

# 基于深度学习的血细胞检测系统

马思语\*, 郝东来, 梁思哲, 王硕哲

西京学院计算机学院, 陕西 西安

收稿日期: 2025年2月10日; 录用日期: 2025年3月11日; 发布日期: 2025年3月19日

## 摘要

血常规作为医院体检最常见的项目之一, 在诊断身体是否健康方面起着至关重要的作用。目前对血细胞进行筛查的常见手段有通过血细胞分析仪和人工镜检进行检测, 而这两种方法成本太高且精准度不足。为降低成本以及提高检测精确度, 利用深度学习对血细胞进行检测能在一定程度上有效解决这一问题。

## 关键词

血常规, 血细胞检测, 深度学习

# A Blood Cell Detection System Based on Deep Learning

Siyu Ma\*, Donglai Hao, Sizhe Liang, Shuozhe Wang

School of Computer Science, Xijing University, Xi'an Shaanxi

Received: Feb. 10<sup>th</sup>, 2025; accepted: Mar. 11<sup>th</sup>, 2025; published: Mar. 19<sup>th</sup>, 2025

## Abstract

As one of the most common items in hospital physical examinations, blood routine plays a crucial role in diagnosing whether the body is healthy. At present, common methods for screening blood cells include using blood cell analyzers and manual microscopy, but these two methods are too expensive and lack accuracy. To reduce costs and improve detection accuracy, using deep learning to detect blood cells can effectively solve this problem to a certain extent.

## Keywords

Routine Blood Test, Blood Cell Testing, Deep Learning

\*通讯作者。

文章引用: 马思语, 郝东来, 梁思哲, 王硕哲. 基于深度学习的血细胞检测系统[J]. 人工智能与机器人研究, 2025, 14(2): 320-331. DOI: 10.12677/airr.2025.142032

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

随着科技水平的提高，人们的日常生活水平也在逐步的提高，开始更加关注自身的健康状况。随着人们关注度的提升以及人工智能的发展，医学领域与计算机领域这两大领域在一定程度上相结合，传统的对血细胞进行筛查的常见手段是通过血细胞分析仪和人工镜检的检测，血细胞分析仪是利用电阻抗法、激光散射法、流式细胞术、细胞化学染色法等原理对血细胞进行计数[1]。这种方法的优点是能够快速、有效的获得血液中的血细胞数量和类别，能够帮助医生进行快速的初筛。但这种方法也有很大的局限性，这些仪器无法获得血细胞细胞的形态学变化，并且这些仪器也缺乏对未成熟血细胞的分析，而基于深度学习的血细胞识别技术相比于传统的检测技术具有更高的检测精度和更快的检测速度[2]。因此基于深度学习的血细胞识别技术具有重要的研究意义和和经济价值。

## 2. YOLOv5 算法基本理论

YOLOv5 是 YOLO 系列推出的第五个版本，与之前的版本相比，其继承了 YOLO 系列原有的核心思想及 ResNet 等算法，将这些算法的核心思想结合起来并将其加入到 YOLOv5 中，从而使其在相同的运行环境下能够更加快速的运算出结果同时还提高了 MAP 值，在实时目标检测方面更加高效[3]。其运行过程如图 1 所示：

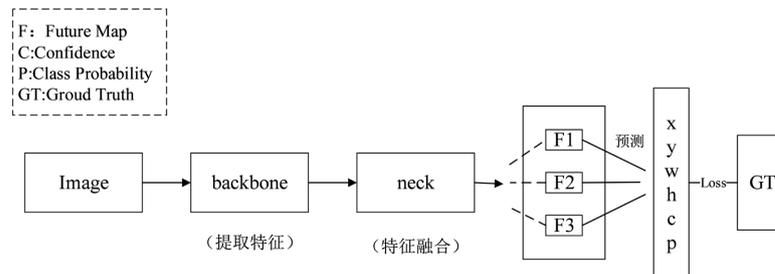


Figure 1. YOLOv5 running structure diagram

图 1. YOLOv5 运行结构图

YOLOv5 神经网络模型主要包括四个部分：input、Backbone、Neck、Loss。其分别为 YOLOv5 模型的四个主要模块，各自具有不同的网络宽度和深度，但其结构均相似。底层使用 Focus、Conv 卷积块、BottleNeckCSP 和 SSP 等模块来提取特征，输入是  $C \times W \times H$  的图像通过 Focus 模块进行切片操作，将图像的宽度和高度减少到原始图像的一半。卷积运算后，使用 BottleNeckCSP 技术进一步提取特征，使特征更加的多元化从而提高识别的准确度。进入颈部后，空间池化层(SPP)用于最大池化[4]，然后，FPN + PAN 结构用于网络特征融合，进行特征融合操作，而 GIOU Loss + NMS 用于平衡重叠和交叉区域等复杂场景，最终输出模型[5]。

