

基于背景信息增强的宫颈异常细胞分类网络

高达, 赵晶, 谢怡宁

东北林业大学机电工程学院, 黑龙江 哈尔滨

收稿日期: 2026年3月18日; 录用日期: 2026年4月17日; 发布日期: 2026年4月24日

摘要

宫颈异常细胞的精准分类是宫颈癌早期辅助筛查的重要环节。针对传统方法在同一背景下异常细胞关联信息挖掘不足、上下文环境利用不充分以及图像尺度变化导致特征信息丢失等问题, 本文提出一种基于背景信息增强的宫颈异常细胞分类网络。该方法引入图卷积增强同一背景下细胞之间的特征联系; 设计背景特征感知机制, 提升模型的上下文感知能力; 引入多尺度双视野融合卷积, 实现多尺度信息的有效整合。在多个数据集上的实验结果表明, 该方法在分类准确率、召回率等指标上均优于多种主流方法, 表现出良好的稳定性与鲁棒性, 为宫颈癌早期自动化筛查提供了一种有效的技术方案。

关键词

细胞分类, 图卷积, 背景感知, 多尺度双视野融合

Cervical Abnormal Cell Classification Network Based on Background Information Enhancement

Da Gao, Jing Zhao, Yining Xie

College of Mechanical and Electrical Engineering, Northeast Forestry University, Harbin Heilongjiang

Received: March 18, 2026; accepted: April 17, 2026; published: April 24, 2026

Abstract

Accurate classification of cervical abnormal cells is a crucial step in the early auxiliary screening of cervical cancer. To address the limitations of traditional methods, including insufficient exploration of correlations among abnormal cells within the same background, inadequate utilization of contextual environmental information, and loss of feature information caused by image scale variations, this paper proposes a cervical abnormal cell classification network based on background information

enhancement. The proposed method introduces a graph convolution mechanism to strengthen the feature relationships among cells within the same background. A background feature perception module is designed to improve the model's ability to capture contextual information. In addition, a multi-scale dual-receptive-field fusion convolution module is employed to effectively integrate features at different scales. Experimental results on multiple datasets demonstrate that the proposed method outperforms several mainstream approaches in terms of classification accuracy and recall, showing good stability and robustness. The proposed approach provides an effective technical solution for automated early screening of cervical cancer.

Keywords

Cell Classification, Graph Convolution, Background-Aware Mechanism, Multi-Scale Dual-Receptive-Field Fusion

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

宫颈癌是威胁女性健康的重要恶性肿瘤之一，宫颈病变的早期筛查与精准诊断对于降低其发病率和死亡率具有重要意义。宫颈异常细胞分类[1]作为筛查流程中的关键环节，其准确性直接影响临床诊疗决策。然而，宫颈细胞形态复杂多样，正常细胞与异常细胞、不同类型异常细胞之间常存在明显的形态重叠，同时细胞所处的背景环境以及细胞间的关联信息也会对分类结果产生重要影响。传统人工阅片方法依赖医生经验，不仅效率较低，在大规模筛查场景下还容易产生主观误差，难以满足实际需求。因此，研究高效、可靠的自动化宫颈异常细胞分类方法具有重要意义。

随着深度学习[2]在医学图像分析领域[3]的快速发展，基于卷积神经网络(CNN) [4]的宫颈异常细胞分类方法取得了显著进展。近年来，已有研究开始关注通过引入上下文信息或结构关系来提升宫颈细胞分类性能。例如，部分方法通过多尺度特征融合或注意力机制增强模型对细胞局部与全局特征的表达能力；也有研究尝试利用上下文区域信息或目标检测框架，引入邻域信息辅助分类。然而，这类方法大多仍停留在隐式上下文建模层面，即通过卷积感受野或注意力权重间接捕捉背景信息，缺乏对细胞间结构关系的显式建模。

此外，虽然图卷积网络[5]在医学图像分析中已被用于建模区域间关系，但现有方法多依赖深度特征构建图结构，缺乏与医学先验知识(如细胞核大小、核质比等形态学指标)的有效结合，导致构建的关系图在生物学解释性和判别能力上仍存在不足。

针对上述问题，本文从“细胞个体 - 细胞群体 - 背景环境”多层次信息建模的角度出发，提出一种基于背景信息增强的宫颈异常细胞分类方法，以实现更具判别力和可解释性的特征表达。

本文的主要贡献可以总结为以下方面：

(1) 提出一种融合医学先验与图卷积的细胞关系建模方法。不同于传统仅依赖深度特征构建图结构的方式，本文引入具有明确病理意义的形态学特征(如核大小、核质比等)作为节点属性，并基于余弦相似度构建动态关系图，从而实现同一背景下细胞群体结构的显式建模，提高了特征表达的判别性与可解释性。

(2) 构建分层式全局背景建模机制(GCA)。区别于现有方法中基于卷积或单级注意力的隐式上下文建模方式，本文设计“两级注意力”结构，从局部块内特征增强与全局块间依赖建模两个层面，显式刻画

细胞所处环境的空间关联关系，从而提升模型对复杂背景的适应能力。

(3) 设计多尺度双视野特征融合机制(MS-DRF)。相较于传统多尺度方法仅关注尺度变化，本文进一步引入大感受野与小感受野协同建模，在多尺度空间中同时捕捉全局轮廓信息与局部纹理细节，有效缓解了细胞尺寸变化带来的特征表达不一致问题。

