



中国科技期刊卓越行动计划项目入选期刊

# 控制与决策

CONTROL AND DECISION



## 基于高维多目标优化的 小样本皮肤癌检测

赵嘉晖, 温杰, 蔡星娟, 崔志华

引用本文:

赵嘉晖, 温杰, 蔡星娟, 崔志华. 基于高维多目标优化的  
小样本皮肤癌检测[J]. 控制与决策, 2024, 39(11): 3597–3606.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2023.1102>

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 基于聚类簇结构特性的自适应综合采样法在入侵检测中的应用

Toward intrusion detection via cluster structure-based adaptive synthetic sampling approach

控制与决策. 2021, 36(8): 1920–1928 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2019.1672>

#### 基于DLSR的归纳式迁移学习

DLSR based inductive transfer learning method

控制与决策. 2021, 36(12): 2982–2990 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2020.0703>

#### 基于数据分布特性的代价敏感宽度学习系统

Data distribution-based cost-sensitive broad learning system

控制与决策. 2021, 36(7): 1686–1692 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2019.1484>

#### 基于R2指标和目标空间分解的高维多目标粒子群优化算法

R2 indicator and objective space partition based many-objective particle swarm optimizer

控制与决策. 2021, 36(9): 2085–2094 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2020.0113>

#### 基于复杂昂贵仿真的体系效能多目标优化

Complex and expensive simulation based multi-objective optimization to system-of-system effectiveness

控制与决策. 2021, 36(3): 589–598 <https://doi.org/10.13195/j.kzyjc.2019.0844>

# 基于高维多目标优化的少样本皮肤癌检测

赵嘉晖<sup>1</sup>, 温杰<sup>1,2</sup>, 蔡星娟<sup>1†</sup>, 崔志华<sup>1</sup>

(1. 太原科技大学 大数据分析 & 并行计算山西省重点实验室, 太原 030024;

2. 太原科技大学 先进控制与装备智能化山西省重点实验室, 太原 030024)

**摘要:** 由于皮肤癌数据的长尾分布特性, 快速识别含少量数据的罕见皮肤病样本成为一个具有挑战性的小样本问题. 基于元学习的检测方法能够从多数常见皮肤病样本中快速学习元知识, 利用先验知识提高模型检测罕见皮肤病的能力. 然而, 皮肤癌公共类别质量和分布的偏差, 导致元学习在预训练阶段存在过拟合风险, 且基于传统网络的元学习模型难以处理细粒度皮肤病问题. 针对此问题, 提出一种高维多目标元学习皮肤癌检测模型. 该模型在元学习的基础上, 通过考虑皮肤癌检测模型的多种分类性能, 优化公共类别(基类)分布获得强化的训练样本; 采用融合 CCNet 注意力机制的 ResNet12 网络结构, 充分提高识别细粒度皮肤病变图像的能力. 此外, 设计一种基于离散分组交叉策略的高维多目标优化算法对所提出的高维多目标皮肤癌检测模型进行高效求解. 在 ISCI2018 和 Derm7pt 两个公开的医学数据集上进行实验, 在二分类的 1 次、3 次和 5 次采样任务中, 分别获得 67%、79%、82% 的检测准确率, 验证了高维多目标检测皮肤癌检测模型的有效性.

**关键词:** 元学习; 多目标优化; 小样本学习; 注意力机制; 数据增强

中图分类号: TP273

文献标志码: A

DOI: 10.13195/j.kzyjc.2023.1102

**引用格式:** 赵嘉晖, 温杰, 蔡星娟, 等. 基于高维多目标优化的少样本皮肤癌检测 [J]. 控制与决策, 2024, 39(11): 3597-3606.

## Few-shot skin cancer detection based on many-objective optimization

ZHAO Jia-hui<sup>1</sup>, WEN Jie<sup>1,2</sup>, CAI Xing-juan<sup>1†</sup>, CUI Zhi-hua<sup>1</sup>

(1. Shanxi Key Laboratory of Big Data Analysis and Parallel, Taiyuan University of Science and Technology, Taiyuan 030024, China; 2. Shanxi Key Laboratory of Advanced Control and Equipment Intelligence, Taiyuan University of Science and Technology, Taiyuan 030024, China)

**Abstract:** Due to the long-tailed distribution characteristics of skin cancer data, quickly identifying rare skin disease samples with small amounts of data becomes a challenging few-shot problem. The detection method based on meta-learning can quickly learn meta-knowledge from the majority of common classes skin disease classes and use prior knowledge to improve the model's ability to detect rare skin diseases. However, the bias in the quality and distribution of public skin cancer categories leads to the risk of overfitting in the pre-training phase of meta-learning, and meta-learning models based on traditional networks struggle to handle fine-grained skin disease problems. Affronting this issue, a many-objective meta-learning skin cancer detection model is proposed. The proposed model optimizes the distribution of common classes (base classes) by considering various classification performances of the skin cancer detection model, thus obtaining quality-enhanced training samples. And it adopts the ResNet12 network structure integrated with the CCNet attention model, which can significantly enhance the ability to identify fine-grained skin lesion images. Additionally, an improved many-objective optimization algorithm with discrete grouping strategy is designed to efficiently solve the proposed model. Some experiments are conducted on two public medical datasets, ISCI2018 and Derm7pt. The proposed many-objective skin detection model achieves detection accuracies of 67%, 79%, and 82% respectively on binary classification tasks with 1-shot, 3-shot, and 5-shot learning, which validates the effectiveness of the model.

**Keywords:** meta-learning; many-objective optimization; few-shot learning; attention model; data augmentation

收稿日期: 2023-08-03; 录用日期: 2023-12-19.

基金项目: 中央引导地方科技发展基金项目 (YDZJSX2021A038); 山西省重点研发计划项目 (202202020101012).

责任编辑: 巩敦卫.

<sup>†</sup>通讯作者. E-mail: caixingjuan@tyust.edu.cn.

## 0 引言

随着深度学习的广泛应用,其在物体识别<sup>[1]</sup>、图像分割<sup>[2]</sup>以及医学图像分析等领域均取得了显著进步,这主要得益于大规模数据集的利用.当传统的深度学习技术应用于皮肤病领域时,由于皮肤病数据集的长尾分类分布,即大多数疾病类别只含少量样本,导致传统检测模型在训练过程中倾向于关注样本丰富的疾病类别,而对尾部分布中含少量数据的罕见疾病检测泛化能力不足,从而无法有效检测样本稀少的新类疾病<sup>[3]</sup>.因此,如何对样本量稀缺的疾病类型进行快速适应和识别,成为了一个极具挑战性的小样本问题<sup>[4]</sup>.