## 3. 系统设计

### 3.1. 血细胞识别系统总体设计

血细胞识别系统主要实现对血细胞检测功能和历史查询功能等，血细胞检测部分首先需要加载数据

集，用数据集训练模型，最终预测测试集中的血细胞类别，其系统各功能模块关系如图 2 所示：

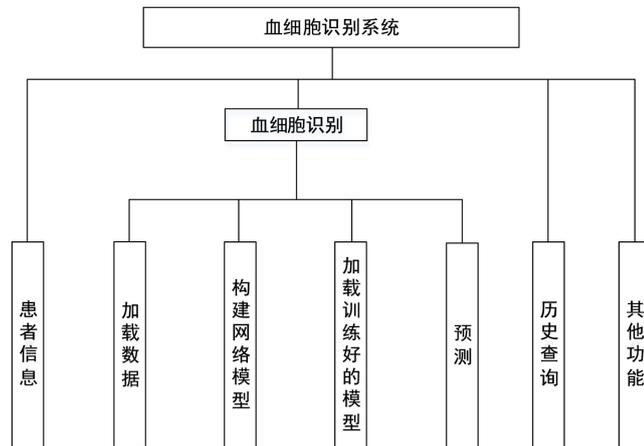


Figure 2. Relationship diagram of various functional modules in the system  
图 2. 系统各功能模块关系图

### 3.2. 医生模块设计

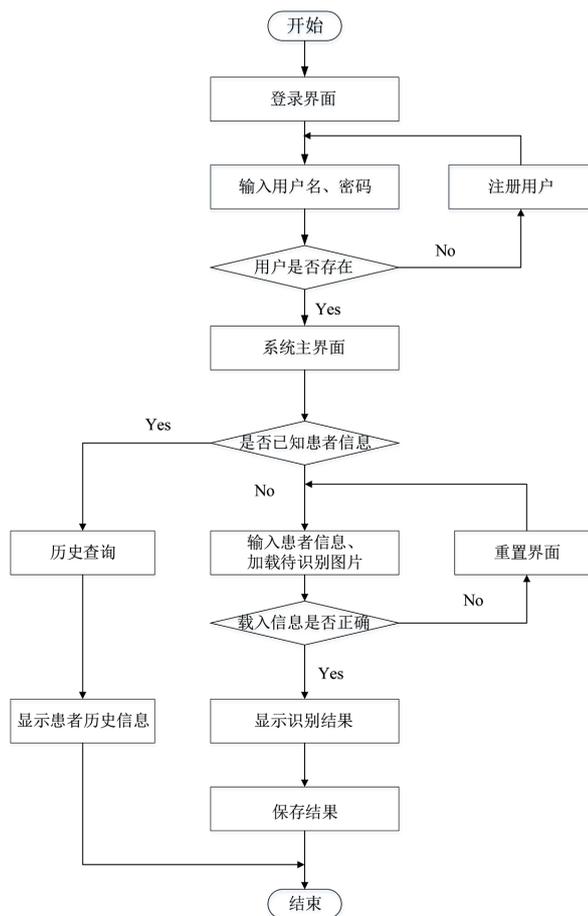


Figure 3. System operation flow chart  
图 3. 系统操作流程图

对于当前的系统，应当思考如何让用户能够正确的对系统进行操作。该系统设计时是以医生作为用户来进行设计，首先登陆页面需要输入用户名和密码，输入正确时可登录系统的主界面，医生可以输入和加载患者的信息和待识别的图片，系统可以根据图片识别出细胞类别。系统也可以查看患者的历史信息，其操作流程如图 3 所示。

