

基于改进 YOLOv7 的血细胞检测算法^{*}

张文鹏¹ 李晨^{1,2}

(1. 南京信息工程大学电子与信息工程学院 南京 210044; 2. 无锡学院江苏省通感融合光子器件及
系统集成工程研究中心 无锡 214105)

摘要: 血细胞检测是诊断许多疾病的重要手段, 血细胞数量和形态的变化常常反映人体的健康状况。然而, 人工检测耗时且易出现误检和漏检。为此, 本文提出了一种基于改进 YOLOv7 的血细胞检测算法—YOLOv7-SMC。该算法首先在特征提取过程中结合空间和通道重构卷积, 减少了特征冗余并提高了性能; 然后在颈部网络中加入混合局部通道注意力机制, 增强了模型的表征能力; 并且用内容感知特征重组上采样算子替换最近邻插值上采样, 从而自适应地调整上采样策略, 得到细节丰富的结果; 最后引入基于最小点距离的边界框相似度度量损失函数, 简化了边界框相似性比较。实验结果表明, 该算法在 BCCD 数据集上的 3 类血细胞检测中, 总样本均值平均精度 mAP@0.5 和 mAP@[0.5:0.95] 分别提升了 2.6% 和 2.9%, 展现出较高的实用性和准确性。

关键词: 血细胞检测; YOLOv7; 空间和通道重构卷积; 注意力机制

中图分类号: TP391.4; TN06 文献标识码: A 国家标准学科分类代码: 510.4

Blood cell detection algorithm based on improved YOLOv7

Zhang Wenpeng¹ Li Chen^{1,2}

(1. School of Electronic and Information Engineering, Nanjing University of Information Science and Technology, Nanjing 210044, China; 2. Jiangsu Engineering Research Center for Sensor Fusion Photonic Devices and System Integration, Wuxi University, Wuxi 214105, China)

Abstract: Blood cell detection is a critical tool for diagnosing various diseases, as changes in blood cell count and morphology often reflect a person's health condition. However, manual detection is time-consuming and prone to errors and omissions. To address these challenges, this paper presents an improved blood cell detection algorithm based on the YOLOv7 framework, named YOLOv7-SMC. The algorithm integrates spatial and channel reconstruction convolution to reduce feature redundancy and enhance performance. Additionally, a mixed local channel attention is incorporated in the neck network to strengthen the model's representational capability. The algorithm also replaces the nearest neighbor interpolation upsampling with a content-aware reassembly of features upsampling operator, which adaptively adjusts the upsampling strategy to produce detailed and smooth results. Furthermore, a minimum point distance intersection over union loss function is introduced to simplify the similarity comparison between bounding boxes. Experimental results on the BCCD dataset demonstrate that this algorithm improves the mean average precision at IoU thresholds of 0.5 and 0.5:0.95 by 2.6% and 2.9%, respectively, indicating its high practicality and accuracy.

Keywords: 血细胞检测; YOLOv7; 空间和通道重构卷积; 注意力机制

0 引言

在医学诊断中, 血液分析是一种关键的检测手段^[1]。血细胞检测主要包括 3 种类型的血细胞: 负责运输氧气的红细胞、抵御感染的白细胞以及参与血液凝固的血小板^[2]。

它们共同维持人体的正常生理功能和疾病抵抗力。血细胞数量和形态的异常变化常常预示着如贫血、白血病等血液病变^[3-5]。然而, 传统的血细胞检测依赖显微镜下的人工观察^[6], 这不仅耗时耗力, 而且易受主观判断影响, 限制了诊断效率和准确性。随着深度学习技术在图像识别和处理领

域的显著进展, 卷积神经网络在医学图像分析中展现出高效性能^[7-9], 为实现自动化、高精度的血细胞检测提供了可能。

基于卷积神经网络的血细胞检测技术主要分为单阶段检测和两阶段检测两类, 各自具有独特的特点和应用场景。两阶段检测技术, 例如 Girshick 等^[10]提出的 R-CNN 及其改进版本 Fast R-CNN^[11]和 Faster R-CNN^[12], 首先生成候选区域, 然后对这些区域进行分类和边框回归。这种方法在处理复杂场景中小尺寸和高重叠目标时显示出更高的准确性。在血细胞检测应用中, Faster R-CNN 等算法被广泛用于准确识别和定位各类血细胞, 尤其是在细胞密集或形态多样的样本中表现出色。然而, 这种方法的计算成本相对较高, 不满足血细胞检测的实时性需求。

相比之下, 单阶段检测技术以其快速和简洁的特性著称。这类方法通常跳过区域提议阶段 (region proposal network, RPN), 直接在网络中进行特征提取和目标检测。YOLO(you only look once)系列算法是这一类方法的典型代表, 它通过将检测任务简化为单一的回归问题, 直接预测物体类别和位置, 实现了高效的检测^[13-17]。在血细胞检测领域, 基于 YOLO 框架的单阶段检测算法已被证明在速度和精度方面表现良好。然而, 在检测小目标和密集目标时, 特征提取的多次下采样过程中会丢失一些细节信息, 导致模型表征能力比较差, 检测效果不理想。另外由于模型对于血细胞主要特征学习不足, 导致相互遮挡的血细胞会出现漏检、错检的情况。针对基于改进 YOLO 系列算法对 3 类血细胞的检测, 王榆锋等^[18]通过采用多尺度残差增强模块和嵌入式注意力门控机制来提高特征信息利用率, 提升了血细胞检测的准确率, 但对于粘连血细胞的检测效果不理想。易见兵等^[19]基于 YOLOX 算法引入了混合注意力机制和自适应空间特征融合模块来提高模型特征表达能力, 改善了粘连血细胞漏检的问题。张昊等^[20]在 YOLOv5 中引入坐标注意力机制并改进特征融合方法提升了检测平均精度, 加入小目标检测层提升了对于血小板的识别精度。周煜庭等^[21]通过在 YOLOv7 中引入全局注意力机制并改进特征金字塔结构, 解决重叠红细胞的检测问题。以上几种方法对于血细胞检测精度都有较大提升, 但相互遮挡的血细胞易出现错检、漏检的情况没有得到很好的改善, 血小板的检测精度也没有较大的提升。

综上所述, 本文选择 YOLOv7 作为血细胞检测算法研究的基础网络, 主要是因为它结合了高准确率、实时检测能力和良好的泛化性能, 同时提供灵活性和可扩展性以适应特定需求, 这使得 YOLOv7 非常适合处理需求高精度和快速响应的血细胞检测任务。本文在 YOLOv7 的骨干网络的部分卷积中将普通卷积替换为空间和通道重构卷积 (spatial and channel reconstruction convolution, SCConv)^[22], 通过在空间和通道上重构特征信息以减少特征冗余, 促进代表性特征的学习; 在特征融合部分加入了混合局部通道注

