

基于神经架构搜索的色素性皮肤病图像分类方法

何晴¹, 杨铁军², 黄琳^{1*}

(1. 桂林理工大学信息科学与工程学院, 广西桂林 541000;

2. 桂林医学院智能医学与生物技术学院, 广西桂林 541000)

摘要:针对卷积神经网络设计高度依赖专家经验、需要大量参数调优和效率低的问题,提出了一种基于单路径激活搜索策略的神经架构搜索方法(SPA-NAS),并应用于色素性皮肤病图像分类。该方法将搜索空间构建为一个过参数化神经网络架构,该架构包含了所有的路径,并且每条路径都被分配一个架构参数以表示路径的占比强度。为了避免搜索所有路径,提出了一种单路径激活策略对构建的过参数化神经网络架构进行路径剪枝,以得到一个更加精简的子架构。搜索时,采用梯度下降法学习和优化架构参数,得到最佳子架构。最后,采用子架构堆叠方式构建色素性皮肤病图像分类卷积神经网络。实验表明,该方法自动构建的卷积神经网络取得了比 Dilated-VGG19 和 ARL-CNN 等 SOTA 方法更高的分类准确性,在 ISIC2017 和 HAM10000 数据集上的平均敏感度分别为 62.4% 和 69.8%。

关键词:神经架构搜索;单路径激活;梯度下降;卷积神经网络;色素性皮肤病图像分类

中图分类号:TP391.41

文献标识码:A

文章编号:1673-629X(2023)02-0057-07

doi:10.3969/j.issn.1673-629X.2023.02.009

Pigmented Skin Lesions Image Classification Based on Neural Architecture Search

HE Qing¹, YANG Tie-jun², HUANG Lin^{1*}

(1. School of Information Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541000, China;

2. School of Intelligent Medicine and Biotechnology, Guilin Medical University, Guilin 541000, China)

Abstract: Because design of convolutional neural network (CNN) requires abundant expert experience, considerable parameter tuning and low efficiency, we propose a neural architecture search approach based on single path activation search strategy (SPA-NAS) applied to the image classification of pigmented skin lesions. This method constructs the search space as an hyperparameter neural network architecture, which contains all paths, and each path is assigned an architecture parameter to represent the proportion of the path. In order to avoid searching all paths, a single-path activation strategy is proposed to prune the constructed hyperparameter network architecture to obtain a more streamlined child architecture. When searching, the gradient descent method is used to learn and optimize the architecture parameters to search the best child architecture. Finally, a CNN for pigmented skin lesion image classification is constructed by using child architecture stacking. The test results showed that the CNN built with the proposed approach was more accurate than state-of-the-art (SOTA) approaches such as Dilated-VGG19 and ARL-CNN in terms of image classification. The average sensitivity of the proposed method on the ISIC2017 and HAM10000 datasets was 62.4% and 69.8%, respectively.

Key words: neural architecture search; single-path activation; gradient descent; convolutional neural network; pigmented skin lesion image classification

0 引言

皮肤癌是最常见的癌症类型之一,其中黑色素瘤是最致命的皮肤癌,死亡率约占 75%^[1],早期准确识别黑色素瘤可显著提高患者的生存率。色素性皮肤病图像一般采用皮肤镜采集,由于皮肤颜色或毛发等方面的影响以及黑色素瘤和非黑色素瘤病灶高度的视觉相

似性,使得黑色素瘤的识别具有极大的挑战性。传统机器学习方法一般从图像中提取手工特征,然后将它们输入到传统的分类器中进行分类^[2-4],但由于受到人工设计和提取特征的限制,导致识别准确度并不是很高。为了解决上述问题,研究者们开始将深度学习方法应用于色素性皮肤病图像分类^[5-7],虽然卷积神经

收稿日期:2022-04-13

修回日期:2022-08-17

基金项目:国家自然科学基金(62166012,61941202);广西自然科学基金(2018GXNSFBA281081)

作者简介:何晴(1995-),女,硕士研究生,研究方向为计算机视觉;通讯作者:黄琳(1980-),女,副教授,研究方向为信号处理、人工智能。

网络(Convolutional Neural Network, CNN)可以在不同的条件下自动地学习有效特征,但 CNN 的设计往往需要大量的专家经验,例如卷积核的选择、超参数的设置等。

