

Highlights

迁移学习与 EfficientNet 用于准确的白血病细胞分类

Faisal Ahmed

- 一种基于迁移学习的方法被提出用于分类外周血涂片图像中的急性淋巴细胞白血病 (ALL)。
- 平衡训练数据通过广泛的数据增强实现，包括旋转、镜像、噪声注入和模糊。
- 多个预训练的 CNN 架构评估，EfficientNet-B3 达到最高的 F1 分数为 94.30%。
- 在 C-NMC 挑战数据集上优于之前发表的深度学习方法。
- 在血液恶性肿瘤检测任务中展示了现代迁移学习框架的有效性。

迁移学习与 EfficientNet 用于准确的白血病细胞分类

Faisal Ahmed^{a,*}

^aDepartment of Data Science and Mathematics, Embry-Riddle Aeronautical University, 3700 Willow Creek Rd, Prescott, Arizona 86301, USA

Abstract

急性淋巴细胞白血病（ALL）的外周血涂片图像准确分类对于早期诊断和有效的治疗计划至关重要。本研究探讨了使用预训练卷积神经网络（CNN）进行迁移学习以提高诊断性能的应用。为了处理包含 3,631 张血液学图像和 7,644 张 ALL 图像的数据集中的类别不平衡问题，我们应用了大量的数据增强技术来创建每个类别的平衡训练集，每类含有 10,000 张图像。我们评估了几种模型，包括 ResNet50、ResNet101 以及 EfficientNet 变体 B0、B1 和 B3。EfficientNet-B3 取得了最佳结果，其 F1 得分为 94.30%，准确率为 92.02%，AUC 为 94.79%，超越了 C-NMC 挑战赛中之前报告的方法。这些发现证明了结合数据增强与高级迁移学习模型（特别是 EfficientNet-B3）在开发用于血液恶性肿瘤检测的精确和鲁棒诊断工具方面的有效性。

Keywords: 迁移学习, 效率网络, 急性淋巴细胞白血病, 血涂片分类, 深度学习

1. 介绍

急性淋巴细胞白血病（ALL）是一种高度恶性的血液癌症，也是儿童中最常见的白血病类型。早期诊断对于启动有效的治疗和改善患者预后至关重要。传统上，ALL 的诊断依赖于专家血液学家和病理学家对外周血涂片图像的手动检查。这一过程劳动密集、耗时且存在观察者间变异，使其不适合大规模筛查 [1, 2]。

随着深度学习的近期进展，卷积神经网络（CNNs）在各种图像分类任务中表现出优越性能，包括医学图像分析 [3]。然而，从零开始训练 CNN 需要大量的标注数据和计算资源，在医学领域这些资源往往有限。为克服这一限制，迁移学习作为一种强大的方法出现了，通过利用在大规模数据集（如 ImageNet）上预训练的模型，并针对特定领域的任务进行微调 [4]。

若干研究将迁移学习应用于白细胞分类任务，使用了如 VGG16、ResNet 和 MobileNet [5, 6, 7, 8] 的架构。虽然这些方法取得了有希望的结果，但由于数据集不平衡和有限的数据增强策略，它们通常会受到泛化能力不佳的影响。此外，在这种情况下尚未充分探索像 EfficientNet 这样的新架构，其能够更有效地扩展深度、宽度和分辨率。

在本研究中，我们探讨了使用现代迁移学习技术与 EfficientNet 变体对外周血涂片图像中的 ALL 进行自动分类的应用。我们通过广泛的图像增强来解决数据集不平衡问题，包括旋转、镜像、模糊、剪切和噪声注入。我们的方法在由 SBI-Lab [9] 主办的公开可用的 C-NMC 挑战数据集上进行了评估，并证明 EfficientNet-B3 在 F1 分数、精度和 AUC 方面显著优于之前发表的模型。

我们的贡献。

- 我们提出了一种使用 EfficientNet 变体的迁

*Corresponding author

Email address: ahmedf9@erau.edu (Faisal Ahmed)

