

• 基础研究 •

基于改进型 U-Net 的变色油墨血浆判别模型

张瀚文¹, 曹维娟^{2*}, 罗刚银¹, 江浩¹, 邱香², 许杰¹, 史蓉蓉², 郑然²

¹中国科学院苏州生物医学工程技术研究所, 先进体外诊断技术工程实验室, 江苏 苏州 215163; ²苏州市中心血站, 江苏 苏州 215006

[摘要] 目的: 为了解决因主观判别尺度不一和计算响应过长, 在血浆制备过程中易出现疑似溶血血浆误判输出和疑似非溶血血浆医学报废的现象, 给患者的生命安全带来极大隐患或产生浪费的问题。方法: 研制一种基于深度学习和变色油墨理念的限界法。利用改进型 U-Net 网络进行图像分割, 引入改进型注意力机制、批量归一化和填充模块来解决空间映射关系中存在的估计均值偏移、计算效率低和感受野视场不足的问题, 并利用自采样本数据集对该模型进行验证对比。结果: 采用变色油墨限界法进行分类判别, 在确保血浆样本识别精度为前提的同时, 提升了血浆判别的计算效率、降低了判别时间, 实验结果评价准确率为 99.52%。结论: 本研究模型的血浆判别精度优于其他判别模型, 有望应用于临床。

[关键词] 血浆; 疑似溶血与疑似非溶血; U-Net; 变色油墨; 机器学习

[中图分类号] TP18; TP391.41; R318

[文献标志码] A

[文章编号] 1007-4368(2024)09-1179-11

doi: 10.7655/NYDXBNSN231104

A plasma discrimination model for color changing ink based on improved U-Net

ZHANG Hanwen¹, CAO WeiJuan^{2*}, LUO Gangyin¹, JIANG Hao¹, QIU Xiang², XU Jie¹, SHI Rongrong², ZHENG Ran²

¹Suzhou Institute of Biomedical Engineering and Technology, Engineering Laboratory of Advanced In Vitro Diagnostic Technology, Chinese Academy of Sciences, Suzhou 215163; ²SuZhou Municipal Health Commission, Suzhou 215006, China

[Abstract] **Objective:** Due to inconsistent subjective assessment criteria and excessively long calculation responses, there is a high risk of mistakenly discarding suspected hemolytic plasma and inappropriately discarding suspected non-hemolytic plasma during plasma preparation, posing significant risks to patient safety and leading to waste. This study aims to resolve these problems. **Methods:** A thresholding method that integrates deep learning with color-changing ink concepts was developed. By employing an enhanced U-Net architecture for image segmentation, the study introduces an advanced attention mechanism, batch normalization, and a padding module to tackle issues such as mean estimation bias, computational inefficiencies, and limited receptive field sizes in spatial mapping relationships. The model was validated and compared using a self-collected sample dataset. **Results:** This study employed the color-changing ink boundary method for classification, enhancing the computational efficiency of plasma discrimination and reducing discrimination time, while ensuring the accuracy of plasma sample identification. The accuracy rate of the experimental results is 99.52%. **Conclusion:** The results indicate that the plasma discrimination accuracy of this model is superior to other discrimination models, and it is expected to be applied in clinical practice.

[Key words] plasma; suspected hemolysis and non suspected hemolysis; U-Net; color-changing ink; machine learning

[J Nanjing Med Univ, 2024, 44(09): 1179-1189]

血浆是血液中的液体成分, 占全血容量的 55%~60%, 携带细胞和其他物质如蛋白、凝血因子和化合

[基金项目] 苏州市卫生科技项目(GWZX202102)

*通信作者(Corresponding author), E-mail: 20214221019@stu.su-da.edu.cn

物等。临床主要用于补充凝血因子。血浆以全血为原料, 用低温离心分离的方法制备。血液离心过程中会出现部分红细胞相互挤压、破裂所产生的血红蛋白游离在血浆中, 临床输注会引起严重的输血不良反应^[1]。目前, 血浆疑似溶血的判别主要依赖人工

分拣和生物计量学定量分析,前者因主观判别意识与经验上存在差异,存在疑似溶血血浆临床注射和正常血浆误判浪费的现象;后者费时耗力,只能进行抽检^[2-3]。

近年来,医学成像辅助诊断(medical imaging assisted diagnosis, MAD)技术飞速发展,特别是深度学习(deep learning, DL)与生物影像相结合,医生可快速对医学影像进行分析、术中计算机辅助诊断病灶。Chen等^[4]提出一种将细胞神经和变换器相结合的 Pact-Net 网络,基于改进局部和全局特征的方法,用于皮肤类疾病的图像分割。Lonseko等^[5]提出一种基于 U-Net++ 的语义分割优化框架,适用于胃镜食管癌早期的图像分割。Tang等^[6]提出了一种卷积自动编码器,来提取不同食管病变内镜图像的代表特征,提出的 CLELNet 算法由共享层和任务特定层组成,在内镜病变图像上取得了不错的效果。Ren等^[7]提出了一种基于神经网络特征融合的双峰方法,用于内镜超声图像中胰腺实体瘤的分割,并对胰腺导管腺癌、神经内分泌肿瘤和实体性假乳头状肿瘤3种类型的胰腺实体瘤进行分类。Ma等^[8]引入了一个基于 ResNet-50 的引导注意力深度网络,用于早期癌症的精确预测和特征提取,将轻量级注意力模块和多尺度特征提取器与 U-Net 相结合,用于早期癌症病理区的像素级分割。

GB18469-2012《全血及成分血质量要求》中规定,正常血浆的外观为“呈黄色澄清液体,无色泽异常、蛋白析出、气泡及重度乳糜”。一般来说,疑似溶血血浆外观会呈现出红色或粉红色,这是因为血红蛋白释放所致。因此,观察血浆的颜色,可以在一定程度上判断是否存在疑似溶血现象,但缺乏客观性。

本研究摒弃了部署时间相对较长的分类器方法,设计了一种基于改进型 U-Net^[9]与变色油墨(color-changing ink, CCI)^[10]相结合的血浆判别模型,针对计算方式进行寻优对比分析,且与其他2种机器学习方法进行对比,旨在较短时间内以较高的准确率完成血浆定性判别。

1 材料和方法

1.1 材料

血浆样本及其视觉影像资料来源于苏州市中心血站无偿献血血浆。纳入标准:①年龄 18~65 周岁;②成年男性体重>50 kg,成年女性体重>45 kg;③血压 90~139/60~89 mmHg,脉搏 60~100 次/min;