为了自动构建 CNN 模型,神经架构搜索(Neural Architecture Search, NAS)被提出^[8-9]。NAS 通常是在搜索空间上应用一种搜索策略进行架构搜索得到大量候选神经网络架构,并对其执行性能评估,最后找到一个优秀的神经网络架构。最初 NAS 算法的计算量非常大^[8,10],需要搜索神经网络架构的所有组件。后来,研究者们提出了几种加速方法,如学习更小的 Cell 结构^[11-12],然后将它们堆叠起来构建整个神经网络;或使用权重共享^[13-15]强制让子网络之间共享权重。这些方法在一定程度上加速了架构搜索过程,然而它们将 NAS 视为一个离散搜索空间的优化问题,这使得大量的候选神经网络架构需要进行性能评估。为此, Darts^[16]通过将 NAS 建模为包含所有路径的神经网络架构的单一训练过程,将离散的搜索空间转化为连续松弛的形式,为神经网络架构及其权重的联合优化提供了可微的学习目标。但由于 Darts 包含了所有路径,导致内存成本过大。为此,在 Darts 的基础上,该文提出了一种基于单路径激活的 NAS 方法(Single Path Activation based NAS, SPA-NAS),以进一步优化搜索过程,并应用于色素性皮损图像分类。主要贡献如下:

(1) 提出了一种单路径激活优化策略。它通过对一个包含所有路径的过参数化网络架构应用单路径激活策略对路径进行剪枝,来达到提高搜索速度的目的。此外, SPA-NAS 可以使用梯度下降的方法进行训练,并在每次迭代中能够即时计算损失。

(2) 基于 Darts 的搜索空间,使用了一个步长为 2 的 3×3 卷积下采样结构替换原 Reduce Cell 结构,以此降低搜索任务的复杂程度。同时,缩减了候选操作集合,移除了 3×3 最大池化和 3×3 平均池化等基本操作。

(3) 该方法搜索出一个 CNN 约耗时 21 GPU Hours,达到了与 SOTA 方法接近或更好的分类性能。在 ISIC2017 和 HAM10000 色素性皮损数据集上分别实现了 62.4% 和 69.8% 的多类敏感性。

1 相关工作

最近, NAS 取得了显著的进展^[8,10,16-17],大多数 NAS 方法可以分为两种类型:宏搜索和微搜索。

宏搜索的目标是直接发现构建整个神经网络架构的所有组件^[8,15,18-19]。在这些宏搜索算法中^[8-9],可能的候选神经网络架构和网络深度成指数关系。例如,

文献[13]的深度设置为 12 时会产生 1.6×10^{29} 个可能的候选神经网络。在如此大的搜索空间中进行架构搜索是很耗时的,因此这些宏搜索方法^[8,13,19]通常将 CNN 的深度控制在较浅的范围内,如小于 12。相比之下, SPA-NAS 通过堆叠发现的 Norm Cell^[17]使网络更深,在降低搜索空间大小的同时,能够取得较好的分类准确度。

微搜索的目标是发现局部神经架构(Cell),并通过反复堆叠发现的 Cell 来构建神经网络^[12-13,17,20]。NASNet^[17]最先实施该方法,在文献[8]所提出的“NASNet 搜索空间”中搜索 Cell。之后,许多研究者基于该搜索空间提出了许多方法^[16,19-20],例如文献[20]使用进化计算搜索 Cell。这些微搜索方法^[20-21]通常需要超过 100 GPU Days,即使减少了搜索成本,但仍然需要超过 1 GPU Days^[16]。SPA-NAS 也是一种微搜索算法,主要作用是加速搜索过程。

由于 NAS 算法通常需要昂贵的计算资源^[8,10],越来越多的研究者提出了各种技术来提高搜索速度^[13,15-16,19,21]。文献[15]利用超网络为每个子网络生成权重,使得在不进行训练的情况下可以评估神经网络架构。文献[21]提出了一种由浅到深逐渐搜索 Cell 的渐进方法。虽然这些方法成功地加速了架构搜索过程,但仍然需要花费数天时间^[19]。SPA-NAS 与 Darts^[16]密切相关,使用了一种单路径激活策略,有选择性地对一个过参数化网络架构进行路径剪枝,有效地加速了搜索过程。

2 方法

SPA-NAS 方法主要包括三个步骤:设计搜索空间、搜索最优 Norm Cell 以及 Norm Cell 堆叠和测试。如图 1 所示,首先,优化了搜索空间;然后,采用基于单路径激活的搜索策略搜索最优 Norm Cell;最后,堆叠最优 Norm Cell 构建色素性皮损分类神经网络,并在 ISIC2017 和 HAM10000 数据集上进行训练和测试。

2.1 搜索空间的设计

搜索空间定义了 NAS 方法可以搜索到的神经网络类型,如卷积层、池化层等。与 Darts 一样,使用基于 Cell 的搜索空间,但也存在着一些区别。Darts 的目标是搜索两种 Cell 结构: Norm Cell 和 Reduce Cell^[17]。前者在不改变特征图大小的情况下进一步提取特征,后者主要是降低特征图大小。鉴于它们的作用,采用一个步长为 2 的 3×3 卷积层对 Reduce Cell 进行替换,这样就可以降低搜索任务的复杂程度,因为少搜索了一个 Reduce Cell。故该文的任务只需要搜索 Norm Cell 即可。为此,可进一步精简候选操作集合,故移除了 3×3 最大池化和 3×3 平均池化等所有池化操作,最

