



UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE LA MIXTECA

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO

**SEGMENTACIÓN DE MASAS EN IMÁGENES DE
MAMOGRAFÍA MEDIANTE AGRUPAMIENTO
RESTRINGIDO**

TESIS

PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRA EN TECNOLOGÍAS DE CÓMPUTO APLICADO

PRESENTA:

SAIVETH HERNÁNDEZ HERNÁNDEZ

DIRECTOR DE TESIS:

DR. RAÚL CRUZ BARBOSA

HUAJUAPAN DE LEÓN, OAXACA, DICIEMBRE DE 2018.

*Dedicado a mis papás, Ángel y Filomena,
mi mayor motivación y los pilares de mi vida.*

Agradecimientos

Aunque cualquier palabra no es suficiente para expresar la gratitud hacia mis papás, Ángel y Filomena, quiero agradecerles por enseñarme que con trabajo constante y dedicación no hay objetivos imposibles. Gracias por enseñarme que se vale soñar, pero que es mejor levantarse y hacer esos sueños realidad. Agradecer a mi papá, que me enseña cada día que no hay más límites que los que uno se impone. A mi mamá, que ha sido siempre un ejemplo de fortaleza y dedicación.

Un agradecimiento especial al Dr. Raúl, quien siempre tuvo un momento para guiarme en este proceso. Gracias por la confianza puesta en mí para realizar este proyecto y por orientarme cuando no sabía hacia donde seguir. Gracias por la motivación y los consejos dados durante todo este tiempo.

A los profesores, Dr. Anibal Arias, Mtro. Antonio Moreno, Dr. Antonio Orantes y Dr. Rosebet Miranda, gracias por las observaciones realizadas y que contribuyeron a la mejora de este proyecto.

Índice general

Resumen	XIII
Publicaciones	XV
1. Introducción	1
1.1. Planteamiento del problema	2
1.2. Justificación	3
1.3. Hipótesis	4
1.4. Objetivos	4
1.4.1. Objetivo general	4
1.4.2. Objetivos específicos	5
1.5. Metas	5
1.6. Trabajo relacionado	6
1.7. Metodología	7
2. Marco teórico	9
2.1. Detección del cáncer de mama mediante mamografías	9
2.1.1. Cáncer de mama	10
2.1.2. Uso de mamografías	11
2.2. Métodos de segmentación	14
2.2.1. Métodos de preprocesamiento	14
2.2.2. Segmentación y agrupamiento	24
2.3. Métodos de detección de masas	37
2.4. Medidas de segmentación	40
3. Propuesta de variantes del método de segmentación MRF	45
3.1. Introducción	45
3.2. Propuesta de elección de centroides	48

3.3. Propuesta de adquisición de restricciones	50
3.4. Variantes del método de segmentación MRF	56
4. Resultados	63
4.1. Conjunto de datos y configuración experimental	63
4.2. Resultados de preprocesamiento	65
4.3. Resultados de segmentación	76
4.3.1. Imágenes sintéticas	76
4.3.2. Imágenes de mamografía	89
4.4. Resultados de detección	102
4.4.1. Comparación con agrupamiento tradicional	106
5. Conclusiones y trabajo futuro	111
Bibliografía	112
Anexos	121
A. Pseudocódigo de los algoritmos principales de la tesis	121
B. Módulos del proyecto	125
C. Manual de usuario	133
C.1. Proceso de instalación	133
C.2. Ejemplo práctico	133

Índice de figuras

1.1. Metodología para realizar la detección de masas.	8
2.1. Formas de una masa. Figura tomada de [Pedro Gabriel, 2014].	13
2.2. Márgenes de una masa. Figura tomada de [Pedro Gabriel, 2014].	13
2.3. Etapas del preprocesamiento de imágenes de mamografía.	17
2.4. Etapas de un sistema de agrupamiento.	31
2.5. Variación de la información (representada por la suma de las áreas sombreadas) y sus cantidades relacionadas.	43
3.1. a) Etiquetado inicial de la imagen y representación gráfica de las restricciones de tipo ML (línea continua) y de tipo CL (líneas punteadas) del píxel x . (b)-(e) Asignación de la etiqueta con mínima energía para las variantes b) MRF con marcadores, c) MRF+rCL, d) MRF+rML+rCL, e) MRF+rMLm+rCLm.	60
4.1. Imágenes mamografía original (primera fila) y masa marcada por el radiólogo (segunda fila). Imagen con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.	66
4.2. Selección del área de la mama aplicados a las imágenes con densidad 1, 2, 3 y 4 en orden de arriba hacia abajo. Columna a) Imagen original. b) Máscara. c) Imagen recortada.	67
4.3. Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 1. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.	69
4.4. Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 2. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.	70

4.5. Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 3. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.	71
4.6. Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 4. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.	72
4.7. Métodos de preprocesamiento morfológico aplicados a las imágenes con densidad 1, 2, 3 y 4, en orden de arriba hacia abajo. Columna a) Imagen original recortada. b) T-MD. c) T-AM. d) T-MDM.	73
4.8. Región de la mamografía que contiene a la masa con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.	74
4.9. Imágenes sintéticas de las posibles formas de una masa. a) Redonda. b) Ovalada c) Lobulada. d) Irregular. e) Formas mezcladas.	77
4.10. Imágenes sintéticas complejas de las posibles formas de una masa. a) Redonda. b) Ovalada c) Lobulada. d) Irregular.	77
4.11. Resultado de la segmentación MRF original aplicado al conjunto de imágenes sintéticas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación aleatoria de centroides (k=5). c) Resultado de la segmentación.	79
4.12. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas redondas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.	80
4.13. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas ovaladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.	80
4.14. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas lobuladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.	81
4.15. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas irregulares sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.	81

4.16. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas mezcladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm. 82

4.17. Resultado de la segmentación MRF original aplicado al conjunto de imágenes sintéticas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación aleatoria de centroides (k=5). c) Resultado de la segmentación. 84

4.18. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas redondas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm. 86

4.19. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas ovaladas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm. 86

4.20. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas lobuladas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm. 87

4.21. Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas irregulares complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides (k=5). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm. 87

4.22. Ejemplo de masas con alto contraste (primera fila) y masas con bajo contraste (segunda fila). 90

4.23. Relación de las imágenes utilizadas para las variantes de segmentación MRF. 91

4.24. Etiquetado final obtenido por la segmentación MRF+rML+rCL (primera fila) y resultado del posprocesamiento (segunda fila). Imágenes con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4. 92

4.25. Segmentación MRF original (con centroides aleatorios) aplicada a imágenes con: a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4. 94

4.26. Variantes de segmentación MRF con centroides obtenidos a partir de marcadores aplicados a imágenes con densidad 1 y 2. a) MRF con marcadores. b) MRF+rCL c) MRF+rML+rCL. d) MRF+rMLm+rCLm.	95
4.27. Variantes de segmentación MRF con centroides obtenidos a partir de marcadores aplicados a imágenes con densidad 3 y 4. a) MRF con marcadores. b) MRF+rCL c) MRF+rML+rCL. d) MRF+rMLm+rCLm.	96
4.28. Ejemplo de imágenes para cálculo de medidas de segmentación. Imagen referencia (primera fila) e imagen test (segunda fila).	100
4.29. Resultados visuales de segmentación obtenidos por el algoritmo FCM con 10 grupos. Imágenes con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.	107
B.1. Etapas generales del los métodos de segmentación MRF. . . .	125
B.2. Esquema de la etapa de inicialización para segmentación MRF original.	126
B.3. Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF original.	126
B.4. Esquema de la etapa de de inicialización para variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm.	127
B.5. Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF+rML+rCL.	128
B.6. Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF+rMLm+rCLm.	128
C.1. Ejemplo del uso de la biblioteca de métodos desarrollada. . . .	134
C.2. Ejecutar el código fuente sobre consola.	135
C.3. Parte de la salida en la pantalla de la terminal al ejecutar el código C.1.	135
C.4. Ejemplo de la imagen segmentada por métodos de segmentación: a) MRF original. b) MRF+rML+rCL. c) MRF+rMLm+rCLm.	136
C.5. Ejemplo del archivo de texto que contiene la información de aspectos comparativos de la segmentación: a) MRF original. b) MRF+rML+rCL. c) MRF+rMLm+rCLm.	136

Índice de cuadros

4.1. Distribución de las imágenes de la base de datos BCDR-D01	63
4.2. Distribución de las vistas CC y MLO, respecto de la clasificación de las masas.	64
4.3. Clasificación de las masas respecto de la densidad registrada por el radiólogo.	64
4.4. Resultados de medida de contraste para las imágenes de prueba considerando métodos de preprocesamiento básicos.	75
4.5. Resultados de medida de contraste para las imágenes de prueba considerando métodos de preprocesamiento morfológico.	75
4.6. Resultados promedio de medida de contraste para imagen original y métodos de preprocesamiento seleccionados, clasificados por densidad mamaria.	75
4.7. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas redondas.	82
4.8. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas ovaladas.	82
4.9. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas lobuladas.	83
4.10. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas irregulares.	83
4.11. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas mezcladas.	83
4.12. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas redondas complejas.	88
4.13. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas ovaladas complejas.	88
4.14. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas lobuladas complejas.	88

4.15. Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas irregulares complejas.	88
4.16. Distribución de las imágenes después de eliminar aquellas que no cumplen con el criterio de contraste.	90
4.17. Distribución del total de masas ubicadas por el método propuesto respecto de la densidad registrada.	90
4.18. Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 1.	97
4.19. Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 2.	97
4.20. Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 3.	97
4.21. Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 4.	97
4.22. Resultados promedio de energía inicial y final para el conjunto total de imágenes.	99
4.23. Resultados de medidas de segmentación para tercer variante de segmentación MRF.	101
4.24. Resultados de medidas de segmentación para cuarta variante de segmentación MRF.	101
4.25. Medidas de segmentación promediadas sobre todas las densidades para ambas variantes de segmentación MRF.	101
4.26. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando SVM con kernel Gaussiano.	104
4.27. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando el sistema de ranking.	104
4.28. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando SVM con kernel Gaussiano.	104
4.29. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando el sistema de ranking.	104
4.30. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando SVM con kernel Gaussiano. Conjunto de 143 imágenes.	105

4.31. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando el sistema de ranking. Conjunto de 143 imágenes.	106
4.32. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando SVM con kernel Gaussiano. Conjunto de 143 imágenes.	106
4.33. Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando el sistema de ranking. Conjunto de 143 imágenes.	106
4.34. Resultados de medidas de segmentación para algoritmo FCM. Resultados promediados sobre el total de masas ubicadas. . . .	108
4.35. Comparación de medidas de segmentación promediadas sobre todas las densidades.	109
4.36. Comparación de resultados de detección obtenidos por el sistema de ranking considerando el valor AUROC. Conjunto de 118 imágenes	109
4.37. Comparación de resultados de detección obtenidos por el sistema de ranking considerando el valor AUROC. Conjunto de 143 imágenes	109
B.1. Clase segmentacionMRFaleatorio y métodos asociados.	129
B.2. Clase segmentacionMRFvariante3 y métodos asociados.	130
B.3. Clase Clase segmentacionMRFvariante4 y métodos asociados. . .	131

Resumen

Actualmente, el cáncer de mama es un problema de salud mundial que afecta principalmente a la población femenina. En lo que respecta a México, a partir del año 2006 se convirtió en la primera causa de muerte por neoplasia maligna en mujeres mayores de 25 años. Una manera efectiva de detectar el cáncer de mama es mediante el uso de mamografías digitales, las cuales son analizadas por un radiólogo quien busca anomalías relacionadas con este cáncer. Estas anomalías son, por ejemplo, las masas y las microcalcificaciones, siendo las primeras las más difíciles de detectar debido a la variabilidad que presentan respecto a su tamaño, forma y densidad. Aunado a esto, la interpretación de las mamografías es compleja, pues depende del entrenamiento y la experiencia del radiólogo.

En el ámbito computacional, la tarea de segmentación de masas se ha abordado desde diferentes enfoques, siendo el agrupamiento uno de los más utilizados. Más aún, debido a la posibilidad de acceder o adquirir información adicional, en forma de restricciones que permita un mejor agrupamiento, ha surgido el campo del agrupamiento semi-supervisado o agrupamiento restringido el cual permite incluir dicha información adicional.

Con el objetivo de incluir información adicional en el proceso de segmentación, el presente proyecto de tesis se enfoca en la implementación de algoritmos de segmentación de masas en mamografías empleando métodos de agrupamiento restringido. Estos métodos incluyen información en forma de restricciones sobre pares de píxeles.

Previo a la etapa de segmentación, considerando el hecho de que algunas mamografías presentan un bajo contraste que dificulta la tarea de detección de masas, se procede a realizar un preprocesamiento de las imágenes, lo cual incluye una selección del área de la mama y realce de contraste. Después de aplicarle a las imágenes diferentes métodos de mejoramiento se evalúan los

resultados de manera cuantitativa para seleccionar el mejor de ellos.

Una vez que se tiene la imagen preprocesada, el siguiente paso a desarrollar es la etapa de segmentación. Como se mencionó anteriormente, esta se basa en métodos de agrupamiento restringido, en particular, el método seleccionado está basado en campos aleatorios de Markov (*Markov Random Field*, MRF). Puesto que cualquier método de agrupamiento particional, restringido o no, se basa en la elección previa de puntos o vectores referencia llamados centroides, en este proyecto de tesis se propone elegir estos centroides como los centros de masa de las regiones de interés con tonos brillantes. Esto se hace como una analogía de los marcadores internos usados en la segmentación *watershed* controlada por marcadores. Por otro lado, un aspecto importante en los métodos de agrupamiento restringido es la adquisición de la información adicional por lo que en este trabajo se propone un método para la adquisición de restricciones a nivel de instancias. Como resultado principal de este proyecto de tesis se introducen cuatro variantes novedosas de segmentación derivadas del método básico de MRF.

Con la finalidad de realizar una evaluación cuantitativa de los métodos de segmentación propuestos, así como la comparación contra un método de agrupamiento tradicional como lo es C-medias difuso (*Fuzzy C-Means*, FCM), esta etapa de evaluación se divide en dos subetapas: la primera de ellas consiste en una evaluación, empleando medidas de segmentación supervisadas, de los resultados de segmentación obtenidos por los métodos considerados comparados con la segmentación manual de la masa. La segunda subetapa corresponde con la detección de masas, por lo que se emplean dos conjuntos de descriptores diferentes para caracterizar a las regiones de interés. En ambas subetapas se analizan, comparan y discuten los resultados obtenidos por las variantes propuestas y por el algoritmo FCM.

Publicaciones

Las publicaciones derivadas del presente trabajo de tesis son las siguientes:

1. Hernández-Hernández, S. y Cruz-Barbosa, R. (2018). Variants of Markov random field model using constrained clustering for mass segmentation in mammograms. Enviado a: *Computerized Medical Imaging and Graphics*.
2. Hernández-Hernández, S., Orantes-Molina, A. y Cruz-Barbosa, R. (2018). Improving Breast Mass Classification through Kernel Methods and the Fusion of Clinical Data and Image Descriptors. In *Proceedings of the 10th Mexican Conference on Pattern Recognition*, pages 258-266.

La publicación 1 presenta las variantes de segmentación del modelo de campos aleatorios de Markov (MRF) propuestas en este proyecto de tesis. Este trabajo representa la parte central de este proyecto de tesis y en él se explica cómo influyen las diferentes formas de penalizar el incumplimiento de restricciones para la decisión del etiquetado de píxeles.

La publicación 2 muestra los resultados experimentales de la clasificación de masas en benignas y malignas utilizando diferentes conjuntos de descriptores de imagen así como datos clínicos. El objetivo de la fusión de los conjuntos de descriptores con la información de los datos clínicos es encontrar la mejor combinación de ellos que mejores resultados obtenga. Así mismo, se realiza una comparativa entre diferentes clasificadores, puntualizando en las SVM con kernel lineal y kernel Gaussiano.

Capítulo 1

Introducción

El cáncer de mama es un problema de salud a nivel mundial que afecta principalmente a las mujeres, convirtiéndose además en la primera causa de muerte por neoplasia maligna dentro de la población femenina. Se estima que al año se registran cerca de 500 mil decesos debido a este tipo de cáncer [Cárdenas-Sánchez et al., 2015], lo cuál representa una tasa de mortalidad del 33 %. Esta tasa de mortalidad se agudiza más en países pobres, donde el 55 % de las muertes registradas por algún tipo de cáncer, se deben al cáncer de mama [Knaul et al., 2009], en contraste con los países occidentales donde la tasa de mortalidad es del 11 % [BCS, 2010]. Esta diferencia se debe en parte al conocimiento que tienen las personas sobre los síntomas iniciales, así como a la detección y tratamiento que ofrecen estos países respecto a este cáncer [INEGI, 2015]. En México el cáncer de mama se ha convertido en un creciente problema de salud, tanto por la mortalidad registrada como por los nuevos casos que se presentan cada año. Para el 2006, el 14 % de las muertes relacionadas con algún tipo de cáncer fueron debido al cáncer de mama, posicionándose así como la principal causa de mortalidad por tumor maligno dentro de la población femenina. En 2010 la mortalidad por cáncer en nuestro país era de 67 por cada 100 000 habitantes y se estima que para 2030 se diagnosticarán 24,386 mujeres y aproximadamente el 40 % de ellas morirá a causa del cáncer de mama [Chávarri-Guerra et al., 2012].

Para combatir el problema que representa el cáncer de mama se requiere de un programa de detección y control con la finalidad de obtener un diagnóstico temprano y adecuado. La manera más efectiva de detección de este cáncer es a través de las mamografías [Cheng et al., 2006, Kom et al., 2007,

Dubey et al., 2010], las cuales son un tipo particular de imágenes que se obtienen de la mama usando una baja dosis de rayos X. Estas imágenes de mamografía son analizadas por un radiólogo, quien busca anomalías como masas y microcalcificaciones, las cuales están relacionadas con la presencia del cáncer de mama. Debido a las características que presentan como lo son el tamaño, la forma y densidad, las masas son las anomalías más difíciles de detectar [Cheng et al., 2006, Kom et al., 2007, Dubey et al., 2010]. Otro reto al que se enfrentan los radiólogos al momento de realizar un análisis mamográfico es que dependen de su nivel de entrenamiento y experiencia para poder detectar las masas.

En el ámbito computacional, un sistema de detección asistido por computadora (CAD, por sus siglas en inglés) ayuda al radiólogo en la interpretación de las imágenes de mamografía. Un sistema CAD consta de varias etapas, como son, preprocesamiento de imágenes, segmentación de la imagen, extracción de características y clasificación [Shinde, 2003, Bozek et al., 2008]. La etapa de segmentación de la imagen es crucial para las etapas futuras del sistema CAD. El proceso de segmentación y detección de masas en imágenes de mamografías es un problema que sigue siendo investigado. Algunos de los métodos que se han utilizado para resolver este problema son los basados en contorno, basados en umbralización, basados en agrupamiento y basados en modelos [Oliver et al., 2010].

Este proyecto de tesis tiene como objetivo implementar un algoritmo basado en agrupamiento restringido para la segmentación de distintos tipos de masas, de tal forma que ayude a mejorar la detección de estas en imágenes de mamografías digitales. Para lograr esto, se realizarán las siguientes etapas: preprocesamiento de imágenes, segmentación de regiones y finalmente detección de masas.

1.1. Planteamiento del problema

A nivel mundial, el cáncer de mama es la primera causa de muerte por neoplasia maligna dentro de la población femenina con cerca de 500 mil decesos cada año. En lo que respecta a México, a partir del 2006 el cáncer de mama se convirtió en la primer causa de muerte por tumor maligno en las mujeres mayores de 25 años [Cárdenas-Sánchez et al., 2015]. Para reducir la incidencia de nuevos casos debido a este cáncer, se requiere de su detección

y diagnóstico en etapas tempranas, sin embargo, un estudio de 256 mujeres mexicanas con diagnóstico de cáncer de mama reveló que sólo el 10 % de ellas se diagnosticó en una etapa temprana [Knaul et al., 2008].

La detección del cáncer de mama se puede realizar de diferentes maneras, por ejemplo, mediante la autoexploración mamaria, examen clínico y mamografías, estas últimas utilizan radiación de rayos X para producir una imagen del seno [Knaul et al., 2008]. Diversos estudios concuerdan en que las mamografías son el método más efectivo para la detección del cáncer de mama [Cheng et al., 2006, Kom et al., 2007, Dubey et al., 2010]. Debido a los avances tecnológicos, para la detección de este cáncer actualmente se utilizan mamografías digitales, las cuales generan imágenes mamográficas de alta resolución lo que permite al radiólogo una mejor interpretación de las mismas.

Aunque las mamografías digitales permiten al radiólogo una mejor interpretación, la tarea de detección del cáncer de mama mediante un análisis mamográfico continua siendo un reto para este, ya que para realizarlo requiere de conocimiento y experiencia respecto a las principales anomalías relacionadas con la presencia de este cáncer. Estas anomalías son, por ejemplo, microcalcificaciones y masas, siendo las masas las más difíciles de detectar [Cheng et al., 2006, Kom et al., 2007, Dubey et al., 2010]. Algunos de los factores que hacen difícil la detección de masas son la variabilidad del tamaño, forma y densidad que presentan. Aunado a lo anterior, sus márgenes son difíciles de visualizar debido a que la intensidad que presentan es similar al tejido normal [Kom et al., 2007].

El objetivo de este proyecto es implementar un algoritmo de segmentación que permita aislar las regiones sospechosas de ser masas en una mamografía, así como implementar un procedimiento para detectar aquellas regiones que contengan masas. Para el proceso de segmentación, nuestra atención se centra en los métodos basados en agrupamiento restringido (ver Sección 2.2.2).

1.2. Justificación

Una de las razones que justifican el desarrollo de este proyecto es el hecho de que el cáncer de mama se ha convertido en un problema creciente de salud pública en México [Cárdenas-Sánchez et al., 2015]. Aunado a esto, diversos factores socio-económicos o bien, la falta de información sobre el cáncer de

mama ocasiona que la mayoría de estos casos sean detectados a través de una exploración física y en menor medida, mediante el análisis mamográfico [Knaul et al., 2008]. Otro punto que se toma en cuenta para la justificación del presente trabajo es que diversos estudios reportan que el desempeño de los radiólogos al realizar un análisis mamográfico es aproximadamente del 75 % [Kom et al., 2007].

Para ayudar en la problemática mencionada anteriormente, en este proyecto se plantea desarrollar un módulo de segmentación de masas basado en métodos de agrupamiento restringido, el cual se pretende, formará parte de un sistema de detección asistido por computadora (*Computer-Aided Detection*, CAD), con la finalidad de apoyar a los radiólogos en la interpretación de la imagen de mamografía.

De los diferentes tipos o categorías de métodos para segmentar imágenes, en este proyecto se utilizarán los métodos basados en agrupamiento, ya que son los más utilizados para la segmentación de masas [Oliver et al., 2010]. En particular, la razón de usar los métodos de agrupamiento restringido para la segmentación de masas, en lugar de los métodos basados en agrupamiento tradicional, es que los primeros se caracterizan por el uso de información adicional en forma de restricciones, lo cual sugiere una ventaja al compararse contra los métodos basados en agrupamiento tradicional. Adicionalmente, una vez que se tenga la segmentación, se realizará un procedimiento que ayude a detectar regiones que contengan masas.

1.3. Hipótesis

Es posible la segmentación de masas en mamografías utilizando métodos de agrupamiento restringido y obtener un desempeño similar o mejor a los métodos de segmentación que no usan información de pertenencia de algunos elementos como restricciones.

1.4. Objetivos

1.4.1. Objetivo general

Implementar un algoritmo basado en agrupamiento restringido para la segmentación de distintos tipos de masas, de tal forma que ayude a mejorar

la detección de éstas en imágenes de mamografías.

1.4.2. Objetivos específicos

1. Revisar el estado del arte sobre los métodos de segmentación basados en agrupamiento restringido y métodos de segmentación de masas tradicionales.
2. Seleccionar los métodos de preprocesamiento que ayuden a realzar la presencia de masas.
3. Seleccionar diferentes métodos de segmentación basados en agrupamiento con información de pertenencia de algunos elementos que permitan identificar los diferentes tipos de masas.
4. Implementar al menos dos métodos de segmentación basados en agrupamiento restringido que mejor segmenten los diferentes tipos de masas, respecto a una medida de segmentación.
5. Comparar el desempeño de los métodos implementados en el objetivo 4, en cuanto a detección de masas se refiere, con otro método de segmentación basado en agrupamiento tradicional.

1.5. Metas

1. Un reporte sobre métodos de segmentación de masas en imágenes de mamografía y métodos de agrupamiento restringido.
2. Implementación de al menos dos métodos de segmentación basados en agrupamiento restringido que permitan identificar los diferentes tipos de masas.
3. Generación de una biblioteca con los métodos de segmentación implementados en la meta anterior, en el lenguaje de programación Java.
4. Un cuadro comparativo del desempeño de la detección de masas de los métodos implementados.
5. Elaboración del documento de tesis.
6. Publicación de un artículo.

1.6. Trabajo relacionado

El problema de segmentación de imágenes ha sido abordado desde diferentes enfoques con el objetivo de aislar objetos presentes en las mismas. En el caso de imágenes de mamografía estos objetos son conocidos como regiones de interés, es decir, regiones donde se sospecha pueda existir una lesión relacionada con el cáncer de mama.

Una taxonomía general sobre los métodos de segmentación de masas los clasifica en métodos clásicos, difusos, sustracción bilateral y técnicas multiescala [Cheng et al., 2006]. Cada uno de estos métodos se explican en la Subsección 2.2.2. En el caso de los métodos clásicos, una subclasificación de ellos incluye a los métodos de crecimiento de regiones, basados en contornos y basados en agrupamiento, siendo éste último de los más empleados para la tarea de segmentación de masas [Oliver et al., 2010].

En el caso de los métodos de agrupamiento, éstos se pueden subdividir en métodos basados en agrupamiento restringido. En particular un método dentro de esta subcategoría que se ha utilizado para el problema de segmentación de masas, está basado en modelos de campos aleatorios de Markov (*Markov Random Field*, MRF). La segmentación de imágenes empleando este modelo se define como un problema de etiquetado óptimo, el cual es calculado a partir de la optimización de una función de energía. Esta función tiene como objetivo codificar tanto las observaciones de los datos como las restricciones que pudieran existir entre los mismos [Geman y Graffigne, 1986, Li, 1994].

En uno de los trabajos para la segmentación de imágenes médicas usando modelos MRF, la función de energía consta de tres términos donde el primero de ellos es el encargado de modelar las estadísticas de homogeneidad de los píxeles por región. El segundo término modela la continuidad de los bordes de cada región. Finalmente, el último término modela el ruido presente en la imagen [Chen y Metaxas, 2000].

En el caso de imágenes de mamografía estos modelos se han ocupado tanto para la segmentación de masas [Li et al., 1995, Barker y Rayner, 2000, Zhen y Chan, 2001, Suliga et al., 2008] como para la extracción de características en el caso de microcalcificaciones [Yu et al., 2006]. La función de energía empleada para la segmentación de masas en los trabajos mencionados coinciden con la integración de un término de verosimilitud y una energía *a priori*, donde esta última es la encargada de expresar las restricciones que

podieran existir en el conjunto de datos. Dichas restricciones suelen emplearse para indicar que pares de instancias deben de estar en el mismo grupo o bien, que pares deben de estar en grupos diferentes. Si bien la energía y en particular la energía *a priori* se expresa diferente en cada método, esta coincide en el objetivo de penalizar algunos elementos que no cumplan una determinada condición. Esta condición se puede entender como una restricción sobre pares de instancias que deben de pertenecer al mismo grupo. Sin embargo, en ninguna de las publicaciones revisadas en el estado del arte se incluye información de restricciones que indiquen los pares de instancias que deben de pertenecer a grupos diferentes.

Finalmente, un aspecto a considerar y que es común de los resultados de segmentación de masas [Zhen y Chan, 2001, Suliga et al., 2008] es que éstos dependen de las semillas o centroides iniciales considerados como vectores referencia o prototipos de los grupos.

1.7. Metodología

Para abordar el tema del cáncer de mama, se realizará un estudio sobre el dominio de este tipo de cáncer y los métodos que se han utilizado para abordarlo en el ámbito computacional. Debido a que existen varias anomalías relacionadas con la presencia del cáncer de mama, como lo son calcificaciones, microcalcificaciones, masas, y/o distorsión de la arquitectura, este proyecto está enfocado en el estudio de las masas.

Las imágenes de mamografías a utilizar en los experimentos son tomadas de la base de datos pública BCDR-DO1. Una vez que se tienen estas imágenes, el primer paso a realizar es un preprocesamiento, el cual permitirá la eliminación de ruido y realce de blancos. El objetivo de este paso es la eliminación de particularidades en la imagen que no sean de interés, más aún, el realce de blancos se debe a que generalmente las tonalidades de las masas son de este tipo. Después del paso de preprocesamiento, a las imágenes resultantes se les aplica un algoritmo de segmentación basado en agrupamiento restringido para extraer los objetos que sean sospechosos de ser masas. Debido a que las masas se pueden confundir con tejido mamario, entonces se procede a realizar un procedimiento de detección que permita determinar cuáles de esos objetos son masas. En la Figura 1.1 se muestran los pasos descritos anteriormente para realizar el proyecto.

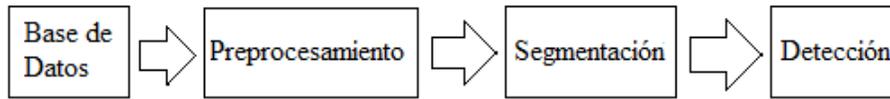


Figura 1.1: Metodología para realizar la detección de masas.

Por último, se muestran y se comparan los resultados obtenidos por dos métodos mediante una medida de segmentación. La redacción de este proyecto de tesis se realizará conforme se vayan concluyendo las secciones indicadas en el índice preliminar.

Capítulo 2

Marco teórico

En este capítulo se proporciona una breve descripción de los principales temas que sustentan este proyecto de tesis. En la primer sección se explica lo relacionado al cáncer de mama, así como el uso de las mamografías para su detección. En la segunda sección se presentan algunos métodos de preprocesamiento de imágenes, posteriormente se introducen a los métodos de segmentación y agrupamiento. Tanto el preprocesamiento como la segmentación se estudian primero para imágenes en general y se particulariza después para imágenes de mamografía. El tema de agrupamiento presenta a los métodos tradicionales y los métodos restringidos. En la tercera sección se describen algunos métodos que se han empleado o desarrollado para la tarea de detección de masas así como los descriptores que se han utilizado para caracterizarlas. Finalmente, en la cuarta sección se describen algunas medidas de segmentación supervisadas para una evaluación cuantitativa de los resultados obtenidos.

2.1. Detección del cáncer de mama mediante mamografías

En esta sección se presenta una breve explicación sobre el cáncer de mama así como la situación de esta enfermedad, tanto a nivel internacional como a nivel nacional. Se presenta además una descripción de las mamografías y los posibles hallazgos que se pueden encontrar relacionados con la presencia de cáncer de mama.

2.1.1. Cáncer de mama

El cáncer de mama es la formación de un tumor maligno el cual se origina por la mutación de células que crecen de forma anormal y desordenada, además, en etapas avanzadas del cáncer, estas se pueden diseminar a otras partes del cuerpo. La mayoría de los tumores se localizan arriba del pezón y en el extremo que da hacia la axila [Sanfilippo y Moreno-Hernández, 2008].

A nivel mundial, el cáncer de mama es la primera causa de muerte por neoplasia maligna dentro de la población femenina con cerca de 500 mil decesos por año y afecta tanto a países industrializados como a los menos desarrollados [INEGI, 2016, Cárdenas-Sánchez et al., 2015]. Sin embargo, hay una clara diferencia entre la mortalidad de estos países a causa de este cáncer, pues son precisamente los países menos desarrollados los que registran la mayoría de los decesos. Esto se debe principalmente a que el diagnóstico del cáncer se realiza en fases avanzadas, lo cual reduce la esperanza de vida de la paciente. Aunado a esto, la falta de acceso a servicios de salud, la falta de conciencia sobre la autoexploración mamaria o bien, a la falta de conocimiento de signos y de síntomas iniciales ocasionan una detección tardía del cáncer de mama [INEGI, 2015]. En lo que respecta a México, a partir del año 2006 el cáncer de mama se convirtió en la primer causa de muerte por tumor maligno en las mujeres mayores de 25 años, registrando un 14 % de las muertes relacionadas con algún tipo de cáncer. Para el año 2011, se tienen registros de 13,648 casos de cáncer de mama, de los cuales aproximadamente el 37 % de éstos fallecieron a causa de esta enfermedad [Cárdenas-Sánchez et al., 2015].

Los tipos de cáncer de mama más comunes son los *in situ* y los cánceres invasivos o infiltrantes. Los primeros se caracterizan por encontrarse localizados únicamente en el tejido mamario, es decir, aún teniendo un tamaño considerable, nunca superan las paredes del sitio donde se desarrollan. Por el contrario, el cáncer invasivo se propaga al tejido circundante del seno [ACS, 2016].

El cáncer de mama *in situ* a su vez se subdivide en:

- Carcinoma ductal *in situ*, también conocido como carcinoma intraductal, es un cáncer de seno no invasivo o preinvasivo.
- Carcinoma lobular *in situ*, también conocido como neoplasia lobular, se origina cuando las células cancerosas crecen en los lobulillos de las

glándulas productoras de leche del seno, pero no atraviesan la pared de los lobulillos.

De igual manera, el cáncer de mama invasivo se subdivide en:

- Carcinoma ductal invasivo (o infiltrante). Se caracteriza por comenzar en un conducto lácteo del seno, atraviesa la pared del conducto y crece en el tejido adiposo del seno. Este es el tipo más común de cáncer de seno.
- Carcinoma lobular invasivo (o infiltrante). Se origina en los lobulillos y se propaga por sus paredes al tejido adiposo luego a los canales linfáticos y al torrente sanguíneo.

El cáncer de mama tiene cinco estadios o etapas de desarrollo, cada una de las cuales representa el estado del tumor maligno y su consecuencia tanto en el tratamiento como en la probabilidad de supervivencia. La Etapa 0 es la etapa donde la paciente tiene mas probabilidades de supervivencia, con un 95 %, esto debido a que el tumor maligno se encuentra más focalizado y es fácilmente tratable. En la Etapa I la probabilidad de supervivencia es de 88 %, mientras que en la Etapa II baja a 66 %, para la Etapa III desciende a 36 % y, en la última etapa la probabilidad de supervivencia es tan solo del 7 %. Desafortunadamente, en México, el 90 % de los casos detectados están en Etapa III y IV [INEGI, 2016].

2.1.2. Uso de mamografías

Los procedimientos para la detección del cáncer de mama son la auto-exploración mamaria, examen clínico y el análisis mamográfico, siendo este último el único método que puede ofrecer una detección suficientemente oportuna [Brandan y Villaseñor, 2006]. Sin embargo, en México la mayoría de los casos de cáncer de mama son diagnosticados en etapas avanzadas, por lo que las mamografías son frecuentemente utilizadas para diagnóstico. Aunado a esto, una evaluación realizada en varias instituciones de salud en México, respecto a la capacidad de detección del cáncer de mama, reportó que la mayor deficiencia de estas instituciones es el diagnóstico tardío, relacionado con la falta de servicios especializados [Cárdenas-Sánchez et al., 2015].

La mamografía, también llamada mastografía, es una imagen plana obtenida de la mama a través de una baja dosis de rayos X. La importancia

del análisis mamográfico reside en el hecho de que es el único método que ha demostrado una disminución en el número de decesos a causa del cáncer de mama pues al permitir una detección temprana, reduce en aproximadamente el 30 % de las muertes en pacientes que se sometieron a este estudio [Cárdenas-Sánchez et al., 2015].

Las imágenes de mamografías se pueden adquirir a partir de diferentes ángulos de visión de la mama, las proyecciones estándar son Cráneo-Caudal (CC) y Media-Lateral-Oblicua (MLO). La CC es una proyección vertical, vista superior a inferior de la mama, en la que se puede observar con mayor precisión el tejido medial. La MLO es una proyección de entre 45 y 60° con respecto del eje de simetría del cuerpo de la paciente, la ventaja de esta proyección es que se puede observar todo el tejido mamario. Otras proyecciones adicionales son: lateral a 90°, cono de compresión, magnificación, Cráneo-Caudal exagerada, escote, cola axilar, tangencial y giro [SSA-CNEGSR, 2012].

Existen dos tipos de mamografías, estas son: la mamografía digital y la mamografía convencional. Si bien ambos tipos de mamografía se realizan mediante la misma técnica, éstas difieren en las imágenes que se obtienen pues en el primer caso se obtienen imágenes digitales mientras que en el segundo caso se obtienen radiografías fotográficas [Breastcancer, 2017]. La mamografía digital representa un avance tecnológico y una de las ventajas que presentan este tipo de mamografías es que permite la manipulación de las imágenes digitales, tanto para tener una mejor visualización de la misma como para agrandar o resaltar zonas que los radiólogos consideren como sospechosas. Otra ventaja es su fácil almacenamiento pues se guardan directamente en una computadora. Además, con el uso de las mamografías digitales se puede reducir el número de repeticiones y presenta mayores beneficios para las mujeres con tejido denso [Cárdenas-Sánchez et al., 2015].

Independientemente del tipo de mamografía que se emplee, éstas se utilizan para detección (mamografía de escrutinio o tamizaje) o diagnóstico (mamografía diagnóstica) del cáncer de mama. La mamografía de escrutinio se realiza en mujeres asintomáticas y se recomienda un estudio anual a partir de los 40 años de edad. La mamografía diagnóstica se aplica en el caso de que la mamografía de escrutinio haya resultado anormal de acuerdo a la clasificación BI-RADS (*Breast Imaging Reporting and Data Systems*). La mamografía de diagnóstico también se puede efectuar cuando la mama es densa, cuando haya una masa o bien exista un tumor palpable [Cárdenas-Sánchez et al., 2015].

