Knihovna pro výpočet různých typů deskriptorů

Projekt z předmětu PV162

Denisa Rudincová, Jan Škvařil

Knihovna pro výpočet různých typů deskriptorů

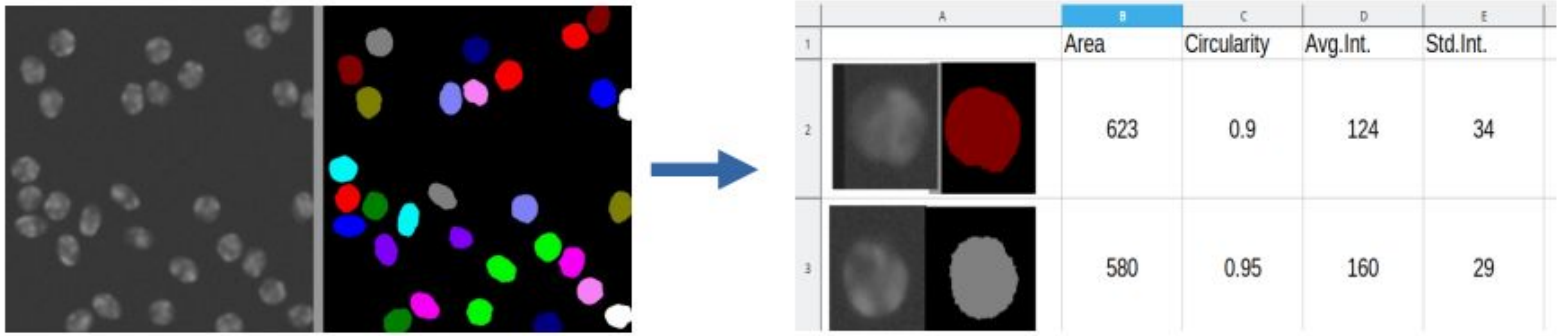
Kontakt: Michal Kozubek, Vladimír Ulman

Možné programovací jazyky: Bez omezení

Cílem je vytvoření knihovny, která pro daný multidimenzionální obrázek vypočítá sadu deskriptorů. Je potřeba ověřit zda platí, že lze nalézt podskupinu deskriptorů, které jsou si podobné pro konkrétní typ buněk.

Uvažujeme deskriptory textur, segmentačních masek a/nebo temporální (popisují vývoj masky v čase). Vstupem mohou být 2D,3D,2D+t či 3D+t obrazy buněk a jejich segmentací. Výstupem budou vektory čísel, jeden pro každou buňku ve vstupu.

Zadání je vhodné i pro (malou) skupinu spolupracujících studentů.



Osnova

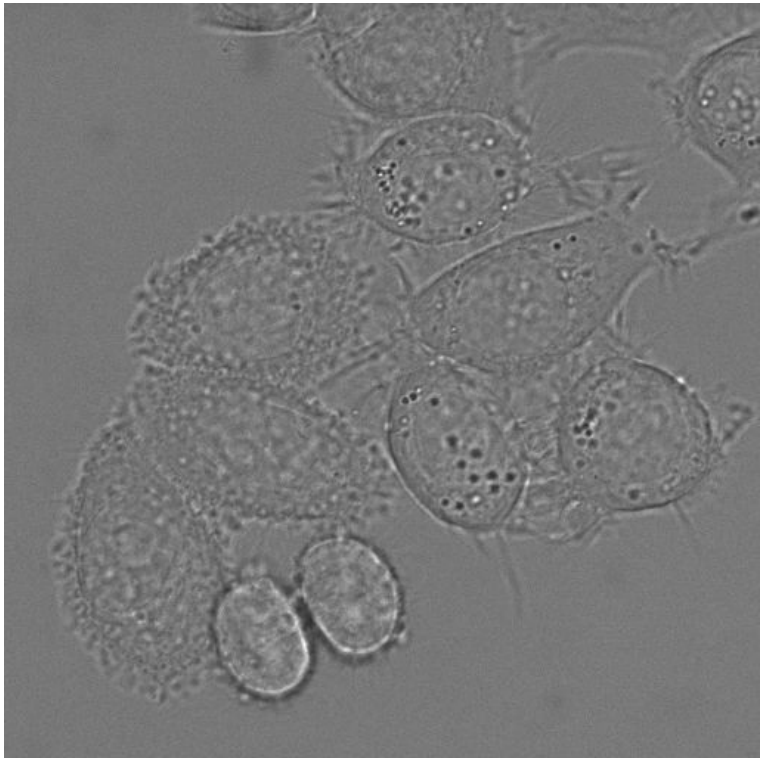
1. Motivace
2. Implementácia
    a. Návrh
    b. Rozloženie práce
    c. Implementačná stránka
    d. Knižnica
    e. Exportér
    f. Data Explorer
3. Reálne využitie
    a. GUI
    b. Analýza
4. Co dál?
    a. Rozšíriteľnosť
    b. Cell Tracking Challenge

Motivace

Deskriptory mohou být velmi užitečné:

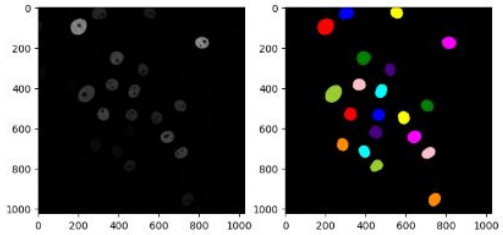
- tracking
- fingerprinting
- klasifikace
- detekce outlierů
- pozorování života buňky

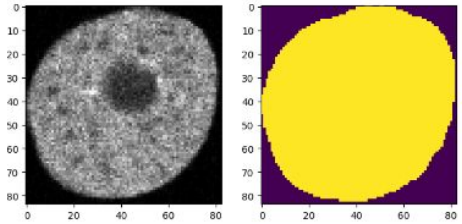
- těžké určit, které mohou být užitečné
- výpočet je časově náročný
- možnosť offline analýzy na predpočítaných dátach



Implementácia

contrast: 1003.0380
dissimilarity: 24.9026
homogeneity: 0.0535
ASM: 0.0010
energy: 0.0311
correlation: 0.5716
entropy: 7.2952
max: 0.0029





```
data
- imgs
- masks
```

Exporter

Descriptors

```
frame 01
- cell_id 12
    - img
    - mask
- cell_id 13
    -img
    -mask
- descriptos.json
```

```
GetDescriptors(cell_id, frame)
GetDescriptorTimeline(cell_id)
GetCellTimeline(cell_id)
GetAllCelsInFrame(frame)
```