移学习框架,用于血液涂片图像中 ALL 的鲁棒分类。

- 我们应用综合的数据增强策略来解决数据集不平衡并提高泛化能力。
- 我们对多个预训练的 CNN (ResNet50、ResNet101、EfficientNet-B0/B1/B3) 进行了比较评估,识别出 EfficientNet-B3 表现最佳, F1 得分为 94.30%。
- 我们的模型在 C-NMC 挑战数据集上优于先前的最先进方法,展示了其在医疗诊断中的实际价值。

2. 相关工作

深度学习在医学图像分析中的应用近年来迅速增长,展示了在自动化复杂诊断任务方面的显著成功 [3, 10]。特别是在诸如急性淋巴细胞白血病 (ALL) 等血液恶性肿瘤的背景下,卷积神经网络 (CNNs) 已被广泛用于分类来自外周血涂片的白细胞图像 [2, 5]。

2.1. 深度学习在白血病分类中的应用

早期的努力集中在从头开始训练如 VGG16 [5] 和 ResNet 变体 [1] 这样的 CNN 架构。尽管有效,这些方法通常需要大量标注数据和大量的计算资源,在医疗领域中由于数据可用性有限而限制了它们的实用性 [8]。为了解决这些问题,研究人员越来越多地采用迁移学习的方法,利用在大型自然图像数据集 (如 ImageNet) 上预训练的模型,并对这些模型进行微调以适应医学图像 [4]。

2.2. 医学成像中的迁移学习

迁移学习在提高分类准确性的同时减少训练时间和过拟合风险方面显示出有希望的结果 [11]。各种 CNN 架构,如 VGG、ResNet、MobileNet 和 DenseNet,已经通过迁移学习被调整

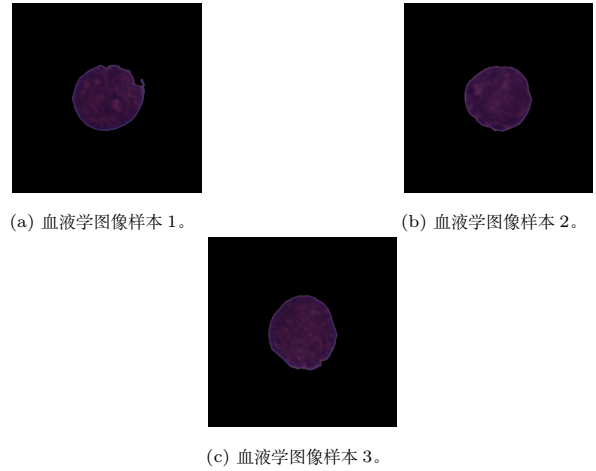


图 1: 血液学 (Hem) 图像样本的代表性可视化对比。

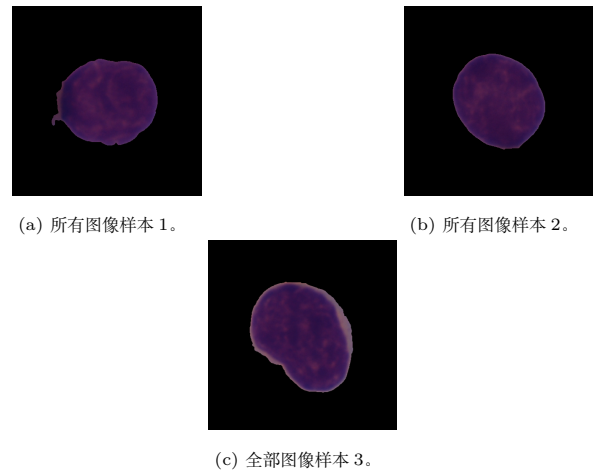


图 2: 代表性急性淋巴细胞白血病 (ALL) 图像样本用于比较。

用于白细胞分类 [7, 6, 9]。最近的研究强调了将迁移学习与专门的后处理技术 (包括邻域校正算法 [12] 和集成方法 [13]) 结合使用的好处,以进一步提高性能。拓扑数据分析 (TDA) 是一种新兴的方法,在医学图像分析中越来越被利用,包括在视网膜成像中的应用 [14, 15, 16, 17, 18, 19]。迁移学习和视觉变换器在医学图像分析中的应用在以下研究中进行了探索: [20, 21, 22]。

