

目标检测算法在循环癌细胞检测中的应用与研究

孔霞, 王仲典, 武云云*

湖北工程学院 计算机与信息科学学院, 湖北 孝感 432000

DOI:10.61369/MRP.2025070009

摘 要 : 本文提出一种基于目标检测算法——YOLOv11模型的 CTC/CTM检测方法, 该方法显著增强了对复杂细胞形态及低对比度样本的检测准确性。文忠实验使用专业数据集进行训练和验证, 以平均精度均值 (mAP) 作为评估指标。实验结果显示, YOLOv11在 CTC与 CTM检测任务中展现出卓越性能, 其平均精度均值 (mAP) 在训练集上达到 89.6%, 在测试集上达到 87.9%。该研究通过改进训练策略提高了检测精度, 为循环癌细胞的自动化检测提供了高效、可靠的解决方案, 具有重要的临床应用价值。

关 键 词 : 目标检测; 循环癌细胞; YOLOv11

Application and Research of Object Detection Algorithms in the Identification of Circulating Cancer Cells

Kong Xia, Wang Zhongdian, Wu Yunyun*

Hubei Engineering University, School of Computer and Information Science, Xiaogan, Hubei 432000

Abstract : This paper proposes a CTC/CTM detection method using the object detecting method—the YOLOv11 model, which enhances detection capabilities for complex cell morphology and low-contrast samples by optimizing the feature extraction network and introducing multi-scale detection mechanisms. The experiment uses professional datasets for training and validation, with mean average precision (mAP) as the evaluation metric. The study results show that the YOLOv11 algorithm performs excellently in CTC and CTM detection, achieving an mAP of 89.6% (train) and 87.9% (test). Through enhanced training strategies, this work provides an efficient and reliable solution for automated detection of circulating tumor cells, with significant clinical application value.

Keywords : object detecting; circulating tumor cells; YOLOv11

引言

恶性肿瘤是全球重大健康威胁, 传统组织活检虽准确性较高, 但其侵入性、样本局限性及实时监测困难等缺陷限制了临床应用^[1]。循环肿瘤细胞 (CTC) 与循环肿瘤团簇 (CTM) 作为原发或转移肿瘤脱落后进入循环系统的癌细胞, 是液体活检的关键靶标。相较于传统方法, CTC/CTM检测具有无创、可重复及实时性优势, 为肿瘤早期诊断、疗效评估及预后预测提供重要依据^[1-2]。

CTC/CTM早期识别多基于传统统计学方法 (如主成分分析)、荧光原位杂交 (FISH) 及免疫荧光技术等^[3-7]。值得注意的是, CTM作为 CTC聚集体, 其更强的转移潜能使其成为预测肿瘤侵袭性及不良预后的重要指标。然而, CTC/CTM检测仍面临极端稀有性、高度异质性及技术局限性的挑战。传统方法流程繁琐, 亟须发展高效自动化技术。基于深度学习的目标检测技术可实现对 CTC/CTM的自动识别与定位, 显著提升检测效率与准确性^[8-16]。这些方法通过处理海量样本减少人工误差, 动态监测 CTC/CTM变化以评估肿瘤进展与治疗反应, 并可通过分子特征分析揭示肿瘤异质性, 为精准治疗提供标志物信息, 同时推动计算机视觉、生物信息学与肿瘤学的学科融合。

为提升 CTC/CTM自动识别的效率与精度, 本研究提出基于改进的 YOLOv11 算法的检测模型。本文通过收集多样化癌症患者样本构建标注数据集, 以 YOLOv11为核心架构, 针对性地调整关键超参数。训练过程采用优化算法迭代提升模型性能, 并通过严格验证集评估确保鲁棒性。检测阶段利用特征提取网络生成特征图, 经预测网络输出目标边界框及置信度, 并应用非极大值抑制 (NMS) 优化检测结果。本研究旨在为 CTC/CTM的临床转化提供高效精准的分析工具。

基金项目: 湖北省教育科学规划课题 (2022GB070)。

作者简介:

