

Attention이란?

딥러닝분반(2021.08.19~2021.09.02) CV 프로젝트

KUBIG 12기 이나윤

INDEX

2021년 여름방학 딥러닝 분반 6주차

01

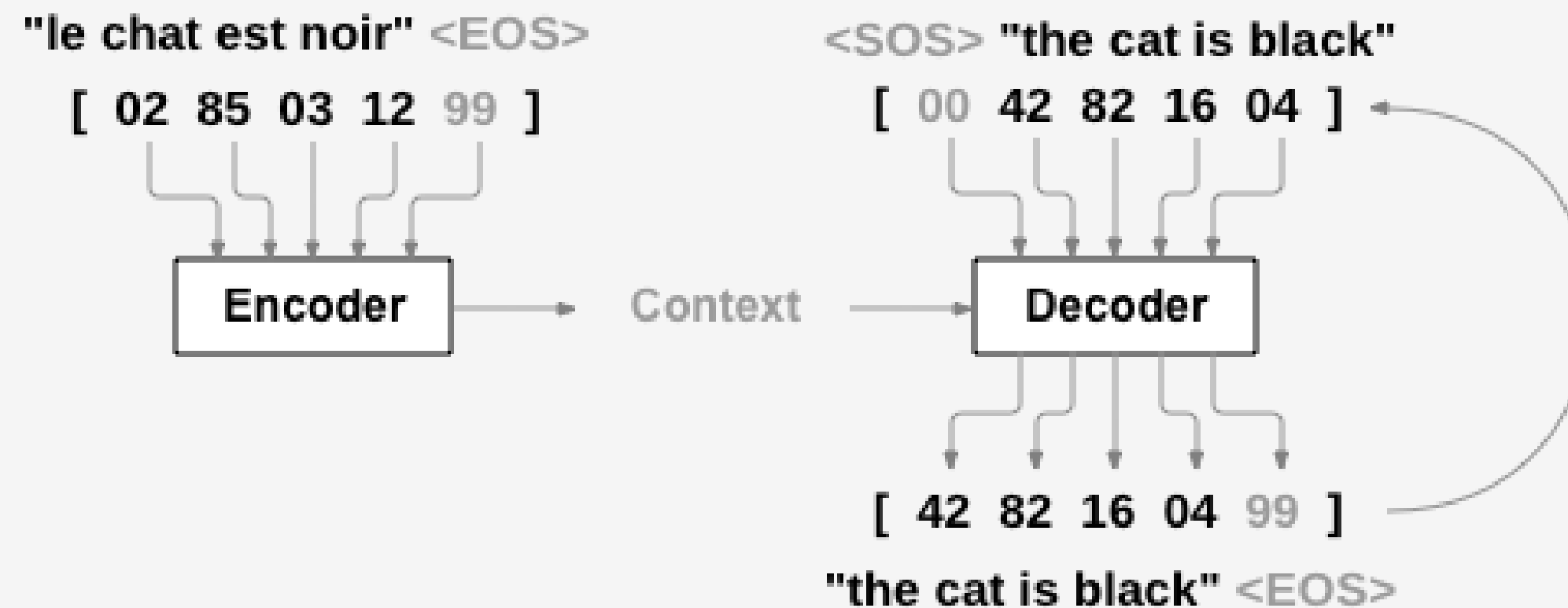
Attention
이란?

