Tesina de Grado

Tracing en Nervaduras: Reconstrucción del Árbol de Nervaduras en Hojas Segmentadas

Licenciatura en Ciencias de la Computación

Facultad de Ciencias Exactas, Ingeniería y Agrimensura

Universidad Nacional de Rosario

Marisol Farías

Dirigida por: Mónica G. Larese

Mayo 2016

Contenidos

Lista de Figuras **iii**

1 Introducción **1**

1.1 Objetivos 4

2 Preprocesamiento e Inicialización **5**

2.1 Terminología 5

2.2 Conjunto de Datos Inicial 6

2.3 Datos de Entrada 6

2.4 Preprocesando las imágenes 7

2.4.1 Obteniendo un esqueleto a partir de la imagen binaria 7

2.4.2 Resaltando nervaduras principales en la imagen en escala de grises . 8

2.5 Estableciendo un valor de cota inferior 10

2.6 Detectando nervaduras cercanas al pecíolo 10

3 Tracing **13**

3.1 Estructura de un nodo 13

3.2 Iteración 14

3.2.1 Preparación de candidatos 14

3.2.2 Selección de un candidato 16

3.2.3 Generación de un nuevo hijo 17

3.2.4 Aceptación del nodo 18

3.3 Recorrido General 23

3.3.1 Fase 1 24

3.3.2 Fase 2 . . . 25
3.3.3 Variando Semillas . . . 27
3.4 Análisis de casos especiales . . . 30
3.4.1 Uniones falsas . . . 30
3.4.2 Nodos separados . . . 31

4 Extracción de *Features* 33
4.1 Tipos de Nodo . . . 33
4.2 Nervaduras Principales: Camino más largo . . . 34
4.3 Nervaduras Principales: Cantidad y distribución . . . 35
4.4 Nervaduras Principales: Ratio de curvatura . . . 36
4.5 Nervaduras Principales: Ángulos relativos a la central . . . 37
4.6 Longitud de Caminos . . . 38
4.7 Extremos . . . 39
4.8 Direcciones . . . 40
4.9 Distribución de Bifurcaciones . . . 43
4.10 Resumen de Características . . . 46

5 Clasificación 49
5.1 Clasificadores . . . 49
5.1.1 Support vector machines (SVM) . . . 49
5.1.2 Penalized Discriminant Analysis (PDA) . . . 50
5.1.3 Random Forest (RF) . . . 50
5.2 Validación Cruzada . . . 51

6 Resultados 53
6.1 Resultados del tracing . . . 53
6.1.1 Análisis . . . 61
6.2 Resultados de la clasificación de especies . . . 63

7 Conclusiones y Trabajos Futuros 65

Lista de Figuras

2.1 Partes de la hoja 5
2.2 Imágenes de entrada 6
2.3 Nervaduras principales resaltadas manualmente 7
2.4 Preprocesamiento de la imagen binaria 8
2.5 Resaltando nervaduras en la imagen en escala de grises 9
2.6 Preprocesamiento de la imagen en escala de grises 10
2.7 Detección de nervaduras relativas al pecíolo 11
2.8 Detección de Nervaduras principales en dos pasadas. 12

3.1 Circunferencia de exploración 15
3.2 Generación de nodo hijo 18
3.3 Puntos de cruce X 19
3.4 Área bloqueada para n_2. 20
3.5 Pseudocódigo de rangos de bloqueos 21
3.6 Bloqueos al finalizar el *tracing* 21
3.7 Bloqueos en nervaduras anchas 22
3.8 Dos iteraciones iniciadas en semillas vecinas 23
3.9 Ronda de iteraciones 24
3.10 Resultados obtenidos al finalizar la fase 1 25
3.11 Recorrido para *ProcessLater* 26
3.12 Resultados obtenidos al finalizar la fase 2 27
3.13 Variación de semillas para una hoja de poroto blanco 28
3.14 Variación de semillas para una hoja de poroto colorado 29

3.15 Variación de semillas para una hoja de soja 30
3.16 Uniones falsas en venas 31
3.17 Bifurcaciones X 31
3.18 Presencia de bifurcaciones en X 32

4.1 Tipos de nodos. 34
4.2 Ángulos y desvíos 34
4.3 Nervaduras principales de una hoja. 35
4.4 Análisis de curvatura para la nervadura i 36
4.5 Ángulos entre nervaduras principales. 38
4.6 Árbol con tres caminos 39
4.7 Extremos inferiores y superior 40
4.8 Direcciones observadas en cada área de la hoja 42
4.9 Distribución de Bifurcaciones 44

5.1 Validación cruzada *k-fold* 51

6.1 Especímen de Soja 1 54
6.2 Especímen de Soja 2 54
6.3 Especímen de Soja 3 55
6.4 Especímen de Soja 4 55
6.5 Especímen de Soja 5 56
6.6 Especímen de Poroto Blanco 1 56
6.7 Especímen de Poroto Blanco 2 57
6.8 Especímen de Poroto Blanco 3 57
6.9 Especímen de Poroto Blanco 4 58
6.10 Especímen de Poroto Blanco 5 58
6.11 Especímen de Poroto Colorado 1 59
6.12 Especímen de Poroto Colorado 2 59
6.13 Especímen de Poroto Colorado 3 60
6.14 Especímen de Poroto Colorado 4 60
6.15 Especímen de Poroto Colorado 5 61

Capítulo 1

Introducción

En los últimos años, ha surgido gran interés por analizar el efecto de las variaciones genéticas en fenotipos de plantas. El fenotipo de una planta tiene por objeto la caracterización y descripción cuantitativa de rasgos complejos de la planta, incluyendo, entre muchos otros, características de la hoja.

Estudios recientes en la literatura muestran correlaciones entre las nervaduras y las propiedades de la hoja (por ejemplo, tolerancia a la sequía) [22, 23]. Bajo estas hipótesis, es posible pensar que la adaptación genética de la planta apuntada a la resistencia a las variaciones ambientales está reflejado en los patrones de las nervaduras de sus hojas incluso cuando las hojas presenten similar apariencia en forma, color y tamaño.

Actualmente, la información proveniente de los rasgos de las hojas se ha incluído en procesos automáticos de clasificación de plantas. La clasificación se puede llevar adelante siempre y cuando los rasgos para cada clase sean divisibles hasta cierto punto. Diferentes enfoques incluyen analizar la forma de las hojas [1, 18, 24], el color y la textura [6, 9] o la combinación de los tres rasgos anteriormente mencionados [26].

La importancia de considerar información de las nervaduras se ha destacado en trabajos recientes [4, 20, 25]. Los resultados publicados señalan que incluso cuando las hojas comparten una apariencia similar en forma, tamaño, color y textura - como sucede con muchas variedades dentro de la misma especie -, se pueden establecer algunas diferencias entre sus nervaduras y se puede intentar realizar la clasificación, aunque éste siga siendo un problema complejo [11, 13].

En la actualidad, en nuestro país los especialistas agrónomos realizan la clasificación de las plantas agrícolas mediante el análisis manual de las hojas. Además de requerir más tiempo de procesamiento, el análisis manual es subjetivo, tedioso y más propenso a errores. En otras situaciones, las características distintivas entre especies (o incluso entre variedades dentro de la misma especie) no son visibles a simple vista, o son desconocidas *a priori* por los expertos. Éste es el caso de la planta de soja, para la cual los especialistas aún no han encontrado rasgos distintivos visibles en las hojas que permitan diferenciar las distintas variedades.

En el ambiente agrícola frecuentemente se requiere recolectar muestras para su análisis posterior en laboratorio. Dados los actuales avances tecnológicos, sin embargo, es posible que algunos de estos análisis puedan realizarse directamente durante el trabajo de campo, permitiendo obtener resultados más rápidamente y brindando mayores facilidades a los especialistas. Si bien hoy en día existen técnicas de identificación más avanzadas, tales como el análisis del ADN (Ácido Desoxirribonucleico), estas técnicas son mucho más costosas y además requieren de equipamiento especial del cual no se puede disponer fácilmente al aire libre. Por el contrario, el desarrollo de un sistema de identificación foliar automático requeriría contar solamente con un PDA (*Personal Digital Assistant*) con conexión a Internet.

El grupo donde se llevó adelante la tesina desarrolló una serie de trabajos abordando la problemática de la clasificación de hojas, correspondientes a especies y variedades de leguminosas [10–13]. El trabajo de *Larese et al* [13] tenía por objeto realizar la identificación tanto para hojas muy diferentes como para aquellas que tienen una apariencia similar (forma, tamaño, color, textura) utilizando exclusivamente información morfológica de las nervaduras. Los resultados obtenidos fueron satisfactorios permitiendo mejorar la clasificación realizada por el hombre. Sin embargo, los porcentajes de clasificación son todavía muy bajos para el reconocimiento de distintos cultivares. Por este motivo, se quiere investigar el uso de información topológica y de conectividad de las nervaduras segmentadas, extendiendo el análisis a la hoja completa.

En este contexto, la tesina busca resolver el módulo acotado de reconstrucción del árbol de nervaduras para la medición de características topológicas que se utilizarán posteriormente para la identificación de especies y variedades.

Siendo que la morfología de las nervaduras presenta similitudes respecto a las venas, se consultó el estado del arte dedicado a resolver problemáticas semejantes en esta área. Algunos trabajos del área de la medicina [3, 15, 16, 28] buscan resaltar rasgos y propiedades de las ramificaciones de venas y redes neuronales por medio del análisis de la estructura de árbol resultante de algoritmos de *tracing*. *Kai-Shun et al* [14] propone un sistema para reconstruir topologías de los árboles de venas de la retina con realismo anatómico con el fin de monitorear enfermedades vasculares. Otras publicaciones [5, 21] utilizan la estructura de un grafo que representa los árboles vasculares para realizar la clasificación entre venas y arterias.

Las técnicas utilizadas en medicina no son directamente aplicables a imágenes de nervaduras. Por un lado, estos métodos son dependientes de la modalidad de adquisición de las imágenes, ya que en general utilizan umbrales o parámetros no extensibles fácilmente a problemas tan diferentes como el que se trata en esta tesina. Por el otro, en medicina en general, se utilizan sustancias de contraste que permiten mejorar la visualización de los vasos, cosa que no sucede en las imágenes de hojas de las cuales se dispone para este trabajo, las cuales fueron obtenidas simplemente mediante el escaneo de las hojas con un escáner estándar.

En el ámbito de la agronomía, se han utilizado algoritmos de *tracing* sobre imágenes de plantas. *Augustin et al* [2] propone un framework para extraer características geométricas y topológicas de imágenes correspondientes a la planta *Arabidopsis* por medio de la creación de una estructura de árbol de las ramificaciones de la misma.

En esta tesina, se describe un procedimiento que es de utilidad para estudiar patrones topológicos de las nervaduras de las hojas. Se consideran tres legumbres: poroto colorado, poroto blanco y soja. Se reconstruye el árbol de nervaduras mediante técnicas de procesamiento de imágenes y se construye una estructura de datos de las nervaduras, proponiendo un algoritmo de *tracing* sobre las mismas. Se examina el árbol reconstruído calculando patrones o rasgos característicos de cada especie y observando sólo las nervaduras, es decir, se excluyen del análisis la textura, el color y las formas de las hojas.

Luego, a modo informativo, se calculan los resultados de la clasificación obtenidos utilizando esta información topológica. Los mismos muestran una mejora respecto de resultados disponibles en la literatura para el mismo conjunto de datos [13] y los resultantes

de la clasificación manual, mostrando las ventajas del procedimiento completo. Una mayor precisión indica que el método es capaz de encontrar más diferencias entre los patrones de las nervaduras de las clases permitiendo su utilización como una herramienta para investigar la naturaleza de esas diferencias entre las tres especies consideradas en este trabajo.

A continuación se describe la organización del trabajo. En el capítulo 2 se detalla el preprocesamiento realizado a los conjuntos de imágenes originales. El proceso de *tracing* es descripto en el capítulo 3. En el capítulo 4 se señalan los rasgos de las nervaduras que se propone medir sobre el árbol reconstruído de las nervaduras de manera de extraer la información topológica necesaria, mientras que en el 5 se explica el proceso de clasificación utilizado. Los resultados obtenidos se presentan en el capítulo 6 y las conclusiones en el 7.

1.1 Objetivos

El objetivo de esta tesina es reconstruir las conexiones entre las ramificaciones de las nervaduras segmentadas en imágenes digitales de hojas para permitir la posterior medición de características geométricas y topológicas, posibilitando luego, entrenar clasificadores automáticos.

Como objetivos específicos se plantean:

- Desarrollar un algoritmo eficiente para la reconstrucción del árbol de nervaduras en hojas previamente segmentadas.
- Proponer una estructura de datos adecuada para almacenar la información de conectividad de las nervaduras reconstruídas.
- Evaluar las ventajas/desventajas del algoritmo propuesto.

Capítulo 2

Preprocesamiento e Inicialización

En el presente capítulo se introducirán las imágenes sobre las cuales se realizará el proceso de reconstrucción del árbol de nervaduras y se explicarán los procedimientos a los que son sometidas para obtener un conjunto de imágenes más apropiado sobre el cual poder realizar el *tracing* desarrollado en el siguiente capítulo 3.

2.1 Terminología

Por medio de la figura 2.1 se ilustran las distintas partes de la hoja a las que se hace alusión durante el presente trabajo.

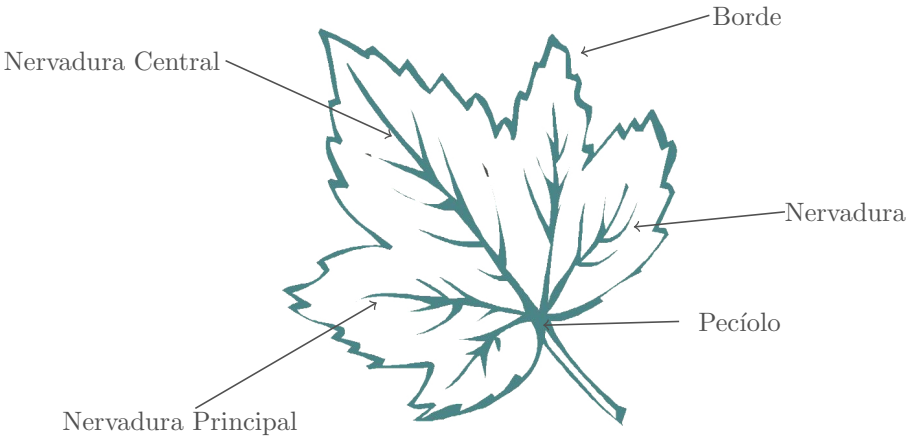


Figura 2.1: Partes de la hoja

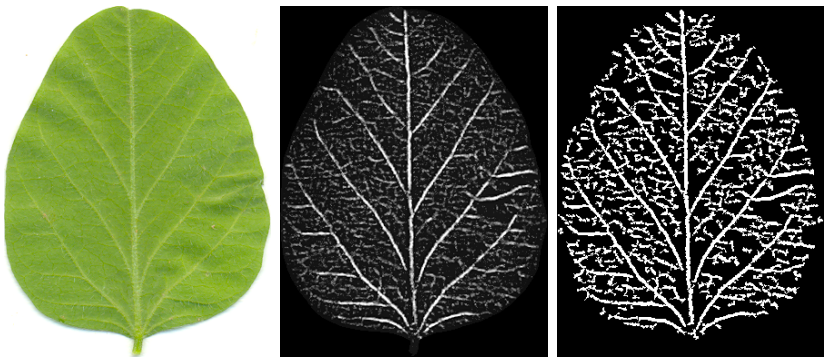
2.2 Conjunto de Datos Inicial

El conjunto de datos a utilizar consiste en 866 imágenes, en color RGB, de dos hojas del primer follaje correspondientes a 433 especímenes (211 plantas de soja, 136 de poroto colorado y 86 de poroto blanco). De las 866 imágenes, 422 pertenecen a hojas de soja, 272 a hojas de poroto colorado y 172 a hojas de poroto blanco.

Las imágenes fueron obtenidas mediante un procedimiento rápido, ecónomico y simple: las hojas fueron escaneadas usando un escáner Hewlett Packard Scanjet-G 3110 con una resolución de 200 píxeles por pulgada* y almacenadas como imágenes TIFF de 24-bit RGB. No fueron utilizados ni procedimientos químicos ni biológicos para resaltar las nervaduras de las hojas.

2.3 Datos de Entrada

Para obtener el árbol de nervaduras de una hoja se dan como parámetros de entrada dos imágenes preprocesadas obtenidas a partir de una imagen color como la mostrada en la Fig. 2.2a. Una corresponde a la hoja en escala de grises con sus nervaduras resaltadas (Fig. 2.2b) y la otra a una binarización de la misma (Fig. 2.2c), obtenidas mediante el procesamiento descripto en el trabajo de Larese *et al.* [13], basado en la transformada UHMT (Unconstrained Hit-Or-Miss Transform).



(a) Original (b) Escala de grises (c) Binarizada

Figura 2.2: Imágenes de entrada

*De acuerdo al tamaño de las distintas hojas, la resolución de las imágenes resultantes varía de entre los 150^2px y 450^2px

Por otro lado, es necesario que se indique el punto inicial a partir del cual comenzará el *tracing*. Éste será la semilla por lo que es fundamental su correcta elección; cualquier punto sobre el pecíolo o cercano a él resulta óptimo.

2.4 Preprocesando las imágenes

Uno de los objetivos de la construcción del árbol, es tratar de mantener lo más fielmente posible las estructuras de las nervaduras principales. A modo de ejemplo, en la Fig. 2.3 se muestran las mismas resaltadas manualmente.