Data explorer

Analysis

GUI

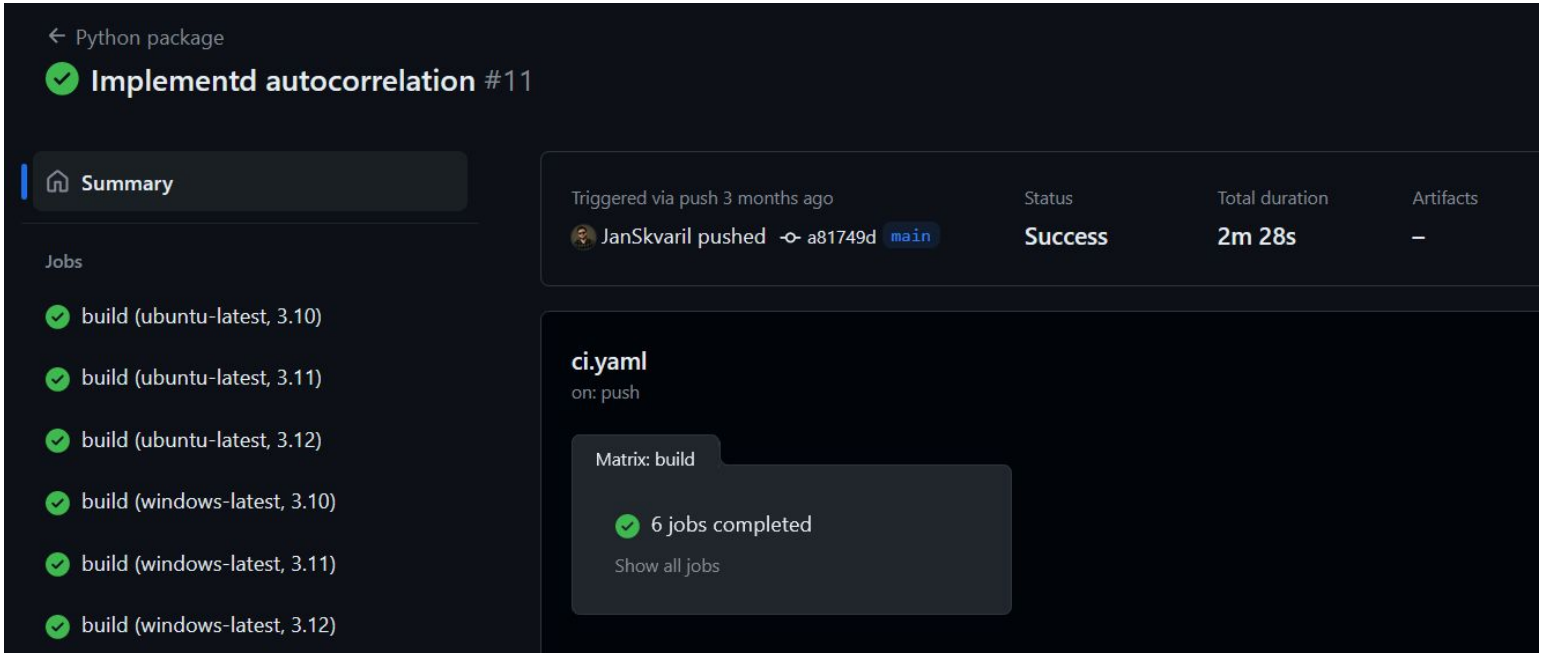
Slow computation

Fast analysis


data
- imgs
- masks
Exporter
Descriptors
frame 01
- cell_id 12
- img
- mask
- cell_id 13
-img
-mask
- descriptos.json
Data explorer
Analysis
GUI

Implementačná stránka

- Python package
- knihovna s modulmi
- možnosť importovať a používať
- CI (automatické testy na commit)
- dokumentácia (in progress)

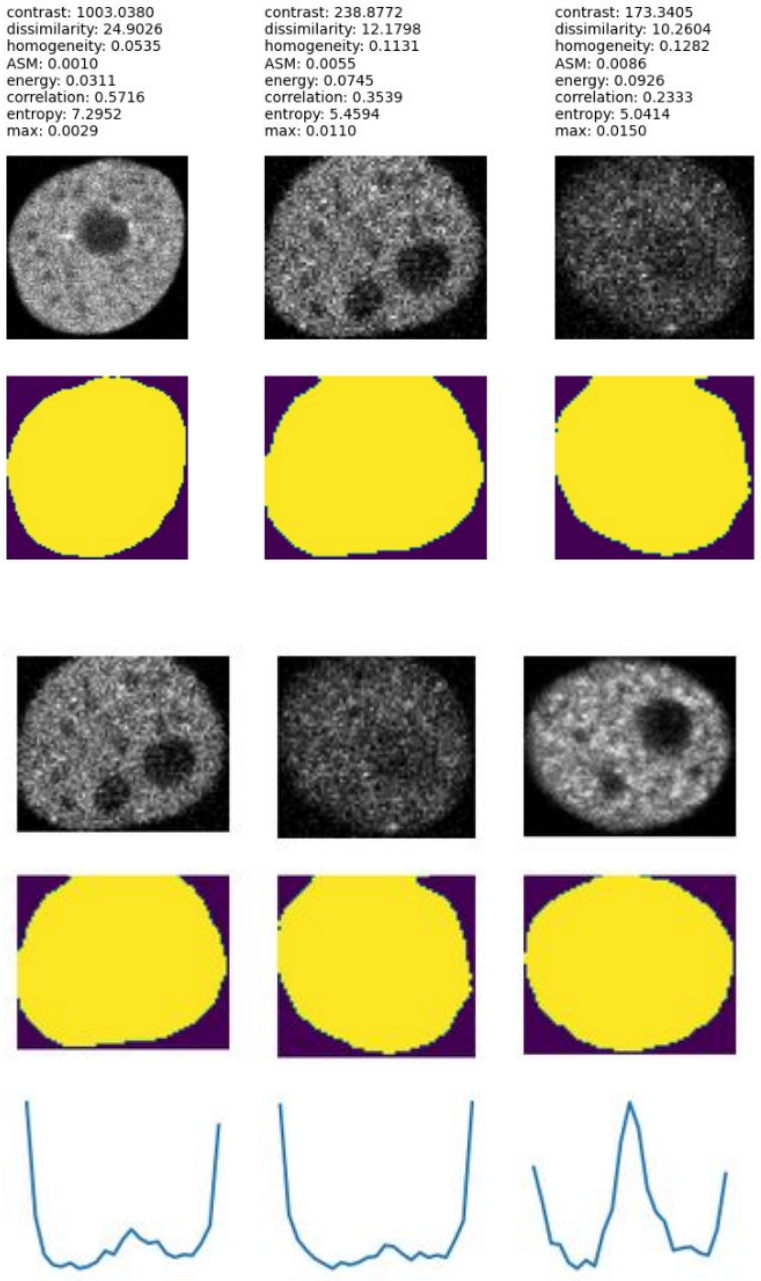


Knihovna deskriptorů

~50 různých deskriptorů

- maskové
- histogramové
- momenty (centrální, hu)
- local binary patterns
- textura
  - GLCM, Gabor filtry,...
- morfologické
  - granulometria
- autokorelace, power spektrum, …

Snadné rozšířit o další deskriptory



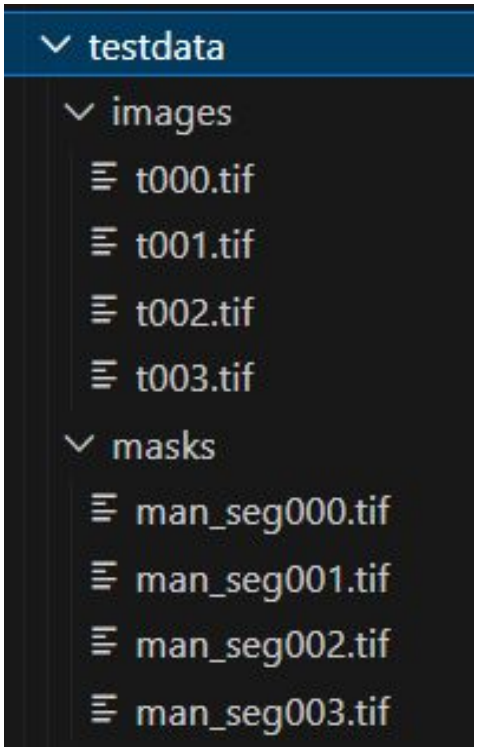
Exportér

- predpripravenie dát pre analýzu
- 2 možnosti vstupu (dir / .tiff)
- 2 možnosti výstupu (.json / .pkl)
- spustenie skriptu:

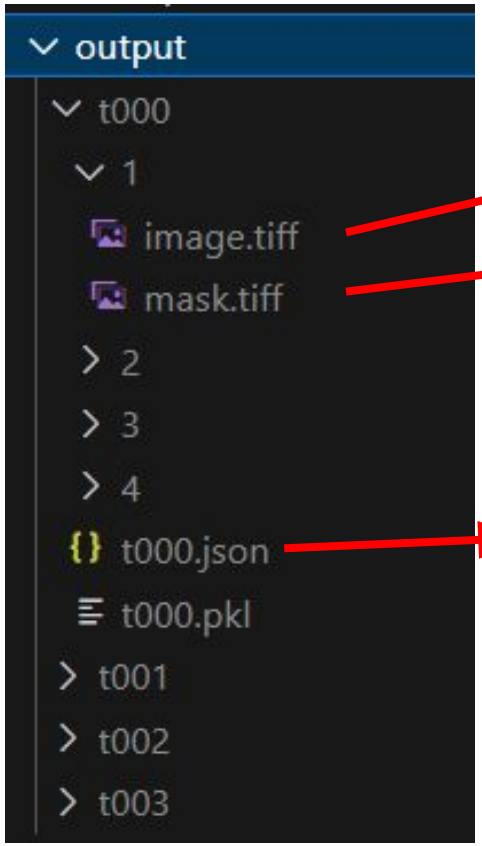
```
python ./src/DescriptorLibUtils/export.py "./tests/testdata/images"
"./tests/testdata/masks"
```

- spustí výpočet deskriptorov na všetkých bunkách
- pomalý, ale následná analýza rýchlejšia
  - paralelizácia

VSTUP:



VÝSTUP:



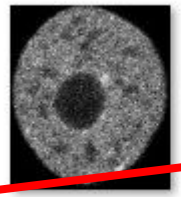
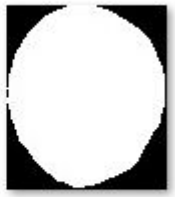
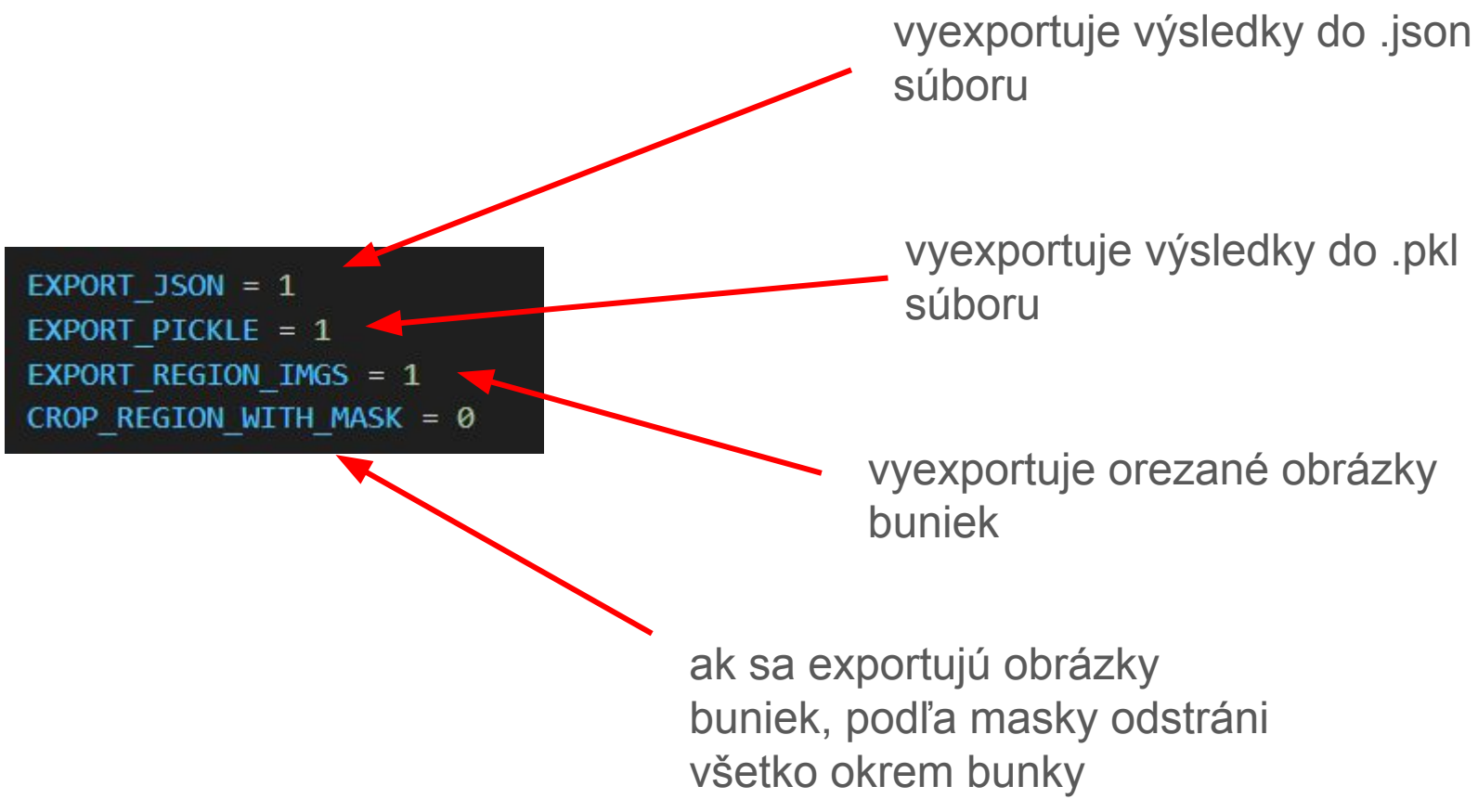


image.tiff



mask.tiff


EXPORT_JSON = 1
EXPORT_PICKLE = 1
EXPORT_REGION_IMGS = 1
CROP_REGION_WITH_MASK = 0
vyexportuje výsledky do .json súboru
vyexportuje výsledky do .pkl súboru
vyexportuje orezané obrázky buniek
ak sa exportujú obrázky buniek, podľa masky odstráni všetko okrem bunky

Data Explorer

Slouží pro **usnadnění a zrychlení** analýzy vyexportovaných dat

Přívětivé programové rozhraní pro práci s adresářovou strukturou

```
from DescriptorLibUtils import DataExplorer

de = DataExplorer("../output/")
```

Id všech buňěk ve snímku 0:

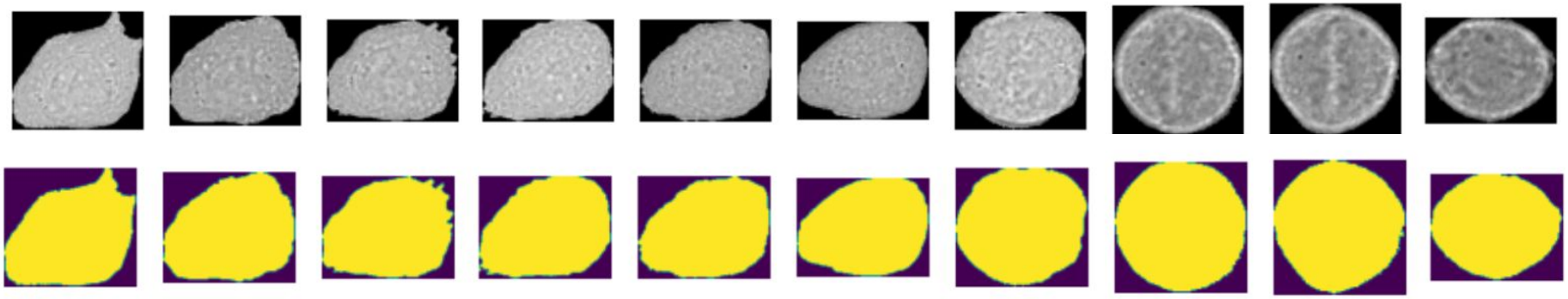
```
In [381]:
de.GetAllCellsInFrame(0)

Out[381]:
dict_keys([1, 5, 7, 11, 15, 19, 23, 27, 32, 34])
```

Data Explorer

Časová linka jedné konkrétní buňky:

```
imgs, masks = de.GetCellTimeline(cell_id)
```



Descriptor konkrétní buňky ve snímku 0:

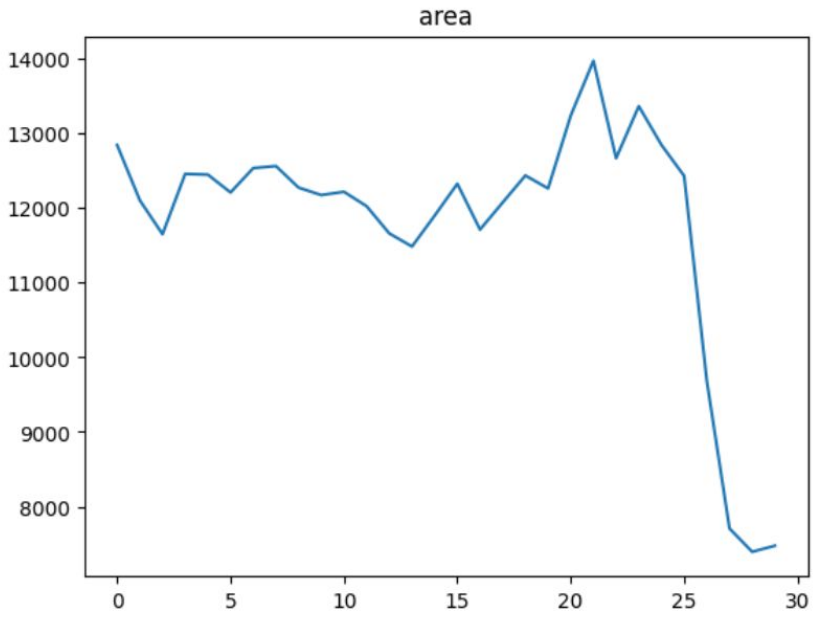
```
de.GetDescriptorsForCell(0,cell_id)["Mask descriptors"]
```

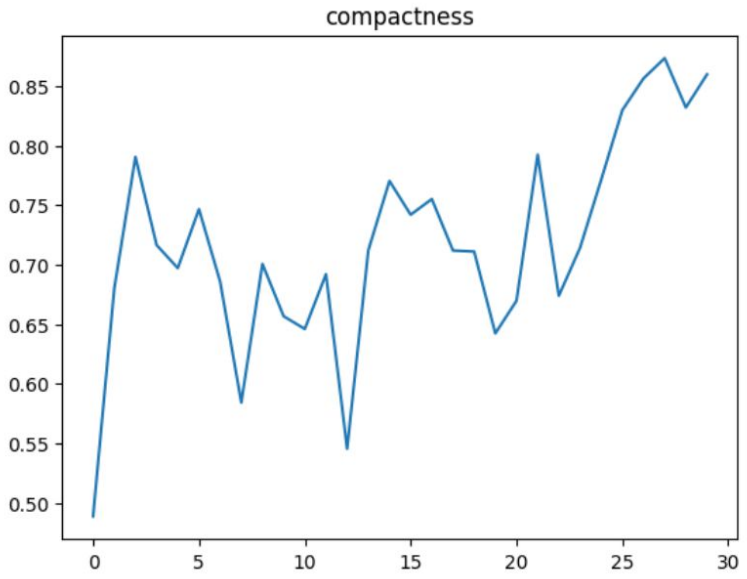
```
'elongation': 0.8187134502923976,
'compactness': 0.4886118299704431 7,
'circularity': 0.6127187335317562,
'convexity': 0.892999898232536 6})
```

Data Explorer

Časová linka descriptoru po celý život buňky

```
mask_timeline = de.GetCellDescriptorTimeline(cell_id, "Mask descriptors")
```

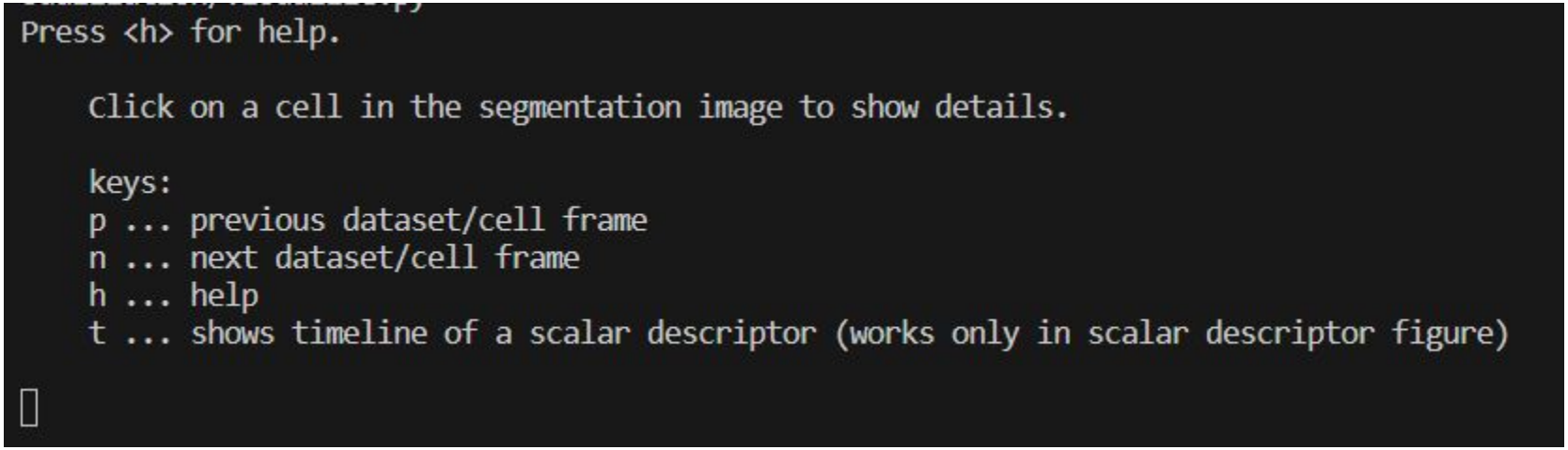




Reálne využitie knižnice

GUI

- nástroj na vizualizáciu datasetu a deskriptorov buniek v ňom
- jednoduché zobrazenie dát bez programovania
- Matplot
- ovládanie klávesnicou a myšou