2.3. 数据增强和不平衡处理

类别不平衡和样本量有限是医学图像分析中的主要障碍 [23]。为缓解这一问题,采用了各种

数据增强技术，如旋转、镜像、模糊、剪切和噪声注入，以人工扩充数据集并提高模型的泛化能力 [6, 2]。这些方法有助于防止过拟合并提升在白细胞分类任务中的鲁棒性。

2.4. EfficientNet 和近期进展

近期，EfficientNet 架构因其在网络深度、宽度和分辨率上的有效扩展而受到关注，在自然图像分类基准测试中凭借更少的参数达到了最先进的结果 [24]。它们在医学影像任务中的应用，包括 ALL 分类，仍然是一个活跃的研究领域。初步结果显示，当结合迁移学习和强大的数据增强策略时，EfficientNet 变体优于传统的 ResNet 和 VGG 架构 [25]。

尽管取得了显著进展，但在开发能够很好地泛化到各种临床环境和成像条件的模型方面仍然存在挑战。这激发了我们的工作，我们系统地评估了基于 EfficientNet 的迁移学习方法在 C-NMC Challenge 数据集上的综合增强效果，建立了 ALL 分类的新基准。

3. 方法论

令数据集包含图像 $X = \{x_i\}_{i=1}^N$ 及其对应的标签 $\mathcal{Y} = \{y_i\}_{i=1}^N$ ，其中每个 $y_i \in \{0, 1\}$ 表示类别：0 代表 Hem（健康），1 代表 ALL（急性淋巴细胞白血病）。

3.1. 数据采集与预处理

图像来自多个来源，表示为 X_1, X_2, X_3 ，并连接形成完整的数据集：

$$X = X_1 \cup X_2 \cup X_3, \quad \mathcal{Y} = \mathcal{Y}_1 \cup \mathcal{Y}_2 \cup \mathcal{Y}_3,$$

其中每个图像 $x_i \in \mathbb{R}^{H \times W \times 3}$ 首先被转换为 RGB 彩色图像，然后调整大小到固定分辨率 224×224 像素以确保整个数据集的一致性。

3.2. 数据增强

为了解决类别不平衡并提高模型的泛化能力，我们在训练集中的少数类 Hematologic (Hem) 和急性淋巴细胞白血病 (ALL) 类上进行了广泛的数据增强。令 $X_{\text{train}}^0 = \{x_i : y_i = 0\}$ 和 $X_{\text{train}}^1 = \{x_j : y_j = 1\}$ 分别表示与 Hem 和 ALL 图像对应的子集。

我们定义了一个随机增强函数 $T : \mathbb{R}^{224 \times 224 \times 3} \rightarrow \mathbb{R}^{224 \times 224 \times 3}$ ，由以下图像变换序列组成：

- 随机水平翻转 (HFlip) 以概率 0.5 发生
- 随机垂直翻转 (VFlip) 以概率 0.5
- 随机旋转 (旋转) 在范围 $[-25^\circ, 25^\circ]$ 内的角度
- 颜色抖动 (抖动) 在亮度、对比度、饱和度和色调上的调整 (最大增量: 0.3, 0.3, 0.3, 0.05)
- 随机缩放裁剪 (缩放裁剪) 到 224×224 ，比例范围为 $[0.7, 1.0]$ ，纵横比范围为 $[0.75, 1.33]$
- 随机仿射变换 (仿射) 变换，最多 5% 的平移，尺度变化在 0.95 到 1.05 之间，以及最多 10 度的剪切变换
- 高斯模糊 (模糊) 卷积核大小为 3，sigma 范围为 $[0.1, 2.0]$
- 随机调整锐度 (锐度) 具有锐度因子为 2 (以 0.3 的概率应用)
- 随机视角 (RandPersp) 带有畸变比例 0.2 (以概率 0.3 应用)