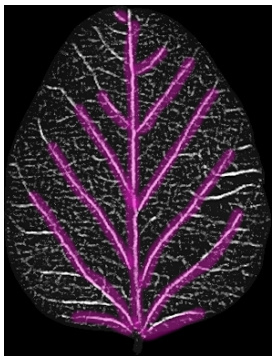


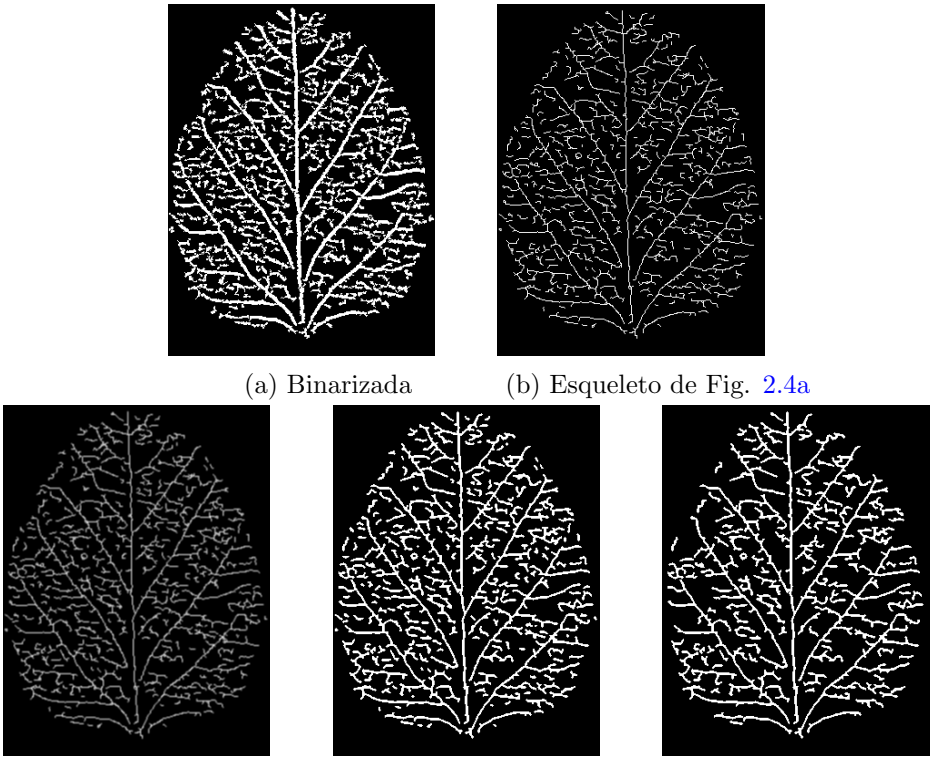
Figura 2.3: Nervaduras principales resaltadas manualmente en violeta

2.4.1 Obteniendo un esqueleto a partir de la imagen binaria

La Fig. 2.4 muestra la secuencia de pasos seguidos para obtener un esqueleto partiendo de la imagen binaria. Para esto, se aplica un proceso de *thinning* en la imagen binaria de la Fig. 2.4a[†] y luego un *blurring* del esqueleto por medio de un filtro gaussiano de 3×3 con una desviación estándar $\sigma = 1.1$, seguido de un umbralamiento automático mediante el método de OTSU [19] (Figuras 2.4c y 2.4d respectivamente). A continuación se eliminan los grumos menores a 10px.

La imagen resultante será la nueva imagen binaria a utilizar (Fig. 2.4e). De esta manera, se consigue obtener una imagen binaria más suavizada y más limpia, con un poco menos de ruido en las nervaduras.

[†]La imagen de la Fig. 2.4a se corresponde con la Fig. 2.2c y ha sido replicada con fines ilustrativos.



(a) Binarizada (b) Esqueleto de Fig. 2.4a

(c) *Blurring* a Fig. 2.4b (d) Threshold Otsu (e) Remoción de grumos

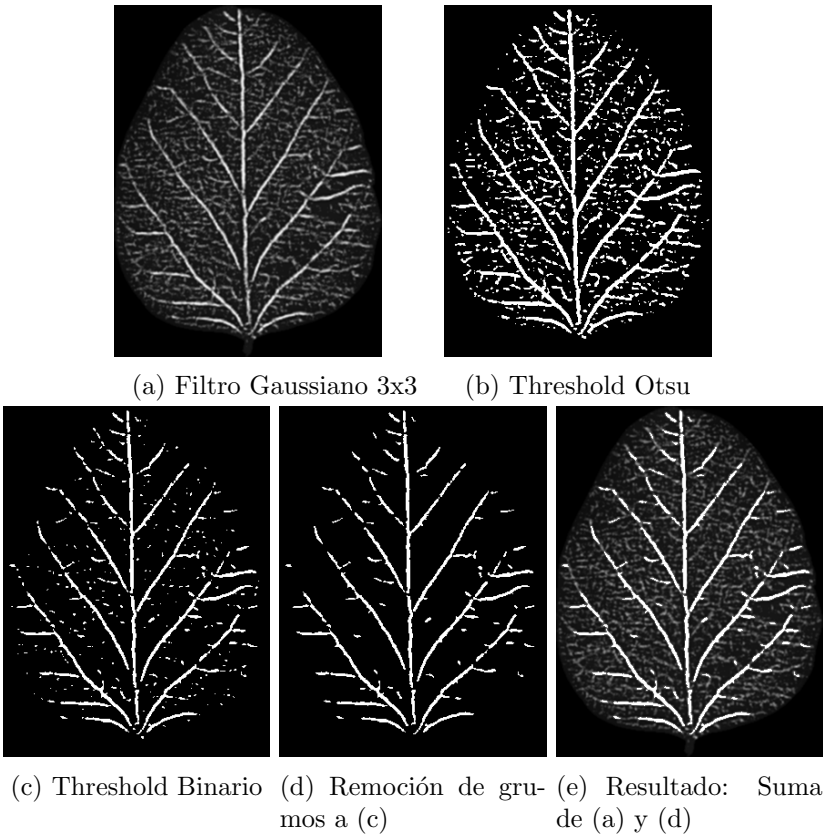
Figura 2.4: Preprocesamiento de la imagen binaria

2.4.2 Resaltando nervaduras principales en la imagen en escala de grises

La imagen en escala de grises tiene mucho ruido que podría ser confundido con un tramo de nervadura por lo que se la procesa con un filtro gaussiano de 3×3 con una desviación estándar $\sigma = 1.1$ para disminuirlo (Fig. 2.5a) y se le aplican dos umbralamientos distintos para resaltar aún más sus nervaduras principales.

A la imagen de la Fig. 2.5a se le aplica el método de OTSU [19] para obtener automáticamente el umbral *thresOtsu*. Con este valor se aplica luego una nueva umbralización sobre el filtrado gaussiano, donde todos los píxeles con valor menor o igual a $\frac{3}{2} * thresOtsu$ se anulan y el resto son llevados a 255 (valor máximo). En la Fig. 2.5c puede observarse una imagen donde predominan las nervaduras principales de la hoja. Finalmente se aplica una remoción de los blobs cuya área sea menor a 30px y se obtiene la imagen de la Fig. 2.5d. La imagen obtenida como la suma de las imágenes de Fig. 2.5d con Fig. 2.5a será utilizada posteriormente para la detección de nervaduras cercanas al pecíolo (Fig. 2.5e;

ver Sec. 2.6).



(a) Filtro Gaussiano 3x3 (b) Threshold Otsu

(c) Threshold Binario (d) Remoción de grumos a (c) (e) Resultado: Suma de (a) y (d)

Figura 2.5: Resaltando nervaduras en la imagen en escala de grises

Por otro lado, se creará la imagen en escala de grises de la Fig. 2.6c. La misma proviene de la suma de la imagen de la Fig. 2.5e y el resultado de aplicar sobre la imagen de la Fig. 2.4b un filtro gaussiano de 3×3px con desviación estándar $\sigma = 1.1$ y una dilatación. Para esta operación se utilizó un elemento horizontal de 1×3px anclado en el punto central del elemento. El *tracing* procesará esta imagen en escala de grises.

(a) Filtro gaussiano a Fig. 2.4b

(b) *Dilate* sobre Fig. 2.6a

(c) Suma de Fig. 2.5e y Fig. 2.6b

Figura 2.6: Preprocesamiento de la imagen en escala de grises

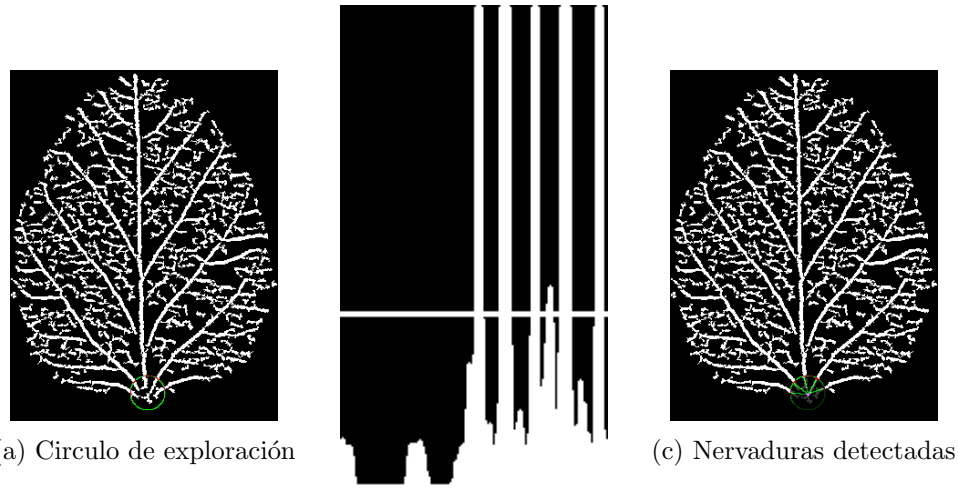
2.5 Estableciendo un valor de cota inferior

A lo largo del proceso de *tracing*, se utilizará un valor de referencia $minWhite$ que representa cuál es la mínima intensidad de gris que un píxel debe tener para ser considerado parte de una nervadura.

Se define dicha intensidad como el valor resultante de un umbralamiento automático por medio de OTSU aplicado sobre la imagen de la hoja en escala de grises (sin preprocesamiento, correspondiente a la imagen de la Fig. 2.2b) cuyas intensidades fueron disminuidas en $\frac{3}{5}$.

2.6 Detectando nervaduras cercanas al pecíolo

Considerando que la semilla del algoritmo se encuentra en el pecíolo (Sec. 2.3), se explorará en un radio de 6% del ancho de la imagen binaria con centro en la semilla observando intensidades de la imagen 2.5e en busca de las nervaduras que desprenden de esta. Por cada nervadura, se seleccionará un píxel correspondiente a la misma como hijo de la semilla. En la Fig. 2.7a se observa el radio de exploración para la hoja.



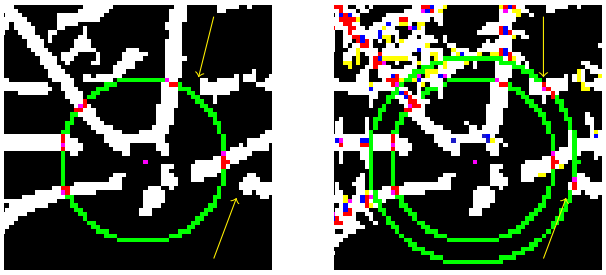
(a) Circulo de exploración (b) Perfil de intensidades (c) Nervaduras detectadas

Figura 2.7: Detección de nervaduras relativas al pecíolo

Para detectar las nervaduras se observan las intensidades de los píxeles correspondientes a ellas. La figura 2.7b representa el perfil de intensidades de los píxeles a lo largo del circulo, la línea horizontal marca la posición de intensidad $2 * minWhite$ que es a partir de la cual se encontrarán los píxeles de interés. Se considera que existe una nervadura si hay dos o más pixeles consecutivos que superen dicha intensidad.

Para cada nervadura hallada, el píxel medio será el hijo de la semilla. Las nervaduras detectadas pueden verse resaltadas en verde en la imagen de la Fig. 2.7c donde cada línea une a la semilla con un hijo.

Siendo que las imágenes a analizar tienen ruido y nervaduras cortadas o aisladas, podría ocurrir que el círculo de exploración (del 6%) utilizado caiga eventualmente en el corte de una nervadura, y en consecuencia, no poder identificar dicha nervadura. La imagen de la figura 2.8a ilustra la situación en la que dos nervaduras no son percibidas por hallarse aisladas. Por este motivo, el procedimiento hasta aquí descripto, se repite una vez más, pero esta vez con un radio del 8% del ancho de la imagen (ver imagen 2.8b). Si nuevas nervaduras son detectadas, las mismas se incorporan como hijas de la semilla también.



(a) Pérdida de nervaduras aisladas (b) Identificación de dos nuevas nervaduras

Figura 2.8: Detección de Nervaduras principales en dos pasadas.
Ejemplo de recuperación de nervadura principal aislada en un poroto blanco con exploración de dos radios

Finalmente, se estiman los diámetros de las nervaduras identificadas como la cantidad de píxeles pertenecientes a ellas cuya intensidad supere $2 * minWhite$. Con ellos, se calcula el promedio del diámetro de las nervaduras al cuál denotaremos como la constante α de la hoja y se calcula la constante ρ como $\rho = \frac{2}{5}\alpha$.

Capítulo 3

Tracing

Este capítulo desarrolla el procedimiento de *tracing* mediante el cual se construtuye la estructura de árbol representativa de la nervadura de la hoja. Primeramente, se presenta la estructura de nodo utilizada para guardar la información de cada punto interés. Luego, se exhiben las problématicas que surgieron y fueron dando forma al método iterativo desarrollado y las características de este. Finalmente, se analizará la presencia de estructuras no deseadas encontradas en otros trabajos de *tracing* [5].

3.1 Estructura de un nodo

A continuación se muestra la estructura de datos diseñada para almacenar la información correspondiente a cada nodo (hijo de semilla).

```
struct Node{
    int id;                              // id de la semilla
    CvPoint *point;                      // coordenadas x e y del nodo
    int intensity;                       // intensidad
    int spaceI;                          // suma de las intensidades del bloque(4 u 8 vecinos)
    struct Node* candidates[NSAMPLE];    // candidatos a ser la proxima semilla
    Point2d prev_direction;              // dirección de la que proviene la semilla
    double alphaAngle;                   // ángulo del que proviene la semilla
    double weight;                       // peso con el que fue elegido
    struct Node* father;                 // padre
    struct Node* children[NCHILDREN];    // hijos
    double R;                            // radio actual de la nervadura
```

```
    double r;                           // radio actual de circunferencia de exploracion
};
```

3.2 Iteración

Una iteración del algoritmo para un nodo tiene las siguientes partes:

- Preparación de los posibles candidatos
- Selección de un candidato
- Generación del nuevo hijo
- Aceptación o rechazo del hijo

En las secciones siguientes se describe cada una de estas partes.

3.2.1 Preparación de candidatos

Esta etapa ocurre cada vez que un nodo $node :: Node$ entra en iteración por primera vez (una iteración del *tracing* respecto a un nodo en particular puede realizarse más de una vez; ver Sec. 3.3 para más detalles).

Siguiendo como referencia trabajos anteriores de *tracings* relacionados con venas [21] y plantas [2], se utiliza como método de exploración un muestreo de puntos equidistantes sobre una circunferencia centrada en el nodo actual.

Para el punto de iteración actual *node*, se recorren todos los píxeles perimetrales $p_0, p_1..p_i..p_k$ con $k \in \mathbb{N}$ de una circunferencia de radio $r = node \rightarrow r$ con centro en $p = node \rightarrow point$ explorando solo aquellos cuyo ángulo $\angle\overline{p_i p}\overline{d}$ sea mayor a 45°siendo d el vector de dirección de origen (ver Fig. 3.1).

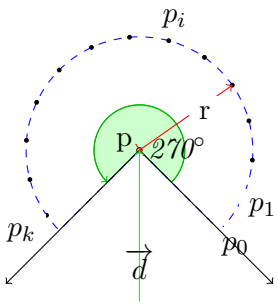


Figura 3.1: Circunferencia de exploración

Denotaremos Ip_i como la intensidad del píxel p_i, I_{Np_i} como la suma de las intensidades de N-vecinos del píxel p_i con $N \in \{4, 8\}$.

En general, en cada píxel p_i hallado se evaluará:

(i) La intensidad de 4-vecinos en la imagen en grises de la Fig. 2.6c.
El píxel será rechazado si no satisface: $\frac{I_{4p_i}}{4} > minWhite$.

(ii) La intensidad de 4-vecinos del punto medio m_i entre éste y el nodo actual en la imagen en grises de la Fig. 2.6c.
El píxel será rechazado si no satisface: $\frac{I_{4m_i}}{4} > minWhite$.

(iii) La intensidad en la imagen en grises de la Fig. 2.6c del punto medio entre éste y el nodo actual.
El píxel será rechazado si no satisface: $I_{m_i} > \frac{minWhite}{2}$.

(iv) Su intensidad en la imagen binaria de la Fig. 2.4e
Se considerará si el píxel es blanco: $I_{p_i} = 1$.

(v) Su intensidad en la imagen *thinning* de la Fig. 2.4b
Se considerará si cumple la desigualdad: $I_{p_i} > minWhite$.

(vi) Su intensidad en la imagen en grises de la Fig. 2.6c
Se considerará si cumple la desigualdad: $I_{p_i} > minWhite$.

Estas condiciones se determinan empíricamente a partir de las imágenes contenidas en la base de datos.

3.2.1.1 Consideraciones y Fases

Se hará un paréntesis aquí aclarando que el análisis de los puntos a ser candidatos sufre cambios respecto al "momento" en el que el análisis se realice. Por ahora, basta con que el lector tome nota que hay dos etapas de *tracing*, denominadas *Fase 1* y *Fase 2* y cuyos detalles podrá ver en la Sec. 3.3.

Los puntos (i), (ii) y (iii) sólo serán evaluados en la fase 1 del algoritmo. En otras palabras, en la fase 1 un píxel que no cumpla dichas restricciones ya no será de interés para el *tracing*, mientras que, en la segunda fase se ignorará lo que suceda respecto a las intensidades 4-vecinos y puntos medios enfocándose únicamente en las intensidades del píxel en cuestión.

Como resultado de la observación de (iv), (v) y (vi) el píxel será clasificado de la siguiente forma:

- Si satisface (iv) ó (v) será colocado en la lista de candidatos del nodo actual $nodo \rightarrow candidates$.
- Si satisface (vi) pero no (iv) y (v), será colocado en una lista global *processLater* para ser analizado en la fase 2.
- Si no satisface (iv), (v) y (vi) será rechazado.

De no hallarse candidatos, es decir no se encuentran píxels que satisfagan (iv) ó (v), termina la iteración actual.

3.2.2 Selección de un candidato

En esta etapa se compararán los candidatos pesando sus intensidades y direcciones. Como resultado, se elegirá un candidato que se utilizará como base para crear el nuevo hijo del nodo actual.

Siendo el punto de iteración actual n, para cada nodo candidato n_i de $node$ con $i \in \mathbb{N}$ se evaluará su peso w_i de la siguiente forma:

$$w_i = \frac{1}{4} * c_{nn_i} + \frac{2}{5} * t_{n_i} + \frac{1}{4} * normI_{8n_i} + \frac{1}{10} * I_{n_i} \tag{3.1}$$

siendo

c_{nn_i}: el cambio de dirección entre $n \rightarrow direction$ y $n_i \rightarrow direction$

t_{n_i}: 1 si el píxel es blanco en la imagen *thinning* de la Fig. 2.4b; 0 de lo contrario

$normI_{8n_i}$: la suma de intensidades de 8-vecinos del píxel n_i en la imagen en grises (Fig. 2.6c) normalizada respecto a las sumas de intensidades 8-vecinos de los n_i's píxeles

I_{n_i}: la intensidad del píxel n_i en la imagen en la escala de grises, normalizada respecto al valor máximo de intensidad 255

Luego, el punto candidato elegido c será el n_i cuyo w_i sea el máximo.