02

CV 프로젝트 소개
+
ResNet 예시

01. Attention이란?

RNN에 기반한 seq2seq 모델



-> 하나의 고정된 크기의 벡터(encoder 출력)에 모든 정보 압축하려고 하니 정보 손실이 발생

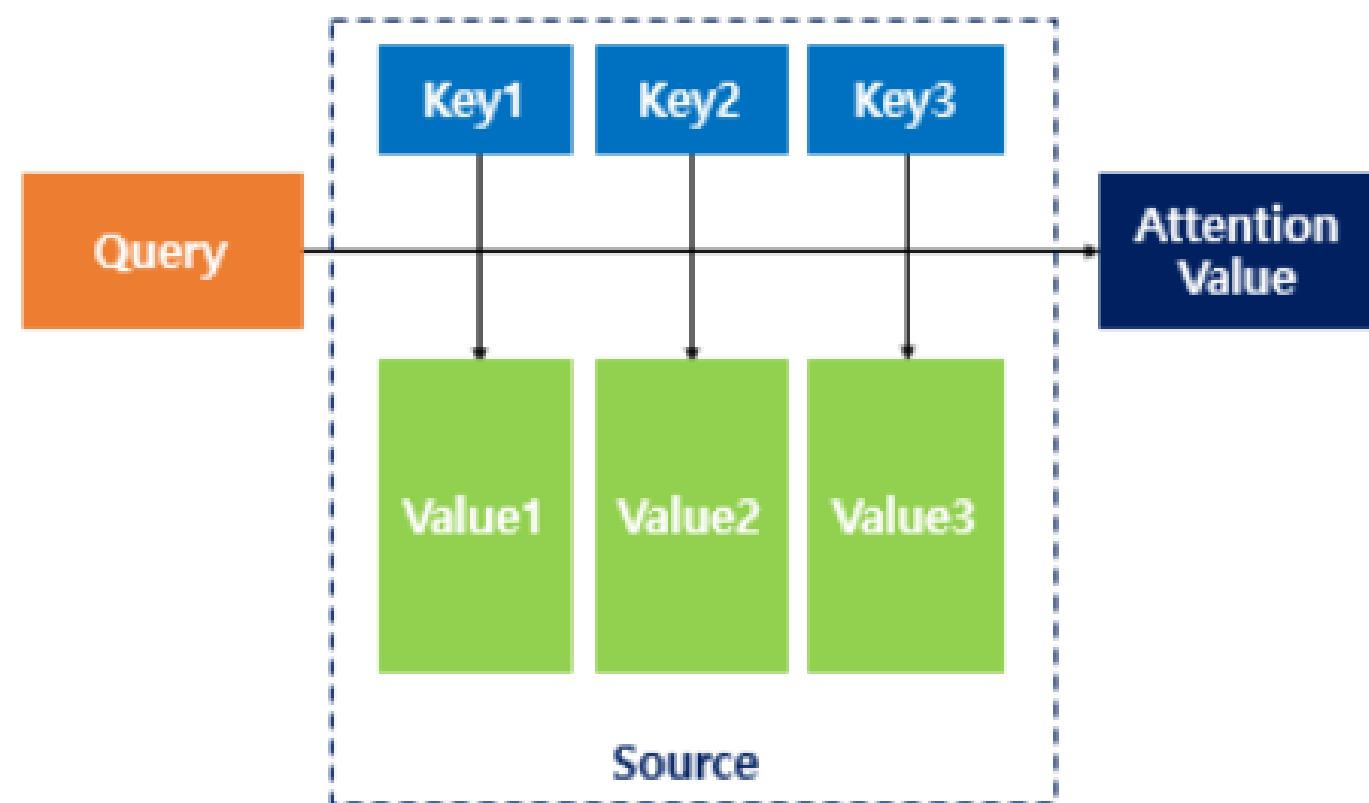
-> Gradient Vanishing 문제 발생. (문장이 길수록..)

01. Attention이란?

Attention : seq2seq가 안고 있던 문제를 해결해주는 메커니즘

: decoder에서 예측하는 때 시점마다 encoder에서의 전체 입력 문장을 다시 한 번 참고

(단, 해당 시점에서 예측해야할 단어와 연관이 있는 부분을 좀 더 집중해서 봄.)



