

21



Universidad Autónoma Metropolitana
Unidad Iztapalapa

“Ancho de Banda Variable para Datos Multivariados.”
Tesis que presenta
Ing. Guadalupe Desirée López Palafox
Para obtener el grado de
Maestra en Ciencias (Ingeniería biomédica)

Asesor:

Dr. Juan Ramón Jiménez Alaniz

Sinodales:

Presidente: Dra. María Elena Martínez Pérez IIMAS-UNAM

Secretario: Dr. Juan Ramón Jiménez Alaniz UAM-I

Vocal: Dr. Miguel Ángel Gutiérrez Andrade UAM-I

División de Ciencias Básicas e Ingeniería

Departamento de Ingeniería Eléctrica

Agradecimientos

Cuando entre a la UAM me propuse como meta realizar una Maestría y lo logré. Está etapa en mi vida no la hubiera logrado sino fuera por el apoyo incondicional de mis padres; desde que inicie mis estudios, siempre han estado ahí conmigo para ayudarme y escucharme en mis momentos de frustración, cuando no podía resolver un problema o en mis momentos de alegrías. Gracias papas por todo lo que han hecho por mi.

También quisiera agradecer a mi asesor el Dr. Juan Ramón Jiménez Alaniz por todo los consejos, apoyo, ideas y palabras de animo que ayudaron para la realización de este proyecto. También quisiera agradecer a todos mis compañeros del Laboratorio de Neuroimagenología (LINI) por el apoyo que recibí por parte de ellos y por los buenos momentos que pasamos entre bromas y risas.

Le doy las gracias al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), por el apoyo económico que me otorgó, al aceptarme como becaria de su programa de becas para estudios de posgrado

Guadalupe Desirée López Palafox

Índice general

1. Resumen	3
2. Introducción	5
2.1. Procesamiento Digital de Imágenes	6
2.1.1. Imágenes Médicas	7
2.2. Procesamiento basado en Regiones de la Imagen	7
2.3. Segmentación de Imágenes	8
2.4. Hipótesis	15
2.5. Objetivos	15
2.5.1. Objetivo General	15
2.5.2. Objetivos Particulares	15
3. Metodología	16
3.1. Estimación de la Función de Densidad	17
3.2. Estimación de la Función de Densidad para Kernel Multivariado	18
3.2.1. Medidas de Discrepancia	18
3.2.2. Información Espacial	20
3.3. Corrimiento de Media por Ancho de Banda Variable por Punto Muestral .	21
3.4. Corrimiento de Media por Ancho de Banda Variable por Vecinos más Cer-	
canos	23
3.4.1. Métricas y Clasificación del Vecino más Cercano	29
3.5. Mapas de Confianza	31
3.6. Corrimiento de Media Ponderado	32
3.7. Fusión de Regiones	33

3.7.1. Análisis de Adyacencia de Regiones	33
3.7.2. Podado	34
3.8. Incorporación de Información A Priori	34
3.8.1. Normalizacion Espacial	35
3.8.2. Clasificación de Regiones	36
4. Resultados y Discusión	39
4.1. Datos Sintéticos	44
4.1.1. Filtrado con los diferentes anchos de banda	45
4.1.2. Índices de Tanimoto	50
4.2. Datos Reales	53
4.2.1. Etapa de Filtrado con Datos Reales e Índices de Tanimoto	54
5. Conclusiones	65
Bibliografía	68

Capítulo 1

Resumen

El diagnóstico por imagen es una herramienta invaluable en la medicina. La resonancia magnética (RM), tomografía computarizada (TAC), mamografía digital, entre otras modalidades, proveen un medio efectivo para el mapeo de forma no invasiva de la anatomía del sujeto. Los algoritmos para la segmentación de imágenes, juegan un papel importante en numerosas aplicaciones de imágenes médicas, como la cuantificación de los volúmenes de tejidos, diagnóstico, localización de patologías, estudios de estructuras anatómicas, planeación de tratamiento, entre otras [1]. La determinación de regiones con espacios de características multimodales, como las imágenes de RM, algunas veces requieren técnicas de estimación de kernel con anchos de banda que se adaptan localmente. La elección del ancho de banda es un aspecto crítico en la etapa de filtrado de la segmentación de una imagen. En este trabajo se lleva a cabo la segmentación de imágenes de RM, empleando una técnica no paramétrica de estimación de densidad basada en el procedimiento de corrimiento de media (CM) con ancho de banda variable. Se utilizaron dos métodos para el ancho de banda variable: punto muestral y k -vecinos más cercanos en la aplicación de la estimación de densidad, para segmentar regiones del espacio de características de imágenes de RM. El procedimiento de segmentación a partir de CM fue aplicado a datos sintéticos [2] y datos reales [3] utilizando el ancho de banda fijo y ancho de banda variable por los dos métodos en la etapa de filtrado. Se realizaron las siguientes etapas para la segmentación: Se calcularon los mapas de confianza, se realizó el filtrado de los datos aplicando anchos de banda fijo y variable, se realizó la etapa de etiquetado, fusión de regiones y podado, además se realizó la normalización de los datos con la información

a priori, que corresponde a los mapas probabilísticos del fondo, materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo, se realizó la clasificación de las cuatro clases y por último se obtuvieron los índices de similitud para los datos sintéticos y para los datos reales, en este caso se contó con la segmentación realizada por el experto. Se calcularon los índices de similitud para los dos tipos de datos logrando mejores resultados en la segmentación de las imágenes, cuando se utiliza ancho de banda variable con índices de similitud de 0.68 y 0.71 para la materia gris y blanca respectivamente; además se mejoraron los valores de los índices de similitud ya reportados por [3] y [4] ya que se utilizó información *a priori* para la etapa de clasificación.

Capítulo 2

Introducción

La detección, localización, diagnóstico y monitoreo de la respuesta a un tratamiento son los aspectos más importantes y procedimientos cruciales en el diagnóstico médico. La detección temprana y localización precisa de enfermedades puede mejorar la supervivencia y el manejo de los cambios en los pacientes antes de las cirugías o terapias. Por lo tanto, la práctica médica actual se ha dirigido a la localización temprana, pero eficaz de las enfermedades, garantizando al mismo tiempo que los pacientes reciban el tratamiento más efectivo. En las últimas décadas se han mostrado importantes avances en el diagnóstico por imagen y en el análisis computacional de las imágenes médicas. Las capacidades revolucionarias de las modalidades multidimensionales de las imágenes médicas y el avance computacional han abierto una nueva ventana para la investigación médica y el diagnóstico clínico.

Las diversas modalidades de la imagenología médica que se utilizan para adquirir datos, donde la información cualitativa y cuantitativa de las enfermedades fisiopatológicas es extraída para su visualización y caracterización, permite al médico formular con precisión el tratamiento más eficaz para los pacientes mediante la integración de la información obtenida a partir de procedimientos de diagnósticos invasivos. Es importante darse cuenta de que las imágenes médicas son una herramienta complementaria pero no compite con los métodos de diagnóstico convencionales. De hecho, las imágenes médicas proveen información adicional acerca de la enfermedad que no está disponible en los métodos de diagnósticos convencionales, pero ayuda a mejorar el entendimiento de los procesos de las diversas enfermedades desde distintos puntos de vista.

Las diversas modalidades de imágenes médicas pueden ser clasificadas en dos categorías: estructurales y funcionales. Las imágenes estructurales pueden ser obtenidas por los siguientes equipos médicos: rayos X, tomografía computarizada (TAC), resonancia magnética (RM), ecocardiografía, mamografía y ultrasonido. Las imágenes que se obtienen a partir de estos equipos, permiten visualizar estructuras anatómicas y patologías de órganos internos. Las imágenes funcionales se refieren al conjunto de técnicas que son capaces de obtener imágenes que reflejan las propiedades bioquímicas, eléctricas, mecánicas o propiedades fisiológicas de un órgano. Los equipos que pueden obtener este tipos de imágenes médicas son tomografía por emisión de positrones (PET), tomografía computada de fotón único (SPECT), fluoroscopia, resonancia magnética funcional (fMRI) y espectroscopia por resonancia magnética. Fundamentalmente, todas estas técnicas de imágenes realizan una reconstrucción de imagen 3D a partir de series de imágenes 2D tomadas en diversos ángulos alrededor del cuerpo.

A pesar de las diferencias entre las mediciones físicas reales y entre las diferentes modalidades de las imágenes, el objetivo de adquirirlas en el entorno clínico es prácticamente el mismo: extraer la información clínica específica del paciente y sus características de diagnóstico integradas en los datos de la imagen multidimensional, que pueden servir de guía y pueden dar un seguimiento después de que la enfermedad haya sido detectada y localizada, y en última instancia conduce al conocimiento para el diagnóstico clínico, clasificación y tratamiento de la enfermedad [5].

2.1. Procesamiento Digital de Imágenes

El sistema visual humano es uno de los mecanismos de procesamiento de imágenes más poderoso. Este sistema es capaz de detectar, analizar y almacenar imágenes con un gran poder de procesamiento. La visión es sin duda el sentido más empleado por la especie humana y por lo mismo, es común que se olvide de su importancia. En general, el procesamiento de imágenes consiste en alterar la información visual para obtener mejores resultados o para aislar algunas características particulares de las imágenes.

El impacto de esta disciplina ha sido enorme y afecta a áreas como la medicina, las telecomunicaciones, el control de procesos industriales y el entretenimiento. El procesamiento

digital de imágenes consiste en hacer el mapeo de una imagen a puntos definidos discretamente, a los cuales se les asigna un par de coordenadas y un valor de intensidad. La alteración de los valores de intensidad por medio de una computadora, permite efectuar con gran facilidad operaciones de realce y de análisis de la imagen.

2.1.1. Imágenes Médicas

En el campo de la imagenología médica hay múltiples ejemplos de aplicaciones del procesamiento de imágenes. En esta área prácticamente todos los principios físicos se han aplicado a la obtención de imágenes como por ejemplo: Resonancia Magnética, ultrasonido, entre otras. Las imágenes digitales representan información visual asociada con una escena ambiental real que correspondería a lo que observamos con el sentido de la vista o bien, información no visible pero que puede ser medida utilizando sensores apropiados tales como radiación infrarroja, ultravioleta, rayos X, etc.

La imagen digital corresponde a un arreglo de dos dimensiones (2D) que se podría denotar como $f(x, y)$ en donde cada punto se denomina pixel y tiene asociadas las coordenadas espaciales definidas por x e y . La imagen tiene un tamaño de $N \times M$ pixeles en donde N corresponde al ancho de la imagen y M corresponde al largo de la imagen. Cada pixel corresponde a un color de intensidad representativa de la información visual o emisión que se ha adquirido. Las imágenes tridimensionales (3D) se denotan por $f(x, y, z)$ en donde cada punto se denomina voxel y tiene asociadas tres coordenadas espaciales definidas por x , y y z . En este caso el tamaño total sería de $N \times M \times P$ voxeles y es equivalente a manejar P imágenes bidimensionales cada una de tamaño $N \times M$ pixeles. Una vez adquirida la imagen se puede procesar y/o almacenar en disco duro, disco compactos, etc.

2.2. Procesamiento basado en Regiones de la Imagen

Las técnicas de procesamiento basadas en una región tienen muchas aplicaciones en la obtención de características primitivas de la imagen, como por ejemplo la extracción de contornos. Se utiliza un grupo de pixeles dentro de la imagen a procesar, con el propósito de extraer información acerca de la misma. El grupo de pixeles que se estudia en este caso, se denomina usualmente vecindad. Por lo general la vecindad es una matriz bidi-

mensional de valores de píxeles con un número impar de filas y columnas. El píxel de interés que normalmente es reemplazado por un nuevo valor, producto de la aplicación de un algoritmo, se ubica por lo general, en el centro de la vecindad.

Al utilizar una vecindad en el procesamiento, se puede aprovechar la información acerca del comportamiento regional de la imagen en cuestión, mejor conocida como frecuencia espacial, la cual podría definirse como la tasa de cambio de la intensidad de los píxeles dividido por la distancia sobre la cual ocurre el cambio. La frecuencia espacial tiene componentes en las direcciones horizontal y vertical dentro de la imagen. Muchas de las técnicas de procesamiento basadas en una región de la imagen, tienen acceso a la información referente a la frecuencia espacial, pueden actuar como filtros que atenúan o realzan ciertas componentes de la frecuencia espacial contenidas dentro de la imagen. El hecho de considerar los píxeles de una vecindad, hace que las técnicas de procesamiento basadas en una región tengan un mayor costo de cálculo numérico que las técnicas basadas en un solo punto. Esto dependerá del tamaño de la vecindad a considerar, así como del tipo de representación numérica utilizada [6].

2.3. Segmentación de Imágenes

La segmentación de imágenes es uno de los pasos más importantes en el análisis de datos procesados de una imagen; juega un papel crucial en la extracción de información relevante y atributos de las imágenes para todas las aplicaciones de imágenes médicas. Es uno de los pasos importantes que conducen a la comprensión, análisis e interpretación de las imágenes. El objetivo principal de la segmentación de imágenes es la partición de la imagen en regiones (o clases) que son homogéneas con respecto a una o más características o rasgos dentro de ciertos criterios [5, 7]. Cada región puede ser procesada por separado para la extracción de información.

Hay diversos tipos de segmentación, se le llama segmentación completa a los resultados que corresponden únicamente a regiones disjuntas de la imagen; la segmentación parcial es aquella en la que las regiones encontradas no corresponden directamente a objetos de la imagen. Para lograr una segmentación completa, es necesaria la cooperación de varios niveles de procesamiento, cada uno con información específica del problema. Sin embargo,

hay toda una clase de problemas de segmentación que puede ser resuelta con éxito utilizando únicamente un bajo nivel de procesamiento. En este caso, la imagen comúnmente consiste de objetos contrastados, localizados en un fondo uniforme, como por ejemplo las células, entre otros. En este caso, una simple aproximación global se puede utilizar, por lo que se puede obtener una segmentación completa de la imagen en objetos y fondo. Si el objetivo es la segmentación parcial, la imagen es dividida en regiones que son homogéneas con respecto a diversas propiedades como brillo, color, textura, entre otras. La imagen segmentada parcialmente debe ser objeto de más procesamiento y la segmentación de la imagen final puede ser encontrada con la ayuda de un alto nivel de información [8].

La aplicación más obvia para la segmentación de imágenes médicas es para la localización anatómica o de región de interés, cuyo objetivo es describir las estructuras anatómicas y regiones (patológicas) que son de interés. La segmentación se puede lograr identificando todos los píxeles o voxels que pertenecen a la misma estructura/región o basada en algunos atributos asociados con cada píxel o voxel. La segmentación de imágenes no sólo es importante para la extracción de características y visualización, sino también para la compresión y medición de las imágenes. Se han desarrollado varias aplicaciones médicas para la segmentación de imágenes, como por ejemplo la localización de tumores o microcalcificaciones, delineación de células sanguíneas, planeación de cirugías, registro de imágenes, clasificación de tejidos, estimación del volumen de un tumor, entre otras. La cuantificación exacta de regiones fisiológicas depende de la segmentación de estructuras o regiones de interés (ROI) en las imágenes. El rol fundamental de una ROI es: permitir la cuantificación, reduce el conjunto de datos centrándose en el análisis cuantitativo de regiones de interés extraídas y establece correspondencias estructurales para las muestras fisiológicas dentro de las regiones. La selección de ROI de forma manual es una tarea tediosa y consume tiempo ya que el especialista deberá seleccionar la ROI imagen por imagen y pueden existir errores [5].

La segmentación automática de imágenes por resonancia magnética (RM) clasifica los voxels de las imágenes cerebrales en tres importantes tipos: materia gris (MG), materia blanca (MB) y líquido cefalorraquídeo (LCR). El análisis volumétrico de diferentes partes del cerebro es de gran utilidad para evaluar el progreso o retroceso de diferentes tipos de enfermedades, como es el caso de la enfermedad de Alzheimer, epilepsia, esclerosis múlti-

ple y la esquizofrenia. Las aproximaciones ya sean supervisadas o no supervisadas se han utilizado para esta tarea. En la aproximación supervisada, los valores de intensidad de las muestras de los voxeles etiquetados de cada uno de los tejidos (prototipos) deben ser proporcionados durante la fase de entrenamiento. En una fase de clasificación subsecuente, los voxeles que no fueron clasificados, se clasifican usando un nuevo clasificador. Para evitar el re-entrenamiento del clasificador para cada nueva imagen, se necesitan métodos para normalizar la intensidad entre las imágenes de RM[4].

Esto permite seleccionar prototipos y entrenar el clasificador supervisado con una imagen de referencia, tras lo cual los voxeles de otra imagen, previamente normalizada respecto a la imagen de referencia, pueden ser clasificados usando el mismo clasificador sin intervención humana. Un modelo de mezclas de Gaussianas (GMM por sus siglas en inglés), se ajusta a los voxeles de intensidad usando el algoritmo de expectación máxima (EM), tras lo cual a cada voxel se le asigna a una clase de tejido que da la mayor probabilidad. Sin embargo, usando solamente la información de intensidad, se ha probado que es ineficiente para una segmentación fiable de las estructuras cerebrales. Las perturbaciones locales como son el ruido aditivo, entre otras, son responsables de que haya un traslape de grupos o clusters en la intensidad del espacio característico, resultando en una pobre separabilidad de clases. Debido a los artefactos presentes, los métodos de clasificación basados en los valores de intensidad de los voxeles como los K-vecinos más cercanos y GMM pueden dar resultados poco realistas con regiones de tejidos que pueden parecer granulados, fragmentados o pueden violar las limitaciones anatómicas.

Incorporando la información espacial a través de atlas estadísticos proporciona un medio para mejorar los resultados de la segmentación. Los atlas estadísticos proporcionan la probabilidad *a priori* para cada pixel que procede de una clase de tejido en particular. Cada valor de intensidad del tejido es modelada por la densidad de Parzen en los voxeles seleccionados de un atlas afín ya registrados. El corregistro de la imagen original y el atlas es una parte fundamental para obtener buenos resultados. Es importante destacar que no siempre existe un atlas apropiado para los datos, como por ejemplo, para imágenes de cerebro con alguna patología o cerebros de infantes.

La representación visual de la información a través del análisis del espacio de características ha recibido un renovado interés en recientes años. Los grandes avances computacionales

nos permiten manejar espacios característicos de alta dimensionalidad que contienen millones de puntos. La estructura de los espacios característicos de alta dimensionalidad, desafía la intuición geométrica de tres dimensiones [9]. Estos espacios son extremadamente espaciados unos de otros con respecto a los puntos de los datos. Por lo tanto, para inferir las estructuras locales de los espacios solamente un pequeño número de los datos puede estar disponible [10] que puede llevar a resultados erróneos.