3.2.3 Generación de un nuevo hijo

A partir del candidato seleccionado c, se creará un nuevo nodo $newNode$. La generación del nuevo nodo utiliza el mecanismo provisto en el trabajo de *Augustin y otros* [2]. $newNode$ tendrá como punto asociado a:

$$p = node \rightarrow point + \alpha * m_c \rightarrow direction \tag{3.2}$$

siendo m_c el punto medio de la nervadura calculado a partir de la ubicación de c

Para obtener m_c es necesario definir los bordes b_1 y b_2 de la nervadura en cuestión. A fin de detectarlos, se recorren los píxeles en un radio $r = n \rightarrow R$ respecto de c y en dirección normal a $\overrightarrow{d}$ $\left(\overrightarrow{d_n}\right)$ con $\overrightarrow{d}$ la dirección entre el nodo n y c. De manera análoga a la utilizada para encontrar nervaduras (ver Sec. 2.6), se realiza un perfil de intensidades con dichos píxeles observando los píxeles continuos cuya intensidad supere $minWhite$; detectada la nervadura, se consideran bordes los dos píxeles extremos de la misma.

La gráfica de la Fig. 3.2 ilustra la situación donde el candidato c está cercano a uno de los bordes detectados, b_1, y elegir a p como resultado de la fórmula 3.2 mantiene la dirección del *tracing* semejante a la dirección de la nervadura en el área de interés.

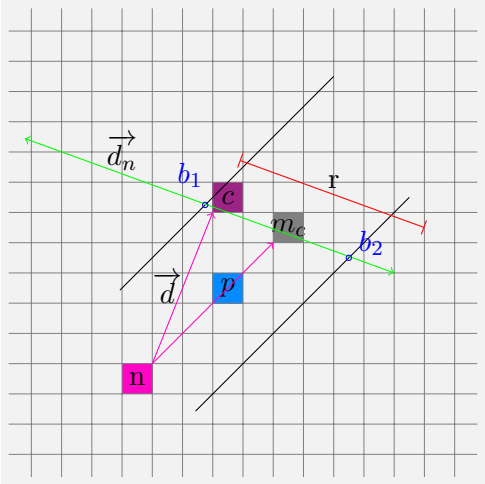


Figura 3.2: Detección de bordes, punto medio de la nervadura y coordenadas del nuevo nodo

Una vez obtenidos b_1 y b_2, se calcula el radio de la nervadura en el punto m_c como $R = \frac{dist(b_1,b_2)}{2}$ y el radio de exploración como $r = R \times \rho$ siendo ρ la constante definida en la sección 2.6. Estos valores serán guardados en la estructura del nodo en caso de que el píxel p sea aceptado (ver sección 3.2.4).

3.2.4 Aceptación del nodo

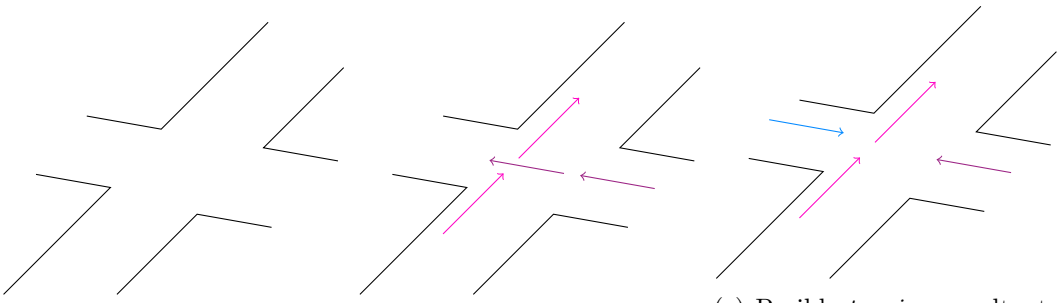
Aún habiéndose elegido un candidato y creado un nodo, puede suceder que el nodo generado en la sección anterior sea rechazado, o dicho de otra forma, descartado si ocurre una de las siguientes situaciones:

1. está en una zona que ya se considera recorrida
2. tiene un hermano -nodo hijo del mismo nodo padre- que está en la misma nervadura y no se trata de un punto de bifurcación.

Ambas situaciones se explicarán en detalle a continuación.

1. Bloqueos

Los bloqueos evitarán que se recorra dos veces un sector de una nervadura; por un lado, impidiendo ciclos y por el otro, impidiendo que se realicen dos trazos (recorridos) en una misma nervadura. Además, al realizarse el análisis del bloqueo sobre el nodo generado y no sobre el candidato (que se encuentra a una distancia mayor del ancho de la nervadura actual) se garantiza que no habrá cruce de nervaduras, es decir, situaciones como la ilustrada en la figura 3.3a en el peor de los casos se resolverán como en la figura 3.3c y no como en la Fig. 3.3b.



(a) Cruce de nervaduras (b) *tracing* no deseado (c) Posible *tracing* resultante al utilizar bloqueos

Figura 3.3: Puntos de cruce X

Los distintos colores de flechas indican que el *tracing* se realizó desde distintos orígenes.

La figura 3.4 ilustra un caso donde el nodo padre n tiene dos puntos candidatos c_1 y c_2 y cuyos nodos generados para la siguiente iteración son n_1 y n_2 (ver ecuación 3.2). Si c_1 tiene mayor peso que c_2 (ver ecuación 3.1), el algoritmo continuará iterando desde éste. Para cuando se retorne a n, c_2 continuará siendo candidato del mismo y, si bien se debe avanzar en el sentido y la dirección en la que se encuentra el candidato c_2, el nodo n_2 será rechazado por considerarse muy cercano a un nodo ya visitado (n_1) y se dejará el tramo de la nervadura no recorrida para ser visitada en el futuro, ya sea por algún nodo hijo de n_1 o cualquier otro nodo que pueda llegar al sector sin ocasionar bloqueo (ver Fig. 3.3c).

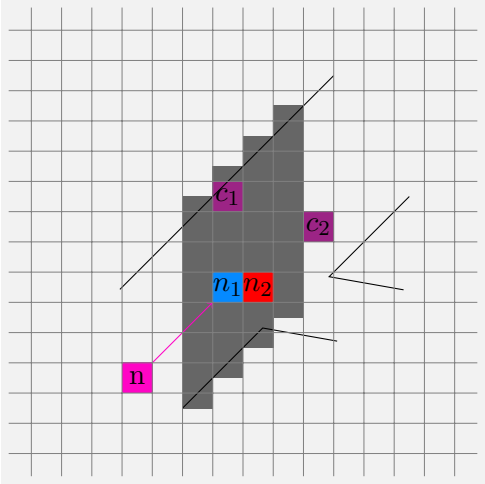


Figura 3.4: Área bloqueada para n_2.

En gris oscuro se encuentran los píxeles que fueron bloqueados al elegirse n_1 como nodo en una iteración anterior

Para llevar a cabo el chequeo de bloqueos, se guardará información en una estructura *blacklist* indicando para cada píxel de la imagen si el mismo ha sido marcado como zona explorada (bloqueada) o no. Un píxel podrá ser bloqueado por más de un nodo. La información respectiva a todos los nodos bloqueantes de un píxel será almacenada con el fin de proporcionar información útil para la unión y/o reconstrucción de nervaduras que fueron aisladas como consecuencia del método.

Se dirá que un píxel está bloqueado si existe al menos un nodo que haya sido aceptado en una iteración anterior y cuya cercanía es la "suficiente" como para evitar explorar dicho píxel en el futuro. En el código de la Fig. 3.5 por medio de las variables *radio* y *bloq* se define cuando un píxel p es *suficientemente cercano* al nodo n, donde:

n: nodo tentativo a ser nuevo hijo

$diam$: diámetro de la nervadura en el punto n

$n \rightarrow direction$ dirección de la que proviene el nodo n en relación con su padre $father$

$n \rightarrow normDirection$ dirección normal a $n \rightarrow direction$

$father \rightarrow r$: radio de exploración usado por el padre al preparar sus candidatos

$radio$: radio correspondiente al bloqueo que se realizará en la dirección de la que proviene el nuevo nodo

bloq: radio correspondiente al bloqueo que se realizará en la dirección normal de la que proviene el nodo

addToBlack(p_i, n): actualiza la estructura *blacklist* marcando como bloqueado al píxel p_i y adiciona a los bloqueantes de p_i al nodo n.

```
radio = diam;
bloq = min(radio, alpha - 1);
if (nextSeed->father) {
    radio = min(father->r / 2, radio);
}
for (double k = -radio; k < radio; k = k + 0.5) {

        p =n->point + k * n->direction;
        addToBlack(p, n);

        for (double r = -bloq; r < bloq; r = r + 0.5) {
            pn = n->point + r * n->normDirection;
            addToBlack(pn, n);
        }
}
```

Figura 3.5: Pseudocódigo de rangos de bloqueos para el nodo aceptado n

En la imagen de la Fig. 3.6 se puede visualizar en color blanco a aquellos píxeles que terminaron bloqueados al finalizar el *tracing* de la hoja de la Fig. 2.2a.

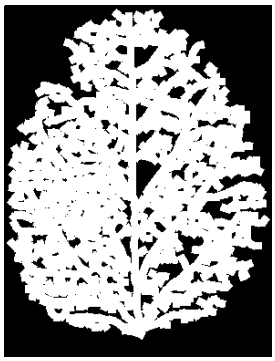


Figura 3.6: Bloqueos al finalizar el *tracing*

2. Relación entre hermanos

Si bien se ha explicado en el punto anterior un método para evitar que nodos muy cercanos sean iterados, el radio de bloqueo (*bloq*) nunca será mayor a $\alpha - 1$ por lo que en nervaduras muy anchas el bloqueo podría ser lo suficientemente chico como para permitir una situación como la ilustrada en la Fig. 3.7. En dicha figura, se representa la situación donde el nodo n tiene dos hijos, n_1 y n_2, y, al tratarse de una nervadura considerablemente ancha en ese sector, el área bloqueada por n_1 no llega a impedir que n_2 sea aceptado, generando entre n y n_2 una bifurcación errónea.

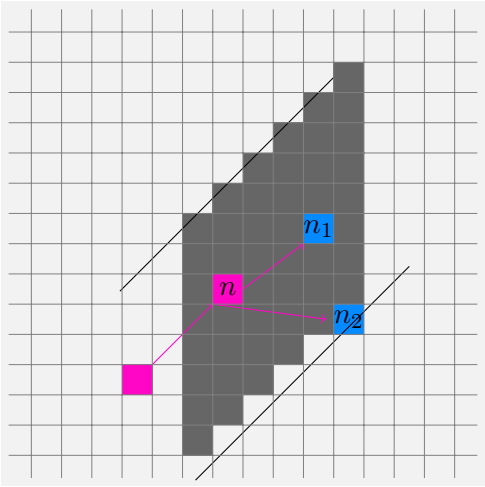


Figura 3.7: n_2 no está bloqueado y es aceptado por confundirse con una bifurcación

El área en gris oscuro representa el bloqueo efectuado al elegirse el nodo n seguido por el nodo n_1, y n_2 es un nodo hijo de n que no está en el área bloqueada.

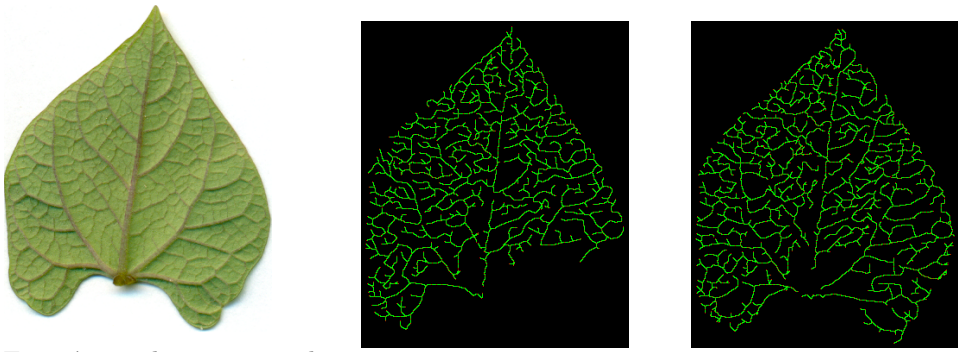
En general, se intentará prevenir dichas falsas bifurcaciones de la siguiente forma:
Sea n el nodo padre y n_k el nuevo nodo -futuro hijo de n-, se rechazará a n_k si para algún hijo n_i de n con $i \in \mathbb{N}, i \neq k$ se cumplen todas las siguientes condiciones:

- $d(p_i, p_k) < \frac{3}{2} * \alpha$ donde p_i y p_k son los puntos correspondientse a los nodos n_i y n_k respectivamente y $d(x, y)$ es la distancia entre x e y en píxeles
- $I_m > minWhite$ siendo m el punto medio entre p_i y p_k e I_m la intensidad de m.
- $I_q < minWhite$ siendo $q = p_k + 2 * R * dir$ donde R es el radio actual de la nervadura para n y dir es la dirección entre p_i y p_k e I_q la intensidad de q

- $I_q < 2 * minWhite$ siendo $q = p_k + 2 * r * dir$ donde r es el radio actual de exploración para p_k y dir es la dirección de la que proviene p_k e I_q la intensidad de q

3.3 Recorrido General

En un principio, la idea de recorrer en profundidad la hoja a partir de una semilla- es decir, explorar (iterar) primero los primogénitos que los candidatos a hermanos de estos- y sin detectar previamente nervaduras relacionadas a ella (ver Sec. 2.6) parecía alcanzar para realizar el *tracing* de una hoja, sin embargo tenía un problema: era muy sensible a la semilla. Para la hoja de la Fig. 3.8a, las imágenes de la figuras 3.8b y 3.8c muestran los resultados de realizar un *tracing* en profundidad variando en tan solo una unidad la coordenada y de las semillas.



(a) Especímen de poroto colorado

(b) Semilla en (139,321)

(c) Semilla en (139,322)

Figura 3.8: Dos iteraciones iniciadas en semillas vecinas

Como puede observarse los *tracings* obtenidos son muy distintos, incluso uno de ellos ni siquiera logra cubrir la hoja, y no es deseado tal nivel de inestabilidad del algoritmo. Por lo que se analizaron variantes para estabilizarlo y mantener un *tracing* lo más fiel posible a la estructura biológica de la hoja. Como alternativa, manteniendo el recorrido en profundidad, se propone realizar un procesamiento consistente en dos fases. La primera de ellas itera mediante una *ronda con turnos* de una iteración respecto a las nervaduras principales detectadas. La segunda fase no utiliza turnos, permitiendo que cada familia de

nodos llegue hasta su último descendiente antes de ceder lugar a otra línea familiar.

3.3.1 Fase 1

Para cada uno de los nodos identificados en la Sec. 2.6 se ejecutará una única iteración del algoritmo por vez haciendo una especie de *Round Robin* entre ellos. Cada iteración concluirá con un único nodo hijo aceptado (ver Sec. 3.2.4) o bien marcará el fin del recorrido para la línea de descendencia actual. Finalizada la iteración, se seguirá iterando con otro de sus hermanos o nodo descendiente de su hermano. El proceso se repite hasta que ninguno de los nodos hijos de la semilla ni sus descendientes tengan hijos.

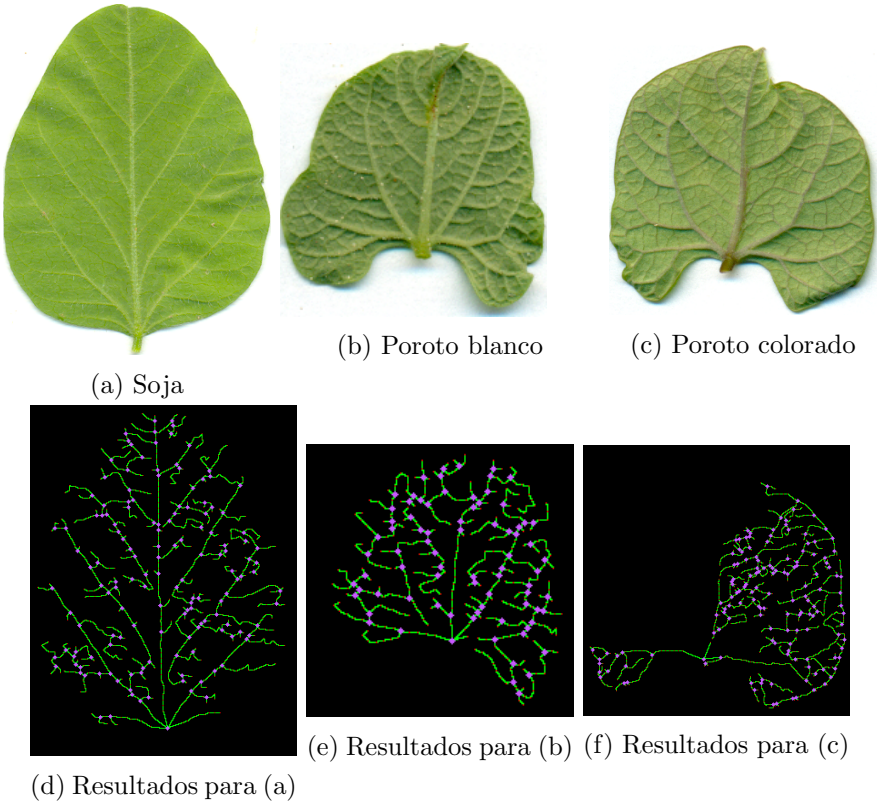
```
int n = number_initial_seeds;
while (n > 0)
     for (int i = 0; i < n; i++) {
         nextSeeds[i] = tracingIteration(nextSeeds[i]);
         if (nextSeeds[i] == NULL)
            n = removeNextSeed(i);
     }
```

Figura 3.9: Ronda de iteraciones

Como puede verse en el código de la Fig. 3.9 inicialmente habrá tantos puntos de iteración activos como nodos hayan sido detectados en el procedimiento descripto en la Sec. 2.6. Para cada punto de iteración se guardará el estado actual (nodo en que la iteración se detuvo) en *nextSeeds* para poder retomarlo cuando le toque nuevamente el turno de iterar a esa línea de descendencia. Si se detecta que una línea de descendencia ha finalizado, se actualizan los participantes de la ronda removiendo dicha línea. Cuando ya no haya más participantes en la ronda, la fase 1 concluye.

En el mejor de los casos -tracings sobre hojas cuyas nervaduras principales se distinguen con claridad en la etapa de resaltado de las mismas (ver Sec. 2.4.2)- la fase 1 dará como resultado recorridos en los que prevalecen las nervaduras principales. En general, las hojas

que arrojan mejores resultados al finalizar la fase 1 son las de soja. Las imágenes de la Fig. 3.10 muestra el tracing realizado al finalizar la primera etapa para una hoja de soja, otra de poroto blanco y una de poroto colorado.



(a) Soja (b) Poroto blanco (c) Poroto colorado

(d) Resultados para (a) (e) Resultados para (b) (f) Resultados para (c)

Figura 3.10: Visualización de resultados para distintas especies al finalizar la fase 1

Los puntos rojos denotan los nodos de cada iteración; los rosados las bifurcaciones -nodos con más de un hijo-.