(4) 在多个数据集上的实验结果表明，本文方法在准确率、召回率及 F1 值等指标上均优于多种主流方法，验证了所提模型在宫颈异常细胞分类任务中的有效性与鲁棒性。

2. 相关工作

宫颈癌细胞分类在宫颈癌的早期筛查、诊断和治疗中具有重要作用，可有效提升患者的治愈率与生存率。传统人工分类方法依赖医生经验，存在效率低、主观性强等问题，因此自动化宫颈细胞分类技术逐渐成为研究热点。近年来，相关研究主要集中在传统机器学习方法、深度学习方法以及集成与混合模型等方向。

基于传统机器学习[6]-[8]的宫颈细胞分类方法：传统机器学习方法通常需要先进行人工特征提取，再通过分类器完成分类任务，在早期研究中得到广泛应用。相关研究主要通过设计纹理描述符、优化特征提取算法或改进分类器来提升分类性能。例如，有研究结合改进纹理特征与多层前馈神经网络实现细胞分类，在 HERlev 数据集上取得较高准确率；也有研究通过优化深度网络特征提取流程，并结合极限学习机等分类器进行分类。此外，一些方法结合目标检测网络或生成对抗网络实现细胞分割与分类，但部分方法仍依赖人工标注或复杂特征设计，限制了其应用效率和泛化能力。

基于集成与混合模型的宫颈细胞分类方法：为了进一步提升分类性能与模型稳定性，部分研究采用集成学习或多模型融合策略，通过融合不同网络结构或多尺度特征实现更鲁棒的分类。例如，通过集成 ResNet、VGG 等多种网络模型构建集成 CNN，提高分类准确率；也有研究融合多种深度网络提取的特征信息，在不同分类任务中取得较高性能。此外，一些方法通过引入注意力机制或残差结构，对不同尺度特征进行融合，以增强模型对关键特征的表达能力。

基于深度学习的宫颈细胞分类方法：随着深度学习的发展，卷积神经网络因其强大的自动特征学习能力，在宫颈细胞分类任务中取得了显著进展。相关研究主要从网络结构优化、迁移学习以及模型可解释性等方面展开。例如，通过改进 EfficientNet [9]、VGG [10]、ResNet [11]等经典网络结构，提高对细胞形态与纹理特征的表达能力；部分研究利用迁移学习策略提升模型在小样本数据集上的性能。此外，为提高模型可解释性，一些研究引入 GradCAM [12]、SHAP [13]、LIME [14]、DenseNet [15]等可解释人工智能方法，对模型关注区域进行可视化分析，从而增强模型的可靠性和可解释性。

尽管上述方法在特征提取与多尺度建模方面取得了一定进展，但仍存在以下不足：在细胞关系建模方面，多数方法将细胞作为独立样本处理，或仅通过特征相似性进行隐式建模，缺乏对细胞间拓扑结构的显式刻画；在上下文信息[16]利用方面，现有方法多依赖卷积或注意力机制进行隐式融合，缺乏分层建模策略，难以同时兼顾局部细节与全局依赖；在特征构建方面，大多数方法完全依赖数据驱动的深度特征，忽略了具有明确医学意义的形态学先验信息，限制了模型的可解释性与稳定性。

因此，如何充分挖掘细胞间关联信息、利用背景上下文特征，并实现多尺度特征的有效融合，仍是当前宫颈细胞分类研究的重要问题

3. 方法

本文提出了一种基于背景信息增强的宫颈异常细胞分类网络(A Cervical Abnormal Cell Classification Network Based on Background Information Enhancement, CAC-BIE)。首先，该方法通过三条并行路径完成

多源特征提取：细胞特征路径利用基础卷积单元提取初始视觉特征；基于图卷积的细胞特征增强(GCE)将同一视野下的异常细胞构建为拓扑图，通过图卷积聚合细胞特征以增强目标细胞的表达；全局背景感知(GCA)路径则结合 Transformer 注意力机制与卷积操作，捕获细胞所处环境的全局上下文信息。随后，三条路径的特征共同送入多尺度双视野融合卷积(MS-DRF)模块，该模块通过三条支路实现多尺度学习，并为每条支路配置大、小双感受野卷积以捕获不同粒度的视觉信息，最终经融合输出增强特征。最后，融合特征通过全局池化与全连接层映射，输出宫颈异常细胞的分类结果。

假设待分类细胞为 X_{cell} ，我们同时获取其所在背景图 X_b 及所有属于该背景的背景细胞，提取细胞表层特征并依据细胞间相似度构建图 G_{cells} ，通过三条并行路径提取初始特征：

$$F_{cell} = Conv(X_{cell}), F_b = GCA(X_b), F_{cells} = GCE(G_{cells})$$

其中 GCA 及 GCE 分别为上文提及的全局背景感知模块和基于图卷积的细胞特征增强模块， $Conv$ 是普通的卷积操作，意在初步提取待分类细胞特征 F_{cell} 。