Un espacio característico es un mapeo de la entrada obtenido por el procesamiento de los datos en subconjuntos pequeños a la vez. Para cada subconjunto se obtiene una representación paramétrica de la característica de interés, y el resultado está mapeado hacia un punto en el espacio multidimensional del parámetro. Después de procesar la entrada, las características significativas corresponden a las regiones más densas en el espacio característico, es decir, a grupos (clusters). El objetivo del análisis de la imagen es la delineación de estos grupos. Las ventajas y desventajas del espacio característico surgen de la naturaleza global de la representación derivada de la entrada. Por un lado, se reúne toda la evidencia para la presencia de una característica significativa, proporcionando una tolerancia excelente al nivel de ruido, evitando que el ruido pueda dar decisiones locales que no son confiables. Por otra parte, las características con menor soporte en el espacio característico pueden no detectarse a pesar de ser sobresalientes para la tarea a ejecutarse. Esta desventaja, sin embargo, se puede evitar ya sea aumentando el espacio característico con parámetros (espaciales) adicionales desde el dominio de entrada, o por postprocesamiento robusto del dominio de entrada guiado por los resultados del análisis del espacio característico [11].

El objetivo del análisis del espacio de características es reducir los datos en pocas características importantes a través de un procedimiento conocido bajo diferentes nombres como son agrupamiento, aprendizaje no supervisado o la cuantificación de vectores. Más a menudo diferentes variantes del método de agrupamiento de k-means son utilizadas, en donde el espacio de características es representado como una mezcla de distribuciones normales [12]. El número de k componentes de la mezcla de distribuciones es establecido por el usuario.

La popularidad del algoritmo de k-means se debe a su baja complejidad computacional

de $O(nkNd)$, donde n es el número de datos, d es la dimensión del espacio y N es el número de iteraciones que siempre es pequeño en relación con n . Sin embargo, puesto que impone una delimitación rígida en el espacio de características y requiere una suposición razonable para el número de agrupaciones (clusters) presentes, este método puede devolver resultados erróneos cuando los supuestos implícitos no están satisfechos. Por otra parte, el algoritmo de k-means no es robusto, los puntos que no pertenecen a ninguna de las k-agrupaciones pueden mover las medias estimadas lejos de las regiones con mayor densidad. Una técnica de agrupamiento robusta que no requiere conocimiento previo del número de grupos y no limita la forma de estos, es el Corrimiento de Media (CM) basada en el agrupamiento. Esta técnica es iterativa, pero en lugar de utilizar las medias, estima las modas de una distribución multivariada en el espacio de características. El número de grupos se obtiene de forma automática mediante la búsqueda de los centros de las regiones más densas en el espacio (modas).

El procedimiento de CM propuesto por Fukunaga y Hostetler [13] es un método que se ha aplicado al procesamiento de imágenes en años recientes. Comaniciu [14] fue el primero en aplicar este método en el análisis de imágenes en un espacio característico. Se ha probado que es excelente para el seguimiento de objetos en videos y su eficiencia ha sido demostrada en la solución de problemas de visión por computadora. Se puede considerar como una técnica de agrupamiento, que no requiere de conocimiento previo acerca del número de clases, y no tiene restricción alguna sobre la forma de la función de distribución de los datos.

Sin embargo, una de las desventajas del algoritmo de corrimiento de media es la especificación de un parámetro llamado ancho de banda o ancho del kernel. Aunque el parámetro de escalamiento especificado puede llevar a un buen resultado, es difícil encontrar un ancho de banda global óptimo para el procedimiento de CM, es decir, cuando las características locales del espacio de características difieren significativamente entre los datos. Por un lado, si se selecciona un ancho de banda fijo, el sesgo del estimador de densidad de probabilidad de una muestra de puntos es proporcional al cuadrado del ancho de banda. Por otro lado, la varianza estimada de un conjunto de puntos es inversamente proporcional a la dimensionalidad del ancho de banda, por ejemplo, un ancho de banda grande tiene una varianza menor, mientras que, un ancho de banda menor tiene una mayor varianza.

Por lo tanto, un ancho de banda óptimo es un compromiso entre el sesgo y la varianza sobre una muestra de puntos que siguen una densidad de probabilidad desconocida en un espacio característico. Si bien los resultados obtenidos con un ancho de banda global, parecen satisfactorios, cuando las propiedades locales del espacio de características difieren significativamente en los datos, es difícil encontrar un ancho de banda global óptimo para la segmentación por CM.

Se ha realizado trabajo previo sobre la segmentación de estructuras anatómicas cerebrales en el Laboratorio de Investigación en Neuroimagenología (LINI) de la Universidad Autónoma Metropolitana (UAM) aplicando el procedimiento de corrimiento de media utilizando un ancho de banda fijo, obteniéndose buenos resultados en la segmentación de imágenes de cerebro [15]. Sin embargo, no se ha hecho suficiente trabajo para investigar una técnica que permita que el ancho de banda del kernel se ajuste de manera automática a los datos. Se ha hecho algo de investigación en el procesamiento de imágenes aplicando un ancho de banda variable, considerando una propuesta que parece prometedora, en el sentido de que produce mejores resultados en la segmentación de imágenes, que los obtenidos utilizando un ancho de banda fijo [16], por tal razón el presente trabajo de investigación pretende realizar un estudio formal sobre la aplicación del ancho de banda variable en la segmentación de imágenes de cerebro por RM.

Con este trabajo de investigación se realizó una investigación formal sobre el ancho de banda variable en el cual se propone la utilización de este en el procedimiento de corrimiento de media (CM), obtenido de dos maneras distintas, en las que se conserva una metodología totalmente no paramétrica, para mejorar los resultados en la etapa de filtrado del proceso de segmentación. El filtrado con ancho de banda adaptable se aplicó a datos sintéticos cerebrales y datos reales. Los dos métodos que se aplicaron fueron el método de punto muestral y el método de los k -vecinos más cercanos.

Una vez terminada la etapa de filtrado utilizando los diferentes anchos de banda, se realiza una etapa de etiquetado, la cual consiste en etiquetar cada una de las modas encontradas por el procedimiento de CM. La siguiente etapa es la fusión de regiones, en

la cual se unen las regiones con cierta similitud con el objetivo de disminuir la sobresegmentación. También se utiliza una etapa de podado para eliminar aquellas regiones muy pequeñas que por si solas no pueden representar un estructura cerebral. La última etapa es la clasificación de las regiones obtenidas después de la etapa de podado, utilizando información *a priori* contenida en mapas probabilísticos de Materia Blanca, Materia Gris y Líquido Cefalorraquídeo, para realizar la segmentación final de la imagen en estas tres regiones de interés.

Al aplicar ambos métodos para los datos sintéticos se observó que los resultados obtenidos son muy satisfactorios debido a que hay una mejora en la segmentación de las imágenes de RM con respecto al ancho de banda fijo. El método de los k -vecinos más cercanos es superior comparado con el método de punto muestral. Pero ambos tienen mejores resultados que el método de ancho de banda fijo, como ya se mencionó.

Este mismo proceso se aplicó a 20 volúmenes de datos reales los cuales tienen diferente grado de dificultad, es decir, los peores volúmenes tienen un menor contraste. Estos datos cuentan con la segmentación del experto para cada volumen por lo que se pudo calcular el índice de similitud que hay entre los resultados obtenidos por la segmentación final utilizando los diferentes anchos de banda. Se mostró que el ancho de banda variable sigue siendo superior que el ancho de banda fijo; para el ancho de banda variable hay una pequeña diferencia entre los dos métodos, pero a pesar de la dificultad de los datos se obtienen resultados satisfactorios. Los datos reales contaban con los resultados de la segmentación utilizando diversos métodos y se demostró que el ancho de banda variable es superior a todos los métodos ya reportados. Además se observó que para la clase de LCR se obtienen mejores resultados que los reportados en [4] ya que ellos no utilizan información *a priori*, además esta es la clase más difícil de clasificar ya que las imágenes son de muy baja resolución.

Objetivos e Hipótesis

2.4. Hipótesis

La aplicación de un ancho de banda variable en el procedimiento de Corrimiento de Media, producirá mejores resultados en la segmentación de imágenes cerebrales que los obtenidos con un ancho de banda fijo.

2.5. Objetivos

2.5.1. Objetivo General

Establecer una metodología para el cálculo del ancho de banda variable en función únicamente de los datos del volumen de IRM.

2.5.2. Objetivos Particulares

- Estimar una función piloto con un ancho de banda fijo.
- Calcular el ancho de banda variable e incorporarlo al procedimiento de corrimiento de media.
- Aplicar la metodología propuesta a datos sintéticos para verificar que el algoritmo propuesto dé los resultados esperados.
- Aplicar la metodología de un ancho de banda variable a volúmenes de IRM de cerebro y determinar su índice de similitud con respecto a la segmentación del experto.

Capítulo 3

Metodología

Las técnicas de segmentación estadística usualmente definen un modelo paramétrico que representa al tejido, asumiendo una forma de distribución particular en el espacio de características seleccionado. Este supuesto puede introducir artefactos implícitos en la elección del modelo de densidad de probabilidad. Por otro lado, los métodos no paramétricos no incorporan estas suposiciones.

El corrimiento de media (CM) es una técnica de agrupamiento que no requiere conocimiento *a priori* del número de grupos y no restringe la forma de la distribución de densidades, además es un método iterativo que estima las modas de una distribución multivariada en el espacio de características, estas modas son consideradas como los centros de las regiones más densas en el espacio. Una de las limitaciones del corrimiento de media es la especificación de un parámetro denominado ancho de banda o ancho del kernel [16].

La técnica de CM fue introducida originalmente por Fukunaga y Hostetler [13]; después de 20 años es re-introducida por Cheng en 1995. La utilización de la propuesta del corrimiento de media en el procesamiento de imágenes fue utilizada por Comaniciu y Meer [14] en el rastreo en tiempo real de objetos. En el procesamiento de imágenes, el espacio de características consiste en las propiedades cuantitativas que son mapeadas a un punto en el espacio multidimensional. Una vez que el mapeo de los puntos de la imagen es completado, el espacio de características es más denso en ubicaciones más significativas del espacio de características. Estas regiones más densas del espacio de características multidimensional forman grupos o clusters, que en el contexto de la segmentación de imágenes pueden corresponder a un objeto de la imagen de forma individual o a fondo [8].

3.1. Estimación de la Función de Densidad

Considere cualquier cantidad aleatoria X que tiene función de densidad de probabilidad f . La especificación de la función f es una descripción natural de la distribución de X , y permite encontrar las probabilidades asociadas con X de la relación:

$$P(a < X < b) = \int_a^b f(x)dx; \forall a < b \quad (3.1)$$

Suponga que se tiene un conjunto de datos observados y que son muestra de una función de densidad de probabilidad. La estimación de densidad es la construcción de un estimador de la función de densidad de los datos observados. Muchas de las aplicaciones de estimación de densidad son en datos multivariados pero todos los métodos multivariados son generalizaciones de métodos univariados.

La estimación de densidad paramétrica supone que los datos son extraídos de una familia de distribuciones paramétricas conocida, por ejemplo la distribución normal con media μ y varianza σ^2 . Los datos de la densidad f se pueden estimar encontrando estimaciones de μ y σ^2 de los datos y substituyendo estas estimaciones en la fórmula de densidad normal. La desventaja de la aproximación paramétrica es la restricción de pertenecer a una familia paramétrica, que algunas veces puede ser muy rígida. Esta rigidez se evita removiendo la restricción, obteniéndose lo que comúnmente se refiere como una aproximación no paramétrica, de esta manera, la aproximación tiende a ser más no paramétrica si se hacen suposiciones menos rígidas acerca de la distribución de los datos observados. Aunque se supondrá que la distribución tiene una densidad de probabilidad f , los datos hablarán por sí mismos en la determinación de la estimación de f que mejor los ajusta, a diferencia de lo que pudiera ser si f estuviera restringida a caer en una familia paramétrica dada. La estimación de densidad puede dar una indicación valiosa de características tales como el sesgo y multimodalidad en los datos. En algunos casos producirá conclusiones que pueden ser consideradas como evidentemente verdaderas, mientras que en otros, todo lo que hará es apuntar el camino para un análisis.

3.2. Estimación de la Función de Densidad para Kernel Multivariado

Los espacios característicos de una imagen muchas veces están caracterizados por grupos de datos muy irregulares cuyo número y formas no están disponibles. Esto sugiere fuertemente que una aproximación no paramétrica debe emplearse en el análisis, proporcionando una detección confiable del máximo local de la densidad fundamental, por ejemplo las modas.

La definición del estimador kernel como una suma de “lobulos” centrados en las observaciones se puede generalizar para el caso multivariado. El estimador de densidad de kernel multivariado con kernel K y ancho de ventana h , también llamado el parámetro de suavizado o ancho de ventana, se define por [10]:

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{nh^d} \sum_{i=1}^n K \left\{ \frac{1}{h}(x - X_i) \right\} \quad (3.2)$$

La función de kernel $K(x)$ es una función definida para vectores d -dimensionales $X_i, i = 1, \dots, n$ que son el conjunto de datos multivariados cuya densidad f se desconoce y debe ser estimada. El kernel se toma con radio simétrico, es una función no negativa, centrada en cero e integrable a uno, como por ejemplo el kernel de Epanechnikov que es un kernel óptimo para minimizar el error en la estimación de la función de densidad:

$$K_e(x) = \begin{cases} \frac{1}{2}c_d^{-1}(d+2)(1-x^T x) & \text{si } x^T x < 1 \\ 0 & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (3.3)$$

donde c_d es el volumen de una esfera d -dimensional.

3.2.1. Medidas de Discrepancia

Se han estudiado varias medidas de la discrepancia del estimador de densidad \hat{f} de la densidad verdadera f . Cuando se considera la estimación en un solo punto una medida natural es el error cuadrático medio (ECM o MSE por sus siglas en inglés, Mean Square Error) definido por [10]:

$$ECM_x(\hat{f}) = E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 \quad (3.4)$$

se puede reescribir de la siguiente manera:

$$ECM_x(\hat{f}) = E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 + var \hat{f}(x) \quad (3.5)$$

que es la suma del sesgo al cuadrado y la varianza en x .

La manera más usada de medir la exactitud global de \hat{f} como un estimador de f es el error cuadrático integrado medio (ECIM o MISE por sus siglas en inglés, Mean Integrated Square Error) definido por:

$$ECIM_x(\hat{f}) = \int E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 dx \quad (3.6)$$

Las formas alternas a la ecuación son las siguientes:

$$\begin{aligned} ECIM_x(\hat{f}) &= \int E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 dx \\ &= \int ECM_x(\hat{f}) dx \\ &= \int E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 dx + \int var \hat{f}(x) dx \end{aligned} \quad (3.7)$$

lo que permite interpretar al ECIM como la suma del sesgo cuadrático integrado y la varianza integrada.

Una aproximación para el sesgo cuadrático integrado para el ECIM esta dada por [10]:

$$\int E \left(\hat{f}(x) - f(x) \right)^2 dx = \int sego_h(x)^2 dx \approx \frac{1}{4} h^4 k_2^2 \int f''(x)^2 dx \quad (3.8)$$

y la aproximación para la varianza es:

$$\int var \hat{f}(x) dx \approx n^{-1} h^{-1} \int K(t)^2 dt \quad (3.9)$$

Se desea elegir h para hacer el ECIM lo más pequeño posible, comparando las dos aproximaciones anteriores se observa uno de los problemas fundamentales de la estimación de densidad. Si se desea eliminar el sesgo, se usa un valor muy pequeño de h , entonces la varianza será muy grande. De otra manera, eligiendo un valor grande de h reducirá la variación aleatoria cuantificada por la varianza, a expensas de introducir un error sistemático, o sesgo, dentro de la estimación; por lo que la elección del parámetro de suavizado implica un compromiso entre el error sistemático y el aleatorio [10].

El uso de un kernel diferenciable permite definir la estimación del gradiente de densidad como el gradiente del estimador de densidad de kernel multivariado:

$$\hat{\nabla} f(x) \equiv \nabla \hat{f}(x) = \frac{1}{nh^d} \sum_{i=1}^n \nabla K \left\{ \frac{1}{h}(x - X_i) \right\} \quad (3.10)$$

Sustituyendo la definición del kernel de Epanechnikov en la ecuación anterior:

$$\hat{\nabla} f_e(x) = \frac{1}{n(h^d c_d)} \frac{d+2}{h^2} \sum_{X_i \in S_h(x)} [X_i - x] = \frac{n_x}{n(h^d c_d)} \frac{d+2}{h^2} \left\{ \frac{1}{n_x} \sum_{X_i \in S_h(x)} [X_i - x] \right\} \quad (3.11)$$

donde la región $S_h(x)$ es una hipersfera de radio h teniendo el volumen $h^d c_d$, centrada en x y conteniendo n_x puntos dados. Fukunaga llama al siguiente término corrimiento de media muestral [13]:

$$M_h(x) \equiv \frac{1}{n_x} \sum_{X_i \in S_h(x)} [X_i - x] = \frac{1}{n_x} \sum_{X_i \in S_h(x)} X_i - x \quad (3.12)$$

La cantidad $\frac{n_x}{n(h^d c_d)}$ es la estimación $\hat{f}(x)$ de la densidad del kernel calculada en el hipersfera $S_h(x)$ (el kernel uniforme), y así podemos escribir la ecuación 3.11 como:

$$\hat{\nabla} f_e(x) = \hat{f}(x) \frac{d+2}{h^2} M_h(x) \quad (3.13)$$

donde $M_h(x)$:

$$M_h(x) = \frac{h^2}{d+2} \frac{\hat{\nabla} f_e(x)}{\hat{f}(x)} \quad (3.14)$$

Esta última expresión muestra que una estimación del gradiente normalizado se puede obtener calculando el corrimiento de media de la muestra con un kernel uniforme centrado en x . El vector del corrimiento de media tiene la dirección del gradiente de la estimación de la densidad en x cuando esta estimación se obtiene con el kernel Epanechnikov [14]. Si el gradiente es cero, correspondiendo a una densidad uniforme sobre la región $S_h(x)$, el promedio del corrimiento de media debe ser cero debido a la simetría de las observaciones cercanas a X . Sin embargo, con un gradiente de densidad distinto de cero, apuntando en la dirección de incremento más rápido de la función de densidad de probabilidad, en el promedio más observaciones deben caer a los largo de su dirección que en otro sitio dentro de $S_h(x)$. Correspondientemente, el promedio del corrimiento de media debe apuntar en esa dirección y tener una longitud proporcional a la magnitud del gradiente [13]. Dado que el vector de CM siempre apunta hacia la dirección del máximo incremento en la densidad, puede definir una trayectoria que conduce a un máximo de densidad local.

