



# UNIVERSIDAD DE GRANADA

Departamento de Ciencias de la Computación e Inteligencia  
Artificial-DECSAI

**Desarrollo de módulo de aplicación para sistemas Open source  
PACS: Sistema de recuperación de imágenes de contenido  
(CBIR), para diagnosis y tratamiento en el área de Atención  
Primaria usando imágenes de Resonancia Magnética cerebral.**

TESIS PRESENTADA POR:

**Iván Ariel Rodríguez Méndez**

DIRECTOR DE TESIS:

**PhD. Enrique Herrera-Viedma**

Para obtener el título de Doctor por la Universidad de Granada en el Programa de  
doctorado en Tecnologías de la Información y la Comunicación

2019

Editor: Universidad de Granada. Tesis Doctorales  
Autor: Iván Ariel Rodríguez Méndez  
ISBN: 978-84-1306-152-8  
URI: <http://hdl.handle.net/10481/55464>

---

# Resumen

Es todo un reto desarrollar sistemas automáticos que consigan simular de forma eficiente y precisa las tareas de interpretación de datos proveniente de la percepción de un entorno real, y los sistemas que consideran este paradigma son de especial interés en el ámbito de la *Inteligencia Artificial*. En adelante, nos centraremos en la percepción e interpretación de la imagen en estos sistemas de inteligencia computacional, concepto que se denomina *Visión Artificial* ó *Visión por Computador*. A su vez, este campo engloba multitud de técnicas relacionadas con el procesado de imágenes, entre las que se encuentran *la extracción de características, el reconocimiento de patrones, la normalización espacial, el filtrado, la regularización, y la segmentación*. Una de las tareas más importantes en el análisis de imágenes médicas es la segmentación, entendiéndose como tal, al proceso de particionarlas según sus componentes estructurales más importantes en regiones homogéneas con respecto a alguna de sus características, como textura o intensidad. Si bien la idea es presentar un marco de trabajo general, esta tesis se ha desarrollado fundamentalmente para Imágenes de Resonancia Magnética cerebral (IRM). En teoría, si se introduce toda esta información en un *Sistema Automático*, y se diseña la forma de procesar toda esta información, deberíamos poder ser capaces de conseguir segmentaciones correctas de los tejidos, órganos, lesiones, tumores y regiones de interés anómalas. Debido a esta creciente necesidad de manejo y procesado de datos, existe un gran número de laboratorios dedicados a desarrollar herramientas capaces de procesar, clasificar e interpretar todo este volumen de información que sería imposible de procesar sin la ayuda de éstos sistemas automáticos, como por ejemplo los de Recuperación de Imágenes Basada en Contenido CBIR (Content-Based Image Retrieval), que usa una técnica de localización de imágenes que complementa la extracción convencional basada en texto de las imágenes mediante el uso de elementos visuales como el color, la textura la forma y la disposición espacial de Regiones de Interés ROI (Region Of Interest), como criterio de búsqueda. Luego se establece la similitud entre imágenes basándose en un criterio del usuario donde el “qué” es esencialmente, el conjunto de imágenes recuperadas y el “por qué” es la diferencia en las características específicas de la imagen entre la consulta y los resultados obtenidos. Todo esto adquiere aún mayor sentido gracias a la tecnología actualmente disponible, con procesadores cada vez más rápidos, de sistemas de almacenamiento con mayor capacidad, y sistemas de intercambio de información y comunicaciones como los PACS (Picture Archiving and Commu-

nications Systems), cada vez más rápidos y fiables. En cuanto al marco de implementación de metodologías para el tratamiento de las imágenes médicas se utilizaron argumentos basados en el conocimiento de los expertos en la interpretación misma de las imágenes a identificar, por ejemplo, un tejido atribuido a una clasificación específica (materia blanca, materia gris, líquido céfalo raquídeo, tumor y fondo), así como componentes de carácter dimensional (hipo-intenso, hiper-intenso), junto con argumentos de cuantificación de valores imprecisos como “cerca del tumor ó cerca de los tejidos que rodean un tumor”; todos ellos esencialmente subjetivos e imprecisos que generan en la adopción de sistemas basados en metodologías de Inteligencia Computacional, y en particular la Lógica Difusa como la herramienta principal a usar. Los Sistemas de Inteligencia Computacional denominados “Híbridos”, de dos o más técnicas ofrecen un mejor desempeño que las técnicas aisladas. Por esta razón serán tomados en cuenta para su adopción en el marco de esta investigación, dado que los conceptos involucrados anteriormente (“hipo-intenso”, “cerca del tumor”, etc.), al ser subjetivos e imprecisos, plantean una novedad y relevancia como paradigma a estudiar. Surge la pregunta que genera la siguiente hipótesis: ¿Puede un Sistema Híbrido, a partir de una segmentación previa de imágenes de resonancia magnética cerebral, preservar la información discriminante de tejido anómalo en regiones de interés (ROI) de un tumor, tanto como la mejora de contraste en la visibilidad de detalle, en esa misma área de interés?. Es importante destacar que para la implementación y desarrollo de nuestra propuesta, la arquitectura del *Sistema Prototipo* debe enfocarse en la optimización de un solo módulo dentro de la estructura del sistema. Este enfoque debe dejar abierta la posibilidad de mejorar la globalidad de los módulos que constituyen la especialización en tareas particulares como: la interfaz, la extracción de características, la clasificación y la recuperación. De esta manera se podrá estructurar una arquitectura que explote la ventaja de varios resultados en diferentes módulos, maximizando la eficiencia y precisión de la información elegida, y poder dar apoyo a las decisiones médicas en un área específica de salud como la Atención Primaria. El objetivo principal de esta tesis es estructurar, desarrollar y validar un prototipo de Sistema de segmentación que involucre distintos tejidos anómalos en una región de interés (ROI), preservando el contraste en la visibilidad de detalle en la misma región de interés para imágenes de Resonancia Magnética cerebral. Esta iniciativa se apoyará con herramientas de desarrollo de software para generar códigos de programación que sirvan de prototipo ejecutable, usando datos reales y sintéticos, sobre la base en la implementación de Algoritmos Híbridos de Agrupamiento difuso y Genéticos que:

- incorporen el conocimiento de los expertos y que este pueda ser expresado con información *convinciente*, categorizada a un clúster al que se le asignen etiquetas de predicados difusos que representen a la estructura en estudio.
- incorporen un nuevo enfoque que permita una sub-segmentación de imágenes de resonancia magnética, usando la metodología del Algoritmo de Agrupamiento difuso de C-medias modificado con el propósito de determinar sub-grupos de datos de interés que

puedan ser caracterizados en típicos o atípicos, y así poder aplicarlos particularmente al diagnóstico clínico.

- incorporen un enfoque modificable para futuras re-asignaciones de clústeres de datos para asignar etiquetas externas que proporcionen una mejor validez en la partición, con el fin de mantener constante e invariable el n<sup>o</sup> de clústeres.
- incorporen la adaptación de una metodología subyacente en los Algoritmos Genéticos para la optimización de una función multiobjetivo con ayuda del algoritmo NSGA-II, que genere un factor de mejora en el dominio de los datos resultantes de las IRM en las regiones de interés (ROI), específicamente para el contraste y visibilidad de detalle de dicha región luego de haberse segmentado la imagen.

---

# Dedicatoria

Dedicado a mi amada familia.  
En concreto a mi compañera de viaje Tatiana,  
que ha escrito conmigo esta tesis con su tiempo y comprensión.  
A mis hijos Vladimir y Arthur,  
mi motivación y orgullo que me hacen ser mejor cada día.

---

# Agradecimientos

Al amor recibido de mis padres Ernesto Rodríguez y Elsa Méndez de Rodríguez,  
que han permitido que yo escriba esta historia de superación personal.

A mi tutor y director de tesis Enrique Herrera Viedma, por aguantarme.

Sin sus consejos, tiempo, dedicación y apoyo,  
esta tesis nunca se habría llevado a cabo.

Es un honor ser vuestro doctorando.

Raquel Ureña, agradecido de por vida,  
justo en el momento indicado. Eres genial.

A todas las personas cercanas y familiares  
que me consideran como un amigo.

---

# Índice general

<b>Resumen</b>	<b>2</b>
<b>Agradecimientos</b>	<b>6</b>
<b>Derecho de Autores</b>	<b>7</b>
<b>1. Introducción</b>	<b>11</b>
1.1. Motivación, Objetivos y Aportaciones. . . . .	11
1.2. Objetivos. . . . .	17
1.3. Aportaciones. . . . .	18
1.4. Organización de la tesis. . . . .	19
<b>2. Estado del Arte</b>	<b>20</b>
2.1. El proceso de segmentación de imágenes médicas, antecedentes, y su implementación en el caso a abordar. . . . .	20
2.1.1. Segmentación manual . . . . .	21
2.2. Segmentación basada en procesamiento e interpretación de imágenes médicas de resonancia magnética . . . . .	22
2.2.1. Método basado en el uso de un Umbral . . . . .	22
2.2.2. Métodos basados en la forma y el contorno . . . . .	23
2.2.3. Métodos basados en Crecimiento de Regiones (Region Growing) y reconstrucción de superficies . . . . .	25
2.2.4. Métodos basados en análisis de multi-resolución. . . . .	26
2.2.5. Métodos basados en el reconocimiento de patrones . . . . .	28
2.2.6. Métodos basados en agrupamiento (Clustering) . . . . .	30
2.2.7. Método basado en agrupamiento difuso C-Medias- [Fuzzy C-Means]	31
2.2.8. Método basado en agrupamiento difuso C-Medias, Modificados y mejorados . . . . .	33

2.2.9. Método basado en Sistemas híbridos con técnicas de Inteligencia Artificial . . . . .	35
2.2.10. Métodos basados en Algoritmos FCM estándar-mejorados y con criterio de optimización multiobjetivo . . . . .	38
<b>3. Sistema propuesto para la segmentación de un tumor cerebral</b>	<b>42</b>
3.1. Marco teórico - práctico para la identificación de tejido cerebral. . . . .	42
3.2. Tratamiento de una colección de imágenes. . . . .	46
3.3. Extracción de características de la metadata en la imágenes de resonancia magnética con formato DICOM. . . . .	50
3.4. Montaje de los cortes seccionales consecutivos a partir de la base de datos. . . . .	51
3.5. Segmentación de un corte seccional consecutivo con tumor utilizando el algoritmo FCM-modificado. . . . .	52
3.5.1. Metodología propuesta para la segmentación aplicando una modificación al algoritmo FCM estándar. . . . .	54
3.5.2. Ajuste de nivel de intensidad y extracción de contornos activos de la ROI. . . . .	61
3.5.3. Propuesta de un esquema de procesamiento de la imagen médica para discriminación e identificación de tejido tumoral y la extracción de características. . . . .	65
3.5.4. Descripción de líneas y contornos. . . . .	68
3.5.5. Descripción de regiones de interés - ROI . . . . .	68
3.5.6. Propiedades Topológicas . . . . .	68
3.5.7. Propiedades Métricas. . . . .	69
3.5.8. Descripciones basadas en irregularidades. . . . .	69
3.5.9. Descripciones basadas en Textura. . . . .	70
3.5.10. Estadísticas de niveles de gris. . . . .	70
3.5.11. Localización de las regiones de interés en el análisis de la imagen médica. . . . .	72
3.5.12. Descriptores de la región de interés y el corte seccional consecutivo que corresponde al tumor. . . . .	73
<b>4. Una propuesta de mejora al rendimiento del agrupamiento difuso modificado con los algoritmos Genéticos.</b>	<b>78</b>
4.1. Marco teórico - práctico para la segmentación de la imagen con ayuda de la hibridación de algoritmos. . . . .	78
4.2. Los datos . . . . .	79

4.3.	Concepto de agrupamiento. . . . .	80
4.4.	Medidas de Similitud y los Centroides. . . . .	82
4.5.	Algoritmos de agrupamiento basado en la función objetivo. . . . .	84
4.5.1.	Partición Difusa. . . . .	85
4.5.2.	Estructura matemática del algoritmo FCM (Fuzzy Cluster Means)	86
4.5.3.	Estructura del Algoritmo Fuzzy C-means - estándar. . . . .	88
4.5.4.	Mejoras a los algoritmos de agrupamiento difuso, mediante la implementación de algoritmos Evolutivos. . . . .	91
4.5.5.	Soluciones al problema de la partición inicial, basadas en el algo- ritmo de agrupamiento difuso Genético. . . . .	91
4.5.6.	Soluciones al problema de la partición inicial, basadas en la me- todología del algoritmo de agrupamiento difuso Evolutivo. . . . .	92
4.5.7.	Soluciones con criterio multiobjetivo basadas en el algoritmo de agrupamiento difuso FCM. . . . .	94
4.6.	Propuesta y consideraciones teórico-prácticas como modificaciones de mejora al algoritmo de agrupamiento FCM. . . . .	95
4.6.1.	Soluciones con criterio multi-objetivo basadas en el algoritmo de agrupamiento FCM. . . . .	98
<b>5.</b>	<b>Análisis y resultados experimentales de los Algoritmos de agrupamien- to difuso modificado c-medias MFCM, y los algoritmos Genéticos en la segmentación de imágenes de resonancia magnética con tumor.</b>	<b>107</b>
5.1.	Segmentación por umbralación y ajuste de nivel de contorno activo de imagen con corte consecutivo axial de resonancia magnética. . . . .	107
5.2.	Extracción de características para la clasificación y validación. . . . .	109
5.3.	Diseño del Clasificador y evaluación de la calidad de la segmentación. . .	114
5.3.1.	Entrenamiento del algoritmo de clasificación y obtención de re- sultados . . . . .	115
5.3.2.	Evaluación de la calidad de la segmentación. . . . .	118
<b>6.</b>	<b>Conclusiones.</b>	<b>123</b>
	<b>Bibliografía</b>	<b>126</b>

---

# Capítulo 1

## Introducción

### 1.1. Motivación, Objetivos y Aportaciones.

La fuente de información más común en la actualidad para el diagnóstico y atención de pacientes en el área médica son las imágenes como las radiografías, tomografías computarizadas, imágenes de resonancia magnética, imágenes de tejidos, mamografías, ecografías, entre otras. Las posibilidades de producción de imágenes crecen más rápido que las metodologías para administrar y procesar esa información visual, imponiéndose un nuevo reto para la eficiente recuperación de esas imágenes. Así que utilizando técnicas apropiadas para el almacenamiento y representación, es posible preservar información discriminante que luego pueda ser interpretada clínicamente. El diagnóstico por imágenes médicas constituye uno de los elementos más importantes en la práctica clínica y científica de la medicina moderna [133].

Una de las tareas más importantes en el análisis de imágenes médicas es *la segmentación*, entendiéndose como tal, al proceso de particionamiento en sus componentes estructurales más importantes de regiones homogéneas con respecto a alguna de sus características, como la textura o la intensidad [128].

Es todo un reto desarrollar sistemas automáticos que consigan simular de forma eficiente y precisa las tareas de interpretación de datos proveniente de la percepción de un entorno real, y los sistemas que consideran este paradigma son de especial interés en el ámbito de la *Inteligencia Artificial* [116]. En adelante, nos centraremos en la percepción e interpretación de la imagen en estos sistemas de inteligencia computacional, usando el concepto que se denomina *visión artificial* o *visión por computador*. A su vez, este campo engloba multitud de técnicas relacionadas con el procesado de imágenes, entre las que se encuentran la extracción de características, el reconocimiento de patrones, la normalización espacial, el filtrado, la regularización, la segmentación, etc [87].

Una segmentación precisa es requisito indispensable para gran cantidad de aplicaciones, como cálculo de volúmenes de ciertos tejidos y su posterior representación tridimensional para aplicar terapia de radiación, planificación de cirugía, detección de tejidos anormales, etc. Una vez realizada la segmentación, la información puede usarse por los especialistas para comparar volúmenes, morfologías y características de los tejidos con estudios normales u otras regiones en la misma imagen. Así pueden determinarse parámetros de normalidad con la idea de detectar patologías y asistir a las decisiones en diagnóstico y terapia [60].

Pero, ¿por qué tanto esfuerzo por segmentar imágenes médicas de forma automática si un médico experto lo hace mejor y más rápido?; Actualmente los datos que se toman a los pacientes no se reducen a una simple placa de rayos X, otras variantes como la resonancia magnética, fluorografía, ecografía, tomografía computarizada, etc., generan un enorme volumen de información que va en incremento cada día con aparatos de adquisición más rápidos y sofisticados. De la misma manera y en teoría, si se introduce toda esta información en un sistema automático, y se diseña la forma de procesar toda esta información deberíamos poder ser capaces de conseguir segmentaciones correctas de los tejidos, órganos, lesiones, tumores y regiones de interés anómalas [23, 28].

Por eso, cada vez se hace más necesario dar un paso más para ayudar a los especialistas, con lo que se conoce hoy en día como *la medicina por imagen* [59, 108, 109, 146].

Entre las aplicaciones más importantes ya existentes podemos mencionar la planificación quirúrgica, detección de patologías, la medición de volúmenes o superficies, y la simulación endoscópica [35, 102, 142, 160].

Debido a esta creciente necesidad de manejo y procesado de datos, existe un gran número de laboratorios dedicados a desarrollar herramientas capaces de procesar, clasificar e interpretar todo este volumen de información que no sería posible de procesar sin la ayuda de éstos sistemas automáticos, como por ejemplo los de Recuperación de Imágenes Basada en Contenido CBIR (Content-Based Image Retrieval), que usa una técnica de búsqueda de imágenes que complementa la extracción convencional basada en texto de las imágenes mediante el uso de elementos visuales como el color, la textura la forma y la disposición espacial de *Regiones de Interés* ROI (Region Of Interest), como criterio de búsqueda. Luego se establece la similitud entre imágenes basándose en un criterio del usuario donde el “qué” es esencialmente el conjunto de imágenes recuperadas y el “por qué” es la diferencia en las características específicas de la imagen entre la consulta y los resultados obtenidos [20–22], como muestra la (Fig.1.1).

Todo esto adquiere aún mayor sentido gracias a la tecnología disponible actualmente. Disponemos de procesadores cada vez más rápidos, de sistemas de almacenamiento con



Figura 1.1: Captura de pantalla de un sistema de recuperación de información de contenido- CBIR, de la interfaz desarrollada en MATLAB que es utilizada en esta investigación para el tratamiento de imágenes de resonancia magnética.

mayor capacidad, y de sistemas de intercambio de información y comunicaciones como los PACS (Picture Archiving and Communications Systems), cada vez más rápidos y fiables. Incluso los costes de esta tecnología son cada vez más baratos, con lo cual nuestro trabajo consiste en diseñar las reglas que deben seguir los sistemas de cómputo para adaptarlo a nuestras necesidades. En este sentido esta tesis mejora el diseño de algunas de estas reglas, a las que nombramos algoritmos para conseguir el objetivo que no es más que el de segmentar imágenes de la forma más rápida y precisa posible [12, 18, 24, 86, 132].

En el marco de estudio del tratamiento de imágenes médicas se ha adquirido el conocimiento de diversas técnicas y métodos utilizados por los expertos en la interpretación de esas imágenes. Su conocimiento puede representarse en un conjunto de predicados o sentencias que ayudan a identificar los diversos componentes de las imágenes. Por ejemplo se puede identificar un tejido cerebral atribuido a una clasificación específica para la materia blanca, materia gris, y el líquido cefalorraquídeo. Y dado que en las imágenes de resonancia magnética se puede ver el líquido cefalorraquídeo “híper intenso” (blanco), o se ve “hipo-intenso” (negro), según la técnica de segmentación que se utilice es posible visualizar [158, 170, 171], con ayuda del algoritmo que se aplique para tal discriminación como se ve en la (Fig.1.2).

De la misma manera se puede identificar dimensiones espectrales para el planteamiento de la extracción de características, en una componente con tres dimensiones, siendo estas: Imágenes ponderadas T1 (Relación spin-reticular longitudinal), imágenes ponderadas T2 (Relación spin-reticular transversal) y las imágenes DP (Densidad protónica) [123, 141], y la técnica de recuperación inversa de atenuación de fluido FLAIR (Fluid Attenuated inversion Recovery) como se muestra en la (Fig.1.3).

Y hasta se hace posible representar la cuantificación de valor de los predicados “cerca

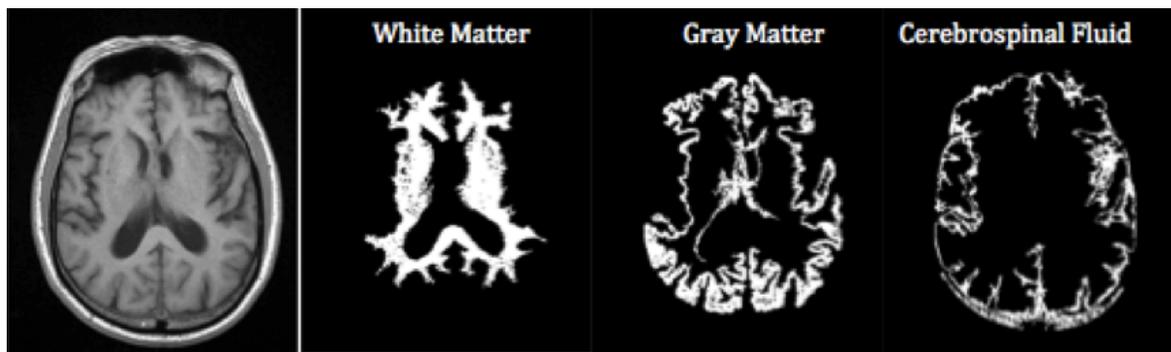


Figura 1.2: Tejido cerebral en imágenes segmentadas mostrando la Madera blanca, materia gris y Líquido Cefalorraquídeo

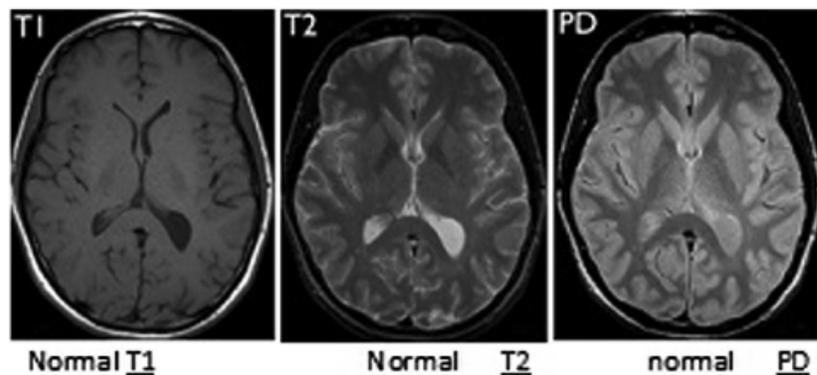


Figura 1.3: Imágenes de resonancia magnética cerebral con componente espectral de tres dimensiones: T1, T2, DP

del tumor”, o “cerca de los tejidos que rodean un tumor”.

Así que, surge la idea de implementar estas consideraciones en un sistema que, a partir del conocimiento arriba mencionado, efectúe un procesamiento objetivo de las imágenes que se pretenden a estudio.

Dado que los conceptos involucrados en los ejemplos anteriores (“hipo-intenso”, “híper-intenso”, “cerca del tumor”, etc.), son esencialmente subjetivos e imprecisos, es de inmediato pensar en sistemas basados en *inteligencia computacional*, en particular la *Lógica difusa* como herramienta principal [9, 47, 144, 147]. En este marco de estudio se ha elegido la adopción de *modelos híbridos* de inteligencia computacional, como la lógica difusa y técnicas puntuales de *agrupamiento particional difuso* para la segmentación de la imagen; en particular los algoritmos de la familia Difusa C-Medias (Fuzzy Cluster-Means), a partir de la estructura del algoritmo estándar, extendiendo la cobertura que implica la modificación de la función objetivo con parámetros de modificación específicos, así como la solución mediante índices de validación con reglas preestableci-

das. Cuando por ejemplo éstas, se aplican para la identificación de un tumor cerebral al determinar un conjunto de clases de tejidos subyacentes a dicho tumor, y que al asignar a cada píxel valores de pertenencia de dichas clases de tejido, éstos se tomen de acuerdo a sus atributos característicos como intensidad, textura, etc. [121, 127, 165]. Tomaremos en cuenta varios criterios de referencia para la puntual aplicación de técnicas mejoradas al algoritmo de agrupamiento difuso según la experiencia comprobada y recopilada de casos relevantes en la bibliografía, así como en las mejoras y modificaciones de algoritmos genéticos que permitan corregir inconvenientes en el contraste de características, y en la visibilidad de los detalles del diagnóstico de una región de interés. Sin que dichas modificaciones creen artefactos ó ruido que hagan perder detalles de la imagen en estudio. De esta forma se podrá proponer una metodología de clasificación difusa fusionando el enfoque de los algoritmos evolutivos subyacentes en los denominados Genéticos que aportarán la identificación de diferentes tejidos del cerebro, adicionándole la región de interés ROI para la mejora en detalles [45, 69].

Hacemos un estudio del arte de los diferentes modelos algorítmicos, a los que modificando la función objetivo luego de la hibridación, puedan no solo mejorar la solución en la visibilidad de detalle del área de interés ROI, sino que también incluya un carácter de solución multicriterio, es decir, una visión multiobjetivo, que nos permita proponer un sistema de diagnóstico/detección con fines médicos a partir de la interpretación y tratamiento de imágenes cerebrales de resonancia magnética. El estudio esta basado en proponer una mejora al algoritmo genético para la optimización multiobjetivo que contenga al Algoritmo NSGA-II (Non-dominative Sorting Genetic Algorithm II generation), para mejorar la detección de los clústeres que representan a los diferentes tejidos visualizados con detalle de calidad cuando estos se traslapan [38, 39]. La simulación de los algoritmos Difusos C-medias (Fuzzy C-Means) y Genéticos multiobjetivos como el NSGA-II se efectúa a nivel de codificación programática con ayuda del producto XCode de Mac<sup>®</sup> para Objective-C<sup>®</sup> compatible con el lenguaje R y la aplicación de MATLAB<sup>®</sup>-2015b utilizando la interfaz de usuario.

Esta herramienta es utilizada para el cálculo de los centroides del conglomerado ó clústeres, de la *partición-c* difusa de los grupos que representan los tejidos cerebrales: la materia blanca, materia gris, líquido cefalorraquídeo, edema, necrosis y fondo, junto con las *dimensiones espectrales*:  $T1_{ij}$ ,  $T2_{ij}$ , -FLAIR, y  $DP_{ij}$  en la identificación y localización de tumores, como se muestra en la (Fig.1.4).

Así mismo, se propone la combinación de las técnicas antes mencionadas para modificar el algoritmo FCM estándar y producir un sistema de segmentación de la imagen médica automatizada que conserve la anatomía del objeto de interés; en este caso la

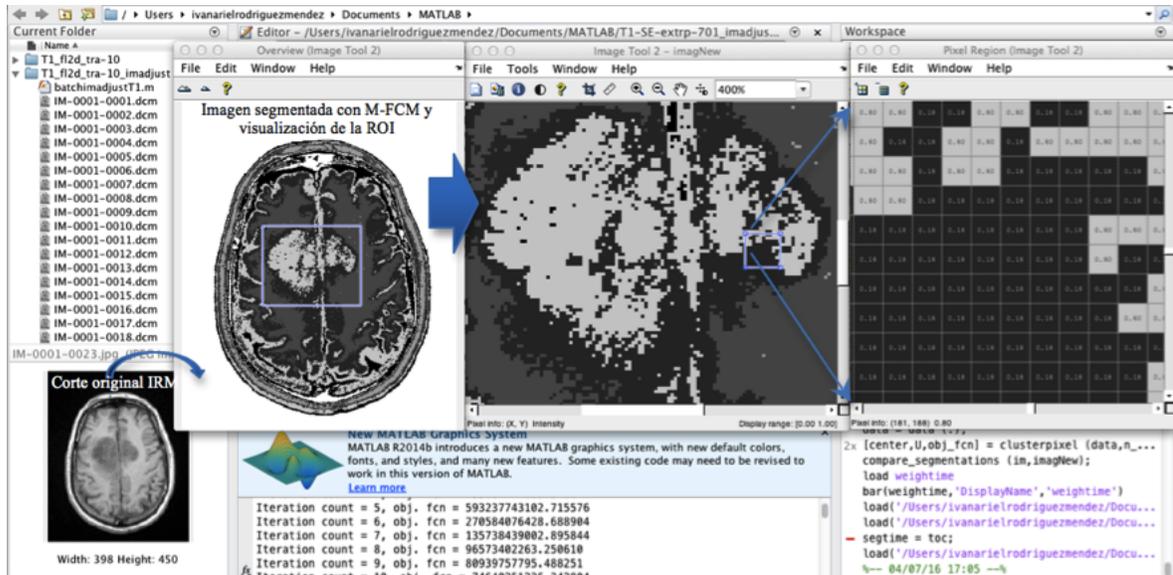


Figura 1.4: Captura de pantalla de MATLAB® que muestra la segmentación del corte de una imagen de resonancia magnética con tejido tumoral, usando el algoritmo difuso C-medias modificado M-FCM propuesto.