意力机制 (mixed local channel attention, MLCA)^[23], 对空间和通道、局部和全局的信息进行融合, 增强模型的表征能力; 将上采样算子替换为内容感知特征重组上采样算子 (content-aware reassembly of features, CARAFE)^[24], 使上采样后的特征图的细节更丰富; 最后引入基于最小点距离的边界框相似度度量损失函数 (minimum point distance intersection over union, MPDiou)^[25], 简化边界框之间的相似性比较, 提升泛化性能。在公共血细胞检测数据集上的对比实验结果表明, 本文提出的方法在检测效果上有显著提升, 非常适用于血细胞检测任务。

1 YOLOv7 算法介绍

YOLOv7 是一种先进的单阶段目标检测算法, 继承并发展了 YOLO 系列的优点, 特别适用于实时应用场景。该算法基于深度学习框架, 通过单次前向传播实现高速度和高精度的目标检测。YOLOv7 的算法结构如图 1 所示, 网络结构分为 4 部分: 输入端、主干网络、颈部网络和输出端。图像在输入端通过自适应缩放到固定尺寸, 并进行数据增强后传入主干网络进行特征提取。主干网络负责特征提取, 选取 P3(80×80)、P4(40×40) 和 P5(20×20) 层的特征图进行融合。颈部网络通过特征金字塔网络 (feature pyramid networks, FPN) 和路径聚合网络 (path aggregation network, PAN) 实现多尺度特征图的融合。输出端将从主干网络和颈部网络提取的特征图转化为实际的目标检测结果, 包括多尺度特征融合、边界框预测、类别预测和置信度评分。最后, 输出端应用非极大值抑制 (non-maximum suppression, NMS) 技术, 去除重叠的冗余框, 只保留最有可能的框, 减少假阳性并确保最终检测结果的准确性。通过这些步骤, YOLOv7 的输出端能够在各种尺度和复杂度的场景下有效检测目标。

2 改进的算法

本文提出了一种基于改进 YOLOv7 算法的 YOLOv7-SCMC 算法, 以实现精准高效的血细胞检测。本文提出的算法网络结构如图 2 所示。

2.1 结合 SCConv 模块的特征提取

在血细胞检测过程中, 由于图像中的细胞个体密集且目标较小, 容易出现目标粘连和遮挡, 导致目标特征提取困难。为提高模型的特征学习和提取能力, 在主干网络的 ELAN 模块中引入了空间和通道重构卷积——SCConv, 替换了部分基本卷积。这种方法减少了卷积神经网络中特征的空间和通道冗余, 促进了代表性特征的学习, 从而提高了其性能, 如图 3 所示。

SCConv 主要由空间重建单元 (spatial reconstruction unit, SRU) 和通道重建单元 (channel reconstruction unit, CRU) 两个模块组成。输入特征图首先通过 SRU, 抑制空间维度上的冗余并增强特征表示, 从而得到空间细化特征。

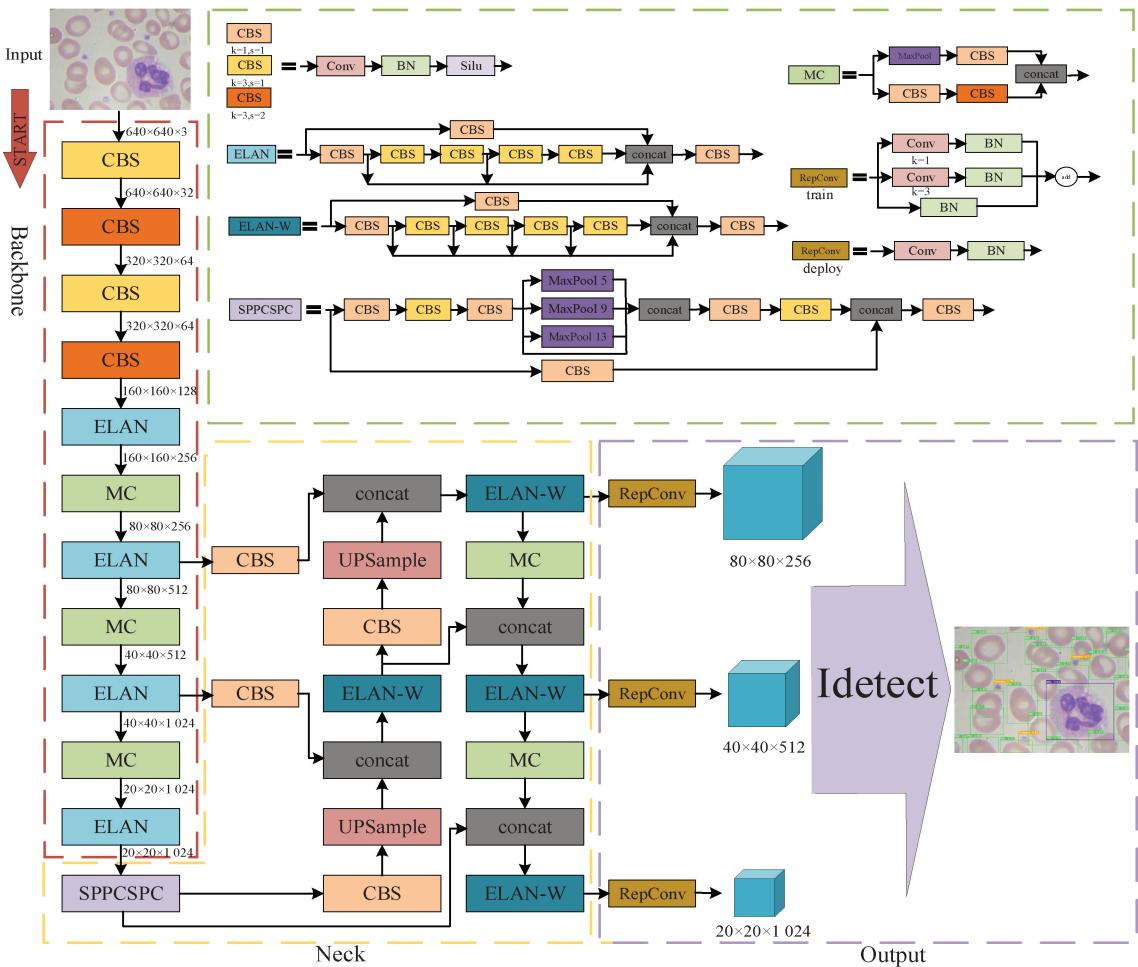


图 1 YOLOv7 网络结构图

Fig. 1 YOLOv7 network structure

接着,通过 CRU 减少通道维度的冗余,降低计算成本和存储需求,从而获得通道细化特征。SCConv 的整体结构如图 4 所示。

1) 获取空间分离权重

在空间重建单元中,特征图 $X \in \mathbb{R}^{B \times C \times H \times W}$ 首先通过 GN(组标准化)层,(学习到了 γ 参数)来标准化输入特征 X 。然后在 Gate 层通过 w_γ 重新加权的特征图的权重值通过 sigmoid 函数映射到范围(0,1),并通过阈值进行门控,然后输出信息性特征权重 W_1 和非信息性特征权重 W_2 。如式(1)所示。

$$\left\{ \begin{array}{l} w_\gamma = \frac{\gamma_i}{\sum_j \gamma_j}, i, j = 1, 2, \dots, C \\ W = \text{Gate} \left(\text{Sigmoid} \left(w_\gamma \otimes \left(\gamma \frac{X - \mu}{\sqrt{\sigma^2 + \epsilon}} + \beta \right) \right) \right) \end{array} \right. \quad (1)$$