3.2.2. Información Espacial

La segmentación y filtrado de una imagen, conservando los bordes de alta calidad, se pueden obtener aplicando el corrimiento de media en el dominio combinado espacial-

rango. El método está basado en la misma idea de correr iterativamente una ventana de tamaño fijo hacia el promedio de los datos dentro de ella. Los detalles de la imagen se conservan debido al carácter no paramétrico del análisis, que no supone *a priori* alguna estructura particular de los datos. Una imagen típicamente se representa como un enrejado 2-dimensional de vectores r - dimensionales (píxeles), donde r es 1 en el caso de niveles de gris, 3 en imágenes de color, o mayor que 3 en el caso multiespectral. El espacio del enrejado se conoce como el dominio espacial, mientras que el nivel de gris, color, o información espectral se representa en el dominio del rango. Los anchos de ventana del kernel en los dominios espacial y de rango se pueden concatenar para obtener un dominio espacial - rango de dimensión $d = r + 2$. En el proceso del corrimiento de media se definen el ancho de ventana espacial (h_e), y el ancho de ventana de intensidad (h_i) correspondiendo al rango, tomando en cuenta simultáneamente tanto la información espacial y de rango.

3.3. Corrimiento de Media por Ancho de Banda Variable por Punto Muestral

La selección de un ancho de banda de datos multivariados es un problema complejo, en gran medida sin respuesta por las técnicas actuales. Uno de los métodos más utilizados para la adaptación del ancho de banda local, considera el ancho de banda proporcional a la inversa de la raíz cuadrada de la primera aproximación de la densidad local [16]. El ancho de banda h puede variar dependiendo de cada dato, i.e; $h = h(X_i)$. Para cada punto X_i , se puede obtener el estimador de densidad de punto muestral.

$$\hat{f}_{sp} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{h(X_i)^d} \right) K \left\{ \frac{(x - X_i)}{h(X_i)} \right\} \quad (3.15)$$

Cada estimación de f en x es el promedio de los kernels escalados diferentemente, centrados en cada punto. Los estimadores de punto muestral son en sí mismos densidades, siendo no negativos e integrables a uno. Su característica más atractiva es que la selección de $h(X_i)$ se toma como el recíproco de la raíz cuadrada de $f(X_i)$

$$h(X_i) = h_0 \left[\frac{\lambda}{f(X_i)} \right]^{\frac{1}{2}} \quad (3.16)$$

3.3. CORRIMIENTO DE MEDIA POR ANCHO DE BANDA VARIABLE POR PUNTO MUESTRAL

que reduce considerablemente el sesgo. En esta ecuación h_0 representa un ancho de banda fijo y λ es una constante de proporcionalidad.

Ya que $f(X_i)$ se desconoce, como primer paso tiene que estimarse a partir de los datos. La estimación inicial \tilde{f} (llamada piloto) se utiliza para tener una idea burda de la densidad f ; esta estimación produce un patrón de anchos de banda que corresponde a los datos. La estrategia general es la siguiente:

1. Encontrar una estimación piloto $\tilde{f}(X_i)$ que satisfaga que $\tilde{f}(X_i) > 0$ para todas las i .
2. Definir el factor del ancho de banda λ como:

$$\log \lambda = n^{-1} \sum \log \tilde{f}(X_i) \quad (3.17)$$

En el primer paso, el estimador piloto requiere el uso de otro método de estimación de densidad. Sin embargo, el método es insensible al detalle fino del estimador piloto, y por lo tanto, se puede utilizar cualquier estimador conveniente. No se requiere que el estimador piloto tenga alguna propiedad en particular de suavizado, por lo tanto, se puede usar el kernel de Epanechnikov. El uso de \tilde{f} en lugar de f en (3.16) no cambia las propiedades de los estimadores de punto muestral.

La constante de proporcionalidad λ , divide la densidad en valores altos y bajos. Cuando la densidad local es baja, es decir, $\tilde{f}(X_i) < \lambda$ entonces $h(X_i)$ se incrementa, implicando mas suavizado de X_i . Para $\tilde{f}(X_i) > \lambda$, el ancho de banda se angosta. La aplicación del procedimiento del corrimiento de media para la detección de las modas, consideradas como los centros de las agrupaciones, utilizando el ancho de banda variable, sigue el siguiente algoritmo:

1. Obtener la estimación piloto por medio del corrimiento de media con ancho de banda fijo.
2. Calcular el factor del ancho de banda.

3. Para cada dato X_i ; calcular su ancho de banda de punto muestral $h(X_i)$.
4. Aplicar nuevamente el corrimiento de media a los datos, pero ahora utilizando el ancho de banda de punto muestral, para obtener las regiones homogéneas de los datos.

3.4. Corrimiento de Media por Ancho de Banda Variable por Vecinos más Cercanos

Las ideas básicas detrás de muchos de los métodos de estimación de una función de densidad de probabilidad desconocida son muy simples, sin embargo rigurosas demostraciones muestran que las estimaciones que convergen requieren considerable atención. Las técnicas más fundamentales se basan en el hecho de que la probabilidad P de que el vector x caerá en una región R está dada por:

$$P = \int_R p(x') dx' \quad (3.18)$$

Así P es una versión promediada o suavizada de la función de densidad $p(x)$ y se puede calcular el valor promediado de p estimando la probabilidad P . Supongamos que n muestras x_1, \dots, x_n se dibujan independiente e idénticamente distribuidas de acuerdo a la ley de probabilidad $p(x)$. Claramente, la probabilidad de que k de esas n caigan en R está dada por la distribución binomial:

$$P_k = \binom{n}{k} P^k (1 - P)^{n-k} \quad (3.19)$$

y el valor esperado para k es

$$\varepsilon[k] = nP \quad (3.20)$$

Además, para esta distribución binomial para k picos muy pronunciados cerca de la media se espera que la relación k/n sea una buena estimación de la probabilidad P , y por lo tanto el suavizado o promedio de la función de densidad. Esta estimación es especialmente precisa cuando n es muy grande. Se asume que $p(x)$ es continua y la región R es tan pequeña que p no varía apreciablemente dentro de ella, por lo que se puede escribir:

$$\int_R p(x') dx' \simeq p(x)V \quad (3.21)$$

3.4. CORRIMIENTO DE MEDIA POR ANCHO DE BANDA VARIABLE POR VECINOS MÁS CERCANOS

donde x es un punto dentro de R y V es el volumen adjunto a R . Combinando las ecuaciones (3.18), (3.20) y (3.21) se obtiene la siguiente estimación para $p(x)$:

$$p(x) \simeq \frac{k/n}{V} \quad (3.22)$$

Hay varios problemas que siguen permaneciendo tanto teóricos como prácticos. Si fijamos el volumen V y tomamos más muestras de entrenamiento, la relación k/n convergerá (en probabilidad) como se desee, pero solo se obtendrá una estimación del valor promedio de $p(x)$:

$$\frac{P}{V} = \frac{\int_R p(x') dx'}{\int_R dx'} \quad (3.23)$$

Si se desea obtener $p(x)$ en lugar de sólo obtener la versión promedio de éste, el valor de V se debe aproximar a cero. Sin embargo, si se fijan el número de n muestras y V se aproxima a cero, la región eventualmente será más pequeña por lo que no incluirá muestras y la estimación $p(x) \simeq 0$ no tendrá utilidad. O en otro caso, si las muestras de entrenamiento coinciden en x , la estimación diverge a infinito y por lo tanto tampoco es útil.

Desde un punto de vista práctico, se observa que el número de muestras es siempre limitado. Por lo tanto el volumen no se puede permitir que se vuelva arbitrariamente pequeño. Si este tipo de estimación se va a utilizar, se tendrá que aceptar una variación en la relación de k/n y una cierta cantidad de promedio en la densidad $p(x)$.

Desde un punto de vista teórico, para estimar la densidad en x , se forma una secuencia de regiones R_1, R_2, \dots , que contiene a x , la primera región se utiliza con la primera muestra, la segunda región con la segunda muestra y así sucesivamente. Sea V_n el volumen de R_n , k_n el número de muestras que caen dentro de R_n , y $p_n(x)$ es la n -ésima estimación de $p(x)$:

$$p_n(x) = \frac{k_n/n}{V_n} \quad (3.24)$$

Si $p_n(x)$ converge a $p(x)$ se requieren tres condiciones:

- $\lim_{n \rightarrow \infty} V_n = 0$
- $\lim_{n \rightarrow \infty} k_n = \infty$
- $\lim_{n \rightarrow \infty} k_n/n = 0$

La primera condición asegura que el espacio promediado P/V convergerá a $p(x)$, siempre que las regiones se reduzcan uniformemente y que $p(\cdot)$ es continua en x . La segunda condición, solo tiene sentido cuando $p(x) \neq 0$, asegura que la frecuencia de la relación convergerá a la probabilidad P . La tercera condición es necesaria si $p_n(x)$, dada en la ecuación (3.24) converge, dice también que un gran número de muestras caerán dentro de una región pequeña de R_n y formarán una fracción despreciablemente pequeña del número total de muestras.

Hay dos formas para obtener estas secuencias de regiones que satisfacen las condiciones. Una es reducir la región inicial especificando el volumen V_n como función de n , con $V_n = 1/\sqrt{n}$. Se debe demostrar que las variables aleatorias k_n y k_n/n se comportan correctamente, o más al punto, que $p_n(x)$ converge hacia $p(x)$; éste es básicamente el método de la ventana de Parzen. El segundo método es especificar k_n como función de n , como $k_n = \sqrt{n}$. Aquí el volumen V_n crece hasta que encierra a los k_n vecinos de x . Este método se conoce como la estimación de los k_n -vecinos más cercanos; con este método se trabajó para el cálculo de ancho de banda variable y a continuación se hablará mas detalladamente sobre este método. Ambos métodos convergen, aunque es difícil hacer afirmaciones significativas sobre el comportamiento de muestras finitas. Unos de los problemas con el método de la ventana de Parzen en la elección de la secuencia de los tamaños de las regiones de los volúmenes V_1, V_2, \dots o en general el tamaño de la ventana (o de hecho los parámetros, como son el tamaño o la orientación). Por ejemplo, si se toma $V_n = V_1/\sqrt{n}$, los resultados para cualquier n finita serán muy sensibles la elección inicial del volumen V_1 . Si V_1 es muy pequeño, la mayoría de los volúmenes estarán vacíos, y la estimación $p_n(x)$ será inconstante. Por otro lado, si V_1 es muy grande, las variaciones en $p(x)$ se pueden perder debido al promedio sobre el volumen de la región.

Un recurso potencial para el problema de la función desconocida de ventana es dejar que el volumen de una región de los datos sea función de los datos de entrenamiento, en lugar de alguna función arbitraria del total del número de muestras. Por ejemplo, para estimar $p(x)$ para n muestras de entrenamiento o prototipos se centra una región cerca de x y se le dejará crecer hasta encontrar las k_n muestras, donde k_n es una función específica de n . Estas muestras son los k_n vecinos más cercanos de x . Si la densidad es alta cerca de x , las regiones serán relativamente pequeñas, lo que conlleva a una buena resolución; en

3.4. CORRIMIENTO DE MEDIA POR ANCHO DE BANDA VARIABLE POR VECINOS MÁS CERCANOS

otro caso, si la densidad es baja las regiones crecerán, pero se detendrán poco después de que entren a la región de alta densidad; si tomamos:

$$p_n(x) = \frac{k_n/n}{V_n} \quad (3.25)$$

Se desea que k_n vaya a infinito al igual que n , ya que esto asegura que $\frac{k_n}{n}$ será un buen estimador de probabilidad de que el punto caerá dentro del volumen V_n . Sin embargo, se desea que k_n crezca lo suficientemente lento para que el tamaño de la región que se necesita para capturar las k_n muestras de entrenamiento se reduzcan a cero. Por lo tanto, está claro a partir de (3.25), que el radio $\frac{k_n}{n}$ debe de ir a cero; se observan en las condiciones $\lim_{n \rightarrow \infty} k_n = \infty$ y $\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{k_n}{n} = 0$ son necesarias y suficientes para que $p_n(x)$ converja a la probabilidad $p(x)$ para todos los puntos donde $p(x)$ es continua. Si se toma $k_n = \sqrt{n}$ y se asume que $p_n(x)$ es una buena aproximación de $p(x)$, se observa de la ecuación (3.25) que $V_n \simeq \frac{1}{\sqrt{n}p(x)}$. Así, V_n tiene otra vez la forma de $\frac{V_1}{\sqrt{n}}$, pero el volumen inicial V_1 está determinado por la naturaleza de los datos y no por alguna elección arbitraria.

Retomando la ecuación 3.25 para la estimación de densidad, y en lugar de un valor fijo de V_n y determinando el valor de k_n a partir de los datos; se considera una valor fijo de k y se utilizan los datos para encontrar un valor apropiado de V_n . Para realizar esto, se considera una esfera pequeña centrada en el punto de x donde se desea estimar la densidad $p(x)$, y se permite que el radio de la esfera crezca hasta que contenga precisamente los k puntos de los datos. La estimación de densidad $p(x)$ esta dada por la ecuación 3.25 donde V_n es el volumen resultante de la esfera. Esta técnica es conocida como los *k-vecinos más cercanos*, como se ilustra en la Figura 3.1.

Se puede observar en la Figura 3.1 que el valor de k ahora gobierna el grado de suavizado, que de nuevo hay una elección óptima de k que ni es muy larga o muy corta. Nótese que el modelo producido por los *k-vecinos más cercanos* no es un verdadero modelo de densidad ya que la integral sobre el espacio diverge.

Para estimar las probabilidades a posteriori $P(w_i | x)$ de unos conjuntos de n muestras etiquetadas, utilizando las muestras para estimar las densidades; se aplica la técnica de estimación de densidad de los *k-vecinos más cercanos* y después se utiliza el teorema de Bayes. Supongamos que se coloca un conjunto de elementos V alrededor de x y captura las k_i muestras, de las cuales resultan ser etiquetadas como w_i . Entonces la estimación

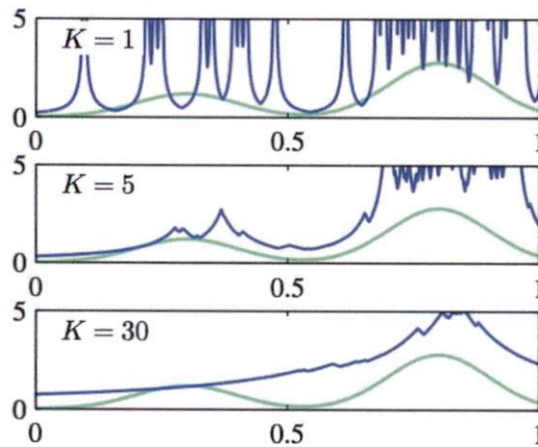


Figura 3.1: Ejemplo de la estimación de los k -vecinos mas cercanos. Se observa que el parámetro k controla el grado de suavizado de los datos, utilizando una valor pequeño de k se obtiene un modelo de densidad ruidoso (figura superior), utilizando un valor grande de k suaviza la naturaleza bimodal de la distribución (figura inferior)

de la probabilidad conjunta $p(x, w_i)$ se puede realizar de la siguiente manera:

$$p_n(x, w_i) = \frac{k_i/n}{V} \quad (3.26)$$

y por lo tanto una razonable estimación de $P(w_i | x)$ es:

$$p_n(w_i | x) = \frac{p_n(x, w_i)}{\sum p_n(x, w_j)} = \frac{k_i}{k} \quad (3.27)$$

Es decir, la estimación de la probabilidad a posteriori de que w_i es el estado de la naturaleza de los datos, es meramente la fracción de muestras dentro de los elementos que son etiquetados como w_i . Si hay suficientes muestras y el elemento es suficientemente pequeño, se observa que este dará los mejores resultados posibles.

Cuando se selecciona el tamaño del elemento, se puede utilizar la aproximación de la ventana de Parzen o la aproximación de los k -vecinos mas cercanos. Utilizando Parzen, V_n será una función específica de n como $V_n = \frac{1}{\sqrt{n}}$. Utilizando los k -vecinos más cercanos, V_n se expandirá hasta un número especificado de muestras que son capturadas, tal como $k = \sqrt{n}$. En cualquiera de los dos métodos, así como n va a infinito, un numero infinito de muestras caerán en una región infinitamente pequeña. El hecho es que el volumen de las regiones podría ser arbitrariamente pequeño y sin embargo, contienen un número

arbitrariamente grande de las muestras que nos permiten aprender las probabilidades desconocidas con el grado de certeza y por lo tanto eventualmente obtener un rendimiento óptimo.

Si se desea minimizar el error de clasificación, se asignan unos datos de prueba \mathbf{x} a la clase teniendo una probabilidad a posteriori muy grande, correspondiendo a los valores mas grandes de $\frac{k_i}{k}$. Así, para clasificar un nuevo punto, se identifican los k puntos vecinos de los datos de entrenamiento y se le asigna un nuevo punto a la clase teniendo el mayor número representativo a lo largo del conjunto.

Regla del Vecino más Cercano

El algoritmo de los k - vecinos más cercanos fue propuesto para una k arbitraria; este a su vez tiene tanto una simplicidad computacional como conceptual. Sea $D^n = \{x_1, \dots, x_n$ un conjunto de n elementos etiquetados, y sea $x' \in D^n$ el elemento más cercano al punto de prueba x . Por lo que la regla del vecino más cercano para clasificar x es asignar una etiqueta asociada a x' ; esta regla es un procedimiento óptimo, su uso suele llevar a una tasa de error mayor que el mínimo posible de la tasa de error de Bayes. Sin embargo, con un número ilimitado de muestras de entrenamiento, la tasa de error nunca es peor que el doble de la tasa de error de Bayes.

La etiqueta θ' asociada al vecino más cercano es una variable aleatoria, y la probabilidad de que $\theta' = w_i$ es simplemente la probabilidad a posteriori $P(w_i|x)$. Cuando el número de muestras es muy grande, es razonable asumir que x' es suficientemente cercano a x y que $P(w|x') \simeq P(w_i|x)$. Si se define $w_m(x)$ como:

$$P(w_m|x) = \underset{max}{P}(w_i|x) \quad (3.28)$$

por lo que la regla de Bayes siempre selecciona a w_m . Esta regla permite la partición del espacio de características en regiones que consisten de todos los puntos más cercanos a un determinado punto de entrenamiento x' que a cualquier otro dato de entrenamiento. Todos los puntos que están en esa región son por lo tanto etiquetados por la categoría del dato de entrenamiento también llamada como el teselado de Voronoi del espacio.

Una propiedad interesante del clasificador de los k -vecinos más cercanos, es cuando

$N \rightarrow \infty$, la tasa de error nunca es más del doble del mínimo de error posible de un clasificador óptimo. En general el método de los k vecinos más cercanos requiere de todo el conjunto de los datos de entrenamiento, lo que hace que el tiempo de computo sea largo [17].