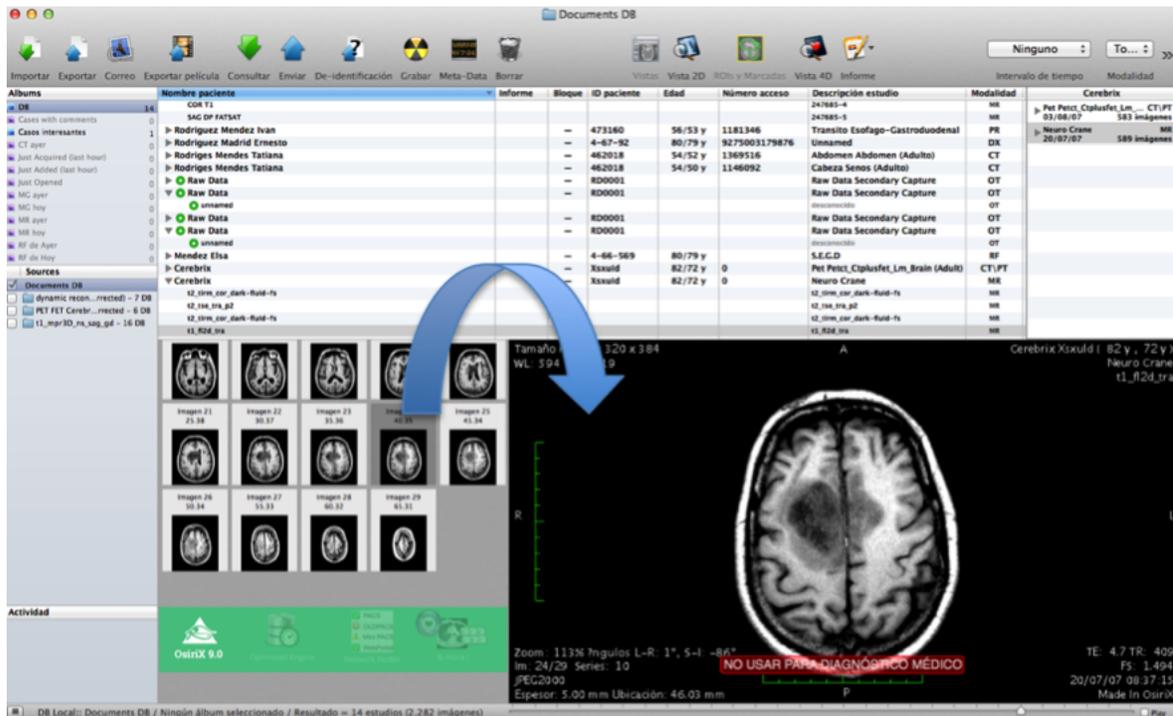


Figura 1.5: Captura de pantalla de un sistema de recuperación de información de contenido- CBIR, de la interfaz médica OsiriX-Lite® utilizada en esta investigación para el tratamiento de imágenes de resonancia magnética.

posibilidad de localizar y representar los diferentes tejidos subyacentes que definen al tumor cerebral, utilizando para ello una malla local para cerrar la región de interés ROI, que se construye y sirve de geometría inicial para la extracción de características de patrones descriptivos, como también el refinamiento y suavizado final de la reconstrucción de la imagen; y que este proceso sea realizado con un bajo costo computacional [1, 2, 8, 87, 113–115, 117]. Finalmente hacemos la evaluación de la calidad de la segmentación del sistema comparándolo con imágenes reales sobre el terreno (ground truth), obtenidas desde una plataforma hospitalaria CBIR como se muestra en la (Fig.1.5).

## 1.2. Objetivos.

El objetivo principal de la presente tesis es: El estudio del arte, la comparación, el desarrollo, el diseño, y la validación de un sistema de segmentación de los distintos tejidos cerebrales en Imágenes de Resonancia Magnética cerebrales, basado en algoritmos híbridos de agrupamiento difuso y genéticos, que:

- utilicen la información a priori presente en el conjunto de datos que pertenecen a la imagen en estudio para reconocimiento de patrones a nivel global e identificar particularidades de las clases que estructure un clúster de información convincente.
- se adapten a imágenes provenientes de diversos equipos de Resonancia Magnética; que sea robusto al ruido, a la no-uniformidad en la intensidad; es decir, incluir información espacial a nivel de píxel; que iguale o supere la calidad de la segmentación obtenida con otros métodos encontrados en la bibliografía.
- incorporen el conocimiento de los especialistas y que este pueda ser expresado como información convincente de un clúster al que se asignen etiquetas de predicados difusos que representen a la estructura en estudio.
- incorporen un nuevo enfoque para la sub-segmentación de imágenes digitales, aquí particularmente basado en el algoritmo de agrupamiento difuso C-medias-FCM; con el propósito de poder determinar subgrupos de datos (píxeles) de interés que puedan ser caracterizados en típicos o atípicos, y poder aplicarlos particularmente al diagnóstico, siendo estos últimos los de mayor interés para nuestro trabajo.
- Incorporen un módulo para las modificaciones aplicadas a nivel de clúster interno con la asignación de etiquetas externas que proporcionen una mejor validez de partición, con el fin de mantener constante e invariable el  $n^{\circ}$  de clústeres.

- Incorporen la adaptación de una metodología subyacente en los algoritmos genéticos para la solución de la función multiobjetivo que genere un factor de mejora en el dominio de los datos generados de las imágenes de resonancia en las áreas de interés ROI, específicamente en el contraste y en la visibilidad de detalles de dicha región luego de haber segmentado la imagen médica.

### 1.3. Aportaciones.

La realización del mismo se verá reflejada en los siguientes aportes:

- La propuesta de inclusión de una estructura algorítmica genética en la función objetivo de un Algoritmo difuso C-medias estándar, con el fin de maximizar la capacidad de identificación de clústeres de información que representan patrones característicos de diferentes tejidos en imágenes de resonancia magnética cerebral.
- Desarrollar un método de segmentación sencillo y eficiente computacionalmente, que iguale o supere en desempeño a los métodos presentados en los últimos años.
- Un módulo de diseño que recopile las características arriba mencionadas y pueda ser incrustado en un flujo de trabajo clínico real compatible con el perfil de un sistema de diagnóstico asistido por computador CAD.

Hemos ampliado los objetivos para incrementar el valor de la aportación a la tesis, en el diseño del módulo prototipo que será insertado en el flujo de trabajo clínico real para la toma de decisiones en el diagnóstico médico. Para tal fin el proyecto será enriquecido con diferentes técnicas difusas para estructurar una valoración más flexible, y se contará con modelos desarrollados en el seno del grupo de investigación del director de la tesis *PhD. Enrique Herrera-Viedma*, incorporando los siguientes criterios:

- El manejo de la información incompleta en la representación y manejo de preferencias [77, 82].
- La obtención de decisiones consensuadas aplicando distintos modelos de decisión [78, 79].
- Uso de operadores de agregación para información lingüística con valores ponderados y no ponderados [76, 82].
- Definición de modelos de integración de información heterogénea (numérica, lingüística, cualitativa, y booleana)[80, 81, 83].

## 1.4. Organización de la tesis.

El presente trabajo de tesis se encuentra organizado de la siguiente manera:

- Capítulo 1 (Introducción): Se especifica el contexto de la investigación, la motivación, los objetivos, el planteamiento de cómo abordar el problema, la metodología que se va a emplear, las aportaciones y enriquecimiento de los objetivos, y la organización de la tesis.
- Capítulo 2 (Estado del arte): Se describen los antecedentes del trabajo de investigación en el campo de la segmentación de imágenes médicas.
- Capítulo 3 (Marco teórico-práctico): Se describe la metodología específica de la segmentación de imágenes médicas de resonancia magnética en la identificación y discriminación del tejido tumoral del sano, cuando éstos se solapan.
- Capítulo 4 (Propuesta de mejora en el rendimiento de la segmentación ): Se describe un marco de mejora en la segmentación de la imagen a partir del primer resultado cuando se utilizó el algoritmo modificado de agrupamiento difuso c-medias-MFCM y este resultado va a la entrada del algoritmo propuesto que esta basado en la técnica Genética; más específicamente el marco de solución multiobjetivo que proporciona mayor nitidez y detalle a la región de interés segmentada.
- Capítulo 5 (validación y aprendizaje automático): Se describe la validación en el agrupamiento difuso para estimar el rendimiento de la segmentación utilizando coeficientes de validación que determinen la bondad del algoritmo final (FCM + AG), en el reconocimiento de patrones a nivel global e identificar particularidades de determinadas clases identificadas. Se implementarán medidas externas de validación para el cálculo de datos previamente etiquetados utilizando para ello una misma medida de similitud que permitirá realizar comparaciones entre diferentes técnicas y paradigmas de segmentación.

---

# Capítulo 2

## Estado del Arte

### 2.1. El proceso de segmentación de imágenes médicas, antecedentes, y su implementación en el caso a abordar.

Continuamente se proponen nuevas técnicas para lograr la discriminación de diferentes tipos de tejidos, cada una de ellas con sus ventajas y limitaciones. En general podría afirmarse que los diferentes métodos tienen en común el reconocimiento de diferentes tejidos mediante la interpretación de las imágenes que un equipo de resonancia magnética entrega. La principal ventaja de las imágenes de resonancia magnética (IRM), consiste en la discriminación de diferentes tipos de tejido para una posterior cuantificación de las características de la imagen y de esta manera asistir en el diagnóstico de diferentes patologías. Una de las tareas más importantes en el análisis de imágenes médicas es la segmentación, entendiéndose como tal al proceso de particionamiento según sus componentes estructurales más importantes en regiones homogéneas con respecto a alguna de sus características, como textura o intensidad [107], como se muestra en la (Fig.2.1). Se realiza a continuación una reseña de los métodos que han presentado diferentes autores e investigadores, abordando específicamente el problema de la segmentación de IRM, procurando ubicarlos en una apropiada clasificación de las técnicas empleadas. Esta clasificación es compleja porque los mejores resultados se obtienen generalmente a través de la combinación de técnicas provenientes de diferentes paradigmas. Puede hallarse un interesante resumen de métodos de segmentación en particular para el reconocimiento de tejidos en IRM en (El-Sayed et al., 2014) [53].

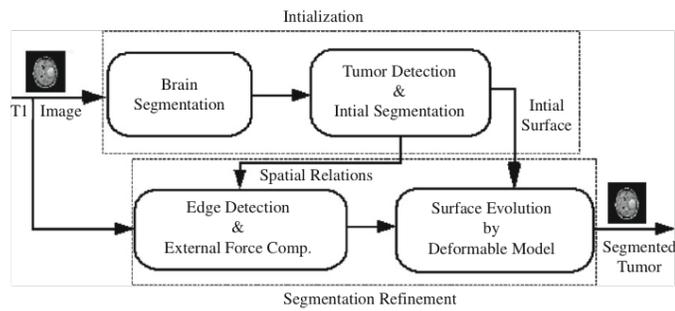


Figura 2.1: Diagrama esquemático de un proceso de segmentación. Fuente: (Khotanlou et al., 2009)

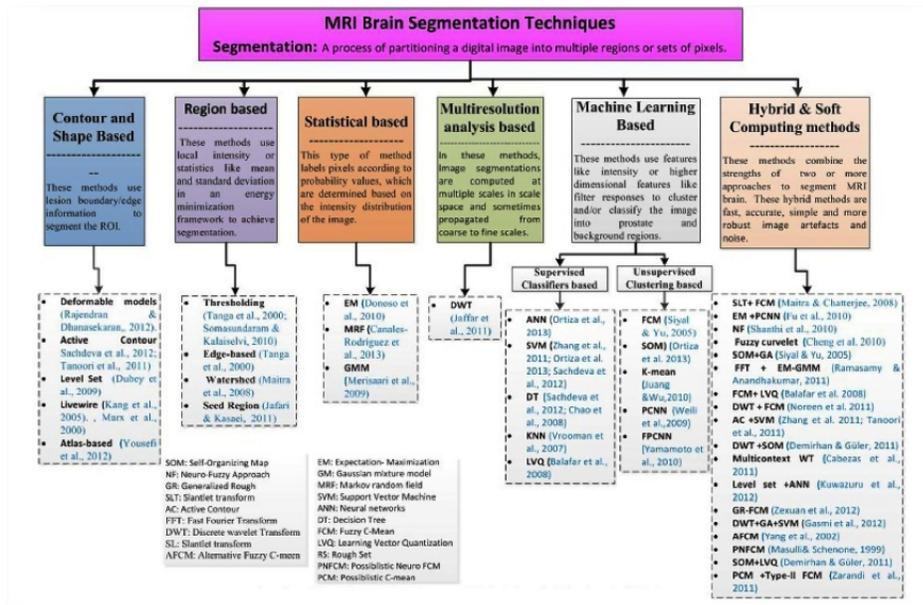


Figura 2.2: Técnicas de segmentación comúnmente utilizadas en sistemas asistidos por computador para imágenes de resonancia magnética cerebral. Fuente: (El-Sayed et al., 2014)

Basándonos en estos trabajos, como se muestra en la Fig.2.2, haremos una posible categorización de los métodos que serán posteriormente descritos en nuestra propuesta.

### 2.1.1. Segmentación manual

Mediante este proceso las segmentaciones obtenidas se basan en la selección, por parte de un experto, de los píxeles que pertenezcan al objeto de interés de forma interactiva, seleccionando píxel por píxel o bien usando herramientas semiautomáticas. Esta segmentación suele ser subjetiva, dependiente del operador, y los resultados obtenidos no son siempre repetibles. De todas maneras, la importancia de una adecuada segmentación manual realizada por especialistas es una tarea necesaria para la evalua-

ción de los métodos de clasificación automáticos o semiautomáticos que se proponen para utilizarla como referencia y validar la robustez de los mismos, referenciados como “gold standart” o imágenes reales sobre el terreno “ground truth”. En segmentación de tejidos cerebrales de imágenes de resonancia magnética es fundamental remover lo que no corresponda a la región del cerebro como el cráneo y tejido no cerebral [101, 102].

## 2.2. Segmentación basada en procesamiento e interpretación de imágenes médicas de resonancia magnética

### 2.2.1. Método basado en el uso de un Umbral

El Umbralamiento (thresholding) consiste en separar una imagen para convertirla en una o más imágenes binarias teniendo en cuenta rangos de niveles de gris. Es una técnica básica que se utiliza en etapas iniciales de otros métodos como técnica automática para hallar umbrales basados en regiones, en las intensidades locales o en la conectividad de los píxeles [144]. Este tipo de segmentación, permite separar un objeto dentro de la imagen del fondo que lo circunda, la técnica se basa en comparar alguna propiedad de una imagen con un umbral fijo o variable, realizando tal comparación para cada uno de los píxeles que conforman la imagen, si el valor de la propiedad de un píxel supera el valor del umbral, entonces el píxel pertenece al objeto, en caso contrario, el píxel pertenece al fondo. Cuando la segmentación se realiza en niveles de grises, el valor del nivel de gris de cada píxel en la imagen debe ser comparado con el umbral, para decidir si tal píxel pertenece al objeto o al fondo. La imagen de salida, es una imagen binaria donde aquellos píxeles cuyo valor es 1, pertenecen al objeto y los píxeles cuyo valor es 0, pertenecen al fondo [70–72, 138].

Alguna de las técnicas más conocidas está basada en el histograma (función de densidad de probabilidad del brillo de los píxeles) de la imagen, y las más populares son: Umbralamiento bimodal, por porcentajes (P-Tile), por coincidencia de contornos, y el *método Otsu*. Esta última técnica suele utilizarse en conjunto con otras para seleccionar correctamente un objeto de la escena, y así aportar información adicional pertinente. Entre ellas tenemos la morfología matemática y los sistemas de reglas aplicadas sobre los objetos binarizados resultantes del umbralamiento [141].

El umbral puede depender de la imagen  $f(x, y)$ , de alguna propiedad local del píxel  $p(x, y)$ , y hasta de su propia posición: Si el umbral sólo depende de  $f(x, y)$  se dice que

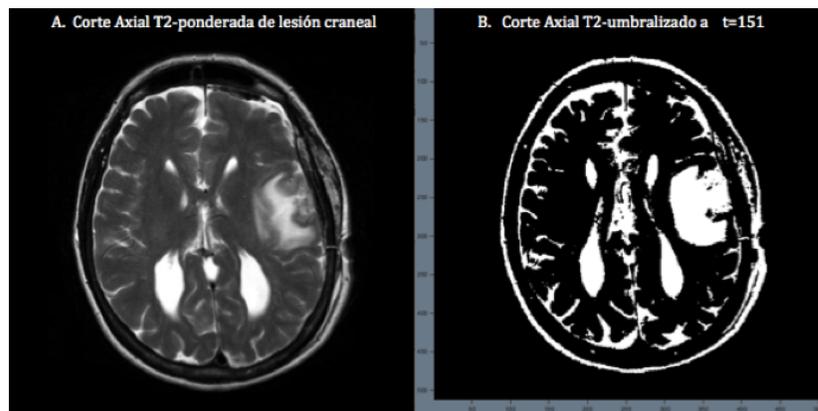


Figura 2.3: Umbralización clásica con base en un valor de umbral: Imagen original en escala de 255 niveles de gris (A). Imagen con un valor  $t=151$  (B).

es un umbral global; en el caso de que además dependa de su promedio  $p(x, y)$ , (el valor medio de los píxeles vecinos) el umbral es denominado umbral local; y si depende también de la posición  $(x, y)$  del píxel, se denominará dinámico. La mayoría de las técnicas de umbralización se basan en estadísticas sobre el histograma unidimensional de una imagen (clásicamente, el histograma de niveles de gris), para la elección de un umbral  $t$ . Para localizar los umbrales se pueden usar procedimientos paramétricos y no paramétricos. En los paramétricos, la distribución de los niveles de intensidad de una clase de objeto lleva a encontrar los umbrales. En los procedimientos no paramétricos, los umbrales se obtienen de forma óptima de acuerdo a algún criterio, como se aprecia en la [Fig.2.3](#)

### 2.2.2. Métodos basados en la forma y el contorno

Estas técnicas están basadas en la detección de contornos, y utilizan las fronteras de separación entre distintos tejidos para llevar a cabo la segmentación. Estos contornos modelan las fronteras entre un objeto, el fondo y el resto de objetos de la imagen, la extracción de los contornos del objeto o de la región de interés ROI, se realiza con base en modelos que utilizan información a priori de la forma de los objetos. Existen muchos detectores de contorno, como los de Sobel, Prewitt, Canny, Roberts, y Gradiente o Laplaciano, como se muestran en la [Fig.2.4](#) un detector de contornos de Canny [26].

En la segmentación de imágenes de resonancia magnética al ser aplicados dichas técnicas producen resultados satisfactorios, ya que, si el modelo es el adecuado, la presencia de falsos positivos o negativos será muy pequeña. Los contornos activos se pueden clasificar en: Serpientes (snakes), modelos deformables de contornos dinámicos,

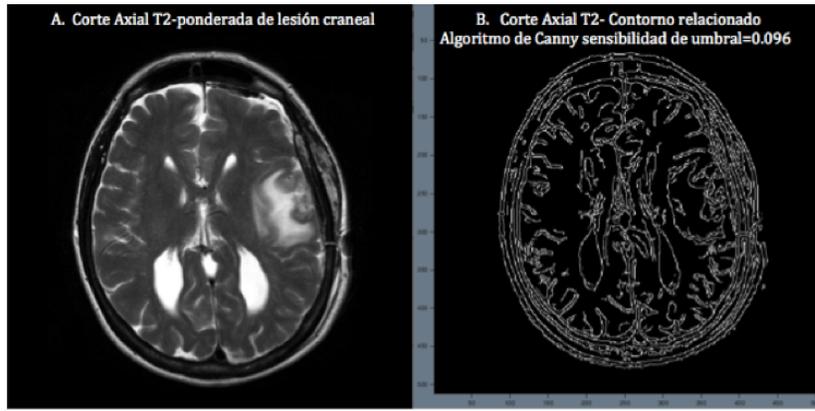


Figura 2.4: Ejemplo de una imagen de resonancia magnética (A), y su imagen de contornos asociada con el Algoritmo de Canny (B).

y los level set [162, 163]. Los modelos deformables consisten en técnicas para delinear contornos de regiones (lesiones, tumores etc.) usando curvas o superficies paramétricas cerradas que se deforman bajo la influencia de fuerzas interiores y exteriores. En estas técnicas se sitúa la curva o superficie inicial cerca de la región a delinear y se deja evolucionar iterativamente bajo el efecto de las fuerzas. Generalmente se definen las fuerzas internas dentro de la curva o superficie para exigir condiciones de suavidad a lo largo de la deformación, mientras que las fuerzas externas se calculan a partir de la imagen para dirigir el movimiento de la curva hacia la solución final en el contorno de la región de interés.

En el caso de la segmentación de un tumor para definir su localización, usando un modelo deformable como en Khotanlou et al., [96]; el proceso de detección inicia por el análisis de simetría, por lo que existen dos tipos de información disponibles: *La detección inicial* y *los tejidos circundantes*; utilizando para dicho proceso una combinación de información topológica y otra de distancia. La idea es que el contorno del tumor debe estar situado en algún lugar entre el límite de la detección inicial y el límite del tumor alrededor de los tejidos (incluyendo el fondo). La segmentación obtenida se transforma en una triangulación utilizando para ello un algoritmo de *isosuperficie* [162], basado en tetraedros que se suavizan y convierten en una malla simple denotada por  $X$  [43], así la evolución de nuestro modelo deformable es descrito por la siguiente ecuación de fuerza dinámica

$$\gamma \frac{\partial X}{\partial t} = F_{int}(X) + F_{ext} \quad (2.1)$$

Donde  $X$  es la superficie deformable,  $F_{int}$  es la fuerza interna que limita la regularidad de la superficie y  $F_{ext}$  es la fuerza externa. La restricción de la distancia desde el tumor

segmentado inicial y los tejidos alrededor del tumor que se obtuvieron de la información topológica también se prevén en el modelo deformable por fugas en los límites débiles. Para las relaciones de distancia, tales como “cerca del tumor segmentado inicialmente”, se define un intervalo difuso  $f$  de forma trapezoidal en el conjunto de distancias de espacio real  $\mathbb{R}^+$  [31].

### 2.2.3. Métodos basados en Crecimiento de Regiones (Region Growing) y reconstrucción de superficies

El crecimiento de regiones es una técnica que consiste en extraer una región conexa dentro de una imagen, basándose en un determinado criterio. Estos criterios suelen basarse en los valores de intensidad de la imagen y en los bordes de la misma. En general la determinación del punto de partida para la segmentación suele ser un aspecto crítico del algoritmo. Se han propuesto varios métodos para esta etapa: automáticos, aleatorios e interactivos etc [37]. Generalmente y en su forma más sencilla, se usa una semilla a partir de la cual se realiza el crecimiento de acuerdo con los criterios elegidos para obtener cada región [40–42, 154]. Una de las ventajas que presentan estos métodos es que el resultado de cada región será conexo. El principal inconveniente es la necesidad de interacción con el usuario para seleccionar la semilla correspondiente a cada región. Además estos métodos son sensibles al ruido, dando lugar a regiones con agujeros o incluso disconexas. Para evitar estos problemas existen métodos que preservan la topología de las regiones extraídas o los métodos llamados *Conectividad Difusa* propuestos por Udupa et al., [105, 147, 148]. A partir de la segmentación se pueden inspeccionar diferentes cortes sobre los ejes cartesianos y especificar proyecciones arbitrarias de volumen a través de un algoritmo de volumen rendering para la generación de modelos de superficie. El proceso de reconstrucción de estos modelos anatómicos parte de una segmentación previa de la zona de interés y a partir de esos datos es posible determinar una malla de polígonos para su posterior utilización donde los polígonos generalmente están compuestos por tetraedros para la reconstrucción de volúmenes, y por triángulos para la reconstrucción de superficies [8, 119, 120]. Este algoritmo consta de tres partes fundamentales: La triangulación inicial a partir de las caras correspondientes a los vóxeles en las fronteras de las regiones, luego se detecta la posible presencia de regiones conflictivas y finalmente el pos-procesado o suavizado de la malla, con el fin de mejorar el aspecto visual del modelo [97–99], como se muestra en la Fig.2.5.

Para obtener superficies cerradas y coherentes se debe tener cuidado al especificar la dirección del vector normal de cada triángulo así como el sentido de los vértices, además

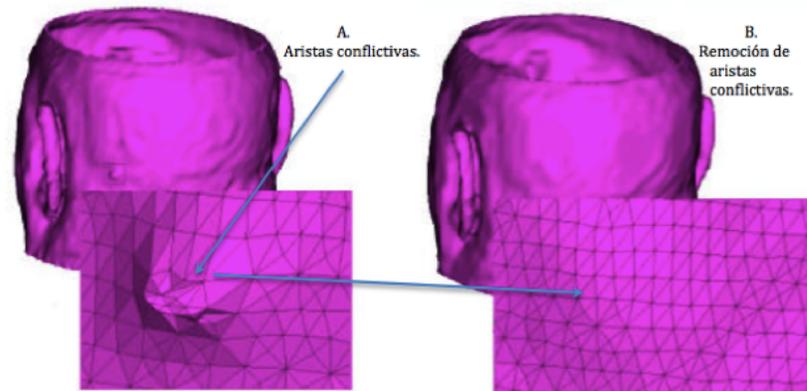


Figura 2.5: Comparación de superficies: Generación de mallas sin procesamiento de aristas conflictivas (A). Remoción de vóxeles con aristas conflictivas (B). Fuente:(Del Fresno, 2002).

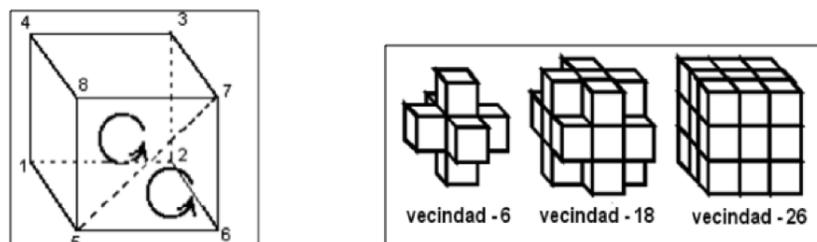


Figura 2.6: Triangulación de las caras fronteras en un vóxel (izq), Conectividad entre vóxeles y sus vecindades (der). Fuente: (Kovalevsky, 1984-86)

las caras fronteras son aquellas que correspondan a los vecinos del vóxel que tengan conectividad-6 (vecindad o adyacencia), y que no existan; como se muestra en la Fig.2.6.

