



UNIVERSIDAD DE LOS ANDES
FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS
APLICADAS

MANUAL DE USUARIO

Software de Reconocimiento de Gránulos
de Almidón en Muestras de Carbohidratos
en presencia de Celulosa Bacteriana

Juan Pablo Arévalo del Río
Ingeniería Civil en Ciencias de la Computación
Universidad de los Andes

Julio 2018

Índice

1. Introducción	3
2. Instalación del Software	4
2.1 Instalación de Python	4
2.2 Librerías Necesarias	5
2.2.1 OpenCV	5
2.2.2 Imutils	6
2.2.3 PIL	6
2.3 Descarga e Instalación del Programa	7
3. Funcionamiento del Software	8
3.1 Ejecución del Programa	8
3.2 Flujo del Programa	9
3.2.1 Abrir imagen nativa	10
3.2.2 Modificaciones	12
3.2.3 Cambiar Imagen	13
3.2.4 Finalizar reconocimiento en imagen nativa	13
3.2.5 Abrir imagen procesada	14
3.2.6 Modificaciones	16
3.2.7 Cambiar Imagen	17
3.2.8 Finalizar reconocimiento en imagen procesada	17
3.3 Funcionalidades	18
3.3.1 Ajustar parámetros de reconocimiento	18
3.3.1.1 Distancia entre Centros	19
3.3.1.2 Radio Mínimo	19
3.3.1.3 Radio Máximo	20
3.3.2 Agregar círculos	20
3.3.3 Eliminar círculos	22
3.3.4 Mostrar/Ocultar círculos	24
4. Resultados	25
4.1 Data	25
4.1.1 NATIVE	26
4.1.2 PROCESSED	27
4.1.3 COMPARISON	28
4.2 Native	29
4.3 Processed	29

1. Introducción

El propósito de este Manual de Usuario es entregar asistencia y guía a los futuros usuarios del *Software de Reconocimiento de Gránulos de Almidón en Muestras de Carbohidratos en Presencia de Celulosa Bacteriana* (en adelante, “el programa”).

Cómo su nombre implica, el programa proporciona una identificación de gránulos de almidón en muestras de carbohidratos en presencia de celulosa bacteriana. Este fue diseñado específicamente para dicha función, enfocándose principalmente en muestras de trigo con concentraciones de celulosa bacteriana al 0%, 2% y 10%.

El programa trabaja sobre imágenes de microscopía, identificando los gránulos de almidón, almacenando la cantidad identificada y el radio promedio de estos en micrómetros.

Es importante mencionar que la conversión a micrómetros se realiza en base a la escala proporcionada por el Laboratorio BIOPREL de la Universidad de los Andes, Chile, y puede no ser el adecuado para otro tipo de imágenes de microscopía.

Si bien el software fue diseñado y configurado específicamente para las imágenes de microscopía de muestras de trigo proporcionadas por el laboratorio BIOPREL, este podría funcionar para otro tipo de muestras o imágenes mientras que las figuras a identificar presenten geometría circular o esférica y no exista mayores variaciones en la calidad y tamaño de las imágenes a procesar.

Este software fue realizado específicamente para asistir al Laboratorio BIOPREL en sus investigaciones actuales y no debe ser utilizado bajo ninguna circunstancia por individuos u organizaciones distintas al Laboratorio BIOPREL de la Universidad de los Andes, Chile, a no ser de que exista la previa autorización por parte del laboratorio BIOPREL y del creador del software.

2. Instalación del Software

A continuación se explicará el proceso de instalación del programa, especificando las librerías y componentes necesarios para ejecutarlo correctamente.

2.1 Instalación de Python

Para ejecutar el programa es necesario Python 2.7, el cual viene instalado por defecto en la mayoría de los sistemas operativos (Windows, MacOS, Linux).

En caso de que el sistema operativo a utilizar no presente una instalación de Python 2.7, se puede descargar el instalador desde la *página web oficial de python*¹

Una vez descargado el instalador, se procede a instalar Python en el sistema operativo.

Se recomienda *instalar PIP*² para manejar e instalar los paquetes de Python necesarios para ejecutar correctamente el programa.

¹ <https://www.python.org/downloads/>

² <https://pip.pypa.io/en/stable/installing/>

2.2 Librerías Necesarias

Para el correcto funcionamiento del programa, son necesarias distintas librerías compatibles con Python 2.7.

Para instalar dichas librerías, se recomienda utilizar PIP, en caso de preferir otro medio de instalación, los enlaces correspondientes se proporcionarán como nota al pie para cada librería o módulo.

Las librerías necesarias para el correcto funcionamiento del programa son las siguientes:

2.2.1 OpenCV

Para instalar OpenCV se puede *descargar e instalar desde la web oficial*³ o utilizar el siguiente comando de PIP:

```
pip install opencv-python
```

Una vez instalado opencv, se puede revisar su correcta instalación abriendo una terminal de python y escribiendo las dos líneas siguientes:

```
import cv2  
cv2.__version__
```

Esto retornará la versión instalada de OpenCV, la cual debería ser 3.4 o superior.

³ <https://opencv.org/opencv-3-4.html>

2.2.2 Imutils

Para instalar la librería imutils, se puede *descargar e instalar desde la web oficial*⁴ o utilizar el siguiente comando de PIP:

```
pip install imutils
```

Una vez instalado imutils, se puede revisar su correcta instalación abriendo una terminal de python y escribiendo las dos líneas siguientes:

```
import imutils  
imutils.__version__
```

Esto retornará la versión instalada de imutils, la cual debería ser 0.4 o superior.

2.2.3 PIL

Para instalar la librería de procesamiento de imágenes PIL, se utilizará el fork Pillow, el cual se puede *descargar e instalar desde la web oficial*⁵ o utilizar el siguiente comando de PIP:

```
pip install Pillow
```

Una vez instalado Pillow, se puede revisar su correcta instalación abriendo una terminal de python y escribiendo las dos líneas siguientes:

```
import PIL  
PIL.__version__
```

Esto retornará la versión instalada de PIL (Pillow), la cual debería ser 5.2 o superior.