Como se ha mencionado anteriormente, las mamografías permiten detectar anomalías relacionadas con el cáncer de mama, algunas de estas anomalías son: masas, calcificaciones, distorsión de la arquitectura y asimetría bilateral [Bozek et al., 2009], de las cuales las masas son las más difíciles de detectar. Las masas se definen como lesiones que ocupan un espacio 3D y son visibles en al menos dos proyecciones (CC y MLO). Las masas varían en forma, margen y densidad, por ejemplo una masa puede presentar una densidad baja, media o alta. Respecto a la forma estas pueden tener forma redonda, ovalada, lobulada o irregular. Respecto al margen este puede ser circunscrito, microlobulado, mal definido, oscurecido, o espiculado. Las Figuras 2.1 y 2.2 muestran las posibles formas y márgenes de una masa.

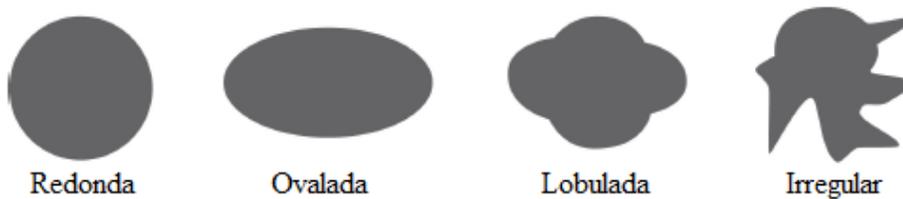


Figura 2.1: Formas de una masa. Figura tomada de [Pedro Gabriel, 2014].

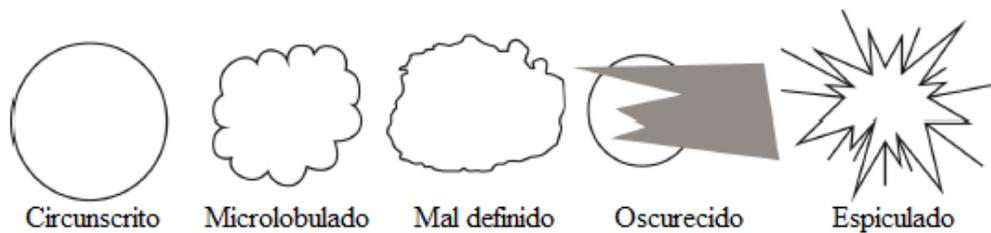


Figura 2.2: Márgenes de una masa. Figura tomada de [Pedro Gabriel, 2014].

Las calcificaciones son pequeños depósitos de minerales (calcio) que se encuentran en la mama en regiones de alta intensidad, y se pueden visualizar como manchas en la mamografía. Las calcificaciones pueden ser benignas o malignas, las primeras suelen ser más grandes y más gruesas con contornos redondos y lisos, mientras que las malignas tienden a ser numerosas, pequeñas y de forma irregular. La distorsión de la arquitectura se refiere a un cambio

anormal de la mama formándose lesiones finas y espiculadas que no están asociadas a la presencia de una masa [Bozek et al., 2009].

Como resultado de un análisis mamográfico, realizado por un radiólogo, se pueden tener resultados normales o anormales. En el caso de que el tejido mamario no muestre signos de una masa o microcalcificaciones se considera normal. Sin embargo, ante la presencia de estos dos signos, el resultado se considera anormal, por lo que es necesario seguir un tratamiento, o bien realizar exámenes adicionales para verificar el resultado del análisis mamográfico [Medline-Plus, 2016].

2.2. Métodos de segmentación

De acuerdo con la metodología presentada en la Sección 1.7, un paso previo a la tarea de segmentación es la etapa de preprocesamiento por lo que la Subsección 2.2.1 presenta algunos de los métodos que se han utilizado para dicha tarea. La Subsección 2.2.2 introduce, como primer tema, algunos métodos de segmentación de imágenes comunes en la literatura, clasificando primero a los métodos que se han empleado para la segmentación de imágenes en general y posteriormente particularizando en aquellos métodos que se han empleado en la segmentación de imágenes de mamografía. Como segundo tema dentro de esta subsección se estudian a los métodos de agrupamiento y los métodos de agrupamiento restringido. Finalmente, para concluir la subsección, se estudia lo referente a los métodos de segmentación que están basados en agrupamiento restringido.

2.2.1. Métodos de preprocesamiento

Algunos de los problemas que aparecen en la adquisición de imágenes se deben a diversos factores tales como el número y características de los objetos en la escena, así como la interrelación que presentan. Otros factores que influyen además son la variación en la iluminación o bien las sombras en la escena [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012]. Estos factores ocasionan muchas veces que las imágenes no presenten una calidad adecuada para su utilización en una tarea específica, y debido a que la mayoría de éstos son difíciles de controlar, surge la necesidad de una etapa de preprocesamiento de la imagen.

El objetivo principal del preprocesamiento de una imagen es mejorarla de modo que la imagen resultante cumpla con las características adecuadas para un determinado problema [Gonzalez y Woods, 2008]. Este mejoramiento tiene la finalidad de resaltar características importantes de la imagen o destacar información adicional de objetos. Así mismo, con el mejoramiento de la imagen se busca eliminar aquella información que no sea necesaria para la tarea especificada.

Los métodos de preprocesamiento de imágenes más comunes en la literatura se pueden clasificar en tres categorías, a saber, los métodos basados en operaciones puntuales, locales y globales. Los primeros hacen referencia a aquellos métodos donde el mejoramiento de la imagen depende solamente del valor del píxel que se esté tratando. En los métodos basados en operaciones locales, el mejoramiento de la imagen depende tanto del valor del píxel de entrada así como de los valores de los píxeles en una determinada vecindad de dicho píxel. Finalmente los métodos globales dependen de la información de toda la imagen para realizar el mejoramiento. Cada uno de estos métodos pretende una mejora en el contraste, bordes, así como la eliminación o atenuación del ruido [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012].

Una de las motivaciones que se tiene al emplear operaciones puntuales para el preprocesamiento de una imagen es el hecho de que las expresiones matemáticas que se emplean son sencillas, además de que los métodos basados en este tipo de operaciones muestran una alta velocidad en su ejecución. Algunos tipos de operaciones puntuales para el preprocesamiento de una imagen son la modificación de la ganancia, la transformación logarítmica paramétrica y la transformación exponencial paramétrica. En la modificación de la ganancia (MG), para cada píxel (i, j) de una imagen de entrada I , la imagen de salida I' se obtiene mediante la siguiente ecuación:

$$I'(i, j) = \alpha I(i, j) + \beta,$$

donde α es el factor de ganancia y β es llamado corrimiento. El factor α controla el contraste y produce un cambio en el histograma, mientras que el término β controla la brillantez mediante un desplazamiento a la derecha o a la izquierda, dependiendo del valor que se le asigne. En general no hay restricciones para los valores que puedan tomar α y β , pues una característica de este método es que valores fuera de los límites de intensidad serán llevados a los límites, es decir, en nuestro caso valores menores a 0 se convertirán en 0

y valores mayores a 255 serán llevados a 255. Sin embargo, hay combinaciones de los valores de α y β que ocasionan que el mejoramiento sea erróneo, estos valores son:

$$\begin{cases} \alpha = 0 & \text{y} & \beta = 0, \\ \alpha = 0 & \text{y} & \beta \neq 0, \\ \alpha = 1 & \text{y} & \beta = 0. \end{cases}$$

En cualquiera de estos casos la imagen resultante es de una sola tonalidad o bien coincide con la imagen de entrada.

Como se mencionó anteriormente, la transformación logarítmica (T-Log) es otro método de preprocesamiento basado en operaciones locales. Esta transformación tiene como objetivo el resaltar las partes oscuras de una imagen, de manera tal que los detalles en esas zonas se hagan más visibles. Así, para cada píxel (i, j) de una imagen de entrada I , la imagen de salida I' se obtiene mediante la siguiente ecuación:

$$I'(i, j) = \frac{\log(1 + (e^k - 1)I(i, j))}{k},$$

donde k es un parámetro que selecciona la posición de la curva logarítmica a usar.

En contraste con la transformación logarítmica, está la transformación exponencial (T-Exp), la cual tiene como objetivo mejorar los detalles en las áreas más claras de la imagen. Esta transformación está dada por la siguiente ecuación:

$$I'(i, j) = \frac{(1 + k)^{I(i, j)} - 1}{k},$$

donde k es un parámetro que controla los cambios de la transformación.

Los métodos de preprocesamiento basados en operaciones locales se motivan en el hecho de poder resaltar o atenuar, por zonas, detalles de la imagen mediante un análisis más preciso de los niveles de gris. Los métodos basados en este tipo de operaciones hacen uso de vecindades, las cuales comúnmente son de tamaño $n \times n$. Si bien no hay restricciones sobre el tamaño de una vecindad, es común que éstas tengan un tamaño impar, más aún, los tamaños de vecindad más usados son los de 3×3 o 5×5 .

Finalmente, respecto a los métodos de preprocesamiento de imágenes basados en operaciones globales, éstos suelen tener mayor costo computacional,

debido a las operaciones que emplean para su funcionamiento, tales como el cálculo de transformadas (Fourier, Hadammar, Wash). Sin embargo en esta categoría existen métodos más simples, como se había mencionado anteriormente, la ecualización y el estiramiento del histograma son ejemplos de ello [Cheng et al., 2006].

Métodos de preprocesamiento aplicados a imágenes de mamografía

Aunado a los problemas que se tienen al momento de adquirir una imagen, (presentados al inicio de la Subsección 2.2.1), algunas razones que justifican el preprocesamiento de imágenes de mamografía es que estas presentan un bajo contraste. Lo anterior ocasiona que las masas sean difíciles de detectar, esto además del ruido que tienen debido a la estructura natural de la mama [Cheng et al., 2006, Lewis y Dong, 2012].

El preprocesamiento de las imágenes de mamografía se hace con la finalidad de ampliar el contraste entre los objetos y el fondo, tratando con esto el proporcionar al objeto una intensidad relativamente uniforme y obtener representaciones confiables del mismo. Más aún, diversos estudios demuestran que el incluir una etapa de preprocesamiento de imágenes mejora los resultados obtenidos en etapas de segmentación y detección de masas [Cheng et al., 2006, Rojas-Dominguez y Nandi, 2008, Kom et al., 2007] .

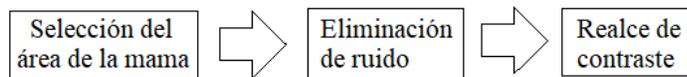


Figura 2.3: Etapas del preprocesamiento de imágenes de mamografía.

Para llevar a cabo el preprocesamiento de imágenes de mamografía se plantean tres etapas, a saber, selección del área de la mama, eliminación de ruido y realce de contraste [Álvarez et al., 2006]. La Figura 2.3 muestra dichas etapas.

La etapa de selección del área de la mama tiene como objetivo principal el simplificar la imagen de mamografía en una imagen que contenga, únicamente, la región correspondiente con el objeto de interés, conocida como región de interés. Como consecuencia inmediata de esta simplificación se reduce el área de trabajo y por lo tanto, también el tiempo de procesamiento en etapas futuras.

Para seleccionar el área de la mama se plantean dos subetapas, la primera de ellas consiste en una binarización de la imagen de entrada con el fin de obtener una imagen de dos intensidades. Este proceso de binarización se realiza mediante la elección, por el método de Otsu, de un umbral T , el cual representa el límite entre las áreas oscuras (fondo) y las áreas brillantes (mama). Así, para cada píxel (i, j) de la imagen de entrada I , la imagen binarizada B se construye como:

$$B(i, j) = \begin{cases} 1, & I(i, j) > T, \\ 0, & I(i, j) \leq T. \end{cases}$$

La imagen B resultante es empleada en la segunda subetapa para realizar el corte de la imagen original. Para ello se ubican los píxeles límite entre el objeto y el fondo en dirección vertical y horizontal. Estos píxeles nos indican hasta donde se recortará la imagen original y de esta manera conservar solo la parte que contiene a la mama.

La segunda etapa en el preprocesamiento de imágenes de mamografía corresponde a la eliminación de ruido. El ruido en una imagen hace referencia a información no deseada que la contamina, por lo que el objetivo de este paso es la eliminación de particularidades en la imagen que no sean de interés. Si bien por la estructura natural de la mama se tiene la presencia de ruido, comúnmente éste aparece durante el proceso de adquisición y digitalización de la imagen. Cabe mencionar que la base de datos con la que se trabajará en este proyecto de tesis es digital, es decir, las mamografías fueron obtenidas con la ayuda de un mastógrafo digital, por lo que el ruido por adquisición presente en las mismas es mínimo.

Finalmente, la última etapa del preprocesamiento es el realce de contraste, el cual se puede realizar mediante un enfoque local, global o multiescala [Cheng et al., 2006]. Generalmente, para el preprocesamiento de imágenes de mamografía, es conveniente combinar los enfoques para un mejor resultado.

Dentro del enfoque de procesamiento local, el siguiente método de realce de contraste conjunta una variante de la transformación logarítmica y la transformación exponencial vistas al inicio de esta subsección. En este caso, dada una imagen de entrada I con G_{max} el máximo nivel de gris de la misma se definen, por experimentación, las constantes a y α donde a representa un factor que controla la curva (logarítmica o exponencial) a usar y α representa

el límite entre las áreas oscuras y las áreas brillantes de la imagen. Estos tres elementos se emplean para el cálculo del término b de la siguiente manera:

$$b = \frac{1 - e^{-\frac{G_{max}}{\alpha}}}{G_{max}}.$$

Así, para cada píxel (i, j) en la imagen de entrada, la imagen mejorada I' se construye mediante las siguientes reglas:

- (i) Si $I(i, j) < \alpha$ entonces $I'(i, j) = a \log(1 + bI(i, j))$.
- (ii) Si $I(i, j) \geq \alpha$ entonces $I'(i, j) = \frac{e^{\frac{I(i, j)}{a}} - 1}{b}$.

La regla del primer inciso indica que si la intensidad de la imagen de entrada I en la posición que indica el píxel (i, j) es menor que el límite definido por α , es decir, tratamos con un píxel cuya tonalidad es oscura, entonces, el efecto de la transformación logarítmica es mejorar los detalles en dichas áreas. Por el contrario, la regla del inciso (ii) mejora los detalles en las áreas más claras de la imagen. Llamaremos a este método T-LE.

Para describir los métodos, basados en el enfoque global, consideremos una imagen de entrada I de tamaño $M \times N$, cuyo rango de intensidades se encuentra en el intervalo $[G_{min}, G_{max}]$. Consideremos además el histograma $H(i')$ de la imagen, el cual se define como la frecuencia de aparición en que se repite cada uno de los i' niveles de grises presentes en I .

El primer método a analizar es la ecualización del histograma (*Histogram Equalization*, HE). En este caso, para cada intensidad j' presente en la imagen de entrada I , la imagen de salida I' se construye mediante la siguiente ecuación:

$$I(j') = G_{min} + (G_{max} - G_{min}) \sum_{i'=G_{min}}^{j'} \frac{H(i')}{M \times N}, \quad \forall j' \in [G_{min}, G_{max}], \quad (2.1)$$

donde:

$$\sum_{i'=G_{min}}^{j'} \frac{H(i')}{M \times N},$$

es el histograma acumulativo normalizado.

Como se mencionó anteriormente, el objetivo de la HE es obtener un histograma lo más uniforme posible, sin embargo, debido a que para mejorar la imagen se opera de manera global esto ocasiona que no se considere la información local de cada píxel, con lo que puede existir un bajo contraste en regiones pequeñas. Para solucionar este problema existen dos variantes de la HE, estas son: la HE multipicos (*Multipeak Histogram Equalization*, MPHE) y la HE adaptativa (*Adaptive Histogram Equalization*, AHE).

La MPHE consiste en seleccionar l picos del histograma, es decir, aquellas l intensidades con mayor número de píxeles. De esta manera, el histograma original queda dividido en l subintervalos y cada uno de ellos se ecualiza ocupando la Ecuación (2.1). Para el caso de la AHE, se define una vecindad de $n \times n$ y se ecualiza cada ventana usando nuevamente la Ecuación (2.1).

Otro de los métodos para el realce de contraste basado en el ajuste de histogramas y que opera de manera global se conoce como estiramiento del histograma (*Histogram Stretching*, HS) y tiene como objetivo ampliar el contraste de la imagen. En este caso, de manera adicional necesitamos conocer el nuevo intervalo de intensidades al cual será trasladado el histograma original, es decir, necesitamos conocer $[G'_{min}, G'_{max}]$. Así, para cada píxel (i, j) de la imagen de entrada, la imagen de salida I' se construye mediante la ecuación:

$$I'(i, j) = G'_{min} + (I(i, j) - G_{min}) \left(\frac{G'_{max} - G'_{min}}{G_{max} - G_{min}} \right).$$

Dependiendo de los valores de G'_{min} y G'_{max} , este método también se puede emplear para reducir el contraste de una imagen.

Una ventaja de los métodos que toman un enfoque global es que éstos son efectivos para mejorar la imagen completa cuando ésta tiene un bajo contraste, sin embargo, no son eficientes para mejorar la textura. Por el contrario, los métodos de preprocesamiento que adoptan un enfoque local si son eficientes para mejorar la textura. Ésta es una razón por la cual es conveniente ocupar más de un enfoque de procesamiento. Más aún, es común primero realizar una mejora de la imagen con un método de enfoque global y posteriormente mejorarla con uno de enfoque local [Cheng et al., 2006].

Finalmente, dentro del enfoque de procesamiento multiescala, otro método para incrementar el contraste requiere de tres escalas de la imagen, cada una de la mitad de tamaño que la anterior [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008].

En general, para este método se pueden utilizar m escalas y definir la proporción a la que serán escaladas cada una de ellas. Una vez que se definen las escalas que se deseen, por cada una de ellas se calcula su media (μ_T), desviación estándar (σ_T) y una matriz de parámetros (PM). Este método aparte de tener un enfoque multiescala está basado en una mejora estadística de la imagen (*Statistically based enhancement*, SBE).

La construcción de la matriz de parámetros se hace con base en 4 reglas, las cuales involucran el uso de la media y la desviación estándar tanto de la escala correspondiente como de la ventana sobre la que se esté operando. La definición de las reglas se hace considerando el hecho de que en regiones brillantes, como las masas, se tiene una media grande y una desviación estándar pequeña, mientras que en el caso de las regiones heterogéneas, como el tejido glandular, se tiene una media y una desviación estándar relativamente grande. De esta manera, las reglas con las que se construye la matriz de parámetros son las siguientes:

- i) Si $\mu_v < \mu_T$ y $\sigma_v < \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = \gamma > 1$.
- ii) Si $\mu_v < \mu_T$ y $\sigma_v \geq \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = \gamma \approx 1$.
- iii) Si $\mu_v \geq \mu_T$ y $\sigma_v < \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = \gamma < 0.5$.
- iv) Si $\mu_v \geq \mu_T$ y $\sigma_v \geq \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = \gamma < 1$.

donde μ_v y σ_v la media y la desviación estándar de la ventana. El valor exacto de γ se calcula de manera experimental (ver Sección 4.2).

Una vez que se ha construido la matriz de parámetros, para cada píxel (i, j) en la imagen original, la imagen mejorada I'_{escala} se construye mediante la siguiente ecuación:

$$I'_{escala}(i, j) = G'_{min} + (G'_{max} - G'_{min}) \left[\frac{I(i, j) - G_{min}}{G_{max} - G_{min}} \right]^{PM(i, j)}. \quad (2.2)$$

La imagen mejorada I'_{escala} se calcula para cada una de las escalas que se definieron. Finalmente, cada una de las tres escalas se regresa al tamaño de la imagen original y se combinan, mediante una combinación lineal, para producir la imagen mejorada final.

Preprocesamiento morfológico

Las técnicas de procesamiento digital de imágenes que se han derivado de la morfología matemática también se han empleado para el preprocesamiento de imágenes de mamografía [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008, Dubey et al., 2010, Lewis y Dong, 2012]. Su importancia radica en el hecho de que usando operaciones morfológicas, se pueden cuantificar aspectos de la estructura geométrica contenida en una imagen, de manera que éstas concuerden con la percepción humana. Para su funcionamiento, este tipo de operaciones hace uso de un conjunto llamado elemento de estructura o elemento estructurante [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012]. Una de las ventajas de utilizar métodos basados en operaciones morfológicas es el hecho de que al definir los elementos estructurantes con un tamaño adecuado, se pueden eliminar vasos sanguíneos o músculo pectoral [Chu et al., 2015], por ejemplo.

Las transformaciones que se han empleado para el realce de contraste en mamografías son la transformación de sombrero de copa (*Top-Hat*) y apertura (*Opening*) [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008, Rodríguez-López et al., 2013]. El uso de la transformación de sombrero de copa se debe a que permite extraer las zonas brillantes de una imagen en niveles de grises. Por otro lado, la apertura tiende a suavizar el contorno de los objetos y a eliminar los picos, así como desconectar conjuntos y suprimir las componentes conexas más pequeñas [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012].

Así, un enfoque que se basa en las propiedades de los filtros morfológicos para el preprocesamiento de imágenes de mamografía propone un mejoramiento de la imagen dependiente del patrón de la masa [Li et al., 2001]. El algoritmo es llamado transformación morfológica dual (T-MD), y consiste en aplicar dos operaciones morfológicas *Top-Hat* con diferentes elementos estructurantes, seguidas por una sustracción. Esto es, sea I la imagen original, y sea B_1 un elemento estructural definido como un disco cuyo radio es menor que el radio (r_1) de la masa más pequeña. La primera operación *Top-Hat* se aplica para extraer las texturas sin la información del patrón de interés, mediante la siguiente ecuación:

$$TH1(i, j) = \text{máx}(0, [I(i, j) - (I \circ B_1)(i, j)]),$$

donde $(I \circ B_1)$ es la apertura de la imagen original por el elemento estructurante B_1 . La segunda operación *Top-Hat* es empleada para hacer una correc-

ción de fondo en la imagen original. La imagen $TH2$ resultante se construye como:

$$TH2(i, j) = \text{máx}(0, [I(i, j) - (I \circ B_2)(i, j)]),$$

donde $(I \circ B_2)$ es la apertura de la imagen original por el elemento estructurante B_2 , definido como un disco cuyo radio (r_2) es mayor que el radio de la masa más grande. Finalmente, la imagen mejorada I' se obtiene como:

$$I'(i, j) = \text{max}(0, [TH2(i, j) - TH1(i, j)]).$$

Este método de mejora de contraste se puede modificar de tal manera que ahora el radio del elemento estructurante ocupado para obtener $TH2$ se calcula como:

$$r'_2 = \frac{\text{mín}(maxSize, breastDiam)}{2}, \quad (2.3)$$

donde $maxSize$ es el diámetro de la masa más grande y $breastDiam$ es el ancho máximo de la mama. La imagen resultante es llamada $TH2'$

Con el objetivo de obtener una imagen que contenga todas las regiones de interés con tamaño entre $[r_1, r'_2]$, se resta $TH1$ de $TH2'$ y a la imagen resultante se le aplica la transformación apertura con la finalidad de reducir el ruido que se originó de la sustracción. Esta última imagen recibe el nombre de TH_dif . Por otro lado, la imagen de apertura que se utilizó para obtener $TH2'$ es normalizada obteniendo así una nueva imagen llamada $imOpenU$. Para obtener la imagen mejorada final, se realiza una multiplicación entre las imágenes $imOpenU$ y TH_dif [Rodríguez-López et al., 2013]. Llamaremos a este preprocesamiento como transformación morfológica dual modificada (T-MDM).

Otro método para el preprocesamiento de imágenes basado en el mejoramiento morfológico se enfoca primero en remover aquellos objetos que sean más grandes que las masas, utilizando elemento estructurante B_1 con forma de disco y cuyo radio se especifica de tal manera que el disco sea más grande que la masa de mayor tamaño. La imagen mejorada se obtiene mediante transformación *Top-Hat* de la siguiente manera:

$$TH(i, j) = \text{máx}(0, [I(i, j) - (I \circ B_1)(i, j)]),$$

donde $(I \circ B_1)$ es la apertura de la imagen original por el elemento estructurante B_1 . Finalmente, la imagen mejorada final se obtiene al eliminar los

objetos que sean menores al tamaño de las masas. Para ello, se aplica la transformación de apertura a la imagen TH con un elemento estructurante B_2 , definido como un disco de radio menor al radio de la masa más pequeña, esto es:

$$I_1(i, j) = (TH \circ B_2)(i, j).$$

De manera adicional, las intensidades de la imagen mejorada I_1 son mapeadas al intervalo $[0, 255]$, mediante un estiramiento de contraste lineal, obteniendo así una nueva imagen mejorada I' [Chu et al., 2015]. Llamaremos a este preprocesamiento como transformación de apertura modificada (T-AM).

2.2.2. Segmentación y agrupamiento

La segmentación es una de las etapas cruciales de cualquier sistema de análisis de imágenes, su objetivo principal es el de separar objetos de interés de aquellos que no son relevantes para el problema que se esté abordando. En general, los métodos de segmentación se pueden categorizar en cuatro tipos distintos, los cuáles son: los métodos basados en el umbralado a partir del histograma, basados en la detección de discontinuidades, basados en la propiedad de similitud de los valores de los niveles de gris y los heurísticos [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012].

En los métodos basados en el umbralado a partir del histograma, se obtiene un umbral de comparación para el agrupamiento de los píxeles. El método más conocido dentro de esta categoría es el método de Otsu. Para determinar el valor del umbral adecuado en dicho método, una manera es maximizar el cociente de la varianza entre las clases con respecto de la varianza interna de las clases.

Para los métodos basados en la detección de discontinuidades, la imagen en cuestión es dividida a partir de cambios bruscos en los niveles de gris de los píxeles. Es decir, en este caso se detectan los bordes y/o líneas de una imagen. Los bordes se pueden obtener ya sea a partir del cálculo del gradiente, a través de máscaras de Sobel, o bien, a través del Laplaciano. El método de detección de bordes usando las máscaras de Sobel es de los más comunes. Otros métodos que de igual manera basan su operación sobre máscaras son los basados en el operador de Kirsh o en el operador de Robinson. Otras formas de detección de bordes son los métodos basados en el operador de homogeneidad y en el operador diferenciador. Sin embargo, el operador de

Canny es uno de los métodos más eficientes para obtener los bordes en una imagen. Esta eficiencia se debe a que este método se basa en tres criterios que son: buena detección, buena localización y respuesta única.

Los métodos basados en la propiedad de similitud de los valores de los niveles de gris usan criterios de homogeneidad para la agrupación de píxeles. Se dividen en dos subcategorías: el crecimiento de regiones y la fusión y división de regiones. El crecimiento de regiones es un procedimiento que de acuerdo a algún criterio de similitud seleccionado agrupa píxeles dentro de regiones más grandes, a partir del conocimiento de puntos llamados generadores o semillas. Sin embargo, la selección de este píxel semilla presenta una dificultad para este método. La selección de esta semilla se puede hacer a partir de los picos del histograma de la imagen, o bien a partir de la elección del usuario. Otro problema del crecimiento de regiones es la determinación de un criterio de paro. Por otra parte, el método de fusión y división de regiones es opuesto al de crecimiento de regiones, en este caso se comienza bajo el supuesto de que la imagen ya es homogénea bajo algún criterio, y en el caso de no cumplirse esto, se divide la imagen en 4 subimágenes, hasta que cada una de estas divisiones cumpla el criterio de homogeneidad. Finalmente, cuando todas las subimágenes ya son homogéneas, se fusionan aquellas que cumplan un segundo criterio de homogeneidad.

Finalmente, los métodos heurísticos basan su operación en el conocimiento previo de la imagen a segmentar y en la experiencia del observador, e incluyen en muchas ocasiones los métodos de segmentación supervisados.

Debido a que la segmentación de imágenes se basa en métodos tradicionales como el umbralado, el cálculo del gradiente o el crecimiento de regiones, donde el número de iteraciones utilizadas, la presencia de ruido, entre otros factores que afectan su desempeño, surge la necesidad de desarrollar métodos más robustos a estos factores. Uno de ellos es el de modelos deformables o por contornos activos, el cual permite la interacción con un experto quien puede aportar su experiencia cuando se requiera. Basa además su funcionamiento en el uso de energías (internas y externas). Este método es conocido también como serpientes (*snakes*). Una desventaja de este método es que los resultados de la segmentación son dependientes de la ubicación del contorno inicial.

Métodos de segmentación aplicados a imágenes de mamografías

En el análisis de imágenes de mamografía, la tarea de segmentación tiene mucha importancia, pues una segmentación incorrecta de una lesión (masa) puede derivar en diagnósticos erróneos para una paciente. Por esta razón, diversos investigadores han centrado su atención en la investigación y/o desarrollo de nuevos métodos de segmentación y detección de masas en imágenes de mamografía. Es así como en el contexto del problema del cáncer de mama, la segmentación de masas se ha abordado desde diferentes perspectivas.

Una taxonomía general de métodos de segmentación de masas en imágenes de mamografía los divide en métodos supervisados y no supervisados [Oliver et al., 2010]. En la primer categoría se encuentran los métodos basados en modelos. Éstos son capaces de aprender en mamografías que contienen masas la variación en forma y tamaño de la misma, y en mamografías donde no hay masas aprenden características de cómo es una región normal. En la segunda categoría están los métodos basados en región, basados en contornos y basados en agrupamiento. Éstos y otros métodos de segmentación no supervisada aplicada a imágenes de mamografía se describen más adelante. Una jerarquía dentro de estos métodos sitúa a los basados en agrupamiento como los más utilizados seguidos por los basados en modelos. Finalmente, los menos utilizados son los basados en regiones y basados en contornos.

Respecto de la segmentación no supervisada, una taxonomía de los métodos de segmentación de masas en mamografías los clasifica en cuatro categorías principales a saber, los métodos clásicos, difusos, sustracción bilateral y técnicas multiescala [Cheng et al., 2006]. La primer categoría se divide a su vez en métodos basados en umbralización global, umbralización local, clasificación iterativa de píxeles, detección de ejes y comparación de plantillas. En lo que respecta a la umbralización global, esta se basa en información global como el histograma. Estos métodos son útiles pues las masas generalmente son más brillantes que el tejido que las rodea, sin embargo, al depender solamente del umbral global, estos métodos no son buenos para la identificación de regiones de interés (*Region of Interest*, ROI). Así, para refinar los resultados de la umbralización global se realiza una umbralización local en la cual, debido a que el valor del umbral local se calcula a partir de la intensidad de los píxeles vecinos, se mejora la detección de ROIs.

Otros métodos dentro de la primer categoría de esta taxonomía son la

clasificación iterativa de píxeles y la detección de ejes. En la clasificación iterativa de píxeles, los métodos más comunes son: crecimiento de regiones, agrupamiento y los modelos MRF y campo aleatorio de Gibbs (*Gibbs Random Field*, GRF). Por otra parte, los métodos más comunes de detección de ejes son los mostrados al inicio de esta subsección. Sin embargo, en lo que respecta a la segmentación de masas, los métodos de detección de ejes basados en filtros son los más usados, por ejemplo el filtro de iris, filtro Gaussiano, filtros lógicos y modelos deformables.

Por último, el método de comparación de plantillas consiste en definir una plantilla parecida a la masa [Oliver et al., 2010]. Este método se implementa para detectar masas con márgenes circunscritos, por lo que la definición de las plantillas considera un patrón circular, considerándose además que las masas tiene una densidad uniforme y un contraste alto [Lai et al., 1989]. La plantilla se conforma de tres números: 0, 1 y -1. En el centro de la plantilla se encuentran los 1's y representan el área de la masa. Rodeando los 1's, los 0's representan el borde de la masa. Finalmente, el borde exterior de la plantilla se rellena con -1's para representar el fondo oscuro. En [Oliver et al., 2010] se puede encontrar un ejemplo de una plantilla para detectar masas de 5 píxeles de diámetro.

Respecto a los métodos difusos, estos se subdividen en umbralización difusa y crecimiento de regiones difuso. Los métodos basados en sustracción bilateral requieren de las mamografías de la mama izquierda y derecha. Aquí, se alinean ambas imágenes de mamografía respecto al pezón y se realiza la resta de ambas imágenes, el resultado es identificado como región sospechosa. Algunas de las desventajas que presentan estos métodos son, por ejemplo, la diferencia de tamaños en las mamas, la asimetría en las imágenes de mamografía debido a la adquisición, orientación y compresión de la mama.

Finalmente, en la última categoría presentada están los métodos multiescala, los cuales basan su funcionamiento en transformadas Wavelet discretas. Estos métodos muestran buenos resultados pues sin tener información a priori, son capaces de preservar la forma de la ROI. Sin embargo, la principal desventaja a la que se enfrentan estos métodos es la selección de los wavelets madre. Aunado a esto, la modificación de las funciones de peso no es una tarea fácil de realizar.

Otra alternativa para abordar el problema de segmentar masas plantea un algoritmo basado en programación dinámica llamado programación dinámica

mejorada basada en el trazado de límites 2 (*Improved Dynamic Programming based Boundary Tracing 2*, ID²PBT) [Rojas-Dominguez y Nandi, 2007]. Utilizando este algoritmo se llega a la conclusión de que al emplearlo para segmentar masas se obtienen mejores resultados comparados con los obtenidos a través de sus predecesores, el algoritmo de programación dinámica mejorada basada en el trazado de límites (*Improved Dynamic Programming based Boundary Tracing*, IDPBT) y el algoritmo de programación dinámica basada en el trazado de límites (*Dynamic Programming based Boundary Tracing*, DPBT).

Otro de los métodos propuestos para la segmentación de las masas se hace mediante un método llamado rebanada de densidad (*density slicing*), el cual ya había sido propuesto previamente en [Mudigonda et al., 2001]. Este método convierte las imágenes mejoradas en imágenes binarias a través de umbrales. En cada iteración, se produce una imagen binaria reasignando el valor de los píxeles a 1 cuando estos están por encima del umbral actual en la mamografía, mientras que todos los demás píxeles se ponen a cero. Este proceso continúa hasta que toda la mama haya sido segmentada o bien, hasta que el valor umbral alcanza un mínimo preestablecido [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008].

Otros métodos para abordar el problema de segmentar masas son la segmentación de conjuntos de nivel (*Level Set Segmentation*, LSS) y segmentación *watershed* controlada por marcadores (*Marker-Controller Watershed*, MCW) [Dubey et al., 2010]. El método LSS se basa en la propagación de curvas o superficies a partir de factores intrínsecos, como la curvatura de las regiones, o factores extrínsecos, como la intensidad o la textura. La propagación de estas curvas se realiza mediante una función, la cual suele definirse como una función de distancia respecto a una superficie llamada frente o interfaz. Una desventaja de este método es que requiere de la elección previa de factores que son críticos para su desempeño final tales como la elección de una posición inicial o de la función de velocidad de propagación. Respecto al método MCW, se basa en el cálculo del gradiente, el cual lo realiza ocupando el operador de Sobel. El cálculo del gradiente refleja el comportamiento de los objetos pues este es bajo dentro de los mismos y alto en sus bordes. La necesidad de incorporar marcadores al método *watershed* es que si se usa sin ellos se puede obtener una sobresegmentación.

El método de contornos activos se ha utilizado también para la segmen-

tación de masas en el caso particular de las masas con margen espiculado [Reyes López, 2015]. En este caso se emplean dos metodologías, basadas en la transformada de Radón y mapas de orientación de la imagen, como indicadores de regiones donde es posible que exista una masa espiculada.

Por otra parte, también hay métodos compuestos para detección de masas con tres etapas: mejoramiento de la imagen, segmentación de regiones y binarización [Kom et al., 2007]. En la primer etapa del método se obtiene una imagen mejorada y para la etapa de segmentación, ésta se realiza mediante la resta de la imagen original y la imagen mejorada. La etapa de binarización es la encargada de determinar si la región obtenida a partir de la etapa de segmentación es o no una masa.

Métodos de agrupamiento

De manera general un método de agrupamiento es un procedimiento de agrupación de una serie de objetos o individuos, descritos por vectores, de acuerdo con un criterio. Estos criterios son por lo general la distancia o similitud que hay entre los elementos del conjunto de datos, los cuales se denominan patrones o instancias. Los grupos obtenidos tienen la característica de contener objetos que son más similares entre sí que los objetos que están en otros grupos [Coleman y Andrews, 1979]. La característica principal del agrupamiento reside en el hecho de que permite identificar tendencias dentro de un conjunto de datos.

Una manera de representar un conjunto de datos X , es mediante una matriz de $n \times d$:

$$X = \begin{pmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1d} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2d} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nd} \end{pmatrix}$$

donde cada fila de la matriz representa un patrón x_i con d características, es decir, $x_i = \{x_{i,1}, \dots, x_{i,d}\}$, $i = 1, \dots, n$.

La clasificación de los métodos de agrupamiento no es única, sin embargo, tradicionalmente pueden clasificarse en agrupamiento jerárquico y agrupamiento particional. El agrupamiento jerárquico a su vez puede clasificarse en

métodos aglomerativos y divisivos, mientras que el agrupamiento particional se subclasifica en algoritmos de reubicación, partición basada en densidad, agrupamiento probabilístico, entre otros [Berkhin, 2006].

Los métodos de agrupación jerárquica buscan crear una jerarquía de grupos, la cual se puede representar gráficamente mediante el uso de un dendograma. Los métodos aglomerativos (*bottom-up*) comienzan con cada patrón del conjunto de datos en su propio grupo y van fusionando sucesivamente el par de grupos más parecido. Los métodos divisivos (*top-down*) comienzan con un grupo que contiene todos los patrones del conjunto de datos y divide recursivamente en subgrupos hasta que se alcance un criterio de parada. Este criterio es generalmente el número de grupos solicitados k .

