

# 基于深度学习的乳腺癌细胞图像检测 算法研究

## ——融合超分辨率增强与注意力机制的YOLO11改进框架

陈亚茹\*, 张燕琳, 金新颖, 贾召弟, 王敬博, 周昶鸿

北华航天工业学院计算机学院, 河北 廊坊

收稿日期: 2026年4月23日; 录用日期: 2026年5月22日; 发布日期: 2026年5月28日

### 摘要

乳腺癌有丝分裂细胞计数是病理诊断与预后评估的重要依据, 也是衡量肿瘤增殖活性和治疗效果的重要指标。当前人工计数方法受限于主观性强、效率低且重复性差, 难以满足临床精准诊断需求。为提升病理图像中小尺度、多形态有丝分裂细胞的检测性能, 本文构建了一种融合超分辨率增强与注意力机制的YOLO11改进框架。该方案首先通过PFT-SR模型对病理图像进行超分辨率重建, 有效恢复细胞核的细节特征; 在此基础上, 将CoordAttention注意力机制引入检测网络, 增强模型对关键区域的聚焦能力。在GZMH乳腺病理数据集上的实验表明, 本文方法在关键指标上达到mAP@0.5: 0.597, F1分数: 0.608, 性能优于主流检测模型, 验证了其在有丝分裂细胞检测任务中的有效性与鲁棒性, 并展示了方法在临床辅助诊断中的潜在应用价值。

### 关键词

乳腺癌, 有丝分裂检测, 超分辨率, YOLO11, 注意力机制

# Research on Deep Learning-Based Algorithm for Breast Cancer Cell Image Detection

## —YOLO11 Enhanced by PFT-SR Super-Resolution, CoordAttention, and Loss Function Optimization

Yaru Chen\*, Yanlin Zhang, Xinying Jin, Zhaodi Jia, Jingbo Wang, Changhong Zhou

School of Computer Science, North China Institute of Aerospace Engineering, Langfang Hebei

\*通讯作者。

文章引用: 陈亚茹, 张燕琳, 金新颖, 贾召弟, 王敬博, 周昶鸿. 基于深度学习的乳腺癌细胞图像检测算法研究[J]. 计算机科学与应用, 2026, 16(5): 327-336. DOI: 10.12677/csa.2026.165187

## Abstract

Mitotic cell count is a critical parameter in breast cancer for pathological diagnosis, prognosis assessment, and evaluation of tumor proliferative activity. Manual counting, however, is hampered by subjectivity, low throughput, and poor reproducibility, limiting its utility in precision medicine. To address the challenge of detecting small and morphologically diverse mitotic figures in whole-slide images, this study presents an enhanced YOLO11 framework that integrates super-resolution reconstruction and a channel-wise attention mechanism. Our method employs a PFT-SR model to initially restore fine nuclear details through super-resolution, followed by the incorporation of the CoordAttention mechanism to sharpen the network's focus on critical cellular regions. Evaluated on the GZMH breast histopathology dataset, the proposed approach achieved a mAP@0.5 of 0.597 and an F1-score of 0.608, surpassing the performance of existing mainstream detectors. These results confirm the framework's robustness and efficacy in mitotic cell detection and underscore its significant potential as a decision-support tool in clinical diagnostics.

## Keywords

Breast Cancer, Mitosis Detection, Super-Resolution, YOLO11, Attention Mechanism

Copyright © 2026 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

乳腺癌的精准诊疗离不开病理学评估，其中，有丝分裂细胞计数是诺丁汉组织学分级系统的核心指标之一，对判断肿瘤增殖活性与患者预后具有重要意义[1][2]。这一过程目前主要依靠病理学家在显微镜下逐一观察，极易受到经验差异、视觉疲劳以及染色等前处理因素的影响，造成诊断一致性不足和效率偏低，已成为精准病理中的突出限制[3][4]。

深度学习的发展推动了数字病理分析的自动化。Faster R-CNN、YOLO 等目标检测算法已被用于细胞核检测任务，并展现出良好潜力[5][6]。但当这些通用模型应用于有丝分裂细胞检测时，依旧面临一系列固有难题。有丝分裂细胞体积小，在深层网络的下采样过程中极易失去关键特征[7][8]；细胞分裂的形态呈连续变化，类内差异显著；组织环境复杂，细胞堆叠、背景干扰等情况普遍存在，使检测变得更加困难。

