

Ingeniería de Sistemas Audiovisuales y Multimedia

Detección de Células mediante Deep Learning en Secuencias de Vídeo-Microscopía

Celia García Fernández

Índice de la Presentación



- 1. Objetivos del proyecto
- 2. Contexto
- 3. Segmentación de Células mediante Deep Learning
- 4. Resultados y Conclusiones

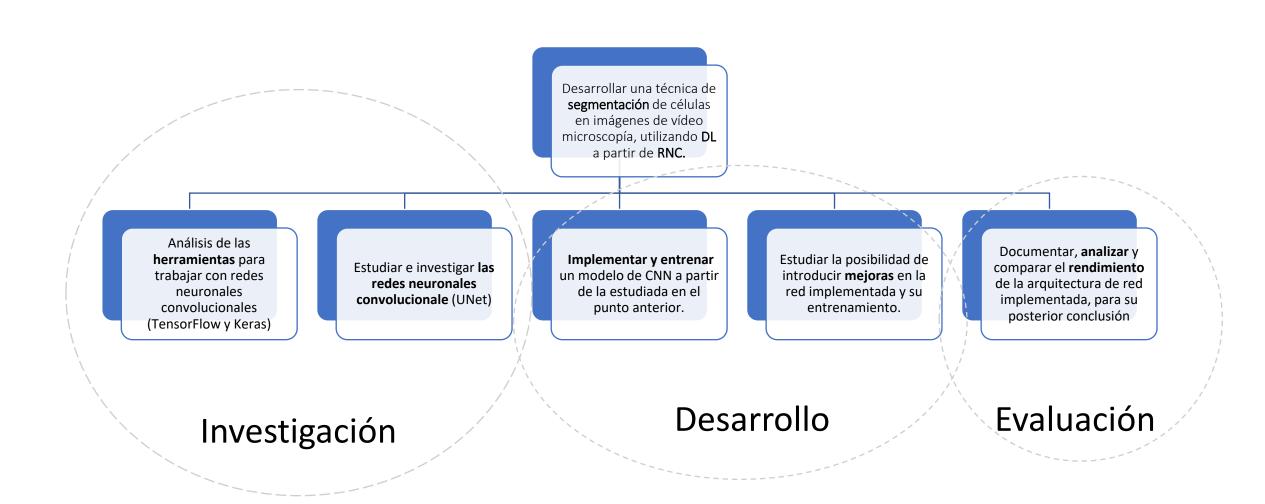


1. Objetivos

1. Objetivos



Detección de Células mediante Deep Learning en Secuencias de Vídeo-Microscopía





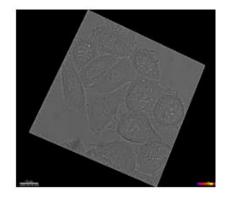
ü

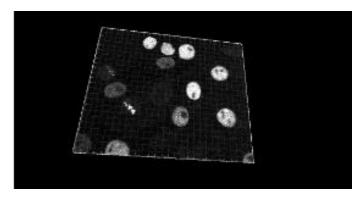
Movimiento Celular

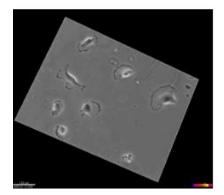
El análisis del movimiento celular mediante el microscopio es una herramienta clave para la investigación y el diagnóstico.

- Dinámica del movimiento celular.
- Cambios morfológicos que experimentan las células durante el movimiento.

Necesario el desarrollo de técnicas automatizadas de análisis.



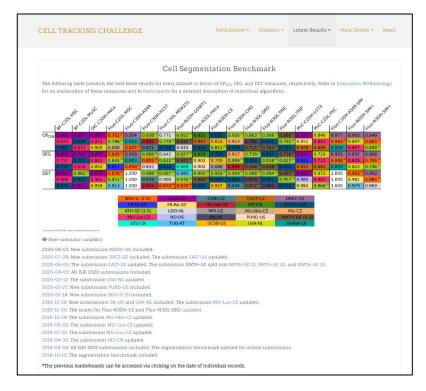


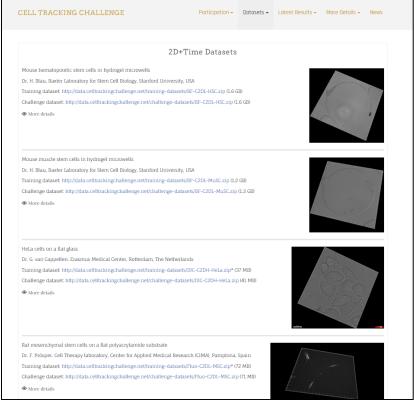


ü Ü

Cell Tracking Challenge

Una iniciativa dirigida a promover el desarrollo y la evaluación objetiva de segmentación celular y algoritmos de seguimiento.

