AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE

WYDZIAŁ ELEKTROTECHNIKI, AUTOMATYKI,
INFORMATYKI I INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ

Praca dyplomowa inżynierska

Klasyfikacja elementów morfometrycznych krwi przy pomocy głębokich sieci neuronowych.

Classification of blood morphometric elements using deep neural networks.

Autor:	*Ilona Tomkowicz*
Kierunek studiów:	*Automatyka i Robotyka*
Opiekun pracy:	*dr hab. inż. Joanna Jaworek-Korjakowska, prof. AGH*

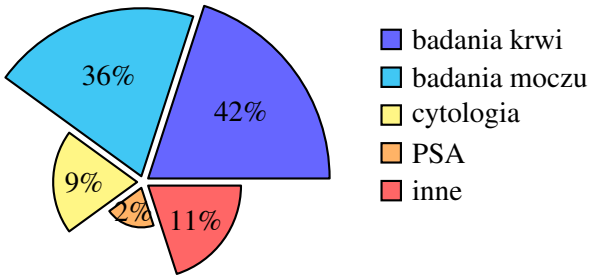
Kraków, 2020

Uprzedzony o odpowiedzialności karnej na podstawie art. 115 ust. 1 i 2 ustawy z dnia 4 lutego 1994 r. o prawie autorskim i prawach pokrewnych (t.j. Dz.U. z 2006 r. Nr 90, poz. 631 z późn. zm.): „Kto przywłaszcza sobie autorstwo albo wprowadza w błąd co do autorstwa całości lub części cudzego utworu albo artystycznego wykonania, podlega grzywnie, karze ograniczenia wolności albo pozbawienia wolności do lat 3. Tej samej karze podlega, kto rozpowszechnia bez podania nazwiska lub pseudonimu twórcy cudzy utwór w wersji oryginalnej albo w postaci opracowania, artystycznego wykonania albo publicznie zniekształca taki utwór, artystyczne wykonanie, fonogram, wideogram lub nadanie.", a także uprzedzony o odpowiedzialności dyscyplinarnej na podstawie art. 211 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. Prawo o szkolnictwie wyższym (t.j. Dz. U. z 2012 r. poz. 572, z późn. zm.): „Za naruszenie przepisów obowiązujących w uczelni oraz za czyny uchybiające godności studenta student ponosi odpowiedzialność dyscyplinarną przed komisją dyscyplinarną albo przed sądem koleżeńskim samorządu studenckiego, zwanym dalej «sądem koleżeńskim».", oświadczam, że niniejszą pracę dyplomową wykonałem(-am) osobiście i samodzielnie i że nie korzystałem(-am) ze źródeł innych niż wymienione w pracy.

Spis treści

1. Wstęp

Morfologia krwi (ang. *complete blood count*) jest jednym z najczęściej przeprowadzanych badań. Dostarcza ona informację o komórkach krwi pacjenta, w tym liczbę komórek każdego typu krwinek i wartość stężenia hemoglobiny. Zgodnie z zaleceniami powinno się wykonywać je przynajmniej raz do roku w celach profilaktycznych. Jest to też jedno z pierwszych badań stosowanych w diagnostyce schorzeń. Według reportu GUS 42% osób decydujących się na badanie labolatoryjne wybiera właśnie badanie krwi (1.1), [13].



Rys. 1.1. Typy wykonanych badań labolatoryjnych według GUS.

Biorąc pod uwagę stan ludności i ograniczoną liczbę personelu medycznego w szpitalach maualne wykonywanie tego typu badań jest problematyczne i zajmuje dużo czasu. Poprzez usunięcie czynnika ludzkiego można uzyskać większą poprawność i zwiększyć poduktywność personelu medycznego. Celem pracy jest zbudowanie narzędzia do automatycznej klasyfikacji białych krwinek opartego na głęboko uczonych konwolucyjnych sieciach neuronowych. Na wejściu do sieci wprowadzane są zdjęcia pojedynczych krwinek, wykonane pod mikroskopem. W tym celu została wykorzystana baza danych na licencji MIT, zawierająca cztery klasy krwinek najliczniej występujące w składzie krwi. Każde zdjęcie jest oryginalnie przyporządkowane do odpowiedniej klasy, zgodnie z widniejącym na nim elementem morfologicznym.

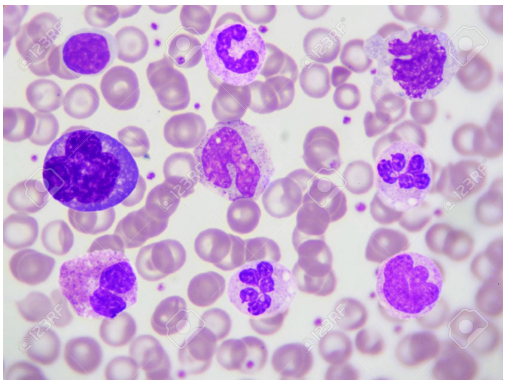
Przed użyciem bazę podzielono na rozłączne zbiory: uczący, walidacyjny i testowy. Za pomocą zbiorów uczącego i walidacyjnego przetrenowano i nastrojono klasyfikator. Dzięki danym ze zbioru testowego, zawierającego zdjęcia nigdy nie wprowadzane na wejście sieci, sprawdzono skuteczność zastosowanej metody.

Oczekiwanym wynikiem pracy jest zbudowanie sieci neuronowej określającej z jak najlepszą doładnością jaki typ krwinki znajduje się na zdjęciu, a następnie modyfikacja zarówno parametrów sieci jak i danych wejściowych w celu zbadania wpływu zmian na działanie modelu.

Program został napisany w języku Python, który jest dobrze przystosowany do przetwarzania, analizy i modelowania danych. Do implementacji sieci użyta została biblioteka Keras, która jest wysokopoziomowym API biblioteki TensorFlow.

1.1. Motywacja pracy

W celu prawidłowego zdiagnozowania chorób często konieczne jest zbadanie liczby krwinek białych danego typu. Obecnie proces ten jest wykonywany manualnie za pomocą hemocymetru (1.2) lub automatycznie z użyciem np. technologii VCS, pomiarem impedancji czy pomiarami z użyciem laseru.



Rys. 1.2. Widok krwinek badanych pod mikroskopem [20].