3.4.1. Métricas y Clasificación del Vecino más Cercano

El clasificador del vecino más cercano se basa en una función de métrica o *distancia* entre patrones. Se asume la métrica Euclidiana en d dimensiones y en general la métrica es una forma alternativa de resolver problemas claves en la clasificación.

La métrica $D(\cdot, \cdot)$ es simplemente una función que da una distancia escalar generalizada entre dos patrones. Una métrica debe de tener cuatro propiedades para todos los vectores \mathbf{a} , \mathbf{b} y \mathbf{c}

No negatividad: $D(\mathbf{a}, \mathbf{b}) \geq 0$

Reflexividad: $D(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = 0$ sí y solo sí $\mathbf{a} = \mathbf{b}$

Simetría: $D(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = D(\mathbf{b}, \mathbf{a})$

Desigualdad del Triángulo: $D(\mathbf{a}, \mathbf{b}) + D(\mathbf{b}, \mathbf{c}) \geq D(\mathbf{a}, \mathbf{c})$

La fórmula de la distancia Euclidiana en d -dimensiones,

$$D(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \left(\sum_{k=1}^d (a_k - b_k)^2 \right)^{1/2} \quad (3.29)$$

obedece las propiedades de la métrica. Por otra parte, si cada coordenada es multiplicada por una constante arbitraria, el espacio resultante también obedece a la métrica, a pesar de que puede llevar a problemas en el clasificador del vecino más cercano como se observa en la Figura 3.2 Si bien cada coordenada es escalada por una constante, el espacio resultante obedece las propiedades de la métrica. Sin embargo, el clasificador de vecinos más cercanos, tendrá diferentes resultados dependiendo de esa re-escala. Se considera que los puntos de prueba \mathbf{x} son los vecinos más cercanos. En el espacio original (izquierda) de la Figura 3.2, el prototipo negro es el más cercano. En la Figura 3.2 de la derecha, el eje x_1 se ha re-escalado con un factor de $1/3$, ahora el prototipo mas cercano al punto x es el rojo. Si

3.4. CORRIMIENTO DE MEDIA POR ANCHO DE BANDA VARIABLE POR VECINOS MÁS CERCANOS

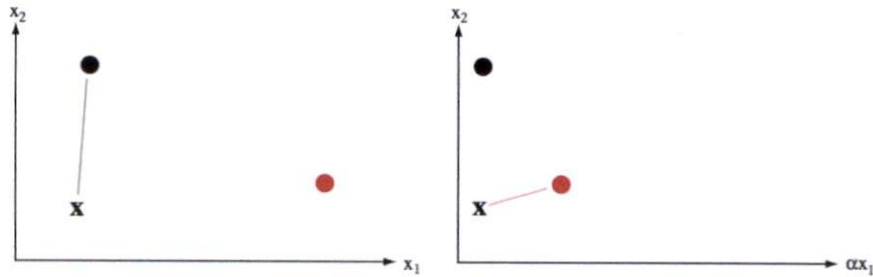


Figura 3.2: Ejemplo de la métrica.

hay una gran disparidad en los rangos de los datos en cada dimensión, un procedimiento común es re-escalar todos los datos para equalizar esos rangos y esto es equivalente a cambiar la métrica del espacio original.

Una clase general de la métrica para patrones d -dimensionales es la métrica de Minkowski:

$$L_k(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \left(\sum_{i=1}^d |a_i - b_i|^k \right)^{1/k} \quad (3.30)$$

referida también como la norma L_k , así, la distancia Euclidiana es la norma L_2 . La norma L_1 es llamada también la distancia *Manhattan*, ya que es el camino mas corto entre \mathbf{a} y \mathbf{b} , cada segmento de los cuales son paralelos a las coordenadas de los ejes. Supongamos que se calcula las distancias entre las proyecciones de \mathbf{a} y \mathbf{b} . La distancia L_∞ entre \mathbf{a} y \mathbf{b} corresponde a los máximos de las proyecciones de las distancias(Fig. 3.3)

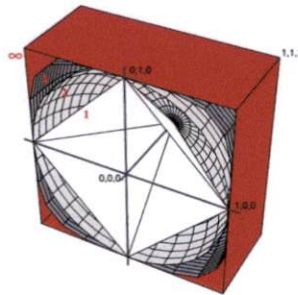


Figura 3.3: Definición de Métrica

En la Figura 3.3 cada superficie de color se compone de puntos a una distancia 1.0 desde el origen, medida usando diferentes valores de k de la métrica de Minkowski. Así la superficie

blanca corresponde a la norma L_1 (distancia de Manhattan), en color gris claro es la norma L_2 (distancia Euclidiana), de gris oscuro es la norma L_4 y de color rojo es la norma L_∞ .

3.5. Mapas de Confianza

Los métodos más frecuentemente usados para la detección de bordes están basados en la orientación de gradientes. Estos métodos se basan en la coherencia de los bordes cercanos a la dirección del gradiente, pero la mayor desventaja es la falta de encontrar una forma de extracción confiable de la dirección del borde; este problema se puede resolver utilizando la medida de confianza de borde que se propone en [18]. La estimación del gradiente se lleva a cabo usando una máscara de diferenciación, \mathbf{W} , definida en una ventana $(m \times n)$ y definiendo el subespacio del gradiente en $R^{m \times m}$. Se puede observar en la Figura 3.4 que el vector de cada máscara (W_1 y W_2) define una dimensión del subespacio y el dato (\mathbf{a}) es un vector arbitrario en $R^{m \times m}$ en el complemento ortogonal del subespacio.

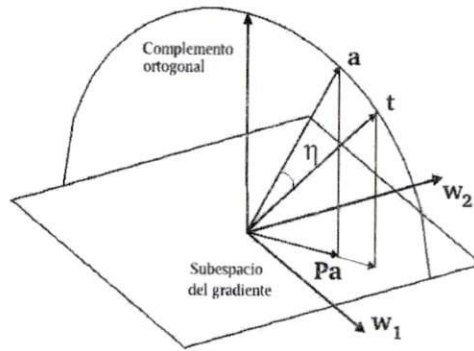


Figura 3.4: Determinación y definición de la medida de confianza

La estimación del gradiente es equivalente a la proyección de los datos en el subespacio del gradiente, la proyección es el vector \mathbf{Pa} , y la orientación $\hat{\theta}$, es el ángulo entre la proyección de los datos y una de las máscaras de los vectores. El parámetro $\hat{\theta}$ se puede utilizar para definir la plantilla de borde ideal, \mathbf{t} , con la misma orientación de la estimación del gradiente. Una medida de confianza para la presencia del algún borde en los datos

analizados se puede definir como: $\eta = |t^T a|$, que corresponde, en el dominio de la imagen, al coeficiente de correlación entre la plantilla normalizada y los datos como se muestra en la Figura 3.4. El mapa de confianza de borde tiene la ventaja de ser independiente a la magnitud del gradiente.

Puesto que el vector gradiente apunta siempre hacia la dirección del máximo incremento, la estimación de la orientación del borde esta dado por:

$$\hat{\theta}_e = \hat{\theta} - \frac{\pi}{2} = \tan^{-1} \left(\frac{\text{traza}[W^T A]}{\text{traza}[W A]} \right) \quad (3.31)$$

donde $\hat{\theta}$ es la orientación de la estimación de gradiente, y \mathbf{A} es la matriz de datos, centrada en cada voxel de la imagen y del mismo tamaño de \mathbf{W} . La orientación del borde es utilizada para definir la plantilla t de un modelo de borde ideal con orientación $\hat{\theta}_e$ y por lo tanto, la medida de confianza para cada voxel, puede ser calculada correlacionando la matriz de los datos \mathbf{A} con su correspondiente plantilla.

En lugar de la magnitud del gradiente, los valores normalizados de ρ son utilizados, que son los percentiles de la distribución acumulativa de la magnitud del gradiente, como criterio para determinar la presencia de un borde. Finalmente, el mapa de confianza (φ) se calcula para cada voxel como una combinación lineal de la función de distribución acumulativa y de la medida de confianza de borde:

$$\varphi = \beta\rho + (1 - \beta)\eta \quad (3.32)$$

donde β es una constante entre 0 y 1 que controla la mezcla de la magnitud del gradiente ρ y el patrón local η de información.

3.6. Corrimiento de Media Ponderado

La estimación por corrimiento de media (CM) se puede mejorar ponderando cada pixel dentro de una región por una función de su mapa de confianza del borde, tal que los pixeles que estén situados cerca de un borde influyan menos en la determinación del nuevo centro del agrupamiento. La ecuación del CM modificada, que incluye la ponderación de la confianza del borde y derivada de la ecuación (3.12) es:

$$M_h(x) = \frac{1}{\sum(1 - \varphi_i)} \sum_{X_i \in S_h(x)} (1 - \varphi_i) X_i - x \quad (3.33)$$

donde φ_i es la confianza del borde asociado a X_i .

El procedimiento de corrimiento de media ponderado se aplica a los datos tanto en el dominio espacial como de intensidad, que constituyen la unión del dominio espacial y el rango [14]. Se utiliza una métrica Euclidiana para controlar la calidad de la segmentación, que es dependiente del radio h_e y h_i , que corresponden a la resolución del ancho de banda de la estimación del kernel tanto en el dominio espacial como de intensidad, respectivamente. Después que el procedimiento de CM es aplicado a los datos, aquellos puntos que están suficientemente cercanos en el dominio, son fusionados para obtener regiones homogéneas en la imagen. El número de agrupaciones presentes en la imagen es automáticamente determinado por el número de modas significativas detectadas [15].

3.7. Fusión de Regiones

Una vez que se obtiene la imagen filtrada, las regiones del tejido deben ser delineadas en el espacio de características, agrupando todas aquellas regiones cercanas dentro del dominio espacial y de intensidad, esto es, todos aquellos voxels que han convergido al mismo punto son fusionados y etiquetados. La delineación de regiones puede ser refinada incorporando un Análisis de Adyacencia de Regiones (RAG) que se simplifica con el algoritmo de *encontrar y unir* [19].

3.7.1. Análisis de Adyacencia de Regiones

La representación más sencilla de los grafos es la también llamada matriz de adyacencia de regiones (MAR), en la que se establecen valores booleanos para indicar si existen bordes entre las regiones. Para construir la matriz de adyacencia, cada región etiquetada a partir de la imagen filtrada es considerada un vértice y se le asigna el valor de 1 a las etiquetas adyacentes para identificar regiones vecinas, en otro caso se le asigna el valor de 0.

El número de regiones es determinado por el procedimiento de corrimiento de media ponderado, que puede ser arbitrariamente elevado, por lo que produce una sobresegmentación de la imagen. Con el fin de fusionar regiones adyacentes homogéneas que fueron separadas por el procedimiento de CM, se utiliza la operación de cerradura transitiva sobre la matriz

de adyacencias [20]. Esta operación enlaza regiones que: tienen modas asociadas que son localizadas dentro de una distancia separada por $\frac{h_i}{2}$, y satisface una condición de fuerza de frontera débil. La medida de fuerza de frontera se puede obtener directamente a partir de la confianza del borde (3.32), sumando los valores de confianza de los voxeles a lo largo de las fronteras separando las regiones. Siempre que la medida esté por debajo del umbral dado (ξ), las regiones son finalmente fusionadas.

El procedimiento de reducción se lleva a cabo con el análisis de adyacencias de regiones utilizando el algoritmo de *encontrar-unir*, con el fin de encontrar las etiquetas conectadas en los grafos. Las operaciones de la cerradura transitiva y el algoritmo de *encontrar y unir* se repite iterativamente, hasta que el número de regiones entre iteraciones permanezca sin cambios.

3.7.2. Podado

Cuando se obtiene la fusión final de las regiones de la imagen, se aplica un proceso de poda para remover todas las regiones cuya área, establecida como un número de píxeles, sea inferior a un umbral, μ , definido por el usuario. Para hacer esta remoción, se recorre la MAR uniendo regiones, cuya área es menor que el umbral, con su región candidata respectiva. Una región candidata es una región que tiene las siguientes propiedades: Es adyacente a la región que se está podando y la distancia, medida como una diferencia de modas, a la región que se está podando es un mínimo, o es la única región adyacente que tiene un área mayor que el umbral.

De la misma manera que en el grafo reducido, con la imagen reducida por el proceso de podado, se recalculan las modas de cada región, se asignan etiquetas a las nuevas regiones, y el proceso de podado se repite iterativamente, hasta que el número de regiones ya no cambie o se alcance un número dado de iteraciones.

3.8. Incorporación de Información A Priori

Los procesos mencionados anteriormente, producen regiones con intensidades homogéneas, reduciendo el número de regiones que constituyen el volumen de las imágenes cerebrales. Sin embargo, el número de regiones todavía puede ser alto, ya que para este trabajo se

necesita solamente la localización de tres regiones: Materia Blanca (MB), Materia Gris (MG) y Líquido Cefalorraquídeo (LCR). Con el fin de obtener el número de regiones deseadas, se utiliza información *a priori* a partir de mapas probabilísticos. Estos mapas, como se muestra en la Figura 3.5, representan la probabilidad *a priori* de que los voxeles sean de MB, MG o LCR, después de que estos hayan sido normalizados al espacio de los datos [21]. Como solamente se tienen los mapas de tres regiones, la cuarta región se calcula con los mapas disponibles y se toma como el fondo de la imagen.

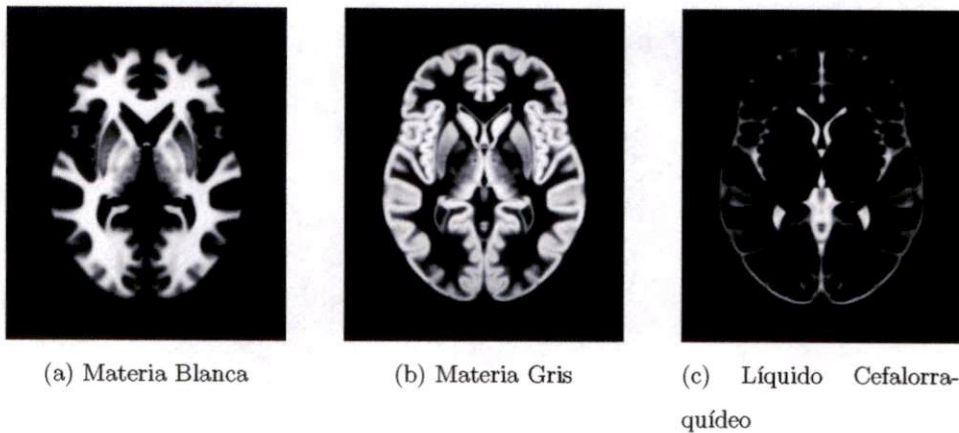


Figura 3.5: Mapas Probabilísticos

3.8.1. Normalizacion Espacial

Antes de realizar la segmentación final o clasificación, se debe de realizar un registro entre los datos y los mapas probabilísticos. Esto, involucra encontrar la mejor transformación de cuerpo rígido de seis parámetros; sin embargo, cuando se necesita mapear la imagen del cerebro de un sujeto hacia un espacio estándar, esto nos lleva al problema de la normalización espacial. La solución de este problema permite ampliar el análisis basado en voxel y facilita la comparación de diferentes sujetos y bases de datos.

Para realizar la normalización espacial se utilizó el programa Statistical Parametric Mapping SPM99. Los datos de entrada para el software SPM son las imágenes de RM, ya que es lo que se desea normalizar, este estudio debe ser de la misma modalidad que la plantilla seleccionada en el programa. La salida que se obtiene es el estudio normalizado y la matriz de transformación de la normalización. La normalización espacial afín describe

el primer paso involucrado en registrar imágenes de sujetos diferentes dentro del mismo sistema coordinado. Seguida por la normalización espacial no lineal para la corrección de diferencias totales en la forma de la cabeza, que no pueden ser tomadas en cuenta por la normalización afín.

La transformación espacial que mapea cada voxel en la imagen, a su localización equivalente en las imágenes de probabilidad *a priori*, se logra registrando con imágenes plantilla en el mismo espacio estereotáctico (de Talairach y Tournoux) que las imágenes de probabilidad. Las imágenes de probabilidad representan la probabilidad de que un voxel sea MG, MB o LCR después de que una imagen se ha normalizado al mismo espacio [21].

3.8.2. Clasificación de Regiones

La elección de las propiedades, o su equivalente, la definición de clases es una cuestión fundamental en el problema de clasificación. Una vez que las imágenes de probabilidad han sido transformadas al espacio de los datos a segmentar, la clasificación de las imágenes de RM requieren esencialmente calcular las probabilidades para cada región encontrada y asignar cada una de ellas a la clase que tenga una mayor probabilidad de acuerdo con las reglas de clasificación [15].

Clasificador Bayesiano

La regla de Bayes permite calcular la probabilidad *a posteriori*, $P(\omega_i|x)$ de una probabilidad *a priori* $P(\omega_i)$ y la densidad de la clase condicional $p(x|\omega_i)$. Sea $R_n = \{x_1, \dots, x_n\}$ las regiones de la imagen obtenidas a partir del análisis de adyacencia de regiones (RAG) para ser clasificadas en M clases, $\omega_1, \dots, \omega_M$. Cada región es representada por un vector característico x , de modo que las M probabilidades condicionales de clasificación de la región son $P(\omega_i|x)$, $i = 1, 2, \dots, M$. Asumiendo que las probabilidades *a priori* $P(\omega_i)$ y las clases de las funciones de probabilidad de densidad de clases condicionales $p(x|\omega_i)$ son conocidas; la probabilidad de encontrar una región que esta en la clase ω_i y que tiene un vector característico x se puede escribir como: $p(\omega_i, x) = P(\omega_i|x)p(x) = P(x|\omega_i)P(\omega_i)$; re-arreglando los términos, la fórmula de Bayes es [12]:

$$P(\omega_i|x) = \frac{p(x|\omega_i)P(\omega_i)}{\sum_{j=1}^M p(x|\omega_j)P(\omega_j)} \quad (3.34)$$

La probabilidad *a priori* representa la información del conocimiento anterior contenido en los mapas probabilísticos. La verosimilitud de ω_i con respecto a x , $p(x|\omega_i)$, cuantifica la contribución de la probabilidad en los datos observados (R_n), e indica la clase ω_i para la $p(x|\omega_i)$ si es lo suficientemente grande para ser la verdadera clase. En una tarea de clasificación, la regla de decisión de Bayes para una región R_n , representada por el vector de características x , equivale a la asignación de x a una clase ω_i si:

$$P(\omega_i|x) > P(\omega_j|x) \forall j \neq i \quad (3.35)$$

Para cada región homogénea encontrada en los pasos del análisis de adyacencias, se calcula la probabilidad *aposteriori* y se clasifican las regiones de acuerdo a la regla de Bayes, para obtener las cuatro clases deseadas en la imágenes cerebrales por RM (fondo, MG, MB, LCR). Después, una región semilla es extraída para buscar la región más grande con la máxima probabilidad en cada mapa, para obtener cuatro semillas iniciales, caracterizadas por la moda de intensidad encontrada con el procedimiento de CM. La clasificación de las otras regiones necesita una medida de distancia que establezca que tan lejos esta la región en intensidad IR con respecto a la intensidad de la semilla IS . Para cada región n , la distancia de la clase ω_i es:

$$d(R_n : \omega_i) = |IR_n - IS_i| \quad (3.36)$$

se convierte en una probabilidad de la siguiente forma:

$$P(R_n : \omega_i) = 1 - \frac{d(R_n : \omega_i)}{\sum_{j=1}^4 d(R_n : \omega_j)} \quad (3.37)$$

donde $P(R_n : \omega_i)$ es la probabilidad de la región R_n perteneciendo a la clase ω_i , y la región R_n se asigna a la clase con la máxima probabilidad $P(R_n : \omega_m) = \max_i P(R_n : \omega_i)$.