终候选操作集 $\mathcal{O} = \{o\}$ 保留了以下 6 种操作: (1) 3×3 SepConv; (2) 5×5 SepConv; (3) 3×3 DilConv; (4) 5×5

DilConv; (5) Skip Connection (Identity); (6) No Connection (Zero)。

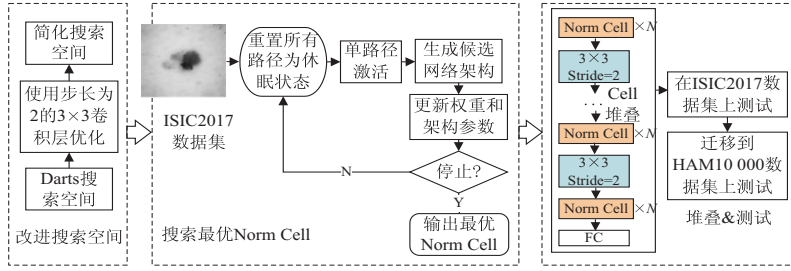


图 1 SPA-NAS 方法流程

Norm Cell 通过上述候选操作集构造而成,如图 2 (a)所示。每个 Norm Cell 是由 I_1 和 I_2 , 4 个中间节点 B_1, B_2, B_3, B_4 和 1 个输出节点构成的有向无环图。每个 Norm Cell 将先前的输出作为一个输入,并通过先前的节点 ($I_1, I_2, B_j, j \in [1, i]$) 在候选操作集中激活操作来生成中间节点 B_i 。两个节点之间的边根据 SPA-NAS 在搜索空间中得到的可能的操作(图 2(b))。当中间节点有多条输入时,则多个输入将逐像素相加,所有中间节点的连接作为 Norm Cell 的最终输出节点。在测试阶段,为每个中间节点选择 T ($T = 2$) 条边作为输入,以生成最终的 Norm Cell(如图 2(a)中实线组成的结构)。

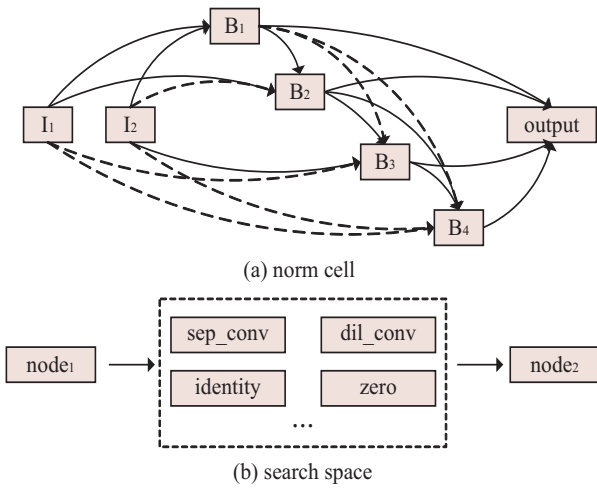


图 2 搜索空间

2.2 基于单路径激活的搜索策略

接下来,采用与 Darts 类似的搜索策略搜索 Norm Cell 结构,不同的是,使用了单路径激活策略来优化搜索过程,如图 3 所示。单路径激活搜索策略主要包括三个步骤:路径激活/采样、训练权重、更新架构参数及概率值。为了使搜索空间连续,将神经网络架构表示为架构参数 α 和该神经网络架构的权重 w (称作过参数化神经网络架构)。也就是说, Norm Cell 的每条边 (i, j) 是一个具有 K ($K = 6$) 条并行路径的混合操作 $m_{i,j}^o$,且每条边都分配了架构参数 $\alpha_{i,j}$ (如图 3 所示)。在 Darts 中, $m_{i,j}^o$ 是 K 条路径的加权和(在图 3 中所有

路径都被计算),而实际上每条边只需要得到一条路径。为此,提出了基于单路径激活策略的架构搜索算法(具体见算法 1)。首先,对过参数化网络架构的所有路径重置为未激活状态,然后,通过以下步骤对 Norm Cell 的每条边进行路径激活:得到边 (i, j) 中并行路径的最大概率:

算法 1: SPA-NAS

Build a mixed operation $m_{i,j}^o$ parametrized by $\alpha_{i,j}$ for each edge (i, j) of Norm Cell

Initialized α

while not stop do ▷ search an architecture

Reset M path to inactive state for each edge (i, j)

Calculate Prob based on Eq. (2)

Derive an o_{active} of each edge

Generate a child architecture only consisting of o_{active}

▷ architecture pruning

Forward propagation of child architecture based on Eq. (3)

