

级联检测器分析及其在生物医学显微镜中的应用

Thomas L. Athey, Shashata Sawmya, and Nir Shavit

MIT CSAIL, Cambridge, MA, USA
{tathey_1,shashata,shanir}@mit.edu

摘要 随着计算机视觉模型和生物医学数据集的规模增长，对于高效推理算法的需求也在增加。我们利用级联检测器有效地识别多分辨率图像中的稀疏对象。给定一个目标出现的概率以及不同分辨率下具有已知准确性的探测器集合，我们推导出级联检测器的准确性及预期分类器调用次数。这些结果可以推广到任意数量的维度和级联层级。最后，我们在荧光细胞检测、细胞器分割和组织分割的各种显微镜模式中比较了一级和两级检测器。我们展示了多级检测器可以在减少 30-75% 的时间内达到类似性能。我们的工作与多种计算机视觉模型和数据领域兼容。

Keywords: 分割 · 级联 · 显微镜技术

1 介绍

图像数据已经在生物学、地球科学和医学等多个学科中推动了重大发现。图像的维度令人难以置信——一幅完整小鼠大脑图像中的像素数量可能与银河系中的恒星数量相当。随着研究中图像采集速度的加快，某些数据集达到拍字节规模 [20]，设计能够高效处理图像的算法的需求日益增加。

这项工作是由生物医学图像分析中的两个主题的观察所激发。第一个是对象稀疏性，例如大脑映射 [24, 14] 中的稀疏神经元标记、液基细胞学 [10] 中的细胞稀疏性和 CT 扫描 [16] 中的出血稀疏性。第二个主题是大型图像通常以多种分辨率存储 [9, 12, 5, 23]。因此，级联检测器——使用低分辨率信息快速排除背景区域——是生物医学图像分析中的自然选择（图 1）。在这项工作中，我们展示了如何通过级联检测器模型在比仅在最高分辨率下操作的检测器更短的时间内提供可比较的准确性。虽然以前的工作集中在二维图像和固定数量的级联级别上，我们将这些结果扩展到领域维度和级联级别的数量。我们在荧光成像中的细胞体（胞体）检测、电子显微镜（EM）中的细胞器分割以及数字病理学中的组织分割中展示了这种加速。据我们所知，这是

级联检测器在生物医学显微镜中最广泛的应用。这项工作可以与诸如网络稀疏化和量化等其他高效推理方法相结合，以进一步加速图像分析。

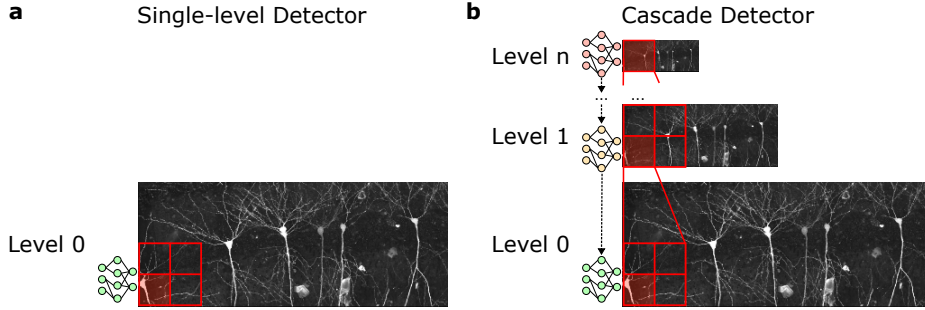


图 1. 级联检测器在推理过程中使用多分辨率图像金字塔的不同层级。**a)** 单层显微镜检测器的示意图，由于内存限制，大图被分割成多个块。**b)** 在级联检测器中，首先处理低分辨率数据以快速排除背景区域。较低层次的检测器仅对正样本候选进行调用。图片展示了 Bloss 等人的荧光显微镜数据集的一个子集。[3].

