
Proyecto 3:

Herramientas para Procesamiento de Imágenes

1. Objetivos

- Comprender la utilidad de la morfología matemática en un contexto práctico.
- Familiarizarse con las librerías de Python para el procesamiento de imágenes.

2. Parámetros de entrega

Entrega por Brightspace:

- Adjuntar un único archivo con los códigos de la siguiente forma:
main_CódigoEstudiante1_CódigoEstudiante2.py. **Es obligatoria la entrega de un script .py.** **NO** se recibirán archivos dcon otra extensión). Su entrega conllevará una penalización sobre la calificación final del proyecto.
 - El código enviado debe tener una longitud máxima de 500 líneas. Se generará una penalización sobre la calificación final de cada entrega por cada 10 líneas adicionales. Esto con el objetivo de promover el uso de estructuras iterativas y operaciones vectoriales, que aumenten la eficiencia de sus códigos (aspecto fundamental en tareas de programación).
- Adjuntar **TODO** el código que se entregó en el ítem anterior, en formato *.txt*. Llámelo de igual manera: *CódigoEstudiante1_CódigoEstudiante2.txt*. Esto con el fin de poder evaluar en Brightspace automáticamente cualquier intento de copia o similitud entre los algoritmos. Cualquier intento de copia será tratado de acuerdo al reglamento de la Universidad. **Aquel grupo que no incluya este ítem en cualquiera de sus entregas tendrá una nota de 0 en la entrega que corresponda.**
- Adjuntar un único archivo con el informe en PDF con el mismo nombre del primer ítem: *CódigoEstudiante1_CódigoEstudiante2.pdf*. El informe debe presentarse con el formato CVPR (para más información del informe, ver sección de **Parámetros de calificación**).

- En el caso de que no tenga compañero, **DEBE** utilizar un cero como el código de su compañero, i.e. *main_CódigoEstudiante_0.py* para el archivo de código, *CódigoEstudiante_0.pdf* para el informe y *CódigoEstudiante_0.txt* para el archivo de texto.
- **NO** se permiten archivos comprimidos tales como *zip*, *rar*, *7z*, *tar*, *gz*, *xz*, *iso*, *cbz*, etc. Aquel grupo que envíe su informe como un archivo comprimido no tendrá calificación.
- No se recibirá ningún archivo por algún medio diferente a Brightspace.
- Este proyecto tiene una duración de dos semanas y está compuesto por dos entregas (una por semana). Estas se realizarán para las siguientes fechas:
 - Entrega 1: Domingo 11 de abril de 2021
 - Entrega 2: Domingo 18 de abril de 2021

El plazo de entrega será hasta las 7:59 p.m. de las fechas establecidas. El vínculo para el envío de los documentos dejará de estar disponible luego de esta hora. **No se recibirán documentos o archivos después de la hora máxima de entrega** (tenga en cuenta que la hora queda registrada en el envío de Brightspace). Cada estudiante tiene varios intentos en Brightspace para cada entrega, pueden hacer entregas parciales y se tendrá en cuenta únicamente el último intento para la calificación.

- Cada entrega del presente miniproyecto recibirá una calificación por separado. Estas contarán con los siguientes pesos sobre la nota final del curso:
 - Entrega 1: 5 %
 - Entrega 2: 5 %

3. Reglas generales

- La asistencia a la sección de laboratorio es **obligatoria**. De acuerdo con el Reglamento General de Estudiantes de Pregrado de la Universidad de los Andes, la inasistencia a más del 20 % de las clases de laboratorio resultará en la reprobación de la materia completa (laboratorio y magistral).
- Los informes deben realizarse **únicamente** con la pareja. Esto quiere decir que, aunque es válido discutir los problemas con sus compañeros, la solución y el código deben ser de su completa autoría. Está prohibido copiar literalmente el algoritmo y/o procedimiento desarrollado por otro grupo.
 - Si llega a obtener un código de Internet, asociado al problema a resolver, este debe estar **debidamente referenciado** y usted debe entenderlo por completo. Sin embargo, todos los ejercicios que requieren una implementación propia, deben ser de su completa autoría. En estos casos, no podrán tomar implementaciones (o partes) de un autor externo y referenciarlas.

