

Дифференциальная разреженная система внимания для точной классификации подтипов рака яичников с использованием DenseNet121

Источник: Frontiers in Digital Health

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fdgth.2026.1875306>

гистопатология

диагностика

машинное обучение

онкология

радиология

сверточные нейронные сети

Введение

Рак яичников является наиболее летальным гинекологическим онкологическим заболеванием, вызывая около 207 000 смертей ежегодно во всем мире. Это во многом обусловлено поздней диагностикой на поздних стадиях и значительным гистопатологическим разнообразием между подтипами. Точная классификация подтипов имеет важное клиническое значение для прогнозирования течения заболевания и планирования лечения, однако остается сложной задачей из-за высокой морфологической схожести между классами и недостаточного количества должным образом размеченных наборов данных гистопатологических изображений.

Методы

В данном исследовании представлен новый модуль внимания — Deep Differential Sparse Attention (DDSA), разработанный для многоклассовой классификации подтипов рака яичников на гистопатологических изображениях. Модуль избирательно усиливает дискриминативные (различительные) области опухоли, одновременно подавляя нерелевантные фоновые признаки, что улучшает как представление признаков, так и

интерпретируемость модели. Набор данных, состоящий из 3 082 изображений, охватывающих пять подтипов, а именно: прозрачноклеточный рак, эндометриоидный рак, серозная карцинома высокой степени злокачественности, серозная карцинома низкой степени злокачественности и муцинозная карцинома, был получен с платформы Kaggle. Набор данных для обучения был сбалансирован до 5 940 изображений (по 1 188 на каждый подтип) с использованием алгоритма RandomOverSampler, а во время обучения применялась онлайн-аугментация данных. Модуль DDSA был интегрирован в архитектуру на базе DenseNet, а диагностическая производительность оценивалась с использованием стандартных метрик классификации, включая точность (precision), полноту (recall), F1-меру, матрицы ошибок (confusion matrices) и ROC-кривые.

Результаты

Предложенная модель достигла общей точности классификации 92,53%, с макроусредненной полнотой (macro-average recall) 91,54% и макроусредненной F1-мерой 0,90. Значения площади под ROC-кривой (AUC) варьировались от 0,92 до 0,99 для всех пяти подтипов, что указывает на высокую и стабильную производительность классификации на тестовой выборке.

Обсуждение

Полученные результаты свидетельствуют о том, что архитектуры DenseNet с управлением вниманием могут улучшить извлечение дискриминативных признаков и повысить диагностическую точность классификации подтипов рака яичников. Способность модуля DDSA выделять области, релевантные для опухоли, также способствует улучшению интерпретируемости модели, что является важным аспектом для ее клинического внедрения. Хотя эти результаты являются многообещающими, для подтверждения надежности и обобщаемости, а также для оценки готовности `_framework_` к клиническому применению, необходимы дальнейшие исследования на более крупных мультицентровых наборах данных.

Перевод выполнен: 08.10.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.