2 相关工作

本工作的主题是在大型多分辨率图像上执行一些计算机视觉任务，如图像分割或目标检测。通常成像系统获取最高分辨率的数据，并通过某种降采样操作 [9] 计算出较低的分辨率。为了避免可能的信息丢失，计算机视觉算法（如神经网络）经常应用于最高分辨率的数据。此外，由于内存限制，高分辨率数据常常被分成多个块。我们工作的目标是如何导航这些数据块以高效地完成计算机视觉任务。这样，我们的工作就可以与主动感知 [21] 联系起来。

我们的方法更直接地受到了 Viola 和 Jones [22] 的工作的启发，他们引入了分类器级联的概念并将其应用于人脸检测。随后的理论工作描述了如何优化训练这些系统以及如何估计泛化性能 [4]。然后在级联框架中使用神经网络，再次用于检测人脸 [13]。术语“级联”也在其他上下文中被使用，例如将注意力应用于多尺度特征 [17]，或将特征图拆分到不同的注意头中 [15]。

3 理论动机

我们分析了当代神经科学研究中常见的一种设置，即提供多分辨率的三维图像，相对采样因子为二。具体来说，我们考虑两种分辨率，其中高分辨率为第 0 级 (L0)，低分辨率为第 1 级 (L1)。为了简化问题，我们假设两个级别的图像都被分解成若干个大小均匀的块。设 L0 块的数量为 n 进一步地，我们假定 L0 图像在每个轴上的像素数量恰好是 L1 图像的两倍，因此 L1 图像中有 $\frac{n}{8}$ 个块。最终目标是确定哪些 L0 块包含感兴趣的对象。

我们考虑两种检测系统。第一种是传统的单级检测器，它对所有 n L0 块进行分类 (图 1a)。第二种是级联检测器，由 L1 和 L0 分类器组成。级联检测器对所有 $\frac{n}{8}$ L1 块进行分类。如果一个 L1 块被预测为阳性，则相关的 L0 块会被传递到 L0 检测器 (图 1b)。因此，要将一个 L0 块预测为阳性，在两级都需要有阳性的预测。

假设 L0 块的真实标签是独立的伯努利随机变量，概率为 p 。进一步假设，在条件化真实块标签的情况下，不同分类器的预测相互独立。在级别 k 的分类器的真正率 (TPR) 和假正率 (FPR) 将分别表示为 β_k 和 α_k 。单级检测器的 TPR 和 FPR 分别由定义给出，为 β_0 和 α_0 。进一步假设，

Proposition 1. 在上述设置下，两级级联检测器的真正例率为 $\beta_{1,0}$ ，假正例率为 $\alpha_{1,0}$ ，其中

$$\beta_{1,0} = \beta_1 \beta_0 \quad (1)$$

$$\alpha_{1,0} = (1-p)^7(\alpha_1 \alpha_0) + (1-(1-p)^7)(\beta_1 \alpha_0) \quad (2)$$

此外，如果 K_n 是调用 L0 分类器的次数，则

$$E[K_n] = (\beta_1 + (1-p)^8(\alpha_1 - \beta_1)) n \quad (3)$$

证明. 前两个方程来源于贝叶斯法则。当 L1 和 L0 块都被正确预测为正时，会出现真正例，这发生的概率是 $\beta_1 \beta_0$ 。

术语 $(1-p)^7$ 是指 L1 块内包含的其他七个 L0 块均为负的概率。在这种情况下， $\alpha_1 \alpha_0$ 是指两个探测器都给出假阳性的概率。在补事件下， $\beta_1 \alpha_0$ 表示 L1 预测为真阳性而 L0 预测为假阳性的概率。

对于第三个方程，我们假设体积可以分成若干整块，所以我们只需要考虑单一 L1 块的情况，然后相应地调整结果。我们使用关于至少有一个 L0 块为正的中间事件的全期望定律：