Por otro lado, los métodos de agrupamiento particional encuentran todos los grupos simultáneamente como una partición de los datos y no imponen una estructura jerárquica. De esta manera, un problema de agrupamiento particional es aquel donde un usuario desea obtener una partición Π_X de un conjunto de datos X , de tal manera que se cumpla que:

$$\begin{aligned}\Pi_X &= \pi_1 \cup \pi_2 \cup \dots \cup \pi_k, \\ \cap \pi_i &= \emptyset, \text{ para } i = 1, \dots, k,\end{aligned}$$

donde k es el número de grupos que se desea obtener [Basu et al., 2009].

Dentro de la subclasificación de los métodos de agrupamiento particional, los algoritmos de reubicación se caracterizan por reasignar los patrones de forma iterativa entre los k grupos, con lo cual, estos algoritmos mejoran gradualmente los grupos obtenidos. Dependiendo de cómo son elegidos los representantes de los grupos, se tienen los algoritmos de *k-medoids* y *k-means*. En los métodos de agrupamiento particional basados en densidad, un grupo se define como una componente densa conectada que crece en cualquier dirección indicada por la densidad y debido a esto, son capaces de descubrir grupos de formas arbitrarias. Respecto de los métodos de agrupamiento probabilísticos consideran que los datos provienen de distribuciones de probabilidad.

Los métodos de agrupamiento pueden categorizarse también en dos tipos: el agrupamiento supervisado y el no supervisado. El primero requiere de la interacción con un experto para establecer los criterios de agrupación mientras que el segundo decide los criterios de agrupación por sí mismo, por lo que no necesita de la interacción con el experto [Ramani et al., 2013].

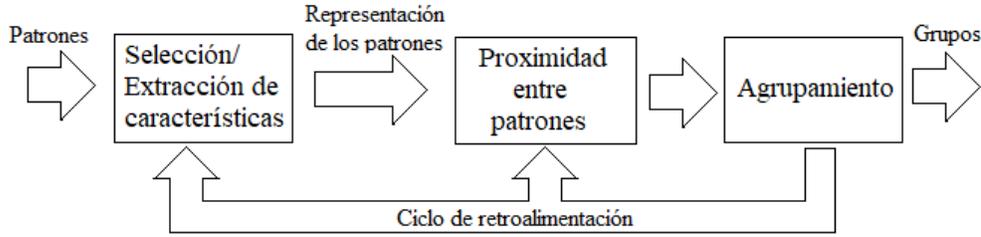


Figura 2.4: Etapas de un sistema de agrupamiento.

Un sistema de agrupamiento comprende tres etapas, las cuales se encuentran resumidas en la Figura 2.4. La primera de ellas es la selección y extracción de las características. La selección de características se refiere al proceso de identificar al subconjunto más eficiente del conjunto de características usadas en el agrupamiento, mientras que la extracción de características hace referencia al uso de una o más transformaciones de las características de entrada para producir nuevas características de salida. El objetivo de esta etapa es obtener una representación de los patrones y así poder definir una medida de proximidad entre ellos. Usualmente esta medida está dada por una función de distancia definida a pares de patrones.

Una de las distancias más usuales es la distancia Euclidiana, definida como:

$$d(x_i, x_j) = \sqrt{\sum_{l=1}^d (x_{i,l} - x_{j,l})^2}.$$

El atractivo que tiene el uso de la distancia Euclidiana en espacios de dos o tres dimensiones es que nos permite evaluar la idea intuitiva que se tiene sobre la proximidad entre pares de patrones.

Otra distancia comúnmente empleada, y que considera la correlación lineal entre las características es la distancia Mahalanobis definida como:

$$d_M(x_i, x_j) = (x_i - x_j)\Sigma^{-1}(x_i - x_j)^T,$$

donde Σ^{-1} es la matriz de covarianza.

La última etapa es el paso de agrupamiento y para llevarlo a cabo se puede emplear alguno de los métodos de agrupamiento jerárquico o particional mencionados previamente. Adicionalmente, en muchos problemas de agrupamiento es necesario agregar una etapa de validación de grupos, es decir,

medir que tan bueno es el agrupamiento resultante. Sin embargo, muchas veces el análisis de validez está basado en un criterio de optimalidad próximo a la subjetividad [Jain et al., 1999].

Métodos de agrupamiento restringido

Los algoritmos de agrupamiento se caracterizan por identificar grupos coherentes basados en una combinación de lo que se supone como estructura de grupo y en la distribución de los datos observados. Es decir, buscan una agrupación natural en los datos sin la necesidad de agregar información extra. Sin embargo, en algunos casos se puede tener acceso a información adicional sobre cómo deberían de ser los grupos resultantes. Esta información puede ser en forma de restricciones por pares de instancias, es decir, pares de instancias etiquetadas como elementos pertenecientes al mismo grupo o a grupos diferentes. El problema resultante es conocido como agrupamiento semi-supervisado con restricciones [Basu et al., 2006].

El campo del agrupamiento semi-supervisado con restricciones o simplemente agrupamiento restringido surge de la necesidad de desarrollar métodos capaces de utilizar la información adicional disponible [Basu et al., 2006]. Como se mencionó anteriormente, esta información está dada en forma de restricciones por pares de instancias conocidas como restricciones de instancias que deben vincularse (*must-link*, ML) y restricciones de instancias que no deben vincularse (*cannot-link*, CL). Las primeras indican cuando dos instancias deben de estar en el mismo grupo y se expresan como $c_{ML}(i, j)$. Por otro lado, las restricciones que no deben vincularse, indican que instancias no pueden estar en el mismo grupo y se expresan como $c_{CL}(i, j)$ [Basu et al., 2009]. Alternativamente, a las restricciones de instancias que deben vincularse se les conoce también como restricciones de equivalencia mientras que a las restricciones de instancias que no deben vincularse se les denomina restricciones de no equivalencia [Basu et al., 2006]. En este proyecto de tesis las llamaremos restricciones de tipo ML y restricciones de tipo CL, respectivamente.

En general, las restricciones a nivel de instancias tienen propiedades interesantes, por ejemplo, para el caso de las restricciones de tipo ML, éstas cumplen con una relación de equivalencia, es decir, cumplen con las propiedades de reflexividad, simetría y transitividad. Y es precisamente esta última propiedad la que hace importante a dichas restricciones pues a partir del conocimiento de algunas de ellas se pueden inferir más restricciones de tipo

ML sobre el conjunto de datos. Por otro lado, las restricciones de tipo CL no cumplen con una relación de equivalencia por sí mismas, sin embargo, al complementarlas con restricciones de tipo ML se pueden inferir más restricciones de tipo CL.

Otro enfoque para incorporar restricciones a nivel de instancias surge de considerar declaraciones sobre la “verdadera” distancia o similaridad entre pares de instancias. Desde esta perspectiva entonces, las restricciones de tipo ML y CL se entienden como la cercanía o lejanía entre pares de instancias, respectivamente. En otras palabras, ahora una restricción de tipo ML, $c_{ML}(i, j)$, implica que x_i y x_j deben de estar muy cerca mientras que una restricción de tipo CL, $c_{CL}(i, j)$, implica que x_i y x_j deben de estar lo suficientemente alejadas para no ser agrupadas juntas.

Algunos métodos de agrupamiento restringido sólo se enfocan en usar un tipo de restricción a nivel de instancia, sin embargo, un mejor enfoque es emplear los dos tipos de restricciones. De esta manera, un problema de agrupamiento restringido abordado desde esta perspectiva consiste en, dado un conjunto de datos X , un conjunto de restricciones de instancias que deben vincularse C_{ML} , un conjunto de restricciones de instancias que no deben vincularse C_{CL} , encontrar una distancia D que minimiza:

$$\sum_{c_{ML}(x,y)} D(x, y),$$

y maximiza:

$$\sum_{c_{CL}(x,y)} D(x, y).$$

Es decir, se busca acercar, minimizando la distancia, a aquellas instancias que sabemos que deben vincularse mientras que se alejan, maximizando la distancia, a aquellas instancias que no deben vincularse.

Es común considerar a las restricciones como suaves, pues es posible que en el agrupamiento, algunas de ellas no se cumplan. Para sobrellevar este problema, generalmente se incluyen costos (pesos) de violación asociados al incumplimiento de las restricciones [Basu et al., 2006]. Este punto se aborda a detalle en la Sección 3.3.

Adicionalmente a la información proporcionada por las restricciones sobre pares de instancias, también se puede tener información sobre los grupos por

sí mismos, tales como su posición, identidad, tamaño mínimo y máximo, distribución, etc. En algunos algoritmos de agrupamiento, como el *k-means*, se puede dar el caso de que un grupo quede sin elementos, por lo que es necesario imponer una restricción sobre el número mínimo de elementos que cada grupo pueda tener a fin de evitar grupos vacíos. Para ello, se incorporan restricciones explícitas de tamaño mínimo de los grupos en la función objetivo con el fin de garantizar que cada grupo contenga al menos un número de puntos especificado previamente.

Finalmente, otra forma de agregar información involucra al usuario, quien, mediante un enfoque interactivo para el agrupamiento restringido, puede proporcionar restricciones de manera iterativa para refinar los grupos hacia una agrupación deseada. Al igual que el aprendizaje activo, este enfoque permite que el esfuerzo humano se concentre únicamente en aquellas relaciones que el algoritmo no puede deducir correctamente por sí mismo.

Métodos de segmentación basados en agrupamiento restringido

El algoritmo *k-means* es uno de los algoritmos clásicos de agrupamiento particional, sin embargo, cuando éste se aplica a la segmentación de imágenes surgen dos problemas. El primero de ellos es el hecho de que este algoritmo no utiliza restricciones espaciales. El segundo problema es que se supone que cada grupo está caracterizado por un nivel de intensidad constante [Pappas, 1992].

Así, una generalización del algoritmo de agrupamiento *k-means*, aplicado a este problema, se caracteriza por ser adaptativa e incluir el uso de restricciones espaciales, estas últimas mediante el uso de un modelo GRF [Pappas, 1992]. Este algoritmo emplea una función de intensidad para caracterizar a cada región. La forma en que opera este método es que inicialmente las funciones de intensidad son constantes en cada región, más aún, se consideran iguales a los centroides de la etapa de inicialización del algoritmo *k-means*. En cada iteración del algoritmo, las intensidades se actualizan calculando el promedio sobre los valores de intensidad de una ventana que se desplaza sobre toda la imagen y cuyo tamaño disminuye progresivamente. Así, el algoritmo comienza con estimaciones globales y se adapta a las características locales de cada región. Esta es una de las características que ocasionan que este algoritmo sea mejor, respecto a la segmentación de imágenes, que el algoritmo *k-means*. Más aún, al incorporar un esquema adaptativo,

presenta un mejor desempeño que otros algoritmos que si bien incorporan el uso de restricciones espaciales, son no adaptativas.

Otra propuesta en el marco de agrupamiento de píxeles, aplicado a la segmentación de masas en mamografías digitales, se basa en el modelo MRF el cual es un modelo de clasificación estadística [Suliga et al., 2008]. En éste caso, la tarea de agrupamiento se define como un problema de etiquetado de píxeles. Esto es, los píxeles son etiquetados basándose en la descripción de su información estadística y contextual, donde ésta última se refiere a la descripción de la dependencia espacial entre píxeles y sus etiquetas (contexto).

Comúnmente, en un problema de etiquetado los píxeles son llamados “sitios” (*sites*) además, se denota al conjunto de ellos como $S = \{1, \dots, n\}$, el cual representa los objetos que serán etiquetados y $\mathcal{L} = \{1, \dots, m\}$ es el conjunto de etiquetas. En este proyecto de tesis empleamos el término píxel para describir el problema de etiquetado, entendiendo ahora al conjunto S como el conjunto que indexa a los píxeles a etiquetar. De esta manera, el problema de segmentación es formulado como encontrar el etiquetado óptimo de la imagen de entrada. Esto es, para cada píxel se encuentra la región a la cual pertenece, donde además la clase del píxel es especificada por una etiqueta de clase, x_s , la cual es modelada como una variable aleatoria y toma valores en \mathcal{L} . Así, el etiquetado óptimo $\hat{\mathbf{x}}$ es aquel que maximiza la probabilidad *a posteriori* $P(\mathbf{x}|\mathbf{y})$, donde $\mathbf{x} = \{x_1, \dots, x_n\}$ y la variable aleatoria $\mathbf{y} = \{y_1, \dots, y_n\}$ corresponde con las características observables de la imagen.

En este caso, $P(\mathbf{x}|\mathbf{y})$ se puede modelar como un campo aleatorio de Markov de la forma:

$$P(\mathbf{x}|\mathbf{y}) = Z^{-1} e^{\frac{U(\mathbf{x}|\mathbf{y})}{T}},$$

donde Z es una constante de normalización, T es llamado sistema de temperatura y $U(\mathbf{x}|\mathbf{y})$ es la energía posterior. Esta última se puede expresar como una suma de la energía *a priori* $U(\mathbf{x})$ y la verosimilitud $U(\mathbf{y}|\mathbf{x})$, esto es:

$$U(\mathbf{x}|\mathbf{y}) = U(\mathbf{x}) + U(\mathbf{y}|\mathbf{x}).$$

La energía *a priori* $U(\mathbf{x})$ expresa la relación entre las etiquetas de píxeles vecinos, agrupados en los llamados cliques, por lo que controlan la homogeneidad de las regiones. Esta relación se modela a través de cliques de primer y/o segundo orden. En general, el orden de un clique indica el número de píxeles incluidos, esto es, los cliques de primer orden incluyen un píxel, los

cliqués de segundo orden incluyen pares de píxeles vecinos, etc. En particular, la energía *a priori* $U(\mathbf{x})$ se puede expresar como la suma sobre todos los cliques potenciales de segundo orden:

$$U(\mathbf{x}) = \sum_{i \in S} \sum_{j \in \mathcal{N}_i} V(x_i, x_j),$$

con \mathcal{N}_i como la vecindad del píxel i . Un caso particular del modelo de Ising se puede emplear para definir al clique potencial $V(x_i, x_j)$ (ver Sección 3.3).

El segundo término de la energía es la verosimilitud, la cual expresa la información sobre las observaciones (características de la imagen) $V(\mathbf{y}_i | \mathbf{x}_i)$ y se puede calcular como:

$$U(\mathbf{y} | \mathbf{x}) = \sum_{i \in S} V(\mathbf{y}_i | \mathbf{x}_i).$$

Finalmente, la solución al problema de etiquetado óptimo se encuentra como una minimización de la energía $U(\mathbf{x} | \mathbf{y})$, es decir:

$$\hat{\mathbf{x}} = \underset{x}{arg \text{mín}} U(\mathbf{x} | \mathbf{y}).$$

La función de energía juega un doble papel en este método. Por un lado, guía al algoritmo mediante la verosimilitud para asignar al píxel i a su etiqueta correspondiente. Por otro lado, a través de la energía *a priori* se trata de minimizar la incoherencia espacial del etiquetado. Son precisamente estas dos características lo que generan un mejor desempeño de la segmentación basada en el modelo MRF. Para más información de este modelo de segmentación, la Sección A presenta el pseudocódigo de dicho modelo.

Por otro lado, también existen extensiones de métodos de segmentación tradicionales que integran restricciones como el crecimiento de regiones restringido (*Constrained Region Growing*, CRG) [Rojas-Dominguez y Nandi, 2009]. A diferencia del crecimiento de regiones tradicional en el cual cada píxel se va agregando a una región de acuerdo a cierto criterio de crecimiento, generalmente basado en el nivel de intensidad de gris, el CRG introduce información geométrica, la cual mejora los resultados de la segmentación. Dicha información geométrica se basa en el conocimiento previo de las formas que serán segmentadas. De esta manera la información se presenta como una función de restricción la cual tiene como objetivo evitar que se agreguen píxeles que

difieren de la forma de referencia, o bien, que están demasiado alejados de la semilla. En el ámbito de la segmentación de masas en imágenes de mamografías, una desventaja de este método es que supone que la mayoría de las masas que aparecen en una mamografía tienen una forma aproximadamente circular.

Otro método de agrupamiento tradicional que se ha extendido para incluir información adicional es el algoritmo difuso *C-means* (*Fuzzy C-means*, FCM). La necesidad de incluir dicha información surge del hecho de que un píxel con ruido se puede clasificar erróneamente debido a sus características. Así, una de estas versiones propuestas para resolver este problema es el algoritmo FCM espacial (*spatial Fuzzy C-means*, sFCM) [Chuang et al., 2006]. Este algoritmo incorpora información espacial de los píxeles mediante el uso de una función espacial h_{ij} , que representa la probabilidad de que un píxel x_j pertenezca al i -ésimo grupo. Las ventajas del sFCM son, por ejemplo, que obtiene regiones más homogéneas comparadas con las regiones obtenidas por otros métodos y es menos sensible al ruido.

Otra generalización del FCM es el algoritmo FCM kernelizado (*Kernelized Fuzzy C-Means*, KFCM) [Ramani et al., 2013], el cual implementa restricciones espaciales obteniendo así una mejor segmentación comparado con la segmentación obtenida usando FCM. Este algoritmo se generaliza de FCM mediante la modificación de la función objetivo utilizando una distancia inducida por el kernel (núcleo) en lugar de la distancia Euclidiana que se ocupa en FCM. Una de las desventajas de KFCM es la elección del kernel de tal manera que se asegure una agrupación óptima. Es por ello que se plantea el tener múltiples kernels, surgiendo así el algoritmo FCM de múltiples kernels (*Multiple Kernel Fuzzy C-Means*, MKFCM). Una de las ventajas de la segmentación de imágenes basada en MKFCM es la flexibilidad en la selección de las funciones del kernel en diferentes formas y para diferentes tipos de información. Es decir, se refleja y fusiona la información de la imagen de múltiples fuentes heterogéneas u homogéneas [Ramani et al., 2013].

2.3. Métodos de detección de masas

Los métodos de segmentación de masas en imágenes de mamografía presentados en la Subsección 2.2.2 devuelven como salida regiones de interés, es decir, regiones donde se sospecha que existe una lesión. Para determinar si

dicha región corresponde con masa o tejido es necesario realizar una etapa de detección en la cual, de acuerdo a sus características, se pueda hacer dicha determinación.

Esta etapa a su vez se puede dividir en dos subetapas, la primera de ellas consiste en caracterizar a la ROI para lo cual es necesario calcular sus descriptores. Tales descriptores pueden ser respecto de su intensidad, forma y textura [Cheng et al., 2006]. La base de datos pública utilizada BCDR-D01 contiene información de estos descriptores y son empleados en [Moura y López, 2013] para caracterizar el grado de severidad de la masa, es decir, si se trata de una masa benigna o maligna. Los descriptores de intensidad incluidos en la base de datos se calculan sobre los píxeles que están dentro de la región marcada por el radiólogo. Estos descriptores son la media, desviación estándar, asimetría, curtosis, y valor de intensidad mínimo y máximo. Los descriptores de forma considerados son el área, perímetro, centro de masa, circularidad, elongación, forma, solidez y extensión. Finalmente, los descriptores de textura son calculados a partir del rectángulo más pequeño que contiene a la masa y se calculan a partir de la matriz de co-ocurrencia de niveles de gris (*Gray level Co-Occurrence Matriz*, GLCM). Los descriptores de textura reportados en la base de datos son la energía, contraste, correlación, suma de cuadrados, homogeneidad, suma promedio, suma entropía, suma varianza, entropía, diferencia varianza, diferencia entropía y medida de información de correlación 1 y 2. En [Moura y López, 2013] se encuentra una descripción de estas características así como la forma de calcularlos.

Como se había mencionado anteriormente, estos descriptores son empleados en [Moura y López, 2013] para la clasificación de masas en benignas y malignas, es decir, la clasificación no es respecto de regiones correspondientes con masa o tejido. En contraste, algunos de los descriptores de imagen que se han empleado en [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008] para caracterizar a masas y a tejido se pueden clasificar en cuatro clases. La primer clase incluye descriptores básicos de forma como lo son área, perímetro, longitud del eje mayor, longitud del eje menor, excentricidad, orientación, diámetro equivalente, solidez y extensión. La segunda clase incluye descriptores de región básicos, que caracterizan las propiedades geométricas de la región, por ejemplo la compacidad, dispersión y dispersión II [Nixon y Aguado, 2012]. La tercer clase incluye descriptores de intensidad y morfológicos, estos son media del gradiente en la región, media del gradiente del borde, varianza del nivel de gris, la varianza de la distancia al borde y diferencia de intensidad

[Qian et al., 1999, Zhen y Chan, 2001]. Finalmente, la última clase incluye la dimensión fractal la cual es una medida de auto-similaridad de un objeto a diferentes escalas [Nam y Choi, 1998]. En [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008] se encuentra una descripción de estas características así como la forma de calcularlos.

La segunda etapa inicia una vez que las características han sido calculadas para la ROI, pues éstas pueden formar la entrada para un clasificador cuya salida puede ser tejido sano o masa. Los clasificadores que se han usado en el caso de imágenes de mamografía son análisis de discriminante lineal, redes neuronales artificiales, redes Bayesianas, árboles de decisión binaria, máquinas de soporte vectorial (*Support Vector Machines*, SVM) o bien, una combinación de clasificadores [Cheng et al., 2006]. Si bien éstos clasificadores han sido comúnmente aplicados para la clasificación de masas en benignas o malignas, éstos también se pueden emplear para hacer la clasificación de tejido y masa.

Un método de detección de masas que no se basa en un clasificador es el propuesto por [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008]. En este caso, la selección de regiones sospechosas se hace por medio de un sistema de ranking que se basa en la idea de que, idealmente, todas las propiedades que representan anormalidades deben de estar en un rango de valores mientras que las propiedades de regiones que son tejido sano deben de estar fuera de ese rango. Si bien en la realidad sucede que el rango de valores que describen a regiones sospechosas se pueda traslapar con el rango de valores que describe a regiones sanas, se espera que la mayoría de los valores se encuentren concentrados alrededor de un valor específico y entre un rango fijo. Por lo tanto, la detección de masas debe de ser realizada considerando un umbral apropiado para cada característica de la región.

El valor específico y el rango fijo se calculan, para cada masa conocida, como la media de cada propiedad y el rango es la desviación estándar de la misma propiedad multiplicada por un factor α . La media de la propiedad es considerada como el centro de una zona de puntaje cuya extensión es precisamente la desviación estándar multiplicada por el valor de α .

Para calcular el puntaje de la i -ésima región, son comparados el valor absoluto de la diferencia entre el conjunto de propiedades \bar{x}_i y el conjunto de medias $\bar{\mu}$ contra el límite de la zona de puntaje, es decir, $\alpha\bar{\sigma}$. Así, un puntaje de 1 es asignado si dicha diferencia queda dentro de la zona de puntaje, sino

entonces se asigna un valor de cero. Esto es:

$$\bar{Z}_i = \begin{cases} 1, & |\bar{x}_i - \bar{\mu}| \leq \alpha\bar{\sigma}, \\ 0, & |\bar{x}_i - \bar{\mu}| > \alpha\bar{\sigma}. \end{cases}$$

En este caso \bar{Z}_i es un vector que muestra cuantas y cuales propiedades de cada región están dentro de la zona de puntaje. El tamaño de éste vector es igual al número de propiedades que se emplean para describir a cada imagen.

Para calcular el puntaje final de cada región i , el puntaje se divide entre la desviación estándar y la norma de este resultado es considerado el puntaje final, esto es:

$$rank_i = \left\| \frac{\bar{Z}_i}{\bar{\sigma}} \right\|.$$

Una vez que los puntajes de todas las regiones son calculadas, el algoritmo selecciona a aquellas l regiones con mayor puntaje, donde l es el número de regiones deseadas. Para mamografías, el valor de l es generalmente 1, pues es el número de masas que se espera en una imagen.

2.4. Medidas de segmentación

En el caso de la segmentación de imágenes es común realizar una evaluación visual de la calidad de la segmentación, es decir, se tiene una evaluación subjetiva de los resultados obtenidos. Sin embargo, es preferible realizar una evaluación y comparación cuantitativa de los algoritmos de segmentación de imágenes [Unnikrishnan et al., 2005, Unnikrishnan y Hebert, 2005].

Para realizar dicha evaluación se han propuesto diferentes medidas de segmentación, las cuales requieren de una imagen de referencia segmentada por algún experto humano, o bien por otro método de segmentación. Esta imagen es considerada como la imagen de referencia a partir de la cual se realiza la evaluación de la segmentación. Las medidas dentro de esta categoría son llamadas supervisadas [Unnikrishnan et al., 2005]. Para la evaluación de los métodos de segmentación nos concentramos en tres medidas, a saber, índice probabilístico Rand normalizado (*Normalized Probabilistic Rand*, NPR) [Unnikrishnan et al., 2005], variación de la información (*Variation of Information*, VoI) [Meilă, 2003] y error de consistencia global (*Global Consistency*

Error, GCE) [Martin et al., 2001]. A continuación se describen cada una de estas medidas.

Para entender el índice NPR primero presentamos el índice probabilístico Rand (*Probabilistic Rand*, PR) [Rand, 1971]. Este índice realiza un conteo de los pares de píxeles cuyas etiquetas son consistentes entre la imagen segmentada (S_{test}) y la imagen de referencia (S_{Ref}) y se calcula como sigue:

$$PR(S_{test}, S_{Ref}) = \frac{1}{\binom{N}{2}} \sum [\mathbb{I}(l_i^{S_{test}} = l_j^{S_{test}})p_{ij} + \mathbb{I}(l_i^{S_{test}} \neq l_j^{S_{test}})(1 - p_{ij})], \quad (2.4)$$

donde $\binom{N}{2}$ es el total de pares posibles en los píxeles de la imagen, \mathbb{I} es la función identidad, p_{ij} realiza un conteo de cuantos píxeles tienen la misma etiqueta en la imagen de referencia y se calcula como:

$$p_{ij} = \mathbb{I}(l_i^{S_{Ref}} = l_j^{S_{Ref}}). \quad (2.5)$$

El valor de este índice se encuentra en el intervalo $[0,1]$ donde un valor de 1 indica segmentaciones idénticas. Un valor de cero indica que no hay similitud en ambas imágenes lo cual puede suceder cuando una de ellas esta sobresegmentada.

El proceso de normalización del índice PR se puede realizar ocupando la fórmula siguiente:

$$\text{Indice Normalizado} = \frac{\text{Indice} - \text{Valor Esperado}}{\text{Indice Max} - \text{Valor Esperado}}.$$

Así, lo primero para realizar la normalización es calcular el valor esperado ($\mathbb{E}[PR(S_{test}, S_{Ref})]$) como sigue:

$$\mathbb{E}[PR(S_{test}, S_{Ref})] = \frac{1}{\binom{N}{2}} \sum [p'_{ij}p_{ij} + (1 - p'_{ij})(1 - p_{ij})],$$

donde p_{ij} se calcula como en la Ecuación 2.5. Para calcular el valor de p'_{ij} se hace uso del conjunto total de segmentaciones manuales. Sea Γ el número de imágenes en el conjunto de datos, el valor p'_{ij} se puede calcular como:

$$p'_{ij} = \frac{1}{\Gamma} \sum_{\Gamma} \mathbb{I}(l_i^{S_{\Gamma}} = l_j^{S_{\Gamma}}).$$

De esta manera, p'_{ij} realiza un promedio de cuantos píxeles tienen la misma etiqueta en cada una de las segmentaciones de referencia. Considerando que el índice PR alcanza su valor máximo en 1, el índice normalizado PR se calcula como:

$$NPR(S_{test}, S_{Ref}) = \frac{PR(S_{test}, S_{Ref}) - \mathbb{E}[PR(S_{test}, S_{Ref})]}{1 - \mathbb{E}[PR(S_{test}, S_{Ref})]}. \quad (2.6)$$

El valor de este índice se encuentra en el intervalo $[-1,1]$, donde el valor de 1 indica una consistencia exacta de las etiquetas en ambas segmentaciones. Valores negativos están asociados con una sobresegmentación en la imagen de test.

La segunda medida considerada es la VoI la cual es un criterio para comparar dos agrupamientos del mismo conjunto de datos. Básicamente este criterio mide la cantidad de información ganada y perdida al cambiar del agrupamiento \mathcal{C} al agrupamiento \mathcal{C}' . La Figura 2.5 muestra un diagrama de los valores de entropía de los agrupamientos, así como la información compartida por los mismos, esto para un mejor entendimiento de la VoI. Una manera de calcular esta medida es como sigue:

$$VoI(\mathcal{C}, \mathcal{C}') = H(\mathcal{C}) + H(\mathcal{C}') - 2I_m(\mathcal{C}, \mathcal{C}'), \quad (2.7)$$

donde

$$H(\mathcal{C}) = - \sum_i p(i) \log(p(i))$$

es la entropía asociada al grupo \mathcal{C} . De manera similar se define la entropía asociada al grupo \mathcal{C}' . La entropía siempre es no negativa, más aún, ésta toma un valor igual a cero cuando no existe incertidumbre. Por otro lado, $I_m(\cdot)$ se define como la información mutua entre dos agrupamientos, es decir, la información que tiene un agrupamiento sobre el otro. Una manera de calcular la $I_m(\cdot)$ es como sigue:

$$I_m(\mathcal{C}, \mathcal{C}') = H(\mathcal{C}) + H(\mathcal{C}') - H(\mathcal{C}, \mathcal{C}')$$

donde $H(\mathcal{C}, \mathcal{C}')$ es la entropía condicional y se calcula como:

$$H(\mathcal{C}, \mathcal{C}') = - \sum_{i,j} p(i, j) \log(p(i, j)).$$

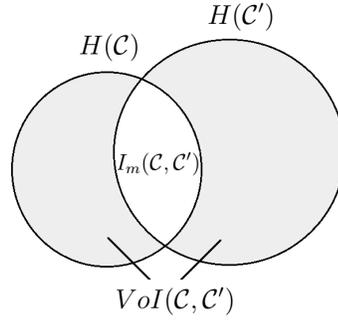


Figura 2.5: Variación de la información (representada por la suma de las áreas sombreadas) y sus cantidades relacionadas.

El valor óptimo de la VoI es cero, el cual se logra cuando los agrupamientos son iguales, es decir, si $\mathcal{C} = \mathcal{C}'$. En otras palabras, un valor de cero indica una segmentación perfecta.

La última medida en presentar es el GCE el cual es empleado para medir el traslape de las regiones [Peng et al., 2013]. Para definir esta medida primero introducimos al error de refinamiento local E . Sea $R(S, i)$ el conjunto de píxeles en la segmentación S que contienen al píxel i , el error se define como:

$$E(S, S', i) = \frac{|R(S, i) - R(S', i)|}{|R(S, i)|}.$$

De esta manera, el GCE se calcula como:

$$GCE(S, S') = \frac{1}{n} \min \left(\sum_i E(S, S', i), \sum_i E(S', S, i) \right) \quad (2.8)$$

El valor mínimo de este error es cero, lo cual indica que la imagen segmentada y la imagen referencia coinciden.

Capítulo 3

Propuesta de variantes del método de segmentación MRF

En este capítulo se presenta una descripción general del modelo MRF así como una breve introducción a los problemas de modelación de éste. Posteriormente, se presentan las propuestas desarrolladas en esta tesis tanto para inicializar de manera automática y efectiva a los centroides como el método para obtener restricciones sin la dependencia de un experto. Finalmente, se describen las variantes (derivadas de este trabajo de tesis) del método de segmentación basado en el modelo MRF.

3.1. Introducción

En la Sección 2.2.2 se presentó el método de segmentación basado en el modelo MRF, a continuación se presenta una introducción general a dichos modelos así como su aplicación a diferentes problemas de visión computacional. De manera general, una de las razones que sustentan el modelado con MRF es el poder desarrollar algoritmos basados en principios sólidos en lugar de heurísticas *ad-hoc*. Otra de las razones es el hecho de que se pueden derivar medidas de rendimiento cuantitativas con la finalidad de caracterizar que tan bien trabajan los algoritmos de análisis de imágenes. También, otra razón es que los modelos MRF pueden ser usados para incorporar información contextual o restricciones de manera cuantitativa [Geman y Graffigne, 1986, Chellappa y Jain, 1993, Li, 1994].

Cabe mencionar que una gran variedad de problemas de visión compu-

tacional, tales como la restauración de imágenes, análisis de textos, reconstrucción de superficies y segmentación de imágenes, pueden ser pensados como un problema de etiquetado Bayesiano. En este contexto, la solución al problema es definida como una estimación de una probabilidad máxima *a posteriori* del etiquetado real. Esta probabilidad es usualmente derivada a partir de un modelo *a priori* y un modelo de verosimilitud [Geman y Graffigne, 1986, Li, 1994].

En particular, la segmentación de imágenes puede ser planteada como un problema de etiquetado que utiliza restricciones debido al conocimiento previo que se pueda tener. En este caso, la solución óptima es calculada por una minimización de la energía:

$$\begin{aligned} U(\mathbf{x}|\mathbf{y}) &= U(\mathbf{x}) + U(\mathbf{y}|\mathbf{x}) \\ &= \sum_{i \in S} \sum_{i' \in \mathcal{N}_i} V(x_i, x_{i'}) + \sum_{i \in S} V(\mathbf{y}_i | \mathbf{x}_i). \end{aligned} \quad (3.1)$$

Como se había mencionado en la Sección 2.2.2, la función de energía está dada por la suma de una energía *a priori* y una verosimilitud, donde cada una representa respectivamente, como se expresan las restricciones previas y como se observan los datos.

En el contexto de agrupamiento restringido la Ecuación 3.1 se puede reescribir, siguiendo la notación propuesta en [Basu et al., 2006], como sigue:

$$J_{obj}(x_i, \mu_k) = \gamma_k d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in \mathcal{N}_i} f_{ML}(x_i, x_j). \quad (3.2)$$

En este sentido, buscamos ahora minimizar el valor de la función objetivo $J_{obj}(x_i, \mu_k)$, esto es, buscamos que la energía obtenida de asignar x_i al grupo representado por μ_k sea mínima. Para lograr esto, tanto la verosimilitud como la energía *a priori* se calculan como sigue. La verosimilitud $d(x_i, \mu_k)$ representa una medida de disimilaridad (o similaridad) que caracteriza la cercanía del objeto x_i con el centroide μ_k . Siguiendo lo propuesto por [Suliga et al., 2008] la medida de disimilaridad $d(\cdot)$ considerada es la distancia Euclidiana. Más aún, la verosimilitud está ponderada por un parámetro γ_k dependiente de cada grupo. Más adelante se detalla el propósito de este parámetro.

Respecto de la energía *a priori* $f_{ML}(x_i, \mu_k)$, ésta modela las propiedades de la imagen, es decir, es la encargada de codificar la información contextual

mediante una descripción de las relaciones entre pares de píxeles dentro de una región (cliqués) y sus respectivas etiquetas [Li, 1995]. La descripción de estas relaciones, como se mencionó anteriormente, expresan las restricciones sobre algunos pares de píxeles de la imagen. Una interpretación que se le puede dar a la energía *a priori*, considerando una analogía con las restricciones a nivel de instancias presentadas en la Sección 2.2.2, es que ésta es la encargada de penalizar el incumplimiento de las restricciones de tipo ML. Una interpretación de las restricciones ML establece que si dos píxeles i y j están en la misma vecindad entonces deben de tener la misma etiqueta, de no cumplirse son penalizados por la energía *a priori*.

Con base en lo anterior, la energía *a priori* tiene la finalidad de penalizar el incumplimiento de restricciones sobre elementos que pertenecen a la vecindad \mathcal{N}_i del píxel i y que tienen diferentes etiquetas. Siguiendo lo propuesto por [Suliga et al., 2008], una manera de realizar esta penalización es empleando una variante del modelo de Ising llamada función indicadora. La descripción del modelo de Ising así como de otras formas de realizar las penalizaciones se explican en la Sección 3.3. El objetivo de la función indicadora es el de sumar el valor de 1 cada vez que el píxel i con etiqueta x_i sea diferente de sus vecinos. Considerando que el tamaño de la vecindad es de 3×3 , el valor máximo que puede sumar la energía *a priori* es de 8, lo cual sucederá si todas las etiquetas de los vecinos de i son diferentes a la etiqueta de i .

Para concluir con la descripción general de la función objetivo de la segmentación MRF original se tiene el parámetro γ_k , el cual se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$\gamma_k = \frac{8}{\max_{i \in \mathcal{G}_k} |x_i - \mu_k|}, \quad (3.3)$$

donde el término de numerador es debido al tamaño de la vecindad y el denominador representa la distancia máxima que hay entre el i -ésimo elemento del grupo \mathcal{G}_k y su centroide asociado μ_k . El propósito de éste parámetro es ajustar el rango de valores de la distancia d para adaptarlos al rango de valores de la energía *a priori*. Si bien este ajuste es el propósito principal del parámetro γ_k , éste además proporciona información sobre la homogeneidad de los elementos que pertenecen al k -ésimo grupo. En este sentido, valores cercanos a cero indican que los elementos son diferentes entre sí, mientras que valores cercanos a 8 indican que el grupo tiene elementos muy parecidos entre ellos.

Por otro lado, un aspecto importante a considerar en cualquier problema de agrupamiento particional, ya sea restringido o no, es la inicialización de los centroides o vectores referencia a partir de los cuales se iniciará el agrupamiento. La manera más común de hacer esta inicialización es de manera aleatoria, sin embargo, una inicialización de este tipo ocasiona dos problemas. El primero de ellos es determinar cuántos grupos son suficientes. El segundo problema, en el caso de las mamografías, es que al ser aleatorio el posicionamiento de los centroides, la segmentación obtenida puede ser incorrecta, es decir, la segmentación es sensible a la posición inicial de los centroides. Para evitar este problema, una alternativa es recurrir a un experto quien determinará los centroides iniciales a considerar. De esta manera, el problema de determinar cuántos grupos son suficientes es determinado por el experto. Sin embargo, no siempre se tiene acceso a dicho experto, por lo que es necesario desarrollar nuevos métodos de elección de centroides de tal manera que se pueda automatizar esta etapa teniendo como objetivo que dicha elección sea eficiente. En la Sección 3.2 se detalla la propuesta de este proyecto de tesis para la elección de los centroides iniciales.