为了有效解决小样本问题,研究者们提出了基于数据增强<sup>[5]</sup>和基于迁移学习<sup>[6-7]</sup>的小样本学习方法.基于迁移学习的方法通过利用预训练的模型来增强分类性能,但是迁移学习依赖于大量的预训练数据,对稀有类别的识别仍然困难<sup>[8]</sup>.基于数据增强方法通过应用随机变换、合成新样本或采用生成对抗网络(GANs)<sup>[9]</sup>等方式增加数据集规模和多样性,以生成更多少数类样本,从而提高模型泛化能力<sup>[10-11]</sup>.数据增强方式也存在一些限制,如果生成数据质量不高,可能会引入噪声<sup>[12]</sup>.此外,现有的数据增强方法无法自适应确定最佳数据集规模,难以产生最佳性能模型<sup>[13]</sup>.

随着深度学习技术的发展,研究者们思考人类利用先验知识从一些例子中快速学习的能力,机器学习若能拥有人类的数据处理能力和快速自适应能力,将极大地扩展机器学习的效用.为了更有效地从少量标注数据中学习并快速适应新任务,同时模仿人类的泛化能力,元学习的概念被提出并在各领域中广泛应用<sup>[14]</sup>.元学习通过在样本充足的公共类别(基类)上进行训练得到网络参数,然后利用罕见疾病样本来调整和优化该模型,从而提升对这些罕见疾病的识别性能<sup>[3]</sup>.其关键在于优化一个已经训练好的分类器,通过计算类中心和查询样本嵌入之间的余弦相似度,使得模型在不更新参数的情况下,在新任务上达到最佳性能.元学习的特性使其在处理具有长尾分布和数据稀缺的罕见皮肤癌检测问题上展现出明显优势<sup>[15]</sup>.

皮肤病变的种类繁多,包含上千种不同的类型,其中既包括常见病种,也包括罕见病种<sup>[16]</sup>.正因为这种疾病类型的丰富性和发病频率的差异,导致各种疾病类型的数据集存在不均衡.皮肤癌基类数据集的分布偏差和质量不佳,会影响元学习预训练阶段模型

的学习效果,所训练的模型难以准确捕捉数据真实分布,从而影响元学习模型训练效果及对罕见疾病的识别检测性能.另外,传统元学习皮肤癌检测模型方法在处理这些细粒度特征时,难以捕捉图像中的微妙变化和复杂纹理,如颜色、纹理和形状等的细微变化,导致传统元学习模型对罕见疾病快速适应的泛化能力不强<sup>[4]</sup>.

为解决数据分布不均,提高模型识别细粒度图像的能力,本文提出一种样本强化的高维多目标元学习模型.该模型同时考虑4种皮肤癌检测指标,通过调整数据增强样本数目找到最优数据集,降低过拟合风险.此外,引入CCNet<sup>[17]</sup>注意力机制以优化网络结构,提高模型对细粒度图像的识别能力.另外,设计一种基于离散分组交叉的DGO-NSGA-III算法,以高效求解获得最优数据方案.该策略可以加速解集收敛,最终取得最佳的数据处理方案,从而提升模型在罕见类别上的检测效果.

## 1 相关工作

本节详细讨论了当前皮肤癌检测的相关研究,包括基于迁移学习、数据增强的小样本学习以及元学习的检测方法.

### 1.1 小样本疾病检测技术

在深度学习技术的推动下,近年来皮肤癌的自动检测和分类领域取得了显著的进步.研究人员已经开发出了各种基于深度学习的皮肤癌检测算法,其中卷积神经网络(CNN)的应用尤其广泛.例如,Esteva等<sup>[18]</sup>使用经过训练的深度卷积神经网络(DCNNs)模型进行皮肤癌和良性病变的分类,性能与皮肤病学家相当.尽管深度学习在皮肤癌诊断中表现出色,但皮肤癌和各类疾病图像的复杂性和多样性以及类别分布的不均衡性,都给模型的泛化能力带来了挑战<sup>[19]</sup>.元学习主要有3种不同的架构:1)基于记忆的方法,如基于LSTM的元学习<sup>[20]</sup>;2)基于优化的方法,如MAML<sup>[21]</sup>和MetaOptNet<sup>[22]</sup>;3)基于度量的方法,这类方法中的元学习者拥有深度表示的特征空间度量,如Prototypical Networks<sup>[23]</sup>、Relation Networks<sup>[24]</sup>和TADAM<sup>[25]</sup>.这些技术都在小样本疾病分类任务中取得了良好的性能.

研究人员受元学习方法的启发,开始将元学习运用于改进皮肤癌检测.文献[3]的模型Meta-DermDiagnosis<sup>[3]</sup>首次将元学习与皮肤癌检测相结合,如基于梯度的爬行动物(Reptile)和基于距离度量的原型网络(Prototypical Networks)来检测皮肤病.

Singh 等<sup>[26]</sup> 针对医学数据集中的长尾分布问题, 提出了能够适应只有少量图片和较少计算量的罕见疾病类别 MetaMed. 然而, 该文对预训练网络工作的处理缺少考虑. Liu 等<sup>[27]</sup> 提出了一种使用改进的关系网络进行测量学习的小样本学习方法, 通过相对位置网络和相对映射网络来实现皮肤疾病的分类, 达到了很好的分类效果, 但该方法在随机裁剪和去除噪声时容易丢失特征信息.

### 1.2 小样本技术

在小样本技术中, 迁移学习是一种高效的方法, 它利用预训练模型的知识来提高在皮肤癌检测中的性能. 数据增强<sup>[28]</sup> 也被广泛应用于处理小样本问题, 它可以通过创造新的训练样本来增加数据集的大小. 在皮肤癌检测中, 数据增强被证明能够提高模型的泛化能力. 例如, Sivabalaselvamani 等<sup>[10]</sup> 的研究表明, 使用基于共变的 SMOTE 的数据增强方法能够显著改善黑色素瘤的检测效果. 尽管数据增强对模型性能的提升已得到证明, 但确定增强后数据集的最佳规模仍是一个问题<sup>[12-13]</sup>. Cui 等<sup>[29]</sup> 为解决数据不平衡数据问题, 设计了一种基于约束划分交叉策略的优化算法 CDCS-NSGA-II, 显著提高了数据集的学习能力、数据分类效果以及模型鲁棒性. 优化算法<sup>[30-31]</sup> 的使用大大提高了数据增强的学习能力.

## 2 提出模型

本文的目标在于检测皮肤癌图像中的病变. 鉴于皮肤病变数据存在长尾分布, 且新型皮肤癌频繁出现而样本量不足, 若单纯采用传统数据增强样本数量, 将导致模型过拟合风险, 降低模型的泛化能力. 因此, 本文研究高维多目标优化模型, 通过考虑元学习皮肤癌检测当中的多种指标性能, 确定每个类别适宜的数据增强样本分布, 从而避免模型出现过拟合的风险. 同时, 采用元学习方法, 通过少量标注样本快速学习和适应新增疾病类别的识别能力.