$$E[K_8] = (1 - p)^8(8\alpha_1) + (1 - (1 - p)^8)(8\beta_1) \quad (4)$$

最后，我们将除以 8 以归一化 L0 子体积的数量。

图 2 显示了这些方程对各种参数的依赖关系。

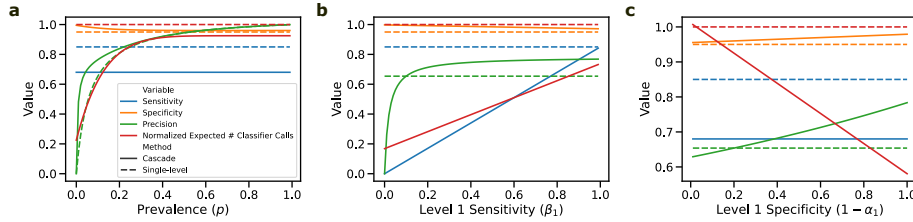


图 2. 级联检测器的性能取决于两级检测器的准确性以及感兴趣对象的普遍程度。我们对这些参数进行了敏感性分析，将它们设置为一组值 ($\beta_0 = 0.85, \beta_1 = 0.8, \alpha_0 = 0.05, \alpha_1 = 0.1, 0 = 0.1$)，然后分别改变 p (b)、 β_1 (c) 和 $1 - \alpha_1$ (d)。探测器的敏感性、特异性、精度以及对任何分类器（以 L0 块数量为基准进行归一化）的预期呼叫次数被绘制成图。

将这些结果进行如下扩展是显而易见的：

Remark 1. 命题 1 可以通过分别用 $2^d - 1$ 和 2^d 替换指数来扩展到 d 维的信号。

Remark 2. 灵敏度和特异性的公式可以通过递归使用命题 1 扩展到具有两个以上层级的级联检测器。

4 实验

我们应用了单级检测器和两级级联检测器到多种公开的数据集上。在每种情况下，级联方法中的 L0 检测器与单级检测器相同。

4.1 数据集

荧光图像中的索马检测 “CA1 胞体”数据集是小鼠海马区锥体神经元的三维荧光图像 [3]。测试集中手动标注了七个真实细胞体。

“fMOST soma”数据集是整个小鼠脑部 fMOST 图像的一个子集 [26]。训练集和测试集来自不同的半球。在测试集中手动标注了 18 个真实细胞体。

细胞器分割在电子显微镜中 在此设置中，任务是对图像堆栈中的细胞器进行二维语义分割。

“C. elegans 线粒体”数据集涉及成年 C. elegans 头部的矢状切片，使用 EM 成像并分割出线粒体 [25]。第 256-319 层用于训练，第 320-335 层用于验证，第 0-199 层用于测试。

“HeLa 细胞核”数据集是一个电子显微镜体积数据，包含来自 OpenOrganelle 项目中 hela-3 样本的细胞核分割 [8]。第 0 到 49 层用于训练，第 50 到 59 层用于验证，第 60 到 124 层用于测试。

数字病理学中的组织分割 在此设置中，任务是从 CAMELYON 数据集 [1] 中的病理全切片图像进行组织分割。具体来说，我们使用了测试图像 1-10。进一步的数据集详细信息见表 1。

表 1. 数据集详细信息，包括训练/测试集的分辨率和大小（以像素为单位）。

数据集	访问门户	L0 范数。(纳米 ³)	L1 范数。(纳米 ³)	L0 训练集大小 (像素。)	L0 测试集大小 (像素。)
CA1 somas	BossDB [9]	$800 \times 800 \times 800$	$1.6e3 \times 1.6e3 \times 1.6e3$	$720 \times 938 \times 179$	$718 \times 938 \times 179$
fMOST somas	BIL [12]	$3.5e3 \times 3.5e3 \times 1e5$	$3.5e3 \times 3.5e3 \times 1e3$	$1410 \times 1900 \times 1000$	$1410 \times 1900 \times 1000$
C. elegans mito.	BossDB [9]	$16 \times 16 \times 30$	$32 \times 32 \times 30$	$4992 \times 2752 \times 80$	$4992 \times 2752 \times 200$
HeLa nucleus	OpenOrganelle [8]	$32 \times 32 \times 25.9$	$64 \times 64 \times 51.8$	$1500 \times 1550 \times 60$	$1500 \times 1550 \times 64$
H&E tissue	CAMELYON [1]	$1e3 \times 1e3$	$2e3 \times 2e3$	N/A	10 images

4.2 实现

对于荧光成像中的细胞体检测，探测器是 ilastik 像素分类模块（随机森林）[2]。在电子显微镜器官分割中，探测器是具有预训练 ResNet 主干网络的 U-网 [19]。对于组织分割，我们使用了通过 TRIDENT 软件包的“HEST”预训练模型 [11, 27]。

低于特定面积阈值（以像素为单位）的连通组件在分割后被过滤掉。通过识别连通组件，将分割转换为对象检测。神经网络在 GPU 上执行，而 ilastik 实验在 CPU 上执行。实现细节总结见表 2。

