

Politechnika Śląska

Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Nowe Technologie w Informatyce

Projekt

Analiza porównawcza modeli CLAM i Snuffy w klasyfikacji
histopatologicznej

Prowadzący: dr hab. inż. Karolina Nurzyńska

Autor: Michał Jagoda

Data: 10 czerwca 2025

1 Wprowadzenie

W niniejszym raporcie przedstawiamy analizę porównawczą dwóch modeli uczenia maszynowego - CLAM (Clustering-constrained Attention Multiple instance learning) oraz Snuffy - w kontekście klasyfikacji obrazów histopatologicznych. Problem klasyfikacji obrazów histopatologicznych jest kluczowym wyzwaniem w diagnostyce medycznej, gdzie dokładna i szybka analiza próbek tkanek może znacząco wpłynąć na proces podejmowania decyzji klinicznych.

2 Opis problemu

Klasyfikacja obrazów histopatologicznych stanowi złożone zadanie ze względu na:

- Wysoką rozdzielczość obrazów (często w skali gigapikseli)
- Złożoność strukturalną tkanek
- Zmienność między próbkami
- Potrzebę uwzględnienia kontekstu lokalnego i globalnego

W naszym przypadku skupiamy się na klasyfikacji binarnej, gdzie celem jest rozróżnienie między próbkami pozytywnymi i negatywnymi pod względem określonego markera histopatologicznego.

3 Architektury modeli

3.1 Model CLAM

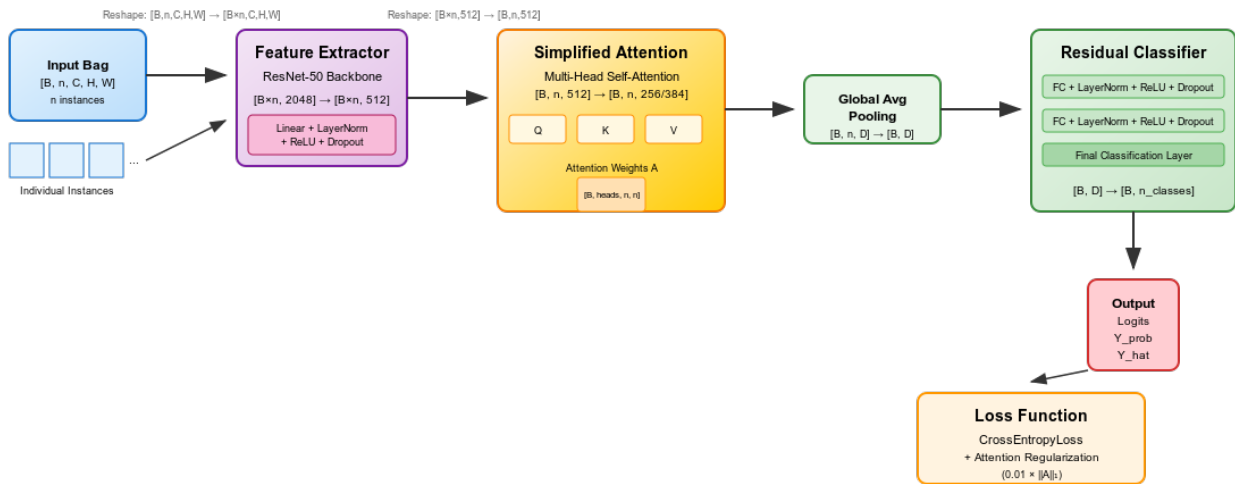
CLAM (Clustering-constrained Attention Multiple instance learning) to zaawansowany model uczenia maszynowego, który łączy w sobie:

- Multiple Instance Learning (MIL) - podejście pozwalające na pracę z workami instancji
- Mechanizm uwagi (attention) - umożliwiający modelowi skupienie się na istotnych regionach obrazu
- Klasteryzację - pomagającą w identyfikacji podobnych wzorców w danych

Model CLAM składa się z następujących głównych komponentów:

- Encoder obrazów - ekstrahujący cechy z pojedynczych pól (patches)
- Moduł uwagi - określający wagę każdego pola
- Klasyfikator - dokonujący końcowej klasyfikacji na podstawie ważonych cech