Ciekawą alternatywą dla tych metod byłoby zastosowanie automatycznego zliczania komórek opartego na klasyfikacji przynależności do danego typu na podstawie analizy obrazów przez sieć neuronową. Byłaby to metoda nie wymagająca ingerencji czynnika ludzkiego, jak to ma miejsce w przypadku badania manualnego, a jednocześnie tańsza niż stosowane pomiary automatyczne. Zmniejszenie liczby ręcznych procesów i nadmiaru próbek podczas rutynowych badań zwolniłoby miejsce dla innych ważnych zadań, zwiększyło wydajność i poprawiło jakość analiz. W pełni zautomatyzowany proces zmniejszyłby indywidualne ryzyko błędów.

Bazą do zbudowania takiego narzędzia byłaby sieć rozpoznająca typ krwinki na zdjęciu i właśnie tą częścią zajmuje się niniejszy projekt. W pracy zdecydowano się na sieć konwolucyjną głęboko uczoną i w zależności od parametrów zbadano precyzyjność jej działania. W tym celu przetestowano wiele kombinacji doboru składowych modelu, a poniżej opisano kilka najciekawszych przypadków.

1.2. Cel i zrealizowane zadania

Aby zbudować narzędzie do klasyfikacji krwinek białych najpierw przeprowadzono analizę przydatności takiego rozwiązania na rynku oraz sprawdzono jakie metody są obecnie wykorzystywane w badaniach krwi. Analiza wykazała zasadność stworzenia tego typu automatyzacji.
Następnym krokiem było zapoznanie się ze stanem obecnej wiedzy na temat sieci neuronowych głęboko uczonych oraz sieci konwolucyjnych i przegląd dostępnych rozwiązań podobnych problemów. Po wyciągnięciu wniosków z zebranych informacji przystąpiono do planowania i implementacji modelu sieci. Wybrano model osiągający najlepsze wyniki i przystąpiono do badania wpływu doboru jego parametrów na dokładność klasyfikacji.
Wynikiem końcowym pracy jest klasyfikator osiągający X% skuteczność na zbiorze testowym oraz wnioski wyciągnięte z badań nad zależnością skuteczności od doboru hiperparametrów.

1.3. Zawartość pracy

W rodziale 2 przedstawiono teoretyczną analizę problemu badawczego wraz z kilkoma przykładowymi rozwiązaniami zadania klasyfikacji wizyjnej na podstawie najnowszych publikacji.
Rozdział 3 zawiera opis implementacji programu i zastosowanych metod, zaś rozdział 4 zestawienie i analizę uzyskanych wyników, po którym następuje podsumowanie przeprowadzonego badania.

2. Analiza problemu badawczego

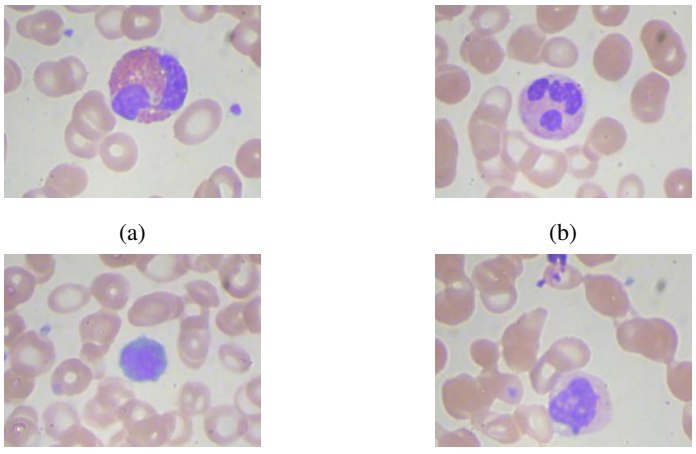
2.1. Aspekt medyczny - analiza elementów krwi

Krwinki białe, będące komórkami systemu odpornościowego, w zależności od funkcji pełnionej w organiźmie można podzielić na pięć grup, z których cztery mają znaczny udział procentowy w składzie krwi (2.1).

Tabela 2.1. Udział procentowy typów krwinek białych w składzie krwi.

Nazwa	Neutrofil	Eozynofil	Limfocyt	Monocyt
Udział %[26]	54-62	1-6	25-33	2-10
Średnica μm[26]	10–12	10–12	7-15	15-30

Baza wykorzystana w pracy zawiera zdjęcia w każdej z tych kategorii. Najważniejsze cechy, po których można rozpoznać daną klasę to wielkość komórki, kształt oraz typ jądra komórkowego. Neurofile mają jądra podzielone na segmenty, eozynofile jądra dwupłatowe, limfocyty są okrągłe z kulistymi jądrami, a monocyty z elipsodalnymi [1]. Na rysunku (2.1) przedstawiono przykładowe zjęcia pochodzące z bazy.



(a) (b)

(c) (d)

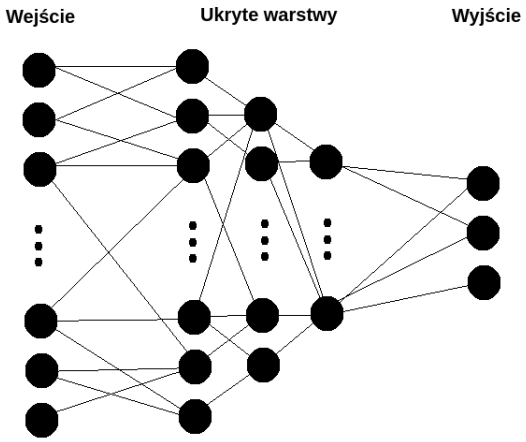
Rys. 2.1. Zdjęcia przedstawiające (a) eozynofil, (b) neurofil, (c) limfocyt, (d) monocyt.

2.2. Głębokie sieci neuronowe

Cechą charakterystyczną głębokich seci neuronowych (ang. *deep learning artificial neural networks*) jest uczenie się wysokopoziomowej reprezentacji wzorców. Struktura sieci składa się zwykle z kilku do kilkunastu warstw (ang. *layers*), chociaż czasem zdarzają się impementacje bardzo głęboich sieci z więcej niż 1000 ukytych warstw [7]. Jedna z pierwszych sieci tego typu miała trzy gęsto połączone ukryte warstwy, gdzie warstwę ukrytą należy rozumieć jako część sieci nie będącą wejściem ani wyjściem z układu [8]. W rozpoznawaniu obrazów początkowe warstwy służą identyfikacji ogólnych i generycznych wzorców, jak rozpoznawanie krawędzi. Im głębsza warstwa tym bardziej kształty przez nie zapamiętywane przypominają reprezentacje obiektów znane człowiekowi, na przykład oczy, nos w przypadku rozpoznawaniu twarzy.