4. Parámetros de calificación

Resultados:

1. Todos los códigos deben mantener orden y coherencia en la ejecución de comandos, es decir, cada vez que se muestre una figura, el programa debe esperar para que se presione una tecla, para así continuar con la siguiente y así sucesivamente (para esto utilice en Python `input("Press Enter to continue...")`). Si quieren contrastar dos o más imágenes utilicen `subplot`.
2. Toda figura debe estar numerada y debe llevar su título y descripción en el informe.
3. El código debe estar debidamente comentado.
4. Nunca utilice rutas absolutas para leer o guardar archivos. Este es el error más común en la ejecución de los códigos.
 - Para generar rutas utilice `os.path.join` en Python, ya que puede que corramos los laboratorios usando Linux o Windows y los separadores de archivos cambian dependiendo del sistema operativo.
 - Asuma que dentro de la carpeta de ejecución del código se encuentran los archivos necesarios para el laboratorio.
 - **Ejemplo:** Dentro del código principal, el estudiante quiere leer la imagen `im.png` que está dentro de una carpeta de imágenes en la misma ruta que el *main*.

Forma incorrecta:

```
skimage.io.imread('C:/Estudiante/docs/ElProyecto/ims/im.png')
```

Forma correcta:

```
skimage.io.imread(os.path.join('ims', 'im.png'))
```

Informe:

Todos los laboratorios deben realizarse en formato *L^AT_EX* o Word, pueden obtener una plantilla del formato en el siguiente vínculo. Cabe resaltar que los informes no deben contener ninguna sección de artículo científico, esto significa que no deben incluir ninguna división como resultados, *abstract* o conclusiones. Por consiguiente, **deben responder únicamente a las preguntas del informe, de forma organizada**. También, deben incluir las imágenes requeridas de sus resultados y documentarlas debidamente. Por último, el informe tiene una longitud máxima de 4 páginas, excluyendo referencias y anexos. Se pueden incluir imágenes en la sección de Anexos pero las imágenes principales deben ser parte del informe.

Bonos:

Cada pareja ganará puntos que le suben la nota por cumplir la siguiente característica:

1. Desarrollar el informe en \LaTeX . Aquellas personas que lo desarrollen en \LaTeX , deben escribir al final del informe **Realizado en \LaTeX** . De lo contrario no se contará el bono. Los grupos que intenten reproducir la frase en un informe realizado en Word tendrán 0 en la nota de dicho proyecto. Para poder escribir el logo utilice el comando " \LaTeX " en su informe de Latex.

Estos puntos se asignarán de acuerdo al criterio de las profesoras.

5. Definición del problema

El hemograma es un examen diagnóstico ampliamente utilizado para realizar conteo celular en muestras de sangre. Este examen incluye el cálculo del valor del hematocrito, que mide la proporción de glóbulos rojos en la sangre de un paciente y permite realizar el diagnóstico de anemia o policitemia (bajo y alto porcentaje de glóbulos rojos, respectivamente). En un centro de diagnóstico colombiano, se desea automatizar este cálculo mediante imágenes de microscopía.

Ustedes han sido contactados como representantes de la Universidad de los Andes para participar en un concurso en donde se presentarán las propuestas de metodologías para ser utilizada en el centro de diagnóstico en cuestión. Los datos que usará a lo largo de todo el miniproyecto los encontrará en el siguiente vínculo. Dentro de la carpeta `data_mp3/blood_cell_dataset`, encontrará la base de datos proporcionada por el centro de diagnóstico. Esta contiene 10 imágenes de microscopía que corresponden a diferentes células sanguíneas (dentro de `noisy_data`). Adicionalmente, le informan que el equipo de toma de imágenes sufrió un daño en el último mes y por tanto, las imágenes contienen ruido de un tipo desconocido para los funcionarios del centro.

