

小样本域自适应的皮肤病临床影像识别方法

景海婷¹, 张秦², 陈曼², 张兰³, 李政霄², 祝继华¹, 李钟毓¹

(1. 西安交通大学软件学院, 710049, 西安; 2. 西安交通大学第二附属医院, 710004, 西安;
3. 西安交通大学第一附属医院东院, 710089, 西安)

摘要: 针对公开数据集训练所得模型无法直接应用于临床上不同设备的辅助诊断,而临床获取的数据又缺少足够人力进行标注的问题,提出了一种面向皮肤病临床影像识别的小样本域自适应方法。以 ISIC 皮肤病公开数据集作为标签已知的源域,以实际临床采集的数据作为待识别的目标域,通过医生对极少量临床数据进行标注,建立由卷积神经网络实现的特征提取器和分类器,构建小样本域自适应模型。引入最大相关熵准则来提高识别模型的精度和泛化能力,在每类只有少量带标签目标域样本的情况下,通过交替最大最小化条件熵,在提取区别性特征的同时减小不同域之间的分布差距,提高了分类器在新域上的准确率,实现了模型的跨域迁移。对所提方法在日光性角化病和脂溢性角化病分类问题上进行了实验验证,结果表明:相比于非域自适应方法,所提方法克服了不同采集设备造成的数据分布差异问题,取得了更高的识别准确率;相比于无监督域自适应方法,所提方法通过加入极少量标注的临床数据实现了域自适应,识别准确率为 93.94%。

关键词: 卷积神经网络;域自适应;小样本;皮肤病识别;最大相关熵准则

中图分类号: TP38 **文献标志码:** A

DOI: 10.7652/xjtuxb202009016 **文章编号:** 0253-987X(2020)09-0142-07



OSID 码

Few-Shot Domain Adaptation for Identification of Clinical Image in Dermatology

JING Haiting¹, ZHANG Qin², CHEN Man², ZHANG Lan³,
LI Zhengxiao², ZHU Jihua¹, LI Zhongyu¹

(1. School of Software Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China;
2. The Second Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710004, China;
3. East Branch, The First Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710089, China)

Abstract: Aiming at the problem that the model trained by public data set cannot be directly applied to the auxiliary diagnosis of different clinical devices and there is not sufficient manpower to label the clinical data, few-shot domain adaptation for the identification of clinical image in dermatology is proposed. The ISIC dermatological public data set is taken as the source domain with known label, and the actual clinical dataset is taken as the target domain to be predicted, small amount of clinical data are marked by the doctor to train few-shot domain adaptive model of feature extractor and classifier implemented by convolutional neural network. The maximum correntropy criterion is adopted to improve the accuracy and generalization ability of the recognition model. If there are only a small number of labeled target samples in each class, the distribution gap between different domains is reduced while extracting discriminative features by

alternating maximum and minimum conditional entropy. The accuracy of the classifier in the new domain is improved, and the model is transferred across domains. The proposed method is experimentally verified in the classification of actinic keratosis and seborrheic keratosis. Compared with the non-domain adaptive method, the proposed method solves the difficulty of difference in data distribution caused by different collection devices and achieves higher recognition accuracy. Compared with the unsupervised domain adaptive method, the proposed method achieves domain adaptation by adding a small amount of labeled clinical data, and the recognition accuracy rate is 93.94%.

Keywords: convolutional neural network; domain adaption; few-shot; dermatological recognition; maximum correntropy criterion

皮肤恶性肿瘤是当今全球发病率较高的癌症之一。为了避免皮肤病的恶化,对皮肤病进行早期筛查与诊断就显得尤为重要。医生通过对病变区域观察并进行视觉诊断的传统方式耗时耗力。近年来,伴随着深度学习技术的飞速发展,基于深度学习尤其是卷积神经网络的医学图像分析技术成为计算机辅助诊断领域的热门研究课题。目前,针对皮肤病医学影像的诊断已经有了大量研究,国际皮肤影像组织针对皮肤病变分析的研究也产生了许多方法,这些方法的诊断结果几乎可以逼近专家诊断结果。相应的,近年来已有大量公开数据集用于皮肤病诊断的研究,包括 HAM10000^[1]、BCN20000^[2]、MSK^[3] 等皮肤镜数据集。皮肤镜检查作为广泛采用的皮肤病诊断方法,可以捕获皮肤的高分辨率图像,与无辅助的视觉检查相比,有效地提高了皮肤癌的诊断精度。