其中, μ 和 σ 是 X 的平均值和标准差, ϵ 是为了除法稳定性而添加的小正常数, γ 和 β 是可训练的仿射变换, \otimes 是逐元素乘法, $w_\gamma \in \mathbb{R}^C$ 是表示不同特征图重要性的归一化相关权重, 门控阈值设置为 0.5。

2) 分离并重构

之后将输入特征 X 分别乘以信息性特征权重 W_1 和非信息性特征权重 W_2 , 得到两个加权后的特征 X_1 和 X_2 。再将信息丰富的 X_1 和信息较少的 X_2 分别送入 C-Split 层进行通道分割, 得到 4 个通道大小相同的特征 $X_{11}, X_{12}, X_{21}, X_{22}$ 。最后将它们交叉相加并重建, 获得空间细化特征图 X_{out} 。如式(2)所示。

$$\left\{ \begin{array}{l} X_1 = W_1 \otimes X \\ X_2 = W_2 \otimes X \\ X_{ij}^{B \times \frac{1}{2}C \times H \times W} = C - \text{Split}(X_i^{B \times C \times H \times W}) \\ X_{out} = (X_{11} \oplus X_{21}) \cup (X_{12} \oplus X_{22}) \end{array} \right. \quad (2)$$

其中, $i = 1, 2; j = 1, 2$; \oplus 是逐元素求和, \cup 是两个张量沿通道维度连接, C-Split 层是进行通道分割操作。将 SRU 应用于中间输入特征 X 之后, 增强了代表性特征并抑制空间维度上的冗余特征, 但是空间细化的特征图 X_{out} 在通道维度上仍有较大的冗余。

3) 通道分割-转换-重构

在通道重建单元中, 空间细化特征图 X_{out} 经过 C-Split

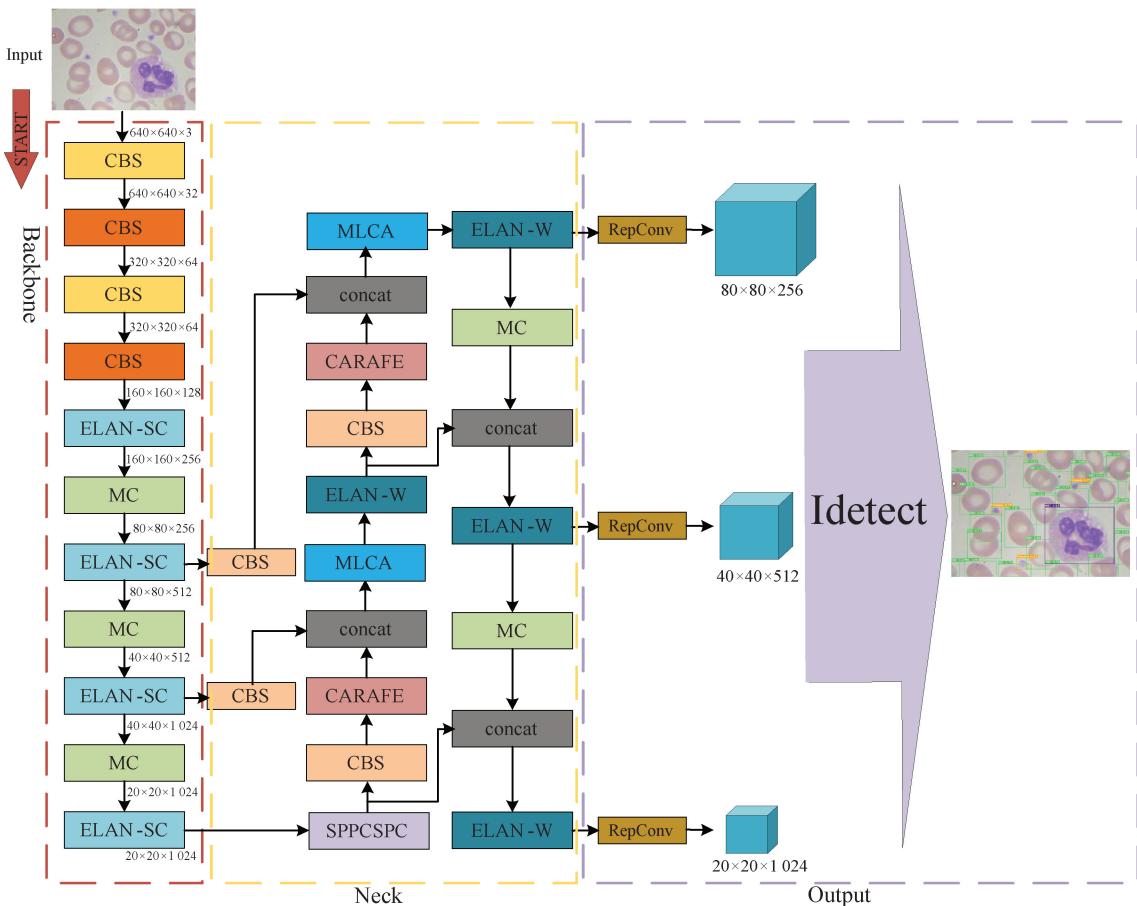


图 2 YOLOv7-SMC 网络结构图

Fig. 2 YOLOv7-SMC network structure diagram

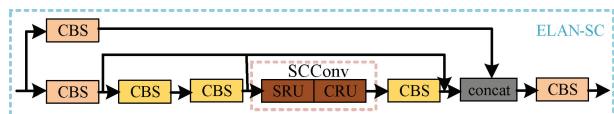


图 3 ELAN-SC 结构图

Fig. 3 ELAN-SC structure diagram

层进行通道分割, 分割后的特征图分别经过 1×1 卷积压缩特征图的通道数以提高计算效率, 得到了 X_{out1} 和 X_{out2} 两个通道大小相同的特征图。然后 X_{out1} 通过分组-逐点卷积分支得到中间通道细化特征图 Y_1 , X_{out2} 通过逐点卷积分支得到中间通道细化特征图 Y_2 。将特征图 Y_1 和 Y_2 沿通