2.2.1. Zasada działania sieci neuronowych

Sztuczna sieć neuronowa (ang. *artificial neural network*, ANN) jest to układ przetwarzania danych, składający się z warstw sztucznych neuronów, połączonych synapsami o konkretnych wagach (2.2). Neurony wykonują pewne operacje matematyczne na wejściowych danych, a wynik przesyłany jest do kolejnego rzędu neuronów lub do wyjścia układu.



Rys. 2.2. Wizualizacja przykładowej struktury sieci neurnowej.

Typy sieci neuronowych ze względu na kierunek przepływu danych:

– Jednokierunkowa (ang. *feedfoward)* - dane w sieci przepływają tylko w kierunku od wejścia do wyjścia. Do tego typu należą sieci konwolucyjne.

– Rekurencyjna - przepływ danych między dwoma połączonymi neuronami odbywa się w dowolnym kierunku.

Funkcję, realizowaną przez całą sieć można zapisać wzorem (2.1), [21]:

$$Y = W_k X \tag{2.1}$$

gdzie,

W_k – macierz współczynników wagowych połączeń między neuronami. Ma wymiar *[k x n]*, gdzie *k* - liczba warstw, *n* - liczba neuronów w jednej warstwie,

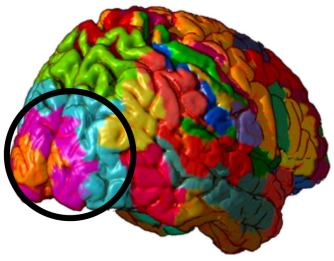
X – wektor danych wejściowych,

Y – wektor sygnałów wyjściowych.

Celem trenowania sieci neuronowej jest dobranie wartości w macierzy W_k tak, aby odwzorowała wektor X w wektor Y.

2.2.2. Początki sieci konwolucyjnych

Konwolucyjne sieci neuronowe (ang. *convolutional neural networks*, CNN) są typem sieci głęboko uczonej. Zbudowane na bazie perceptonu wielowarstwowego (ang. *multilayer perceton*, MLP) [4] będącego najpopularniejszym typem ANN w latach 80' [25]. MLP są używane w większości modeli na końcu konwolucyjnej sieci neuronowej i może zawierać kilka tego typu warstw. Pełni rolę przekodowania wartości cech zwracanych przez warstwy konwolucyjne na klasy, do których przynależy obiekt [15]. Podczas gdy MLP charakteryzują się tym, że są w pełni połączone, co oznacza że każdy neuron z warstwy jest powiązany z każdym neuronem z kolejnej warstwy, CNN nie są już połączone tak gęsto. Pozwala to między innymi na ograniczenie w pewnym stopniu podatności na zjawisko nadmiernego dopasowania (ang. overfittng).
Powstanie sieci tego typu zostało zainspirowane budową części mózgu odpowiedzialnej za odbiór wrażeń wizyjnych - kory wzrokowej [17]. Narząd ten zawiera liczne drobne i gęsto ułożone komórki nerwowe. Zajmuje trzy pola Brodmana (2.3) - obszary, na który została podzielona struktura mózgu [2].



Rys. 2.3. Struktura mózgu podzielona na pola Brodmanna z zaznaczoną korą wzrokową [5].

Informacja wizyjna jest przekazywana z jednego obszaru do drugiego, przy czym każdy kolejny obszar jest bardziej wyspecjalizowany niż poprzedni. Pola różnią się między sobą funkcjami, przez co neurony w danym obszarze wykonują tylko konkretne zadania. Przykładowo obszar, do którego w pierwszej

kolejności trafiają informacje wizyjne, nazwany bruzdą ostrogową zachowuje lokalizację przestrzenną widzianych obiektów. Przekazuje on informację do asocjacyjnej kory wzrokowej, która z kolei jest odpowiedzialna za rozpoznawanie kształtów, rozmiarów i kolorów, a potem do innych obszarów mózgu zajmujących się kojarzeniem obiektu z jego reprezentacją w pamięci. Z kolei trzeciorzędowa kora wzrokowa (ang. *middle temporal*) rozpoznaje ruch obieków, a przedczołowa (ang. *dorsomedial prefrontal cortex*) ruch samego obiektu rejestrującego obraz [11]. Analogicznie działają sieci konwolucyjne, w których kolejne warstwy są odpowiedzialne za detekcję różnych typów wzorców, a dane są przekazywane między warstwami i analizowane na różnych poziomach abstrakcji.
Sieci kowolucyjne znalazły zastosowanie w rozpoznawaniu obrazów, ze względu na inwariancję względem translacji oraz zdolność uczenia się wzorców lokalnych [3]. Dane wejściowe są w postaci tensora trójwymiarowego, a operacja konwolucji (oznaczona gwiazdką), która zachodzi w warstwach sieci może być opisana równaniem (2.2), [4]:

$$S(i,j) = (I * K)(i,j) = \sum_m \sum_n I(m,n)K(i-m, j-n). \tag{2.2}$$

gdzie,

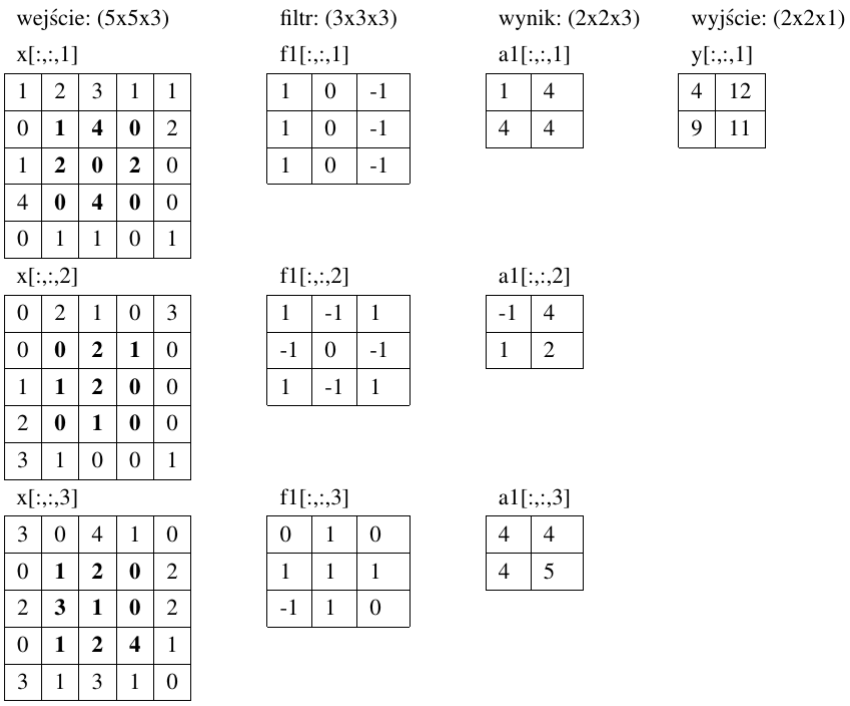
I – dane wejściowe,

K – jądro (ang. *kernel*),

S – wyjście, mapa cech (ang. *feature map*).