A continuación, se encuentra una muestra de dos imágenes de microscopía y una guía visual, proporcionada por el centro de diagnóstico, para reconocer los tipos celulares presentes en las imágenes.

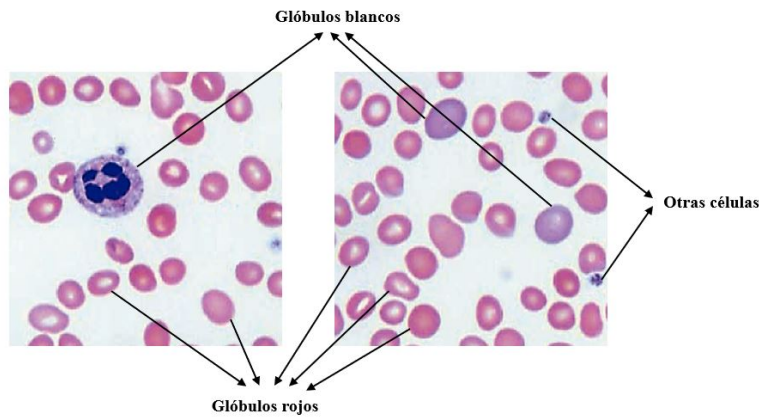


Figura 1: Guía visual para el reconocimiento de células sanguíneas.

El objetivo del presente miniproyecto es el desarrollo de dos métodos de segmentación de glóbulos rojos, mediante los cuales podamos aproximar el hematocrito de distintas muestras sanguíneas captadas en imágenes. Para evaluar estos procesos de segmentación, el centro de diagnóstico proporciona las anotaciones correspondientes a las imágenes de la base de datos (estas se encuentran dentro del directorio `blood_cell_dataset/groundtruth`). Una vez obtenidas una máscara de segmentación, estimarán el hematocrito mediante la proporción de píxeles correspondientes a los glóbulos rojos sobre cada imagen (muestra sanguínea).

$$Ht = \frac{\text{Volumen glóbulos rojos}}{\text{Volumen sangre total}} \approx \frac{\text{Píxeles glóbulos rojos}}{\text{Píxeles totales en imagen}}$$

6. Procedimiento Entrega 1

La primera entrega tiene como propósito desarrollar un primer método de segmentación. Para ello, utilizarán las herramientas vistas hasta el momento junto con una operación de morfología fundamental. Finalmente, realizarán la evaluación de un método de detección, alternativo para el cálculo del hematocrito.

6.1. Preprocesamiento de Imágenes (30 %)

La primera etapa en la metodología propuesta es el preprocesamiento de sus imágenes, que permitirá obtener imágenes más claras y aptas para su posterior análisis. El objetivo es obtener imágenes libres de ruido y binarias, que indiquen la posición espacial (marcada con un 1) de los glóbulos rojos en todas las imágenes de la base de datos, como se muestra en la Figura 2. Para este preprocesamiento puede hacer uso de todas las herramientas vistas en clase hasta el momento. Para la remoción de ruido, se recomienda el uso de filtrado y operaciones morfológicas. En cuanto a la binarización, pueden explorar distintos espacios de color y estrategias de binarización para obtener el producto visual deseado. **Son libres para definir los pasos para su preprocesamiento. Sin embargo, el método debe estar justificado. Por otro lado, para este punto pueden hacer uso de las implementaciones existentes en Python para las operaciones que realicen, pero la definición del preprocesamiento debe ser de su total autoría.**

