## Progetto Elaborazione Dati Scientifici

"Fat detection su immagini di carne"

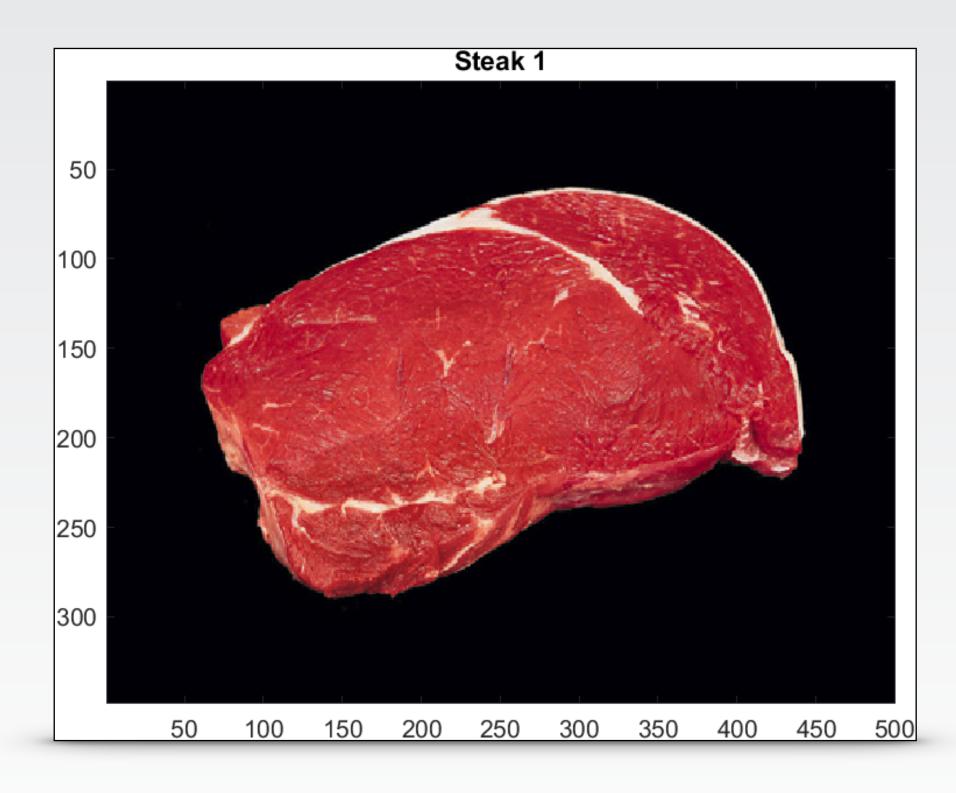
#### 1. Descrizione dataset

- 2. Obiettivi del progetto
- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso

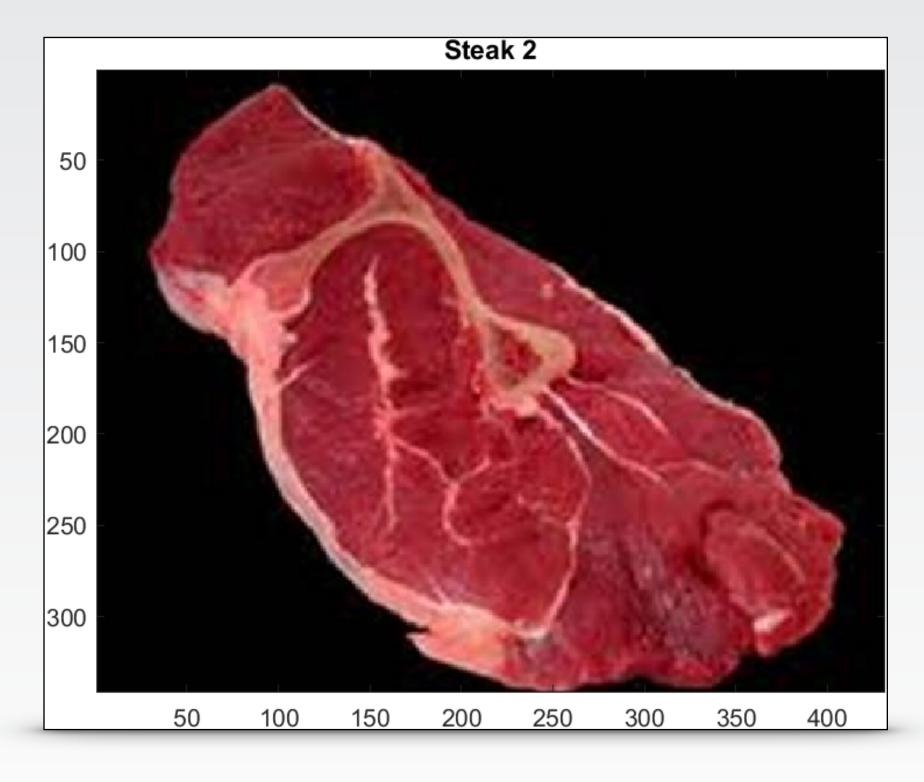


#### 1. Descrizione dataset

Il dataset è composto da due immagini R,G,B che rappresentano due pezzi di carne



500 x 348 px



431 x 341 px

#### 1. Descrizione dataset

- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso

• Analisi Esplorativa: estrapolazione di informazioni tramite l'utilizzo di tecniche come la scomposizione per canale e la conversione in scala di grigi (con i relativi istogrammi)

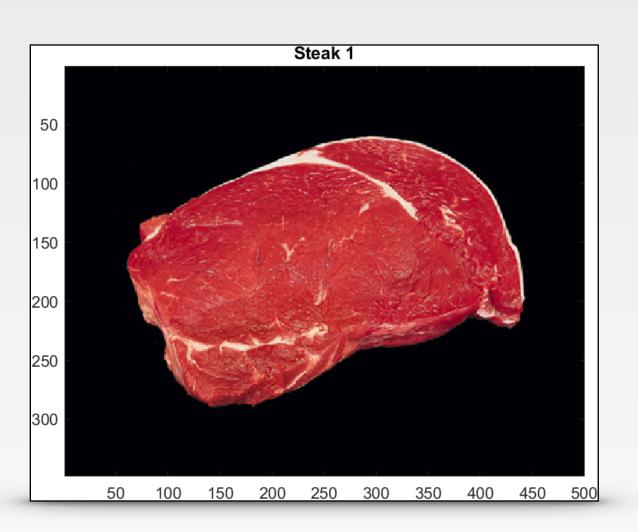
- Analisi Esplorativa: estrapolazione di informazioni tramite l'utilizzo di tecniche come la scomposizione per canale e la conversione in scala di grigi (con i relativi istogrammi)
- PCA Esplorativa: usata per capire se proiettando i dati in uno spazio dimensionalmente più piccolo è possibile distinguere le due categorie carne e grasso

- Analisi Esplorativa: estrapolazione di informazioni tramite l'utilizzo di tecniche come la scomposizione per canale e la conversione in scala di grigi (con i relativi istogrammi)
- PCA Esplorativa: usata per capire se proiettando i dati in uno spazio dimensionalmente più piccolo è possibile distinguere le due categorie carne e grasso
- Clustering: confronto tra metodi di clustering implementati con l'obiettivo di individuare "sfondo", "carne" e "grasso" nell'immagine su cui sono applicati

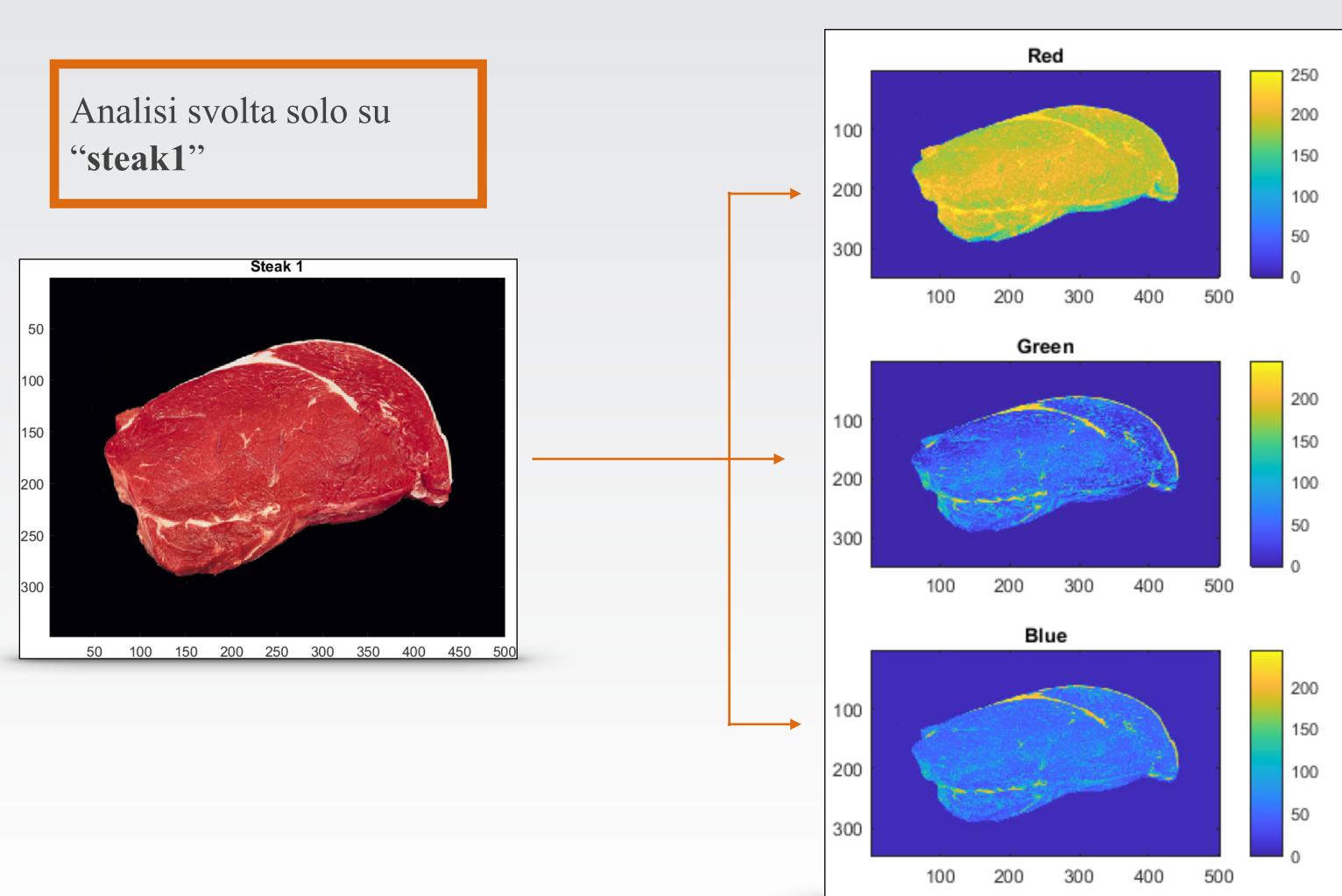
- Analisi Esplorativa: estrapolazione di informazioni tramite l'utilizzo di tecniche come la scomposizione per canale e la conversione in scala di grigi (con i relativi istogrammi)
- PCA Esplorativa: usata per capire se proiettando i dati in uno spazio dimensionalmente più piccolo è possibile distinguere le due categorie carne e grasso
- Clustering: confronto tra metodi di clustering implementati con l'obiettivo di individuare "sfondo", "carne" e "grasso" nell'immagine su cui sono applicati
- Previsione del grasso: creazione di un modello PCA (basato solo sui pixel che definiscono il cluster del grasso) in grado di identificare il grasso su un'immagine di test mai vista

- 1. Descrizione dataset
- 2. Obiettivi del progetto
- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso

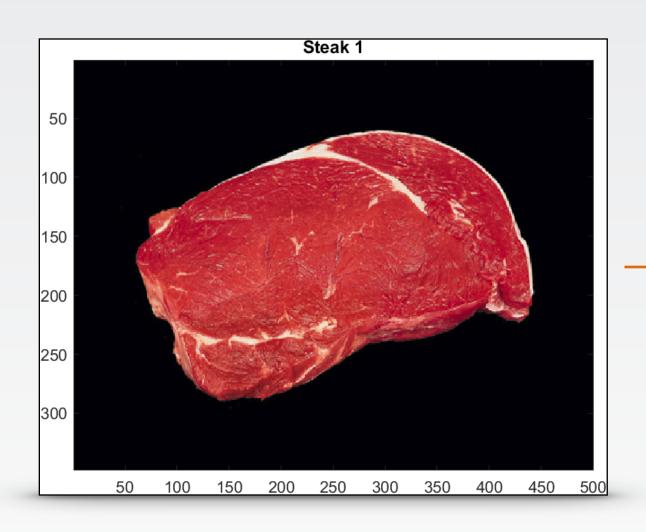
Analisi svolta solo su "steak1"



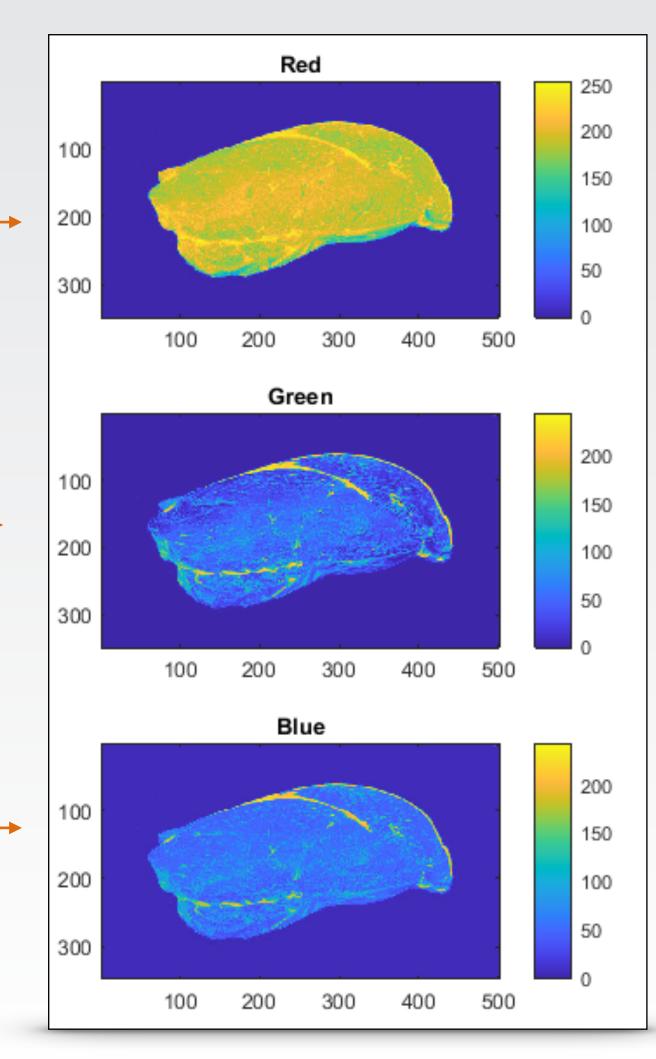
Canali R G B



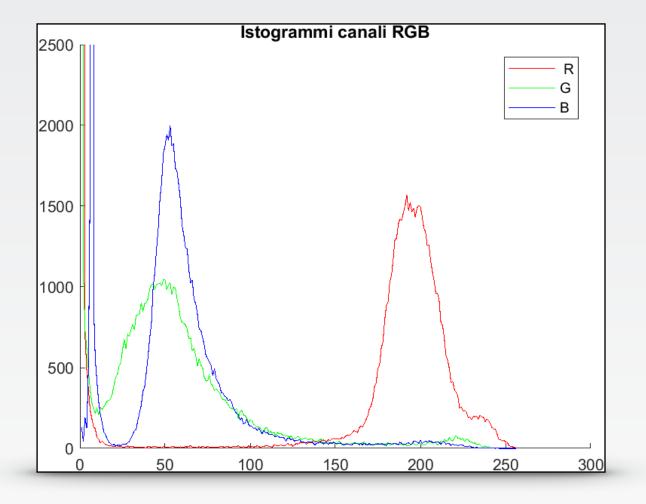




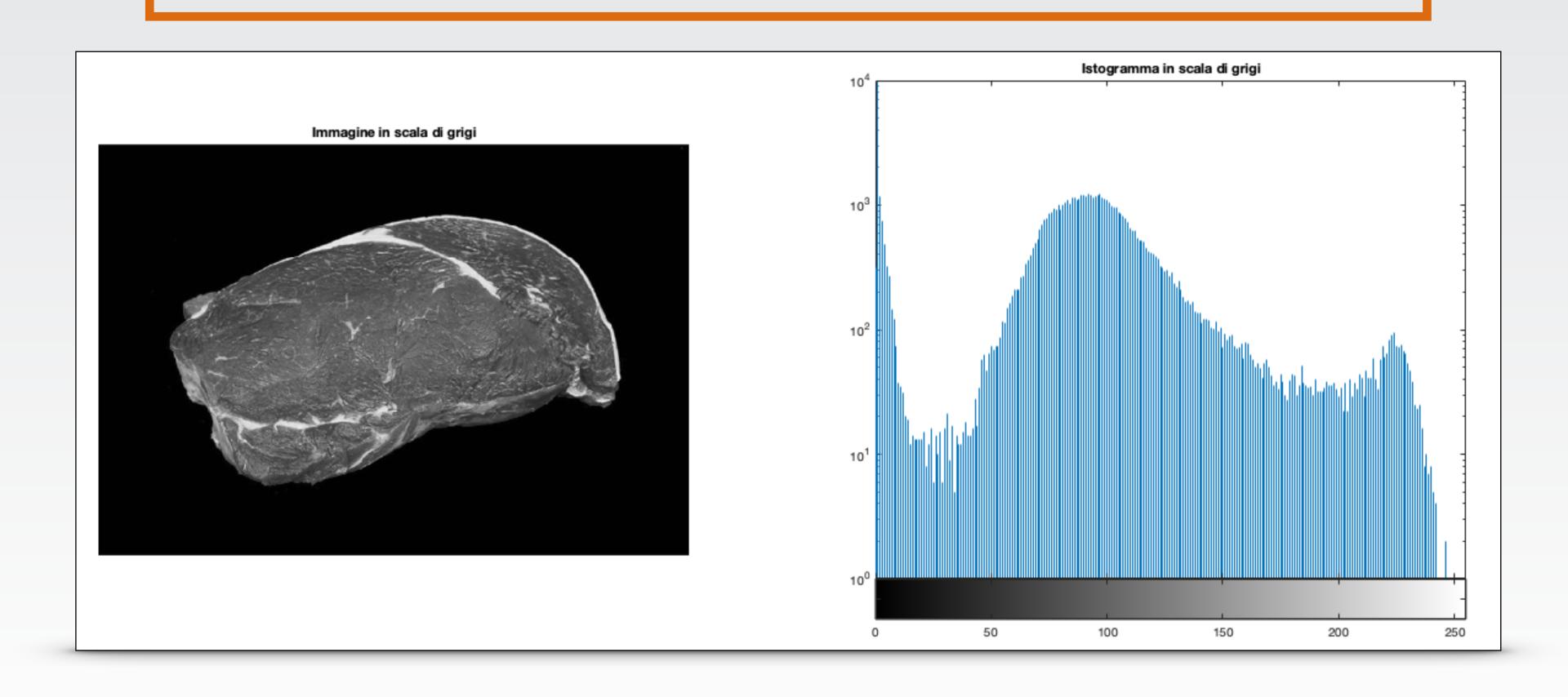
#### Canali R G B



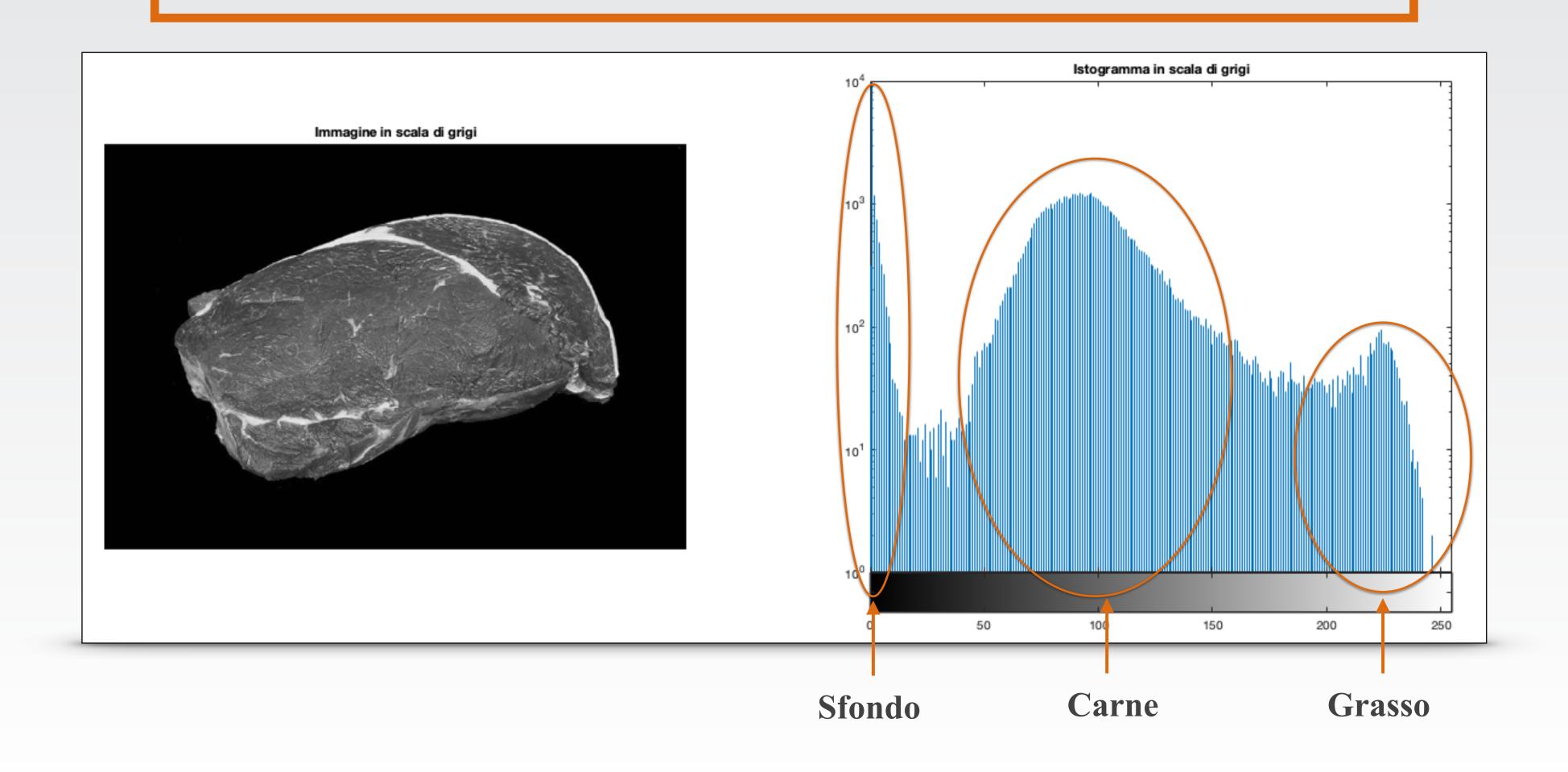
- ROSSO: distingue carne da sfondo
- VERDE / BLU: risalta grasso dal resto