尽管近年来基于深度学习的皮肤病辅助诊断技术已有了飞速的发展,目前的研究仍存在两个主要挑战:一是有标注的数据少之又少,而医生标注成本高,费时费力;二是深度学习模型大多依赖于特定的数据集,当基于特定数据集训练的模型迁移到临床数据时,诊断结果会有很大的偏差。对于不同的医学成像设备,由于成像原理、参数等因素的不同,造成了病灶的表征程度不同,从而无法保证诊断精度。

为了解决通过公开数据集训练所得的皮肤病识别模型效果较好,而应用于临床诊断时准确率不高的问题,本文设计了一种基于最大相关熵准则^[4]和最大最小化条件熵^[5]的小样本域自适应方法。针对在 ImageNet 数据集^[6]上训练的 ResNet34 卷积神经网络模型^[7]进行迁移,建立包含特征提取器和分类器的基本分类模型。以当前最大的皮肤病公开数据集 ISIC 作为源域数据,对于有标签的皮肤镜图像使用最大相关熵作为目标函数^[4]。将临床采集的无标签数据作为目标域,借助最大最小化条件熵方法^[7]

交替训练,使分类器的条件熵最大、特征提取器的条件熵最小,从而实现对于临床数据的高精度识别。

1 相关工作

1.1 域自适应

在生物医学领域,语义标注系统相当重要,通常基于手工标注的训练样本进行标记。然而,手工标注的样本少、成本高。为了解决这个问题,Dahlmeier 等将生物医学领域的语义标注定义为迁移学习问题,他们采用了 3 种迁移学习方法,包括实例加权法、实例增强法和实例剪枝法^[8],其中实例加权法旨在通过加权辅助数据集中出现的实例来修正目标域的概率估计^[9-10]。

域自适应方法将辅助域和目标域的特征映射到一个可以进行知识迁移的公共特征空间^[11],其目的是从辅助域中提取知识,这些辅助域的数据是经过标注的,但不能直接作为新领域的训练数据。为了重用这些数据,迁移学习对辅助问题域和目标域进行比较,发现两个域之间共同的有用信息,然后再利用这些信息来帮助提高目标域的学习性能。

近年来,迁移学习在医学影像诊断中有很大进展。Schweikert 等通过改进一些域迁移学习方法的剪接位点,以线虫为源域识别其他几种生物体^[12];猴水平等提出了基于核匹配追踪的医学影像辅助诊断算法,通过采用贪婪逼近残余的方法将匹配样本选出,并加入到目标域中^[13];Kamnitsas 等研究了对脑损伤分割的无监督域适应^[14]。但是,到目前为止,迁移学习在皮肤病的诊断中应用不是很多。

临床数据由于缺少足够的人力进行标注,因而难以用监督学习的方法进行处理。由于不同数据集成像原理不同,造成数据分布差异,由公开数据集训练的模型直接应用于临床诊断时,诊断精度变低。本文提出了一种基于相关熵和条件熵的小样本域自

适应方法来解决该问题。

1.2 小样本学习与半监督学习

由于有标记的样本难以获取、无标记的样本相对廉价,这激发了半监督学习的出现。半监督学习介于传统监督学习和无监督学习之间,其思想是在标记样本数量很少的情况下,在模型训练中引入无标记样本,将大量的无标签样本加入到有限的有标签样本中一起训练来进行学习,从而对模型的学习性能加以改进。半监督学习避免了数据和资源的浪费,同时解决了监督学习的模型泛化能力不强和无监督学习的模型精确度不高等问题。

Shi 等利用深度多项式网络对小样本超声数据集的肿瘤进行分类,在胸部和前列腺数据集的分类中准确度分别达到 92.4% 和 90.28%^[15]; Mondal 等解决了在极少数标记示例可供训练的情况下分割三维多模态医学图像的问题^[16]; Medela 等对组织病理学图像的小样本学习进行了研究,并在结肠相关域进行了验证^[17]; Ye 等提出了一种基于半监督分类的方法,并将其应用于轻度认知障碍群体的磁共振图像分类中^[18]; Rahhal 等采用 SSAE 以弱监督方式学习特征,对心电图信号进行分类^[19]; Bai 等对心脏磁共振图像分割的半监督学习进行了研究^[20]。为了对目标域数据高精度识别,本文采用半监督学习的方法,在目标域数据中选取个别有标签样本和源域数据一起进行训练。

