

Entrega 3.Herramientas para Procesamiento de Imágenes

Santiago Villalba
Universidad de los Andes
Cra. 1 18a 12, Bogotá, Colombia
sh.villalba@uniandes.edu.co

Nicolás Garnica
Universidad de los Andes
Cra. 1 18a 12, Bogotá, Colombia
pn.garnicar@uniandes.edu.co

1. Preprocesamiento de Imágenes

1.1. Metodología.

El preprocesamiento de las imagenes consta de 4 pasos fundamentales. El primero, es la eliminación del ruido sal pimienta por medio de un filtro mediano usando la función `cv2.medianBlur`, ya que esta facilita dicho proceso en una sola linea de codigo. El segundo, se convierte cada imagen a escala de grises, para poder binarizar la imagen. El tercero, busca binarizar la imagen y se escogio el metodo de selección de umbrales realizado en una entrega previa(Miniproyecto 1 entrega 2), dado que este permite buenos resultados de segmentación de manera eficiente, efectiva e iterativa para cada imagen (de acuerdo a la entrega 1 del miniproyecto 1) con umbral superior igual a 0.55 y umbral inferior a 0.3 .Finalmente, se aplico una erosión para eliminar los puntos restantes de la imagen, seguido de una dilatación para restaurar los elementos contenidos en la imagen binarizada a un tamaño aproximado al original.

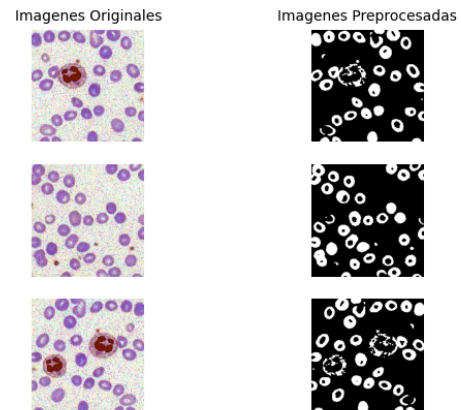


Figure 2. Subplot Imagenes preprocesadas.

Como se pudo ver en la figura 2, los resultados obtenidos obedecen a lo explicado previamente en la metodologia y se asemejan al resultado esperado.

1.2. ¿Qué mejoras evidencia en las imágenes tras realizar su preprocesamiento? ¿A qué partes de su método atribuye cada una de estas mejoras?

Se pueden evidenciar dos mejoras significativas. La primera hace referencia a la obtención de una imagen nítida sin un ruido (Sal pimienta) que puede afectar la binarización, esto se obtiene gracias a la aplicación de un filtro mediano. La segunda obedece a la eliminación del ruido de pequeños puntos blancos que no fueron posibles de remover, por medio del filtro mediano, mediante la aplicación de una erosión seguida de una dilatación, resultando en una binarización limpia donde unicamente obtenemos con el valor de uno los elementos de interes.

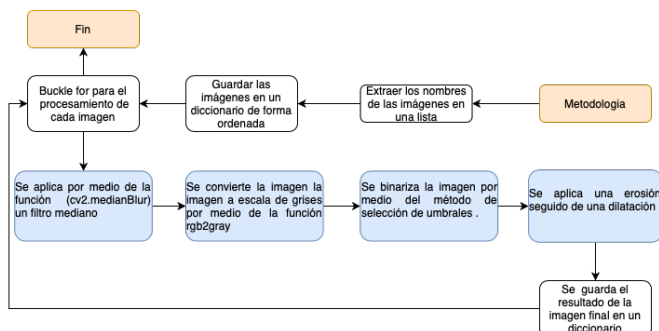


Figure 1. Diagrama de flujo del algoritmo, definido para el pre-procesamiento.

2. Rellenado de huecos

2.1. ¿Cuál es la condición de parada para la dilatación geodésica?

La condición de parada para la dilatación geodesica, como se vio en clase, es que el marcador que se asigno(h1) no cambie el resultado y sea igual terminando de esta manera las interacciones.

2.2. ¿Qué otro método podría utilizar para hacer el relleno de huecos? Describa las limitaciones, ventajas y desventajas del método que implementó y el otro método.

Podría utilizarse también el método de watersheds, en el cual se podría separar el fondo y posteriormente hallar el complemento de la imagen resultante para rellenar los huecos. La principal desventaja del método de dilatación geodésica es que aquellos glóbulos rojos que se encuentran justo al borde de la imagen, en donde su centro es de intensidad 0 y esta también pegado al borde, no podrán ser rellenados por el algoritmo ya que los tomará como el punto de arranque para la dilatación, por lo tanto estas estructuras que se encuentren al borde de la imagen, no serán rellenadas. En la Figura 3. se puede observar el resultado del nuestro algoritmo de dilatación geodesica para relleno de huecos.