En la siguiente sección se mostrarán los resultados obtenidos utilizando los tres tipos de ancho de banda en la etapa de filtrado, además se realizó la segmentación de datos sintéticos y reales utilizando los diversos anchos de banda. Se calculó el índice de Tanimoto para encontrar una medida de similitud entre los resultados obtenidos y los resultados de la segmentación por el experto. A continuación se muestra en la Figura 3.6, de manera general, todas las etapas realizadas para la segmentación de imágenes de RM.

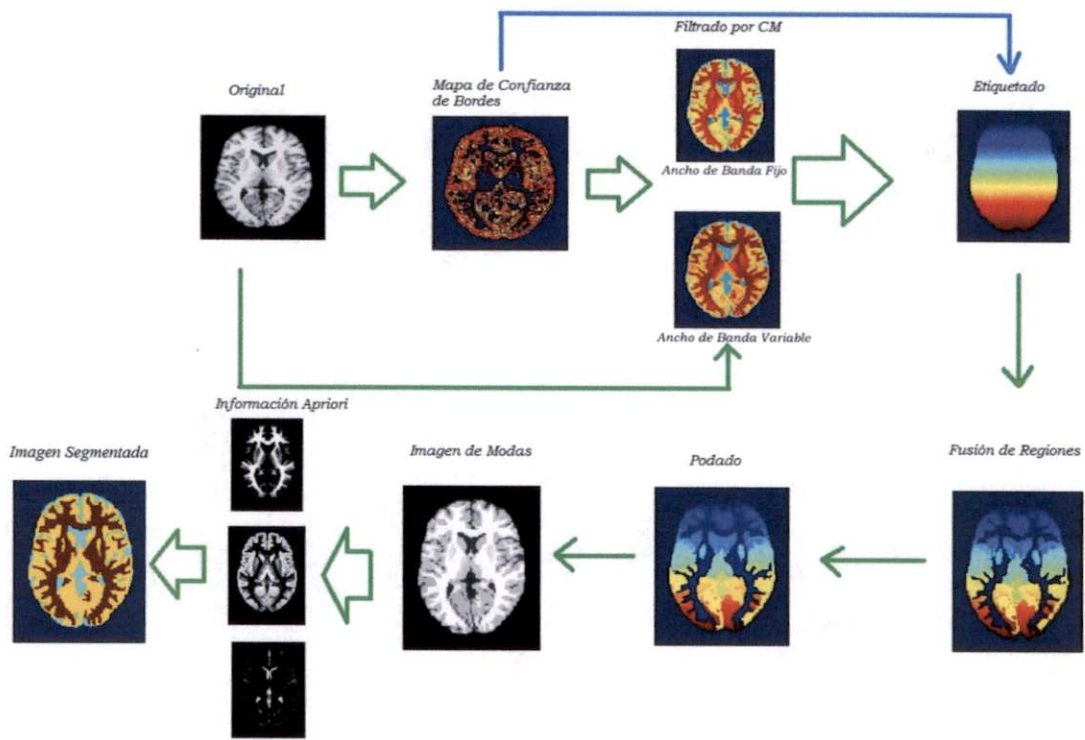


Figura 3.6: Metodología aplicada para la segmentación de imágenes de RM con la aplicación de anchos de banda fijo y variable en la etapa de filtrado.

Capítulo 4

Resultados y Discusión

Para probar los diferentes anchos de banda en la etapa de filtrado de la metodología de segmentación propuesta se utilizaron dos tipos de datos: sintéticos y reales, obtenidos del Internet Brain Segmentation Repository (IBSR) y del McConnell Brain Imaging Centre (BIC)[2]. Los datos sintéticos corresponden a un volumen de IRM simulando un cerebro normal. Los datos reales consisten de 20 volúmenes de cerebro normal y sus correspondientes segmentaciones manuales, los cuales fueron proporcionados por el Center for Morphometric Analysis del Massachusetts General Hospital y están disponibles en el IBSR.

Mapas de Confianza

Para realizar la segmentación se realiza primero la detección de bordes de la imagen, esto es posible estimando la magnitud y orientación del gradiente en una ventana de datos, cuyo tamaño está determinado por el parámetro m (ventana del gradiente), el valor de $m = 2$ se mantuvo constante para todos los datos que se procesaron, dando como resultado un tamaño de ventana de 5×5 . Con la magnitud del gradiente se determina la función de distribución acumulativa empírica, obteniéndose los rangos normalizados; y con la estimación de la orientación del gradiente se elige la plantilla del borde ideal para cada dato. Si el valor del rango normalizado es mayor que el umbral del borde para un dato dado, se le calcula la medida de confianza, de otra manera no se considera parte de un borde y su medida de confianza es cero. La medida de confianza del dato se calcula como el

coeficiente de correlación entre el dato y su plantilla de borde ideal. Finalmente, se calcula el mapa de confianza como una combinación de la función de distribución acumulativa empírica y la medida de confianza, donde el parámetro del factor de mezcla (β) determina la proporción de la combinación de información del gradiente y la confianza del borde. A continuación se muestra en la Figura 4.1 el resultado obtenido en esta etapa:

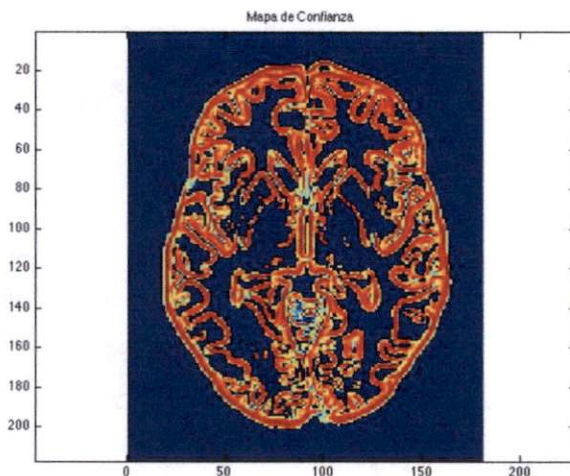


Figura 4.1: Resultado de la etapa de detección de bordes de la imagen sintética T1 en la rebanada 70

Filtrado

El segundo paso consiste en filtrar la imagen original, conservando los bordes del mapa de confianza. El filtrado se realiza aplicando el algoritmo de CM a datos 3-dimensionales: dos dimensiones espaciales, y una de rango o intensidad. Como ya se mencionó, el CM define una trayectoria de los datos hacia sus modas de la función de densidad, corriendo cada dato, a lo largo de la trayectoria, con un paso de tamaño equivalente a su media muestral en cada iteración. Para calcular la media muestral se determina el vecindario del dato a analizar, considerando como parte del vecindario a todos aquellos pixeles que estén a una distancia Euclidiana menor al ancho de banda espacial (h_e); para cada dato del vecindario, se evalúa su diferencia en intensidad con el dato que se está analizando, y si la diferencia está dentro del radio del ancho de banda en intensidad h_i , entonces el vecino se toma en cuenta para el cálculo de la media, en esta parte del procedimiento

se utilizaron tres diferentes tipos de anchos de banda: fijo, punto muestral y vecinos más cercanos; de esto se hablará con más detalle en la siguiente sección. Para preservar los bordes en el filtrado de la imagen, se utiliza el mapa de confianza como una ponderación en el cálculo de la media muestral, esto es, para que el dato tenga un peso relevante en la determinación de la media, no debe formar parte de un borde. Una vez realizada esta etapa, los resultados obtenidos muestran un gran número de modas por lo que se deben de fusionar todas las regiones que son adyacentes entre sí, por lo que se realiza un análisis de adyacencia de regiones definiendo las restricciones que permiten decidir sobre si se fusionan o no dos regiones. En la Figura 4.2 se muestran los resultados de los diferentes filtrados que se realizaron.

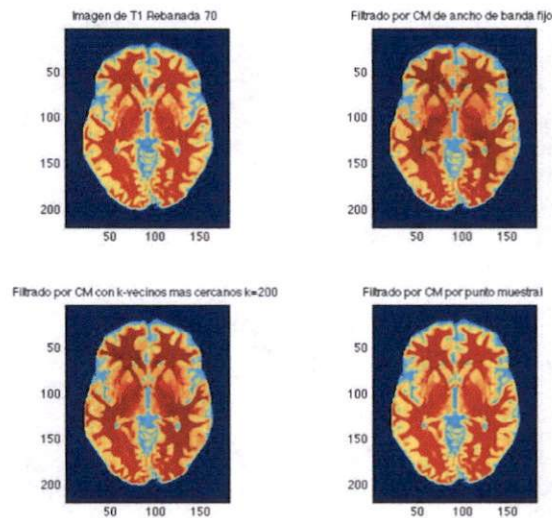


Figura 4.2: Resultado de la etapa de filtrado de la imagen sintética T1 en la rebanada 70

Análisis de Adyacencia

El tercer paso es el análisis de adyacencia de regiones y este nos permite fusionar y disminuir las regiones encontradas en la etapa de filtrado por CM. Para realizar este análisis, se requiere que a cada región homogénea que se encontró en la etapa de filtrado, se le asigne una etiqueta para agregar al grafo, quedando representado por su matriz de adyacencias (MAR). Las regiones homogéneas en intensidad están formadas por los

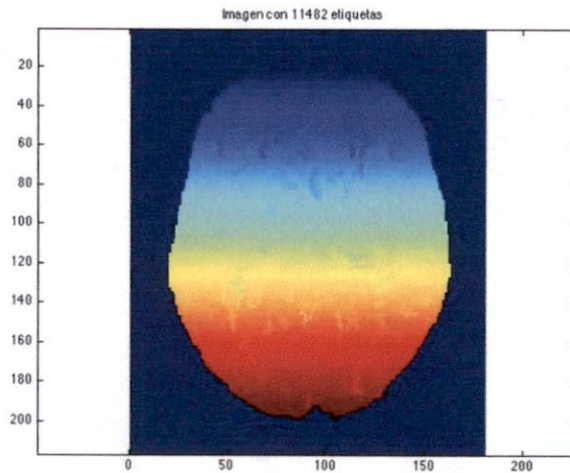


Figura 4.3: Resultado de la etapa de Análisis de Adyacencia de la imagen T1 con 12000 etiquetas.

pixeles que convergieron hacia la misma moda. Para realizar este análisis se debe de etiquetar cada región con un valor, que corresponde a la etiqueta que identifica a cada región, al primer pixel se le asigna el valor de 0 como etiqueta y a continuación se analizan sus vecinos y si alguno convergió a la misma moda, se le etiqueta con el mismo valor, y así sucesivamente para todas las regiones que existen en la imagen. En la Figura 4.3 se muestra el resultado de esta etapa.

Fusión y Podado

Una vez realizada la etapa de filtrado, se etiqueta la imagen filtrada asignando el mismo valor a todos los pixeles que convergieron a la misma moda, esto produce una región homogénea en intensidad, esto se realiza para todas las regiones. A partir de esta imagen se crea una matriz de adyacencia de regiones. Para realizar la fusión entre regiones se deben de cumplir las siguientes condiciones: diferencia en modas entre regiones menor a $h_i/2$ y la medida de confianza de borde entre regiones es menor que el umbral de fuerza de borde. Una vez realizado el análisis de adyacencias para todas las regiones, se re-etiqueta la imagen y se calcula la moda de las regiones nuevas, como el promedio de las modas de las regiones que se fusionaron. Las operaciones de fusión, reducción del grafo, y actualización de la imagen resultante, se repiten iterativamente hasta que ya no es posible

fusionar más regiones. Ya que el número de regiones sigue siendo elevado se realiza el proceso de podado de regiones y tiene como objetivo remover las regiones que tiene una superficie menor a un umbral preestablecido (μ), expresado como un número de píxeles. Este proceso toma las imágenes etiquetadas después de aplicar la fusión, como sus datos de entrada para construir la MAR, y empieza a recorrer la imagen buscando las regiones menores al umbral. Cuando encuentra una región pequeña, con la información de la MAR determina sus regiones vecinas, y establece la región candidata con la cual fusionarla. La región candidata debe satisfacer las siguientes propiedades: es la más parecida en intensidad, o es la única con superficie mayor al umbral. Una vez terminada la etapa de podado de regiones, el resultado es una imagen etiquetada con un número menor de regiones comparada con la imagen resultante de la etapa de filtrado. En la Figura 4.4 se muestran los resultados de las dos etapas.

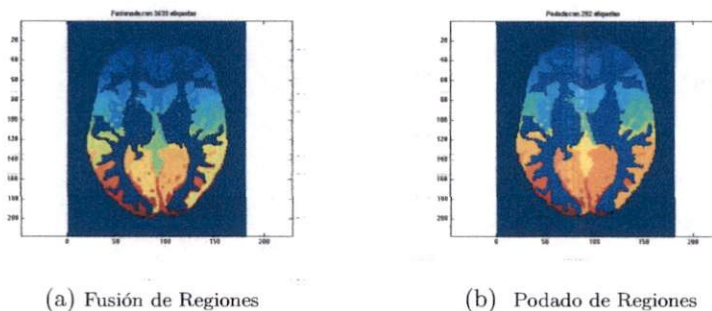


Figura 4.4: Resultados de la etapa de Fusión y Podado

Normalización y Clasificación

Para poder realizar la etapa de clasificación de las clases se debe realizar con anterioridad una normalización de los datos tanto sintéticos como reales con los mapas probabilísticos de materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo, estos mapas se obtuvieron del software SPM; se realizó la normalización registrando el volumen de datos, con imágenes de la plantilla que están en el mismo espacio estereotáctico que los mapas de probabilidad. Esta normalización se realizó con el software SPM, efectuando ciertas modificaciones para que el espacio de los mapas probabilísticos, esté en el mismo espacio que los datos a procesar. Un paso importante en la normalización es la localización

del origen de la imagen, ya que el software necesita esta localización espacial para poder realizar un buen registro de imágenes, se observó que la mala localización del origen de la imagen produce resultados erróneos y por lo tanto, los resultados finales cambiarían mostrando una mala segmentación.

Una vez realizada esta normalización se realiza la etapa de clasificación de los datos en cuatro clases principales: fondo, materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo. Para realizar esta etapa se toma como entrada la imagen podada, y con la ayuda de los mapas probabilísticos, se calculan sus probabilidades posteriores, asignando cada región al tipo de tejido con mayor probabilidad de pertenencia dentro del mapa probabilístico correspondiente.

Esta metodología fue aplicada a los datos sintéticos y reales, a cada uno se le aplicó los tres diferentes anchos de banda en la etapa de filtrado y se obtuvieron los índices de Tanimoto para cada tipo de ancho de banda en las imágenes de RM. A continuación se muestran los resultados obtenidos con los diversos anchos de banda y se observa que con un ancho de banda variable se obtienen mejores resultados en la segmentación de imágenes de RM comparados con los de un ancho de banda fijo.

4.1. Datos Sintéticos

El volumen sintético fue obtenido del BIC y corresponde a un fantoma digital. Este fantoma consiste de imágenes ponderadas T1, el tamaño del volumen es de $181 \times 217 \times 131$ con un espesor de rebanada de 1 mm, con ruido de 3% relativo al tejido más brillante y una inhomogeneidad de intensidad del 20%. Para este volumen se evaluó el índice de Tanimoto, que es una métrica estándar en el análisis de segmentación de IRM, y se utiliza para propósitos de comparación de desempeño.

La segmentación de una imagen requiere de la aplicación de una serie de pasos para lograr la identificación de las estructuras anatómicas del cerebro. En cada uno de estos pasos intervienen diferentes parámetros, afectando en mayor o menor grado la delineación final de la imagen, por lo que es importante hacer una buena selección de parámetros. Para el proceso de segmentación para los datos sintéticos se utilizaron los siguientes parámetros para las diversas etapas: Factor de mezcla (β) = 0.3, umbral de borde (δ) = 0.4, ancho

de banda espacial (h_e) = 6, ancho de banda en intensidad (h_i) = 9, umbral de fuerza de borde entre región (μ)=0.8 [22]. Antes de realizar las diversas etapas se inició con la remoción de estructuras que no son de interés como son piel y hueso; para realizar esto se utilizó la información de los datos que nos dice que parte de la matriz de los datos es hueso, piel, músculo y fondo. Se aplicó una máscara obtenida a partir de esta información y se englobó en la clase denominada fondo. A la remoción de regiones que no son de interés se le conoce como "pelado" de los datos. Una vez "pelados" los datos se procede al cálculo del mapa de confianza de los datos teniendo por objeto medir la confianza para la presencia de un borde en los datos del volumen a segmentar. Se observa en la Figura 4.5 que la información como hueso, piel entre otras fue removida, se aclara que a todo el volumen de datos se aplicó la misma técnica de pelado.

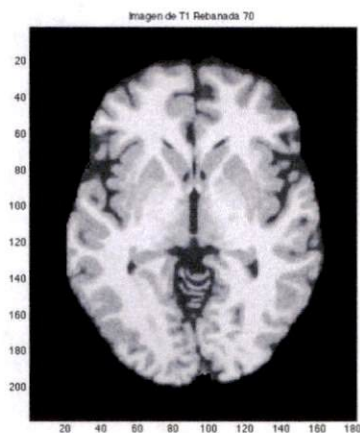
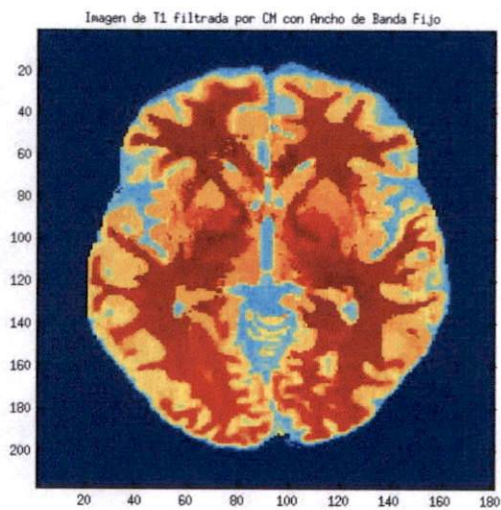


Figura 4.5: Imagen de T1 de datos sintéticos en la rebanada 70.