本文提出一种样本强化的高维多目标元基线学习模型, 命名为 sample-reinforced many-objective meta-baseline skin disease identification (SaMOMeta-SkinID). SaMOMeta-SkinID 模型的整体框架包括预训练、元学习和测试 3 个阶段 (对应图 1). 在预训练阶段, 通过构建多目标全分类模型, 以解决皮肤病变数据存在的长尾分布问题, 以及避免单纯的数据增强导致的过拟合风险. 第 2.3 节提出的 CCNet-ResNet12 特征提取网络与第 3 节提出的算法 DGO-NSGA-II 相互配合, 对损失、误报率、G-mean 以及 kappa 系数多个目标函数进行优化, 以选择最佳的数据增强比例, 获得最优预训练模型的参数. 在元学习阶段, 利用预训练得到的特征提取器, 对构建的大量小样本分类任务进行处理, 以优化模型并适应新增疾病类别.

高维多目标全分类预训练阶段

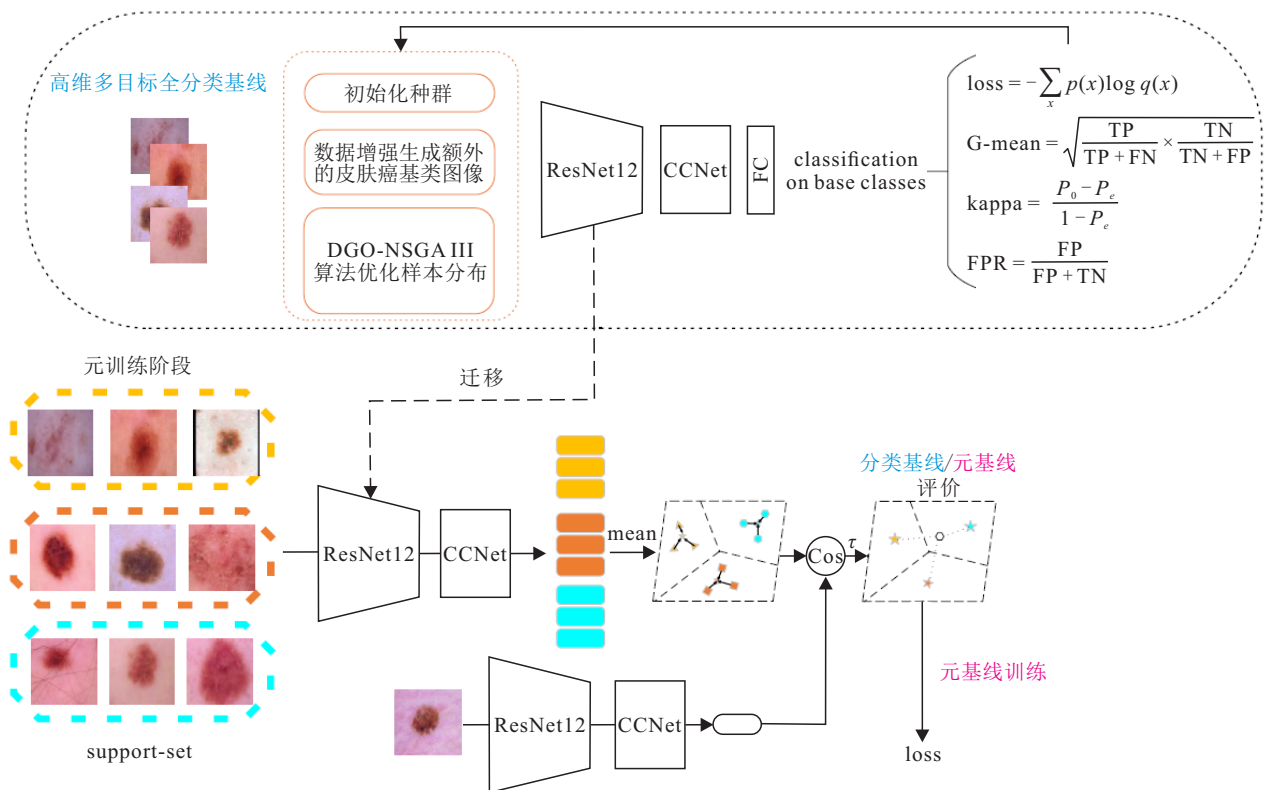


图 1 SaMOMeta-SkinID 模型整体流程

## 2.1 高维多目标元学习皮肤癌检测模型

### 1) 决策变量设计.

在训练过程中为各类增强样本提供相等表示的权重. 通过调整增强数据集中各类别生成皮肤癌图像的数量实现, 即对于样本数量较少的类别, 通过高维多目标优化数据增强生成一定比例数量的疾病样本; 对于样本数量较多的类别, 减少读取样本的数量. 因此, 可以将各类增强样本量的分布看作一个优化问题, 每类皮肤癌增强的样本数量被视为一个需要优化的向量, 公式如下:

$$\text{Individual quantity} = a_1, a_2, \dots, a_m. \quad (1)$$

其中:  $a_i$  表示各个种类增强的样本数量,  $m$  表示皮肤癌基类个数. 在此过程中, 通过多目标全分类模型构建预分类模型, 对皮肤癌基类数据集进行训练和测试.

### 2) 模型构建.

在评估多目标预训练模型时, 本文选择了4个评价指标作为目标函数, 包括损失值、误报率、几何平均值和kappa系数.

① 交叉熵损失 (cross-entropy loss) 是衡量概率分布差异的函数, 常用于评估多分类模型预测与实际结果的差异. loss计算公式如下:

$$\text{loss} = - \sum_{i=1}^n y_i \ln \hat{y}_i. \quad (2)$$

其中:  $y$  表示实际标签的概率分布,  $\hat{y}$  表示模型预测的概率分布,  $n$  表示类别数. 交叉熵损失作为优化目标, 用于找到最佳数据集规模. 通过最小化此损失, 模型可以更精确拟合训练数据, 并在测试数据上有良好的表现.

② 假阳性率 (false positive rate, FPR) 是多分类模型的关键性能指标, 代表模型错误预测的概率, 这是模型将负样本错误地归类为正样本的频率. FPR计算公式如下:

$$\text{FPR} = \frac{\text{FP}}{\text{FP} + \text{TN}}. \quad (3)$$

其中: FP表示假阳性的数量, 即被模型误判为正例, 但实际上是负例的样本数量; TN表示真阴性的数量, 是被模型正确预判为负例的样本数量. 通过优化策略, 尽可能降低模型将负样本错误分类为正样本的情况.