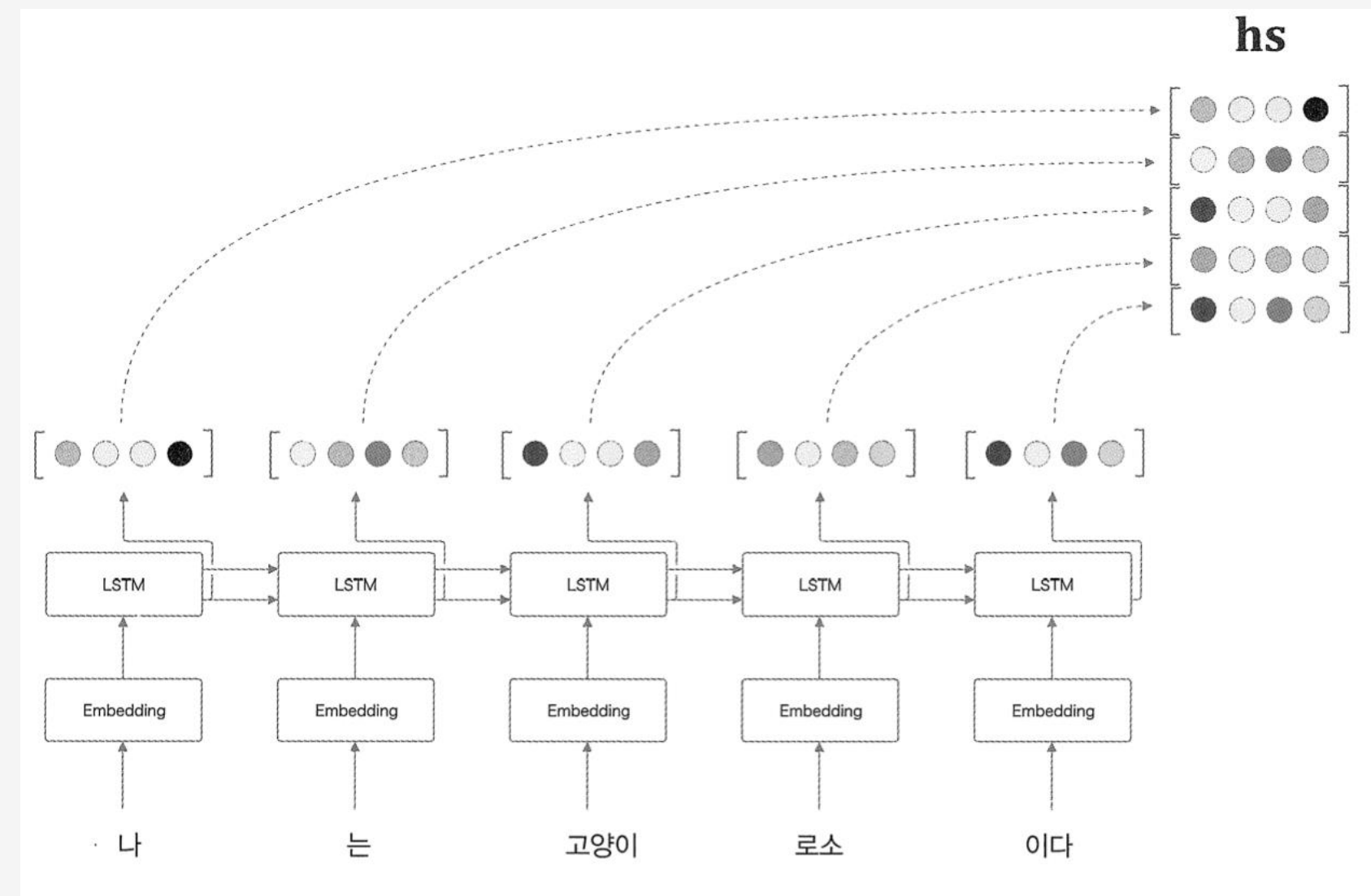
$$\text{Attention}(Q, K, V) = \text{Attention Value}$$