2.2.3. Warstwy sieci konwolucyjnych

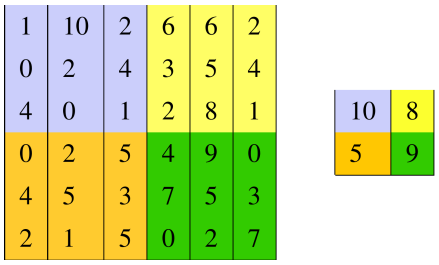
Neurony w sieci są pogrupowane w warstwy. Typowe obliczenia w warstwie CNN składają się z trzech etapów. W pierwszym przeprowadzane jest kilka równoległych konwolucji, których wyniki nazywamy liniowymi aktywacjami. W kolejnym etapie, nazywanym detekcyjnym, każda aktywacja liniowa poddawana jest działaniu nieliniowej funkcji aktywacji. Na koniec używana jest funkcja redukująca (ang. *pooling function*) [4].
Na rysunku (2.4) zaprezentowano przykładowe działanie konwolucji dla obrazu o głębokości 3 (np. RGB). Zastosowano filtr 3x3, z krokiem równym 2, co znaczy że filtr jest stosowany co 2 piksele. Zmniejsza to rozmiar ramki do 3x3. Wyjściem tej operacji jest mapa cech (ang. *feature map*). Z każdym filtrem (inaczej jądrem, (ang. *kernel*) powiązana jest wartość błędu (ang. *bias)*. Nie zastosowano dopełnianie macierzy zerowymi wierszami i kolumnami na brzegach (ang. *padding - valid*), więc z tego powodu także następuje redukcja rozmiaru - do 2x2.
Po przejściu przez konwolucję macierz poddawana jest funkcji aktywacyjnej. Jej celem jest obliczenie ważonej sumy macierzy, dodanie do niej wartości błędu i zdecydowanie czy dana wartość powinna być uznana za aktywną czyli braną pod uwagę w dalszym działaniu.
Funkcja redukcyjna zastępuje wartość wyjściową w danym węźle pewną warością obliczoną na podstawie wyjść sąsiednich neuronów. W ten sposób zmiejszana jest ilość próbek, a także parametrów sieci,



Rys. 2.4. Przykład działania konwolucji

.

co zmniejsza nakład obliczeniowy i redukuje overfitting. Przykład zasosowania funkcji redukcyjnej typu max pooling znajduje się w tabeli 2.5. Zastosowano podział na bloki 3x3. Dzięki tej operacji uzyskuje się niezmienność wyjścia względem małych translacji wejścia.



Rys. 2.5. Przykład działania redukcji max pooling

.

Na warstwy konwolucyjne nakładane są warstwy gęsto połączone (ang. *dense layers*), służące do klasyfikacji. Na ich wejściu wymagane są dane jednowymiarowe, a wyjściem konwolucji są dane trójwymiarowe. Z tego powodu łączy się je warstwą spłaszczającą (ang. *flatten layer*), która transformuje macierze cech w wektor cech.

Ostatnia warstwa w pełni połączona powinna mieć wymiar równy liczbie klas, do których jest klasyfikowany zbiór danych oraz odpowiednią funkcję aktywacyjną. Dla klasyfikacji binarnej używana jest S-funkcja, a do niebinarnej funkcja softmax [3].

W celu zapobiegnięcia przetrenowaniu sieci używa się warstw typu dropout, które usuwają pewne połączenia między neuronami. Dzięki temu sieć uczy się cech bardziej ogólnych oraz będzie mniej podatna na osiąganie wysokiej skuteczności na zbiorze walidacyjnym, ale niskich na zbiorze testowym [23].
Temu samemu służą warstwy normalizacji wsadowej (ang. *batch normalisation*), które standaryzują dane wyjściowe z poprzedniej warstwy przez nadanie im postaci rozkładu normalnego N(0,1). W przeciwieństwie do dropoutu nie powoduje utraty niektórych informacji przez usunięcie połączeń, lecz dodaje szum do każdej funkcji aktywacyjnej. Skutkiem jej stosowania jest zwiększenie niezależności warstw od siebie, generalizacja działania sieci oraz zwiększenie współczynnika uczenia. Najlepszym podejściem jest używanie obu typów wastw zmniejszających ryzyko przetrenowania [9].

2.2.4. Analiza parametrów sieci konwolucyjnej

Sieć konwolucyjna ma wiele parametrów, które można regulować w celu dobrania jak najlepszego sposobu działania. Parametry te mają wpływ na skuteczność i mimo, że w przypadku doboru funkcji aktywacji czy redukcji da się powiedzieć które formuły mają większe prawdopodobieństwo powodzenia, to jednak nie ma ścisłych reguł ich doboru.
Parametry warstwy konwolucyjnej to ilość filtrów, ich rozmiar, krok filtracji, dopełnianie zerami bądź jego brak i dobór funkji aktywacyjnej. W przypadku warstw redukcyjnych, na przykład używanej w niniejszej pracy redukcji maksymalizującej, dobera się wielkość bloków, krok i obecność dopełnienia zerami. Warstwa gęsto połączona ma regulowaną ilość segmentów i funkcję aktywacyjną, zaś w dropout ustala się współczynnik przepuszczalności danych.
Podczas propagacji wstecznej w fazie uczenia używany jest algorytm do znajdowania minimum funkcji błędu. Minimum to można znaleźć na wiele sposobów, jednak najskuteczniejszym sposobem do szybkiej zbieżności jest użycie ADAM lub innej techniki adaptacyjnej [24]. Poniżej przedstawiono przykładowe funkcje optymalizacyjne.