其次，将 F_{cell} 输入 MS-DRF 模块，分别使用上采样卷积 $Conv1$ ，保持尺寸卷积 $Conv2$ ，下采样卷积 $Conv3$ 对其在多个尺度上进行特征学习，之后通过大感受野卷积 $Conv_b$ 及小感受野卷积 $Conv_s$ 分别把握细胞的整体轮廓和纹理细节。其流程可表示为：

$$F_i = Conv(Concat(Concat(Conv_b(Conv_i(F_{cell}))), Conv_s(Conv_i(F_{cell}))))), i \in (1, 2, 3)$$

$$F_a = F_1 + F_2 + F_3$$

最后，通过池化与全连接层生成分类概率：

$$F_{ab} = Conv(F_a \oplus F_b)$$

$$P = \sigma(FC(GMP(F_{ab}) \oplus GAP(F_{ab}) \oplus F_{cells}))$$

其中 σ 为 Gelu 激活函数， \oplus 为特征拼接操作， GMP ， GAP 分别表示全局最大池化与全局平均池化。整体模型架构如图 1 所示。

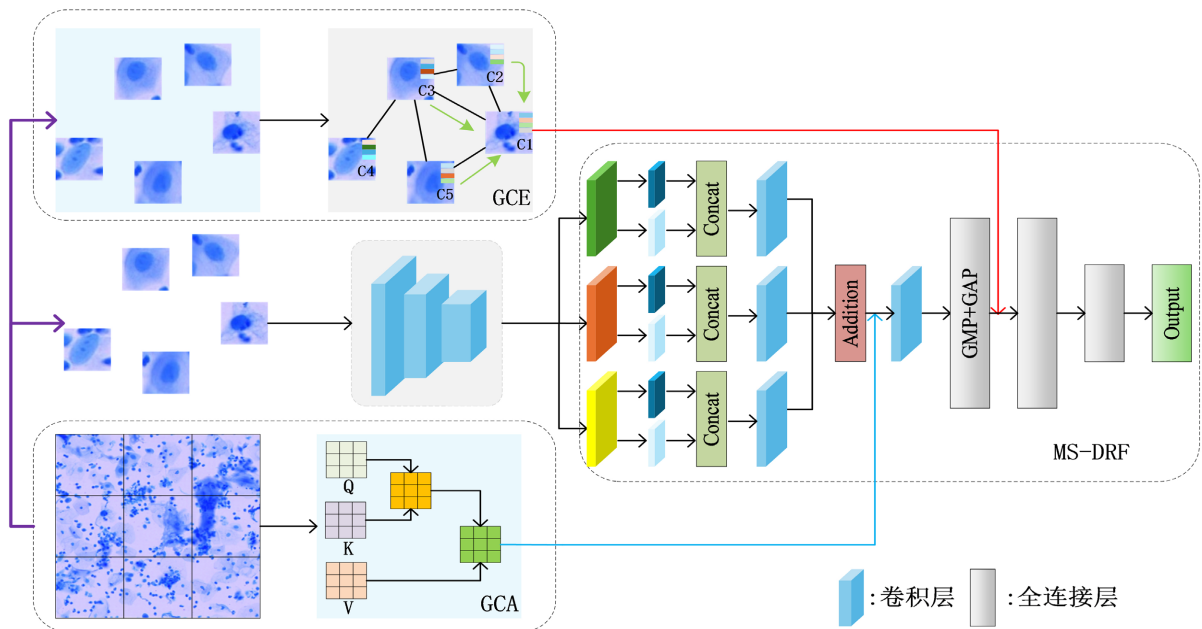


Figure 1. Architecture of the CAC-BIE model
图 1. CAC-BIE 模型结构图

在宫颈细胞分类任务中，判别结果依赖于多层次信息的协同作用，包括细胞自身的形态特征、同一背景下细胞之间的关联关系以及细胞所处的全局上下文环境。这三类信息分别从个体、群体和环境三个维度刻画细胞特征，具有显著的互补性：细胞特征提供基础判别依据，细胞间关系增强对相似类别的区分能力，而背景信息则补充全局空间与语境依赖。

基于此，本文采用多分支特征融合策略，对不同来源的特征进行统一建模与融合，使模型能够同时关注局部细节、结构关系与全局语境，从而提升特征表达的完整性与分类的鲁棒性。

3.1. 多尺度双视野卷积模块

在训练深度学习网络模型的过程中，其输入的图像大小需要一致，因此必须对不同大小的细胞图片以适当的大小进行裁剪或填充工作。这种尺寸变化使细胞图像丢失信息或增加噪声，为了解决图像尺寸变化降低模型性能的问题，本文提出了一种多尺度双视野卷积模块(MS-DRF)。

该模块在结构上通过多尺度并行的设计，显著减弱了细胞图像尺寸变化对模型效果的影响，同时通过双感受野的设计使模型得以充分把握细胞的整体轮廓和纹理细节，各分支路径上的残差结构使模型具有更强的鲁棒性。该模块结构在图 1 中已有所体现，图 2 展示其更多细节：