#### 2.2.4. Métodos basados en análisis de multi-resolución.

El método de clasificación multiescalas y múltiples bloques C-medias difuso con corrección de intensidad para imágenes de resonancia magnética cerebral, usa un *filtro bilateral* para procesar imágenes y poder construir una serie de multiescalas de cortes consecutivos. Esto se logra mediante la reducción de la *desviación estándar* de la función espacial y mediante la reducción de una función gama. En cada escala, separamos la imagen en varios bloques y por cada cuadro, un método de clasificación C-medias difuso se aplica a lo largo de las escalas desde un grueso a finos niveles. Partiendo de lo expuesto por Yang et al [164], que presenta este modelo de clasificación multiescalas y multi-bloques C-medias difuso, y dado que los algoritmos de clasificación de imágenes pueden ser sensibles al ruido, dicho filtrado, según los autores puede mejorar el rendimiento de la clasificación de las imágenes en estudio.

Debido al efecto del volumen parcial, las imágenes de resonancia magnética a menudo

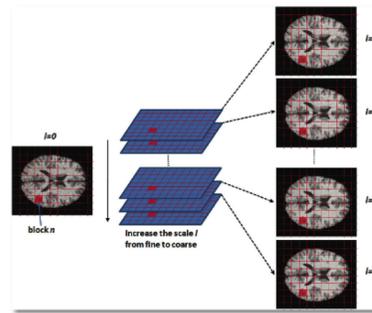


Figura 2.7: Multiescalas con multibloques. El espacio de escalas se compone de una pila de imágenes filtradas a diferentes escalas, donde  $l = 0$  es la imagen original. La imagen en cada escala se divide en bloques. Fuente: (Yang et al., 2011)

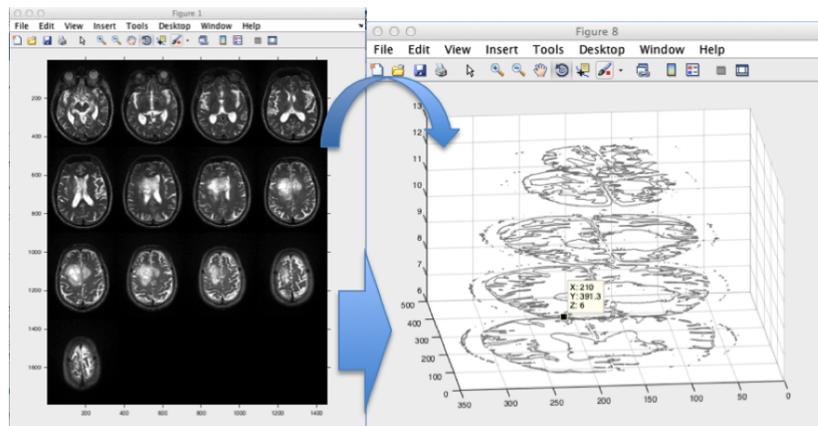


Figura 2.8: Colección de imágenes de resonancia magnética generadas por MATLAB mostrando cortes consecutivos axiales de un tumor (colección de imágenes apiladas en forma de bloques).

tienen bordes borrosos, así que los filtros lineales pueden reducir el ruido pero puede resultar en una degradación del contraste y del detalle de la imagen resultante [139]. El filtrado bilateral puede superar este inconveniente mediante la introducción de una medida parcial de detección de bordes en el filtrado, así como suavizar la intra-región y preservar el borde de la inter-región. Un filtro bilateral reemplaza el valor del píxel de un centro de vecindario (centroide), con el promedio de los valores de los píxeles similares y cercanos [143]. En las regiones lisas los valores del píxel en una pequeña vecindad son similares entre sí, y el filtro bilateral actúa esencialmente como un filtro de dominio estándar con un promedio alejado de las pequeñas diferencias de señal que estén débilmente correlacionadas, y que fueron causadas por el ruido [89].

Aunque un campo de polarización afecta a la intensidad de diferentes tejidos en toda la imagen, no afecta la relación de intensidad relativa de diferentes tejidos en una pequeña región, así que dividimos la imagen completa en múltiples bloques y realizamos

una clasificación multiescalas en una pequeña región. Esto puede superar la desventaja de los algoritmos de clasificación de imágenes que son sensibles a la falta de homogeneidad en la intensidad.

Así que para reducir este efecto, las imágenes de resonancia magnética (IRM) se dividen en tantos bloques pequeños como sea posible. Por otro lado, un pequeño bloque carece de información global por lo que el bloque no puede ser muy pequeño. Debido a esto, el tamaño del bloque será determinado por la estrategia de múltiples bloques.

Cuando solo hay un tejido en un solo bloque, cambiamos el tipo de superposición ó tasa de solapamiento que corresponda a la de dos bloques de vecinos, con el fin de asegurarnos de que al menos dos tejidos estén en un solo bloque [128].

El espacio de múltiples escalas se representa en una serie de imágenes con diferentes niveles de resolución espacial. La información general se extrae y se mantiene en las imágenes a gran escala, y en las imágenes de menor escala se tiene más información de tejido local. Esta descripción de múltiples escalas de imagen es generada por el filtro bilateral, en la Fig.2.7 se ilustra el espacio de múltiples escalas que se construyeron mediante un *filtro bilateral*, y en la Fig.2.8 se muestra cómo se pueden generar imágenes reales médicas representadas mediante transformación geométrica de una región de interés para diagnóstico; en este caso para mostrar un tumor, usando MATLAB<sup>®</sup>.

### 2.2.5. Métodos basados en el reconocimiento de patrones

El reconocimiento de patrones consiste en clasificar objetos de interés entre un número de categorías o clases. Cada objeto a ser clasificado o etiquetado como clase  $w_i$  se denomina patrón, y el criterio que se usa para hacer dicha clasificación se basa en una o varias magnitudes que caracterizan a los patrones, es decir magnitudes que difieren lo más posible unos patrones de otros llamados *vectores de características*. El espacio definido por estas magnitudes es llamado *espacio de características*. En clasificación de imágenes los patrones son los píxeles, el espacio de características suele ser el *espacio de intensidades*, y las clases son los objetos que se pueden distinguir en la imagen [96]. El histograma es un ejemplo de espacio de características en una dimensión, y en dos dimensiones tendríamos un histograma conjunto. Estos métodos se conocen como métodos supervisados ya que requieren un conjunto de datos de entrenamiento seleccionados manualmente para clasificar los patrones de acuerdo con algún criterio. Estos se dividen entre métodos paramétricos y no paramétricos. La segmentación mediante reconocimiento de patrones comprende dos etapas: en la primera se realiza un procesamiento de las imágenes mediante el cual se extraen diferentes características (features) para cada

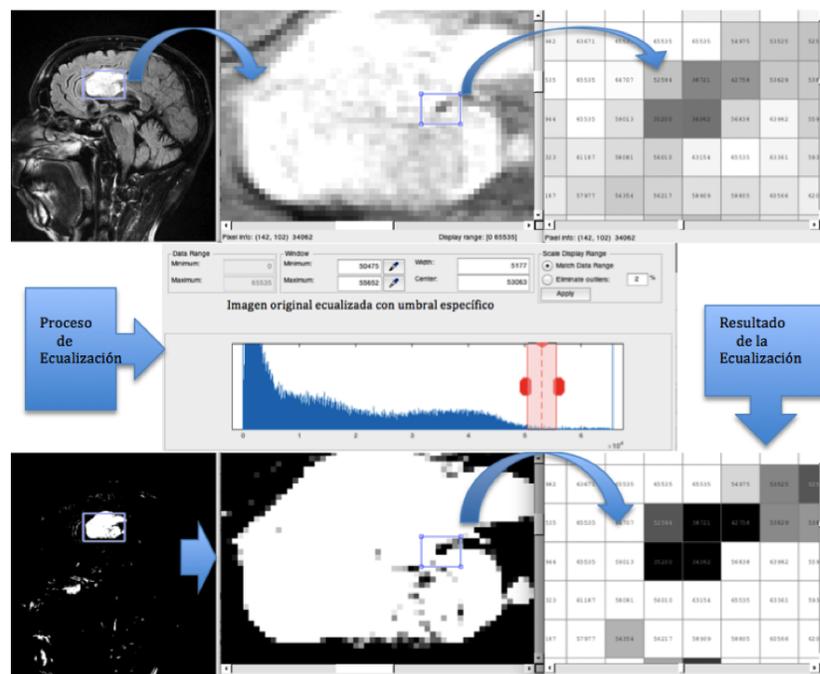


Figura 2.9: Segmentación de una imagen de resonancia magnética cerebral mostrando el tumor en la región de interés ROI usando metodología de reconocimiento de patrones, junto con la ecualización de la imagen con histograma

píxel. Éstas pueden ser características de texturas, información de color, e información de posición.

En la segunda etapa, las características son ingresadas a un algoritmo de reconocimiento de patrones. Por medio de este algoritmo se obtiene el conjunto de datos de entrada, que representa a los píxeles de la imagen original, que se haya agrupado o clasificado en diferentes conjuntos con diferentes etiquetas, lo que permitirá generar una imagen segmentada. En la Fig.2.9 puede observarse un diagrama del proceso de segmentación mediante reconocimiento de patrones con el histograma de la imagen de resonancia magnética ecualizada en la región de interés, que identifica un tumor. La selección de las características o descriptores a utilizar es una tarea sumamente importante del proceso, y debe realizarse de acuerdo a la problemática planteada; de ello dependerá en gran medida el desempeño del proceso de segmentación. De manera que el reconocimiento de patrones se define como el proceso en el cual se agrupa un conjunto de datos en una determinada cantidad de grupos (clusters) o etiquetas mediante un mecanismo de decisión [15]. Este mecanismo depende de la técnica particular que se utilice y es el que define al algoritmo de reconocimiento de patrones. De acuerdo a la información que se utilice para el ajuste o definición de la técnica de reconocimiento de patrones, puede distinguirse las siguientes:

- Técnicas supervisadas: En ellas los parámetros internos del algoritmo son ajustados de acuerdo a un conjunto de datos previamente clasificado (un conjunto de datos etiquetados en diferentes clases). La descripción obtenida de este proceso de ajuste es, entonces, utilizada para clasificar un nuevo conjunto de patrones. Este tipo de técnicas se conoce como clasificación supervisada o análisis discriminante.
- Técnicas no supervisadas (clustering): En este tipo de técnica, el problema consiste en agrupar un conjunto de datos en grupos significativos, sin utilizar información previa sobre el agrupamiento esperado. La información de las clases es únicamente obtenida a partir de los propios patrones a agrupar. Este tipo de técnicas se conocen como técnicas de clasificación no supervisada, agrupamiento o clustering.

En todo algoritmo de reconocimiento de patrones el conjunto de datos a agrupar o clasificar  $X$  estará formado por vectores de características representativos del problema. Cada dato será una  $d$ -upla de la forma:  $X_i = (x_{i1}, \dots, x_{id})$ , con  $x_{ij} \in [-1, 1]$ . En general si los datos no están normalizados en este rango, se realiza previamente una normalización lineal de los mismos. El conjunto de datos estará definido por:  $\mathbf{X} = \{X_i\}_{i=1, \dots, n}$ , donde  $d$  es la dimensión del espacio de datos y  $n$  es la cantidad de datos del conjunto [89].

### 2.2.6. Métodos basados en agrupamiento (Clustering)

Los algoritmos de agrupamiento llevan a cabo esencialmente la misma función que los métodos de clasificación, pero sin utilizar datos de entrenamiento, por lo tanto son métodos no supervisados. Buscan agrupar los espacios característicos en un conjunto de datos, cuando son aplicados en el procesamiento de imágenes son capaces de encontrar los espacios característicos de ésta, siendo *las intensidades* de la imagen, la característica base de esos espacios. Para compensar la falta de los datos de entrenamiento, estos métodos iteran entre segmentar la imagen y caracterizar las propiedades de cada clase. En este sentido, los métodos de agrupamientos *se entrenan a sí mismos*, usando los datos disponibles. Un ejemplo clásico de algoritmo de agrupamiento es el de K-medias [84, 95]. Este método de agrupamiento que se denomina particional, intenta encontrar un número específico de grupos, que están representados por sus centroides (centros de conglomerado), aplicable a un grupo de objetos en un espacio continuo  $n$ -dimensional. El algoritmo agrupa datos, calculando iterativamente la medida de la intensidad para cada clase y segmentando la imagen mediante la clasificación de cada píxel en la clase con la media más cercana. La idea es definir  $k$  centroides (medias representativas de cada

clase), para cada una de las clases. Estos centroides se deben posicionar cuidadosamente ya que diferentes inicializaciones pueden llevar a diferentes resultados. El siguiente paso es clasificar todos los datos en la clase del centroide más cercano de acuerdo a la distancia elegida. A continuación se re-calculan las medias de cada agrupación y se vuelven a clasificar los datos. Este proceso se itera hasta que las medidas de las clases no cambien o lo hagan por debajo de un determinado umbral [47, 54, 111]. Aunque los algoritmos de agrupamiento no requieren que los datos se entrenen, si requieren una segmentación inicial (o de manera equivalente, requieren parámetros iniciales).

Como los métodos de clasificación, los algoritmos de agrupamiento no incorporan directamente un modelo espacial. De cualquier forma esta falta de modelado espacial puede proveer ventajas significativas para realizar los cálculos velozmente. Este algoritmo además minimiza una determinada función de coste (función objetivo), en este caso el error cuadrático medio, y se representa por:

$$J = \sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n \|x_i^j - v_k\|^2 \quad (2.2)$$

Donde  $\|x_i^j - v_k\|$  es la distancia Euclídea entre el dato  $x_i^j$  y el centroide  $v_k$ .

### 2.2.7. Método basado en agrupamiento difuso C-Medias- [Fuzzy C-Means]

El algoritmo Fuzzy C-Means FCM o difuso C-medias [49, 50] es una extensión del K-medias tradicional. La principal diferencia es que en el k-medias cada dato, solo puede pertenecer a una única clase mientras que el FCM puede pertenecer a varias clases a la vez, con una probabilidad determinada por las distancias en cada uno de los centroides. En este trabajo de investigación la metodología de diagnóstico se enfoca en la identificación de diferentes tejidos cerebrales junto con la región de interés ROI (Region of Interest), que siempre resulta tener características diferentes del resto de los tejidos sanos. Por eso el objetivo principal en el proceso de segmentación es dividir una imagen en regiones (clases o subconjuntos) que sean homogéneas con respecto a una o más características. En las imágenes de resonancia magnética IRM, implica la separación de los vóxeles de la imagen en regiones que comprenden diferentes tipos de tejidos. Idealmente, la señal estaría compuesta por trozos de regiones constantes. Sin embargo, las imperfecciones en el campo magnético a menudo introducen una baja frecuencia no deseada, en término de sesgo en la señal, lo que da a lugar a la falta de homogeneidad en la intensidad.

Se comprobó por medio de estudios previos de expertos médicos que la herramienta adecuada para este ejercicio de identificación sería la técnica de agrupamiento difuso, específicamente el agrupamiento difuso C-medias, ya que clasifica los píxeles en sus respectivos grupos [149, 150], teniendo en cuenta la variabilidad del valor de gris junto con el píxel incertidumbre estadístico, producido como resultado de la aleatoriedad [75].

Partiendo del enfoque mencionado anteriormente nos situamos en el proceso de modelado de formación de una imagen de resonancia magnética como sigue:

$$x_i = b_i y_i + n_i \quad (2.3)$$

Donde  $x_i$  es la señal de resonancia magnética de salida medida,  $y_i$  es la señal real,  $b_i$  representa el campo de polarización desconocido, modificado ligeramente, y  $n_i$  es el ruido añadido, y se supone que es independiente de  $b_i$ . Por lo tanto una clasificación precisa de una imagen de resonancia magnética determina una estimación precisa del campo de polarización desconocido y el ruido; a continuación retiramos tanto el campo como el ruido de la señal de resonancia magnética medida. Ahora usamos la técnica de agrupamiento descrita y para una identificación exacta será necesario un agrupamiento ideal. El algoritmo FCM produce una partición óptima  $c$  para la imagen  $\{x_i\}_{i=1}^N$  al minimizar la suma ponderada intergrupala del error cuadrático de la función objetivo  $J_{FCM}$ .

$$J_{FCM} = \sum_{k=1}^C \sum_{i=1}^N \|u_{ik}^p - v_k\|^2 \quad (2.4)$$

Donde  $\{v_k\}_{k=1}^c$  es el centro de intensidad caracterizado de la clase  $k$ , y  $c$  es el número de tipos de tejidos subyacentes en la imagen que se da antes de la clasificación (materia gris, materia blanca, líquido cefalorraquídeo, tumor y el fondo).  $u_{ik}$  representa la posibilidad de que el vóxel  $i$  sea perteneciente a la clase  $k$  y se requiere que  $u_{ik} \in [0, 1]$  y  $\sum_{k=1}^c u_{ik} = 1$  para cualquier vóxel  $i$ . Introducimos el parámetro  $p$  como un exponente de ponderación escalar en cada pertenencia difusa y se establece con un valor de 2 ( $1 < p < \infty$ ). Cuando el valor de  $p$  es cercano a 1, FCM se acerca al enfoque del algoritmo duro (clásico)  $c$ -media. Cuando el valor se aproxima al infinito el centro de masa del conjunto de datos, es la única solución del agrupamiento FCM [166]. Aquí el valor de  $p$  se establece en 2 y es el adecuado para la mayoría de las imágenes de resonancia magnética cerebrales según Shen et al., [140]. Para calcular la matriz de pertenencia  $u_{ik}$  y los centros de conglomerados (centroides)  $v_k$ , utilizamos las siguientes ecuaciones:

$$u_{ik} = \frac{1}{\sum_{i=1}^N \left( \frac{\|x_i - v_k\|}{\|x_i - v_l\|} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (2.5)$$

$$v_k = \frac{\sum_{i=1}^N u_{ik}^p x_i}{\sum_{i=1}^N u_{ik}^p} \quad (2.6)$$

Basados en los principios de cálculo descritos por este algoritmo al momento de efectuar la segmentación de una imagen, los vectores de característica, se supone que son independientes unos de otros e independientes de sus coordenadas espaciales como mencionamos anteriormente. Sin embargo las imágenes en la vida real por lo general tienen una fuerte *correlación entre los píxeles vecinos*. Los píxeles adyacentes en un objeto generalmente no son independientes uno de otro. Por lo tanto, la incorporación de la interacción espacial local entre píxeles adyacentes en el proceso de agrupamiento difuso se hace imperativa adoptar, para poder generar una clasificación más robusta y significativa, así como ayudar a resolver las ambigüedades de clasificación debido al solapamiento en el valor de intensidad entre grupos o la corrupción por ruido y artefactos que se producen en un tratamiento de estudio médico de imágenes de resonancia magnética [159].

### 2.2.8. Método basado en agrupamiento difuso C-Medias, Modificados y mejorados

Normalmente una clasificación difusa o suave (soft) se refiere a la segmentación de volumen parcial VP. Van et al. [151] llevó a cabo la segmentación VP, bajo el enfoque de Expectativa de Maximización (EM), y un Campo Aleatorio de Markov (MRF), donde cada vóxel se compone de varios tipos de tejido diferentes, con diferentes grados de pertenencia entre 0 y 1 [73, 74]. Muchos investigadores han propuesto diferentes algoritmos FCM modificados y mejorados para solucionar la falta de homogeneidad en las IRM e incorporar la información espacial para evitar la sensibilidad al ruido [97]. La función de regularización se introduce en la función de coste o función objetivo de FCM convencional con el fin de imponer un efecto de vecindad. Este método nombrado *geométrico guiado*, incorpora información de la condición geométrica de cada píxel y su relación con su entorno local. Así, este tipo de enfoque que añade a la función de coste condiciones de regularización, muestran mayor robustez para la clasificación de IRM inspirados en los mtodos EM y MRF mencionados.

En otro enfoque Phillips et al., [129] mejoran la variación en los valores de intensidad

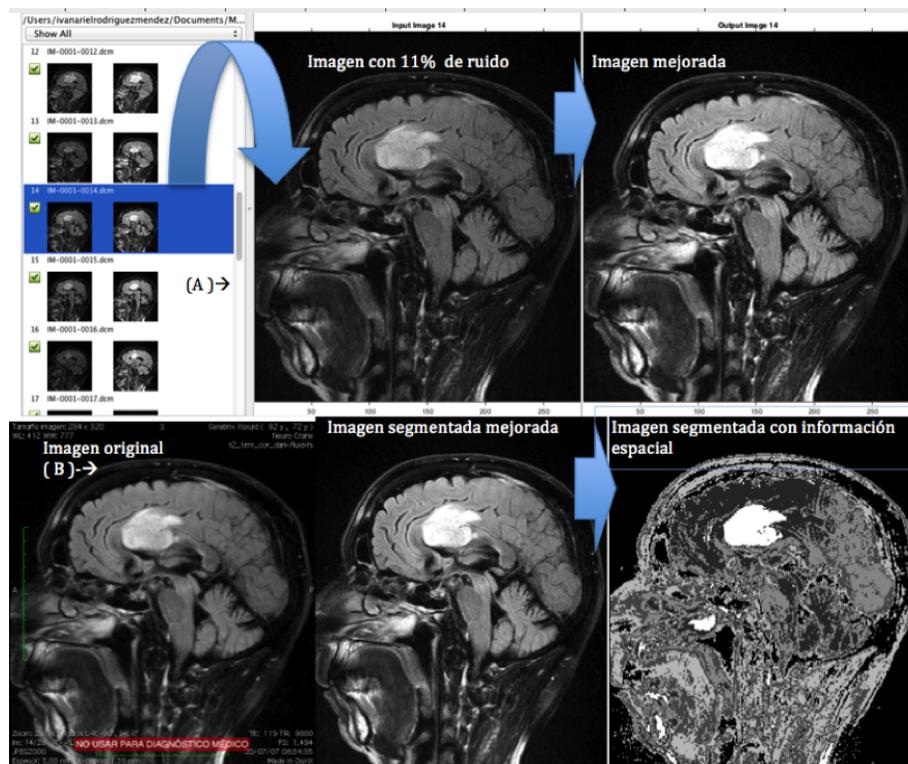


Figura 2.10: Resultado de segmentación de una imagen de resonancia magnética T2-ponderada con un 11 % de ruido. (A) De izquierda a derecha-Imagen original, segmentación axial, imagen mejorada. (B) De izquierda a derecha-Imagen original, resultado de una segmentación FCM-clásica, y resultado de la segmentación mejorada incluyendo información espacial MFCM.

en la función de coste, a través de un campo de polarización multiplicativo aplicado a los centroides del conglomerado. El mayor rendimiento de este método se logra al aumentar el ruido. También Liu et al. [106] lograron los mismos resultados basándose en un previo marco de desarrollo de conexión difusa y definición del objeto en escenas multidimensionales donde se determina el tamaño del objeto local en la definición de conexión. Resumiendo; este tipo de algoritmos de agrupamiento difuso modificados y mejorados serán capaces de utilizar información contextual local para imponer la continuidad espacial local permitiendo así la supresión de ruido y ayudar a resolver la ambigüedad en la clasificación por inhomogeneidad. De manera que los algoritmos de agrupamiento difusos C-medias -FCM son excelentes candidatos en la discriminación de los tejidos principales en la fase de pre-procesamiento de IRM. En trabajos realizados por investigadores se puede verificar la potencia de estos algoritmos en la segmentación de IRM con ruido tanto para imágenes sintéticas obtenidas de repositorios como las imágenes reales, como se muestra en la Fig.2.10.

### 2.2.9. Método basado en Sistemas híbridos con técnicas de Inteligencia Artificial

Los sistemas de Inteligencia Artificial denominados “híbridos” son aquellos que combinan dos o más técnicas, ofreciendo un mejor desempeño que las técnicas aisladas. En los últimos años se han desarrollado el uso de diversas combinaciones entre sistemas que utilizan Redes Neuronales, Lógica Difusa, Algoritmos Evolutivos (particularmente Algoritmos Genéticos), las Máquinas de Soporte Vectorial, Optimización por enjambre de partículas, Optimización por colonias de hormigas y más reciente Optimización por búsqueda alimentaria de la Bacteria [68, 69, 103]. Existen diversas opciones en el diseño de un sistema híbrido Difuso-Genético. Propuesta que consiste en la combinación de la Lógica Difusa con Algoritmos Genéticos [32, 33]. Este tipo de sistema utilizados por varios investigadores en el marco de la clasificación es un tema de constante investigación para los sistemas difusos que son optimizados por un proceso de aprendizaje basado en Algoritmos Genéticos AG [6, 7]. Los criterios que se cumplen en estos sistemas pudieran ser los siguientes:

- *Optimización de las funciones de pertenencia:* El algoritmo busca un adecuado conjunto de parámetros para determinar las características morfológicas de las funciones de pertenencia, a partir de la definición inicial, sin modificar su forma básica ni variar los predicados que intervienen en el sistema. Ejemplo: si las funciones son Gaussianas, se buscan los mejores valores para sus centros y dispersiones.
- *Selección de predicados:* Si se da más de un predicado para cada tejido, el algoritmo puede seleccionar el mejor de ellos. Entonces partiendo de un conjunto de predicados, queda el mejor subconjunto de ellos. Ejemplo: Seleccionar un predicado con las siguientes características.  $P_{(Opción)} =$  “El píxel corresponde a materia blanca cuando es intenso en T1, materia gris en T2, e intenso en PD”.
- *Optimización de los predicados:* A partir de las definiciones anteriores, el algoritmo busca modificarlos para obtener un mejor resultado en la segmentación. Este enfoque requiere estructuras definidas de los predicados, es decir, no se utilizarán otros operadores entre los predicados simples que forman el predicado compuesto. Así el algoritmo puede determinar cuáles son los mejores conjuntos difusos representados por los operadores introducidos y entonces se podrá formar una secuencia de los conjuntos difusos que se utilizan en los sucesivos predicados y esta secuencia puede ser variada por el algoritmo.

- *Incorporación de modificadores en los predicados:* En este enfoque se altera el efecto de las funciones de pertenencia, asociando estas alteraciones a etiquetas lingüísticas (hedges). De esta manera los predicados obtenidos pueden ser posteriormente analizados por los expertos para comprobar si tienen una real validez lingüística o si son coherentes con su conocimiento.

Con el fin de cuantificar el grado de verdad de los predicados arriba mencionados se procede a definir conjuntos difusos para representar los conceptos asociados a las intensidades de gris de la imgene en estudio.

El conjunto soporte para estos conjuntos difusos es el rango completo de valores de gris para imagenes procesadas de 8bits, y con valores entre 0 y 255. Con estas representaciones puede comprenderse que las ideas expresadas, como por ejemplo negro o blanco, en realidad representan intervalos de intensidades de gris, a veces con gran diversidad de valores.

Adems es necesario implementar la representacin de las intensidades de gris con histogramas para las regiones pre-reconocidas de los tejidos cerebrales, por lo que se requirió un conjunto de imágenes segmentadas previamente. Como se muestra en la Fig.2.11, se crea un sistema de inferencia difusa donde las entradas tienen una desviación estándar  $[s_x = s_y = 0,10]$  y con una función de pertenencia triangular  $[w_a = 0,1 b_c = 0,7]$ , de esta manera es representanda la secuencia espectral T1-ponderado para delinear el tumor en la región de interés ROI. Y en la siguiente Fig.2.12, se muestra el resultado de la segmentación de la imagen, implementando el método Mamdani y la metodología difusa del cálculo de centroides.

Otro enfoque interesante es el de Agrawal et al., [3] en la utilización de técnicas de Soft Computing, hace hincapié en un verdadero código de esquema de agrupamiento difuso genético multi-objetivo, para la segmentación de imágenes de resonancia magnética multiespectrales cerebrales.