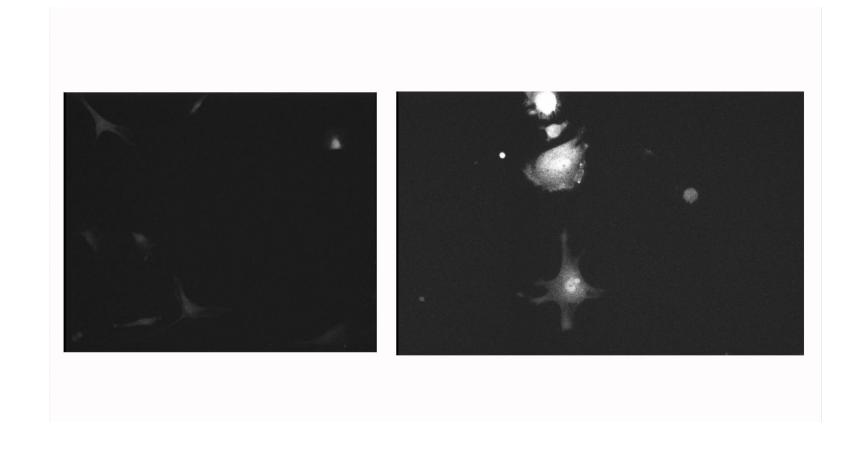




ü

Cell Tracking Challenge

Dataset de entrenamiento escogido para realizar este proyecto:





Redes Neuronales Convolucionales

Inteligencia Artificial

Machine Learning

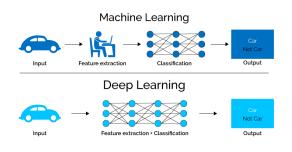
Redes Neuronales Artificiales

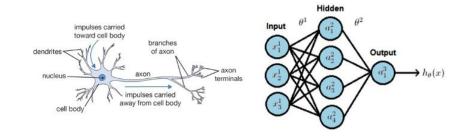
Deep Learning

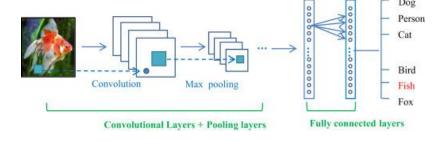
Visión Artificial

Redes Neuronales Convolucionales

- Éxito en tareas de Visión Artificial, en matrices bidimensionales.
- Clasificación y Segmentación de imágenes.





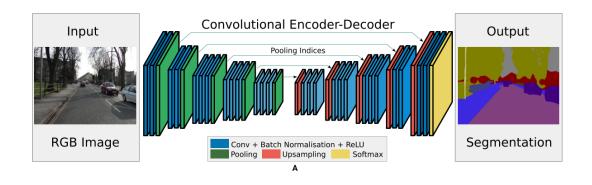


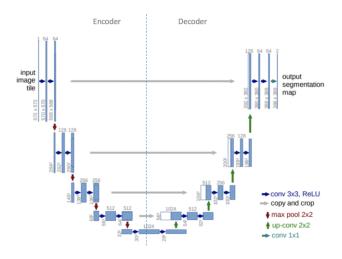
ü

Segmentación Semántica

Arquitectura Red Neuronal Convolucional basada en encoder-decoder

Entregan una salida por píxel, por lo que se utilizan para la segmentación de imágenes.