Calculate $Loss_{train}$ on train set

Update w by gradient descent: $w = w - \nabla_w Loss_{train}$

Sample batch of data as D_v from validation set

Calculate $Loss_{validation}$ on D_v

Update α by gradient descent: $\alpha = \alpha - \nabla_\alpha Loss_{validation}$

end while

Derive the final architecture based on the learned α

$$prob_{i,j} = \text{Max}(\text{Prob}_{i,j}) \quad (1)$$

其中, 概率 $\text{Prob}_{i,j}$ 是可学习的, 由公式(2)计算获得:

$$\text{Prob}_{i,j} = \frac{\exp(\alpha_{i,j}^k)}{\sum_{k=1}^K \exp(\alpha_{i,j}^k)} \quad (2)$$

其中, $\alpha_{i,j}^k$ 是边 (i, j) 的第 k 条路径的 K 维可学习架构参数向量 ($k \in K$)。最后, 激活最大概率 $prob_{i,j}$ 所对应的操作, 并用 $o_{i,j}^{active}$ 表示边 (i, j) 所激活的操作。路径激活完成后, 通过剪枝其他未激活路径得到一个精简的子架构。给定输入数据 x , 子架构中每条边 (i, j) 的混合操作的前向传播计算公式为:

$$m_{i,j}^o = prob_{i,j} * o_{i,j}^{active}(x) \quad (3)$$

正如公式(3)所示, 训练时只有激活路径上的操作被计算。通过这种方式, 可以节省 GPU 内存成本和

计算时间,有效加速搜索过程。以上步骤得到了一个子架构,接下来应用梯度下降方法^[16]来更新架构参数 α 以及权重 w 。具体是在进行子架构的前向传播时,分别在训练集上和验证集上计算出训练损失和验证损失,然后根据训练损失和验证来更新 w 和 α 。以上过程反复迭代,每次迭代前需重置所有路径为未激活状态。

搜索结束后,需要从学习到的架构参数 α 中推导出最终的 Norm Cell 结构。对每个中间节点连接 $T(T=2)$ 个之前的节点,通过以下步骤得到最终的架构:(1)应用公式(2)得到 NormCell 的中间节点 B_i 和先前节点 $(I_1, I_2, B_j, j \in [1, i])$ 之间连接的重要性 Prob。(2)对每个中间节点 B_i ,与先前节点返回 Prob 的前 T 个节点连接成边。(3)对步骤(2)中返回的边,使用函数 $\text{argmax}(\text{Prob})$ 得到唯一操作。

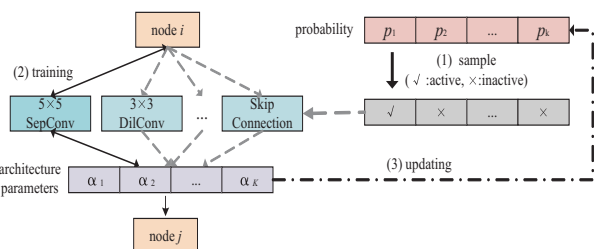


图 3 单路径激活搜索过程

2.3 候选神经网络架构

一旦发现了一个 Norm Cell,就把这些发现的 Norm Cell 堆叠起来组成一个神经网络。如图 4 所示,将 N 个 Norm Cell 堆叠为一个 block,与后边紧跟的步长为 2 的 3×3 卷积层定义为一个组。给定输入,首先通过一个 3×3 卷积层转发,然后传入到 G 个组进行更深层次的特征提取,最后通过一个 block(注意每个 Norm Cell 接收两路输入)。在这里,将神经网络架构的深度设置为 $G * (N + 1) + N$,其中 G 决定了神经网络的下采样率, N 决定了神经网络的深度。

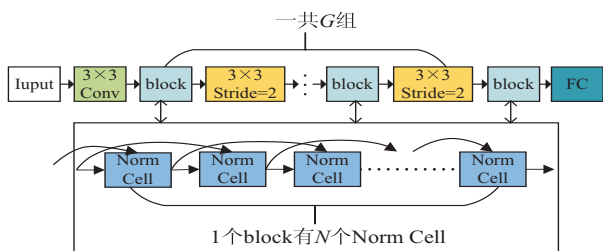


图 4 候选神经网络架构

3 实验与结果分析

实验采用 Pytorch 1.5 实现,主要系统环境为 Win10, Intel i7 - 8700 CPU, 16 GB DDR4 RAM, GTX1080 8G GPU。实验主要包括搜索和测试两个阶段。在搜索阶段,通过提出的 SPA - NAS 方法在

ISIC2017 数据集上搜索最优 Norm Cell 结构。在测试阶段,基于最优 Norm Cell 构造神经网络架构,对比了不同 Norm Cell 堆叠深度 (N, G) 的神经网络在 ISIC2017 和 HAM10000 数据集上的分类性能,并分别与 ARL - CNN^[22]、SA - AS^[23]、G - CNN^[24]、LIN^[25] 及 MobileNet^[26]、DenseNet - 121^[27]、Inception - ResNet^[28]、Dilated - VGG19^[29]、Darts^[16] 等 SOTA 方法进行了比较。

