

# 基于改进的YOLOv5的人体血液细胞检测算法研究

刘昱洵 魏书伟\* 张立夫 魏书文

青岛恒星科技学院, 山东青岛, 266000;

**摘要:** 随着计算机视觉和深度学习技术的快速发展, 人体血液细胞检测在医学领域中起着重要作用。本研究基于改进的YOLOv5算法, 旨在提高人体血液细胞检测的准确性和效率。首先介绍了YOLOv5算法的原理及其在目标检测中的应用, 然后对YOLOv5进行改进, 包括网络结构优化、数据增强和模型训练策略等方面的改进。最后通过实验验证了改进后的算法YOLOv5-Pro算法相比于YOLOv5在精确度、召回率和mAP等指标上分别提高了14.9、7.8和11.1个百分点, 与其他现有网络结构相比, 本文提出的算法在血液细胞图像分类识别方面表现最优。

**关键词:** YOLOv5; 人体血液; 细胞检测; 图像拼接; 网络结构改进; 卷积神经网络

DOI:10.69979/3029-2808.24.12.022

## 1 引言

随着计算机视觉和深度学习技术的迅猛发展, 人体血液细胞检测在医学领域中具有重要的应用价值。通过对人体血液样本中的细胞进行检测和分析, 可以帮助医生诊断各种疾病, 并为治疗方案的制定提供依据<sup>[1]</sup>。然而, 传统的人工检测方法存在检测效率低、主观性强等问题, 因此需要借助计算机辅助检测的技术来提高准确性和效率。

### 1.1 研究背景

人体血液细胞检测是一项复杂且具有挑战性的任务。传统的方法通常依赖于手工设计的特征提取器和分类器, 其性能受限于特征表示的有效性和泛化能力。而近年来, 基于深度学习的目标检测算法在图像处理领域取得了显著的成果, 如YOLO、Faster R-CNN等<sup>[2]</sup>。这些算法能够自动学习图像中的特征表示并实现端到端的目标检测, 为人体血液细胞检测提供了新的思路和方法。

### 1.2 研究意义

本研究的目标是基于改进的YOLOv5算法, 提高人体血液细胞检测的准确性和效率。该算法通过引入深度学习技术, 可以自动学习并提取人体血液细胞的特征表示, 克服了传统方法中依赖于手工设计特征的局限性, 其次改进的YOLOv5算法能够实现端到端的目标检测, 避免了多阶段处理和信息丢失的问题, 提高了检测的准确性和效率。通过准确地检测和分析血液样本中的细胞, 可以帮助医生及时发现和诊断各种疾病, 并为制定个性化的治疗方案提供参考<sup>[3]</sup>。

## 2 相关工作

### 2.1 目标检测算法

近年来, 随着深度学习的广泛应用, 许多基于深度学习的目标检测算法得到了快速发展<sup>[4]</sup>。传统的目标检测算法通常采用两阶段的方法, 如Faster R-CNN、R-FCN等。这些方法首先通过选择性搜索或区域生成网络(RPN)生成候选框, 然后对候选框进行分类和回归<sup>[5]</sup>。尽管这些方法在准确性上表现出色, 但由于多阶段处理和复杂的流程, 导致其较慢的运行速度。为了提高检测速度, 一阶段的目标检测算法逐渐受到关注。YOLO系列算法就是其中的代表, 具有简单快速的特点<sup>[6]</sup>。

### 2.2 YOLOv5 算法原理

YOLOv5是YOLO系列算法中的最新版本, 其主要贡献在于网络结构的改进和性能的提升。YOLOv5采用了一种轻量级的网络结构, 通过引入多尺度特征融合和自适应域自适应训练等技术, 提高了检测的准确性和效率<sup>[7]</sup>。

YOLOv5的网络结构由卷积层、残差块、上采样层和检测头组成。卷积层用于提取图像的特征表示, 残差块有助于提高网络的深度和性能, 上采样层用于恢复特征图的分辨率, 检测头负责预测目标的边界框和类别置信度。YOLOv5还通过引入数据增强策略和模型训练策略的改进, 进一步提高了检测的准确性。通过在大规模的数据集上进行训练和优化, YOLOv5能够具备更强的泛化能力和鲁棒性<sup>[8]</sup>。

## 3 改进YOLOv5血液细胞检测算法

### 3.1 基础网络改进

在处理图像时, 发现血液细胞只占据图像的一小部分, 而其他区域则是背景信息。然而, 在卷积过程中,

背景信息会不断累积，并导致大量冗余信息，这使得目标对象容易被淹没，从而降低了检测的准确率。为了解决这个问题，本文引入了一种称为坐标注意力机制 (coordinate attention, CA) 的方法。通过将位置信息嵌入到通道注意力中，坐标注意力机制能够捕获跨通道的信息，同时也能够感知目标的方向和位置。这样，模型就能更加准确地定位和识别感兴趣的目标，提高检测的精度。如图 1 所示。