– Naszybszy spadek (2.3),

$$\theta_{i+1} = \theta_i - \alpha \nabla F(\theta_i) \tag{2.3}$$

gdzie,

θ – argument minimalizowanej funkjcji w i-tym kroku algorytmu,
α – szybkość uczenia (ang. *learining rate*),
F – funkcja błędu.

– najszybszy spadek z regulacją bezwładności uczenia (2.4),

$$\theta_{i+1} = \theta_i - V_i V_{i+1} = \gamma V_i + \alpha \nabla F(\theta_i) \tag{2.4}$$

gdzie,

γ – bezwładność uczenia (ang. *momentum*)

– adapcyjne oszacowanie momentu (ang. *adaptive moment estimation*, ADAM) (2.5), [12].

$$\theta_{i+1} = \theta_i - \frac{\alpha}{\sqrt{v_i} + \epsilon} m_i \tag{2.5}$$

gdzie,

m_i – pierwszy moment (wartość oczekiwana) gradientu funkcji,

v_i – drugi moment (wariancja) gradientu funkcji.

– apropagacja średniokwadratowa (ang. *root mean square propagation*, RMSprop) (2.6), [16].

$$\theta_{i+1} = \theta_i - \frac{\alpha}{\sqrt{v_i + \epsilon}} \nabla F(\theta_i) \tag{2.6}$$

Przykładowe funkcje aktywacyje:

– progowanie (2.7),

$$\begin{aligned} Y < th, A = 0 \\ Y \geq th, A = 1 \end{aligned} \tag{2.7}$$

gdzie,

Y – wynik sumy ważonej i błędu,

th – próg aktywacji,

A – aktywacja.

– funkcja liniowa (2.8),

$$A = cY \tag{2.8}$$

gdzie,

c – stała,

– S-funkcja (2.9),

$$A = \frac{1}{1 + e^{-Y}} \tag{2.9}$$

– ReLu (2.10).

$$A = max(0, Y) \tag{2.10}$$

Przykładowymi funkcjami reducyjnymi są: maksimum, minimum, średnia, norma L^2, średnia ważona odległością od centralego piksela. Najczęściej stosowana jest jednak funkcja maksimum, gdyż daje najlepsze efekty [22].

2.2.5. Uczenie

Proces uczenia sieci neuronowej dzieli się na epoki. Liczba epok jest regulowalnym parametrem i od przyjętej wartości zależy jakość działania modelu. Zbyt mała liczba epok skutkuje niedotrenowaniem (model mógłby klasyfikować lepiej), a zbyt duża przetrenowaniem (model zna zbiór na którym trenował bardzo dobrze, ale słabo radzi sobie z nowymi zbiorami). Poniżej przedstawiono kolejne procesy zachodzące podczas jednej epoki.

Początkowo ustalane są wagi sieci W_k i błędów b_k przez inicjalizację małymi liczbami losowymi. W pierwszej części treningu odbywa się propagacja w przód (ang. *forward popagation)*, która polega na przejściu przez sieć w kierunku od wejścia do wyjścia i obliczeniu liniowego kroku (2.11):

$$y_1 = X_0 W_1 + b_1 \tag{2.11}$$

gdzie,

X_1 – macierz wejściowa,

W_1 – macierz wag,

b_1 – błąd (ang. *bias*),

y_1 – pierwszy liniowy krok.

Następnie zbiór liniowych kroków przechodzi przez funkcje aktywacyjne, wprowadzając do modelu cechy nieliniowe i pozwalając na reprezentację bardziej skomplikowanych odwzorowań.

Po zakończonej propagacji w przód następuje etap propagacji wstecznej (ang. *backward propagation*), mający na celu poprawę wartości wag. Na podstwie funkcji błędu - różnicy między wyjściem z modelu (predykcją), a oczekiwanym wyjściem - szacuje się jakość rozwiązania. Używając pochodnej funkcji błędu względem wag minimalizuje się błąd metodą najszybszego spadku. Krok spadku jest determinowany przez parametr nazywany tempem uczenia (ang. *learning rate*).

Najczęsciej nie wszystkie dane przepływają przez sieć jednocześnie. W przypadku dużych zbiorów danych dzieli się je na mniejsze podzbiory (ang. *batches*), które przepływają kolejno przez sieć. Liczebność tego typu podzbioru jest parametrem modelu i wpływa na jakość klasyfikacji. Liczba iteracji definiuje ile podzbiorów ma przejść przez sieć od wejścia do wyjścia układu i spowrotem, aby epoka została uznana za skończoną.

2.2.6. Sieci pretrenowane

Trening sieci neuronowej jest procesem czasochłonnym. Co więcej, wymaga zgromadzenia odpowiedniej ilości opisanych danych, co bywa problematyczne. Z tego powodu zaczęto szukać metod, dzięki

którym będzie można ten proces uprościć i stosować te same narzędzia do różnych problemów. Przenoszenie uczenia (ang. *transfer learning*) jest stosowane w sieciach neronowych przez użycie pretrenowanych modeli. Tego typu model jest trenowany na dużym zbiorze danych i zawierającym nawet kilka milionów próbek i kilkadziesiąt tysięcy klas.

Korzystając z faktu, że coraz głębsze warstwy sieci uczą się i rozpoznają coraz bardziej skomplikowane i szczegółowe wzorce na obrazie można zedytować raz przetrenowany model do przeznaczenia ogólnego. Należy zamrozić początkowe warstwy - rozpoznające generyczne wzorce - aby nie nadpisać ich wag oraz na nich dołożyć kolejne warstwy mające za zadanie nauczenie się szczegółów typowych dla konkretnego zbioru zdjęć. Dzięki temu można użyć pretrenowanego modelu do rozpoznawania kształtów w bazie zdjęć niezwiązanych wcale z oryginalnym zbiorem, na którym został przetrenowany.

2.3. Algorytmy klasyfikacji elementów morfologicznych

Podejścia do problemu klasyfikacji krwinek białych spotykane w literaturze wykazują pewne wspólne cechy charakterystyczne. W przypadku sieci trenowanych od podstaw (ang. *trained from scratch*) najlepsze efekty osiągały modele bazujące na warstwach konwolucji i normalizacji wsadowej. W ten sposób osiągnięto nawet 80% skuteczności na zbiorze testowym. Mimo, że skuteczność sieci budowanych od podstaw jest wysoka, to użycie sieci pretrenowanych daje jeszcze lepsze rezultaty, bo ponad 85%. Poniżej przedstawiono najważniejsze informacje o wybranych, najskuteczniejszych algorytmach.