3.1 数据集

实验采用 HAM10000 数据集^[30] 和 ISIC2017 数据集^[31]。图 5 给出了数据集的部分示例。HAM10000 数据集具有 10 015 张皮肤镜图像,包含了七种皮损图像:黑色素瘤、色素痣、基底细胞癌、光化性角化病、良性角化病、皮肤纤维瘤和血管损伤。采用与文献[29]相同的划分方式对它按照 8 : 1 : 1 的比例划分成训练集(8 011 张)、验证集(1 012 张)和测试集(1 012 张)。而 ISIC2017 数据集共有 2 750 张图像,包含了三种皮损图像:黑色素瘤、色素痣和脂溢性角化病。ISIC2017 数据集已经划分了训练集(2 000 张)、验证集(150 张)以及测试集(600 张)。该数据集种有两个分类子任务:黑色素瘤分类(黑色素瘤与其他)和脂溢性角化病分类(脂溢性角化病与其他)。同时,延伸了一个三分类任务。

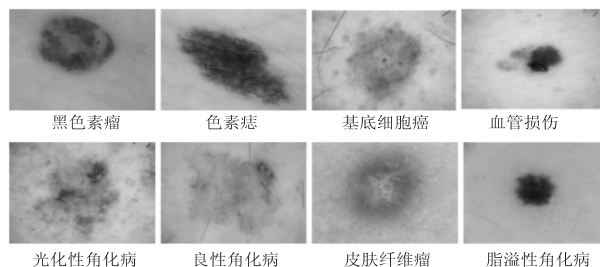


图 5 数据集部分样例

3.2 参数设置

所有图像被中心裁剪并调整至 224×224 像素。

在搜索阶段,使用 ISIC2017 数据集,共迭代搜索 50 次,批次大小为 8,初始通道为 16。使用带有动量的 SGD 优化网络的权重参数和 Adam 优化网络的架构参数。初始学习率为 0.001(按照余弦退火下降至 0.000 1),动量为 0.9,权重衰减为 3×10^{-4} ,指数衰减率为 $(0.5, 0.999)$ 。

在测试阶段,在 HAM10000 数据集上共训练 75 个 epochs,初始学习率为 0.000 5;在 ISIC2017 数据集上共训练 120 个 epochs,初始学习率为 0.001。使用余弦退火降低学习率,批次大小为 5,初始通道为 16,权重衰减率为 3×10^{-5} ,使用指数衰减率为 $(0.9, 0.999)$ 的 Adam 优化权重参数。

3.3 评估指标

在评估指标方面,使用多类敏感性 S (multi-class

sensitivity, MC-Sensitivity) 来全面衡量分类准确性, 该指标能够平等地对待所有类, 其定义如下:

$$S = \frac{1}{C} \sum_i^c \frac{TP_i}{TP_i + FN_i} \quad (4)$$

其中, TP 表示真阳性, FN 表示假阴性, C 为类别数。

3.4 搜索最优 Norm Cell

首先, 基于一个包含所有路径的神经网络架构, 根

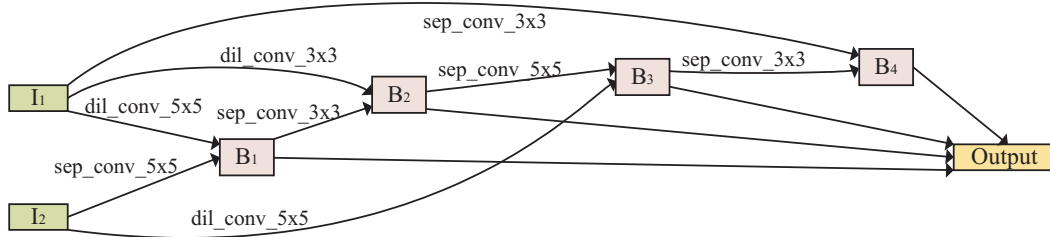


图 6 在 ISIC2017 上学习到的 Norm Cell

同样地, 在降低图像分辨率至 64×64 和通道数降为原来的 $1/3$ 的情况下 (否则内存过载), 使用了 darts 方法进行架构搜索, 并与文中方法进行了比较。如表 1 所示, 可以看到, Darts 在降低了算力的情况下, 搜索效率仍低于 SPA-NAS。

表 1 搜索一个 CNN 所耗时间

方法	搜索时间 (GPU Hours)
Darts ^[16]	28.5
SPA-NAS	21

3.5 最优 Norm Cell 的堆叠和测试

进一步, 采用 Norm Cell 堆叠的方式构建不同深度的候选神经网络 (见图 4), 以确定在 ISIC2017 和

据第 2 节所提出的方法搜索一个最优的 Norm Cell 结构。考虑到神经网络的深度和视野范围, N 与 G 的取值不宜过大或过小。因此, 在 ISIC2017 数据集上搜索了一个 $N = 2, G = 4$ 深度的神经网络架构, 花费约 21 GPU Hours。图 6 给出了在该深度下搜索到的最优 Norm Cell 结构, 其输入节点的卷积步长均为 1。