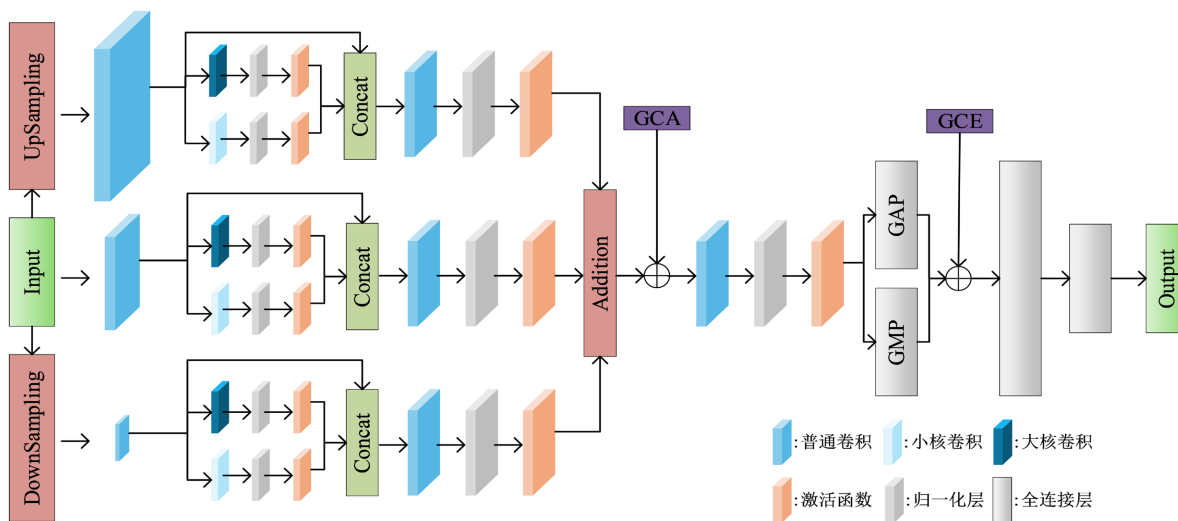


Figure 2. Structure of the MS-DRF module
图 2. MS-DRF 模块结构图

如上图所示，首先，输入特征被拆分为上采样、保持尺寸、下采样三条并行支路，每条支路内分别通过大核卷积与小核卷积进行双视野特征提取：大核卷积负责捕捉细胞的整体轮廓与全局分布，小核卷积聚焦于纹理细节与局部形态；其次，将双视野特征进行拼接融合，并使用残差机制加强模型泛化能力，确保梯度流稳定；再次，使用一系列卷积模块充分学习不同尺度下的图像特征，再将三条支路的输出特征通过相加进行融合；将融合后的特征与来自 GCA 模块的全局背景特征图以及 GCE 模块中的强化表层特征进行适当拼接，经后续池化与全连接层得到最终分类输出。

该模块通过多尺度并行设计，有效缓解了细胞图像尺寸变化带来的信息丢失问题；双视野卷积的搭配让模型同时兼顾全局轮廓与局部细节；各支路的残差结构则极大增强了模型的鲁棒性与特征记忆能力。

3.2. 图卷积增强模块

在宫颈细胞分类任务中，依据 TBS 诊断标准，细胞的核大小、核质比、核深染程度等表层特征具有

极高的信息价值；且单一依赖细胞个体特征的建模方式，难以捕捉细胞间的关联信息，导致模型对形态相似的异常细胞区分能力不足。为了解决这一问题，本文提出了一种图卷积增强模块(GCE)。

该模块设计了一套细胞表层特征提取算法，同时在结构上通过拓扑关联的融合设计，有效挖掘了同一视野下异常细胞的群体关联信息，通过余弦相似度构建的动态边权，让图卷积的信息传递更贴合细胞的真实形态相似性，最终增强了模型对异常细胞的特征表达能力。该模块示意图如下所示：

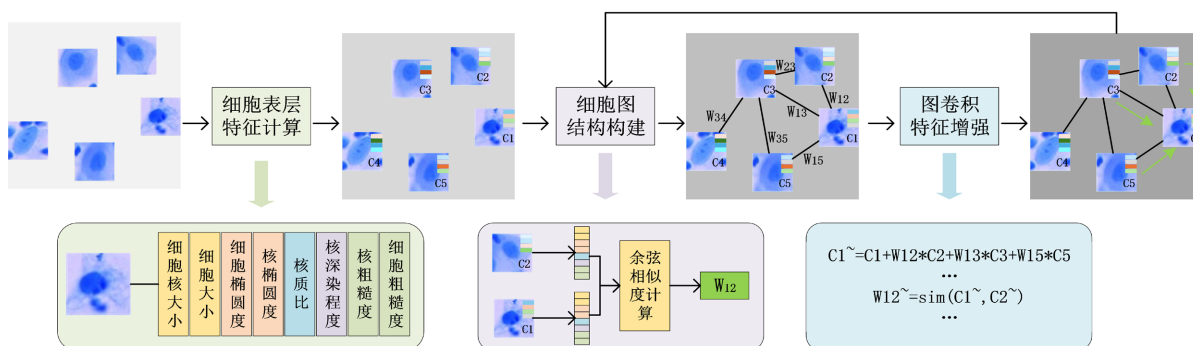


Figure 3. Schematic diagram of the GCE module
图 3. GCE 模块示意图

如图 3 所示，首先，对输入的细胞图像进行表层特征计算，提取细胞核大小、核质比、核深染程度等具有医学诊断意义的形态学特征，为细胞关联建模提供基础依据；其次，基于细胞的表层特征向量计算余弦相似度，构建细胞关联图的动态边权矩阵，将每个细胞作为图节点，以相似度值作为节点间的边权，实现细胞拓扑结构的自适应构建；再次，通过图卷积运算对细胞特征进行增强，将相似细胞的特征聚合到目标细胞上，生成融合关联信息的强化表层特征。

其中，细胞核大小 f_1 、细胞大小 f_2 、核质比 f_3 、核椭圆度 f_4 、细胞椭圆度 f_5 等关键表层特征的计算方式如下：

$$C_1 = \sum_{i=0}^{T_1-1} u_i, C_2 = \sum_{i=T_1}^{T_2-1} u_i, C_3 = \sum_{i=T_2}^{255} u_i$$

$$f_1 = C_1, f_2 = C_1 + C_2, f_3 = \frac{C_1}{C_1 + C_2}, f_4 = \frac{4\pi f_1}{p_1^2}, f_5 = \frac{4\pi f_2}{p_2^2}$$

