标记的分水岭图像分割新算法[J]. 中国图象图形学报, 2007, (06): 1025-1032.
- [5]张号. 基于多示例学习算法的疾病分类模型案例分析[J]. 电子技术, 2025, 54(04): 256-257.

#### 作者简介:

冯娇娇(1995--), 女, 汉族, 山西临汾人, 理学硕士, 助教, 研究方向: 数学、大数据。