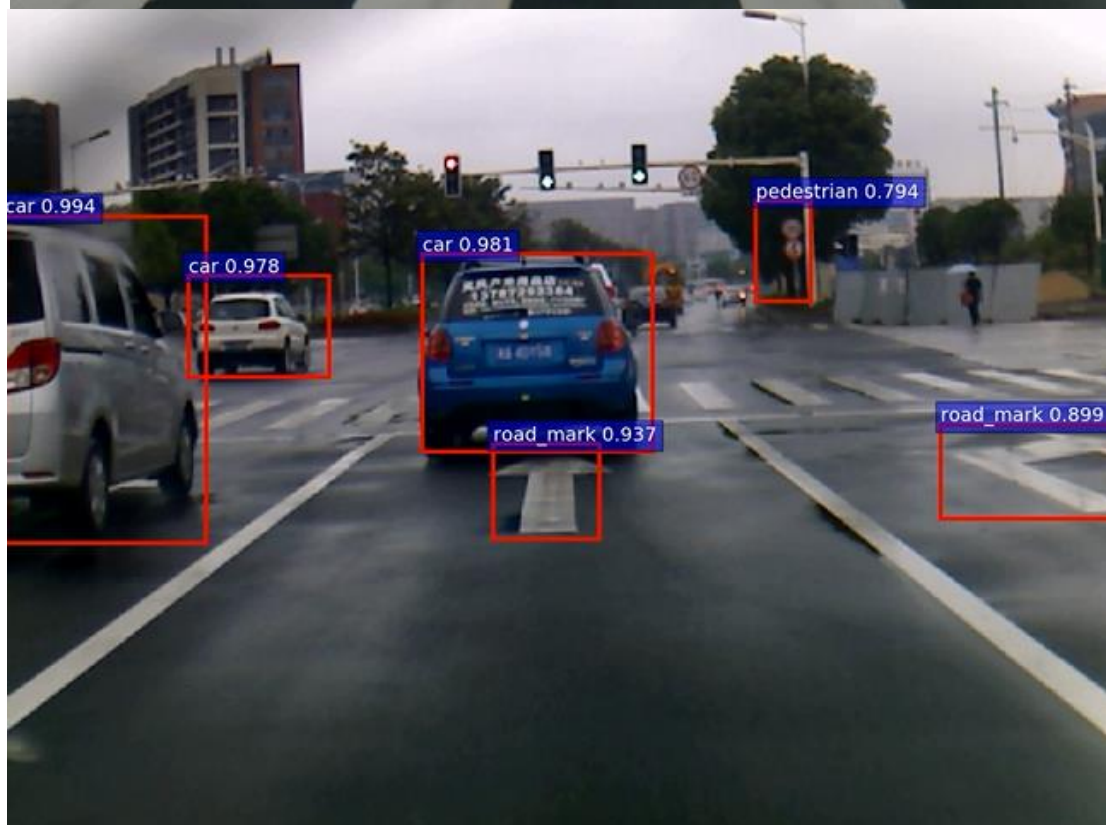
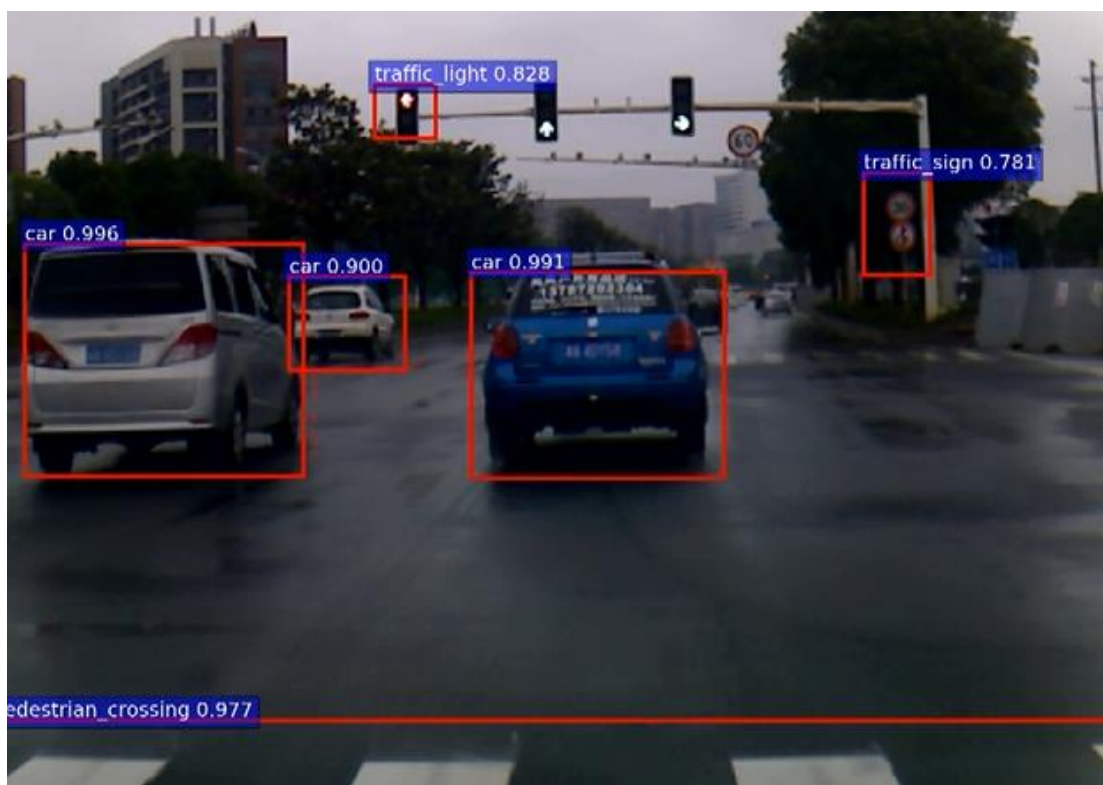