③ G-mean (几何平均值) 是一个用于衡量分类器在正负类别上表现平衡性的指标. 它通过计算真阳性率 (sensitivity) 和真阴性率 (specificity) 的几何平均值来评估分类器的整体性能. G-mean计算公式如下:

$$\text{G-mean} = \sqrt{\text{sensitivity} \times \text{specificity}}. \quad (4)$$

④ kappa系数是可以用来评估分类器在处理不平衡数据集时性能的统计量. 它测量的是分类器预测准确率与随机猜测之间的相对表现. kappa系数的取值介于-1与1之间, 1代表完全匹配, 0代表预测结果与随机猜测没有区别, -1代表预测结果与实际情况完全相反. kappa系数的计算公式如下:

$$\text{kappa} = \frac{p_o - p_e}{1 - p_e}. \quad (5)$$

其中:  $p_o$  表示观察准确率,  $p_e$  表示预期准确率. 预期准确率基于分类器的总体准确率以及各类别的实际标签分布计算得出.

## 2.2 元训练阶段

元学习阶段是在多目标预训练基础上进一步进行的模型优化过程, 其通过构建大量小样本分类任务, 使用多目标预训练模型的特征提取器提取的特征, 实现对新类别皮肤病的快速适应. 在小样本分类任务中, 利用给定的大量皮肤癌基类标注数据集中的少量样本, 学习罕见疾病类别. 在  $N$ -way  $K$ -shot 小样本分类任务中, support-set 包含  $N$  个类别, 每个类别含有  $K$  个样本; query-set 包含相同的  $N$  个类别, 每个类别含有  $Q$  个样本, 且目标是将  $N \times Q$  个 query 图像分类为  $N$  个类.

元学习阶段如图2所示, 在第2.1节训练得到的分类器中移除其最后的全连接 (FC) 层, 从而得到特征编码器  $f_\theta$ , 将其映射到嵌入空间. 然后, 从皮肤癌训练样本中选择  $N$ -way  $K$ -shot 任务放入  $f_\theta$ , 该任务包含  $N \times Q$  个 query 样本. 为了计算任务损失, 需要通过如下公式在支持集样本中计算每个任务类别的质心:

$$w_c = \frac{1}{|S_c|} \sum_{x \in S_c} f_\theta(x), \quad (6)$$

其中  $S_c$  表示每个类别的少量样本. 通过计算样本的平均嵌入得到类别  $c$  的质心  $w_c$ .

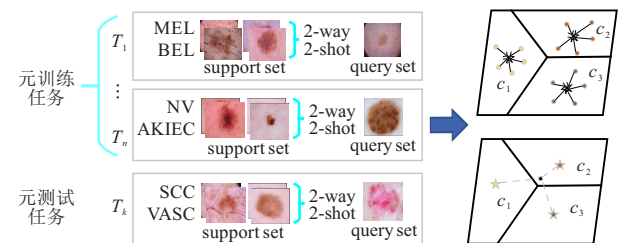


图2 元训练阶段

接下来, 依据已计算类别质心, 用如下公式确定查询集中每个样本的预测概率分布:

$$p(y = c|x) = \frac{\exp(\langle f_\theta(x), w_c \rangle \cdot \tau)}{\sum_{c'} \exp(\langle f_\theta(x), w_{c'} \rangle \cdot \tau)}. \quad (7)$$

对小样本任务中的每个 query-set 样本, 计算其样本

嵌入与对应类别质心的余弦相似度,并将相似度乘以一个可学习标量 $\tau$ ,以生成样本归属各类别的预测概率.交叉熵损失函数用于评估每个样本标签预测效果,同时将 $p$ 值和query-set样本纳入损失函数考量.每个训练批次可包含多个任务,模型更新通过计算所有任务平均损失完成.

### 2.3 CCNet-ResNet12 网络

为提高模型对小样本皮肤病图像的分类性能,本研究采用融合 ResNet12 和 CCNet 结构的设计.其中,CCNet 模块通过 Criss-Cross 注意力机制,显著提升了模型对关键语义信息的关注能力.该注意力机制对不同特征图赋予可学习权重,强调关键特征图,从而增强模型对特征的感知,提高对不同皮肤癌的分类准确率.

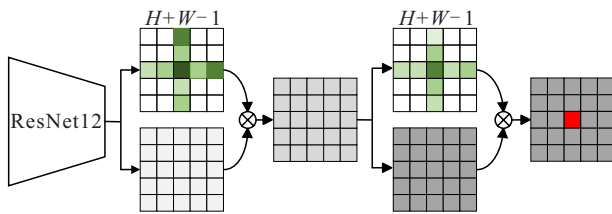


图 3 CCNet 注意力机制

## 3 基于离散分组交叉策略的多目标优化算法

为解决多目标元学习预训练模型问题,本文提出一种基于离散分组交叉策略的快速非支配排序遗传算法(DGO-NSGA-III).该算法通过一种新颖的离散分组优化策略(discrete grouping optimization, DGO)提高了算法稳定性和多样性,为种群进化提供新动力,更有效地保留父代基因信息.

### 3.1 离散分组的交叉策略

DGO 方法是指一个个体的维度首先进行离散化操作,然后根据离散化的维度值在决策范围内发生变化.根据皮肤癌数据集的特点,对离散后的维度分组采取两种不同的交叉操作生成新的个体.以 individual<sub>1</sub> 以及 Individual<sub>2</sub> 为例,以下是交叉方法的步骤.

首先对两个父代实施离散化操作,将每个个体的 4 个整数基因位拆解为 16 个基因位,如图 4 所示.

接下来将染色体分成两组,每组含有 8 个基因位.对父代 1 的第 1 组和父代 2 的第 1 组进行均匀交叉.均匀交叉采用一组概率值(如 0.4, ..., 0.9)作为交叉概率,其中每个值表示在两个染色体对应位置上交换基因的概率.实践表明,均匀交叉在探索设计空间和保留良好的信息交换性上具有显著效果.然后,对父代 1 的第 2 组和父代 2 的第 2 组进行顺序交叉.首先

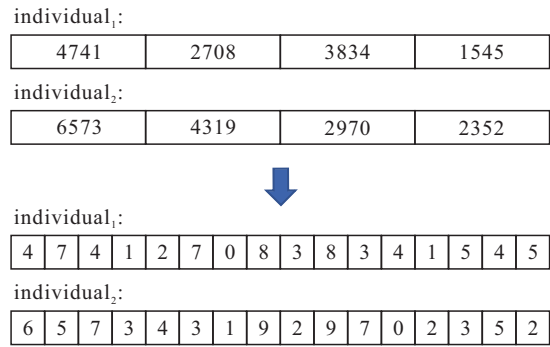


图 4 拆解基因位

需要从两个父代染色体中随机选择起始和结束位置,将父代染色体位置 1 上的基因复制到子代 1 的对应位置;然后按照顺序在父代染色体 2 上填补子代 1 所缺失的基因,以生成新的子代 2.顺序交叉有助于保留和利用基因的相对位置信息,从而提高优化算法的搜索效率和精度.交叉操作如图 5 所示.