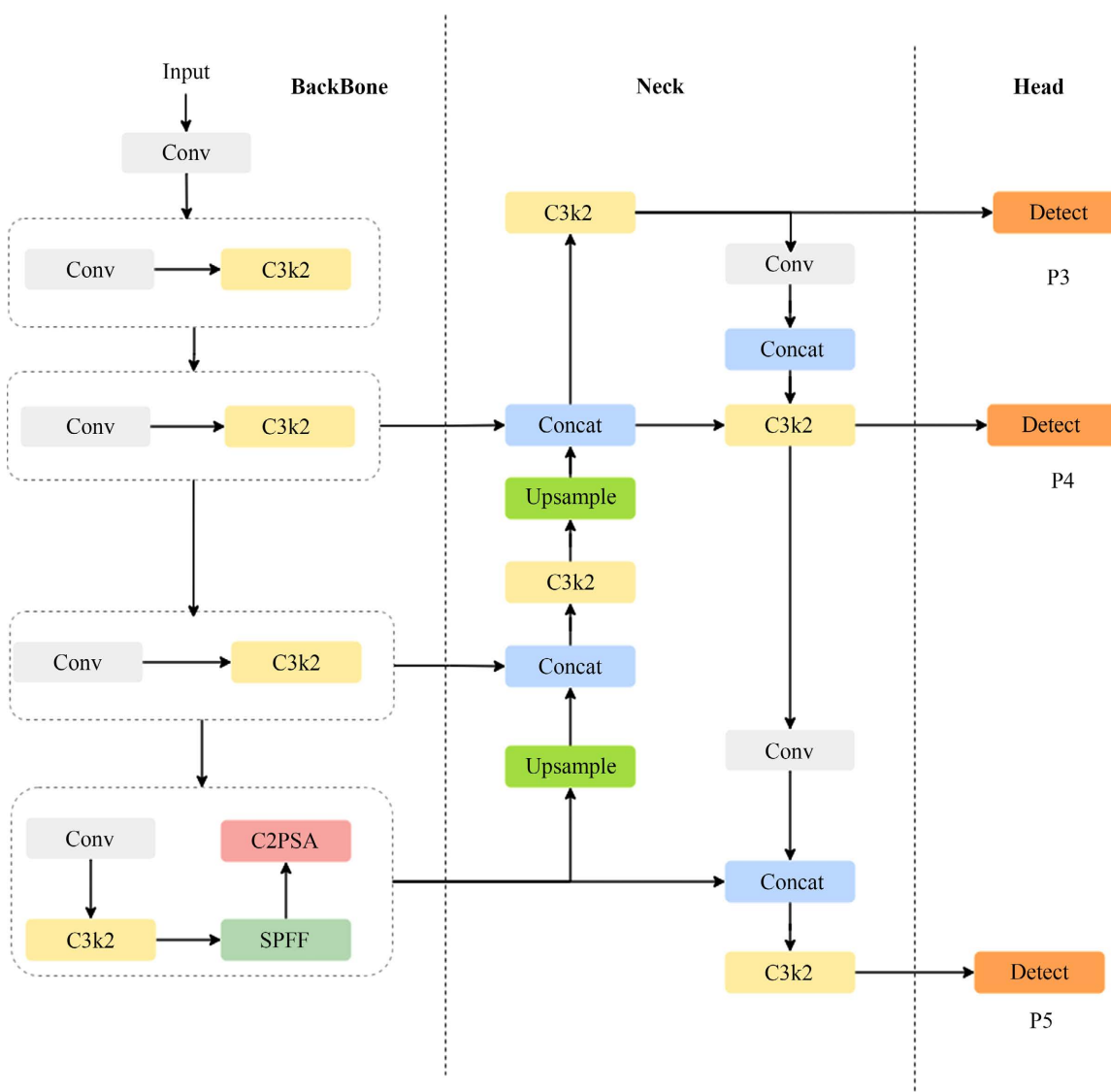
围绕这些问题，已有研究从多尺度特征、注意力机制以及图像质量提升等方面展开探索。特征金字塔被用来增强模型对不同尺度目标的表征能力，注意力机制用于突出关键区域[9]，而超分辨率方法在恢复细节方面表现突出，也被逐渐引入病理图像处理流程[10][11]。尽管如此，大多数方法仍局限于检测网络结构的局部改进，对图像质量、特征提取与损失函数之间的协同关注不足。如何将这三个环节统一在一个更完整的优化框架中，仍是当前研究尚未充分解决的问题。

基于这一背景，本研究设计了一套从输入图像到检测输出均可协同优化的深度学习框架。PFT-SR 被用作前端超分辨率模块，用以恢复细胞核边缘与纹理细节，为检测提供更清晰的输入[10]。检测网络中，在 YOLO11 骨干的 P2 层引入 CoordAttention 以加强空间位置信息的编码能力，使模型在组织背景复杂

的情况下仍能保持对关键区域的聚焦[9]。具体嵌入位置选定于 P2/4 下采样层之后，对应第 2 层 C3k2 模块输出后的特征处理阶段。该框架实现了图像预处理和特征表达有机结合，为自动化有丝分裂细胞检测提供了更高的可靠性与适用性。