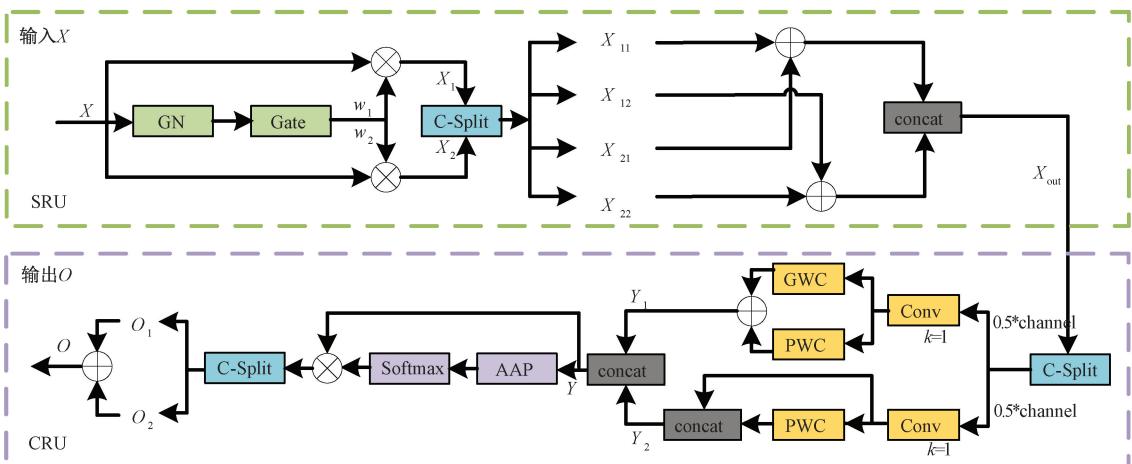


图 4 SCConv 整体结构图

Fig. 4 SCConv overall structure diagram

道维度连接, 经过自适应平均池化层 AAP 和 SoftMax 层, 得到的通道细化权重和特征图 Y 相乘, 得到了特征图 O_Y 。最后特征图 O_Y 进行通道分离重构操作得到最终输出的通道细化特征图 O 。如式(3)所示。

$$\begin{cases} Y_1 = GWC(X_{out1}) \oplus PWC(X_{out1}) \\ Y_2 = PWC(X_{out2}) \cup X_{out2} \\ O_Y = SoftMax(AAP(Y)) \otimes Y \\ O = O_1 \oplus O_2 \end{cases} \quad (3)$$

其中, GWC 是卷积核大小为 3×3 的分组卷积操作, PWC 是卷积核大小为 1×1 的逐点卷积操作。

2.2 结合 MLCA 注意力机制的特征融合

在当前目标检测领域, 注意力机制通过强调图像中的重要特征并抑制不相关信息, 显著提高了深度学习模型的性能^[26]。然而, 大多数现有的注意力机制主要增强通道特征信息, 忽略了空间特征信息的重要性, 导致模型的表达能力和检测性能不足。这种特征提取不足可能导致对血细胞图像中的重要细节捕捉不全面, 从而影响检测精度, 进而在识别形态相似但位置不同的血细胞时出现误检或漏检。为了解决这一问题, 本文在检测网络的颈部引入了一种新颖的混合局部通道注意力模块——MLCA, 旨在同时捕捉通道和空间信息, 以及局部和全局信息。通过利用局部和全局上下文信息, MLCA 模块提高了目标检测性能, 全面提升了目标检测网络的表征效果。该模块通过融合空间和通道信息, 以及局部和全局信息, 有效强化了模型的表征能力。MLCA 结构的详细描述如图 5 所示。

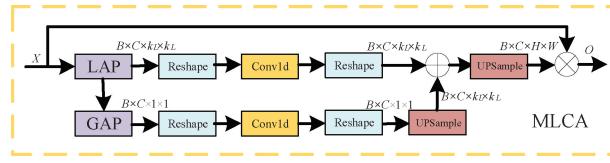


图 5 MLCA 结构图

Fig. 5 MLCA structure diagram

MLCA 对输入特征 X 进行两个池化步骤。首先, 特征 X 通过局部池化层得到尺寸为 $B \times C \times k_L \times k_L$ 的向量, 提取局部空间信息。然后, 通过全局池化层得到尺寸为 $B \times C \times 1 \times 1$ 的一维向量, 提取全局信息。局部分支和全局分支分别通过 reshape 操作得到尺寸为 $B \times 1 \times (k_L \times k_L \times C)$ 和 $B \times 1 \times C$ 的向量。两个分支经过一维卷积实现信息的跨通道整合和交互, 然后再 reshape 得到尺寸为 $B \times C \times k_L \times k_L$ 和 $B \times C \times 1 \times 1$ 的向量。将全局分支得到的向量通过上采样操作得到和局部分支向量同尺寸的向量, 之后将两个向量进行信息融合, 最后将融合后的特征图通过上采样的方式恢复到特征 X 的原始分辨率并与特征 X 相乘, 达到混合注意力的目的。图 5 中的 Conv1d 是一维卷积, 其卷积核大小 k 与通道维度 C 成正比, 表明在捕获局部跨通道交互信息时, 仅考虑每个通道与其 k 个相邻通道之间的关系。 k 的选择由式(4)确定。

$$k = \Phi(C) = \left| \frac{\log_2(C)}{\theta} + \frac{b}{\theta} \right|_{odd} \quad (4)$$

其中, C 是通道数, k 是卷积核的大小, θ 和 b 均为超参数, 默认值为 2。 odd 表示 k 仅取奇数, 如果 k 为偶数则加 1。GAP(全局平均池化)是对特征图所有像素值求平均, 得到一个数值。UNAP(反平均池化)将特征图还原为原来的大小。LAP(局部平均池化)将特征图分块, 并对每个分块求均值得到新的特征图。

2.3 结合 CARAFE 的轻量级上采样算子

特征上采样是特征金字塔结构中的关键操作。YOLOv7 算法采用最近邻插值上采样算子, 但此方法仅考虑像素邻域, 无法捕捉密集预测任务所需的丰富语义信息。因此, 引入了一种内容感知特征重组的轻量级上采样算子——CARAFE, 以更好地实现密集血细胞检测任务的预测。CARAFE 提供了更高的灵活性和恢复细节的能力, 能够生成更平滑且细节丰富的结果。CARAFE 通过生成特定于每个位置的上采样核, 自适应地调整其重组策略, 针对不同的输入特征动态变化, 这比传统的固定核方法(如双线性或双三次插值)更加灵活。通过使用像素洗牌和可学习的卷积核, CARAFE 能够考虑局部区域内的依赖性, 从而更好地恢复高频细节。CARAFE 模块通过通道压缩和编码步骤减少了参数数量, 使其在仅增加少量参数的同时提供强大的上采样性能。CARAFE 结构如图 6 所示。