주어진 Q(쿼리)에 대해서 모든 K(키)와의 유사도를 구함.
이 유사도를 모두 더해서 리턴

01. Attention이란?

Encoder 개선 : Encoder 출력의 길이를 입력 문장의 길이에 따라 바꿔줌

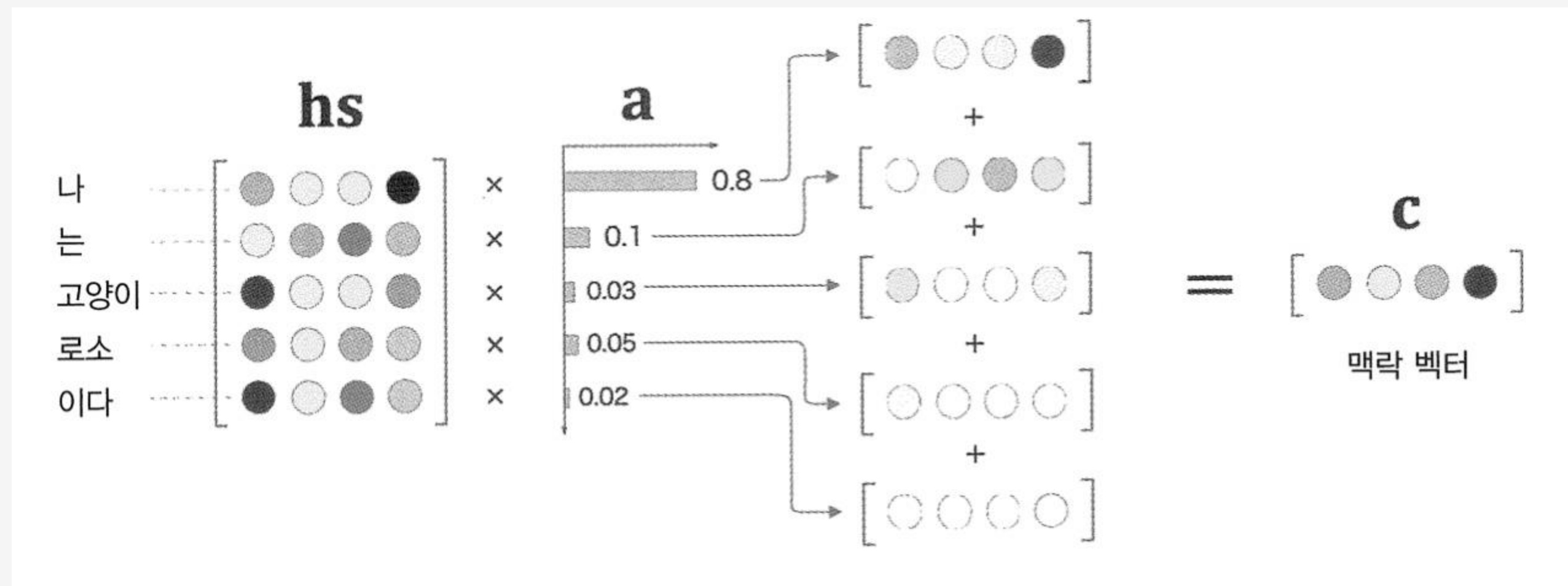
-> 시각(단어)별 은닉 상태 벡터를 모두 이용



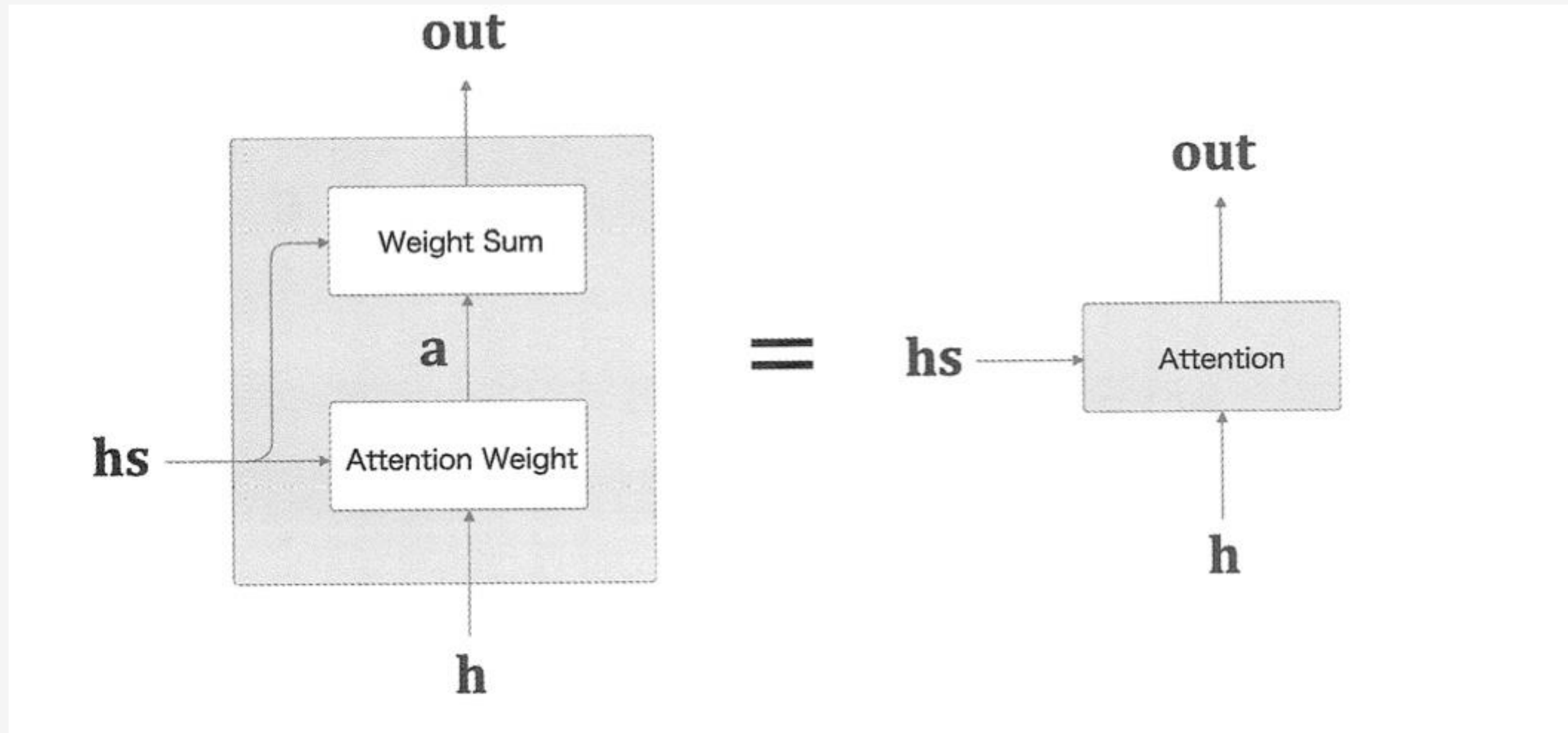
01. Attention이란?