④无发热不适;⑤距上次献血间隔≥6个月;⑥血常规、肝功能、表面抗原等检查正常;⑦丙肝抗体阴性、梅毒抗体阴性、人免疫缺陷病毒抗体阴性;⑧献血前无用药、饮酒等。排除标准:①视觉影像模糊程度大,图像质量差;②隔日存储的血浆样本。根据纳入排除标准共收纳血浆样本 827 例,并完成血红蛋白含量测定,依据 0.25 g/L 含量为定性准则,低于该含量为正常血浆,反之为疑似溶血血浆。其中疑似溶血血浆样本 517 例,疑似非溶血血浆样本 310 例,图像大小全部为 2 592×1 944 像素,以 BMP 格式存储。每个图像都分别由 3 位血液制备和医学影像医师进行标注与校对,所有标注通过 Labelme 软件完成。按 3:1 划分训练集和测试集,训练集样本 620 个(其中疑似溶血样本 387 个,疑似非溶血样本 233 个),测试集样本 207 个(其中疑似溶血样本 130 个,疑似非溶血样本 77 个)。

1.2 方法

1.2.1 样本制备

流程如图 1 所示,制备血红蛋白溶液并用血浆游离血红蛋白测定试剂盒(北京瑞尔达生物科技有限公司,批号:231023)测定其浓度;以临床医用血浆为基础,向其加入血红蛋白溶液,制备 9 组 200 mL 梯度含量血红蛋白血浆(图 2A);制备过程的每个工序都对其进行成像留存,成像环境为暗室条件下稳定偏振光源;吸取每组血浆袋内 1 mL 溶液移至 2 mL 的离心管中,制作血浆血红蛋白梯度比色板卡(图 2B),以该比色板卡为定性标准。

1.2.2 机器学习方法

1.2.2.1 改进型注意力(coordinate attention, CA)机制

采用 CA 机制方式进行特征图像精准区域捕获^[11],将最大池化(max pool)函数引入 CA 模块(图 3)。

通道注意力通常使用全局池化对空间映射信息进行全局编码,但池化后难以保存区位信息^[12],全局池化如式(1)。

$$z_c(h) = \frac{1}{H \cdot W} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W x_c(i, j) \quad (1)$$

最大池化协同注意力在特征空间上捕捉精准位置信息^[13],将全域池化分解为特征图 X 轴方向[kernel(H, 1)]和 Y 轴方向[kernel(1, W_y)]分别进行最大池化操作,获取坐标中的区位信息。X 轴、Y 轴一维特征向量如式(2)、(3)。

$$z_c^h = \left(\frac{1}{W_y} \right) \sum_{0 \leq i \leq W_y} x_c(h, i) \quad (2)$$

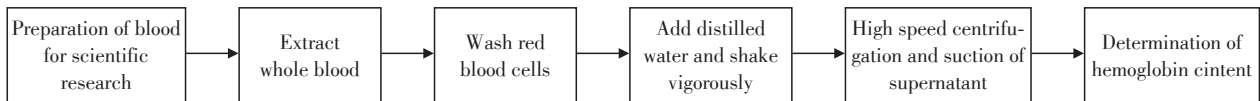


图1 血红蛋白溶液制备流程

Figure 1 Preparation process of hemoglobin solution

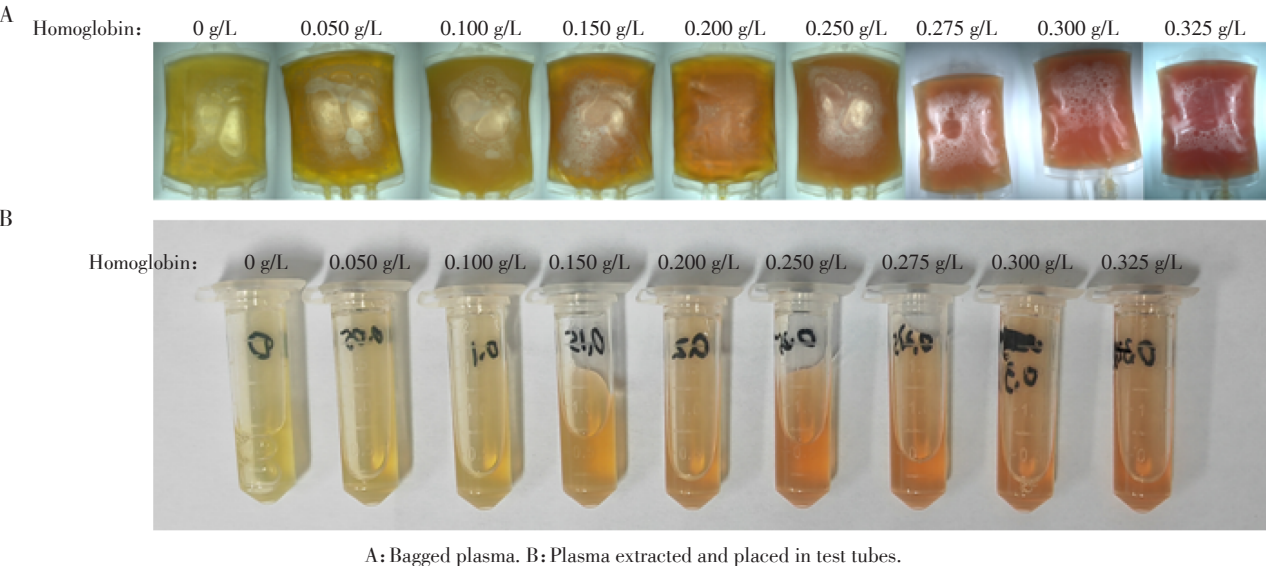


图2 血浆血红蛋白溶液比色板卡

Figure 2 Plasma hemoglobin solution colorimetric board

$$z_c^\omega = \left(\frac{1}{W_y}\right) \sum_{0 \leq i \leq H_x} x_c(j, \omega) \tag{3}$$

将公式(2)和(3)的X轴和Y轴最大池化结果联合,随后载入1×1的卷积操作中获得区位注意力Map。

$$f = \delta(F_1(z^h, z^\omega)) \tag{4}$$

F_1 表示X轴与Y轴相互的连接操作, δ 是控制模块大小的超参数,经映射函数后再将输出数据按X轴和Y轴方向分为两个特征矩阵,如式(5)、(6)所示。

$$g^h = \sigma(F_h(f^h)) \tag{5}$$
$$g^\omega = \sigma(F_\omega(f^\omega)) \tag{6}$$