其中， T_1 和 T_2 是将细胞图像灰度化后使用 OTSU 多阈值拓展方法得到两个阈值， u_i 为灰度值为 i 的像素点个数， p_1 ， p_2 分别为细胞核周长和细胞的周长，其计算方式如下：

$$p_1 = \text{count}(\text{dilate}(\text{Img}_1) - \text{Img}_1), p_2 = \text{count}(\text{dilate}(\text{Img}_2) - \text{Img}_2)$$

其中 Img_1 ， Img_2 分别是以 T_1 和 T_2 为阈值得到的二值化图像， dilate 是图像形态学操作中的膨胀操作， count 统计图像前景区域像素个数，以边界的像素个数近似得到图形周长。

核深染程度 f_6 为细胞核中染色较重的区域占整个细胞核的比重，其计算方式为计算细胞核的平均灰度值 \bar{g} ，将灰度值小于平均灰度的区域即为深染区，深染区面积除以细胞核面积即为核深染程度，具体计算流程如下：

$$\bar{g} = \sum_{i=0}^{T_1-1} i \times u_i / \sum_{i=0}^{T_1-1} u_i$$

$$f_6 = \sum_{i=0}^{\bar{g}} u_i / \sum_{i=0}^{T_1-1} u_i$$

在细胞染色过程中，由于细胞发生病变，部分结构难以被均匀染色，导致细胞核区域出现明显的灰度分布不均现象。该现象在图像上表现为染色深浅不一致，即灰度值存在较大波动。为定量刻画这种染色不均匀性，本文以灰度方差作为表征指标，并将其定义为染色粗糙度，其计算方式如下：

$$f_7 = \sum_{i=0}^{T_1-1} u_i \cdot (\bar{g} - i)^2 / f_1$$

其中 f_7 为细胞核粗糙程度，该指标反映染色分布的离散程度，数值越大表示染色越不均匀。通过相同的步骤，可以得出细胞质粗糙程度 f_8 。

该模块首先通过表层特征提取，构建具有医学意义的细胞表层特征向量 $f = [f_1, f_2, \dots, f_8]$ ；其次，基于余弦相似度设计动态边权，让图卷积能精准捕捉形态相似细胞的关联信息；最后，通过图卷积的特征增强机制，进一步强化了异常细胞的特征表达，提升了模型对相似异常细胞的区分能力。

3.3. 全局背景注意力模块

在宫颈细胞分类任务中，细胞的类别需要依据其所在环境信息加以判断，仅依赖单区域特征的建模方式，难以捕捉细胞在全局视野中的空间关联与背景依赖，导致模型对复杂背景下的异常细胞识别鲁棒性不足。为了解决这一问题，本文提出了一种全局背景注意力模块(GCA)。

该模块在结构上通过“局部块注意力→全局块间注意力”的两级注意力设计，有效整合了局部细胞特征与全局空间关联信息，既保留了单块内的关键细胞细节，又挖掘了块间的背景依赖关系，显著提升了模型对复杂背景的适应能力。该模块结构如下所示：

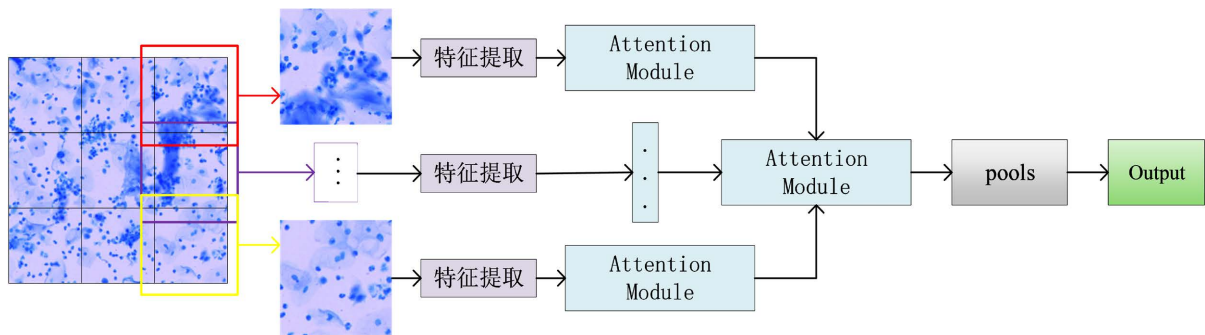


Figure 4. Schematic diagram of the GCA module
图 4. GCA 模块示意图

如图 4 所示，首先，将输入的宫颈细胞图像划分为规则的局部块，对每个局部块独立进行注意力变换；其次，将所有局部块的增强特征作为输入，进行一次全局块间注意力变换，计算块与块之间的空间关联权重，挖掘不同区域细胞的全局分布模式与背景依赖；最后，将全局块间注意力的输出特征与多尺度视觉特征进行叠加，经后续池化层调整特征图至合适的大小后，输入主干网络进行辅助细胞类别判定，增强模型整体的精度以及泛化性能。其中，Attention Module 结构如图 5 所示。

在具体实现上，GCA 模块首先将输入特征图划分为固定大小的 patch，输入特征尺寸为 $512 \times 512 \times 3$ ，采用大小为 32×32 的非重叠划分方式，共得到 256 个 patch。每个 patch 通过线性映射投影至 256 维嵌入空间(embedding dimension)，形成序列表示。随后，在每个 patch 内部引入多头自注意力机制(Multi-Head Self-Attention, MHSA)，设注意力头数为 8，在保证计算开销可控的同时，实现了较好的特征表达能力。