Esta nueva técnica enfatiza la selección de los centroides del conglomerado en la etapa inicial, al momento de una selección aleatoria de centroides para el algoritmo Difuso C-Medias FCM, que incluye la *información espacial* para mejorar el resultado de la segmentación. En lugar de seleccionar al azar centroides de los conglomerados (clúster), y en su optimización, es utilizado este nuevo método denominado “método de detección óptima del punto limítrofe o frontera” (Optimum Boundary Point Detection Method-OBPD).

El método consta de tres pasos: Primero, se extrae una porción de la totalidad de la imagen de resonancia magnética cerebral donde se identifiquen los tres tejidos principales (materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo). Segundo, necesitamos

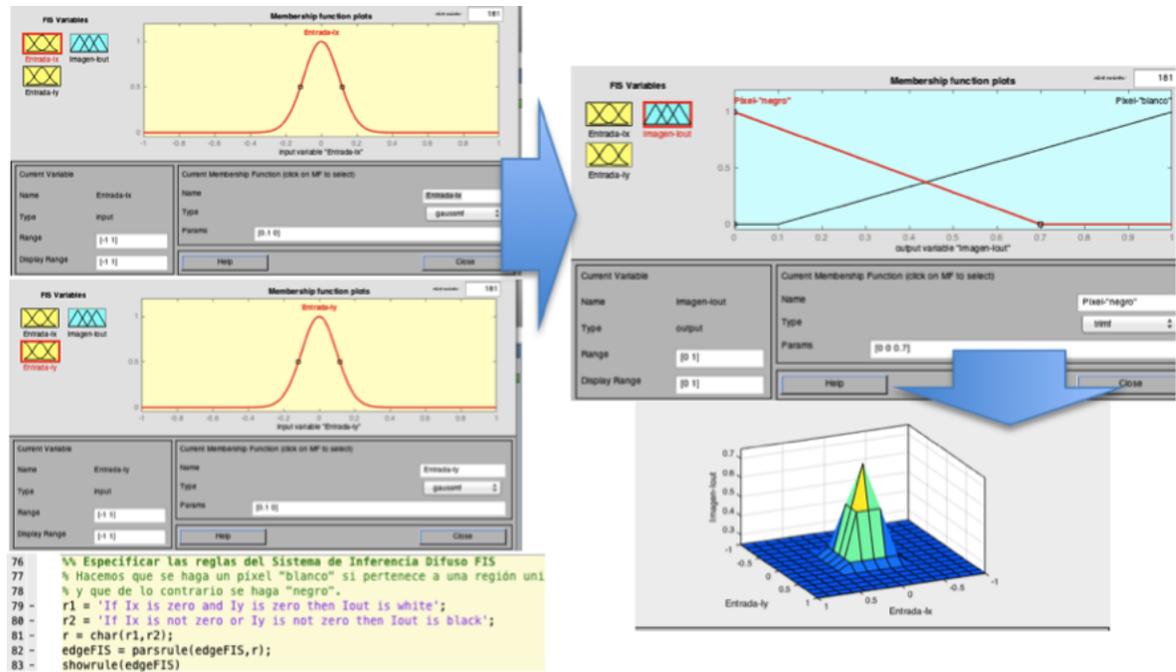


Figura 2.11: Sistema de inferencia difusa con desviación estándar  $[s_x = s_y = 0,10]$  y función de pertenencia triangular de  $[w_a = 0,1, b_c = 0,7]$

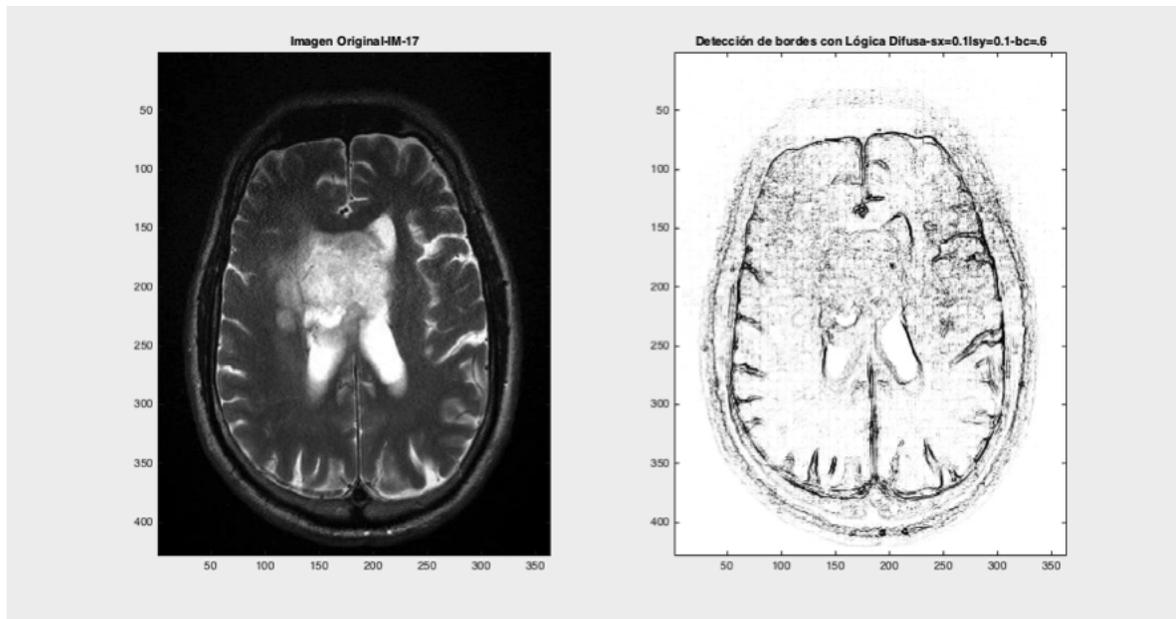


Figura 2.12: Segmentación de la imagen modificando el valor de la función de pertenencia triangular a  $[b_c = 0,6]$ , para mejorar la nitidez de los bordes que muestran el tumor.

identificar dos puntos limítrofes para dividir los píxeles del cerebro en tres regiones sobre la base de su intensidad, así se determinan el número de puntos limítrofes del conjunto de datos para dividir la región en la cantidad necesaria de clústeres o conglomerados (en este caso 3), como se muestra en la Fig.2.13.

Estos puntos limítrofes se optimizan con las técnicas de segmentación híbrida del Algoritmo Genético -y- la Optimización por búsqueda alimentaria de la Bacteria GA-BFO (Genetic Algorithm- Bacteria Foraging Optimization), junto con la técnica de agrupamiento del algoritmo difuso C-Medias FCM, y los Algoritmo genético GA-FCM, y el algoritmo de optimización basado en enjambre de partículas PSO-FCM (Particle Swarm Optimization).

La combinación de estas técnicas denominadas híbridas utiliza los valores de los píxeles encontrados para reformular la función objetivo, y así determinar que estos valores son los óptimos y que además están dentro de los límites prefijados del contorno a partir del conjunto de datos de imágenes cerebrales tomados inicialmente. Finalmente el algoritmo FCM se ejecuta solo una vez para obtener la *matriz de pertenencia*. La imagen cerebral es entonces segmentada usando esta matriz final de pertenencia como se muestra en la Fig.2.14.

Según los autores del estudio, la técnica propuesta se puede extender para averiguar el número de puntos limítrofes requeridos para el agrupamiento cuando las imágenes de la realidad sobre el terreno (Ground truth) no estén disponibles para la evaluación de la calidad de la segmentación, modificando el valor del exponente de ponderación escalar  $m$  cuyo valor siempre se utiliza igual a 2.

### 2.2.10. Métodos basados en Algoritmos FCM estándar-mejorados y con criterio de optimización multiobjetivo

La técnica de agrupamiento multiobjetivo codifica los centros de los clústeres en sus cromosomas y al mismo tiempo optimiza *la compacidad difusa global*, y *la separación difusa entre las agrupaciones*.

En la generación final, produce un conjunto de soluciones no dominadas, a partir del cual la mejor solución en términos de un índice de validez  $\mathcal{J}$  propuesto recientemente por varios autores [10, 11], es el elegido para formar la solución final del agrupamiento. La longitud del cromosoma correspondiente proporciona el número exacto de clústeres. El método propuesto se aplica en muchas simulaciones de imágenes cerebrales, ponderada

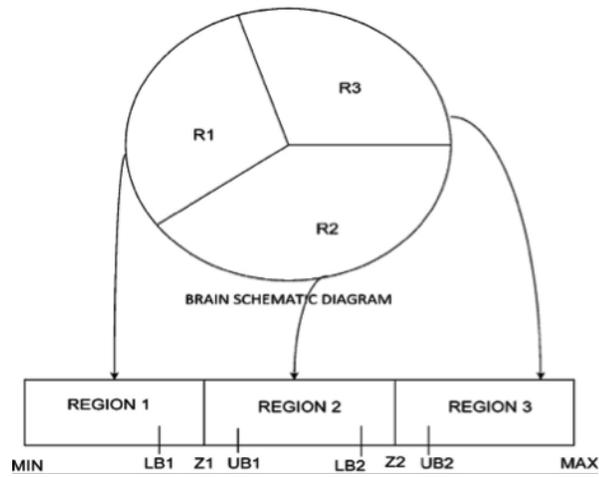


Figura 2.13: Valores de los píxeles de una única porción cerebral.  $[z_1, z_2]$ - son los puntos limítrofes,  $[L_B, U_B]$ - representan los límites inferior y Límite superior. Fuente: (Agrawal et al., 2014)

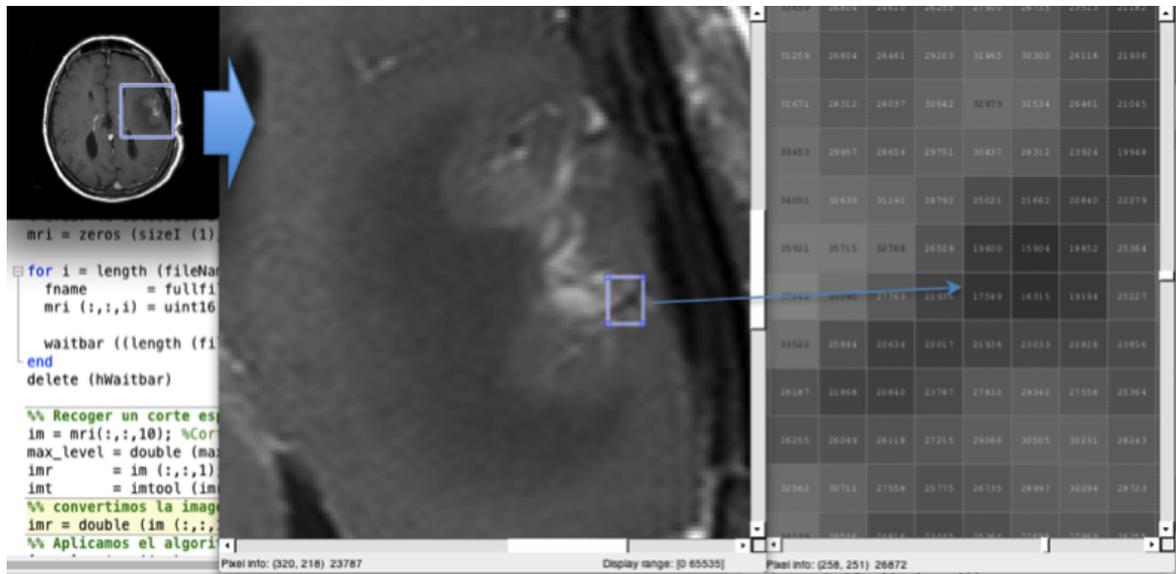


Figura 2.14: Proceso de extracción de una única porción de imagen cerebral de resonancia magnética a partir de la ROI

en T2 y densidad protónica, en T1 de ponderada normales, y en lesiones de esclerosis múltiple para imágenes de resonancia magnética.

El segundo paso es aplicar el algoritmo genético NSGA- II (Non-dominated sorting genetic algorithm-II). Este algoritmo utiliza el concepto de longitud variable de codificación del cromosoma que evoluciona de forma automática, el número de clústeres con operadores genéticos especiales.

Combinando el concepto de agrupación multiobjetivo a una longitud variable del cromosoma, con el fin de obtener una solución de agrupamiento difuso mejorado, se determina el número de clústeres automáticamente. Así las entradas del algoritmo NSGA-II son el conjunto de datos ( el corte seccional consecutivo de la imagen a estudio), constituido por: La generación máxima, el tamaño poblacional y una cota superior de los números o agrupaciones que se ajustan a un número de individuos como soluciones potenciales para inicializarse, al principio del algoritmo. Adoptaremos este enfoque de trabajo ya que propone que es posible hacer la evaluación de la segmentación cuando no se tiene acceso a los *data sets* de las imágenes reales (Ground truth) y el alcance del procedimiento mediante este enfoque multiobjetivo proporciona una forma robusta y efectiva de segmentación a imágenes de resonancia magnética. Según los trabajos de Mukhopadhyay et al., , [112] el problema del agrupamiento difuso se ha modelado como la optimización simultánea de *la compacidad difusa* de los conglomerados y *la separación* entre los clústeres difusos. En este sentido, para nuestra investigación hemos adoptado el bien conocido algoritmo NSGA-II como base inicial para verificar la mejoría que se deberá obtenerse al final de la segmentación.

Una técnica de codificación de longitud variable de cadenas se ha utilizado con el fin de cubrir el número de clústeres de forma automática. Por lo tanto el algoritmo propuesto no requiere la especificación a priori de el número de grupos presentes en un conjunto de datos. La incertidumbre en la segmentación de imágenes médicas proviene de la imprecisión en los cálculos y la vaguedad de las definiciones de clase. Teniendo en cuenta esto, la teoría de conjuntos difusos se incorpora para la determinación de los valores de pertenencia de los diferentes píxeles de diferentes clústeres. La eficacia del algoritmo propuesto se muestra a la hora de la segmentación de varias imágenes de resonancia magnética. Los resultados de esa segmentación se comparan entonces con la información de la realidad del terreno GT, disponible en línea (repositorios), junto con varios otros algoritmos de agrupamiento conocidos. Los resultados experimentales indican la superioridad del agrupamiento con ayuda del algoritmo multiobjetivo propuesto y establece la utilidad al utilizar la optimización multiobjetivo en lugar de un objetivo único como se muestra en la [Fig.2.15](#).

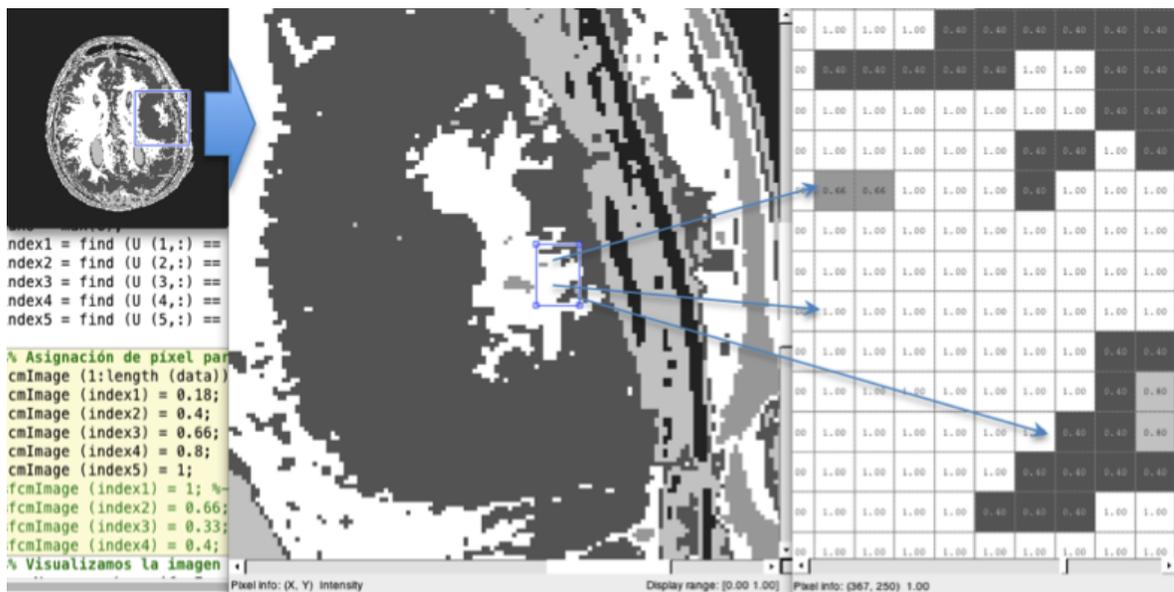


Figura 2.15: Imagen de la segmentación resultante luego de aplicar el algoritmo Genético NSGA-II

Debido a la falta de homogeneidad de ruido y la intensidad introducidas en el proceso de formación de imágenes, diferentes tejidos en diferentes lugares pueden tener similar apariencia de intensidad, mientras que el mismo tejido en diferentes lugares puede tener un aspecto diferente de intensidad. Por lo tanto, a veces el resultado de la segmentación se mejorará después de la incorporación de *la información espacial*. Esto es necesario para manejar el ruido de una mejor manera, utilizando para ello las herramientas de optimización multiobjetivo del algoritmo NSGA-II, como una técnica de optimización subyacente para el algoritmo de agrupamiento propuesto FCM mejorado.

---

## Capítulo 3

# Sistema propuesto para la segmentación de un tumor cerebral

### 3.1. Marco teórico - práctico para la identificación de tejido cerebral.

Una imagen digital puede ser descrita como una función en dos dimensiones  $f(x, y)$ , en donde  $(x, y)$  representan las coordenadas espaciales de la imagen, y cada valor  $f$  en un punto cualquiera de  $(x, y)$  representa un nivel de intensidad de gris (imágenes monocromáticas-predicado). Cuando los valores  $(x, y)$  son cantidades discretas finitas, a dicha imagen se le llama *imagen digital*. Por lo tanto una imagen puede ser representada por una matriz bidimensional, como se muestra en la ecuación de la , y cada elemento de la matriz es llamado píxel. A cada elemento o píxel ( $v_{11}$ ) de la matriz  $\mathbf{I}(x, y)$  le corresponde una posición espacial en la imagen, y a cada píxel le corresponde un valor de intensidad representativo de la información visual o emisión que se ha adquirido, como se muestra en la Fig.3.1. El *valor de intensidad*, es un valor binario, por lo tanto se requiere un determinado número de bits para representar la información, y lo mas usual es 8 bits que corresponde a un byte  $2^8 = 256[0 - 255]$  o bien, 16 bits  $2^{16} = 65536[0 - 65535]$  que corresponden a 2 bytes respectivamente; a mayor cantidad de bits, mayor resolución en la imagen, que para nuestro estudio corresponde a imagen real. Una vez adquirida la imagen se puede procesar y/o almacenar en un dispositivo de almacenamiento. En imágenes médicas, estas medidas o intensidades en la imagen pueden ser descritas como la absorción de radiación: rayos X, presión acústica en ultrasonido, o amplitud de señal de radio-frecuencia, como en las de resonancia magnética. Si se tiene una medida simple para cada posición de la imagen, entonces, ésta es una imagen escalar. Si se tiene más de

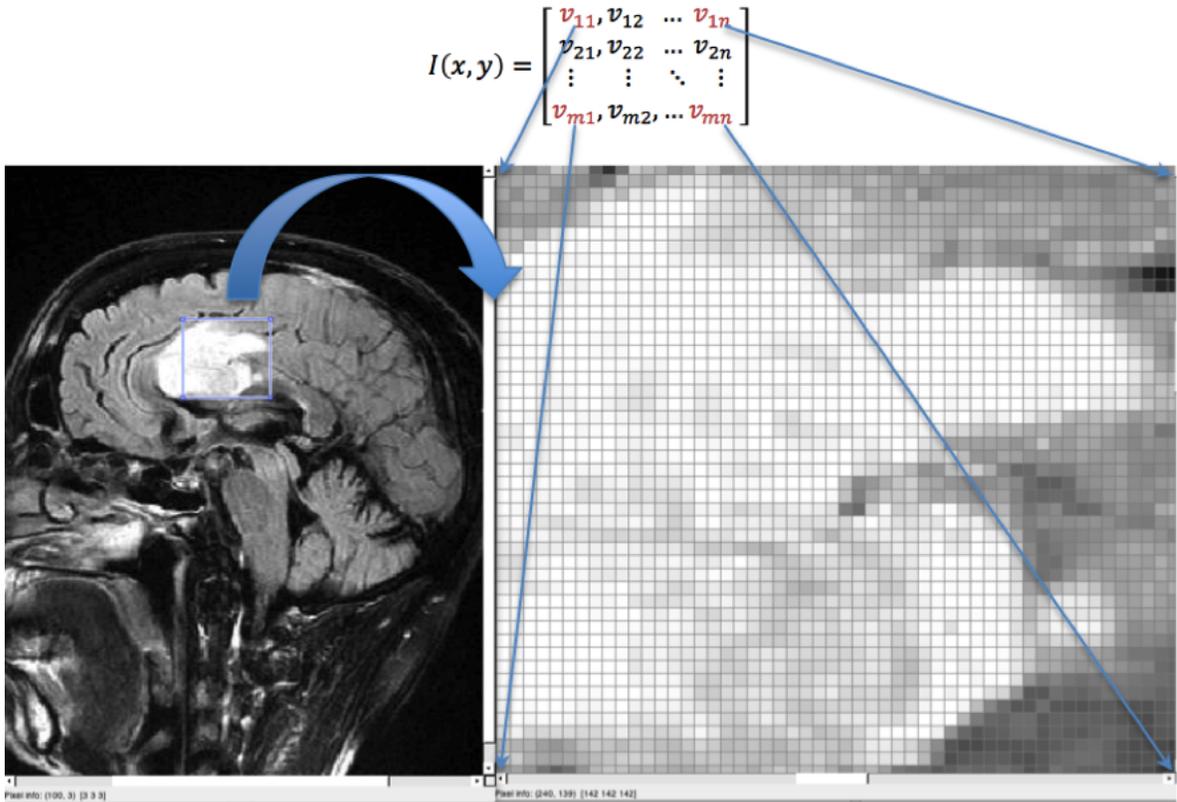


Figura 3.1: Representación matricial de un tumor en una imagen de resonancia magnética en escala de grises mostrando la región de interés ROI, enmarcada.

una medida (por ejemplo, dual-eco MRI), entonces la imagen es llamada vector o imagen multicanal. Las imágenes también pueden ser adquiridas en el dominio continuo, como película de rayos X, o en el dominio discreto como en el de la resonancia magnética [143]. Como nuestro propósito es extraer información de una imagen, entonces, tenemos que extraer las características que hay en ellas, para ello tenemos que hacer un mapeo, por ejemplo, los niveles de gris de la matriz  $I$ , representarlos en un vector unidimensional, colocando una columna, tras otra, como se muestra en la ecuación:

$$I^* = [v_{11}, v_{21}, \dots, v_{m,n}, \dots, v_{m1}]^T, \text{ donde } n = 1, 2, \dots, n \quad (3.1)$$

Para facilitar la notación, colocamos el vector anterior en función de un solo subíndice:

$$I^* = [v_1, v_2, \dots, v_k]^T, \text{ donde } k = 1, 2, \dots, n \times m \quad (3.2)$$

El vector  $I^*$  es utilizado como entrada en los algoritmos de agrupamiento particionales en el proceso de segmentación. Una vez que cada píxel ha sido etiquetado a través

de un algoritmo de agrupamiento particional, se realiza el procedimiento inverso para formar de nuevo la imagen original  $I$ , pero ahora segmentada. Para tener una idea más general sobre el tratamiento digital de imágenes se recomiendan el siguiente libro [61]. El proceso de segmentación consiste en particionar la imagen  $I(x, y)$  en varias regiones  $S_1(x, y), S_2(x, y), \dots, S_c(x, y)$  tal que cumpla con las siguientes restricciones:

$$\bigcup_{i=1}^c S_i = I \quad \text{tal que} \quad S_i \cap S_j = 0, \quad i \neq j \quad (3.3)$$

La primera condición de la ecuación nos muestra que la unión de las regiones segmentadas Sí,  $i = 1, \dots, c$  debe formar la imagen completa, mientras en la segunda condición se asume que las imágenes debe ser disjuntas, es decir, no hay ningún solapamiento entre ellas. El proceso de segmentación tiene una amplia aplicación, en área tales como: visión por robots, imágenes geográficas, reconocimiento de objetos, imágenes médicas, entre otros [15, 128]. Al eliminar la restricción de que las regiones estén conectadas, la determinación de los conjuntos o regiones  $S_i$  es llamada *clasificación del píxel* y a los conjuntos se les llama *clases*. El etiquetado será el proceso de asignar una clase significativa a cada región y puede ser llevada a cabo separadamente de la segmentación. Este proceso mapea el índice numérico del conjunto  $S_i$  a una designación anatómica. En imágenes médicas, frecuentemente las etiquetas son obvias y pueden ser determinadas mediante inspección del experto médico. El etiquetado automático por computador es deseable cuando las etiquetas no son tan obvias o el sistema realiza procesamiento automático de imágenes. Por ejemplo, una situación típica es la que se aplica a imágenes de resonancia magnética cuando se segmenta la imagen en distintas regiones y las regiones se etiquetan como regiones sanas y regiones con tejido tumoral. Los algoritmos de segmentación generalmente se basan en dos propiedades básicas de los píxeles de la imagen: *discontinuidad y similitud*. Dentro de la primera categoría se intenta dividir la imagen basándose en los cambios bruscos de intensidad de los píxeles. Las áreas de interés en esta categoría son la detección de puntos, de líneas y de bordes en la imagen. Las áreas dentro de la segunda categoría están basadas en las técnicas de umbrales, crecimiento de regiones, y técnicas de división y fusión. La clasificación de píxeles frecuentemente es un objetivo deseable en el tratamiento de imágenes médicas, particularmente cuando se necesita clasificar regiones desconectadas que pertenecen al mismo tejido. La determinación del número de clases  $k$  en la clasificación de píxeles generalmente se asume basándose en conocimientos previos de la anatomía que se está tomando en consideración (por ejemplo las clases de tejido cerebral sano y tumoral). De una manera más formal, la segmentación mediante los algoritmos de agrupamiento difu-

so es el proceso de dividir la totalidad de la imagen en su representación  $c$ -nítidas  $\{X\}$ , conectadas al máximo de subregiones  $\{X_i\}$ , de modo que cada  $\{X_i\}$  sea homogénea con respecto a algún predicado  $P$  (valor de intensidad), es decir:

$$\bigcup_{i=1}^c X_i = X \quad \text{tal que} \quad S_i \cap S_j = 0, \quad i \neq j \quad (3.4)$$

$$X_i \cap X_j = 0, \quad \forall_{ij} \quad i \neq j \quad (3.5)$$

$$X_i = 1, \dots, c \quad \text{están conectados} \quad (3.6)$$

$$p\{X_i\} = \text{Verdadero} \quad \forall_i \quad (3.7)$$

$$p(X_i \cup X_j) = \text{Falso} \quad (3.8)$$

$$\text{Si } i \neq j \text{ \& } X_i \text{ es adyacente a } X_j \quad (3.9)$$

Las condiciones en las Ecs.3.4 y 3.5 son la representación de la teoría de conjuntos de una  $c$ -partición nítida de  $X$ ; la función de pertenencia  $m_{xi} : IJ \rightarrow \{0, 1\}$  de la región  $X_i$  es:

$$m_{xi}(i, j) = \begin{cases} 1; & (i, j) \in X_i \\ 0; & (i, j) \notin X_i \end{cases} \quad i = 1, \dots, c \quad (3.10)$$

y, si los valores de las funciones de  $c$ -pertenencia en la Ec.3.10 se disponen como una matriz  $U$ , esto es un partición- $c$  nítida  $U \in M_{(hc)}$  de  $X$ .

Tenga en cuenta que a pesar de que las ubicaciones espaciales de los píxeles en la imagen no intervienen directamente en la partición en la Ec.3.9, el plano de la imagen se divide implícitamente por  $U$ , porque cada vector  $x_{ij}$  está asociado con la  $ij$ -ésima columna de la matriz  $U$  [61, 143].