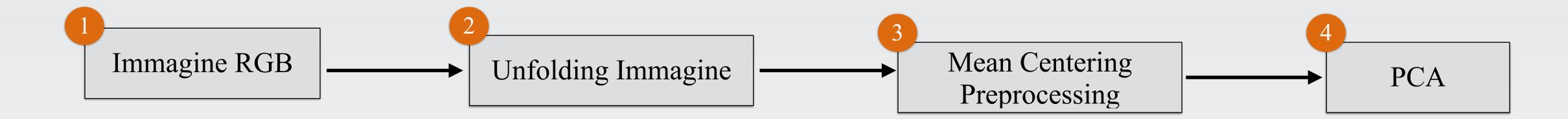
Rappresentazione immagine in scala di grigi con relativo istogramma di frequenze

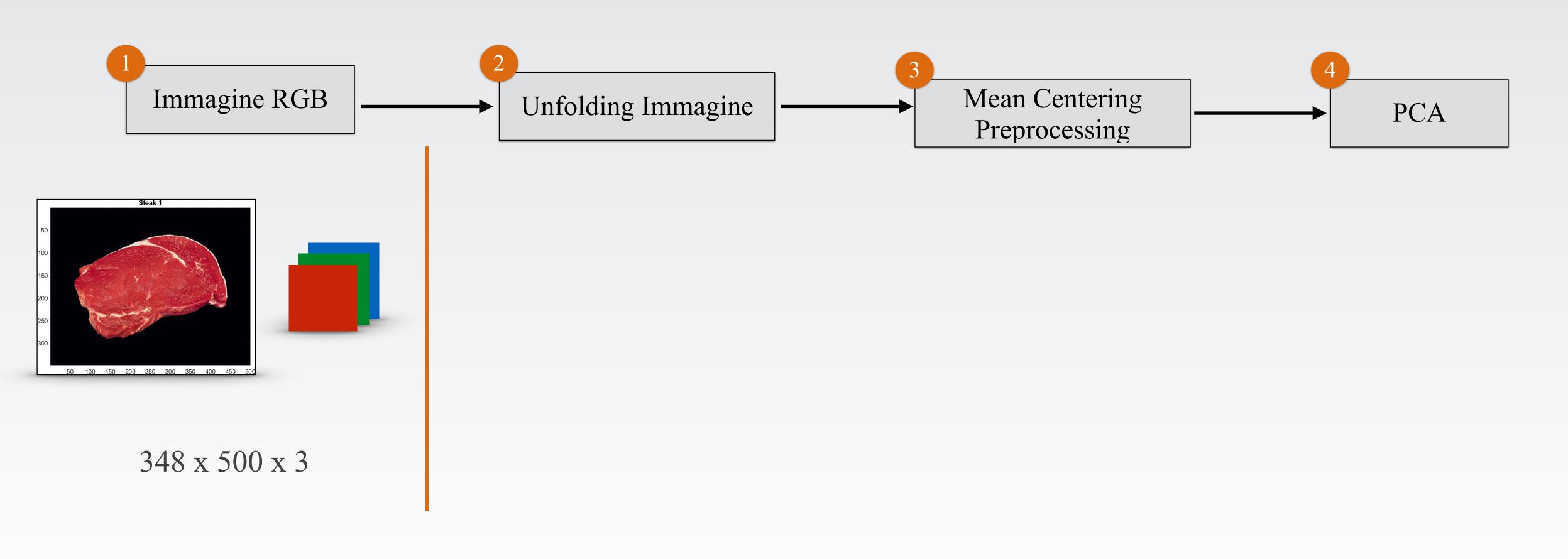


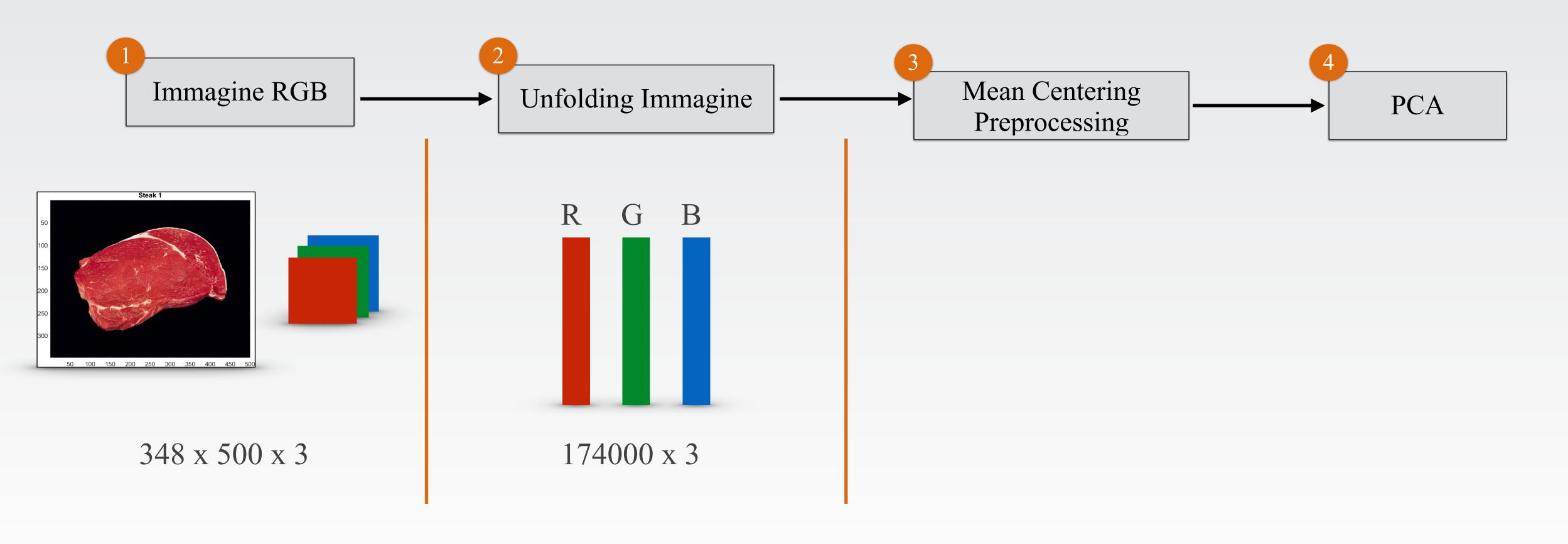
Rappresentazione immagine in scala di grigi con relativo istogramma di frequenze

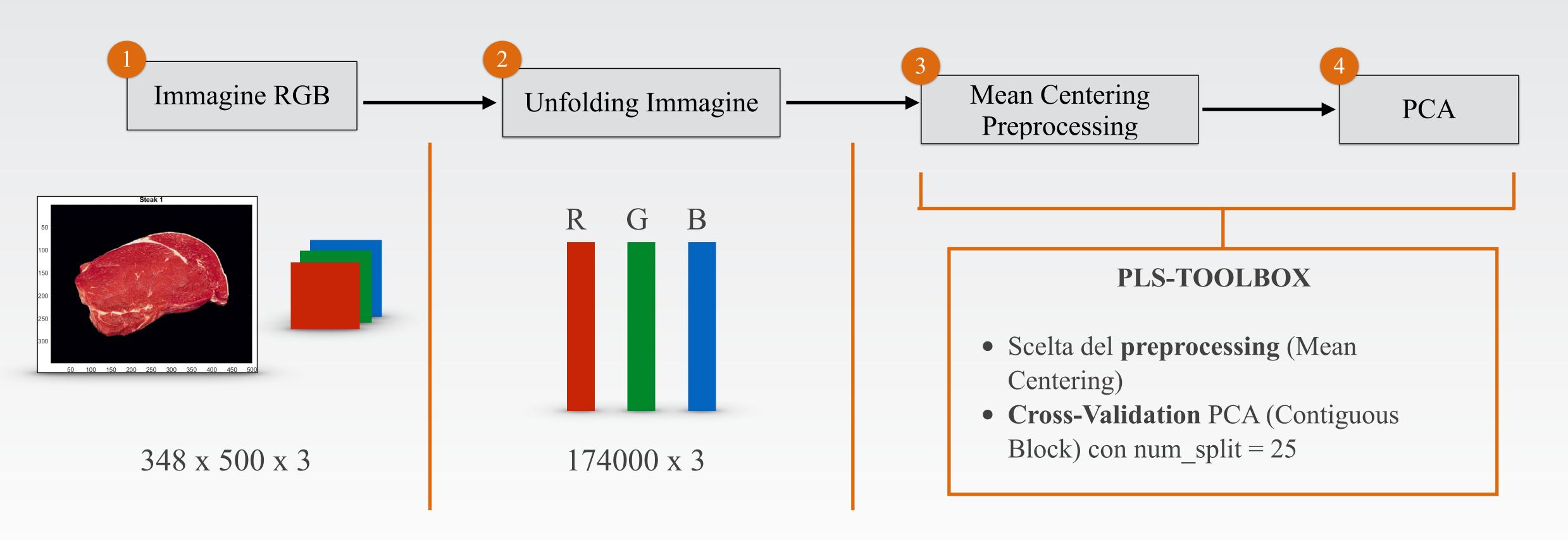


- 1. Descrizione dataset
- 2. Obiettivi del progetto
- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso









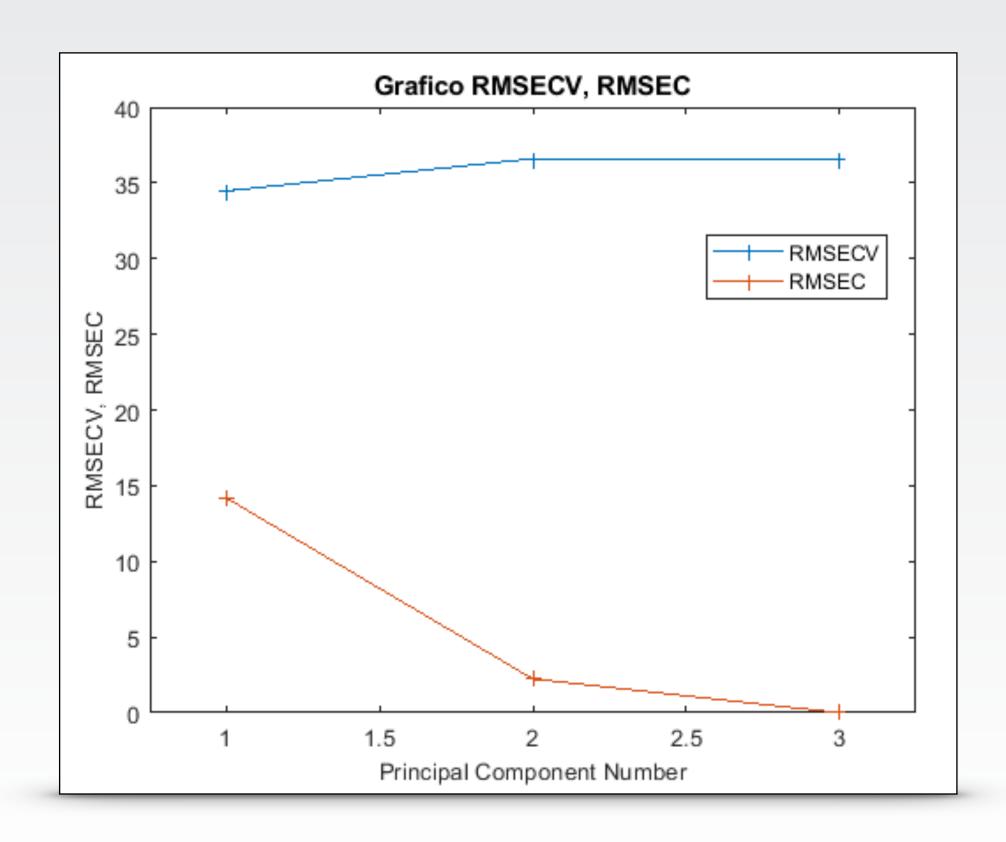
Scelta numero delle componenti modello PCA