2 小样本域自适应方法

2.1 方法概述

本文提出小样本域自适应方法,并应用于皮肤病图像的半监督分类问题中,利用源域数据集和目标域数据集进行半监督训练,实现域间自适应。基于迁移学习的思想,微调在 ImageNet 数据集^[6]上训练的 ResNet34 深度卷积神经网络^[7],提取皮肤病图像的特征,经过 softmax 分类器得到识别概率。依据数据是否含有标签,设计不同的目标函数。对于有标签的数据,使用最大相关熵作为损失函数;对于无标签的数据,借助最大最小化条件熵的方法交替训练,使分类器的条件熵最大、特征提取器的条件熵最小,最终实现对无标签数据的高精度分类。

2.2 数据来源和预处理

日光性角化病(AK)和脂溢性角化病(SK)均是中老年人常见的皮肤病。SK 属于良性表皮肿瘤,好发于头面部、躯干、手背等部位,多表现为淡褐色或棕褐色斑片或斑块。该病可以单发,但常表现为

多发,皮损发展缓慢,恶变机率低。AK 与长期日光暴露有关,好发于头面部,可表现为淡红色或棕褐色斑片或斑块,一般为单发,也可表现为多发。该病属癌前病变,有进一步发展为鳞状细胞癌的风险,故应早期诊断并干预。由于 AK 与 SK 的表现容易混淆,但疾病转归及预后不同,因此早期诊断、准确诊断成为了早期治疗的关键。皮肤镜可较好地鉴别这两种疾病,但不同医院的医生诊断水平差异较大,因此借助机器学习的方法对医生的诊断提供帮助。

本文所使用的源域皮肤病图像来源于 ISIC 比赛^[21]提供的皮肤镜公开数据集,包括 HAM10000^[1]、BCN20000^[2]、MSK^[3]等皮肤镜数据集,涉及多种皮肤病数据,选用其中的 867 例 AK 数据和 2 624 例 SK 数据。由于已有的公开数据集样本量有限,因而对 ISIC 数据进行了数据增强,所有实验中的源域数据保持一致。

本文所使用的目标域皮肤病图像由西安交通大学第二附属医院皮肤病医院提供,共包含 715 幅图像,其中 AK 有 321 例,SK 有 394 例。这些数据由两种设备采集而来,数据分布存在差异。倍宁公司某款设备采集的数据具有 33 倍的放大效果,由此采集的数据简称为倍宁,倍宁含 52 例 AK、119 例 SK。海涅公司某款设备采集的数据有 10 倍的放大效果,由此采集的数据简称为海涅,海涅含 269 例 AK、275 例 SK。ISIC 公开数据集、倍宁及海涅设备采集的 AK、SK 示例如图 1 所示。

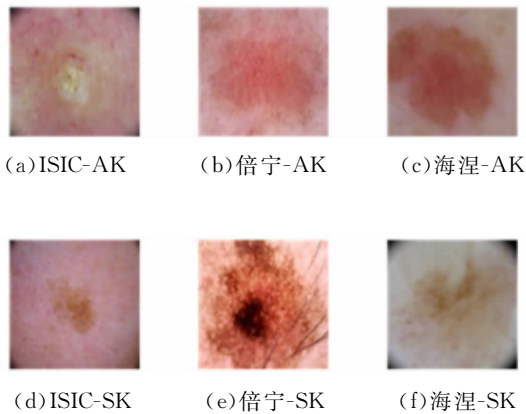


图 1 ISIC 数据集、倍宁及海涅设备采集的 AK、SK 示例

2.3 网络结构和目标函数

本文小样本域自适应方法模型中的皮肤病图像特征提取器,通过移除 ResNet34 网络^[7]的最后一个线性层构建得到,可以自动学习隐含的多层次疾病诊断特征。ResNet34 网络^[7]引入跳转连接,使得梯度的反向传播更加容易,让更深的网络得以有效

训练。特征提取器提取的特征作为分类器的输入。分类器由一个 n -way 线性分类层和 softmax 层构成。线性分类层的权重向量表示为 $\mathbf{W}=[\mathbf{w}_1, \mathbf{w}_2, \dots, \mathbf{w}_n]$,其中 n 为皮肤病总类别数, $\mathbf{W}$ 中每个向量为对应皮肤病类的原型,即 $\mathbf{w}_n$ 为第 n 类皮肤病的病灶原型,原型指皮肤病的代表。将线性分类层的输出结果送进 softmax 层,得到每个样本被分到每一类的概率。根据源域和目标域数据是否含有标签,设计不同的目标函数,反向传播更新网络结构的参数,从而得到更精确的概率。