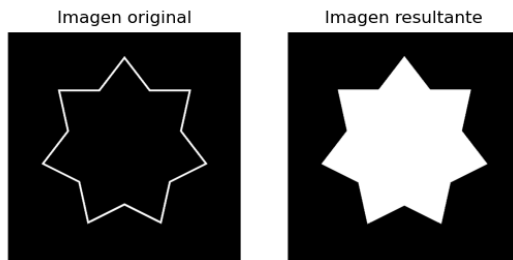


Figure 3. Imagen de la estrella antes y después de ser rellenada con el algoritmo utilizado.

Dado que la estrella no tenía un punto de partida en el borde para poder dilatarlo, este debió ser agregado de forma manual. Se agregó un borde de un pixel de ancho todos con valor 1, alrededor de toda la imagen, esto solucionó el problema de arranque para el algoritmo, sin embargo, el tiempo de convergencia para llegar a la condición de parada es muy largo. Posterior a esto, decidimos probar nuestro algoritmo en la primera imagen de la base de datos. La Figura 4. muestra los resultados que obtuvimos.

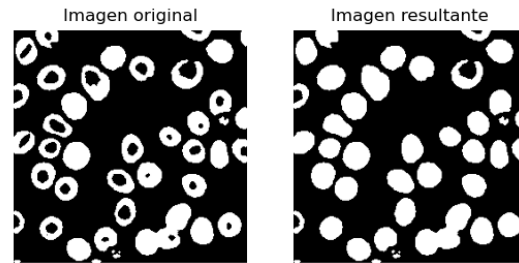


Figure 4. Primera imagen de la base de datos procesada con nuestro algoritmo.

Con esta imagen nos dimos cuenta que las estructuras celulares que tenían huecos y se encontraban al borde, no pudieron ser rellenadas por nuestro algoritmo. Adicional a esto, nos dimos cuenta que las estructuras que no están cerradas o que no contienen un agujero encerrado, tampoco pueden ser rellenadas.

2.3. Haga un análisis teniendo en cuenta los resultados cuantitativos y cualitativos. ¿Cómo se ven afectados los resultados al incluir el relleno de huecos?

Imagen	Pre-procesamiento	Pre-Procesamiento + relleno
1	71,82%	81,21%
2	65,33%	73,94%
3	70,54%	79,33%
4	67,41%	76,30%
5	67,47%	73,84%
6	72,69%	82,05%
7	74,14%	82,58%
8	68,23%	76,02%
9	67,65%	74,44%
10	62,11%	70,24%
Promedio	68,74%	77,00%
Desviación	0,0362	0,0412

Figure 5. Índice de Jaccard comparando ambas metodologías con las imágenes segmentadas correctamente.

Teniendo en cuenta los resultados presentados en la Figura 5. Consideramos que si tiene un impacto el relleno de huecos sobre la segmentación de los glóbulos rojos del fondo. Sin embargo, los resultados muestran que el mayor impacto sobre el desempeño de la segmentación, se basa en la metodología propuesta en el pre-procesado de

las imágenes, en especial al conseguir eliminar los globulos blancos de la imagen. De esta forma concluimos que la metodología que utilizamos no elimino por completo los globulos blancos de la imagen, dejando rastros de pixeles con valor de 1 adicionales a los pixeles de los globulos rojos, los cuales fueron dilatados por nuestro algoritmo, afectando por consiguiente los resultados tanto cuantitativos como cualitativos. La metodología de pre-procesamiento tambien pudo haber eliminado algunos globulos rojos en un intento por eliminar unicamente los globulos blancos, pues escoger el umbral indicado podria haber tomado mucho mas tiempo para aislar unicamente los globulos rojos sin perder información.

2.4. ¿Cree que esta forma de calcular el hematocrito tiene sentido? ¿Tienen sentido biológico los valores obtenidos mediante su método, con respecto a los valores normales reportados en literatura? ¿Qué limitaciones tendría hacer este cálculo con las imágenes respecto a un estudio de laboratorio?

Imagen	%Hematocrito predic	%Hematocrito anot
1	31%	35%
2	23%	27%
3	24%	30%
4	32%	35%
5	25%	29%
6	24%	28%
7	24%	29%
8	26%	31%
9	25%	29%
10	24%	27%
MSE		0,00283

Figure 6. Hematocrito obtenido con las imágenes predichas y las imágenes de anotación

Teniendo en cuenta los resultados de la Figura 6. La proporción de hematocrito fue menor en general para las imágenes predichas que para las imágenes de anotación. Esto puede deberse a que se perdio informacion de los globulos rojos cuando se realizo el pre-procesamiento de las imágenes, en donde creemos que se pudieron haber eliminado algunos globulos rojos por error de la escogencia en los umbrales. Considerar el hematocrito como los pixeles que pertenecen a los globulos rojos, dividido entre el total de los píxeles, tiene sus consecuencias, ya que es posible que algunos eritrocitos se encuentren sobrelapados, lo que quiere decir que la cantidad de pixeles no representaria la totalidad de unidades que deberian representar los eritrocitos contenidos en la imagen. En otras palabras, se estaria asumiendo que los globulos rojos sobrelapados solo aportan

al hematocrito la parte que se puede contabilizar en una imagen 2D. De la misma manera se podria decir que los globulos rojos que se encuentren en los bordes de la imagen, no serian del todo contados para realizar el conteo del hematocrito. El porcentaje de hematocrito obtenido por medio de la metodología de cuenta de píxeles dio como resultado valores similares a un hematocrito muy bajo, dado que los valores normales oscilan entre 36% y 45% para mujeres y 38% y 48% para hombres [1]. Por lo tanto, para comparar estos datos, necesitaríamos comparar con datos biológicos reales para establecer si el hematocrito que se registro en las muestras de las imágenes que procesamos, son similares a los que obtuvimos con la metodología propuesta en este informe.