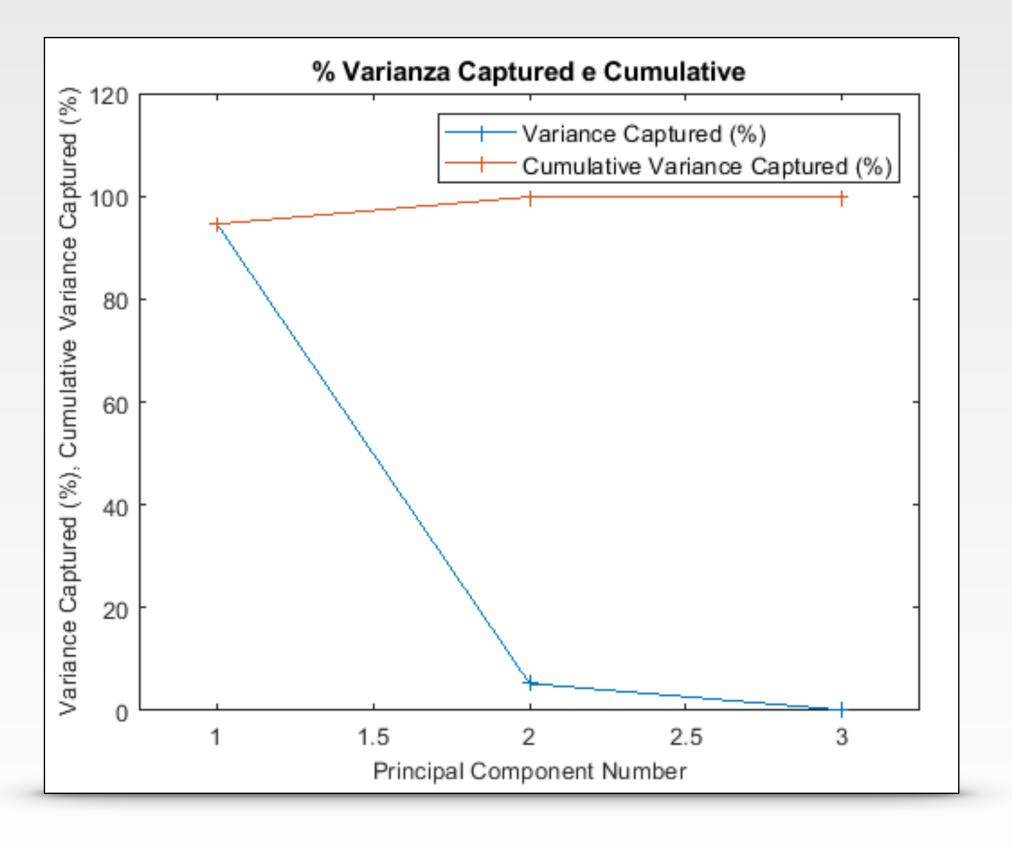
Numero PC ottimale trovato è 1

Scelta numero delle componenti modello PCA

Numero PC ottimale trovato è 1

# Scelta numero delle componenti modello PCA

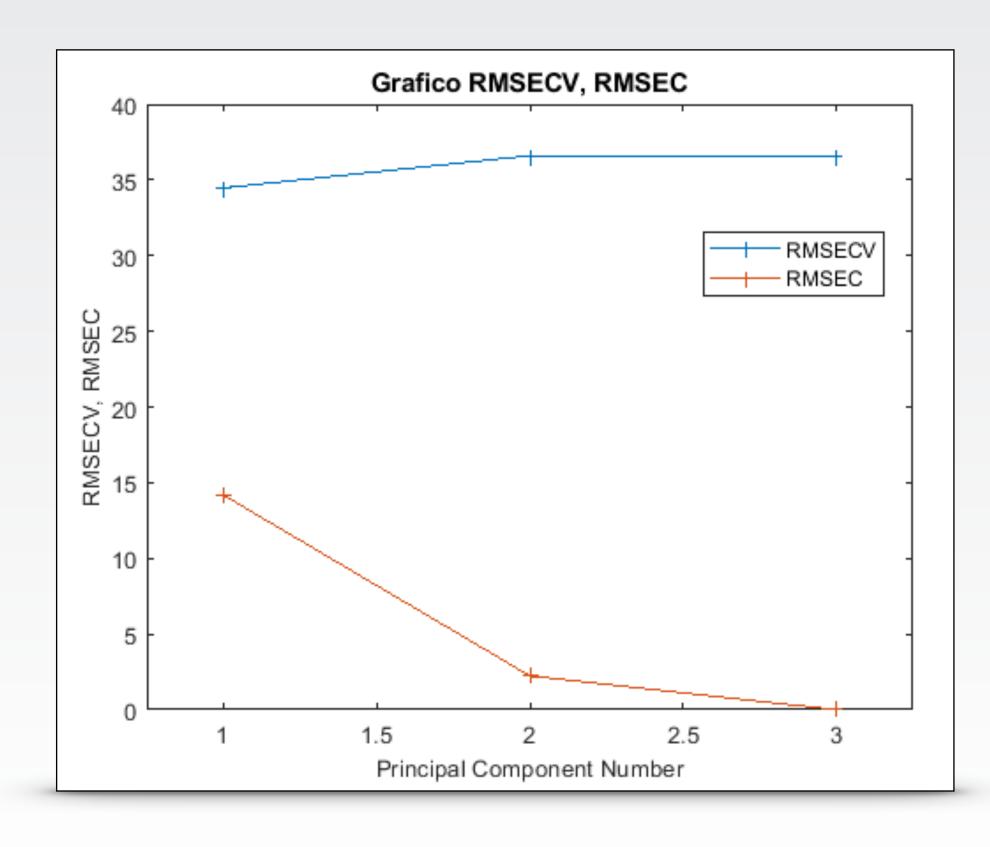


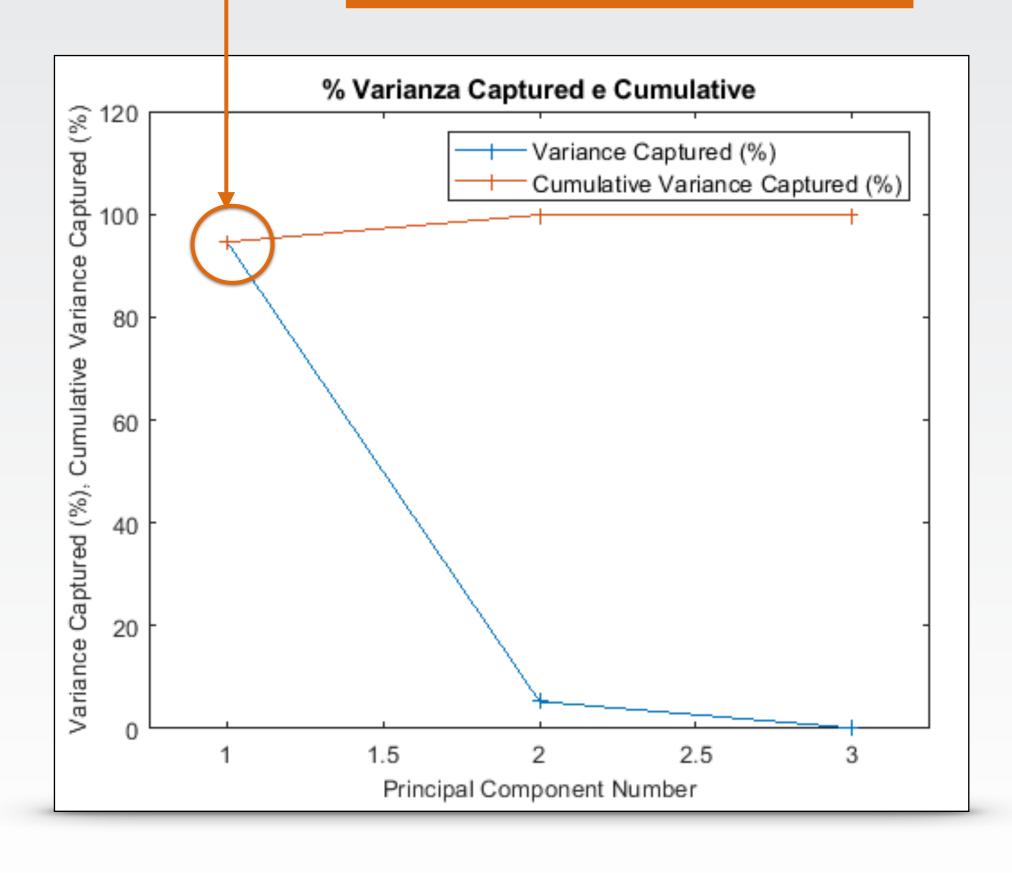


Numero PC ottimale trovato è 1

Scelta numero delle componenti modello PCA

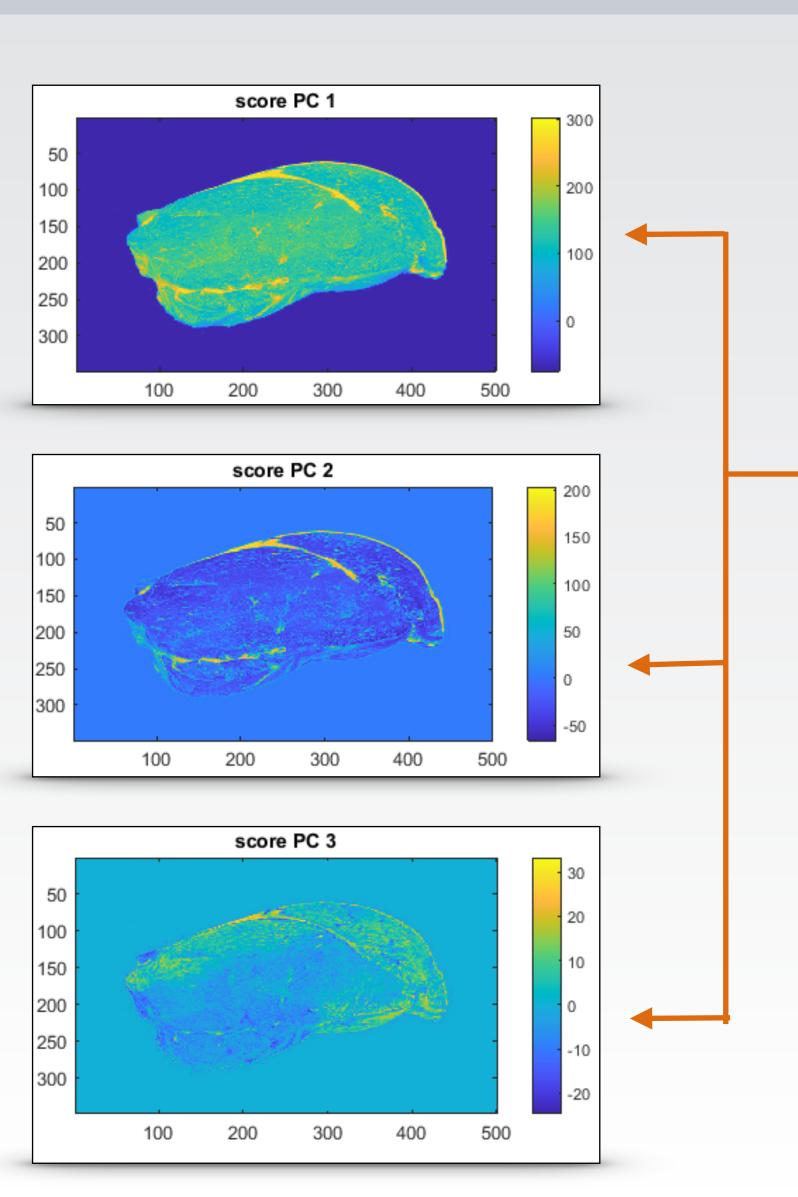
PC1 cattura una varianza del 94.58%





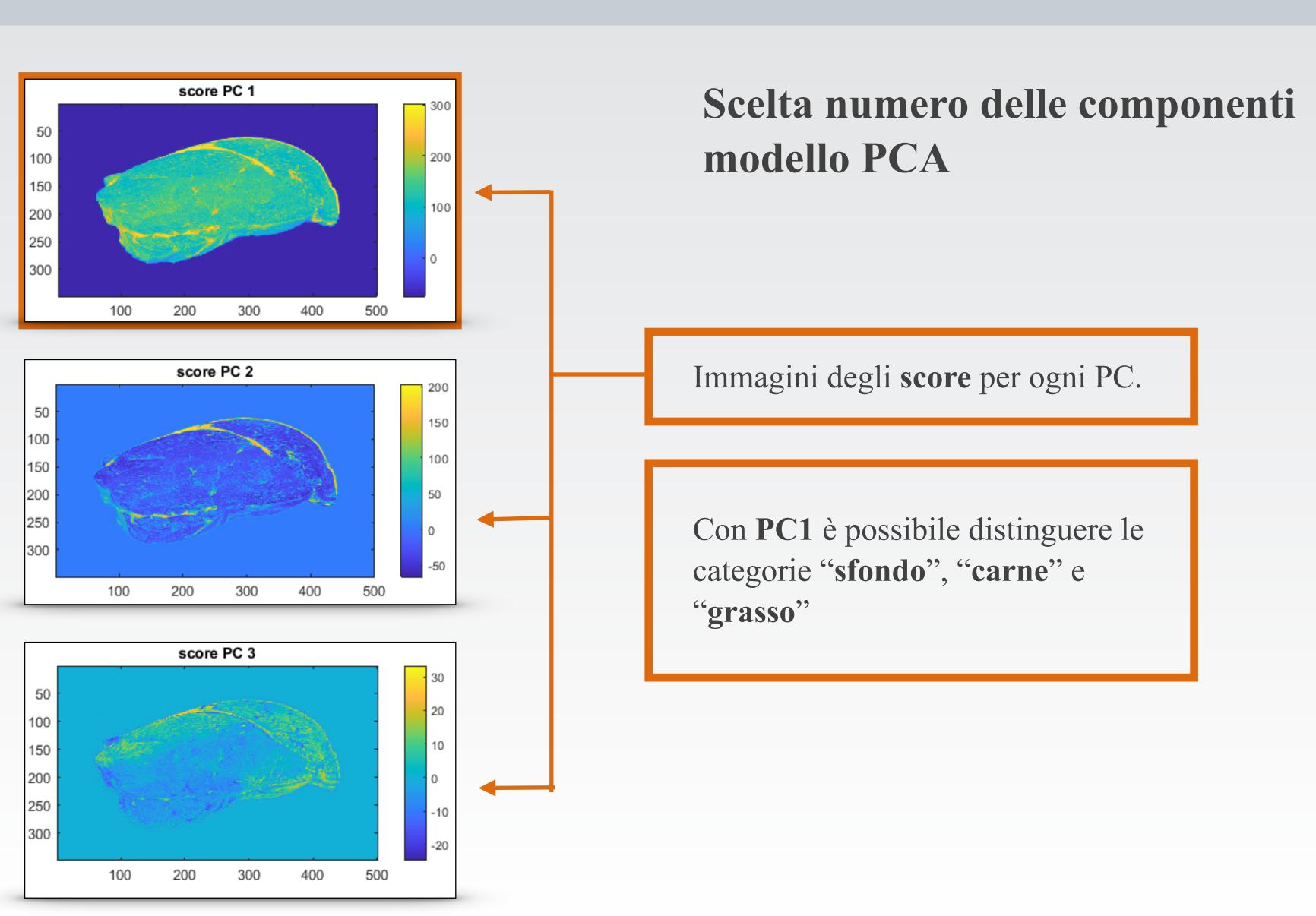
Scelta numero delle componenti modello PCA

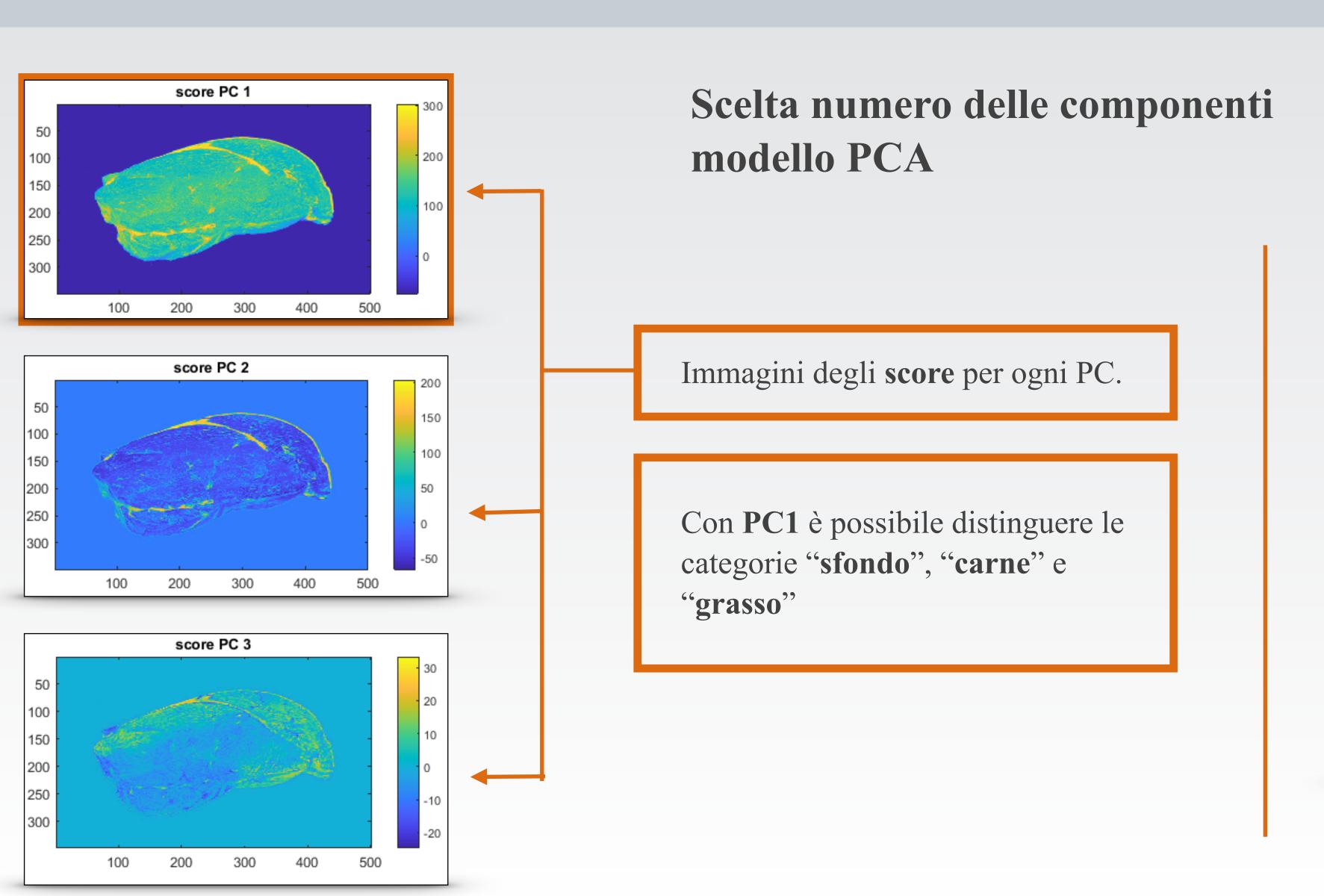
Immagini degli score per ogni PC.



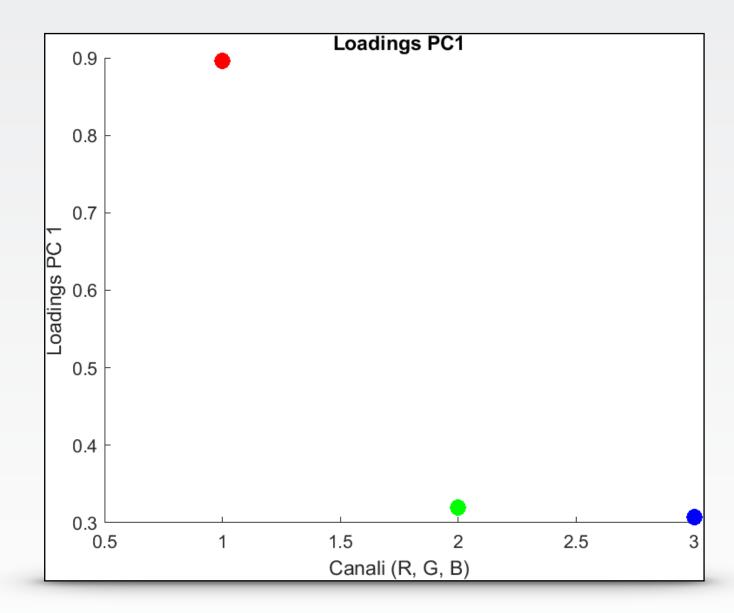
Scelta numero delle componenti modello PCA

Immagini degli score per ogni PC.





#### **Loadings PC1**



Residui modello PCA

#### Residui modello PCA

Immagine score PC1

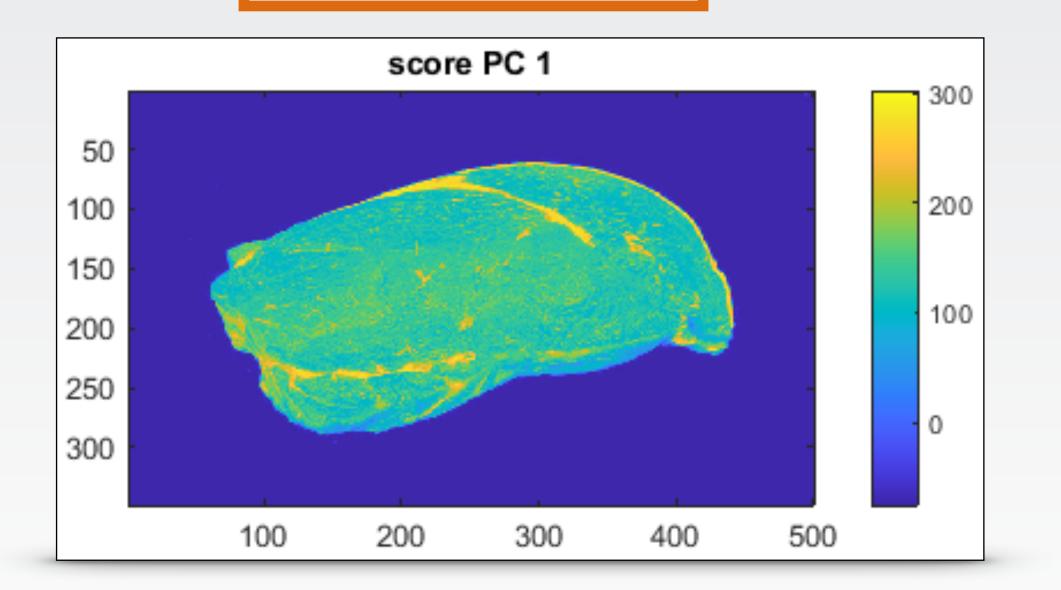
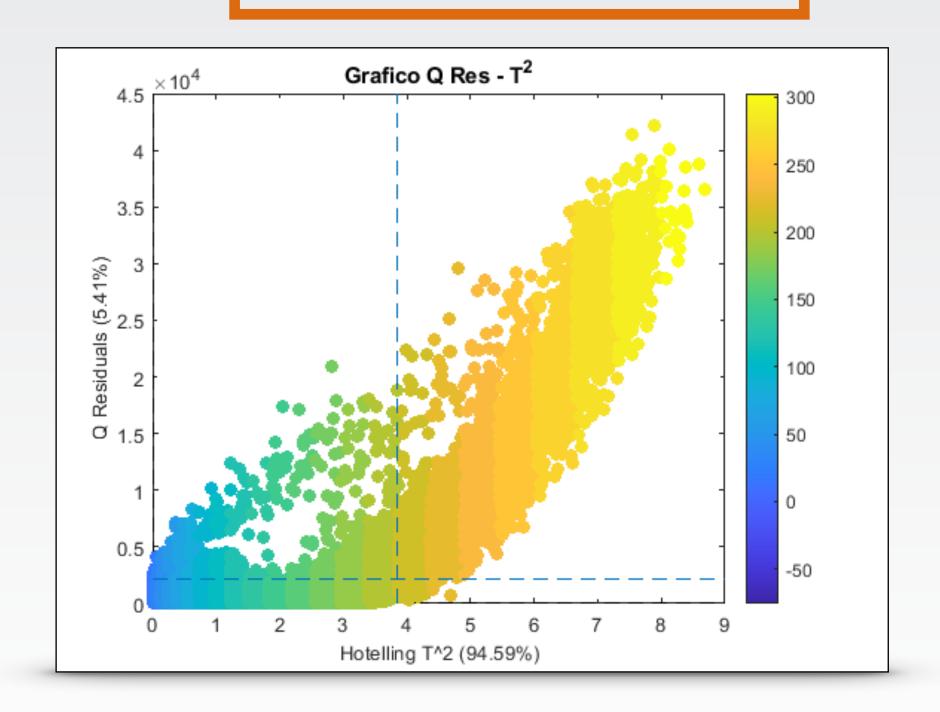
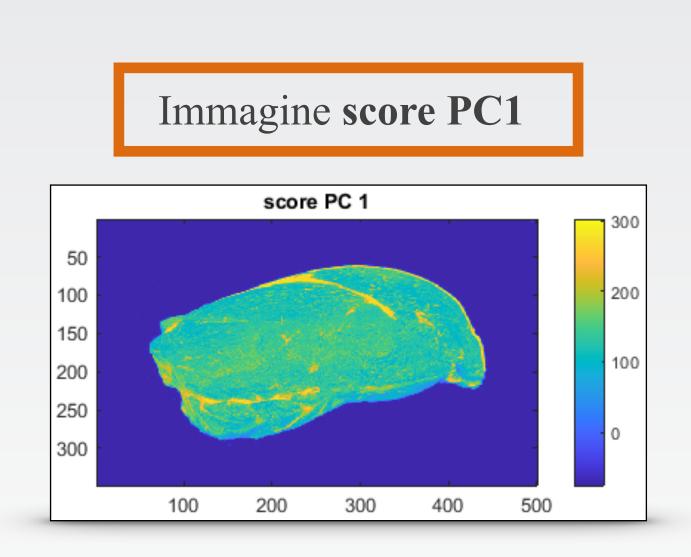


Grafico **Q-T^2**Ogni elemento è colorato in base al valore di **score** 

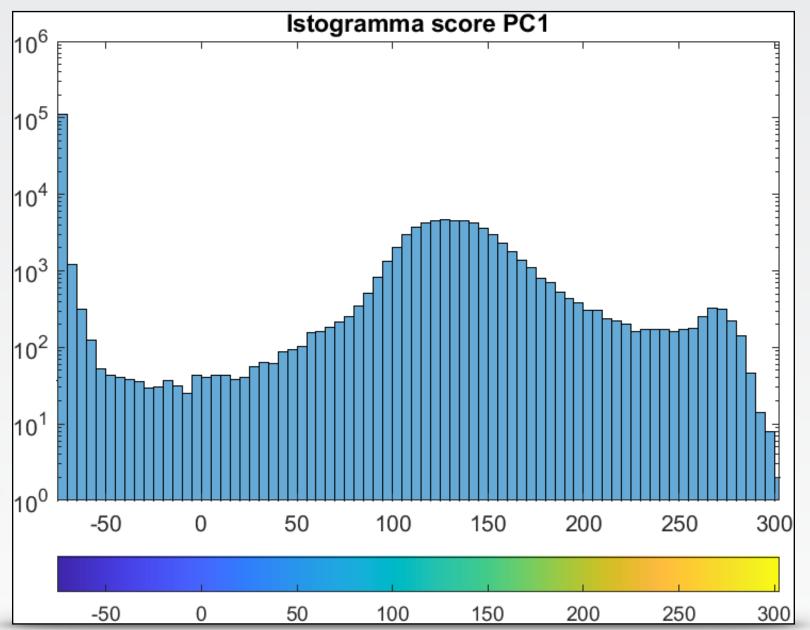


Selezione soglie score di PC1 per distinguere le categorie

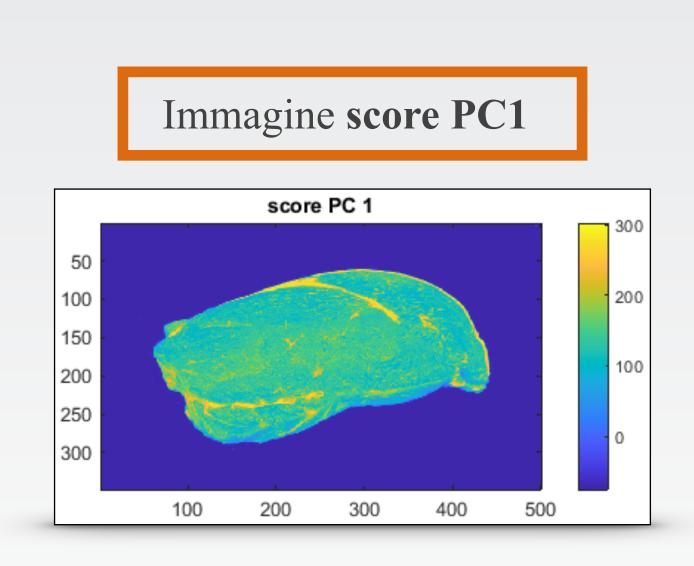
#### Selezione soglie score di PC1 per distinguere le categorie