上述二式分别经1×1卷积操作后,通过ReLU映

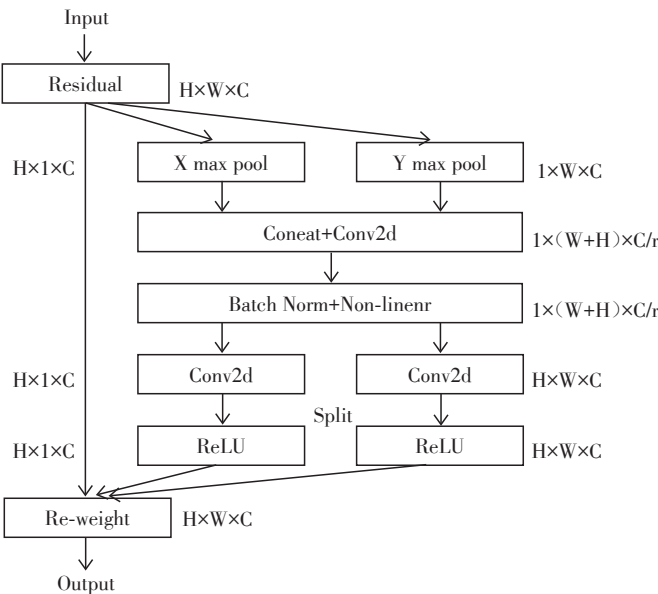


图3 最大池化CA结构

Figure 3 Max pooling CA structure

射函数完成激活,获取注意力权重。将输入的特征图像与X轴和Y轴权重相乘,获得区位信息后输出特征矩阵,如式(7)。

$$y_c(i, j) = x_c(i, j) \cdot g_c^h(i) \cdot g_c^w(j) \quad (7)$$

1.2.2.2 模型加速收敛模块

内协参数变量移位,即随着网络层数加深,高层参数更新要不断地去适应底层参数,前层参数的更新会导致下一层的输入发生变化^[14]。神经元的批量归一化(batch normalization, BN)运算过程可如图4A所示,假设后一层返回的梯度为P,那么通过链式求导法可知当前神经元的梯度可如式(8)所示。

$$\frac{\partial P}{\partial w_i} = \frac{\partial P}{\partial f} \cdot \frac{\partial f}{\partial w_i} = \frac{\partial P}{\partial f} \cdot x_i \quad (8)$$

当 x 全为正数或者负数时,每次返回的梯度都只会沿着一个方向发生变化^[15],那么梯度变换图4B红色箭头所示,沿着一个方向,出现“之”字形更新的现象,导致模型收敛速度变慢,如果数据 x 正负数相近时,梯度就会接近图4B蓝色箭头更新,从而加速模型收敛^[16]。

在Decoder侧引入Padding模块则是为了保持语义分割“U”型结构两侧的特征尺寸一致,防止Decoder侧进行逐次卷积操作时都要进行左侧Encoder结构中特征裁剪再复制的复杂计算方式,提升了计算速度^[17]。另一重要因素则是为了保持特征矩阵的边界信息,加入Padding模块后,特征矩阵边缘则会被扫描多次,增强了边界信息的有效参考^[18],防止有效信息丢失。

1.2.2.3 CCI判别模块

在光照强度一致情况下,不同人血浆颜色因各种影响,包括人体体质特性、血液采集设备、血浆制备过程等,会呈现不同程度的颜色。

血浆疑似溶血的颜色变化与纸钞中CCI在光强不同入射角下呈现的变化状态十分相似^[19]。将样本由RGB(red, green and blue)映射至HSV(Hue, satura-

tion and value)色彩空间,首先将 R 、 G 、 B 3个通道进行归一化,如式(9)所示,色彩空间模型变换如图5所示。

$$\begin{cases} R_n = R/255 \\ G_n = G/255 \\ B_n = B/255 \end{cases} \quad (9)$$

随后计算 H 、 S 、 V 值,如式(10)所示:

$$\begin{cases} H = \begin{cases} \frac{60 \times (G_n - B_n)}{V - \min(R_n, G_n, B_n)}, & \text{if } V = R_n \\ \frac{120 + 60 \times (B_n - R_n)}{V - \min(R_n, G_n, B_n)}, & \text{if } V = G_n \\ \frac{240 + 60 \times (R_n - G_n)}{V - \min(R_n, G_n, B_n)}, & \text{if } V = B_n \end{cases} \\ S = \begin{cases} \frac{V - \min(R_n, G_n, B_n)}{V}, & \text{if } V \neq 0 \\ 0, & \text{else} \end{cases} \end{cases} \quad (10)$$

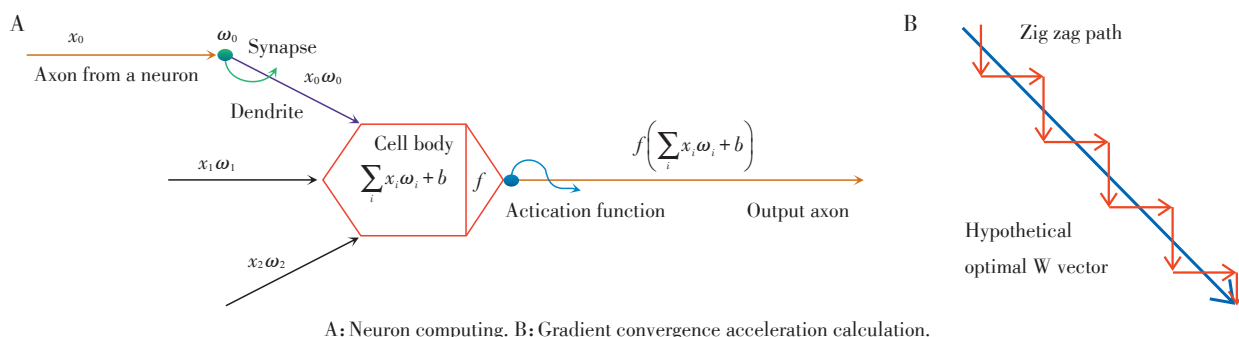
随机抽选1张血浆样本,由RGB转换至HSV空间,因每条通道中的物理意义不同,每个单通道成像则会有较大差异^[20],结合物理意义的重要性来确定样本图像在每条通道中的阈值范围,即锁定1个临界疑似溶血血浆的HSV颜色空间。

如图6所示,将样本每个通道归一化三维显示和像素点数量分布情况进行统计学计算(不包含背景),通过直方图可计算出通道幅值限界。

设本方法直方图的极值分别为 a 、 b 、 c ,其 H 、 S 、 V 通道的OpenCV血浆取值范围为 h 、 s 、 v ^[21],其中 h 分量在OpenCV中做了一个技巧性处理,即将 h 分量值除以2,取值范围变成了0~180,则有公式(11)。

$$\begin{cases} h = a \times 180 \\ s = b \times 255 \\ v = c \times 255 \end{cases} \quad (11)$$

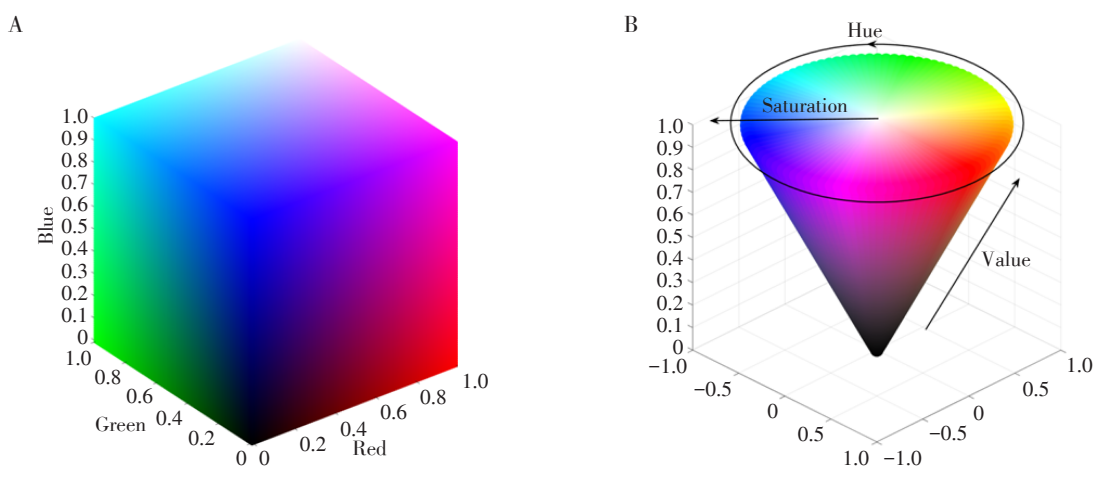
经计算, S 的阈值为40.8~229.5、 V 的阈值为89.25~242.5。作为HSV模型重要核心的 H 通道则要通过对比分析并不断进行阈值修正来确定色调



A: Neuron computing. B: Gradient convergence acceleration calculation.

