

物體檢測用於重疊小膠質細胞的消融實驗

指導教授：何建中

專題成員：王承揚

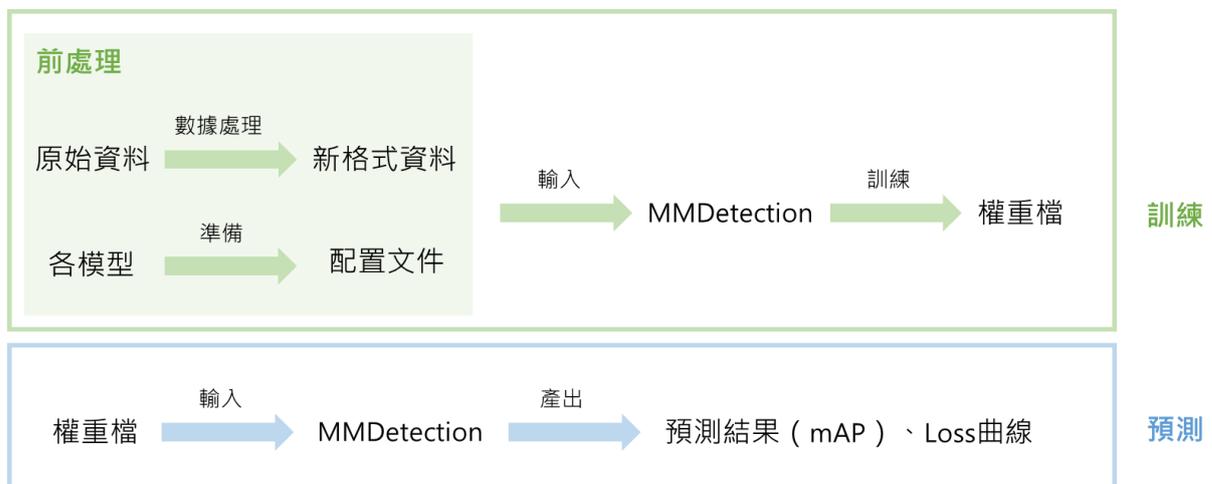
開發工具：Python3.9, MMDetection3.0

測試環境：Linux ubuntu 22.04.2 LTS

一、簡介：

首先是問題定義，在 `microglia dataset` 中，每張切片影像都會有非常多的細胞，且細胞之間會存在著高度重疊的問題（圖二），這會使得透過人工標記出每個細胞所在位置並且計算出細胞總數量成為一件非常困難的事情。以此為前提，為了能夠更自動化並且加速整體流程，本次專題將致力於透過深度學習的方式來解決上述提到的標記困難的問題。然而使用深度學習模型也會遇到一些困難，例如無法準確地框選出重疊的細胞導致準確度低下。因此選擇適合此任務的模型，並且最佳化模型參數就是這次專題的主要目標。

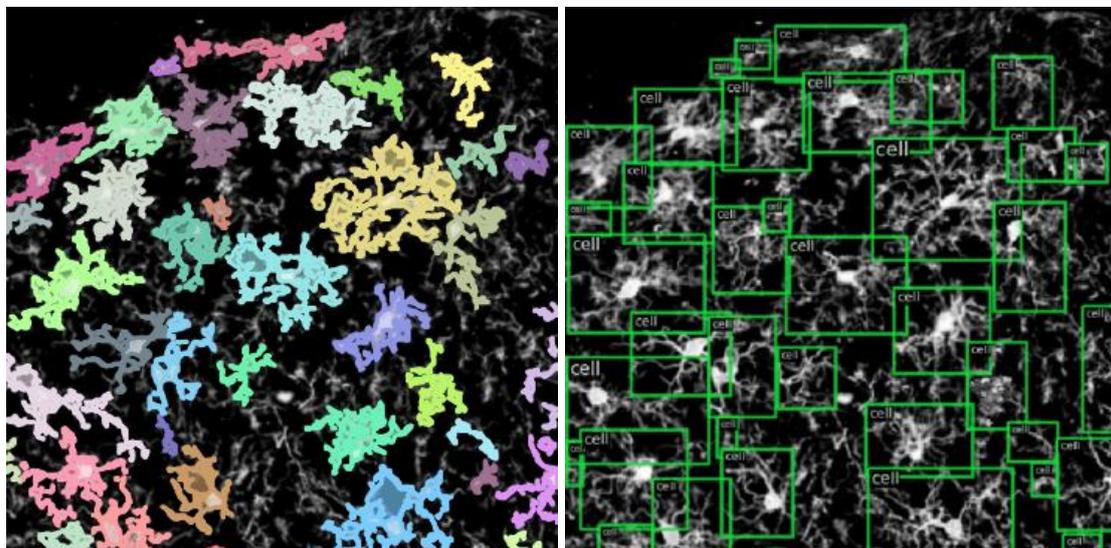
而關於評估方式，`mean Average Precision (mAP)` 是在 `object detection` 任務中，用來評估模型表現的一個常見指標。它基於不同閾值下的平均精度（`Average Precision, AP`）值計算而來。進行 `object detection` 時，每個物體的位置和類別都需要被預測。當預測的位置和類別與 `ground truth` 相同時，會被視為一個正確的預測結果。對於每個類別，`AP` 為預測的精度（`precision`）和召回率（`recall`）之間的面積，因此，`mAP` 就是每個類別 `AP` 的平均值。換句話說，`mAP` 是一個用來度量模型在多類別 `object detection` 任務中績效的指標，其數值範圍介於0到1之間，數值越高表示模型表現越好。



圖（一）：系統架構圖

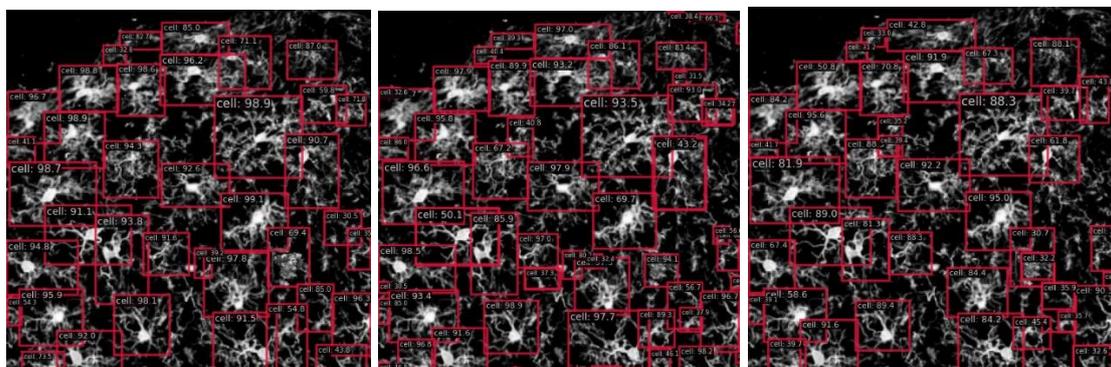
二、測試結果：

下面這兩張圖片皆為真實標籤（label），左邊是為了更直觀了解每個要偵測的細胞位置及大小而產生的視覺化結果，在這次任務中會希望預測出來的結果越接近右邊的圖好越好。



圖（二）：真實標籤

下面是模型預測結果，由左到由分別為 Faster R-CNN、Deformable DETR 以及 DINO。



圖（三）：不同模型的預測結果

	mAP	mAP50	mAP75
Faster R-CNN	0.443	0.782	0.448
Deformable DETR	0.413	0.77	0.391
DINO	0.49	0.819	0.524

圖（四）：模型訓練結果