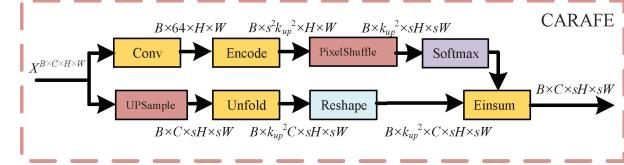


图 6 CARAFE 结构图

Fig. 6 CARAFE structure diagram

其中, s 上采样倍率, k_{up} 是上采样核尺寸, Unfold 是滑动裁剪操作, Einsum 是对张量元素相乘并求和的操作。

2.4 引入 MPDIoU 损失函数

YOLOv7 使用 CIoU 损失函数来实现边界框回归, 但 CIoU 损失函数对长宽比的定义是相对值而非绝对值, 未考虑宽度和高度的真实差异^[27]。当预测边界框和真实边界框具有相同的宽高比但不同的宽度和高度时, 损失函数失去了原本的优化效用, 降低了边界框回归的收敛速度和准确性。为解决上述问题, 本文引入了一种基于最小点距离的边界框相似度比较度量损失函数——MPDIoU, 点距离损失保证了真实边界框和预测边界框的左上角和右下角点位置差异的最小化, 使得收敛速度更快, 精度更高。MPDIoU 通过直接最小化预测边界框与实际标注框之间左上角和右下角点的距离, 简化了两个边界框之间的相似性比较。这有效解决了 YOLOv7 使用的 CIoU 损失函数在预测框与实际标注框具有相同宽高比但宽度和高度完全不同情况下无法优化的问题。MPDIoU 损失由式(5)

表示。

$$\begin{cases} d_1^2 = (x_1^{gt} - x_1^{prd})^2 + (y_1^{gt} - y_1^{prd})^2 \\ d_2^2 = (x_2^{gt} - x_2^{prd})^2 + (y_2^{gt} - y_2^{prd})^2 \\ L_{MPDIoU} = 1 - \frac{B^{gt} \cap B^{prd}}{B^{gt} \cup B^{prd}} + \frac{d_1^2}{d^2} + \frac{d_2^2}{d^2} \end{cases} \quad (5)$$

其中, d 是输入图像对角线的长度值, d_1 是真实边界框和预测边界框左上角点的距离, d_2 是真实边界框和预测边界框右下角点的距离。

3 实验分析

本实验采用的处理器为 Intel(R) Core(TM) i7-12700F CPU @ 2.90 GHz, 32 GB 运行内存, GPU 为 NVIDIA GeForce RTX 3080 显卡。深度学习框架为 PyTorch 1.8.0, Python 3.8, CUDA 11.1, 优化器为 Adam。操作系统为 64 位的 Windows 11。

3.1 数据集及预处理

为了评估本文提出的 YOLOv7-SMC 网络, 本实验使用血细胞检测领域的经典公开数据集 BCCD 进行训练和验证。BCCD 数据集中共有 364 张用于血细胞检测的图像, 分辨率为 640×480 , 包含少量的白细胞(WBC)、较难检测的血小板(platelets)以及大量的红细胞(RBC)。将 BCCD 数据集中的图像按 7:2:1 的比例随机划分为训练集、验证集和测试集。

为了增强数据的多样性和模型的鲁棒性, 采用了 mosaic 数据增强技术。具体而言, 在训练集中随机选择 4 张或 9 张不同的图像进行随机裁剪和翻转后拼接在一起形成一张新图片, 并进行随机亮度调整从而增加训练样本的多样性。此外, 对这些血细胞图像还采用了 15% 概率的 mixup 和 paste_in 数据增强技术, 通过将两张图片按照一定比例混合和将目标物体粘贴到背景图片中的操作进一步丰富训练数据集, 有效地防止模型过拟合并提高其泛化能力。通过这些数据增强策略, 显著提高了模型在血细胞检测任务中的性能和准确性。

实验时所有输入血细胞图像尺寸统一调整为 $640 \times 640 \times 3$, batch size 设置为 4, 初始学习率为 0.01, 动量项取 0.937, epoch 设置为 300 进行训练, 得到最佳模型权重。在相同环境下与 YOLOv5、YOLOv6、YOLOv8、YOLOv9 和 CST-YOLO^[28]等算法进行了对比实验。

3.2 评价指标

为了评估对比算法和本文提出算法在血细胞检测性能上的差别, 本实验采用精确率(precision, P)、召回率(recall, R)、平均精度(average precision, AP)与均值平均精度(mean average precision, mAP)作为评价指标。精确率表示血细胞检测任务中一类细胞的真实数量占所有检测出该类细胞数量的比例, 数值为 1 表示该类细胞的检测结果中没有错检。召回率表示一类细胞检测出的数量占该类细胞真实数量的比例, 数值为 1 表示该类细胞已经全

部检测出来。均值平均精度表示所有类别的模型平均精确度, 是将每一类别检测的 AP 值进行综合加权平均得到的。各指标的具体计算如式(6)所示。

$$\left\{ \begin{array}{l} P = Precision = \frac{TP}{TP + FP} \\ R = Recall = \frac{TP}{TP + FN} \\ AP = \int_0^1 PR dR \\ mAP = \frac{1}{c} \sum_{i=0}^c AP_i \end{array} \right. \quad (6)$$

其中, TP 是正确检测出的细胞数量, FP 是错误检测出的细胞数量, FN 是没有检测出的细胞数量, AP_i 表示类别 $i = 1, 2, \dots$ 的 AP 值, c 是类别数。mAP 指标有 mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 两类。mAP@0.5 表示检测到的边界框与真实框之间的交集(IoU)大于或等于 0.5 时的 mAP 值, 而 mAP@[0.5 : 0.95] 表示在不同 IoU 阈值(从 0.5 到 0.95, 步长为 0.05)上的平均 mAP 值。mAP@0.5 通常用于评估目标检测模型的准确率和召回率, 而 mAP@[0.5 : 0.95] 提供了更全面的模型表现评估。

3.3 对比实验

为了验证本文提出的 YOLOv7-SMC 网络在经典的 BCCD 数据集上的血细胞检测效果, 将其与现有的主流单阶段算法进行对比实验分析, 通过对比数据集中各个细胞的 P, R, AP, mAP@0.5, mAP@[0.5 : 0.95] 等指标, 验证 YOLOv7-SMC 的检测性能。实验结果如表 1 所示, 其中加粗字体是最优实验结果, 下划线标识的是次优的结果。

从表 1 可知, 本文算法相较于 YOLOv5、YOLOv6、YOLOv8、YOLOv9、CST-YOLO 等前沿算法在各项评价指标上都有明显的优势, 具体来说, 在总样本均值平均精度(mAP@0.5)和总样本均值平均精度(mAP@[0.5 : 0.95])上, 本文方法均取得了显著的提升。此外, 本文算法在检测准确率(Precision)和召回率(Recall)方面也表现出色, 充分体现了其对血细胞检测任务的适用性。