本文提出的小样本域自适应方法的模型框架如图 2 所示。模型的输入包括有标签的源域样本、少量有标签的目标域样本和不标记的目标域样本。模型包含两部分,一部分用于特征提取,另一部分用于分类。实线箭头指输入有标签的数据,得到分类概率 $\mathbf{p}$ 后,通过最大相关熵,反向传播更新特征提取器和分类器的参数。虚线箭头指输入无标签的目标域数据,得到 $\mathbf{p}$ 后,通过最大条件熵,反向传播更新分类器中的参数,通过最小化条件熵,反向传播更新特征提取器中的参数。

对于有标签的源域和少量有标签的目标域数据,使用最大相关熵作为目标函数,训练特征提取器和分类器。相关熵用于量化两个随机变量 A 和 B 之间的相似性,变量 A 和 B 的相关熵为

$$V_e(A, B) = E\left[\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{(A-B)^2}{2\sigma^2}\right)\right] \quad (1)$$

本文将最大相关熵准则应用于有标签数据的训练中,对于有标签数据,其目标函数为

$$H_1 = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{\|\mathbf{p}(\mathbf{x}_i) - \mathbf{y}_i\|_2^2}{2\sigma^2}\right) \quad (2)$$

式中: $\mathbf{y}_i$ 为真实值;参数 σ 会影响实验结果,不能过大也不能过小; $\mathbf{p}(\mathbf{x}_i)$ 为识别结果,公式为

$$\mathbf{p}(\mathbf{x}) = f_{\text{softmax}}(\mathbf{W}^T \mathbf{F}(\mathbf{x})) \quad (3)$$

其中, $\mathbf{F}(\mathbf{x})$ 为特征提取器提取的特征, f_{softmax} 为 softmax 函数。

使用 H_1 目标函数,可以确保特征提取器提取区别性特征。然而,该模型只是在源域和一小部分目标域样本上进行分类训练,并不能学习整个目标域的区别性特征。因此,对未标记的目标实例进行最大最小化条件熵训练。

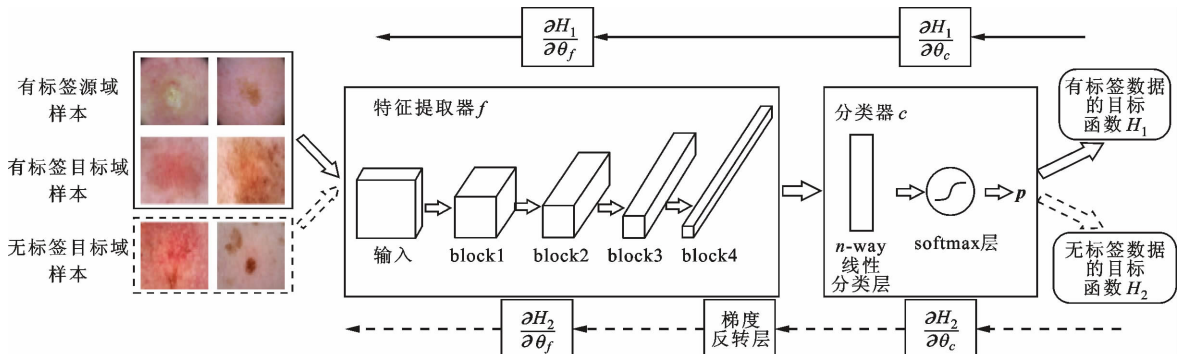
本文使用基于余弦相似度的分类器架构^[22],分类器首先计算 n 类皮肤病特定的权重向量和特征提取器输出间的余弦相似度,然后使用 softmax 函数得到 n 类皮肤病的概率向量。每个类别的权重向量作为估计的原型,可视为该类别的代表点。对于无标签的目标域数据,使用最大最小化条件熵的方法交替训练,使分类器的条件熵最大、特征提取器的条件熵最小。通过最大化条件熵,使原型不会过于依赖源实例,从而获得域不变原型,域不变原型可以作为两个域的代表点;通过最小化条件熵,使目标特征向原型靠拢,得到区别性特征。

在最大最小化条件熵的对抗性学习中,假设每个类都存在一个域不变的原型,作为两个域的一个代表点。此时最后一个线性层权重向量的 $\mathbf{w}_i$ 作为第 i 类皮肤病病灶原型,每一类病灶都对应一个病灶原型。由于有标签的数据中,源域样本居多,目标域样本只有几个,因此估计的原型会近源分布。移动目标域中的未标记数据的特征,使它们更靠近估计原型 $\mathbf{w}_i$ 的位置。此时,使用条件熵来度量 $\mathbf{W}$ 和未标记目标特征之间的相似性。条件熵计算式为

$$H_2 = -E \sum_{k=1}^n p'(y = k | \mathbf{x}) \log p'(y = k | \mathbf{x}) \quad (4)$$