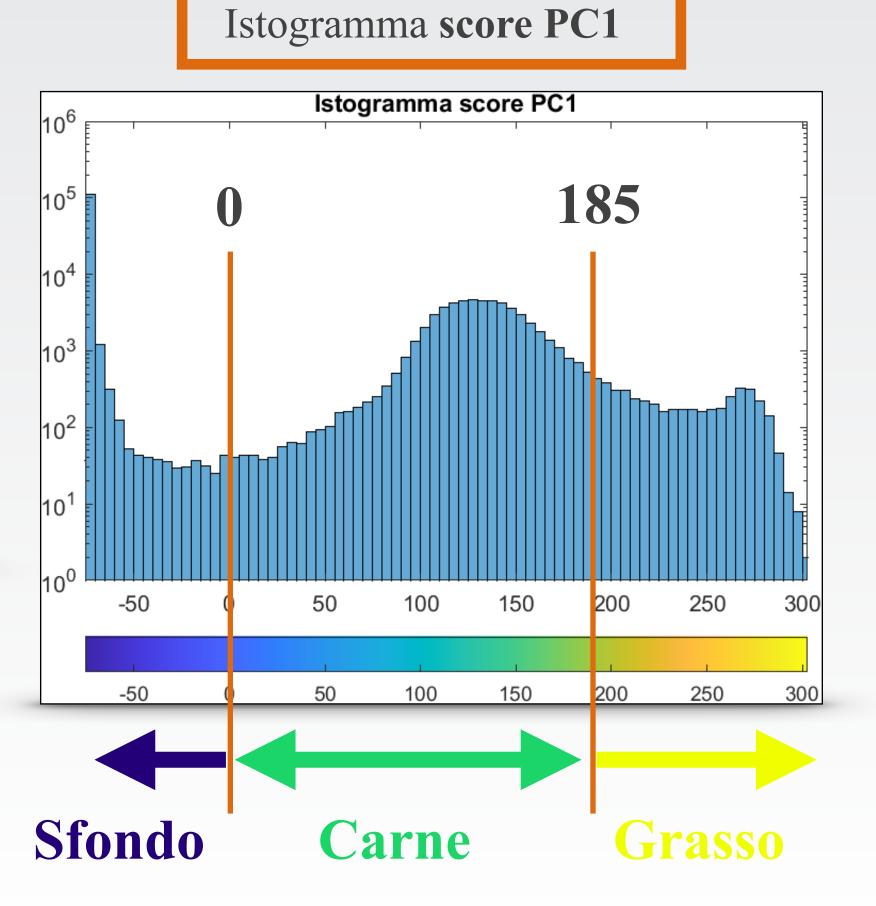


Istogramma score PC1

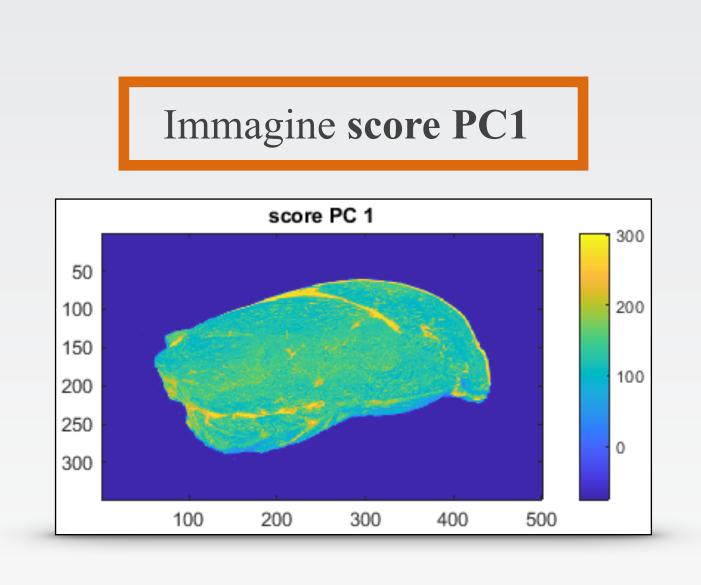


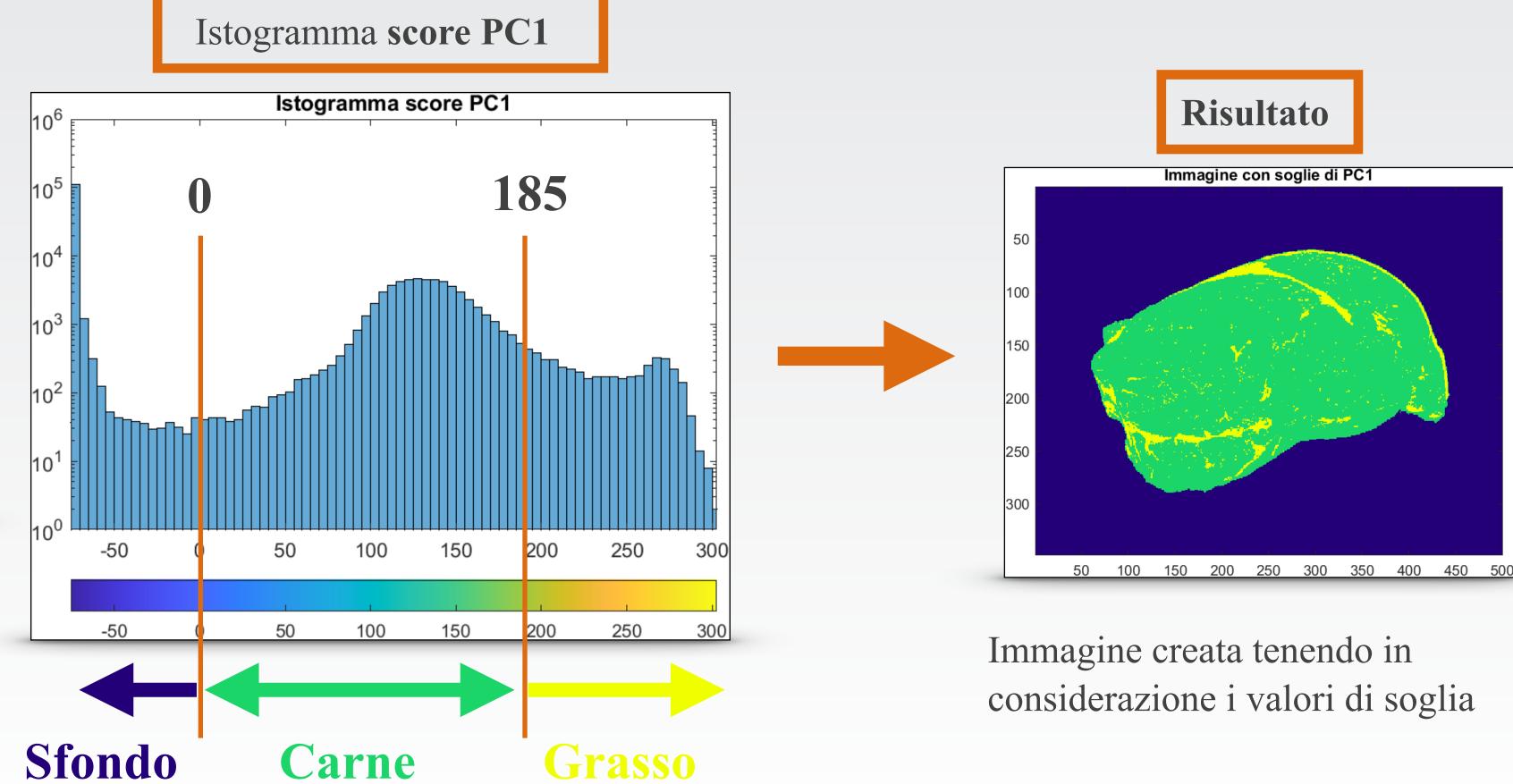
#### Selezione soglie score di PC1 per distinguere le categorie





#### Selezione soglie score di PC1 per distinguere le categorie





- 1. Descrizione dataset
- 2. Obiettivi del progetto
- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso

## 5. Clustering

### 5. Clustering

Per questa analisi sono stati presi in considerazione 2 metodi di clustering:

- KMeans
- DBScan

## 5. Clustering

Per questa analisi sono stati presi in considerazione 2 metodi di clustering:

- KMeans
- DBScan

OBIETTIVO: individuare i cluster di "sfondo", "carne", "grasso"

#### Parametri KMeans:

- $\bullet K = 3$
- Distance = EuclideanSq / Manhattan

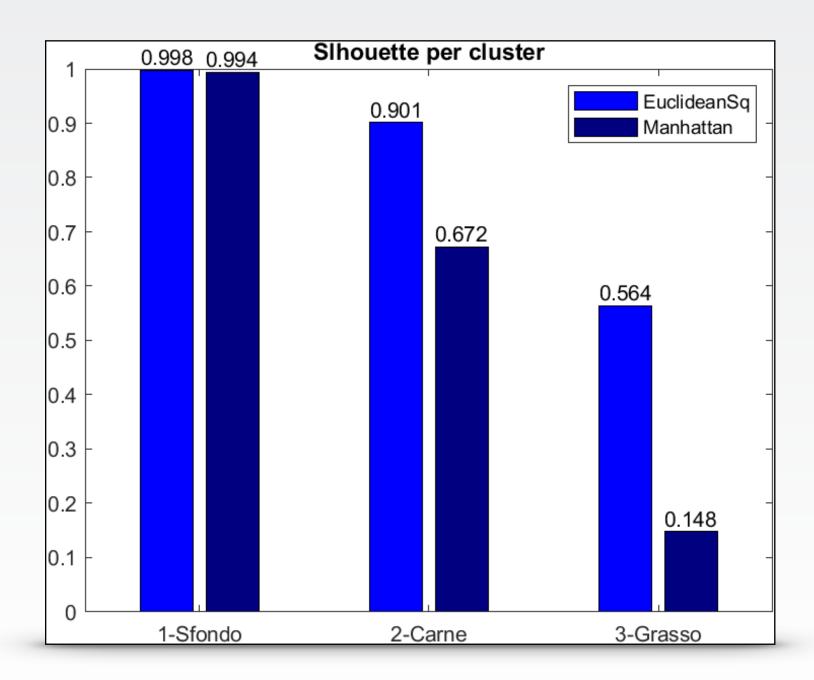
#### Parametri KMeans:

- $\bullet K = 3$
- Distance = EuclideanSq / Manhattan

Obiettivo: confronto cluster KMeans con diversi metodi per il calcolo della distanza (EuclideanSq e Manhattan)

#### Parametri KMeans:

- $\bullet K = 3$
- Distance = EuclideanSq / Manhattan

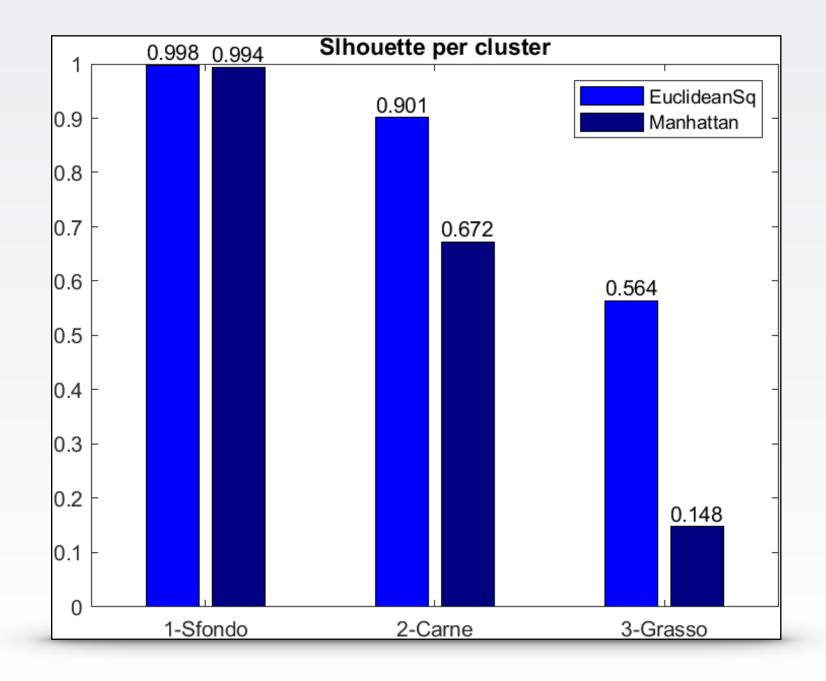


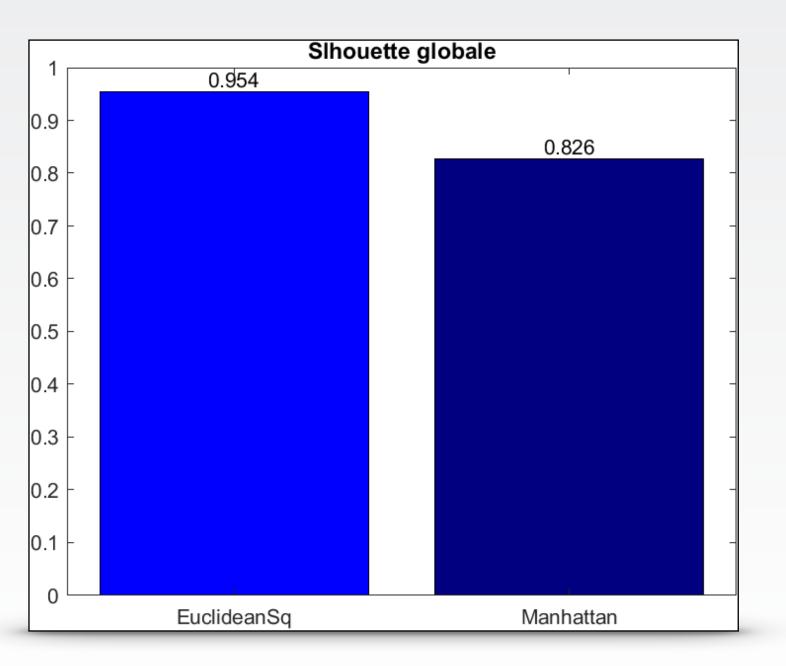
Obiettivo: confronto cluster KMeans con diversi metodi per il calcolo della distanza (EuclideanSq e Manhattan)

#### Parametri KMeans:

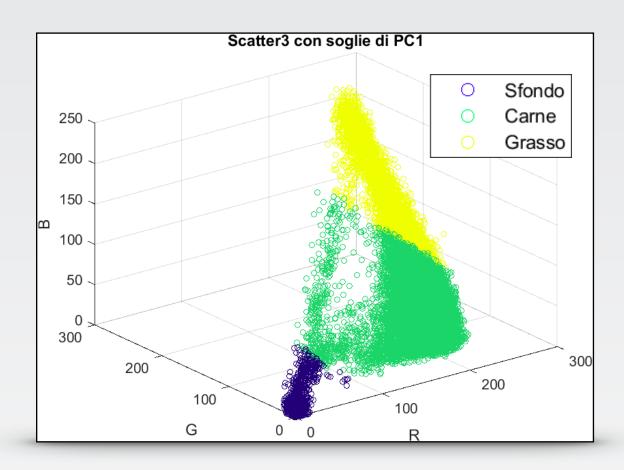
- $\bullet K = 3$
- Distance = EuclideanSq / Manhattan

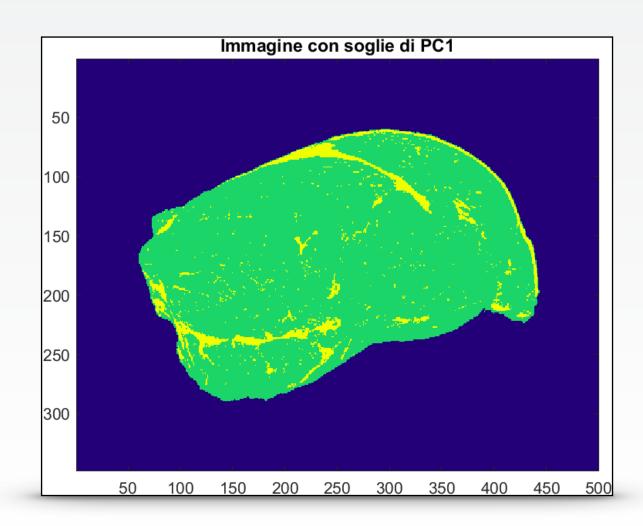
Obiettivo: confronto cluster KMeans con diversi metodi per il calcolo della distanza (EuclideanSq e Manhattan)



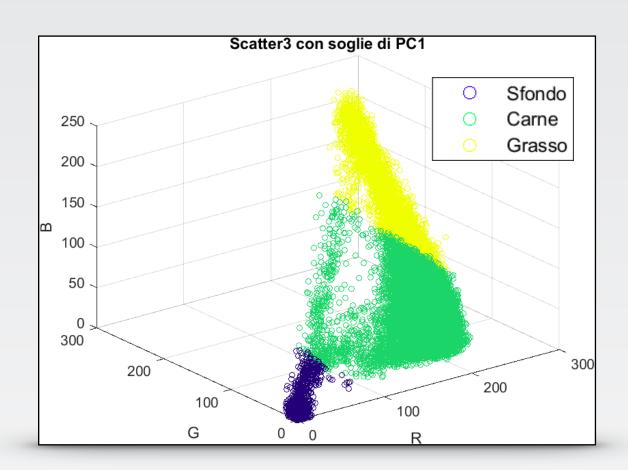


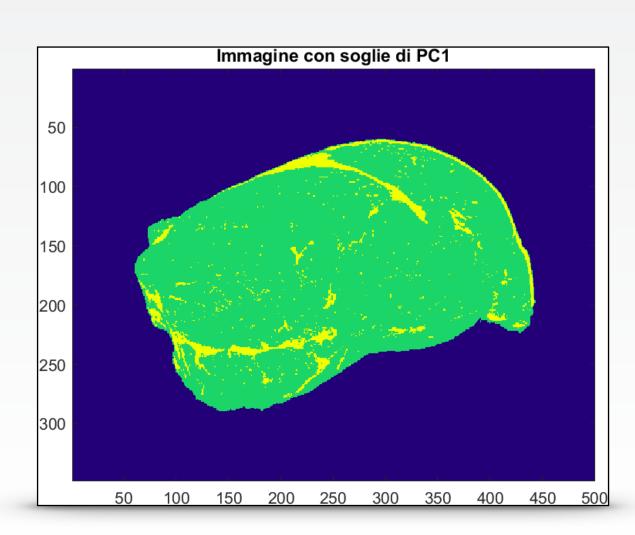
#### PC1 con soglie



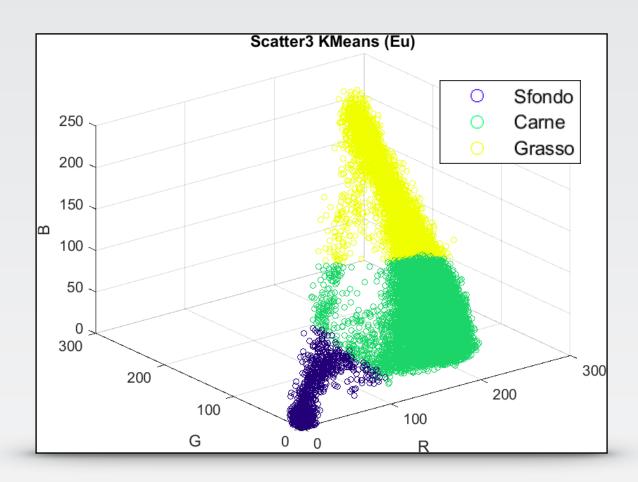


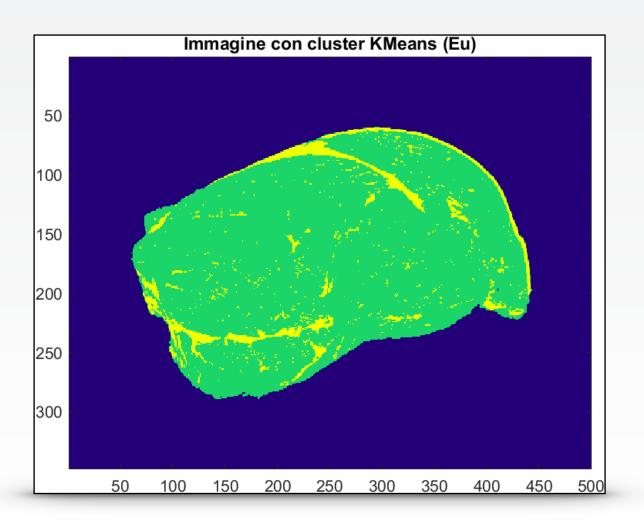
#### PC1 con soglie



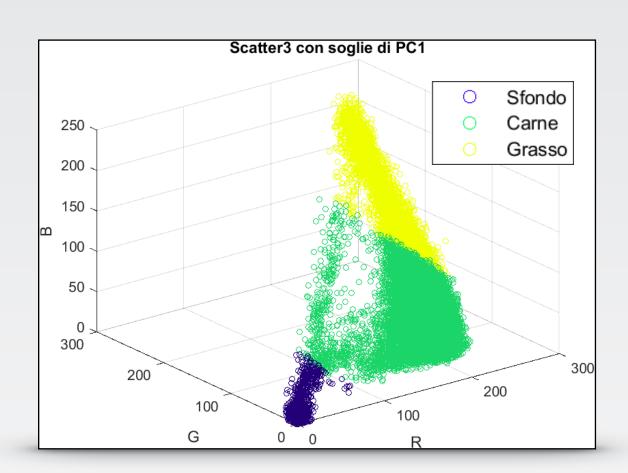


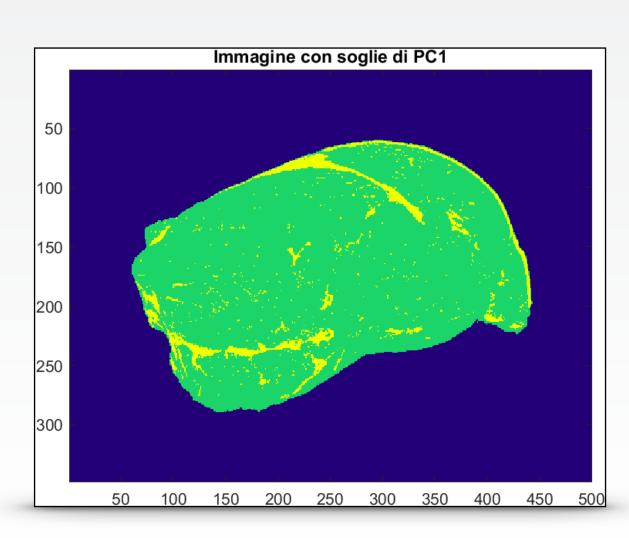
#### KMeans (EuclideanSq)