⁴ <https://pypi.org/project/imutils/>

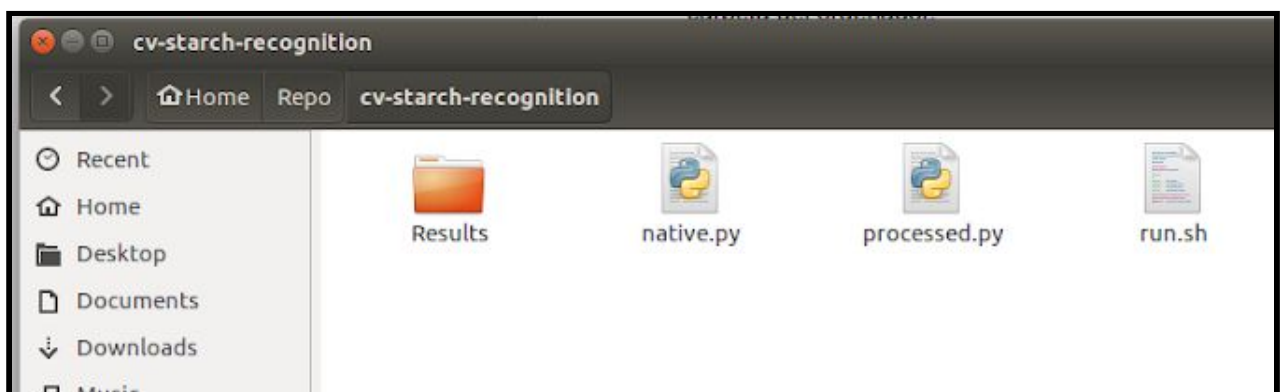
⁵ <https://pypi.org/project/imutils/>

2.3 Descarga e Instalación del Programa

Para descargar el programa, se debe descargar el *repositorio de git*⁶ en alguna carpeta del ordenador.

Una vez descargado el repositorio, no es necesario instalar nada, lo único necesario son los tres archivos y la carpeta presentes en este:

- `run.sh`
- `native.py`
- `processed.py`
- `Results/`



⁶ <https://github.com/jparevalo/cv-starch-recognition>

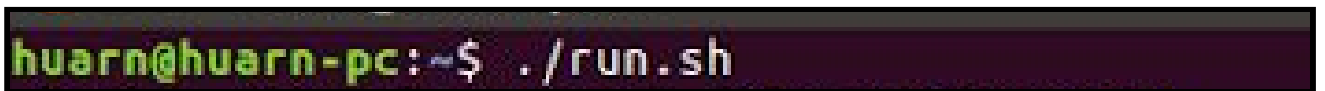
3. Funcionamiento del Software

A continuación se explicará el funcionamiento del programa, considerando su ejecución, flujo y funcionalidades.

3.1 Ejecución del Programa

Para ejecutar el programa, será necesario ejecutar el script “run.sh” presente en la carpeta raíz del repositorio, esto se puede realizar de dos formas:

- 1) Ejecutar desde consola: Para ejecutar desde la consola, se debe abrir una consola (ventana de comandos) en la carpeta raíz del repositorio y escribir “./run.sh” (sin comillas) como se ve en la imagen a continuación:

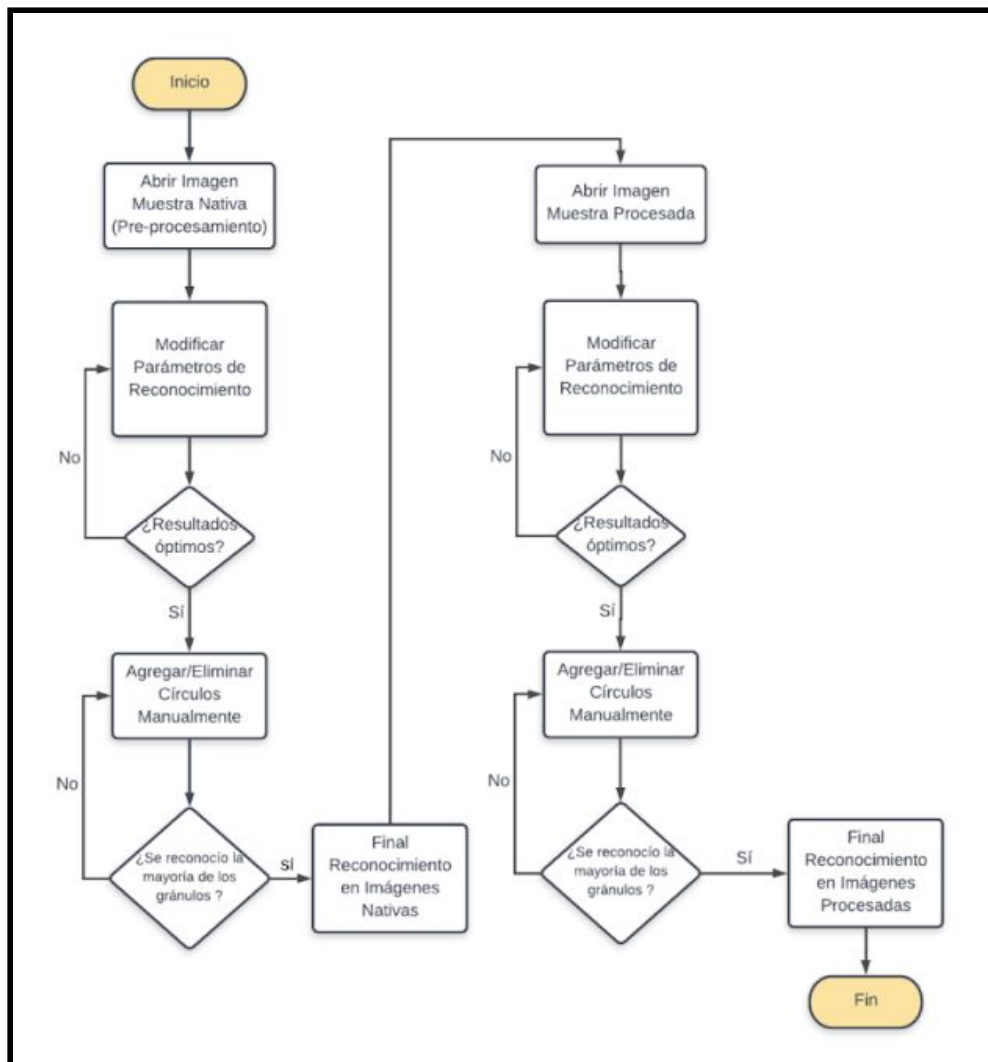
A screenshot of a terminal window with a dark background. The prompt is 'huarn@huarn-pc:~\$' in green and yellow. The command './run.sh' is entered in white text.