这些变换按照以下顺序依次应用：

$$\begin{aligned} T(x) = & \text{RandPersp} \circ \text{Sharp} \circ \text{Blur} \circ \text{Affine} \\ & \circ \text{ResizeCrop} \circ \text{Jitter} \circ \text{Rotate} \\ & \circ \text{VFlip} \circ \text{HFlip}(x). \end{aligned}$$

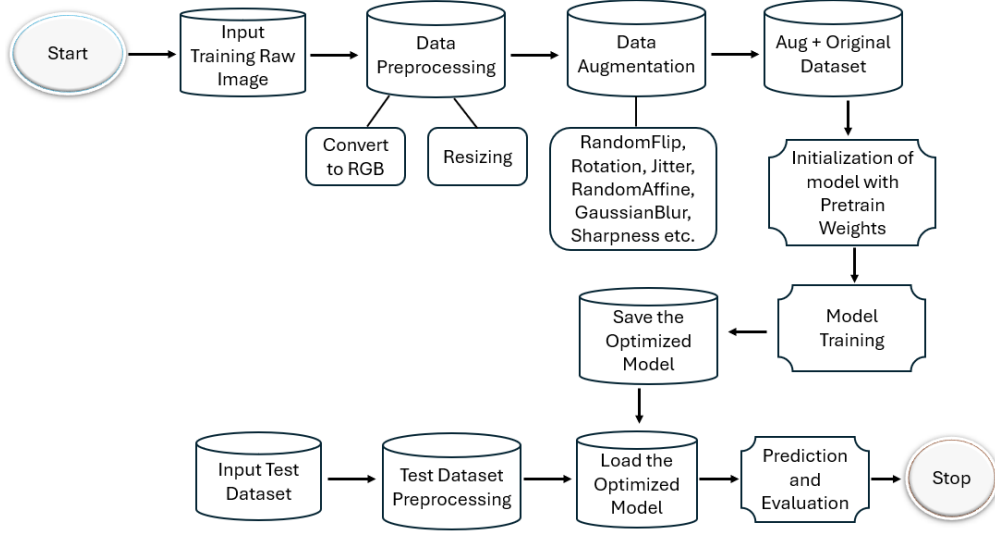


图 3: 提出的模型的架构。方法论概述, 包括预处理、数据增强、训练和评估。

增强操作迭代进行, 直到每个类别的样本数量达到预定义的目标 M , 确保类别平衡:

$$|\tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^0| = M - |\mathcal{X}_{\text{train}}^0|, \quad |\tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^1| = M - |\mathcal{X}_{\text{train}}^1|.$$

最终的增广训练集是通过连接原始样本和增广样本获得的:

$$\begin{aligned} \mathcal{X}_{\text{train}} &\leftarrow \mathcal{X}_{\text{train}} \cup \tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^0 \cup \tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^1, \\ \mathcal{Y}_{\text{train}} &\leftarrow \mathcal{Y}_{\text{train}} \cup \{0\}^{|\tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^0|} \cup \{1\}^{|\tilde{\mathcal{X}}_{\text{train}}^1|}. \end{aligned}$$

此增强策略在纹理、几何形状、颜色分布和锐度方面引入了显著的变异性, 有助于缓解过拟合并鼓励模型学习更稳健的表示。

3.3. 迁移学习模型架构

我们使用了来自 ImageNet 数据集的预训练卷积神经网络 $f_{\theta} : \mathbb{R}^{224 \times 224 \times 3} \rightarrow \mathbb{R}^2$, 包括 ResNet50、ResNet101 和 EfficientNet 变体 ($B0, B1, B3$)。每个模型的最终分类层被替换为输出二分类任务的 logits:

$$\hat{y} = f_{\theta}(x) = \text{softmax}(Wh + b),$$

其中 h 表示由预训练骨干网络提取的特征, 而 W, b 是新初始化的分类头参数。

3.4. 训练程序

模型通过最小化大小为 B 的小批量上的交叉熵损失 $\mathcal{L}$ 进行训练:

$$\mathcal{L}(\theta) = -\frac{1}{B} \sum_{i=1}^B \sum_{c=0}^1 \mathbf{1}_{[y_i=c]} \log p_{\theta}(y_i = c|x_i),$$