En muchas situaciones no es fácil de determinar si un píxel debe pertenecer o no a una región específica. La razón se debe a que las características utilizadas para determinar la homogeneidad pueden no tener transiciones concluyentes en los límites de la región. Esto es especialmente cierto cuando las características se calculan utilizando, por ejemplo, una ventana local  $3 \times 3$  ó una ventana de  $5 \times 5$ .

Para aliviar esta situación, se puede insertar el concepto de conjuntos difusos en el



Figura 3.2: Tratamiento de imagen en una sola dimensión espectral (R-rojo),  $N = 1$

proceso de segmentación. La primera referencia a la segmentación difusa fue hecha por Prewitt [130], quien sugirió, que los resultados de la segmentación de imágenes deben ser subconjuntos difusos en lugar de subconjuntos nítidos del plano de la imagen. En una segmentación difusa, a cada píxel se le asigna un valor de pertenencia en cada una de las regiones. Si se toma en cuenta la pertenencia al calcular las propiedades de las regiones, a menudo se obtienen estimaciones más precisas de las propiedades de la región.

El resultado de una segmentación difusa de  $X$ , es una partición difusa  $U$  de  $X$  en  $c$ -subconjuntos difusos  $m_{xi} : IJ \rightarrow \{0, 1\} : i = 1, \dots, c$ , que sustituye a las funciones de  $c$ -pertenencia en la Ec.3.10. Para  $(i, j) \in P_{ij}$ ,  $M_{xi}(i, j)$  representa el grado en que  $(i, j)$  pertenece a  $m_{xi}$ . Es así como los algoritmos de agrupamiento difusos entran en escena; ya que ellos producen una matriz  $U$  que divide la imagen.

### 3.2. Tratamiento de una colección de imágenes.

Las imágenes se suelen tratar con dos dimensiones espaciales, pero en la mayoría de los casos se generaliza a las imágenes con dimensiones espaciales  $N$ , y a las dimensiones no espaciales, como el tiempo. Para las imágenes de resonancia magnética el conjunto de cuantificación de niveles de gris esta denotado por la cantidad de bits mencionados anteriormente ( $2^8 = 256$   $[0 - 255]$ ) ó 16 bits, además del factor de la dimensión espectral que es igual a 3, por los canales radiométricos de Rojo, Verde y Azul (corresponde a RGB). Como un ejemplo para la colección de imágenes que será tratada con una dimensión espectral  $N=1$  (en el dominio espacial  $\mathbb{R}^N$ ), como se muestra en la (Fig.3.2).

En nuestro estudio experimental, tenemos imágenes de resonancia magnética que se componen de  $N = 3$  dimensiones espectrales: dos tiempos de relajación (T1,T2) así como la densidad de protones (DP), en cada localización espacial 2D. Siendo  $T1_{ij}$  la

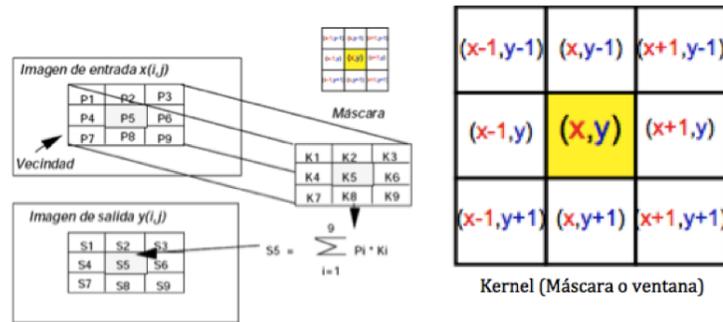


Figura 3.3: Proceso de convolución de una imagen con una máscara de  $(3 \times 3)$ . El píxel resultante  $(x,y)$  o  $S_5$  es la suma promedio de los  $(P_i \times K_i)$ .

designación de la relajación spin-reticular (longitudinal),  $T2_{ij}$  la relajación transversal, y  $r_{ij}$  la densidad protónica de píxeles  $(i, j)$  en un corte seccional consecutivo (slice) de resonancia magnética, de dimensiones totales  $(m \times n)$ . Siendo ellos tres, medidas que se pueden agregar en el vector de píxeles  $x_{ij} = (T1_{ij}, T2_{ij}, r_{ij})$  en  $\mathbb{R}^3$ ; y los vectores contruidos a modo de píxeles, que constituyen un conjunto de datos  $X$  que soporta los métodos basados en píxeles [5]. Por último, es mejor que en lugar de extraer y ordenar las nueve intensidades desde una ventana de  $3 \times 3$ , mejor es centrarlo en el píxel  $(i, j)$  en cada uno de los tres sectores. Esto resultaría en cualquiera de tres conjuntos de características en  $\mathbb{R}^9$  o en un conjunto de características en  $\mathbb{R}^{27}$  para apoyar la segmentación de  $X$  basada en la región de interés ROI.

Debido a esta metodología, es posible y a veces sea más provechoso combinar características de píxel y métodos basados en ventanas, como se muestra en la Fig.3.3. para compensar cada vector en  $X$ . Por ejemplo las coordenadas espaciales de los píxeles pueden ser utilizados ya sea como parte del vector de características, o en la extracción de las características seleccionadas para su uso. Para el tratamiento de la colección de imágenes, primero adquirimos la base de datos médica de la fuente original ó repositorio -Viewer-Dataset, que contiene colecciones de cortes seccionales consecutivos de imágenes cerebrales con tumores. Para nuestro caso en estudio, utilizaremos 4 base de datos con cortes seccionales consecutivos para 2 casos seccionales axial en el canal T1, un caso en el canal T2, y un caso de corte sagital para fluido oscuro y FLAIR (recuperación inversa de atenuación de fluido), extraídos desde OsiriX-Lite<sup>®</sup> por medio de la interface de MATLAB<sup>®</sup>, indicadas en las expresiones a continuación y mostrado en un ejemplo concreto como se aprecia en la (Fig.3.4) .

- $D_{s1}$ = t1-fl2d\_tra-10\_imadjust (29 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_I$ -20.
- $D_{s2}$ =T1-se-extrp -70\_imadjust (22 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_I$ -10.
- $D_{s3}$ =t2\_tirm\_cor-dark-fluid-fs\_imadjust (29 slices)-corresp. tumor del corte—  $S_I$ -20.
- $D_{s4}$ =MPR Range\_1 -18\_imadjust (60 slices)-correspo. al tumor del corte—  $S_I$ -25.

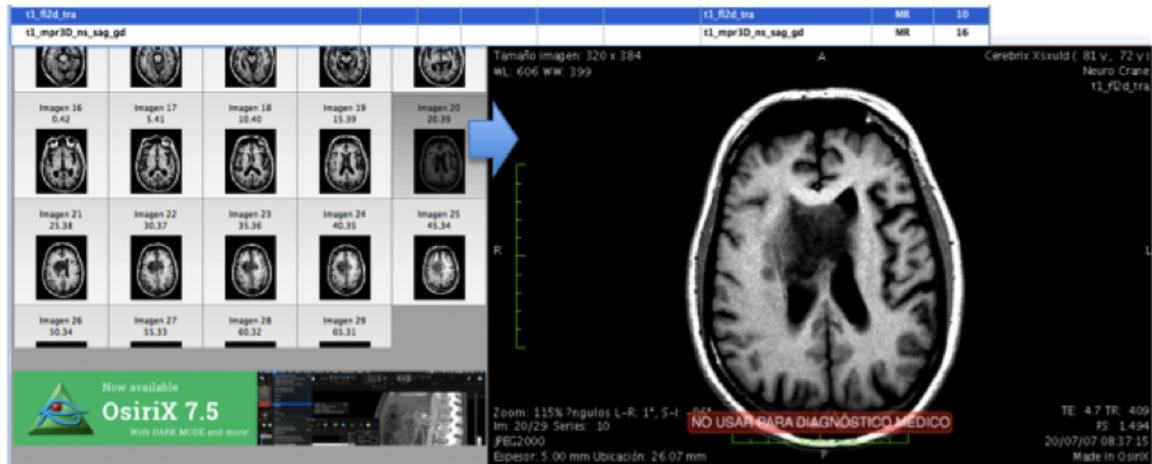


Figura 3.4: Captura de pantalla de la aplicación OsiriX-Lite visualizando la base de datos ( $D_{s1}$ ) t1-c/fluido oscuro que muestra el corte (slice)- $S_I$ -20 con el tumor

Luego realizamos un realce de contraste ó mejora de imagen capturando los cortes consecutivos con ayuda de MATLAB<sup>®</sup> como se muestra en las Figs.3.5, 3.6, 3.7.

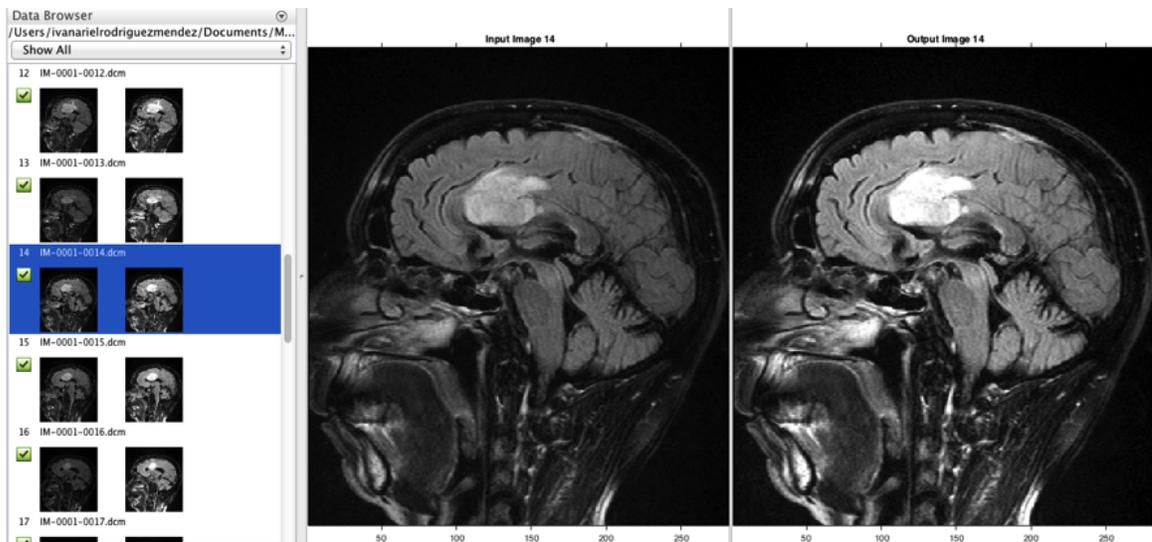


Figura 3.5: Colección de cortes sagitales seccionales consecutivos para canal T1-ponderado con fluido oscuro.

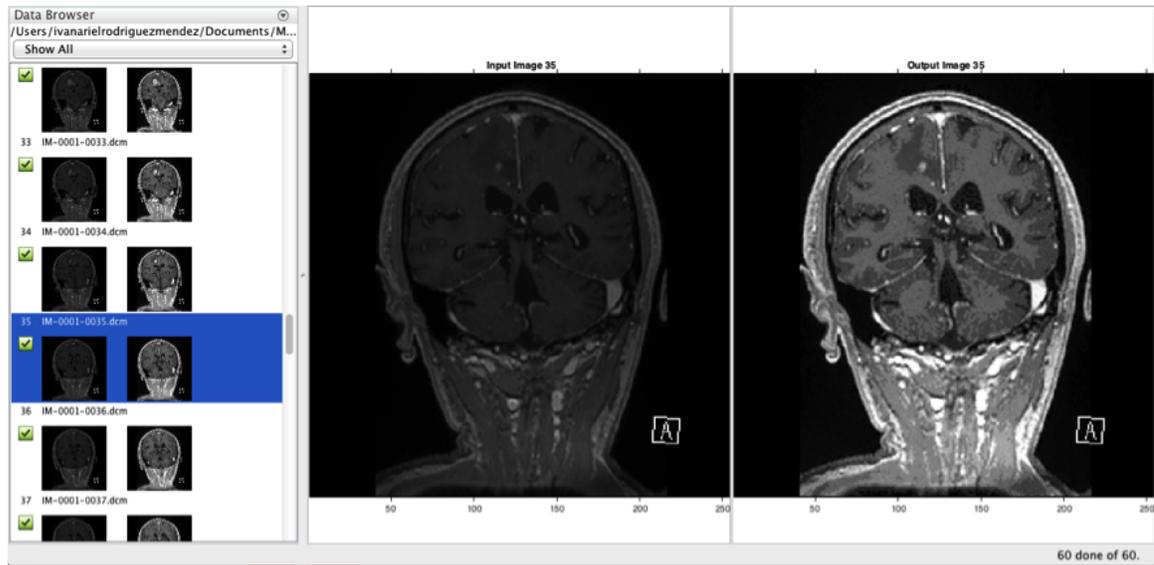


Figura 3.6: Colección de cortes coronales seccionales consecutivos para rango multi-canal.

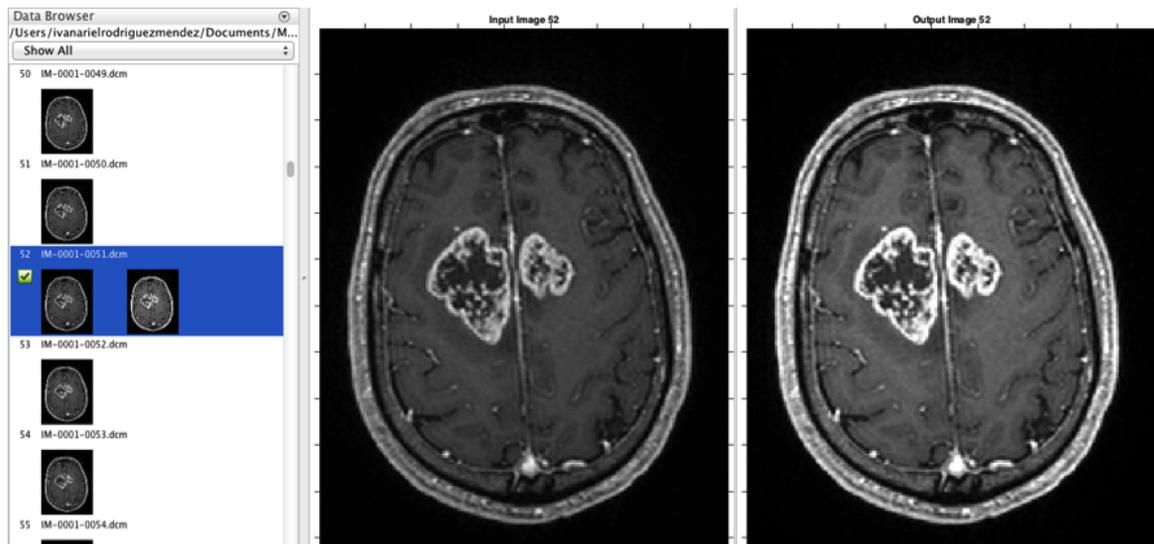


Figura 3.7: Colección de cortes axiales seccionales consecutivos T1-FLAIR.

### 3.3. Extracción de características de la metadata en la imágenes de resonancia magnética con formato DICOM.

Con el estándar relacionado a la arquitectura de documentos clínicos CDA (Clinical Document Architecture), es posible incorporar información semántica a las imágenes médicas provenientes de una base de datos médica [86, 88]. La información que se debe plasmar en el informe estructurado requiere que sea descrito de forma exhaustiva la casuística del informe radiológico. Es por esa razón que es importante la exploración de un agente complementario por parte de un especialista, y el organizar los diferentes conceptos resultantes de la interpretación de los hallazgos encontrados [101]. Para nuestro trabajo la información contenida en la colección de imágenes DICOM [118] obtenidas de la base de datos, es posible desplegarla y visualizarla con ayuda del comando *"dicominfo"* que posee MATLAB<sup>®</sup>, como se muestra en la Fig.3.8



Figura 3.8: Información de metadatos contenida en un corte seccional de una imagen de resonancia magnética de una aplicación médica (izquierda), y su visualización con ayuda de comandos de MATLAB<sup>®</sup>

### 3.4. Montaje de los cortes seccionales consecutivos a partir de la base de datos.

De las colecciones anteriores correspondientes a las imágenes de resonancia magnética que tienen cortes seccionales consecutivos de tumores se crea con MATLAB el montaje de todas las imágenes para identificar la localización exacta del tumor, en la Fig.3.9 se aprecia el montaje de 4 colecciones diferentes a partir del data set a continuación.

- $D_{s1}$ = t1-fl2d\_tra-10\_imadjust (29 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_l$ -20.
- $D_{s2}$ =T1-se-extrp -70\_imadjust (22 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_l$ -10.
- $D_{s3}$ =t2\_tirm\_cor-dark-fluid-fs\_imadjust (29 slices)-corresp. tumor del corte—  $S_l$ -20.
- $D_{s4}$ =MPR Range\_1 -18\_imadjust (60 slices)-correspo. al tumor del corte—  $S_l$ -25.

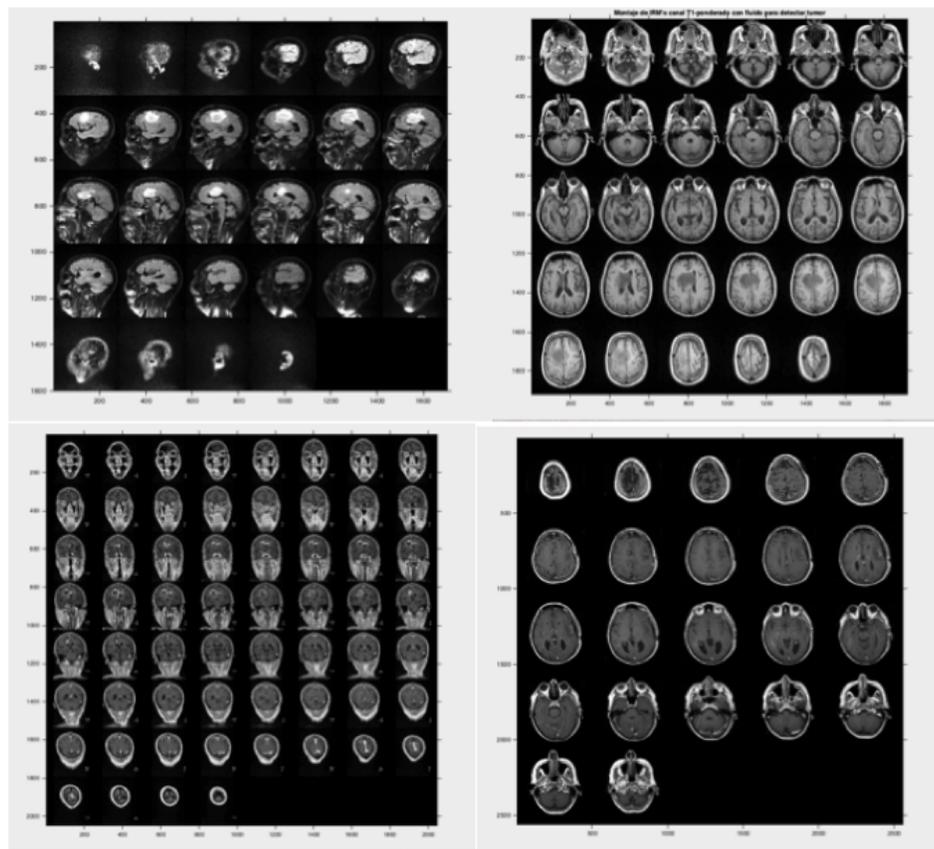


Figura 3.9: Ejemplo de 4 montajes de colección de cortes consecutivos seccionales de 4 bases de datos diferentes descrita arriba, y hecha con MATLAB.

### 3.5. Segmentación de un corte seccional consecutivo con tumor utilizando el algoritmo FCM-modificado.

Se elige el corte seccional consecutivo (slice) que tiene un tumor y se prepara la imagen para visualizarla en la dimensión espectral 1, o sea el rojo (Red), dimensionando la matriz en columnas y filas para ser convolucionada con una máscara (kernel) de  $3 \times 3$  que servirá como filtro. Estos son los datos de entrada del algoritmo de particionamiento estándar FCM; iterando una primera vez para el cálculo de los centroides. Cabe mencionar que la cantidad de conglomerados o clústeres elegidos cumplen el dominio del conocimiento patológico correspondiente a los tejidos que queremos encontrar (materia blanca, materia gris, líquido cefalorraquídeo, edema, necrosis y el fondo). El procedimiento de la elección automática de los centroides se explicará en el capítulo posterior. Así que como parte de las modificaciones y mejoras al algoritmo estándar, podemos asignar externamente índices numéricos en vez de colores para identificar a nivel de píxeles los tejidos normales y los atípicos, junto con el solapamiento de los tejidos normales y anormales; a la vez que podemos identificar la región de interés -ROI, como se muestran en las figuras Fig.3.10 y Fig.3.11.

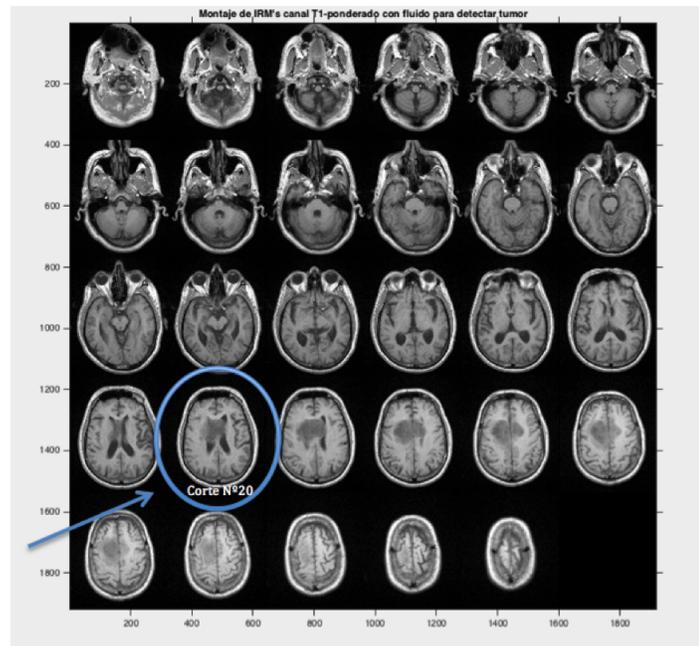


Figura 3.10: Identificación de corte para análisis tumoral y preparación para la segmentación.

Ejecutamos el algoritmo de agrupamiento difuso estándar FCM-(Fuzzy C-means)



Figura 3.11: Visualización del corte seccional consecutivo junto con la región de interés -ROI, y la representación a nivel de píxeles del espacio de características.

con los datos de entrada de la imagen correspondiente al corte seccional  $N^{\circ}20$  (iterándolo una sola vez). En este apartado se introduce el criterio de los trabajos Bensaid et al., [10], que mejora el rendimiento del agrupamiento realizado por el algoritmo FCM estándar basado en un *índice de validación*.

La característica principal de la mejora se produce iterando la partición de un cúmulo mediante las operaciones de *compactación* y *separación* (dividir y fusionar), a dichos cúmulos de las agrupaciones. Esta modificación produce una mejor validación de la partición, y éstas son conservadas. La precisión de la evaluación cuantitativa de las segmentaciones resultantes en las imágenes de resonancia magnética que hagan la diferenciación del tejido sano del tumoral esta definido por el valor de las coordenadas del píxel. El orden asignado a los índices correspondientes a cada píxel han sido implementados inicialmente de forma manual para ser ejecutados en automático, algorítmicamente al final; además es necesario un proceso iterativo mediante el cual el conjunto de entrenamiento sea seleccionado repetidamente para optimizar la calidad de la segmentación, y se deben cumplir los siguientes criterios:

- Que a los valores iniciales de las coordenadas del píxel basados en niveles de gris de la imagen original (de 0 a 65535), deben reasignársele valores de 0 hasta 1 [0,1] en un canal radiométrico.
- Cada vector del píxel (ntido) debe ser asignado al clúster donde tenga el grado de mayor pertenencia.
- El planteamiento inicial consiste en hacer la asignación automática de los valores en los índices de manera ordinal para poder validar los mejores agrupamientos candidatos.

Adoptamos el planteamiento de Bensaid et al., [10], [161] y [168, 169], de un índice que tiene en cuenta tanto las propiedades de la pertenencia difusa como la estructura de los datos; Tomando como base la compactación y la separación difusa de los clústeres. A diferencia de la medida de Xie, Beni, que imponen diferentes números de clústeres en los datos, nuestro índice está diseñado para evaluar los méritos relativos a las diferentes particiones que dividen un conjunto de datos en el mismo número de clústeres. Además, dado que usaremos esta nueva medida en combinación con el algoritmo de agrupamiento FCM para generar mejores particiones, dicha medida se construye específicamente para abordar algunos de los escollos conocidos de la función objetivo del algoritmo FCM ( $J_m$ ). Sin embargo, en este trabajo, se propone una nueva estrategia para la segmentación intracraneal de imágenes cerebrales por resonancia magnética utilizando la técnica **de agrupamiento híbrido** con el algoritmo de agrupamiento difuso FCM estándar inicial. En lugar de seleccionar aleatoriamente el centroide de los clústeres y optimizarlos, hemos utilizado el método del **Algoritmo Genético** para su cálculo automático. Con la hibridación del algoritmo FCM y los algoritmos genéticos se mejora el potencial de codificación de los operadores para resolver el criterio multiobjetivo. Así se logra una maximización de la identificación de patrones característicos que definen tejidos (sanos y tumorales), diferenciándolos incluso si se superponen. En este apartado solo se desarrollará la metodología correspondiente a las mejoras implementadas del algoritmo de agrupamiento FCM estándar, dejando el desarrollo de la metodología utilizada para el algoritmo Genético en posteriores capítulos.

### 3.5.1. Metodología propuesta para la segmentación aplicando una modificación al algoritmo FCM estándar.

El agrupamiento difuso permite que los objetos pertenezcan a más de un clúster. Es una técnica de búsqueda óptima local. Sea  $X = x_{ij}$ ,  $i = 1, 2, \dots, N_r$ ,  $j = 1, 2, \dots, N_c$  denota una imagen digital en una matriz bidimensional de píxeles con  $N_r$  filas,  $N_c$  columnas y  $x_{ij}$  el valor del píxel (i, j). Cada píxel situado en el espacio de características ha sido representado por un vector de característica  $X = x_i$  donde  $X \subset \mathbb{R}^3$ . Una imagen completa comprende 320 x 284 pxeles (para la imagen real). En este estudio, sólo estamos interesados en la capacidad de los algoritmos para reconocer correctamente y separar los tejidos que se encuentran dentro del cerebro, en consecuencia en un paso de pre-segmentación, enmascaramos los píxeles que forman la región extra-craneal. Las imágenes resultantes contienen aproximadamente  $n = 65535$  pxeles en promedio. La región intracraneal se compone de tres tejidos anatómicos de interés (líquido ce-

falorraquídeo, materia blanca y materia gris). Además, para las imágenes que hemos procesado, la región intracraneal admite tres tejidos patológicos más (Edema, necrosis y fondo), por lo que dependiendo del número de tejidos patológicos la cantidad de cúmulos varía de  $c = 4$  a  $c = 6$ , presentes en la imagen que está siendo segmentada. FCM se ejecuta utilizando la norma Euclidiana, ponderando el exponente  $m = 2$  (produce los mejores resultados) [166]. Se parte de una codificación local inicial para construir la matriz de pertenencia  $U$ , como sigue:

$$U^0 = \begin{bmatrix} 1100 & \dots & 0011 & \dots \\ 0011 & \dots & 0000 & \dots \\ \vdots & & \vdots & \\ 0000 & \dots & 1100 & \dots \end{bmatrix}$$

La información convincente del clúster, se obtiene al iniciar aplicando un algoritmo de agrupamiento difuso FCM, donde  $A = FCM$ . Luego  $A' = FCM$  ese mismo algoritmo, también se utiliza para llevar a cabo la partición que se generó desde el centro del clúster. La derivación de la medida de validez es la siguiente: Definimos la función de desviación del patrón  $x_k$  a partir del clúster  $i$  como:

$$d_{ik} = (u_{ik})^{\frac{m}{2}} \|x_k - v_i\|_A \quad (3.11)$$

Donde  $m \in [1, \infty)$ ; y el valor encontrado de  $m$  determina lo difuso de la desviación  $d_{ik}$ ,  $\|x_k - v_i\|_A$  es una norma del producto interno inducido por la matriz  $A$  (es decir,  $\|x\|_A^2 = (x^T A x)$ ). Entonces, la Ec.3.11 es una generalización de la desviación difusa definida por Xie et al., con una constante  $m=2$  y la matriz  $A=I$ , será igual a la matriz de identidad; por tal razón en la Ec.3.11,  $A$  puede ser una matriz cualquiera de dimensiones  $p \times p$  finita positiva.