式中 $p'(y=k|\mathbf{x})$ 为 $\mathbf{x}$ 识别为第 k 类皮肤病的概率。

本文的关键思想是最大程度地减少类原型和相邻的未标记目标样本之间的距离,从而提取具有区



θ_f —特征提取器 f 的参数; θ_c —分类器 c 的参数; $\mathbf{p}$ —分类概率。

图 2 小样本域自适应方法的模型框架

别性的特征。由于大多数带标签的样本均来自源域,因此原型受源域的支配,导致近源分布。目标域样本的熵代表了估计原型和目标特征之间的相似性,具有高熵的均匀输出分布表明样本与所有原型权重向量相似,因此可通过最大化未标记目标样本的熵,将权重向量移向目标。接着,更新特征提取器以最小化未标记样本的熵,使它们更好地聚集在原型周围。此过程就是权重向量和特征提取器之间的极大极小博弈,对抗训练过程如图 3 所示。

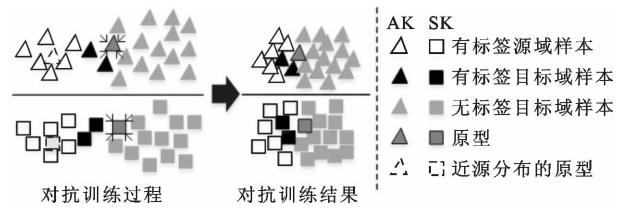


图 3 对抗训练过程

从图 3 可以看出:通过最大化条件熵更新估计原型,原型由最初的近源分布移动至两域之间;通过最小化条件熵,使得特征围绕估计原型进行聚类。经过交替最大最小化条件熵的对抗训练,模型使用未标记的数据来提取区别性特征和域不变特征。

总体上,本文方法可以表述为特征提取器和分类器之间的对抗学习。通过最大化条件熵来训练分类器、最小化条件熵来训练特征提取器。总目标函数为

$$H = - H_1 \pm H_2 \tag{5}$$

当式(5)中的“±”号为正号时,训练特征提取器的参数;当“±”号为负号时,训练分类器的参数。通过设计这种网络结构和目标函数,可以将源域上训练的皮肤病病灶分类模型很好地迁移到拥有临床数据目标域的诊断中。

3 实验比较与分析

本节通过对比实验评估了本文方法对 AK 和 SK 图像识别的结果。实验基于 PyTorch 深度学习框架,使用 GEFORCE GTX TITAN 服务器,python3.6 编程环境。实验中的学习率初始值设定为 0.01,使用 SGD 优化器。对于各对比实验,从识别准确率、灵敏度和特异度进行比较。

3.1 few-shot 实验结果比较

该小节对本文提出的方法做 few-shot 实验。对于源域数据,所有样本都用于训练;对于目标域数据,从每类样本中随机选择 1、2 或 3 个标记样本作为标记的训练目标样本,分别用 1-shot、2-shot 和 3-

shot 表示。从每类样本中随机选择 5 个标记样本作为目标域的验证集,该验证集用于训练早停和超参数的选择。目标域中其他样本作为无标签目标域样本参与训练,其标签只用来评估分类的准确率等指标。few-shot 实验结果比较如表 1 所示。

表 1 few-shot 实验结果比较

目标域	few-shot	准确率/%	灵敏度/%	特异度/%
倍宁	1-shot	90.27	88.35	95.12
	2-shot	92.36	89.42	100.00
	3-shot	93.75	91.26	100.00
海涅	1-shot	84.85	99.25	69.23
	2-shot	89.58	97.00	85.06
	3-shot	93.94	97.38	90.42

注:表中加粗数据为最优值。

从表 1 可以看出:基于相关熵和条件熵的小样本域自适应方法在不同目标域上的识别效果都较好,准确率最高可达 93.94%,灵敏度最高可达 99.25%,特异度最高可达 100.00%;本文方法识别效果会随着目标域中带标签样本数的增加而提高。

3.2 与非域自适应方法比较

采用本文提出的网络模型,微调 ResNet34 网络^[7],提取皮肤病公开数据集的特征,经过 softmax 分类器得到识别概率。使用有标记的源域数据训练分类模型,训练过程中目标域数据不参与,即不进行域自适应处理,将此模型直接用于临床采集的角化病数据的识别。该实验结果与本文 3-shot 方法的结果对比如表 2 所示。