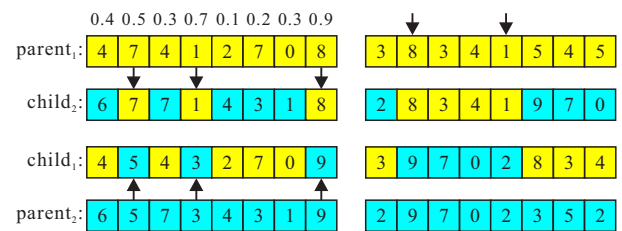


图 5 进行均匀交叉和顺序交叉

最终得到两个分组的子代并将其合并,如图 6 所示.

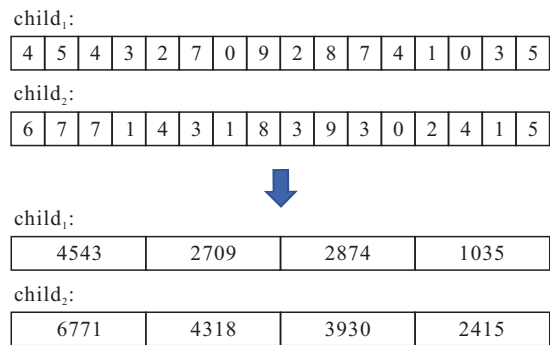


图 6 合并基因位

### 3.2 DGO-NSGA-III 优化求解

针对皮肤癌数据集不平衡基类进行增强,采用 DGO-NSGA-III 算法进行优化.首先,将种群规模设定为  $M \times N$ ,  $M$  代表种群中个体数量,  $N$  代表小样本皮肤癌基类数据集的类别数.算法的基本流程如下:

step 1: 根据皮肤癌基类中各类图像数量的决策范围,随机生成一组初始解作为种群  $P$  的成员,并形成相对均衡分布的增强数据集.

step 2: 按照种群  $P$  中每个个体的编码值,通过数据增强方式生成对应数量的不同类别皮肤癌图像.然后将增强后的数据集输入预训练 CCNet-

ResNet12网络,计算每个个体对应的4个目标函数值,包括损失、误报率、G-mean和kappa系数.

step 3: 生成理想点.

step 4: 通过所提出的遗传操作(选择、DGO交叉、变异)产生后代.

step 5: 利用经优化算法得到的后代个体编码值,数据增强生成相应数量的类别样本.将增强后的数据集输入预训练CCNet-ResNet12网络,训练并计算4个目标函数值.

step 6: 将亲本种群和后代融合,得到扩展种群.然后通过遗传操作(选择、DGO交叉、变异)生成新的种群,并根据种群大小控制机制进行筛选.

step 7: 更新理想点并进行非支配排序.

step 8: 选择下一代种群.

step 9: 判断是否达到最大迭代次数.如果达到,则算法结束;如果没有达到,则返回至 step 4 继续执行.

算法1描述了上述过程的伪代码,展示了从初始种群到通过遗传操作和模型评估优化种群.

算法1 DGO-NSGA-III的第 $t$ 代生成寻优过程

input: 初始种群  $P$ , 最大代数 MaxGen, 全分类模型 Classifier(), DGO交叉算子 Crossover(), 变异算子 Mutation();

output: 种群  $P$ .

- 1) 将  $P$  中的每个个体输入 Classifier() 计算 loss、FPR、G-mean 和 kappa
- 2) 设置代数 Gen = 0
- 3) while Gen < MaxGen do
- 4)  $p' = \text{Crossover}(P)$ ;
- 5)  $Q = \text{Mutation}(p')$ ;
- 6) 将  $Q$  中的每个个体输入 Classifier() 计算 loss、FPR、G-mean 和 kappa;
- 7)  $R = P \cup Q$ ;
- 8) 在  $R$  中对目标值进行归一化;
- 9) 计算  $R$  中每个目标的归一化边界;
- 10) 计算每个解决方案到参考线的垂直距离;
- 11)  $((R_1, R_2, \dots) = \text{Fast Nondominated Sort}(R))$  (返回一个按非支配排序的群体列表);
- 12) 将  $R$  中的每个解决方案与一个参考方向关联;
- 13) 计算并为  $R$  中的每个解决方案指定拥挤距离;
- 14) 使用拥挤比较算子选择下一代  $P$  (确保  $P$  的大小保持一致);
- 15) Gen = Gen + 1
- 16) end while
- 17) return  $P$

## 4 实验结果与比较

为了证明本文所提出的 SaMOMeta-SkinID 模型在小样本分类以及提升皮肤癌数据集表现方面的有效性,对 ISIC2018<sup>[32]</sup> 皮肤癌数据集和 Derm7pt<sup>[33]</sup> 数据集进行一系列实验,并对模型性能进行全面评估.

### 4.1 皮肤癌数据集

ISIC2018 和 Derm7pt 是两个公开的皮肤病识别和分类数据集. ISIC2018 含 10 015 张标注图像,涵盖 7 种皮肤病. 本文选择最多的 4 类作为基类,其余为新类. Derm7pt 含超过 2 000 张图像,覆盖 20 类皮肤病. 选择最多的 13 类作为基类,其余为新类. 这两个数据集为本文的研究提供了丰富的样本资源.

### 4.2 实验环境

本文实验在一台装备有 Intel® Core™ i5-12490 处理器(2.5 GHz)、Nvidia GeForce RTX 3060 GPU (12 GB 显存)和 16 GB RAM 的电脑上进行. 相关参数如表 1.

表 1 实验环境设置

parameter	description
input	224×224
batch size	128
max epoch	63
optimizer	sgd
loss function	cross-entropy
$N$ -way	2
$K$ -shot	1、3、5
$N$ -query	15
train batches	200
objective functions	4
decision variables	4、13
crossover	discrete grouping
training episodes containing	4、13
encoder	ResNet12
learning rate	0.01
weight decay	0.000 1
learning rate decays at epoch	[30, 60]
episodes per batch	5
momentum	0.9
mate learning rate	0.001
cosine scaling parameter	10
mutation	polynomial mutation
popsize	20
generations	50

### 4.3 算法对比实验

比较评估 NSGA-III、VaEA、HyPE、EFRRR 和 DGO-NSGA-III 五种多目标分类算法的效果. 每种算法重复运行 20 次,取平均值以减小随机误差. 实验结果见表 2, DGO-NSGA-III 算法在损失值、G-mean 和 kappa 系数 3 项指标上分别取得 0.410 4、0.885 7 和 0.779 4 的最优值. 综合各项指标来看, DGO-NSGA-III 算法的解集质量和模型效果整体明显超过其他算法.