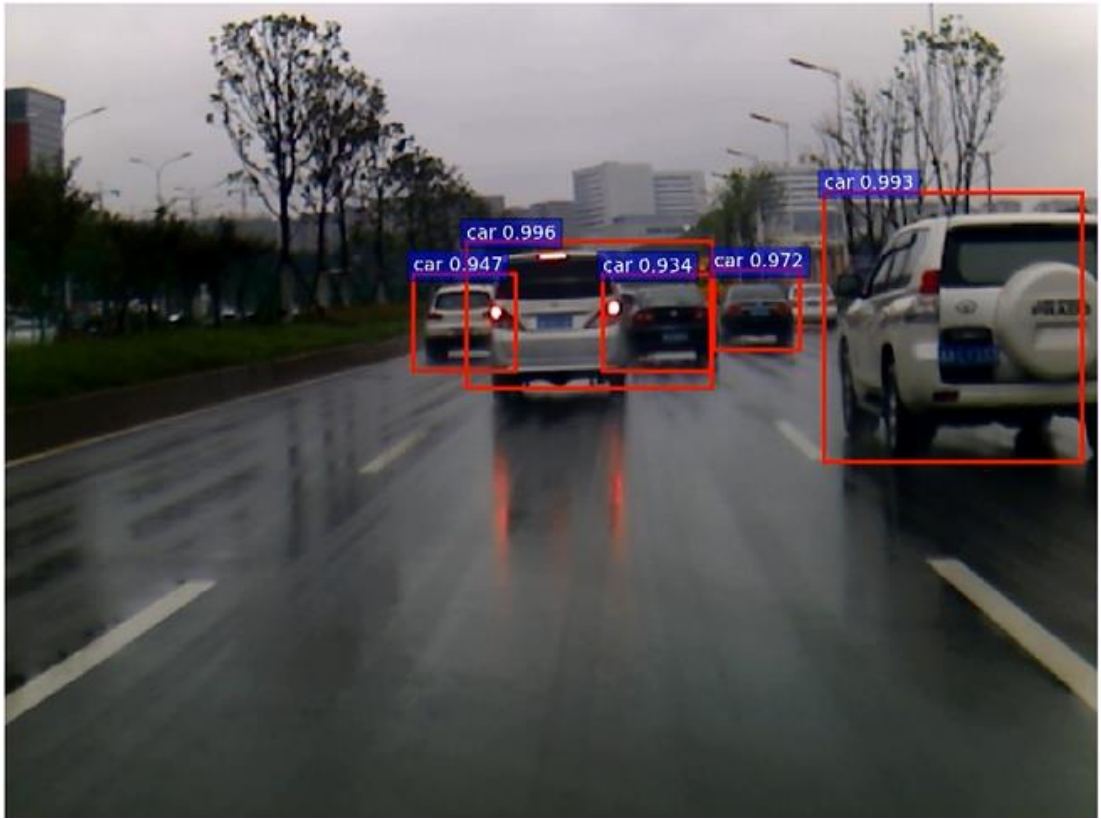