- 2) Ejecutar directamente con el archivo: Para ejecutar directamente se puede abrir directamente el archivo “run.sh” realizando doble-click en este.



3.2 Flujo del Programa

El flujo general del programa se puede ver en la ilustración presentada a continuación:



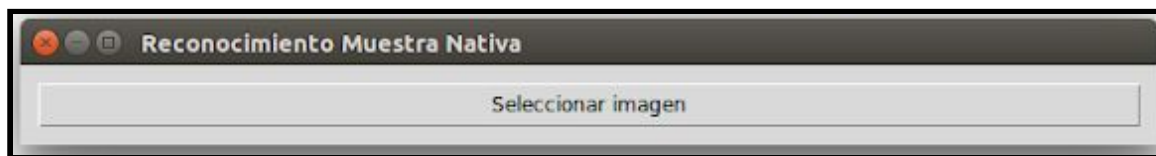
Es importante mencionar que es necesario que el flujo se cumpla de principio a fin, ya que el paso final es almacenar una comparativa de los resultados obtenidos en la etapa de reconocimiento en imágenes nativas y la etapa de reconocimiento en imágenes procesadas.

Es por esto que, en caso de no realizar un flujo completo, podrían generarse discrepancias en el archivo de comparativa de resultados.

A continuación se explicara detalladamente el flujo del programa, especificando cada paso y el correcto uso de las herramientas proporcionadas al usuario operador.

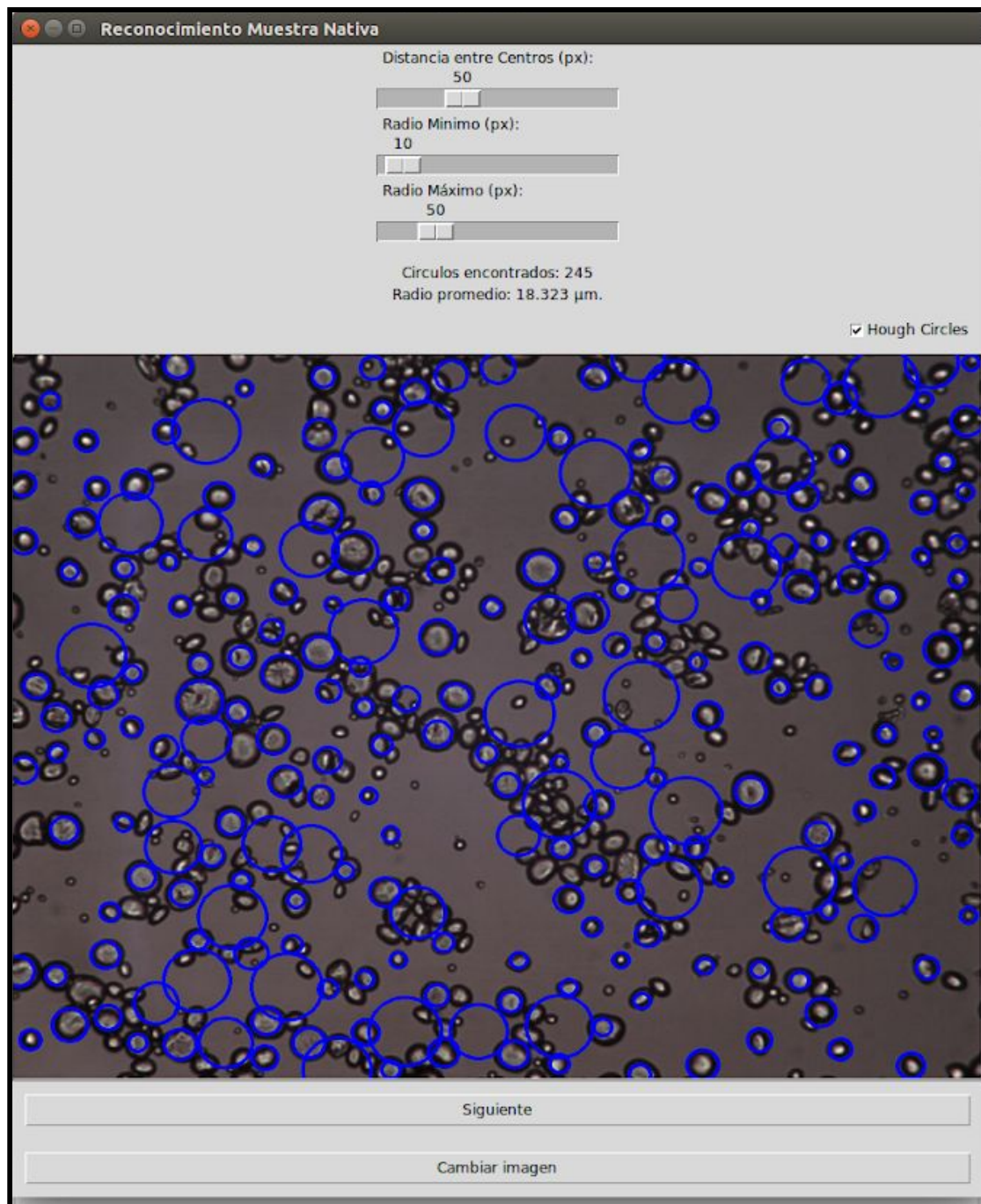
3.2.1 Abrir imagen nativa

Al ejecutar el programa, la primera ventana proporcionará al usuario la opción de seleccionar una imagen para comenzar el proceso de identificación de gránulos.