Donde la **varianza** del clúster difuso  $i$  es definido como:

$$\sigma_i = \sum_{k=1}^n d_{ik}^2 \quad (3.12)$$

La **cardinalidad** difusa del clúster  $i$  se define como:

$$n_i = \sum_{k=1}^n u_{ik} \quad (3.13)$$

Y la **compactación** del clster difuso  $c_i$  se calcula como:

$$\pi_i = \frac{\sigma_i}{n_i} \quad (3.14)$$

Luego entonces, definimos la **separación**  $s_i$  de un clúster difuso  $i$  como la suma de las distancias a partir del mismo clúster.

$$s_i = \sum_{t=1}^c \|v_i - v_t\|_A^2 \quad (3.15)$$

Finalmente el índice de validación de un clúster difuso  $i$ , que es una relación de  $(\frac{\pi_i}{s_i})$  de su compactación con su separación, produce el índice de partición denominado “Suma de la medida de validez individual del clúster”- $SC$ , que se obtiene sumando esta relación sobre todos los grupos, como sigue:

$$SC = \sum_{i=1}^c \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m \|x_k - v_i\|_A^2}{n_i \sum_{t=1}^c \|v_i - v_t\|_A^2} \quad (3.16)$$

Esta normalización tiene como objetivo hacer la función  $SC$  insensible a los tamaños del clúster; esta es una propiedad deseable que al mismo tiempo no es compartida por la función objetivo  $Jm$ , [11, 69, 104]. Y dado que la función objetivo ( $Jm$ ) y la función de validez ( $SC$ ) deben utilizarse conjuntamente para conducir a mejores soluciones de agrupamiento, el objetivo principal radica en diseñar una medida de validez que complemente la función objetivo abordando algunos de sus problemas conocidos, que pueden ser variados (multiobjetivos).

Las normalizaciones o estandarizaciones también se han utilizado en el contexto de otros índices de validez, por ejemplo, para la entropía de partición como en [67, 169], y para el coeficiente de partición como en [131].

Este nuevo criterio adoptado, es aplicable para las segmentaciones de un corte seccional consecutivo real (slice N°20), y es plasmado en un esquema prototipo como parte de nuestra propuesta de investigación que se muestra en la Fig.3.12.

Cabe mencionar también que en este trabajo de investigación, tenemos en cuenta como base introductoria para la adopción del nuevo criterio de orientación híbrida, una estructura algorítmica No-Euclídea, subyacente en los algoritmos genéticos difusos; los siguientes atributos a mejorar del agrupamiento difuso del algoritmo FCM estándar, serían:

- Al inicio del algoritmo FCM estándar se debe fijar una partición inicial del espacio de característica considerado. De esta forma, el resultado final de este algoritmo

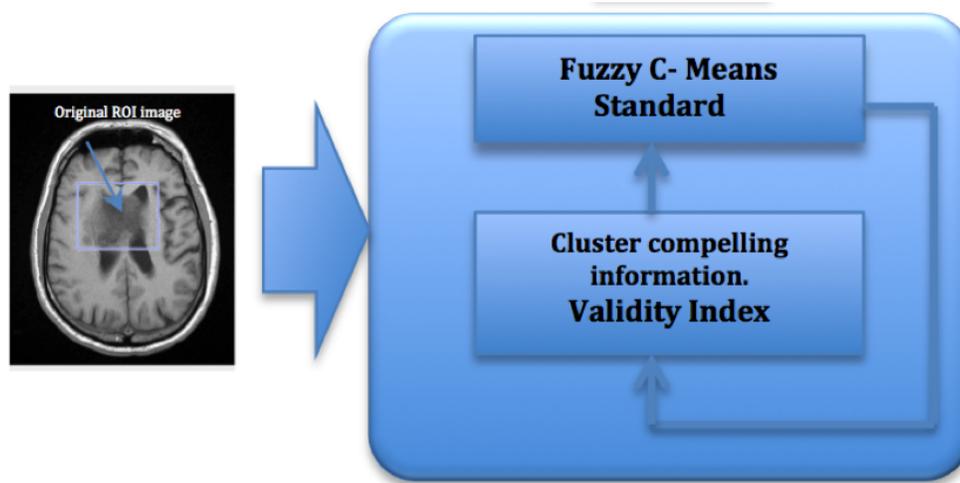


Figura 3.12: Esquema propuesto de segmentación, usando el Algoritmo de agrupamiento difuso FCM- Estándar con optimización del índice de validez, con una información convincente del clúster.

iterativo puede depender de la partición que se escogió.

- Se debe fijar el número inicial de conjuntos, teniendo en cuenta que son desconocidos en muchos de los problemas de agrupamiento.
- La definición de distancia que utiliza el algoritmo FCM estándar es Euclídea; por lo que este algoritmo tiende a detectar conjuntos hiperesféricos.

Adoptamos entonces, este nuevo criterio de orientación a las modificaciones que debemos realizar al algoritmo FCM estándar, basándonos en trabajos de investigadores previos que han dado buenos resultados como los de (Yuan, Egan, Limam, Hruschka, Mukhopadhyay, Y castillo et al.,) [27, 52, 85, 104, 112, 167], entre otros; para orientarlo hacia un algoritmo de agrupamiento difuso evolutivo mejorando los siguientes atributos:

- Utilizamos los centroides de cada conjunto como definición del individuo para la solución de agrupamientos reales (corte seccional N°20, en la imagen original).
- Para resolver el problema de la forma de los conjuntos se introduce en cada individuo un vector que represente a una matriz (diagonal normalizada), que sirva para detectar agrupaciones hiperelípticas en vez de hiperesféricas.

Este nuevo criterio adoptado, se hace aplicable para las segmentaciones al mismo corte seccional consecutivo real (slice N°20), y es plasmado en un esquema final que se muestra en la [Fig. 3.13](#).

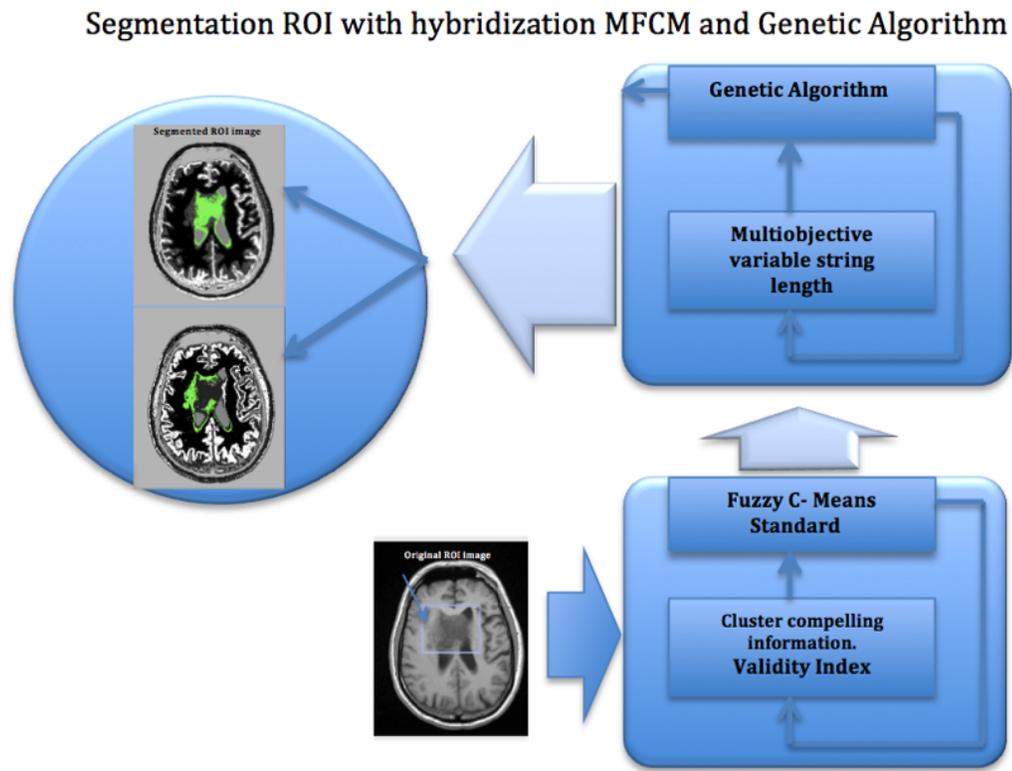


Figura 3.13: Esquema de segmentación resultante de la hibridación del Algoritmo de agrupamiento difuso FCM-Estándar modificado con el Algoritmo Genético de agrupamiento difuso.

Al obtener la imagen resultante segmentada, observamos que la representación de los tejidos tumorales se solapan con partes normales de los ventrículos cerebrales (del corte N°20); por esa razón generamos iterativamente índices externos con la estructura del algoritmo genético de manera que identifiquen a los tejidos tumorales y los represente por separado para mejor visual de la patológica como se muestra en las Fig.3.14 y la Fig.3.15.

Además hacemos un análisis a nivel pixelar para tratar de identificar el volumen del tumor, representando el tejido tumoral con una única intensidad, es decir, asignándole un valor de 1 a los que tienen una mayor pertenencia y son visualizados con una alta intensidad (blanco), en ambos casos ( 1ªlocalización y 2ªlocalización ); de esa manera, la región de interés ROI mostrará la dispersión homogénea del tejido tumoral como se muestra en las Fig.3.16 y la Fig.3.17.

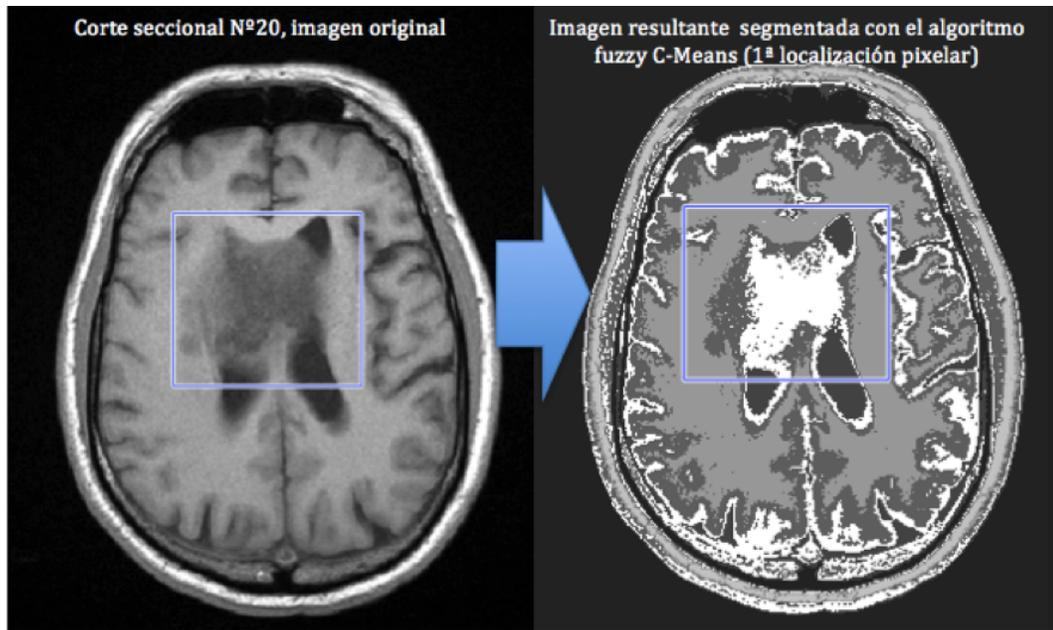


Figura 3.14: Segmentación resultante con el Algoritmo de agrupamiento difuso de medias de clústeres modificado - FCM, y el Algoritmo Genético de agrupamiento difuso-para el primer mapeo.

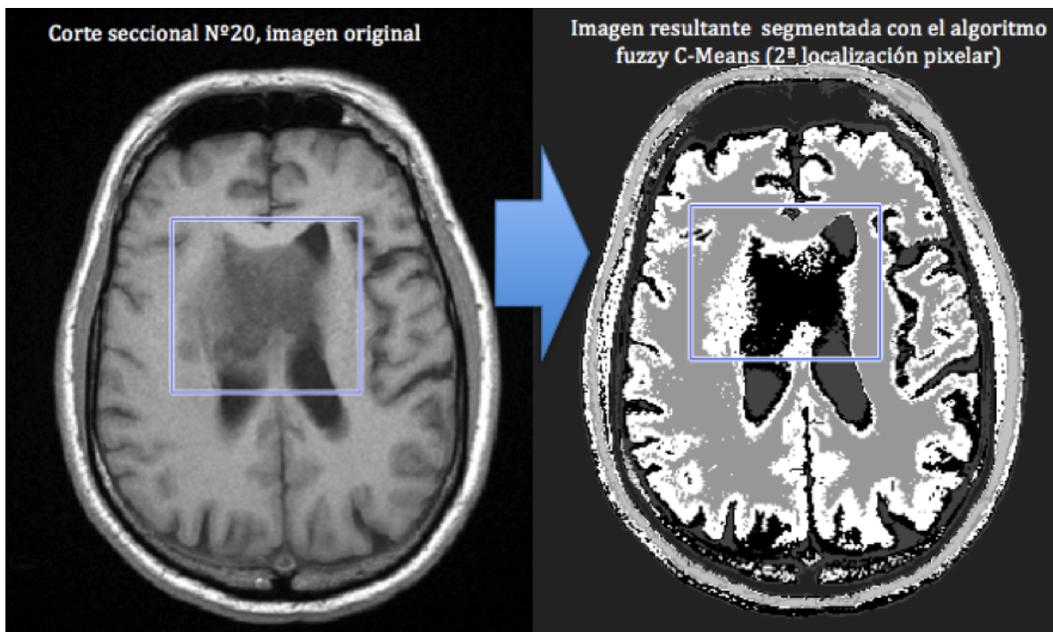


Figura 3.15: Segmentación resultante con el Algoritmo de agrupamiento difuso de medias de clústeres modificado FCM y el algoritmo Genético de agrupamiento difuso- para segundo mapeo.

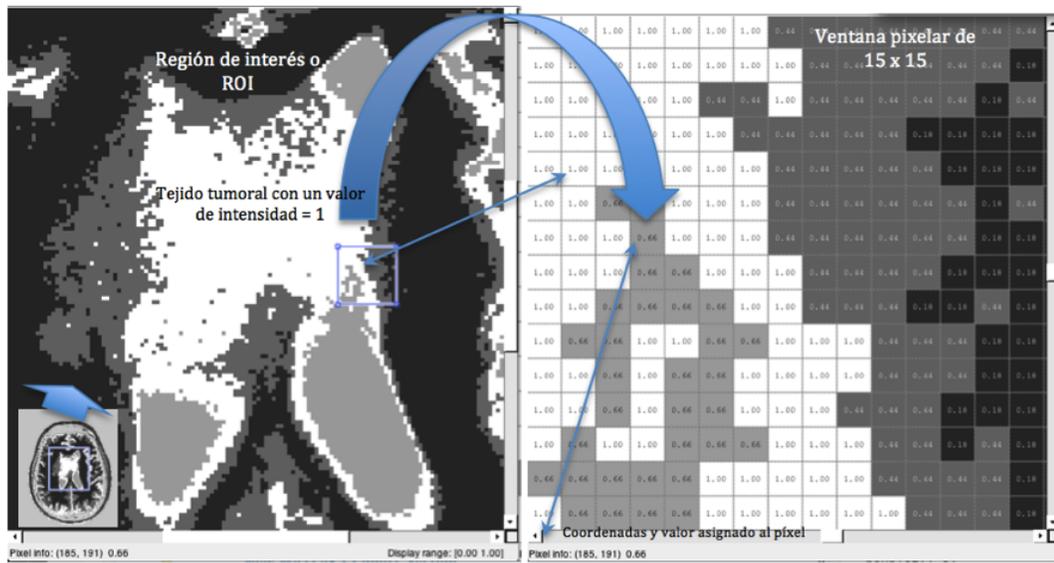


Figura 3.16: Análisis a nivel de píxeles de la imagen con la ROI segmentada por el algoritmo FCM modificado, y el algoritmo Genético de agrupamiento difuso-primer mapeo de localización de tejido tumoral

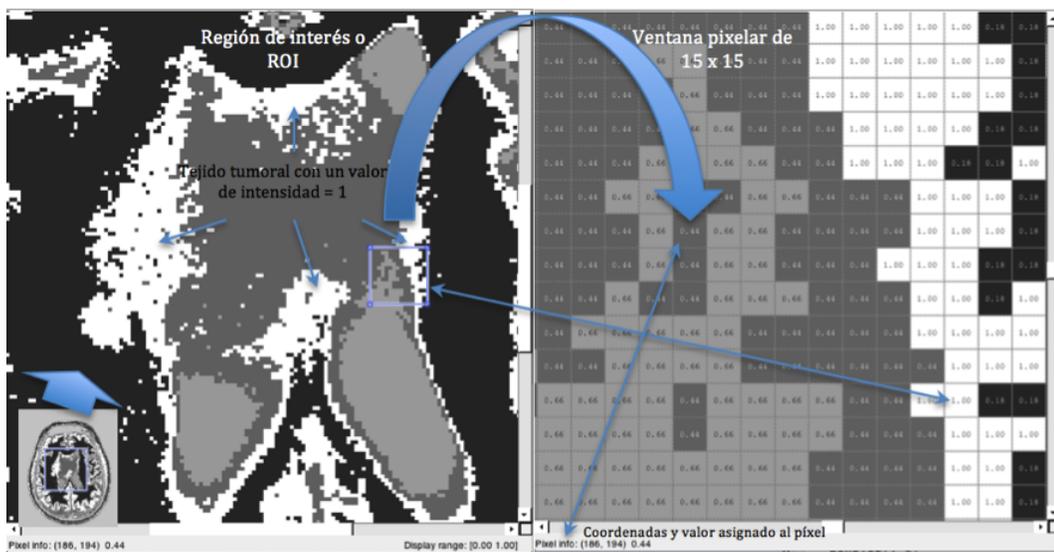


Figura 3.17: Análisis a nivel de píxeles de la imagen con la ROI segmentada por el algoritmo FCM modificado, y el algoritmo Genético de agrupamiento difuso-segundo mapeo de localización de tejido tumoral

### 3.5.2. Ajuste de nivel de intensidad y extracción de contornos activos de la ROI.

En esta etapa utilizamos dos tipos de segmentación: La segmentación por umbralación de la imagen luego del proceso aplicado por el algoritmo FCM, y la segmentación por contornos activos.

*Segmentación por umbralación:* El proceso de umbralación de la imagen basado en la intensidad se utiliza para extraer los objetos de fondo. La imagen resultante tiene la ventaja de que su espacio de almacenamiento y la velocidad de procesamiento es más rápida debido a la cantidad de información que contienen los píxeles. La imagen de salida muestra un fondo oscuro (bajo nivel de intensidad), y la zona del tejido tumoral con un alto nivel de intensidad (en blanco).

*Ajuste de nivel del contorno activo:* La idea es comenzar con formas de contornos iniciales representados en formas de curvas cerradas o sea los contornos, y se modifican de forma iterativa mediante la aplicación de las operaciones de contracción/expansión, de acuerdo a las restricciones de cada paso. La ventaja de usar este método es que particiona la imagen en subregiones con límites continuos. Mientras que los detectores de bordes se basan solo en el umbral o el filtrado local, y a menudo resulta en límites discontinuos.

La segmentación de la imagen obtenida por el proceso de agrupamiento difuso con el algoritmo FCM (modificado), se introduce como argumento de entrada para ser binarizado con la técnica de umbral inverso enmascarando la imagen de entrada para obtener las subregiones con límites continuos necesarias para el filtrado posterior. El ruido de la imagen es eliminado por medio del proceso de filtrado de zona, eliminando las subregiones pequeñas y las que están lejos del conglomerado que forman el tumor. Los contornos de ajuste de nivel establecidos para el área del tumor se aplicarán al sector binarizado correspondiente; lo que dará como resultado una imagen libre de ruido y con el contorno del área final del tumor. Todos los procesos serán descritos gráficamente desde la [Fig.3.18](#) hasta la [Fig.3.23](#).

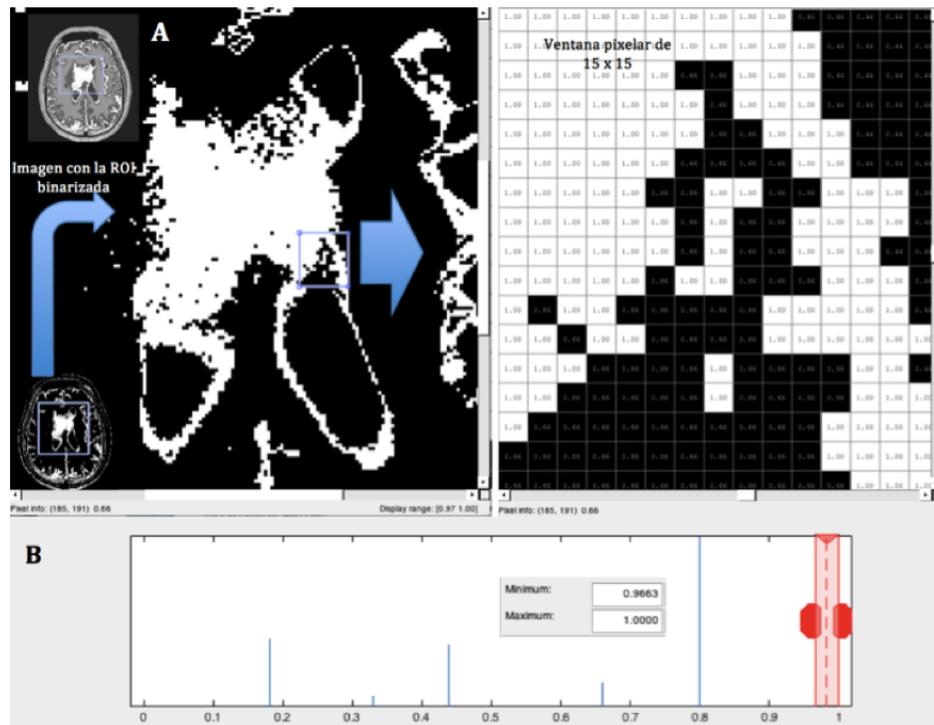


Figura 3.18: Proceso de umbralación de la imagen segmentada previamente con el algoritmo FCM (modificado) y el algoritmo genético, visualizando la ROI que contiene el tejido tumoral en estudio para la primera localización tumoral(A). Histograma de la equalización hecha a la imagen (B).

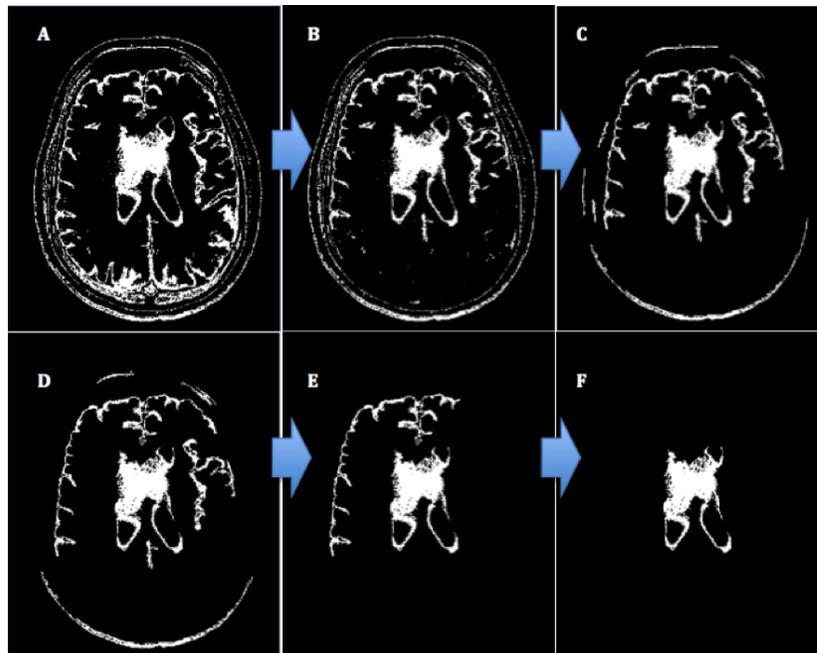


Figura 3.19: Proceso de ajuste de nivel de contorno activo aplicados para el área 1ª localización tumoral, eliminando el ruido y las subregiones que están lejos de la región de interés ROI. En el proceso también se eliminan áreas craneales correspondientes a hueso tejido duro mediante la técnica de Shrink/expantion.

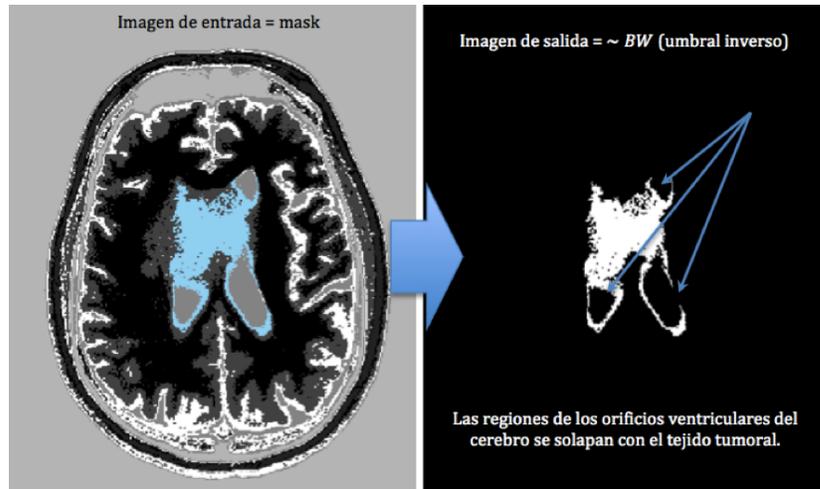


Figura 3.20: Imágenes resultantes del estudio de ajuste de nivel de contorno activo de la ROI para la primera localización tumoral.