## 部分成果展示

### 1. ADAS 部分结果展示

视频拍摄于：湖南省长沙市长沙理工大学云塘校区附近





## 2. 染色体核型分析中染色体分割部分结果展示



图 2.1 染色体中期图像



图 2.2 染色体核型分析标签图像

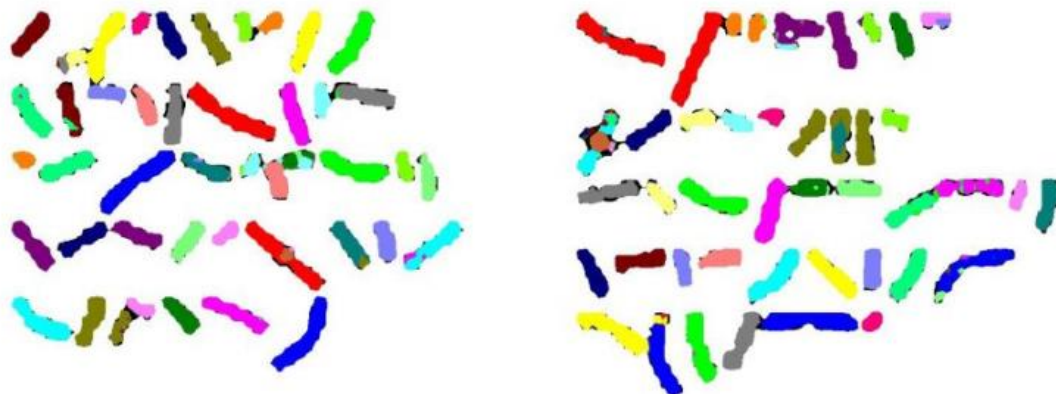


图 2.3 语义分割结果

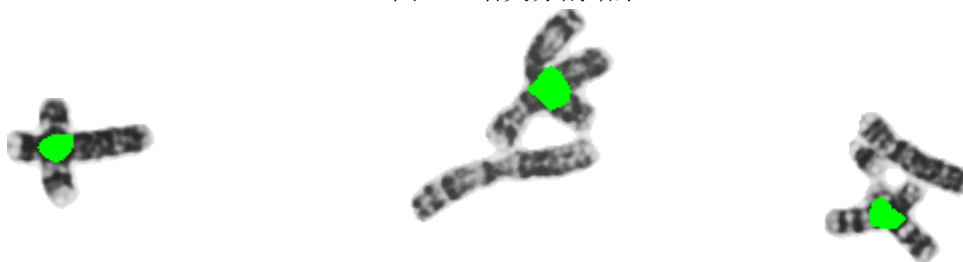


图 2.4 分割区域检测结果



图 2.5 分割点检测结果

本项目使用图 2.1 的染色体中期图像与图 2.2 的染色体核型分析标签图像进行训练，产生图 2.3 与图 2.4 的语义分割结果与分割区域检测结果。分割点检测结果见图 2.5。数据来源于中信湘雅遗传专科医院，本项目由由自兴人工智能研究院、中南大学人类干细胞国家工程研究中心与中信湘雅遗传专科医院合作完成。在该项目中本人主要负责交叉与粘连染色体的分割。