HAM10000 数据集上最优的神经网络。

3.5.1 优选 Norm Cell 堆叠方式

通过改变 $N (N = 1, 2, 3)$ 和 $G (G = 4, 5)$ 来分析最优 Norm Cell 的堆叠深度对 HAM10000 和 ISIC2017 验证集分类性能的影响, 以此分别确定各自最优的神经网络。图 7 给出了在不同堆叠深度下, ISIC2017 和 HAM10000 验证集的 MC-Sensitivity - Epoch 曲线。由图可知, 当 $G = 4$ 时, SPA-NAS 在 ISIC2017 和 HAM10000 验证集上的性能明显要优于 $G = 5$ 时。可能的一个原因是, 小的 G 值意味着输出的特征图尺寸增大, 感受野变小, 对检测皮肤病灶这种小物体更有利。

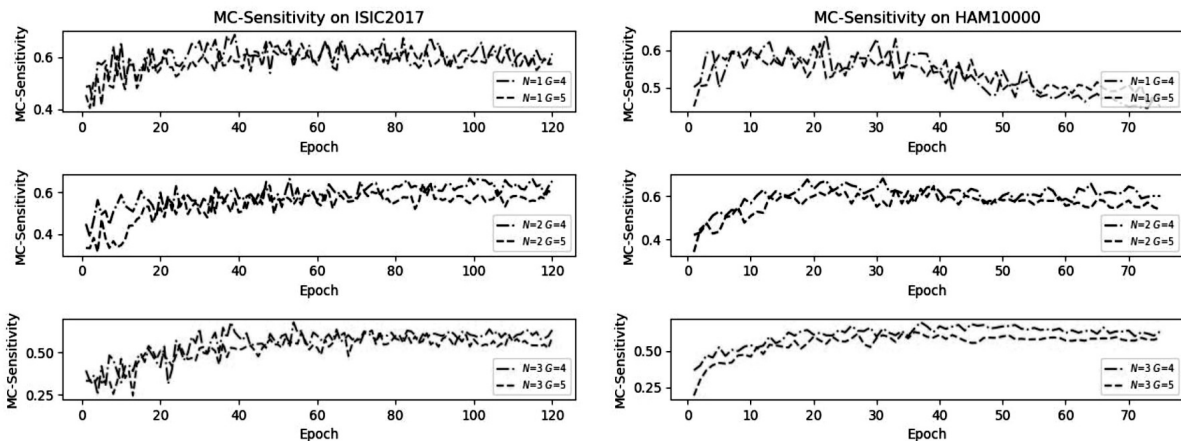


图 7 在不同堆叠深度下, ISIC2017 和 HAM10000 验证集的 MC-Sensitivity - Epoch 曲线

为了优选 Norm Cell 堆叠方式, 根据 N 值不同分成 3 组来进行测试, 并分别计算了后 30 个 epoch 的 MC-Sensitivity 平均值 (由图 6 知在该阶段均已基本收敛), 以此作为优选堆叠方式的参考指标。如表 2 所示, 当 N 一定时, MC-Sensitivity 平均值随着 G 的增大呈下降趋势。因此, 优选了每组中 MC-Sensitivity 平均值最高的堆叠方式进行测试。

3.5.2 在 ISIC2017 数据集上的对比结果

最后, 使用上节优选出的 3 种网络模型与 ARL-CNN^[22]、SA-AS^[23]、G-CNN^[24]、LIN^[25] 和 Darts^[16] 等 5 种 SOTA 方法进行比较。由表 3 可知, SPA-NAS ($N = 1, G = 4$) 的综合性能最好, 虽然在脂溢性角化病分类得分较低, 但在黑色素瘤分类和三分类任务上的 MC-Sensitivity 均超过了其他方法, 而黑色素瘤分类和三分类

类相较于脂溢性角化病分类更加有难度。ARL-CNN 将注意力机制与残差结构相结合,使得模型能够更好地关注病灶位置,但它没有通过增加网络宽度对在相同尺度下提取的特征进行融合,导致其在黑色素瘤识别上略低于文中方法。SA-AS 通过使用主动学习策略筛选有用的样本以提高分类性能,但在实现过程中仍需要人工的参与。G-CNN 主要关注于病灶的全局尺度信息,而 LIN 更多地关注于病灶之间的局部细粒度差异,它们都没有很好地全局信息与局部信息进行结合,从而可能导致一些细节特征的丢失。而文中方法在不需要人工参与下自动地调整网络结构,能够更好地将提取的特征信息进行结合,从而提高黑色素瘤的分类性能。另外,还与 Darts 进行了比较,SPA-NAS 的性能在所有分类任务中均得到了改善,尤其在三分类任务中,SPA-NAS($N = 1, G = 4$)比它高了约 10.4%。