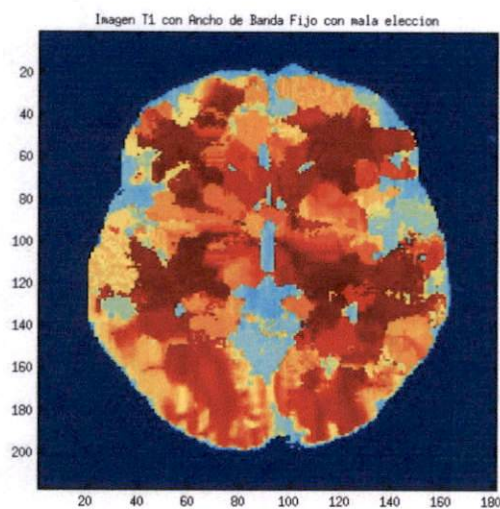
4.1.1. Filtrado con los diferentes anchos de banda

La etapa de filtrado es la parte principal del proceso de segmentación, los parámetros que intervienen en esta etapa son: el ancho de banda espacial h_e y de intensidad (h_i). Para el caso del ancho de banda fijo la selección de este ancho de banda fue por elección del usuario y se observó que una mala elección del ancho de banda, tanto espacial como de intensidad, produce una sobresegmentación de la imagen si el ancho de banda

en intensidad es pequeño, mientras que un ancho de banda en intensidad mayor puede producir pocas regiones, subsegmentando la imagen. Se observa en la Figura 4.6 (a) que la elección de un ancho de banda fijo certero, produce una imagen filtrada satisfactoria, se utilizaron esos valores para la estimación inicial de densidad para determinar el ancho de banda variable que se explicará con más detalle en la siguiente sección.



(a) Imagen de T1 con ancho de banda fijo en la rebanada 70 del volumen de datos.



(b) Imagen de T1 modificando el ancho de banda de intensidad con valor de 30.

Figura 4.6: Resultados de la etapa de filtrado utilizando ancho de banda fijo. Para la figura (a) los valores correspondiente al ancho de banda espacial e intensidad fueron 6 y 9 respectivamente. Para la figura (b) los valores correspondientes al ancho de bando espacial e intensidad fueron 6 y 30 respectivamente.

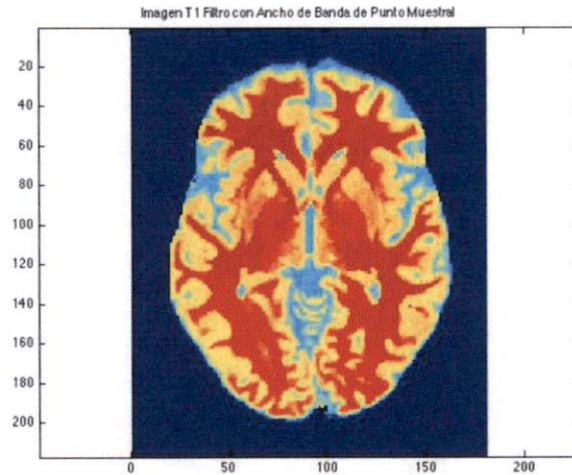
La elección de un ancho de banda incorrecto produce una imagen con muchas modas y eso provoca una mala segmentación de la imagen de RM, esto se puede observar en la Figura 4.6 (b). Con estos resultados se observó que la elección del ancho de banda fijo,

si tiene una gran ponderación en la etapa de filtrado de la imagen y por lo tanto afecta significativamente en las demás etapas del proceso de segmentación.

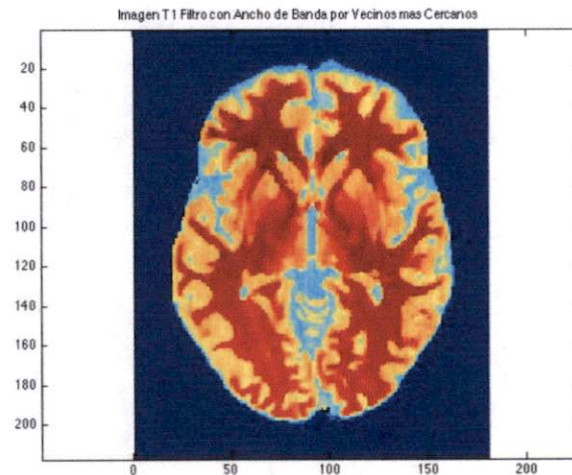
Para el caso del ancho de banda variable se utilizaron dos métodos: punto muestral y vecinos más cercanos. Para el primer método el de punto muestral se utiliza el ancho de banda fijo para la estimación inicial esto se debe a que se necesita un valor inicial de la función de densidad, a esta estimación inicial se le conoce como función piloto. Se observó que los valores fijos para el ancho de banda espacial y de intensidad no afectan en gran medida en la etapa de filtrado que usa ancho de banda variable y por lo tanto en el proceso de segmentación. Para calcular el ancho de banda variable se obtuvo el valor de λ a partir de la media geométrica, esto se debe a que la ecuación (2.17) se puede expresar también como una media geométrica de los puntos de convergencia que fueron obtenidos de las modas; ya con esta información se calculó el recíproco de la raíz cuadrada de la función piloto como está expresado en la ecuación (3.16). Este ancho de banda de punto muestral fue aplicado en la sección de CM correspondiente, se pueden observar los resultados obtenidos en la Figura 4.7. Se observa en los resultados finales de la segmentación que el ancho de banda de punto muestral tiene un mejor desempeño comparado con el ancho de banda fijo. Se modificó el valor del ancho de banda de intensidad para calcular la función piloto y se observó que a pesar de una mala elección del ancho de banda fijo, se tiene un mejor resultado con el ancho de banda de punto muestral a pesar de la mala elección del ancho de banda fijo para calcular la función piloto, comparado con el resultado cuando solo se utiliza ancho de banda fijo, como se observa en la Figura 4.8.

Para el ancho de banda variable por vecinos más cercanos se calcula la distancia que hay entre el valor de intensidad del pixel que se está procesando con los valores de intensidad de todos los pixeles de la imagen, esto se hace iterativamente hasta recorrer toda la imagen; una vez terminado esto se buscan los 200 vecinos más cercanos y se toma ese el promedio de esos 200 vecinos como valor de intensidad que será el ancho de banda variable que se usará en la etapa de filtrado de CM. La distancia fue calculada de acuerdo a la ecuación (3.29) con la norma L_1 , se tomó $k=200$, ya que este fue el valor reportado en [4]; los resultados obtenidos se observan en la Figura 4.7. Además se observó que los valores del ancho de banda de intensidad y espacial no tiene relevancia en este método,

ya que no afectan estos valores para el desempeño del filtro como se observa en la Figura 4.8.

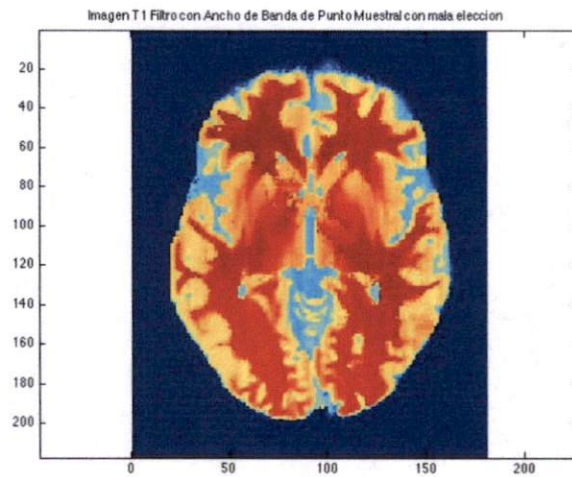


(a) Filtrado de Ancho de Banda por Punto Muestral

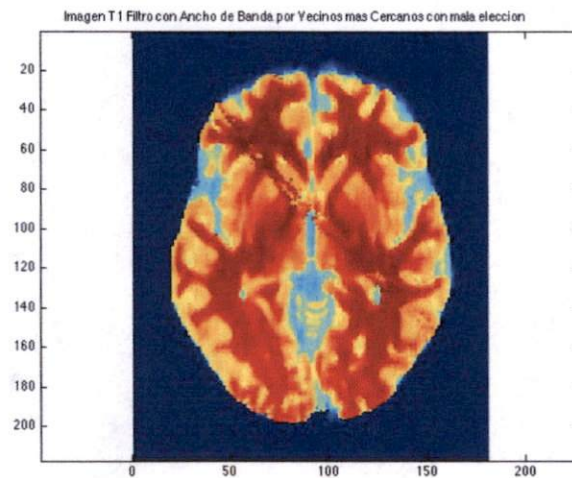


(b) Filtrado de Ancho de Banda por Vecinos más Cercanos

Figura 4.7: Imágenes filtradas de T1 con Ancho de Banda Variable. Los valores del ancho de banda espacial e intensidad son 6 y 9 respectivamente que fueron utilizados en la función piloto. La imagen superior (a) es el resultado del filtrado por el método de punto muestral. La imagen inferior (b) es el resultado del filtrado por el método de vecinos más cercanos.



(a) Filtrado de Ancho de Banda por Punto Muestral



(b) Filtrado de Ancho de Banda por Vecinos más Cercanos

Figura 4.8: Imágenes filtradas de T1 con Ancho de Banda Variable con mala elección de parámetros. Los valores del ancho de banda espacial e intensidad son 6 y 30 respectivamente que fueron utilizados en la función piloto. La imagen superior es el resultado del filtrado por el método de punto muestral. La imagen inferior es el resultado del filtrado por el método de vecinos más cercanos.

4.1.2. Índices de Tanimoto

Una vez terminada la etapa de filtrado con los diferentes métodos de anchos de banda se prosiguió con la etapa de etiquetado de las modas de la imagen, se continua con fusión de regiones y por último, la etapa de podado para tener un menor número de clases.

Antes de realizar la clasificación de los datos obtenidos de las etapas anteriores se realiza la normalización de los mapas probabilísticos para que estén en el mismo espacio de los datos y poder realizar la clasificación y hacer el cálculo del índice de similitud de Tanimoto. Para el caso de los datos sintéticos se conoce toda la información de la imagen, por lo que los resultados finales de la segmentación se comparan con los datos originales. Se muestran en la Tabla 4.1 los índices de similitud para la rebanada 70, utilizando tanto el ancho de banda fijo como el variable. Se observa que es superior el ancho de banda variable ya que produce una mejor segmentación. En la Figura 4.9 se observan los resultados de la segmentación de los datos con los diferentes anchos de banda, se observa que cada método presenta diferentes resultados, esto se debe a que en el ancho de banda fijo, la elección del ancho de banda en intensidad se mantiene constante todo el tiempo, mientras que en el ancho de banda adaptivo va ir cambiando el valor del ancho de banda en intensidad en cada pixel de la imagen produciendo mejores resultados los métodos adaptivos (punto muestral y vecinos más cercanos). En la Tabla 4.2 se observan los resultados obtenidos cuando el valor de ancho de banda en intensidad se establece de forma no apropiada, es decir, se elige un valor erróneo para el ancho de banda fijo. Se observó que a pesar de la mala elección del parámetro el ancho de banda fijo, el método de ancho de banda variable tiene resultados satisfactorios ya que puede lograr mejorar la segmentación de la imagen a pesar de utilizar un ancho de banda inapropiado para la función piloto, como se observa en la Figura 4.8. Se calculó también el promedio de los índices de Tanimoto para todo el volumen de datos sintéticos con los diferentes anchos de banda conservando los parámetros reportado en [15] que se utilizaron durante todo el proceso como el ancho de banda espacial, el umbral de borde, etc; y se observó que sí hay una mejoría utilizando el ancho de banda variable en la etapa de filtrado para la segmentación de imágenes de RM, los resultados se observan en la Tabla 4.3. En la Tabla 4.4 se muestran los índices calculados empleando un ancho en intensidad de 30 y los resultados obtenidos muestran que el ancho de banda variable es superior al ancho de banda fijo como se esperaba.

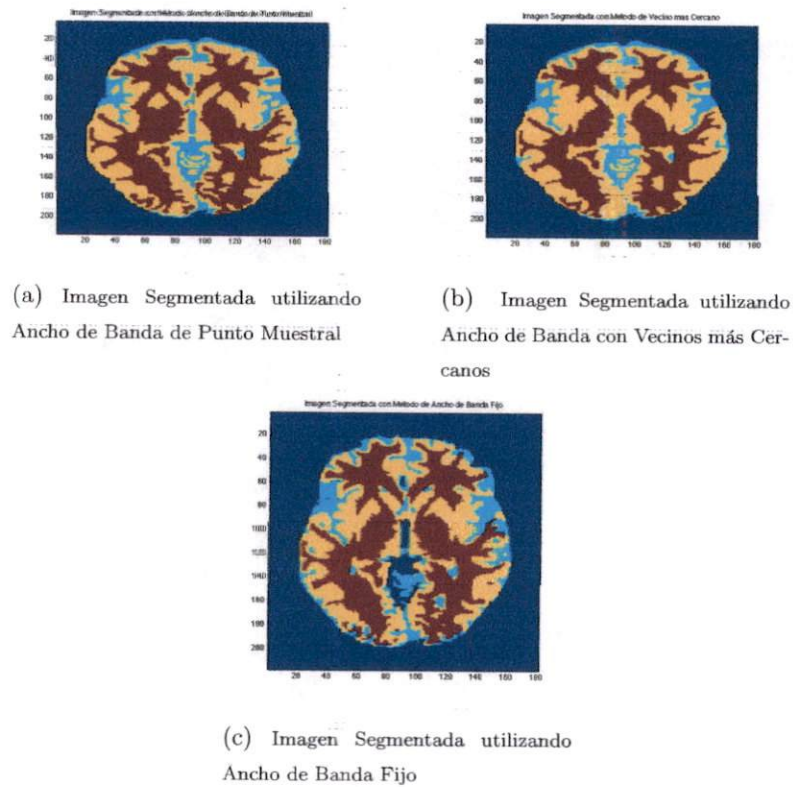


Figura 4.9: Resultados de la Segmentación de los datos sintéticos en la rebanada 70 utilizando ancho de banda variable

Tabla 4.1: Índice de Tanimoto para la rebanada 70 de un volumen sintético de imágenes con ancho de banda espacial y de intensidad de 6 y 9 respectivamente.

Método	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
Ancho de Banda Fijo	0.9464	0.4144	0.7497	0.8899
Vecinos más Cercanos	0.9985	0.8735	0.8527	0.8673
Punto Muestral	0.9990	0.8433	0.8685	0.9029

CAPÍTULO 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tabla 4.2: Índice de Tanimoto para la rebanada 70 de un volumen de imágenes con el ancho de banda en intensidad con valor de 30.

Método	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
Ancho de Banda Fijo	0.9959	0.6615	0.5245	0.5298
Vecinos más Cercanos	0.9985	0.8735	0.8527	0.8673
Punto Muestral	0.9804	0.7393	0.7726	0.7958

Tabla 4.3: Promedio del Índice de Tanimoto del volumen total de imágenes de T1 utilizando los diferentes anchos de banda, conservando para el ancho de banda fijo con ancho de espacial y de intensidad 6 y 9 respectivamente.

Método	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
Ancho de Banda Fijo	0.9905	0.6014	0.5860	0.6950
Vecinos más Cercanos	0.9903	0.6362	0.6200	0.6560
Punto Muestral	0.9821	0.6062	0.7249	0.7028

Tabla 4.4: Promedio del Índice de Tanimoto del volumen total de imágenes de T1 utilizando los diferentes anchos de banda, modificando el ancho de banda en intensidad con valor de 30 para el ancho de banda fijo.

Método	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
Ancho de Banda Fijo	0.9876	0.5756	0.5764	0.5380
Vecinos más Cercanos	0.9903	0.6362	0.6200	0.6560
Punto Muestral	0.9821	0.6062	0.7249	0.7028

4.2. Datos Reales

Se aplicó el método de segmentación a datos reales, siguiendo la misma metodología que en los datos sintéticos hasta la etapa de podado. Los datos reales están disponibles en el IBSR, y constan de 20 estudios de RM de cerebro del tipo T1 en orientación coronal, adquiridos con dos sistemas diferentes: un Siemens Magnetom y un General Electric,

ambos de 1.5 teslas. La resolución de los estudios es de 3 mm en el eje coronal 1 mm en el axial, y 1 mm en el sagital. Junto con los datos reales se proporcionan los resultados de la segmentación guiada manualmente por un experto. Aun cuando las segmentaciones realizadas por el experto no son consideradas 100% verdad de tierra, permiten comparar los métodos de segmentación automatizados. Se muestran a continuación los resultados obtenidos en la etapa de filtrado y el resultado final de la segmentación, esto es, la clasificación con sus índices de Tanimoto.

4.2.1. Etapa de Filtrado con Datos Reales e Índices de Tanimoto

Al igual que en los datos sintéticos se probó la etapa de filtrado con ancho de banda fijo y ancho de banda variable. Se observó que se obtienen mejores resultados utilizando el ancho de banda variable. Se procesaron con la misma metodología los 20 volúmenes y se calculo el índice de Tanimoto de los resultados obtenidos en la etapa de segmentación. Se muestra en la Figura 4.10 un ejemplo de los datos reales con la segmentación del experto.

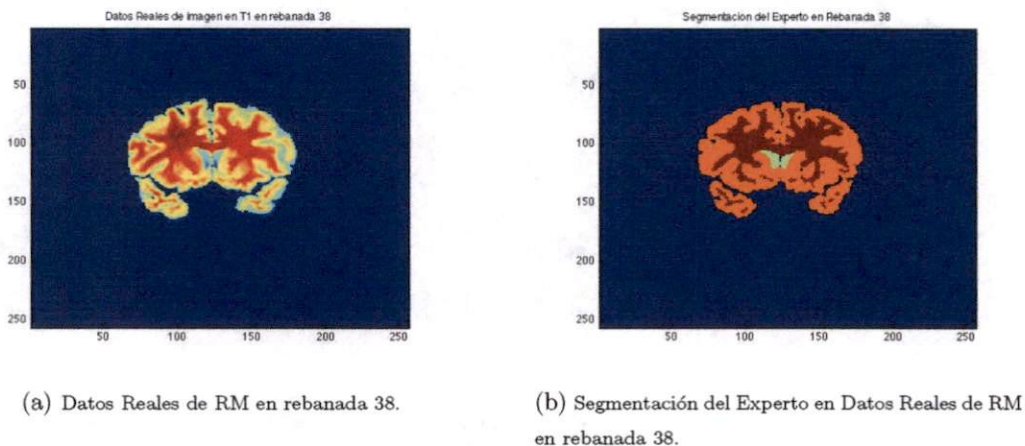


Figura 4.10: Ejemplo de Datos Reales en corte coronal de imágenes de RM.