### 3.3. 系统用例图设计

系统 UML 用例图清晰的展示了系统的主要功能模块及其之间的关系，血细胞检测主界面是核心用例，涵盖了图片识别和结果展示等关键操作，患者信息收录用例确保患者的基本信息和检测样本信息得以准确记录，为后续诊断和分析提供基础数据，历史查询用例方便医生回溯患者过往检测情况，对比不同时间点的血细胞数据有助于发现病情的发展趋势，其他功能则为系统提供了扩展性，这些用例相互配合构建了一个功能完备的血细胞识别系统，具体系统 UML 用例图如图 4 所示。

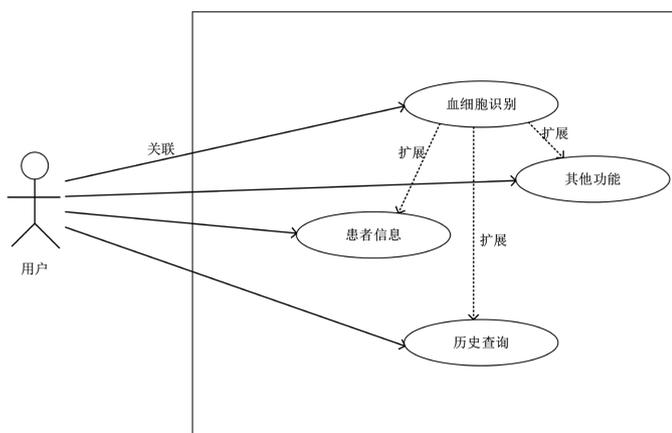


Figure 4. System UML use case diagram  
图 4. 系统 UML 用例图

### 3.4. 系统界面设计



Figure 5. System main interface design diagram  
图 5. 系统主界面设计图

系统主界面设计简洁明了易于操作，界面包含病人信息区域，方便对患者检测数据进行准确记录和分类。图片识别功能区提供“打开图片”和“检测”按钮操作直观便捷，“历史查询”按钮方便医生随时查看患者过往检测记录，“保存”功能可将当前检测结果及时存储避免数据丢失。“关于我们”板块能让用户了解系统开发团队等相关信息，整体设计充分考虑了用户的使用习惯和需求。系统界面设计图如图 5 所示。

## 4. 系统实现

### 4.1. 数据准备

本设计数据集从 DataFountain 中进行选取。DataFountain (简称 DF 平台)是国内领先的数据科学竞赛创新平台之一，提供数据竞赛 AI 算法大赛、数据集、项目实训、在线编程等服务。该数据集包含 12,500 张血细胞增强图像(JPEG)，并带有伴随的细胞类型标签(CSV)。

该数据集中共有四类血细胞，分别为 EOSINOPHIL (嗜酸性粒细胞)、LYMPHOCYTE (淋巴细胞)、MONOCYTE(单核细胞)、NEUTROPHIL (中性粒细胞)，每类血细胞有 3000 张图片，分别存放与训练集、测试集以及验证集中。四类血细胞训练集如下图 6~8 所示：