## 2.1 为何在染色体核型分析中要进行染色体中期图像分割

整张染色体核型图中识别出里面所有正常染色体型号、异常染色体型号及其数量用现有的分类识别系统很难实现。

理由：

- 整张染色体核型图中单条染色体对象较小；
- 整张图中含有的对象数目较多；

- 标签设定困难：例如：标签设定为含有 9 号异位，含有 23 号倒位与都不含有，则含有 9 号异位的数据与含有 23 号倒位的数据有重复部分，以只含有 9 号异位，只含有 23 号倒位、含 9 号异位与 23 号倒位与都不含有为标签，虽然解决问题，但是在考虑更多种异常时，标签设定会很多；
- 异常染色体与正常染色体差别较小；
- 染色体是柔性结构，形态多样；
- 交叉与重叠染色体影响识别精度。

## 2.2 交叉与粘连染色体分割的难点

中期图像中染色体粘连与重叠现象普遍存在，实际中很难选出染色体不粘连与不重叠的中期图像进行分析。因此实现粘连与重叠染色体分割是染色体核型分析系统的重要环节。

**难点 1：**正常人的常染色体与女性的 X 染色体是成对出现

本项目使用类似于 Mask-RCNN 结构的实例分割方法解决。

**难点 2：**染色体有角度信息

本项目实例分割方法的目标检测由可以输出角度信息的 RRPN（基于 FPN，Feature Pyramid Network），即 Rotation Region Proposal Networks 来完成。

**难点 3：**染色体是柔性结构

本项目使用语义分割方法解决。

**难点 4：**语义分割边界信息丢失严重

本项目使用生成对抗的方法优化语义分割结果（相比于 CRF 不增加测试的运算量）。

**难点 4 的其它尝试：**

- 引入超像素信息

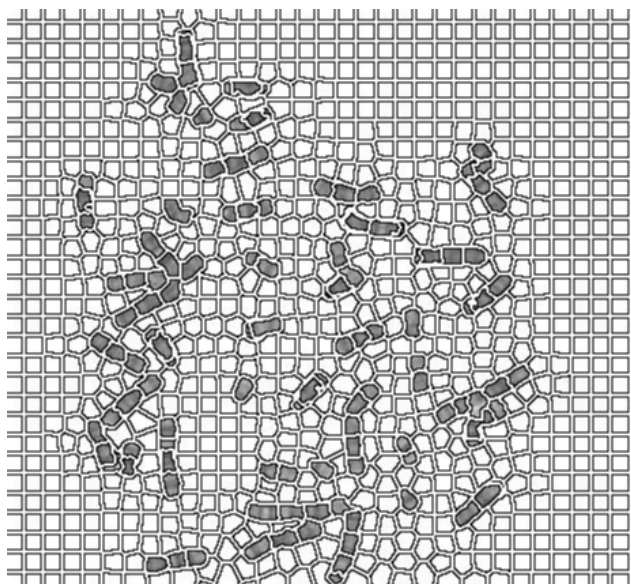


图 2.6 染色体中期图像超像素信息

超像素信息的引入会提高染色体边界检测的精度，使网络更好关注染色体对象。

- 借鉴 HED

HED，即 Holistically-nested network，借鉴其利用多尺度和多水平的特征学习提高边缘检测精度。

利用深层信息指导浅层信息选择边界。