Respecto de los métodos de agrupamiento restringido, un paso importante es precisamente la adquisición de restricciones no redundantes para el agrupamiento. Estas restricciones codifican el conocimiento previo del experto sobre de cómo debería de ser la agrupación final. Es por esta razón que normalmente la forma de obtener dichas restricciones es mediante el aprendizaje activo (utilizando un experto). Sin embargo, se presenta la misma situación que en la elección de centroides y es que no siempre se puede consultar a un experto. En la Sección 3.3 se presenta la propuesta de este proyecto para la adquisición de restricciones sin depender del conocimiento de un experto.

3.2. Propuesta de elección de centroides

Algunos de los métodos de segmentación presentados en la Sección 2.2.2 requieren de puntos iniciales (centroides de grupos) para su funcionamiento, tal es el caso del método de crecimiento de regiones o de los métodos de agrupamiento particional. En el caso de los métodos basados en crecimiento de regiones, éstos requieren de un punto inicial llamado semilla, el cual se puede obtener de manera automática o bien, puede ser proporcionado por un usuario. En el caso de los algoritmos de agrupamiento particional, éstos

necesitan de un punto inicial llamado centroide y generalmente es elegido de manera aleatoria. En cualquiera de los casos, una mala elección de la semilla o del centroide afecta el desempeño de la segmentación.

En el caso de la segmentación de masas mediante algún método de agrupamiento, ya sea restringido o tradicional, la elección de los centroides toma un papel importante pues una elección aleatoria de dichos puntos puede derivar en una segmentación incorrecta. De esta manera, la elección de los centroides se debe de realizar considerando que éstos deberían estar ubicados dentro de las regiones de interés o componentes principales de la imagen.

Motivados en la segmentación MCW [Dubey et al., 2010, Xu et al., 2011, Lewis y Dong, 2012], proponemos el uso del concepto de dichos marcadores como analogía de los centroides para los algoritmos de agrupamiento particional. Un marcador se define como un componente conectado que pertenece a una imagen. Usualmente se tienen marcadores internos, también llamados marcadores de primer plano, y marcadores externos, nombrados también como marcadores de fondo. Los marcadores internos están asociados con los objetos de interés mientras que los marcadores externos están asociados con el fondo [Gonzalez y Woods, 2008]. De manera general, mientras que los marcadores internos determinan las regiones permitidas para iniciar el proceso de inundación, los marcadores externos modelan este mismo proceso de manera que se detendrá en los bordes de los objetos que se intentan segmentar [Lewis y Dong, 2012].

Un procedimiento para la selección de los marcadores típicamente consta de dos pasos principales, el primero de ellos es un preprocesamiento de la imagen, generalmente mediante alguna operación morfológica. El segundo paso es la definición de un conjunto de criterios que los marcadores deben cumplir [Gonzalez y Woods, 2008].

Para la elección de los centroides de métodos de agrupamiento estamos interesados en particular en los marcadores internos. En la segmentación *watershed*, un marcador interno se puede definir como un mínimo regional que satisface tres condiciones, a saber, es una región que está rodeada por puntos con mayor valor, tal que los puntos en la región forman una componente conectada y además, cualquier punto dentro de la componente conectada tiene la misma intensidad [Gonzalez y Woods, 2008, Lewis y Dong, 2012].

En el caso de la segmentación de masas los marcadores internos se definen

como máximos regionales pues como se había mencionado anteriormente, las masas tienen tonalidades más claras que el fondo. Para determinar los marcadores internos, siguiendo la noción de máximos regionales, una manera de localizarlos es mediante operaciones morfológicas, por ejemplo la apertura por reconstrucción o la cerradura por reconstrucción. La apertura por reconstrucción es una erosión seguida por una reconstrucción morfológica de la imagen. Por otro lado, la cerradura por reconstrucción se define como una dilatación seguida por una reconstrucción de la imagen [Lewis y Dong, 2012].

La apertura por reconstrucción es elegida debido a que con esta operación es posible eliminar algunos píxeles brillantes que pertenecen a los bordes de las regiones, mientras que la cerradura por reconstrucción se descarta por reducir los huecos dentro de las regiones conduciendo así a una fusión de regiones. El objetivo de aplicar cualquiera de éstos dos métodos es que ayudan a eliminar máximos regionales triviales, con lo cual se trata de tener una elección óptima de los marcadores. Debido a que este método devuelve una región y en el caso de los métodos de agrupamiento particional se desea un solo punto, se considera como centroide al centro de masa de cada uno de los máximos regionales obtenidos.

3.3. Propuesta de adquisición de restricciones

La principal característica de los métodos de agrupamiento restringido es el uso de información adicional respecto de cómo debería de ser la agrupación resultante. Esta información puede ser a nivel de instancias, de grupos o sobre las preferencias del usuario y, generalmente ésta viene dada en forma de restricciones. La información a nivel de instancias representa el conocimiento del experto respecto de las similitudes entre los elementos en el conjunto de datos [Bilenko et al., 2004]. Debido a esto, los métodos de adquisición de restricciones propuestos en la literatura están basados en aprendizaje activo [Basu et al., 2004, Vu et al., 2010, Duarte et al., 2014].

La manera más fácil de obtener restricciones, por pares de instancias, utiliza un enfoque aleatorio llamado RAC (*Random Acquisition of Constraints*) [Basu et al., 2004, Bilenko et al., 2004]. Este método consiste en seleccionar aleatoriamente, y de forma iterativa, un par de objetos del conjunto de datos y consultar con un usuario si ambos objetos deben de estar en el mismo grupo o en grupos diferentes. Si deben de estar en el mismo grupo, entonces

una restricción sobre instancias que deben vincularse (restricciones tipo ML) se establece entre dicho par de objetos. En caso contrario, se asigna una restricción sobre instancias que no deben vincularse (restricciones tipo CL). En caso de que el usuario no pueda decidir el tipo de restricción, se ignora el par de objetos y se analiza un siguiente par.

Una de las desventajas del método RAC es el hecho de que no se tiene un control sobre los objetos en los cuales se establecerá una restricción. Para solucionar esta problemática, se han propuesto diferentes métodos para obtener restricciones, lo cuales se basan en un agrupamiento inicial para poder calcularlas. A continuación se describen de manera general dos de éstos métodos.

El primero de los dos métodos consta de dos fases llamadas fase de exploración y fase de consolidación (*Explore-Consolidate*, EC) [Basu et al., 2004]. La fase de exploración tiene como objetivo el identificar una vecindad \mathcal{N}_k para cada grupo en el conjunto de datos. Las vecindades resultantes deben de ser disjuntas entre sí y contener al menos un elemento. La construcción de las vecindades se realiza de la siguiente manera. Primero se inicia seleccionando, de manera aleatoria, un objeto que formará la primer vecindad. Entonces, mientras que un máximo número de consultas no se alcance y hasta que k vecindades disjuntas no sean encontradas, se selecciona al objeto x más alejado a todas las vecindades creadas. La razón de elegir al objeto como el más alejado es para garantizar que éste se encuentra dentro de un grupo distinto al que contiene a la vecindad creada previamente. Una vez seleccionado el objeto x se hacen consultas entre él y un objeto y aleatorio de cada una de las vecindades existentes. Si x no pertenece a alguna vecindad, se crea una nueva vecindad con dicho objeto.

La fase de consolidación inicia una vez que cada vecindad tiene al menos un elemento. En esta fase los objetos que no fueron asignados previamente a una vecindad son asignados a una de ellas. Para realizar esta asignación se requiere del par (x, y) , donde x es un objeto seleccionado de tal manera que no pertenece a alguna vecindad existente mientras que y es un objeto dentro de alguna de las vecindades creadas. El objeto x se agregará a la vecindad a la que pertenece y si el experto determina una restricción de tipo ML.

Finalmente, las restricciones de tipo ML son aquellas que pertenecen a la misma vecindad, mientras que las restricciones de tipo CL se forman por aquellos pares de objetos en diferentes vecindades.

El segundo método para obtener restricciones es mediante la búsqueda de candidatos intra e inter-grupo (*Intra-Inter Cluster*, IIC) [Duarte et al., 2014]. La idea general de este método es que a partir de un agrupamiento inicial se pueda centrar la atención en objetos que están en la frontera de los grupos de tal manera que el usuario pueda ayudar a determinar si dichos objetos están correctamente ubicados.

La etapa intra-grupo se basa en el hecho de que pares de objetos que están más alejados entre sí tienen una mayor posibilidad de pertenecer a grupos diferentes que objetos que están cercanos. Siguiendo este principio la lista de pares de candidatos se construye, dada una matriz de distancias D , como el par (x_i, x_j) del k -ésimo grupo tal que $D(i, j)$ es la mayor distancia posible. Con la finalidad de evitar redundancias al seleccionar los pares de objetos, la matriz D se actualiza asignando a todos los elementos en la vecindad de x_i y x_j el valor de cero. El tamaño de la vecindad se establece entre $1 \leq m \leq |G_k|$, donde $|G_k|$ es el tamaño del k -ésimo grupo.

La etapa inter-grupo, por otro lado, se basa en el hecho de que dos objetos en diferentes grupos pero cercanos entre sí, tienen una mayor posibilidad de pertenecer al mismo grupo que objetos que están distantes. De esta manera, la lista de pares de candidatos se construye con aquellos objetos en diferentes grupos que están cercanos entre sí, respecto de la matriz de distancias D . De igual manera que en la etapa intra-grupo, la matriz de distancias se actualiza ahora asignando a todos los elementos dentro de las vecindades de los objetos seleccionados el valor de infinito.

Las etapas intra-grupo e inter-grupo se repiten hasta alcanzar el número de pares de restricciones deseadas. Adicionalmente, para obtener restricciones no redundantes se hace un ranking de los candidatos obtenidos, dependiente de en qué etapa fueron seleccionados. Una vez que se tienen ordenados los pares de restricciones, en orden de importancia, se consulta al usuario si dicho par debe de estar en el mismo grupo o en grupos diferentes.

La idea general de los métodos EC e IIC es la de delimitar el espacio de búsqueda de restricciones ya sea construyendo vecindades o una lista de candidatos, de manera tal que éstas aporten información no redundante al agrupamiento. Sin embargo, ambos enfoques son dependientes del conocimiento de un experto y, en el caso de la construcción de vecindades, ésta depende adicionalmente del punto inicial a partir del cual se construye la primer vecindad y por lo tanto, las vecindades restantes. En este sentido, el

conjunto de restricciones es sensible a la elección aleatoria del primer objeto.

Para ayudar en esta problemática, en este proyecto de tesis se propone automatizar el proceso de adquisición de restricciones. Esta automatización tiene como objetivo principal que en el método propuesto, al no depender del conocimiento de un experto, la construcción de vecindades y/o candidatos sea más sencilla que los dos métodos presentados. Siguiendo esta idea, la construcción de vecindades para obtener a los posibles candidatos a tener una restricción se derivan a partir de los máximos regionales obtenidos en la Sección 3.2. Y siguiendo lo propuesto en [Basu et al., 2004], las restricciones de tipo ML son aquellas que están en el mismo máximo regional mientras que las restricciones de tipo CL son aquellas que pertenecen a diferentes máximos regionales.

Una de las ventajas de obtener candidatos de esta manera es que no se necesita una partición inicial de grupos derivada del método de agrupamiento. Otra ventaja es que se tiene una mayor certeza de que las restricciones se ubican sobre las regiones de interés o componentes principales de la imagen.

Siguiendo con la incorporación de restricciones, uno de los problemas que surge es el hecho de que éstas pueden no llegar a cumplirse. Por esta razón se plantea que las restricciones sean suaves, es decir, que se permita que algunas de ellas puedan no cumplirse [Basu et al., 2006]. Para ello, por cada par de restricciones se asigna un costo (peso) y una penalización [Basu et al., 2004, Basu et al., 2006, Vu et al., 2010].

La idea de incorporar pesos es que estos indican la importancia que le damos al incumplimiento de cada una de las restricciones y comúnmente toman valores en el intervalo $[0,1]$ [Basu et al., 2004, Basu et al., 2009]. Una manera sencilla de asignar pesos a las restricciones que no se cumplan es asignar el mismo peso o bien, considerar pesos aleatorios. Otra manera de asignar pesos se basa en el conocimiento a priori. Para ello se requiere del cálculo de un valor λ_{ij} el cual representa la certeza de que el par (i, j) este agrupado correctamente [Basu et al., 2009]. Este valor puede ser proporcionado por un experto o inferido a partir de ejemplos previos. Una vez que se tiene el valor de λ_{ij} , los pesos para las restricciones ML y CL están dados, respectivamente, por:

$$w_{ML} = \frac{1}{2} \log \frac{\lambda_{ij}}{1 - \lambda_{ij}},$$

y

$$wCL = -\frac{1}{2} \log \frac{\lambda_{ij}}{1 - \lambda_{ij}}.$$

Como se había mencionado anteriormente, una de las ventajas del modelado MRF reside en su capacidad de poder incorporar información adicional (restricciones) de manera cuantitativa. Esta información en particular puede ser codificada en las penalizaciones por pares de píxeles mediante el modelo de Ising, llamado también modelo logístico multinivel (*Multi-Level Logistic*, MLL) [Li, 1995]. El objetivo del modelo de Ising es penalizar cuando píxeles vecinos tienen asignadas diferentes etiquetas y premiar en caso contrario, esto es:

$$V(x_i, x_j) = \begin{cases} \beta, & x_i \neq x_j, \\ -\beta, & x_i = x_j. \end{cases} \quad (3.4)$$

donde j pertenece a la vecindad \mathcal{N} del pixel i y β es una constante positiva cuyos valores generalmente se toman en el intervalo $[0,1]$.

En el caso de los problemas de agrupamiento restringido el modelo de Ising se extiende, para la penalización sobre restricciones de tipo ML, como:

$$f_{ML}(x_i, x_j) = \begin{cases} 1, & x_i \neq x_j, \\ -1, & x_i = x_j. \end{cases} \quad (3.5)$$

Esto es, se premia restando una unidad la situación en la cual los píxeles i y j tienen la misma etiqueta y se penaliza sumando una unidad en el caso que dichos píxeles tengan etiquetas diferentes. De manera similar para las restricciones de tipo CL:

$$f_{CL}(x_i, x_j) = \begin{cases} -1, & x_i \neq x_j, \\ 1, & x_i = x_j. \end{cases} \quad (3.6)$$

donde ahora la penalización (+1) se realiza cuando los píxeles i y j tienen etiquetas iguales y la recompensa (-1) se realiza cuando éstos tienen etiquetas diferentes.

Una variante del modelo de Ising para la penalización de restricciones es llamada función indicadora [Bilenko et al., 2004]. Este tipo de función, a diferencia del modelo de Ising, no premian la asignación correcta de etiquetas

a los píxeles. De esta manera, el objetivo de una función indicadora es penalizar únicamente al par de objetos (i, j) que no cumplan con las restricciones. Así, la penalización en el caso de las restricciones de tipo ML está dada por:

$$f_{ML}(x_i, x_j) = \begin{cases} 1, & x_i \neq x_j, \\ 0, & x_i = x_j. \end{cases} \quad (3.7)$$

Mientras que la penalización para las restricciones de tipo CL está dada por:

$$f_{CL}(x_i, x_j) = \begin{cases} 0, & x_i \neq x_j, \\ 1, & x_i = x_j. \end{cases} \quad (3.8)$$

Cabe mencionar que en las funciones f_{ML} y f_{CL} , a diferencia del modelo de Ising, la penalización sobre restricciones de pares de píxeles se extiende a los elementos dentro de los conjuntos de restricciones C_{ML} y C_{CL} respectivamente. Es decir, las penalizaciones no actúan únicamente sobre vecindades de 3×3 .

Otra forma de expresar una penalización es con el uso de métricas. La idea de la penalización cuantificada por métricas es la de penalizar más a aquellas restricciones que debiendo de estar cerca se encuentren alejadas y viceversa. De esta manera, la penalización por el incumplimiento para las restricciones de tipo ML esta dado por:

$$f_{ML}(x_i, x_j) = d(x_i, x_j), \quad (3.9)$$

mientras que en el caso de las restricciones de tipo CL la penalización esta dada por:

$$f_{CL}(x_i, x_j) = d^{max} - d(x_i, x_j), \quad (3.10)$$

donde d^{max} es la distancia máxima existente entre cualesquiera dos elementos del conjunto de datos.

La función $f_{ML}(x_i, x_j)$ penaliza restricciones de tipo ML, por lo que, en el caso de que el par (x_i, x_j) se encuentre alejado, la penalización será mayor comparada con la penalización por estar cerca. Para el caso de las restricciones de tipo CL, la penalización será mayor en el caso de que las instancias estén muy cercanas, puesto que la resta en f_{CL} tendrá un valor grande.

3.4. Variantes del método de segmentación MRF

En esta sección se describen las variantes propuestas del método de segmentación MRF. Para presentar la primer variante se considera la función objetivo (energía) dada por la Ecuación 3.2, como sigue:

$$J_{obj}(x_i, \mu_k) = \gamma_k d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in \mathcal{N}_i} f_{ML}(x_i, x_j).$$

En esta función objetivo, como mencionamos en la sección anterior los centroides son seleccionados de manera aleatoria, por lo que la segmentación es sensible a este tipo de inicialización. Es por ello que la primer variante que proponemos del método de segmentación MRF incorpora la elección de centroides, los cuales son obtenidos a través de una analogía con los marcadores internos usados en la segmentación *watershed* controlada por marcadores (ver Sección 3.2). Así, nombramos a esta segmentación como MRF con marcadores y denotamos la nueva función objetivo como:

$$J_{obj}^1(x_i, \mu_k) = \gamma_k d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in \mathcal{N}_i} f_{ML}(x_i, x_j), \quad (3.11)$$

donde el índice superior en dicha función indica que se trata de la primer variante de la segmentación MRF. De igual manera que la función objetivo original (Ecuación 3.2), el término $f_{ML}(x_i, x_j)$ está dado por una función indicadora (Ecuación 3.8) por lo que agrega un valor de 1 cada vez que no se cumpla con una restricción de tipo ML.

Retomando la función objetivo de la segmentación MRF original, la energía *a priori*:

$$\sum_{j \in \mathcal{N}_i} f_{ML}(x_i, x_j),$$

se calcula únicamente para cada j -ésimo elemento dentro de la vecindad \mathcal{N}_i y como se había mencionado anteriormente, este término se puede interpretar como una penalización sobre restricciones de tipo ML, en el sentido de que si están en la misma vecindad éstas deben de tener la misma etiqueta. Sin embargo, en la primer variante no existe información alguna respecto de la penalización de las restricciones de tipo CL.

Por lo anterior, la segunda variante de la segmentación MRF que se propone en este proyecto de tesis se enfoca en integrar restricciones de tipo CL

al modelo, tomando como base la función objetivo original dada en la Ecuación 3.2. El conjunto de restricciones de tipo CL (C_{CL}) se obtiene a través de la construcción de regiones por medio de máximos regionales, como se indicó en la propuesta de adquisición de restricciones (ver Sección 3.3). Al considerar elementos dentro de las regiones creadas la penalización ya no es por vecindades de 8 elementos.

Llamaremos a esta segunda variante como segmentación MRF+rCL y cuya función objetivo se reescribe como:

$$J_{obj}^2(x_i, \mu_k) = \gamma_k d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in \mathcal{N}_i} f_{ML}(x_i, x_j) + \sum_{j \in C_{CL}^i} w_{CL} f_{CL}(x_i, x_j), \quad (3.12)$$

donde los dos primeros términos son los mismos que en la función objetivo de la Ecuación 3.11. El último término de esta nueva función es el encargado de penalizar el incumplimiento de las restricciones de tipo CL. Las penalizaciones consideradas en esta función son las expresadas en las Ecuaciones 3.5 y 3.6. Otro aspecto a considerar es que esta variante incorpora un peso (costo) w_{CL} en la penalización de las restricciones de tipo CL.

En esta segunda variante, la función f_{ML} continúa penalizando únicamente a los elementos que pertenecen a la vecindad del píxel i , además de que no integra un peso asociado con la importancia de la restricción de tipo ML. Es por ello que se propone como tercer variante una nueva función objetivo que extienda la penalización de restricciones ML considerando la información del conjunto C_{ML} (obtenido a través del método de adquisición de restricciones propuesto en la Sección 3.3), además de un peso asociado con la importancia de las mismas. Incorporando esta información y nombrando a esta tercera variante como segmentación MRF+rML+rCL, la función objetivo para la misma se reescribe como:

$$J_{obj}^3(x_i, \mu_k) = \gamma'_k d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in C_{ML}^i} w_{ML} f_{ML}(x_i, x_j) + \sum_{j \in C_{CL}^i} w_{CL} f_{CL}(x_i, x_j), \quad (3.13)$$

donde el primer término es el mismo que en la función objetivo de la segmentación MRF original y las variantes uno y dos, ponderado por un nuevo valor γ'_k el cual se explica más adelante. Los dos términos siguientes son los

encargados de cuantificar las penalizaciones de tipo ML y CL respectivamente. En este caso, las penalizaciones están dadas por las Ecuaciones 3.5 y 3.6, adicionalmente se integran costos asociados a la importancia de ambos tipos de restricciones.

Otra modificación en esta tercer propuesta de función objetivo es el valor del factor γ_k . Para la segmentación MRF original, MRF con marcadores y MRF+rCL el valor de γ_k se calcula como un cociente entre el número máximo de vecinos diferentes y la distancia máxima entre cualesquiera dos elementos del k -ésimo grupo. Sin embargo, debido a que en esta variante las penalizaciones se realizan considerando la información en los conjuntos de restricciones C_{ML} y C_{CL} , el valor de ocho en el numerador no tiene sentido para esta nueva variante. Considerando además que el objetivo del parámetro γ_k es el de reajustar el rango de los valores de salida de la distancia $d(\cdot)$ al rango de valores de salida de las penalizaciones, el valor de γ_k se calcula ahora como:

$$\gamma'_k = \frac{1}{\max_{i \in \mathcal{G}_k} |x_i - \mu_k|}.$$

Una característica en común para las funciones objetivo de la segmentación MRF original así como para las tres variantes propuestas es que la penalización se realiza mediante funciones indicadoras o bien con la variante del modelo de Ising. Es por ello que como cuarta variante se propone la penalización con métricas.

Antes de presentar la función objetivo de esta cuarta variante retomamos las características de las penalizaciones cuantificadas por métricas. De manera general, este tipo de penalizaciones castigan el incumplimiento de las restricciones dependiendo de que tanto se equivocó el etiquetado. En este sentido, cada penalización sobre pares de píxeles tiene por sí misma asociada una importancia por lo que los pesos en esta nueva variante no son necesarios. Sin embargo, debido a que este modelo siempre suma las restricciones, se propone que la penalización sea una combinación de métricas y el modelo de Ising modificado. La incorporación del modelo de Ising modificado en la penalización con métricas tiene el objetivo de indicar cuando se premia y cuando se castiga a un par de píxeles.

Renombrando a las penalizaciones de las Ecuaciones 3.5 y 3.6 como f_{ML}^I y f_{CL}^I respectivamente y llamando a esta nueva variante como segmentación

MRF+rMLm+rCLm, la función objetivo en este caso se reescribe como:

$$J_{obj}^4(x_i, \mu_k) = \gamma_k'' d(x_i, \mu_k) + \sum_{j \in C_{ML}^i} f_{ML}^I(x_i, x_j) f_{ML}(x_i, x_j) + \sum_{j \in C_{CL}^i} f_{CL}^I(x_i, x_j) f_{CL}(x_i, x_j), \quad (3.14)$$

donde ahora las penalizaciones f_{ML} y f_{CL} están dadas por las Ecuaciones 3.9 y 3.10, respectivamente. Otra modificación fue sobre el término γ_k , que en este caso se calcula como:

$$\gamma_k'' = \frac{255}{\max_{i \in \mathcal{G}_k} |x_i - \mu_k|}, \quad (3.15)$$

donde el valor del numerador se deriva del hecho de que éste es el máximo valor que pueden sumar ambas penalizaciones.

En resumen, la primer variante (MRF con marcadores) del método de segmentación MRF realiza la elección de centroides con base en los marcadores internos obtenidos a través de máximos regionales, por lo tanto, las funciones objetivo son las mismas. Para cada una de las tres variantes restantes los centroides fueron seleccionados con base en los marcadores internos. La segunda variante incorpora restricciones de tipo CL (segmentación MRF+rCL) y un peso asociado con la importancia de dichas restricciones. La tercer variante incorpora la información de restricciones de tipo ML y CL (segmentación MRF+rML+rCL), obtenidas a partir de los máximos regionales de la imagen y siguiendo lo propuesto en [Basu et al., 2004]. En esta variante la penalización se realiza con el modelo de Ising modificado y además incorpora pesos asociados con la importancia de las restricciones. Finalmente, la cuarta variante, al igual que la tercer variante, incorpora la información de las restricciones de tipo ML y CL y en este caso la penalización se hace como una combinación del modelo de Ising modificado y métricas (segmentación MRF+rMLm+rCLm). En ésta última variante los pesos no son necesarios.

Para ejemplificar la importancia de la integración de las restricciones de tipo ML y CL a la función objetivo se muestra el siguiente ejemplo. Consideremos un etiquetado inicial derivado de asignar al conjunto de píxeles al centroide μ_k más cercano. En la etapa de reasignación de etiquetas, se desea determinar la nueva etiqueta de un píxel x utilizando las cuatro variantes propuestas. El conjunto de etiquetas en este caso es $\mathcal{L} = \{A, B, C\}$, y los

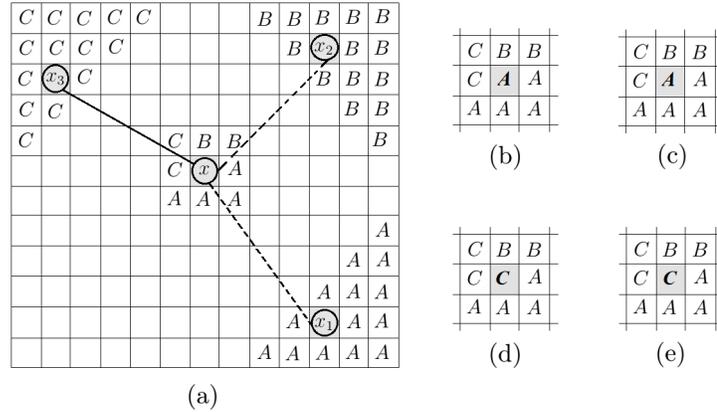


Figura 3.1: a) Etiquetado inicial de la imagen y representación gráfica de las restricciones de tipo ML (línea continua) y de tipo CL (líneas punteadas) del píxel x . (b)-(e) Asignación de la etiqueta con mínima energía para las variantes b) MRF con marcadores, c) MRF+rCL, d) MRF+rML+rCL, e) MRF+rMLm+rCLm.

conjuntos de restricciones asociados a x son $C_{ML}^x = \{x_3\}$ y $C_{CL}^x = \{x_1, x_2\}$, donde además x_1 , x_2 y x_3 tienen las etiquetas A , B y C respectivamente. La Figura 3.1-(a) muestra la representación de restricciones ML (línea continua) y CL (líneas punteadas), así como las etiquetas que tienen los píxeles vecinos de x . Para cada una de las variantes suponemos además que el término $d(\cdot)$ es el mismo para todas y para las variantes que así lo requieran los pesos son unitarios.

Analicemos la variante MRF con marcadores. En este caso, la penalización por asignar la etiqueta A al píxel x es de 4, pues es el número de vecinos diferentes que tendría. Siguiendo la misma idea, las penalizaciones por asignar las etiquetas B o C al píxel x es 6 para ambos casos. Sustituyendo esta información en la Ecuación 3.11 la energía para cada una de las tres asignaciones de etiqueta posibles se calcula como:

$$\begin{array}{l}
 \text{Asignación} \qquad \qquad \qquad \text{Energía} \\
 \overbrace{i) x = A} \Rightarrow \overbrace{\gamma_k d(x, \mu_k) + 4} \\
 ii) x = B \Rightarrow \gamma_k d(x, \mu_k) + 6 \\
 iii) x = C \Rightarrow \gamma_k d(x, \mu_k) + 6
 \end{array} \tag{3.16}$$

Así, de la Ecuación 3.16-i) se tiene que la asignación de etiqueta que

aporta la menor energía es la etiqueta A . Sin embargo, tomando en cuenta la información proporcionada por el conjunto de restricciones C_{CL}^x , el etiquetado $x = A$ no cumple con esta restricción. Si bien esta asignación reporta la menor energía a la función objetivo, esta primer variante no es capaz de integrar la información adicional, dada en forma de restricciones, disponible para obtener un etiquetado óptimo.

Para el caso de la variante MRF+rCL consideramos ahora el conjunto de restricciones C_{CL}^x . Al igual que la primer variante, las penalizaciones de tipo ML por asignar al píxel x la etiqueta A , B o C son 4, 6, y 6 respectivamente. En el caso de la penalización de tipo CL, el píxel x tiene restricciones con los píxeles x_1 y x_2 , los cuales tienen etiquetas A y B , respectivamente, por lo que en caso de asignar al píxel x cualquiera de éstas dos etiquetas se tendría una penalización de +1. Incorporando esta información a la función objetivo dada por la Ecuación 3.12, el valor de la energía que aporta cada una de las tres posibles asignaciones de etiqueta se describe en la Ecuación 3.17:

$$\begin{array}{l}
 \text{Asignación} \qquad \qquad \qquad \text{Energía} \\
 \overbrace{i) x = A} \Rightarrow \gamma_k d(x, \mu_k) + 4 + 1 = \overbrace{\gamma_k d(x, \mu_k) + 5} \\
 ii) x = B \Rightarrow \gamma_k d(x, \mu_k) + 6 + 1 = \gamma_k d(x, \mu_k) + 7 \\
 iii) x = C \Rightarrow \gamma_k d(x, \mu_k) + 6 + 0 = \gamma_k d(x, \mu_k) + 6
 \end{array} \tag{3.17}$$

Así, al igual que en la variante MRF con marcadores, la asignación con menor energía es $x = A$. Este comportamiento se debe a que la información de sus etiquetas vecinas tiene mayor influencia que la información proporcionada por el conjunto de restricciones C_{CL}^x . Si bien localmente se tiene un etiquetado coherente, un valor mayor en la función objetivo (comparado con el valor de la función objetivo de la primer variante) refleja el incumplimiento de algunas restricciones sobre pares de píxeles.

Analicemos ahora la variante MRF+rML+rCL la cual considera los conjuntos de restricciones C_{ML}^x y C_{CL}^x . Del conjunto de restricciones C_{ML}^x se tiene que el píxel x debe de tener la misma etiqueta que el píxel x_3 , es decir, debe de tener la etiqueta C . Así, al realizar esta asignación ($x = C$) se tendría una penalización de -1. En el caso del conjunto de restricciones C_{CL}^x se tienen penalizaciones de +1 en el caso de asignar al píxel x la etiqueta A o B . Sustituyendo la información de las penalizaciones en la función objetivo dada por la Ecuación 3.13, la energía aportada por cada posible asignación de etiqueta es:

$$\begin{array}{l}
\text{Asignación} \\
\hline
i) \ x = A \Rightarrow \gamma'_k d(x, \mu_k) + 0 + 1 = \overbrace{\gamma'_k d(x, \mu_k) + 1}^{\text{Energía}} \\
ii) \ x = B \Rightarrow \gamma'_k d(x, \mu_k) + 0 + 1 = \gamma'_k d(x, \mu_k) + 1 \\
iii) \ x = C \Rightarrow \gamma'_k d(x, \mu_k) - 1 + 0 = \gamma'_k d(x, \mu_k) - 1
\end{array} \quad (3.18)$$

De la Ecuación 3.18-iii) podemos observar que la asignación de etiqueta $x = C$ es la que aporta la menor energía. A diferencia de las dos primeras variantes, ésta última logra un etiquetado óptimo de acuerdo a la información proporcionada por los conjuntos de restricciones C_{ML}^x y C_{CL}^x . Esto es, el píxel x se asigna al mismo grupo que x_3 y cuyo grupo es distinto a los grupos en los que se encuentran x_1 y x_2 . Así mismo, la energía es menor que la energía obtenida por las variantes MRF con marcadores y MRF+rCL.

Finalmente, la variante MRF+rMLm+rCLm sigue el mismo comportamiento que la variante MRF+rML+rCL con la excepción de que en lugar de premiar o castigar con una unidad lo hace restando o sumando la cantidad $d(x, x_i)$, para $i \in \{1, 2, 3\}$ es decir:

$$\begin{array}{l}
\text{Asignación} \\
\hline
i) \ x = A \Rightarrow \gamma''_k d(x, \mu_k) + 0 + 1 \times d(x, x_1) = \overbrace{\gamma''_k d(x, \mu_k) + d(x, x_1)}^{\text{Energía}} \\
ii) \ x = B \Rightarrow \gamma''_k d(x, \mu_k) + 0 + 1 \times d(x, x_2) = \gamma''_k d(x, \mu_k) + d(x, x_2) \\
iii) \ x = C \Rightarrow \gamma''_k d(x, \mu_k) - 1 \times d(x, x_3) + 0 = \gamma''_k d(x, \mu_k) - d(x, x_3)
\end{array} \quad (3.19)$$

De esta manera la asignación de etiqueta que registra la menor energía es la asignación $x = C$, más aún, al restar un valor $d(x, x_3) \geq 0$ a la función objetivo la energía final es, en general, menor a la registrada por la variante MRF+rML+rCL.

En conclusión, las variantes MRF con marcadores y MRF+rCL tienen comportamientos similares al momento de realizar el reajuste de píxeles (reasignación de etiquetas), sin embargo no son capaces de lograr un etiquetado óptimo del píxel x . En el caso de las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, éstas logran cumplir con todas las restricciones impuestas, por lo que en este sentido se tiene un etiquetado óptimo del píxel x . La Figura 3.1-(b-d) muestra la etiqueta asignada al píxel x de acuerdo a cada una de las cuatro variantes propuestas.

Capítulo 4

Resultados

En este capítulo se presentan, en la primera sección, la descripción del conjunto de imágenes de mamografías utilizado para llevar a cabo la fase experimental de este proyecto de tesis. En la segunda sección se muestran los resultados correspondientes a los métodos de preprocesamiento de imágenes de mamografías. En la tercera sección se presentan los resultados de segmentación de masas utilizando los métodos MRF original y las variantes de segmentación MRF descritas en la Sección 3.4. Finalmente, en la cuarta sección se muestran los resultados de detección de masas.

4.1. Conjunto de datos y configuración experimental

El conjunto de imágenes de mamografías empleado en este proyecto de tesis se tomó de la base de datos pública BCDR-DO1 [Moura y López, 2013]. Esta base de datos proporciona un total de 260 imágenes de la mama derecha e izquierda de 64 pacientes, con vistas CC y MLO, con la distribución que se presenta en el Cuadro 4.1.

	Izquierda	Derecha	Total
CC	64	65	129
MLO	63	68	131
Total	127	133	260

Cuadro 4.1: Distribución de las imágenes de la base de datos BCDR-D01

	Maligna	Benigna	Total
CC	28	38	77
MLO	29	48	66
Total	57	86	143

Cuadro 4.2: Distribución de las vistas CC y MLO, respecto de la clasificación de las masas.

	Densidad					Total
	1	2	3	4	NaN	
# Masas	50	28	45	9	11	143
% correspondiente	35	20	31	6	8	100

Cuadro 4.3: Clasificación de las masas respecto de la densidad registrada por el radiólogo.

De éstas 64 pacientes, la base de datos incluye información de 79 lesiones. Estas lesiones corresponden a 79 masas, de las cuales, 49 son benignas y 30 son malignas. Las masas se pueden observar tanto en vistas CC como MLO, por lo que se tiene un total de 143 vistas de las 79 masas registradas por los radiólogos. Es decir, de las 260 mamografías del Cuadro 4.1, 143 presentan masas. El Cuadro 4.2 muestra dicha distribución.

Para cada masa registrada existe información acerca del paciente (datos clínicos) tales como la edad del paciente al momento del estudio, la densidad presentada (de acuerdo a la clasificación BI-RADS [ACR, 2003]), así como seis variables binarias que representan la presencia o ausencia de masas, calcificaciones, microcalcificaciones, adenopatía axilar, distorsión de la arquitectura y distorsión del estroma.

La clasificación respecto de la densidad de la mama se hace en cuatro categorías y proporcionan información sobre que tanto el tejido fibroglandular puede oscurecer a la masa [Zonderland y Smithuis, 2013]. En la densidad 1, la mama es casi completamente grasa, por lo que la mamografía es muy sensible en este entorno mientras que en la densidad 4 la mama es demasiado densa, por lo que la sensibilidad de la mamografía disminuye. En otras palabras, a mayor densidad se vuelve más difícil visualizar la masa. El Cuadro 4.3 muestra la distribución de las masas respecto de la densidad registrada por el radiólogo, el valor NaN indica que la densidad no fue registrada.

En resumen, la base de datos esta compuesta por 143 instancias relacionadas con las 79 masas, clasificadas por densidad, así como la información clínica de cada paciente.