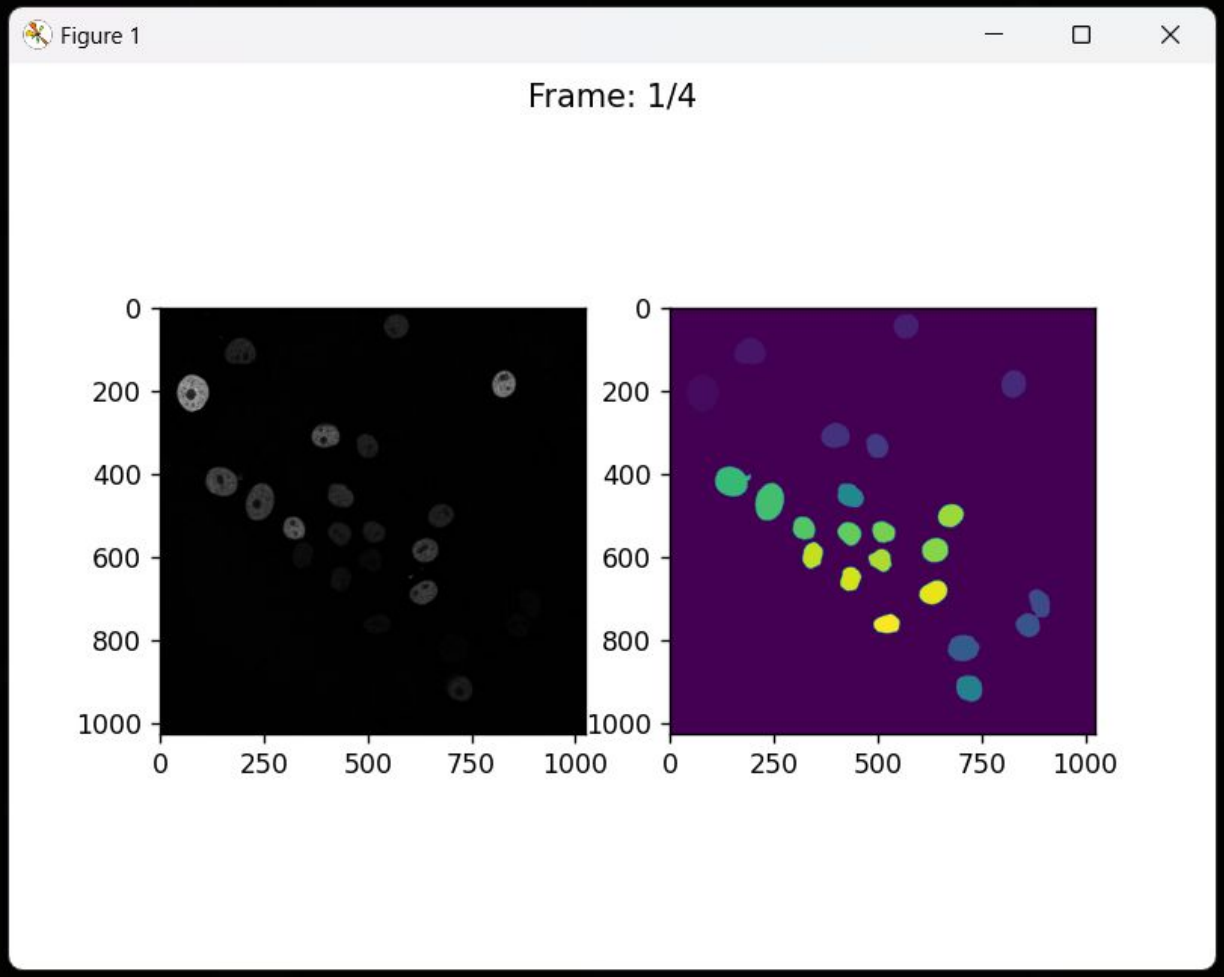


Figure 1
Frame: 1/4
0
200
400
600
800
1000
0
250
500
750
1000
0
200
400
600
800
1000
0
250
500
750
1000

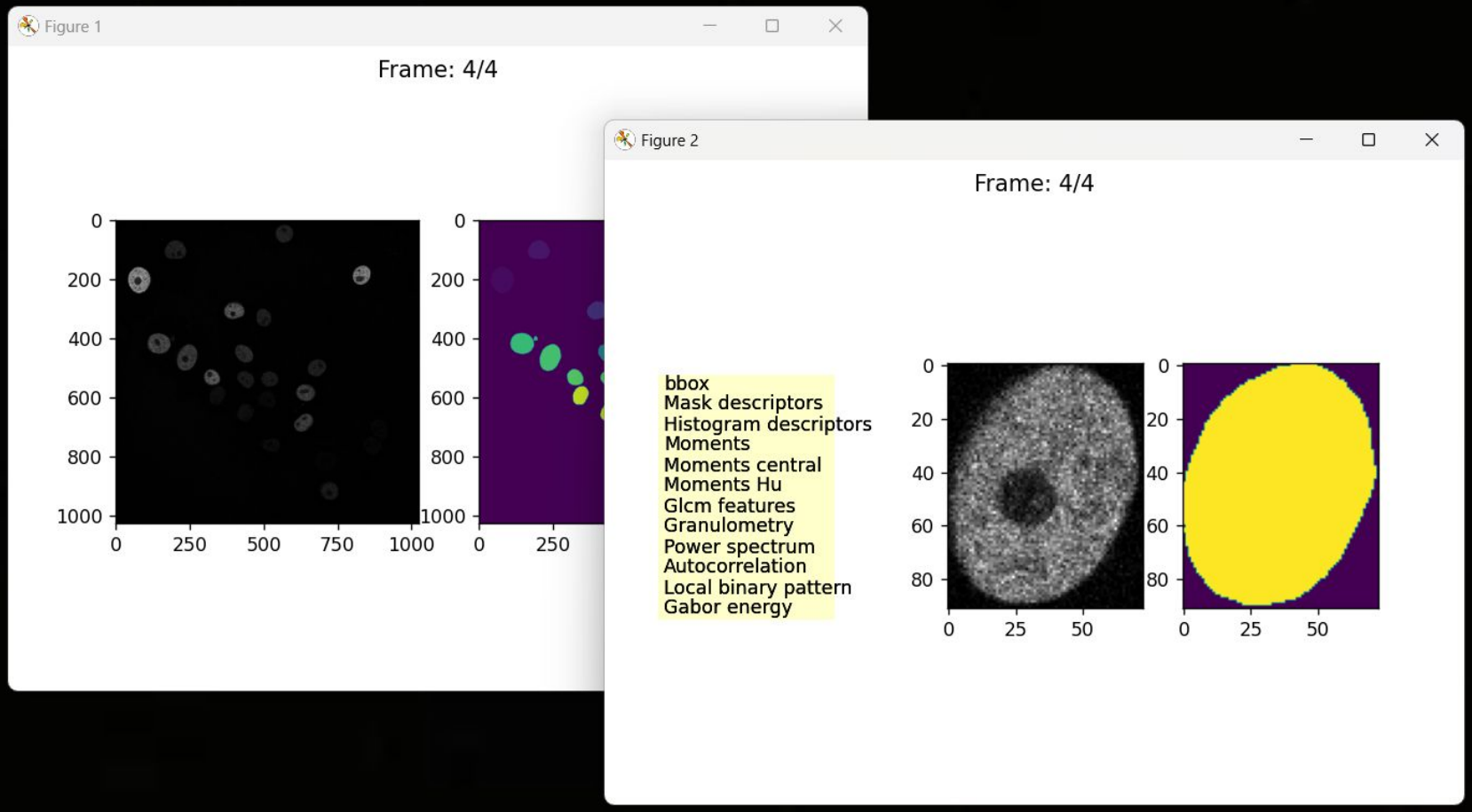


Figure 1
Frame: 4/4
0
200
400
600
800
1000
0
250
500
750
1000
Figure 2
Frame: 4/4
bbox
Mask descriptors
Histogram descriptors
Moments
Moments central
Moments Hu
Glcm features
Granulometry
Power spectrum
Autocorrelation
Local binary pattern
Gabor energy
0
20
40
60
80
0
25
50