表 2 不同堆叠深度下验证集的 MC-Sensitivity 平均值

分组	堆叠深度	ISIC2017 (three classification)	HAM10000
N = 1	G = 4	0.607 1	0.480 8
	G = 5	0.588 1	0.501 9
N = 2	G = 4	0.631 1	0.607 9
	G = 5	0.570 9	0.568 9
N = 3	G = 4	0.608 3	0.643 4
	G = 5	0.560 6	0.583 1

表 3 不同方法在 ISIC2017 上的 MC-Sensitivity 结果比较 %

方法	黑色素瘤分类 (task 1)	脂溢性角化病 分类(task 2)	三分类
ARL-CNN ^[22]	59.0	77.8	-
SA-AS ^[23]	47.9	75.6	-
G-CNN ^[24]	45.3	76.0	-
LIN ^[25]	-	-	50.4
Darts ^[16]	57.6	75.0	52.8
SPA-NAS($N = 1, G = 4$)	62.7	75.4	62.4
SPA-NAS($N = 2, G = 4$)	60.7	78.9	58.5
SPA-NAS($N = 3, G = 4$)	56.1	71.0	60.7

3.5.3 迁移到 HAM10000 数据集上的对比结果

为了验证搜索到的 Norm Cell 的可转移性,继续在 HAM10000 数据集上进行了测试,并与 MobileNet^[26]、DenseNet-121^[27]、Dilated-VGG19^[29]、Inception-ResNet^[28]和 Darts 等 5 种 SOTA 方法进行比较。由表 4 可知,优选的 SPA-NAS($N = 3, G = 4$)神经网络取得了最高的 MC-Sensitivity 值(69.8%),比 Dilated-VGG19 高 3.1 百分点。Dilated-VGG19 在增加网络深度的同时也增加了空洞卷积的空洞数,这使

得远距离卷积得到的结果之间缺乏相关性和连续性,进而影响了分类结果。Inception-ResNet、MobileNet 和 DenseNet-121 均是针对 ImageNet 数据集而手工精心设计的 CNN,其 MC-Sensitivity 约为 60.4% ~ 66.3%。而文中方法设计的 CNN(在 $G = 4$ 情况下)均超过了以上 3 种手工构建的神经网络和 Darts。此外,发现 SPA-NAS 对皮肤纤维瘤的识别率最差,最主要的原因是该类别的数量较少以及其病灶与其他病灶具有高度的视觉相似性,从而被错误分类。

表 4 不同方法在 HAM10000 上的 MC-Sensitivity 结果比较

方法	HAM10000/%
Inception-ResNet ^[28]	63.1
MobileNet ^[26]	60.4
DenseNet-121 ^[27]	66.3
Dilated-VGG19 ^[29]	66.7
Darts ^[16]	68.3
SPA-NAS($N = 1, G = 5$)	64.5
SPA-NAS($N = 2, G = 4$)	68.3
SPA-NAS($N = 3, G = 4$)	69.8

4 结束语

为了避免手工设计 CNN 需要非常专业的知识和大量参数调优的问题,提出了一种简单而有效的基于神经架构搜索的皮损图像分类方法(SPA-NAS)。该方法通过对一个过参数化网络架构采用基于单路径激活的梯度下降搜索策略进行学习,有效地提高了搜索效率。SPA-NAS 方法首先在 ISIC2017 数据集上搜索最优 Norm Cell,构建的神经网络取得了与 SOTA 方法接近或更好的分类性能。最优 Norm Cell 还成功地迁移到了 HAM10000 数据集上并取得了较好的分类准确性。但由于构建的 CNN 采用了重复堆叠的模式,这限制了 Norm Cell 的多样性,可能会损害到神经网络的分类性能。下一步研究可以搜索一个基于不同 Norm Cell 的神经网络架构,以扩大搜索空间和 Norm Cell 的多样性。

参考文献:

- [1] JERANT A F, JOHNSON J T, SHERIDAN C D, et al. Early detection and treatment of skin cancer[J]. American Family Physician, 2000, 62(2): 357-368.
- [2] STANLEY R J, STOECKER W V, MOSS R H. A relative color approach to color discrimination for malignant melanoma detection in dermoscopy images[J]. Skin Research and Technology, 2007, 13(1): 62-72.
- [3] CHENG Y, SWAMISAI R, UмбаUGH S E, et al. Skin le-