表 2 不同算法的结果比较

algorithm	loss	FPR	G-mean	kappa
NSGA-III	0.4299	0.0610	0.8762	0.7584
VaEa	0.4186	0.0587	0.8831	0.7692
HyPE	0.4315	0.0584	0.8816	0.7672
EFRRR	0.4281	0.0572	0.8786	0.7646
DGO-NSGA-III	0.4104	0.0563	0.8857	0.7794

4.4 交叉算子对比实验

为了验证所设计的离散分组交叉策略的有效性,进行 20 次独立实验,比较不同交叉算子在多目标优化过程中的效果. 实验结果见表 3,相比于单点交叉、顺序交叉、均匀交叉和模拟二进制交叉,离散分组交叉在损失、误报率、G-mean 和 kappa 系数这 4 个目标上的表现最优. 这证实了离散分组交叉通过明确区分变量的不同区域并采取不同的交叉策略,可以更高效地继承父代种群的优良信息,生成更优质的子代种群.

表 3 不同交叉策略的比较

algorithm	loss	FPR	G-mean	kappa
单点交叉	0.4281	0.0565	0.8886	0.7655
顺序交叉	0.4199	0.0554	0.8785	0.7754
均匀交叉	0.4370	0.0601	0.8771	0.7578
模拟二进制	0.4261	0.0576	0.8856	0.7695
离散分组	0.4176	0.0515	0.8936	0.7756

4.5 个体对比实验

通过 DGO-NSGA-III 获得一组最优解,并从中选取了部分个体进行比较. 结果显示,个体 4332 2909 4071 1924 在 4 项关键指标上的整体表现最优. 具体而言:它的假正率仅为 0.049 1,展现了极低的误报率;G-mean 达 0.899 8,处理类别不平衡效果最好;kappa 系数为 0.803 4,明显优于随机分类器;尽管在损失值指标上,个体 5626 2891 3956 1957 略胜一筹,但综合各指标,个体 4332 2909 4071 1924 的总体表现更优. 因此,选择该个体解作为小样本皮肤癌检测的输入,这充分利用了其在降低误报率与提高分类准确率方面的卓越优势,如表 4.

表 4 不同解决方案的比较

个体	loss	FPR	G-mean	kappa
4332 2909 4071 1924	0.3749	0.0491	0.8998	0.8034
5626 2891 3956 1957	0.3723	0.0500	0.8978	0.7997
4204 2957 4148 1976	0.3836	0.0506	0.8966	0.7973
4440 2975 4076 1924	0.3775	0.0506	0.8967	0.7972
4088 2610 4130 1701	0.4028	0.0514	0.8950	0.7942

4.6 模型结构对比实验

执行一系列结构优化的消融实验,4 个目标值收

敛曲线见图 7 和表 5. 结果显示:相比初始 ResNet12,应用数据优化的 DGO-ResNet12 模型在所有评估指标上有明显提升,证实了正面效果;加入注意力的 CCNet-ResNet12 在部分指标上有改进,表明具有积极作用;整合两者的 DGO-CCNet 模型取得了最优指标,验证了数据优化和注意力机制的协同效应.

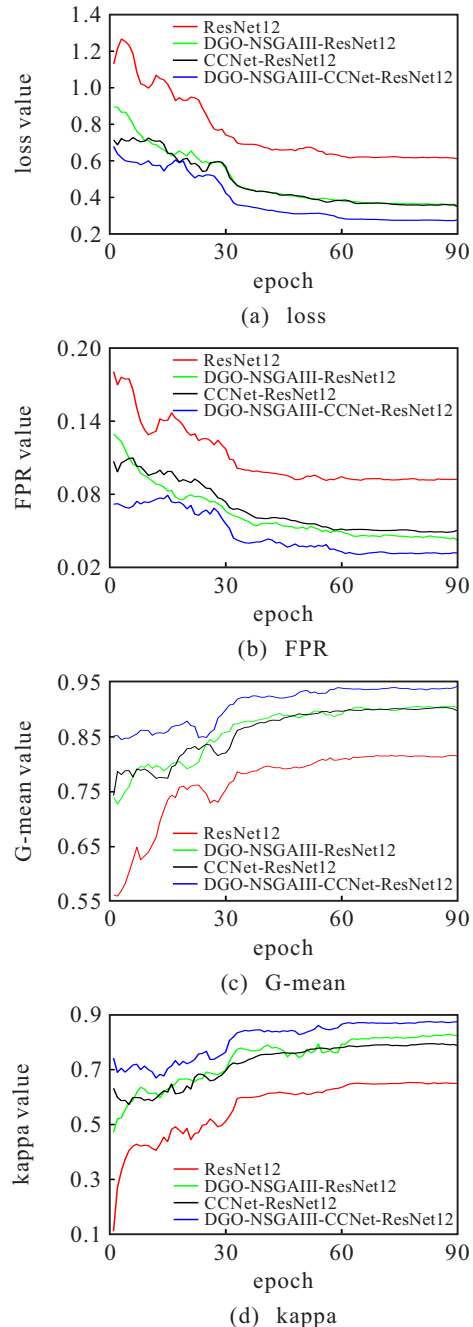


图 7 4 个目标值的收敛曲线

在元训练阶段,4 个预训练模型在 ISIC2018 和 Derm7pt 数据集的 2-way 任务上也显示出明显提升(见表 6 和表 7). 在元学习实验中发现,随着样本量的增加,模型性能逐渐改善. 原因是更多训练数据使得模型微调 and 原型向量创立更精确,因而在各类测试中表现更优. 这一趋势在两个数据集上都得到了验证.

表5 结构优化的性能比较

method	loss	FPR	G-mean	kappa	ACC
ResNet12	0.6278	0.0892	0.8135	0.6428	0.7322
DGO-NSGA III-ResNet12	0.3602	0.0475	0.9030	0.8096	0.8572
CCNet-ResNet12	0.3490	0.0479	0.9017	0.8082	0.8562
DGO-NSGA III-CCNet-ResNet12	0.2711	0.0348	0.9293	0.8605	0.8954

表6 ISIC2018元训练模型比较

method	K-shot	avg.AUC/%	avg.accuracy/%
ResNet12	1-shot	60.90 ± 0.36	60.83 ± 0.28
	3-shot	65.23 ± 0.32	67.14 ± 0.29
	5-shot	70.78 ± 0.31	71.84 ± 0.26
DGO-NSGA III-ResNet12	1-shot	62.42 ± 0.35	62.33 ± 0.29
	3-shot	68.13 ± 0.34	69.76 ± 0.28
	5-shot	70.90 ± 0.30	73.14 ± 0.28
CCNet-ResNet12	1-shot	63.64 ± 0.38	63.56 ± 0.31
	3-shot	69.59 ± 0.34	70.30 ± 0.27
	5-shot	70.78 ± 0.34	73.92 ± 0.30
DGO-NSGA III-CCNet-ResNet12	1-shot	67.54 ± 0.45	67.38 ± 0.25
	3-shot	78.38 ± 0.42	79.18 ± 0.37
	5-shot	80.22 ± 0.36	82.73 ± 0.29