孔霞 (1987-), 女, 江西九江人, 讲师, 博士, 主要研究方向为深度学习、医学图像处理。

王仲典 (2002-), 男, 学士学位, 主要研究方向为深度学习。

通信作者: 武云云 (1985-), 女, 湖北孝感人, 副教授, 硕导, 博士, 主要研究方向为计算机视觉, 273409378@qq.com。

一、研究方法

YOLO (You Only Look Once) 是一种高效的目标检测算法^[17], 支持多种任务, 包括目标检测、实例分割、图像分类和姿态估计, 适用于从边缘设备到高性能计算环境的多种应用场景。YOLOv11 通过多尺度训练和自适应缩放技术, 增强模型的泛化能力。凭借其卓越的性能, YOLOv11 是当前最强大的实时目标检测模型之一。

(一) YOLOv11的网络架构

YOLOv11 的核心架构由主干网络 (backbone)、特征增强网络 (neck) 和检测头 (head) 三部分组成。主干网络采用 C3K2 块, 替代了之前版本中的 C2f 块, 提升了计算效率。通过引入 C3K2 块, 优化了特征提取过程。C2PSA 模块的引入使模型在增强空间注意力机制的情况下, 能更好地关注图像中的主要信息。YOLOv11 还采用了先进的训练策略, 包括细粒度调整 (fine-tuning)、混合训练 (mix-up)、数据增强 (augmentation) 和自适应梯度裁剪 (adaptive gradient clipping)。YOLOv11 在保持高精度的同时减少了模型参数量, 提升了参数效率, 使其在边缘设备上的部署成为可能, 并在高性能计算环境中表现出色。

(二) YOLOv11 损失函数

YOLOv11 的损失函数主要包括分类概率损失 (cls_loss)、边界框回归损失 (box_loss) 和分布焦点损失 (dfl_loss)。

分类概率损失通过以下公式计算:

$$L_{cls} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^C y_{ij} \log p_{ij} + (1 - y_{ij}) \log (1 - p_{ij}) \quad (1)$$

N 是样本数量, C 是类别数量, y 是真实标签, p 是预测的概率。

边界框回归损失采用扩展交并比 (EIoU) 损失函数, 该函数不仅考虑了重叠面积, 还引入中心点偏移和宽高比的惩罚项, 能够加速网络收敛并提高预测精度。EIoU 损失函数的公式如下:

$$L_{box} = 1 - \frac{IoU}{\sqrt{1 + \rho^2}} \quad (2)$$

其中, IoU 是交并比, ρ 是中心点偏移和宽高比的惩罚项。

分布焦点损失用于解决目标类别不平衡问题。它通过动态调整损失权重, 使模型更关注复杂样本和小目标。焦点损失的公式如下:

$$L_{dfl} = - \sum_{i=1}^C y_i \log p_i \quad (3)$$

其中, y 是真实标签, p 是预测的概率。

YOLOv11 的综合损失函数将上述三种损失组件结合在一起, 并通过加权求和的方式得到最终的损失值。这种多损失融合的方法可以让网络在训练中更快的收敛, 准确率也大大提高。

(三) 模型结果评估

本文中, 模型的评估是验证其性能和泛化能力的重要步骤, 我们采用了以下评估指标: 准确率 (Precision), 衡量模型预测为正类的样本中实际为正类的比例; 召回率 (Recall), 衡量模型实际识别出的正类样本占有所有正类样本的比例; F1 分数 (F1-Score), 它是准确率和召回率的调和平均数, 综合考虑了两者的表现。

二、方法与结果

(一) 数据处理

本研究采用某医疗机构提供的临床病理图像数据集, 共包含 341 例患者样本 (已脱敏), 涵盖乳腺癌、胰腺癌、胃癌等多种癌症类型。该数据具有显著的临床相关性与诊断价值, 所有图像均由专业病理医师进行标准化标注以确保可靠性。针对样本规模有限与标注复杂度高的局限性, 本研究实施系统性数据优化: 通过 Z-score 标准化方法统一数据分布以提升一致性与模型收敛效率; 采用旋转、翻转及缩放等几何变换进行数据增强, 有效扩充样本规模并增强模型泛化能力; 严格划分训练集、验证集与测试集以保障性能评估的客观性与可靠性。本研究将医学病理切片图像数据集划分为训练集、验证集和测试集, 数据划分比例约为 70% 训练集、15% 验证集和 15% 测试集。

(二) 模型训练

我们使用标注好的数据集对模型进行训练, 并通过验证集定期评估模型的性能, 根据验证结果对模型进行调整和优化, 我们通过测试集对模型的性能进行了全面评估, 确保了模型在实际应用中的可行性和有效性。本研究中模型训练的设备配置与环境为 Python3.12、Pytorch2.4.1, CUDA 版本 12.7。