3.3.2 Fase 2

En la medida que transcurre la fase 1 y se preparan los candidatos de cada iteración, ciertos píxeles (ver Sec. 3.2.1.1) son guardados en una lista de nodos *processLater* para iterar más tarde. Finalizada la fase 1, ningún nodo padre (de los nodos aceptados por el tracing) tendrá candidatos para analizar pero sí habrá nodos relacionados a ellos en *processLater*. En esta etapa, se procede a recorrer dicha estructura en el orden en que fueron agregados a ella y agrupándolos por padre en común, agregando a cada uno de ellos en la lista de candidatos del padre. Siendo que los elementos de *processLater* fueron adicionados a

medida que se *preparaban* los candidatos del nodo padre, los nodos hermanos estarán contiguos.

Una diferencia significativa entre la fase 1 y la 2 es el modo de realizar el recorrido. En la fase 2, se hará un recorrido en profundidad, es decir, cada nueva iteración concluirá cuando ya no hayan más posibles hijos para cada uno de los nodos elegidos -tanto el nodo que comienza la iteracion como todos sus descendientes.

El pseudocódigo de la Fig. 3.11 muestra el modo en el que la lista *processLater* es recorrida y cómo las iteraciones desde los distintos padres van teniendo lugar. Para cada candidato, se verificará si no se encuentra bloqueado *Blocked* (ver Sec. 3.2.4). Luego de adicionar todos los candidatos al padre, se realiza una iteración del algoritmo desde el mismo.

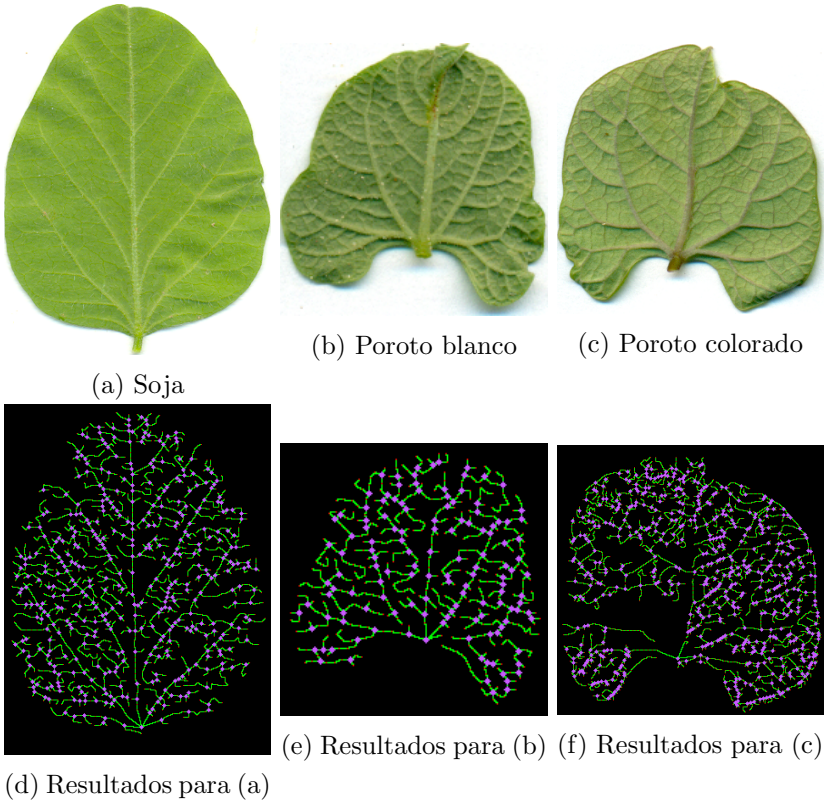
```
int start = 0, stop = total_process;
while (start < stop) {
    for (int i = start; i < stop; i++) {
        prevFather = processLater[i]->father;

        while (i < stop && processLater[i]->father == prevFather) {
            if (!Blocked(processLater[i]->point))
                addCandidate(prevFather, processLater[i]);
            i++;
        }

        tracingIteration(prevFather);
    }
    start = stop;
    stop = totLater;
}
```

Figura 3.11: Recorrido para *ProcessLater*

Adición de candidatos al nodo padre e iteración a partir de este

Como puede observase en el *while* más externo, este proceso se repite hasta que no haya más elementos en *processLater*.

Téngase en cuenta que cada vez que itera el algoritmo pueden ocurrir principalmente dos cosas: hay al menos un candidato que es elegido como hijo o ningún candidato es elegido. Si ocurre lo primero, se iterará también sobre el candidato hijo y es posible que en la etapa de *Preparación de candidatos* (Sec. 3.2.1) sean agregados más elementos a la lista *processLater*. Si bien estos elementos son agregados, serán recorridos al finalizar la lista actual. Dicho de otra forma, aquellos que más tarde ingresen a *processLater* tendrán más posibilidades de estar bloqueados y no ser candidatos al momento de intentar operar con ellos.



(a) Soja (b) Poroto blanco (c) Poroto colorado

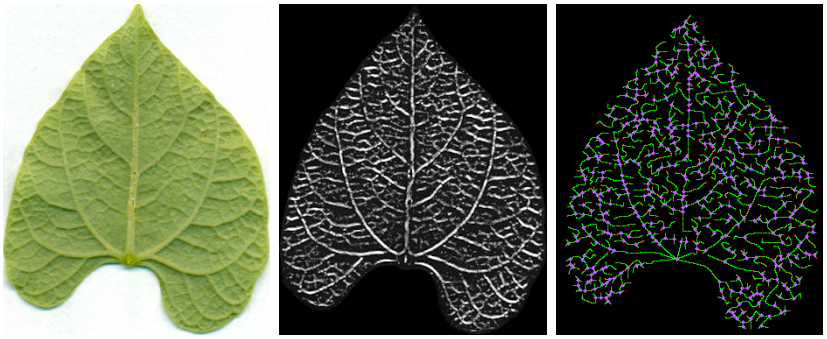
(d) Resultados para (a) (e) Resultados para (b) (f) Resultados para (c)

Figura 3.12: Resultados obtenidos al finalizar la fase 2

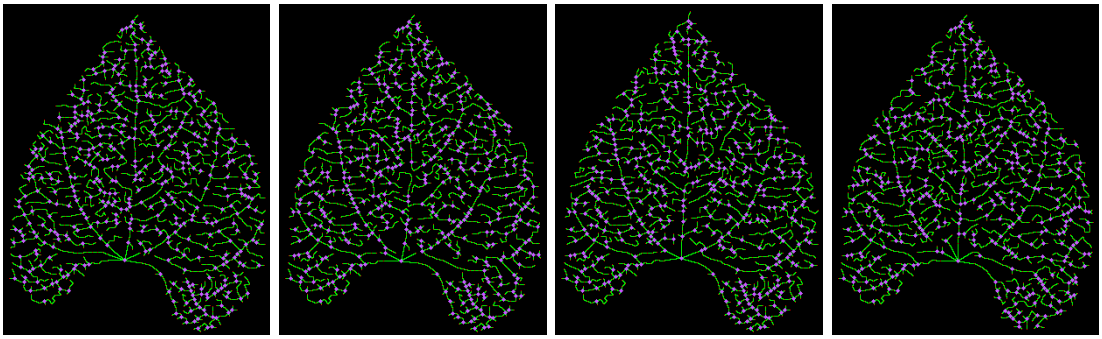
Los puntos rojos denotan los nodos de cada iteración; los rosados las bifurcaciones -nodos con más de un hijo-

3.3.3 Variando Semillas

A continuación se muestra un conjunto de resultados obtenidos luego de aplicar el método de las dos fases para distintas hojas con semillas variadas, siempre cercanas al pecíolo:

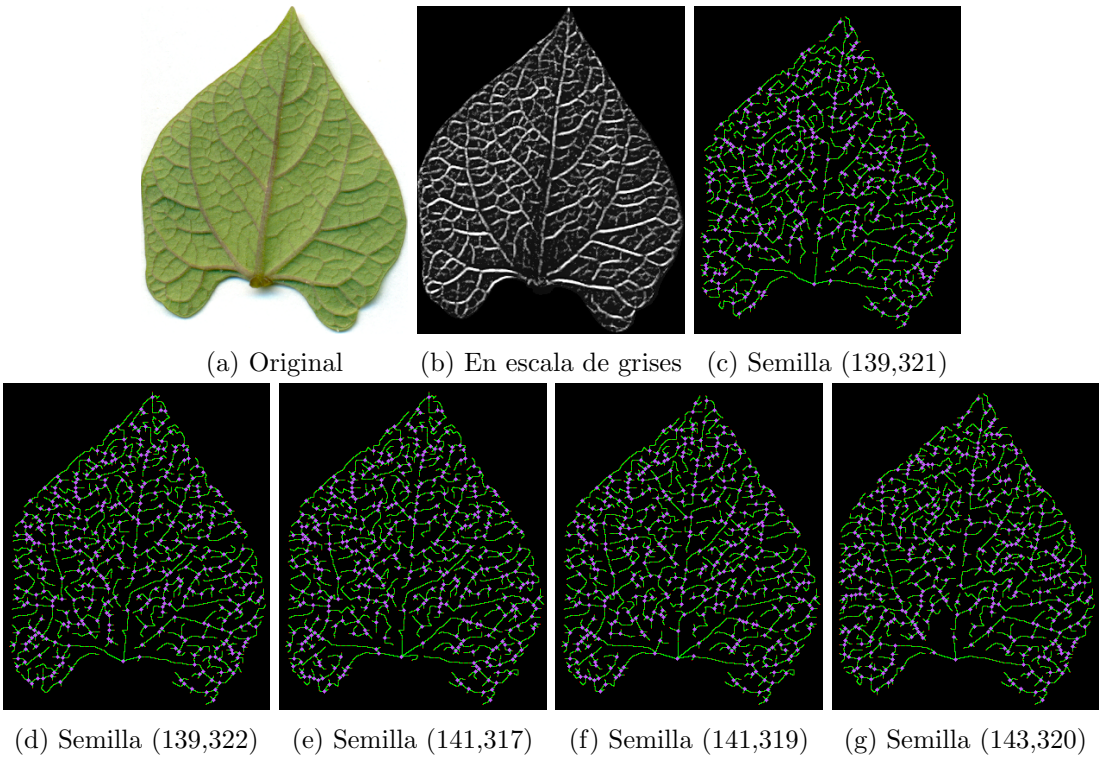


(a) Original (b) En escala de grises (c) Semilla (138,291)



(d) Semilla (139,292) (e) Semilla (139,293) (f) Semilla (144,290) (g) Semilla (144,293)

Figura 3.13: Variación de semillas para una hoja de poroto blanco

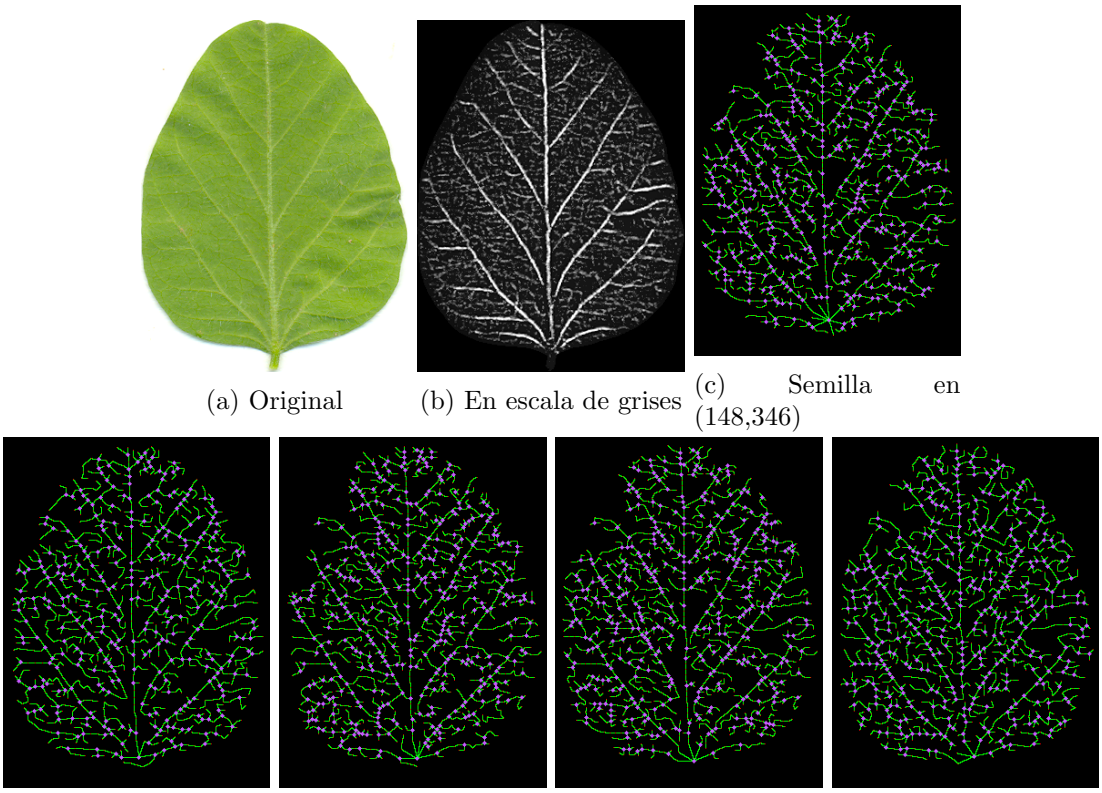


(a) Original (b) En escala de grises (c) Semilla (139,321)

(d) Semilla (139,322) (e) Semilla (141,317) (f) Semilla (141,319) (g) Semilla (143,320)

Figura 3.14: Variación de semillas para una hoja de poroto colorado

El especímen de poroto de la Fig. 3.14a es el mismo que el de la Fig. 3.8a y los resultados mostrados en las figuras 3.14c y 3.14d son los correspondientes a las semillas que dieron origen a las figuras 3.8b y 3.8c respectivamente.



(a) Original (b) En escala de grises (c) Semilla en (148,346)

(d) Semilla en (149,352) (e) Semilla en (151,353) (f) Semilla en (152,356) (g) Semilla en (156,351)

Figura 3.15: Variación de semillas para una hoja de soja

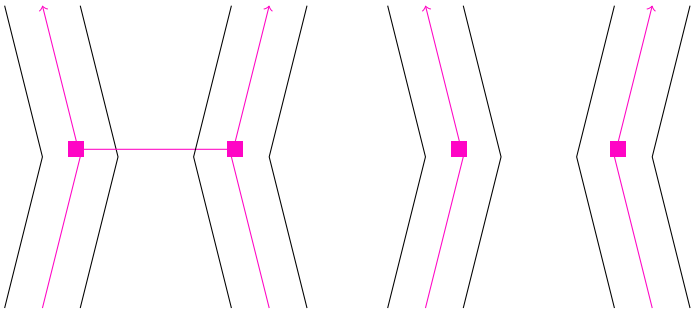
Si bien el cambio de semilla produce *tracings* que resultan distintos, puede observarse que en los ejemplos de las figuras 3.13, 3.14 y 3.15 se preserva la estructura de la hoja original. En general, se ha logrado mayor estabilidad de los resultados al variar la inicialización de las semillas.

3.4 Análisis de casos especiales

3.4.1 Uniones falsas

En la literatura relacionada con *tracing* de venas y arterias [5], problemática bastante similar al *tracing* de nervaduras, se presentan situaciones de detección de uniones ficticias, como la mostrada en la figura 3.16. Sin embargo, en el caso de las nervaduras, los bloqueos presentados en la sección 3.2.4 junto con las características de las hojas, donde las nervaduras están suficientemente alejadas entre ellas, evitan la aparición de estos casos de falsas uniones

en el procesamiento. En otras palabras, si como resultado del *tracing* se observa una estructura similar a la imagen de la figura 3.16a es porque realmente se trata de una bifurcación de la nervadura.

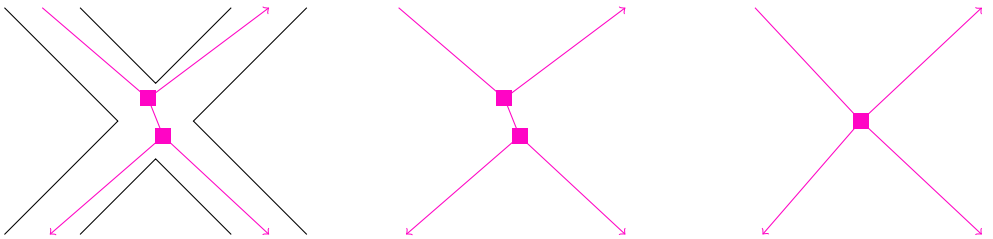


(a) Unión entre distintas venas (b) Resultado deseado

Figura 3.16: Uniones falsas en venas

3.4.2 Nodos separados

Otro tipo de caso especial es el de bifurcaciones en X [5]. Se evalúa en los resutados del *tracing* la presencia de estructuras como la ilustrada en la Fig. 3.17b, resultante luego de procesar nervaduras con bifurcaciones de tipo X como la de la figura 3.17a.

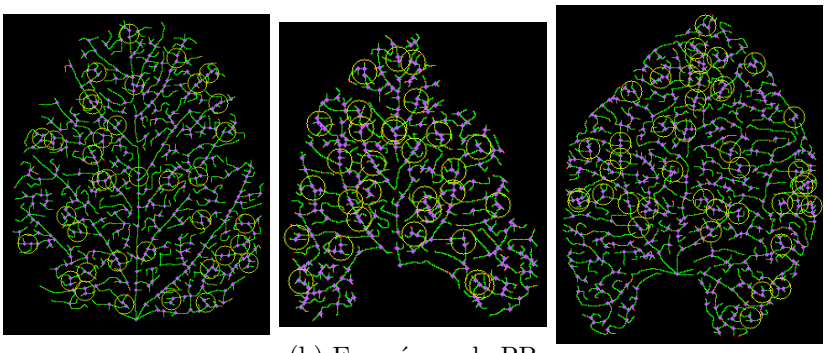


(a) Bifurcación de tipo X (b) Resultado posible (c) Resultado deseado

Figura 3.17: Bifurcaciones X

En las imágenes de la Fig. 3.18 los círculos encierran nodos que conforman una estructura similar a la ilustrada en la Fig. 3.17b. Se observa que el *tracing* de las tres especies de hojas estudiadas presenta dichas estructura. Sin embargo, como resultado del sistema de bloqueos y la ecuación 3.2 rara vez están representando a una bifuración de tipo X. Siendo que los casos hallados se corresponden con bifurcaciones no necesariamente de tipo X, efectuar el cambio a la estructura -*merge* de nodos que transforme una estructura como la de Fig. 3.17b en la estructura de la Fig. 3.17c- atenta contra la fidelidad de la

reconstrucción inicial respecto de la verdadera fisonomía de la hoja. Por tal motivo, se opta por no aplicar tampoco este post procesamiento.