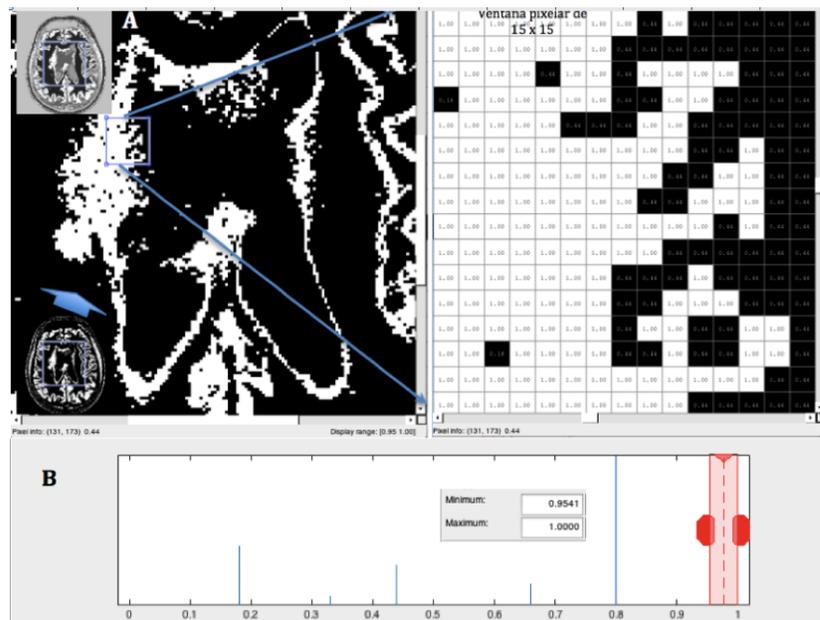


Figura 3.21: Proceso de umbralación de la imagen segmentada previamente con el algoritmo FCM (modificado), y el algoritmo Genético, visualizando la ROI que contiene el tejido tumoral en estudio para la segunda localización tumoral(A). Histograma de la equalización hecha a la imagen (B).

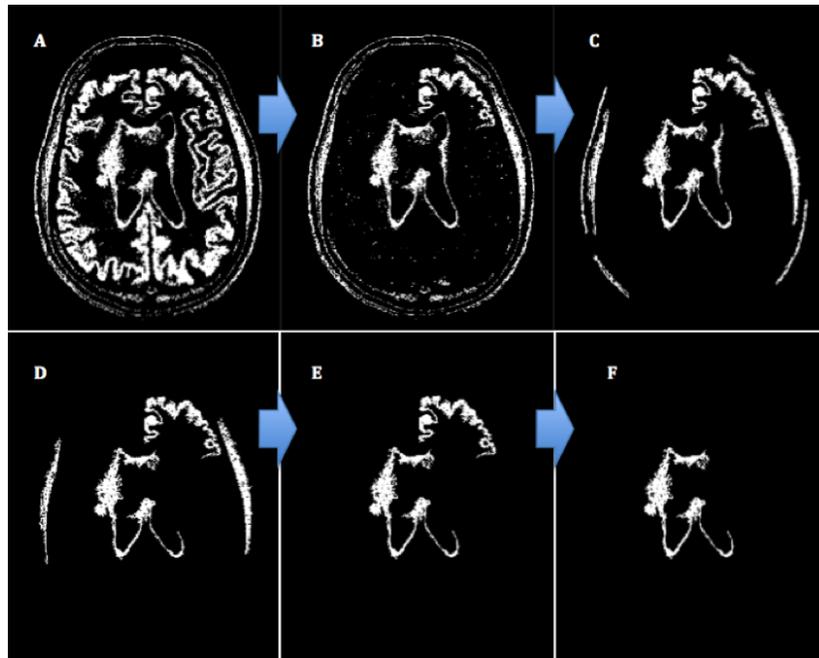


Figura 3.22: Proceso de ajuste de nivel de contorno activo aplicados para el área de 2ª localización tumoral.

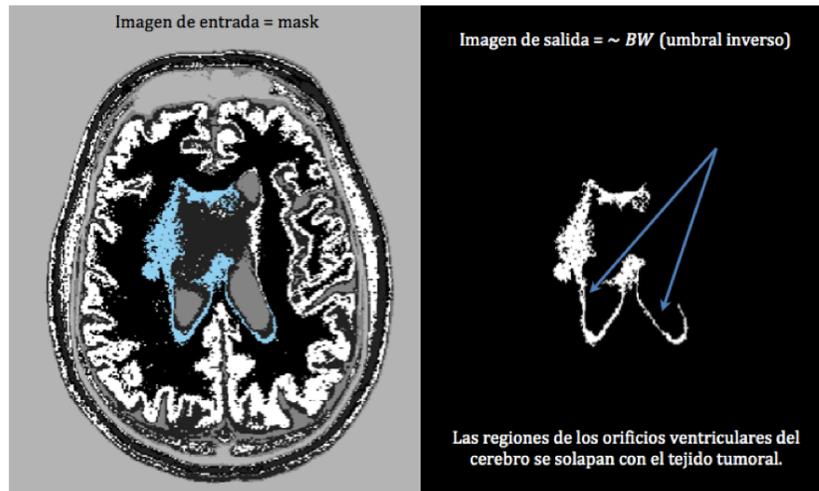


Figura 3.23: Imágenes resultantes del estudio de ajuste de nivel de contorno activo de la ROI para la segunda localización tumoral.

### 3.5.3. Propuesta de un esquema de procesamiento de la imagen médica para discriminación e identificación de tejido tumoral y la extracción de características.

Una vez caracterizada la patología del tejido tumoral y segmentadas las áreas hiperintensas (niveles altos de intensidad) en la imagen, el siguiente objetivo será reconocer cuáles de ellas son realmente tejido normal de los identificados como tumor. Para realizar este reconocimiento primero es necesario contar con información relevante de las áreas que permitan determinar la correspondencia a uno u otro grupo. Para obtener estos parámetros significativos que describen al tejido tumoral, en este trabajo se plantea el cálculo de descriptores para desarrollar luego una minería de datos eficiente. Para lograr este objetivo es necesario llevar a cabo un procesamiento completo y detallado sobre las imágenes médicas.

Por esa razón hacemos una propuesta de un esquema médico mostrado en la [Fig.3.24](#), el procesamiento implica la manipulación de las imágenes vistas como señales digitales, para extraer la información más elemental subyacente. El análisis se encamina a determinar las características de las estructuras elementales tales como bordes o regiones, así como las relaciones entre ellas y permitir de esta manera su posterior reconocimiento e interpretación.

El procesamiento de la información implícita en la imagen se sustrajo desde varias perspectivas, primero haciendo un pre-procesamiento como se visualiza en la primera fase del esquema, y se muestra en la [Fig.3.25](#). Las características de la misma no sólo se adjudicaron a elementos reconocibles como ubicación e intensidad, sino que se evaluaron parámetros estadísticos, morfológicos, y frecuenciales, etc., como se puede observar en la [Fig.3.26](#)

En las siguientes secciones se describen ciertos procedimientos y conceptos del procesamiento de imágenes que deben comprenderse para luego entender la razón de los parámetros obtenidos de la imagen.

Luego de la segmentación, las regiones necesitan ser descriptas e interpretadas. Las características que representan a una región son utilizadas como descriptores de la misma y de acuerdo al problema se busca que sean insensibles a variaciones en tamaño, rotación y traslación. Algunos de los descriptores más comúnmente reconocidos se utilizarán en este trabajo.

El esquema de la figura anterior describe las tres primeras fases que se definieron en las secciones anteriores, ahora pasaremos a explicar la fase cuarta que implica tener descriptores de la imagen para su tratamiento, lo que pasamos a explicar a continuación.

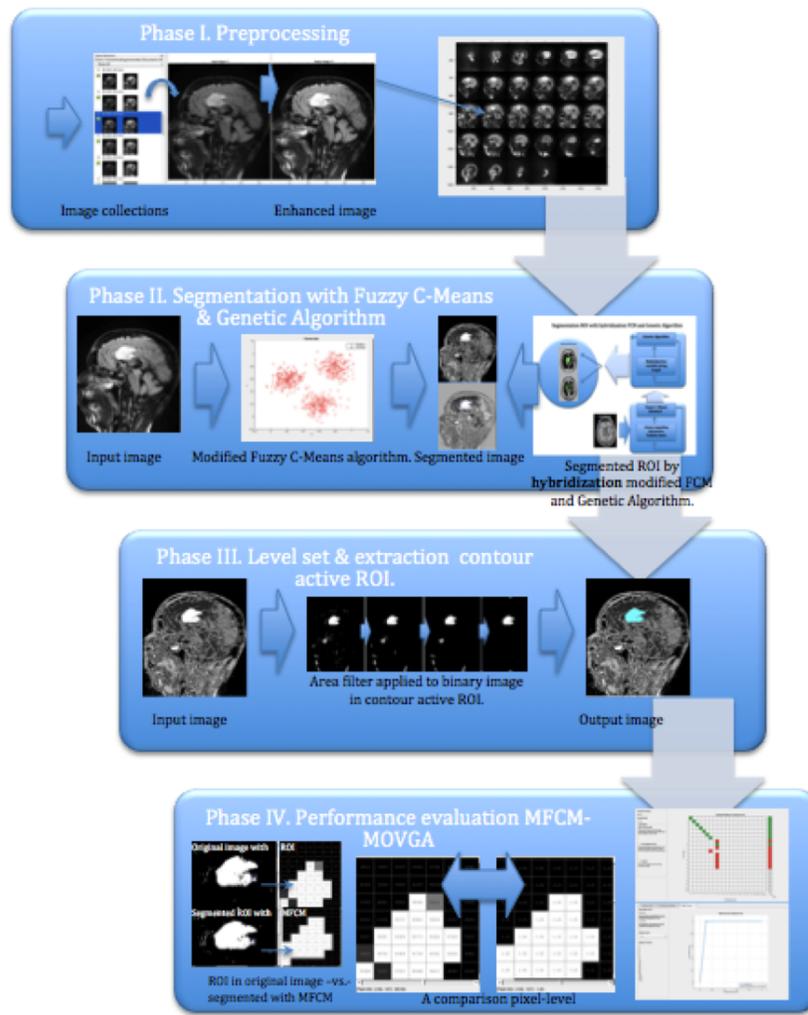


Figura 3.24: Esquema propuesto para la segmentación de imágenes de resonancia magnética con tejido tumoral y la extracción de características para su descripción.

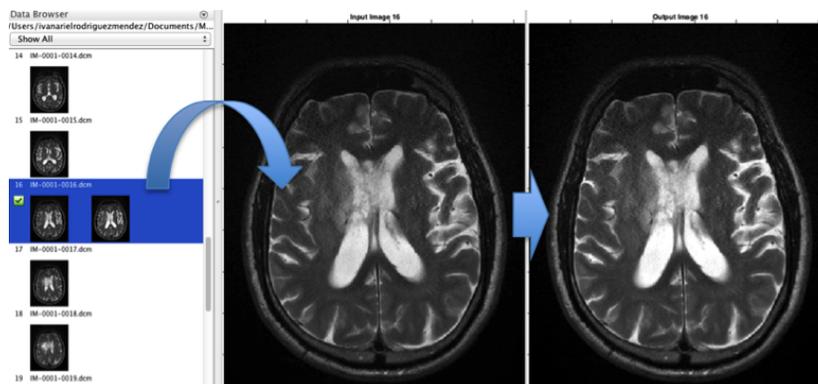


Figura 3.25: Imagen pre-procesada en la primera fase del esquema.

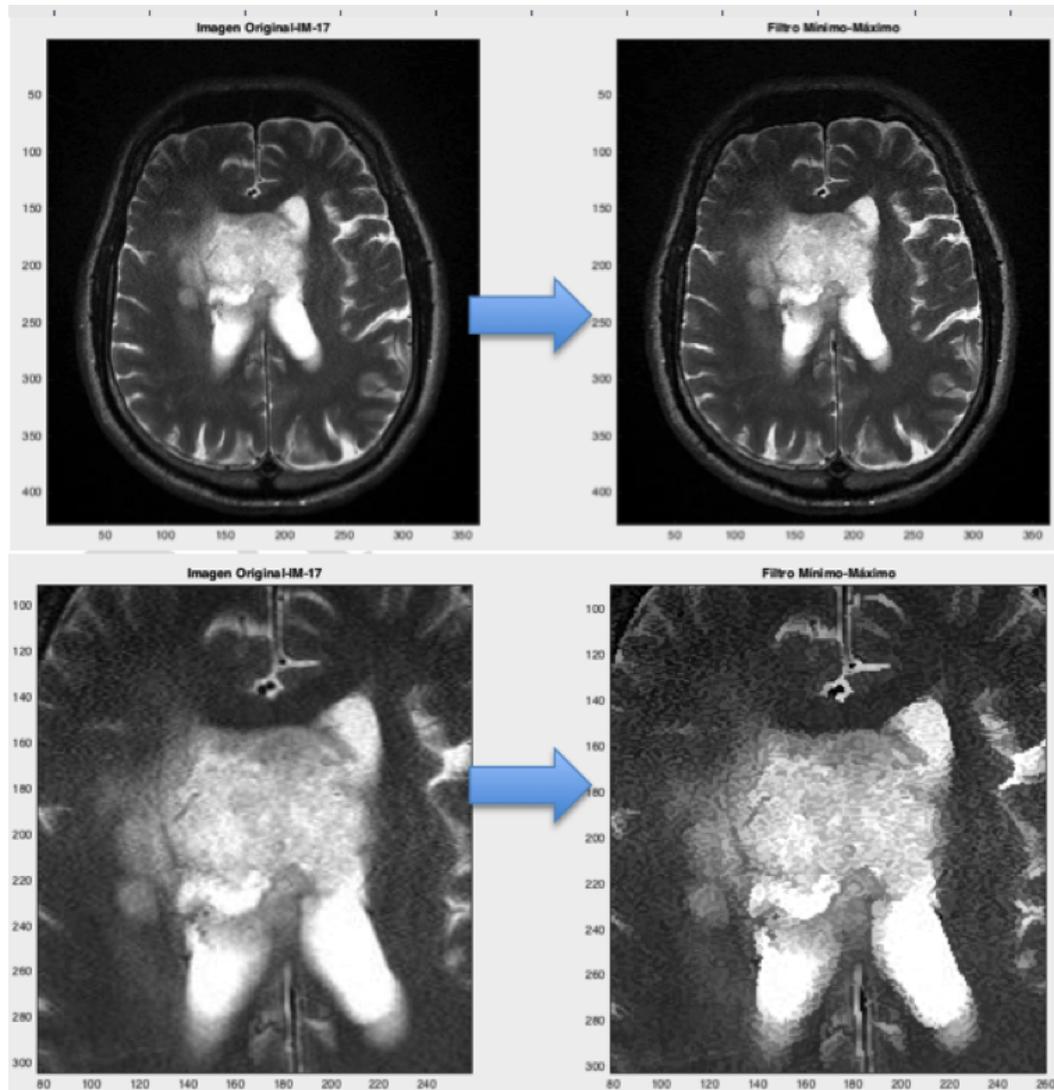


Figura 3.26: Imagen pre-procesada que ha sido mejorada con el algoritmo de segmentación FCM mejorado, adjudicando elementos reconocibles morfológicamente en intensidad

### 3.5.4. Descripción de líneas y contornos.

Una región puede ser descripta a través de sus fronteras mediante el cálculo de descriptores de líneas y contornos. Los descriptores más simples que pueden obtenerse son por ejemplo longitud, diámetro, número de esquinas y momentos. Otros descriptores utilizados para la representación son los códigos de cadena, aproximación polinomial, firmas, esqueletización y Descriptores de Fourier como lo describen diferentes autores como [57, 62, 63].

### 3.5.5. Descripción de regiones de interés - ROI

Dependiendo del criterio o del punto de vista a utilizar, una región puede describirse de distintas maneras. En efecto, puede ser vista como un conjunto de puntos conectados entre sí, es decir partiendo de un punto de la región podemos llegar a otro punto de la misma sin abandonar la región, o puede ser descrita por el número de huecos que presenta, siendo en ambos casos propiedades topológicas. Por el contrario, si podemos obtener valores tales como el área, perímetro, etc., estaremos refiriéndonos a propiedades métricas. Pero también es posible fijarnos en las irregularidades de las regiones para su diferenciación. Finalmente, La estructura de una región puede resultar una propiedad de interés. Teniendo en cuenta todas estas aproximaciones a la hora de describir una región, se realizaron 3 enfoques básicos para analizar las regiones:

- ROI en blanco y negro (fondo en negro del mismo tamaño de la imagen total con la ROI en blanco).
- Vector con los valores de intensidad de la ROI.
- Recorte de la imagen total donde se encuentra la ROI (se obtuvo una nueva imagen de ancho y largo correspondiente a la ROI, manteniendo los niveles de gris).

Esto permitió obtener una mayor cantidad de parámetros al evaluar distintas propiedades y características de las regiones.

### 3.5.6. Propiedades Topológicas

Una propiedad topológica se caracteriza por ser invariante a ciertas deformaciones de las figuras en la imagen. De forma gráfica, si el plano de la figura fuera representado por una hoja de papel deformable, con posibilidad de arrugarse, entonces la propiedad de la figura permanecería invariable ante una deformación de la hoja (obviamente

siempre y cuando la hoja no fuera doblada o rota). Las propiedades topológicas no pueden involucrar nociones de distancia, puesto que las distancias son distorsionadas por proyecciones topológicas. Del mismo modo, tampoco pueden involucrar nociones de distancia de forma indirecta, tales como áreas, paralelismo de curvas, perpendicularidad de líneas, etc. Una de las descripciones topológicas de un conjunto, más usadas normalmente es el número de sus componentes conexas. Una componente conexa de un conjunto es un subconjunto de dimensión máxima tal que cualesquiera dos de sus puntos pueden unirse por una curva continua (sin rupturas) perteneciente enteramente al subconjunto. Una segunda propiedad topológica de interés es el número de huecos en la figura. Siendo C el número de componentes conexas de una figura y H el número de huecos, definimos el **número de Euler**,  $E=C-H$ , que también es una propiedad topológica [51, 55, 56].

### 3.5.7. Propiedades Métricas.

Las métricas son generalizaciones de la distancia Euclídea; así una propiedad métrica cambiará si el plano de la figura se distorsiona. Entre las propiedades métricas más simples se destacan **el área**, **el perímetro** y el centro de gravedad. Aunque a veces se usa el perímetro como descriptor, su aplicación más usual se da en la obtención de **la circularidad de una región** que se define como  $\frac{P^2}{A}$ . Éste es un valor sin dimensiones que es mínimo para una región en forma de disco. Otra propiedad de interés es la elongación o razón de aspecto, que en el caso de un rectángulo es la razón de su longitud a su ancho. **Los ejes mayor y menor de una región** se definen en términos de su frontera y son útiles para obtener **la orientación** de un objeto. El cociente de las longitudes de estos ejes, llamado **excentricidad de la región**, es también un descriptor global importante de la forma del objeto. La redondez de una región se define como la razón entre el área y el eje mayor al cuadrado y la compacidad como el cociente entre la raíz cuadrada del área y el eje mayor. Como se mencionó anteriormente se realizaron 3 enfoques básicos para nuestro trabajo en la obtención de la mayor cantidad de parámetros característicos, y esto se muestra en la Fig. 3.27 como un aporte.

### 3.5.8. Descripciones basadas en irregularidades.

También es de gran interés evaluar las irregularidades propias a cambios en los niveles de la imagen y en la falta de homogeneidad. la forma en que se alteran los valores y la velocidad de cambio permiten obtener información asociada a textura,

energía, contraste, homogeneidad, etc.

### 3.5.9. Descripciones basadas en Textura.

Conceptualmente, la característica principal de una textura es la repetición de un patrón básico. La estructura del patrón básico puede no ser determinista, sino estadístico y la repetición del patrón básico puede no ser ni regular ni determinista, sino estadísticamente regular. Además la distribución de las instancias del patrón textural repetitivo básico en el espacio, puede no ser idéntica. Esas imágenes pueden estar relacionadas por distorsiones geométricas. Estas distorsiones son las que permiten obtener la forma a partir de la textura. La energía de la textura, también como parámetro, se puede enfocar desde el punto de vista del dominio de la frecuencia o del dominio espacial. En el dominio de la frecuencia se utiliza el tratamiento de Fourier, de forma que si una textura es espacialmente periódica o direccional, su espectro de potencia presentará picos para las correspondientes frecuencias espaciales. Estas frecuencias pueden formar la base de características de un discriminador en reconocimiento de patrones. En lugar de considerar el dominio de la frecuencia se puede operar en el dominio espacial, esta es la propuesta de [19], cuyo fundamento lo obtienen de [94]. Está basado en 12 funciones base. Para cada imagen original se obtienen  $n$  cantidad de nuevas imágenes que son el resultado de la convolución con las 12 funciones básicas; En este trabajo de investigación, tomaremos como base subyacente el dominio espacial para crear la colección de nuestras imágenes reales y sintéticas para nuestra propuesta. Luego cada una de esas imágenes es transformada en una imagen de energía mediante la siguiente operación: cada píxel en la imagen resultante de la convolución es reemplazado por el valor medio de los valores absolutos en una ventana local  $w$  de dimensión  $15 \times 15$  centrado sobre el píxel como se mostró en la Fig.3.18 y en la Fig.3.21.

### 3.5.10. Estadísticas de niveles de gris.

Una forma de discernir entre diferentes texturas es comparar sus estadísticas del nivel de gris del primer orden. Por primer orden se entienden las estadísticas en las que se ven involucradas píxeles simples en contraposición a las estadísticas de más de un píxel. En las estadísticas de primer orden se puede utilizar el histograma del nivel de gris de la textura, cuya normalización proporciona la función de densidad de probabilidad de la imagen caracterizada por su textura. Se pueden pues, comparar los histogramas normalizados del nivel de gris de imágenes de texturas, o utilizar varias medidas derivadas, tales como la media, la mediana o la varianza. La principal limitación

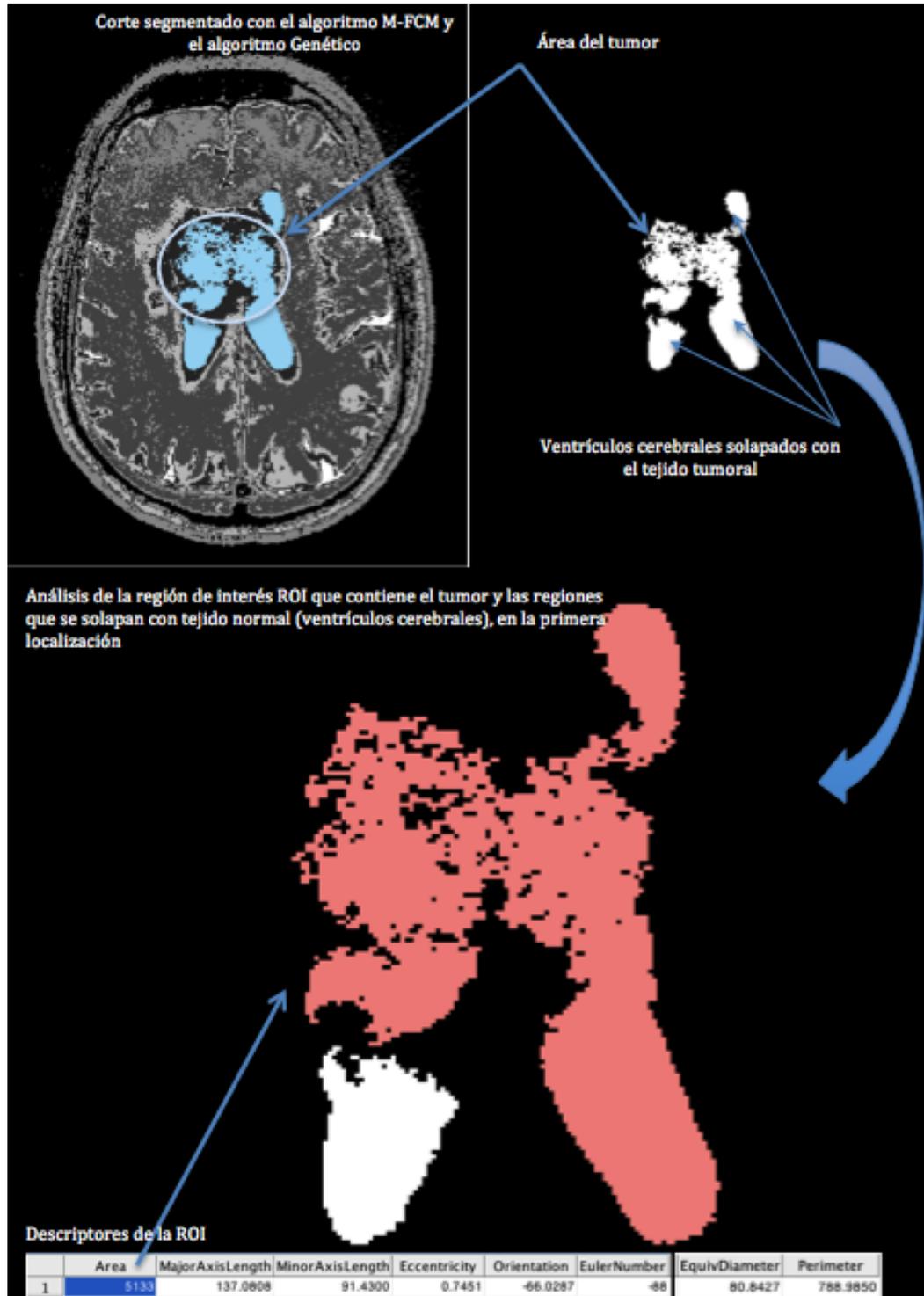


Figura 3.27: Análisis de Región de interés con solapamiento de tejido tumoral en la primera localización como resultado de la segmentación de M-FCM + AG

de las estadísticas de primer orden es su falta de sensibilidad ante permutaciones de los píxeles; por ejemplo, un patrón de textura de un tablero de ajedrez que tenga su primera mitad izquierda blanca y su primera mitad derecha negra tiene la misma estadística de primer orden que un patrón con el orden inverso. La vía más apropiada para evitar la limitación anterior es considerar estadísticas del nivel de gris de segundo orden [73, 122]. A partir de ellas se obtienen las matrices de dependencia espacial del nivel de gris como una de las fuentes de propiedades más importantes de la textura. Obtenemos así una matriz  $A$  dada por la aplicación del operador de posición. El tamaño de  $A$  está determinado únicamente por el número de intensidades distintas de la imagen de entrada. Si definimos una matriz  $C$  como la formada del resultado de dividir cada elemento de  $A$  por  $n$  (número total de pares de puntos de la imagen que satisfacen el operador de posición); entonces cada elemento de  $C$  es una estimación de la probabilidad compuesta por un par de puntos que satisfagan el operador de posición  $P$ , y que además tengan valores pre-adjudicados. La matriz  $C$  será llamada *matriz de coocurrencia del nivel de gris*. Debido a que  $C$  depende de  $P$ , es posible detectar la presencia de unos patrones de textura dados, eligiendo adecuadamente el operador de posición.

### 3.5.11. Localización de las regiones de interés en el análisis de la imagen médica.

Una vez explicados los tipos de procesamiento y transformaciones básicas que se realizan en el análisis de imágenes, es importante explicar cómo fueron implementados los mismos en los estudios de la base de datos a partir de la obtención de parámetros o descriptores.

Al principio fue evidente la necesidad de extraer parámetros de los cortes seccionales consecutivos (slices), que muestran el tumor, ya que estos determinan básicamente el problema a tratar. Sin embargo, también se consideraron otros enfoques, que se basaron en una información más global de la totalidad del corte.

De esta manera, el orden de cálculo de los descriptores se comenzó por el estudio entero, es decir, toda aquella información referida al estudio (Información del Paciente, Información de la Institución, Información del Estudio). Luego se obtuvieron parámetros de las distintas imágenes y de los cortes (imagen sin el fondo, es decir, considerando únicamente el área cerebral).

Y finalmente se analizó cada corte seccional consecutivo, obteniendo parámetros propios de la imagen a estudio, como también relaciones con los cortes seccionales anterior y posterior que hacen el conjunto del volumen completo del área de interés ROI,

correspondiente al tumor, junto a la localización del tejido cerebral normal subyacente en los bordes del tumor (ver Fig.3.27).