1. 模型参数设置

基于 YOLOv11 算法的 CTC 循环癌细胞目标检测模型在参数设置方面表现出强大的适用性。我们进行了多轮训练对模型的各项参数进行了精细的调整和优化, 参数的精细调整提升了模型对 CTC 细胞的检测精确度, 还增强了其在复杂生物样本中的适应性和鲁棒性。具体模型训练参数如下: 批量大小 (batch): 16; 训练轮数 (epochs): 100; 优化器: SGD; 初始学习率 (lr0): 0.01; 最终学习率 (lrf): 0.0001; 学习率变化函数: cos。

(三) 结果与分析

基于 YOLOv11 模型的训练取得了不错的成果。经过定制的训练流程, YOLOv11 不仅实现了更快的处理速度, 准确性和性能也得到保障。在 CTC 循环癌细胞目标检测中, 模型预测的输出是对图像中每个检测到的 CTC 细胞的位置和类别进行标记, 通常以边界框和类别概率的形式呈现。对预测的不同参数设置会有不同的结果, 研究人员需依据实验需求对参数进行调整。如设置合适的置信度阈值可平衡检测精度与召回率; 调整非极大值抑制 (NMS) 阈值可减少重复检测, 这样可以提高预测结果的准确性。

本文中, 图1、图2、图3所示分别展示了在 CTC 检测中 YOLOv11 模型训练中准确率与置信度曲线、召回率与置信度曲线、F1 与置信度曲线。

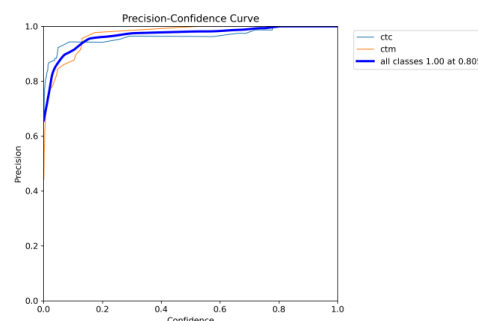


图1 准确率与置信度曲线

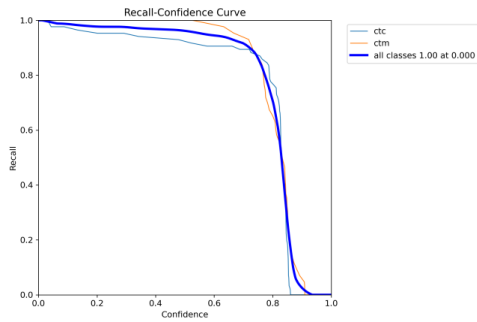


图2召回率与置信度曲线

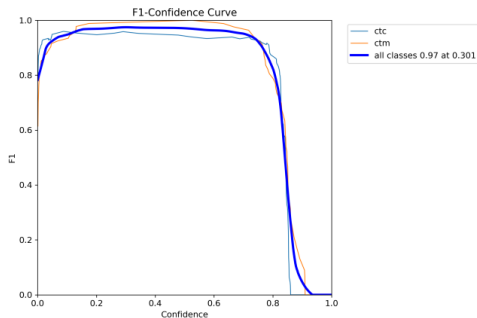


图3 F1与置信度曲线

同时,在模型训练过程中,训练损失(train loss)和验证损失(validation loss)在100轮训练中最终都趋向收敛,损失函数数值基本降到最低。平均精度均值(mAP)是衡量模型在不同类别上的平均检测精度,mAP50(IoU阈值为0.5)和mAP50-95(IoU阈值范围为0.5到0.95)这两个参数变化曲线见图4。mAP50保持较高水平,可见模型在IoU阈值为0.5时的检测精度较高。mAP50-95在训练过程中波动较大,总体上有所提升,表明了模型在多阈值检测精度随着训练在不断的上升。

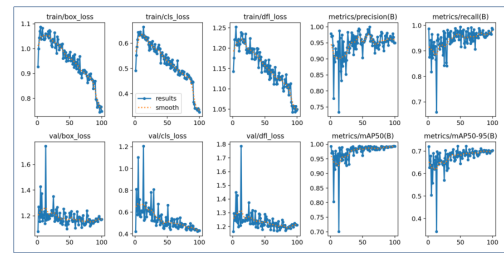


图4模型测试时平均精度均值(mAP)变化曲线

综上,本文在验证集和测试集上分别进行了评估,模型在验证集上的mAP达到了89.6%,在测试集上的mAP达到了87.9%。在验证集中,该模型对循环癌细胞的mAP50精度,IoU阈值为0.5的情况下,达到95%。模型评估参数与置信度曲线结果显示模型具有良好的泛化能力和鲁棒性,能够在不同的数据集上稳定地检测循环癌细胞。