表 2. 实验的实现细节。

数据集	探测器	L1:L0 面积阈值 (像素)	硬件 (内存)
CA1 somas	ilastik	1000:50	Apple M2 Pro (16GB)
fMOST somas	ilastik	20:5	Apple M2 Pro (16GB)
C. elegans mito.	U-Net	36:10	GeForce RTX 2080 Ti (12GB)
HeLa nucleus	U-Net	1000:250	GeForce RTX 2080 Ti (12GB)
H&E tissue	HEST	0:0	GeForce RTX 2080 Ti (12GB)

5 结果

结果组织在表 3 中。在 CA1 体数据集上，两个检测器都检测到了七个细胞体中的六个，并且没有假阳性（图 3a）。级联检测器的运行速度超过单层检测器两倍以上。

在 fMOST 细胞体数据集上，级联检测器的速度快了近四倍，但比单层检测器多了一个假阳性和一个假阴性。一些检测结果如图 3b 所示。

探测器在 C. elegans 线粒体数据集上具有相同的准确性。该数据集中线粒体密集存在，因此级联检测器的主要优势在于作为组织检测器，避免在空白边缘调用 L0 分类器（图 3c）。

级联检测器在 HeLa 细胞核数据集上的速度超过两倍，召回率仅减少了 0.01。最后，在 H&E 组织数据集上，级联检测器快了 40%，并且与单层检测器在少于 1% 的像素上存在分歧。

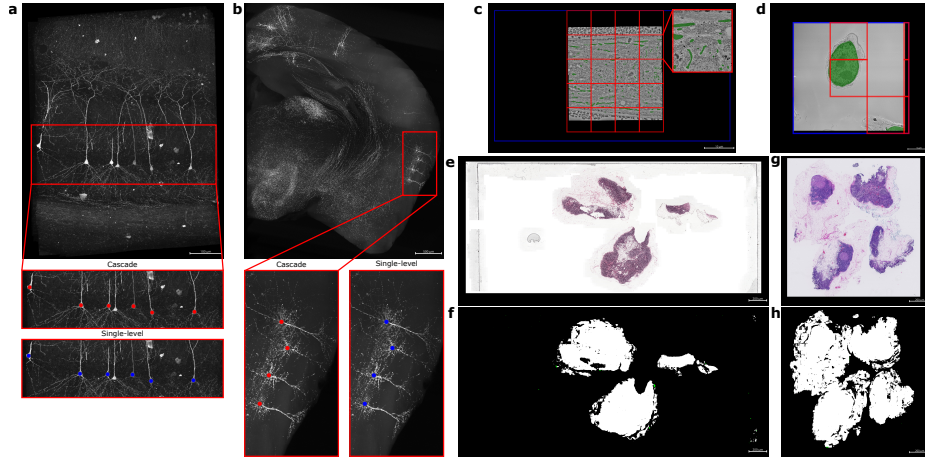


图 3. 来自各种数据集的一些结果。**a** 测试图像来自 CA1 细胞体数据集，其中包括七个荧光神经元 [3]，插图展示了级联检测器（红色点）和单层检测器（蓝色点）的检测结果。**b** 测试图像来自 fMOST 细胞体数据集，包括小鼠皮层中的荧光神经元 [26]。插图显示了四个由级联检测器（红色点）和单层检测器（蓝色点）正确检测到的神经元。**c** 显示了 *C. elegans* 线粒体数据集测试图像的一张切片，绿色叠加的是地面真实分割结果，体积的外限用蓝色表示 [25]。红线网格描绘了传递给 L0 检测器的 L1 子体积。**d** HeLa 细胞核测试集的一个切片被展示出来，与 **c** 中的叠加层相同。**e** 电子邮从 H&E 组织数据集中展示了两张测试图像（例如），以及探测器分割结果（**f,h**）。单级探测器（绿色）和级联探测器（洋红色）对组织的分割在它们重叠的地方以色彩空间相加（白色）。

表 3. 单级和级联检测器在五个数据集上的比较。每种情况下，结果都来自保留的测试集。对于细胞器语义分割，召回率和精度按像素计算。对于 H&E 数据集，准确性是根据单级检测器输出来计算的。“L1:L0 调用”表示调用一级或零级检测器的次数。