Figure 1

Frame: 4/4

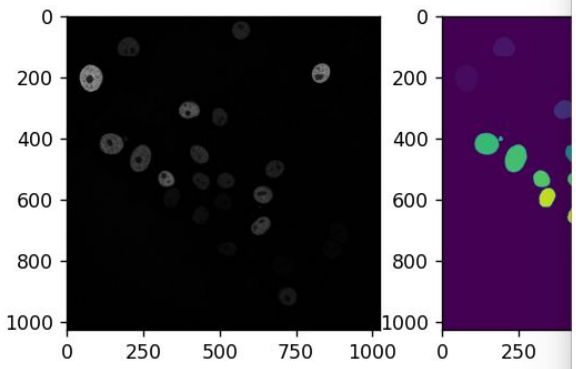


Figure 2

Frame: 4/4

bbox
Mask descriptors
Histogram descriptors
Moments
Moments central
Moments Hu
Glcm features
Granulometry
Power spectrum
Autocorrelation
Local binary pattern
Gabor energy

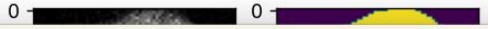


Figure 3

area	5481
perimeter	277.6639969244288
convex_perimeter	276.8355697996826
major_axis	89.72249474846863
minor_axis	77.8740439161145
bbox_size	7360
elongation	1.15
compactness	0.8933682714718519
circularity	0.8987230592615821
convexity	0.9970164402518068

Figure 4

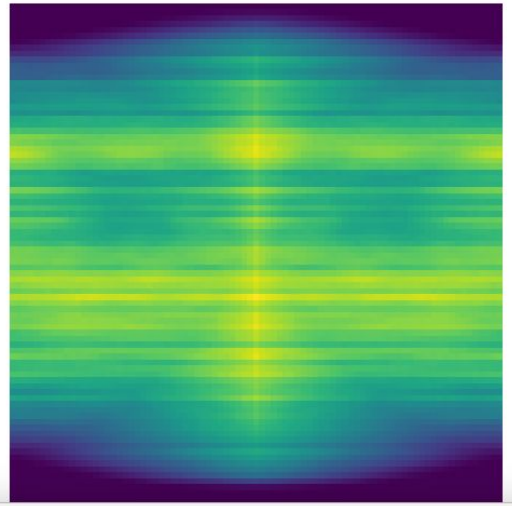


Figure 2

Frame: 4/4

bbox
Mask descriptors
Histogram descriptors
Moments
Moments central
Moments Hu
Glcm features
Granulometry
Power spectrum
Autocorrelation
Local binary pattern
Gabor energy

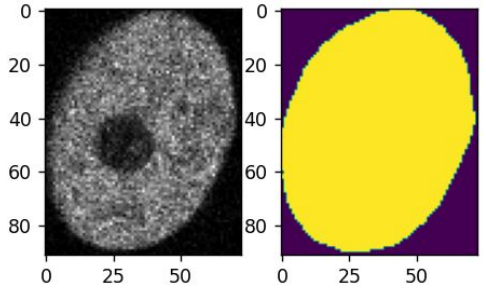


Figure 1

Frame: 4/4

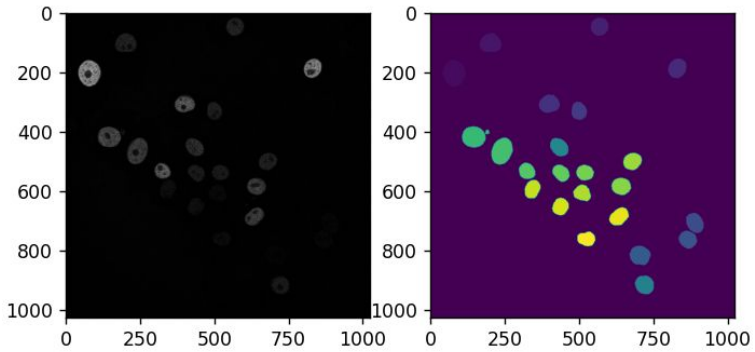


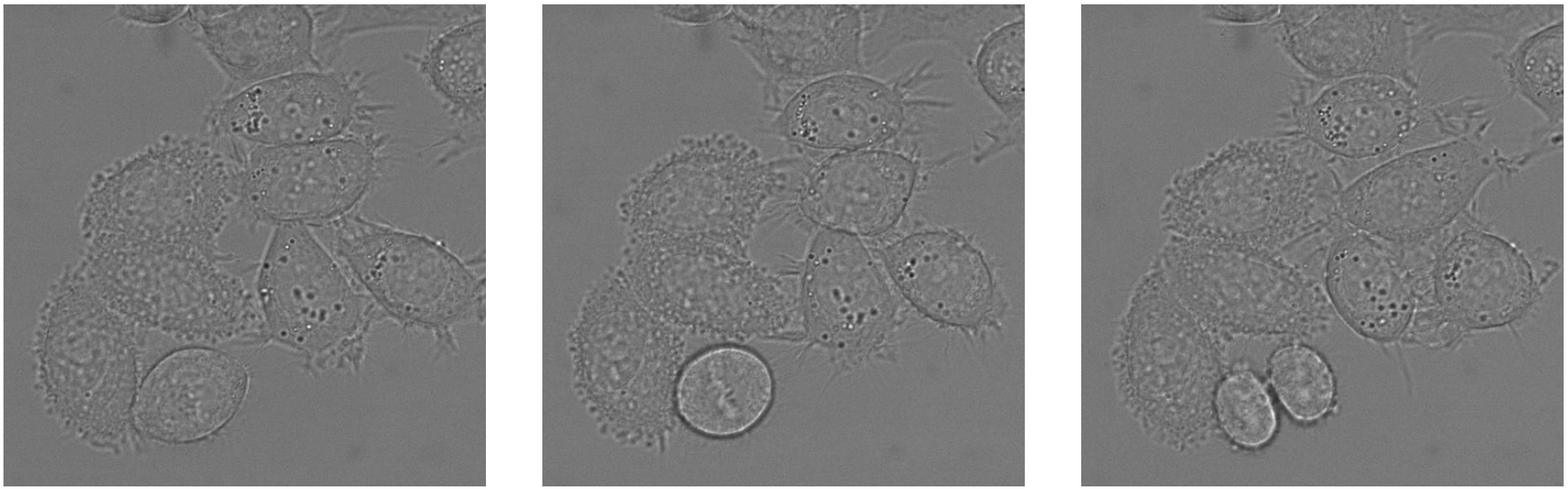
Figure 3

area	5481
perimeter	277.6639969244288
convex_perimeter	276.8355697996826
major_axis	89.72249474846863
minor_axis	77.8740439161145
bbox_size	7360
elongation	1.15
compactness	0.8933682714718519
circularity	0.8987230592615821
convexity	0.9970164402518068

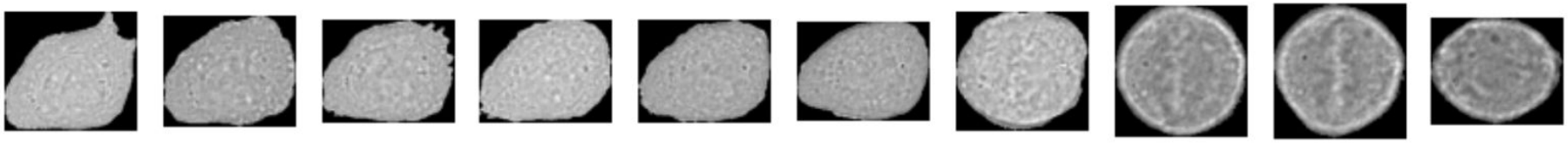
Analýza

Knihovnu lze použít pro velmi snadnou analýzu různých deskriptorů v čase.