El usuario debe presionar el botón de “Seleccionar imagen” y seleccionar una de las imágenes en estado nativo para comenzar el proceso.

Una vez seleccionada una imagen, se abrirá una ventana con dicha imagen y los gránulos detectados por el proceso de identificación automático (en color azul), como se ve en la imagen a continuación:



Como se puede ver, el primer reconocimiento no siempre presenta los mejores resultados, por lo que el usuario puede variar los parámetros de reconocimiento, lo cual es explicado en el punto siguiente.

3.2.2 Modificaciones

El usuario operador puede variar los parámetros de reconocimiento de gránulos para obtener mejores resultados, utilizando las barras horizontales (sliders) ubicadas en la parte superior de la ventana.

Los sliders se utilizan para disminuir o aumentar ciertos parámetros, los cuales, al variar, actualizarán instantáneamente el estado de la imagen que se presenta al usuario, pudiendo éste realizar variaciones y observar en tiempo real los resultados, en miras de obtener la configuración que proporcione el mejor reconocimiento de gránulos de almidón.



The image shows a software control panel with three sliders and two result labels. The sliders are for 'Distancia entre Centros (px)', 'Radio Mínimo (px)', and 'Radio Máximo (px)'. The first slider is set to 43, the second to 10, and the third to 50. Below the sliders, the results are displayed as 'Círculos encontrados: 298' and 'Radio promedio: 18.505 µm.'.

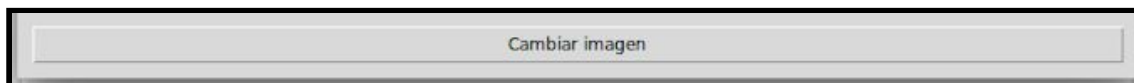
Parameter	Value
Distancia entre Centros (px)	43
Radio Mínimo (px)	10
Radio Máximo (px)	50
Círculos encontrados	298
Radio promedio	18.505 µm.

La especificación de cada parámetro y su efecto en el reconocimiento se abarca con mayor detalle en el punto 3.3.1 de este documento.

Además de la modificación de los parámetros de reconocimiento automático, el usuario podrá agregar o eliminar círculos manualmente en caso de existir detecciones erradas o gránulos que no fueron detectados. Estas funcionalidades se explican con mayor detalle en los puntos 3.3.2 y 3.3.3 de este documento.

3.2.3 Cambiar Imagen

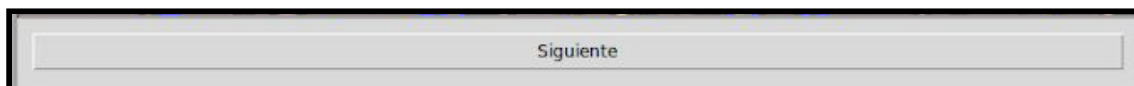
El usuario podrá cambiar de imagen en todo momento, tanto en esta etapa (reconocimiento en imágenes nativas) como en la etapa siguiente (reconocimiento en imágenes procesadas), por medio del botón de “Cambiar Imagen” ubicado en la parte inferior de la ventana, el cual, al ser presionado, permitirá al usuario operador seleccionar una nueva imagen para procesar.



3.2.4 Finalizar reconocimiento en imagen nativa

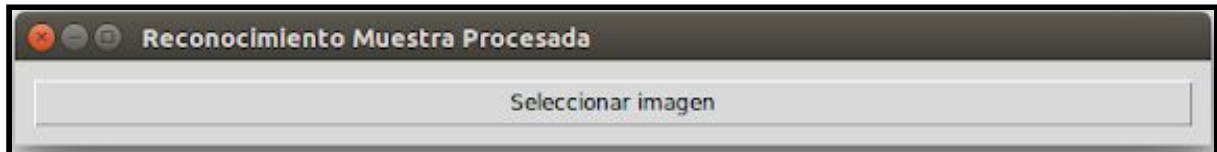
Una vez que el usuario se encuentre satisfecho con los resultados del procesamiento, podrá finalizar el proceso de reconocimiento para imágenes nativas y proceder a realizar el proceso de reconocimiento en imágenes procesadas.

El usuario debe presionar el botón “Siguiente” ubicado en la parte inferior de la ventana, el cual, luego de guardar los resultados obtenidos en la etapa actual, pasará a la siguiente.