图4 批量归一化计算过程

Figure 4 Batch normalization calculation process



A: RGB color space. B: HSV color space.

图5 色彩空间转换

Figure 5 Color space conversion

范围,如图7所示,为正常血浆与重度疑似溶血血浆在H通道的像素点数量统计,正常血浆 x 轴最小值为0.129;而重度疑似溶血血浆样本相同 x 值则位于其统计学波峰的右侧,即绝大多数像素点数量更趋近于0。以此为主要分析点,说明两样本血浆在H通道 $x=0.129$ 的左侧像素点数量相差很大,可以很简单地将两者区分开,且可以得到100%的正确率。同时也为H通道阈值范围确定提供了思路。

随着正常血浆中红色混合溶液逐步增多,正常血浆发生类似纸钞CCI原理的颜变现象,统计直方图峰值也会随红色混合溶液的增多变得逐步向 x 轴0值趋近,则介于血浆疑似溶血与疑似非溶血的临界值是CCI算法的关键。图8A、8B分别为本算法临界状态下正常与疑似溶血血浆样本,肉眼已经无法判别其是否合格;图8C、8D分别表示上述两样本的H通道分布统计直方图,其趋势与峰值的统计学形态几乎非常相近;对图8C、8D进行成像统计且放大为图8E、8F,并进行统计分析,可以发现在极小值方向存在临界, x 值为0.055,因CCI原理,更多数量的像素点突破 $x=0.055$,并向0作阈值逼近。遂将 $x=[0, 0.055]$ 作为CCI H通道的阈值范围,通过式(11)计算确定其在OpenCV中的阈值范围为0~9.9。而S值和V值主要受成像光源、环境影响较大,在实验环境相对稳定的情况下,取值范围几乎无变化。

通过上述分析,疑似溶血血浆颜色的HSV几何模型的H通道应处于1个近似圆弧形的范围内,如图9中点b1至b2、点d1至d2;S通道所形成的几何范围为a1至b1、a2至b2、c1至d1、c2至d2;V通道的几何范围为b1至d1、b2至d2、a1至c1、a2至c2。依据

3个通道确定的几何区域,给出了血浆CCI颜色空间,如图9绿色线框部分所示,若样本中存在像素点于此几何区域内,则为疑似溶血血浆,反之为正常血浆。

1.2.3 模型建立

本研究针对因人工判别血浆尺度不一和算法响应时间问题,提出了一种基于改进型U-Net与CCI标准方差限界法。通过最大池化CA模块在特征空间上捕捉精准位置信息,解决视野不足的问题;使用BN模块和Padding模块,解决模型收敛速度变慢的问题。根据血浆样本在CCI中的标准方差值来判断是否合格,主要解决了分类器在训练和部署过程中响应时间较长与速度过慢问题,CCI标准方差限界法在血浆判别中可一定程度上替代分类器,并对血浆进行快速判别。

1.2.4 实验环境与参数设置

模型训练在NVIDIA RTX4070Ti上完成,深度学习框架为Pytorch,版本为Python3.7.0,软件版本为QT5.15.2,迁移部署平台为Raspberry Pi 4B。深度学习相关设置学习率0.001, batchsize为4, Epoch为200。

分类任务的模型性能采用精确率(accuracy, Acc)、正确率(precision, Pre)、召回率(recall, Re)以及模型推理时间(time, T)进行组合性能验证,各评价指标定义如下。

Acc=(TP+TN)/(TP+FN+FP+TN) (12)

Pre=TP/(TP+FP) (13)

Re=TP/(TP+FN) (14)