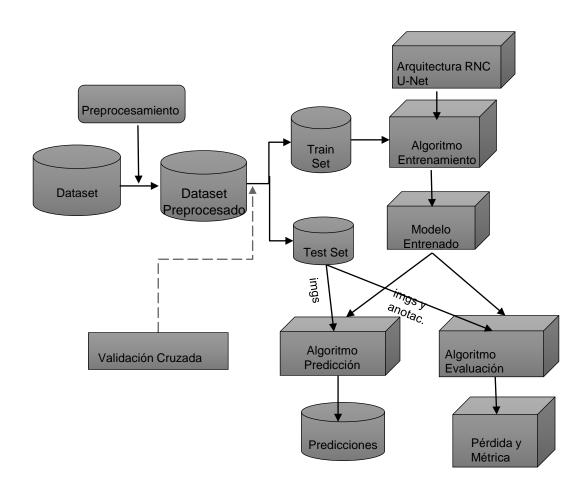




3. Segmentación de Células mediante Deep Learning

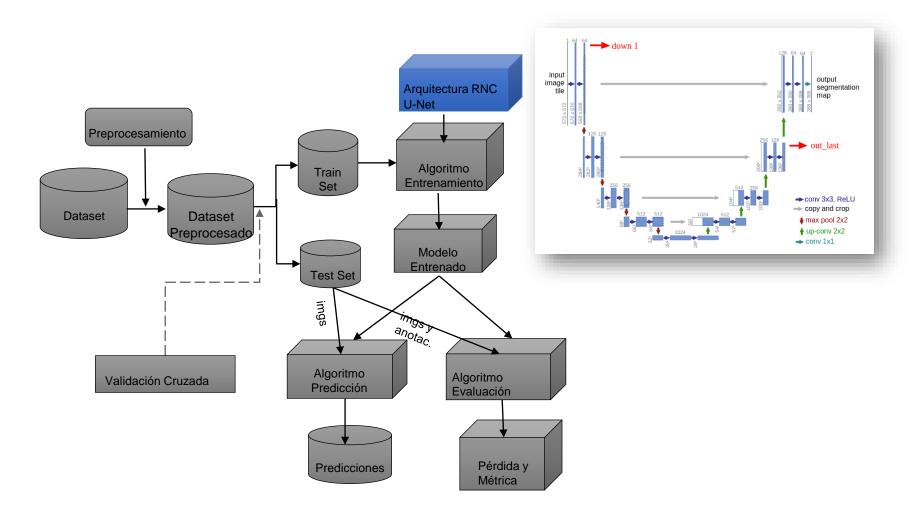
3. Segmentación de Células mediante DL Sistema de Segmentación





3. Segmentación de Células mediante DL Arquitectura de RNC





3. Segmentación de Células mediante DL Arquitectura UNet



Arquitectura U-Net

- Se diseñó por primera vez especialmente para la segmentación de imágenes médicas en 2015. Segmentación de imágenes rápida y precisa.
- Arquitectura codificador-decodificador (U, simétrica). Codifica la información de entrada capturando el contexto y decodifica la información hasta alcanzar una localización precisa y recuperando la información espacial. Combina contexto y localización.
- No utiliza ninguna capa completamente conectada y el número de parámetros del modelo se reduce. Se puede entrenar con un **pequeño conjunto de datos etiquetado.**

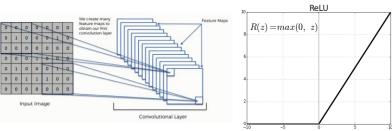
3. Segmentación de Células mediante DL

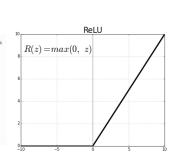
Arquitectura UNet. Estructura.

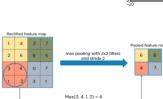


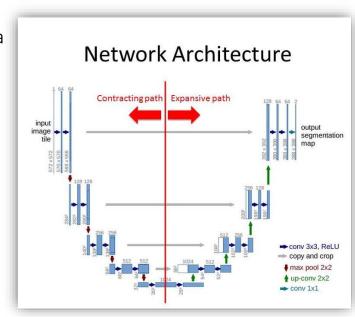
Ruta de contracción. Extraer contexto de la imagen de entrada (qué). Sintetizar la información de la imagen de entrada. Clasificación.

- 3x3 Capa de convolución + función de activación ReLU
- 3x3 Capa de convolución + función de activación ReLU
- 2x2 Capa de Agrupación. Agrupación máxima 2x2







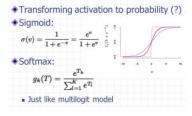


Ruta de expansión simétrica. Localización precisa (dónde) combinada con la información contextual de la ruta de contracción. La concatenación utiliza las características extraídas por el encoder, para una segmentación más precisa.

- 2x2 Capa convolucional traspuesta, con stride 2
- Concatenación con el mapa de características correspondiente
- 3x3 Capa convolucional + función de activación ReLU
- 3x3 Capa convolucional + función de activación ReLU

