**以病例为单位测试切割、预测效果**

测试人员： 殷福权

测试日期： 2019-11-20

**1. 测试目的**

以病例为单位测试细胞切割、预测效果，统计过程中的参数，观察一个病例中预测得到的细胞属性之间的比值与病例属性间的关系。

**2. 测试环境及步骤**

（1） 环境及数据说明:

数据说明：随机在“原片”中找出两个阳性病例、两个阴性病例共四个病例。

环境说明：细胞切割环境使用MaskRcnn方法，docker（<http://2j592d3300.wicp.vip:8892/terminals/1>），细胞预测使用Howtomala方法，docker（<http://2j592d3300.wicp.vip:8885/terminals/1>）

（2） 步骤：

a. 准备FOV数据及环境；

b. 进行细胞切割，统计消耗时间；

c. 随机重命名切割出的细胞，目的是随机打乱细胞顺序，随机抽样2999个细胞进行预测，统计消耗时间（消耗时间通过记录抽样数据的消耗时间及抽样数据占总样本数据的比例估算而来）及预测结果；

d. 完成数据记录、分析和总结；

**3. 数据记录及分析**

由下表可得平均一个病例细胞切割用时1130s，细胞预测用时908s，从预测到的细胞阴/阳性比值上看，病例属性与该比值关系不明显



**4. 总结及结论**

通过对测试数据的记录和分析，发现一个病例中预测得到的细胞属性之间的比值与病例属性间的关系并不明显。造成上述现象的原因可能有以下几点：

（1） 细胞切割时算法会切入很多不是细胞的内容，该部分数据并不是真正的细胞，会给统计结果带来影响；

（2） 细胞预测算法性能不好，导致实验结果不准；

（3） 没有理论支撑，或许并不能通过一个病例中预测得到的细胞属性之间的比值判断病例属性；

（4） 数据量不足，实验结果存在偶然性；