## 2. 方案设计

本研究提出了一种结合超分辨率重建与改进检测网络的病理图像分析方法，以提升乳腺癌有丝分裂细胞核的识别精度。在输入端，针对原始高分辨率病理切片，首先将图像切割为适当尺寸的小块以便高效处理；随后对每个小块应用 PFT-SR (Progressive Focused Transformer for Single Image Super-Resolution) 模型进行超分辨率增强，从而强化细胞边缘和纹理特征，缓解模糊及噪声带来的判别困难；在检测框架中以图 1 所示的 YOLO11 为基础并融合 CoordAttention 模块，通过方向感知的注意力机制在通道与空间维度上同时建模，使网络在复杂背景下更易聚焦于关键区域并提升特征表达的判别性。



**Figure 1.** Overall structure of the YOLO11 network  
**图 1.** YOLO11 整体网络结构图

为保证数据与模型输入的一致性，本研究对原始乳腺癌病理切片数据集进行了标准化预处理，将标注信息统一转换为 YOLO 格式(包含类别及边界框坐标)，并合理划分为训练集、验证集和测试集，为模型训练提供了高质量的数据基础。在模型设计方面，我们采用了一系列创新性改进：首先引入 PFT-SR 超分辨率模型作为预处理阶段，有效提升输入图像的空间分辨率，增强细胞核细节特征；随后在 YOLO11 检测网络中集成 CoordAttention 注意力机制，通过坐标信息引导特征提取过程，增强模型对空间位置和通道信息的建模能力。

## 2.1. PFT-SR 图像超分辨率方法

图像超分辨率旨在从低分辨率观测图像中重建出高分辨率结果，本质上是一个病态逆问题。传统基于卷积神经网络的方法在局部特征提取与参数效率方面优势显著，但受限于卷积核的固定感受野，难以有效建模长程依赖关系，面对复杂纹理、非平稳结构或噪声干扰时重建效果受限。为突破这一局限，研究者逐步将 Transformer 引入超分领域，借助自注意力机制实现全局上下文建模，在重建精度与视觉质量上取得显著提升。

PFT-SR (Progressive Focused Transformer for Single Image Super-Resolution)是近年来提出的一种代表性超分方法，其结构如图 2 所示。该方法在浅层特征提取与上采样重建阶段保留卷积结构，以保证局部结构的高效编码；在深层特征处理中堆叠渐进聚焦 Transformer 模块，通过由粗到细的策略逐步收窄注意力范围，在控制计算开销的同时充分捕获全局依赖与高频细节。相比传统 CNN 方法，PFT-SR 兼顾了局部纹理保持与长程上下文建模，在纹理复杂或含噪图像的超分任务中表现出更强的鲁棒性。

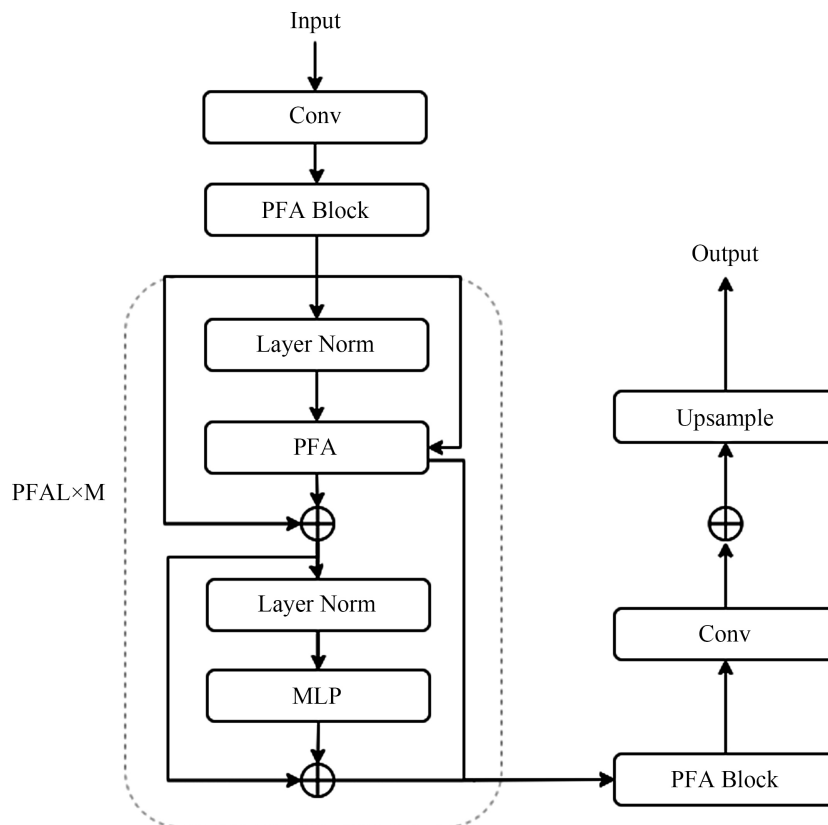


Figure 2. Schematic diagram of the PFT-SR network architecture  
图 2. PFT-SR 网络整体框架示意图