在此基础上，GCA 模块构建“两级注意力”机制：第一级为局部块内注意力(intra-patch attention)，

对每个 patch 内的特征进行自注意力计算, 强化局部细胞结构与纹理信息; 第二级为全局块间注意力(inter-patch attention), 将所有 patch 的嵌入表示作为整体输入, 再次进行多头自注意力计算, 以建模不同空间区域之间的依赖关系和全局上下文信息。两级注意力输出通过特征融合与残差连接进行整合, 最终生成包含局部细节与全局语义的增强特征表示。

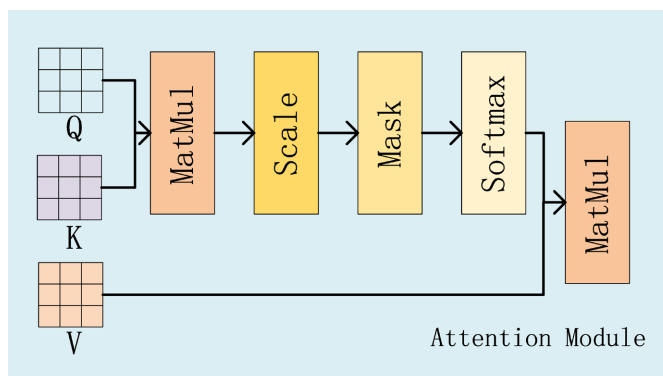


Figure 5. Architecture of the attention module

图 5. Attention module 结构图

4. 实验

在本节中, 我们对实验设置进行了全面描述, 包括数据集、使用的评估指标等信息。随后, 我们提出并分析了实验结果, 以验证我们提出的模型有效性。

4.1. 数据集

为了验证本文提出的 MSCE-GCN 模型在宫颈细胞分类任务中的有效性, 我们在一个自定义的数据集 CACD-FU 以及一个公开的宫颈细胞数据集 HMCHH-TCT-CellDet 上进行了验证。CACD-FU 数据集包含四类宫颈异常细胞, 分别为 ASC-H (3875 例)、ASC-US (11,596 例)、HSIL (5723 例)、LSIL (3450 例), 总计 24,644 例异常细胞样本。HMCHH-TCT-CellDet 数据集是公开的临床标准宫颈细胞学数据集, 包含 8037 张分辨率为 2048×2048 的 TCT 细胞学图像, 共裁剪出 43,072 个细胞小图, 其中包括正常细胞(30,757 例)和异常细胞(12,315 例)两类。

4.2. 评价指标

本文采用宫颈细胞分类领域通用的评价指标对模型性能进行定量评估, 包括准确率(Accuracy, Acc)、精确率(Precision, P)、召回率(Recall, R)以及 F1 值(F1-Score, F1)。

准确率表示模型分类正确的样本占总样本的比例, 直观反映模型的整体分类能力, 计算公式如下:

$$\text{Acc} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{FP} + \text{FN} + \text{TP} + \text{TN}}$$

其中, TP 表示真阳性样本数(被正确识别的异常细胞样本), TN 表示真阴性样本数(被正确识别的正常细胞样本), FP 表示假阳性样本数(被误判为异常的正常细胞样本), FN 表示假阴性样本数(被误判为正常的异常细胞样本)。

精确率衡量模型预测为异常的样本中, 真实属于异常细胞的比例, 聚焦于减少误诊风险, 计算公式如下:

$$\text{Precision} = \frac{\text{TP}}{\text{FP} + \text{TP}}$$

高精确率意味着正常细胞被误判为异常的概率低，能有效降低临床过度诊断的成本。

召回率衡量真实异常细胞中，被模型正确识别的比例，又称查全率，核心关注减少漏检风险，计算公式如下：

$$\text{Recall} = \frac{\text{TP}}{\text{FN} + \text{TP}}$$

高召回率意味着早期异常细胞的漏检率低，符合宫颈细胞筛查“宁可多报、不可漏检”的临床原则。

F1 值是精确率与召回率的调和平均，综合平衡模型的误诊控制与漏检控制能力，避免单一指标的局限性，计算公式如下：

$$\text{F1} = \frac{2 \times \text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$$

该指标对宫颈细胞分类任务中常见的类别不平衡问题具有较强鲁棒性，能全面反映模型的分类可靠性。

4.3. 对比试验

为了验证本文方法的优越性，我们将本文提出的完整模型与近年来在宫颈细胞分类领域具有代表性的先进方法在 CACD-FU 和 HMCHH-TCT-CellDet 数据集上进行了全面对比，实验结果如下表所示：

从表 1 可以看出，在 CACD-FU 数据集上，本文模型在各项评价指标上均取得最优结果。相比性能较好的 DenseNet121 模型，准确率提升 0.76%，F1 值提升 0.61%；同时相较于 ResNet50、VGG16、EfficientNetv1 等经典卷积神经网络模型，本文方法在分类准确率和综合性能上均表现出明显优势。这表明所提出模型能够更有效地提取宫颈细胞的判别特征，提高异常细胞的识别能力。从表 2 可以看出，在 HMCHH-TCT-CellDet 数据集上，本文模型同样取得最佳性能。与 DenseNet121 相比，准确率提升 1.10%，F1 值提升 1.96%。实验结果表明，本文方法在不同数据集上均具有良好的稳定性与泛化能力。

Table 1. Comparison results on the CACD-FU dataset

表 1. CACD-FU 对比试验结果表

方法	Acc	P	R	F1
ResNet50	0.8988	0.8785	0.8965	0.8869
Xception	0.8811	0.8584	0.8765	0.8668
EfficientNetv1	0.8922	0.871	0.8892	0.8795
VGG16	0.8859	0.864	0.8823	0.8726
Inception	0.9099	0.8914	0.9096	0.8999
Shufflenet	0.9046	0.8852	0.9034	0.8937
Densenet121	0.9228	0.9068	0.9231	0.9145
本文模型	0.9304	0.9155	0.9263	0.9206