表7 Derm7pt元训练模型比较

method	K-shot	avg.AUC/%	avg.accuracy/%
ResNet12	1-shot	61.16 ± 0.92	61.89 ± 0.46
	3-shot	66.10 ± 0.37	67.97 ± 0.37
	5-shot	68.23 ± 0.38	71.71 ± 0.25
DGO-NSGAIII-ResNet12	1-shot	61.77 ± 0.36	62.10 ± 0.28
	3-shot	67.14 ± 0.31	69.17 ± 0.25
	5-shot	69.51 ± 0.45	73.33 ± 0.72
CCNet-ResNet12	1-shot	61.72 ± 0.39	61.96 ± 0.53
	3-shot	66.64 ± 0.33	69.54 ± 0.25
	5-shot	69.53 ± 0.41	72.16 ± 0.22
DGO-NSGAIII-CCNet-ResNet12	1-shot	62.64 ± 0.46	63.46 ± 0.29
	3-shot	69.53 ± 0.32	70.65 ± 0.25
	5-shot	73.10 ± 0.35	75.11 ± 0.78

对于 ISIC2018 和 Derm7pt 两个数据集, 本文的实验结果均支持了同样的结论: 数据优化和注意力机制的引入可以明显提高模型性能. 具体而言, 在 ISIC2018 数据集上, 相比原始 ResNet12, 应用数据优化的 DGO-ResNet12 模型在所有评估指标上表现更优; 加入注意力机制的 CCNet-ResNet12 模型在部分指标上也有进步. 最终, 结合了两者的 DGO-CCNet-ResNet12 模型取得了最佳指标, 其 1-shot、3-shot 和 5-shot 的平均 AUC 分别高达 67.54%、73.38% 和 79.44%. Derm7pt 数据集上的结果总体略低, 但基本趋势与 ISIC2018 一致, 证实了数据优化和注意力机制协同作用下的性能提升.

#### 4.7 对比近些年小样本模型

本研究中, 比较所提出的 SaMOMeta-SkinID 模型与多种主流少样本学习方法, 包括 G-Conv+Baseline++、Reptile、Prototypical Networks 以及 Meta-Baseline. 利用 ISIC2018 和 Derm7pt 两个数据集, 对模型性能进行评估. 结果显示, 所有模型在样本量更多的 5-shot 实验中性能优于 3-shot, 3-shot 又优于 1-shot, 这符合预期. 更为重要的是, SaMOMeta-SkinID 模型在不同实验设置下的指标均明显超过全部基准模型, 展现出了数据和模型联合优化策略的效果. 例如在 5-shot 下, SaMOMeta-SkinID 实现了最高的平均准确率 82.73%, 尽管 Prototypical Networks 的平均 AUC 略

高,但总体而言本文的方法表现最优. 两数据集结果一致地证实了所提出框架的有效性,见表8和表9.

表 8 在 ISIC2018 数据集对比近些年小样本学习模型

method	<i>K</i> -shot	avg.AUC/%	avg.accuracy/%
w/G-Conv+ Baseline <sup>++</sup> [3]	1-shot	61.3	62.6
	3-shot	72.8	69.3
	5-shot	79.1	79.4
Reptile <sup>[15]</sup>	1-shot	60.3	58.0
	3-shot	73.1	73.4
	5-shot	79.6	76.2
Prototypical Networks <sup>[25]</sup>	1-shot	65.7	64.5
	3-shot	75.8	73.5
	5-shot	82.9	79.7
Meta-Baseline <sup>[16]</sup>	1-shot	60.9	61.8
	3-shot	65.2	67.1
	5-shot	70.8	71.8
SaMOMeta-SkinID	1-shot	67.5	67.3
	3-shot	78.3	79.1
	5-shot	80.2	82.7

表 9 在 Derm7pt 数据集对比近些年小样本学习模型

method	<i>K</i> -shot	avg.AUC/%	avg.accuracy/%
w/G-Conv+ Baseline <sup>++</sup> [3]	1-shot	60.8	59.5
	3-shot	62.6	62.3
	5-shot	69.8	65.2
Reptile <sup>[15]</sup>	1-shot	59.7	60.2
	3-shot	64.1	65.7
	5-shot	71.4	70.5
Prototypical Networks <sup>[14]</sup>	1-shot	63.7	64.1
	3-shot	65.3	66.8
	5-shot	72.8	69.5
Meta-Baseline <sup>[16]</sup>	1-shot	61.1	60.8
	3-shot	66.1	67.9
	5-shot	68.2	71.7
SaMOMeta-SkinID	1-shot	67.5	67.3
	3-shot	69.5	70.6
	5-shot	73.1	75.1

在对 Derm7pt 数据集进行分析时,也观察到类似的模式:随着训练样本数量的增加,模型的性能也相应提升.在此数据集上,本文的优化策略 SaMOMeta-SkinID,也在所有实验设置下都超越了其他模型.虽然在 Derm7pt 数据集上的整体性能与在 ISIC2018 数据集上的表现相比有所下降,但这更突出了本文模型在处理不同类型的细粒度图像数据集时的鲁棒性和适应性.

总体来说,无论是在 ISIC2018 数据集还是在 Derm7pt 数据集上,本文方法 SaMOMeta-SkinID 在元学习任务中的性能均超过了其他比较模型,这进一步

验证了本文优化策略在处理细粒度图像分类任务时的优越性和有效性.

## 5 结 论

本文提出了采用高维多目标优化的样本增强策略,以提升元学习模型检测皮肤癌的能力.该策略构建考虑4个检测指标的全分类预训练模型,通过调整增强样本类别数找到最优数据集规模,不仅获得了最佳模型参数,也减轻了过拟合风险.为提高模型对细粒度图像的识别能力,引入了CCNet注意力机制.此外,DGO-NSGA-III算法求解高效,获得了最优数据方案.实验结果证实,本文策略可以显著提升小样本皮肤癌检测效果,对减少误诊意义深远.