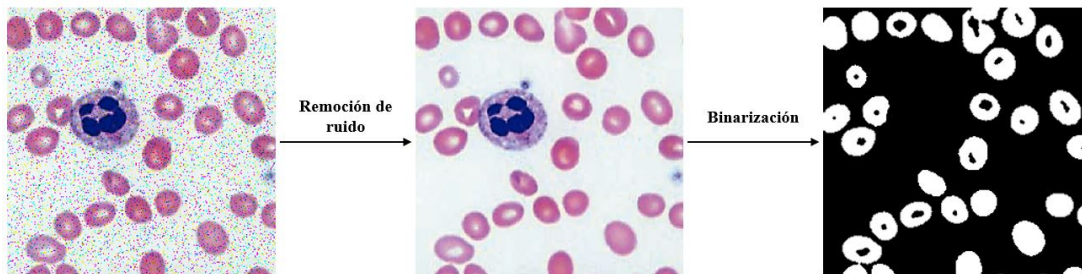


Figura 2: Muestra del objetivo del preprocesamiento para una única imagen.

1. Plantee una metodología de preprocesamiento para sus imágenes. Esta metodología debe ser general para todas las imágenes y se debe aplicar de forma iterativa.
2. En un diagrama de flujo, ilustre el algoritmo definido para el preprocesamiento. En el informe, explique y justifique su metodología (máximo un (1) párrafo).
3. Aplique su preprocesamiento a todas las imágenes. Muestre en un subplot el resultado para tres (3) de las imágenes. En este, se debe ver en paralelo la imagen original y la imagen con preprocesamiento, tal como se muestra en la Figura 3. Esta visualización se debe generar en el código y reportarse en el informe escrito, debidamente comentada.

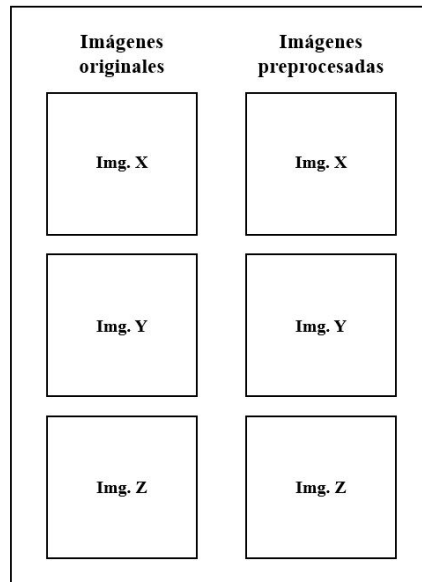


Figura 3: Estructura del subplot para presentar los resultados del preprocesamiento.

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

6.2. Rellenado de huecos (40 %)

Para completar la primera aproximación a la segmentación de glóbulos rojos, se realizará un proceso de relleno de huecos. El objetivo de este ejercicio se muestra en la Figura 4. Para lograr este efecto, deberá crear su propia función que permita rellenar huecos por medio de dilatación geodésica.

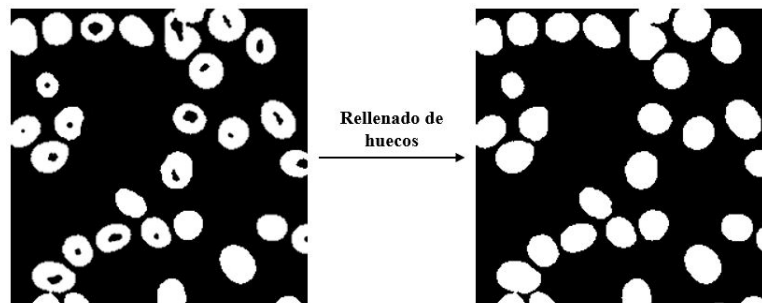


Figura 4: Muestra del objetivo del relleno de huecos para una única imagen.

Para este punto, solamente podrán utilizar las funciones nativas y paquetes (como NumPy) de Python que permitan realizar operaciones matemáticas básicas, además de la función que permite realizar dilatación binaria.