TP表示真阳性(true positive),样本的真实类别是阳性,并且模型识别的结果也是阳性。FN表示假

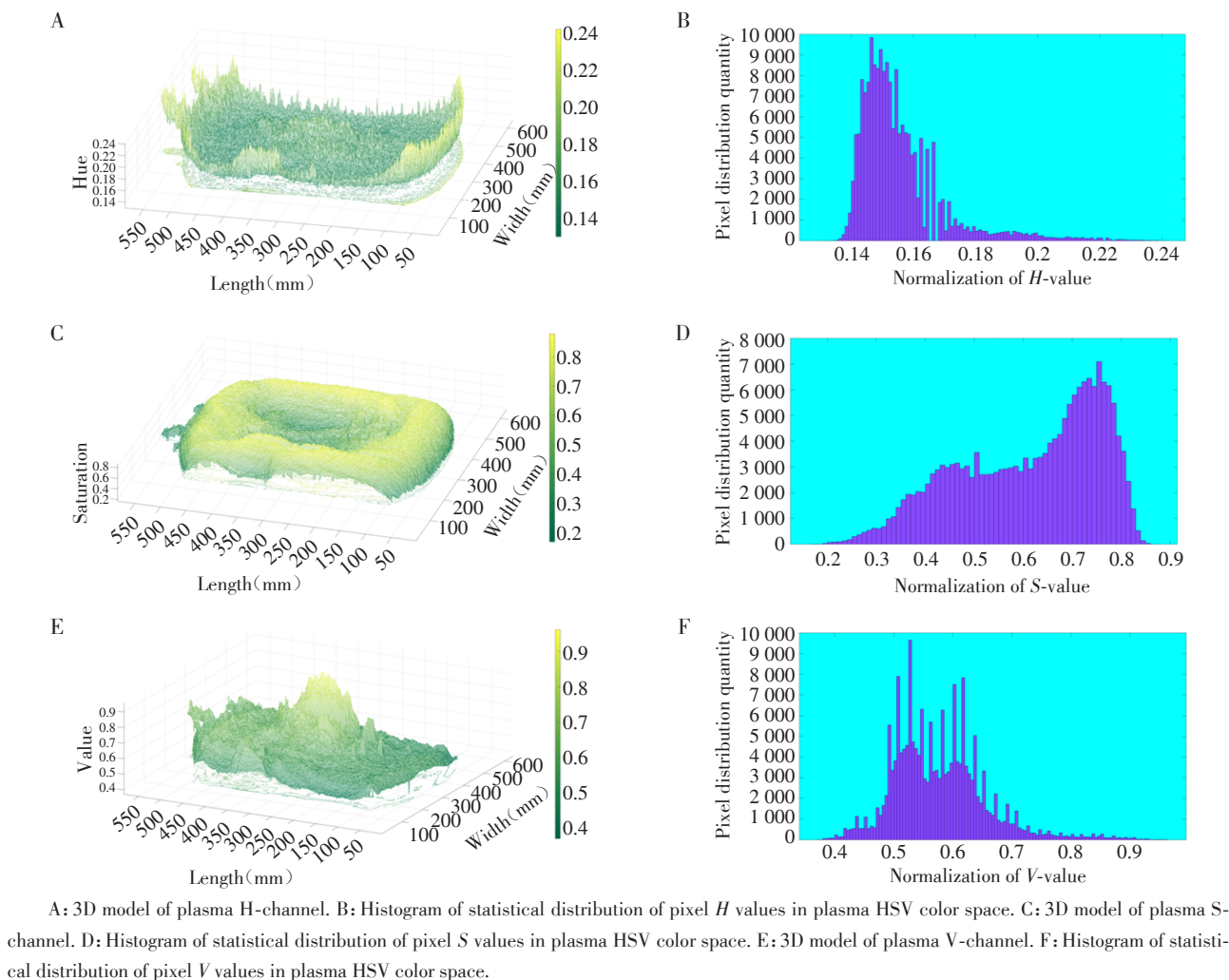


图6 样本HSV-3D分量图像及对应通道空间像素分布直方图
Figure 6 Sample HSV-3D component image and distribution histogram of HSV components in each channel

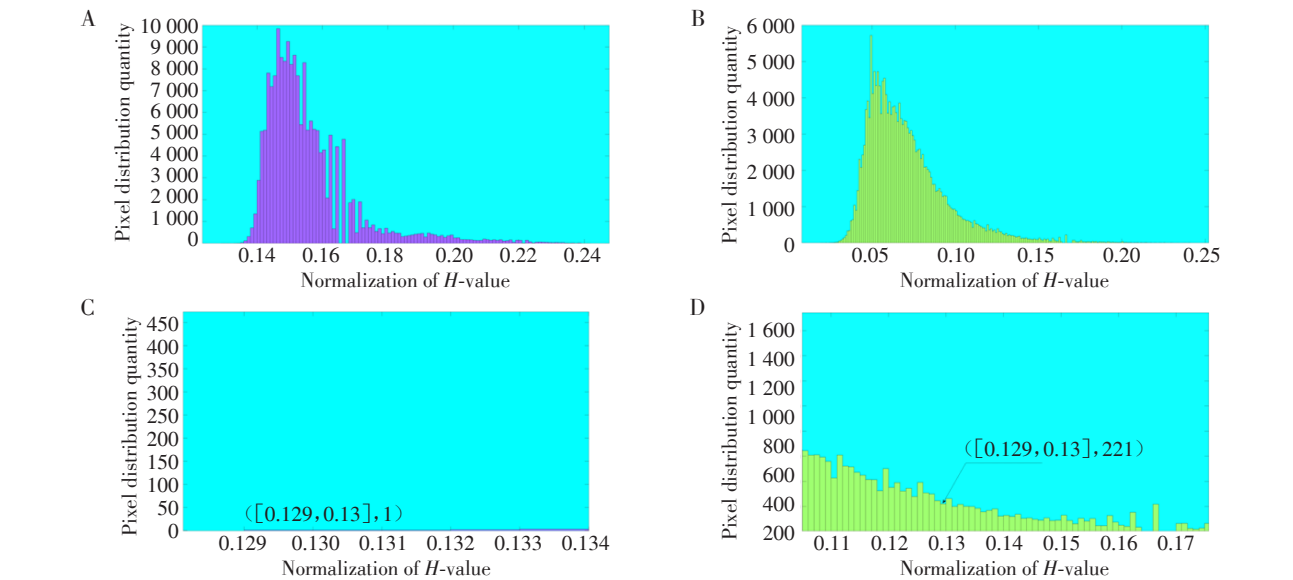
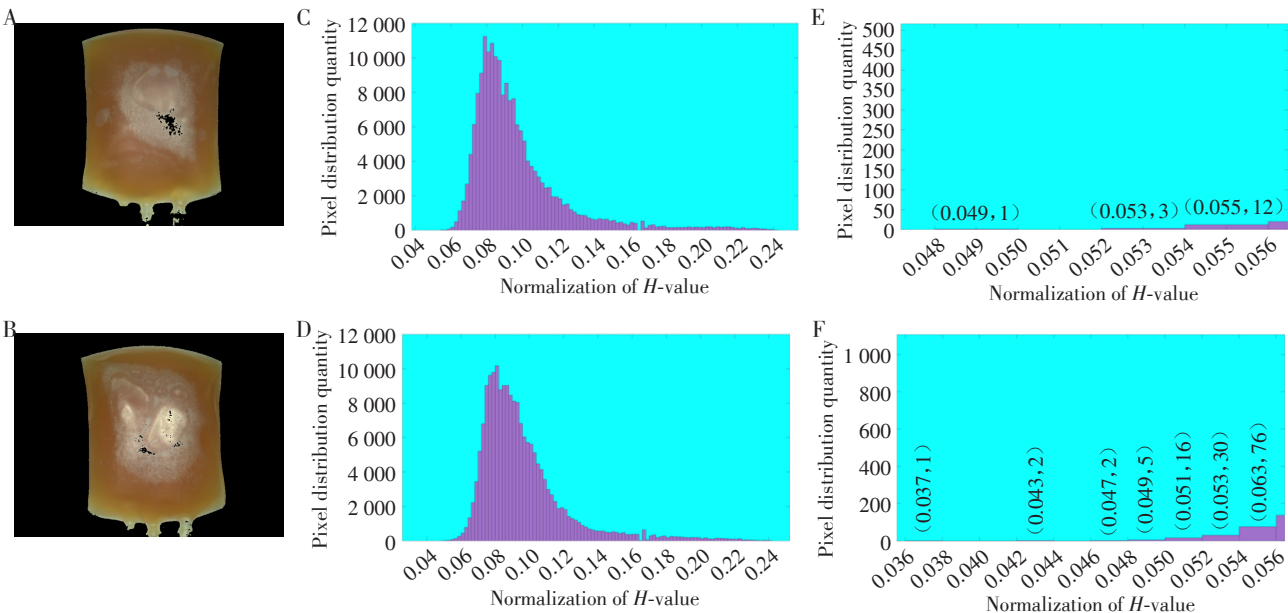


图7 标准血浆与疑似溶血血浆H通道分布直方对比图
Figure 7 Comparison of H-channel distribution between standard plasma and hemolytic plasma using a histogram



A: Suspected non-hemolytic sample. B: Suspected hemolytic sample. C: Histogram of the statistical distribution of pixel *H* values in the color space of suspected non-hemolytic plasma HSV. D: Histogram of the statistical distribution of pixel *H* values in the color space of suspected hemolytic plasma HSV. E: Figure C enlarged($\times=0.129$). F: Figure D enlarged($\times=0.129$).