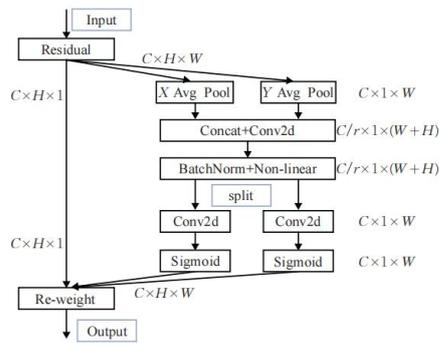


图 1 CA 结构

### 3.2 多尺度检测的改进

为了解决 YOLOv5 在处理小目标区域时可能丢失信息的问题，本文对 YOLOv5 进行了改进得到了 YOLOv5-Pro。首先，在原有的三尺度特征层 (19×19、38×38 和 76×76) 的基础上，增加了一个 160×160 的检测尺度，将原来的三尺度检测拓展为四尺度检测。该结构如图 2 所示。具体改进的细节是，在 80×80 特征层之后继续增加卷积层和上采样操作，然后将二倍上采样后的特征层与 160×160 特征层进行融合，得到第四个 160×160 的检测尺度。而 20×20、40×40 和 80×80 的三个检测层与原算法保持一致。经过实验检测，改进后的模型 YOLOv5-Pro 在血液细胞检测方面表现出更好的性能。相比于 YOLOv5 算法，改进算法充分利用了浅层特征信息，减少了卷积过程中较小目标区域特征的丢失，从而提高了血液细胞目标检测的精确率。

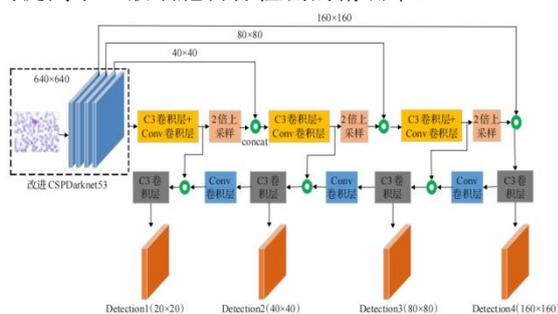


图 2 多尺度检测改进结构

## 4 实验结果和分析

### 4.1 实验环境

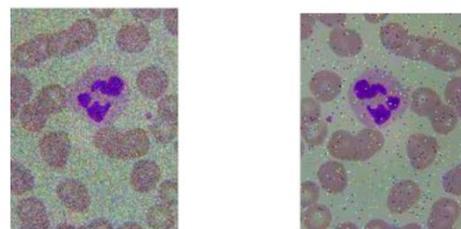
本文的处理器为 Intel® Core™ i9-10900X CPU@ 3.70 GHz, 32 GB 运行内存, 显卡为 NVIDIA GEFORCE RTX 2080Ti, 操作系统为 Windows10, 64 位。整个实验基于深度学习框架 pytorch 1.7, 实验环境是 python3.8, GPU 加速软件为 CUDA10.0 和 CUDNN7.6。

### 4.2 实验数据

本文使用的血细胞图像数据集称为血液细胞计数数据集 (Blood Cell Count Dataset, BCCD), 它是一个公开的带有标签的数据集。初始时, 该数据集包含 364 张带有血细胞标注的涂片图像。但由于其中有 4 张图像存在一些缺陷, 为了保证数据集的准确性, 需要将其删除。因此, 最终的数据集包含 360 张血液细胞图像。为了进行训练和测试, 将这 360 张图像分为训练集和测试集。其中, 训练集包含 300 张图像, 而测试集包含 60 张图像。为了调整模型的超参数和评估模型的泛化性能, 从训练集中随机选择了 60 张带有标注的图像作为验证集。

### 4.3 数据扩增

本研究采用的增强技术涵盖: 平移变换、旋转变换、镜像翻转、随机裁剪、对比度调整及噪声注入。通过运用上述技术, 可有效扩大数据集规模并提升样本多样性, 缓解类别分布不均问题, 同时增强模型的泛化能力。其中, 噪声注入策略尤为重要, 它能显著提升数据集的鲁棒性, 使模型对噪声干扰和环境变化具备更强的适应能力。这些数据增强方法有助于提高模型的泛化能力, 使其在面对新的未见数据时表现更好。噪声添加操作效果如图所示:



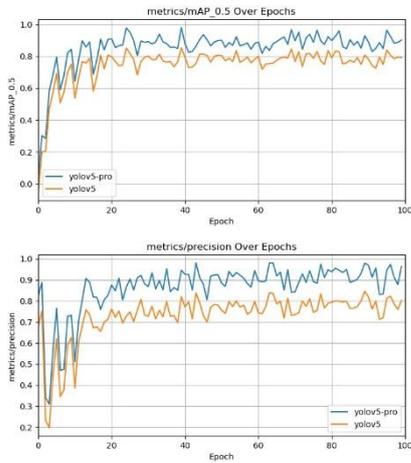
(a) 原图中加入高斯噪声 (b) 原图中加入椒盐噪声

图 3 原图加入噪声

### 4.4 模型训练与测试结果分析

由图 4 中可以看出, YOLOv5 的 mAP (均值平均精度)