1. Cree una función llamada `MyHoleFiller_Código1_Código2()`

Que tiene como parámetro de entrada:

- `bin_img`: Una imagen binaria para la cual se desean rellenar los huecos.

Y retorna:

- `whole_img`: La imagen reconstruida (sin huecos) por medio de la función.

2. Pruebe su función en la imagen `star_binary.png`, disponible en la carpeta de archivos del miniproyecto. Verifique la correcta binarización de la imagen y si es necesario, realice las modificaciones que considere necesarias para lograrla. Posteriormente, imprima en consola y presente en el informe un subplot que muestre la imagen original y el resultado de aplicar su función sobre la imagen.
3. Responda en su informe:
 - ¿Cuál es la condición de parada para la dilatación geodésica?
 - ¿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.
4. Una vez compruebe el correcto funcionamiento de su función, utilícela con todas las imágenes preprocesadas que obtuvo en la sección 6.1. Muestre en un subplot estos resultados en su informe para **una** de las imágenes.
5. Calcule el índice de Jaccard entre las máscaras que obtuvo antes del relleno de huecos y las anotaciones que se encuentran en la carpeta `blood_cell_dataset/groundtruth`. Haga este mismo cálculo para las máscaras obtenidas después del relleno de huecos. De ahora en adelante, para el cálculo de esta métrica, pueden utilizar la función de `sklearn.metrics` disponible en el siguiente vínculo¹. Reporte sus resultados en una tabla, como se muestra en el Cuadro 1.

Imagen	IoU (%)	
	Preprocesamiento	Preprocesamiento + Relleno de Huecos
1	56	73
2	45	32
...
10	74	80
Promedio	58,33	61,66
Desviación	14,64	25,92

Cuadro 1: Estructura de la tabla de resultados de la segmentación de glóbulos rojos.

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

¹Lean con cuidado la documentación de la función, pues les ayudará a definir los parámetros que deben utilizar para una correcta evaluación.

7. Realice el cálculo del hematocrito como se definió al final de la Sección 5. Realice este cálculo para todas las imágenes binarias (tanto las máscaras predichas (sin huecos) como las anotaciones). Calcule el error cuadrático medio y reporte estos resultados en una tabla como se muestra en el Cuadro 2. Analice sus resultados y responda: ¿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? Justifique sus respuestas.

Imagen	Hematocrito (%) predicción	Hematocrito (%) anotación	Error cuadrático
1	28	34	36
2	27	32	25
...
10	42	40	4
MSE			21,66

Cuadro 2: Estructura de la tabla del cálculo del hematocrito y el error cuadrático medio.

6.3. Curva de Precisión y Cobertura (30 %)

La detección y posterior conteo de glóbulos rojos constituye una alternativa al cálculo del hematocrito por medio del análisis de imágenes microscópicas. Un equipo dentro de la universidad desarrolló un algoritmo de detección como parte de las aproximaciones que van a presentar para el concurso, a nombre de la institución. Para su verificación, este equipo les proporciona los resultados de su algoritmo, que se pueden visualizar como en la Figura 5. Les informan que cada imagen cuenta con un *bounding box* de anotación, un *bounding box* detectado a partir del algoritmo y la confianza (*score*) con el cual se detectó cada glóbulo rojo.

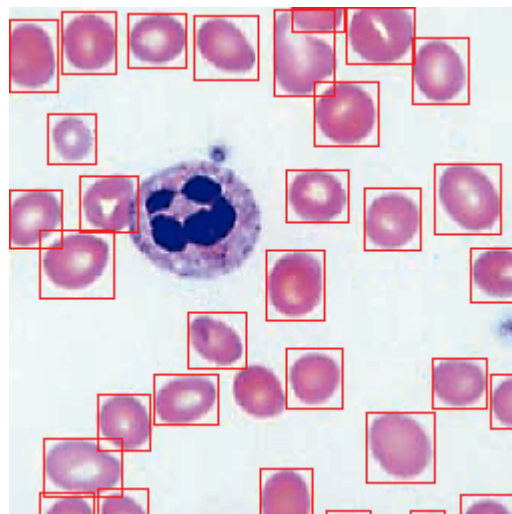


Figura 5: Imagen que muestra los resultados cualitativos obtenidos por su compañero de equipo para su algoritmo de detección.