Al realizar la etapa de filtrado se observó que el ancho de banda variable logra mejores resultados que el ancho de banda fijo; se aplicó tanto el método de Punto Muestral como el de vecinos más cercanos a los 20 volúmenes de los datos, los resultados de esta etapa se muestran en la Figura 4.11 para una imagen de los datos reales.

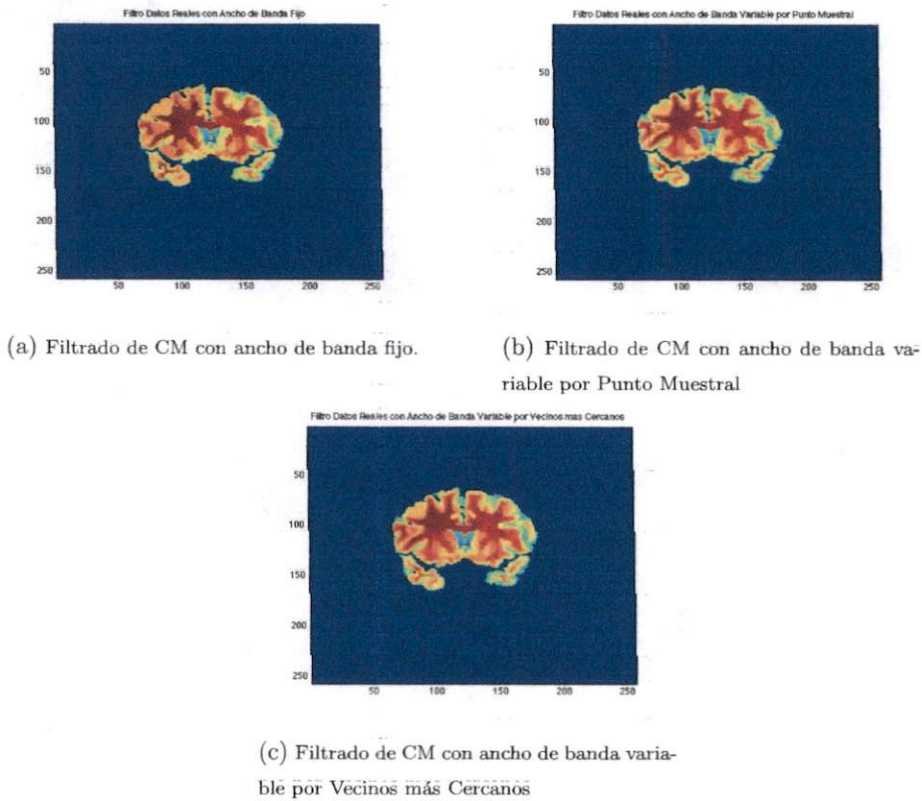


Figura 4.11: Resultados de la etapa de filtrado.

Se realiza una normalización espacial de los datos con los mapas probabilísticos obtenidos del software SPM y a su vez se utiliza este software para realizar esta normalización, se aclara que se debe de realizar este paso para cada volumen, ya que todos los volúmenes varían, por lo no se podría aplicar una sola normalización de los mapas probabilísticos para todos los 20 volúmenes de los datos reales. Se localizó el origen de cada uno de los volúmenes, ya que si éste es mal ubicado producirá una normalización errónea. Se deben realizar todas las etapas del filtrado hasta el podado, para después realizar la clasificación de los resultados obtenidos con la ayuda de los mapas probabilísticos ya normalizados, para así tener la segmentación final del volumen de datos. A continuación se muestran en la Figura 4.12 los resultados obtenidos de todo el proceso de segmentación, utilizando tanto ancho de banda fijo como ancho de banda variable, estos corresponden a la rebanada 7, 25, 38 y 47 de un volumen de los datos reales.

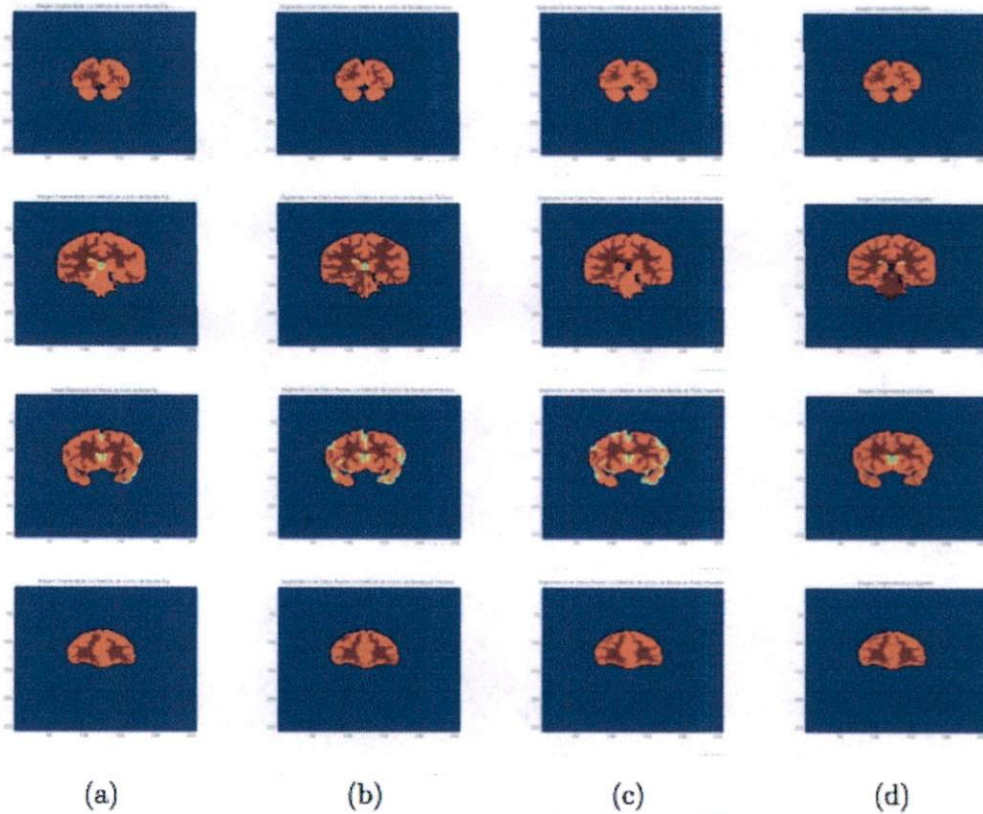
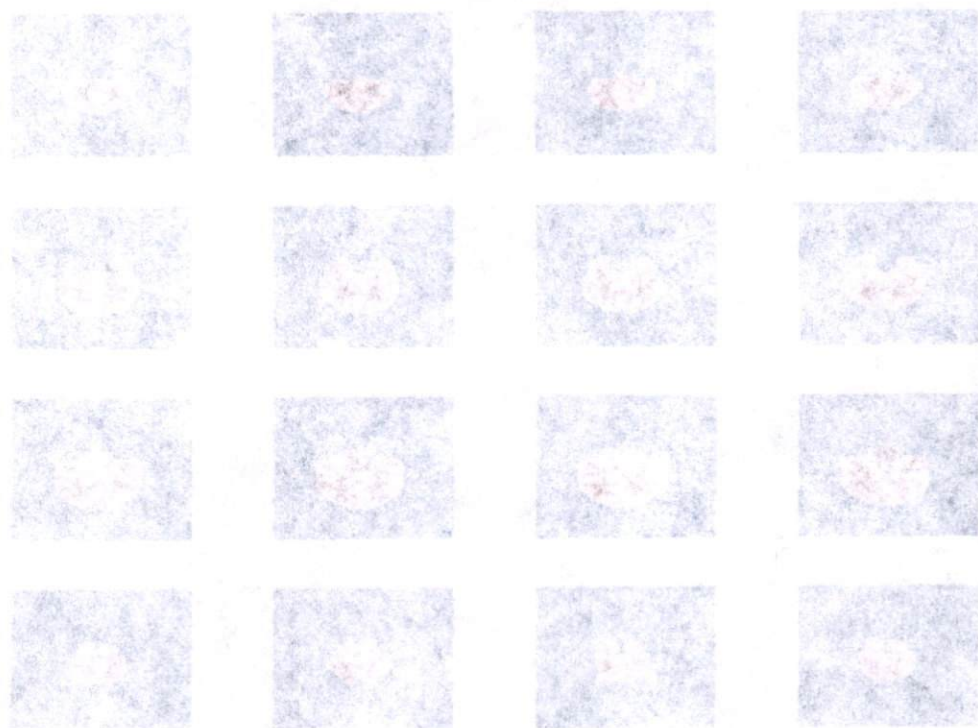


Figura 4.12: Resultados de la Segmentación de un volumen de los datos reales en diferentes rebanadas utilizando los diferentes anchos de banda en la etapa de filtrado. (a) Ancho de Banda Fijo, (b) Ancho de Banda por Punto Muestral, (c) Ancho de Banda por Vecinos más Cercanos y (d) Segmentación de Experto

Como se observa en la Figura 4.12 utilizando en la etapa de filtrado el ancho de banda variable se obtienen mejores resultados; la columna (a) corresponde al ancho de banda fijo utilizando los mismos parámetros que en los datos sintéticos, la columna (b) corresponde a la segmentación de los datos con ancho de banda de punto muestral y se utilizó la función piloto determinada con el ancho de banda fijo, la columna (c) corresponde a la segmentación de los datos por vecinos más cercanos y por último, la columna (d) corresponde a la segmentación manual del experto. Se observa en la Figura 4.12 que los métodos de vecinos más cercanos y punto muestral mejoran la etapa de segmentación, para poder observar esta mejoría cuantitativamente se calcularon los índices de Tanimoto para cada volumen de datos y se obtuvo el promedio de cada volumen para cada clase: fondo, LCR, Materia Gris y Materia Blanca, los resultados obtenidos se muestran en las Tablas 4.5, 4.6 y 4.7.



CAPÍTULO 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 20 volúmenes cerebrales de RM proporcionados por el IBSR, también están disponibles sus respectivas segmentaciones manuales para propósitos de comparación. El IBSR usa los coeficientes de Tanimoto para medir la similitud entre la segmentación manual y los resultados de métodos automáticos; en el mismo sitio están reportados varios métodos de segmentación y los índices de similitud que se obtienen al segmentar los 20 volúmenes de los archivos de datos que contienen sólo información cerebral. Estos volúmenes fueron elegidos porque ya han sido usados en estudios publicados y tienen varios niveles de dificultad; los peores tienen bajo contraste y gradientes de intensidad relativamente grandes.

Tabla 4.5: Índices de Tanimoto de los 20 volúmenes con ancho de banda fijo

Volumen	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
1	0.9978	0.4707	0.4659	0.1762
2	0.9977	0.4274	0.4586	0.4078
3	0.9977	0.3794	0.5004	0.319
4	0.9982	0.5955	0.4216	0.3014
5	0.9972	0.4167	0.4888	0.1881
6	0.9975	0.3874	0.4339	0.2113
7	0.9989	0.6204	0.5873	0.4339
8	0.9976	0.418	0.648	0.4967
9	0.9979	0.4039	0.6357	0.4871
10	0.9982	0.5763	0.6555	0.4608
11	0.9981	0.4963	0.6466	0.4929
12	0.9983	0.4624	0.6453	0.4897
13	0.9973	0.4927	0.719	0.5824
14	0.9965	0.4453	0.6663	0.5518
15	0.9973	0.5108	0.6432	0.5342
16	0.9976	0.4926	0.6759	0.5127
17	0.9985	0.3893	0.6779	0.4805
18	0.9982	0.4052	0.6288	0.4706
19	0.9939	0.4775	0.0773	0.5319
20	0.9982	0.5843	0.6861	0.5309

Las gráficas de las Figuras 4.16, 4.17 y 4.18 muestran los resultados de similitud para MB, MG y LCR de cada uno de los estudios de cerebro reales utilizando los diferentes anchos de banda. En las gráficas de las Figuras 4.19, 4.20 y 4.21 se han incorporado los resultados del algoritmo de CM, para mostrar su ubicación al lado de los métodos reportados en el IBSR. Los estudios cerebrales están graficados en orden de dificultad para segmentarlos, siendo el más difícil el número 1 y el menos difícil el número 20. En

Tabla 4.6: Índices de Tanimoto de los 20 volúmenes con ancho de banda variable por punto muestral

Volumen	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
1	0.9987	0.4598	0.6493	0.506
2	0.9981	0.4393	0.6382	0.5417
3	0.9972	0.3838	0.6204	0.4704
4	0.9989	0.6282	0.6782	0.5887
5	0.9981	0.4602	0.6038	0.5133
6	0.998	0.44	0.684	0.5093
7	0.999	0.5769	0.7034	0.6068
8	0.997	0.4224	0.709	0.574
9	0.9975	0.3582	0.7067	0.6109
10	0.9986	0.559	0.741	0.5743
11	0.9979	0.4379	0.6933	0.5831
12	0.9982	0.394	0.7093	0.6204
13	0.9974	0.4246	0.728	0.6328
14	0.9966	0.3831	0.7245	0.5841
15	0.9975	0.4797	0.6784	0.5692
16	0.9972	0.4487	0.756	0.6349
17	0.9987	0.377	0.741	0.6302
18	0.9986	0.3627	0.6899	0.5953
19	0.9968	0.4069	0.7064	0.5872
20	0.9981	0.545	0.7548	0.588

la Tabla 4.8 se muestran el resultado del promedio de los índices de Tanimoto por ancho de banda fijo, variable y los ya reportados en [3].

Se puede observar en el cálculo de los índices de Tanimoto con los diferentes anchos de banda que se obtienen mejores resultados con el ancho de banda variable como se muestra en las Figuras 4.14 y 4.15 comparado con el ancho de banda fijo de la Figura 4.13. Los valores obtenidos con el ancho de banda fijo son menores comparados con los obtenidos con el ancho de banda variable. Se calculó el índice de Tanimoto para cada clase, en el caso del fondo no se muestra su gráfica ya que es muy similar para todos los casos. Se observa en la Figura 4.16 que es muy superior el ancho de banda variable en especial el de punto muestral, ya que muestra una mejor segmentación de los datos reales comparado con el ancho de banda fijo, a su vez el ancho de banda variable por vecinos más cercanos sigue siendo superior al ancho de banda fijo, pero produce mejores resultados el ancho de banda de punto muestral. En la Figura 4.17 se observa que el ancho de banda variable sigue siendo superior al ancho de banda fijo; en la Figura 4.18 se observa que no hay diferencia entre el ancho de banda de radio fijo y el variable, esto se debe a que

CAPÍTULO 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tabla 4.7: Índice de Tanimoto de los 20 volúmenes con ancho de banda variable por k -vecinos más cercanos

Volúmen	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
1	0.997	0.4667	0.6099	0.5007
2	0.9981	0.4426	0.6465	0.517
3	0.9966	0.3919	0.5814	0.4511
4	0.9976	0.6348	0.6506	0.5609
5	0.9954	0.4858	0.5546	0.4812
6	0.9964	0.459	0.6268	0.5014
7	0.999	0.6	0.6879	0.6025
8	0.9973	0.4429	0.6939	0.5802
9	0.9978	0.3749	0.6877	0.6019
10	0.9806	0.567	0.6666	0.5478
11	0.9812	0.4265	0.6542	0.5815
12	0.9982	0.4057	0.6849	0.5851
13	0.9976	0.517	0.754	0.6459
14	0.9964	0.4176	0.7034	0.5757
15	0.9979	0.4878	0.6659	0.5775
16	0.997	0.4746	0.7274	0.615
17	0.9955	0.3658	0.7412	0.5169
18	0.9984	0.3576	0.6959	0.5828
19	0.9968	0.4361	0.7249	0.5894
20	0.9979	0.5386	0.7047	0.5762

Tabla 4.8: Promedio de los Índices de Tanimoto para los datos reales

Método	Fondo	LCR	Materia Gris	Materia Blanca
<i>Ancho de Banda Fijo</i>	0.9857	0.5126	0.4420	0.5014
<i>Punto Muestral</i>	0.9918	0.6363	0.6832	0.7105
<i>k-Vecinos más Cercanos</i>	0.9903	0.6362	0.6200	0.6560
<i>AMAP</i>	0.999	0.069	0.564	0.567
<i>BMAP</i>	0.999	0.071	0.558	0.562
<i>Fuzzy</i>	0.999	0.048	0.473	0.567
<i>MAP</i>	0.999	0.071	0.550	0.554
<i>MLC</i>	0.999	0.062	0.477	0.571

la segmentación del LCR llega a ser complicada, ya que inclusive en la segmentación del experto puede ser que en algunos casos observen más LCR en un volumen que en otro.

Se compararon los resultados obtenidos con los publicados en el ISBR y se observa en las Figuras 4.19, 4.20 y 4.21 que utilizando en la etapa de filtrado el ancho de banda

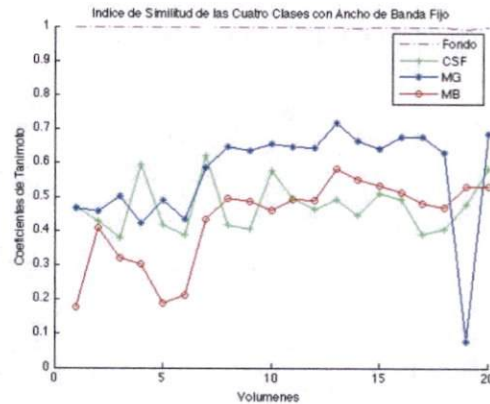


Figura 4.13: Índices de Tanimoto de las cuatro clases utilizando en la etapa de filtrado el ancho de banda fijo.