为 80.1%，YOLOv5-Pro 的 mAP 为 91.2%。根据实验结果可以看出 YOLOv5-Pro 的检测准确度要远高于 YOLOv5，且整体的检测置信度较高。



(a)mAP 曲线图 (b) Precision 曲线图

图 4 实验所得曲线图

图 5 中与 yolov5 算法对比，yolov5-pro 的梯度下降速度更快，下降曲线更平滑，震荡程度也 smaller。在完成 100 次迭代后，yolov5-pro 的损失更接近接近最小值。因此，yolov5-pro 的性能明显优于 yolov5。模型在训

练中的损失 loss 如图 5 所示：

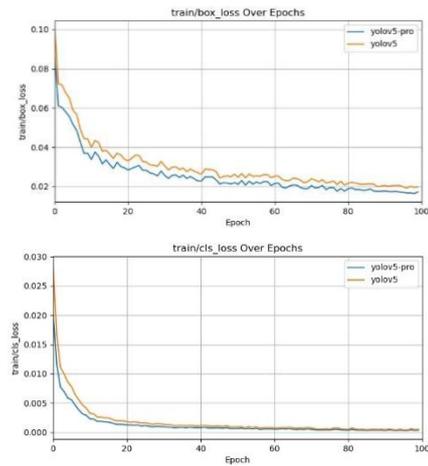


图 5 实验所得损失 loss 函数曲线图

此外，表 1 对比了 YOLOv5、Tiny YOLOv4、VGG-16、YOLOv5-Pro 四种不同网络模型在血液细胞计数数据集上的模型训练与测试结果，可以看到 YOLOv5-Pro 在 Precision、Recall、mAP 三个性能指标方面均由于其他三个网络模型，但是也牺牲了部分网络模型训练的时间和模型大小。

表 1 模型训练与测试结果

算法	Precision	Recall	mAP	模型大小 (MB)	训练时间 (h)
YOLOv5	81.4	72.4	80.1	40.8	6.2
Tiny YOLOv4	69.3	53.7	65.7	33.6	10.7
VGG-16	78.9	67.5	71.3	42.6	8.7
YOLOv5-Pro	96.3	80.2	91.2	56.6	7.4

## 5 结束语

在本文中，为了解决血液细胞检测中的挑战和问题，采取了多种措施来改进检测算法。具体来说，采用了注意力机制来增强对细胞的关注度；增大输入尺度以提高对小目标的检测能力；利用四种不同尺度进行检测，以捕捉细胞外观的多样性；数据扩增加图像拼接技术；通过这些改进措施，本文提出的 YOLOv5-Pro 算法在血液细胞计数数据集上进行了大量实验，并取得了显著的性能提升。相比于 YOLOv5 算法，YOLOv5-Pro 算法在精确度、召回率和 mAP 等指标上分别提高了 14.9、7.8 和 11.1 个百分点。

与其他现有网络结构相比，本文算法在血液细胞图像分类识别方面表现最优。需要注意的是，本文仅对血液细胞进行了分类识别，但在临床上，细胞可能在不同的状态下呈现不同的特征。因此，未来的研究还需要完

善数据库，探索更多种类细胞的分类识别，开发出具有完整界面和硬件平台的细胞分类系统，以更好地辅助医生进行诊断。

## 参考文献

- [1] 刘欢, 吴亮红, 张侣等. 基于特征双融合中心网络的白细胞检测方法[J/OL]. 计算机应用, 1-11 [2024-01-02].
- [2] 马力, 帅仁俊, 刘文佳等. 基于改进的残差神经网络的白细胞分类[J]. 计算机工程与设计, 2020, 41 (10): 2982-2987.
- [3] 王亚品, 曹益平, 付光凯, 等. 基于深度卷积神经网络的人体外周血白细胞显微图像分类[J]. 光子·激光, 2019, 30 (5): 546-555.
- [4] 耿磊, 杨盟盟, 肖志涛, 等. 结合通道空间加权特

征金字塔网络的白细胞检测与分割[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2021, 33(9): 1418-1427.

[5]王坛,王卫军,贺利乐等.改进YOLOv5s的细胞培养板分类识别方法研究[J]. 机械设计与制造,2023,(11): 21-25+30.

[6]杨雪莹.基于深度学习的白细胞分类识别方法研究[D]. 西安: 西安科技大学, 2020: 46-56.

[7]王静,孙紫雲,郭苹等.改进YOLOv5的白细胞检测算法[J]. 计算机工程与应用,2022,58(04):134-142.

[8]李国权,姚凯,庞宇.基于CNN的血液细胞图像自动识别算法[J]. 计算机科学,2022,49(04):247-253.

作者简介:刘昱洵,2003年7月,男,汉族,籍贯山东滨州,本科在读,研究方向为康复治疗学。

通讯作者:魏书伟,1994年6月,男,民族:汉族,籍贯:山东临沂,硕士研究生,讲师,研究方向:人工智能深度学习。