Hardware y Software utilizado

Los métodos de preprocesamiento, segmentación y detección de masas descritos en este proyecto de tesis fueron implementados en Matlab Versión 9.3 (R2017b). La ejecución de pruebas se realizó en una estación de trabajo (*Workstation*) con un procesador Intel(R) Xenon(R) de 2.10 GHz, con Sistema Operativo Ubuntu 16.04 de 64 bits y memoria RAM de 32 GB. La biblioteca de métodos de segmentación MRF se implementó en el lenguaje de programación Java (NetBeans IDE 8.0.2). Los módulos de esta biblioteca se describen en el Anexo B. Un ejemplo del uso de la biblioteca de los métodos implementados se describe en el Anexo C.

4.2. Resultados de preprocesamiento

Para presentar los resultados de cada uno de los métodos de preprocesamiento, de la base de datos BCDR-D01 se escogieron cuatro imágenes seleccionando una de cada densidad registrada por el radiólogo. La Figura 4.1 muestra la mamografía original y la masa que fue delimitada por el radiólogo para cada caso.

De acuerdo a las etapas del preprocesamiento de las imágenes de mamografía (ver Figura 2.3) que se presentaron en la Subsección 2.2.1, lo primero a realizar es la selección del área de la mama para posteriormente aplicarle alguno de los métodos de mejoramiento de la imagen. Para cada una de las cuatro mamografías seleccionadas, la Figura 4.2 muestra la imagen original, la máscara y la imagen recortada, siguiendo el proceso descrito en la Subsección 2.2.1. Finalizada esta subetapa, cada uno de los parámetros que se determinaron para los métodos de preprocesamiento fueron elegidos de manera experimental.

Para los métodos de preprocesamiento generales, en el caso de la MG se establecieron los parámetros $\alpha = 0.9$ y $\beta = 13$, quedando la ecuación para el mejoramiento de la imagen de la siguiente forma:

$$I'(i, j) = 0.9I(i, j) + 13.$$

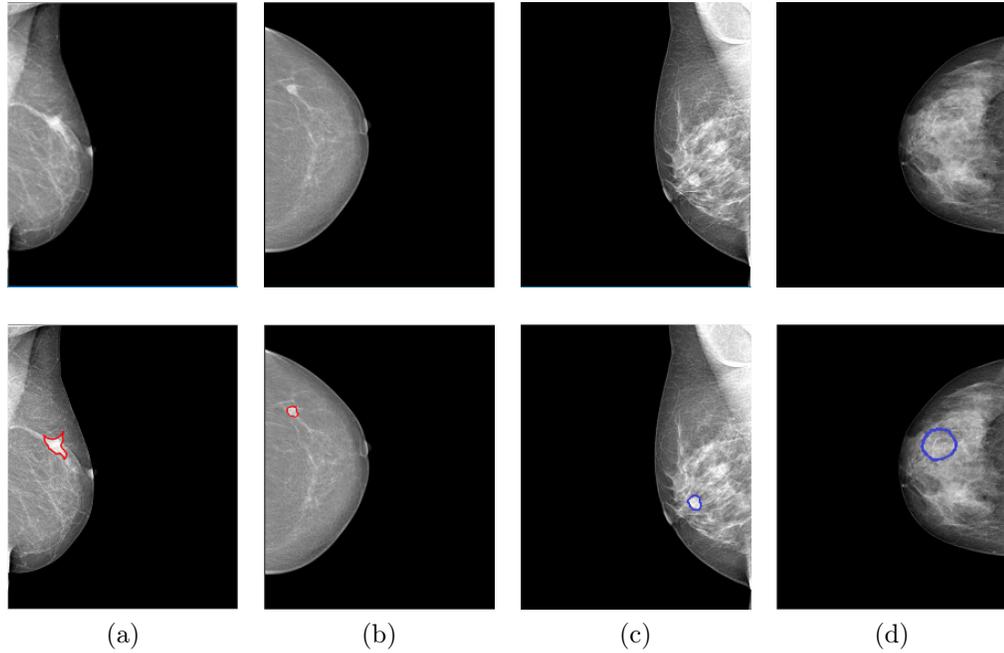


Figura 4.1: Imágenes mamografía original (primera fila) y masa marcada por el radiólogo (segunda fila). Imagen con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

Para el método basado en la T-Log y la T-Exp el parámetro k se estableció en 0.2 y 0.02 respectivamente, quedando las ecuaciones para el mejoramiento de la imagen de la siguiente forma:

$$I'(i, j) = \frac{\log(1 + (e^{0.2} - 1)I(i, j))}{0.2},$$

y

$$I'(i, j) = \frac{(1 + 0.02)^{I(i, j)} - 1}{0.02}.$$

Respecto de los métodos de preprocesamiento que se han aplicado a imágenes de mamografías, los parámetros que se establecieron para la T-LE fueron para $a = 2500$ y en el caso del parámetro α , éste se escogió mediante el método de umbralización adaptativa de Otsu. Con éstos parámetros las reglas para el mejoramiento de la imagen quedaron de la siguiente manera:

- (i) Si $I(i, j) < \alpha$ entonces $I'(i, j) = 2500 \log(1 + bI(i, j))$.

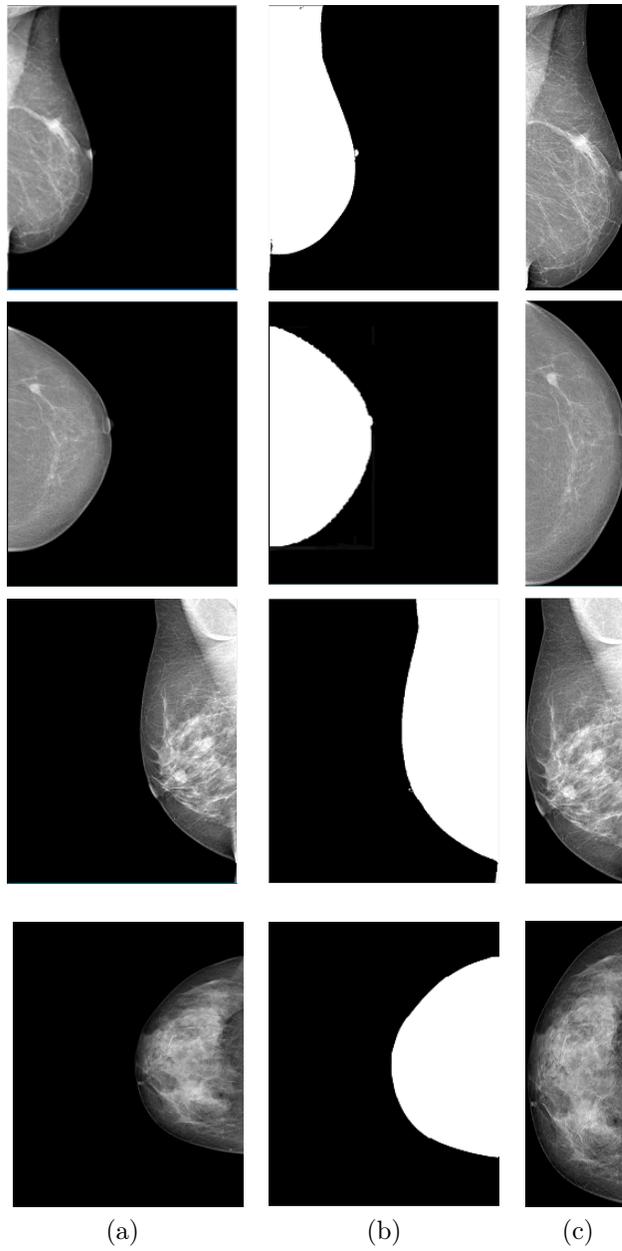


Figura 4.2: Selección del área de la mama aplicados a las imágenes con densidad 1, 2, 3 y 4 en orden de arriba hacia abajo. Columna a) Imagen original. b) Máscara. c) Imagen recortada.

(ii) Si $I(i, j) \geq \alpha$ entonces $I'(i, j) = \frac{e^{\frac{I(i,j)}{2500}} - 1}{b}$,

donde:

$$b = \frac{1 - e^{-\frac{G_{max}}{2500}}}{G_{max}}, \quad G_{max} \text{ el máximo nivel de gris en la imagen de entrada.}$$

Para el método HS, el rango de intensidades de la imagen de salida se definió en $[0, 255]$, es decir, $G'_{min} = 0$ y $G'_{max} = 255$ por lo que la ecuación en este caso quedo como:

$$I'(x, y) = (I(x, y) - G_{min}) \left(\frac{255}{G_{max} - G_{min}} \right).$$

Para el método de preprocesamiento SBE, los parámetros asignados a γ en cada una de las 4 reglas son 1.2, 0.8, 0.4 y 0.6 respectivamente, es decir, las reglas para la construcción de la matriz de parámetros PM quedaron de la siguiente manera:

- i) Si $\mu_v < \mu_T$ y $\sigma_v < \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = 1.2$.
- ii) Si $\mu_v < \mu_T$ y $\sigma_v \geq \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = 0.8$.
- iii) Si $\mu_v \geq \mu_T$ y $\sigma_v < \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = 0.4$.
- iv) Si $\mu_v \geq \mu_T$ y $\sigma_v \geq \sigma_T$ entonces $PM(x, y) = 0.6$.

donde μ_v , μ_T y σ_v , σ_T son la media y la desviación estándar de la ventana y de la imagen escalada.

Las Figuras 4.3-4.6 muestran los resultados obtenidos al aplicarle a las mamografías recortadas, cada uno de los métodos de preprocesamiento de imágenes. El comportamiento que tienen estos métodos de manera general es que a mayor densidad de la mama se vuelve más difícil hacer el realce de contraste de la masa. En particular, el método de preprocesamiento básico que visualmente realza mejor la masa es la T-Exp.

Finalmente, los métodos de preprocesamiento morfológico aplicados fueron la T-MD, T-AM y T-MDM. Para los dos primeros métodos, los radios de los elementos estructurantes se definieron en 12 y 121 respectivamente, considerando el radio mínimo y máximo de las masas como se sugiere en

[Li et al., 2001, Chu et al., 2015]. En el caso de la T-MDM, el radio del elemento estructurante se calcula para cada imagen empleando la Ecuación 2.2.1. La Figura 4.7 muestra los resultados obtenidos. Como se había mencionado anteriormente, una de las ventajas de usar operaciones morfológicas es el hecho de poder remover parte del músculo pectoral, como se puede observar en la Figura 4.7, filas 1 y 3.

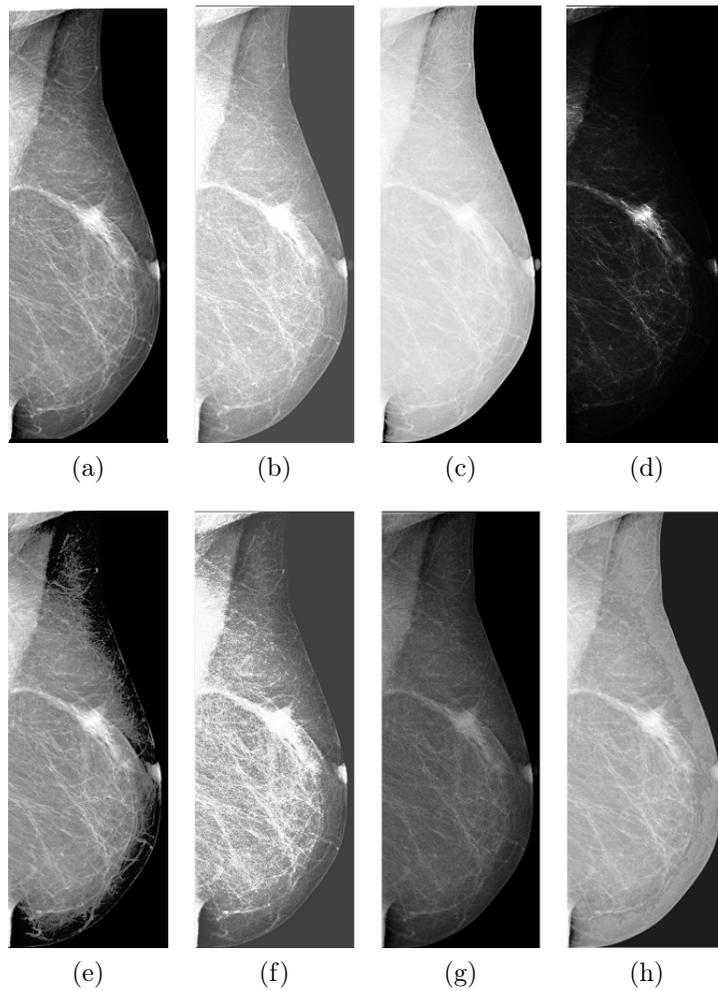


Figura 4.3: Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 1. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.

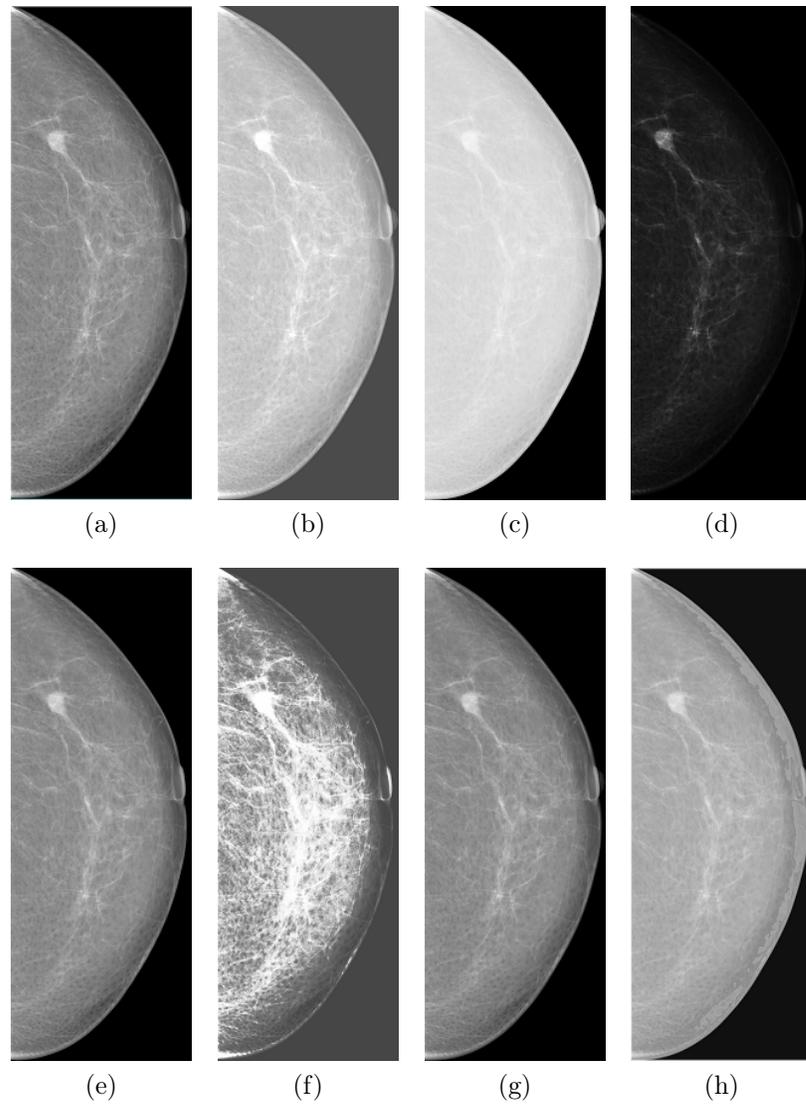


Figura 4.4: Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 2. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.

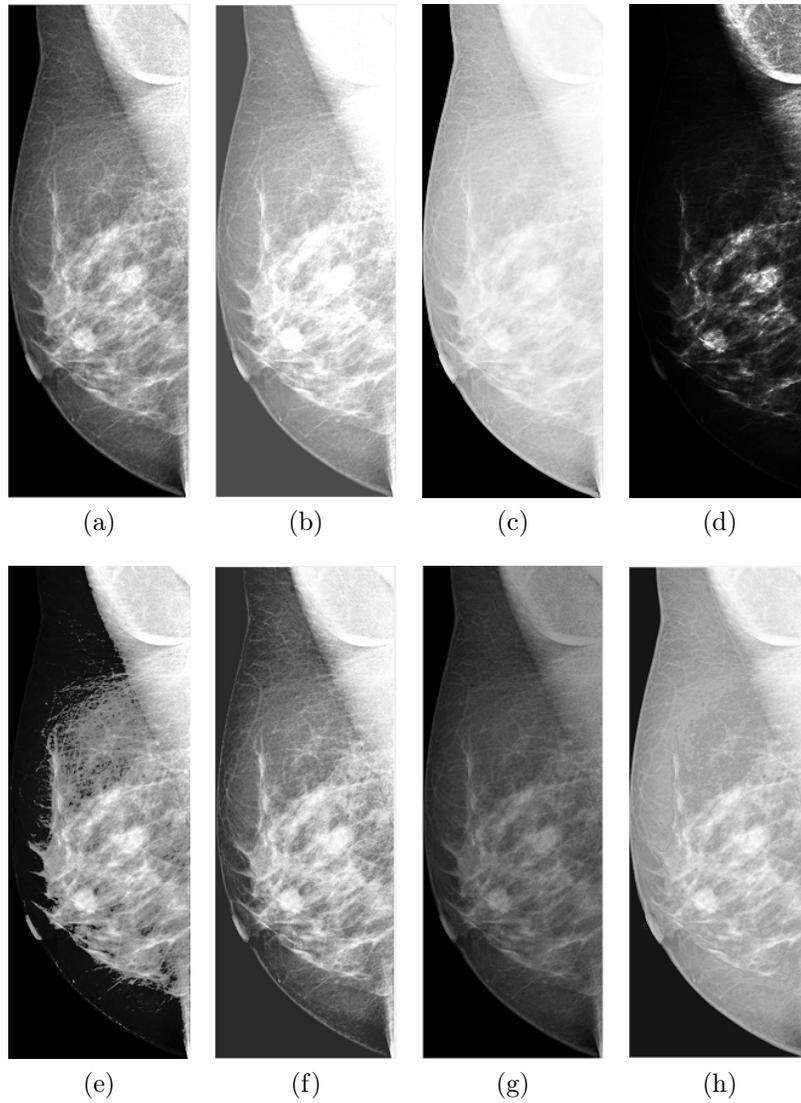


Figura 4.5: Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 3. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.

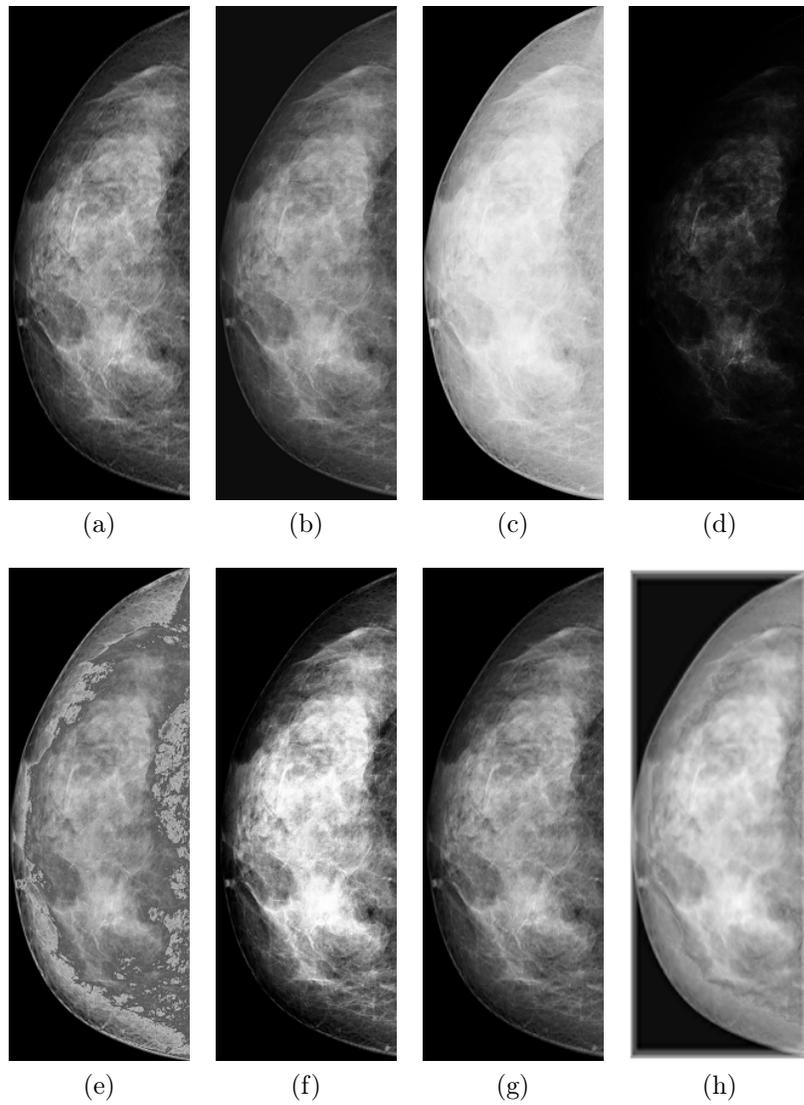


Figura 4.6: Métodos de preprocesamiento aplicados a la imagen de densidad 4. a) Imagen original recortada. b) MG. c) T-Log. d) T-Exp. e) T-LE. f) HE. g) HS. h) SBE.

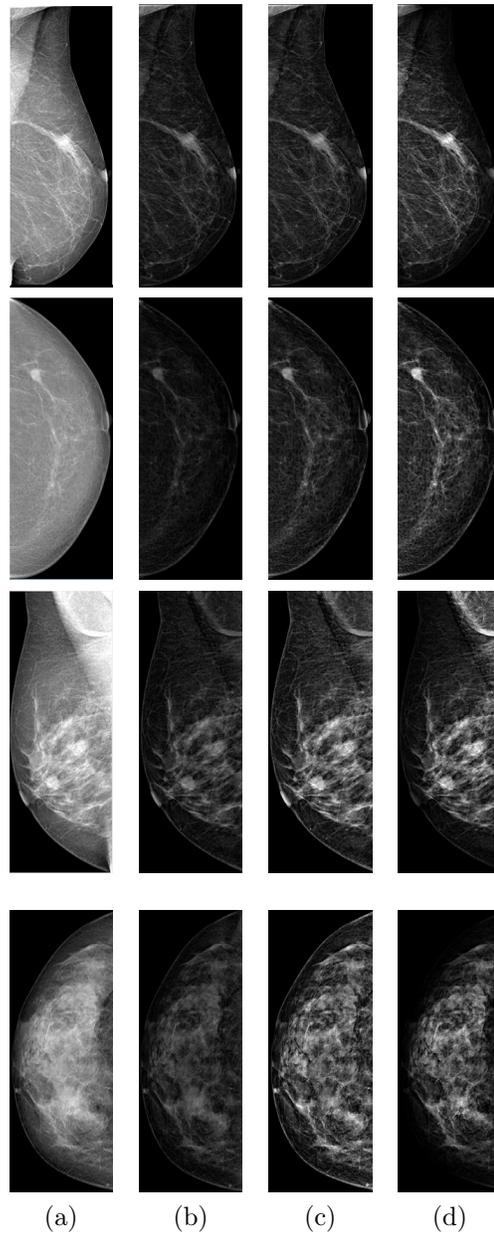


Figura 4.7: Métodos de preprocesamiento morfológico aplicados a las imágenes con densidad 1, 2, 3 y 4, en orden de arriba hacia abajo. Columna a) Imagen original recortada. b) T-MD. c) T-AM. d) T-MDM.

Más allá de los resultados visuales de los métodos de preprocesamiento aplicados a las imágenes de prueba, una manera cuantitativa de medir la efectividad de cada uno de ellos es mediante una medida de contraste [Morrow et al., 1992, Rojas-Dominguez y Nandi, 2008]. Para calcular esta medida se consideran solo las regiones de la imagen que contienen a la masa. La Figura 4.8 muestra las regiones consideradas para las imágenes de prueba.

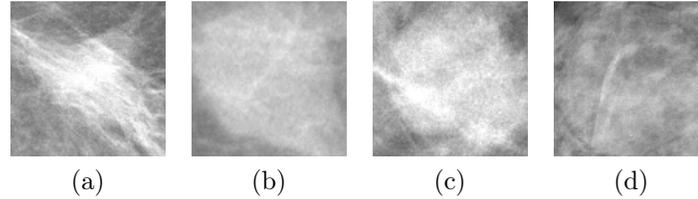


Figura 4.8: Región de la mamografía que contiene a la masa con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

La medida de contraste se calcula como:

$$c = \frac{f - b}{f + b}, \quad (4.1)$$

donde f y b son, respectivamente, la media del nivel de gris de la masa (objeto) y del tejido que la rodea (fondo). Los Cuadros 4.4 y 4.5 muestran los resultados de la medida de contraste obtenidos para las imágenes de prueba cuando se aplican los métodos de preprocesamiento básicos y morfológicos, respectivamente. Para cada cuadro la primera columna indica la densidad de la imagen, la segunda columna muestra la medida de contraste que tiene la imagen original. A partir de la tercera columna se muestran los resultados de la medida de contraste obtenidos para los métodos de preprocesamiento MG, T-Log, T-Exp, T-LE, HE, HS, SBE, T-MD, T-AM y T-MDM.

De las medidas de contraste obtenidas para cada método de preprocesamiento básico se observa que en las cuatro imágenes de prueba la T-Exp es la que presenta un incremento mayor en el contraste respecto de la imagen original. En el caso del contraste obtenido por los métodos de preprocesamiento morfológico, en tres de las cuatro imágenes de prueba la T-MDM es la que presenta un incremento mayor en el contraste respecto de la imagen original.

Imagen	Original	Métodos de preprocesamiento básico						
		MG	T-Log	T-Exp	T-LE	HE	HS.	SBE
Densidad 1	0.1701	0.0451	0.0259	0.3991	0.1065	0.0742	0.1058	0.0614
Densidad 2	0.1146	0.0158	0.0069	0.3864	0.1147	0.0140	0.0281	0.0175
Densidad 3	0.1466	0.2699	0.0032	0.4965	0.1507	0.0026	0.0121	0.0105
Densidad 4	0.0864	0.0739	-0.0159	0.2229	0.0875	0.0770	0.0864	0.0715

Cuadro 4.4: Resultados de medida de contraste para las imágenes de prueba considerando métodos de preprocesamiento básicos.

Imagen	Original	Métodos de preprocesamiento morfológico		
		T-MD	T-AM	T-MDM
Densidad 1	0.1701	0.4130	0.3149	0.3467
Densidad 2	0.1146	0.2699	0.3605	0.3783
Densidad 3	0.1466	0.2896	0.3196	0.3625
Densidad 4	0.0864	0.1819	0.1819	0.2100

Cuadro 4.5: Resultados de medida de contraste para las imágenes de prueba considerando métodos de preprocesamiento morfológico.

En el caso de la T-AM, ésta registra valores de contraste cercanos a los obtenidos por la T-MDM además, comparada con la T-MD, registra un valor menor de contraste únicamente en la imagen de densidad 1. De esta manera, la T-AM y T-MDM son las que mejores resultados de preprocesamiento morfológico obtienen.

En resumen, los métodos de preprocesamiento que mejor resultado obtuvieron con las imágenes de prueba son la T-Exp, T-AM y T-MDM. Con el objetivo de seleccionar al mejor de éstos, se calcula la medida de contraste para el conjunto completo de imágenes. El Cuadro 4.6 muestra los resultados obtenidos. Se puede observar que el preprocesamiento exponencial es el

	DENSIDAD				
	1	2	3	4	NaN
Imagen original	0.1261	0.1021	0.1094	0.2118	0.1349
T-Exp	0.3453	0.3062	0.3008	0.4457	0.3399
T-AM	0.2939	0.2322	0.2148	0.1258	0.2222
T-MDM	0.326	0.2731	0.2664	0.3525	0.2689

Cuadro 4.6: Resultados promedio de medida de contraste para imagen original y métodos de preprocesamiento seleccionados, clasificados por densidad mamaria.

que mejor realza el contraste de las masas en todas las densidades, por lo que este método es seleccionado para las pruebas de segmentación. Para una información más detallada de estos tres tipos de preprocesamiento la Sección A presenta los pseudocódigos correspondientes.

4.3. Resultados de segmentación

Esta sección presenta los resultados de segmentación obtenidos para dos conjuntos de imágenes, donde el primero de ellos consiste en imágenes sintéticas respecto de las posibles formas de una masa. El segundo conjunto está formado por las imágenes de mamografía seleccionadas para mostrar los resultados de la Sección 4.2.

4.3.1. Imágenes sintéticas

En esta subsección se presentan los resultados de segmentación aplicada a imágenes sintéticas respecto de las posibles formas de una masa (ver Figura 2.1), utilizando los modelos MRF original, MRF con marcadores, MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm descritos en la Sección 3.4. El objetivo de probar a las cuatro variantes propuestas con imágenes sintéticas (las cuales son generadas en un ambiente controlado) es realizar un análisis del rendimiento de dichas variantes, de tal forma que permita hacer conjeturas sobre su comportamiento en imágenes de mamografía.

Para cada una de las cuatro variantes de segmentación MRF propuestas, así como para la segmentación MRF original se realizaron dos pruebas para el análisis de resultados. Éstas fueron utilizando los conjuntos de imágenes que muestran las Figuras 4.9 y 4.10, respectivamente. Para ambas pruebas, el número de grupos deseados se estableció en cinco, donde cuatro corresponden con los objetos y uno con el fondo. En el caso de la segmentación MRF con marcadores, considerando las características de las imágenes sintéticas, el quinto centroide se ubicó automáticamente en el centro de la imagen.

Los conjuntos de restricciones de tipo ML y CL que emplean las variantes propuestas se obtuvieron con el método propuesto en la Sección 3.3. Para las restricciones de tipo CL, el número de pares de restricciones se obtiene automáticamente a través del número de máximos regionales obtenidos, esto

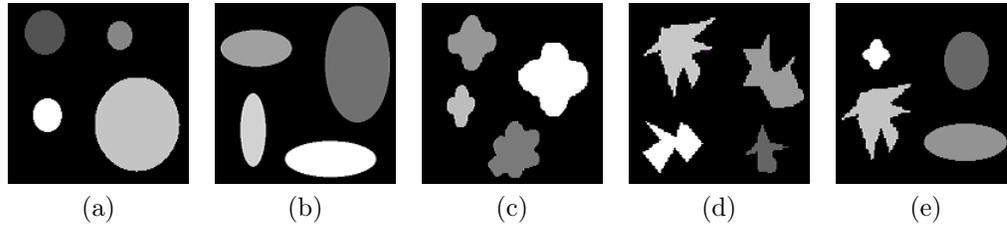


Figura 4.9: Imágenes sintéticas de las posibles formas de una masa. a) Redonda. b) Ovalada c) Lobulada. d) Irregular. e) Formas mezcladas.

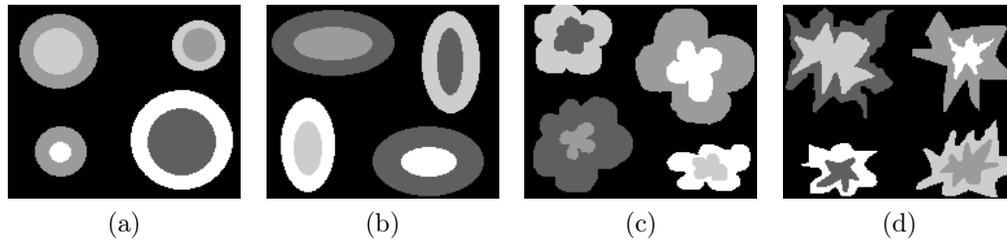


Figura 4.10: Imágenes sintéticas complejas de las posibles formas de una masa. a) Redonda. b) Ovalada c) Lobulada. d) Irregular.

es:

$$|C_{CL}| = \binom{k}{2}, \quad (4.2)$$

donde C_{CL} es el conjunto de restricciones de tipo CL y k es el total de máximos regionales obtenidos. Básicamente la ecuación nos indica que entre cada par de regiones existirá una restricción de tipo CL.

Considerando que se desea obtener un etiquetado estable de los píxeles, en ambas pruebas se establece que como máximo el 0 % del total de píxeles en la imagen cambien de etiqueta. En otras palabras, consideramos como estable al etiquetado si ningún píxel cambia de etiqueta entre la iteración anterior y actual del algoritmo. Para las variantes que emplean pesos, el rango de ellos se tomó en el intervalo $[0,1]$ con incrementos de 0.1 y de tal manera que la suma de ambos fuera 1 ($w_{ML} + w_{CL} = 1$).

Para el análisis de los resultados obtenidos en las pruebas se consideraron los siguientes aspectos. El primero de ellos fue la cantidad de grupos que se obtenían con cada método y si éstos eran o no capaces de recuperar las

formas originales. Otro aspecto que se analizó fue respecto de los valores de la energía inicial y final, así como el número de iteraciones requeridas antes de cumplir con el criterio de estabilidad (porcentaje máximo de cambio de píxeles).

La Figura 4.11 muestra los resultados obtenidos por la segmentación MRF original utilizando cinco grupos. En este caso, se puede observar en todas las figuras que al ubicar los centroides de manera aleatoria éstos no quedan sobre las regiones de interés. Esto ocasiona que en el resultado final de la segmentación dichas regiones las considere como un mismo grupo y por lo tanto, el número de grupos obtenidos es menor al número de grupos existentes. De igual manera se puede observar que las formas presentes en los grupos son visualmente similares a las formas originales.

Respecto de los resultados para la segmentación MRF con marcadores, MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm éstas son visualmente similares entre sí, como se puede observar en las Figuras 4.12-4.16. A diferencia de la segmentación MRF original, en este caso se recuperan no sólo las formas de los cuatro objetos sino también cada uno de ellos es agrupado de acuerdo a lo que se esperaba. En otras palabras, cada una de las cuatro variantes de segmentación MRF propuestas regresan el número de grupos deseados y recuperan la forma del objeto de entrada.

A continuación se describen brevemente los resultados obtenidos del resto de aspectos comparativos, tanto por la segmentación MRF original como por las cuatro variantes propuestas. Los cuadros 4.7-4.11 muestran dichos resultados para las imágenes consideradas. Para cada cuadro, el símbolo ‘-’ indica que no aplica el uso de pesos para la función objetivo correspondiente.

Respecto a la función de energía, los resultados obtenidos tanto para la energía inicial como final, de manera general en cada una de las cuatro variantes de segmentación son menores comparados con los valores reportados por la versión original. Sin embargo, en los casos en los que la energía final obtenida por la segmentación MRF original es menor que al menos una variante (ver Cuadros 4.10 y 4.11) esto no implica un agrupamiento correcto. Lo anterior se debe a que en este caso los objetos tienen la misma etiqueta, esto es, de manera local el agrupamiento es correcto. En la función objetivo (Ecuación 3.2) este supuesto etiquetado correcto tiene dos consecuencias, a saber, que la distancia entre las etiquetas sea aproximadamente cero y que la penalización sólo se cumple para las fronteras de los objetos.

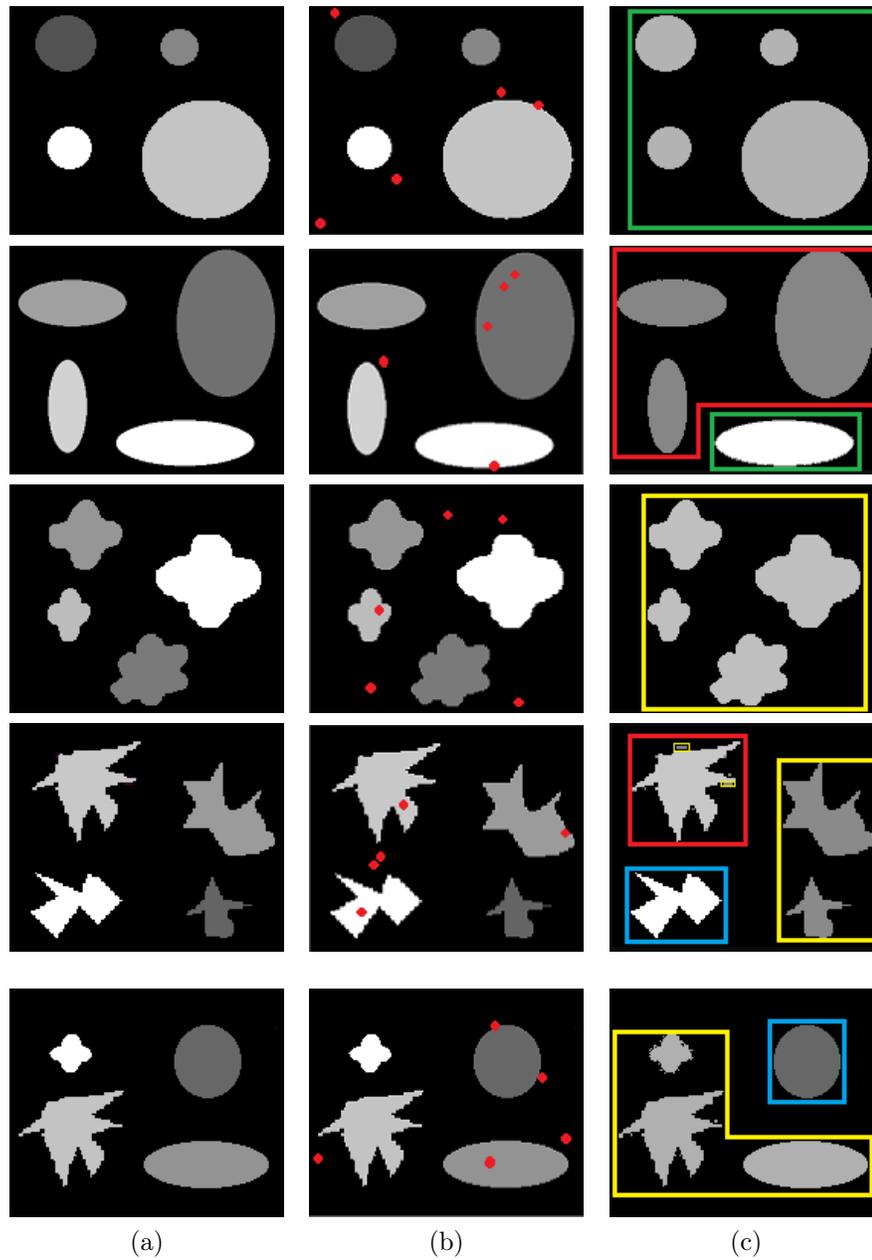


Figura 4.11: Resultado de la segmentación MRF original aplicado al conjunto de imágenes sintéticas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación aleatoria de centroides ($k=5$). c) Resultado de la segmentación.

