

计算机视觉大作业

研究的问题是什么？

真菌感染早期诊断

简要描述研究背景，以及相关文献。

传统上，人类真菌感染诊断和治疗很大程度上取决于真菌专家面对面咨询或检查。使用深度学习模型作为辅助诊断系统已被训练并用于晚期真菌诊断阶段，但对于早期阶段仍然缺乏相关文献工作。

哥伦比亚大学真菌实验室捐赠了用于开发本研究的手动标记的五类真菌早期显微图像

[Camilo et at.,2021]给出了基于VGG16(85.04%)、inception V3(73.2%)、ResNet50的训练方法  
kaggle比赛官网:  
CHIHJUNGWANG:MultiStepLR 92%  
GUAN LIN TAO: MobileNetV3Small 90%  
GUAN LIN TAO:VGG19 86.53%

使用哪些数据？如果是新收集的数据，如何开展实验？

DeFungi: Microscopic Fungi Image Classification

<https://www.kaggle.com/datasets/joebeachcapital/defungi/data>

预计使用什么方法或模型？计划如何改进或修改此类模型？简要写出总体思路

数据预处理：原本的数据集以及是被剪切处理过的因此不需要再进行预处理

数据不平衡：数据增强

H1: 4500+  
H2: 2300+  
H3<1000  
H4<1000  
H5<1000

类别不平衡可能影响训练效果

主流的增强技术

- Horizontal Flip
- Random Rotate and Random Dihedral
- Hue,Saturation,Contrast,Brightness,Crop
- Color jitter

开发一个基线模型

非常简单的架构，没有任何正则化或dropout层

看看能否超过50%准确率基线

增加基线模型的能力，直到过拟合为止

增加模块容量

- 增加更多的层
- 使用更好的结构
- 完善训练流程

可以考虑加入的结构

- Residual Networks 残差神经网络
- Wide Residual Networks 宽度残差网络
- Inception
- EfficientNet
- Swish activation
- Residual Attention Network残差注意力网络

开发一个足够大可以过拟合的模型

训练过程

- Large Batch-Size Training 大批量训练
- Weight Initialization 权重初始化
- Differential Learning Rates 不同学习率
- Cross-Validation Set 交叉验证集

超参数调试

hyperparameters调优库

正则化提升泛化能力

- Adding Dropout
- Adding or changing the position of Batch Norm 调整批标准化
- Mixup 数据增强技术
- Weight regularzation 权重正则化
- Label smoothing 标签平滑
- Gradient clipping 梯度裁剪

损失函数

- Focal loss
- cross-entropy loss

如何评估你的方法或研究结果？给出完整的测试评估方案

- 混淆矩阵
- 准确率Accuracy
- 精确率Precision
- 召回率Recall
- F1-score
- ROC曲线和AUC
- 消融实验，同其他模型对比（VGG等）