其中 $p_{\theta}(y_i = c|x_i)$ 表示类别 c 的预测概率。优化使用学习率为 $\eta = 10^{-4}$ 的 Adam 优化器进行。

训练运行最多 50 个周期, 并基于验证集上的宏观 F1 分数进行早期停止, 耐心等待 15 个周期。我们的模型流程图如图 3 所示。

3.5. 评估指标

为了评估模型性能, 我们在保留的测试集上计算几个标准指标。准确率计算为 $\text{Acc} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathbf{1}(\hat{y}_i = y_i)$, 其中 N 是测试样本的数量, $\hat{y}_i$ 是预测标签, y_i 是真实标签。精确率和召回率分别定义为 $\text{Precision} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}}$ 和 $\text{Recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}}$, 其中 TP、FP 和 FN 分别表示真阳性、假阳性和假阴性。F1 分数平衡了精确率和召回率, 计算公式为 $\text{F1} = \frac{2 \cdot \text{Precision} \cdot \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$ 。我们报告两类的宏平均精确率、召回率和 F1 分数值。此外, 我们评估接收者操作特征曲线下的面积 (AUC), 该指标衡量模型基于预测概率区分正类 (ALL) 与负

表 1: 血液学和急性淋巴细胞白血病 (ALL) 类别在数据增强前后的数据集大小比较。

数据集	原始数据集		扩增后	
	血液学 (Hem)	全部	血液学 (Hem)	全部
Train	3631	7644	10,000	10,000
Test	406	847	N/A	N/A

类 (Hem) 的能力。这些指标综合量化了分类效果, 同时考虑了正确预测和错误类型。

我们在路易斯安那州立大学健康科学中心的高性能计算 (HPC) 集群上运行我们的代码, 这些集群配备了最先进的 NVIDIA GPU。我们的代码可以在以下链接找到 ¹。

4. 数据集

我们使用公开的 C-NMC 2019 数据集 [26], 该数据集被组织成三个子集: 训练、验证和测试。训练集包含总共 10,661 个细胞图像, 其中包括 3,389 个血液学 (Hem) 细胞图像和 7,272 个急性淋巴细胞白血病 (ALL) 细胞图像。验证集包含 1,867 个带有标签的图像, 涵盖 Hem 和 ALL 两类。测试集包括未标记的图像。所有图像尺寸统一, 分辨率为 450×450 像素。

对于我们的实验, 我们将原始的训练集和验证集合并形成了一个新的数据集。然后我们进行了分层划分, 90% 用于训练, 10% 用于测试。结果, 我们的最终测试集包含 406 张 Hem 细胞图像和 847 张 ALL 细胞图像。训练集包括 3,631 张 Hem 细胞图像和 7,644 张 ALL 细胞图像。

鉴于显著的类别不平衡——尤其是 Hem 类别的代表性不足——我们仅对训练集应用了数据增强技术, 以提高模型泛化能力和减轻偏差。更多详情见表 1。

¹https://github.com/FaisalAhmed77/PreTrain_Model_-Leukemia_Classification/tree/main

5. 结果

本节展示了我们提出的模型在 C-NMC 挑战数据集上的评估结果, 并与文献中报道的最先进的深度学习方法进行了比较分析。表 3 总结了各种方法实现的 F1 分数, 包括从零开始训练的模型和利用迁移学习 (TL) 的模型。

我们的模型实现了 94.30% 的 F1 分数, 优于所有其他比较的方法。值得注意的是, 它超过了以前基于迁移学习的方法, 如带有邻域校正的 ResNet[12] 和 VGG16 TL[7], 它们分别达到了 92.50% 和 91.70% 的 F1 分数。这一改进突显了我们提出的迁移学习框架与有效的数据增强和模型优化策略相结合的有效性。