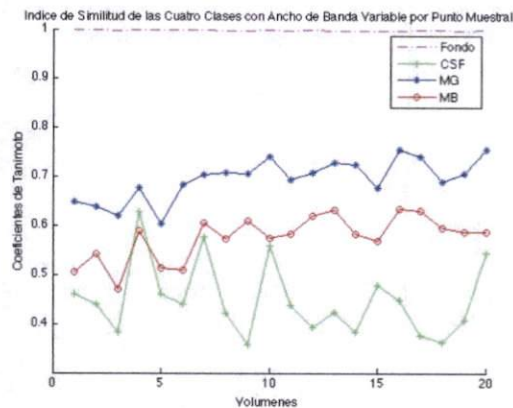


Figura 4.14: Índice de Tanimoto de las cuatro clases utilizando en la etapa de filtrado el ancho de banda de punto muestral.

variable es superior a los métodos ya reportados, por lo que se tiene una mejor segmentación de las tres clases principales de cerebro. Podemos observar en la clase de LCR (En las figuras donde aparece la etiqueta CSF es equivalente a LCR) la mejoría que hay con el ancho de banda fijo y variable comparado con los otros métodos, ya que son superiores los índices de Tanimoto como se observa en la Figura 4.19. Se muestra a continuación los resultados de la clase de MG y MB comparados con los métodos de segmentación publicados en [3] en las Figuras 4.20 y 4.21. Se puede observar que en todos los casos, a pesar que los primeros volúmenes corresponden a imágenes de muy baja calidad, el método de CM con los diferentes anchos de banda tiene mejores resultados y llegan a ser superiores,

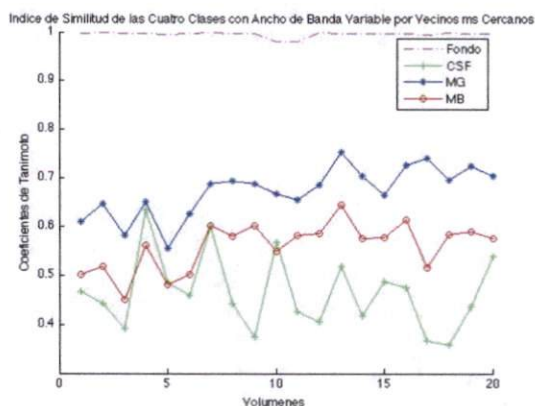


Figura 4.15: Índices de Tanimoto de las cuatro clases utilizando en la etapa de filtrado el ancho de banda con vecinos más cercanos.

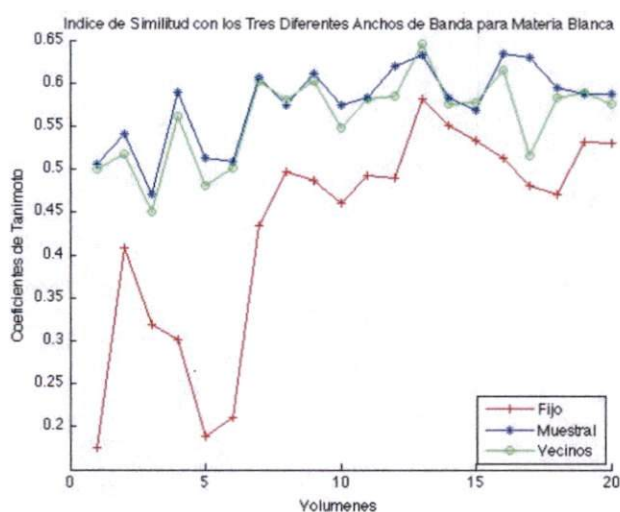


Figura 4.16: Índices de Tanimoto de la clase de Materia Blanca con los diversos anchos de banda

utilizando el ancho de banda variable, por lo que en general la hipótesis propuesta para este trabajo se cumple que el ancho de banda variable por los dos métodos propuestos es superior al ancho de banda fijo.

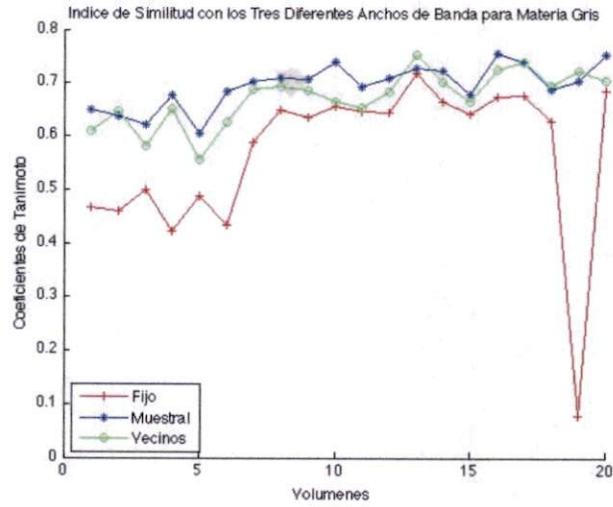


Figura 4.17: Índices de Tanimoto de la clase de Materia Gris con los diversos anchos de banda

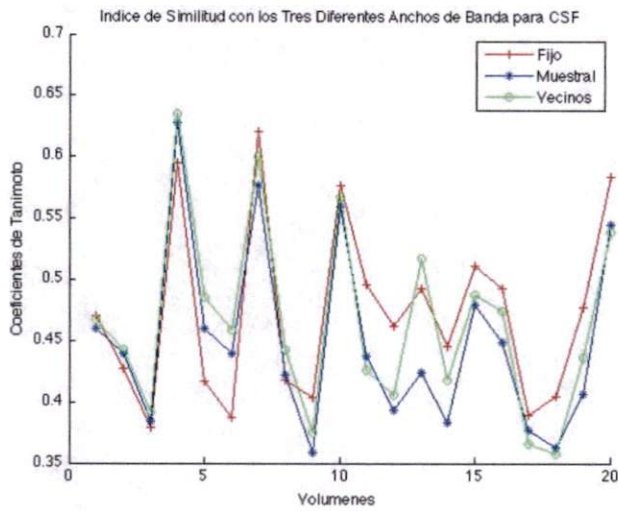


Figura 4.18: Índices de Tanimoto de la clase de LCR con los diversos anchos de banda

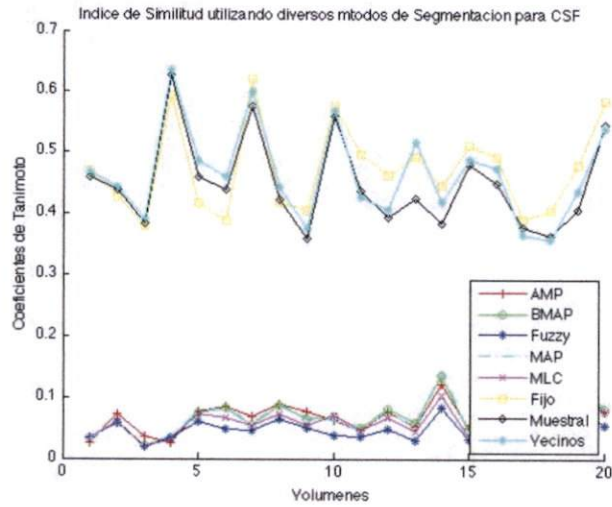


Figura 4.19: Índices de Tanimoto obtenidos de ISBR con los de ancho de banda fijo y variable de la clase LCR.

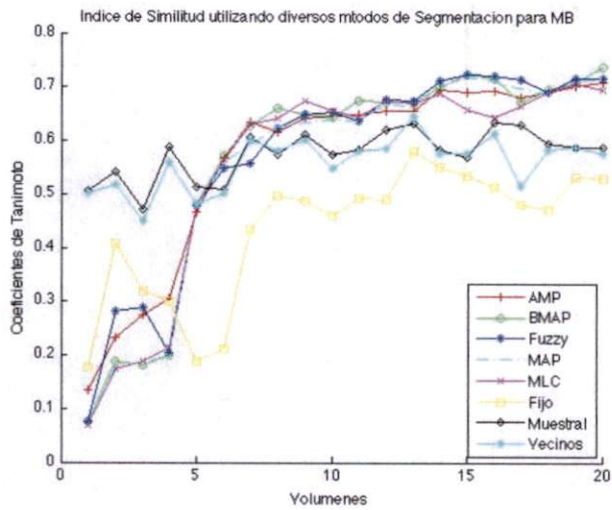


Figura 4.20: Índices de Tanimoto obtenidos de ISBR con los de ancho de banda fijo y variable de la clase de MB.

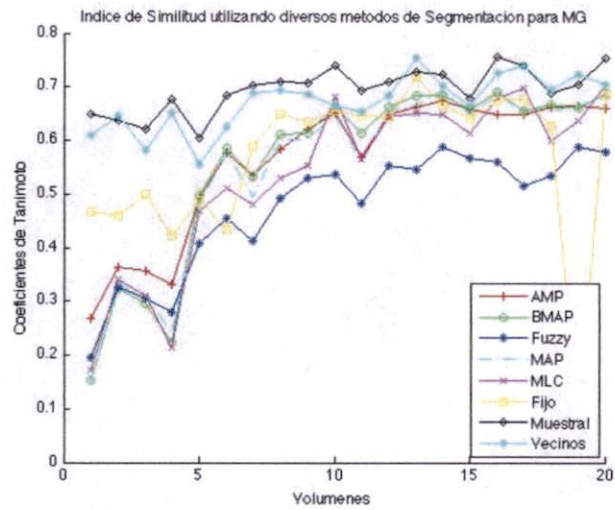


Figura 4.21: Índice de Tanimoto obtenidos de ISBR con los de ancho de banda fijo y variable de la clase de MG.

Capítulo 5

Conclusiones

La segmentación de imágenes es uno de los pasos más importantes en el análisis de las imágenes procesadas [8]; tiene varias aplicaciones en las imágenes médicas como la delineación de estructuras anatómicas y otras regiones de interés [1]. Muchas de las técnicas de segmentación de cerebro requieren apearse a diversas suposiciones, como la distribución de densidad de probabilidad específica [11], o un número dado de clases de tejido presente en la imagen [23]. En este trabajo se utilizó el procedimiento de Corrimiento de Media (CM) para la segmentación de imágenes de RM con ancho de banda variable; en trabajos anteriores se utilizó este procedimiento, sin ancho de banda variable, para el reconocimiento, seguimiento de objetos y en seguimiento de imágenes de color [14]. El procedimiento de CM es un estimador no paramétrico ya que es manejado por los datos, y extrae características de una imagen sin la necesidad de suposiciones acerca de la distribución de los datos sin requerir la intervención del usuario para dar información previa o de inicialización. Este trabajo se basó en uno anterior [15] mostrando resultados satisfactorios; pero utilizando ancho de banda fijo. En el trabajo mencionado se mostró que una mala elección de este parámetro puede producir resultados no satisfactorios en la segmentación final, por lo que se propuso utilizar un ancho de banda adaptable que sea manejado por los datos.

Para este trabajo se utilizaron algunos parámetros fijos que se necesitan para realizar las diferentes etapas del proceso de segmentación: mapas de confianza, filtrado, análisis de adyacencias, fusión y podado. Estos parámetros se mantienen constantes durante todo el

proceso. Se tomaron los valores de cada parámetro del trabajo previo que se realizó [15]. Para el proceso de segmentación se utilizaron datos sintéticos [3] y datos reales [2]. Para la etapa de filtrado de todo el proceso se trabajó con dos diferentes tipos de ancho de banda: Fijo y Adaptable (punto muestral y k -vecinos más cercanos).

Con ancho de banda fijo, para datos sintéticos y reales, se observó que los resultados obtenidos pueden ser apropiados si se selecciona un ancho de banda idóneo; este valor va a depender del tipo de dato y será para cada imagen, por lo que no será adecuado para un volumen de diferentes tipos de datos, pero si es un valor incorrecto puede producir una mala imagen como se mostró en la Figura 4.6. Este ancho de banda fijo se utilizó para el ancho de banda variable por punto muestral ya que este método necesita una función piloto para poder determinar el ancho de banda adaptable, además se observó que este método produce mejores resultados que el ancho de banda fijo para los dos tipos de datos, tanto cualitativamente como cuantitativamente con los índices de Tanimoto. El ancho de banda variable de los k -vecinos más cercanos no necesita un ancho de banda fijo por la forma en que se calculó y se observa también, que sigue siendo mejor el resultado obtenido comparado con el ancho de banda fijo.

Para realizar la etapa de clasificación de las 4 regiones (Fondo, MG, MB y LCR) como se identifican las estructuras neuroanatómicas presentes en los datos sintéticos y reales, que están en función de los mapas probabilísticos, se necesitó primero obtener la normalización de los datos con estos mapas. Se obtuvieron nuevos mapas probabilísticos con una mejor resolución [24], pero éstos presentaron un problema al realizar la normalización de éstos con los datos a procesar ya que se utilizó la herramienta de SPM [25] para poder hacer la normalización de los datos, la única restricción que presenta es el tamaño de la imagen, que en este caso acepta datos de tamaño de 8 bits y los mapas probabilísticos más recientes tienen tamaño de 16 bits. A pesar de que se disminuyó el tamaño del dato, perdiendo precisión de estos mapas, al realizar todo el proceso de segmentación de CM por ancho de banda variable se observó que los índices de Tanimoto obtenidos no eran buenos comparados con los índices de Tanimoto obtenidos del proceso de segmentación con ancho de banda variable con los mapas probabilísticos que están incluidos en el SPM por lo que se decidió utilizar estos mapas para la etapa de clasificación.

Al realizar la clasificación de los datos se calculó el índice de Tanimoto para los datos

sintéticos y reales y se muestra en la Tabla 4.1 para datos sintéticos y en la Tabla 4.8 para datos reales, el ancho de banda variable por ambos métodos (punto muestral y k -vecinos más cercanos) tienen mejores resultados que los obtenidos por el ancho de banda fijo. Además, se mejoraron en los resultados obtenidos con ancho de banda variable comparados con los ya publicados en [2] y [4]. La razón de tal mejora se puede deber a que se está utilizando información *a priori* para la clasificación, como se puede observar en los índices de Tanimoto en las Figuras 4.16, 4.17 y 4.18. El problema que se tiene con el ancho de banda variable es el tiempo de ejecución de cada método, ya que toma el doble de tiempo de ejecución comparado con el ancho de banda fijo. El método de k -vecinos más cercanos su tiempo de ejecución es superior al método de punto muestral por lo que se deberá elegir con que método se desee segmentar los datos ya que ambos producen buenos resultados.

Las contribuciones principales de este trabajo son: a) La aplicación es totalmente guiada por los datos contenidos en la imagen utilizando un conjunto de parámetros fijos que no son ajustados individualmente como el caso del ancho de banda fijo. b) Se hizo un estudio formal sobre la aplicación del ancho de banda variable en datos sintéticos y reales. c) Se mostró que los resultados obtenidos de la segmentación final de los datos utilizando ancho de banda variable, es mucho mejor que el ancho de banda fijo para los dos tipos de datos y se mejoraron los resultados obtenidos con respecto a los publicados. d) A pesar de una mala elección del parámetro inicial para el ancho de banda fijo, como función piloto se observó que el ancho de banda variable por punto muestral llega a tener buenos resultados en la etapa final.

Se debe seguir trabajando en la mejora de los tiempos de ejecución principalmente del método de k -vecinos más cercanos, además se debe seguir trabajando en un método que puede realizar la normalización de los datos sin importarle el tamaño de estos.

Bibliografía

- [1] D. Phan, P. Chenyang, and L. Jerry. Current methods in medical imaging segmentation. *Annu. Rev. Biomed. Eng.*, pages 315–317, 2000.
- [2] Brainweb: Simulated brain database. <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>, Diciembre 1997.
- [3] Internet brain segmentation repository. <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>, Diciembre 2009.
- [4] A. Mayer and H. Greenspan. An adaptive mean shift framework for mri brain segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 28(8):1238–1250, 2009.
- [5] J. Suri, D. Wilson, and S. Laxminarayan. *Handbook of Biomedical Image Analysis Volume II Segmentation Models Part B*. Kluwe Academic Plenum Publishers, first edition, 2005.
- [6] J. Azpiroz, V. Medina, and L. Jean Francois. *Procesamiento de Imagenes Biomédicas*. UAM, 2000.
- [7] A. Rosenfeld and A.C. Kak. *Digital Image Processing*. Academic Press, 1982.
- [8] M. Sonka, V. Hlavac, and R. Boyle. *Image Processing Analysis and Machine Vision*. Cenagage Learning, third edition, 2008.
- [9] B. Georgescu, I. Shimshon, and P. Meer. Mean shift based clustering in high dimensions a texture classification example. *Proceeding of the Ninth IEEE International Conference on Computer Vision*, pages 456–463, 2003.

BIBLIOGRAFÍA

- [10] B.W. Silverman. *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*. Chapman and Hall, 1986.
- [11] J.R. Jimenez Alaniz. *Tesis: Segmentación no Parametrica de Imagenes Cerebrales de Resonancia Magnetica*. UAM-LINI, 2006.
- [12] R.O. Duda, P.E. Hart, and D.G. Stork. *Pattern Classification*. Wiley, 2001.
- [13] K. Fukunaga and L.D. Hostetler. The estimation of the gradient of a density function, with aplications in pattern recognition. *IEEE Trans. Information Theory*, 21(1).
- [14] D. Comaniciu and P. Meer. Mean shift analysis and applications. *IEEE Int. Conf. Computer Vision (ICCV'99), Greece*, pages 1197–1203, 1999.
- [15] J.R. Jimenez Alaniz, V. Medina Bañuelos, and O. Yañez. Data-driven brain mri segmentation supported on edge confidence and a priori tissue information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25(1):74–83, 2006.
- [16] J.R. Jimenez Alaniz, P. Alfaro, V. Medina Bañuelos, and O. Yañez. Segmenting brain mri using adaptive mean shift. *IEEE EMBS*, pages 3114–3117, 2006.
- [17] C. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006.
- [18] P. Meer and B. Georgescu. Edge detection with embedded confidence. *IEEE Trans. Pattern Anal Mach Intel*, 23:1351–1365, 2001.
- [19] C.M Christoudias, B. Georgescu, and P. Meer. Synergism in low level vision. *Proc. 16th Int. Conf. Pattern Recognition*, 4:150–155, August 2002.
- [20] R. Sedgewick and K. Friston. *Algorithms in C*. Adison Wesley, 1990.
- [21] J. Ashburner and K. Friston. Multimodal image coregistration and partitioning a unified framework. *NeuroImage*, 6(3):209–217, 1997.
- [22] J.R. Jimenez Alaniz, V. Medina Bañuelos, and O. Yañez. Nonparametric MRI segmentation using mean shift and edge confidence maps. *Progress in Biomedical Optics and Imaging*, 4(23):1433–1441, 2003.

- [23] Y. Wang, T. Adah, S.-Y. Kung, and Z. Szabo. Quantification and segmentation of brain tissues from mr images: A probabilistic neural network approach. *IEEE Trans. Image Processing*, 7(8):1165–1181, 1998.
- [24] Icbm 152 nonlinear atlases version 2009. <http://www.bic.mni.mcgill.ca/ServicesAtlases/ICBM152NLin2009>, Diciembre 2011.
- [25] Statistical parametric mapping spm99b. <http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/>, Enero 2000.