2.3.1. Sieć trenowana od podstaw z warstwą redukcyjną maksymalizującą

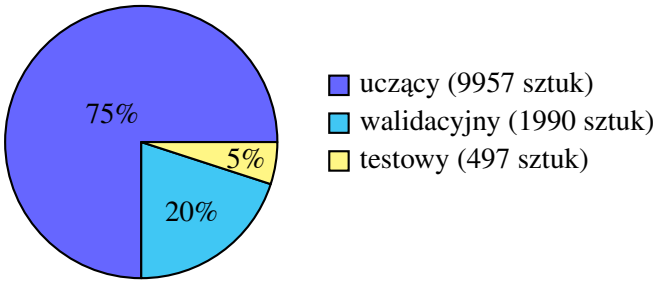
Przytoczony algorytm w całości bazuje na publikacji [6]. Poniżej przedstawiono najważniejsze fragmenty.

– Przygotowanie danych:

  Oryginalnie baza została podzielona w stosunku 75:25 na zbiory uczący i walidacyjny. W publikcji nie ma zbioru testowego, co spowodowało brak informacji o jakości działania sieci. Z tego powodu więc eksperyment przedstawiony w artkule został przeze mnie powtórzony z dokładnością co do algorytmu, ale ze zmodyfiowanym podziałem bazy danych. Pierwotny zbiór walidacyjny o liczebności 2487 elementów podzielono w stosunku 80:20 na zbiory walidacyjny i testowy.

  Ramki zostały przeskalowane do zakresu wartości pikseli [0:1] i rozmiaru 128x128. Następnie przetasowano każdy ze zbiorów i podzielono je na podzbiory (ang. *batches*) o liczebności 32 ramek każdy.

– Struktura sieci:



Rys. 2.6. Podział bazy danych.

```
_________________________________________________________________
Layer (type)                 Output Shape              Param #
=================================================================
input_1 (InputLayer)         (None, 128, 128, 3)       0
conv2d_1 (Conv2D)            (None, 128, 128, 12)      912
batch_normalization_2 (BatchNor (None, 128, 128, 12)   48
_________________________________________________________________
sekwencja warstw, która powtarza się pięciokrotnie:
_________________________________________________________________
conv2d_2 (Conv2D)            (None, 128, 128, 12)      156
batch_normalization_3 (BatchNor (None, 128, 128, 12)   48
conv2d_3 (Conv2D)            (None, 128, 128, 12)      156
conv2d_4 (Conv2D)            (None, 128, 128, 12)      1308
batch_normalization_4 (BatchNor (None, 128, 128, 12)   48
batch_normalization_5 (BatchNor (None, 128, 128, 12)   48
concatenate_1 (Concatenate)  (None, 128, 128, 24)      0
max_pooling2d_1 (MaxPooling2D)  (None, 64, 64, 24)     0
_________________________________________________________________
.....................
_________________________________________________________________
conv2d_17 (Conv2D)           (None, 4, 4, 12)          444
batch_normalization_18 (BatchNo (None, 4, 4, 12)       48
conv2d_18 (Conv2D)           (None, 4, 4, 12)          156
conv2d_19 (Conv2D)           (None, 4, 4, 12)          1308
batch_normalization_19 (BatchNo (None, 4, 4, 12)       48
batch_normalization_20 (BatchNo (None, 4, 4, 12)       48
concatenate_6 (Concatenate)  (None, 4, 4, 24)          0
glob_average_pooling2d_1 (Globa (None, 24)             0
_________________________________________________________________
dense_1 (Dense)              (None, 4)                 100
=================================================================
Total params: 35,858
Trainable params: 35,102
Non-trainable params: 756
_________________________________________________________________
```

– Parametry sieci i treningu:

  W warstwach konwolucyjnych użyto funkcji aktywacyjnej ReLu, z dopełnianiem ramek zerami na brzegach (ang. *padding - same*) i wielkością filtra zmieniającą się od 1 do 3. Warstwy normalizacji

wsadowej mają bezwładność uczenia równą 0.85. Użyte warstwy redukcyjne z funkcją maksymalizującą obliczną na podmacierzach wielkości 2x2. Sieć zakończono typowym klasyfikatorem stosowanym w modelach do problemów niebinarnych.

Przyjęty algorytm optymalizacji to RMSprop z szybkością uczenia 2×10^{-5}, funkcja liczenia błędu to binarna entrpia krzyżowa (ang. *binary cross entropy*). Uczenie trwało 25 epok, każda epoka trwała 248 iteracji, a walidacja 62 iteracje.

– Wyniki eksperymentu:

Wyniki powtórzonego eksperymentu pokrywają się z wynikami w publikacji w zakresie dokładności zbioru uczącego i walidacyjnego.

Tabela 2.2. Skuteczność modelu.

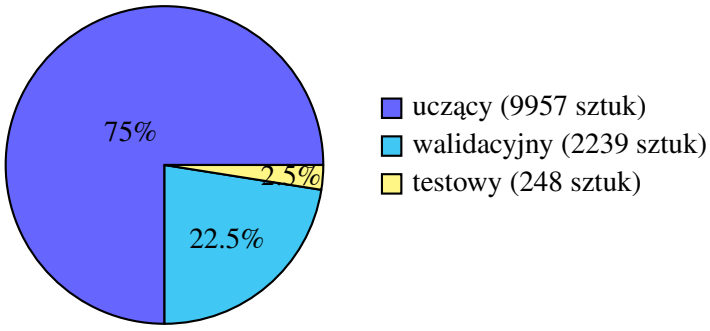
typ zbioru	**treningowy**	**walidacyjny**	**testowy**
skuteczność [%]	92	90	75

2.3.2. Sieć trenowana od podstaw z warstwą dropoutu

Przytoczony algorytm w całości bazuje na publikacji [19]. Poniżej przedstawiono najważniejsze fragmenty.

– Przygotowanie danych:

Oryginalnie baza została podzielona w stosunku 75:25 na zbiory uczący i walidacyjny. Zbiór testowy uzyskano oddzielając 10% danych walidacyjnych.



Rys. 2.7. Podział bazy danych.