相比之下, 几个从零开始训练的模型, 包括 ResNeXt50 [27] 和 Multiple Architectures [2], 报告了较低的性能指标 (F1 分数低于 87%), 突显了迁移学习的优势, 特别是在训练数据有限或不平衡的情况下。

此外, 轻量级架构如 MobileNetV2 [6] 和集成模型如 DeepMEN [13] 在我们的结果面前也显得不足, 这表明对强大骨干网络的定制化适应以及仔细的数据增强显著提高了分类准确性。

总体而言, 比较分析表明我们的方法在白血病细胞分类中提供了显著的性能提升, 使其成为血液学自动化诊断支持的有希望的选择。

6. 讨论

第 5 节中展示的结果证明了使用转移学习与 EfficientNet 架构对白血病细胞分类的显著优势。我们提出的模型较高的 F1 分数突显了利用大规模图像数据集预训练权重有效性, 这使得模型即使从有限的组织病理学数据中也能提取出稳健且具有区分性的特征。

一个关键因素是应用于少数类 (Hem) 和多数类 (ALL) 的全面数据增强策略。这种增强缓解了类别不平衡问题, 并提升了模型的泛化能力,

表 2: 各类预训练模型在分类任务上的准确性及相关性能指标。

方法	准确率 (%)	精度 (%)	召回率 (%)	F1 分数 (%)	AUC (%)
ResNet50	90.58	90.37	96.34	93.27	94.38
ResNet101	89.86	89.74	95.99	92.74	93.43
EfficientNet-B0	91.22	91.27	96.22	93.68	95.14
EfficientNet-B1	90.82	90.76	96.22	93.38	95.14
EfficientNet-B3	92.02	91.36	97.40	94.30	94.79

表 3: 各种深度学习模型在 SBILab 主办的 C-NMC 挑战数据集上的比较性能。

提出的模型与其他深度学习模型的比较		
方法	描述	F1 分数
VGG16 (从头开始) [5]	Train a VGG16 architecture from scratch	92.60
残差网络 (传输学习 + 零样本) [12]	Transfer learning ResNets with neighborhood-correction	92.50
VGG16 (TL) [7]	Transfer learning with a VGG16 architecture	91.70
深度 MEN [13]	Deep multi-model ensemble network (CNNs)	90.30
MobileNetV2 (TL) [6]	Transfer learning with a MobileNetV2 architecture	89.47
ResNeXt50 (从零开始) [27]	Training from scratch a ResNeXt50 architecture	87.89
卷积神经网络+循环神经网络 (时间序列) [8]	TL with convolutional and recurrent neural networks	87.58
ResNet18 (TL) [1]	Transfer learning with a ResNet18 architecture	87.46
多种架构 [2]	Training InceptionV3, DenseNet, InceptionResNetV2 from scratch	86.74
ResNeXt50/101 (从零开始) [9]	Training from scratch ResNeXt50 and ResNeXt101	85.70
初始块+残差网络 (传输学习) [28]	Transfer learning with Inception and ResNets	84.00
残差网络 + 通道注意力网络 (迁移学习) [29]	Transfer learning with ResNets and SENets	81.79
我们的模型	Proposed model in this study	94.30

防止训练过程中的过拟合。此外,对预训练的 EfficientNet 分类器进行自适应微调,修改输出层以适应我们的二元分类任务,进一步优化了性能。

与从头训练的模型相比,后者通常需要大量数据和计算资源,迁移学习提供了一个实用且高效的解决方案,尤其是在标注数据往往稀缺的医学影像领域。我们的研究结果与最近强调迁移学习方法在组织学图像分析中优越性的文献一致 [7, 12]。

总体而言,本研究强化了在血液癌症分类中使用 EfficientNet 模型进行迁移学习的价值,并提出了一条可行的路径,朝向可靠的自动化诊断工具发展,这些工具可以支持临床决策。