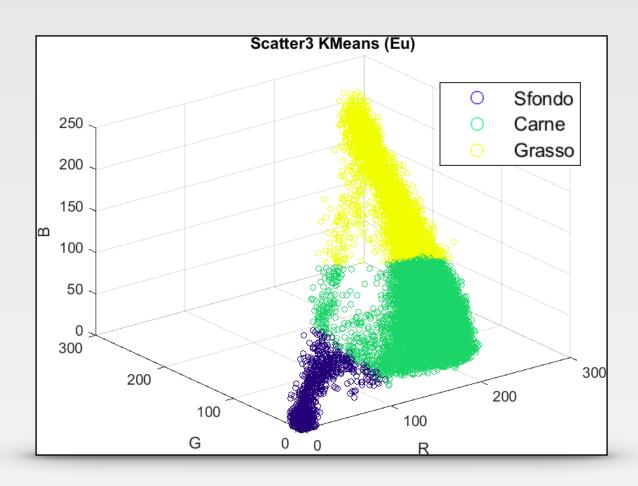


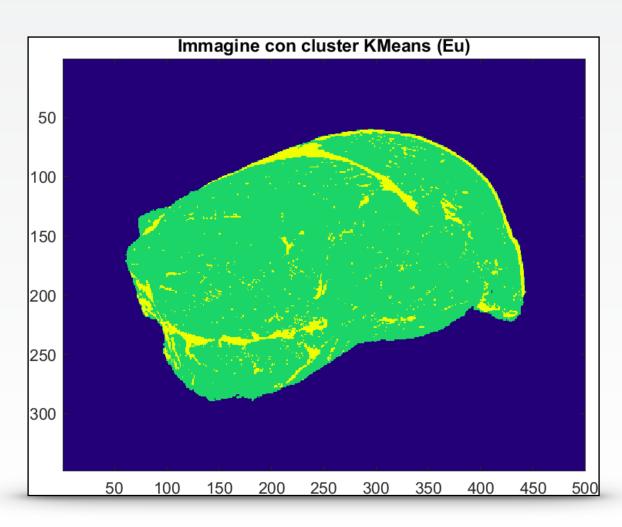
#### PC1 con soglie



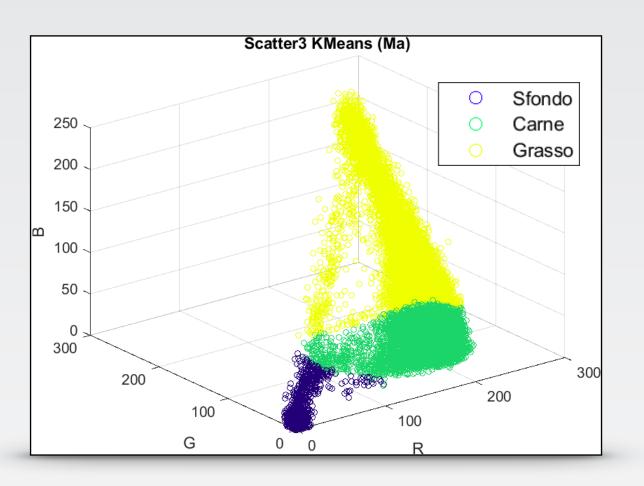


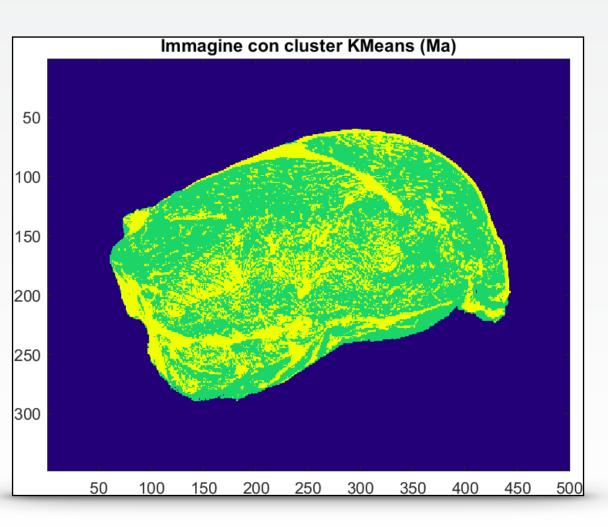
#### KMeans (EuclideanSq)





#### KMeans (Manhattan)





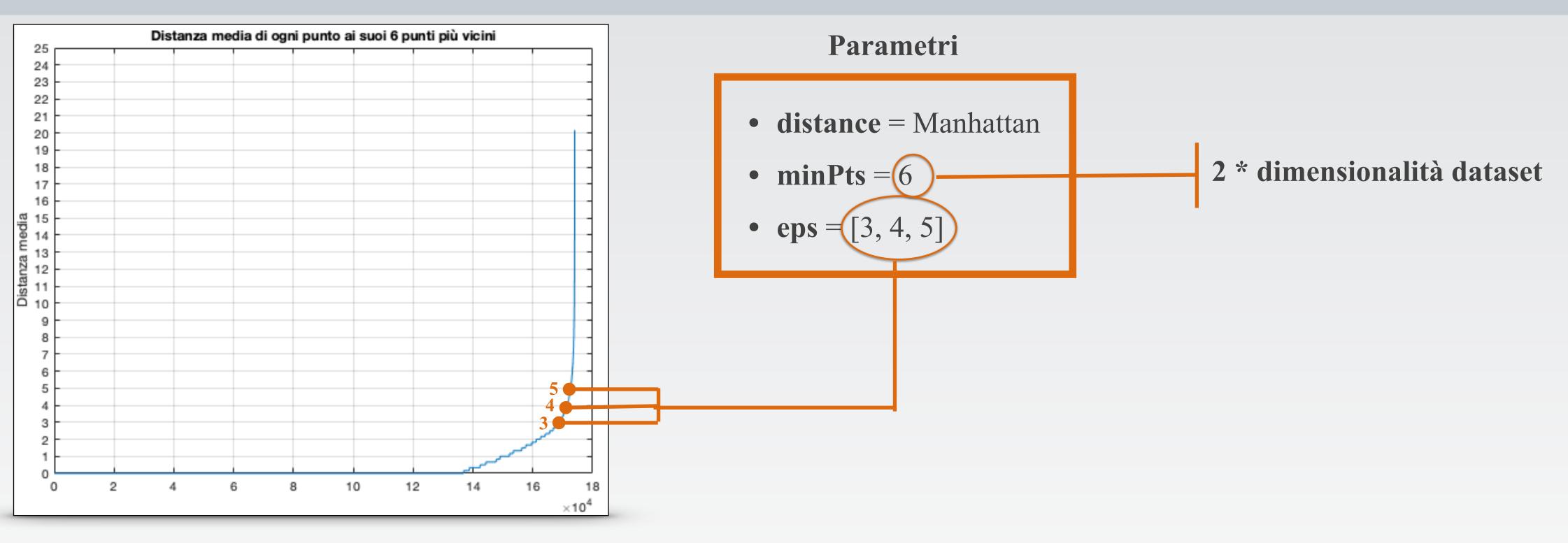
#### Parametri

- **distance** = Manhattan
- minPts = 6
- eps = [3, 4, 5]

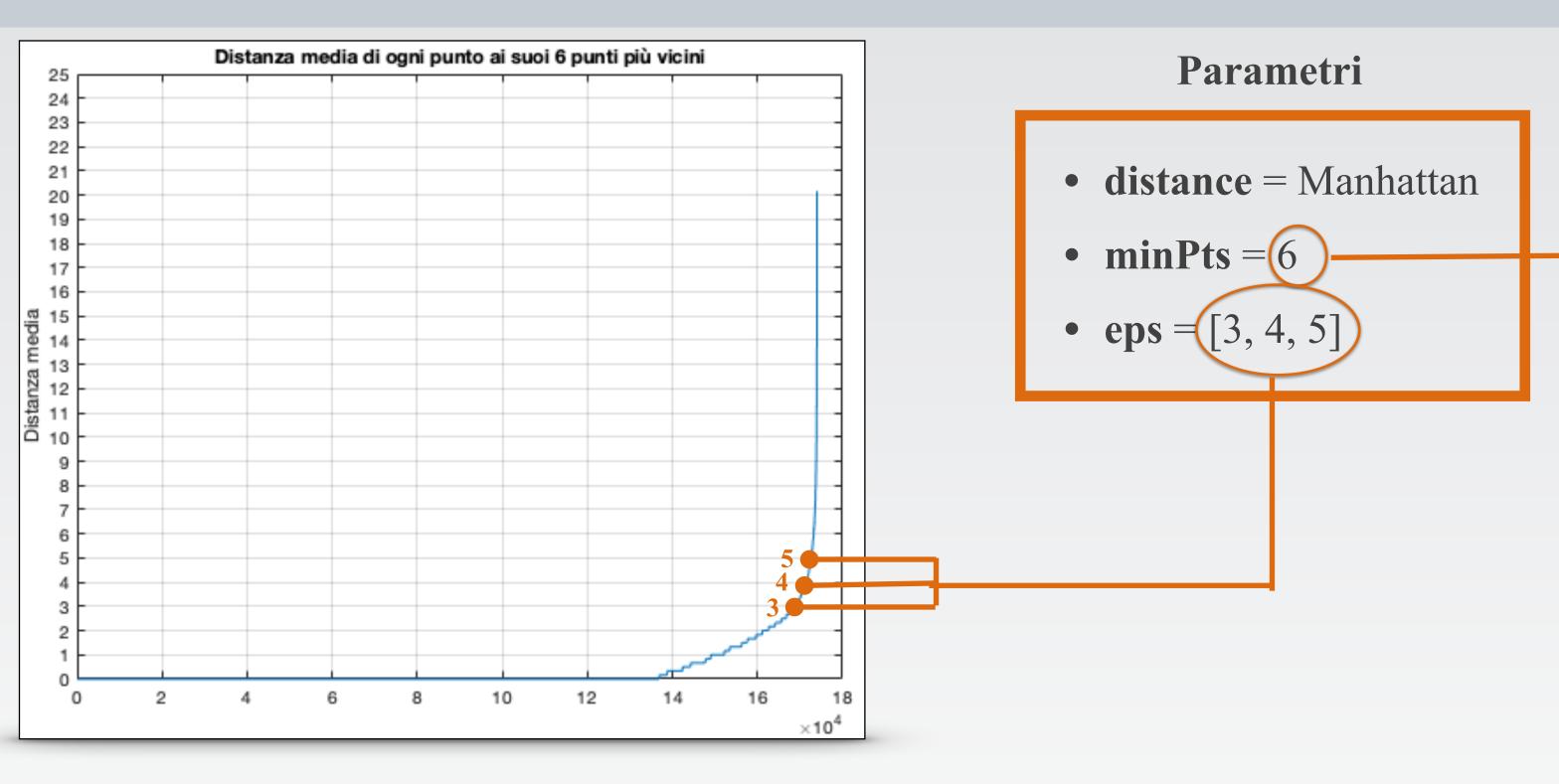
#### Parametri

- **distance** = Manhattan
- minPts = 6
- eps = [3, 4, 5]

2 \* dimensionalità dataset



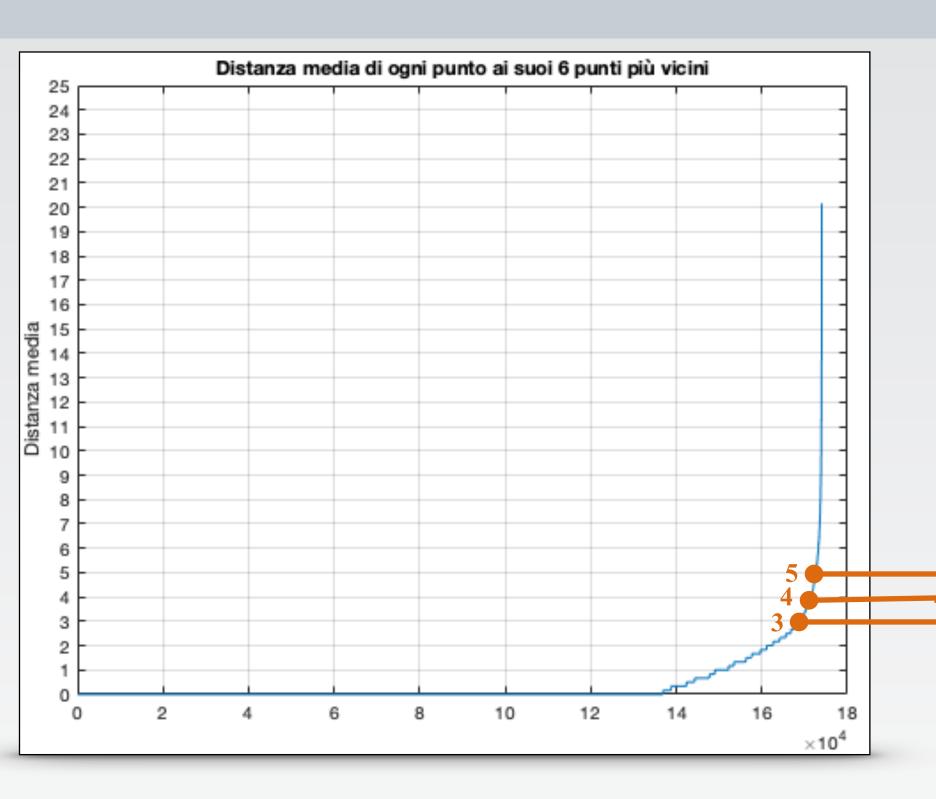
**K Distance Graph** 



**K Distance Graph** 

2 *	dimensionalità	dataset

minPts = 6			
eps	Numero Cluster		
3	159		
4	58		
5	24		



**K Distance Graph** 

#### Parametri

• **distance** = Manhattan

• minPts = 6

eps = [3, 4, 5]

2 \* dimensionalità dataset

#### Troppi cluster trovati

I parametri (minPts e eps) sembrano non essere adatti al dataset.

minPts = 6		
eps	Numero Cluster	
3	159	
4	58	
5	24	

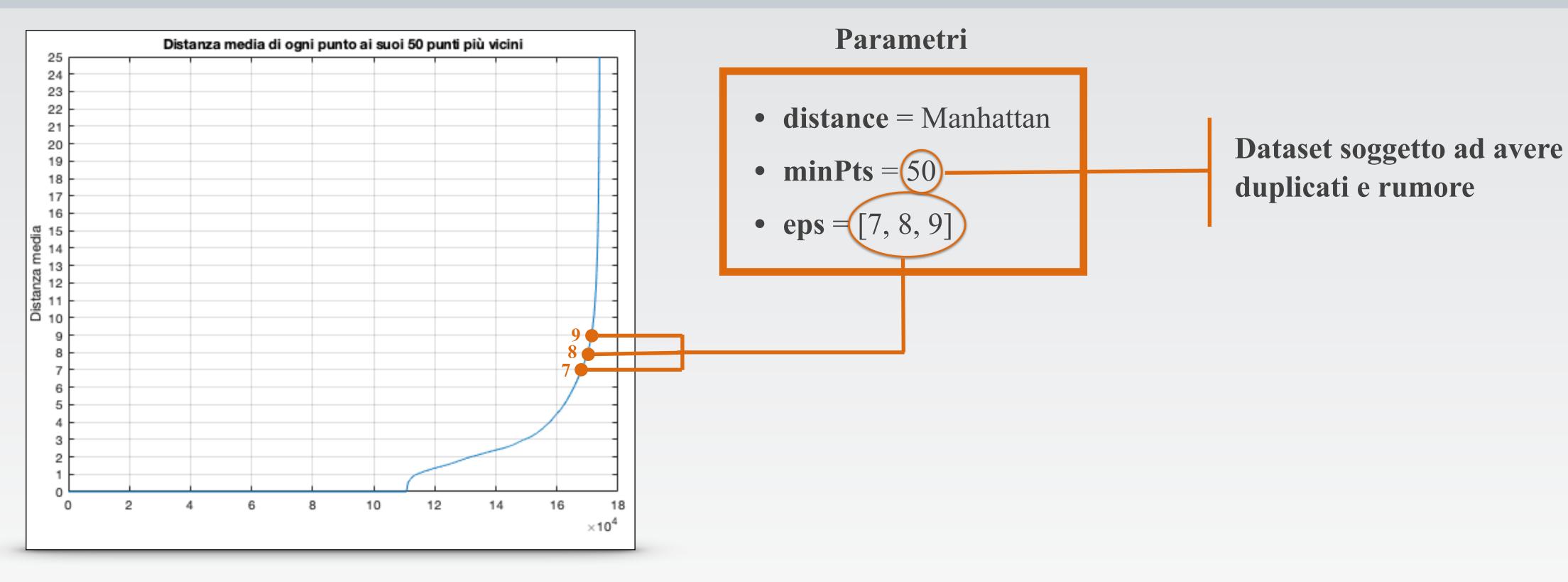
#### Parametri

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = [7, 8, 9]

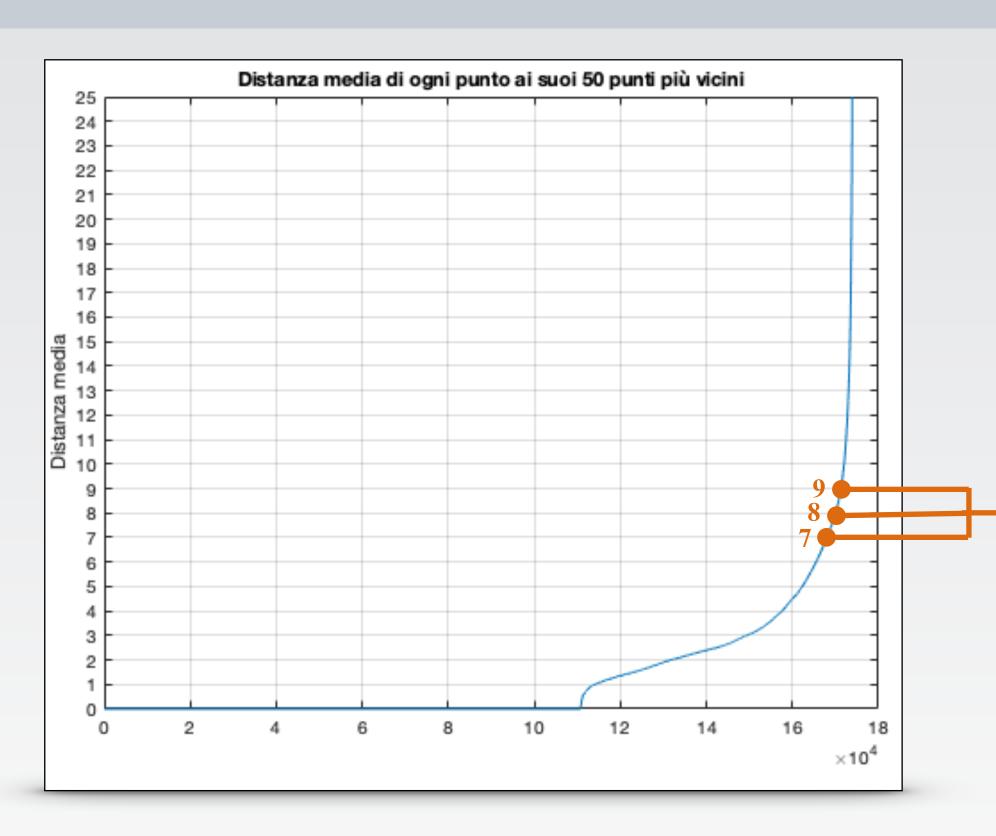
#### Parametri

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = [7, 8, 9]