Ramki zostały znormalizowane do zakresu wartości pikseli [0:1] i odchylenia standardowego równego 1. Zmniejszono ich rozmiar o połowę do 160x120. Następnie podzielono je na podzbiory o liczebności 16 ramek każdy.

– Struktura sieci:

```
_________________________________________________________________
Layer (type)                 Output Shape              Param #
=================================================================
input_1 (InputLayer)         (None, 120, 160, 3)       0
_________________________________________________________________
sekwencja warstw, która powtarza się czterokrotnie:
_________________________________________________________________
conv2d_1 (Conv2D)            (None, 60, 80, 16)        1216
batch_normalization_1 (Batch (None, 60, 80, 16)        64
dropout_1 (Dropout)          (None, 60, 80, 16)        0
_________________________________________________________________
.....................
_________________________________________________________________
flatten_1 (Flatten)          (None, 320)               0
_________________________________________________________________
sekwencja warstw, która powtarza się trzykrotnie:
_________________________________________________________________
dense_1 (Dense)              (None, 32)                10272
dropout_5 (Dropout)          (None, 32)                0
_________________________________________________________________
.....................
_________________________________________________________________
dense_4 (Dense)              (None, 4)                 36
_________________________________________________________________
Total params: 16,732
Trainable params: 16,668
Non-trainable params: 64
_________________________________________________________________
```

– Parametry sieci i treningu:

Liczba filtrów wastw konwolucyjnych zmieniała się o połowę od 16 do 4 przy stałej wielkości filtra 5x5. Zastosowano dopełnianie zerami, funkcję ReLu w celu aktywacji oraz dropout na poziomie 0,2. Model był trenowany przez 200 epok.

– Wyniki eksperymentu:

Tabela 2.3. Skuteczność modelu.

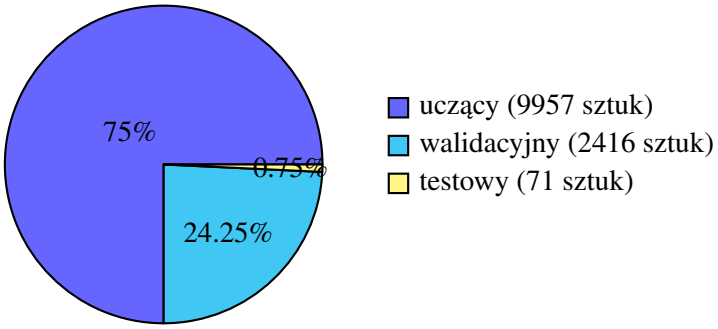
typ zbioru	**treningowy**	**walidacyjny**	**testowy**
skuteczność [%]	99	97	83

2.3.3. Pretrenowny model InceptionV3

Przytoczony algorytm w całości bazuje na publikacji [10]. Poniżej przedstawiono najważniejsze fragmenty.

– Przygotowanie danych:

Zbiór uczący i testowy z oryginalnej bazy zostały użyty w całości i bez modyfikacji. Jako zbiór testowy wykorzystano mały podzbiór dołączony do bazy, którego liczebnść stanowi niecałe 3% zbioru walidacyjnego.



Rys. 2.8. Podział bazy danych.

Ramki zostały użyte w oryginalnym rozmiarze 320x240, bez normalizacji i standaryzacji wartości pikseli. Podzielono je na podzbiory o liczebności 32 ramki każdy.

– Struktura sieci:

```
_________________________________________________________________
Layer (type)                 Output Shape              Param #
=================================================================
inception_v3 (Model)         (None, 6, 8, 2048)        21802784
global_average_pooling2d_1   (None, 2048)              0
_________________________________________________________________
sekwencja warstw, która powtarza się trzykrotnie:
_________________________________________________________________
dense_1 (Dense)              (None, 512)               1049088
dropout_5 (Dropout)          (None, 512)               0
_________________________________________________________________
.....................
_________________________________________________________________
dense_4 (Dense)              (None, 5)                 10272
=================================================================
Total params: 16,732
Trainable params: 16,668
Non-trainable params: 64
_________________________________________________________________
```

– Parametry sieci i treningu:

Znaczącą różnicą jest zastosowanie klasyfikatora pięciowyjściowego, co pozwala na przypisanie do ramki klasy "żadna". W warstwach gęsto połączonych użyto aktywacji ReLu, a wartości dropoutu ustalono na od 0,7 do 0,3. Użyty optymalizator to ADAM z krokiem uczenia 5×10^{-5}. Model był trenowany przez 30 epok.

– Wyniki eksperymentu:

Tabela 2.4. Skuteczność modelu.

typ zbioru	**treningowy**	**walidacyjny**	**testowy**
skuteczność [%]	99	87	86

3. System do klasyfikacji elementów morfologicznych

3.1. Przygotowanie danych

Baza danych zawiera 12500 zdjęć krwinek białych w formacie JPEG wykonanych pod mikroskopem. Pogrupowane są w cztery foldery według przynależności do klas, każdy po około 3000 ramek. Uwzględnione typy krwnek to neutrofil, eozynofil, limfocyt, monocyt. Zbiór został stworzony z 410 obrazów przez operację powiększania zbioru (ang. *data augmentation*) [18].
Ramki wczytane bezpośrednio z bazy źródłowej do programu są w formacie RGB. Piksele oryginalnych obrazów mogą przyjmować wartości z zakresu od 0-255. Dla lepszego działania sieci neuronowej zaleca się normalizację wartości pikseli do małego zakresu, najlepiej 0-1 oraz ustandaryzowanie tak, aby można było traktować dane wejściowe jako rozkład Gaussa o średniej 0 i odchyleniu standadowym 1 (3.1), [14].

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma} \tag{3.1}$$

gdzie,

- x – oryginalna wartość piksela,
- μ – średnia z wartości pikseli w ramce,
- σ – odchylenie standardowe wartości pikseli w ramce,
- z – wartość piksela po ustandaryzowaniu.