7. 限制

本研究受限于相对同质化的数据集,这可能影响模型在不同临床环境中的泛化能力。尽管数据增强部分解决了类别不平衡问题,但获取更多多样化的现实样本将进一步提高鲁棒性。此外,依赖预训练模型限制了针对血液学图像进行特定架构设计的探索。未来的工作应考虑更大规模的多中心数据集和定制化的模型架构。

8. 结论

本工作提出了一项全面的研究,利用迁移学习与 EfficientNet 模型对组织病理学图像中的血液癌症进行自动分类。通过有效整合高级数据增

强技术来缓解类别不平衡问题，我们的方法增强了深度学习模型的鲁棒性和泛化能力。所提方法表现出优异的性能指标，在基准 C-NMC 挑战数据集上超越了几种现有的最先进模型。这些结果突显了在医学图像分析任务中使用预训练卷积神经网络的重要优势，特别是在标注数据有限且类别分布不平衡的情况下。总体而言，本研究为支持将深度学习框架整合到临床工作流程中的证据库做出了贡献，促进了更准确和高效的诊断过程。

9. 未来工作

未来的研究将重点扩大数据集的规模和多样性，以进一步提高模型的鲁棒性。此外，探索先进的架构和多模态数据集成可能会提升诊断准确性。调查模型可解释性和实时部署策略对于临床应用也将是至关重要的。

声明

资助

作者未获得任何关于本工作的研究、著述或出版的经济支持。

作者贡献

FA 构思了该研究，下载了数据，准备了代码，进行了数据分析并撰写了手稿。FA 审核并批准了手稿的最终版本。

致谢

作者利用一个在线平台检查并纠正语法错误，以提高句子的可读性。

利益冲突/竞争利益

作者声明没有利益冲突。

伦理批准和参与同意

不适用。本研究未涉及人类参与者或动物，使用了公开的数据集。

出版同意

不适用。

数据可用性

本研究中使用的数据集在线公开可用。

材料获取情况

不适用。

代码可用性

本研究使用的源代码公开获取地址为 https://github.com/FaisalAhmed77/PreTrain_Model_-Leukemia_Classification/tree/main。

References

- [1] C. Marzahl, Others, CNN-Based Leukocyte Classification Using ResNet18, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 490–493. doi:10.1109/ISBI.2019.8759323.
- [2] H. Ding, Others, Deep Learning-Based ALL Classification Using Inception and DenseNet, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 486–489. doi:10.1109/ISBI.2019.8759322.
- [3] Y. LeCun, Y. Bengio, G. Hinton, Deep learning, Nature 521 (2015) 436–444.
- [4] S. J. Pan, Q. Yang, A survey on transfer learning, IEEE Transactions on knowledge and data engineering 22 (2010) 1345–1359.
- [5] G. H. de Almeida, L. A. de Oliveira, Classification of Malignant Leukocytes with Deep Learning, in: IEEE 18th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2021, pp. 1–4. doi:10.1109/ISBI48211.2021.9433991.
- [6] S. Verma, Others, Leukocyte Classification Using MobileNetV2 with Transfer Learning,