Table 2. Comparison results on the HMCHH-TCT-CellDet dataset
表 2. HMCHH-TCT-CellDet 对比试验结果表

方法	Acc	P	R	F1
ResNet50	0.9507	0.9049	0.9249	0.9148
Xception	0.9399	0.8793	0.9156	0.8971
EfficientNetv1	0.9237	0.8309	0.9204	0.8734
VGG16	0.9615	0.9293	0.9367	0.9330
Inception	0.9324	0.8509	0.9257	0.8867
Shufflenet	0.9705	0.9497	0.9468	0.9483
Densenet121	0.9800	0.9730	0.9566	0.9647
本文模型	0.9910	0.9864	0.9821	0.9843

4.4. 消融实验

为验证本文提出的各核心模块对宫颈异常细胞分类性能的具体贡献，我们在 CACD-FU 四分类数据集上进行了系统的消融实验，实验结果如表 3 所示。

Table 3. Results of ablation experiments
表 3. 消融实验结果表

Baseline	MS-DRF	GCA	GCE	Acc	P	R	F1
✓				0.8507	0.8549	0.8601	0.8442
✓	✓			0.9099	0.8793	0.9156	0.8971
✓	✓	✓		0.9237	0.8809	0.9204	0.9034
✓	✓	✓	✓	0.9304	0.9155	0.9263	0.9206

如表 3 所示，在仅使用 Baseline 模型时，分类准确率为 0.8507。在此基础上逐步引入各模块后，模型性能均得到不同程度提升。当加入 MS-DRF 模块后，Acc 提升至 0.9099，表明多尺度双视野特征融合能够有效增强特征表达能力；进一步引入 GCA 模块后，Acc 提升至 0.9237，说明图卷积能够有效挖掘同一背景下细胞之间的关联信息；当三个模块全部加入后，模型性能达到最优，Acc 提升至 0.9304，同时 P、R 和 F1 值也均达到最高。实验结果表明，各模块对提升宫颈异常细胞分类性能均具有积极作用，且模块之间具有良好的协同效果。

4.5. 混淆矩阵分析

为进一步分析模型在不同类别宫颈异常细胞上的分类性能，本文对 CACD-FU 数据集的分类结果绘制了混淆矩阵，如图 6 所示。从整体结果来看，大部分样本均被正确分类，说明模型在宫颈异常细胞识别任务中具有较高的分类准确性和稳定性。

具体来看，模型对 ASC-H 及 HSIL 细胞具有较高的识别准确率，误分类主要集中在 ASC-US 与 LSIL

之间，这与宫颈细胞形态学特征的实际情况相一致。ASC-US 细胞通常处于正常细胞与低级别病变细胞之间，其核形态变化较为轻微，与 LSIL 在部分特征上存在重叠，因此在自动分类过程中容易产生混淆。

总体而言，混淆矩阵结果表明，本文模型能够有效区分不同类型的宫颈异常细胞，在 ASC-H 和 HSIL 等病变程度较高的类别上表现出较高的识别准确率，同时对形态特征相似的细胞类别也具有较好的判别能力，进一步验证了所提出方法在宫颈异常细胞分类任务中的有效性。