数据集	探测器	回忆	精度	L1:L0 调用	运行时间 (秒)
CA1 somas	Single-level	0.86	1.0	0:96	837
	Cascade	0.86	1.0	12:40	386
fMOST somas	Single-level	0.61	0.85	0:1200	13484
	Cascade	0.56	0.83	400:104	3396
<i>C. Elegans</i> mito.	Single-level	0.81	0.55	0:44000	601
	Cascade	0.81	0.55	12000:18024	382
HeLa nucleus	Single-level	0.91	0.95	0:2688	1263
	Cascade	0.90	0.95	384:1088	569
H&E tissue	Single-level	N/A	N/A	0:38452	1749
	Cascade	>0.99	1.0	9681:11792	1043

6 讨论

在这项工作中，我们展示了级联检测器，这些检测器在人脸检测应用中很受欢迎，可以成功应用于显微镜数据中的任务，例如荧光体检测、细胞器分割和组织分割。在一个条件独立性的假设下，我们表明如果感兴趣的对象是稀疏的，则可以在级联设置中显著减少推理调用的数量。这些结果扩展到任意维度领域的信号，并且我们的实验包括二维和三维图像，以及随机森林和神经网络检测器。

我们理论工作的主要限制在于我们的假设，即在某一区域内是否存在物体的条件下，不同层级检测器的表现是独立的。实际上，不同层级的检测器可能是相关的。例如，不同样本内在的难度可能导致检测器之间的相关性。Eckhardt 和 Lee 提出的模型 [6]，并由 Hansen 和 Salamon 概括的 [7] 包含了依赖于样本的误差率。我们的命题 1 中的准确性结果会因允许所有变量依赖于样本 x （例如， β_1 变为 $\beta_1(x)$ ），然后在 x 的概率分布上进行积分而发生变化。我们注意到，来自命题 1 的分类器调用数量没有改变，因为它仅涉及 L1 检测器。

另一个潜在的问题是，构建级联检测器涉及在不同分辨率下训练检测器。理论上可以使用相同的 L0 训练数据通过减少注释的采样来训练更高层次的检测器，或者使用支持多种分辨率的单个检测器 [28, 18]。然而，这些方法可能会导致之前提到的统计依赖性问题。实际上，是否以及如何在不同分辨率下训练检测器取决于所需训练样本的数量、获取注释的成本以及统计依赖性对准确性的影响程度。

有几个潜在的未来研究方向源自这项工作。第一个是将命题 1 中预测的性能与实际性能进行比较。可以将检测器应用于验证数据集以估计给定公式中使用的敏感性和特异性。此外，可以通过计算它们预测之间的相关性来估算实践中检测器之间的统计依赖关系。

级联方法在三维图像上显示出更大的加速。这与备注 1 中一致，在稀疏度增加的极限下，分类器调用的预期数量随着域维度的增加而减少。我们还感兴趣的是查看这种趋势是否延伸到其他维度，如时间序列数据（一维）或在空间和时间上都变化的数据。设置一个具有超过两个层级的级联检测器也是未来工作的潜在领域。

这项工作与其他关于有效推理的研究领域（如稀疏化和量化）正交，这些研究主要关注神经网络的算术实现。这些方法可以与本项工作结合以进一步加速图像分析。我们认为这项工作在提高显微镜数据图像分析效率方面具