3. Curva de Precisión y Cobertura

Para construir una curva de precisión y cobertura se deben obtener y graficar estos valores a partir de una predicción para un valor de confianza establecido, para luego realizar el mismo proceso con diferentes valores de confianza y de esta manera construir la curva.

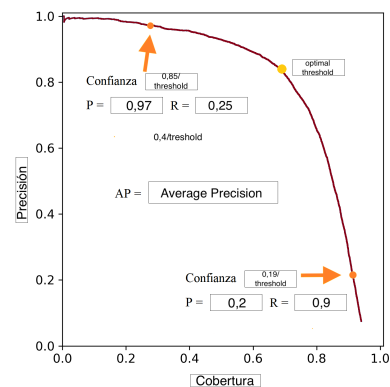


Figure 7. curva de precisión y cobertura.

3.1. Curva de precisión y cobertura

Para generar la grafica cobertura precisión para cada umbral de Jaccard, fue necesario calcular los valores de TP, FP y FN, para cada umbral (Para ello se utilizo un algoritmo basado en la entrega 1 del miniproyecto 3 del algoritmo del semestre pasado) y asi entrar a calcular la precisión y cobertura para cada valor de confianza. Obteniendo como resultado la figura que se muestra a continuación:

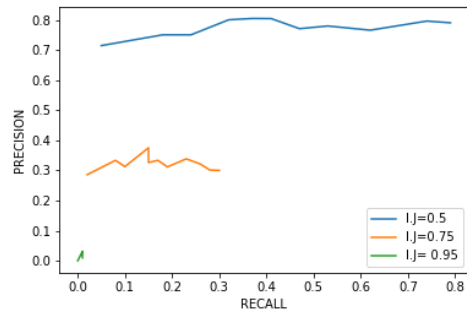


Figure 8. curva de precisión y cobertura.

Se puede deducir que a medida que se disminuye el umbral de Jaccard, aumenta la precisión y el recall. Se puede interpretar que la curva donde el umbral de Jaccard es mas alto esta siendo mas exacta, que respecto a los umbrales mas bajos ya que no permite errores por lo que resulta en un valor de precisión y recall más bajos.

Umbral	F1score max
0.95	0.015
0.75	0.30
0.5	0.79

Se calculó el F1score para cada uno de los umbrales haciendo uso de la siguiente formula:

$$F1score = \frac{2 * Precisión * Cobertura}{Precisión + Cobertura}$$

Calculando el promedio de las precisiones de cada uno de los umbrales obtenemos:

Umbral	Promedio Precisión
0.95	0.014
0.75	0.321
0.5	0.774

Se pueden evidenciar diferencias entre los resultados de el F1score y el promedio de las precisiones. Estas obedecen a que el umbral de 0.95 hace que sea mas restrictivo el calculo de precisión y cobertura, mientras los demas umbrales son mas propensas a que contengan una cantidad mayor de valores positivos.

De igual manera, la ventaja de utilizar dos metricas (precisión y cobertura) obedece a que se puede evaluar el rendimiento de un modelo de clasificación en función de estas dos y no por medio de una donde solo se analizaria una metrica sin observar el efecto de la otra sobre el modelo.[2]

Una curva perfecta es una curva que tiende a la esquina superior derecha del grafico, puesto que alli se tendria un modelo con precisión y cobertura perfecta. Por otra parte una predicción aleatoria se veria una curva con ruido que

tiende a descender rapidamente, dado que la cobertura se veria drasticamente afectada en dicha predicción.[3]

References

- [1] M. Clinic, "Análisis de hematocrito," 2019. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es-es/tests-procedures/hematocrit/about/pac-20384728#:~:text=Por%20lo%20general%2C%20se%20considera,a%2044%2C9%20por%20ciento>
- [2] shruti saxena, "Precision vs recall," 2018. [Online]. Available: <https://medium.com/@shrutisaxena0617/precision-vs-recall-386cf9f89488#:~:text=Precision%20and%20recall%20are%20two,correctly%20classified%20by%20your%20algorithm.>
- [3] machinelearningmastery, "How to use learning curves to diagnose machine learning model performance," 2019. [Online]. Available: <https://machinelearningmastery.com/learning-curves-for-diagnosing-machine-learning-model-performance/>

Realizado en L^AT_EX