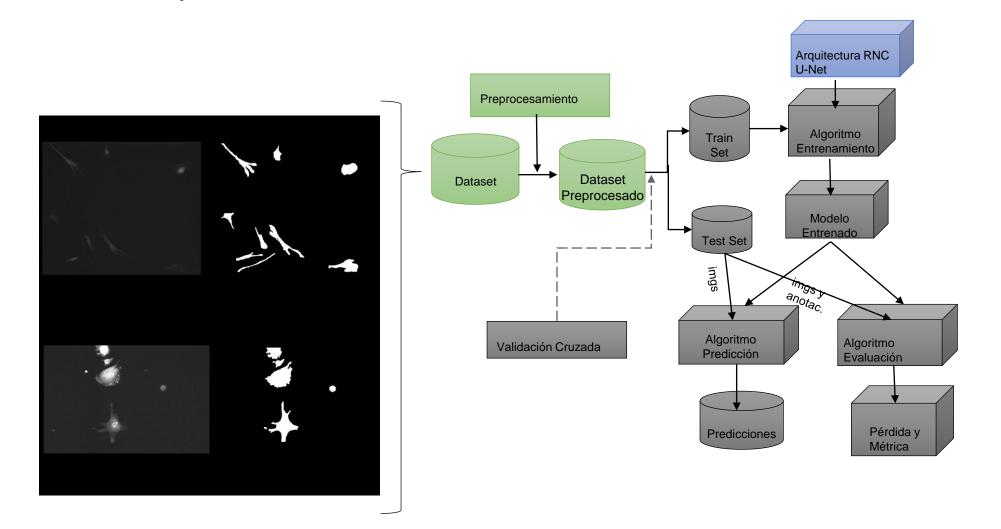
En la capa final:

- 1x1 Capa convolucional + función de activación Softmax



3. Segmentación de Células mediante DL Preprocesamiento



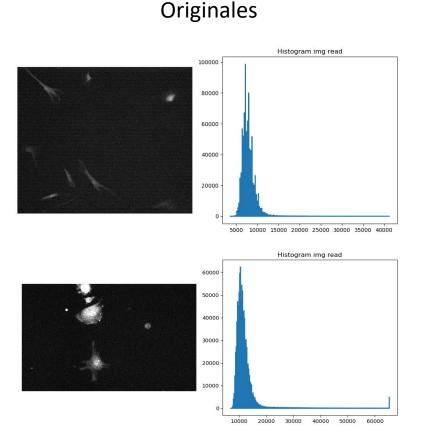


3. Segmentación de Células mediante DL Preprocesamiento

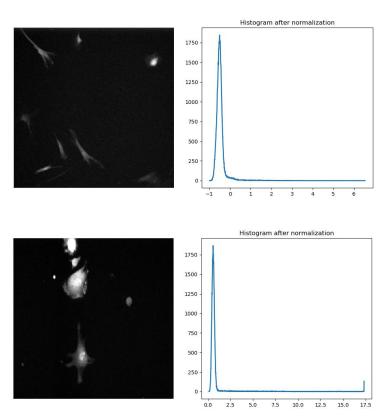


Preprocesamiento de imágenes:

- Resize
- Reshape
- Normalización



Preprocesadas



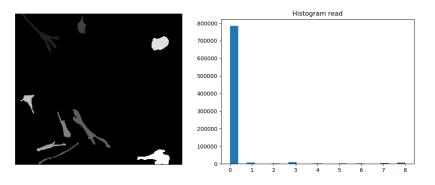
3. Segmentación de Células mediante DL Preprocesamiento

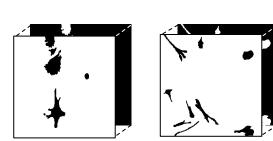


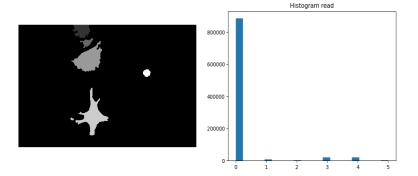
Preprocesamiento de anotaciones:

- Binarización
- Resize
- Categorical labels

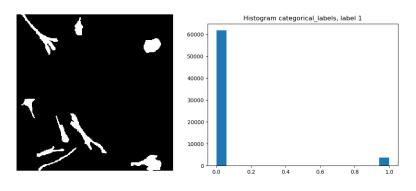
Originales

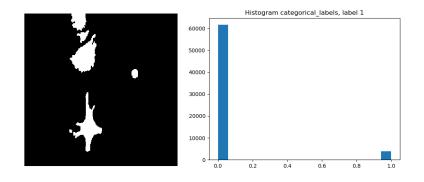






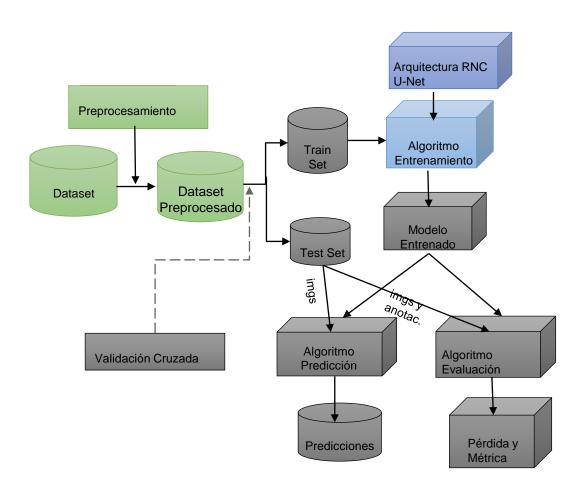
Preprocesadas





3. Segmentación de Células mediante DL Compilación Modelo





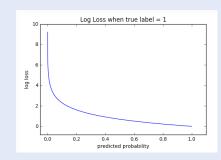
3. Segmentación de Células mediante DL Compilación Modelo



Función de Pérdida

Entropía cruzada categórica

Diferencia o **error**, entre la predicción y la verdad fundamental, en cada lote.



Optimizador

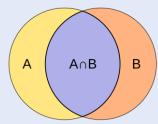
Adam

Se encarga de minimizar el error en cada iteración, actualizando los valores de los filtros convolucionales.

Métrica

Coeficiente Dice

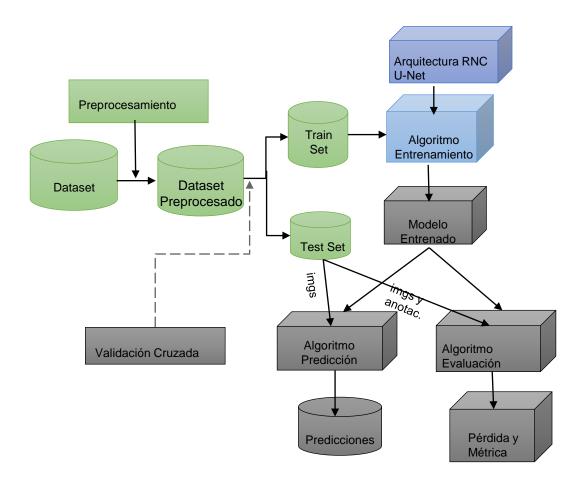
Diferencia de píxeles entre la verdad básica (A) y su segmentación predicha correspondiente (B).



Evalúa el rendimiento durante entrenamiento y pruebas. No se utilizan para entrenar el modelo.

3. Segmentación de Células mediante DL Datos de entrenamiento



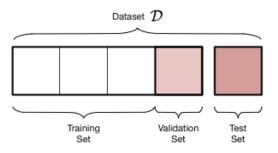


3. Segmentación de Células mediante DL Datos de entrenamiento



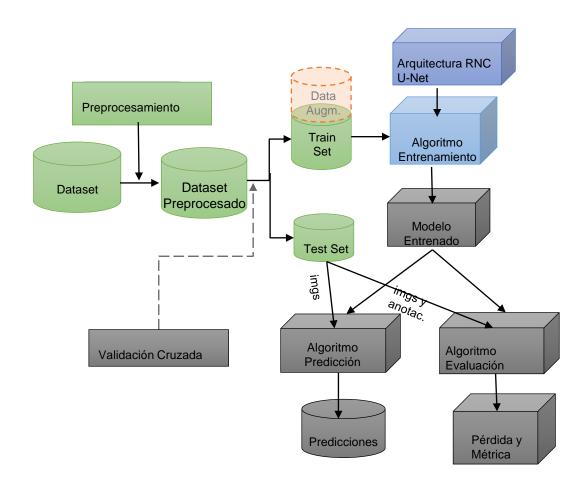
Subconjunto de datos

- Train set. Imágenes de entrada a las que el modelo se ajustará. Imágenes con las que se construye el modelo, ajusta sus pesos.
- Validation set. Hacen que el modelo aprenda de sus errores. El modelo se va evaluando periódicamente durante el entrenamiento, para seguir ajustando los pesos correctamente. son imágenes nuevas, con las que no se ha entrenado. Para detener el entrenamiento cuando se cumplen ciertos criterios, evitando el sobreajuste.
- Test set. La forma de evaluar la precisión del modelo es ejecutarlo en un conjunto de imágenes 'nuevas', que no haya visto antes, una vez que ya ha finalizado el entrenamiento. Permite estimar el desempeño de la red en imágenes futuras.



3. Segmentación de Células mediante DL Aumento de datos





3. Segmentación de Células mediante DL Aumento de datos



- Ampliar el conjunto de datos de entrenamiento
- Se aplican transformaciones/deformaciones de forma aleatoria, sin perturbar demasiado los datos.