有广泛的应用价值，因为它不依赖于使用的探测器类型、域维度以及感兴趣的对象。

参考文献

1. Alexi, B., Altuna, H., Babak, B.E., Wauters Carla, Geert, L., Jeroen, L.V., Dijk Van Marcory, Maschenka, B., Meyke, H., Nikolas, S., Oscar, G., Paul, D.V., Peter, B., Bult Peter, Manson Quirine, Vogels Rob, Rob, D.L.V.: Supporting data for "1399 H&E-stained sentinel lymph node sections of breast cancer patients: the CAMELYON dataset" (2018). <https://doi.org/10.5524/100439>
2. Berg, S., Kutra, D., Kroeger, T., Straehle, C.N., Kausler, B.X., Haubold, C., Schiegg, M., Ales, J., Beier, T., Rudy, M., Eren, K., Cervantes, J.I., Xu, B., Beutenmueller, F., Wolny, A., Zhang, C., Koethe, U., Hamprecht, F.A., Kreshuk, A.: Ilastik: Interactive Machine Learning for (Bio)Image Analysis. *Nature Methods* **16**(12), 1226–1232 (2019)
3. Bloss, E.B., Cembrowski, M.S., Karsh, B., Colonell, J., Fetter, R.D., Spruston, N.: Structured Dendritic Inhibition Supports Branch-Selective Integration in CA1 Pyramidal Cells. *Neuron* **89**(5), 1016–1030 (Mar 2016)
4. Brubaker, S.C., Mullin, M.D., Rehg, J.M.: Towards Optimal Training of Cascaded Detectors. In: *Computer Vision – ECCV 2006*. pp. 325–337. Springer, Berlin, Heidelberg (2006)
5. Burns, R., Roncal, W.G., Kleissas, D., Lillaney, K., Manavalan, P., Perlman, E., Berger, D.R., Bock, D.D., Chung, K., Grosenick, L., Kasthuri, N., Weiler, N.C., Deisseroth, K., Kazhdan, M., Lichtman, J., Reid, R.C., Smith, S.J., Szalay, A.S., Vogelstein, J.T., Vogelstein, R.J.: The Open Connectome Project Data Cluster: Scalable Analysis and Vision for High-Throughput Neuroscience. *Scientific and Statistical Database Management* (2013)
6. Eckhardt, D.E., Lee, L.D.: A Theoretical Basis for the Analysis of Multiversion Software Subject to Coincident Errors. *IEEE Transactions on Software Engineering* **11**(12), 1511–1517 (Dec 1985)
7. Hansen, L., Salamon, P.: Neural network ensembles. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* **12**(10), 993–1001 (Oct 1990)
8. Heinrich, L., Bennett, D., Ackerman, D., Park, W., Bogovic, J., Eckstein, N., Petruncio, A., Clements, J., Pang, S., Xu, C.S., Funke, J., Korff, W., Hess, H.F., Lippincott-Schwartz, J., Saalfeld, S., Weigel, A.V.: Whole-cell organelle segmentation in volume electron microscopy. *Nature* **599**(7883), 141–146 (Nov 2021)
9. Hider, R., Kleissas, D., Gion, T., Xenos, D., Matelsky, J., Pryor, D., Rodriguez, L., Johnson, E.C., Gray-Roncal, W., Wester, B.: The Brain Observatory Storage Service and Database (BossDB): A Cloud-Native Approach for Petascale Neuroscience Discovery. *Frontiers in Neuroinformatics* **16** (Feb 2022)

10. Hussain, E., Mahanta, L.B., Borah, H., Das, C.R.: Liquid based-cytology Pap smear dataset for automated multi-class diagnosis of pre-cancerous and cervical cancer lesions. *Data in Brief* **30**, 105589 (Apr 2020)
11. Jaume, G., Doucet, P., Song, A.H., Lu, M.Y., Almagro-Pérez, C., Wagner, S.J., Vaidya, A.J., Chen, R.J., Williamson, D.F.K., Kim, A., Mahmood, F.: HEST-1k: A Dataset for Spatial Transcriptomics and Histology Image Analysis. *Advances in Neural Information Processing Systems* **37** (2025)
12. Kenney, M., Vasylieva, I., Hood, G., Cao-Berg, I., Tuite, L., Laghaei, R., Smith, M.C., Watson, A.M., Ropelewski, A.J.: The Brain Image Library: A Community-Contributed Microscopy Resource for Neuroscientists. *Scientific Data* **11**(1), 1212 (Nov 2024)
13. Li, H., Lin, Z., Shen, X., Brandt, J., Hua, G.: A convolutional neural network cascade for face detection. In: 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). pp. 5325–5334. IEEE, Boston, MA, USA (Jun 2015)
14. Lin, R., Wang, R., Yuan, J., Feng, Q., Zhou, Y., Zeng, S., Ren, M., Jiang, S., Ni, H., Zhou, C., Gong, H., Luo, M.: Cell-type-specific and projection-specific brain-wide reconstruction of single neurons. *Nature Methods* **15**(12), 1033–1036 (Dec 2018)
15. Liu, S., Yue, W., Guo, Z., Wang, L.: Multi-branch CNN and grouping cascade attention for medical image classification. *Scientific Reports* **14**(1), 15013 (Jul 2024)
16. Piao, Z., Gu, Y.H., Jin, H., Yoo, S.J.: Intracerebral hemorrhage CT scan image segmentation with HardNet based transformer. *Scientific Reports* **13**(1), 7208 (2023)
17. Rahman, M.M., Marculescu, R.: Medical Image Segmentation via Cascaded Attention Decoding. In: 2023 IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision (WACV). pp. 6211–6220. IEEE, Waikoloa, HI, USA (Jan 2023)
18. Ren, S., He, K., Girshick, R., Sun, J.: Faster R-CNN: Towards Real-Time Object Detection with Region Proposal Networks. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. vol. 28 (2015)
19. Ronneberger, O., Fischer, P., Brox, T.: U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. *Medical image computing and computer-assisted intervention–MICCAI* **9351**, 234–241 (2015)
20. Shapson-Coe, A., Januszewski, M., Berger, D.R., Pope, A., Wu, Y., Blakely, T., Schalek, R.L., Li, P.H., Wang, S., Maitin-Shepard, J., Karlupia, N., Dorkenwald, S., Sjøstedt, E., Leavitt, L., Lee, D., Troidl, J., Collman, F., Bailey, L., Fitzmaurice,