Decoder 개선

-> '도착어 단어' 와 대응 관계에 있는 '출발어 단어'의 정보를 골라내는 것
(=필요한 정보에만 주목하여 그 정보로 부터 시계열 반환 수행하는 것)

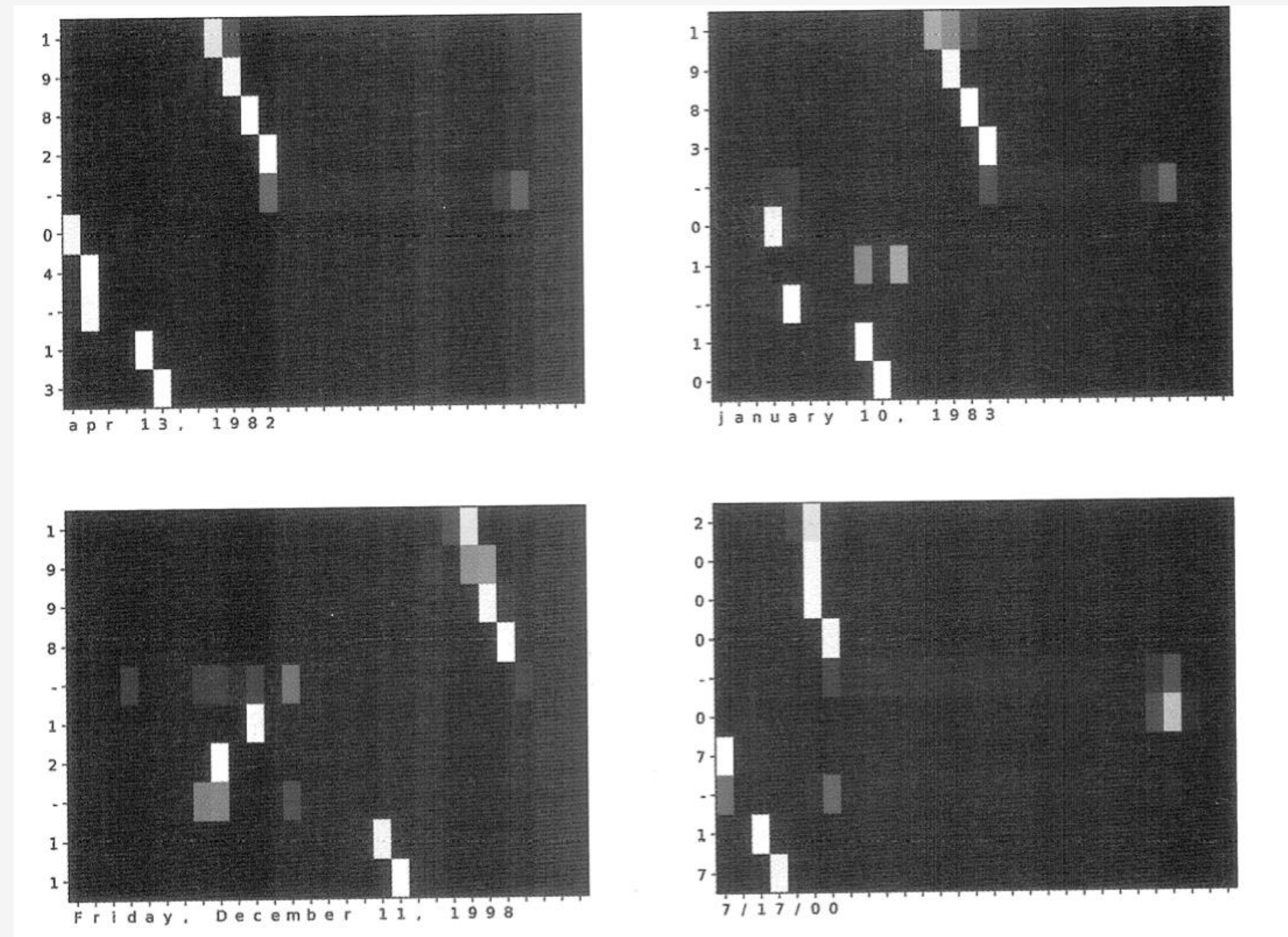


01. Attention이란?



01. Attention이란?

Attention_weights -> 시각화 (밝을수록 가중치 값 1에 가까움)



02. CV 프로젝트 소개



-> 목적: develop models capable of classifying **mixed patterns of proteins**
in microscope images

-> 평가 기준: macro F1 score

Macro-F1:

is the harmonic mean between precision and recall, where the average is calculated per label and then averaged across all labels. If p_j and r_j are the precision and recall for all $\lambda_j \in h(x_i)$ from $\lambda_j \in y_i$, the macro-F1 is

$$\text{Macro-F1} = \frac{1}{Q} \sum_{j=1}^Q \frac{2 \times p_j \times r_j}{p_j + r_j}$$

02. CV 프로젝트 소개

-> predicting protein organelle localization labels for each sample

0. Nucleoplasm
1. Nuclear membrane
2. Nucleoli
3. Nucleoli fibrillar center
4. Nuclear speckles
5. Nuclear bodies
6. Endoplasmic reticulum
7. Golgi apparatus
8. Peroxisomes
9. Endosomes
10. Lysosomes
11. Intermediate filaments
12. Actin filaments
13. Focal adhesion sites
14. Microtubules
15. Microtubule ends
16. Cytokinetic bridge
17. Mitotic spindle
18. Microtubule organizing center
19. Centrosome
20. Lipid droplets
21. Plasma membrane
22. Cell junctions
23. Mitochondria
24. Aggresome
25. Cytosol
26. Cytoplasmic bodies
27. Rods & rings

: 총 28개의 서로 다른 protein label

File descriptions

- `train.csv` - filenames and labels for the training set.
- `sample_submission.csv` - filenames for the test set, and a guide to constructing a working submission.
- `train.zip` - All images for the training set.
- `test.zip` - All images for the test set.

02. CV 프로젝트 소개



[filename]_[filter color].png

: 모든 sample은 4개의 filter로 구성.

(protein of interest(green) + 핵(blue) + 미세관(red) + 소포 내막(yellow)로 표시)

-> 초록색을 주로 다른 filter도 사용해서 예측해야 함.

02. CV 프로젝트 소개

- train, test zip 사용 : scaled set (512 X 512 PNG files)

Train.csv

1	Id	Target
2	00070df0-	16 0
3	000a6c98-	7 1 2 0
4	000a9596-	5
5	000c99ba-	1
6	001838f8-	18
7	001bcdd2-	0
8	0020af02-	25 2
9	002679c2-	0
10	00285ce4-	2 0
11	002daad6-	7
12	002ff91e-t	23
13	00301238-	21
14	0032a07e-	24 0

Id: filename of the sample 보면 blue, green, red, yellow로 구성.
(모든 샘플은 4개의 file 가지고 있음)

- Id - the base filename of the sample. As noted above all samples consist of four files - blue, green, red, and yellow.
- Target - in the training data, this represents the labels assigned to each sample.

THANK YOU

감사합니다.