图8 临界疑似溶血/疑似非溶血血浆对比分布直方图

Figure 8 Histogram of the distribution of critical hemolytic/non-hemolytic plasma comparison

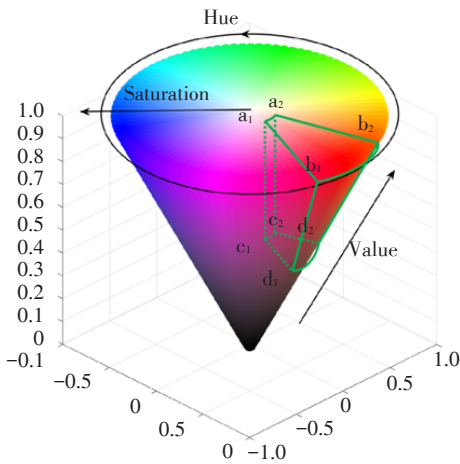


图9 变色油墨几何模型区域

Figure 9 Color changing ink geometric model area

阴性(false negative),样本的真实类别是阳性,但是模型将其识别为阴性。FP表示假阳性(false positive),样本的真实类别是阴性,但是模型将其识别为阳性。TN表示真阴性(true negative),样本的真实类别是阴性,并且模型将其识别为阴性。

2 结果

本研究提出一种基于改进型 U-Net 和 CCI 的人血浆判别网络模型(图 10)。采用编/解码器形式进行特征学习,引入轻量化模块对 U-Net 网络进行整

体优化,对应每个阶段逐一提升计算效率,语义图像与 CCI 色彩空间衔接,可快速实现血浆定性判别。

2.1 通道选择结果

针对 CCI 几何模型中所捕获的像素点分别进行全通道、H 通道、S 通道、V 通道的标准方差(standard deviation, SD)计算,以此为基础分别建立改进型 U-Net-CCI-SD 全通道(all channels of improved U-Net-CCI standard deviation, UCSALL)模型、改进型 U-Net-CCI-SD H 通道(H channel of improved U-Net-CCI standard deviation, UCSH)模型、改进型 U-Net-CCI-SD S 通道(S channel of improved U-Net-CCI standard deviation, UCSS)模型和改进型 U-Net-CCI-SD V 通道(V channel of improved U-Net-CCI standard deviation, UCSV)模型的血浆判别算法。4 种判别模型的训练集和测试集综合评价指标,透过混淆矩阵能展现出算法模型的综合能力。

结合表 1 可知,UCSS 模型训练集的 Acc 达到了 99.52%,且运行时间最短(586.38 ms)。其余 3 个模型的训练集 Acc 也全部在 90% 以上,UCSS 模型与 UCSALL、UCSH、UCSV 3 种模型的 Acc 梯度差值依次为 0.33%、0.81% 和 6.46%。测试集中,UCSS 模型以 99.03% 最优,与 UCSALL、UCSH、UCSV 3 种模型的 Acc 梯度差值依次为 4.34%、5.79% 和 11.59%,其中 UCSV 模型 Acc 降至 87.44%,与 UCSS 模型 Acc 梯度

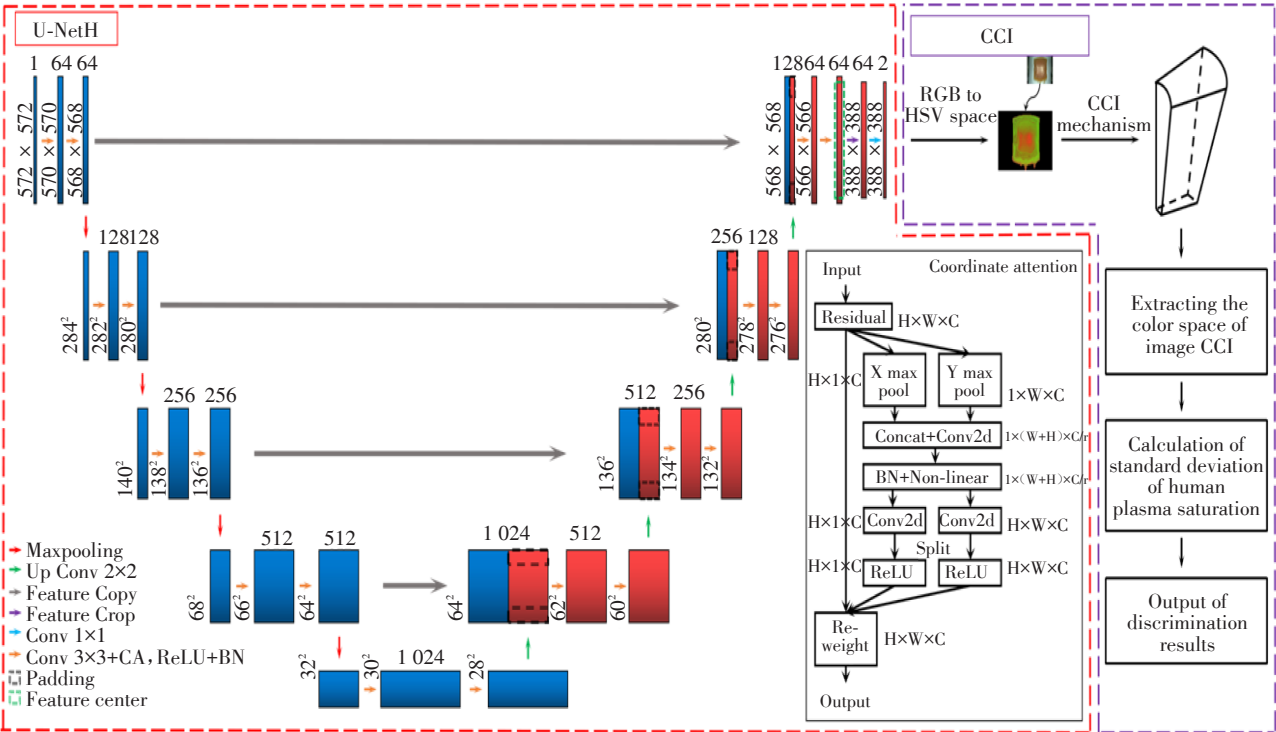


图 10 主干网络结构

Figure 10 Backbone network structure diagram

表 1 各模型标准方差实验 10 次的平均对比结果

Table 1 The average comparison results of standard deviation experiments for each model conducted ten times								
Model	Training set				Testing set			
	Acc(%)	Pre(%)	Re(%)	T(ms)	Acc(%)	Pre(%)	Re(%)	T(ms)
UCSALL	99.19	99.48	99.22	1 598.36	94.69	96.12	95.38	1 627.33
UCSH	98.71	99.22	98.71	807.13	93.24	96.77	92.31	798.42
UCSS	99.52	100.00	99.23	586.38	99.03	100.00	98.46	617.02
UCSV	93.06	95.99	92.76	693.29	87.44	90.63	89.23	739.11