(a) Especímen de S (b) Especímen de PB (c) Especímen de PC

Figura 3.18: Presencia de estructuras del tipo de la Fig. 3.17b

Capítulo 4

Extracción de *Features*

Una vez construído el árbol de una hoja, se procede a analizar algunas características del mismo. En el presente capítulo, se explicarán los *features* extraídos de la estructura de datos de la nervadura que se utilizarán para la clasificación de especies.

Por medio de la observación y análisis visual de las hojas, se han formulado y seleccionado un conjunto de 49 *features* considerados útiles para la clasificación de las mismas en los tres tipos descriptos en el capítulo anterior: Soja, Poroto Blanco y Poroto Colorado.

4.1 Tipos de Nodo

Son *features* de interés el porcentaje de nodos que son bifurcaciones-nodos con dos o más hijos- y el porcentaje de nodos terminales sobre el total de nodos del grafo.

Además, es deseado distinguir entre las bifurcaciones de 2 hijos y las de 2 o más hijos, por lo que se considerarán los porcentajes de las mismas sobre el total de bifurcaciones. La imagen de la figura 4.1 represanta con un color distinto cada tipo de nodo presente en un árbol.

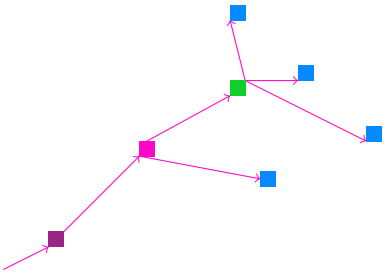


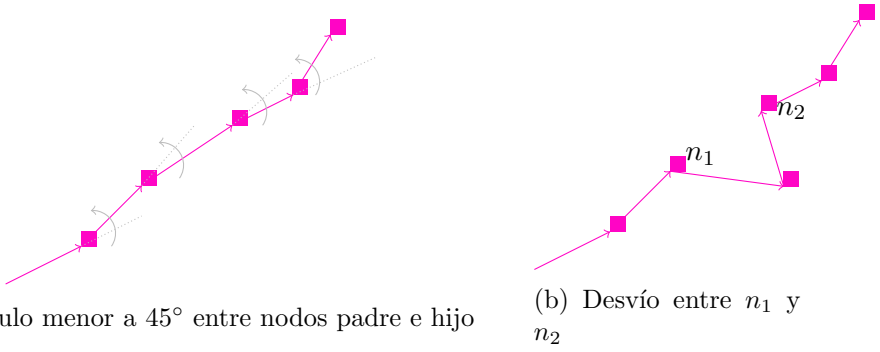
Figura 4.1: Tipos de nodos.

Se encuentran coloreados en celeste los nodos terminales; en fucsia las bifurcaciones de dos nodos y en verde las de tres; en violeta el resto de los nodos

4.2 Nervaduras Principales: Camino más largo

Para cada hijo de la semilla, se observa la cantidad de nodos que conforman el camino más largo desde aquél teniendo en cuenta que:

- se debe preservar cierta dirección entre nodo-padre y nodo-hijo; se admite hasta una variación de 45° (ver figura 4.2a)
- se permite un único desvío (ver figura 4.2b); una vez detectado otro desvío se considera que la nervadura analizada ha alcanzado su extensión máxima.



(a) Ángulo menor a 45° entre nodos padre e hijo

(b) Desvío entre n_1 y n_2

Figura 4.2: Ángulos y desvíos

Una vez contabilizada la cantidad de nodos que pertenece a cada camino se guarda como $feature$ el valor:

$$v = \frac{max\{nNode_i\}}{totalN} \tag{4.1}$$

siendo:

$nNode_i$: cantidad de nodos del camino más largo construído en la nervadura i

$totalN$: total de nodos del árbol

4.3 Nervaduras Principales: Cantidad y distribución

Como resultado del proceso de la sección anterior, podrán identificarse los caminos correspondientes a cada nervadura principal y esto permite detectar la nervadura central. Se considerará nervadura central aquella nervadura cuyo ángulo entre el segmento formado con extremos en la semilla y el último nodo de la nervadura y el eje vertical sea el menor. La imagen de la figura 4.3 muestra un árbol parcial con tres nervaduras principales donde S_c es la central.

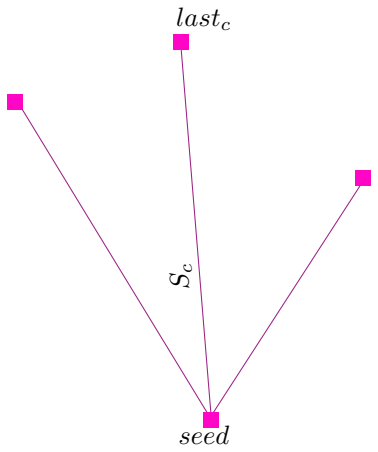


Figura 4.3: Nervaduras principales de una hoja.

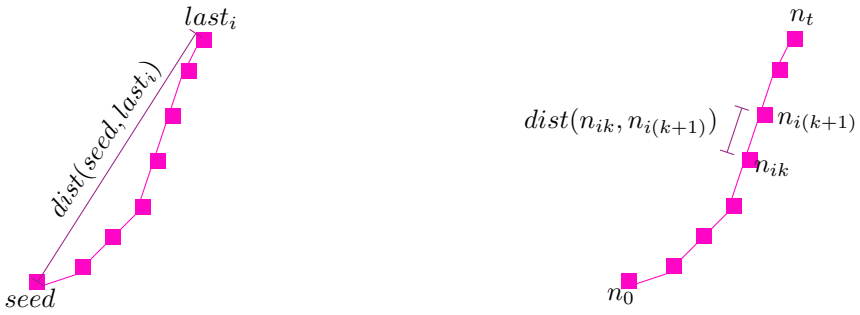
S_c es la nervadura central; $last_c$ es el último nodo que conforma S_c

Se tienen en cuenta tres features:

- la cantidad total de hijos que tiene la semilla -detectados en 2.6-
- la cantidad de nervaduras que se encuentran a la derecha de la nervadura central
- la cantidad de nervaduras que se encuentran a la izquierda de la nervadura central

4.4 Nervaduras Principales: Ratio de curvatura

Para cada camino detectado en la sección 4.2, se observará la relación entre la distancia de la semilla con el nodo final del camino y la suma de las distancias intermedias de los nodos pertenencientes al camino (ver figura 4.4).



(a) Distancia entre la semilla y el último nodo (b) Distancia entre los nodos de la nervadura i

Figura 4.4: Análisis de curvatura para la nervadura i

Para cada nervadura principal i con t nodos, se obtiene R_i como:

$$R_i = \frac{dist(seed, last_i)}{D_i} \tag{4.2}$$

donde:

$$D_i = \sum_{k=0}^{t-1} dist(n_{ik}, n_{i(k+1)}) \tag{4.3}$$

Serán valores útiles para la clasificación los siguientes:

- $Max\{R_i\}$ siendo $i = 1...N$ y N el total de nervaduras principales
- $Min\{R_i\}$ siendo $i = 1...N$ y N el total de nervaduras principales
- R_c siendo c el índice de la nervadura central de la hoja
- $maxL = Max\{R_i\}$ siendo $i \in \mathcal{L}$ donde $\mathcal{L}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la izquierda de la nervadura central.
- $maxR = Max\{R_i\}$ siendo $i \in \mathcal{R}$ donde $\mathcal{R}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la derecha de la nervadura central.

- $minL = Min\{R_i\}$ siendo $i \in \mathcal{L}$ donde $\mathcal{L}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la izquierda de la nervadura central.
- $minR = Min\{R_i\}$ siendo $i \in \mathcal{R}$ donde $\mathcal{R}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la derecha de la nervadura central.
- $|minL - minR|$ siendo $minL$ y $minR$ los valores definidos en los puntos anteriores
- $|maxL - maxR|$ siendo $maxL$ y $maxR$ los valores definidos en los puntos anteriores

4.5 Nervaduras Principales: Ángulos relativos a la central

Se utilizarán cuatro rasgos respecto a los ángulos entre las nervaduras principales.
Se define S_i como el segmento entre la semilla y el último nodo de la nervadura i. Sea S_c el segmento de la nervadura central, para cada hoja se obtiene:

- $Min\{\angle S_i S_c\}$ y $Max\{\angle S_i S_c\}$ con $i \in \mathcal{L}$ donde $\mathcal{L}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la izquierda de la nervadura central
- $Min\{\angle S_i S_c\}$ y $Max\{\angle S_i S_c\}$ con $i \in \mathcal{R}$ donde $\mathcal{R}$ es el conjunto de índices de las nervaduras que se encuentran a la derecha de la nervadura central

La imagen de la figura 4.5 muestra los segmentos obtenidos de las nervaduras principales que se encuentran ubicadas a la derecha de la nervadura central y los ángulos conformados entre ellas.

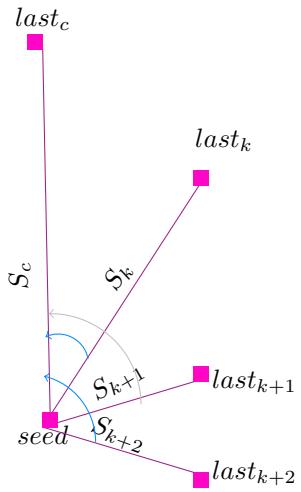


Figura 4.5: Ángulos entre nervaduras principales.

Los ángulos formados por $\angle S_c S_k$ y $\angle S_c S_{k+2}$ corresponden al mínimo y máximo de las nervaduras de la derecha

4.6 Longitud de Caminos

Se analizará en toda la hoja el porcentaje de caminos formados por:

- 0 a 3 nodos
- 4 a 10 nodos
- 11 a 20 nodos
- 21 a 40 nodos
- más de 40 nodos

De manera análoga a 4.2 se observa la cantidad de nodos que conforman el camino más largo preservando cierta dirección entre nodo-padre y nodo-hijo y permitiendo una variación de hasta 45°. La figura 4.6 ilustra un árbol con tres caminos, uno de longitud 2, otro de 3 nodos y un tercero de longitud 8.

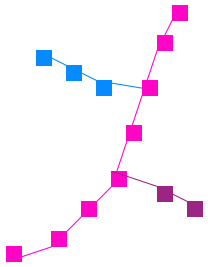


Figura 4.6: Árbol con tres caminos

Además de los cinco *features* anteriores, se utiliza un sexto que relaciona el total de caminos encontrados C con el total de nodos N:

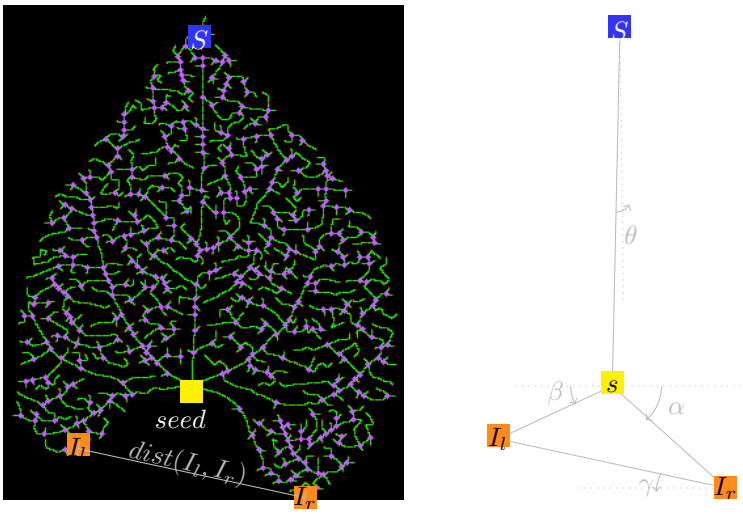
$$v = \frac{C}{N} \tag{4.4}$$

4.7 Extremos

Se observan los nodos inferiores y superiores de la hoja buscando, por un lado, el extremo inferior de la izquierda (I_l) y el de la derecha de la semilla (I_r) y por otro, el superior (S). Se analizan los ángulos relativos a éstos y la semilla y la distancia entre los dos extremos inferiores.

La imagen de la figura 4.7a muestra en color naranja los dos nodos inferiores y en color azul el superior correspondientes a una hoja de poroto blanco. El gráfico de la figura 4.7b ilustra los ángulos que son tenidos en cuenta como *features*:

- α el ángulo entre $\overline{sI_r}$ y la horizontal
- β el ángulo entre $\overline{sI_l}$ y la horizontal
- γ el ángulo entre $\overline{I_r I_l}$ y la horizontal
- θ el ángulo entre $\overline{sS}$ y la vertical



(a) Extremos inferiores y superior del árbol de nodos

(b) Ángulos y distancias observados

Figura 4.7: Extremos inferiores y superior

Además de los cuatro ángulos mencionados, se tendrá en cuenta un $feature$ que relaciona la distancia entre los nodos inferiores con el ancho de la hoja w:

$$v = \frac{dist(I_l, I_r)}{w} \tag{4.5}$$

4.8 Direcciones

Se observan las direcciones de los nodos (ver estructura en la sección 3.1) pertenecientes a ciertas áreas de interés. Dada un área de la hoja y una dirección se contabilizarán todos los nodos no aislados cuya dirección varíe un máximo de $\pm 45°$ respecto de la dirección dada -en ambos sentidos-, considerándose aislados a aquellos nodos que ni su padre ni su hijo cumplen con la restricción.

Sean w y h el ancho y alto de la imagen de la hoja respectivamente, se definen los intervalos discretos $W = [0, w]_{\mathbb{Z}}$ y $H = [0, h]_{\mathbb{Z}}$ y la relación de equivalencia $\overrightarrow{p}\mathcal{R}\overrightarrow{q}$ en $\mathbb{R}^2$ donde $\overrightarrow{p}\mathcal{R}\overrightarrow{q}$ si y sólo si $\overrightarrow{p}$ tiene la misma dirección que $\overrightarrow{q}$. Dada dicha relación de equivalencia $\mathcal{R}$ y $\overrightarrow{p} \in \mathbb{R}^2$, se denota con $[\overrightarrow{p}]$ a la clase de equivalencia de $\overrightarrow{p}$.

Las áreas y direcciones estudiadas son:

- $\overrightarrow{d} \in [(1, -1)]$ y $A = \{(x, y) \in W \times H \mid x \geq \frac{w}{2}\}$ (ver figura 4.8a)

- $\overrightarrow{d} \in [(-1,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid x \leq \frac{w}{2}\}$ (ver figura 4.8b)
- $\overrightarrow{d} \in [(0,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{1}{4}w \leq x \leq \frac{3}{4}w \wedge \frac{1}{4}h \leq y \leq \frac{3}{4}h\}$ (ver figura 4.8c)
- $\overrightarrow{d} \in [(0,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{1}{4}w \leq x \leq \frac{3}{4}w\}$ (ver figura 4.8d)
- $\overrightarrow{d} \in [(1,0)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{1}{4}w \leq x \leq \frac{3}{4}w\}$ (ver figura 4.8e)
- $\overrightarrow{d} \in [(1,0)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H\}$ (ver figura 4.8f)
- $\overrightarrow{d} \in [(1,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 50 \leq x \leq \frac{w}{2} + 50 \wedge \frac{h}{2} - 50 \leq y \leq \frac{h}{2} + 50\}$ (ver figura 4.8h)
- $\overrightarrow{d} \in [(-1,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 50 \leq x \leq \frac{w}{2} + 50 \wedge \frac{h}{2} - 50 \leq y \leq \frac{h}{2} + 50\}$ (ver figura 4.8i)
- $\overrightarrow{d} \in [(0,-1)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 50 \leq x \leq \frac{w}{2} + 50 \wedge \frac{h}{2} - 50 \leq y \leq \frac{h}{2} + 50\}$ (ver figura 4.8j)
- $\overrightarrow{d} \in [(1,0)]$ y $A = \{(x,y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 50 \leq x \leq \frac{w}{2} + 50 \wedge \frac{h}{2} - 50 \leq y \leq \frac{h}{2} + 50\}$ (ver figura 4.8g)

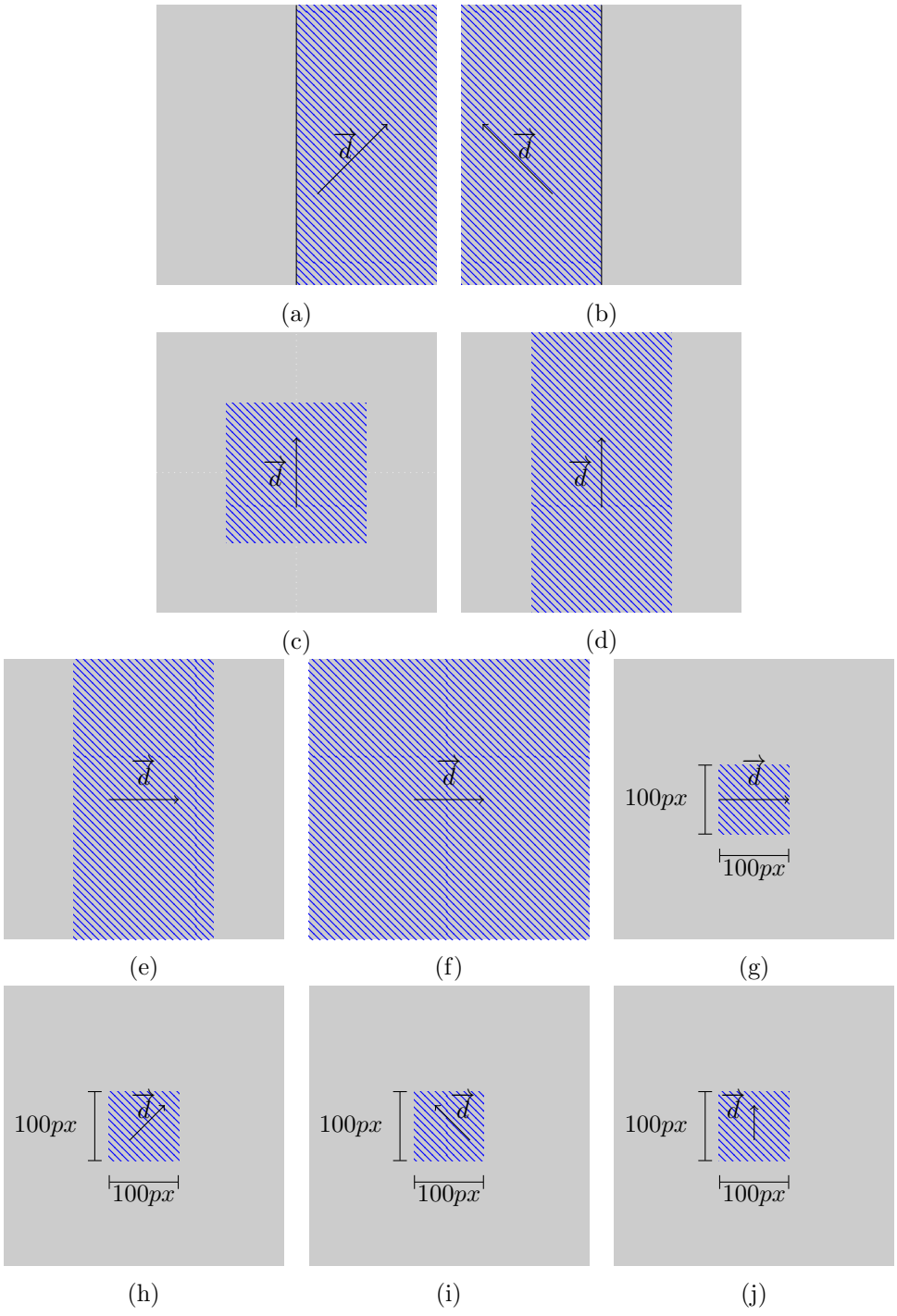


Figura 4.8: Direcciones observadas en cada área de la hoja

Para cada par área-dirección se guardará el valor:

$$v = \frac{D_i}{N_i} \tag{4.6}$$

siendo:

D_i: el total de nodos que preservan la dirección

N_i: el total de nodos pertenecientes al área

4.9 Distribución de Bifurcaciones

Se observa la densidad de bifurcaciones en distintas áreas de la imagen de la hoja en relación al total de bifurcaciones del árbol.