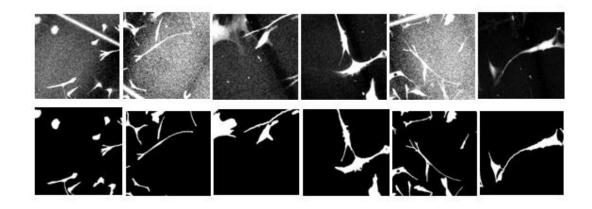








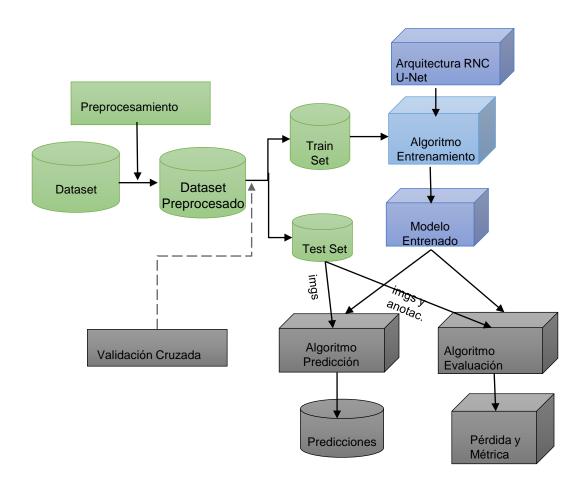






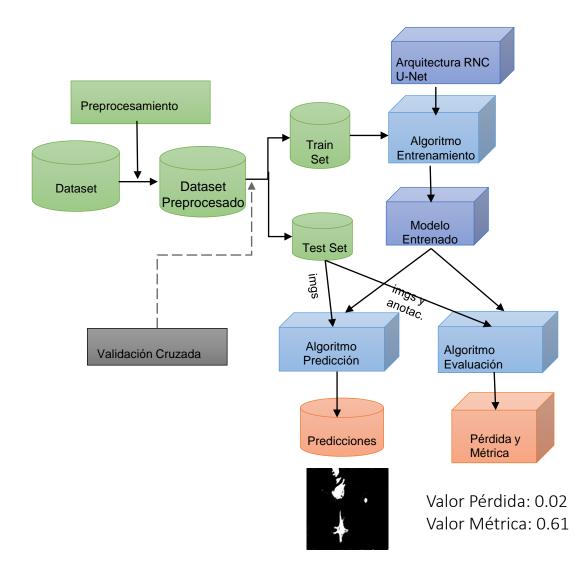
3. Segmentación de Células mediante DL Evaluación del modelo





3. Segmentación de Células mediante DL Evaluación del modelo

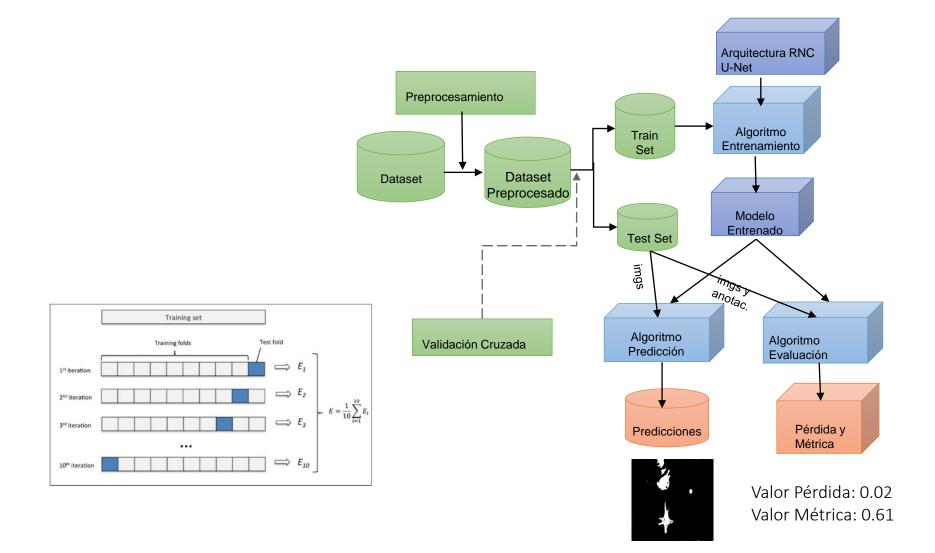




3. Segmentación de Células mediante DL



Evaluación del modelo. Validación Cruzada.