三、总结

本文基于YOLOv11算法搭建了循环癌细胞检测模型,用通用模型参数进行了相关的评估和分析,该模型验证集上的mAP达到了89.6%,在测试集上的mAP达到了87.9%。文中通过网络参数的针对性调整和通过引入数据增强技术,生成大量高质量的医学影像数据,使模型的泛化能力大大提升。同时,采用分布式训练等先进方法,模型在大规模数据集上的训练效率和性能提高非常大,在训练阶段能搞快速收敛。这些优化措施提升了模型的检测精度,在不同环境下的稳定性和可靠性也得到了提升。本研究不仅能够帮助医生快速完成病例的分析,提高癌症的早期诊断和治疗效果,还具有实时监测的能力,能够为临床医生提供强大的辅助工具,加速决策过程,并有望促进个性化医疗方案的制定。

参考文献

- [1]李一林,陈杨,李艳艳,等.循环肿瘤细胞检测在常见恶性肿瘤精准医学中的应用和展望[J].诊断学理论与实践,2023,22(04):332-340.
- [2]胡爽.基于改进YOLOX的宫颈癌细胞检测算法研究[D].武汉纺织大学,2023.
- [3]张宁娟,白利平.PAX1和SOX1基因甲基化检测在宫颈病变中的诊断价值研究[J].中国妇幼保健,2025,40(08):1497-1500.
- [4]王秀文.循环肿瘤细胞(CTC)在转移性乳腺癌的肿瘤负荷监测、HER2一致性和PD-L1表达的研究与分析[D].南方医科大学,2024.
- [5]Liang D, Jin Q, Yan N, et al. SERS Nanoprobes in Biologically Raman Silent Region for Tumor Cell Imaging and In Vivo Tumor Spectral Detection in Mice[J]. Advanced Biosystems, 2018, 2(12): n/a-n/a.
- [6]Haodong S, Petra R, W M P, et al. In Vitro Fiber-Probe-Based Identification of Pathogens in Biofilms by Raman Spectroscopy. [J]. Analytical chemistry, 2022, 94 (13):
- [7]杨海山.基于微流控技术的血细胞分析仪设计与实践[J].医疗装备,2024,37(20):22-24+28.
- [8]张明华,李伟,王雪,等.基于改进YOLOv5的循环肿瘤细胞检测方法[J].仪器仪表学报,2023,44(5):100-108.
- [9]陈志强,刘芳,高翔.融合深度特征与形态特征的循环肿瘤细胞识别[J].中国生物医学工程学报,2022,41(4):385-394.
- [10]王涛,赵敏,孙立.基于深度学习的微流控芯片图像中循环肿瘤细胞实时检测[J].光学精密工程,2021,29(11):2560-2570.
- [11]周雨欣,吴凯,郑浩然.改进YOLOv5的病理图像宫颈癌细胞检测[J].自动化学报,2023,49(8):1720-1732.
- [12]李想,杨帆,胡军.基于YOLOv7与多尺度特征融合的乳腺癌细胞识别[J].电子学报,2022,50(12):2985-2994.
- [13]钱程,孙丽,黄波.基于改进YOLOv8的粘连重叠白细胞检测[J].计算机工程与应用,2024,60(2):220-228.
- [14]胡一凡,张磊,林晓.轻量化YOLO模型及其在移动端细胞快速检测中的应用[J].小型微型计算机系统,2023,44(6):1230-1237.
- [15]徐浩然,朱琳,马强.融合Transformer与YOLO的病理图像小目标细胞检测[J].中国图象图形学报,2022,27(10):3015-3026.
- [16]杨帆,李静,王鹏.基于深度学习的循环肿瘤细胞检测研究进展[J].生物医学工程杂志,2023,40(1):189-198.
- [17]Redmon, J., Divvala, S., Girshick, R., & Farhadi, A. (2016). You only look once: Unified, real-time object detection. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 779-788. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.91>.