表 2 与非域自适应方法的比较

目标域	方法	准确率/%	灵敏度/%	特异度/%
倍宁	ResNet34 ^[7]	85.42	89.42	75.00
	本文方法	93.75	91.26	100.00
海涅	ResNet34 ^[7]	57.20	98.88	14.23
	本文方法	93.94	97.38	90.42

注:表中加粗数据为最优值。

从表 2 可以看出,将公开数据集训练所得模型直接应用于临床数据的诊断时,识别准确率不高。针对不同设备采集的目标域数据,非域自适应方法的效果差异明显。对于海涅数据,虽然非域自适应方法的灵敏度比本文方法的高,但这并不意味着非域自适应方法的效果好。这是因为从 3 个指标来看,非域自适应方法的分类能力低下,将大部分的数据分为同一类,导致灵敏度特别高,而特异度特别

低,而对于本文方法,3 个指标都较高。不同设备采集的数据存在差异,而本文提出的域自适应方法能够很好地改善这种情况,在不同的目标域实验中,都获得了较高的指标。

3.3 与无监督域自适应方法比较

将无监督域自适应方法与本文方法在角化病上的识别结果进行对比。DANN 是无监督域自适应常用的方法之一,该方法引入对抗思想,利用域分类器来匹配特征分布^[23];DeepJDOT 在一个单一的 CNN 框架中学习两个域和分类器之间的嵌入,使用基于最优传输的域自适应设计损失函数,可以很好地实现域自适应^[24]。表 3 给出了这两个无监督域自适应方法和本文方法在角化病识别上的对比结果。

表 3 与无监督域自适应方法的比较

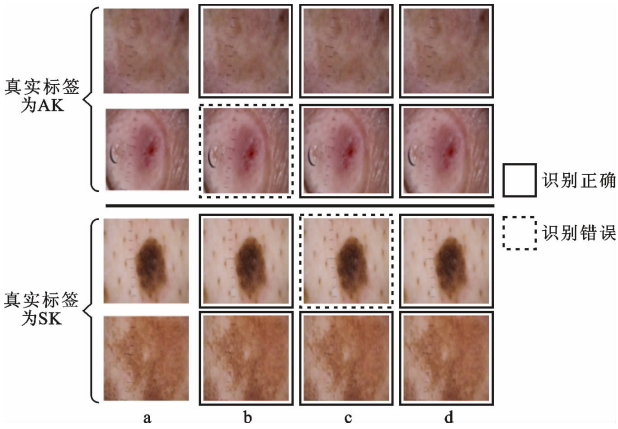
目标域	方法	准确率/%	灵敏度/%	特异度/%
倍宁	DANN ^[23]	82.80	84.82	77.78
	DeepJDOT ^[24]	65.71	54.55	84.62
	本文方法	93.75	91.26	100.00
海涅	DANN ^[23]	40.00	68.91	10.35
	DeepJDOT ^[24]	46.79	42.00	50.85
	本文方法	93.94	97.38	90.42

注:表中加粗数据为最优值。

从表 3 可以看出:本文半监督域自适应方法较无监督域自适应方法的准确率等各指标提高很多;两种无监督域自适应方法在不同的数据集上的效果差异明显,表现不稳定;本文方法使用少量标记数据点所学的知识来识别未标记的数据,在不同目标域数据中表现良好,有利于对临床数据的诊断。

图 4 给出了各方法对具体角化病图像的识别结果。可以看出,本文方法可以全部准确识别这些图像,而其他方法都有识别错误的现象。本文方法可

对临床角化病进行较好地识别,模型精度较高,泛化能力较强。



a—原始图像;b—DANN^[23] 识别结果;
c—DeepJDOT^[24] 识别结果;d—本文方法识别结果。

图 4 AK 与 SK 图像的识别结果

3.4 与小样本域自适应方法比较

SSDA^[5]是目前小样本域自适应问题较新的研究成果,该方法在目标域训练样本中增加少量的有标签样本,提取目标域数据的区别性特征,在学习区别性特征的同时减小了分布差距,提高了对目标域的分类准确率。对于有标签的数据,SSDA^[5]采用了交叉熵损失函数,而本文方法对于有标签的数据采用最大相关熵准则作为目标函数。

本小节针对这两种方法对有标签数据采用不同的目标函数,在数据集上进行了对比实验,结果如表 4 所示。可以看出,不论是 1-shot、2-shot 还是 3-shot,在识别倍宁和海涅采集的临床角化病图像时,本文方法的 3 种评价指标均优于 SSDA^[5]方法的。这是因为最大相关熵准则能够从两类角化病数据中提取更加丰富的统计信息,区分度较强,噪声抵抗能力较强,鲁棒性较高。