## 参考文献(References)

- [1] Srinivasu P N, SivaSai J G, Ijaz M F, et al. Classification of skin disease using deep learning neural networks with MobileNet V2 and LSTM[J]. *Sensors*, 2021, 21(8): 2852.
- [2] Gu R, Wang G T, Song T, et al. CA-net: Comprehensive attention convolutional neural networks for explainable medical image segmentation[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2021, 40(2): 699-711.
- [3] Mahajan K, Sharma M, Vig L. Meta-DermDiagnosis: Few-shot skin disease identification using meta-learning[C]. 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops. Seattle, 2020: 3142-3151.
- [4] Anupama C S S, Natrayan L, Laxmi Lydia E, et al. Deep learning with backtracking search optimization based skin lesion diagnosis model[J]. *Computers, Materials & Continua*, 2022, 70(1): 1297-1313.
- [5] Cai X J, Lan Y, Zhang Z X, et al. A many-objective optimization based federal deep generation model for enhancing data processing capability in IoT[J]. *IEEE Transactions on Industrial Informatics*, 2023, 19(1): 561-569.
- [6] Khan M A, Akram T, Zhang Y D, et al. Attributes based skin lesion detection and recognition: A mask RCNN and transfer learning-based deep learning framework[J]. *Pattern Recognition Letters*, 2021, 143(C): 58-66.
- [7] Spyridonos P, Gaitanis G, Likas A, et al. Characterizing malignant melanoma clinically resembling seborrheic keratosis using deep knowledge transfer[J]. *Cancers*, 2021, 13(24): 6300.
- [8] Hospedales T, Antoniou A, Micaelli P, et al. Meta-learning in neural networks: A survey[J]. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2022, 44(9): 5149-5169.
- [9] Xu J Y, Le H. Generating representative samples for few-shot classification[C]. 2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. New Orleans, 2022: 8993-9003.
- [10] Sivabalaselvamani D, Nanthini K, Selvakarathi D, et al.

- Skin melanoma detection using image augmentation[C]. 2023 4th International Conference on Smart Electronics and Communication. Trichy, 2023: 1624-1630.
- [11] Gu Z, Li W B, Huo J, et al. LoFGAN: Fusing local representations for few-shot image generation[C]. 2021 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. Montreal, 2021: 8443-8451.
- [12] Shorten C, Khoshgoftaar T M. A survey on image data augmentation for deep learning[J]. Journal of Big Data, 2019, 6(1): 60.
- [13] Mohanty A, Sutherland A, Bezbradica M, et al. Skin disease analysis with limited data in particular rosacea: A review and recommended framework[J]. IEEE Access, 2022, 10: 39045-39068.
- [14] Nichol A, Schulman J. Reptile: A scalable metalearning algorithm[J/OL]. 2018, arXiv: 1803.02999.
- [15] Chen Y B, Liu Z, Xu H J, et al. Meta-baseline: Exploring simple meta-learning for few-shot learning[C]. 2021 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. Montreal, 2021: 9042-9051.
- [16] Yang J F, Wu X P, Liang J, et al. Self-paced balance learning for clinical skin disease recognition[J]. IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems, 2020, 31(8): 2832-2846.
- [17] Huang Z L, Wang X G, Huang L C, et al. CCNet: Criss-cross attention for semantic segmentation[C]. 2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. Seoul, 2019: 603-612.
- [18] Esteva A, Kuprel B, Novoa R A, et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks[J]. Nature, 2017, 542(7639): 115.
- [19] Wu Y H, Chen B, Zeng A, et al. Skin cancer classification with deep learning: A systematic review[J]. Frontiers in Oncology, 2022, 12: 893972.
- [20] Santoro A, Bartunov S, Botvinick M, et al. Meta-learning with memory-augmented neural networks[C]. International Conference on Machine Learning. PMLR, 2016: 1842-1850.
- [21] Finn C, Abbeel P, Levine S. Model-agnostic meta-learning for fast adaptation of deep networks[C]. Proceedings of the 34th International Conference on Machine Learning-Volume 70. Sydney, 2017: 1126-1135.
- [22] Lee K, Maji S, Ravichandran A, et al. Meta-learning with differentiable convex optimization[C]. 2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Long Beach, 2019: 10649-10657.
- [23] Snell J, Swersky K, Zemel R. Prototypical networks for few-shot learning[C]. Advances in Neural Information Processing Systems. Cambridge: The MIT Press, 2017: 4077-4087.
- [24] Sung F, Yang Y X, Zhang L, et al. Learning to compare: Relation network for few-shot learning[C]. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Salt Lake City, 2018: 1199-1208.
- [25] Oreshkin B, Rodríguez P, Lacoste A. Tadam: Task dependent adaptive metric for improved few-shot learning[J/OL]. 2018, arXiv: 1805.10123.
- [26] Singh R, Bharti V, Purohit V, et al. MetaMed: Few-shot medical image classification using gradient-based meta-learning[J]. Pattern Recognition, 2021, 120: 108111.
- [27] Liu X J, Li K L, Luan H Y, et al. Few-shot learning for skin lesion image classification[J]. Multimedia Tools and Applications, 2022, 81(4): 4979-4990.
- [28] Tsaregorodtsev A, Belagiannis V. ParticleAugment: Sampling-based data augmentation[J]. Computer Vision and Image Understanding, 2023, 228: 103633.
- [29] Cui Z H, Zhao Y R, Liu H, et al. Malware detection based on multi-objective convolution restricted Boltzmann machine model and constraint-dividing crossover strategy algorithm[J]. Concurrency and Computation: Practice and Experience, 2022, 34(19): e7030.
- [30] Li Q, Shi Z Y, Xue Z Y, et al. A many-objective evolutionary algorithm for solving computation offloading problems under uncertain communication conditions[J]. Computer Communications, 2024, 213(C): 22-32.
- [31] 李晓平, 杜波, 王贤文. 基于非线性云化的自适应帝王蝶优化算法[J]. 控制与决策, 2023, 38(12): 3327-3335. (Li X P, Du B, Wang X W. Self-adaptive monarch butterfly optimization based on nonlinear cloudtransfer[J]. Control and Decision, 2023, 38(12): 3327-3335.)
- [32] Codella N, Rotemberg V, Tschandl P, et al. Skin lesion analysis toward melanoma detection 2018: A challenge hosted by the international skin imaging collaboration (ISIC)[J/OL]. 2019, arXiv: 1902.03368.
- [33] Kawahara J, Daneshvar S, Argenziano G, et al. 7-Point checklist and skin lesion classification using multi-task multi-modal neural nets[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2018, 23(2): 538-546.

## 作者简介

赵嘉晖(1997—), 男, 硕士生, 从事多目标优化、小样本学习等研究, E-mail: zhao\_jiahui2021@163.com;

温杰(1996—), 女, 博士生, 从事智能优化、联邦学习等研究, E-mail: wj\_110926@163.com;

蔡星娟(1980—), 女, 教授, 博士, 从事优化调度、云计算等研究, E-mail: caixingjuan@tyust.edu.cn;

崔志华(1976—), 男, 教授, 博士生导师, 从事大数据建模与优化、云计算等研究, E-mail: cuizhijia@tyust.edu.cn.