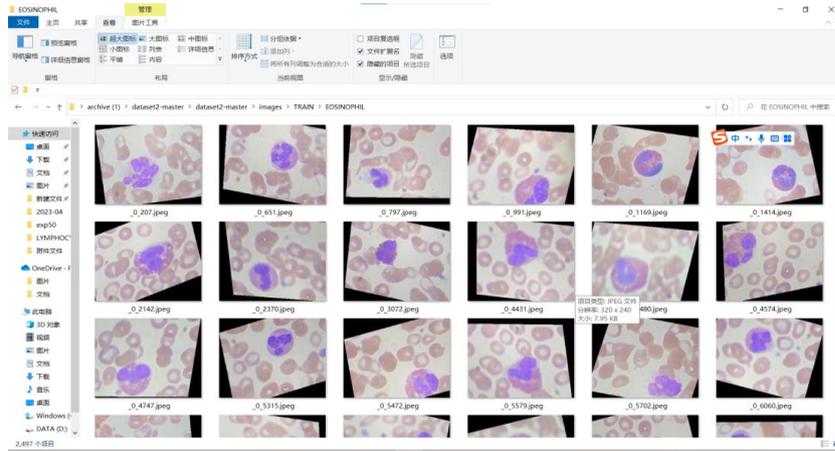


Figure 6. Eosinophil training set  
图 6. 嗜酸性粒细胞训练集

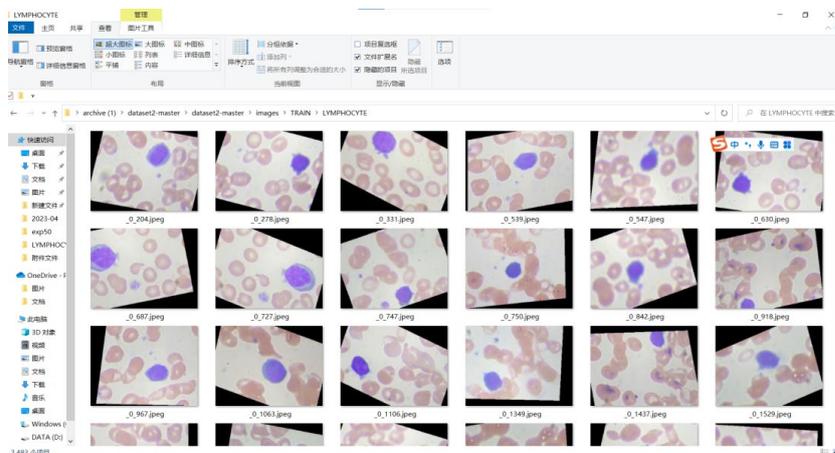


Figure 7. Lymphocyte training set  
图 7. 淋巴细胞训练集

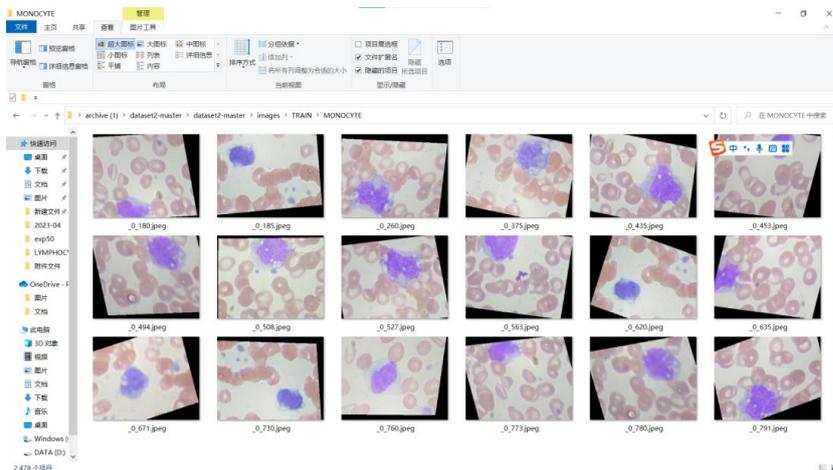


Figure 8. Monocyte training set  
图 8. 单核细胞训练集

## 4.2. 数据标注



Figure 9. Labelme labeling of blood cell images  
图 9. Labelme 对血细胞图像进行数据标注图

将数据集对应的文件导入 Labelme 中并进行标注，并对标注完所生成的 JSON 文件进行保存。将生成的 JSON 文件放入到 YOLOv5 文件夹当中，通过 zhuanhuan2.py 文件将 JSON 格式的数据集转换成 YOLOv5 格式。标注过程如图 9 所示。

## 4.3. 血细胞识别

血细胞识别步骤主要有获取图像地址、加载图像信息、获取设备信息、加载训练好的数据模型、对图像进行识别和保存结果。具体模型检测流程图如图 10 所示。

## 4.4. 血细胞识别界面设计

血细胞识别系统的各界面主要通过 PyQt5 的设计来实现的。而界面的接口主要通过 PyQt5 库函数提供的各种组件类来设计，然后通过调用组件事件和插槽机制来触发特定的函数。界面设计流程图如下图 11 所示：