3.4 消融实验

为了验证 4 种改进方法的效果, 在相同实验环境下设计了消融实验, 结果如表 2 所示。

引入 SCConv 后, mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 分别提高了 0.5% 和 0.9%, 同时模型参数量减少了 0.9 M, 计算量(GFLOPS)降低了 4.8。结合 SCConv 和 MLCA, mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 分别进一步提升了 0.6%。在此基础上引入 CARAFE, mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 分别提升了 0.7% 和 0.5%。最后, 引入 MPDIoU 使 mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 分别提升了 0.8% 和 0.9%。总体而言, 改进后的 YOLOv7-SMC 算法相比原始 YOLOv7, 在 mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 上分别提升了 2.6% 和 2.9%, 在密集血细胞检测任务上的检测效果也得到了增强。

表 1 对比实验结果

Table 1 Comparison of experimental results

模型	P	R	类别	AP	mAP@0.5	mAP@[0.5:0.95]
YOLOv5	0.870	0.878	RBC	0.896		
			WBC	0.995	0.907	0.613
			Platelets	0.832		
YOLOv6 ^[14]	0.854	0.895	RBC	0.882		
			WBC	0.995	0.917	0.637
			Platelets	0.875		
YOLOv7 ^[15]	0.850	0.889	RBC	0.866		
			WBC	0.952	0.922	0.630
			Platelets	0.948		
YOLOv8 ^[16]	0.819	0.925	RBC	0.895		
			WBC	0.995	0.922	0.641
			Platelets	0.876		
YOLOv9 ^[17]	0.854	0.904	RBC	0.911		
			WBC	0.995	<u>0.934</u>	<u>0.655</u>
			Platelets	0.895		
CST-YOLO ^[28]	0.855	0.902	RBC	0.884		
			WBC	0.980	0.926	0.642
			Platelets	0.915		
YOLOv7-SMC	0.917	<u>0.906</u>	RBC	0.900		
			WBC	0.977	0.948	0.659
			Platelets	0.967		

表 2 消融实验结果

Table 2 Results of ablation experiments

模型	mAP@0.5	mAP@[0.5:0.95]	Params/M	GFLOPS
YOLOv7(baseline)	0.922	0.630	37.2	105.1
+SCConv	0.927	0.639	36.1	100.3
+SCConv+MLCA	0.933	0.645	36.1	100.4
+SCConv+MLCA+CARAFE	0.940	0.650	36.2	100.7
+SCConv+MLCA+CARAFE+MPDiou	0.948	0.659	36.2	100.7

如图 7 所示,图 7(b)中改进后的 YOLOv7-SMC 算法相比于图 7(a)中未改进的 YOLOv7 在精度-召回率(precision-recall, PR)曲线上有显著提升。具体表现为:改进后的 PR 曲线更接近于坐标轴的右上角,表明模型在检测准确性和召回率方面均有所增强;在高召回率区域,YOLOv7-SMC 的精度仍然保持较高水平,说明改进后的算法在捕捉更多目标的同时,误报率并未显著增加;在高精度区域,YOLOv7-SMC 的召回率有所提高,表明改进后的模型在减少误报的同时,仍能有效捕捉到较多的真实目标。此外,PR 曲线下的面积增大,进一步验证了改进后模型在所有阈值下的整体性能更优。这些 PR 曲线图上的改进,充分证明了 YOLOv7-SMC 方法在血细胞检测任务中的优越性,体现了模型在不同精度和召回率平衡点下的综合性能提升。

3.5 可视化检测结果与分析

为验证 YOLOv7-SMC 对血细胞的检测效果,从 BCCD 数据集中随机抽取 3 张图片分别使用 YOLOv5、YOLOv6、YOLOv7、YOLOv8、YOLOv9、CST-YOLO 和 YOLOv7-SMC 这 7 种方法对相同的血细胞图像进行检测,可视化的检测结果如图 8 所示。

图 8(h)中可以清楚观察到本文提出的 YOLOv7-SMC 模型在精度方面优于其他模型,有效地减少了血细胞的漏检,可以很好的完成在 BCCD 测试数据集上的血细胞检测任务。图 8(a)是初始待检测血细胞图像;图 8(b)是使用 YOLOv5 检测血细胞后的结果图像;图 8(c)是使用 YOLOv6 检测血细胞后的结果图像;图 8(d)是使用 YOLOv7 检测血细胞后的结果图像;图 8(e)是使用 YOLOv8

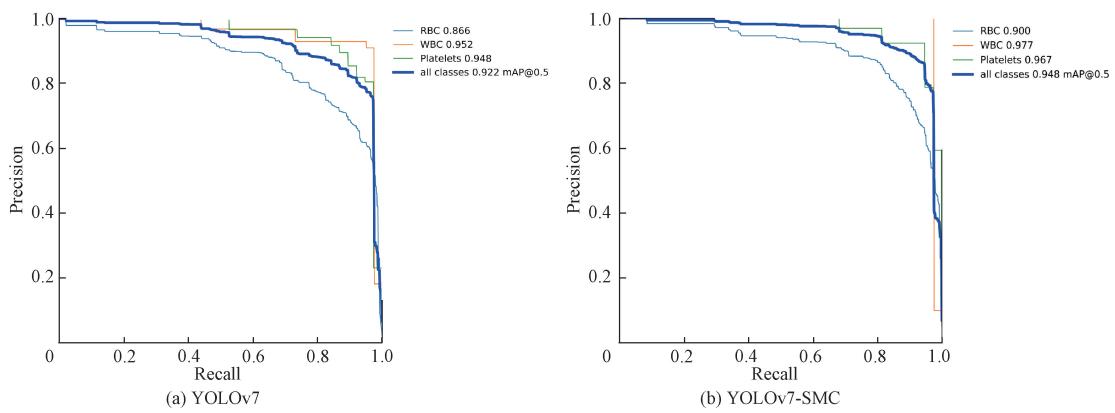
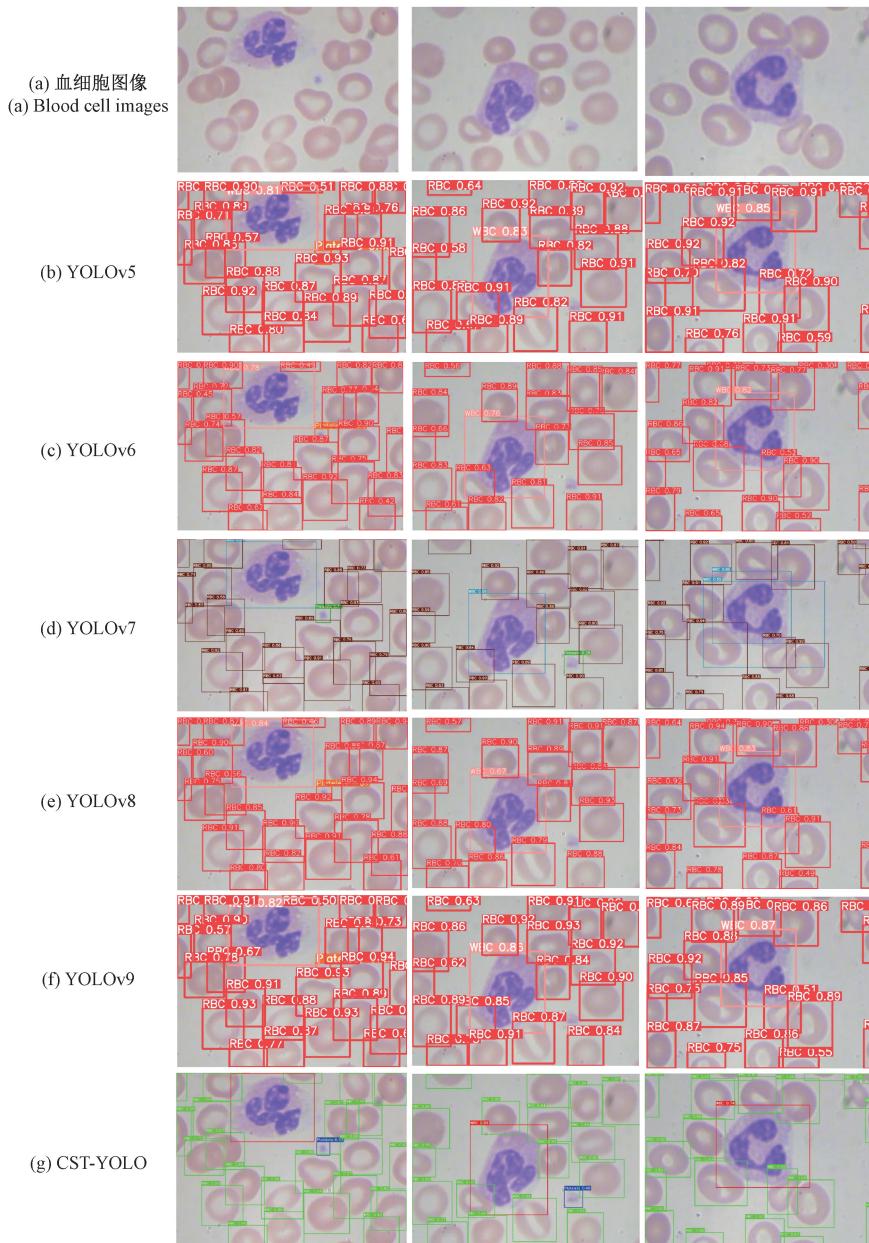