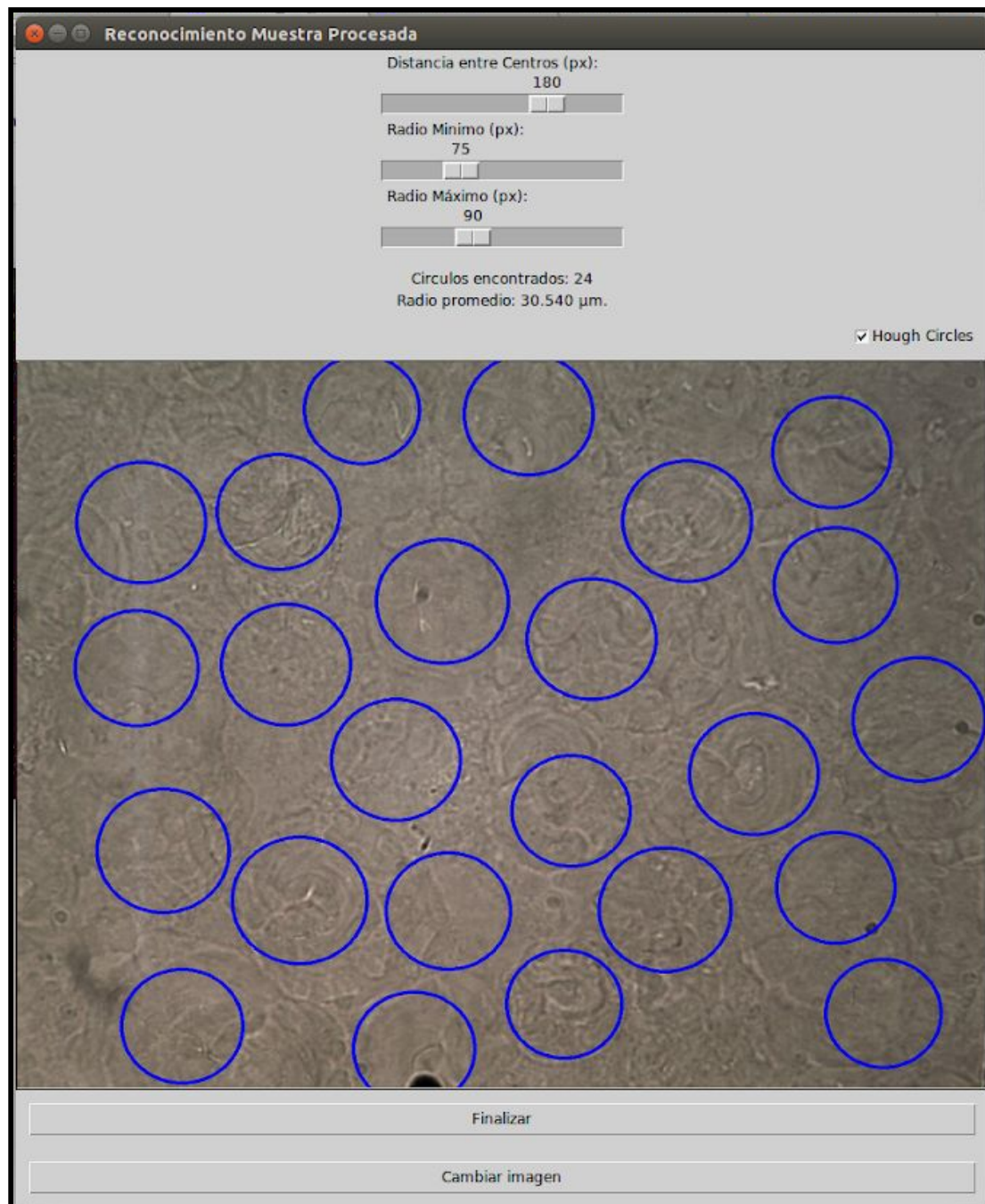
3.2.5 Abrir imagen procesada

Al igual que al inicio del programa, el usuario podrá seleccionar una imagen para proceder a comenzar con la etapa de reconocimiento en imágenes procesadas.



El usuario debe presionar el botón de “Seleccionar imagen” y seleccionar una de las imágenes en estado procesado (posterior a su procesamiento) para comenzar el proceso.

Una vez seleccionada una imagen, se abrirá una ventana con dicha imagen y los gránulos detectados por el proceso de identificación automático (en color azul), como se ve en la imagen a continuación:



Como se puede ver, el reconocimiento no siempre presenta los mejores resultados, por lo que el usuario puede variar los parámetros de reconocimiento, lo cual es explicado en el punto siguiente.

3.2.6 Modificaciones

Al igual que en la etapa anterior, el usuario operador puede variar los parámetros de reconocimiento de gránulos para obtener mejores resultados, utilizando las barras horizontales (sliders) ubicadas en la parte superior de la ventana.

Distancia entre Centros (px):
180

Radio Mínimo (px):
75

Radio Máximo (px):
90

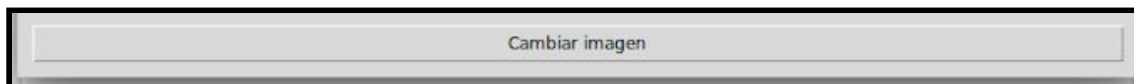
Círculos encontrados: 24
Radio promedio: 30.540 μm .

La especificación de cada parámetro y su efecto en el reconocimiento se abarca con mayor detalle en el punto 3.3.1 de este documento.

Además de la modificación de los parámetros de reconocimiento automático, el usuario podrá agregar o eliminar círculos manualmente en caso de existir detecciones erradas o gránulos que no fueron detectados. Estas funcionalidades se explican con mayor detalle en los puntos 3.3.2 y 3.3.3 de este documento.

3.2.7 Cambiar Imagen

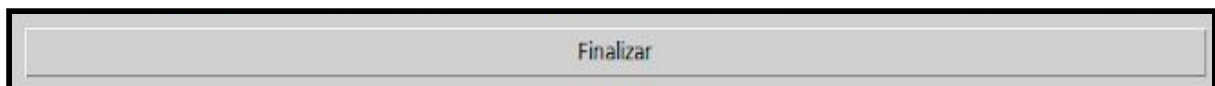
Al igual que en la etapa anterior, el usuario podrá cambiar de imagen por medio del botón de “Cambiar Imagen” ubicado en la parte inferior de la ventana, el cual, al ser presionado, permitirá al usuario operador seleccionar una nueva imagen para procesar.



3.2.8 Finalizar reconocimiento en imagen procesada

Una vez que el usuario se encuentre satisfecho con los resultados del procesamiento, podrá finalizar el proceso de reconocimiento para imágenes procesadas, lo cual almacenará los resultados obtenidos en esta etapa y además almacenará la comparativa de ambas etapas en el archivo de comparación, el cual se explicará en el punto 4.1.3 de este documento.