表 4 与小样本域自适应方法的比较

目标域	few-shot	准确率/%		灵敏度/%		特异度/%	
		SSDA ^[5]	本文方法	SSDA ^[5]	本文方法	SSDA ^[5]	本文方法
倍宁	1-shot	86.11	90.27	82.52	88.35	92.68	95.12
	2-shot	90.23	92.36	88.12	89.42	95.35	100.00
	3-shot	91.67	93.75	88.35	91.26	100.00	100.00
海涅	1-shot	82.39	84.85	92.08	99.25	66.54	69.23
	2-shot	85.98	89.58	88.43	97.00	76.54	85.06
	3-shot	90.91	93.94	95.88	97.38	85.82	90.42

注:表中加粗数据为最优值。

4 结 论

本文针对当前医学影像公开数据集与临床采集数据存在表征差异,训练所得模型无法直接应用于辅助诊断,而临床获取的数据又缺少足够人力进行标注的问题,建立了一种小样本域自适应方法,并在两类皮肤病的跨域迁移识别中取得了较高的准确率。本文得出的主要结论如下。

(1)提出了基于最大相关熵准则的小样本域自适应方法。该方法对于两类角化病具有较高的区分度,可以抵抗噪声使得方法更具鲁棒性,提高了识别模型的精度和泛化能力。实验结果表明,该方法可以有效地提高角化病识别的准确率。

(2)建立了不同皮肤病数据集之间的跨域迁移方法。该方法通过对有标签公开数据与无标签临床数据进行跨域迁移,辅之以极少量带标签临床采集数据,实现了大量无标签临床数据的高精度识别。实验结果表明,该方法具有较高的灵敏度与特异度,域自适应模型具有较好的泛化能力。

本文方法有望在其他类型的医学影像诊断问题中进行推广。

参考文献:

- [1] TSCHANDL P, ROSENDAHL C, KITTLER H. The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions [J]. *Scientific Data*, 2018, 5(1): 180161.
- [2] COMBALIA M, CODELLA N C F, ROTEMBERG V, et al. BCN20000: dermoscopic lesions in the wild [EB/OL]. [2020-02-01]. <https://arxiv.org/abs/1908.02288>.
- [3] CODELLA N C F, GUTMAN D, CELEBI M E, et al. Skin lesion analysis toward melanoma detection: a challenge at the 2017 International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), hosted by the International Skin Imaging Collaboration (ISIC) [C]//2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2018: 168-172.
- [4] LIU W F, POKHAREL P P, PRINCIPE J C. Correntropy: properties and applications in non-Gaussian signal processing [J]. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 2007, 55(11): 5286-5298.
- [5] SAITO K, KIM D, SCLAROFF S, et al. Semi-supervised domain adaptation via minimax entropy [C]//2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2019: 8049-8057.
- [6] RUSSAKOVSKY O, DENG J, SU H, et al. ImageNet large scale visual recognition challenge [J]. *International Journal of Computer Vision*, 2015, 115(3): 211-252.
- [7] HE K M, ZHANG X Y, REN S Q, et al. Deep residual learning for image recognition [C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2016: 770-778.
- [8] DAHLMEIER D, NG H T. Domain adaptation for semantic role labeling in the biomedical domain [J]. *Bioinformatics*, 2010, 26(8): 1098-1104.
- [9] DAI W Y, YANG Q, XUE G R, et al. Boosting for transfer learning [C]//Proceedings of the 24th International Conference on Machine Learning. Princeton, NJ, USA: International Machine Learning Society (IMLS), 2007: 193-200.
- [10] JIANG J, ZHAI C X. Instance weighting for domain adaptation in NLP [C]//Proceedings of the 45th Annual Meeting of the Association of Computational Linguistics. Stroudsburg, PA, USA: Association for Computational Linguistics (ACL), 2007: 264-271.
- [11] DAUMÉ III H. Frustratingly easy domain adaptation [EB/OL]. [2020-02-01]. <https://arxiv.org/abs/0907.1815>.
- [12] SCHWEIKERT G, WIDMER C, SCHÖLKOPF B, et al. An empirical analysis of domain adaptation algorithms for genomic sequence analysis [C]//Proceedings of the 2008 Advances in Neural Information Processing Systems. Vancouver, Canada: NIPS, 2009: 1433-1440.
- [13] 猴水平, 焦李成, 姚瑶, 等. 基于迁移核匹配追踪的医学影像诊断系统及诊断方法: CN101609485 [P]. 2009-12-23.
- [14] KAMNITSAS K, BAUMGARTNER C, LEDIG C, et al. Unsupervised domain adaptation in brain lesion segmentation with adversarial networks [C]//International Conference on Information Processing in Medical Imaging. Cham, Germany: Springer, 2017: 597-609.
- [15] SHI J, ZHOU S C, LIU X, et al. Stacked deep polynomial network based representation learning for tumor classification with small ultrasound image dataset [J]. *Neurocomputing*, 2016, 194: 87-94.