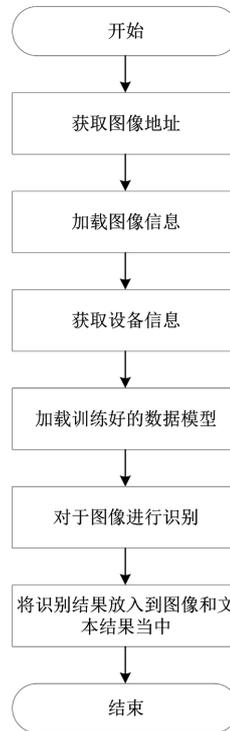


Figure 10. Model detection flowchart  
图 10. 模型检测流程图

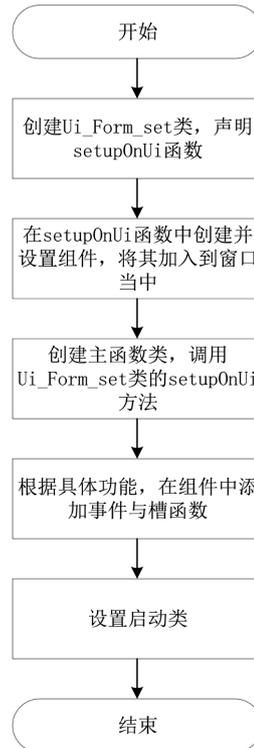


Figure 11. Interface design flow chart  
图 11. 界面设计流程图

## 4.5. 测试软硬件环境

本作品训练阶段采用的是深度学习工作站，硬件环境配置如下表 1 所示：

**Table 1.** Hardware environment table

**表 1.** 硬件环境表

名称	型号
CPU	Intel(R) Core(TM) i7-9750H CPU @ 2.60GHz
内存	16.0 GB
主板	技嘉 B760M AORUS ELITE AX
硬盘	致态 tiplus7100
GPU	Quadro P6000

软件测试环境，配置如下表 2 所示：

**Table 2.** Software environment table

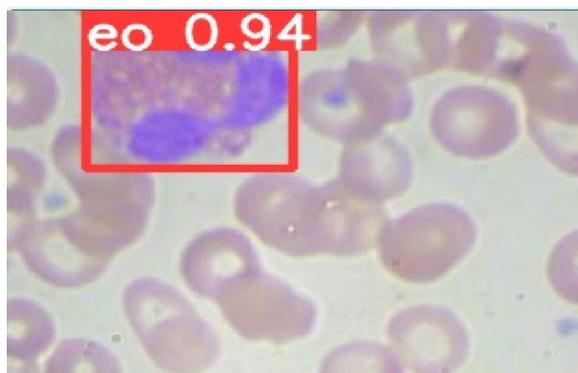
**表 2.** 软件环境表

名称	版本
编辑器	PyCharm
运行框架	Pytorch
操作系统	Windows10

图片数据集则包含 12,500 张血细胞增强图像(JPEG)，并带有伴随的细胞类型标签(CSV)。该数据集中共有四类血细胞，分别为 EOSINOPHIL (嗜酸性粒细胞)、LYMPHOCYTE (淋巴细胞)、MONOCYTE (单核细胞)、NEUTROPHIL (中性粒细胞)，每类血细胞有 3000 张图片，分别存放与训练集、测试集以及验证集中。本设计中将训练集与测试集以 9:1 的比例来进行划分，从每个类中选取训练集图像约为 2400 张，测试集约为 270 张，验证集则约为 10 张，训练集与测试集数据均需要用 labelme 软件进行标注，而验证集则用来检验模型性能。