Dataset soggetto ad avere duplicati e rumore



**K Distance Graph** 



**K Distance Graph** 

#### Parametri

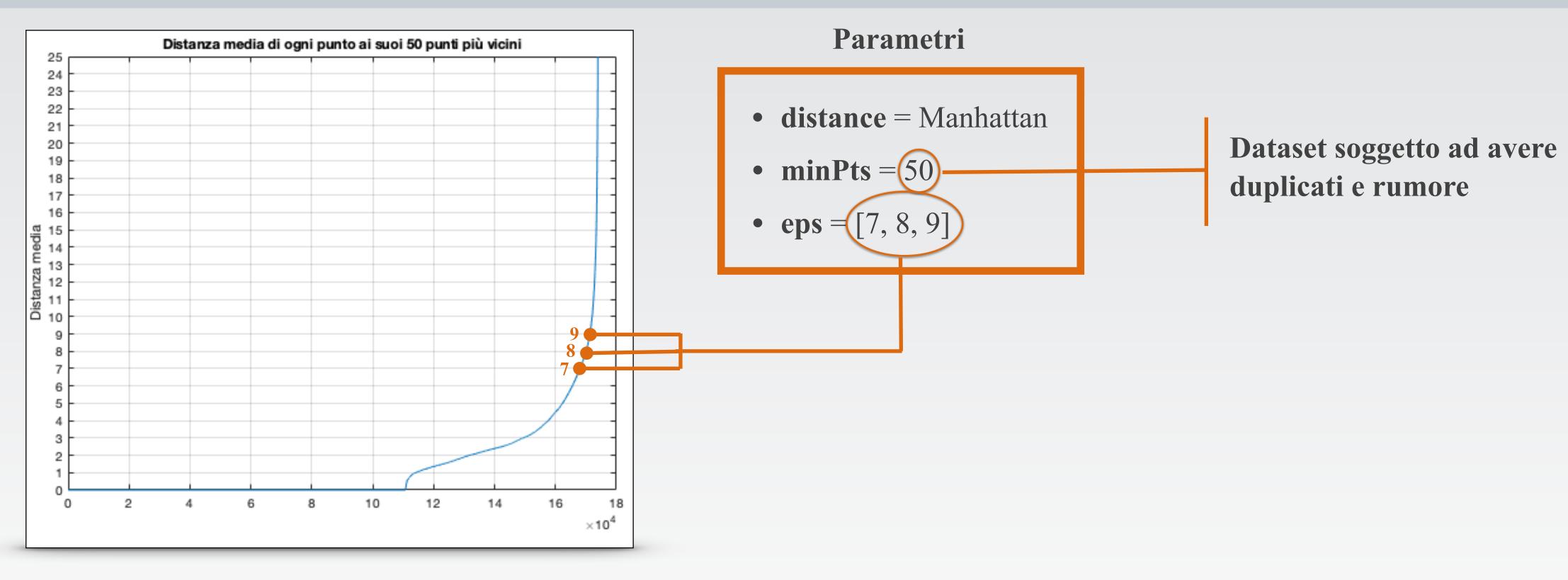
• **distance** = Manhattan

• minPts = (50)

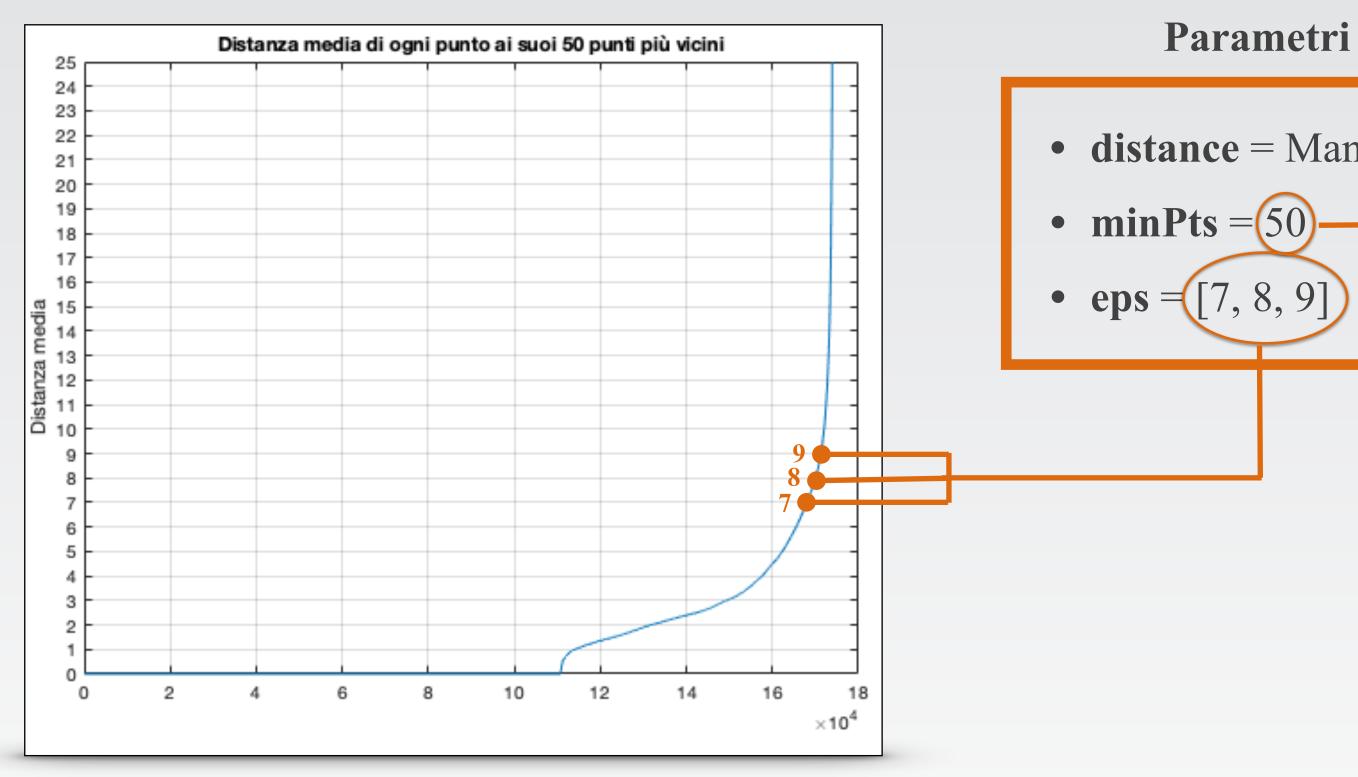
eps = [7, 8, 9]

Dataset soggetto ad avere duplicati e rumore

minPts = 50			
eps	Numero Cluster		
7	4		
8	4		
9	5		



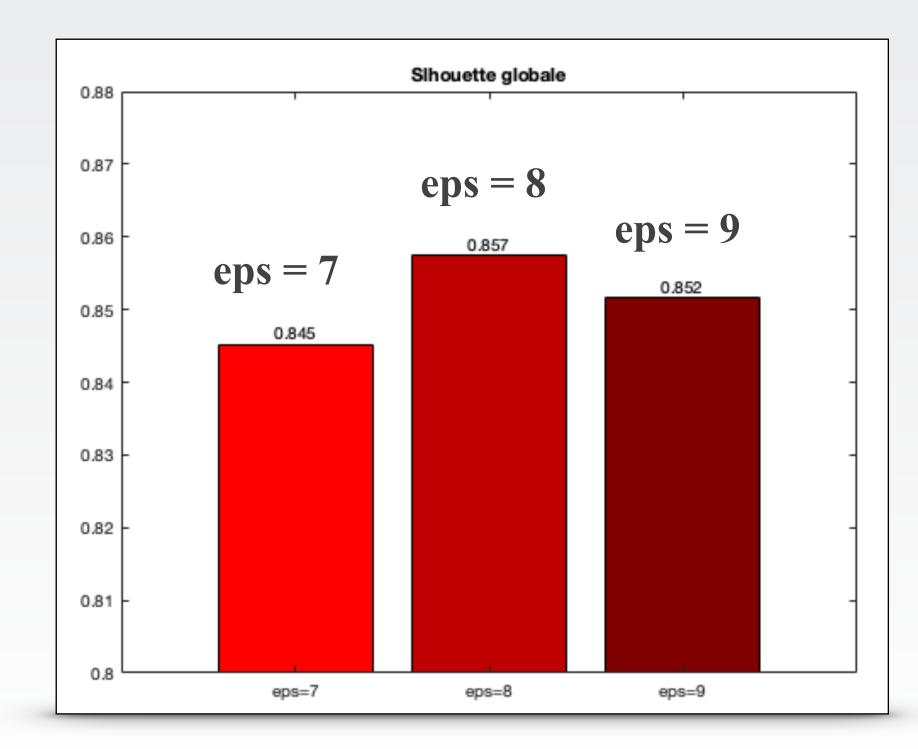
**K Distance Graph** 

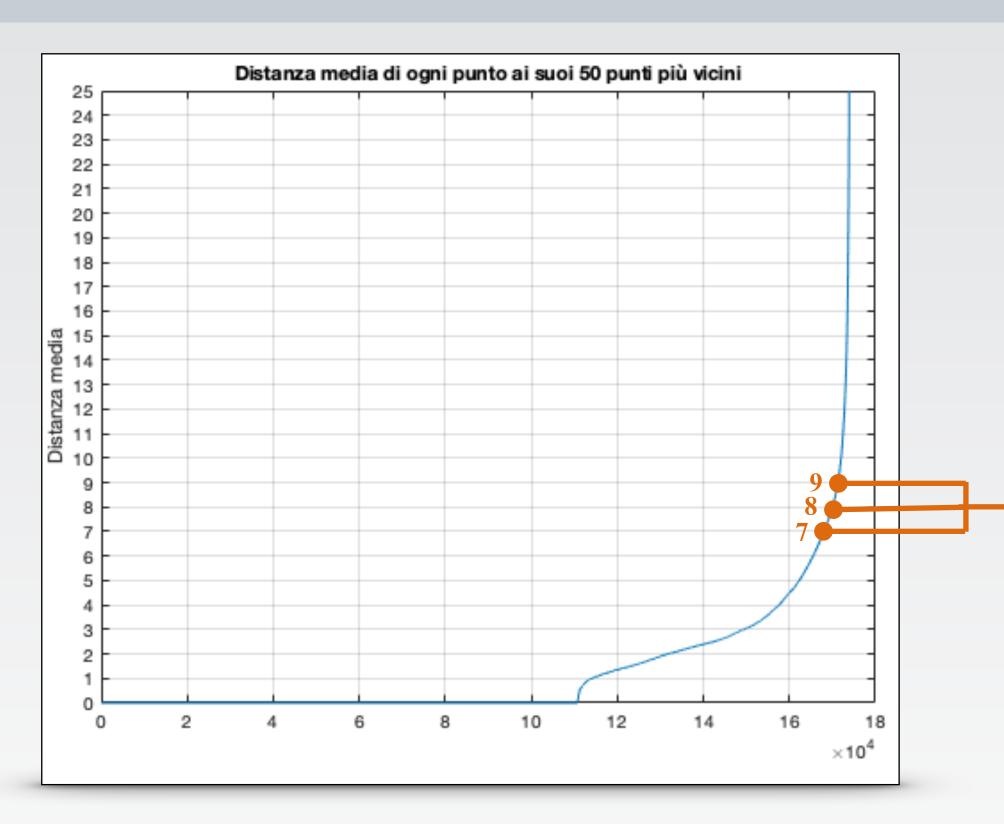


**K Distance Graph** 

• **distance** = Manhattan

Dataset soggetto ad avere duplicati e rumore



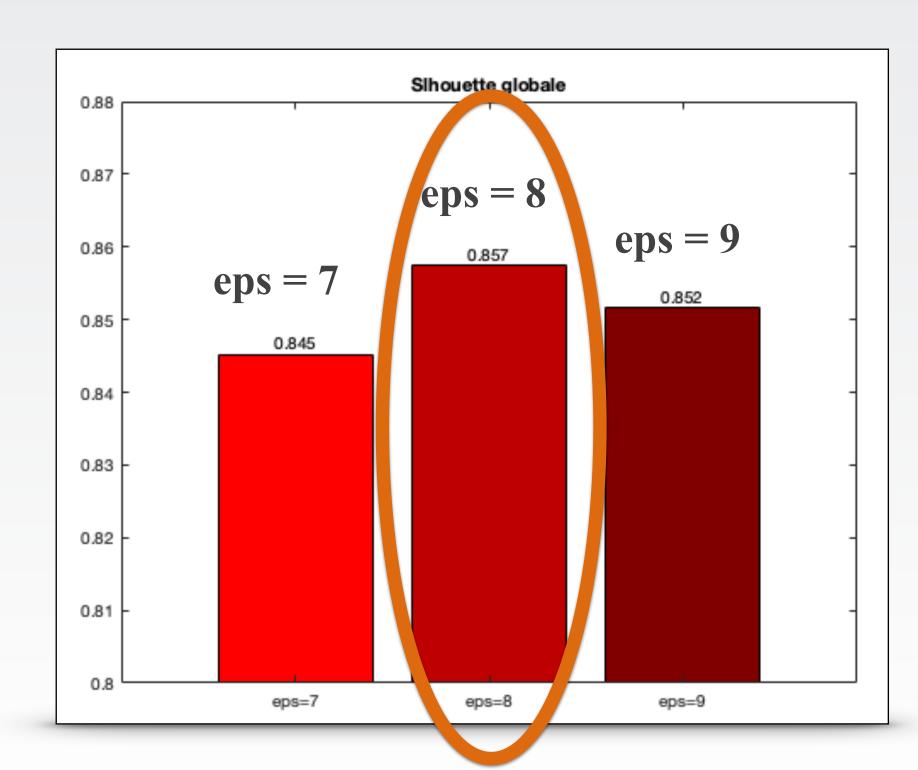


**K Distance Graph** 

#### Parametri

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = [7, 8, 9]