- sion classification using relative color features[J]. *Skin Research and Technology*, 2008, 14(1):53–64.
- [4] BALLERINI L, FISHER R B, ALDRIDGE B, et al. A color and texture based hierarchical K–NN approach to the classification of non–melanoma skin lesions[C]//*Color medical image analysis*. Dordrecht:Springer, 2013:63–86.
- [5] 何雪英, 韩忠义, 魏本征. 基于深度卷积神经网络的色素性皮肤病识别分类[J]. *计算机应用*, 2018, 38(11):3236–3240.
- [6] 龚 安, 郭文婷. 基于卷积神经网络的皮肤癌识别方法[J]. *计算机技术与发展*, 2020, 30(10):167–172.
- [7] YU L, CHEN H, DOU Q, et al. Automated melanoma recognition in dermoscopy images via very deep residual networks[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2017, 36(4):994–1004.
- [8] ZOPH B, LE Q V. Neural architecture search with reinforcement learning[J]. arXiv:161101578, 2016.
- [9] BAKER B, GUPTA O, NAIK N, et al. Designing neural network architectures using reinforcement learning[J]. arXiv:161102167, 2016.
- [10] REAL E, MOORE S, SELLE A, et al. Large–scale evolution of image classifiers[J]. arXiv:1703.01041v1, 2017.
- [11] LIU H, SIMONYAN K, VINYALS O, et al. Hierarchical representations for efficient architecture search[J]. arXiv:1711.00436, 2018.
- [12] ZHONG Z, YANG Z, DENG B, et al. BlockQNN: efficient block–wise neural network architecture generation[J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2021, 43(7):2314–2328.
- [13] PHAM H, GUAN M Y, ZOPH B, et al. Efficient neural architecture search via parameter sharing[C]//*International conference on machine learning (ICML)*. Stockholm:ACM, 2018.
- [14] ELSKEN T, METZEN J H, HUTTER F. Simple and efficient architecture search for convolutional neural networks[J]. arXiv:1711.04528, 2018.
- [15] BROCK A, LIM T, RITCHIE J M, et al. SMASH: one–shot model architecture search through hyper networks[J]. arXiv:1708.05344, 2018.
- [16] LIU H, SIMONYAN K, YANG Y. Darts: differentiable architecture search[J]. arXiv:1806.09055, 2018.
- [17] ZOPH B, VASUDEVAN V, SHLENS J, et al. Learning transferable architectures for scalable image recognition[C]//*Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. Salt Lake City:IEEE, 2018:8697–8710.
- [18] LI X, ZHOU Y, PAN Z, et al. Partial order pruning: for best speed/accuracy trade–off in neural architecture search[C]//*2019 IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition (CVPR)*. Long Beach:IEEE, 2019:9137–9145.
- [19] CAI H, CHEN T, ZHANG W, et al. Efficient architecture search by network transformation[C]//*AAAI conference on artificial intelligence*. New Orleans:AAAI, 2018.
- [20] REAL E, AGGARWAL A, HUANG Y, et al. Regularized evolution for image classifier architecture search[C]//*Proceedings of the AAAI conference on artificial intelligence*. Hawaii:AAAI, 2019:4780–4789.
- [21] LIU C, ZOPH B, SHLENS J, et al. Progressive neural architecture search[C]//*European conference on computer vision (ECCV)*. Munich:Springer, 2018:19–35.
- [22] ZHANG J, XIE Y, XIA Y, et al. Attention residual learning for skin lesion classification[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2019, 38(9):2092–2103.
- [23] SHI X, DOU Q, XUE C, et al. An active learning approach for reducing annotation cost in skin lesion analysis[C]//*International workshop on machine learning in medical imaging*. Jakarta:Springer, 2019:628–636.
- [24] TANG P, LIANG Q, YAN X, et al. GP–CNN–DTEL: global–part CNN model with data–transformed ensemble learning for skin lesion classification[J]. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 2020, 24:2870–2882.
- [25] LI Y, SHEN L. Skin lesion analysis towards melanoma detection using deep learning network[J]. *Sensors*, 2018, 18(2):556.
- [26] CHATURVEDI S S, GUPTA K, PRASAD P S. Skin lesion analyser: an efficient seven–way multi–class skin cancer classification using MobileNet[J]. arXiv:1907.03220, 2019.
- [27] MOHAMED E H, EL–BEHAIDY W H. Enhanced skin lesions classification using deep convolutional networks[C]//*2019 ninth international conference on intelligent computing and information systems (ICICIS)*. Cairo:IEEE, 2019:180–188.
- [28] MURESAN H. Skin lesion diagnosis using deep learning[C]//*2019 IEEE 15th international conference on intelligent computer communication and processing (ICCP)*. Cluj–Napoca:IEEE, 2019:499–506.
- [29] RATUL M A R, MOZAFFARI M H, LEE W S, et al. Skin lesions classification using deep learning based on dilated convolution[J]. bioRxiv, 2020:860700.
- [30] TSCHANDL P, ROSENDAHL C, KITTLER H. The HAM 10000 dataset, a large collection of multi–source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions[J]. *Scientific Data*, 2018, 5(1):180161.
- [31] CODELLA N C F, GUTMAN D, CELEBI M E, et al. Skin lesion analysis toward melanoma detection; a challenge at the 2017 international symposium on biomedical imaging (IS–BI), hosted by the international skin imaging collaboration (ISIC)[C]//*2018 IEEE 15th international symposium on biomedical imaging (ISBI 2018)*. Washington:IEEE, 2018:168–172.