

Progetto 2

Segmentazione di Cellule del sangue

Nella ricerca di nuove cure è essenziale individuare ogni singola cellula del sangue e misurare il modo in cui la cellula reagisce ai vari trattamenti. Per questo è importante sviluppare algoritmi automatici per la segmentazione di tali cellule nelle immagini a microscopio. L'obiettivo di questo progetto è la segmentazione delle cellule del sangue nelle immagini a microscopio. Utilizzerete il BBBC041Seg Dataset [1] che è formato da 1169 immagini di training a 159 immagini di test. Per ogni immagine sono anche fornite le mappe relative alla segmentazione di ciascuna cellula.

In questo progetto i passi da seguire sono:

1. **Download dei dati.** Potete scaricare i dati dal sito ufficiale [1] o eseguendo le seguenti istruzioni su Colab:

```
!wget --user=corso --password=corso2025f https://www.grip.unina.it/download/corso/bbbc041seg-DatasetNinja.tar  
!tar --skip-old-files -xf bbbc041seg-DatasetNinja.tar
```

La PASSWORD verrà fornita in aula.

2. **Preparazione dei dati** Utilizzare lo script fornito `create_msk.py` per creare le mappe di segmentazione dei file json. Creare gli opportuni file csv per dividere il set di immagini in 1010 immagini per il training, 159 immagini per la validazione e 159 immagini per il test. Le immagini vanno ridimensionate a 512×512 pixel. Utilizzate operazioni di data-augmentation considerando il numero ridotto di immagini di training.
3. **Architettura.** Come architettura utilizzate SegFormer [2] che potete definirla in keras con il seguente codice:

```
from keras_hub.models import MiTBackbone, SegFormerBackbone  
from keras_hub.models import SegFormerImageSegmenter  
from keras_hub.models import ImageSegmenterPreprocessor as pre  
  
preprocessor = pre.from_preset("segformer_b0_ade20k_512")  
  
encoder = MiTBackbone.from_preset("mit_b0_ade20k_512",  
    load_weights=True,  
    image_shape=(IMAGE_SIZE, IMAGE_SIZE, 3),  
)  
backbone = SegFormerBackbone(  
    image_encoder=encoder,  
    projection_filters=256,  
)  
model = SegFormerImageSegmenter(  
    preprocessor=preprocessor,  
    backbone=backbone,  
    num_classes=num_classes,  
)
```

4. **Addestramento.** Per l'addestramento utilizzate l'ottimizzatore Nadam tramite la funzione di Keras `keras.optimizers.Nadam`. Mentre per la loss function provate sia la cross-entropy loss che la focal loss. Utilizzate le prestazioni sul set di validazione per selezionare i migliori valori per il learning-rate, il batch-size, il numero di epoch e la loss function.
5. **Valutazione delle prestazioni.** Utilizzate il test-set per valutare le prestazioni in termini di IoU.

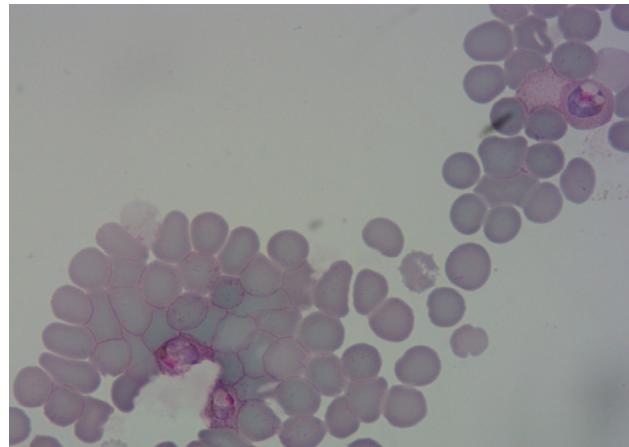


Figura 1: Esempio di immagine a microscopio.

Riferimenti bibliografici

- [1] “BBBC041Seg Dataset.,” <https://datasetninja.com/blood-cell-segmentation>
- [2] E. Xie, W. Wang, Z. Yu, A. Anandkumar, J.M. Alvarez, and P. Luo “SegFormer: Simple and efficient design for semantic segmentation with transformers,” Advances in neural information processing systems, 2021.