差值进一步拉开。在4种模型中UCSS模型泛化能力相对稳定,训练集与测试集Acc仅降低0.49%。其余3种模型训练集与测试集Acc分别降低4.5%、5.47%和5.62%,其他模型泛化能力相对UCSS较弱。

2.2 消融实验结果

首先,验证在没有CA模块的情况下,BN和Padding卷积对血浆语义分割的性能影响,在卷积过程中卷积核的尺寸远远小于特征矩阵,感受野受限导致无法锁定式提取全域信息,以往研究大多以扩大感受野的方式来缓解这一缺陷,但仍无法提取全部特征,利用CA模块的优势扩大卷积视野。随后验证BN模块,当语义网络的底层发生微弱变化时,这些变化会随着层数的增加被放大,意味着对于高层网络要不断进行参数更新以适应底层参数的变化。最后Padding模块,即每层的输入数据分布一

直在发生变化,对网络层激活函数后进行norm,使得每层的输入数据分布一致(即均值为0,方差为1),零均值的输入,可以避免梯度同号,从而出现“之”字形优化的情况。消融实验结果见表2。

Model_1至Model_7对比验证了CA、BN与Padding模块对语义学习CCI法的深层次特征提取和判别结果影响。由表2可知,引入单个模块至基础U-Net网络中会造成分割精度下降现象;将模块以组合形式引入基础U-Net网络会提升分割精度;根据消融实验,Model_4方法的组合模块对基础网络的Acc提升了6.28%;将3种轻量化模块同时引入至基础U-Net网络中,Acc、Pre、Re分别提高了7.73%、5.56%、6.92%,T缩短了902.24 ms。消融实验结果表明,本研究方法不仅在特征深层次强化方面表现出色,而且还实现了快速高效计算。

表2 运行10次的平均消融实验

Table 2 Average ablation experiments conducted ten times

Model	Discriminant method				Acc(%)	Pre(%)	Re(%)	T(ms)
	CA	BN	Padding	S-channel				
U-Net	-	-	-	✓	91.30	94.44	91.54	1 519.26
Model_1	✓	-	-	✓	87.92	92.68	87.69	1 307.49
Model_2	-	✓	-	✓	85.51	90.32	86.15	965.17
Model_3	-	-	✓	✓	83.57	89.34	83.85	1 489.24
Model_4	✓	✓	-	✓	97.58	98.45	97.69	641.59
Model_5	✓	-	✓	✓	97.26	99.21	96.92	685.34
Model_6	-	✓	✓	✓	93.72	95.35	94.62	679.11
UCSS	✓	✓	✓	✓	99.03	100.00	98.46	617.02

✓ represents the application of this module in the model; - represents not used.

2.3 模型对比

为了验证 UCSS 模型对血浆判别的改进效果, 本研究所提方法与 U+Net-PcA-SVM、U+Net-PcA-KNN 传统机器学习方法进行对比试验, 本研究方法在 Acc、Pre、Re 和 T 上仍然具有优势, 模型对比评价指标见表 3 所示。

传统机器学习在疑似溶血判别方面具有很高的准确性, 本研究模型的测试集与 U+Net-PcA-SVM、U+Net-PcA-KNN 2 种分类算法相比, Acc 分别提高了 0.48% 和 1.46%, Pre 分别提高了 0.78% 和 0%, Re 分别提高了 0% 和 2.31%, T 分别缩短了 255.97 ms 和 232.55 ms。表明本研究模型在评价指

表3 运行10次的平均模型对比

Table 3 Comparison of average models running 10 times

Model	Training set				Testing set			
	Acc(%)	Pre(%)	Re(%)	T(ms)	Acc(%)	Pre(%)	Re(%)	T(ms)
U-Net-PCA-SVM	99.03	99.23	99.23	792.21	98.55	99.22	98.46	872.99
U-Net-PCA-KNN	98.07	99.22	97.69	776.52	97.57	100.00	96.15	849.57
UCSS	99.52	100.00	99.23	586.38	99.03	100.00	98.46	617.02

标方面优于其他 2 种传统机器学习方法, 在模型计算时间上较其他 2 种模型快约 0.2 s。

2.4 迁移部署

将改进型 U-Net、CCI 限界算法通过 C++ 迁移部署至微型主机树莓派中, 实现本研究所提方法的自动化运行, 所有样本的状态与判别结果均存于数据库中, 软件运行界面如图 11 所示。首先, 通过扫码设备获取血浆样本编号; 然后, 履带式自动化设备启动, 将血浆样本运送至机器视觉视野下; 随后, 通过本研究方法判别疑似溶血与非溶血血浆; 最后, 合格血浆继续向前运行落筐, 疑似溶血血浆由系统中的机械手臂推送至另一筐中。

3 讨论

由于血浆判别经验尺度不一、主观因素过重, 通过改进型 U-Net CCI 限界法能够快速判别血浆品质, 并对本研究模型进行交叉分析验证, 表明该方

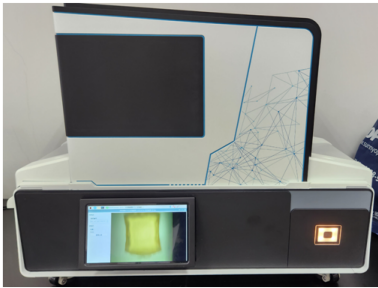


图11 判别结果例图

Figure 11 Example diagram of discrimination results

法在血浆品质分类预测中具有可行性。UCSS 模型训练集的 Acc 高达 99.52%, 运行时间最短。其他 3 个模型训练集的 Acc 也均超过 90%, 显示出良好的性能。相比之下, UCSS 模型与 UCSALL、UCSH、UCSV 3 种模型的 Acc 梯度差值分别为 0.33%、0.81% 和 6.46%, 显示出 UCSS 模型在 Acc 方面的优势。在测试集中, UCSS 模型同样以 99.03% 的 Acc 保持领先,

与其他3种模型的Acc梯度差值分别为4.34%、5.79%和11.59%，进一步证明了UCSS模型在Acc方面的优势。UCSS模型在泛化能力方面表现相对稳定，测试集的Acc仅比训练集降低0.49%。相比之下，与训练集的Acc相比，其他3种模型测试集的Acc分别降低了4.5%、5.47%和5.62%，显示出这些模型在泛化能力方面相对较弱。因此，UCSS模型在Acc和泛化能力方面均表现出优势，是4种模型中的最佳选择。

为了对比验证CA、BN与Padding模块对语义学习CCI法的深层次特征提取和判别结果的影响，本研究从Model_1到Model_7进行了系统的实验。单独引入任何一个模块到基础U-Net网络中，均会导致分割精度的下降。然而，当以组合的形式将这些模块引入U-Net网络时，分割精度得到了显著提升。特别地，Model_4方法的组合模块为基础网络的Acc带来了6.28%的性能提升。更值得一提的是，当本研究将CA、BN和Padding这3种轻量化模块同时整合到基础U-Net网络中时，模型的Acc、Pre、Re分别提高了7.73%、5.56%、6.92%，而计算时间仅增加了902.24 ms。这些消融实验的结果充分证明了本研究方法不仅在深层次特征强化方面表现出色，还实现了快速且高效的计算性能。

