一、实验环境

GPU: Nvida Tesla P100 12GB

Python ≥ 3.6.8

NumPy ≥ 1.17.1，opencv-python ≥ 4.1.0.25，Pillow ≥ 6.1.0，PyTorch ≥ 1.2，sklearn

对应的CUDA及CUDNN详见<https://pytorch.org/get-started/locally/>

一般要求CUDA 10.0，CUDNN 7

二、代码操作方法

①将数据集正例、反例分别放入positives和negatives两个文件夹中，并运行preprosess.py脚本，可调整box的值更改小块的边长，生成train-XXX.lib，test-XXX.lib。

②将所有图像放入RGB文件夹下，与lib文件和spore.py处于同一目录。

③运行python spore.py即可开始训练及测试。

----默认从正例中选取pk=1个小块，负例中选取nk=5个小块。

----默认迭代n\_epoch=300次。

----默认使用resnet18预训练模型，可从<https://download.pytorch.org/models/resnet18-5c106cde.pth>下载。

----提供两种迭代方法，MyDataset和OrigDataset，前者更快一些但是要求更大的内存，如需切换可在import处修改。

----默认test\_every=1，即训练1个epoch测试1次。

----训练和测试过程为每个epoch保存时间戳，epoch，loss，error，分别保存于Training.csv和Testing.csv文件中。

----测试错误率最低的模型保存于checkpoint\_best.pth文件中。

三、结果展示

①运行probmap.py输出测试集的概率图，保存于probs.pth文件中。

②运行heatmap.py输出测试集中判定为孢子的区域，保存于results文件夹中。

③运行report.py输出模型在测试集的评估结果。