Las áreas a analizar son:

- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{w}{4} \leq x \leq 2 * min(\frac{w}{4}, \frac{h}{4}) \wedge \frac{h}{4} \leq y \leq 2 * min(\frac{w}{4}, \frac{h}{4})\}$ (ver figura 4.9a)
- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{5}{8}w \leq x \leq 50 + \frac{5}{8}w \wedge \frac{3}{8}h \leq y \leq 50 + \frac{3}{8}h\}$ (ver figura 4.9b)
- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{1}{8}w \leq x \leq 50 + \frac{1}{8}w \wedge \frac{h}{2} \leq y \leq 50 + \frac{h}{2}\}$ (ver figura 4.9c)
- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{3}{4}w \leq x \leq 50 + \frac{3}{4}w \wedge \frac{h}{4} \leq y \leq 50 + \frac{h}{4}\}$ (ver figura 4.9d)
- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 25 \leq x \leq \frac{w}{2} + 25 \wedge \frac{h}{4} \leq y \leq 50 + \frac{h}{4}\}$ (ver figura 4.9e)
- $A = \{(x, y) \in W \times H \mid \frac{w}{2} - 50 \leq x \leq \frac{w}{2} + 50 \wedge \frac{h}{2} - 50 \leq y \leq \frac{h}{2} + 50\}$ (ver figura 4.9f)

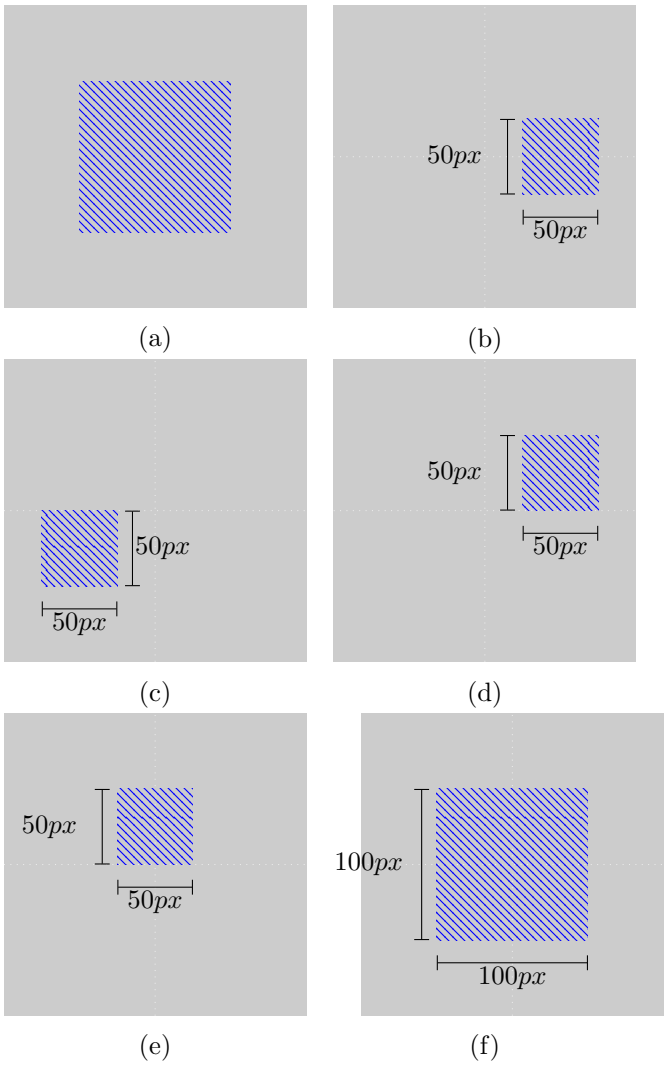


Figura 4.9: Distribución de Bifurcaciones

Para cada sector i de los anteriores se guardará el valor:

$$v_i = \frac{B_i}{B} \tag{4.7}$$

siendo:

B_i: el total de bifurcaciones en el área i

B: el total de bifurcaciones de la hoja

Adicionalmente, se guardará el promedio de los n valores obtenidos anteriormente:

$$p = \frac{\sum_{i=0}^{n-1} v_i}{n} \tag{4.8}$$

4.10 Resumen de Características

A continuación se hará un breve resumen a modo de tabla de los *features* que han sido desarrollados a lo largo del presente capítulo.

Id	Feature	Descripción
1	Bifurcaciones	% de nodos de tipo bifurcación
2	Bifurcaciones2c	% de bifurcaciones con dos hijos
3	Bifurcaciones3c	% de bifurcaciones con más de dos hijos
4	Terminales	% de nodos terminales
5	NodosLargest	% de nodos que conforman el camino más largo de las nervaduras principales
6	Seedc	cantidad de hijos que tiene la semilla
7	NervadurasL	cantidad de nervaduras que se encuentran a la izquierda de la nervadura central
8	NervadurasR	cantidad de nervaduras que se encuentran a la derecha de la nervadura central
9	MaxCurv	máximo cociente de curvatura de las nervaduras principales
10	MinCurv	mínimo cociente de curvatura de las nervaduras principales
11	MainCurv	cociente de curvatura de la nervadura principal
12	MaxCurvL	máximo cociente de curvatura de las nervaduras principales que se encuentran a la izquierda de la central
13	MaxCurvR	máximo cociente de curvatura de las nervaduras principales que se encuentran a la derecha de la central
14	MinCurvL	mínimo cociente de curvatura de las nervaduras principales que se encuentran a la izquierda de la central
15	MinCurvR	mínimo cociente de curvatura de las nervaduras principales que se encuentran a la derecha de la central
16	MaxDiffCurv	diferencia entre el cociente de curvatura MaxCurvL y MaxCurvR
17	MinDiffCurv	diferencia entre el cociente de curvatura MinCurvL y MinCurvR
18	MinAngleL	ángulo mínimo existente entre una nervadura principal ubicada a la izquierda de la nervadura central y la misma
19	MaxAngleL	ángulo máximo existente entre una nervadura principal ubicada a la izquierda de la nervadura central y la misma
20	MinAngleR	ángulo mínimo existente entre una nervadura principal ubicada a la derecha de la nervadura central y la misma
21	MaxAngleR	ángulo máximo existente entre una nervadura principal ubicada a la derecha de la nervadura central y la misma

22	Length0003	% de caminos preservando la dirección hasta 3 nodos consecutivos
23	Length0410	% de caminos preservando la dirección de 4 hasta 10 nodos consecutivos
24	Length1120	% de caminos preservando la dirección de 11 hasta 20 nodos consecutivos
25	Length2140	% de caminos preservando la dirección de 21 hasta 40 nodos consecutivos
26	Length41nn	% de caminos preservando la dirección durante más de 40 nodos consecutivos
27	LengthNRatio	cociente entre el total de caminos que preservan la dirección (sumatoria de los 5 $features$ anteriores) y la cantidad de nodos del árbol
28	AngleSeedL	ángulo entre el segmento formado entre las coordenadas de la semilla y el extremo inferior izquierdo de la hoja y la recta horizontal
29	AngleSeedR	ángulo entre el segmento formado entre las coordenadas de la semilla y el extremo inferior derecho de la hoja y la recta horizontal
30	AngleLR	ángulo entre el segmento formado entre las coordenadas del extremo inferior izquierdo y el extremo inferior derecho de la hoja y la recta horizontal
31	AngleSeedU	ángulo entre el segmento formado entre las coordenadas de la semilla y el extremo superior de la hoja y la recta vertical
32	DistLR	% del ancho de la hoja que se encuentra entre los nodos inferiores
33	NodeDir45D	% de nodos pertenecientes al hemisferio derecho de la hoja cuya dirección es aprox. 45°
34	NodeDir135L	% de nodos pertenecientes al hemisferio izquierdo de la hoja cuya dirección es aprox. 135°
35	NodeDir90C	% de nodos pertenecientes al área central de la hoja (box) cuya dirección es aprox. 90°
36	NodeDir90C'	% de nodos pertenecientes al área central de la hoja (a lo largo) cuya dirección es aprox. 90°
37	NodeDirHC	% de nodos pertenecientes al área central de la hoja cuya dirección es aprox. 0°
38	NodeDirH	% de nodos de toda la hoja cuya dirección es aprox. 0°
39	NodeDir45C	% de nodos pertenecientes al área central en un box de $100 \times 100px$ de la hoja cuya dirección es aprox. 45°
40	NodeDir135C	% de nodos pertenecientes al área central en un box de $100 \times 100px$ de la hoja cuya dirección es aprox. 135°
41	NodeDir90C	% de nodos pertenecientes al área central en un box de $100 \times 100px$ de la hoja cuya dirección es aprox. 90°

42	NodeDirHC'	% de nodos pertenecientes al área central en un box de $100 \times 100px$ de la hoja cuya dirección es aprox. 0°
43	DensityC	% de bifurcaciones que se encuentran en el centro de la hoja
44	DensityR1	% de bifurcaciones que se encuentran en un box $50 \times 50px$ ubicado en el centro del hemisferio derecho de la hoja
45	DensityLdown	% de bifurcaciones que se encuentran en un box $50 \times 50px$ ubicado en el cuarto cuadrante de la hoja
46	DensityRup	% de bifurcaciones que se encuentran en un box $50 \times 50px$ ubicado en el segundo cuadrante de la hoja
47	DensityC50	% de bifurcaciones que se encuentran en un box $50 \times 50px$ ubicado en el centro de la hoja
48	DensityC100	% de bifurcaciones que se encuentran en un box $100 \times 100px$ ubicado en el centro de la hoja
49	DensityA	% promedio de las seis densidades anteriores

Tabla 4.1: Resúmen de $features$

Capítulo 5

Clasificación

Si bien la problemática de la clasificación de legumbres no es el objetivo de esta tesina, en este capítulo se explicarán brevemente los clasificadores utilizados para evaluar los *features* del capítulo anterior y la técnica de validación cruzada aplicada para evaluar los resultados.

5.1 Clasificadores

En esta tesina se efectúa la clasificación evaluando tres clasificadores distintos: *Support Vector Machines* (SVM) con kernel gaussiano, *Penalized Discriminant Analysis*(PDA) y *Random Forest* (RF). La elección de dichos clasificadores responde a que fueron utilizados en el trabajo de *Larese et al* [10] y es de interés comparar con éste, los resutados obtenidos al clasificar el mismo conjunto de imágenes.

5.1.1 Support vector machines (SVM)

SVM [8, 27] es un clasificador de última generación el cual asume que aplicando un mapeo no lineal adecuado de los datos en un espacio dimensional lo suficientemente alto, dos clases pueden ser aisladas por un hiperplano óptimo. Este hiperplano es elegido de modo que la distancia entre los patrones más parecidos de las diferentes clases sea máxima.

SVM depende de un parámetro de normalización que controla el equilibrio entre la complejidad del clasificador y la cantidad de errores en la clasificación. Para configurar dicho parámetro, durante la fase de entrenamiento, se utiliza validación interna.

Se utiliza un kernel gaussiano para mapear los patrones en el espacio dimensional. La desviación estándar del kernel, al igual que el parámetro de normalización, es optimizada durante el entrenamiento mediante validación interna.

5.1.2 Penalized Discriminant Analysis (PDA)

Linear Discriminant Analysis (LDA) [8] es un clasificador clásico y una herramienta de reducción de dimensiones, la cual busca combinaciones lineales de los rasgos de modo de separar las medias de las clases de las combinaciones lineales lo mayor posible en relación a la varianza intra clase. La clasificación de nuevos casos es realizada asignándoles el centroide más cercano de acuerdo a la distancia (Mahalanobis) en el espacio transformado.

Con motivo de mejorar el LDA, *Hastie et al* propusieron el PDA [7]. PDA es una versión normalizada del LDA la cual adiciona un término de penalización a la matriz de covarianza intra clase. PDA es útil para la clasificación de imágenes con gran número de rasgos ruidosos.

En esta tesina, la constante de penalización es configurada automáticamente usando validación interna en la fase de entrenamiento.

5.1.3 Random Forest (RF)

Random Forest [17] es un algoritmo donde los clasificadores individuales son un conjunto de árboles no relacionados. Su performance es comparablemente buena relacionada con otros clasificadores del estado del arte y es muy rápido.

El algoritmo construye un conjunto de árboles sin talar de B muestras aleatorias reemplazando el conjunto de datos original de entrenamiento. Por cada árbol aleatorio talado, se selecciona una muestra aleatoria de m variables del conjunto de p variables, de modo de dividir los datos de cada nodo y extender el árbol de decisión. El resultado de la clasificación es la clase que resulte más votada dentro del conjunto de árboles.

En esta tesina, la cantidad de árboles a generar será establecida por medio de validación interna en la etapa de entrenamiento.

5.2 Validación Cruzada

En esta tesina utilizamos como técnica de evaluación experimental la validación cruzada *k-fold* [17]. La misma es una validación cruzada realizada k veces, cada vez utilizando una particion de datos diferente para los conjuntos de entrenamiento y test, y los resultados de test se promedian para evaluar la performance de cada método. Las m imágenes de hojas son particionadas en k subconjuntos disjuntos (ver figura 5.1), cada uno de tamaño m/k. El proceso de entrenamiento es efectuado k veces, utilizando en cada iteración un conjunto distinto de esos subconjuntos como conjunto de test y mezclando los restantes subconjuntos para ser utilizados como conjunto de entrenamiento.

Así, cada imagen es utilizada en una corrida dentro del conjunto de test y las otras $k-1$ dentro del conjunto de entrenamiento.

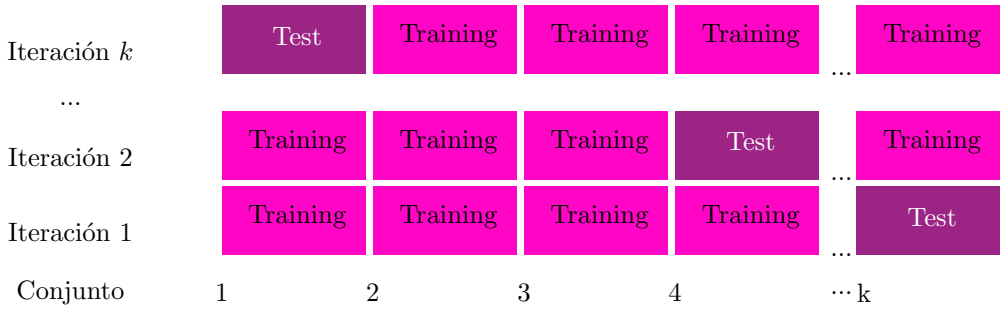


Figura 5.1: Validación cruzada *k-fold*

En esta tesina se utiliza validación interna 5-fold para la configuración de los parámetros; mientras que, durante el entrenamiento, se efectúa validación cruzada 10-fold.

Capítulo 6

Resultados

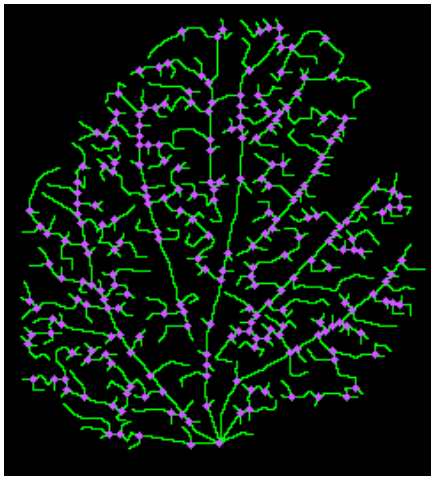
En el presente capítulo se muestran los resultados obtenidos a lo largo de la tesina. Por un lado, los resultados gráficos resultantes del algoritmo de *tracing* desarrollado en el capítulo 3, es decir, la estructura de nervaduras representada gráficamente y, por el otro, los resultados del proceso de clasificación de especies que se realiza con los $features$ explicados en el capítulo 4 obtenidos a partir de dicha estructura y los clasificadores presentados en el capítulo 5.

6.1 Resultados del tracing

A continuación se presentan un conjunto de imágenes con las estructuras de nervaduras obtenidas para distintos especímenes de las tres especies. En todas las figuras, la imagen (a) corresponde a la imagen de la hoja original, la (b) corresponde a la imagen de nervaduras resaltadas que el proceso toma como entrada (ver sección 2.3) y la (c) es la imagen resultante del *tracing*. En las imágenes de la estructura de nervaduras, los píxeles de color lila representan los nodos de tipo bifurcación que fueron seleccionados durante el proceso de *tracing* y las líneas en color verde representan las conexiones padre-hijo.

