

Detecting Manual Alterations in Biological Image Data Using Contrastive Learning and Pairwise Image Comparison

Георгий Нехорошков

МФТИ

Науч. руководитель: А. В. Грабовой

Науч. консультант: Д. Д. Дорин

2025

Цель исследования

Обеспечение целостности биологических изображений

Разработка модели контрастивного обучения для попарного сравнения изображений, чтобы:

- ▶ Обнаруживать изменения (искажение цвета, обрезка, поворот, шум)
- ▶ Отбирать пары изображений с одинаковым содержанием
- ▶ Превзойти современные модели (Barlow Twins¹, SimCLR²) на датасетах клеток



(a) Original



(b) Crop and resize



(c) Crop, resize (and flip)



(d) Color distort. (drop)



(e) Color distort. (jitter)

¹ J. Zbontar и др. Barlow Twins: Self-Supervised Learning via Redundancy Reduction // ICML,

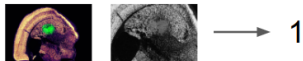
2021.

² T. Chen и др. A Simple Framework for Contrastive Learning of Visual Representations // ICML,

Описание подхода

Задача

Обнаружение схожих изображений, несмотря на возможные модификации.



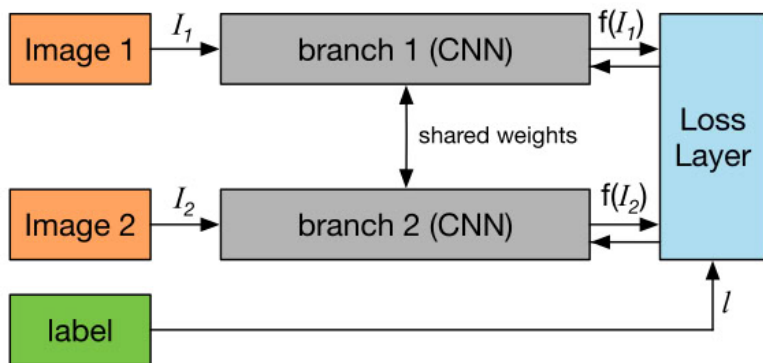
Модель должна обрабатывать два изображения и выдавать значение в диапазоне $[0, 1]$ – вероятность того, что они идентичны с учётом возможных модификаций.

Метод должен использовать подход самообучения (self-supervised learning).

Основные статьи по теме

- ▶ **SimCLR**: Chen T. et al. "A Simple Framework for Contrastive Learning of Visual Representations ICML 2020
- ▶ **Barlow Twins**: Zbontar J. et al. "Barlow Twins: Self-Supervised Learning via Redundancy Reduction ICML 2021
- ▶ **CLIP**: Radford A. et al. "Learning Transferable Visual Models From Natural Language Supervision ICML 2021
- ▶ **Siamese Networks**: Melekhov I. et al. "Siamese Network Features for Image Matching ICPR 2016

Общая структура



³ Melekhov I. и др. Siamese Network Features for Image Matching // ICPR, 2016.

Постановка задачи

Дан датасет биологических изображений:

$$\mathcal{D} = \{d_i \in \mathcal{S}, i \in [0, N)\}, \quad \mathcal{S} \subseteq \mathbb{R}^{H \times W \times C}$$

Оценка попарного сходства

Для каждого $(x, y) \in \mathcal{S} \times \mathcal{S}$ предсказываем:

$$\mathcal{M} : (x, y) \mapsto s \in [0, 1]$$

где:

- ▶ $s = 1$: *похожая* пара (одинаковое содержание до модификаций)
- ▶ $s = 0$: *не похожая* пара (разное содержание)

Структура модели

Общий вид

$$\mathcal{M}(x, y) = h(f(x), f(y))$$

где:

$$f : \mathcal{S} \rightarrow \mathbb{R}^d \text{ (энкодер)}$$

$$h : \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d \rightarrow [0, 1] \text{ (классификатор)}$$

Критерии

Максимизируем точность попарных сравнений изображений:

$$\text{Асс} = \frac{1}{|\mathcal{P}|} \sum_{(x,y) \in \mathcal{P}} \mathbb{I}(\mathcal{M}(x, y) = I(x, y))$$

где \mathcal{P} – тестовая выборка, $I(x, y)$ – индикатор похожести.