## 2.2. CoordAttention 坐标注意力模块

CoordAttention (坐标注意力)模块是一种增强网络对空间信息感知能力的注意力机制,其结构如图3所示。不同于传统的通道注意力或自注意力机制仅关注通道权重或全局信息,CoordAttention能够同时编码纵向和横向的位置信息,从而显著提升模型对目标位置及局部结构的捕捉能力。该模块在中层特征图中尤其有效,因为中层特征兼具语义信息和空间分辨率,适合增强对中小目标及复杂纹理的表达。

假设 Backbone 或上一层特征图输出为  $F_{in} \in R^{C \times H \times W}$ , CoordAttention 首先沿高度方向和宽度方向分别进行全局平均池化,得到两个方向的空间信息向量:

$$f_h(c, x) = \frac{1}{H} \sum_{i=1}^H F_{in}(c, i, x), f_w(c, y) = \frac{1}{W} \sum_{j=1}^W F_{in}(c, y, j) \quad (1)$$

其中  $H$ 、 $W$  分别为特征图高度与宽度,  $c$  表示通道索引。通过这种分离式池化,模块能够捕捉每个通道在纵向和横向的分布信息,实现对空间位置的编码。

随后将  $f_h$  和  $f_w$  拼接后,通过卷积变换和非线性激活函数生成注意力映射  $A$ :

$$A = \sigma(\text{Conv}([f_h, f_w])) \quad (2)$$

最后,将注意力映射  $A$  与输入特征图逐元素相乘,实现空间感知增强:

$$F_{out} = F_{in} \odot A \quad (3)$$

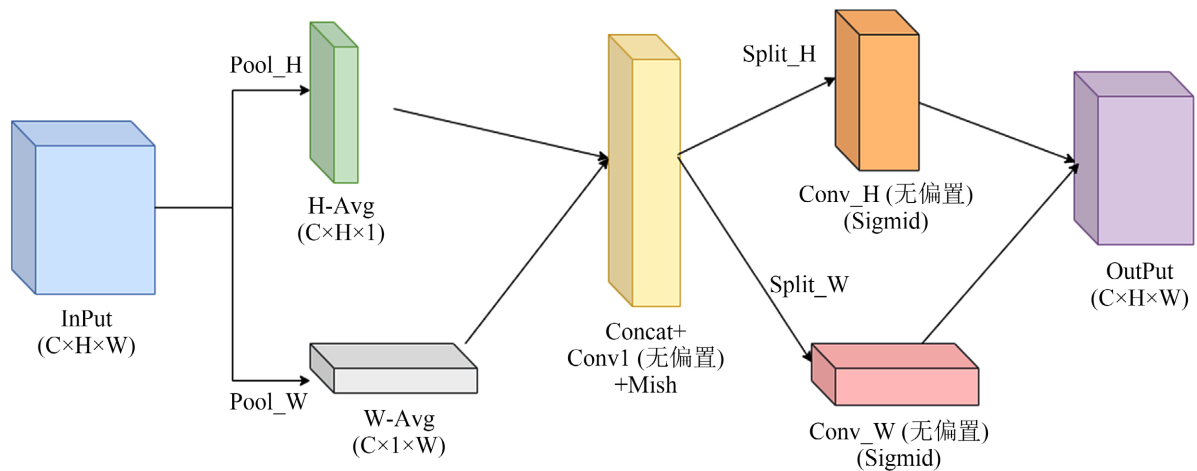


Figure 3. CoordAttention module schematic diagram

图3. CoordAttention 模块结构示意图

## 3. 实验

### 3.1. 数据集

在本实验中,我们采用来自中国赣州市立医院临床环境的乳腺癌病理图像数据集 GZMH (Guangzhou Medical Histopathology)数据集进行乳腺癌有丝分裂细胞检测研究。该数据集包含高分辨率乳腺病理切片图像,并由专业病理学家标注了有丝分裂细胞的边界框及类别信息。由于有丝分裂细胞在图像中体积较小、分布稀疏且背景复杂,GZMH数据集非常适合用于小目标检测和细节特征恢复的实验评估,其部分图像如图4所示。

在数据处理阶段,首先对原始数据进行格式转化,将标注信息统一转换为 YOLO 目标检测所需的标

准格式, 包括每个目标的中心坐标、宽高及类别标签。随后对原始高分辨率切片进行切割与重采样, 生成适合模型输入的图像块(patch), 以保证 GPU 内存可用性, 并为后续训练提供高质量的细粒度图像。

