

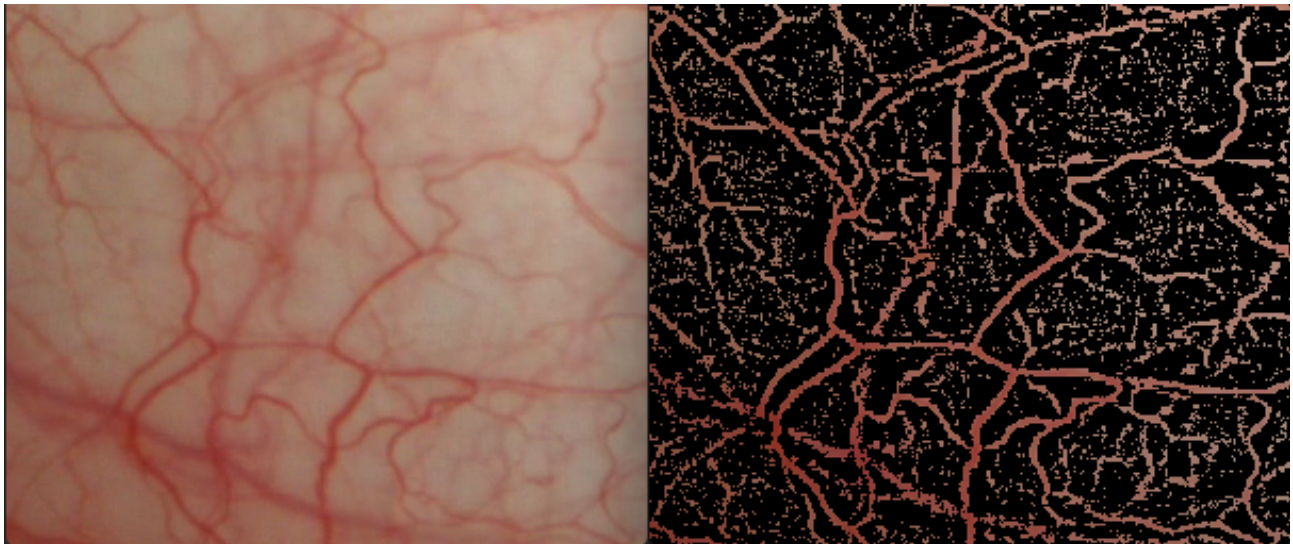
Análisis de imágenes biomédicas

Práctica 1: Análisis del nivel de hipertermia en imágenes de la conjuntiva bulbar

1. Segmentación de los vasos sanguíneos:

Para la segmentación de los vasos sanguíneos se empleó un método de umbralizado adaptativo sobre el canal verde ya que es el canal que muestra un mayor contraste a la hora de encontrar los vasos, el canal azul muestra un nivel de contraste similar, pero presenta una mayor cantidad de ruido.

A continuación se muestra una imagen de los vasos sanguíneos segmentados en una región:



2. Cálculo de las métricas de clasificación:

A partir de la imagen original se calcularon diez métricas diferentes que se enumeran a continuación:

- Nivel de rojo (general, vasos, conjutiva): Se calcula el nivel de rojo de las tres zonas mediante la formula $(100\% R - 83\% G - 17\% B)^1$.
- Área ocupada por los vasos sanguíneos detectados sobre la imagen.
- Medias de los valores HSV sobre los vasos sanguíneos segmentados.
- Medias de los valores HSV sobre las zonas no consideradas vasos sanguíneos (conjutiva bulbar)

De cada imagen se seleccionaron 5 regiones de interés diferentes, de las que se calcularon las métricas anteriores para crear un dataset sobre el que entrenar un modelo de predicción. El dataset empleado cuenta de 60 muestras en total.

¹ Automated grading system for evaluation of ocular redness associated with dry eye.
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3693861/pdf/opth-7-1197.pdf>)

3. Cálculo del modelo de estimación

A partir de las métricas anteriores se realizó una selección de atributos empleando el software Weka, los atributos seleccionados sobre los originales son los siguientes:

1. Nivel de rojo general
2. Media del canal H en los vasos
3. Media del canal S en los vasos
4. Media del canal H en la conjuntiva
5. Media del canal S en la conjuntiva
6. Area ocupada por los vasos sanguíneos.

Una vez seleccionados los atributos se volvió a emplear Weka, pero en este caso para obtener el modelo de estimación basándonos en dichos atributos.

Se escogió una regresión lineal múltiple por su facilidad de implementar en python posteriormente. El modelo generado es el siguiente:

Linear Regression Model

```
expert_lvl =
    0.0291 * general_red_level +
    -46.105 * vas_mean_hue +
    6.3641 * vas_mean_sat +
    -2.0444 * vas_mean_val +
    10.6774 * bulb_mean_hue +
    -6.0809 * bulb_mean_sat +
    -1.1733 * vascular_area +
    3.5845

=== Cross-validation ===
=== Summary ===

Correlation coefficient          0.9176
Mean absolute error             0.2659
Root mean squared error         0.3231
Relative absolute error         37.0458 %
Root relative squared error     39.274 %
Total Number of Instances      60
```

También se entreno un perceptrón multicapa con aparentemente buenos resultados:

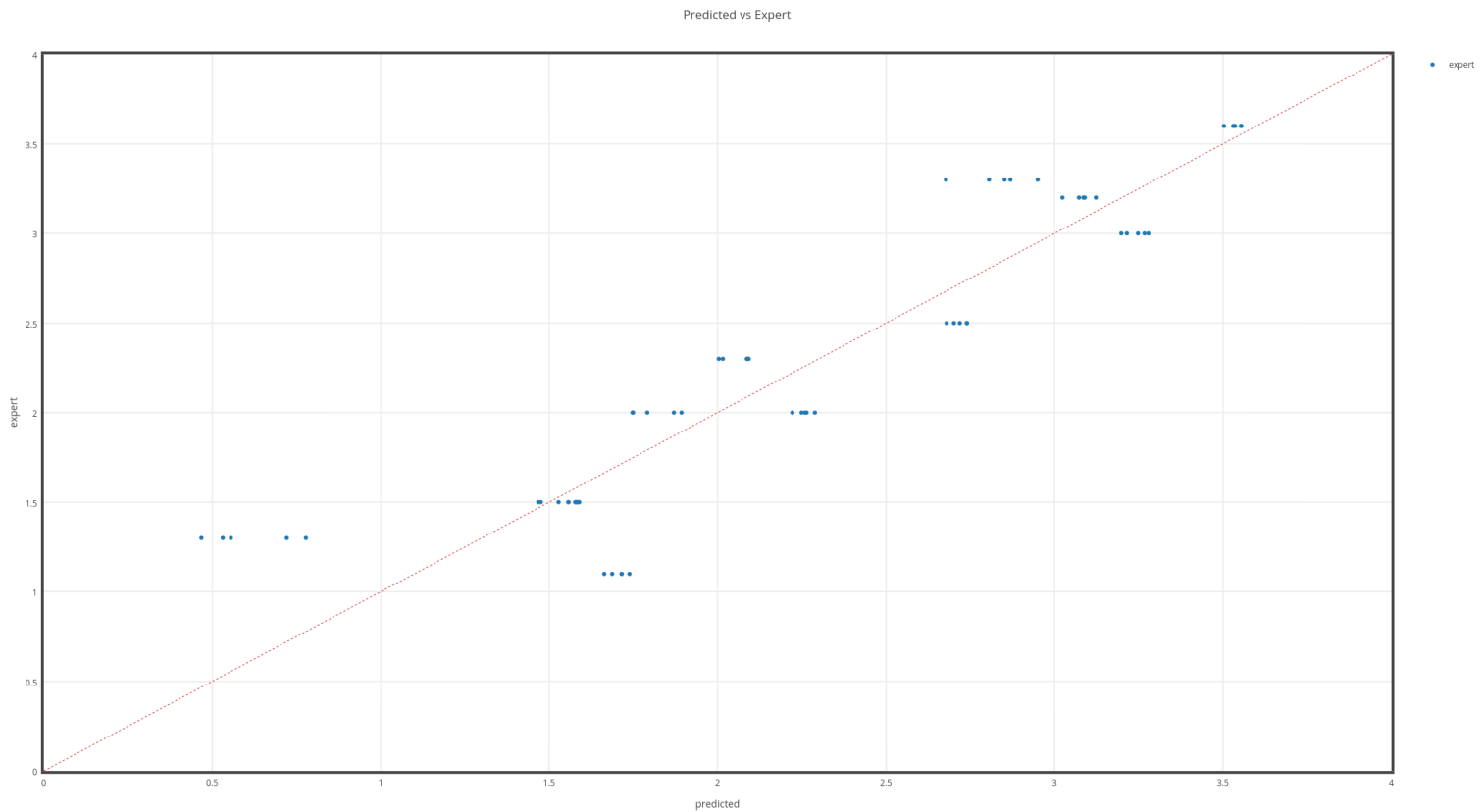
```
=== Cross-validation ===
=== Summary ===

Correlation coefficient          0.9924
Mean absolute error             0.0723
Root mean squared error         0.108
Relative absolute error         10.0768 %
Root relative squared error     13.1223 %
Total Number of Instances      60
```

4. Análisis de resultados

Contando con el modelo de regresión generado se volvieron a tomar 5 muestras por cada imagen con las que se predijo el nivel de hiperemia con el fin de poder compararlo con los resultados obtenidos por los expertos. ç

A continuación se muestra la gráfica de dispersión generada a partir de dichos datos:



Se puede encontrar esta gráfica a mayor resolución en el archivo *xy_dispersion_plot.png* que se adjunta a este informe.

El modelo generado predice de manera aproximada la valoración de los expertos, con un conjunto de imágenes de entrenamiento mayor sería posible mejorar el modelo, ya que el conjunto con el que se contaba (13 imágenes) era bastante reducido.

5. Manual de uso

El script *redness_analyzer.py* recibe un único parámetro de entrada, la ruta de la imagen a procesar, las imágenes deben tener un formato <identificador>_<valoración_experto>.<extensión>

Una vez ejecutándose el programa se selecciona la region arrastrando el ratón y se confirma la selección mediante la tecla w.

Una vez seleccionada la región se pueden realizar varias acciones:

- Análisis general de la imagen (tecla A): Muestra todas las métricas calculadas, así como una predicción del nivel de hiperemia en esa zona.
- Cálculo de métricas en CSV (tecla c): imprime una línea con las métricas en formato CSV.
- Imprimir cabeceras CSV (tecla h): imprime la línea de cabeceras en formato CSV.
- Predicción en la region más evaluación de experto(tecla p): Muestra la predicción del modelo y la del experto, separadas por una coma.
- Mostrar vasos segmentados (tecla t)
- Salir de la aplicación (tecla q)