Para finalizar la etapa de reconocimiento en imágenes procesadas y, por ende, finalizar el programa, el usuario deberá presionar el botón “Finalizar” ubicado en la parte inferior de la ventana.



3.3 Funcionalidades

Como se mencionó anteriormente, el usuario operador del programa tendrá la posibilidad de utilizar distintas funcionalidades para mejorar o asistir en el reconocimiento de gránulos de almidón.

Dichas funcionalidades serán explicadas en mayor detalle a continuación:

3.3.1 Ajustar parámetros de reconocimiento

El usuario podrá ajustar los parámetros de reconocimiento, utilizando los sliders que se presentan en la parte superior de la ventana, como se ve en la siguiente imagen:

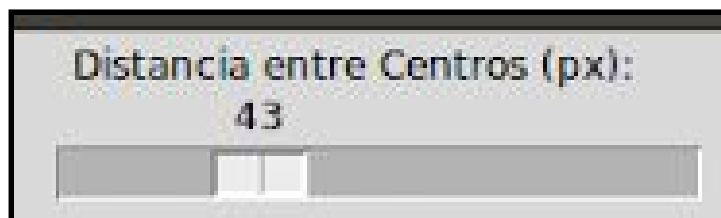


Cada uno de los parámetros que se pueden variar serán explicados a continuación.

3.3.1.1

Distancia entre Centros

Se podrá variar la distancia de los centros de los círculos detectados, la cual será representada en pixeles.



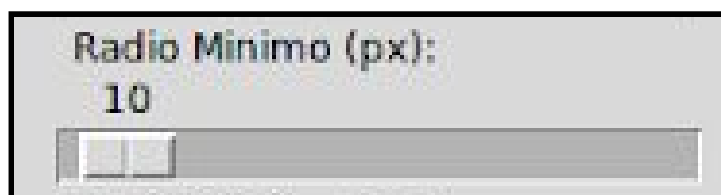
Dicha distancia implica que, en caso de existir posibles gránulos a una distancia menor a la establecida en el slider, estos no se considerarán como gránulos.

La principal funcionalidad de este slider es evitar (o permitir) el traslape o superposición excesiva de los gránulos detectados, así como también mejorar el reconocimiento en gránulos de mayor o menor tamaño que el habitual.

3.3.1.2

Radio Mínimo

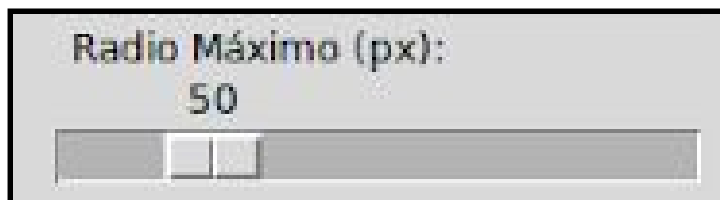
Se podrá variar el radio mínimo de los círculos detectados, el cual será representado en pixeles.



La principal funcionalidad de este slider es acotar la detección de gránulos para acercarse más al radio objetivo de los gránulos presentes en la imagen, evitando así el falso reconocimiento de partículas flotantes o ruido.

3.3.1.3 Radio Máximo

Se podrá variar el radio máximo de los círculos detectados, el cual será representado en pixeles.

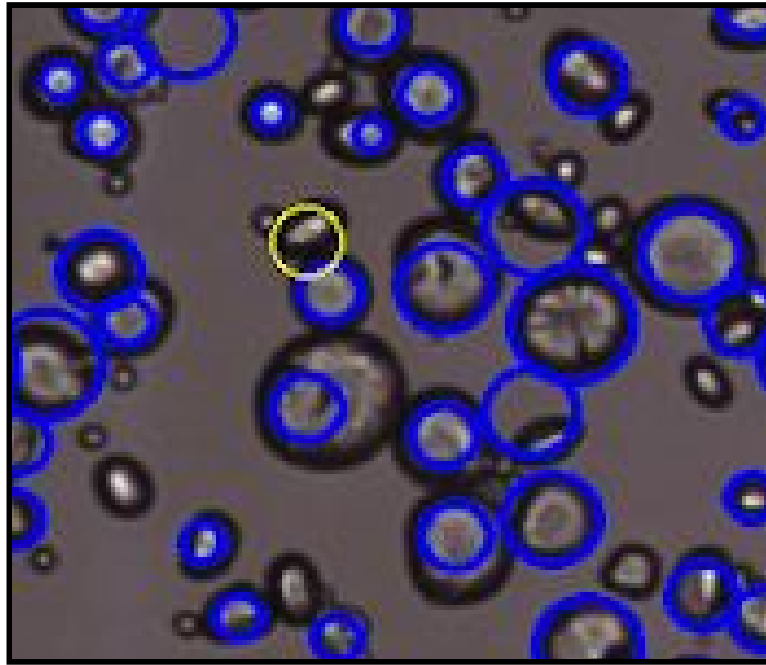


Análogamente a la funcionalidad de modificación de Radio Mínimo, la principal funcionalidad de este slider es acotar la detección de gránulos para acercarse más al radio objetivo de los gránulos presentes en la imagen, identificando de mejor manera gránulos de tamaño aumentado o que escapan del habitual o evitando partículas grandes que afecten los resultados.