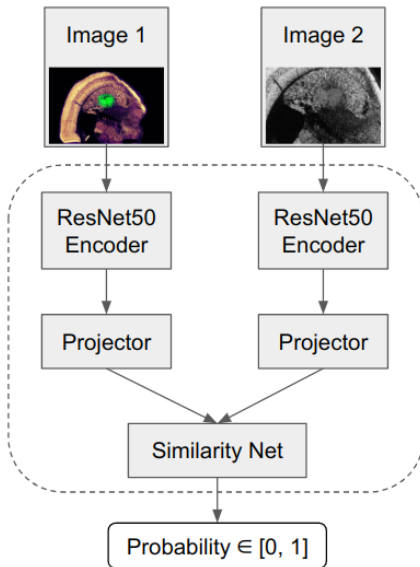
Адаптация Barlow Twins

Архитектура:

- ▶ ResNet-50 энкодер
- ▶ Проектор
- ▶ Линейный классификатор

Особенности обучения:

- ▶ Параллельная модификация изображений
- ▶ AdamW оптимизатор с уменьшающимся γ
- ▶ Специально отобранный датасет



Способы обучения прожектора и классификатора

Последовательно

$$\mathcal{L}_{proj} = \sum_i (1 - \mathcal{C}_{ii})^2 + \lambda_{proj} \sum_i \sum_{j \neq i} \mathcal{C}_{ij}^2$$

$$\mathcal{C}_{ij} = \frac{\sum_b z_{b,i}^A z_{b,j}^B}{\sqrt{\sum_b (z_{b,i}^A)^2} \sqrt{\sum_b (z_{b,j}^B)^2}}$$

$$\mathcal{L}_{sim} = BCELoss$$

Одновременно

$$\mathcal{L} = \mathcal{L}_{sim} + \lambda \cdot \mathcal{L}_{proj}$$

Настройки:

Датасет: 1100 биологических снимков (клетки живых организмов)

Train/Test Split: 80%/20%

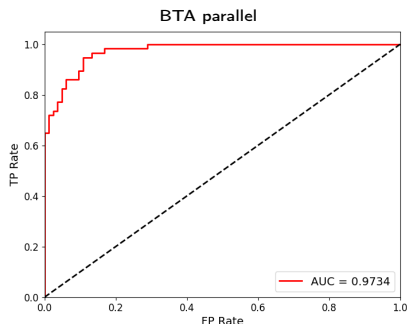
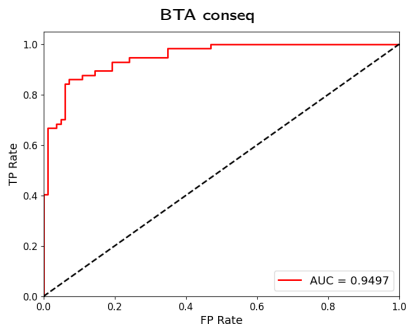
Обучение: AdamW optimizer ($\gamma_{start} = 1 \cdot 10^{-3}$, $\gamma_{end} = 3 \cdot 10^{-4}$)

Цели эксперимента:

- ▶ Сравнить оба подхода с Barlow Twins и SimCLR
- ▶ Посчитать метрики:
 - ▶ Точность (accuracy)
 - ▶ F1-Score, Precision, Recall
 - ▶ AUC-ROC

Результаты эксперимента

Metric	BTA conseq	BTA parallel	BT	SimCLR
Accuracy	0.89	0.90	0.68	0.67
F1-Score	0.85	0.80	0.48	0.54
Recall	0.84	0.71	0.43	0.52
Precision	0.87	0.92	0.54	0.46
AUC	0.95	0.97	0.69	0.71



Основные результаты работы:

- ▶ Значительное увеличение показателей метрик точности в сравнении с лучшими моделями Barlow Twins и SimCLR
- ▶ Получена модель, невосприимчивая к 4-м типам модификаций
- ▶ Первое представленное SSL-решение для:
 - ▶ Автоматизированной детекции поддельных изображений
 - ▶ Проверки оригинальности биологических снимков

Материалы исследований:

<https://github.com/georgens2004/BTA-bioimages>