图 7 P-R 曲线对比

Fig. 7 P-R curve comparison



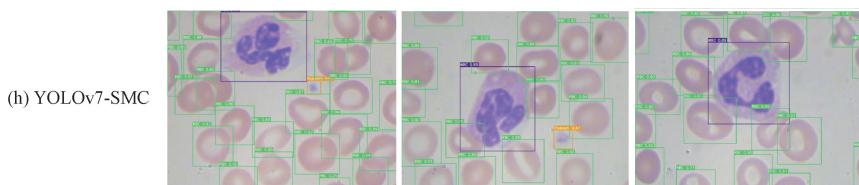


图 8 检测结果可视化图
Fig. 8 Visualization of detection results

检测血细胞后的结果图像;图 8(f)是使用 YOLOv9 检测血细胞后的结果图像;图 8(g)是使用 CST-YOLO 检测血细胞后的结果图像;图 8(h)是使用 YOLOv7-SMC 检测血细胞后的结果图像。

图 8(h)中可以清楚观察到本文提出的 YOLOv7-SMC 模型在精度方面优于其他模型,有效地减少了血细胞的漏检,可以很好的完成在 BCCD 测试数据集上的血细胞检测任务。图 8(a)是初始待检测血细胞图像;图 8(b)是使用 YOLOv5 检测血细胞后的结果图像;图 8(c)是使用 YOLOv6 检测血细胞后的结果图像;图 8(d)是使用 YOLOv7 检测血细胞后的结果图像;图 8(e)是使用 YOLOv8 检测血细胞后的结果图像;图 8(f)是使用 YOLOv9 检测血细胞后的结果图像;图 8(g)是使用 CST-YOLO 检测血细胞后的结果图像;图 8(h)是使用 YOLOv7-SMC 检测血细胞后的结果图像。

3.6 可视化检测系统

为了进一步提升所提出的基于改进 YOLOv7 的血细胞检测算法的实际应用价值,本文基于 PyQt5 设计并实现了一个图形用户界面(GUI),如图 9 所示。该界面使用户能够更加便捷、直观地与检测系统交互,实时可视化血细胞检测和识别的结果。GUI 提供了图像输入、检测结果展示和保存输出等功能,简化了医务人员和研究人员的操作流程。该界面的集成展示了系统的多功能性和易用性,为其在临床环境中的部署提供了重要支持。

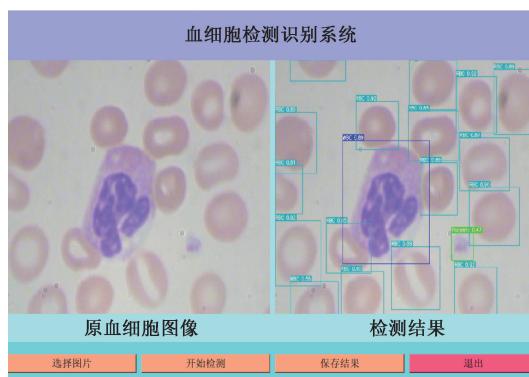


图 9 血细胞检测可视化界面

Fig. 9 Visualization interface for blood cell detection

4 结 论

本文提出了一种基于改进 YOLOv7 框架的血细胞检测算法,以提高血细胞检测的准确性和实用性。通过在主干网络中引入 SCConv,减少特征冗余并提高模型性能;在颈部网络中加入 MLCA 机制,增强模型的表征能力;并使用 CARAFE 替代传统上采样方法,生成更细节丰富的结果。此外,引入 MPDIoU 损失函数,简化边界框相似性比较,解决了宽高比相同但尺寸不同情况下的优化问题。实验结果表明,本文提出的算法在 BCCD 数据集上的 3 类血细胞检测中,均值平均精度 mAP@0.5 和 mAP@[0.5 : 0.95] 分别达到了 94.8% 和 65.9%,可以充分满足各种应用场景,展现了显著的性能优势。下一步工作将集中于进一步优化模型结构和损失函数,并探索如何提升模型在实际应用中的鲁棒性和泛化能力,特别是针对复杂场景下的血细胞重叠和粘连情况的检测精度。