CLAM: Clustering-constrained Attention Multiple Instance Learning



Enhanced CLAM Architecture for Medical Image Analysis

Rysunek 1: Architektura modelu CLAM

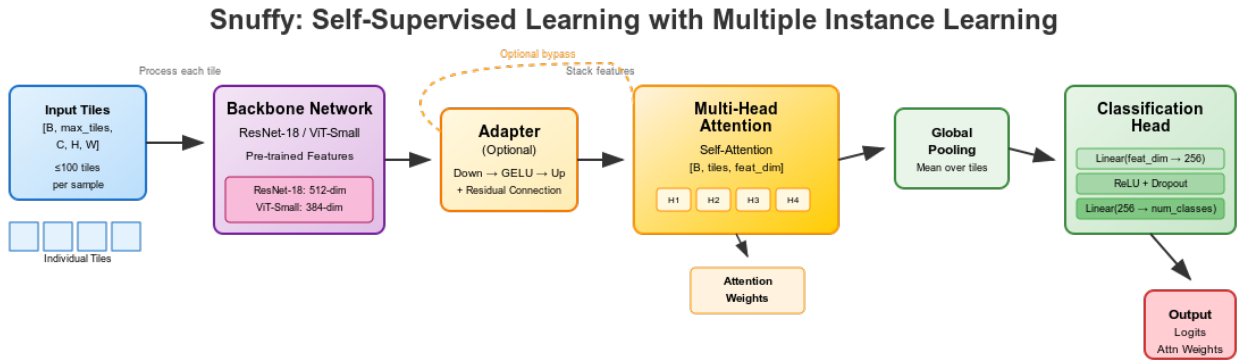
3.2 Model Snuffy

Snuffy to nowoczesna architektura, która wykorzystuje:

- Transformer-based podejście do przetwarzania sekwencji pól histopatologicznych
- Adaptacyjne mechanizmy fine-tuningu
- Zaawansowane techniki agregacji informacji

Główne komponenty modelu Snuffy obejmują:

- Backbone sieci (np. ResNet18 lub ViT-small) - do ekstrakcji cech
- Adaptery - umożliwiające efektywny fine-tuning
- Mechanizm uwagi wielogłowicowej - do analizy zależności między polami
- Warstwę klasyfikacyjną - dokonującą końcowej klasyfikacji



Rysunek 2: Architektura modelu Snuffy

4 Wyniki eksperymentów

4.1 Model CLAM

Najlepsza konfiguracja modelu CLAM (small, dropout 0.25, K-sample 16, batch size 2, learning rate 0.0001) osiągnęła na naszym zbiorze danych:

- **Accuracy:** 61.7%
- **F1-score:** 0.613

4.1.1 Efekty grid searchu

Poniżej przedstawiono wybrane wyniki eksperymentów grid search dla modelu CLAM (pełna tabela znajduje się w załączniku):

Model	Dropout	K-sample	Batch	LR	Accuracy	F1-score
small	0.25	16	2	0.0001	0.617	0.613
small	0.5	16	2	0.0005	0.537	0.610
small	0.25	8	2	0.0001	0.537	0.610
small	0.1	16	2	0.0005	0.547	0.592
big	0.25	8	4	0.0005	0.537	0.610

Tabela 1: Wybrane wyniki grid searchu dla modelu CLAM

4.2 Model Snuffy

Model Snuffy osiągnął następujące wyniki na zbiorze testowym:

- **Accuracy:** 58.8%
- **Precision:** 65.4%
- **Recall:** 58.6%
- **F1-score:** 0.62
- **AUC:** 0.62

Dla najlepszego epoki na zbiorze walidacyjnym:

- **Accuracy:** 95.5%
- **Precision:** 92.3%
- **Recall:** 100%
- **F1-score:** 0.96
- **AUC:** 0.99

5 Wnioski

Pomimo zastosowania zaawansowanych architektur (CLAM i Snuffy) oraz szeroko zakrojonych eksperymentów, uzyskane wyniki nie są satysfakcjonujące i nie pozwalają na wyciągnięcie entuzjastycznych wniosków.

- Zarówno CLAM, jak i Snuffy osiągnęły jedynie umiarkowane wyniki na zbiorze testowym (accuracy i F1-score w okolicach 60%), co pokazuje, że problem klasyfikacji histopatologicznej jest bardzo trudny, a nasze podejścia nie przyniosły przełomu.
- Bardzo wysokie wyniki Snuffy na zbiorze walidacyjnym (accuracy 95%, F1-score 0.96) nie przełożyły się na zbiór testowy, co sugeruje poważne przeuczenie lub niedopasowanie dystrybucji danych.
- Grid search dla CLAM nie pozwolił na znalezienie konfiguracji, która znacząco poprawiłaby skuteczność – różnice między najlepszymi ustawieniami były minimalne, a ogólny poziom wyników pozostał niski.
- Zastosowanie nowoczesnych rozwiązań (transformery, mechanizmy uwagi) nie przyniosło oczekiwanego efektu „wow” ani wyraźnej przewagi nad prostszymi podejściami.
- Wyniki te pokazują, że kluczowe ograniczenia leżą prawdopodobnie po stronie jakości i liczby danych oraz ich przygotowania, a nie samej architektury modelu.
- Projekt ten był wartościowym doświadczeniem badawczym, ale rezultaty są rozczarowujące i dalekie od praktycznego zastosowania w diagnostyce.

Podsumowując, uzyskane rezultaty nie spełniły oczekiwań i pokazują, jak wiele wyzwań pozostaje w automatycznej analizie obrazów histopatologicznych. Dalsze prace powinny skupić się przede wszystkim na poprawie jakości danych, eksploracji alternatywnych metod oraz głębszej analizie przyczyn ograniczonej skuteczności obecnych rozwiązań.