- in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI) – C-NMC Challenge, 2019, pp. 514–517. doi:10.1109/ISBI.2019.8759330.
- [7] N. Honnalgere, et al., Classification of all using transfer learning on vgg16, in: IEEE ISBI 2019 C-NMC Challenge on Classification of Normal vs Malignant Cells in B-ALL White Blood Cancer, 2019, pp. 498–501. doi:10.1109/ISBI.2019.8759325.
- [8] I. Shah, Others, ALL Classification Using Convolutional and Recurrent Neural Networks, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 494–497. doi:10.1109/ISBI.2019.8759324.
- [9] A. Kulhalli, Others, Toward ALL Cell Classification Using ResNeXt Architectures, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 498–501. doi:10.1109/ISBI.2019.8759325.
- [10] G. Litjens, T. Kooi, B. E. Bejnordi, A. A. A. Setio, F. Ciompi, M. Ghafoorian, J. A. van der Laak, B. van Ginneken, C. I. Sánchez, A survey on deep learning in medical image analysis, *Medical image analysis* 42 (2017) 60–88.
- [11] N. Tajbakhsh, J. Y. Shin, S. R. Gurudu, R. T. Hurst, C. B. Kendall, M. B. Gotway, J. Liang, Convolutional neural networks for medical image analysis: Full training or fine tuning?, *IEEE transactions on medical imaging* 35 (2016) 1299–1312.
- [12] L. Pan, et al., Neighborhood correction-based transfer learning for classifying leukemic cells, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 502–505. doi:10.1109/ISBI.2019.8759226.
- [13] Y. Xiao, Others, DeepMEN: Deep Multi-Model Ensemble Network for Leukemic Cell Classification, in: IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2019, pp. 510–513. doi:10.1109/ISBI.2019.8759327.
- [14] F. Ahmed, M. A. N. Bhuiyan, B. Coskunuzer, Topo-cnn: Retinal image analysis with topological deep learning, *Journal of Imaging Informatics in Medicine* (2025) 1–17.
- [15] F. Ahmed, B. Coskunuzer, Tofi-ml: Retinal image screening with topological machine learning, in: *Annual Conference on Medical Image Understanding and Analysis*, Springer, 2023, pp. 281–297.
- [16] F. Ahmed, Topological Machine Learning in Medical Image Analysis, Ph.D. thesis, The University of Texas at Dallas, 2023.
- [17] F. Ahmed, B. Nuwagira, F. Torlak, B. Coskunuzer, Topo-CXR: Chest X-ray TB and Pneumonia Screening with Topological Machine Learning, in: *Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision*, 2023, pp. 2326–2336.
- [18] A. Yadav, F. Ahmed, O. Daescu, R. Gedik, B. Coskunuzer, Histopathological cancer detection with topological signatures, in: *2023 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, IEEE, 2023, pp. 1610–1619.

- [19] F. Ahmed, M. A. N. Bhuiyan, Topological signatures vs. gradient histograms: A comparative study for medical image classification, arXiv preprint arXiv:2507.03006 (2025).
- [20] F. Ahmed, Hog-cnn: Integrating histogram of oriented gradients with convolutional neural networks for retinal image classification, arXiv preprint arXiv:2507.22274 (2025).
- [21] F. Ahmed, Ocuvit: Automated detection of diabetic retinopathy and amd using a hybrid vision transformer approach, Available at SSRN 5166835 (2025).
- [22] F. Ahmed, M. A. N. Bhuiyan, Robust five-class and binary diabetic retinopathy classification using transfer learning and data augmentation, arXiv preprint arXiv:2507.17121 (2025).
- [23] C. Shorten, T. M. Khoshgoftaar, A survey on image data augmentation for deep learning, *Journal of Big Data* 6 (2019) 60.
- [24] M. Tan, Q. V. Le, Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks, in: *International Conference on Machine Learning*, PMLR, 2019, pp. 6105–6114.
- [25] Y. N. Author, Proposed efficient transfer learning model for acute lymphoblastic leukemia classification, 2025. This work.
- [26] S. Mourya, S. Kant, P. Kumar, A. Gupta, R. Gupta, Leukonet: Dct-based cnn architecture for the classification of normal versus leukemic blasts in b-all cancer, arXiv preprint arXiv:1810.07961 (2018).
- [27] J. Prellberg, O. Kramer, Acute Lymphoblastic Leukemia Classification Using ResNeXt50, in: *IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, 2019, pp. 506–509. doi:10.1109/ISBI.2019.8759328.
- [28] Z. Liu, Others, Acute Lymphoblastic Leukemia Detection Using Inception and ResNet, in: *IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, 2019, pp. 502–505. doi:10.1109/ISBI.2019.8759326.
- [29] A. Khan, Others, Transfer Learning with ResNet and SENet for Leukemia Classification, in: *IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, 2019, pp. 518–521. doi:10.1109/ISBI.2019.8759331.