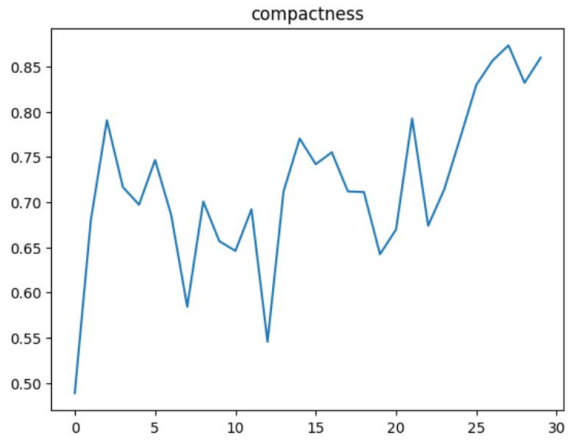
Jako příklad jsme vyzkoušeli analýzu události, kdy se buňka dělí - dochází k **mitóze**

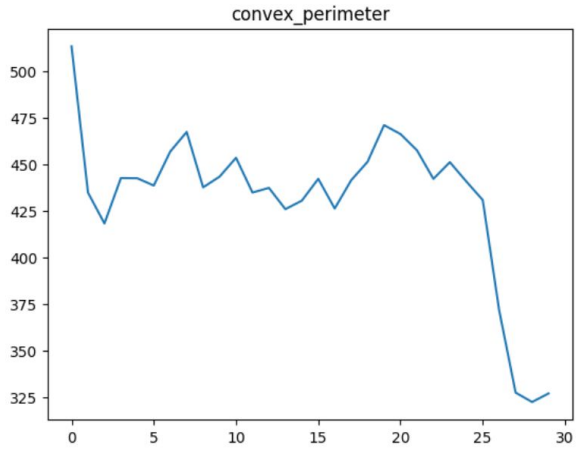


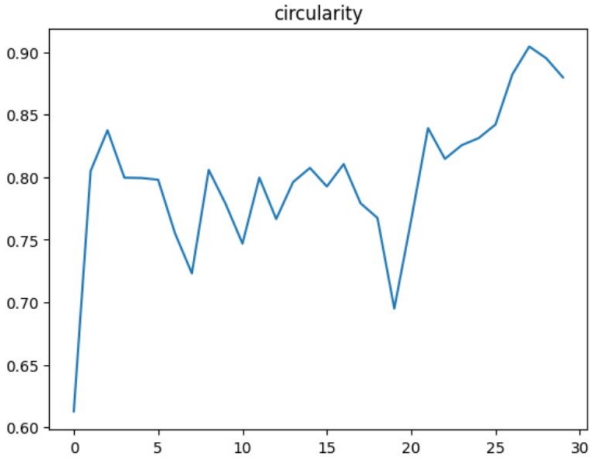
Dataset DIC-C2DH-HeLa

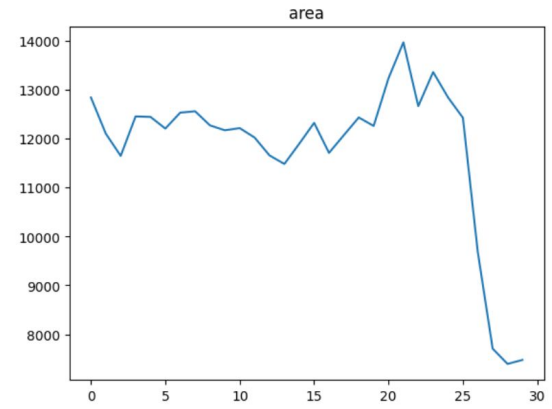


Analýza - deskriptory masky

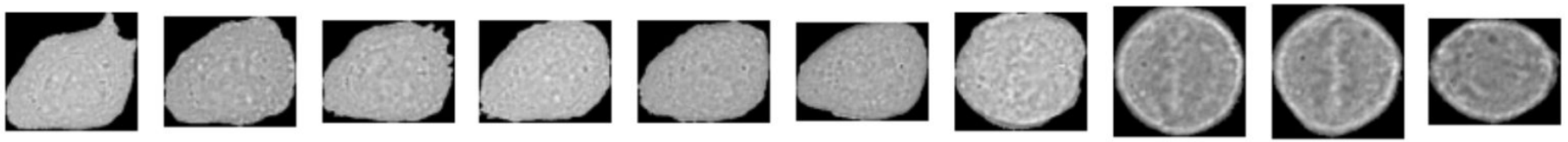


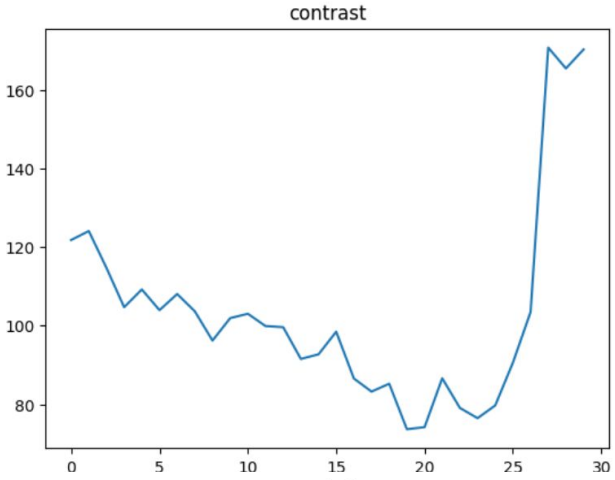


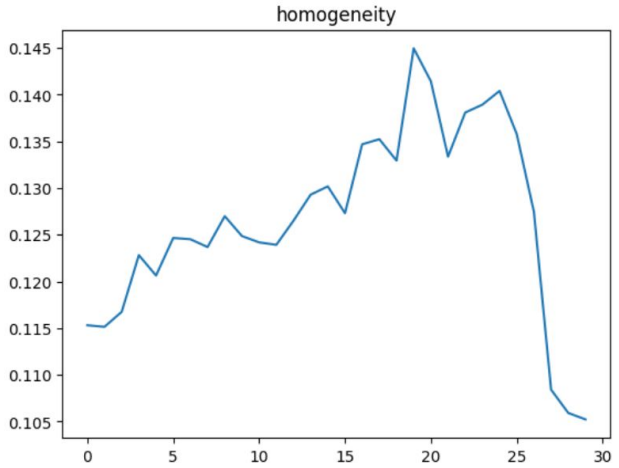


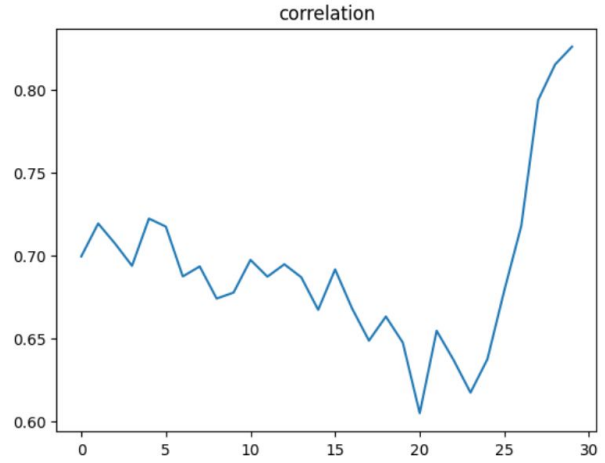


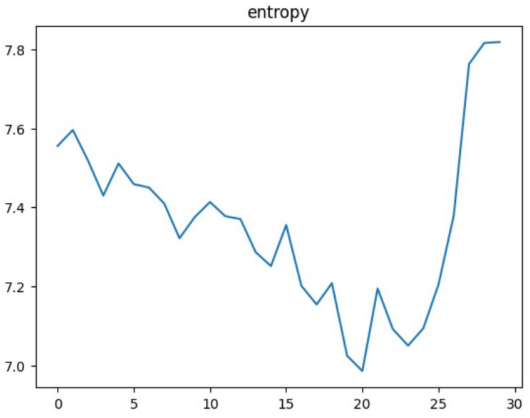
Analýza - textura



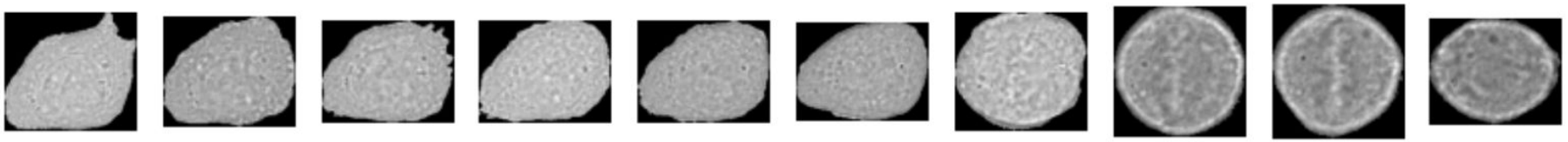


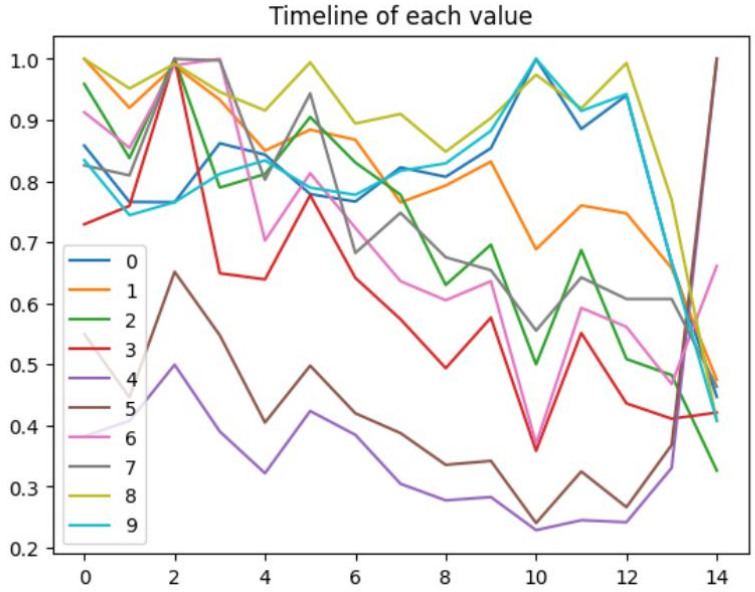


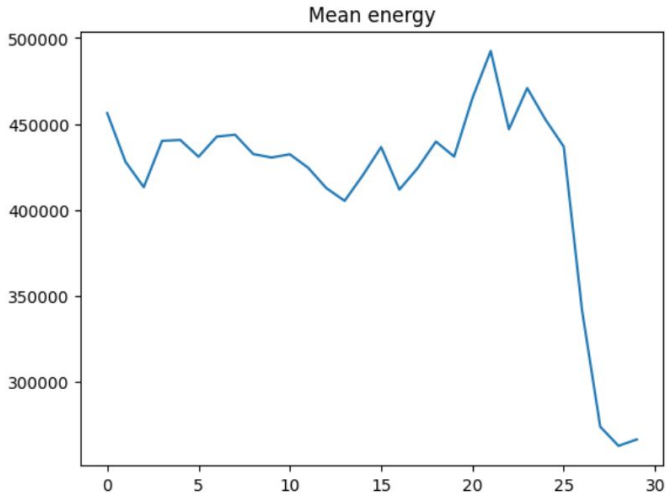




Analýza - další příklady

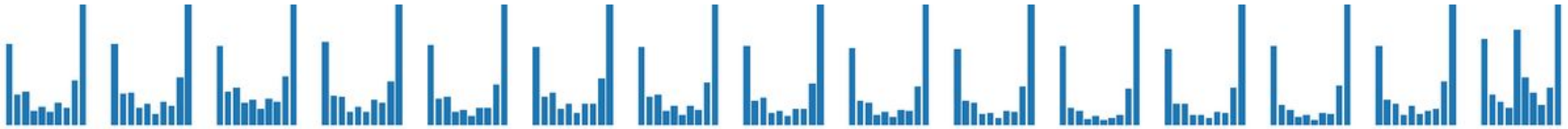






Průměrná hodnota energie odezvy banky gabor filtrů

Local binary patterns - vývoj různých hodnot



Co dál?

Rozšíriteľnosť

- pridávanie deskriptorov
- exportér doplniť o možnosť vybrať si exportované deskriptory
- exportér doplniť o flagy
  - výber exportu do JSON/pickle
  - nastavenie rovnakého rozlíšenia exportovaných obrázkov
  - orezávanie hodnôt podľa masky
  - …
- paralelizácia výpočtov v exportéri
- rozšírenie o 3D, 3D + t
- viac testov
- lepšia dokumentácia
- možnosť inštalácie cez pip z repozitára