(a) Original

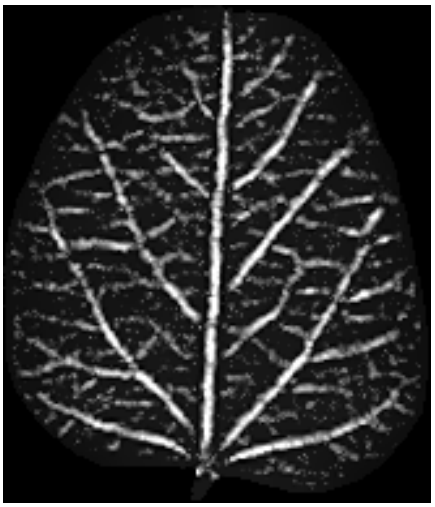
(b) Nervaduras resaltadas



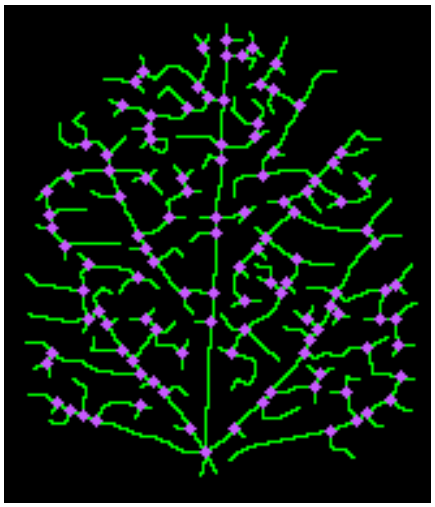
(c) Resultado

Figura 6.1: Especímen de Soja 1

(a) Original

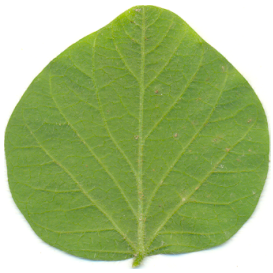


(b) Nervaduras resaltadas

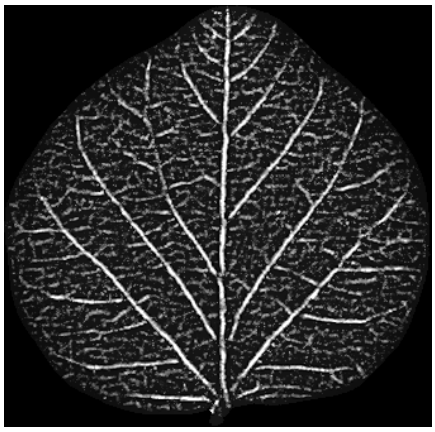


(c) Resultado

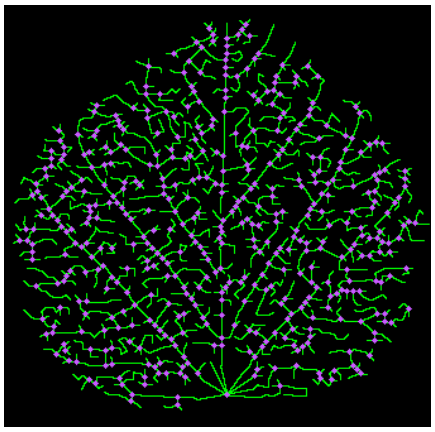
Figura 6.2: Especímen de Soja 2



(a) Original

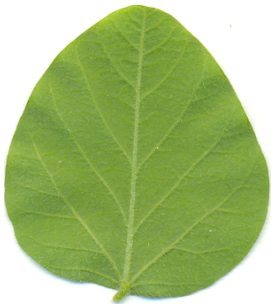


(b) Nervaduras resaltadas

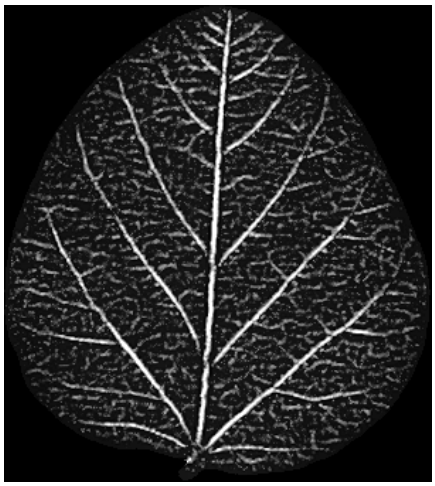


(c) Resultado

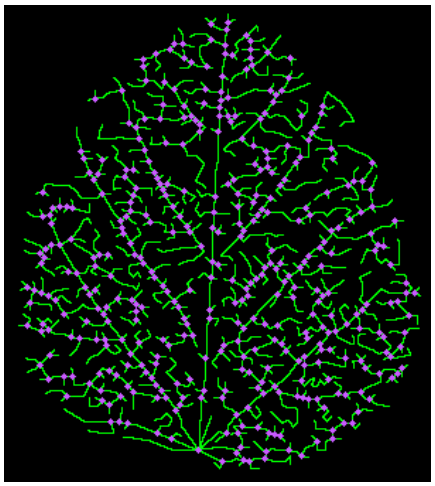
Figura 6.3: Especímen de Soja 3



(a) Original

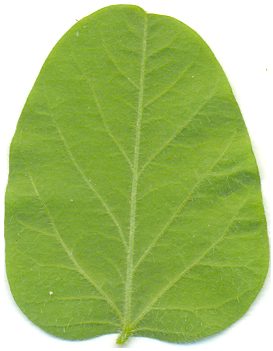


(b) Nervaduras resaltadas

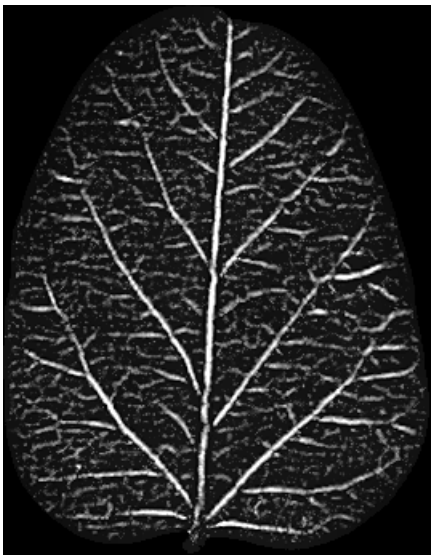


(c) Resultado

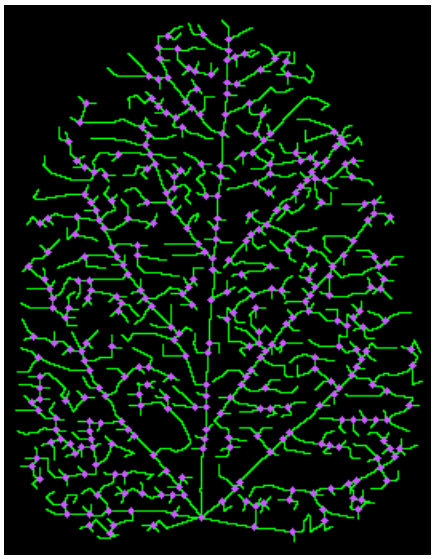
Figura 6.4: Especímen de Soja 4



(a) Original

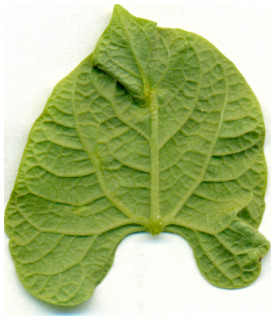


(b) Nervaduras resaltadas

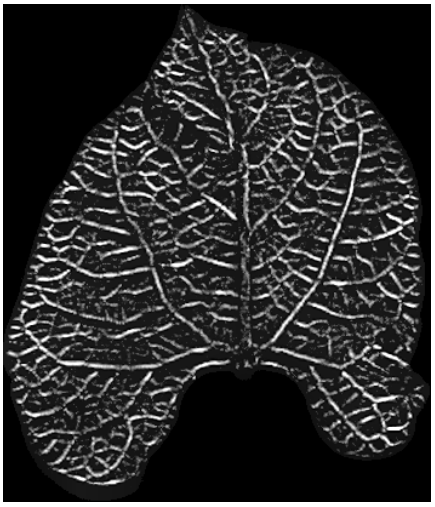


(c) Resultado

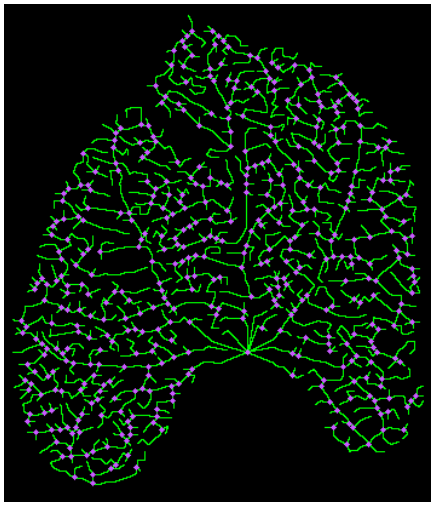
Figura 6.5: Especímen de Soja 5



(a) Original



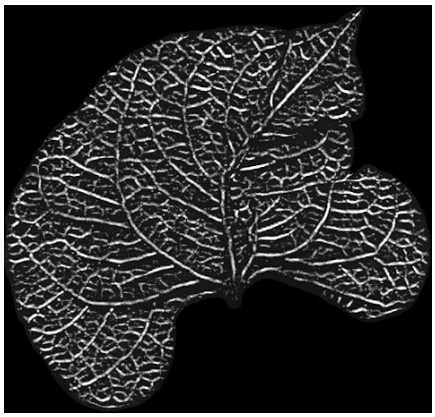
(b) Nervaduras resaltadas



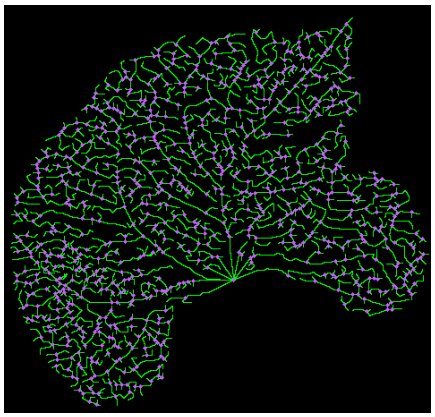
(c) Resultado

Figura 6.6: Especímen de Poroto Blanco 1

(a) Original



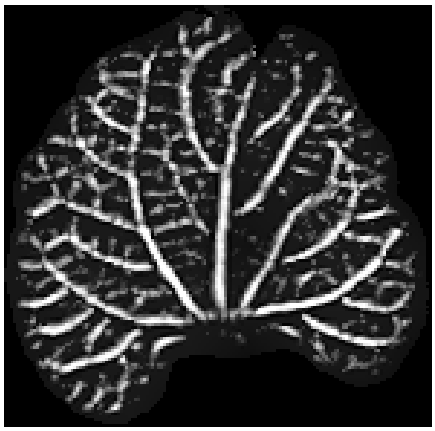
(b) Nervaduras resaltadas



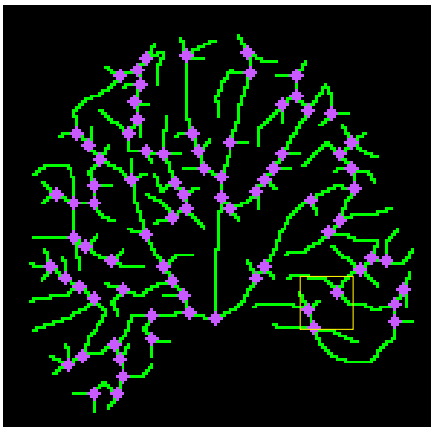
(c) Resultado

Figura 6.7: Especímen de Poroto Blanco 2

(a) Original



(b) Nervaduras resaltadas

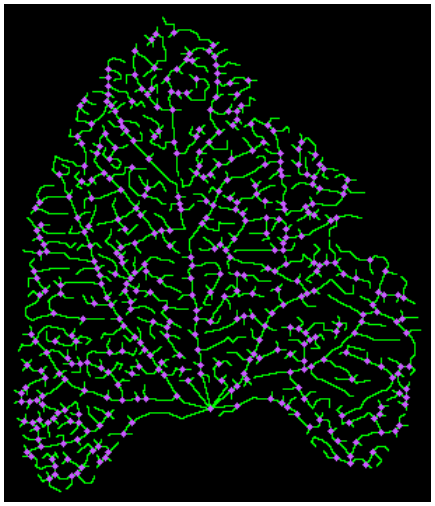


(c) Resultado

Figura 6.8: Especímen de Poroto Blanco 3

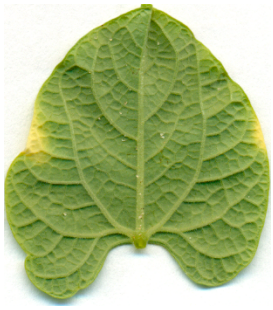
(a) Original

(b) Nervaduras resaltadas

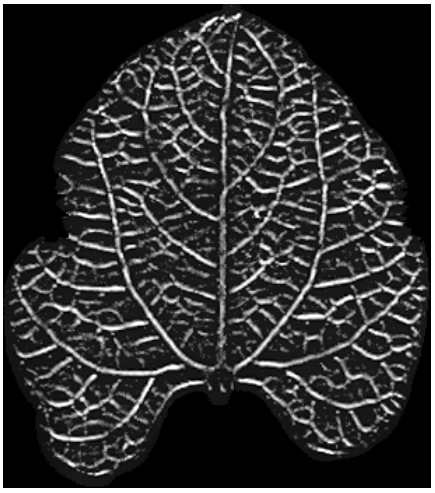


(c) Resultado

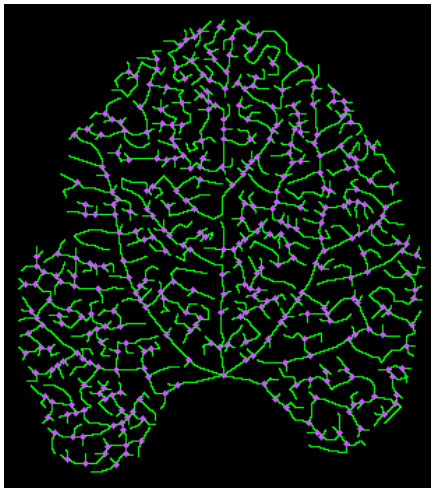
Figura 6.9: Especímen de Poroto Blanco 4



(a) Original



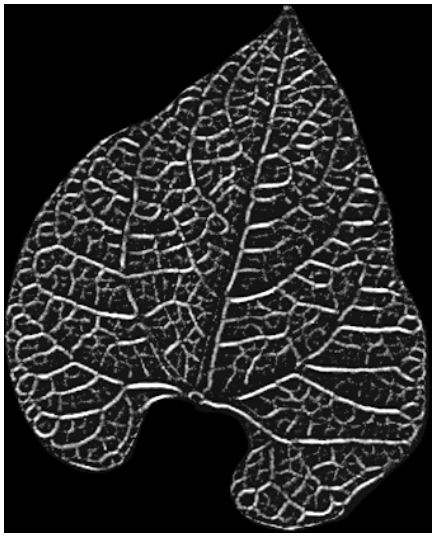
(b) Nervaduras resaltadas



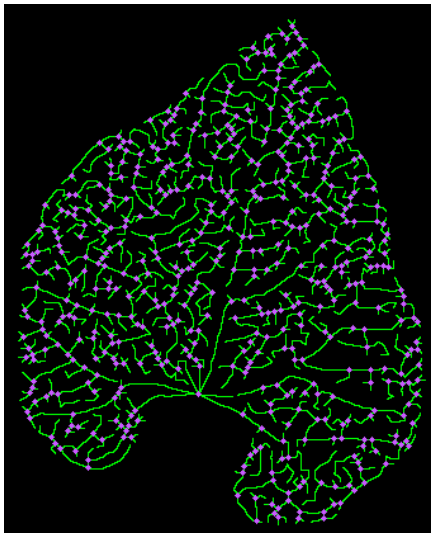
(c) Resultado

Figura 6.10: Especímen de Poroto Blanco 5

(a) Original



(b) Nervaduras resaltadas

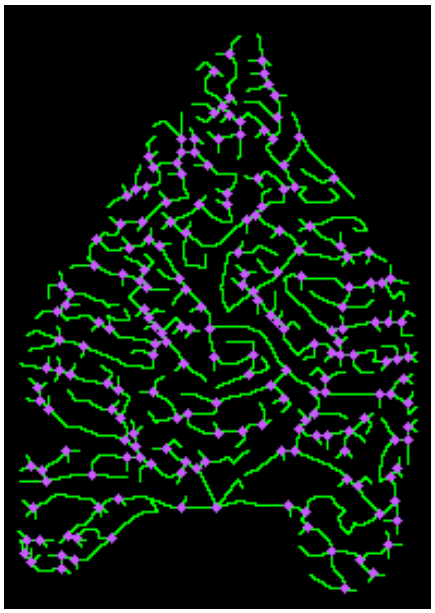


(c) Resultado

Figura 6.11: Especímen de Poroto Colorado 1

(a) Original

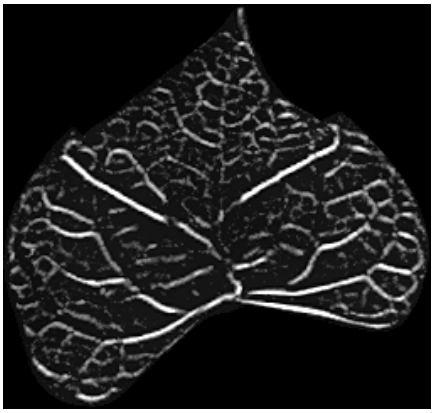
(b) Nervaduras resaltadas



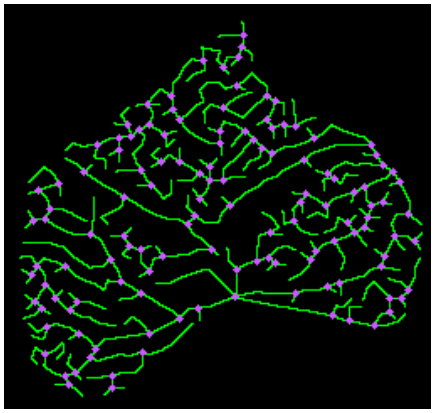
(c) Resultado

Figura 6.12: Especímen de Poroto Colorado 2

(a) Original



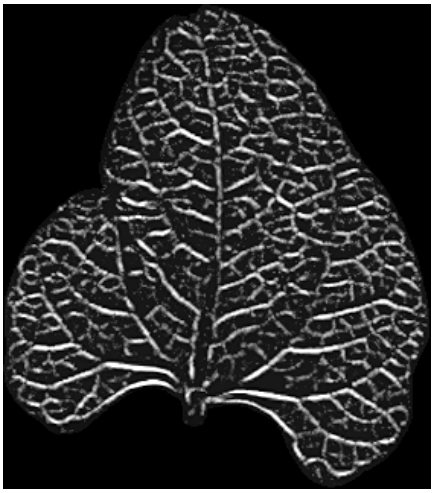
(b) Nervaduras resaltadas



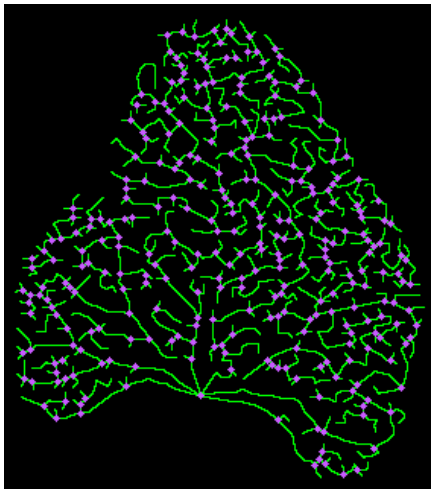
(c) Resultado

Figura 6.13: Especímen de Poroto Colorado 3

(a) Original

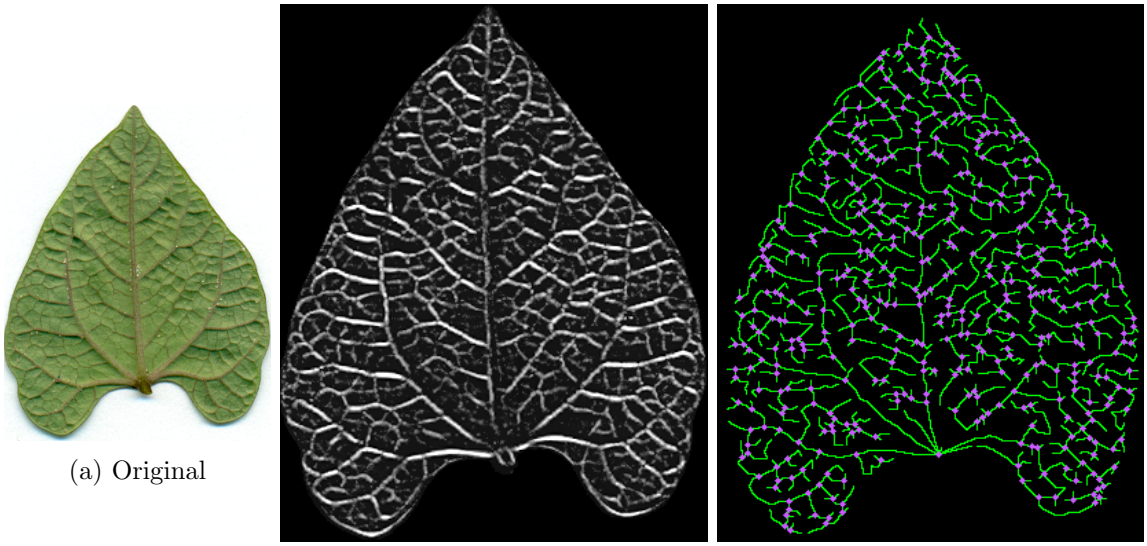


(b) Nervaduras resaltadas



(c) Resultado

Figura 6.14: Especímen de Poroto Colorado 4



(a) Original

(b) Nervaduras resaltadas

(c) Resultado

Figura 6.15: Especímen de Poroto Colorado 5

6.1.1 Análisis

En general, las estructuras de nervaduras obtenidas logran capturar la esencia del árbol de nervaduras real de la hoja. Las nervaduras que más intensas se encuentran en la imagen de entrada en escala de grises, que generalmente son las principales, prevalecen en la mayoría de las reconstrucciones (como por ejemplo, figuras 6.1c, 6.7c, 6.10c).