通过这一处理流程, GZMH 数据集能够充分验证模型在小目标检测、纹理细节保留以及复杂组织背景下的鲁棒性, 为后续比较不同网络模块的性能提供了可靠数据支持。

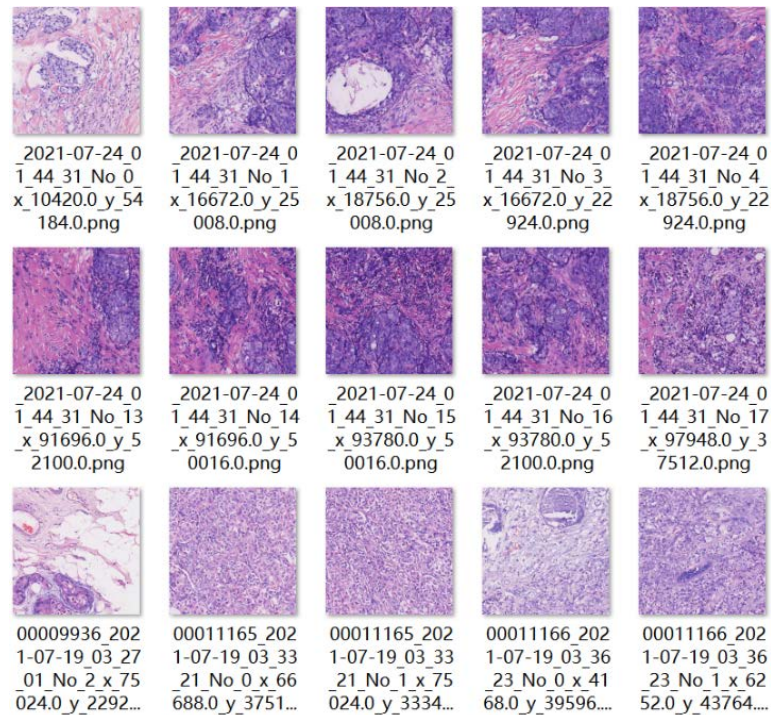


Figure 4. Sample images from the dataset

图 4. 数据集部分图像

### 3.2. 评价指标

(1) 精度(Precision): 表示在模型预测为乳腺癌有丝分裂细胞核的所有样本中, 实际为乳腺癌有丝分裂细胞核的比例。精度反映了模型在减少误报方面的能力。公式如下:

$$\text{Precision} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}} \quad (4)$$

其中, TP 为模型正确预测的正类样本数, FP 为模型错误预测为正类的样本数。

(2) 召回率(Recall): 召回率表示在所有实际为乳腺癌有丝分裂细胞核的样本中, 模型能够正确检测出的比例。召回率用于衡量模型在减少漏报方面的能力。公式如下:

$$\text{Recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} \quad (5)$$

其中, TP 为模型正确预测的正类样本数, FN 为实际为正类但未被模型检测出的样本数。

(3) 平均精度均值(mAP): mAP 是目标检测任务中的常用指标, 用于评估模型在不同阈值下的检测性能。通过计算精度 - 召回率曲线并计算曲线下的面积来得到平均精度(AP), 而 mAP 则是多个 IoU (Intersection over Union) 阈值下的 AP 值的平均。

mAP@[0.5]表示在 IoU 阈值为 0.5 时的平均精度。IoU 阈值为 0.5 时, 要求预测框和真实框的重叠区

域占两者的 50% 以上。mAP@[0.5]是目标检测任务中常用的评价指标，用于评估模型在较宽松条件下的检测性能，能够较好地反映模型是否能够捕捉到目标。

mAP@[0.5:0.95]表示在多个 IoU 阈值(从 0.5 到 0.95，每 0.05 为一档)下的平均精度。该指标更加严格，因为它要求模型在不同的 IoU 阈值下都能保持较高的检测精度。mAP@[0.5:0.95]通常用于全面评估模型的泛化性能，特别是在检测细小或重叠目标时具有更高的区分度。计算公式为：

$$\text{mAP}@0.5:0.95 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N AP_i \quad (6)$$

其中， $AP_i$  为第  $i$  个 IoU 阈值下的平均精度， $N$  为 IoU 阈值的数量。

(4) F1 分数：F1 值是精确率(Precision)和召回率(Recall)的调和平均数，用于综合评价模型的检测性能。当模型在精确率和召回率之间存在权衡时，F1 值能够提供一个平衡的指标，尤其适合在类别不平衡的数据集上衡量检测效果。其计算公式如下：

$$\text{F1} = \frac{2 \times \text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (7)$$

其中，Precision 表示模型预测为乳腺癌有丝分裂细胞核的样本中真正为正类的比例，Recall 表示在所有实际为正类的样本中被正确预测的比例。F1 值越接近 1，说明模型在准确性和全面性之间达到了较好的平衡。