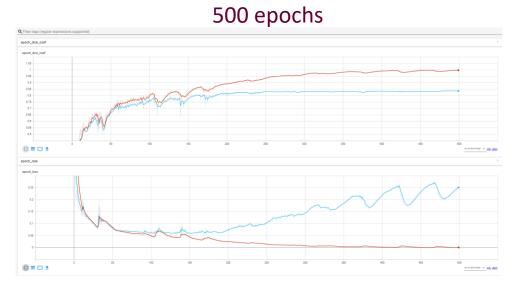




ü

Entrenamiento. Sin Aumento de Datos.





- Posible sobreajuste.
- Resultados de validación dejan de mejorar.
- Resultados de entrenamiento se siguen ajustando.





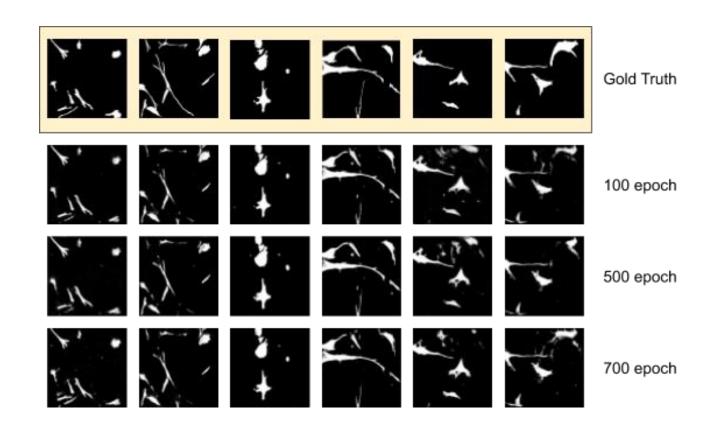
Evaluación. Sin Aumento de Datos.

- Valores de pérdida y métrica: Media de 13 modelos, validación cruzada.
- A mayor número de epochs, mejores resultados.
- No se percibe sobreajuste. Imágenes de test muy parecidas a imágenes train.

	Loss (Mean)	Coef. Dice (Mean)	
100 epoch	0,0691	0,7565	
500 epoch	0,0853	0,7665	
700 epoch	0,0707	0,7983	

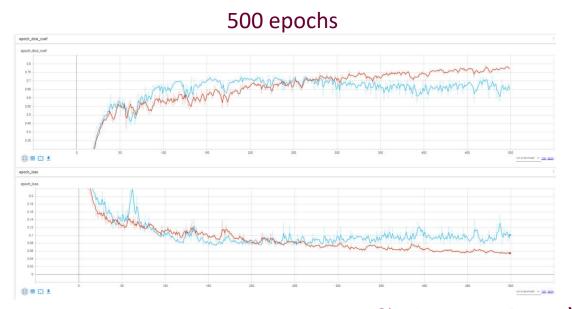


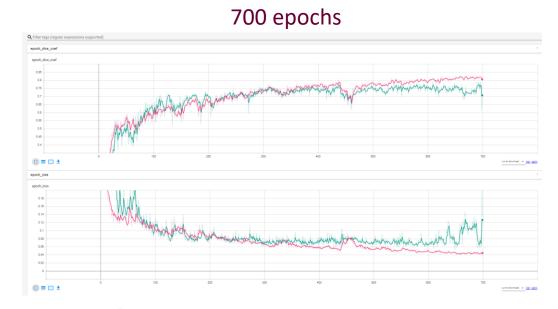
Predicción. Sin Aumento de Datos.



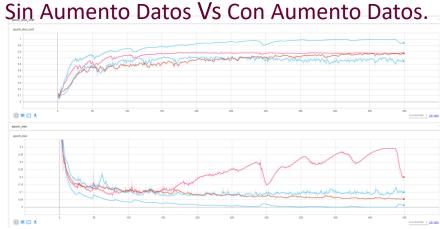
ü

Entrenamiento. Con Aumento de Datos.





- Irregularidad. Imágenes aleatorias.
- Evita sobreajuste.
- Resultados train y val similares.





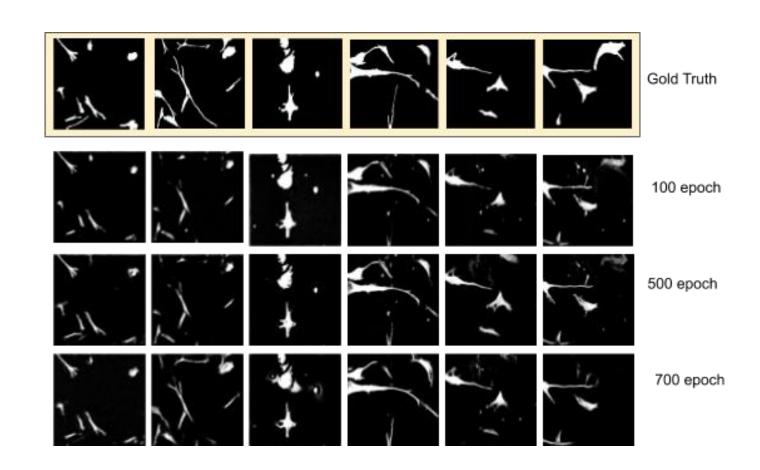
Evaluación. Con Aumento de Datos.