Dataset soggetto ad avere duplicati e rumore



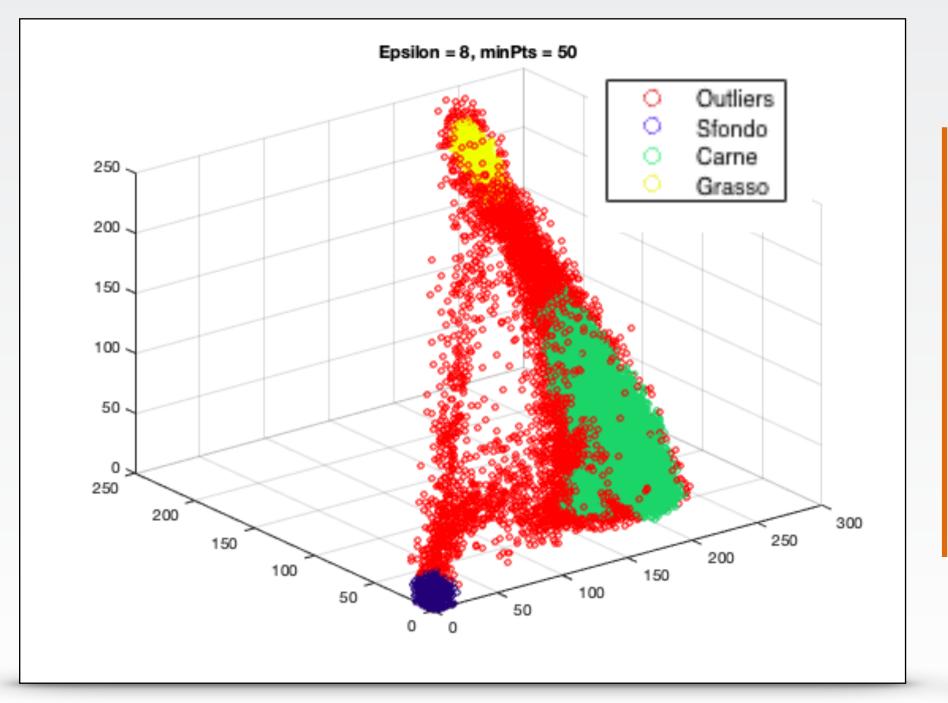
#### Parametri migliori trovati

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = 8

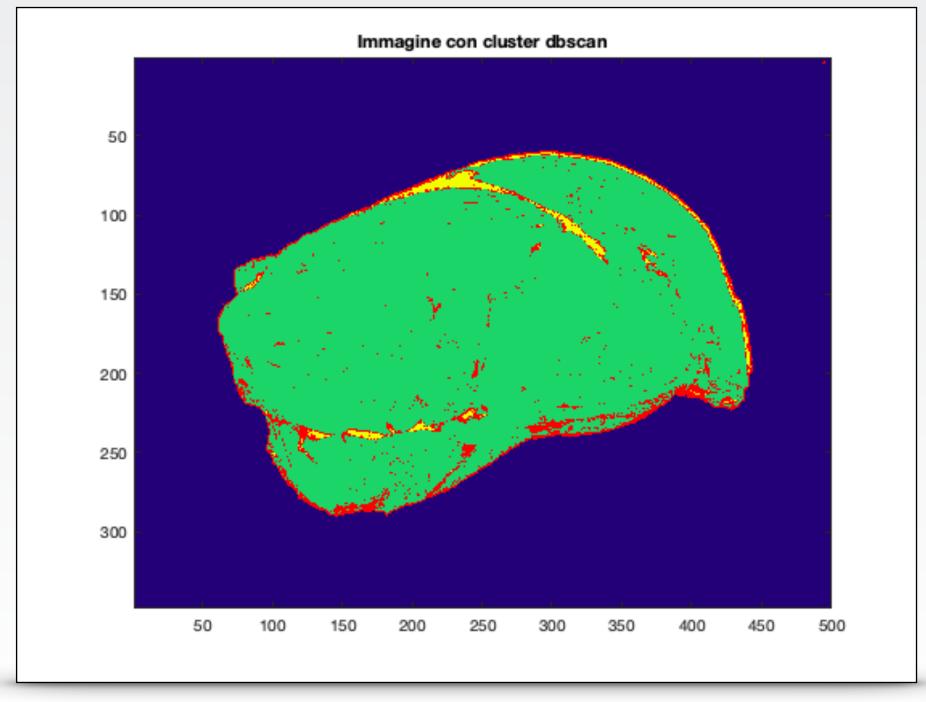
#### Parametri migliori trovati

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = 8

#### Scatter 3 del cluster



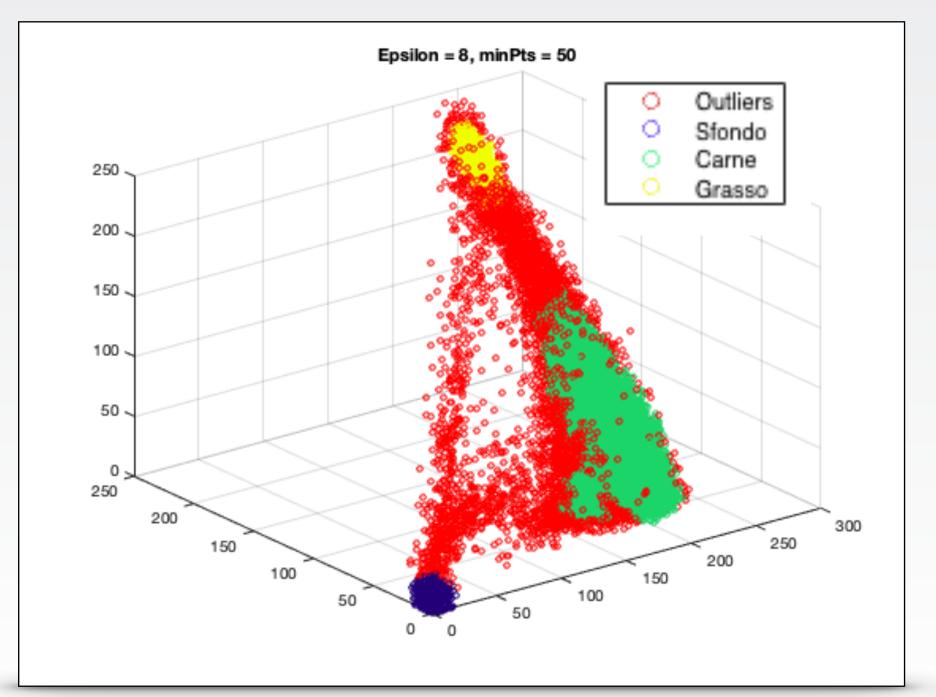
#### Immagine colorata per cluster



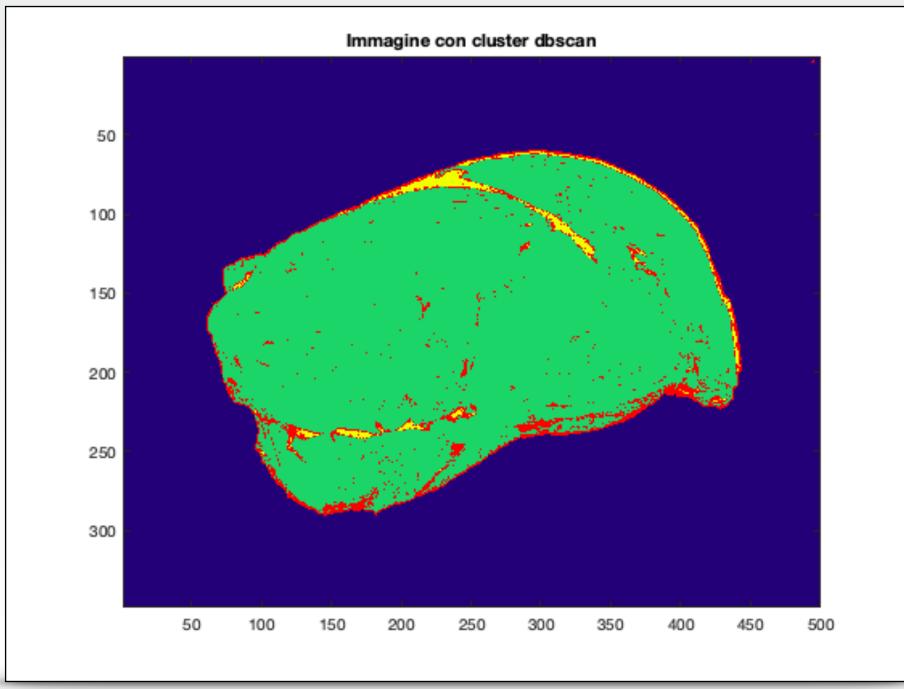
#### Parametri migliori trovati

- **distance** = Manhattan
- minPts = 50
- eps = 8

#### Scatter 3 del cluster

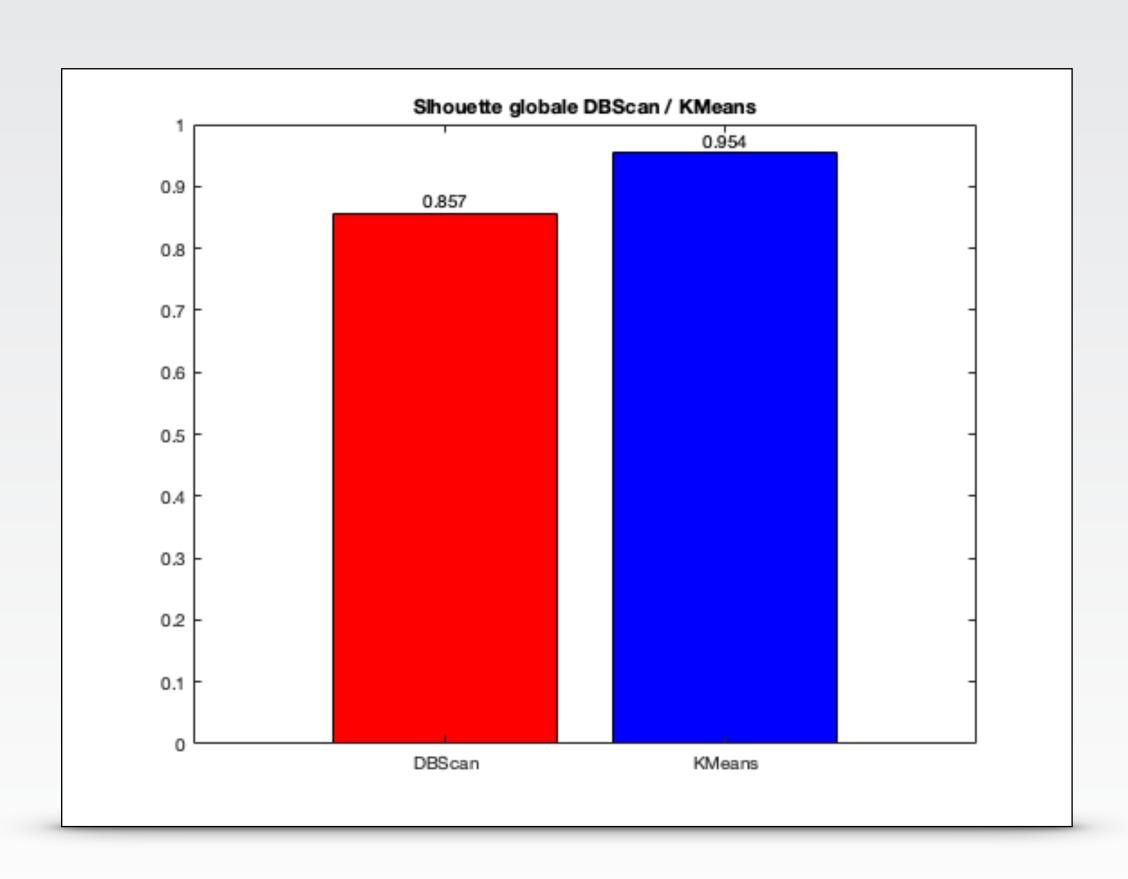


#### Immagine colorata per cluster

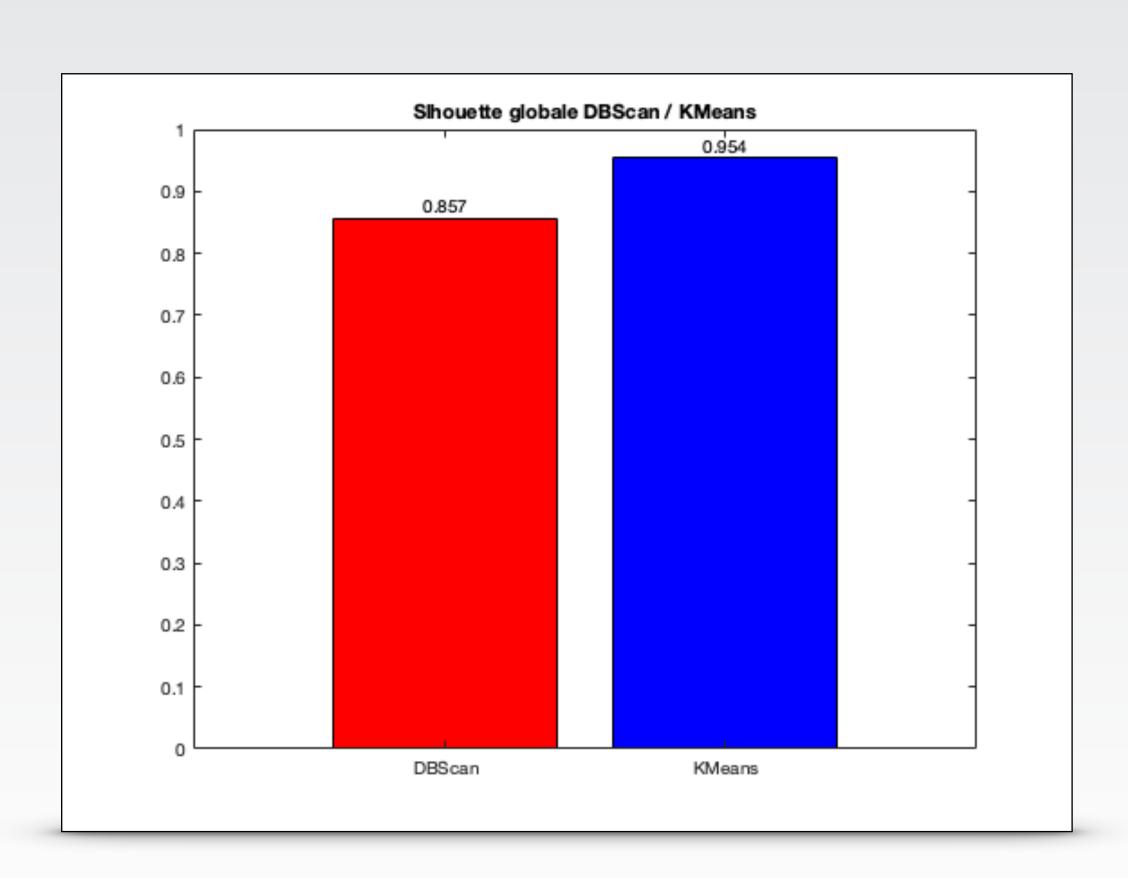


Confronto tra KMeans e DBScan

#### Confronto tra KMeans e DBScan



#### Confronto tra KMeans e DBScan



Il valore di **Silhouette del KMeans** è **maggiore** rispetto a quello del DBScan

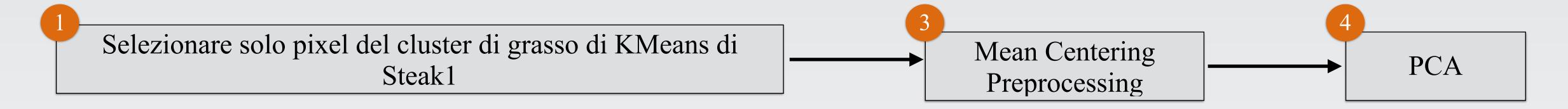
KMeans riesce a creare cluster migliori rispetto al DBScan

- 1. Descrizione dataset
- 2. Obiettivi del progetto
- 3. Analisi esplorativa
- 4. PCA esplorativa
- 5. Clustering
- 6. Previsione grasso

L'obiettivo è adesso la previsione del grasso su una nuova immagine (steak2). Per farlo sono stati seguiti i seguenti passaggi:

- A. Creazione di un modello PCA sulla base dei soli pixel del grasso trovati dal metodo di clustering migliore (KMeans in questo caso) su steak1
- B. Proiezione dei pixel di steak2 nello spazio PCA
- C. Tutti quei punti con valore Q<Qlim e T^2<T^2lim sono considerati come grasso





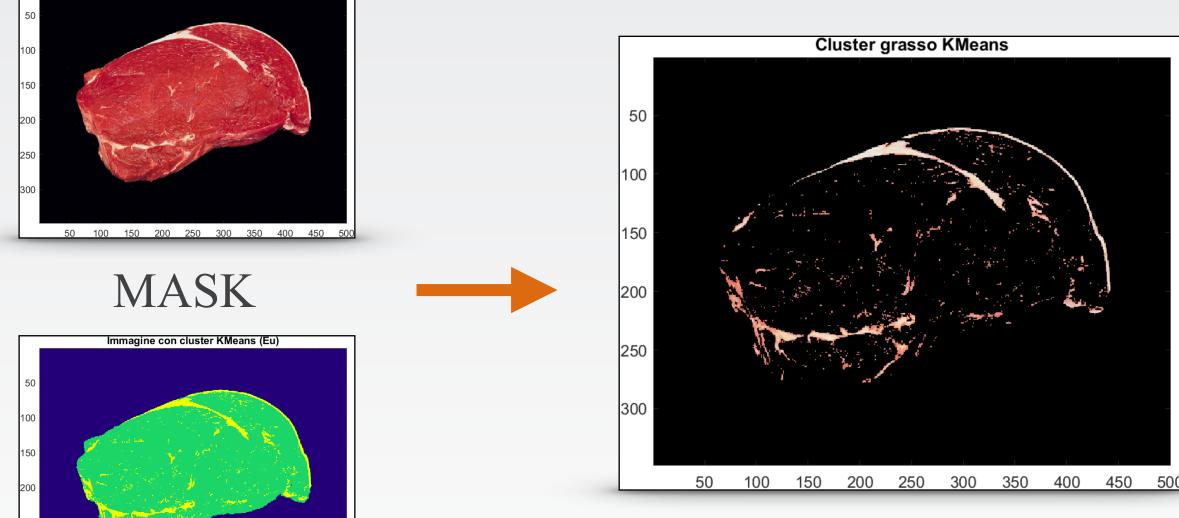
### A. Creazione modello PCA

Selezionare solo pixel del cluster di grasso di KMeans di
Steak 1

Mean Centering
Preprocessing

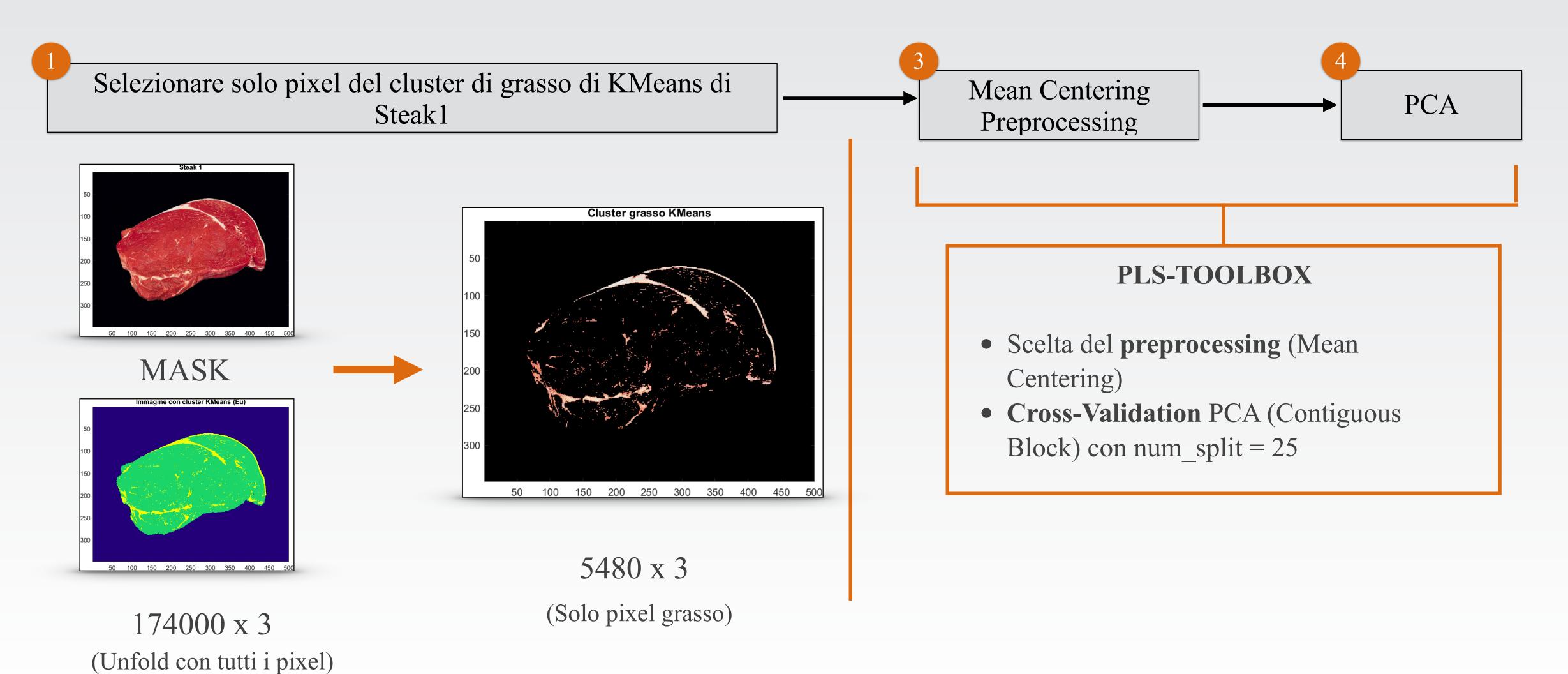
PCA

Cluster grasso KMeans

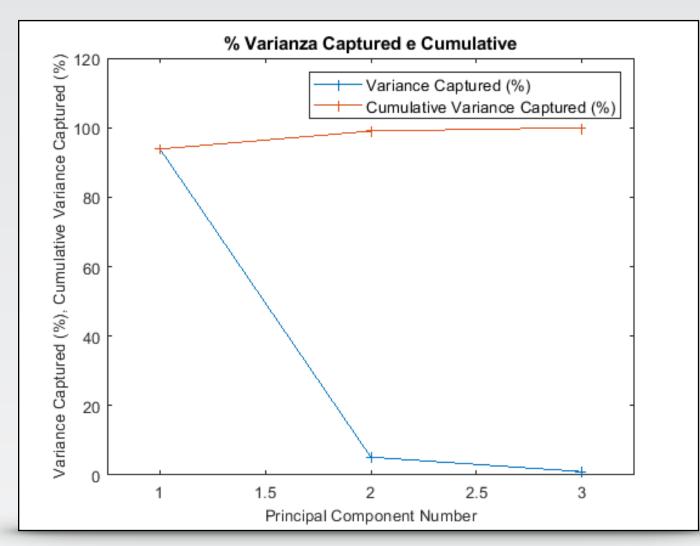


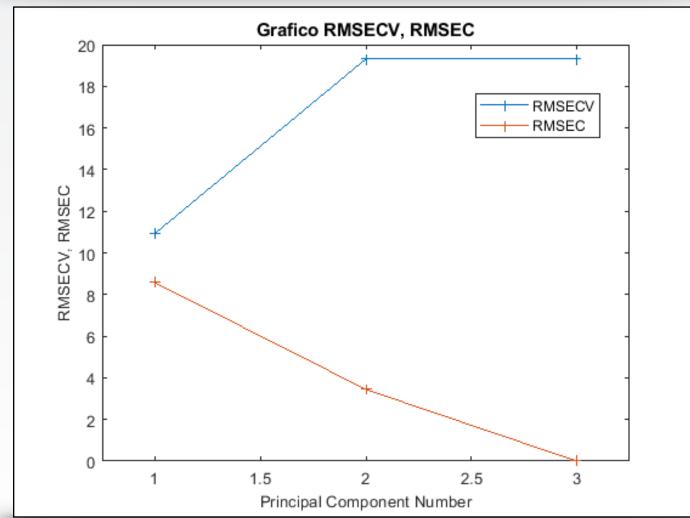
5480 x 3
(Solo pixel grasso)

174000 x 3
(Unfold con tutti i pixel)