经过与传统分类模型的比较，传统机器学习在疑似溶血判别方面准确性较高。与本研究提出的模型相比，其他2种机器学习分类算法在准确性上稍显逊色。具体而言，本研究模型测试集的Acc与2种机器学习方法相比分别提升了0.48%和1.46%；Pre分别提高了0.78%和0%，Re分别提高了0%和2.31%。虽然部分指标的提升幅度不大，但这些细微改进在实际应用中会产生显著影响。本研究模型不仅在评价指标上优于其他2种传统机器学习方法，而且在模型计算时间上也表现出明显的优势，相比其他2种模型，本研究模型的计算时间缩短了约0.2 s，在实际应用中会显著提高数据处理速度和整体效率。

综上所述，本研究针对人工血浆判别尺度不一和算法计算响应问题，提出了一种基于改进型U-Net与CCI标准方差限界法，在疑似溶血判别方面不仅保持了较高的准确性，同时在计算效率上也展现出显著优势。通过最大池化CA模块在特征空间上捕捉精准位置信息，解决视野不足的问题；使用BN模块和Padding模块，解决模型收敛速度变慢的问题。根据血浆样本在CCI中的标准方差值来判别

是否合格，主要解决了分类器在训练和部署过程中响应时间较长与速度过慢问题，CCI标准方差限界法可一定程度上替代分类器对血浆进行快速判别。模型在自采数据集上进行相关验证，Acc、Pre、Re、T分别是99.03%、100%、98.46%、617.02 ms。研究表明，本研究模型判别血浆颜色外观的准确度和Acc有显著优势，能够较好地判别临界报废血浆，避免了因人为视觉误差带来的判别标准不一的问题。

尽管本研究已经取得了一定的研究成果，但仍存在一些不足之处。首先，由于实验条件受限，包括仪器、耗材以及存储资源的限制，本研究仅在样本制备阶段采用了定量方法。在后续的数据处理和分析中，虽然采用了定量方法来确定血浆的疑似溶血情况，并基于机器视觉技术进行了判断，且在算法结构上实现了创新，但受限于资源条件，本研究未能对更多环节进行深入的定量研究。其次，血浆制品的质控涉及多个方面，其中脂肪血浆和疑似溶血血浆是两大关键指标，脂肪对红细胞有加速溶血的作用^[22]。本研究主要局限于血浆疑似溶血现象的探讨，并未对脂肪血浆进行深入研究，也未建立相关的图像识别模型。针对不足，在未来的研究工作中将进一步拓展研究范围，把脂肪血浆纳入研究对象，并尝试建立相关的图像识别模型。这将有助于更全面地了解血浆制作流程中血浆品质的影响因素，并为提升血浆制备工艺提供更准确可靠的技术支持。

[参考文献]

- [1] 郑昕,汤瑶,王喆,等.使用LC-MS/MS方法进行生物样本分析时对疑似溶血样本的处理策略[J].药物分析杂志,2018,38(11):2000-2007
- [2] 李姗姗,徐华馨,黄东虹,等.品管圈对无偿献血者血液可疑疑似溶血血浆发生率的影响分析[J].护理实践与研究,2018,15(24):144-146
- [3] BADRICK T, BARDEN H, CALLEN S, et al. Consensus statement for the management and reporting of haemolysed specimens[J]. Clin Biochem Rev, 2016, 37(4): 140-142
- [4] CHEN W, ZHANG R, ZHANG Y, et al. Pact-Net: parallel CNNs and transformers for medical image segmentation[J]. Comput Methods Programs Biomed, 2023, 242: 107782
- [5] LONSEKO Z M, LUO C S, DU W J, et al. Early esophagus cancer segmentation from gastrointestinal endoscopic images based on U-Net++ model[J]. J Elec Sci Technol, 2023, 21(3): 100205
- [6] TANG S, YU X, CHEANG C F, et al. CLELNet: a continu-

al learning network for esophageal lesion analysis on endoscopic images[J]. *Comput Methods Programs Biomed*, 2023, 231: 107399

[7] REN Y, ZOU D, XU W, et al. Bimodal segmentation and classification of endoscopic ultrasonography images for solid pancreatic tumor[J]. *Biomed Sig Process Contr*, 2023, 83: 104591

[8] MA L, SU X, MA L, et al. Deep learning for classification and localization of early gastric cancer in endoscopic images[J]. *Biomed Sig Process Contr*, 2023, 79: 99-113

[9] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-net: convolutional networks for biomedical image segmentation: medical image computing and computer-assisted intervention - MICCAI 2015[C]. Munich: Springer International Publishing, 2015: 234-241

[10] CHEN Y, BERNIS R, TAPLIN L, et al. Multi-ink color-separation algorithm improving image quality[J]. *J Imag Sci Technol*, 2008, 52(2): 20604-1-20604-9

[11] XIE C, ZHU H, FEI Y. Deep coordinate attention network for single image super-resolution[J]. *IET Image Process*, 2002, 16(1): 273-284

[12] 陈治铭,刘建华,柯添赐,等. 一种对抗性的权重注意力机制 Seq2Seq 模型估算 SOC[J/OL]. *电工技术学报* [2023 - 11 - 20]. DOI: 10.19595/j.cnki.1000 - 6753.tces.231338

[13] 徐艳蕾,何润,翟钰婷,等. 基于轻量卷积网络的田间自然环境杂草识别方法[J]. *吉林大学学报(工学版)*, 2021, 51(6): 2304-2312

[14] WEI W, GAO L. Intelligent computer technology-driven mural pattern recognition method[J]. *Advances in Multimedia*, 2022, 2022(11): 37-42

[15] 张睿,白晓露,潘理虎. 求解高维昂贵多目标问题的约束型 Dropout 代理辅助进化算法[J]. *电子学报*, 2023, 51(7): 1859-1867

[16] 李艳. 矩阵填充算法的研究及其应用[D]. 广州: 广东工业大学, 2018

[17] SAIDA T, RASHID M, NEMOTO Y, et al. CNN-based segmentation frameworks for structural component and earthquake damage determinations using UAV images [J]. *Earth Engineer Engineer Vibra*, 2023, 22(2): 359-369

[18] 李庚桓. 基于自监督学习的表面缺陷检测算法研究与应用[D]. 西安: 西安电子科技大学, 2022

[19] 公绪平,黄敏,沈跃桐,等. 光学变色油墨的颜色测量方法研究[J]. *光学学报*, 2023, 43(22): 180-187

[20] CHANG D, DING Y, XIE J, et al. The devil is in the channels: mutual-channel loss for fine-grained image classification[J]. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2020, 29: 4683-4695

[21] 林思宇. 受限空间下基于视觉的线缆装配方法研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2020

[22] WINTER K M, WEBB R G, MARKS D C. Red cells manufactured from lipaemic whole blood donations: Do they have higher haemolysis?[J]. *Vox Sang*, 2022, 117(12): 1351-1359

[收稿日期] 2023-12-28
(本文编辑: 陈汐敏)