- Valores de pérdida y métrica: Media de 13 modelos, validación cruzada.
- A mayor número de epochs mejores resultados.
- Sin Aum. de datos mejores resultados, porque los pesos están más ajustados.
- Pero el Aum. de datos mejorará los resultados en otras secuencias de vídeo distintas.

	Con Aumento Datos		Sin Aumento Datos	
	Loss (Mean)	Coef. Dice (Mean)	Loss (Mean)	Coef. Dice (Mean)
100 epoch	0,1209	0,6096	0,0691	0,7565
500 epoch	0,0901	0,6807	0,0853	0,7665
700 epoch	0,0909	0,7068	0,0707	0,7983

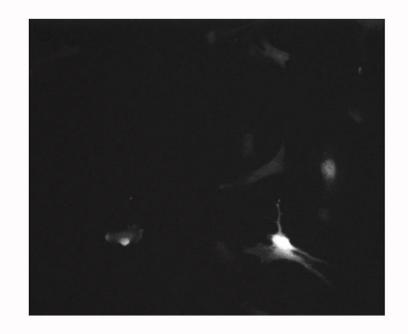


Predicción. Con Aumento de Datos.



4. Resultados y Conclusiones Resultados Dataset Challenge

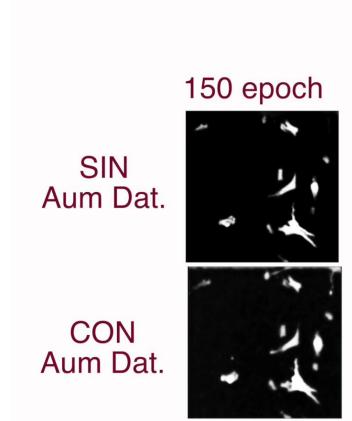




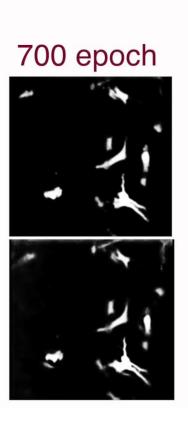


Resultados Dataset Challenge



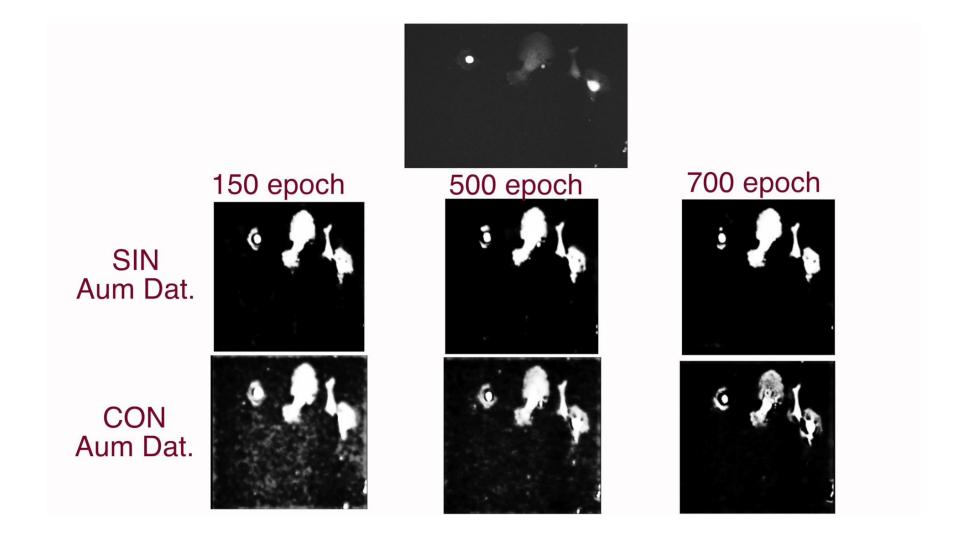






Resultados Dataset Challenge







Muchas gracias

Quedo a su disposición para cualquier duda