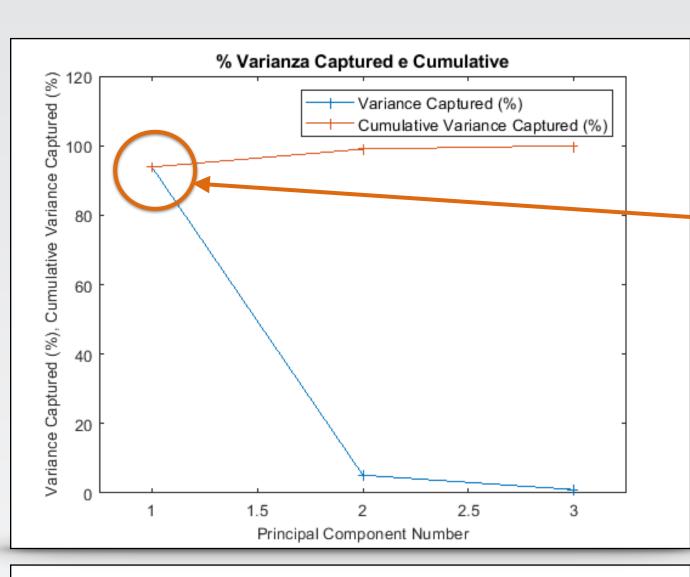


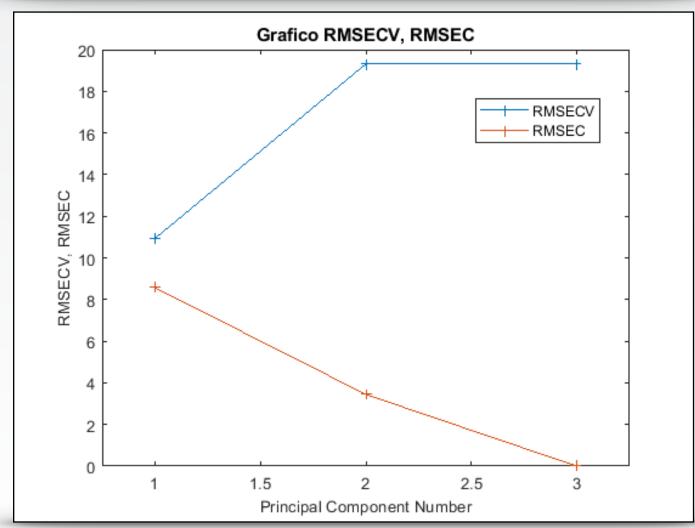


### A. Creazione modello PCA

Numero PC = 1

PC1 cattura più del 95% di varianza

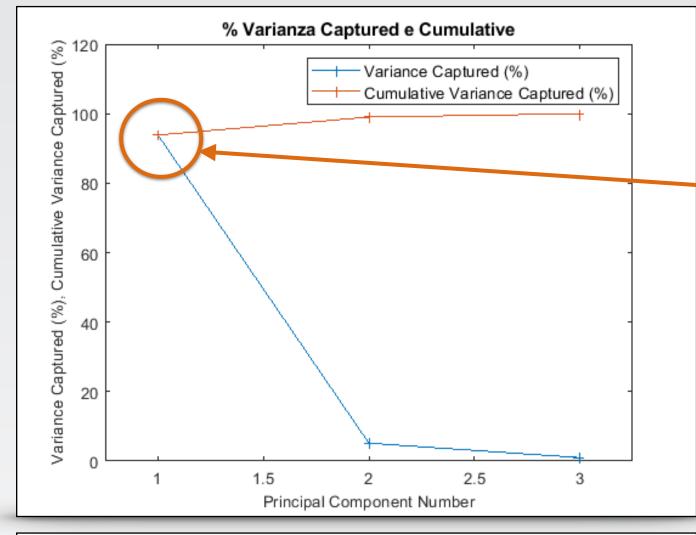


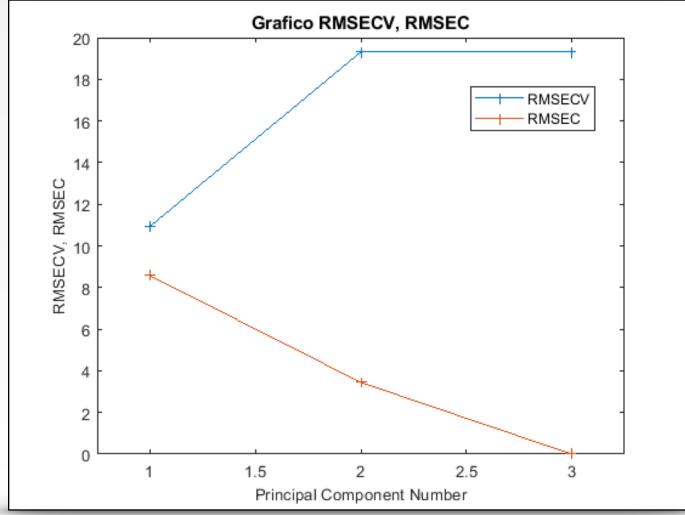


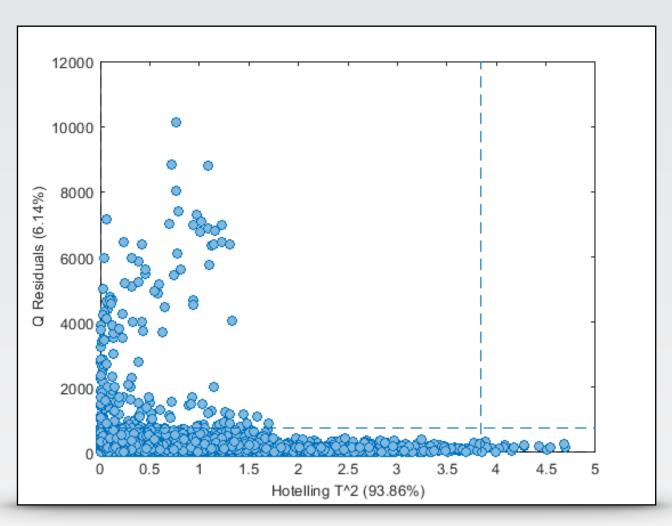
### A. Creazione modello PCA

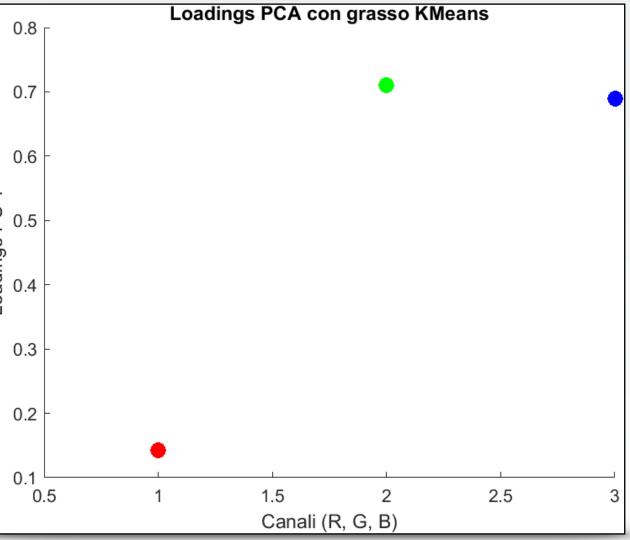


PC1 cattura più del 95% di varianza







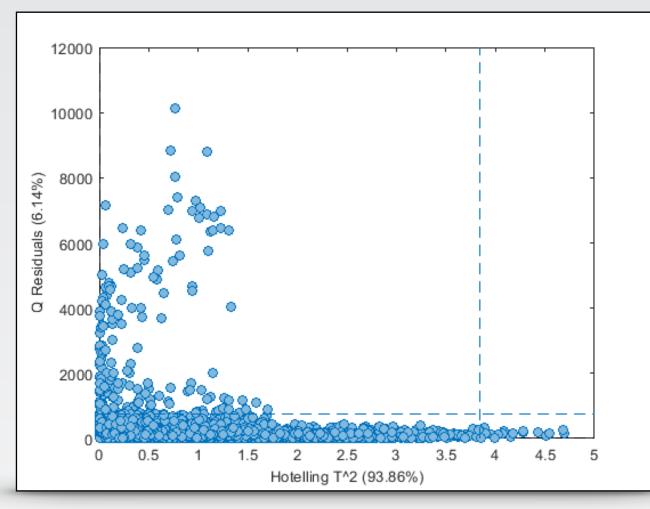


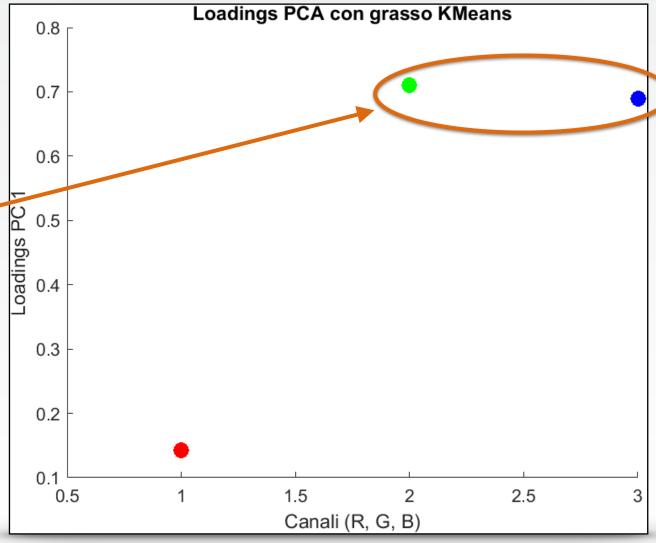
### A. Creazione modello PCA

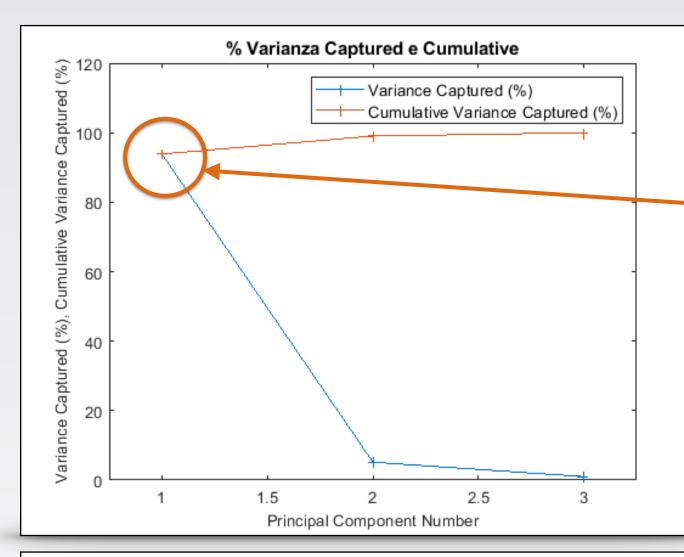
Numero PC = 1

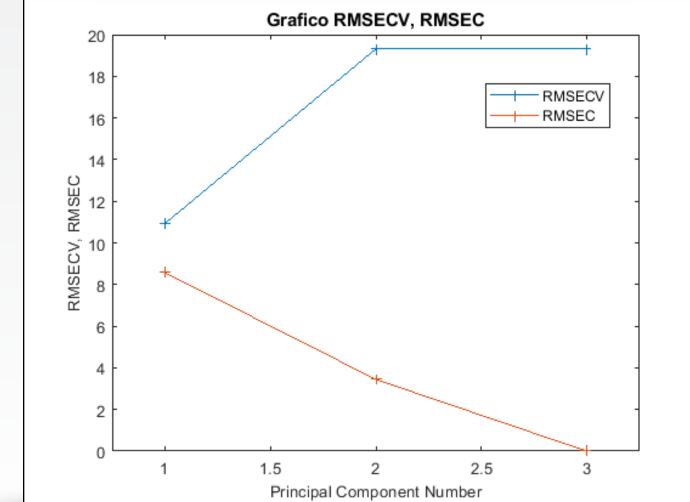
PC1 cattura più del 95% di varianza













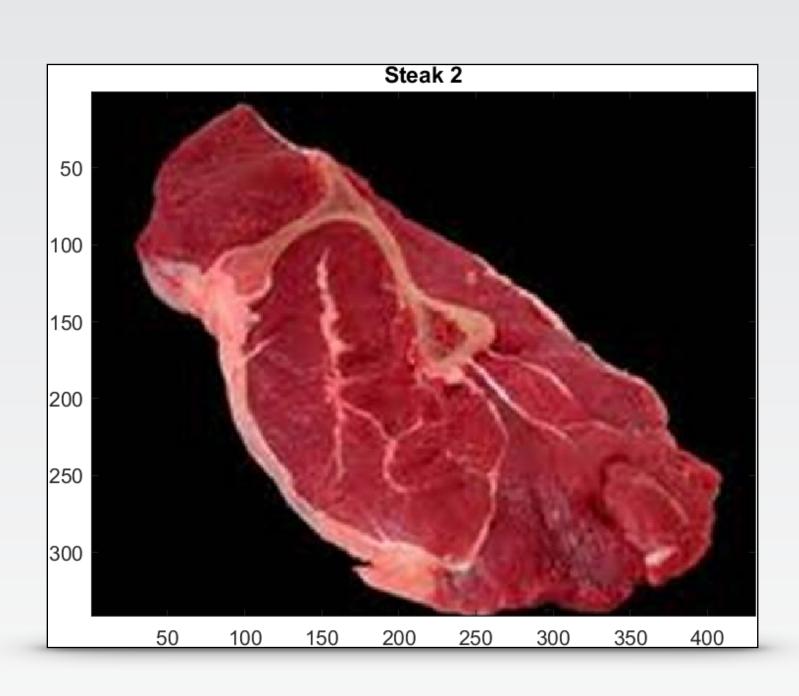


Immagine originale

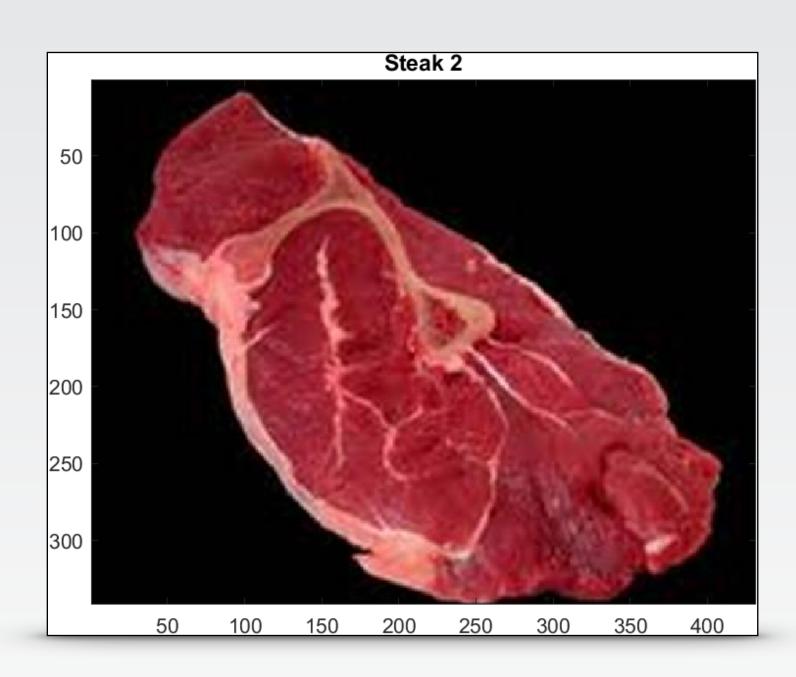


Immagine originale

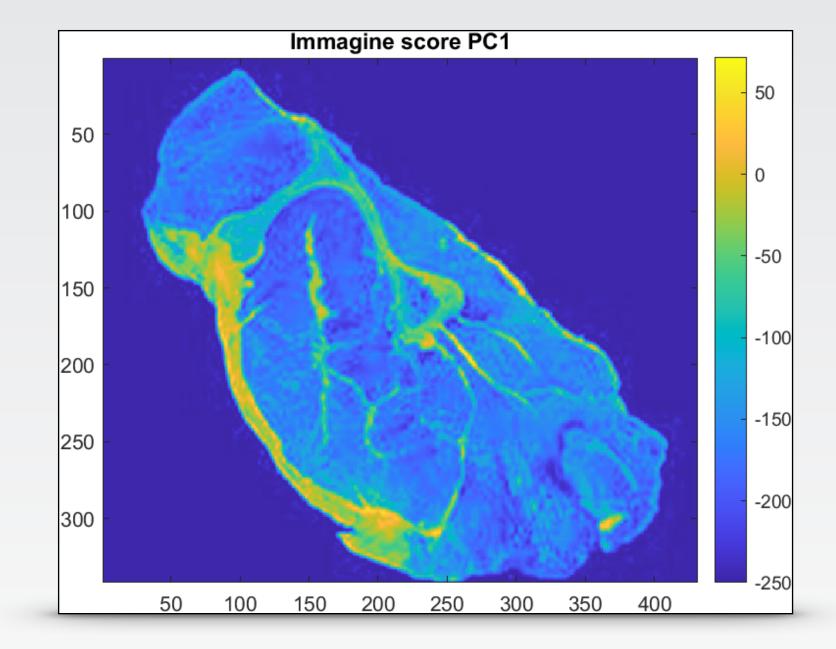


Immagine proiettata (Score PC1)

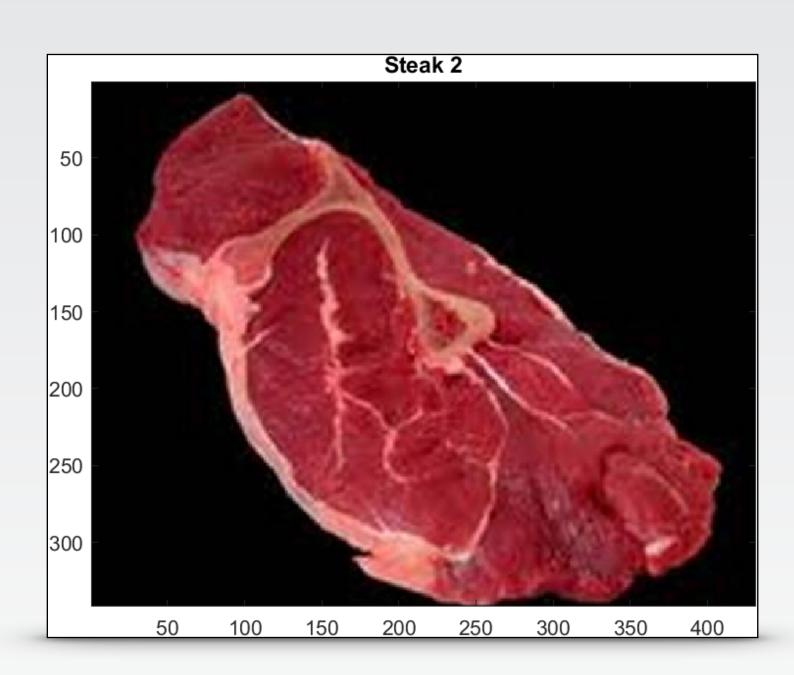


Immagine originale

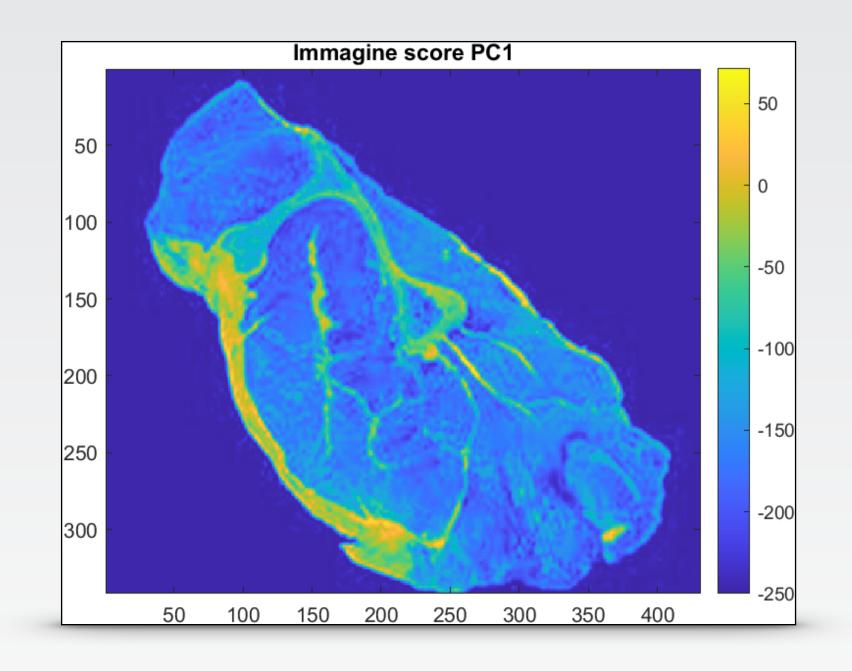
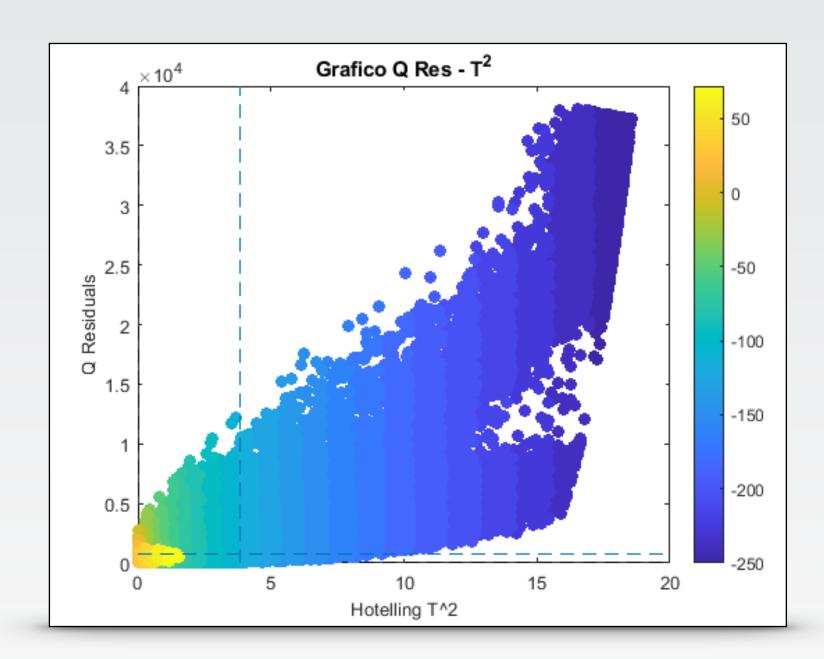


Immagine proiettata (Score PC1)



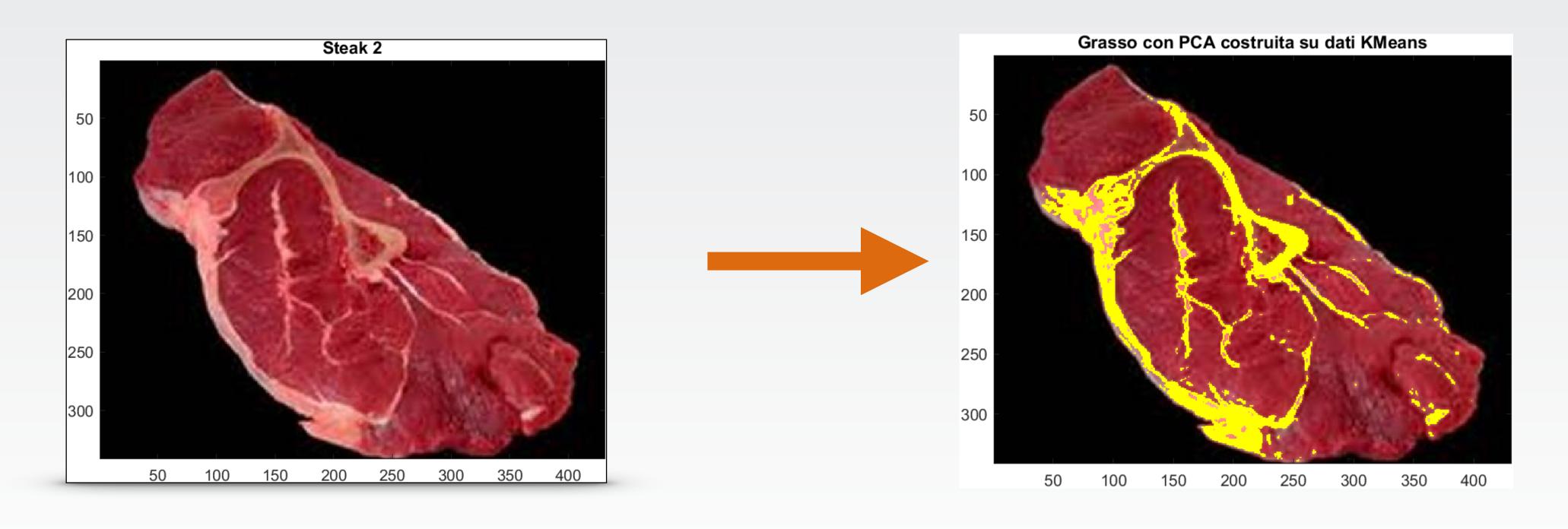
Q-T^2 plot colorato in base al valore degli scores



C. Previsione

#### C. Previsione

I punti di steak2 che hanno valori Q<Qlimit e T^2<T^2limit sono considerati come grasso e sono riportati di seguito in giallo



Grazie per l'attenzione