組別：202606
專題名稱：輕量化數位病理影像偵測系統

一、指導老師：彭俊澄 老師

二、組　　員：朱俊暐（11230094）、江世烽（11230096）、吳承佑（11230098）、涂醇穰（11230007）、林彥昀（11130033）

三、系統環境：

（一）軟體：Python 3.11.6、PyTorch 2.7.1、Visual Studio Code 1.142.0、QuPath 0.6.0

（二）硬體：個人電腦（RTX 3060、RTX5060、RTX4060、RTX5050、RTX5070Ti）

（三）通訊設備／協定：無。

四、系統功能與特色：

（一）**功能**

1. **細胞核分割與六類分類：**以 Lizard 資料集作為本專題的資料來源，進行 H&E 病理影像的細胞核分割與分類。資料集共有 495,179 顆細胞核標註，分為上皮細胞、淋巴細胞、嗜中性球、漿細胞、嗜酸性球與結締組織細胞六類。
2. **前端展示：**使用者可開啟病理影像，透過縮放與移動檢視細胞核，查看六類分類結果，方便觀察與核對。

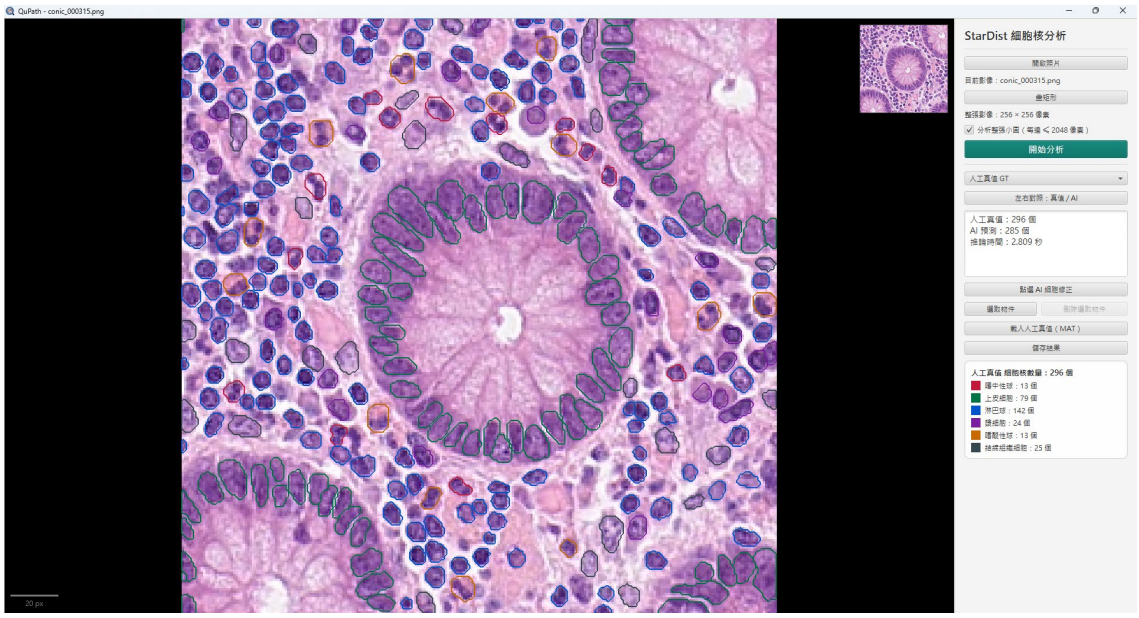


圖 1　細胞核分割與六類分類結果之操作介面

（二）特色

1. **與高排名期刊文獻比較：**以 **Q1、領域排名前 2.8%** 的 Medical Image Analysis 期刊綜述文獻 [1] 所收錄的 Mask R-CNN 與 SRM-HoVer-Net 為比較對象。如表 1 所示，**本模型在 500-RUN 平均的十項評估指標皆優於兩者。**

表 1　本模型與對比模型之 500-RUN 評估指標比較

指標（平均值 ± 標準差）	本模型	Mask R-CNN	SRM-HoVer-Net
multi mPQ+	**0.4651 ± 0.0305**	0.4106 ± 0.0432	0.3552 ± 0.0414
PQ	**0.6381 ± 0.0404**	0.5548 ± 0.0215	0.5445 ± 0.0221
PQ_det／DQ	**0.8084 ± 0.0508**	0.7176 ± 0.0281	0.6929 ± 0.0277
PQ_seg／SQ	**0.7885 ± 0.0138**	0.7546 ± 0.0139	0.7620 ± 0.0158
上皮細胞	**0.5745 ± 0.0368**	0.5208 ± 0.0122	0.4808 ± 0.0382
淋巴細胞	**0.6604 ± 0.0424**	0.5381 ± 0.0129	0.5666 ± 0.0246
嗜中性球	**0.2166 ± 0.0250**	0.2068 ± 0.1480	0.0548 ± 0.0838
漿細胞	**0.4706 ± 0.0326**	0.3641 ± 0.0426	0.3692 ± 0.0573
嗜酸性球	**0.3280 ± 0.0311**	0.3248 ± 0.0793	0.1591 ± 0.0834
結締組織細胞	**0.5407 ± 0.0349**	0.5080 ± 0.0418	0.4171 ± 0.0523

2. **輕量化與推論效率：**如表 2 所示，與文獻 [1] 收錄的 Mask R-CNN 及 SRM-HoVer-Net 比較，本模型僅有 **5.6M** 參數，兩者的 44.17M 及 54.00M 分別約為本模型的 **7.9 倍**及 **9.6 倍**。平均推論時間方面，本模型為 **0.5 秒**，兩者的 1.2 秒及 0.8 秒分別約為本模型的 **2.4 倍**及 **1.6 倍**。

表 2　本模型與對比模型之參數量及推論時間比較

比較項目	本模型	Mask R-CNN	SRM-HoVer-Net
參數量（M）	**5.6**	44.17	54.00
平均推論（秒）	**0.5**	1.2	0.8

3. **快速檢視與判讀輔助：****F1-score 平均為 0.8084**，結合快速推論與 QuPath 視覺化，可協助病理師檢視細胞核並進行初步判讀。
4. **會議論文錄取：**本專題研究成果已獲 **VTCA 2026** 會議論文錄取。

五、參考文獻：[1] Nunes, J. D., Montezuma, D., Oliveira, D., Pereira, T., & Cardoso, J. S. (2025). A survey on cell nuclei instance segmentation and classification: Leveraging context and attention. Medical Image Analysis, 99, 103360.