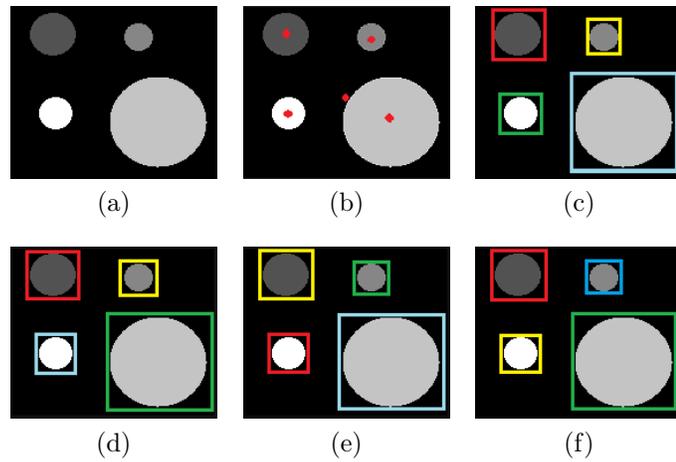


Figura 4.12: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas redondas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

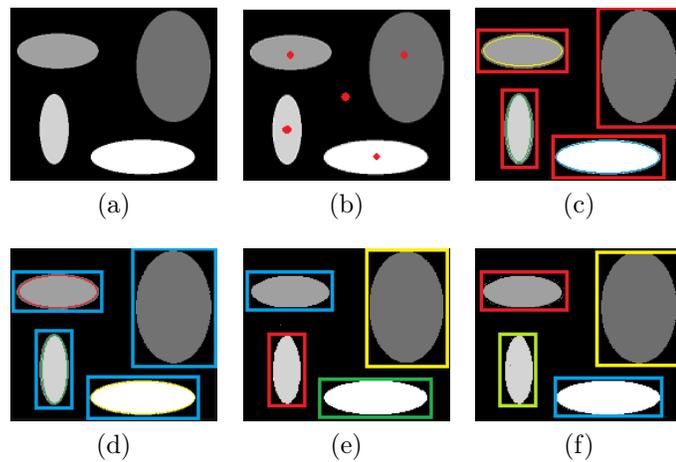


Figura 4.13: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas ovaladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

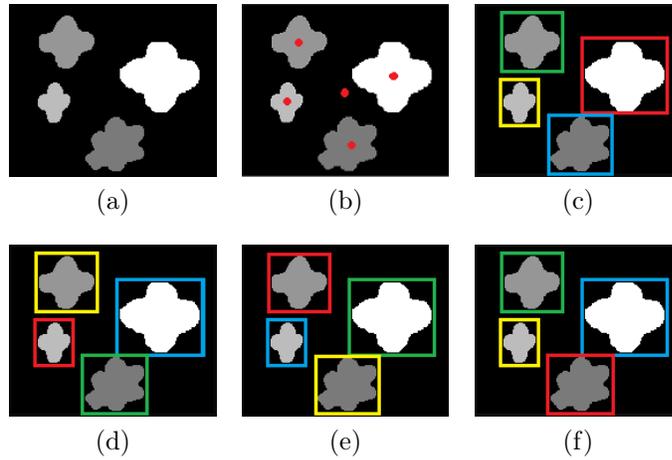


Figura 4.14: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas lobuladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

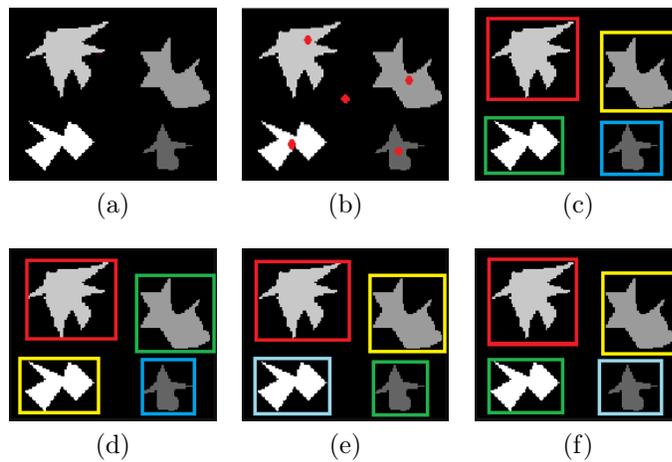


Figura 4.15: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas irregulares sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

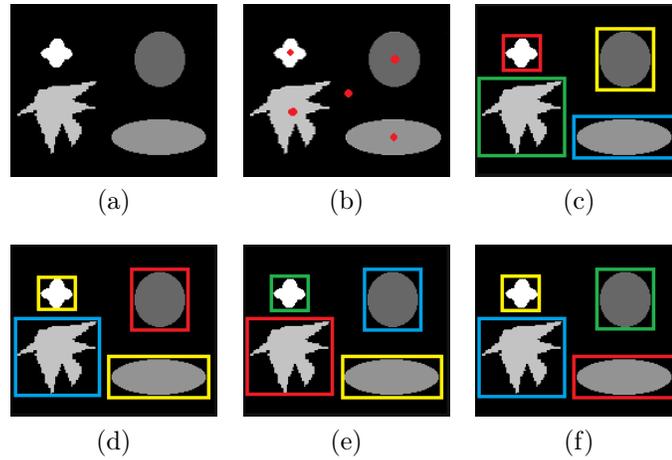


Figura 4.16: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas mezcladas sencillas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	127871	126580	2	0	(-, -)
MRF marcadores	13705	8075	1	0	(-, -)
MRF+rCL	13003	7112	2	0	(-, 0.9)
MRF+rML+rCL	10578	10578	1	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	9445	8674	2	0	(-, -)

Cuadro 4.7: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas redondas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	592360	388590	6	0	(-, -)
MRF marcadores	140910	50640	6	0	(-, -)
MRF+rCL	153711	54174	7	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	66900	62145	6	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	62150	54760	6	0	(-, -)

Cuadro 4.8: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas ovaladas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	412980	402601	2	0	(-, -)
MRF marcadores	187341	15615	2	0	(-, -)
MRF+rCL	147699	43421	2	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	145015	14501	1	0	(0.1,0.9)
MRF+rMLm+rCLm	142440	14104	3	0	(-, -)

Cuadro 4.9: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas lobuladas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	308521	29812	3	0	(-, -)
MRF marcadores	436801	432155	2	0	(-, -)
MRF+rCL	436733	434281	3	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	305455	305455	1	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	305859	305334	3	0	(-, -)

Cuadro 4.10: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas irregulares.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	348750	10255	4	0	(-, -)
MRF marcadores	281600	58020	2	0	(-, -)
MRF+rCL	281540	57590	3	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	273519	23519	1	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	281932	28729	3	0	(-, -)

Cuadro 4.11: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas mezcladas.

Por otro lado, la ubicación de los centroides dentro de los objetos tiene como resultado un mejor etiquetado inicial, el cual se ve reflejado en el hecho de obtener tanto los grupos como las formas originales. En general, para el conjunto de imágenes sintéticas sencillas en la mayoría de los casos los mejores resultados se obtuvieron con la combinación de pesos unitarios lo cual sugiere que no es necesario incorporarlos al modelo. Respecto al número de iteraciones realizadas antes de cumplir con el criterio de paro, las cuatro variantes de segmentación MRF propuestas requieren de un número menor

o igual de iteraciones que la segmentación MRF original. En todos los casos se obtuvo el porcentaje máximo establecido de cambio de píxeles.

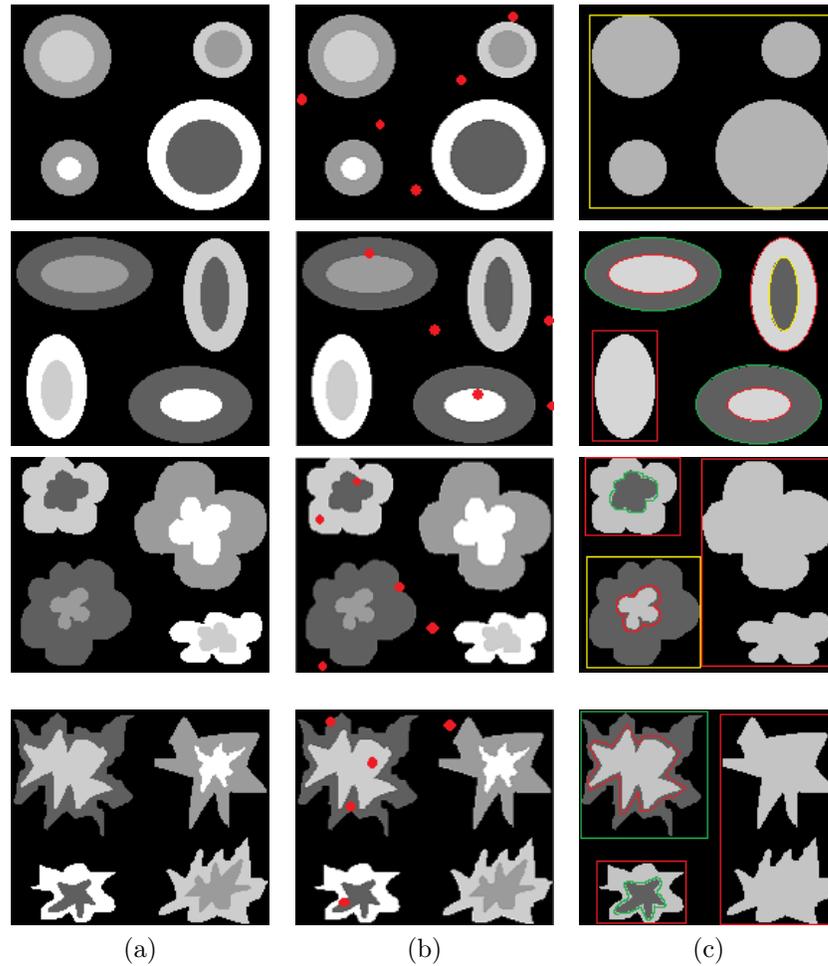


Figura 4.17: Resultado de la segmentación MRF original aplicado al conjunto de imágenes sintéticas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación aleatoria de centroides ($k=5$). c) Resultado de la segmentación.

Los resultados para la segunda prueba, considerando el conjunto de imágenes de la Figura 4.10 se describen a continuación. La Figura 4.17 muestra los resultados obtenidos por la segmentación MRF original. De manera general, los resultados visuales siguen el mismo comportamiento del primer

conjunto de imágenes, es decir, el hecho de que los centroides queden ubicados fuera de los objetos ocasiona que algunos grupos se fusionen. Más aún, en todos los casos el algoritmo no fue capaz de recuperar las formas anidadas.

Por otro lado, las Figuras 4.18-4.21 muestran los resultados obtenidos por las cuatro variantes de segmentación MRF propuestas. Se puede observar que en todas las variantes los resultados visuales son muy similares entre sí y a diferencia de la segmentación MRF original, en todos los casos se recuperaron tanto las formas exteriores como interiores (formas anidadas).

Los Cuadros 4.12-4.15 presentan los resultados obtenidos del resto de aspectos comparativos para cada una de las imágenes sintéticas complejas. El análisis de dichos resultados se realiza considerando la segmentación MRF original y las cuatro variantes propuestas. En el caso de la función de energía, en la mayoría de los casos, ya sea la energía inicial o final son menores en las cuatro variantes, salvo por la forma redonda e irregular, en las cuales la energía final reportada por la segmentación MRF original es menor. Sin embargo, el agrupamiento final de éstas es incorrecto.

Respecto del criterio de paro, las cuatro variantes propuestas requieren menor o igual número de iteraciones que el MRF original para lograr un etiquetado estable. Lograr esta estabilidad requiere de un número mayor de iteraciones que las requeridas para las formas sencillas. En el caso de la forma irregular, con la segmentación MRF+rMLm+rCLm no se logra alcanzar el porcentaje máximo de cambio de píxeles en un máximo de 10 iteraciones. Sin embargo, el porcentaje alcanzado es del 0.05 %, lo cual sugiere una modificación en el umbral establecido de cambio de píxeles. El cambio en este umbral no afecta a las demás variantes pues en todas, el porcentaje máximo alcanzado fue de cero y en un número de iteraciones menor a 10.

Con el análisis de ambas pruebas podemos concluir que la segmentación MRF con marcadores, MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, obtienen los grupos deseados y recuperan las formas de los objetos, independientemente de si éstos se encuentran o no dentro de otros objetos.

En particular, las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm obtienen en general mejores resultados visuales (ver Figura 4.13) que las segmentaciones MRF con marcadores y MRF+rCL, además de resultados de energía inicial y final similares y menores, en tres de cuatro formas, menores a las variantes 1 y 2.

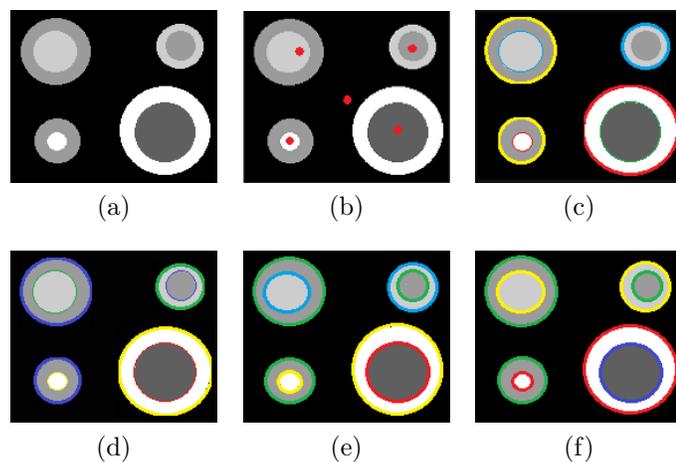


Figura 4.18: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas redondas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

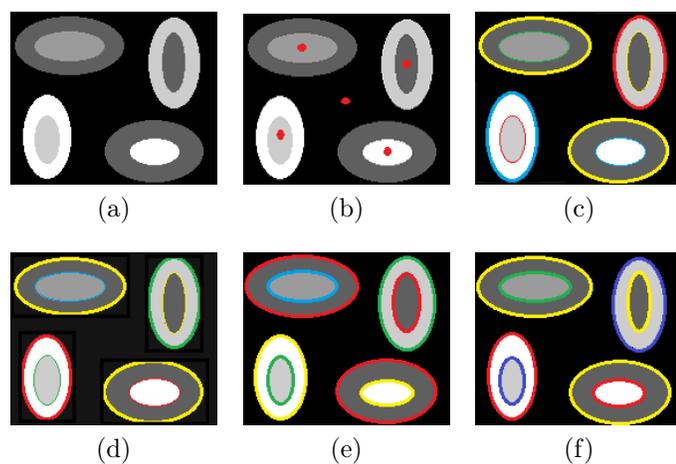


Figura 4.19: Resultado de las variantes de segmentación MRF aplicado a imagen con formas ovaladas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRF con marcadores. d) MRF+rCL. e) MRF+rML+rCL. f) MRF+rMLm+rCLm.

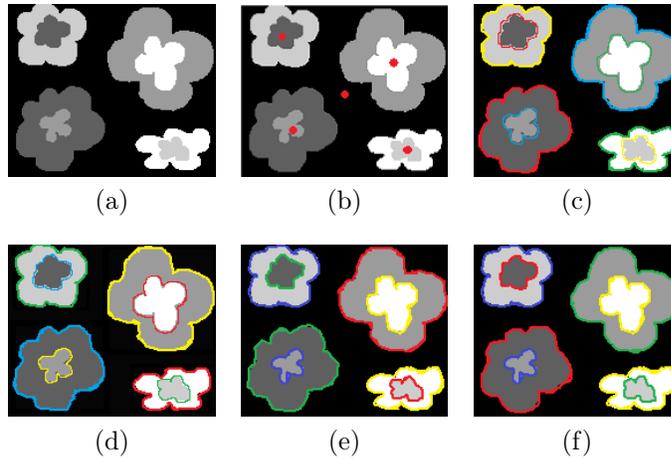


Figura 4.20: Resultado de las variantes de segmentación MRFC aplicado a imagen con formas lobuladas complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRFC con marcadores. d) MRFC+rCL. e) MRFC+rML+rCL. f) MRFC+rMLm+rCLm.

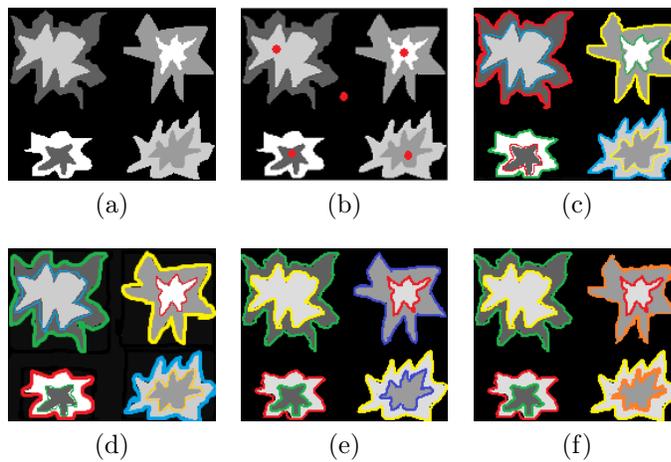


Figura 4.21: Resultado de las variantes de segmentación MRFC aplicado a imagen con formas irregulares complejas. a) Imagen original. b) Ubicación de los centroides ($k=5$). c) MRFC con marcadores. d) MRFC+rCL. e) MRFC+rML+rCL. f) MRFC+rMLm+rCLm.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	352152	264547	8	0	(-, -)
MRF marcadores	302945	282497	3	0	(-, -)
MRF+rCL	299624	274789	4	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	298888	274647	4	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	299754	278691	5	0	(-, -)

Cuadro 4.12: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas redondas complejas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	298960	273861	5	0	(-, -)
MRF marcadores	290741	259548	3	0	(-, -)
MRF+rCL	287071	249781	2	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	278451	234154	3	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	282495	244185	4	0	(-, -)

Cuadro 4.13: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas ovaladas complejas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	338557	358908	6	0	(-, -)
MRF marcadores	365450	345625	6	0	(-, -)
MRF+rCL	369197	339125	6	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	331523	330487	5	0	(0.1,0.9)
MRF+rMLm+rCLm	331990	323205	6	0	(-, -)

Cuadro 4.14: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas lobuladas complejas.

Segmentación	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	%Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	349062	296670	10	5	(-, -)
MRF marcadores	335965	302154	8	0	(-, -)
MRF+rCL	332191	301548	8	0	(-, 1)
MRF+rML+rCL	326876	325471	8	0	(1,1)
MRF+rMLm+rCLm	308780	306580	10	0.05	(-, -)

Cuadro 4.15: Resultados de aspectos comparativos para la imagen con formas irregulares complejas.

4.3.2. Imágenes de mamografía

En esta sección se presentan los resultados obtenidos de las segmentaciones MRF original, MRF con marcadores, MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, aplicados al conjunto de imágenes de mamografías seleccionados en la Sección 4.2. Dichos resultados se presentan considerando el resultado visual de la segmentación así como los aspectos comparativos de energía (inicial y final), criterio de paro y combinación de pesos.

El primer resultado mostrado es considerando el método propuesto para la automatización del proceso de elección de centroides presentado en la Sección 3.2. Este método funciona bajo el supuesto de que las masas son cercanas a tonos claros, por lo cual, previo al cálculo de los máximos regionales se calculó el contraste que tienen las masas marcadas por el radiólogo con el objetivo de descartar aquellas con bajo contraste. La medida de contraste utilizada para dicho cálculo está dada por la Ecuación 4.1.

El criterio para descartar una masa fue que los valores de c , f y b de la misma, estuvieran por debajo de la media de los valores obtenidos para todo el conjunto de datos (ver Cuadro 4.6). La Figura 4.22 muestra ejemplos de masas con alto y bajo contraste. Después de este paso, un total de 25 imágenes no cumplió con el criterio de contraste por lo que el conjunto de imágenes se redujo a 118. El Cuadro 4.16 muestra la nueva distribución de las imágenes en el conjunto de datos así como los porcentajes correspondientes que representan de acuerdo a las densidades registradas.

Del nuevo conjunto de imágenes, la elección de centroides iniciales por medio de máximos regionales logró posicionar al menos un centroide en 107 regiones de interés que contienen una masa, lo cual representa el 91 % de las 118 masas. El Cuadro 4.17 muestra la distribución de las ROIs ubicadas así como el porcentaje correspondiente de acuerdo a las densidades. En el caso de la densidad 4, en cada ROI se posicionaron en promedio tres centroides. Con este enfoque para la elección de centroides iniciales, en tres de las cuatro densidades se logran ubicar más del 96 % de las ROIs que contienen una masa.

El siguiente resultado mostrado es respecto de la segmentación tanto con el modelo MRF original [Suliga et al., 2008] como de las cuatro variantes propuestas. Antes de presentar los resultados obtenidos se explican a continuación las configuraciones de los experimentos realizados.

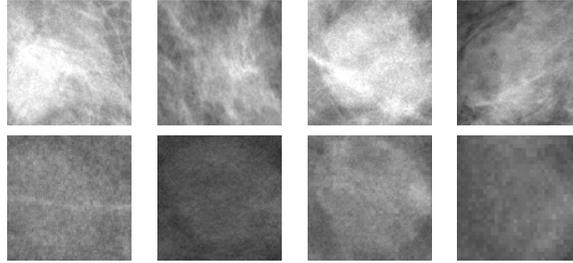


Figura 4.22: Ejemplo de masas con alto contraste (primera fila) y masas con bajo contraste (segunda fila).

	Densidad									
	1		2		3		4		NaN	
ROIs	# masas	%	# masas	%	# masas	%	# masas	%	# masas	%
consideradas	42	84	25	89	35	78	8	89	8	73

Cuadro 4.16: Distribución de las imágenes después de eliminar aquellas que no cumplen con el criterio de contraste.

	Densidad									
	1		2		3		4		NaN	
ROIs	# masas	%	# masas	%	# masas	%	# masas	%	# masas	%
ubicadas	41	98	24	96	26	74	8	100	8	100

Cuadro 4.17: Distribución del total de masas ubicadas por el método propuesto respecto de la densidad registrada.

En el caso de la segmentación MRF original el número de grupos deseados, k , se buscó en el intervalo $[5,10]$. Los resultados reportados en esta tesis corresponden al valor $k = 8$ por ser el valor con el que se obtuvieron mejores resultados tanto visuales como de los demás aspectos comparativos.

Para el caso de la segmentación MRF con marcadores así como para las segmentaciones MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, la imagen original es aplicada a dos procesos diferentes. El primero de ellos es para obtener los máximos regionales los cuales nos sirven, en primer lugar, para la inicialización de centroides a partir de marcadores internos (ver Sección 3.2). Adicionalmente se agrega automáticamente, empleando la máscara

de la mama, un centroide asociado con el fondo de la imagen. Para cada una de las tres últimas variantes de segmentación MRF los máximos regionales son empleados para el proceso de adquisición de restricciones. El segundo proceso aplicado a la imagen original es el preprocesamiento. Entonces los centroides iniciales, las restricciones y la imagen preprocesada conforman la entrada para la segmentación MRF. La Figura 4.23 resume la relación de las imágenes empleadas para las cuatro variantes de segmentación MRF.

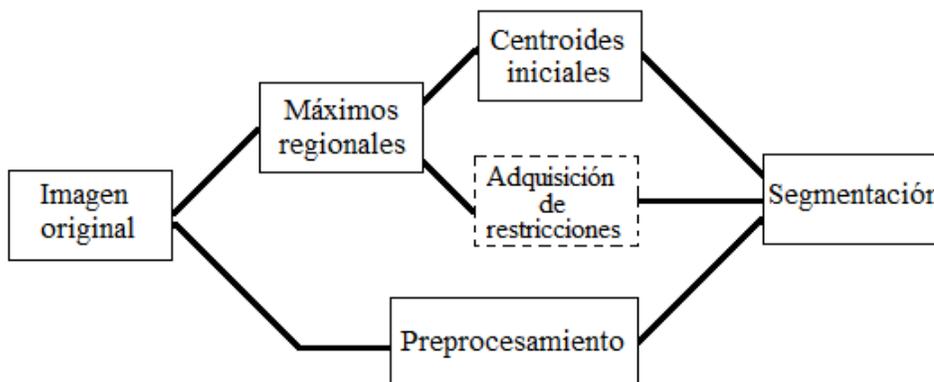


Figura 4.23: Relación de las imágenes utilizadas para las variantes de segmentación MRF.

Para las segmentaciones que incorporan restricciones a nivel de instancias, por experimentación, se estableció que el 10 % de los píxeles en la imagen tuvieran restricciones de tipo ML. El total de restricciones de tipo CL se determina automáticamente con la Ecuación 4.2. De igual manera, por experimentación se estableció como criterio de paro un porcentaje máximo de cambio de píxeles del 10 % y un máximo de 10 iteraciones.

El resultado de la segmentación es una imagen conformada por k etiquetas, donde cada etiqueta puede tomar valores entre 0 y 255. Con el objetivo de homogeneizar los resultados visuales de la segmentación se plantea una etapa de postprocesamiento. El primer paso en esta etapa es obtener, a partir de la imagen segmentada, su imagen apertura con la finalidad de desconectar conjuntos y remover pequeñas componentes. Después de este paso la imagen resultante es binarizada para extraer sus componentes conectadas, excluyendo aquellas regiones con un área menor al 10 % del área de la masa más pequeña reportada en la base de datos. La Figura 4.24 muestra un ejemplo

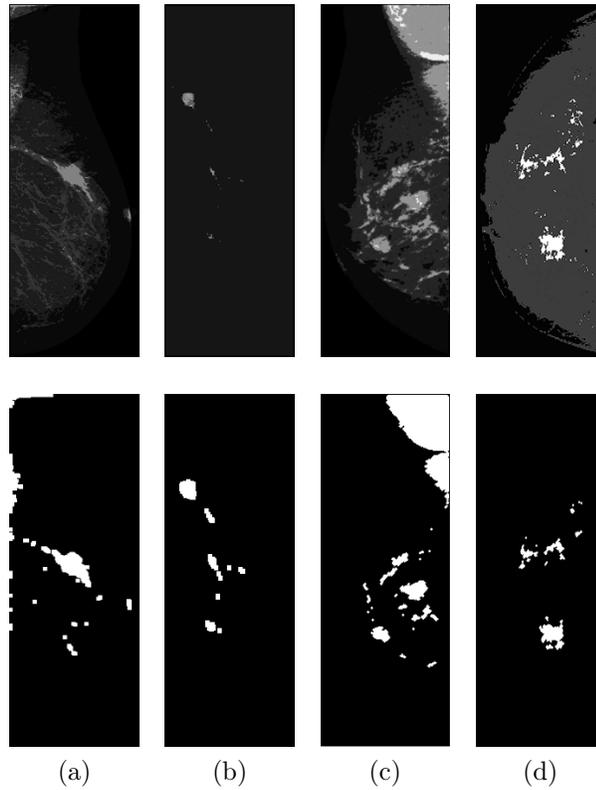


Figura 4.24: Etiquetado final obtenido por la segmentación MRF+rML+rCL (primera fila) y resultado del posprocesamiento (segunda fila). Imágenes con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

del etiquetado final obtenido por la variante MRF+rML+rCL (primera fila) y la imagen obtenida después del postprocesamiento (segunda fila).

Los resultados visuales de este postprocesamiento se superponen a la imagen original, delimitando cada una de las ROIs encontradas como se puede observar en las Figuras 4.25-4.27. La Figura 4.25 muestra los resultados de la segmentación cuando los centroides iniciales del algoritmo son elegidos de manera aleatoria. En la primer fila se muestran las cuatro imágenes de prueba con el preprocesamiento exponencial. La segunda fila muestra una asignación aleatoria de los centroides en las imágenes originales. Finalmente, la tercer fila muestra los resultados de la segmentación MRF original. Por otro lado, las Figuras 4.26 y 4.27 muestran los resultados obtenidos por la segmentación

MRF con marcadores, MRF+rCL, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm. La primer y segunda columna muestran la imagen mejorada y ubicación de los centroides, respectivamente. A partir de la tercer columna se muestra el resultado de la segmentación para cada una de las variantes de la segmentación MRF propuestas.

Los resultados visuales obtenidos por cada una de las variantes de segmentación MRF propuestas muestran que éstas recuperan mejor tanto la forma como el tamaño de la masa original en las densidades 1,2 y 3. En el caso de la densidad 4, cada una de las variantes está recuperando parcialmente la masa, lo cual se debe a que en esas regiones hay más de un centroide. Más aún, como cada centroide fue obtenido a partir de un máximo regional y entre cada región hay restricciones de tipo CL esto ocasiona que la región se divida. Estos resultados contrastan con los obtenidos por la segmentación MRF original donde tanto el tamaño como la forma recuperada no corresponden con las características de la masa original, en todas las densidades.

Estos resultados visuales se derivan de la ubicación inicial de los centroides, pues en el caso de la segmentación MRF original, muchos de ellos no se posicionan en las ROIs de la imagen. Si bien con los máximos regionales se logran ubicar estas regiones, incorporar esta información a la función objetivo (segmentación MRF marcadores) no es suficiente por si sola para obtener un buen resultado visual (ver Figuras 4.26 y 4.27, columna 3).

Cuando se incorpora la información de restricciones de tipo ML y CL a las funciones objetivo (segmentaciones MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm) se tiene una mejor delimitación respecto al tamaño y forma de las masas recuperadas en las densidades 1, 2 y 3. En la imagen con densidad 4 al ubicar más de un centroide por ROI, ésta se divide en diferentes grupos por lo que el tamaño y forma recuperados no son similares a los esperados.

Otros resultados a considerar son los valores de los demás aspectos comparativos mostrados en los Cuadros 4.18-4.21. Estos aspectos comparativos incluyen los valores de la energía (función objetivo) inicial y final, criterio de paro y combinación de pesos para la segmentación MRF original y las cuatro variantes propuestas.

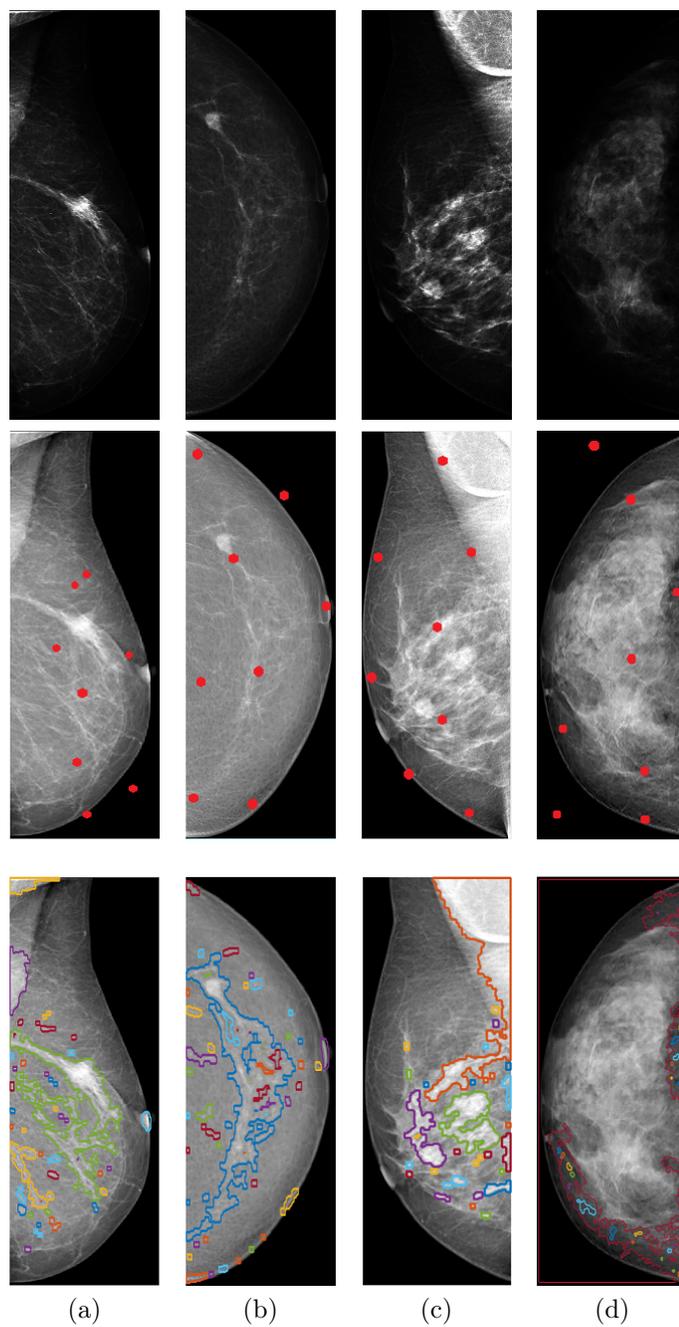


Figura 4.25: Segmentación MRF original (con centroides aleatorios) aplicada a imágenes con: a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

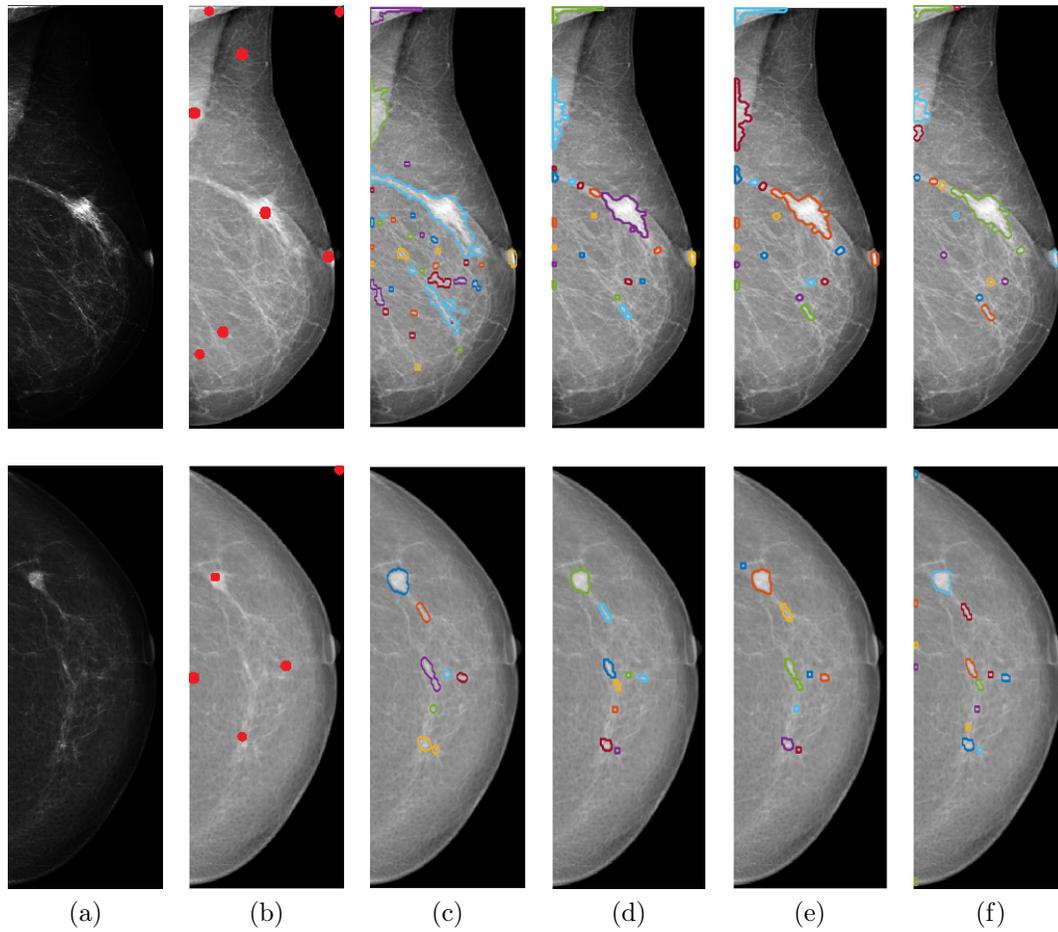


Figura 4.26: Variantes de segmentación MRF con centroides obtenidos a partir de marcadores aplicados a imágenes con densidad 1 y 2. a) MRF con marcadores. b) MRF+rCL c) MRF+rML+rCL. d) MRF+rMLm+rCLm.