## 5. 系统测试

### 5.1. 血细胞识别算法效果



**Figure 12.** Effect of eosinophil detection

**图 12.** 嗜酸性粒细胞检测效果图

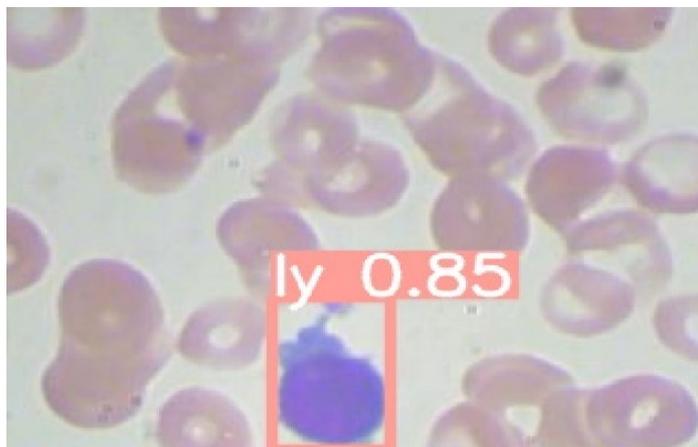


Figure 13. Effect diagram of lymphocyte detection  
图 13. 淋巴细胞检测效果图

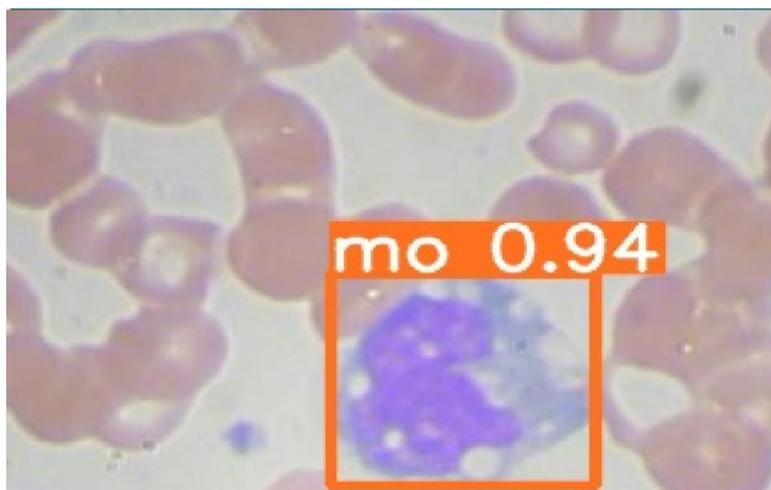


Figure 14. Effect of monocyte detection  
图 14. 单核细胞检测效果图

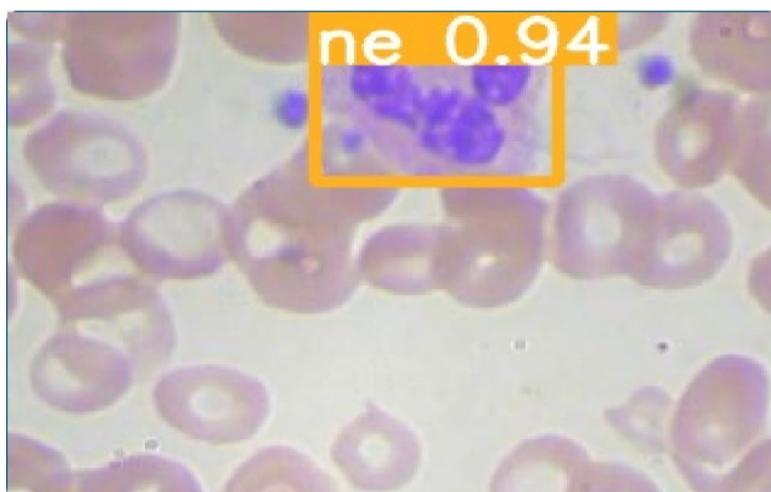


Figure 15. Neutrophil detection effect diagram  
图 15. 中性粒细胞检测效果图

血细胞检测效果图如图 12~15 所示，其中 eo 表示嗜酸性粒细胞，ly 表示淋巴细胞，mo 代表单核细胞，ne 代表中性粒细胞。图中红色矩形框为检测到的目标的外接框，外接框上方的信息为识别到的血细胞类别名称和置信度。

### 5.2. 血细胞识别系统功能

血细胞识别系统界面的主界面使用效果图，可以看到检测前与检测后的检测效果图，图中 eo 表示嗜酸性粒细胞，系统主界面有性别、年龄、种类等选择功能，可以方便保存患者的数据，效果图如图 16 所示。

历史查询界面可以根据样本号以及时间查询到具体的样本号、姓名、性别、年龄、种类等，并且能够看到每位患者的检测效果图，信息效果图如下图 17 所示。

在历史查询界面中，通过输入患者相关信息，能够获取其已录入的信息，能够通过选择样本号、姓名、种类、年龄和性别来查询系统中已录入的信息。通过样本号来进行查询，如图 18 所示。