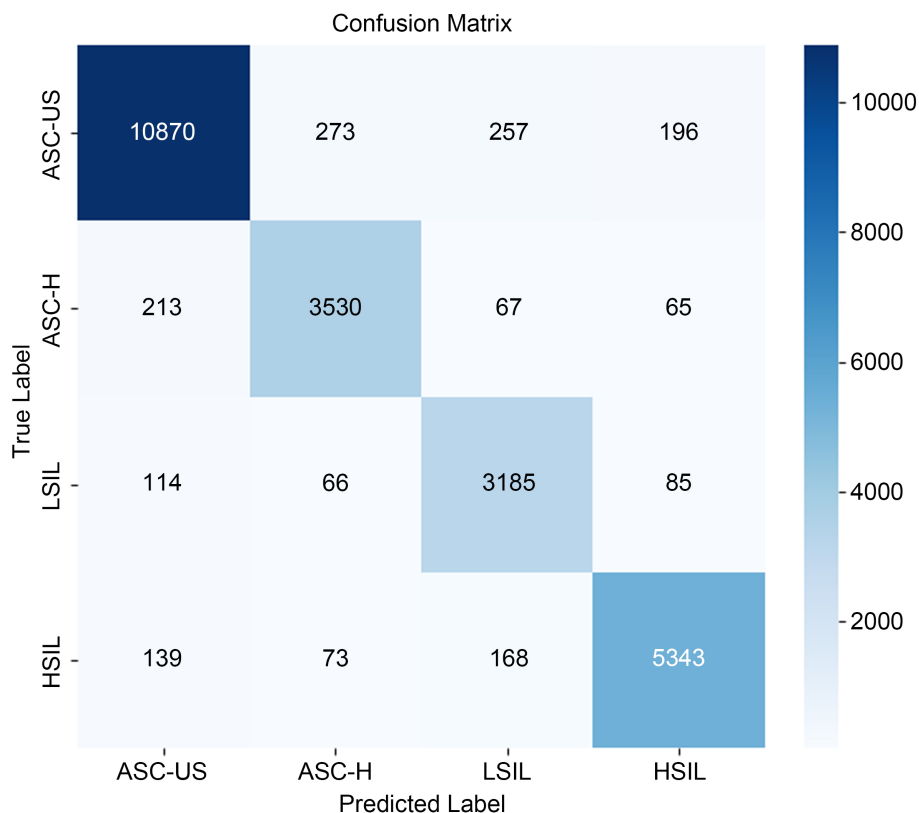


Figure 6. Confusion matrix

图 6. 混淆矩阵

5. 结论

针对宫颈异常细胞分类过程中细胞形态复杂、多尺度特征差异明显以及细胞间关联与背景上下文信息利用不足等问题，本文提出了一种基于背景信息增强的宫颈异常细胞分类网络。该方法通过构建细胞关联图并引入图卷积网络，实现同一背景下异常细胞之间关系信息的有效建模；同时设计基于 Transformer 的背景特征感知模块，以增强模型对细胞周围环境上下文信息的表达能力；进一步构建多尺度双视野融合卷积单元，通过多路径特征学习与融合，提高不同尺度细胞特征的表达完整性和一致性。

在 CACD-FU 和 HMCHH-TCT-CellDet 数据集上的实验结果表明，本文方法在准确率、精确率、召回率及 F1 值等指标上均优于多种经典深度学习模型。消融实验进一步验证了各核心模块在提升分类性能方面的有效性，而混淆矩阵分析结果表明模型能够较好地地区分不同类型的宫颈异常细胞。总体而言，本文方法在特征表达能力与分类性能方面均取得了较好的提升，为宫颈癌细胞自动化筛查提供了一种有效的技术途径。

未来工作将进一步探索更大规模和多中心数据集上的模型泛化能力，同时结合轻量化网络结构与高

效推理策略，以提升模型在实际临床辅助诊断系统中的应用潜力。

参考文献

- [1] Xu, L., Cai, F., Fu, Y. and Liu, Q. (2023) Cervical Cell Classification with Deep-Learning Algorithms. *Medical & Biological Engineering & Computing*, **61**, 821-833. <https://doi.org/10.1007/s11517-022-02745-3>
- [2] 唐霖峰, 张浩, 徐涵, 等. 基于深度学习的图像融合方法综述[J]. 中国图象图形学报, 2024, 28(1): 3-36.
- [3] Li, M., Jiang, Y., Zhang, Y. and Zhu, H. (2023) Medical Image Analysis Using Deep Learning Algorithms. *Frontiers in Public Health*, **11**, Article 1273253. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2023.1273253>
- [4] Taye, M.M. (2023) Theoretical Understanding of Convolutional Neural Network: Concepts, Architectures, Applications, Future Directions. *Computation*, **11**, Article 52. <https://doi.org/10.3390/computation11030052>
- [5] 刘俊奇, 涂文轩, 祝恩. 图卷积神经网络综述[J]. 计算机工程与科学, 2023, 45(8): 1472-1481.
- [6] Badillo, S., Banfai, B., Birzele, F., Davydov, I.I., Hutchinson, L., Kam-Thong, T., et al. (2020) An Introduction to Machine Learning. *Clinical Pharmacology & Therapeutics*, **107**, 871-885. <https://doi.org/10.1002/cpt.1796>.
- [7] Sharifani, K. and Amini, M. (2023) Machine Learning and Deep Learning: A Review of Methods and Applications. *World Information Technology and Engineering Journal*, **10**, 3897-3904.
- [8] Pandey, D., Niwaria, K. and Chourasia, B. (2019) Machine Learning Algorithms: A Review. *Machine Learning*, **6**, 916-922.
- [9] Koonce, B. (2021) Efficient Net. In: *Convolutional Neural Networks with Swift for Tensorflow: Image Recognition and Dataset Categorization*, Apress, 109-123.
- [10] Vedaldi, A. and Zisserman, A. (2016) VGG Convolutional Neural Networks Practical. Department of Engineering Science, University of Oxford.
- [11] Targ, S., Almeida, D. and Lyman, K. (2016) Resnet in Resnet: Generalizing Residual Architectures. <https://arxiv.org/abs/1603.08029>
- [12] Selvaraju, R.R., Cogswell, M., Das, A., Vedantam, R., Parikh, D. and Batra, D. (2017) Grad-CAM: Visual Explanations from Deep Networks via Gradient-Based Localization. 2017 *IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, Venice, 22-29 October 2017, 618-626. <https://doi.org/10.1109/iccv.2017.74>
- [13] Mosca, E., Szigeti, F., Tragianni, S., et al. (2022) SHAP-Based Explanation Methods: A Review for NLP Interpretability. *Proceedings of the 29th International Conference on Computational Linguistics*, Gyeongju, 12-17 October 2022, 4593-4603.
- [14] Garreau, D. and Luxburg, U. (2020) Explaining the Explainer: A First Theoretical Analysis of LIME. 2020 *International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*, Palermo, 26-28 August 2020, 1287-1296.
- [15] Ariawan, K.R., Ekayana, A.A.G., Indrawan, I.P.Y., Winatha, K.R. and Setiawan, I.N.A.F. (2025) Performance Comparison of Densenet-121 and Mobilenetv2 for Cacao Fruit Disease Image Classification. *Indonesian Journal of Data and Science*, **6**, 30-38. <https://doi.org/10.56705/ijodas.v6i1.233>
- [16] Xie, J., Zhong, B., Liang, Q., Li, N., Mo, Z. and Song, S. (2025) Robust Tracking via Mamba-Based Context-Aware Token Learning. *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, **39**, 8727-8735. <https://doi.org/10.1609/aaai.v39i8.32943>