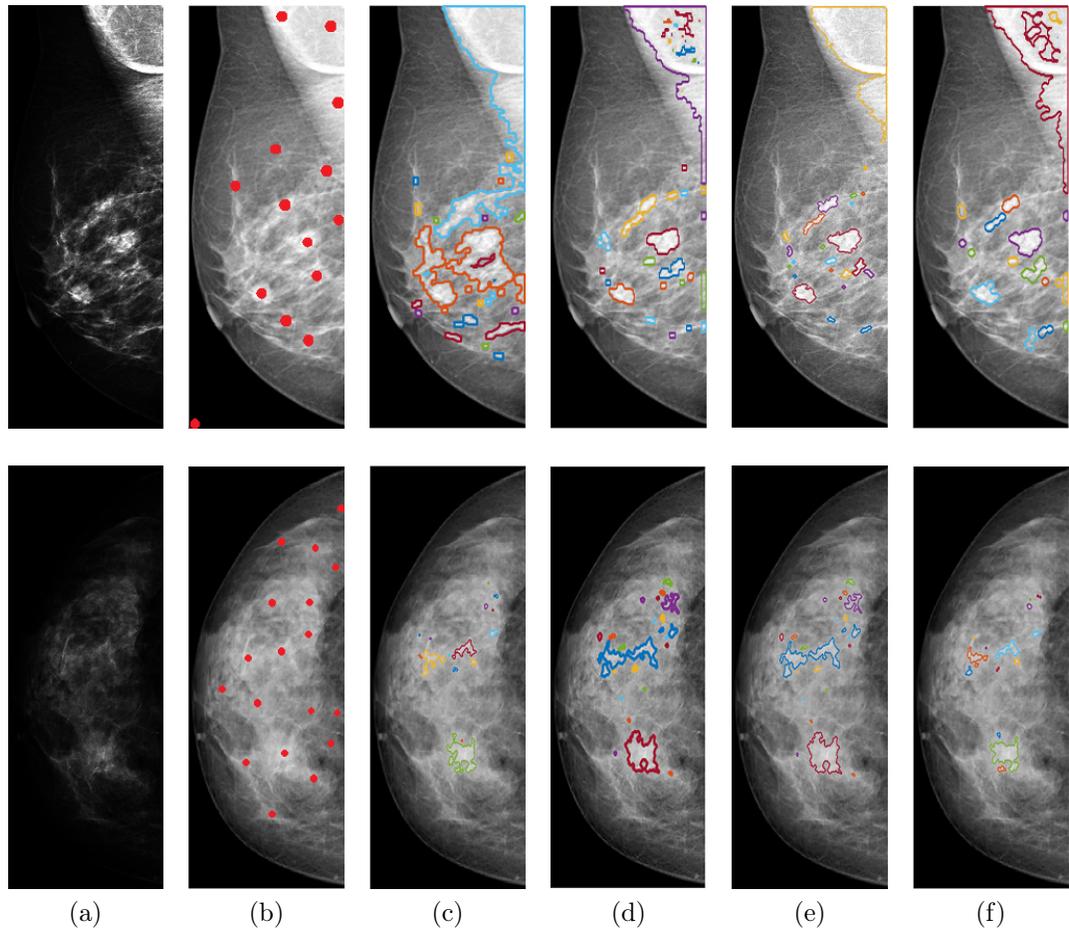


Figura 4.27: Variantes de segmentación MRF con centroides obtenidos a partir de marcadores aplicados a imágenes con densidad 3 y 4. a) MRF con marcadores. b) MRF+rCL c) MRF+rML+rCL. d) MRF+rMLm+rCLm.

Segmentacion	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	% Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	521185	219930	10	18.04	(- , -)
MRF marcadores	510280	192935	10	12.75	(- , -)
MRF +rCL	888520	643510	10	12.05	(- , 1)
MRF +rML+rCL	55294	39825	6	3.06	(1 , 1)
MRF +rMLm+rCLm	48625	32118	5	9.92	(- , -)

Cuadro 4.18: Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 1.

Segmentacion	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	% Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	329810	263370	4	1.18	(- , -)
MRF marcadores	229810	262355	4	1.18	(- , -)
MRF +rCL	607830	592030	3	0.39	(- , 1)
MRF +rML+rCL	32693	30778	3	0.53	(1 , 1)
MRF +rMLm+rCLm	20206	14901	8	3.85	(- , -)

Cuadro 4.19: Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 2.

Segmentacion	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	% Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	425150	114300	6	6.20	(- , -)
MRF marcadores	436370	72955	10	11.28	(- , -)
MRF +rCL	625370	642500	10	13.01	(- , 1)
MRF +rML+rCL	38349	36542	5	6.85	(1 , 1)
MRF +rMLm+rCLm	28938	24845	10	12.64	(- , -)

Cuadro 4.20: Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 3.

Segmentacion	Energía		Criterio de paro		Pesos
	Inicial	Final	# Iter	% Píxeles	(wML, wCL)
MRF original	1011299	998341	10	57.59	(- , -)
MRF marcadores	597805	586333	10	25.77	(- , -)
MRF +rCL	536985	88692	10	18.56	(- , 1)
MRF +rML+rCL	58192	41352	10	11.92	(1 , 1)
MRF +rMLm+rCLm	37412	31444	7	4.35	(- , -)

Cuadro 4.21: Resultados de aspectos comparativos para la imagen de densidad 4.

En el caso de los valores de energía, tres de las cuatro variantes propuestas presentan una menor energía tanto inicial como final, comparada con los valores de energía obtenidos por la segmentación MRF original. Más aún, las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm son las que reportan menores valores en cada una de las cuatro densidades. En el caso de la variante MRF+rCL, el valor de energía muestra el mismo comportamiento que en el ejemplo mostrado al final de la Sección 3.4, es decir, hay restricciones que no se están cumpliendo.

Respecto al criterio de paro las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm logran la estabilidad en tres de las cuatro imágenes de prueba con estabilidades promedio de 3.48 % y 6.04 % respectivamente, además de requerir en promedio 5 y 7 iteraciones cada una para alcanzar dicha estabilidad. En el caso de las variantes MRF con marcadores y MRF+rCL si bien éstas no logran alcanzar la estabilidad en la mayoría de las imágenes de prueba, los porcentajes de estabilidad están en promedio 6.5 % y 4.5 % por arriba de lo establecido por lo que los resultados obtenidos por dichas variantes son aceptables. En contraste, con la segmentación MRF original la estabilidad en las imágenes de prueba en las que no se cumplió con dicho criterio está en promedio 27.8 % por arriba de lo establecido.

En resumen, las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm son las variantes que registran menores valores de energía (inicial y final), además de que éstas cumplen con el criterio de estabilidad predefinido en la mayoría de las imágenes de prueba. Este comportamiento se repite cuando consideramos el conjunto total de imágenes (ver Cuadro 4.22) donde nuevamente estas variantes reportan la menor energía. En el caso de la variante MRF+rCL, como se había mencionado anteriormente, los valores de energía inicial y final se deben a que en esta variante se ha incluido una penalización de tipo CL por lo que un valor mayor implica que hay pares de restricciones que no se están cumpliendo.

En general, para cada una de las variantes de segmentación MRF una mejor minimización de la energía implica dos factores, el primero de ellos está relacionado con la distancia que hay entre los píxeles y su centroide asociado. El segundo factor es respecto de las restricciones impuestas sobre pares de píxeles. De esta manera, una menor energía implica una distancia pequeña y el cumplimiento (de la mayoría) de las restricciones.

Con el objetivo de realizar una evaluación cuantitativa de la calidad de

Energía	Densidad 1		Densidad 2		Densidad 3		Densidad 4	
	Inicial	Final	Inicial	Final	Inicial	Final	Inicial	Final
MRF original	632578	134019	507312	94815	562350	103067	447466	97125
MRF marcadores	635808	132940	543803	103802	553386	104096	457670	54820
MRF+rCL	807759	509070	883803	774034	933540	753962	791628	616931
MRF+rML+rCL	58478	53209	49332	44483	55136	49683	58445	30328
MRF+rMLm+rCLm	32341	17655	27153	22155	32547	9376	39807	11870

Cuadro 4.22: Resultados promedio de energía inicial y final para el conjunto total de imágenes.

la segmentación obtenida, se consideran las medidas de segmentación supervisadas (NPR, VoI y GCE) presentadas en la Sección 2.4. A continuación se presenta una breve interpretación de estas medidas para nuestro problema en particular.

En el caso del índice NPR, éste realiza un conteo de la proporción de pares de píxeles cuyas etiquetas son consistentes entre la imagen segmentada y la imagen de referencia, obteniendo su valor óptimo en 1. Así, en el caso de tener dos etiquetas (objeto y fondo), este índice nos proporciona información sobre el tamaño de las regiones recuperadas. Las dos siguientes medidas obtienen su valor óptimo en 0, lo cual en ambos casos representa una consistencia perfecta entre la imagen segmentada y la imagen de referencia. En el caso de la VoI, ésta nos indica que tanta información están compartiendo ambas segmentaciones. Finalmente, el GCE al medir el traslape de las regiones nos proporciona información sobre el tamaño y forma de las regiones recuperadas.

Para mostrar los resultados de esta evaluación se consideran las imágenes postprocesadas (ver Figura 4.24) con la finalidad de obtener la máscara de segmentación de la masa delimitada por las variantes propuestas. Debido a que en la etapa de postprocesamiento se descartaron aquellas regiones que no cumplen con el criterio de área establecido, de las 118 imágenes, las variantes propuestas recuperan en promedio el 97% de las masas. Las máscaras de segmentación para la masa marcada por el radiólogo y la masa delimitada por los segmentadores se obtienen al extraer el rectángulo más pequeño que contiene a ambas masas. La Figura 4.28 muestra ejemplos de las máscaras de segmentación sobre las cuales se calculan las medidas de segmentación. La primera fila corresponde con las masas que han sido segmentadas manualmente (imagen referencia) mientras que la segunda fila corresponde con la masa segmentada por las variantes de segmentación MRF (imagen test).

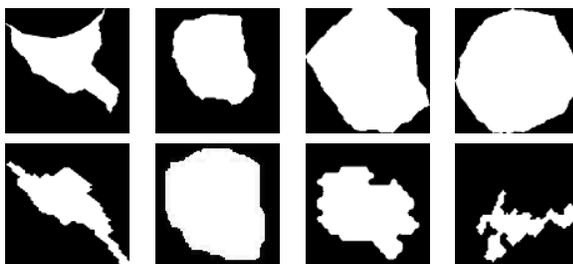


Figura 4.28: Ejemplo de imágenes para cálculo de medidas de segmentación. Imagen referencia (primera fila) e imagen test (segunda fila).

Considerando los resultados visuales y los resultados de energía inicial y final, estas medidas se calcularon para las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm como se muestra en los Cuadros 4.23 y 4.24, respectivamente. A continuación se analizan los valores obtenidos.

Los valores del índice NPR para las variantes seleccionadas disminuyen conforme aumenta la densidad siendo la densidad 4 la que reporta un menor valor. Este comportamiento se justifica en el hecho de que las imágenes con densidad 4, al tener más de un centroide asociado a una ROI, el tamaño de la masa dentro de esa región se recupera parcialmente (ver Figura 4.27, fila 2). Para ambas variantes, el valor del índice NPR se encuentra por arriba de 0.5 por lo que en terminos de tamaño de la imagen referencia con la imagen test, la calidad de la segmentación es buena [Unnikrishnan et al., 2005].

En el caso de la VoI esta tiene un valor mayor conforme la densidad de la mama aumenta. Esto significa que la información que comparten ambas segmentaciones disminuye. Respecto de los valores de la medida de GCE, en ambas variantes, las densidades 1, 2 y 3 son las que reportan valores cercanos a cero. Estos valores implican que el traslape de la imagen de referencia con la imagen test es bueno, lo cual, en términos de tamaño, es consistente con los valores del índice NPR. En el caso de las imágenes con densidad 4, el GCE registra valores mayores comparados con las demás densidades, esto debido al tamaño de las regiones recuperadas.

Para una comparación de las variantes de segmentación considerando el conjunto total de imágenes se calcula el promedio de las tres medidas de segmentación sobre todas las densidades. El Cuadro 4.25 muestra los resultados

MRF+rML+rCL	DENSIDAD				
	1	2	3	4	NaN
NPR	0.7074	0.6957	0.6256	0.5554	0.6192
VoI	0.9036	0.9327	1.0863	1.3074	1.3244
GCE	0.1442	0.1476	0.1541	0.2194	0.2400

Cuadro 4.23: Resultados de medidas de segmentación para tercer variante de segmentación MRF.

MRF+rMLm+rCLm	DENSIDAD				
	1	2	3	4	NaN
NPR	0.6480	0.6400	0.6142	0.5819	0.6766
VoI	1.0199	1.0888	1.1015	1.1941	0.9902
GCE	0.1471	0.1639	0.1437	0.1895	0.1285

Cuadro 4.24: Resultados de medidas de segmentación para cuarta variante de segmentación MRF.

obtenidos, donde se puede observar que la variante MRF+rML+rCL tiene el mayor valor en el índice NPR. Sin embargo, el valor obtenido por el mismo índice en el caso de la variante MRF+rMLm+rCLm es menor por menos de una centésima. Considerando los valores obtenidos por las medidas VoI y GCE, la variante MRF+rMLm+rCLm es la que obtiene mejores resultados.

En conclusión, las medidas de segmentación obtenidas por la variante MRF+rMLm+rCLm en general son mejores que los valores obtenidos por la variante MRF+rML+rCL. Esto implica que tanto la forma como el tamaño de las masas obtenidas por la variante MRF+rMLm+rCLm son más similares a las masas que fueron marcadas por el radiólogo. Esto es consistente con los valores de energía inicial y final (ver Cuadro 4.22) donde dicha variante reporta los menores valores, lo cual como se había mencionado anteriormente indica un buen agrupamiento en términos de distancias entre elementos del mismo grupo y restricciones cumplidas.

Segmentación	NPR	VoI	GCE
MRF+rML+rCL	0.64012	1.11088	0.18106
MRF+rMLm+rCLm	0.63214	1.0789	0.15454

Cuadro 4.25: Medidas de segmentación promediadas sobre todas las densidades para ambas variantes de segmentación MRF.

4.4. Resultados de detección

En esta sección se presentan los resultados del método de detección de masas considerando el clasificador SVM con kernel Gaussiano y el sistema de ranking, ambos presentados en la Sección 2.3. Considerando los resultados visuales obtenidos por la segmentación MRF original, ésta se descarta para el análisis de la detección de masas. Al igual que en el caso de las medidas de segmentación, el análisis de resultados de detección de masas se realiza para las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm.

El análisis de resultados de detección se hace para el conjunto de imágenes descrito en la Subsección 4.3.2, esto es, el conjunto de imágenes descartando aquellas que presentan bajo contraste. La caracterización de las masas se realiza empleando los conjuntos de descriptores presentados en la Sección 2.3. Es decir, el primer conjunto de descriptores (C_{18}) considera las 18 características utilizadas en [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008] mientras que el segundo conjunto de descriptores (C_{28}) considera las 28 características utilizadas en [Moura y López, 2013].

Para la validación de resultados, en el caso del clasificador SVM con kernel Gaussiano, se utilizó validación cruzada con 10 particiones. El conjunto total de imágenes se construyó de la siguiente manera. De la base de datos original se consideraron las 118 masas delimitadas por el radiólogo, adicionalmente, de los resultados obtenidos por las variantes de segmentación se seleccionaron aquellas regiones correspondientes con las 118 masas seleccionadas previamente. Después de este paso el conjunto de masas se incrementó a 236. Este nuevo conjunto de imágenes se dividió en 70 % de los elementos para entrenamiento y 30 % para test. Más aún, ambos conjuntos se construyeron de manera tal que en cada uno de ellos hubiera un porcentaje correspondiente de imágenes con las densidades indicadas. En el caso de las imágenes que representan tejido, éstas se obtuvieron de las variantes de segmentación descartando aquellas regiones que corresponden con masas. En este caso se consideró un total de 240 imágenes que representan tejido. Los parámetros de C y γ se obtuvieron mediante dos búsquedas de malla. Los parámetros fueron buscados en los intervalos $[2^{-5}, 2^{15}]$ y $[2^{-15}, 2^3]$, para C y γ , respectivamente. Una vez que se identificó la mejor región de la malla, se realizó una búsqueda fina de parámetros en los intervalos $[2^{-2}, 2^6]$ y $[2^{-4}, 2^3]$. Los resultados obtenidos son para la combinación de (10, 0.1) para el conjunto C_{18} y (10, 1.8) para el conjunto C_{28} , para ambas variantes.

En el caso del sistema de ranking, la información para el cálculo de los valores de la zona de puntaje (μ_i y σ_i) se obtuvo a partir de las características únicamente de las masas que han sido marcadas por los radiólogos. En este caso la información de ejemplos que corresponden con tejido no es necesaria. Finalmente, la amplitud de la zona de puntaje se obtuvo por experimentación, siendo $\alpha = 1.6$ el valor con el que se obtuvieron los mejores resultados.

Las medidas de validación que se emplearon para calcular los índices de desempeño de los dos métodos de detección seleccionados fueron la exactitud, precisión, sensibilidad, especificidad, coeficiente de correlación de Matthews (MCC), tasa de error balanceada (*Balanced Error Rate*, BER) y área bajo la curva ROC, (*Area Under Curve of Receiver Operating Characteristic*, AUC-ROC). Los Cuadros 4.26-4.29 muestran los resultados obtenidos.

En el caso del índice MCC y considerando el resultado obtenido por las SVMs, el valor en ambas variantes se encuentra por arriba de 0.85, alcanzando su valor máximo con la variante MRF+rMLm+rCLm y con el conjunto de descriptores C_{28} . En contraste, con el sistema de ranking el valor de éste índice se encuentra entre 0.39 y 0.43 para ambas variantes. La segunda medida de validación es el índice BER, el cual en el caso de las SVMs en ambas variantes se encuentra por debajo de 0.07, es decir, el error por clase es muy pequeño. Con el sistema de ranking si bien este valor es cercano a cero (entre 0.21 y 0.24) éste aún queda por arriba del valor obtenido por las SVMs.

Para la sensibilidad, el sistema de ranking alcanza un máximo de 0.842 con el conjunto de descriptores C_{18} , mientras que las SVM alcanzan un valor máximo 0.956 con el conjunto de descriptores C_{28} . Es decir, la capacidad de detectar masas es mejor en las SVM que en el sistema de ranking. Por otro lado, para ambos métodos de detección la variante MRF+rMLm+rCLm es la que obtiene estos resultados. En el caso de la especificidad, es decir, la capacidad de detectar tejido sano fue mejor con las SVMs, en ambas variantes utilizando el conjunto de descriptores C_{18} . En el caso del sistema de ranking, la capacidad de detectar tejido sano fue en promedio de 0.72.

Respecto a la exactitud, la variante MRF+rMLm+rCLm es la que mejores resultados obtiene, siendo mejores con las SVMs. Por lo que la efectividad global del clasificador es de 0.94. En el caso de la precisión se tiene un comportamiento similar, en este caso se tiene un valor máximo de 0.9688. Finalmente, el mejor valor AUROC fue de 0.9398 obtenido por la variante MRF+rMLm+rCLm cuando se emplea el conjunto de descriptores C_{28} .

SEGMENTACION MRF+rML+rCL							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.8522	0.0751	0.8806	0.9692	0.9242	0.9672	0.9249
C_{28}	0.8637	0.0683	0.9403	0.9231	0.9318	0.9265	0.9317

Cuadro 4.26: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando SVM con kernel Gaussiano.

SEGMENTACION MRF+rML+rCL							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.4064	0.2375	0.7983	0.7267	0.7385	0.3668	0.7625
C_{28}	0.3957	0.2451	0.7815	0.7283	0.7371	0.3633	0.7549

Cuadro 4.27: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando el sistema de ranking.

SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.8683	0.0661	0.8986	0.9692	0.9328	0.9688	0.9339
C_{28}	0.8808	0.0602	0.9565	0.9231	0.9403	0.9296	0.9398

Cuadro 4.28: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando SVM con kernel Gaussiano.

SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.4313	0.2164	0.8421	0.725	0.7437	0.3678	0.7836
C_{28}	0.4156	0.2279	0.8158	0.7283	0.7423	0.3633	0.7721

Cuadro 4.29: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando el sistema de ranking.

Con estos resultados podemos concluir que las SVM con kernel Gaussiano son mejores para la detección de masas que el sistema de ranking. Más aún, independientemente del conjunto de descriptores que se emplee para caracterizar a las masas y al tejido, la variante MRF+rMLm+rCLm es la que obtiene mejores resultados de detección. Estos resultados son consistentes con las medidas de segmentación calculadas previamente (ver Cuadro 4.25).

Una segunda prueba respecto de los resultados de detección se realizó considerando la información sobre las masas con bajo contraste, es decir,

considerando el conjunto original de 143 imágenes. La construcción del conjunto de datos es similar al caso anterior, esto es, para las SVMs se tiene lo siguiente, de los resultados de segmentación se seleccionaron las regiones que corresponden con las 143 masas marcadas por el radiólogo, incrementando así el total de éstas a 286. En el caso de la información de imágenes que representan tejido, se seleccionaron un total de 275 ejemplos. Al igual que en el caso anterior se utilizó validación cruzada con 10 particiones y se dividió el conjunto de datos completo en un 70 % para entrenamiento y un 30 % para test. En el caso del sistema de ranking, la información de los valores de la zona de puntaje se calculó a partir de las 143 masas marcadas por los radiólogos.

El propósito de este segundo experimento es analizar la influencia de la información de masas con bajo contraste respecto de la detección de las mismas. Como se puede observar en los Cuadros 4.30-4.33, de manera general se tiene el mismo comportamiento que con el conjunto de 118 imágenes, esto es, los valores obtenidos por las SVMs en ambas variantes, independiente del conjunto de descriptores empleado, es mayor que los valores obtenidos por el sistema de ranking. Más aún, los resultados obtenidos considerando el conjunto total de imágenes muestran un aumento en todas las medidas de evaluación seleccionadas en el caso de las SVMs. Esto nos indica que ejemplos de masas con bajo contraste incorpora información relevante para una mejor discriminación de masas y tejido sano.

Otro aspecto que se sigue cumpliendo es el hecho de que la variante $MRF+rML+rCL$ es la que obtiene mejores resultados de detección. Es decir, en términos de forma y tamaño de las masas recuperadas, éstas son más similares a las marcadas por el radiólogo. Estos resultados, como se había mencionado anteriormente, son consistentes con las medidas de segmentación reportadas en el Cuadro 4.25.

SEGMENTACION $MRF+rML+rCL$							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.882	0.0600	0.9067	0.9733	0.94	0.9714	0.94
C_{28}	0.867	0.0667	0.9467	0.92	0.9333	0.9221	0.9333

Cuadro 4.30: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante $MRF+rML+rCL$ y utilizando SVM con kernel Gaussiano. Conjunto de 143 imágenes.

SEGMENTACION MRF+rML+rCL							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.4585	0.2009	0.8482	0.75	0.7654	0.3878	0.7991
C_{28}	0.4371	0.214	0.8304	0.7417	0.7556	0.375	0.786

Cuadro 4.31: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rML+rCL y utilizando el sistema de ranking. Conjunto de 143 imágenes.

SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.896	0.0523	0.9221	0.9733	0.9474	0.9726	0.9477
C_{28}	0.8822	0.0595	0.961	0.92	0.9408	0.925	0.9405

Cuadro 4.32: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando SVM con kernel Gaussiano. Conjunto de 143 imágenes.

SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm							
Descriptores	MCC	BER	Sensibilidad	Especificidad	Exactitud	Precisión	AUROC
C_{18}	0.4566	0.2049	0.8319	0.7583	0.77	0.3933	0.7951
C_{28}	0.4683	0.201	0.823	0.775	0.7826	0.4079	0.799

Cuadro 4.33: Resultados de medidas de validación de detección de masas para variante MRF+rMLm+rCLm y utilizando el sistema de ranking. Conjunto de 143 imágenes.

4.4.1. Comparación con agrupamiento tradicional

Uno de los objetivos específicos propuestos en la Sección 1.4.1 es el comparar el desempeño de la segmentación basada en agrupamiento restringido contra un método basado en agrupamiento tradicional. Para esto, el método tradicional seleccionado es el algoritmo FCM. Una característica de este algoritmo es el hecho de que un objeto puede pertenecer a más de un grupo, donde esta pertenencia la define una función de membresía a los grupos [Ramani et al., 2013]. Antes de analizar los resultados obtenidos por FCM, presentamos la configuración de los experimentos realizados.

El número k de grupos se buscó en el intervalo $[5, 20]$, siendo $k = 10$ el valor con el que se obtuvieron los mejores resultados. Respecto al número de iteraciones, se probó con 10 y 25, siendo este último valor con el que mejores resultados se obtuvieron. Para iniciar con la comparación de resultados

analizaremos primero los resultados visuales obtenidos así como las medidas de segmentación calculadas en la Subsección 4.3.2.

La Figura 4.29 muestra la segmentación obtenida por FCM para las imágenes seleccionadas. En el caso de las imágenes con densidad 1 y 2, las formas de la masas recuperadas son parcialmente similares, sin embargo, éstas crecen más de lo esperado. En el caso de la imagen con densidad 3, la masa se pierde entre las demás regiones. Finalmente, en la imagen con densidad 4 la masa se está recuperando parcialmente. Otro aspecto a considerar es que el resultado de la segmentación, para todas las densidades, tiene un mayor ruido comparado con los resultados obtenidos por las variantes propuestas por las variantes propuestas (ver Figura 4.24, fila 1).

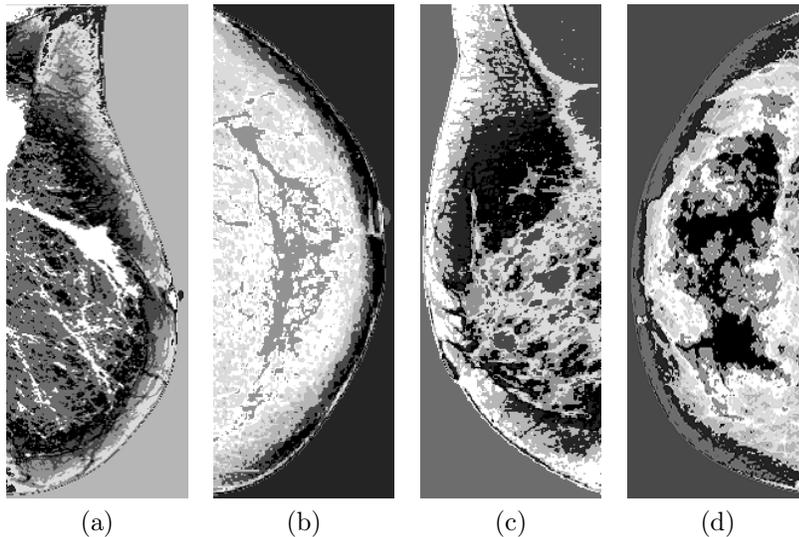


Figura 4.29: Resultados visuales de segmentación obtenidos por el algoritmo FCM con 10 grupos. Imágenes con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

Una ventaja de las variantes propuestas es que, a diferencia de FCM, el número de grupos se determina automáticamente para cada imagen. Más aún, el número de iteraciones requeridas por las variantes es menor que el requerido por el algoritmo FCM.

Las regiones sobre las cuales se calculan las medidas de segmentación son

como las mostradas en la Figura 4.28. Del total de imágenes consideradas (118) con el algoritmo FCM se logran segmentar 72 masas, es decir, aproximadamente el 61 % de las imágenes lo cual contrasta con el 97 % de las masas recuperadas por las variantes propuestas. El Cuadro 4.34 muestra los valores de las medidas de segmentación promediados sobre las 72 masas localizadas, distribuidos por densidad.

El valor del índice NPR en todas las densidades es mayor a 0.5, alcanzando el mejor valor en las imágenes de densidad 1. Es decir, el tamaño de las masas recuperadas es similar al marcado por el radiólogo. Respecto al índice VoI, en todas las densidades es mayor a 1, lo cual en términos de información compartida por los dos agrupamientos es pequeña. La última medida es el GCE cuyos valores son menores a 0.23, lo que indica que hay un buen traslape de la región de referencia con la región delimitada por el radiólogo.

Medidas	DENSIDAD				
	1	2	3	4	NaN
NPR	0.6125	0.5651	0.5773	0.5346	0.6169
VoI	1.0507	1.1321	1.2530	1.3044	1.3141
GCE	0.1097	0.1074	0.1738	0.1894	0.2254

Cuadro 4.34: Resultados de medidas de segmentación para algoritmo FCM. Resultados promediados sobre el total de masas ubicadas.

Para una mejor comparación de las medidas de segmentación obtenidas tanto por las variantes de segmentación propuestas como para el algoritmo FCM, el Cuadro 4.35 muestra los resultados promediados de todas las densidades. De esta manera, el valor del índice NPR es mejor en el caso de la variante MRF+rML+rCL, sin embargo, el valor obtenido por la variante MRF+rMLm+rCLm difiere en menos de una centésima. Para los índices VoI y GCE, la variante MRF+rMLm+rCLm es la que mejores resultados obtiene. Por lo tanto, de manera general la variante MRF+rMLm+rCLm es la que mejor resultados de segmentación obtiene.

Finalmente, la última comparación es respecto de la etapa de detección, para la cual consideramos el valor AUROC obtenido en los dos conjuntos de descriptores y empleando el sistema de ranking. Como se puede observar en el Cuadro 4.36, la variante MRF+rMLm+rCLm es la que obtiene el mejor valor AUROC, con el conjunto de descriptores C_{18} . En contraste, el valor AUROC máximo obtenido por el FCM de apenas 0.52.

Segmentación	NPR	VoI	GCE
FCM	0.58128	1.21086	0.16114
MRF+rML+rCL	0.64012	1.11088	0.18106
MRF+rMLm+rCLm	0.63214	1.0789	0.15454

Cuadro 4.35: Comparación de medidas de segmentación promediadas sobre todas las densidades.

Descriptores	FCM	MRF+rML+rCL	MRF+rMLm+rCLm
C_{18}	0.5181	0.7625	0.7836
C_{28}	0.5205	0.7549	0.7721

Cuadro 4.36: Comparación de resultados de detección obtenidos por el sistema de ranking considerando el valor AUROC. Conjunto de 118 imágenes

Descriptores	FCM	MRF+rML+rCL	MRF+rMLm+rCLm
C_{18}	0.5412	0.7991	0.7951
C_{28}	0.5843	0.7860	0.7990

Cuadro 4.37: Comparación de resultados de detección obtenidos por el sistema de ranking considerando el valor AUROC. Conjunto de 143 imágenes

Al realizar nuevamente esta comparación, considerando ahora la información de las 143 masas, los resultados en los tres métodos de segmentación incrementan, alcanzando el mejor valor con la variante MRF+rMLm+rCLm (ver Cuadro 4.37).

Si bien con la información de las masas con bajo contraste se logra incrementar el valor AUROC obtenido por el FCM, éstos siguen siendo menores a los obtenidos por las variantes de segmentación propuestas, por lo que la comparación del mejor valor de AUROC considerando las SVMs con kernel Gaussiano se descarta.

Finalmente, si bien el incorporar información de masas con bajo contraste mejora los resultados de detección, independientemente del conjunto de descriptores utilizado, los mejores resultados se obtienen con la variante MRF+rMLm+rCLm. Estos resultados, más aún de ser consistentes con las medidas de segmentación (ver Cuadro 4.35), demuestran la hipótesis de que utilizando métodos de agrupamiento restringido se mejoran los resultados de segmentación y por lo tanto, de detección de masas, comparados contra un método como FCM que no integra información adicional en forma de restricciones.

Capítulo 5

Conclusiones y trabajo futuro

En este proyecto de tesis se proponen cuatro variantes o extensiones al modelo de segmentación MRF aplicados a imágenes de mamografía. Estas variantes caen dentro de la categoría de métodos de segmentación basada en agrupamiento restringido, debido a que agregan información adicional para dicho agrupamiento. Para evaluar los modelos propuestos se realizó una comparativa de estos contra un método de segmentación basado en agrupamiento tradicional como lo es FCM. El análisis y la comparación se realizaron para conocer el rendimiento de los segmentadores y medir que tanto ayuda la incorporación de información en forma de restricciones, para la discriminación de masas y tejido sano.

Un primer análisis visual de los resultados de segmentación obtenidos por las cuatro variantes propuestas mostró que éstas tienen una mayor capacidad para recuperar tanto la forma como el tamaño de las masas, en contraste con los resultados que se obtuvieron por la segmentación MRF original. Este resultado se debe en primera instancia a la forma en que los centroides son inicializados en las cuatro variantes propuestas. Además, se observa que también influye en los resultados la inclusión de restricciones de tipo ML y CL sobre pares de instancias en tres variantes. Otro aspecto importante en la comparativa de las cuatro variantes propuestas contra la segmentación MRF original, son los valores de energía inicial y final. Los experimentos en este caso mostraron que en general las variantes propuestas minimizan mejor la energía lo cual tiene como resultado un mejor etiquetado de la imagen. Además se obtiene una mejor estabilidad del etiquetado en un menor número de iteraciones.

Una evaluación cuantitativa de la calidad de segmentación, de las dos mejores variantes propuestas y el algoritmo FCM, se realizó considerando tres medidas de segmentación supervisada. Los resultados obtenidos mostraron que las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm son las que mejores resultados obtienen comparado con los resultados obtenidos por FCM. Esto implica que con las variantes la forma y el tamaño de las masas recuperadas son más similares con lo establecido por el radiólogo. Más aún, las variantes propuestas están recuperando aproximadamente el 97 % de las masas, mientras que FCM recupera alrededor del 61 % de ellas.

La comparativa respecto a la etapa de detección de masas mostró que el incorporar información sobre masas con bajo y alto contraste mejora el desempeño de los métodos de detección seleccionados (SVM y sistema de ranking) independientemente del conjunto de descriptores utilizado para caracterizar a la región de interés. Un análisis respecto al método de segmentación seleccionado mostró que la variante MRF+rMLm+rCLm es la que mejor resultados de detección obtiene. Es decir, las características de la región de interés recuperada son más similares a las características de la masa que fue delimitada por el radiólogo. En contraste, con el algoritmo FCM, el resultado de detección de éste fue menor debido a la cantidad de masas recuperadas y a las características de las mismas. Estos resultados son consistentes con los obtenidos por las medidas de segmentación.

Una de las bases de este proyecto de tesis son los procesos de inicialización de centroides (a través de marcadores internos) y adquisición de restricciones. Para ambos procesos es necesario el cálculo de los máximos regionales de la imagen pues se trabaja bajo el supuesto de que las masas son cercanas a tonos brillantes. Sin embargo, debido a la presencia de masas en tonalidades opacas, como parte del trabajo futuro se pretende realizar un estudio y aplicación de operaciones y algoritmos de morfología matemática logarítmica con el objetivo de realzar aquellas masas que presentan bajo contraste. De esta manera, se pretende que dichas masas puedan ser recuperadas a través del cálculo de los máximos regionales de la imagen. Más aún, el estudio de la morfología matemática logarítmica puede ser viable como método de preprocesamiento de la imagen, por ser un entorno adaptativo, robusto a cambios de iluminación y capaz de mejorar masas con bajo contraste. También, otro proceso que se puede mejorar es la adquisición de restricciones, por lo que se pretende explorar el método IIC para refinar la elección de píxeles candidatos para una restricción.

Bibliografía

- [ACR, 2003] ACR (2003). Breast Imaging Reporting and Data System. American College of Radiology, 4th edn.
- [ACS, 2016] ACS (2016). Tipos de cáncer de seno. American Cancer Society. Recuperado junio de 2017, de: <https://www.cancer.org/es/cancer/cancer-de-seno/compreension-de-un-diagnostico-de-cancer-de-seno/tipos-de-cancer-de-seno.html>.
- [Álvarez et al., 2006] Álvarez, D. A., Guevara, M. L., and Holguín, G. A. (2006). Preprocesamiento de imágenes aplicadas a mamografías digitales. *Scientia et technica*, 12(31):1–6.
- [Barker y Rayner, 2000] Barker, S. A. y Rayner, P. J. (2000). Unsupervised image segmentation using markov random field models. *Pattern Recognition*, 33(4):587–602.
- [Basu et al., 2004] Basu, S., Banerjee, A., and Mooney, R. J. (2004). Active semi-supervision for pairwise constrained clustering. In *Proceedings of the 2004 SIAM International Conference on Data Mining*, pages 333–344.
- [Basu et al., 2006] Basu, S., Bilenko, M., Banerjee, A., and Mooney, R. J. (2006). Probabilistic semi-supervised clustering with constraints. In *Chappelle O., Schölkopf B., Zien A. (eds) Semi-supervised learning*, pages 71–98. MIT Press.
- [Basu et al., 2009] Basu, S., Davidson, I., and Wagstaff, K. (2009). *Constrained clustering: Advances in algorithms, theory, and applications*. CRC Press.

- [BCS, 2010] BCS (2010). Breast cancer statistics worldwide. Recuperado junio de 2017, de: <https://www.worldwidebreastcancer.com/breast-cancer-statistics-worldwide/>.
- [Berkhin, 2006] Berkhin, P. (2006). A survey of clustering data mining techniques. In *Kogan J., Nicholas C., Teboulle M. (eds) Grouping Multidimensional Data*, pages 25–71. Springer.
- [Bilenko et al., 2004] Bilenko, M., Basu, S., and Mooney, R. J. (2004). Integrating constraints and metric learning in semi-supervised clustering. In *Proceedings of the 21st International Conference on Machine Learning*, pages 839–846.
- [Bozek et al., 2008] Bozek, J., Delac, K., and Grgic, M. (2008). Computer-aided detection and diagnosis of breast abnormalities in digital mammography. In *Proceedings of the 50th IEEE International Symposium EL-MAR*, volume 1, pages 45–52.
- [Bozek et al., 2009] Bozek, J., Mustra, M., Delac, K., and Grgic, M. (2009). A survey of image processing algorithms in digital mammography. In *Recent Advances in Multimedia Signal Processing and Communications*, pages 631–657. Springer.
- [Brandan y Villaseñor, 2006] Brandan, M. E. and Villaseñor, Y. (2006). Detección del cáncer de mama: estado de la mamografía en México. *Cancerología*, 1(3):147–162.
- [Breastcancer, 2017] Breastcancer (2017). Mammography technique and types. Recuperado junio de 2017, de www.breastcancer.org/symptoms/testing/types/mammograms/types.
- [Cárdenas-Sánchez et al., 2015] Cárdenas-Sánchez, J., Bargalló-Rocha, J. E., Erazo-Valle, A., Chacón, A. P., Valero-Castillo, V., and Pérez-Sánchez, V. (2015). Consenso Mexicano sobre diagnóstico y tratamiento del cáncer mamario. *Gaceta Mexicana de Oncología*, 14(2):2–55.
- [Chávarri-Guerra et al., 2012] Chávarri-Guerra, Y., Villarreal-Garza, C., Liedke, P. E., Knaul, F., Mohar, A., Finkelstein, D. M., and Goss, P. E. (2012). Breast cancer in México: a growing challenge to health and the health system. *The Lancet Oncology*, 13(8):335–343.