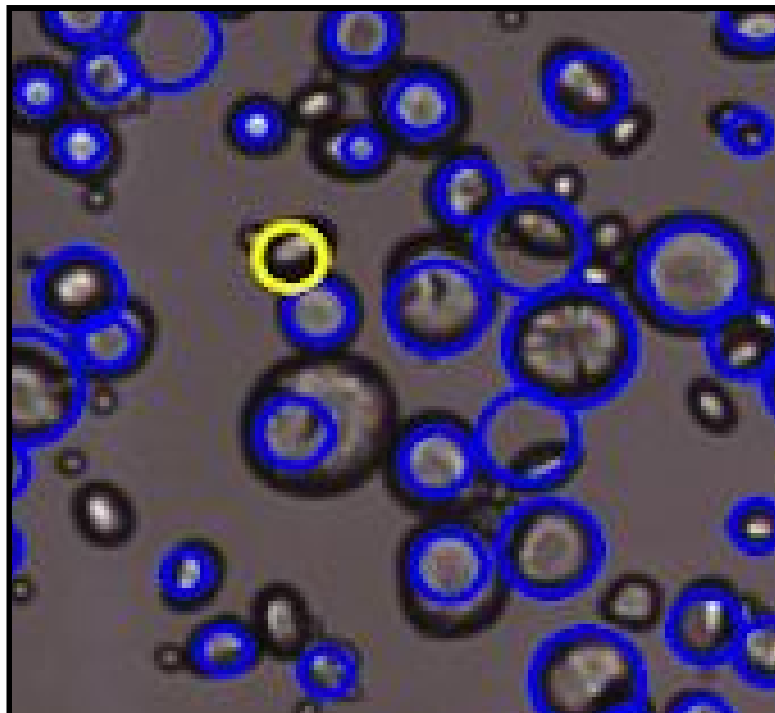
3.3.2 Agregar círculos

El usuario operador podrá agregar círculos (detecciones de gránulos de almidón) cuantas veces quiera, para asistir a la detección automática e incorporar gránulos que por alguna razón no fueron detectados por esta.

Para esto, el usuario deberá presionar la tecla Ctrl (Control) y luego hacer click izquierdo en alguna parte de la imagen (sin soltarlo), para proceder a desplazar el puntero hacia alguna dirección, lo cual formará un círculo delgado que irá variando a medida que el usuario desplaza el puntero, como se ve a continuación:

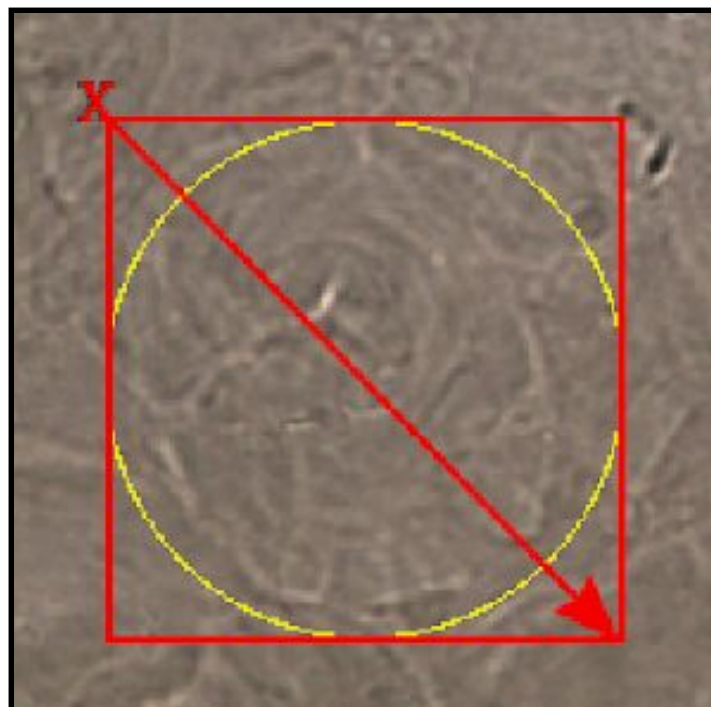


Una vez que el usuario suelte el click izquierdo, el círculo quedará dibujado en la imagen con color amarillo y será tratado como un gránulo detectado, almacenando su radio y afectando al promedio de radios presentado al usuario en la ventana principal.



El proceso de dibujado del círculo se realiza en base a la posición donde se realizó el click, mientras que a medida que se mueve el puntero se formará (sin dibujar) un cuadrado cuya diagonal será representada por la recta entre la posición inicial y la posición actual del puntero.

El círculo se dibuja como el círculo inscrito en el cuadrado formado por el desplazamiento del puntero, como se aprecia en la imagen siguiente:



Como se mencionó anteriormente, el usuario operador podrá agregar tantos círculos como sea necesario para obtener el mejor reconocimiento posible.

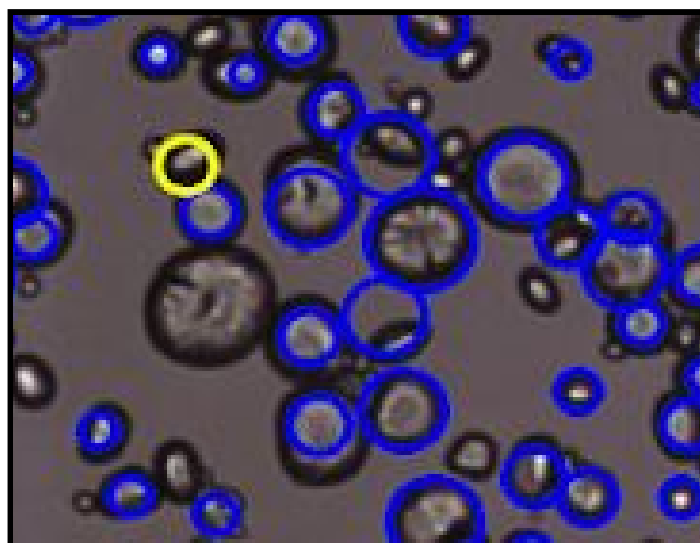
3.3.3 Eliminar círculos

El usuario operador podrá eliminar círculos (detecciones de gránulos de almidón) cuantas veces quiera, para asistir a la detección automática y eliminar detecciones erradas o poco precisas realizadas por el algoritmo de reconocimiento automático.

Para esto, el usuario deberá presionar click izquierdo dentro de cualquier círculo presente en la imagen (ya sea círculos reconocidos por el reconocimiento automático o agregados por el usuario operador). En caso de ubicarse dentro de un círculo, este cambiara su color a rojo y se abrirá una ventana estilo Pop-Up.