- A., Kar, R., Field, B., Wu, H., Wagner-Carena, J., Aley, D., Lau, J., Lin, Z., Wei, D., Pfister, H., Peleg, A., Jain, V., Lichtman, J.W.: A petavoxel fragment of human cerebral cortex reconstructed at nanoscale resolution. *Science* **384**(6696) (2024)
21. Varotto, L., Cenedese, A., Cavallaro, A.: Active Sensing for Search and Tracking: A Review (Dec 2021). <https://doi.org/10.48550/arXiv.2112.02381>
 22. Viola, P., Jones, M.J.: Robust Real-Time Face Detection. *International Journal of Computer Vision* **57**(2), 137–154 (May 2004)
 23. Wang, F., Oh, T.W., Vergara-Niedermayr, C., Kurc, T., Saltz, J.: Managing and Querying Whole Slide Images. *Proceedings of SPIE* **8319** (Feb 2012)
 24. Winnubst, J., Bas, E., Ferreira, T.A., Wu, Z., Economo, M.N., Edson, P., Arthur, B.J., Bruns, C., Rokicki, K., Schauder, D., Olbris, D.J., Murphy, S.D., Ackerman, D.G., Arshadi, C., Baldwin, P., Blake, R., Elsayed, A., Hasan, M., Ramirez, D., Dos Santos, B., Weldon, M., Zafar, A., Dudman, J.T., Gerfen, C.R., Hantman, A.W., Korff, W., Sternson, S.M., Spruston, N., Svoboda, K., Chandrashekar, J.: Reconstruction of 1,000 Projection Neurons Reveals New Cell Types and Organization of Long-Range Connectivity in the Mouse Brain. *Cell* **179**(1), 268–281 (2019)
 25. Witvliet, D., Mulcahy, B., Mitchell, J.K., Meirovitch, Y., Berger, D.R., Wu, Y., Liu, Y., Koh, W.X., Parvathala, R., Holmyard, D., Schalek, R.L., Shavit, N., Chisholm, A.D., Lichtman, J.W., Samuel, A.D.T., Zhen, M.: Connectomes across development reveal principles of brain maturation. *Nature* **596**(7871), 257–261 (Aug 2021)
 26. Zeng, H.: Whole brain raw fMOST images from mouse: AIBS_746222364 (2024). <https://doi.org/10.35077/ace-bag-kit>
 27. Zhang, A., Jaume, G., Vaidya, A., Ding, T., Mahmood, F.: Accelerating Data Processing and Benchmarking of AI Models for Pathology (Feb 2025). <https://doi.org/10.48550/arXiv.2502.06750>
 28. Zhang, W., Zelinsky, G., Samarasinghe, D.: Real-time Accurate Object Detection using Multiple Resolutions. In: 2007 IEEE 11th International Conference on Computer Vision. pp. 1–8 (Oct 2007)