### 3.3. 实验及结果

#### 3.3.1. 对比实验与性能分析

在本研究中，所有模型均基于 GZMH 数据集进行训练与评估，评价指标主要包括召回率和 F1 值，以全面衡量模型在乳腺癌有丝分裂细胞核检测任务中的性能。表 1 给出了不同模型在该数据集的表现[12]。

**Table 1.** Performance comparison of different models on the GZMH dataset  
**表 1.** 不同模型在 GZMH 数据集上的性能对比

Model	Recall	F1
Faster RCNN	0.497	0.173
FSAF	0.348	0.436
RetinaNet	0.491	0.476
yolov3	0.529	0.480
SSD	0.489	0.511
yolov8	0.416	0.504
<b>yolo11</b>	<b>0.502</b>	<b>0.553</b>

从表 1 的结果可以看出，传统的 Faster RCNN 在召回率上仅达到 0.497，且 F1 值仅为 0.173，表明其在小目标有丝分裂细胞核的检测中存在明显不足。FSAF 虽然召回率最低，但 F1 值为 0.436，说明在召回能力不足的情况下，其预测仍较为稳定。RetinaNet 与 YOLOv3 的表现相对均衡，其中 YOLOv3 的召回率最高，但其 F1 值与 RetinaNet 相近。SSD 在召回率略低于 YOLOv3 的情况下，取得了最高的 F1 值，表明其在精确率与召回率之间实现了较好的平衡。

在 YOLO 系列模型中，YOLOv8 和 YOLO11 展现了更强的检测潜力。相较于 YOLOv3，YOLOv8 在

网络结构设计和小目标检测能力上进行了优化，而 YOLO11 作为最新一代模型，在特征提取、特征融合及检测头设计方面进一步提升，能够在 GZMH 数据集上实现更高的召回率和 F1 值。因此，本文最终选择 YOLO11 作为主要实验模型，并在其基础上引入改进模块，以进一步增强对乳腺癌有丝分裂细胞核的检测效果。

### 3.3.2. 消融实验与性能对比

在对 YOLO11 系列模型进行消融实验，对比各模型在 GZMH 数据集上的训练表现。表 2 总结了模型在不同输入尺寸与不同模块下的实验结果。

**Table 2.** Ablation experiments and performance comparison

**表 2.** 消融实验与性能对比

InptSize	Model	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95	Precision	Recall	F1
640	yolo11n	0.536	0.328	0.614	0.502	0.553
640	yolo11s	0.526	0.328	0.650	0.426	0.514
640	yolo11m	0.526	0.327	0.628	0.458	0.530
640	yolo11x	0.519	0.319	0.630	0.460	0.532
1024	yolo11n	0.540	0.341	0.673	0.453	0.535
1024	yolo11x	0.533	0.334	0.670	0.437	0.529
1024	yolo11n + PFT-SR	0.550	0.350	0.712	0.423	0.531
1024	yolo11x + PFT-SR	0.576	0.359	0.618	0.562	0.589
<b>1024</b>	<b>yolo11x + PFT-SR + CoordAttention</b>	<b>0.597</b>	<b>0.370</b>	<b>0.625</b>	<b>0.591</b>	<b>0.608</b>

本实验选取分辨率为  $640 \times 640$  的原始模型作为对照基线，该基线模型各项检测指标处于中等水平。其中 mAP@0.5 数值集中在 0.519 至 0.536 区间内，mAP@0.5:0.95 数值均未超过 0.330，召回率表现相对薄弱，最高数值仅为 0.502，对应 YOLO11n 模型。这组实验结果直观反映低分辨率输入的固有缺陷，病理图像中的有丝分裂细胞核尺度微小、形态细节细碎，低分辨率条件下模型难以完整捕捉关键判别特征，漏检情况较为明显，暂无法满足临床病理检测的严苛要求。

为解决低分辨率特征缺失的问题，研究将模型输入尺寸提升至  $1024 \times 1024$ ，保留基准模型结构开展对照测试。实验结果显示，提升分辨率后的 YOLO11x 模型，mAP@0.5 提升至 0.533，精确率提升至 0.670，但召回率由 0.460 降至 0.437，F1 值同步小幅下降。这一反向波动并非偶然，单纯提升分辨率虽能丰富图像空间细节、提升判别精准度，也会放大病理切片的冗余背景干扰，导致部分弱特征小目标难以被识别，说明针对高分辨率下背景干扰增加、目标特征辨识度不足的问题，在  $1024 \times 1024$  分辨率输入下引入 PFT-SR 超分辨率重建模块进行对比实验。结果表明，不同模型对 PFT-SR 的适配效果存在差异，YOLO11x 结合 PFT-SR 后提升更为显著，检测效果得到优化。综合考虑检测精度与召回率的平衡，后续选用 YOLO11x + PFT-SR 作为基础配置。从机理来看，PFT-SR 模块通过精细化特征重建，强化了目标细微形态表达，分离背景噪声与目标特征，缓解了高分辨率下目标特征被掩盖的情况，对小尺度、弱特征有丝分裂细胞的检出能力有所改善。