1. Llene los espacios de la Figura 6, inclúyala en el informe y describa cómo se construye una curva de precisión y cobertura (máximo un (1) párrafo).

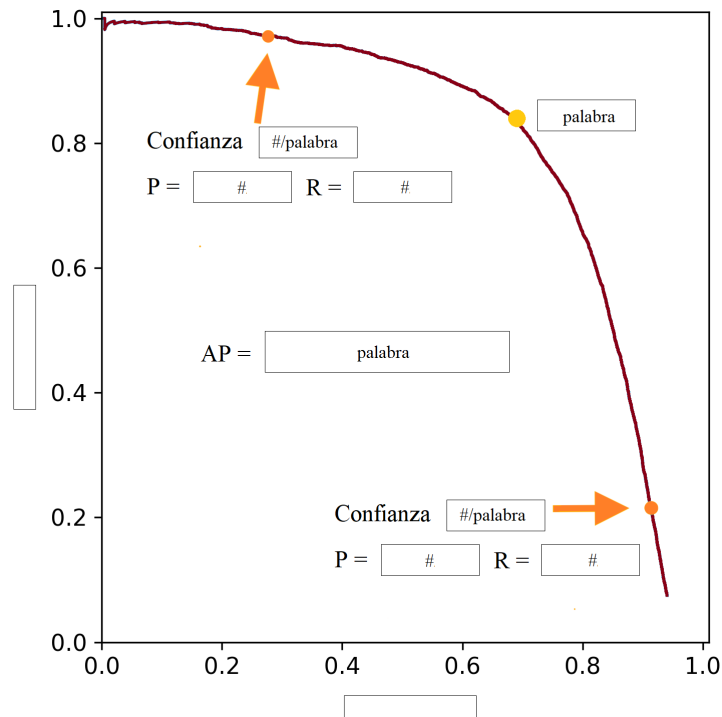


Figura 6: Imagen que muestra los resultados cualitativos obtenidos por su compañero de equipo para su algoritmo de detección. La imagen se encuentra en la carpeta de archivos para facilidad de obtención y edición.

2. De la carpeta de archivos del miniproyecto, descargue el archivo `detection_groundtruth.csv` y cárguelo. Este es un archivo .csv que contiene tres columnas: una correspondiente a las anotaciones, una a las predicciones y una a las confianzas de cada predicción. Tanto las anotaciones como las predicciones son las coordenadas de un bounding box (x e y de la esquina superior izquierda, ancho y alto).
3. Construya la curva de precisión y cobertura de los datos proporcionados para cada umbral de Jaccard de: 0.5, 0.75 y 0.95.
4. Analice sus resultados. ¿Qué diferencias encuentra entre las 3 curvas?
5. Calcule la F-medida máxima de cada curva.
6. Calcule la precisión promedio (Average Precision, AP) de cada curva.
7. Reporte sus resultados en el informe y analícelos. ¿Qué diferencias hay en los resultados? ¿Por qué cree que se dan estas diferencias entre las curvas?
8. ¿Qué ventaja hay en utilizar dos métricas (precisión y cobertura) en lugar de solo una general?
9. ¿Cómo cree que se vería la curva de una predicción aleatoria y por qué? ¿Y cómo se vería una predicción perfecta?

7. Procedimiento Entrega 2

Esta entrega tiene como propósito la creación de un segundo método de segmentación, como parte de su labor para el centro de diagnóstico. Para ello, deberá en primer lugar implementar una función de extracción de componentes conexos. Esta implementación será utilizada posteriormente como paso intermedio para posibilitar uno de dos métodos de segmentación mediante watersheds.