(下转第156页)

- Systems and Rehabilitation Engineering, 2018, 26(3): 675-686.
- [22] HSU C W, LIN C J. A comparison of methods for multiclass support vector machines [J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 2002, 13(2): 415-425.
- [23] CHANG C C, LIN C J. LIBSVM: a library for support vector machines [J]. ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology, 2011, 2(3): 27.
- [24] SHI Wanting, LYU Z J, TANG S T, et al. A bionic hand controlled by hand gesture recognition based on surface EMG signals: a preliminary study [J]. Biocybernetics and Biomedical Engineering, 2018, 38(1): 126-135.
- [25] LIANG Shili, WANG Liangliang, ZHANG Ling, et al. Research on recognition of nine kinds of fine gestures based on adaptive AdaBoost algorithm and multi-feature combination [J]. IEEE Access, 2019, 7: 3235-3246.

(编辑 武红江)

(上接第 148 页)

- [16] MONDAL A K, DOLZ J, DESROSIERS C. Few-shot 3D multi-modal medical image segmentation using generative adversarial learning [EB/OL]. [2020-02-01]. <https://arxiv.org/abs/1810.12241>.
- [17] MEDELA A, PICON A, SARATXAGA C L, et al. Few shot learning in histopathological images: reducing the need of labeled data on biological datasets [C] // 2019 IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2019: 1860-1864.
- [18] YE D H, POHL K M, DAVATZIKOS C. Semi-supervised pattern classification: application to structural MRI of Alzheimer's disease [C] // 2011 International Workshop on Pattern Recognition in NeuroImaging. Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2011: 1-4.
- [19] RAHHAL M M A, BAZI Y, ALHICHRI H, et al. Deep learning approach for active classification of electrocardiogram signals [J]. Information Sciences, 2016, 345: 340-354.
- [20] BAI W, OKTAY O, SINCLAIR M, et al. Semi-supervised learning for network-based cardiac MR image segmentation [C] // 2017 International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention. Cham, Germany: Springer, 2017: 253-260.
- [21] CODELLA N, ROTEMBERG V, TSCHANDL P, et al. Skin lesion analysis toward melanoma detection 2018: a challenge hosted by the International Skin Imaging Collaboration (ISIC) [EB/OL]. [2020-02-20]. <https://arxiv.org/abs/1902.03368>.
- [22] GIDARIS S, KOMODAKIS N. Dynamic few-shot visual learning without forgetting [C] // Proceedings of 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2018: 4367-4375.
- [23] GANIN Y, USTINOVA E, AJAKAN H, et al. Domain-adversarial training of neural networks [J]. Journal of Machine Learning Research, 2016, 17(1): 189-209.
- [24] DAMODARAN B B, KELLENBERGER B, FLAMARY R, et al. DeepJDOT: deep joint distribution optimal transport for unsupervised domain adaptation [C] // Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV). Cham, Germany: Springer, 2018: 447-463.

[本刊相关文献链接]

- 许美凤, 国雷达, 宋盼盼, 等. 多卷积神经网络模型融合的皮肤病识别方法. 2019, 53(11): 125-130. [doi:10.7652/xjtuxb201911018]
- 崔云博, 杜友田, 王航. 面向图像的有效目标区域提取方法. 2019, 53(5): 52-57. [doi:10.7652/xjtuxb201905008]
- 袁帅, 秦贵和, 晏婕. 应用残差生成对抗网络的路况视频帧预测模型. 2018, 52(10): 146-152. [doi:10.7652/xjtuxb201810020]
- 张西宁, 向宙, 唐春华. 一种深度卷积自编码网络及其在滚动轴承故障诊断中的应用. 2018, 52(7): 1-8. [doi:10.7652/xjtuxb201807001]
- 李策, 张亚超, 蓝天, 等. 一种高分辨率遥感图像视感知目标检测算法. 2018, 52(6): 9-16. [doi:10.7652/xjtuxb201806002]

(编辑 陶晴)