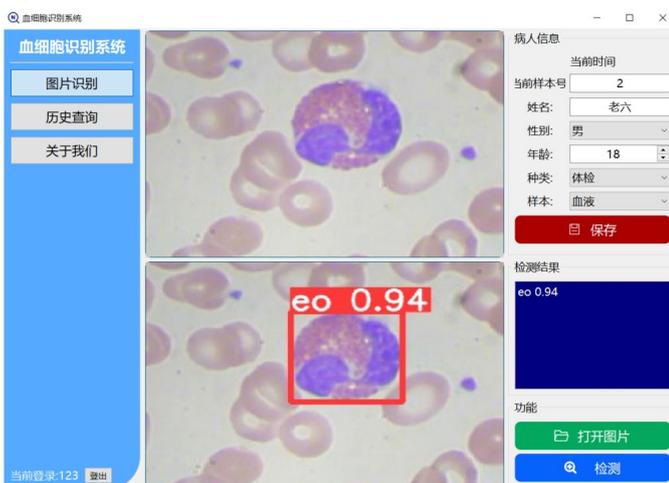


Figure 16. Effect diagram of blood cell recognition interface  
图 16. 血细胞识别界面效果图



Figure 17. Rendering of the historical query interface  
图 17. 历史查询界面效果图

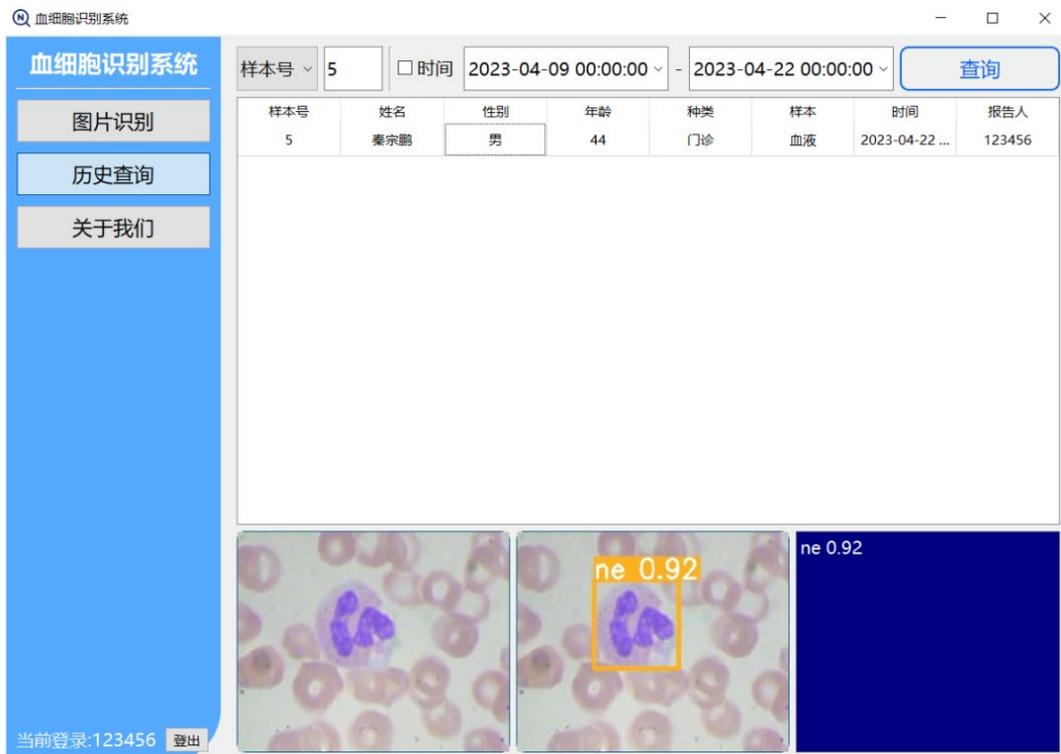


Figure 18. Effect diagram of querying information by querying sample number  
图 18. 通过查询样本号查询信息效果图

### 5.3. 算法性能分析

目标检测算法中，一般采用 MAP 来评价检测算法的准确度以及稳定性。0.5 为交并比(IOU)阈值。横轴为训练轮次(epoch)，纵轴为 MAP 值。评价效果如下图 19 所示。