7.1. Función de componentes conexos (40 %)

En este punto, deberá crear su propia función para extraer los componentes conexos de una imagen binaria.

7.1.1. Implementación y prueba

1. Escriba una función llamada

`MyConnComp_Código1_Código2()` que tome de entrada:

- `binary_image`: Una imagen (`image`) binaria
- `conn`: La conectividad con la que se calculan los componentes conexos. Esta puede ser 4 de 4-conectividad y 8 de 8-conectividad.

La función debe retornar:

- `labeled_image`: Una imagen con cada componente conexo etiquetado con un valor único.
- `pixel_labels`: Una lista de vectores. Cada vector contiene los índices lineales de los píxeles que corresponden a un componente conexo.

Familiarícese lo que más pueda con la función `skimage.measure.label` para entender el etiquetado de los componentes conexos.

AYUDA: Para crear la lista de píxeles indexados con índices lineales puede hacer uso de la función `numpy.ravel_multi_index`.

2. Realice un diagrama de flujo con los pasos que se deben tomar para llevar a cabo el objetivo de la función.
3. Realice la implementación de este flujo de trabajo en código.
4. Aplique su función de extracción de componentes conexos a la imagen llamada `fruits_binary.png`, disponible en la carpeta de archivos del miniproyecto. Verifique la correcta binarización de la imagen y si es necesario, realice las modificaciones para lograrla. Visualice en un subplot la imagen original y la imagen de los componentes conexos etiquetados.

7.1.2. Ejercicio teórico

1. Responda: ¿Qué características deberían tener las imágenes para que no se dificulte la tarea de extraer componentes conexos?
2. Cree, manualmente, una imagen binaria de 20×20 que al aplicarle su función de componentes conexos con vecindad 4, el resultado sea igual a cuando la función se aplica con vecindad 8. Muestre, en el informe, (i) la imagen que creó, (ii) el resultado de aplicar la función con conectividad 4, y (iii) el resultado de aplicar la función con conectividad 8.
3. Cree, manualmente, una imagen binaria de 20×20 que al aplicarle su función de componentes conexos con vecindad 4, el resultado sea diferente a cuando la función se aplica con vecindad 8. Muestre, en el informe, (i) la imagen que creó, (ii) el resultado de aplicar la función con conectividad 4, y (iii) el resultado de aplicar la función con conectividad 8.

Nota: Si está repitiendo el curso, no es válido tomar la imagen que realizaron el semestre pasado.

7.2. Watersheds (40 %)

Como investigador, usted quiere encontrar un método alternativo para realizar la segmentación de los glóbulos rojos. Quiere saber si usando el método de watersheds podría obtener mejores resultados que el método que realizó para la primera entrega. Por este motivo, usted utilizará las mismas imágenes de la entrega pasada (`data_mp3/blood_cell_dataset/noisy_data`). Así entonces, como primer paso, deben convertir las imágenes a escala de grises y eliminar el ruido.

De ser necesario, puede descargar los datos de nuevo del siguiente vínculo. Para la solución de esta sección, se recomienda el uso de las funciones de morfología del paquete `skimage.morphology` y la de watersheds de `skimage.segmentation`. Antes de comenzar, asegúrese de conocer la documentación disponible para estas librerías y funciones, haciendo una lectura cuidadosa de sus aplicaciones.

1. Seleccione de forma aleatoria una de las imágenes de microscopía provistas en la base de datos. Esta será su imagen de prueba a lo largo del siguiente procedimiento. Después, deberá convertir este procedimiento en una función para aplicarlo sobre el resto de las imágenes en la base de datos.
2. Obtenga el gradiente morfológico de la imagen en escala de gris (no debe ser confundido con el gradiente obtenido por medio de cross-correlación). Para ello, utilice las funciones del paquete `skimage.morphology` y experimente con los parámetros de las mismas. De forma concisa, reporte en el informe su proceso y los parámetros y funciones definidos para este numeral.
3. Utilice watersheds sin marcadores definidos sobre la imagen del gradiente morfológico para segmentar los glóbulos rojos.
4. Para la imagen seleccionada, visualice en un subplot la imagen original, el gradiente morfológico y el resultado de hacer watersheds sin marcadores.
 - ¿Qué está utilizando la función `watershed` como “marcador” para realizar esta segmentación?