- [Chellappa y Jain, 1993] Chellappa, R. and Jain, A. (1993). Markov random fields. Theory and application. *Boston: Academic Press*.
- [Chen y Metaxas, 2000] Chen, T. and Metaxas, D. (2000). Image segmentation based on the integration of Markov random fields and deformable models. In *Proceedings of the 3th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 1935, pages 256–265.
- [Cheng et al., 2006] Cheng, H.-D., Shi, X.-J., Min, R., Hu, L.-M., Cai, X.-P., and Du, H.-N. (2006). Approaches for automated detection and classification of masses in mammograms. *Pattern recognition*, 39(4):646–668.
- [Chu et al., 2015] Chu, J., Min, H., Liu, L., and Lu, W. (2015). A novel computer aided breast mass detection scheme based on morphological enhancement and SLIC superpixel segmentation. *Medical physics*, 42(7):3859–3869.
- [Chuang et al., 2006] Chuang, K.-S., Tzeng, H.-L., Chen, S., Wu, J., and Chen, T.-J. (2006). Fuzzy C-means clustering with spatial information for image segmentation. *Computerized medical imaging and graphics*, 30(1):9–15.
- [Coleman y Andrews, 1979] Coleman, G. B. and Andrews, H. C. (1979). Image segmentation by clustering. *Proceedings of the IEEE*, 67(5):773–785.
- [Duarte et al., 2014] Duarte, J. M., Fred, A. L., and Duarte, F. J. F. (2014). Constraint acquisition methods for data clustering. *Intelligent Data Analysis*, 18(6S):S47–S64.
- [Dubey et al., 2010] Dubey, R., Hanmandlu, M., and Gupta, S. (2010). A comparison of two methods for the segmentation of masses in the digital mammograms. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 34(3):185–191.
- [Geman y Graffigne, 1986] Geman, S. and Graffigne, C. (1986). Markov random field image models and their applications to computer vision. In *Proceedings of the 1986 International Congress of Mathematicians*, volume 1, pages 1496–1517.

- [Gonzalez y Woods, 2008] Gonzalez, R. C. and Woods, R. E. (2008). *Digital image processing*. Prentice Hall.
- [INEGI, 2015] INEGI (2015). Estadísticas a propósito del día mundial de la lucha contra el cáncer de mama. Instituto Nacional de Estadística y Geografía, Recuperado mayo de 2017, de: www.inegi.org.mx/saladeprensa/aproposito/2015/mama0.pdf.
- [INEGI, 2016] INEGI (2016). Estadísticas a propósito del día mundial de la lucha contra el cáncer de mama. Instituto Nacional de Estadística y Geografía, Recuperado mayo de 2017, de: www.inegi.org.mx/saladeprensa/aproposito/2016/mama2016_0.pdf.
- [Jain et al., 1999] Jain, A. K., Murty, M. N., and Flynn, P. J. (1999). Data clustering: A review. *ACM Computing Surveys*, 31(3):264–323.
- [Knaul et al., 2008] Knaul, F. M., Nigenda, G., Lozano, R., Arreola-Ornelas, H., Langer, A., and Frenk, J. (2008). Breast cancer in México: A pressing priority. *Reproductive health matters*, 16(32):113–123.
- [Knaul et al., 2009] Knaul, F. M., Nigenda, G., Lozano, R., Arreola-Ornelas, H., Langer, A., and Frenk, J. (2009). Cáncer de mama en México: una prioridad apremiante. *Salud pública de México*, 51:s335–s344.
- [Kom et al., 2007] Kom, G., Tiedeu, A., and Kom, M. (2007). Automated detection of masses in mammograms by local adaptive thresholding. *Computers in Biology and Medicine*, 37(1):37–48.
- [Lai et al., 1989] Lai, S.-M., Li, X., and Bischof, W. (1989). On techniques for detecting circumscribed masses in mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 8(4):377–386.
- [Lewis y Dong, 2012] Lewis, S. H. and Dong, A. (2012). Detection of breast tumor candidates using marker-controlled watershed segmentation and morphological analysis. In *Proceedings of the 2012 IEEE Southwest Symposium on Image Analysis and Interpretation*, pages 1–4.
- [Li et al., 2001] Li, H., Wang, Y., Liu, K. R., Lo, S.-C., and Freedman, M. T. (2001). Computerized radiographic mass detection. Part I. Lesion site selection by morphological enhancement and contextual segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(4):289–301.

- [Li et al., 1995] Li, H.-D., Kallergi, M., Clarke, L. P., Jain, V. K., and Clark, R. A. (1995). Markov random field for tumor detection in digital mammography. *IEEE transactions on Medical Imaging*, 14(3):565–576.
- [Li, 1994] Li, S. Z. (1994). Markov random field models in computer vision. In *Proceedings of the 3th European Conference on Computer Vision*, volume 801, pages 361–370.
- [Li, 1995] Li, S. Z. (1995). *Markov Random Field Modeling in Computer Vision*. Springer-Verlang.
- [Martin et al., 2001] Martin, D., Fowlkes, C., Tal, D., and Malik, J. (2001). A database of human segmented natural images and its application to evaluating segmentation algorithms and measuring ecological statistics. In *Proceedings of the 8th IEEE International Conference on Computer Vision*, volume 2, pages 416–423.
- [Medline-Plus, 2016] Medline-Plus (2016). Mamografía. U.S. National Library of Medicine. Recuperado junio de 2017, de: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/003380.htm>.
- [Meilă, 2003] Meilă, M. (2003). Comparing clusterings by the variation of information. In *Learning Theory and Kernel Machines*, pages 173–187. Springer.
- [Morrow et al., 1992] Morrow, W. M., Paranjape, R. B., Rangayyan, R. M., and Desautels, J. L. (1992). Region-based contrast enhancement of mammograms. *IEEE transactions on Medical Imaging*, 11(3):392–406.
- [Moura y López, 2013] Moura, D. C. and López, M. A. G. (2013). An evaluation of image descriptors combined with clinical data for breast cancer diagnosis. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 8(4):561–574.
- [Mudigonda et al., 2001] Mudigonda, N. R., Rangayyan, R. M., and Desautels, J. L. (2001). Detection of breast masses in mammograms by density slicing and texture flow-field analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20(12):1215–1227.
- [Nam y Choi, 1998] Nam, S. H. and Choi, J. Y. (1998). A method of image enhancement and fractal dimension for detection of microcalcifications in

- mammogram. In *Proceedings of the 20th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, volume 20, pages 1009–1012.
- [Nixon y Aguado, 2012] Nixon, M. and Aguado, A. S. (2012). *Feature extraction and image processing for computer vision. Chapter 7. Object description*. Academic Press.
- [Oliver et al., 2010] Oliver, A., Freixenet, J., Marti, J., Pérez, E., Pont, J., Denton, E. R., and Zwiggelaar, R. (2010). A review of automatic mass detection and segmentation in mammographic images. *Medical Image Analysis*, 14(2):87–110.
- [Pappas, 1992] Pappas, T. N. (1992). An adaptive clustering algorithm for image segmentation. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 40(4):901–914.
- [Pedro Gabriel, 2014] Pedro Gabriel, R. (2014). *Clasificación de masas en imágenes de mamografías utilizando Redes Bayesianas*. Tesis de Maestría, Universidad Tecnológica de la Mixteca, México.
- [Peng et al., 2013] Peng, B., Zhang, L., and Zhang, D. (2013). A survey of graph theoretical approaches to image segmentation. *Pattern Recognition*, 46(3):1020–1038.
- [Qian et al., 1999] Qian, W., Li, L., and Clarke, L. P. (1999). Image feature extraction for mass detection in digital mammography: Influence of wavelet analysis. *Medical Physics*, 26(3):402–408.
- [Ramani et al., 2013] Ramani, R., Valarmathy, S., and Vanitha, N. S. (2013). Breast cancer detection in mammograms based on clustering techniques-a survey. *International Journal of Computer Applications*, 62(11):17–21.
- [Rand, 1971] Rand, W. M. (1971). Objective criteria for the evaluation of clustering methods. *Journal of the American Statistical Association*, 66(336):846–850.
- [Reyes López, 2015] Reyes López, M. (2015). *Implementación y evaluación de dos metodologías para la detección de masas espiculadas en imágenes de mamografías*. Tesis de Maestría, Universidad Tecnológica de la Mixteca, México.

- [Rodríguez-López et al., 2013] Rodríguez-López, V., Miranda-Luna, R., and Arias-Aguilar, J.-A. (2013). Detection of masses in mammogram images using morphological operators and markov random fields. In *Proceedings of the 12th Mexican International Conference on Artificial Intelligence*, volume 8265, pages 558–569. Springer.
- [Rodríguez-Morales y Sossa-Azuela, 2012] Rodríguez-Morales, R. and Sossa-Azuela, J. H. (2012). *Procesamiento y Análisis Digital de Imágenes. Capítulo 4. Segmentación de imágenes*. RA-MA S.A. Editorial y Publicaciones.
- [Rojas-Dominguez y Nandi, 2007] Rojas-Dominguez, A. and Nandi, A. K. (2007). Improved dynamic-programming-based algorithms for segmentation of masses in mammograms. *Medical Physics*, 34(11):4256–4269.
- [Rojas-Dominguez y Nandi, 2008] Rojas-Dominguez, A. and Nandi, A. K. (2008). Detection of masses in mammograms via statistically based enhancement, multilevel-thresholding segmentation, and region selection. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 32(4):304–315.
- [Rojas-Dominguez y Nandi, 2009] Rojas-Dominguez, A. and Nandi, A. K. (2009). Toward breast cancer diagnosis based on automated segmentation of masses in mammograms. *Pattern Recognition*, 42(6):1138–1148.
- [Sanfilippo y Moreno-Hernández, 2008] Sanfilippo, J. and Moreno-Hernández, M. I. (2008). Cáncer de mama. Seminario: El Ejercicio Actual de la Medicina. Facultad de Medicina de la Universidad Nacional Autónoma de México. Recuperado mayo de 2017, de: www.facmed.unam.mx/sms/seam2k1/2008/abr_01_ponencia.html.
- [Shinde, 2003] Shinde, M. (2003). *Computer aided diagnosis in digital mammography: Classification of mass and normal tissue*. PhD thesis, University of South Florida, USA.
- [SSA-CNEGSR, 2012] SSA-CNEGSR (2012). Manual, control de calidad en mastografías. Secretaría de Salud. Centro Nacional de Equidad de Género y Salud Reproductiva, Recuperado junio de 2017, de: cnegrs.salud.gob.mx/contenidos/descargas/cama/manualCtrlCal.pdf.
- [Suliga et al., 2008] Suliga, M., Deklerck, R., and Nyssen, E. (2008). Markov random field-based clustering applied to the segmentation of masses

- in digital mammograms. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 32(6):502–512.
- [Unnikrishnan y Hebert, 2005] Unnikrishnan, R. and Hebert, M. (2005). Measures of similarity. In *Proceedings of the 7th IEEE Workshops on Applications of Computer Vision*, volume 1, pages 394–394.
- [Unnikrishnan et al., 2005] Unnikrishnan, R., Pantofaru, C., and Hebert, M. (2005). A measure for objective evaluation of image segmentation algorithms. In *Proceedings of the 2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition - Workshops*, pages 34–34.
- [Vu et al., 2010] Vu, V.-V., Labroche, N., and Bouchon-Meunier, B. (2010). An efficient active constraint selection algorithm for clustering. In *Proceedings of the 20th International Conference on Pattern Recognition*, pages 2969–2972.
- [Xu et al., 2011] Xu, S., Liu, H., and Song, E. (2011). Marker-controlled watershed for lesion segmentation in mammograms. *Journal of Digital Imaging*, 24(5):754–763.
- [Yu et al., 2006] Yu, S.-N., Li, K.-Y., and Huang, Y.-K. (2006). Detection of microcalcifications in digital mammograms using wavelet filter and markov random field model. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 30(3):163–173.
- [Zhen y Chan, 2001] Zhen, L. and Chan, A. K. (2001). An artificial intelligent algorithm for tumor detection in screening mammogram. *IEEE transactions on Medical Imaging*, 20(7):559–567.
- [Zonderland y Smithuis, 2013] Zonderland, H. and Smithuis, R. (2013). Bi-Rads for Mammography and Ultrasound 2013 updated version. Radiology department of the Academical Medical Centre in Amsterdam and the Rijnland Hospital in Leiderdorp, the Netherlands, Recuperado agosto de 2018, de: <http://www.radiologyassistant.nl/en/p53b4082c92130/bi-rads-for-mammography-and-ultrasound-2013.html>.

Anexo A

Pseudocódigo de los algoritmos principales de la tesis

En este anexo se presentan los pseudocódigos de los algoritmos principales de este proyecto de tesis. Primero se presentan los mejores métodos de preprocesamiento (básico y morfológico) para el realce de blancos, de acuerdo a la medida de contraste calculada en la Sección 4.2. La última parte de este anexo presenta el pseudocódigo de algoritmo de segmentación basado en el modelo MRF por ser el modelo del cual se derivan las demás versiones presentadas en el Capítulo 3.

Pseudocódigo del algoritmo de transformación Exponencial

El pseudocódigo para realizar el algoritmo basado en la transformación exponencial (T-Exp), se presenta a continuación. Este método de preprocesamiento básico obtuvo los mejores resultados de acuerdo con la medida de contraste.

- Procedimiento T-Exp(I)
 - % Entrada: Imagen original I .
 - % Salida: Imagen mejorada I' .

1. Definir k , en nuestro caso $k=0.02$.

2. Para cada píxel (x, y) en I

$$I'(x, y) = \frac{(1 + k)^{I(x, y)} - 1}{k}$$

3. Reajuste de valores de I' al intervalo $[0, 255]$.

Pseudocódigo de algoritmos de preprocesamiento morfológico

Los pseudocódigos de los métodos de preprocesamiento morfológico: transformación apertura modificada (T-AM) y transformación morfológica dual modificada (T-MDM) se presentan a continuación. Estos métodos de preprocesamiento morfológico obtuvieron los mejores resultados de acuerdo con la medida de contraste.

Transformación apertura modificada (T-AM)

- Procedimiento T-AM(I)
 - % Entrada: Imagen original I .
 - % Salida: Imagen mejorada I' .
- 1. Definir elementos estructurantes B_1 y B_2 , en nuestro caso son discos de radio 121 y 12, respectivamente.
- 2. Calcular $TH(i, j)$ mediante la operación:

$$TH(i, j) = \text{máx}[0, I(i, j) - (I \circ B_1)(i, j)]$$

3. Con TH_1 obtener I_1 :

$$I_1(i, j) = (TH(i, j) \circ B_2)(i, j).$$

4. Reajuste del rango de I_1 :

$$I'(i, j) = \frac{255(I_1(i, j) - GL_{min})}{GL_{max} - GL_{min}},$$

donde $[GL_{min}, GL_{max}]$ es el rango de intensidades de I_1 .

Transformación morfológica dual modificada (T-MDM)

- Procedimiento T-MDM(I)

% Entrada: Imagen original I .

% Salida: Imagen mejorada I' .

1. Definir elementos estructurantes B_1 y B_2 , en nuestro caso son discos de radio 12 y $r = \frac{d_{max} \cdot mass}{2}$, respectivamente.

2. Calcular $TH1(i, j)$ mediante la operación:

$$TH1(i, j) = \text{máx}(0, [I(i, j) - (I \circ B_1)(i, j)])$$

3. Calcular $TH2(i, j)$ mediante la operación:

$$TH2(i, j) = \text{máx}(0, [I(i, j) - (I \circ B_2)(i, j)])$$

4. Con $TH1$ y $TH2$ obtener TH_dif :

$$TH_dif = TH2 - TH1$$

5. Normalización de la imagen $I \circ B_2$:

$$imOpenU = \frac{I \circ B_2}{GL_{max}}$$

6. Obtener imagen mejorada como.

$$I' = imOpenU * TH_dif$$

Pseudocódigo del algoritmo de segmentación MRF original

A continuación se muestra el pseudocódigo del algoritmo de segmentación basado en el modelo MRF, por ser el modelo de base para las demás variantes propuestas en esta tesis.

- Procedimiento Segmentación MRF original.

% Entrada: Imagen original I , número de grupos k .

% Salida: Imagen segmentada.

1. Inicialización

- 1.1 Seleccionar aleatoriamente k centroides de k grupos.

- 1.2 Asignar cada píxel de I al grupo más cercano.

2. Repetir hasta la convergencia:

- 2.1 Reajuste de centroides y γ_k

- 2.2 Calcular energía:

- 2.2.1 Reasignación de píxeles a grupos.

- 2.2.2 Penalización sobre algunos píxeles.

Anexo B

Módulos del proyecto

Una de las metas de este proyecto de tesis es la generación de una biblioteca con los métodos de segmentación basada en agrupamiento restringido que se implementaron (ver Sección 1.5). Esta biblioteca incluye la segmentación MRF original así como las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm.

Cada uno de los tres métodos de segmentación mencionados constan de tres etapas, a saber, inicialización, repetición hasta la convergencia y resultados finales. La Figura B.1 muestra dichas etapas así como los pasos que se realizan en cada una de ellas.

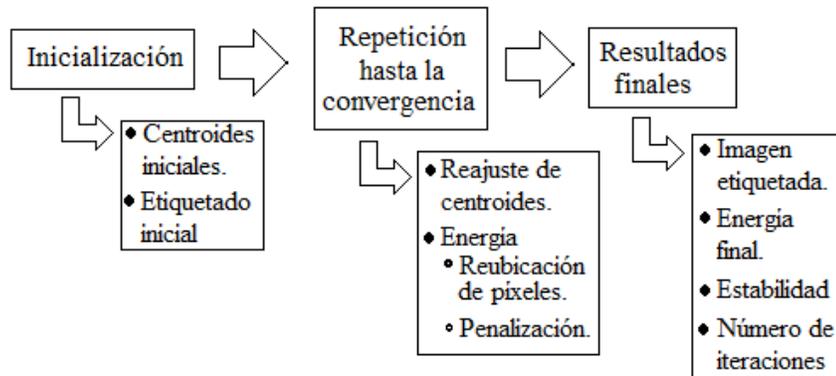


Figura B.1: Etapas generales de los métodos de segmentación MRF.

Iniciaremos con la descripción de las etapas para el caso de la segmentación MRF original. La etapa de inicialización en este caso consta únicamente

de la elección aleatoria de k centroides iniciales. Posteriormente, con estos centroides iniciales se realiza el etiquetado inicial, el cual consiste en asignar a cada píxel en la imagen al centroide más cercano. La Figura B.2 muestra el esquema de esta etapa.

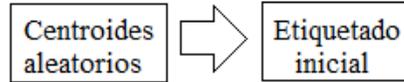


Figura B.2: Esquema de la etapa de inicialización para segmentación MRF original.

La segunda etapa en la segmentación MRF original se muestra en la Figura B.3. En este caso, una vez hecho el reajuste de los centroides se realiza la reubicación de los píxeles, considerando la información obtenida por las etiquetas de los 8 vecinos del píxel que se esté tratando. Esta información se interpreta como restricciones de tipo ML. Finalmente, una vez que se tiene la reubicación de los píxeles se calcula el valor de la función de energía y se realiza el reajuste del valor γ_k .

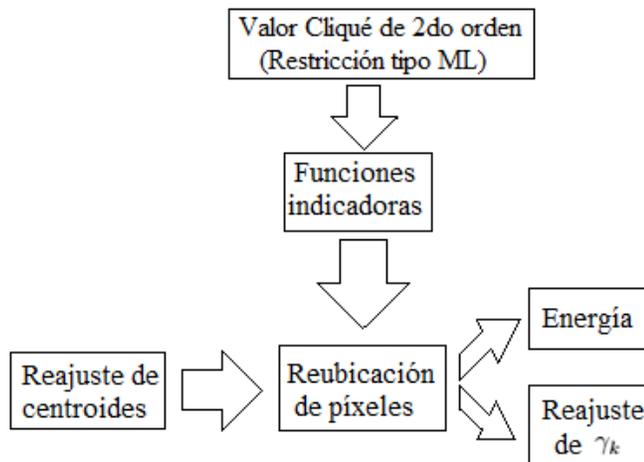


Figura B.3: Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF original.

La etapa 3 para esta segmentación se analizará más adelante.

Las etapas para el caso de las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm son en general similares. En la etapa de inicialización primero se calculan los máximos regionales con el objetivo de elegir a los centroides iniciales y obtener la información de las restricciones sobre pares de píxeles. Con estos centroides se realiza el etiquetado inicial de la misma manera que en la segmentación MRF original. La Figura B.4 resume esta etapa para ambas variantes.

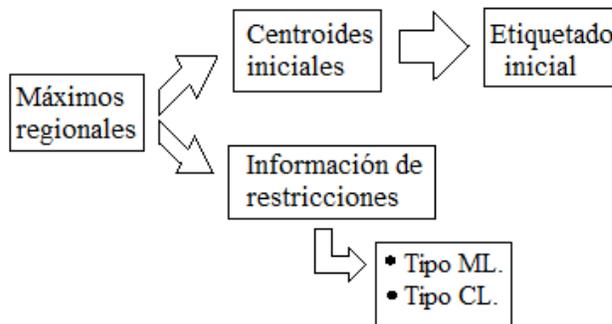


Figura B.4: Esquema de la etapa de de inicialización para variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm.

La segunda etapa en ambas variantes consiste primero en hacer el reajuste de centroides para posteriormente hacer la reubicación de los píxeles. En este caso, ambas variantes emplean la información de las restricciones de tipo ML y CL para llevar a cabo dicha reubicación, la única diferencia es la forma en que realizan la penalización como se puede observar en las Figuras B.5 y B.6. Finalmente, una vez que se tiene la reubicación de los píxeles se conoce el valor de la función de energía y se realiza el reajuste del valor γ'_k y γ''_k para las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, respectivamente.

La última etapa es la misma para la segmentación MRF original y las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm. Ésta consiste en mostrar y guardar los resultados obtenidos, es decir, la imagen etiquetada, el valor de energía inicial y final, la estabilidad del etiquetado y el número de iteraciones realizadas.

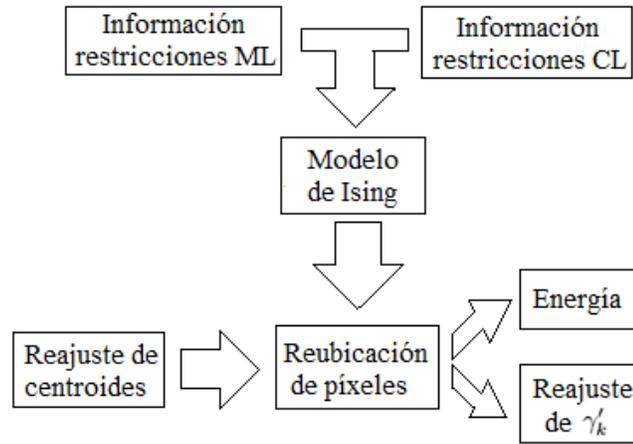


Figura B.5: Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF+rML+rCL.

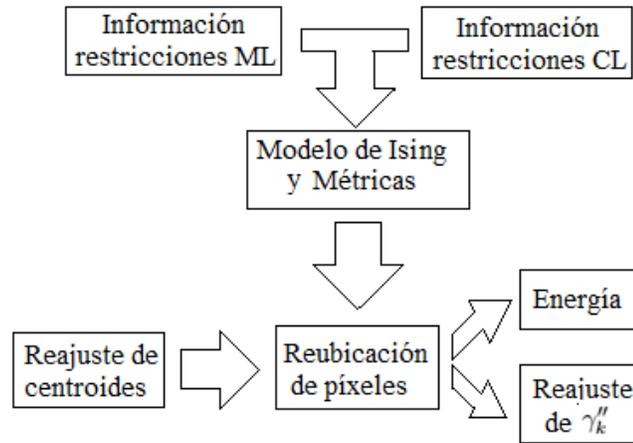


Figura B.6: Esquema de la etapa de reajuste de centroides y γ_k para segmentación MRF+rMLm+rCLm.

Los clases implementadas, así como los métodos creados para cada una de las variantes de segmentación se describen de manera general en los Cuadros B.1-B.3.

Clase segmentacionMRFaleatorio	
Atributos	k: Número de grupos deseados
	imageOrg: Imagen original
	imagePrep: Imagen preprocesada a segmentar
	imageSeg: Imagen de etiquetas de salida (Segmentación final)
Métodos	segMRF_original(...): Segmentación de la imagen preprocesada
	centroidesAleatorios(...): Inicialización de centroides aleatorios
	conteo_pixeles(...): Conteo de los píxeles que cambian de etiqueta de una iteración a otra
	escribirValores(...): Guarda los valores de energía (inicial y final) estabilidad y número de iteraciones.
	guardaImagen(...): Guarda la imagen segmentada
	matrizImagen(...): Convierte la imagen en una matriz
	maxValAlfa(...): Obtiene el máximo valor de α para cada uno de los k grupos
	posMinimaDistancia(...): Valor de la mínima distancia y grupo al que corresponde.
	reajusteCentroide_y_Gamma(...): Reajuste de centroides y de γ_k
valorCliqueSegundoOrden(...): Obtiene el valor de la penalización de tipo ML	
vecinosPixelXij(...): 8 vecinos del píxel	

Cuadro B.1: Clase segmentacionMRFaleatorio y métodos asociados.

Clase segmentacionMRFvariante3	
Atributos	imagePrep: Matriz que representa la imagen a segmentar
	imageSeg: Matriz de etiquetas de salida (Segmentación final)
Métodos	segMRF_rMLrCL(...): Segmentación de la imagen preprocesada, utilizando variante 3
	adquisicionDeRestriccionesCL(...): Restricciones de tipo CL para la imagen
	adquisicionDeRestriccionesML(...): Restricciones de tipo ML para la imagen
	buscaComponentes(...): Construcción de componentes conectadas
	buscaPosEtiquetaPixel(...): Grupo asociado a la etiqueta
	centroidesCoordenadas(...): Coordenadas de los centroides a partir de máximos regionales
	centroidesMarcador(...): Inicialización de centroides a través de marcadores internos
	componentesConectadas(...): Extracción de componentes conectadas
	conteoPixelesCambiantes(...): Conteo de los píxeles que cambian de etiqueta de una iteración a otra
	escribirValores(...): Guarda los valores de energía (inicial y final) estabilidad y número de iteraciones.
	guardaImagen(...): Guarda la imagen segmentada
	matrizImagen(...): Convierte la imagen en una matriz
	maxRegional(...): Obtiene los máximos regionales de la imagen
	maxValAlfa(...): Obtiene el máximo valor de α para cada uno de los k grupos
	penalizacionTipoCL(...): Realiza la penalización de tipo CL en caso de que exista.
	penalizacionTipoML(...): Realiza la penalización de tipo ML en caso de que exista.
	posMinimaDistancia(...): Valor de la minima distancia y grupo al que corresponde.
	posicionesComponentes(...): Coordenadas (x,y) de las componentes de la imagen
	reajusteCentroide_y_Gamma(...): Reajuste de centroides y de γ_k
	restriccionesCLporRegion(...): Obtiene las restricciones CL para cada componente conectada
restriccionesMLporRegion(...): Obtiene las restricciones ML para cada componente conectada	
tamanoComponentes(...): Obtiene el tamaño de cada componente conectada	
vecinosPixelXij(...): 8 vecinos del píxel	

Cuadro B.2: Clase segmentacionMRFvariante3 y métodos asociados.

Clase segmentacionMRFvariante4	
Atributos	imagePrep: Matriz que representa la imagen a segmentar
	imageSeg: Matriz de etiquetas de salida (Segmentación final)
Métodos	segMRF_rMLrCL(...): Segmentación de la imagen preprocesada, utilizando variante 4
	adquisicionDeRestriccionesCL(...): Restricciones de tipo CL para la imagen
	adquisicionDeRestriccionesML(...): Restricciones de tipo ML para la imagen
	buscaComponentes(...): Construcción de componentes conectadas
	buscaPosEtiquetaPixel(...): Grupo asociado a la etiqueta
	centroidesCoordenadas(...): Coordenadas de los centroides a partir de máximos regionales
	centroidesMarcador(...): Inicialización de centroides a través de marcadores internos
	componentesConectadas(...): Extracción de componentes conectadas
	conteoPíxelesCambiantes(...): Conteo de los píxeles que cambian de etiqueta de una iteración a otra
	escribirValores(...): Guarda los valores de energía (inicial y final) estabilidad y número de iteraciones.
	guardaImagen(...): Guarda la imagen segmentada
	matrizImagen(...): Convierte la imagen en una matriz
	maxRegional(...): Obtiene los máximos regionales de la imagen
	maxValAlfa(...): Obtiene el máximo valor de α para cada uno de los k grupos
	penalizacionTipoCL_metrica(...): Realiza la penalización de tipo CL en caso de que exista.
	penalizacionTipoML_metrica(...): Realiza la penalización de tipo ML en caso de que exista.
	posMinimaDistancia(...): Valor de la mínima distancia y grupo al que corresponde.
	posicionesComponentes(...): Coordenadas (x,y) de las componentes de la imagen
	reajusteCentroide_y_Gamma(...): Reajuste de centroides y de γ_k
	restriccionesCLporRegion(...): Obtiene las restricciones CL para cada componente conectada
	restriccionesMLporRegion(...): Obtiene las restricciones ML para cada componente conectada
	tamanoComponentes(...): Obtiene el tamaño de cada componente conectada
vecinosPixelXij(...): 8 vecinos del píxel	

Cuadro B.3: Clase Clase segmentacionMRFvariante4 y métodos asociados.

Anexo C

Manual de usuario

En este anexo se explica cómo usar la biblioteca de las variantes de segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm propuestas en el presente proyecto de tesis. Así mismo se integra la biblioteca correspondiente con la segmentación MRF original por ser la base de las variantes propuestas. Finalmente se ejemplifica como realizar las segmentaciones.

C.1. Proceso de instalación

La biblioteca de los métodos de segmentación se distribuye como archivos en formato **jar** (segmentacionMRFaleatorio.jar, segmentaciónMRFvariante3.jar, segmentacionMRFvariante4.jar). Para la ejecución de estos archivos es necesario tener instalado la Máquina Virtual de Java (MVJ) que se puede descargar del sitio: <https://www.java.com/es/download/>. En la siguiente sección se describe con un ejemplo la manera de emplear la biblioteca creada.

C.2. Ejemplo práctico

El código en la Figura C.1 muestra la forma de utilizar las clases desarrolladas. Si bien el ejemplo muestra el uso de los tres métodos de segmentación, éste se puede realizar para uno solo. A continuación se describe de manera general el código utilizado.

Las líneas 1-3 agregan las bibliotecas para la segmentación MRF origi-

nal, MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, respectivamente. Las líneas 4-7 agregan las bibliotecas necesarias para el manejo de imágenes. Las líneas 11-13 instancian los objetos de cada una de las clases. Posteriormente se realiza la lectura de las imágenes (líneas 17-24) las cuales se deben de encontrar en la misma carpeta que el archivo fuente.

```

1  import mrfO.segmentacionMRFaleatorio;
2  import mrfV3.segmentacionMRFvariante3;
3  import mrfV4.segmentacionMRFvariante4;
4  import java.awt.image.BufferedImage;
5  import java.io.File;
6  import java.io.IOException;
7  import javax.imageio.ImageIO;
8
9  public class segmentacionesMRF {
10     public static void main(String [] args) throws IOException{
11         segmentacionMRFaleatorio segMRF = new segmentacionMRFaleatorio();
12         segmentacionMRFvariante3 segV3 = new segmentacionMRFvariante3();
13         segmentacionMRFvariante4 segV4 = new segmentacionMRFvariante4();
14
15         /*LECTURA DE LAS IMAGENES:  1.- Imagen Original
16                                     2.- Imagen preprocesada */
17         BufferedImage imageOrg = null;
18         BufferedImage imagePrep = null;
19         try {
20             imageOrg = ImageIO.read(new File("img_3_4_1_LO.jpg"));
21             imagePrep = ImageIO.read(new File("img_3_4_1_LO_PrepExp.jpg"));
22         } catch (IOException e) {
23             System.err.println(" "+ e);
24         }
25
26         System.out.println("VARIANTES DE SEGMENTACIÓN MRF");
27         //SEGMENTACION MRF ORIGINAL
28         int k = 8;
29         segMRF.segMRF_original(imageOrg, imagePrep, k);
30         //SEGMENTACION MRF+rML+rCL (variante 3)
31         segV3.segMRF_rMLrCL(imageOrg, imagePrep);
32         //SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm (variante 4)
33         segV4.segMRF_rMLm_rCLm(imageOrg, imagePrep);
34     }
35 }

```

Figura C.1: Ejemplo del uso de la biblioteca de métodos desarrollada.

Las líneas siguientes realizan las segmentaciones correspondientes. En el

caso de la segmentación MRF aleatoria (línea 29), se necesita además de las imágenes de entrada el número de grupos k que en este ejemplo se estableció en 8. Las líneas 31 y 33 ejecutan la segmentación MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm, respectivamente.

El código anterior se puede guardar en un archivo llamado “variantesSegmentacionMRF.jar” para posteriormente ejecutarlo en terminal escribiendo las siguientes ordenes:

```
carp@carp-Precision-Tower-7910:~$ cd /home/carp/Desktop/segmentacionMRF
carp@carp-Precision-Tower-7910:~/Desktop/segmentacionMRF$ java -jar "variantesSegmentacionMRF.jar"
```

Figura C.2: Ejecutar el código fuente sobre consola.

En este ejemplo, la primera línea es para situarse en la carpeta que contiene el archivo fuente y las imágenes. La ejecución del código C.1 produce la siguiente salida en la pantalla de la terminal:

```
VARIANTES DE SEGMENTACION MRF
-----
SEGMENTACION MRF ORIGINAL
Iteracion: 1
Iteracion: 2
Iteracion: 3
Iteracion: 4
Iteracion: 5
Iteracion: 6
Iteracion: 7
Iteracion: 8
Escribiendo archivos
-----
SEGMENTACION MRF+rML+rCL
Iteracion: 1
```

Figura C.3: Parte de la salida en la pantalla de la terminal al ejecutar el código C.1.

Como resultado de cada uno de los métodos de segmentación se tienen las imágenes etiquetadas, las cuales se guardan con los nombres “Imagen_SegmentacionMRF_Original.jpg”, “Imagen_SegmentacionMRF+rML+rCL.jpg” e “Imagen_SegmentacionMRF+rMLm+rCLm.jpg”. De igual manera, para cada método se genera un archivo .txt que contiene la información de energía (inicial y final), porcentaje de estabilidad alcanzado y número de iteraciones. Los archivos de texto llevan por nombre “infoSegmentacion_MRF_Original.txt”, “infoSegmentacion_MRF+rML+rCL.txt” e “infoSegmentacion_MRF+rMLm+rCLm.txt”. Las Figuras C.4 y C.5 muestran ejemplos de los

archivos guardados para la segmentación MRF original y las variantes MRF+rML+rCL y MRF+rMLm+rCLm para una imagen de prueba.

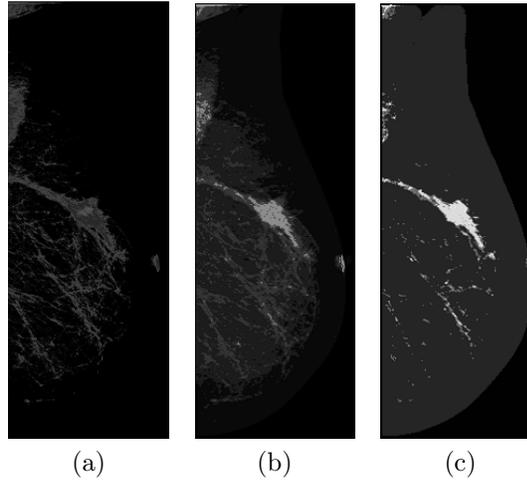


Figura C.4: Ejemplo de la imagen segmentada por métodos de segmentación: a) MRF original. b) MRF+rML+rCL. c) MRF+rMLm+rCLm.

```

***** SEGMENTACION MRF ORIGINAL *****
Energia inicial: [2.598778391124169E7]
Energia final: [1.431688796443165E6]
Estabilidad del etiquetado: [8.758199988307274]
Total de iteraciones: [8.0]
-----
(a)

***** SEGMENTACION MRF+rML+rCL *****
Energia inicial: [57307.29896906215]
Energia final: [38422.13415388185]
Estabilidad del etiquetado: [4.17479453475408]
Total de iteraciones: [5.0]
-----
(b)

***** SEGMENTACION MRF+rMLm+rCLm *****
Energia inicial: [51153.66928161006]
Energia final: [39379.53483540478]
Estabilidad del etiquetado: [6.49374622680993]
Total de iteraciones: [6.0]
-----
(c)

```

Figura C.5: Ejemplo del archivo de texto que contiene la información de aspectos comparativos de la segmentación: a) MRF original. b) MRF+rML+rCL. c) MRF+rMLm+rCLm.