在加入 PFT-SR 模块实现特征增强的基础上,进一步引入 CoordAttention 坐标注意力机制,模型各项检测指标继续优化,达到本次消融实验的最优水平。优化后的模型 mAP@0.5 达到 0.597,召回率提升至 0.591, F1 值达到 0.608。核心原因在于 CoordAttention 兼顾通道权重与空间位置信息,能够聚焦目标关键特征区域,进一步过滤冗余背景干扰,在保持较高召回率的同时,微调检测精度,平衡了模型的判别与检出能力。

纵观几组实验的性能变化,不同改进策略的适配性与互补性较为清晰。单纯提升分辨率仅能小幅优化精确率,还会造成召回率下滑,导致整体性能失衡。PFT-SR 超分辨率模块侧重特征增强,改善了召回率偏低的问题,夯实了模型检出能力。CoordAttention 机制通过注意力引导,进一步平衡精确率与召回率,推动整体性能稳步提升。三者结合的优化策略,突破了单一改进的性能局限,验证了超分辨率重建与坐标注意力机制在细粒度小目标检测中的协同作用。

结合病理图像检测特性,有丝分裂细胞目标微小、细节敏感、背景复杂,对模型特征提取与抗干扰能力要求较高,单纯分辨率升级难以挖掘模型潜力。本次消融实验证实,高分辨率输入结合特征增强与注意力引导的一体化优化思路,能够提升检测模型的精度与鲁棒性,为后续病理图像目标检测模型的结构优化、策略选型提供实验支撑与技术参考。

## 4. 讨论

乳腺癌病理图像中有丝分裂细胞核的检测始终面临小目标识别难度大、特征信号微弱及形态异质性显著等核心挑战。本研究构建了融合超分辨率重建、注意力机制的检测框架,实验结果证实各模块的协同作用可显著提升检测性能,但该框架的作用机制与实际应用局限性仍需进一步深入剖析。

鉴于病理图像在采样与成像过程中不可避免地存在信息损失,本研究在前端预处理阶段引入 PFT-SR 超分辨率模型。从技术效果来看,该模型可有效增强图像高频纹理信息,显著改善细胞核边缘细节与染色质分布的可分辨性,不仅提升了输入特征质量,更对后续特征提取网络形成正向赋能,其目标细节捕获精度显著优于传统直接放大与多尺度训练方法。然而,超分辨率处理伴随计算开销的增加,在大规模全切片图像(WSI)推理场景中,该模块易成为制约整体检测效率的关键瓶颈。鉴于此,后续研究方向可聚焦于轻量化 SR 模型的设计,或构建基于图像质量的动态 SR 适配策略,以平衡特征增强效果与计算效率。

在超分辨率重建模块的基础上,本研究进一步引入坐标注意力机制,以此强化网络对空间位置信息的编码能力。针对复杂组织背景下有丝分裂细胞体积微小、颜色异质性强的检测特性,坐标注意力机制能够同步保留通道信息与精确的空间位置信息,助力模型在特征提取与融合的全过程中,更精准地聚焦核心目标区域,高效适配此类细粒度目标的检测需求。消融实验结果表明,相较于仅采用超分辨率重建模块的模型,引入坐标注意力机制后,模型召回率与综合检测指标均得到有效提升,整体检测性能实现明显改善,进一步凸显了该机制在细粒度病理细胞检测任务中的适配性与增效价值。但注意力机制的引入同时导致模型参数量增加,在资源受限的边缘设备部署场景中,可能降低模型的实际应用效率,这一问题需在临床转化过程中结合具体应用场景进行权衡。

综上,本研究提出的多模块协同优化思路,不仅在有丝分裂细胞检测任务中展现出优异性能,更为病理图像中其他小目标检测问题提供了可借鉴的技术范式。但从实际应用角度分析,该模型在计算复杂度、训练耗时及大规模数据适应性方面仍存在改进空间,后续研究可围绕网络轻量化、半监督学习及跨数据集泛化能力展开深入探索。

## 5. 结论

针对乳腺癌有丝分裂细胞检测中存在的小目标检测难度大、形态异质性强及背景干扰显著等关键问

题,本研究提出一种改进的 YOLO11 框架,该框架整合了 PFT-SR 超分辨率重建、CoordAttention 注意力增强等技术。基于 GZMH 乳腺病理数据集的系统实验与消融分析证实,上述技术在特征增强、空间定位及难例样本学习方面均具备有效性。