- ¿Cuál es el efecto de emplear watersheds de esta manera?
5. Ahora, utilice una función de `h_minima`, como la de `skimage.morphology` para conseguir los mínimos de la imagen mayores a un umbral que usted determine. Reporte en el informe el umbral elegido.
 6. Dilate y etiquete los componentes conexos que obtuvo como resultado de la operación anterior. Emplee la función que implementó en la sección 7.1 para este fin. En el informe, reporte los parámetros elegidos para estos dos procesos. Los componentes conexos etiquetados que obtenga serán utilizados como marcadores para la imagen en el siguiente punto.
 - De forma concisa, describa cómo podría obtener marcadores para las imágenes de forma manual.
 - Haga una figura que ilustre los marcadores manuales que escogería para hacer watersheds sobre una de las imágenes microscópicas para segmentar los glóbulos rojos. Puede hacer uso de herramientas como Paint, PowerPoint, entre otros. Muéstrela en su informe.
 - ¿Qué ventajas presenta este método de obtención de marcadores automática sobre un posible método manual?
 7. Aplique watersheds al gradiente morfológico utilizando los marcadores generados anteriormente.
 8. Visualice en un subplot la imagen en escala de gris, el gradiente morfológico, los marcadores y la segmentación haciendo uso de watersheds con marcadores. Al elegir la arquitectura de su subplot, asegúrese de que las imágenes queden claras y visibles en el reporte.
 9. Compare los resultados de los dos métodos de segmentación que ha utilizado (con y sin marcadores). En el reporte, responda:
 - ¿Cuál de los métodos genera un mejor resultado cualitativo de segmentación? ¿Por qué?
 - ¿Cuál es el rango de intensidades en estos resultados? ¿Qué significa cada intensidad?
 - A partir de estos resultados, ¿cómo podría aproximar cuánto glóbulos rojos hay?
 - ¿Qué tipo de segmentación me permite hacer estos dos métodos?
 10. Utilice los dos métodos de segmentación para obtener las máscaras en el resto de las imágenes de la base de datos. A partir de estos resultados, obtenga las máscaras binarias que segmentan los glóbulos rojos.

7.3. Comparación de métodos de segmentación (20 %)

Por último, usted va a entregar sus reportes finales de la investigación que realizó al centro de diagnóstico. En esta parte, usted va a comparar los resultados que obtuvo con los diferentes métodos de segmentación.

Para este punto, usted tiene las máscaras binarias producidas por 3 métodos para segmentar los glóbulos rojos de las imágenes microscópicas: i) sus resultados de la primera entrega ii) watersheds sin marcadores y iii) watersheds con marcadores.

1. Para cada método y cada imagen, calcule el índice de Jaccard con las anotaciones que se encuentran en la carpeta `blood_cell_dataset/groundtruth`. Por cada método, calcule el promedio y la desviación de esta métrica en todas las imágenes. Muestre en su informe estos resultados en una sola tabla (puede guiarse del Cuadro 1).
2. Compare los resultados de los tres métodos. En el reporte, responda:
 - ¿Por qué se deben binarizar las máscaras obtenidas con los métodos de watersheds?
 - ¿Cuál de los métodos genera un mejor resultado de segmentación? ¿Por qué?
 - ¿Cree que incluir estadísticas como el promedio y la desviación estándar de sus resultados cuantitativas es útil para analizar y comparar sus métodos? ¿Por qué?