Cell Tracking Challenge

- zlepšenie trackovania buniek
- detekcia mitózy (a iných udalostí)
- analýza pomocou vizualizačných nástrojov
- mohol by byť užitočný nástroj pre súťažiacich

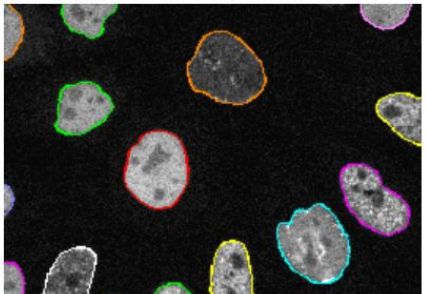
CELL TRACKING CHALLENGE

Participation Datasets Latest Results More Details News

Welcome

Segmenting and tracking moving cells in time-lapse sequences is a challenging task, required for many applications in both scientific and industrial settings. Properly characterizing how cells change their shapes and move as they interact with their surrounding environment is key to understanding the mechanobiology of cell migration and its multiple implications in both normal tissue development and many diseases.

In this challenge, we objectively compare and evaluate state-of-the-art whole-cell and nucleus segmentation and tracking methods using both real and computer-generated (2D and 3D) time-lapse microscopy videos of cells and nuclei. With over a decade-long history and three detailed analyses of its results published in Bioinformatics



Zhrnutie

- vytvorenie nástroja na analýzu
- implementácia asi 50 deskriptorov
- GUI nástroj pre jednoduchý prehľad deskriptorov daných buniek
- analýza udalostí v datasetoch