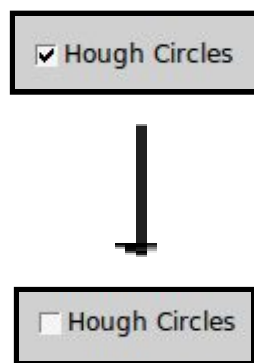
En dicha ventana existirá un botón con el texto “Eliminar Circulo”, el cual, al ser presionado, eliminará el círculo seleccionado y no lo considerará como parte de la detección, lo cual se refleja tanto en el radio promedio de círculos detectados así como también en la cantidad de círculos identificados.



3.3.4 Mostrar/Ocultar círculos

En caso de que el reconocimiento de gránulos automático presente resultados mediocres que no vale la pena considerar, el usuario operador podrá ocultarlos para proceder a agregar círculos de manera manual.

Esto se puede realizar desmarcando la casilla “Hough Circles” en la esquina superior derecha sobre la imagen (la cual está seleccionada por defecto), como se ve a continuación:



En caso de que el usuario quiera mostrar los círculos identificados por el algoritmo automático, bastará con seleccionar (marcar) nuevamente la casilla “Hough Circles”.

Vale la pena mencionar que, en caso de desmarcar la casilla, los círculos (gránulos) identificados en el proceso de detección automática no serán considerados tanto en los resultados presentados al usuario en la ventana como en los resultados finales almacenados en los archivos de resultados.

4. Resultados

A lo largo del flujo del programa, se almacenan distintos resultados los cuales pueden ser luego revisados por el usuario dentro de la carpeta “Results”.

A continuación, se explicarán los archivos de resultados generados al ejecutar el programa.

4.1 Data

En la carpeta Data se almacenan los datos obtenidos del proceso de reconocimiento de gránulos de almidón.

Todos los archivos de datos serán en formato .csv presentarán un sufijo de tipo “_MM-YYYY” indicando el mes y año en que se analizaron las muestras.

Por ejemplo, si se analiza una muestra en Julio del año 2018, los resultados de esta se almacenarán en el archivo (NATIVE/PROCESSED/COMPARISON)_07-2018.csv.

Al analizar una muestra en un mes donde no existen previos análisis, se creará el archivo nuevo con el sufijo correspondiente.

4.1.1 NATIVE

Para los datos de reconocimiento en imágenes nativas, existirán los archivos con prefijo NATIVE, los cuales almacenarán los resultados obtenidos en la etapa de reconocimiento de imágenes nativas de la siguiente forma (columnas delimitadas por el carácter ‘;’):

TIPO IMAGEN;
CONCENTRACIÓN DE CELULOSA;
AUMENTO;
RUTA DE LA IMAGEN ORIGINAL;
GRÁNULOS DETECTADOS;
RADIO PROMEDIO;
FECHA;
RUTA DE LA IMAGEN FINAL

Por ejemplo:

NATIVE;0;25;C:\Images\A.png;152;12.3123;2017/01/01;C:\Results\Native\A.png

4.1.2 PROCESSED

Para los datos de reconocimiento en imágenes procesadas, existirán los archivos con prefijo PROCESSED, los cuales almacenarán los resultados obtenidos en la etapa de reconocimiento de imágenes procesadas de la siguiente forma (columnas delimitadas por el carácter ‘;’):

TIPO IMAGEN;

CONCENTRACIÓN DE CELULOSA;

AUMENTO;

ruta de la imagen original;

GRÁNULOS DETECTADOS;

RADIO PROMEDIO;

FECHA;

ruta de la imagen final

Por ejemplo:

PROCESSED;2;10;C:\Images\p.png;9;32.9;2017/01/01;C:\Results\Processed\p.png

4.1.3 COMPARISON

Finalmente, se creará un archivo de comparación entre el análisis realizado a una imagen de muestra en estado nativo y a su contraparte en estado procesado, el cual presentará el prefijo COMPARISON.

Dichos archivos almacenarán la comparativa de los resultados obtenidos en ambas etapas de la siguiente forma (columnas delimitadas por el carácter ';'):

CONCENTRACIÓN DE CELULOSA;
AUMENTO;
RUTA DE LA IMAGEN DE MUESTRA NATIVA ORIGINAL;
RUTA DE LA IMAGEN DE MUESTRA PROCESADA ORIGINAL;
RUTA DE LA IMAGEN DE MUESTRA NATIVA FINAL;
RUTA DE LA IMAGEN DE MUESTRA PROCESADA FINAL;
GRÁNULOS DETECTADOS (MUESTRA NATIVA);
GRÁNULOS DETECTADOS (MUESTRA PROCESADA);
RADIO PROMEDIO (MUESTRA NATIVA);
RADIO PROMEDIO (MUESTRA PROCESADA);
FECHA;

Por ejemplo:

2;25;C:\Images\A.png;C:\Images\p.png;C:\Results\Native\A.png;C:\Results\Processe
d\p.png;152;9;12.3123;32.9;2017/01/01;

4.2 Native

Además de almacenar los datos de los resultados obtenidos para la etapa de reconocimiento en muestras nativas, el programa también almacenará una copia de la imagen final (con sus respectivos círculos dibujados) en caso de que el usuario desee analizarla o utilizarla en el futuro.

Estas imágenes se almacenan dentro de la carpeta Native y tendrán el mismo nombre que la imagen original que fue procesada.

4.3 Processed

Al igual que para la etapa de reconocimiento en muestras nativas, el programa también almacenará una copia de la imagen final (con sus respectivos círculos dibujados) resultante de la etapa de reconocimiento en muestras procesadas, en caso de que el usuario desee analizarla o utilizarla en el futuro.

Estas imágenes se almacenan dentro de la carpeta Processed y tendrán el mismo nombre que la imagen original que fue procesada.