实验结果显示,改进后的 YOLO11 框架在关键评价指标上表现突出:最佳模型的 mAP@0.5 达 0.597, F1 分数达 0.608,性能优于多种主流目标检测方法。具体而言,超分辨率模块为后续特征提取环节奠定了高质量输入基础,注意力机制强化了模型对目标区域的聚焦能力。上述改进共同保障了该框架在检测准确性、鲁棒性及临床应用潜力方面的较为优异表现。

未来研究可从四方面推进:其一,探索轻量化或动态调节超分辨率模块,以提升模型实时检测能力;其二,引入自监督或弱监督学习方法,缓解病理数据标注成本高的行业痛点;其三,研究跨域适应与多中心数据联合训练策略,提升模型在不同医疗机构、不同扫描设备下的泛化性能;其四,将有丝分裂细胞检测结果与细胞分级、肿瘤分型等下游任务进行联合建模,构建完整的病理智能辅助诊断流程。

综上所述,本研究提出的改进 YOLO11 框架为有丝分裂细胞自动化检测提供了较为可靠的技术方案,对推动数字病理智能化发展、促进临床辅助诊断技术进步具有一定的学术价值与实际意义。

## 参考文献

- [1] Elston, C.W. and Ellis, I.O. (1991) Pathological Prognostic Factors in Breast Cancer. I. the Value of Histological Grade in Breast Cancer: Experience from a Large Study with Long-Term Follow-Up. *Histopathology*, **19**, 403-410. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2559.1991.tb00229.x>
- [2] Frierson, H.F., Wolber, R.A., Berean, K.W., Franquemont, D.W., Gaffey, M.J., Boyd, J.C., *et al.* (1995) Interobserver Reproducibility of the Nottingham Modification of the Bloom and Richardson Histologic Grading Scheme for Infiltrating Ductal Carcinoma. *American Journal of Clinical Pathology*, **103**, 195-198. <https://doi.org/10.1093/ajcp/103.2.195>
- [3] Veta, M., van Diest, P.J., Jiwa, M., Al-Janabi, S. and Pluim, J.P.W. (2016) Mitosis Counting in Breast Cancer: Object-Level Interobserver Agreement and Comparison to an Automatic Method. *PLOS ONE*, **11**, e0161286. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161286>
- [4] Cree, I.A., Tan, P.H., Travis, W.D., Wesseling, P., Yagi, Y., White, V.A., *et al.* (2021) Counting Mitoses: Si(Ze) Matters! *Modern Pathology*, **34**, 1651-1657. <https://doi.org/10.1038/s41379-021-00825-7>
- [5] Ciresan, D.C., Giusti, A., Gambardella, L.M., *et al.* (2013) Mitosis Detection in Breast Cancer Histology Images with Deep Neural Networks. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, **16**, 411-418.
- [6] Mahmood, T., Arsalan, M., Owais, M., Lee, M.B. and Park, K.R. (2020) Artificial Intelligence-Based Mitosis Detection in Breast Cancer Histopathology Images Using Faster R-CNN and Deep CNNs. *Journal of Clinical Medicine*, **9**, Article 749. <https://doi.org/10.3390/jcm9030749>
- [7] Lin, T., Dollar, P., Girshick, R., He, K., Hariharan, B. and S. Belongie. (2017) Feature Pyramid Networks for Object Detection. 2017 *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Honolulu, 21-26 July 2017, 936-944. <https://doi.org/10.1109/cvpr.2017.106>
- [8] Min, K., Lee, G. and Lee, S. (2022) Attentional Feature Pyramid Network for Small Object Detection. *Neural Networks*, **155**, 439-450. <https://doi.org/10.1016/j.neunet.2022.08.029>
- [9] Hou, Q., Zhou, D. and Feng, J. (2021) Coordinate Attention for Efficient Mobile Network Design. 2021 *IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Nashville, 20-25 June 2021, 13713-13722. <https://doi.org/10.1109/cvpr46437.2021.01350>
- [10] Afshari, M., Yasir, S., Keeney, G.L., Jimenez, R.E., Garcia, J.J. and Tizhoosh, H.R. (2023) Single Patch Super-Resolution of Histopathology Whole Slide Images: A Comparative Study. *Journal of Medical Imaging*, **10**, Article No. 32059. <https://doi.org/10.1117/1.jmi.10.1.017501>
- [11] Long, W., Zhou, X., Zhang, L. and Gu, S. (2025) Progressive Focused Transformer for Single Image Super-Resolution. 2025 *IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Nashville, 10-17 June 2025, 2279-2288. <https://doi.org/10.1109/cvpr52734.2025.00218>
- [12] 汪华登, 王雪馨, 黎兵兵, 等. GZMH: 用于有丝分裂细胞核检测和分割的乳腺癌病理图像数据集[J]. 中国图象图形学报, 2024, 29(3): 608-619.