3.1.1. Powiększanie zbioru

W przypadku małych zbiorów danych, rozumianych jako zbiór liczący kilka tysięcy elementów często stosowaną praktyką jest poszerzanie zboru danych. Ma ona na celu bezpośrednio powiększenie ilości danych wprowadzanych do modelu, a pośrednio polepszenie rezultatów klasyfikacji. Jednym z korzystnych efektów tego działania jest redukcja zjawiska nadmiernego dopasowania (*ang. overfiting*). Objawia się ona zmniejszeniem różnicy między błędem zbioru, na którym się trenuje model a błędem zbioru, na którym model jest testowany. Szczególnie dużą poprawę w tym aspekcie obserwuje się właśnie dla sieci typu CNN [27].
Jednym ze sposobów transformacji jest elastczna deformacja w przestrzenii danych (*ang. data-space elastic deformation*). Obrazy w oryginalnym zbiorze danych zostają poddane losowym transformacjom,

z założeniem, że zachowane zostają informacje o przynależności do danej klasy. Daje najlepsze rezultaty w porównaniu do poszerzania w przestrzenii cech (*ang. feature-space augmentation*) [27]. Definiuje ona znormalizowany obszar losowego przemieszczenia $u(x, y)$, który dla każdego piksela w obrazie (x, y) definiuje wektor przemieszczenia R_w (3.2), [27]:

$$R_w = R_0 + \alpha u \tag{3.2}$$

gdzie,

R_w – lokalizacja piksela w obrazie wyjściowym,

R_0 – lokalizacja piksela w oryginalnym obrazie,

α – wielkość przesunięcia w pikselach.

Nie jest wskazane używanie zbioru powiększonego z użyciem dużych transformacji. Dla bazy MNIST przesunięcia $\alpha \geq 8$ pikseli skutkuje w pewnej części przypadków utratą informacje o przynależności do danej klasy. Jest to definiowane jako brak zdolności do rozpoznania i zaklasfikowania danej ramki przez człowieka [27].
W przypadku rozpoznawania typów komórek augmentacja z zastosowaną zmianą skali może skutkować pogorszeniem dokładności klasyfikacji, gdyż na każdy rodzaj komórki ma swoją typową wielkość. Skorzystanie z tej cechy do nauczenia się rozpoznawania elementów z pewnością podnosi poziom precyzji działania algorytmu. Zaburzenie tej cechy przez manipulację skalą zdjęcia będzie skutkować utraceniem tej informacji. Zbiór danych zostanie powiększony, jednak stanie się to kosztem utraty pewnych pomocnych danych.
Baza danych użyta w pracy oryginalnie zawiera obrazy, będące wynikiem operacji powiększania zbioru. Z tego powodu nie jest wskazane dodatkowe przepowadzanie powiększania.

3.2. Struktura sieci

3.3. Dobór parametrów

3.3.1. Ograniczenie overfittingu

CNN są sieciami posiadającymi poza warstwami konwolucyjnymi i redukcyjnymi warstwy w pełni połączone (ang. *fully-connected network*). Charakteryzują się one tym, że każdy neuron posiada połączenie z dowolnym innym neuronem w poprzedniej warstwie. To sprawia, że są podatne na zjawisko nadmiernego dopasowania.

4. Analiza wyników

5. Podsumowanie

5.1. Kierunki dalszych badań

Bibliografia

[1] Alberts B i in. „Leukocyte also known as macrophages functions and percentage breakdown". W: Edinburgh: Churchill Livingstone, 2002.

[2] Korbinian Brodmann. „Vergleichende Lokalisationslehre der Großhirnrinde : in ihren Prinzipien dargestellt auf Grund des Zellenbaues". W: 1985.

[3] François Chollet. „Deep Learning with Python". W: 2017.

[4] „Deep learning". W: The MIT Press, 2016.

[5] Mark Dow. *http://lcni.uoregon.edu/~dow/Space_software/renderings.html*.

[6] Maksim Drobchak. „*https://www.kaggle.com/drobchak1988/blood-cell-images-acc-92-val-acc-90*". W: 2019.

[7] Kaiming He i in. „Deep Residual Learning for Image Recognition". W: 2015.

[8] Geoffrey E. Hinton, Simon Osindero i Yee Whye Teh. „A Fast Learning Algorithm for Deep Belief Nets". W: 2006.

[9] Sergey Ioffe i Christian Szegedy. „Batch Normalization: Accelerating Deep Network Training by Reducing Internal Covariate Shift". W: *ArXiv* (2015).

[10] Luke Sung Uk Jung. „*https://www.kaggle.com/jcruxsu/blood-cell-85-kernal-with-inception-v3*". W: 2019.

[11] Gopal Kalpande. „*https : // / medium . com / @gopalkalpande / biological - inspiration - of - convolutional-neural-network-cnn-9419668898ac*". W: 1979.

[12] Diederik P. Kingma i Jimmy Ba. „Adam: A Method for Stochastic Optimization". W: 2014.

[13] Departament Badań Społecznych Główny Urząd Statystyczny w Krakowie. „Zdrowie i ochrona zdrowia w 2016 r". W: 2019.

[14] E. Kreyszig. „Advanced Engineering Mathematics". W: 1979.

[15] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever i Geoffrey E. Hinton. „ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks". W: *NIPS*. 2012.

[16] Thomas Kurbiel i Shahrzad Khaleghian. „Training of Deep Neural Networks based on Distance Measures using RMSProp". W: 2017.

[17] Masakazu Matsugu i in. „Subject independent facial expression recognition with robust face detection using a convolutional neural network". W: 2003.

[18] Paul Mooney. „*https://www.kaggle.com/paultimothymooney/blood-cells*". W: 2017.

[19] nh4cl. „*https://www.kaggle.com/placidpanda/deep-learning-from-scratch-insights*". W: 2018.

[20] Jarun Ontakrai. *https://www.123rf.com/photo_82668549_white-blood-cells-in-in-blood-smear-analyze-by-microscope.html*.

[21] Tadeusiewicz R. „Sieci neuronowe". W: Kraków, Wykład plenarny XXXII Zjazdu Fizyków Polskich, 1993.

[22] Dominik Scherer, Andreas C. Müller i Sven Behnke. „Evaluation of Pooling Operations in Convolutional Architectures for Object Recognition". W: *ICANN*. 2010.

[23] Nitish Srivastava i in. „Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting". W: 2014.

[24] Anish Singh Walia. „*https://towardsdatascience.com/types-of-optimization-algorithms-used-in-neural-networks-and-ways-to-optimize-gradient-95ae5d39529f*". W: 2017.

[25] Philip D. Wasserman i Tom J. Schwartz. „Neural networks. II. What are they and why is everybody so interested in them now?" W: 1988.

[26] Paul R. Wheater, H. George Burkitt i Victor G. Daniels. „Functional histology: A text and colour atlas". W: 1979.

[27] Sebastien C. Wong i in. „Understanding Data Augmentation for Classification: When to Warp?" W: 2016.