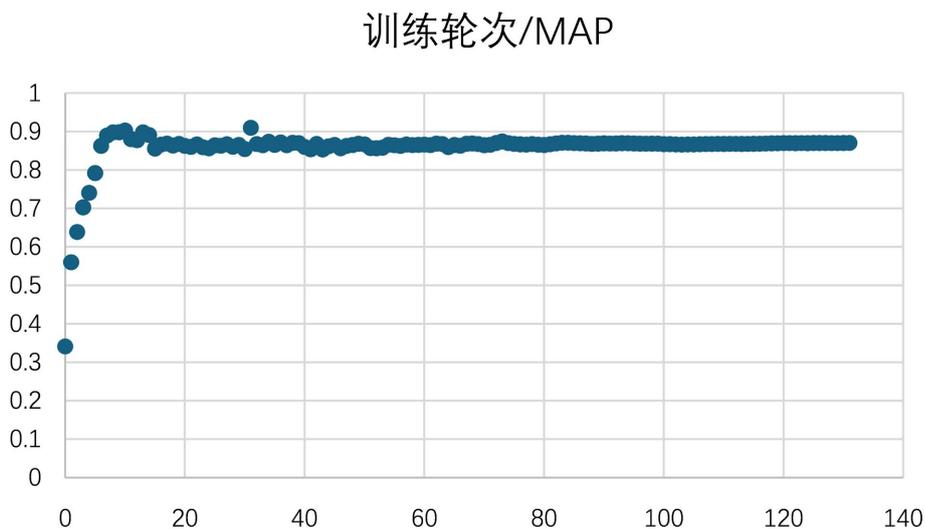


Figure 19. MAP results at IOU threshold of 0.5  
图 19. IOU 阈值在 0.5 时，MAP 的结果图

从图中可以看出在 IOU 为 0.5 的情况下, 经过 130 多轮训练后 MAP 能够达到 85% 以上, 则可以说明该检测算法在该环境检测效果良好且识别效果可靠, 从而能够进一步说明 YOLOv5 模型在血细胞识别这一方向中比较具有说服力, 因为其在这一方向上有着较为良好识别效果。

## 6. 结语

本次设计过程当中重点掌握深度学习卷积神经网络的思想理论和实现目标检测的原理, 并对原理进行深入学习, 熟悉其核心思想与操作过程。在具备其相关的理论基础后, 收集约 12,000 个血细胞的图像数据, 用 labelme 工具对图像数据进行数据标注操作, 随后对标注的数据进行模型训练, 通过编程制作血细胞检测系统并实现血细胞识别历史查询、患者信息录入等功能, 最终完成了血细胞识别方法的设计和实现。该系统的建立有效结合了深度学习技术与血细胞检测需求, 解决了传统检测方法成本高和精度不足的问题。YOLOv5 算法在血细胞识别任务中展现出良好的性能, 经过多轮训练后检测准确度较高, 为血细胞检测提供了新的技术方案, 本研究也为后续相关领域的研究和应用拓展提供了实践基础和参考依据, 有助于推动医学检测技术在深度学习方向的进一步发展。

## 基金项目

西安市科学技术局科技计划项目(22GXFW0149)。

## 参考文献

- [1] 蔡润秋, 巫琦, 马靖武, 等. 基于阈值图像分割结合深度学习的血细胞识别算法研究[J]. 中国医学装备, 2024, 21(7): 39-42+53.
- [2] 贺晓松, 胡川丽, 赵江. 基于深度学习的非小细胞肺癌检测[J]. 临床放射学杂志, 2025, 44(2): 265-273.
- [3] 王海宝, 刘红岩, 魏志, 等. 基于深度学习的骨髓细胞图像分类研究[J]. 基因组学与应用生物学, 2024, 43(Z2): 1872-1882.
- [4] Toia, G.V. (2022) Editorial Comment: Deep Learning Image Reconstruction—Do Better Images Make a Better Radiologist? *American Journal of Roentgenology*, **220**. <https://doi.org/10.2214/AJR.22.28658>
- [5] Rubinstein, J.C., Pour, A.F., Zhou, J., Sheridan, T.B., White, B.S. and Chuang, J.H. (2022) Deep Learning Image Analysis Quantifies Tumor Heterogeneity and Identifies Microsatellite Instability in Colon Cancer. *Journal of Surgical Oncology*, **127**, 426-433. <https://doi.org/10.1002/jso.27118>