A continuación, se discutirán los resultados gráficos obtenidos considerando diversos factores, tanto aquellos respectivos a las imágenes estudiadas como los relacionados con la solución propuesta.

Se analizará como afecta la presencia de ruido a los resultados, generando muchas veces nervaduras ficticias y, por el contrario, ocasionando otras veces nervaduras desconectadas o segmentadas.

Estructura no cíclica

El hecho de que la reconstrucción genere un árbol como resultado (y no un grafo cíclico) lleva aparejada la pérdida de información, ya que los ciclos que existen naturalmente en las nervaduras de las hojas no están representados en esta estructura. En otras palabras, al evitar ciclos, podrían quedar disconexas nervaduras que originalmente no lo estaban. En

la imagen de la figura 6.8c, el box en color amarillo señala un área donde la reconstrucción aisla dos nervaduras pero en la hoja original las mismas están unidas.

Nervaduras principales perdidas

Como se ha mencionado en el capítulo 3 resulta fundamental una correcta detección de las nervaduras principales al iniciar el proceso de *tracing*.

En general, las imágenes de nervaduras resaltadas respectivas a la soja, tienen claramente dibujadas las líneas de las nervaduras principales (figuras 6.2b o 6.4b, por ejemplo) mientras que las de porotos presentan ciertas dificultades: o bien se visualizan doble, como es el caso de la nervadura central en las figuras 6.9b y 6.11b, o bien no están claramente definidas (figuras como 6.6b o 6.12b).

Estas dificultades repercuten directamente en los resultados del *tracing*. Al tiempo que una imagen con nervaduras principales claramente distinguibles crea un árbol como el de la figura 6.4c que logra reproducir más adecuadamente las nervaduras de la hoja, una imagen con nervaduras como la de la figura 6.14b produce una estructura de árbol con pérdida de la nervadura principal (ver Fig. 6.14c). Incluso, en el peor de los casos, la dificultad en la detección de nervaduras principales podría llevar al algoritmo a construir una estructura como la de la figura 6.12c, que tiene ausencia total de las nervaduras principales.

Ruido vs. Nervaduras

Como puede observarse en las imágenes de nervaduras resaltadas de la especie soja, se visualizan claramente como nervaduras, nervaduras que apenas son visibles en las hojas reales y que forman parte más del ruido de la imagen que de las nervaduras en sí. Sin embargo, en las imágenes de porotos, estos segmentos aislados considerados ruido en la soja, son efectivamente parte de nervaduras reales de las hojas.

Buscando una solución general que permita adaptar el método a todas las especies, se optó por no perder información valiosa de los porotos, aunque esto ocasione que en la imágenes de soja se reconstruyan más nervaduras (sobre todo en ramificaciones profundas) de las que realmente existen en la hoja.

Pliegues

Algunas hojas, de entre las imágenes estudiadas, presentan pliegues. Las hojas de porotos de las figuras 6.7a y 6.13a tienen pliegues que, en las imágenes de nervaduras resaltadas, o bien resultan similares a las nervaduras (figura 6.13a), o bien, son interpretados como fondo de la hoja (figura 6.7b).

Al realizar el *tracing* sobre las imágenes de nervaduras resaltadas, en la estructura de árbol final (figuras 6.7c y 6.13c) los pliegues son interpretados del mismo modo que en la imagen de nervaduras resaltadas.

Hojas Secas

Otro factor que afecta al proceso de *tracing* es el cambio de color que sufren algunas hojas al secarse. En la imagen de la figura 6.15 se observa una hoja que comienza a secarse (color amarillento) en dos sectores y la imagen de nervaduras resaltadas no logra captar las nervaduras de la hoja, hecho que se traslada al resultado del *tracing* donde no hay información de nervaduras en esos sectores de la hoja.

6.2 Resultados de la clasificación de especies

La siguiente tabla muestra los resultados de la clasificación obtenidos con cada uno de los clasificadores (SVM, PDA, RF) para las estructuras de árboles obtenidas por el *tracing* evaluadas con los 49 *features* propuestos.

Clasificador	Precisión por clase			Precisión Total
	Poroto Blanco (PB)	Poroto Colorado (PC)	Soja (S)	
RF	$72.09 \pm 0.99\%$	$93.30 \pm 0.49\%$	$99.34 \pm 0.11\%$	$92.03 \pm 0.24\%$
PDA	$82.33 \pm 0.98\%$	$87.35 \pm 0.61\%$	$99.05 \pm 0.13\%$	$92.05 \pm 0.29\%$
SVM	$83.33 \pm 0.99\%$	$90.21 \pm 0.54\%$	$99.24 \pm 0.14\%$	$93.25 \pm 0.24\%$
RF [10]	$72.26 \pm 1.06\%$	$84.72 \pm 0.65\%$	$96.00 \pm 0.31\%$	$87.75 \pm 0.32\%$
PDA [10]	$82.69 \pm 0.88\%$	$85.83 \pm 0.63\%$	$96.47 \pm 0.27\%$	$90.39 \pm 0.27\%$
SVM [10]	$77.62 \pm 1.00\%$	$85.68 \pm 0.59\%$	$97.25 \pm 0.25\%$	$89.72 \pm 0.28\%$
Manual [10]	$66.43 \pm 5.36\%$	$69.44 \pm 6.79\%$	$98.29 \pm 0.79\%$	$82.90 \pm 1.62\%$

Tabla 6.1: Resultados de la clasificación utilizando los tres clasificadores

De las 866 imágenes estudiadas, 272 son imágenes de PC, 172 de PB y 422 de S. Como puede observarse en la tabla 6.1, los clasificadores considerados clasifican correctamente al $\approx$ 92% de las imágenes (RF y PDA), y al $\approx$ 93% de las hojas (SVM). Estos resultados muestran importantes mejoras respecto al trabajo realizado sobre el mismo conjunto de imágenes y *features* morfológicos, sin análisis multiescala*, presentado en el trabajo de Larese et. al [10]. Las mejoras obtenidas para un mismo clasificador rondan entre un 2% y un 4%.

Al igual que en el trabajo anterior, queda en evidencia que la especie más difícil de detectar es PB. Tanto RF como PDA con los nuevos *features* obtienen una precisión comparable a los resultados previos para esta clase. Sin embargo, los tres clasificadores con los features propuestos logran notables mejoras para las clases PC y S, con incrementos en la precisión de hasta un 8% para RF en PC, y 3% para RF y PDA en S. De los tres métodos de clasificación, SVM es el que obtiene la mejor precisión total, superando consistentemente los resultados previos de la literatura para todas las clases.

En la tabla 6.1, se observa que la clasificación de especímenes de soja resulta correcta con el $\approx$ 99% con un error estándar inferior al 0.15% para los tres métodos de clasificación propuestos. Sin embargo, los tres métodos tienen dificultades para la clasificación de los porotos: RF clasifica mejor ($\approx$ 93%) a los porotos colorados que PDA y SVM pero identifica con dificultad a los porotos blancos, con una diferencia mayor al $\approx$ 10% respecto a los otros dos. En lo que respecta a los porotos, los errores estándares de los tres métodos resultan menores al 1%. En general, SVM muestra mejores resultados al superar en todas las especies el $\approx$ 83% de hojas clasificadas apropiadamente.

También es de destacar que se obtiene una precisión total de más del 10% respecto a la clasificación manual realizada por los expertos humanos. Esta mejora, alcanza aproximadamente un 20% cuando se considera la detección de PC con los nuevos *features* independientemente del clasificador utilizado.

*En esta tesina no se trabajó con análisis multiescala de las nervaduras; se deja como trabajo a futuro este análisis.

Capítulo 7

Conclusiones y Trabajos Futuros

A lo largo de este trabajo se ha abordado la problemática del *tracing* de nervaduras en hojas buscando resultados apropiados para las tres especies de legumbres estudiadas: Soja, Poroto Colorado y Poroto Blanco. En el proceso de *tracing* se consideró prioritario preservar la esencia de las hojas, entendiéndose que esta se hallaba en mantener lo más fiel posible las nervaduras principales de las mismas, por lo que, se han preprocesado las imágenes de entrada de modo de resaltarlas y se ha desarrollado un algoritmo cuyo comportamiento puede ser subdivido en dos fases, buscando en la primera capturar las nervaduras principales de la hoja y en la segunda todas las secundarias. Tal como se mencionó en el capítulo de resultados, el método tiene aún la dificultad para representar adecuadamente las nervaduras principales para muchas hojas de porotos colorados, donde el ruido y la falta de contraste de la imagen afectan el proceso.

Esta tesina abre las puertas al estudio de las hojas desde otro lugar: el análisis de su árbol de nervaduras a través de una estructura que lo representa.

Los 49 $features$ extraídos han arrojado resultados satisfactorios en la clasificación de especies utilizando diversos métodos (SVM, PDA y RF), lo que da indicios de que las estructuras de árbol capturan rasgos propios de las tres especies de hojas estudiadas. Por otra parte, se ha logrado obtener mejoras respecto a resultados de clasificación publicados recientemente así como también frente a la clasificación manual.

Siendo que hoy en día, los expertos no son capaces de distinguir a ojo entre las variedades de soja, se propone como trabajo futuro buscar nuevos conjuntos de $features$ con el objeto

de realizar la subclasificación entre especímenes de distintos tipos correspondientes a la misma especie.

Por otro lado, tal como se observó en el capítulo anterior, el algoritmo no guarda información acerca de los ciclos conformados por las nervaduras. Se considera que podría ser de utilidad contar con información respectiva a aquellos nodos que provocarían un ciclo y con qué nervaduras (o nodos) lo harían.

Siendo que el proceso de *tracing* es semiautomático, ya que requiere la intervención de un usuario que seleccione el punto que será la semilla del algoritmo, podría desarrollarse un proceso que automatice dicha tarea y como consecuencia automatizar el proceso por completo. Otra herramienta que podría ser de utilidad para un experto, es la opción de exportar el árbol de nervaduras generado a algún formato de interés como .xls o .txt, facilitando de este modo el análisis de los datos mediante otros medios o algoritmos de interés.

Bibliografía

[1] Agarwal, G., Belhumeur, P., Feiner, S., Jacobs, D., Kress, W. J., Ramamoorthi, R., Bourg, N. A., Dixit, N., Ling, H., Mahajan, D., et al. First steps toward an electronic field guide for plants, 2006. 1

[2] Augustin, M., Haxhimusa, Y., Busch, W., and Kropatsch, W. Image-Based Phenotyping of the Mature Arabidopsis Shoot System. In *Computer Vision - ECCV 2014 Workshops*, L. Agapito, M. M. Bronstein, and C. Rother, Eds., vol. 8928 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer International Publishing, 2015, p. 231–246. 3, 14, 17

[3] Boroujeni, F. Z., Rahmat, R. W. O. K., Mustapha, N., Affendey, L. S., and Maskon, O. Coronary artery center-line extraction using second order local features. *Comp. Math. Methods in Medicine 2012* (2012), 940981:1–940981:20. 3

[4] Clarke, J., Barman, S., Remagnino, P., Bailey, K., Kirkup, D., Mayo, S., and Wilkin, P. Venation pattern analysis of leaf images. In *Advances in Visual Computing*, G. Bebis, R. Boyle, B. Parvin, D. Koracin, P. Remagnino, A. Nefian, G. Meenakshisundaram, V. Pascucci, J. Zara, J. Molineros, H. Theisel, and T. Malzbender, Eds., vol. 4292 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, 2006, pp. 427–436. 1

[5] Dashtbozorg, B., Mendonca, A., and Campilho, A. An automatic graph-based approach for artery/vein classification in retinal images. *Image Processing, IEEE Transactions on 23*, 3 (March 2014), 1073–1083. 3, 13, 30, 31

[6] Golzarian, M., and Frick, R. Classification of images of wheat, ryegrass and brome grass species at early growth stages using principal component analysis. *Plant Methods 7*, 1 (2011), 28. 1

[7] Hastie, T., Buja, A., and Tibshirani, R. Penalized discriminant analysis. *Annals of Statistics 23* (1995), 73–102. 50

[8] Hastie, T., Tibshirani, R., and Friedman, J. *The Elements of Statistical Learning*. Springer Series in Statistics. Springer New York Inc., New York, NY, USA, 2001. 49, 50

[9] Horgan, G. W., Talbot, M., and Davey, J. C. Towards automatic recognition of plant varieties. In *British Computer Society Electronic Workshops in Computing: The Challenge of Image Retrieval. http://www.ewic.org.uk/ewic/workshop/view.cfm/CIR-98. ISBN*. 1998, pp. 1–902505. 1

[10] Larese, M. G., Bayá, A. E., Craviotto, R. M., Arango, M. R., Gallo, C., and Granitto, P. M. Multiscale recognition of legume varieties based on leaf venation images. *Expert Systems with Applications 41*, 10 (2014), 4638–4647. 2, 49, 63, 64

[11] Larese, M. G., Craviotto, R. M., Arango, M. R., Gallo, C., and Granitto, P. M. Legume Identification by Leaf Vein Images Classification. In *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications*, L. Alvarez, M. Mejail, L. Gomez, and J. Jacobo, Eds., vol. 7441 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer Berlin Heidelberg, 2012, pp. 447–454. 1, 2

[12] Larese, M. G., and Granitto, P. M. Hybrid Consensus Learning for Legume Species and Cultivars Classification. In *Computer Vision - ECCV 2014 Workshops*, L. Agapito, M. M. Bronstein, and C. Rother, Eds., vol. 8928 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer International Publishing, 2015, pp. 201–214. 2

[13] Larese, M. G., Namías, R., Craviotto, R. M., Arango, M. R., Gallo, C., and Granitto, P. M. Automatic classification of legumes using leaf vein image features. *Pattern Recognition 47*, 1 (2014), 158–168. 1, 2, 3, 6

[14] Lin, K.-S., Tsai, C.-L., Tsai, C.-H., Sofka, M., Chen, S.-J., and Lin, W.-Y. Retinal vascular tree reconstruction with anatomical realism. *IEEE Trans. Biomed. Engineering 59*, 12 (2012), 3337–3347. 3

[15] Liu, I., and Sun, Y. Recursive tracking of vascular networks in angiograms based on the detection-deletion scheme. *Medical Imaging, IEEE Transactions on 12*, 2 (1993), 334–341. 3

[16] Meijering, E. Neuron tracing in perspective. *Cytometry Part A 77A*, 7 (2010), 693–704. 3

[17] Mitchell, T. M. *Machine Learning*, 1 ed. McGraw-Hill, Inc., New York, NY, USA, 1997. 50, 51

[18] Neto, J., Meyer, G., Jones, D., and Samal, A. Plant species identification using Elliptic Fourier leaf shape analysis. *Computers and Electronics in Agriculture 50*, 2 (Feb. 2006), 121–134. 1

[19] Otsu, N. A threshold selection method from gray-level histograms. *Automatica 11*, 285-296 (1975), 23–27. 7, 8

[20] Park, J., Hwang, E., and Nam, Y. Utilizing venation features for efficient leaf image retrieval. *Journal of Systems and Software 81*, 1 (2008), 71 – 82. 1

[21] Rothaus, K., Jiang, X., and Rhiem, P. Separation of the retinal vascular graph in arteries and veins based upon structural knowledge. *Image and Vision Computing 27*, 7 (2009), 864 – 875. 7th IAPR-TC15 Workshop on Graph-based Representations (GbR 2007). 3, 14

[22] Sack, L., Dietrich, E. M., Streeter, C. M., Sanchez-Gomez, D., and Holbrook, N. M. Leaf palmate venation and vascular redundancy confer tolerance of hydraulic disruption. *Proceedings of the National Association of Science 105* (2008), 1567–1572. 1

[23] Scoffoni, C., Rawls, M., McKown, A., Cochard, H., and Sack, L. Decline of leaf hydraulic conductance with dehydration: relationship to leaf size and venation architecture. *Plant Physiology 156*, 2 (2011), 832–843. 1

[24] Sonka, M., Hlavac, V., and Boyle, R. *Image Processing, Analysis, and Machine Vision*. Thomson-Engineering, 2007. 1

[25] Valliammal, N., and Geethalakshmi, S. Hybrid image segmentation algorithm for leaf recognition and characterization. In *Process Automation, Control and Computing (PACC), 2011 International Conference on*. July 2011, pp. 1–6. 1

[26] Valliammal, N., and Geethalakshmi, S. N. Efficient feature fusion, selection and classification technique for plant leaf image retrieval system. In *Proceedings of the Second International Conference on Computational Science, Engineering and Information Technology*. 2012, pp. 132–137. 1

[27] Vapnik, V. N. *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer-Verlag New York, Inc., New York, NY, USA, 1995. 49

[28] Zhang, Y., Zhou, X., Degterev, A., Lipinski, M., Adjeroh, D., Yuan, J., and Wong, S. T. A novel tracing algorithm for high throughput imaging: Screening of neuron-based assays. *Journal of neuroscience methods 160*, 1 (2007), 149–162. 3