参考文献

- [1] 唐晓卿,赵晨.外周血细胞形态学检查在血常规检验中的应用价值[J].现代诊断与治疗,2021,32(5):756-757.
TANG X Q, ZHAO CH. Application value of peripheral blood cell morphology in routine blood examination [J]. Modern Diagnosis and Therapy, 2021,32(5):756-757.
- [2] 张静.血涂片分析在血常规检验中的应用效果及价值[J].中国社区医师,2021,37(2):132-133.
ZHANG J. The effect and value of blood smear analysis in routine blood tests[J]. Chinese Community Doctors, 2021,37(2):132-133.
- [3] 农三妹.血涂片检验用于疾病诊断的研究进展[J].中外医学研究,2021,19(19):191-193.
NONG S M. Advances in the use of blood smear tests for disease diagnosis[J]. Chinese and Foreign Medical Research, 2021,19(19):191-193.
- [4] 刘秀娜,于海涛.血液分析仪检验用于白血病诊断的临床价值分析[J].中国现代药物应用,2023,17(19):55-59.
LIU X N, YU H T. Analysis of the clinical value of hematatology analyzer test for leukemia diagnosis[J]. Chinese Journal of Modern Drug Application, 2023,

- 17(19):55-59.
- [5] 赖于杨,卢正优,郭静,等.全自动血细胞分析仪联合血涂片细胞形态学在抑郁症合并糖尿病血常规检验中的临床意义探析[J].中国卫生标准管理,2023,14(17):79-82.
- LAI Y Y, LU ZH Y, GUO J, et al. Clinical significance of fully automated blood cell analyzer combined with blood smear cytomorphology in routine blood tests for depression combined with diabetes mellitus[J]. China Health Standard Management, 2023,14(17):79-82.
- [6] 马辉.显微镜血细胞形态学检验在发热疾病临床诊断中的应用价值及效果评价[J].中国医疗器械信息,2022,28(1):148-150.
- MA H. Evaluation of the application value and effect of microscopic blood cell morphology test in the clinical diagnosis of febrile diseases[J]. China Medical Device Information, 2022,28(1):148-150.
- [7] 冷冰,冷敏,常智敏,等.基于 Transformer 结构的深度学习模型用于外周血白细胞检测[J].仪器仪表学报,2023,44(5):113-120.
- LENG B, LENG M, CHANG ZH M, et al. Deep learning model based on Transformer architecture for peripheral blood leukocyte detection [J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2023, 44 (5): 113-120.
- [8] 何晓云,许江淳,陈文绪.基于改进 U-Net 网络的眼底血管图像分割研究[J].电子测量与仪器学报,2021,35(10):202-208.
- HE X Y, XU J CH, CHEN W X. Research on fundus blood vessel image segmentation based on improved U-Net network[J]. Journal of Electronic Measurement and Instrumentation, 2021,35(10):202-208.
- [9] CHEN P, ZHANG L, CAO X, et al. Detection of circulating plasma cells in peripheral blood using deep learning-based morphological analysis [J]. Cancer, 2024, 130(10): 1884-1893.
- GIRSHICK R, DONAHUE J, DARRELL T, et al. Rich feature hierarchies for accurate object detection and semantic segmentation[C]. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2014: 580-587.
- [11] GIRSHICK R. Fast R-CNN[C]. IEEE International Conference on Computer Vision, 2015: 1440-1448.
- REN S, HE K, GIRSHICK R, et al. Faster R-CNN: Towards real-time object detection with region proposal networks[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2016, 39 (6): 1137-1149.
- [13] REDMON J, DIVVALA S, GIRSHICK R, et al. You only look once: Unified, real-time object detection[C]. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2016: 779-788.
- [14] LI C, LI L, JIANG H, et al. YOLOv6: A single-stage object detection framework for industrial applications [J]. ArXiv preprint arXiv: 2209.02976, 2022.
- [15] WANG C Y, BOCHKOVSKIY A, LIAO H Y M. YOLOv7: Trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors[C]. IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2023: 7464-7475.
- [16] VARGHESE R, SAMBATH M. YOLOv8: A novel object detection algorithm with enhanced performance and robustness[C]. 2024 International Conference on Advances in Data Engineering and Intelligent Computing Systems(ADICS), IEEE, 2024: 1-6.
- [17] WANG C Y, YEH I H, LIAO H Y M. YOLOv9: Learning what you want to learn using programmable gradient information [J]. ArXiv preprint arXiv: 2402.13616, 2024.
- [18] 王榆锋,李大海.改进 YOLO 框架的血细胞检测算法[J].计算机工程与应用,2022,58(12):191-198.
- WANG Y F, LI D H. Improved YOLO framework blood cell detection algorithm [J]. Computer Engineering and Applications, 2022,58(12):191-198.
- [19] 易见兵,黄苏泉,曹锋,等.基于改进的 YOLOX 血细胞检测算法研究[J].电子测量技术,2022,45(22):177-184.
- YI J B, HUANG S Q, CAO F, et al. Research on improved blood cell detection algorithm based on YOLOX[J]. Electronic Measurement Technology, 2022,45(22):177-184.
- [20] 张昊,郑广海,张鑫,等.改进 YOLOv5 框架的血细胞检测算法[J].计算机系统应用,2023,32(5):123-131.
- ZHANG H, ZHENG G H, ZHANG X, et al. Improved YOLOv5 algorithm for blood cell detection [J]. Application of Computer Systems, 2023, 32 (5): 123-131.
- [21] 周煜庭,余华平,肖粮钧,等.基于改进 YOLOv7 模型的血细胞检测算法研究[J].国外电子测量技术,2024,43(4):1-9.
- ZHOU Y T, YU H P, XIAO L J, et al. Research on blood cell detection algorithm based on YOLOv7 improved model[J]. Foreign Electronic Measurement Technology,2024,43(4):1-9.

- [22] LI J, WEN Y, HE L. SCConv: Spatial and channel reconstruction convolution for feature redundancy[C]. IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2023: 6153-6162.
- [23] WAN D, LU R, SHEN S, et al. Mixed local channel attention for object detection [J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2023, 123: 106442.
- [24] WANG J, CHEN K, XU R, et al. CARAFE: Content-aware reassembly of features[C]. IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019: 3007-3016.
- [25] MA S, XU Y. MPDIoU: A loss for efficient and accurate bounding box regression [J]. ArXiv preprint arXiv:2307.07662, 2023.
- [26] GUO M H, XU T X, LIU J J, et al. Attention mechanisms in computer vision: A survey [J]. Computational Visual Media, 2022, 8(3): 331-368.
- [27] ZHENG Z, WANG P, REN D, et al. Enhancing geometric factors in model learning and inference for object detection and instance segmentation[J]. IEEE Transactions on Cybernetics, 2021, 52 (8): 8574-8586.
- [28] KANG M, TING C M, TING F F, et al. CST-YOLO: A novel method for blood cell detection based on improved YOLOv7 and CNN-Swin Transformer [J]. ArXiv preprint arXiv:2306.14590, 2023.

作者简介

张文鹏,硕士研究生,主要研究方向为计算机视觉、目标检测、图像去噪等。

E-mail:z932629123@163.com

李晨(通信作者),博士,讲师,主要研究方向为计算机视觉、图像复原、气象信息处理等。

E-mail:papertg2018@163.com