En esta etapa de extracción de características se utilizaron de los *Data Sets*, solo 4 cortes (slices):

- $S_l - 20$  del  $D_{s1}$  (corte N°20 del Data set N°1).
- $S_l - 10$  del  $D_{s2}$  (corte N°10 del Data set N°2).
- $S_l - 20$  del  $D_{s3}$  (corte N°20 del Data set N°3).
- $S_l - 25$  del  $D_{s4}$  (corte N°25 del Data set N°4).

de la totalidad de los Data sets en estudio (140 cortes consecutivos), ya que los restantes se separaron para ser utilizados en la etapa de validación, (ver montaje de la colección del data set en la Fig.3.9 ). Como ya mencionamos, el total de estudios de cortes seccionales consecutivos de las 4 bases de datos hacen un total de 140 estudios, y utilizaremos 4 para la extracción de características; Así se obtuvieron 8 descriptores por cada región correspondiente al tumor, indicados como *descriptores globales*: El Área, Longitud de los ejes de la región Mayor y Menor, Excentricidad, Orientación, Número de Euler, Diámetro de Equivalencia, y el Perímetro. Sin embargo, también fue necesario analizar el resto de las regiones propias de un estudio de resonancia magnética, tal como la respuesta a partes anatómicas normales, porciones de hueso, ojos resultantes e incluso el solapamiento de tejido tumoral con tejido normal en los ventrículos del cerebro, a lo que pudiéramos llamar, ajustes de los errores de la segmentación, etc. Por esta razón, luego de analizar todas las regiones del tumor, se procedió a obtener descriptores para aquellas zonas hiperintensas segmentadas que no se corresponden a áreas demarcadas por el especialista (ver Fig.3.28). A continuación describimos unos ejemplos de ellas:

### 3.5.12. Descriptores de la región de interés y el corte seccional consecutivo que corresponde al tumor.

Los primeros descriptores hacen referencia a información del estudio y la secuencia de la que se va a analizar la región de interés ROI. Con la palabra corte (slice), se hace referencia a aquella región en la imagen total en la que se comprende la zona cerebral con el fondo negro y aumentada en una escala de hasta 400%. Con esto podemos obtener, además de características morfológicas importantes, descriptores estadísticos que no se

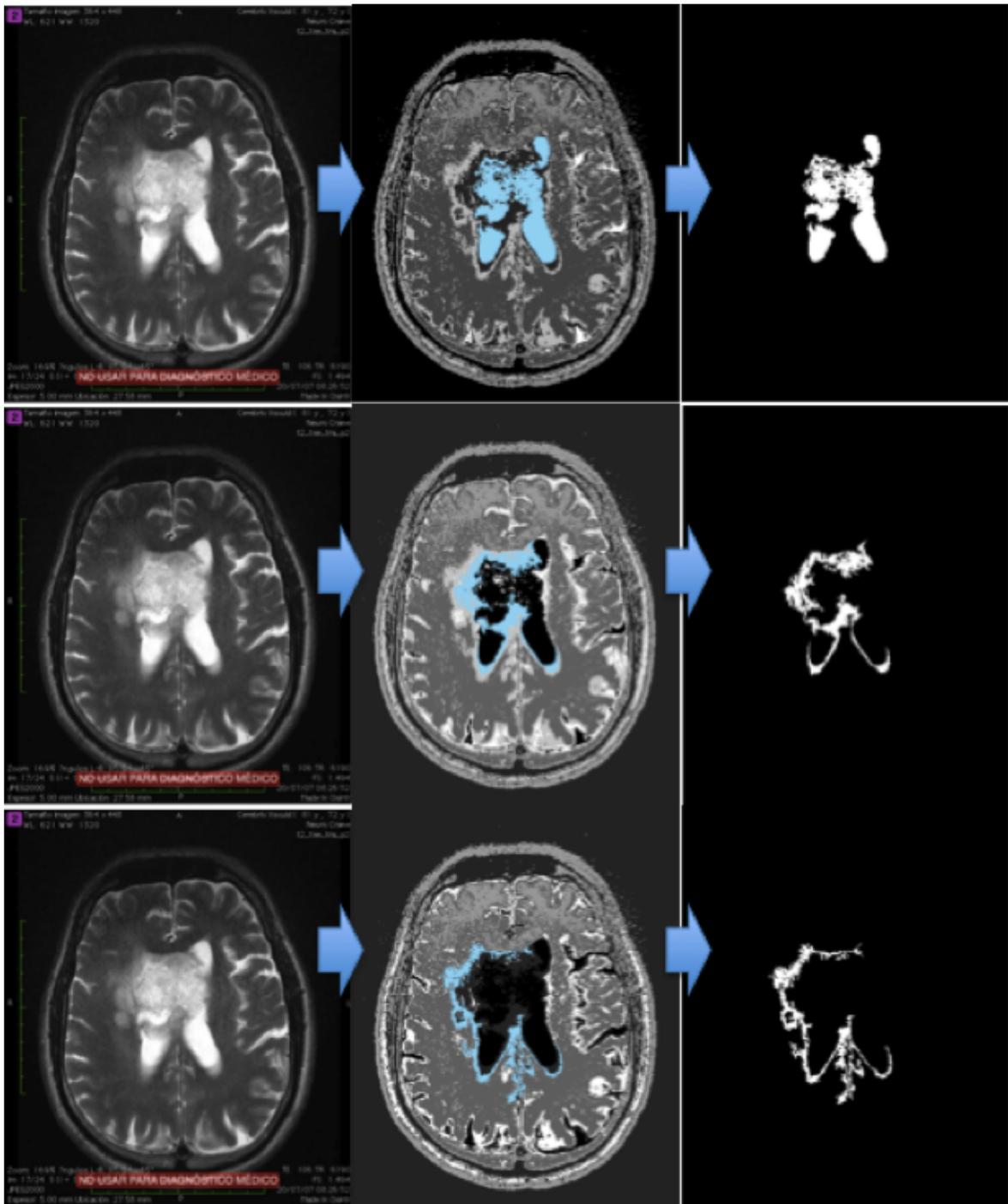


Figura 3.28: Imágenes de estudio correspondiente al solapamiento de tejido tumoral con tejido sano y la extracción de regiones características.

vean afectados por la información de fondo. Para realizar el corte se aplicó la máscara obtenida del proceso de segmentación de ajuste de nivel de contorno activo de la ROI.

Conociendo aquellos píxeles que forman parte del corte (píxeles en blanco), es posible formar un vector con todos aquellos valores de nivel de gris que pertenecen al corte y otro vector con los que pertenecen a la imagen total. Así podemos obtener y calcular parámetros estadísticos que no dependen de la forma.

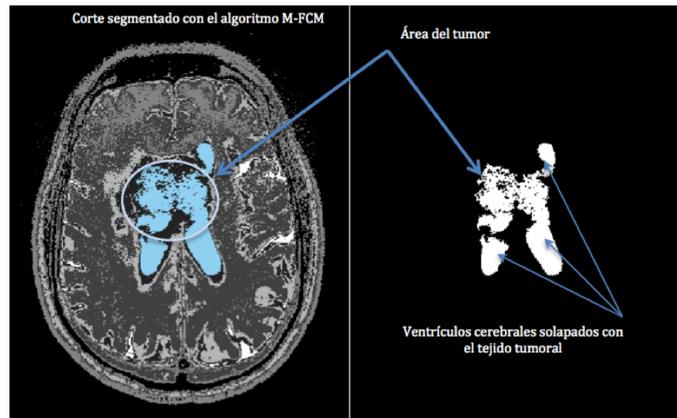


Figura 3.29: Análisis de la región de interés ROI para la extracción de descriptores.

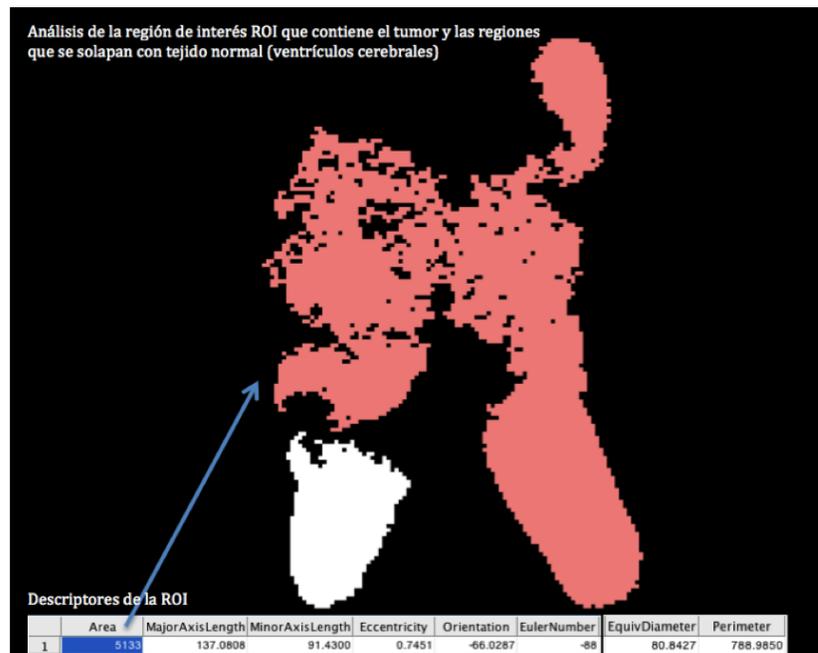


Figura 3.30: Análisis de la región de inters ROI, mostrando los 8 descriptores encontrados y visualizado a un 400%.

Como resultado del análisis de las regiones de interés y de la extracción de los descriptores mostrados en las figuras anteriores se puede hacer un cálculo, como la suma

de las áreas involucradas e identificarlas como tejido tumoral, verificando, al mismo tiempo los errores en la segmentación debido al solapamiento de tejido. Se generaron los descriptores al extraer las características de cada imagen, la mayoría haciendo referencia a la morfología y topología de la ROI; también se muestran a continuación las tablas resultantes de las 3 segmentaciones que se generaron del estudio de extracción:

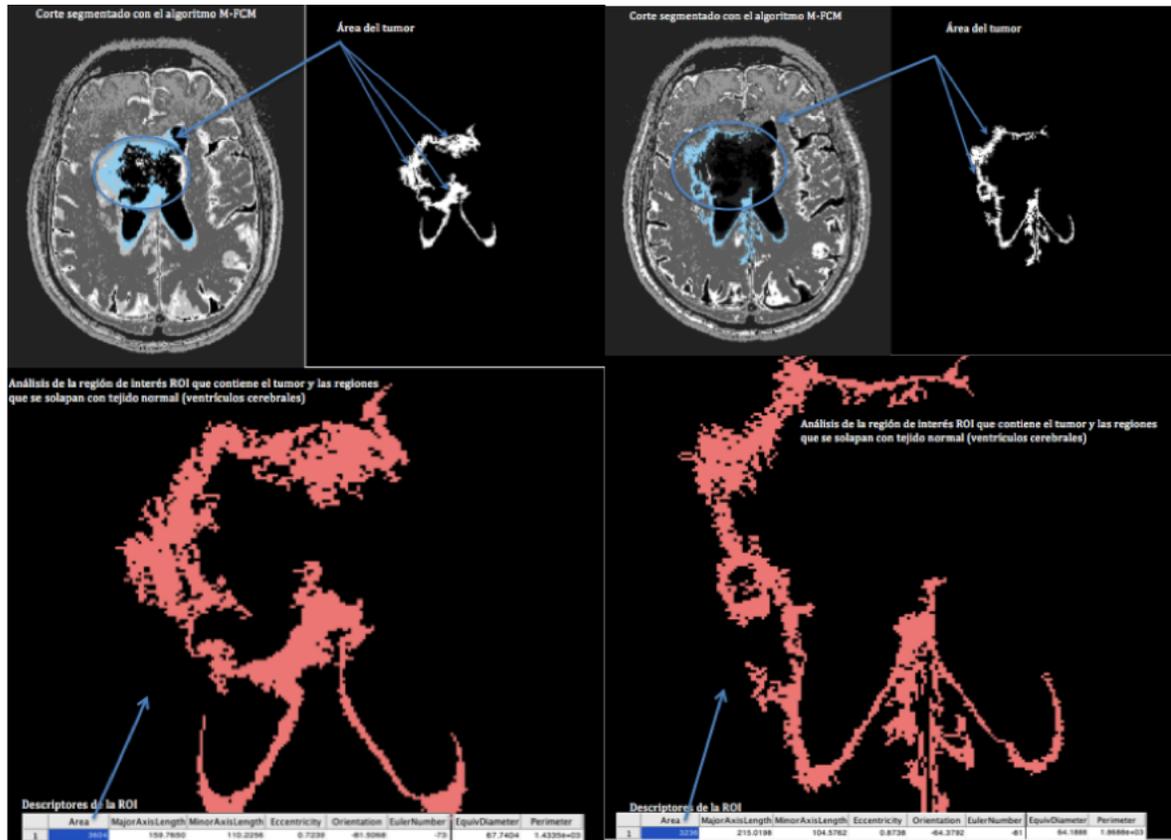


Figura 3.31: Análisis de la ROI en segmentaciones generadas por los Algoritmos M-FCM y el Algoritmo Genético.

	Area	MajorAxisLength	MinorAxisLength	Eccentricity	Orientation	EulerNumber	EquivDiameter	Perimeter
1	5133	137.0808	91.4300	0.7451	-66.0287	-88	80.8427	788.9850
	Area	MajorAxisLength	MinorAxisLength	Eccentricity	Orientation	EulerNumber	EquivDiameter	Perimeter
1	3604	159.7650	110.2256	0.7239	-81.5068	-73	67.7404	1.4335e+03
	Area	MajorAxisLength	MinorAxisLength	Eccentricity	Orientation	EulerNumber	EquivDiameter	Perimeter
1	3236	215.0198	104.5762	0.8738	-64.3792	-81	64.1888	1.8688e+03

Figura 3.32: Tablas correspondientes a las 3 segmentaciones generadas de la ROI por los Algoritmos m-FCM y Algoritmo Genético con los 8 descriptores importantes del estudio de extracción.

Para una buena discriminación de la información referida a la intensidad no siempre es suficiente, ya que otros tejidos no patológicos pueden tener las mismas intensidades que la del tejido de interés. Por lo tanto la *información espacial* necesita ser incluida en

los algoritmos de segmentación a nivel de *vecindad local* [3, 157, 169]. Para terminar con el análisis particional a la ROI, realizamos una comparación de los cortes involucrados en la localización de tejido tumoral para evaluar la precisión del algoritmo en la diferenciación del tejido normal del tumoral cuando existe solapamiento con sus áreas vecinas. El cálculo inicial del área, como la suma de las tres áreas correspondientes al tejido tumoral tiene errores de extensión de los píxeles a lo largo del tumor, por esa razón es necesario separar las regiones de anatomía normal no patológica de los 140 estudios. De la misma manera se inicia la etapa de minería de datos para analizar la importancia o el peso de los descriptores encontrados, como se verá en capítulos posteriores.

---

## Capítulo 4

# Una propuesta de mejora al rendimiento del agrupamiento difuso modificado con los algoritmos Genéticos.

### 4.1. Marco teórico - práctico para la segmentación de la imagen con ayuda de la hibridación de algoritmos.

En este capítulo se inicia con el estudio de algunos de los conceptos básicos de reconocimiento de patrones, para comprender mejor el análisis de datos o patrones en el espacio de las características. A continuación el capítulo se divide en tres secciones. La primera de ellas realiza una descripción de la partición que nos interesa para dividir el espacio de las características; la partición difusa. En la siguiente sección se hace una revisión de los algoritmos de agrupamiento particionales derivados de la familia c-means, en especial se analizan los algoritmos de agrupamiento difusos. En la tercera sección se presentan las bases teóricas de las principales mejoras hechas al algoritmo de particionamiento difuso introduciendo para ello los fundamentos de los algoritmos genéticos en la mejora del rendimiento. La última sección presenta las principales conclusiones.

El análisis de datos con algoritmos de agrupamiento es una técnica que se utiliza para clasificar datos u objetos, es decir; dividir un conjunto de datos en grupos o clases, mediante una *medida de similitud*. El objetivo de los algoritmos de agrupamiento, es

agrupar los datos, en donde los miembros que pertenecen a un grupo sean lo más similar posible, mientras los miembros de diferentes grupos sean lo ms disimilares posible, justificando de esta manera la existencia de cada grupo [14]. Por lo tanto el análisis de datos con agrupamientos es una técnica de *clasificación automática no supervisada* que nos permite descubrir la estructura interna que hay en un conjunto de datos desordenados, es decir, encontrar grupos naturales que se encuentran en ella, mediante la recopilación de datos u objetos similares en grupos, esperando que los datos que conforman a cada uno de los grupos representen realmente una clase o categoría.

Las técnicas de agrupamiento son utilizadas para la reducción de un conjunto de datos, es decir; tener una representación más simple del conjunto de datos, en un cierto número de grupos homogéneos, para así tener una mejor interpretación y conocimiento de la misma. Dos de las técnicas más importantes para encontrar grupos en un conjunto de datos son: *agrupamientos basados en la función objetivo* y agrupamientos jerárquicos. En esta investigación sólo se profundiza en los algoritmos de agrupamientos basados en la función objetivo (algoritmos de agrupamiento particionales), y el objetivo es definir a la familia de los algoritmos de agrupamiento derivados de la familia c-means, basados en una función objetivo, y en los capítulos posteriores éstos métodos se extenderán para lograr extraer un mayor y mejor conocimiento de una base de datos numérica a partir de una imagen bidimensional. Para tener un mayor conocimiento sobre los algoritmos de agrupamiento se recomienda leer la siguiente literatura clásica [4, 16, 34, 46, 48, 89].

## 4.2. Los datos

La técnica de agrupamiento es aplicada tanto a datos cuantitativos (numéricos), como a datos cualitativos (categorías), o ambos. En este trabajo de investigación, los agrupamientos serán datos cuantitativos. Los datos son típicamente observaciones de algunos procesos físicos. Cada observación consiste en n variables en el instante  $k$ , se ordena en forma de vector, de dimensión  $n$ , y se representa por  $z_k = [z_{1k}, \dots, z_{nk}]^T$ ,  $z_k \in \mathbb{R}^n$ . De aquí que un conjunto de observaciones se presente a través de una matriz  $Z = z_k \mid k = 1, 2, \dots, N$ , de dimensiones  $n \times N$  como se muestra en la ecuación (4.1).

$$Z = \begin{bmatrix} z_{11}, z_{12} & \dots & z_{1N} \\ z_{21}, z_{22} & \dots & z_{2N} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ v_{n1}, v_{n2} & \dots & v_{nN} \end{bmatrix} \quad (4.1)$$

En la terminología de reconocimiento de patrones, las columnas de la matriz (4.1) se le llaman patrones u objetos, a las filas son llamados características o atributos, y  $Z$  es llamada matriz de datos [30]. El significado de las columnas y filas de  $Z$  depende del contexto. En una imagen de diagnóstico médico, por ejemplo, las columnas de  $Z$  representan al eje de coordenadas  $x$ , y las filas al eje de coordenadas  $y$ , identificando un píxel con un valor de intensidad de  $[0.0$  a  $1.0]$  en escala de grises, como se muestra en la figura (4.1).

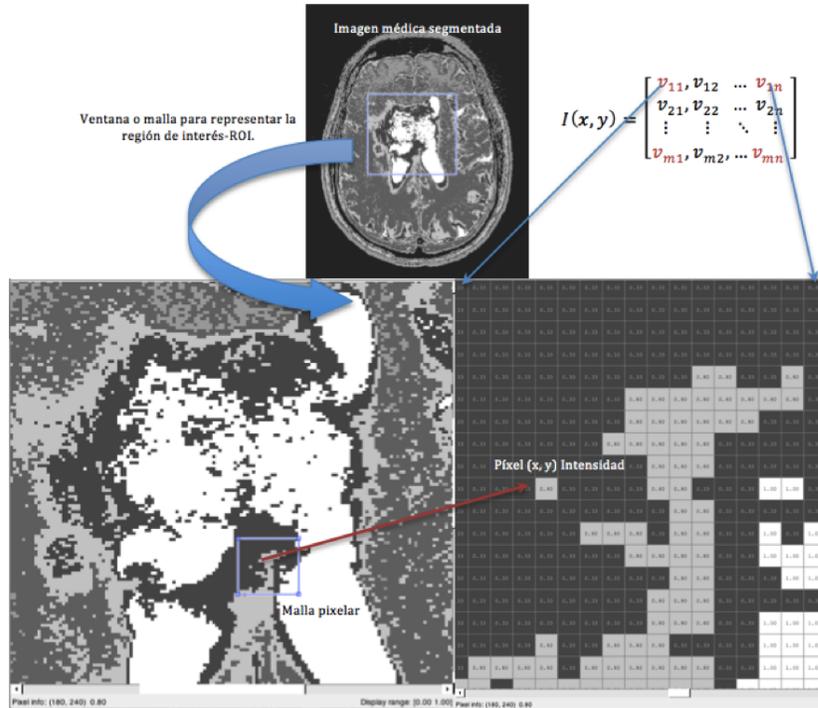


Figura 4.1: Análisis de la región de interés ROI y la ubicación del píxel (180, 240) 0.80- corresponde a las coordenadas de la malla pixelar  $(x, y)$ , y a la intensidad en escala de gris igual a 0.80.

### 4.3. Concepto de agrupamiento.

Un agrupamiento se puede definir como una técnica para realizar una partición de un conjunto de datos u objetos, donde se asignan la misma etiqueta a los miembros que pertenecen a un mismo grupo, de tal forma que cada grupo sea más o menos homogéneo y distinto a los demás [29]. El término homogéneo es usado en el sentido que todos los patrones de un mismo grupo son similares (de acuerdo a alguna medida predeterminada) y disimilares a los otro grupos.

Definimos los conceptos básicos para el agrupamiento de la siguiente manera:

- Se denomina agrupamiento al proceso de agrupar datos, así como al proceso completo que se requiere para realizar esta tarea.
- Se denotará por grupo/clase al conjunto de datos agrupados después del proceso de agrupamiento.
- Un patrón  $z$  (vector de características, observación o dato) no es más que un tem de datos utilizados por el algoritmo de agrupamiento y que normalmente consiste en un vector hasta  $k$  componentes:  $z = (z_1, z_2, \dots, z_k)$ .
- Los componentes escalares individuales  $z_i$  se denominan características o atributos.
- $k$  es la dimensión del patrón o del sistema de patrones, y este dependerá del número de características.
- Un grupo/clase puede verse como una fuente de patrones cuya distribución en el espacio de las características esta determinada por una densidad de probabilidad de la clase.

En la (Fig.4.2) se presenta un ejemplo mostrando algunos de los conceptos básicos anteriormente mencionados.

Se observa que los patrones tienen tres características o atributos; Las coordenadas (*filas* –  $x$  *y* *columnas* –  $y$ ) que definen un espacio de las características de la imagen en forma de píxel, y un atributo de intensidad de niveles de gris que indica el grado de intensidad en un rango de [0.0 a 1.0]. Cada patrón está representados por un círculo de color (azul, amarillo o naranja) y su valor depende del que se tenga en las características (tejido cerebral correspondiente a materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo).

En este ejemplo los patrones forman tres grupos o clases y se encuentran etiquetados como Clúster N°1, Clúster N°2 y Clúster N°3, cada grupo puede ser encontrado a partir de un algoritmos de agrupamiento, cuyos resultados nos proporciona información de interés. En este problemas real se determina que cada grupo encontrado representa un tejido cerebral específico. También en este ejemplo la relación entre los atributos de los diferentes tejidos, forman tres grupos y ellos nos ayudan a clasificarlos como materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo, si las relaciones de los tejidos es distinta para los tres. Hay que tener un buen conocimiento de la base de datos que se va a particionar para interpretar de manera correcta los grupos que se encuentran.

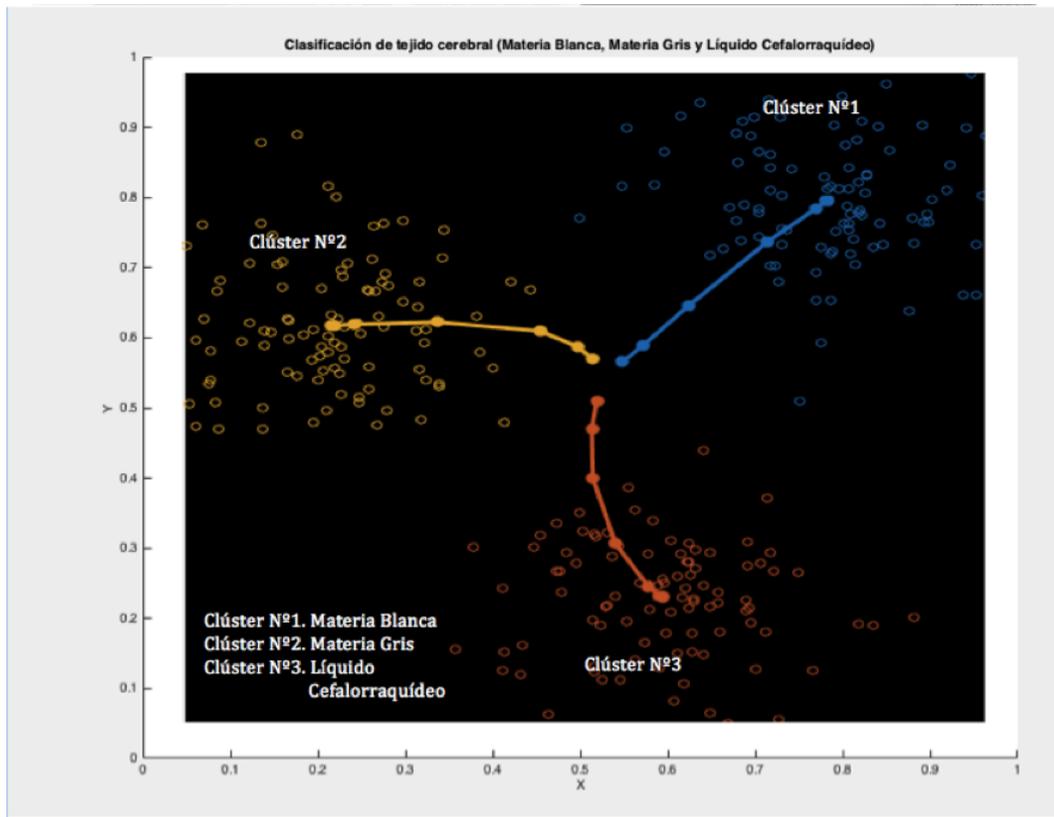


Figura 4.2: Etiquetado de las características por medio de un algoritmo de agrupamiento, que determina que los resultados muestran que cada clúster (conglomerado) encontrado, representa un tejido cerebral específico.

Aunque en este caso el espacio de características es bidimensional, en general, se puede tener un hiperspacio de tantas dimensiones como números de características tengan los patrones.

#### 4.4. Medidas de Similitud y los Centroides.

El concepto de similitud es importante para definir los grupos en una base de datos, la medida de similitud que hay entre dos patrones dibujados en el mismo espacio de características, es esencial para la mayoría de los procedimientos de agrupamiento. La definición de grupos para conjuntos de datos no etiquetados, consiste en determinar distancias de cercanía, o de lejanía, de un dato hacia los distintos prototipos (centro de grupo ó centroides) que se tengan, de tal manera que los datos más cercanos entre sí, a un valor representativo correspondiente al centro del grupo, son caracterizados con una misma etiqueta o como elementos de un mismo grupo. Como puede adivinarse el concepto de grupo está íntimamente relacionado con el de clase, y para tener una idea

gráfica se muestra un ejemplo en la (Fig. 4.3). La distancia métrica más popular para un conjunto de datos numéricos continuo es la *distancia Euclidiana*, que se muestra en la ecuación (4.2) y su simplificación en la ecuación (4.3).

$$d_2(z_i, z_j) = \left( \sum_{k=1}^d (z_{i,k} - z_{j,k})^2 \right)^{\frac{1}{2}} \quad (4.2)$$

$$d_2(z_i, z_j) = \|z_i - z_j\|_2 \quad (4.3)$$

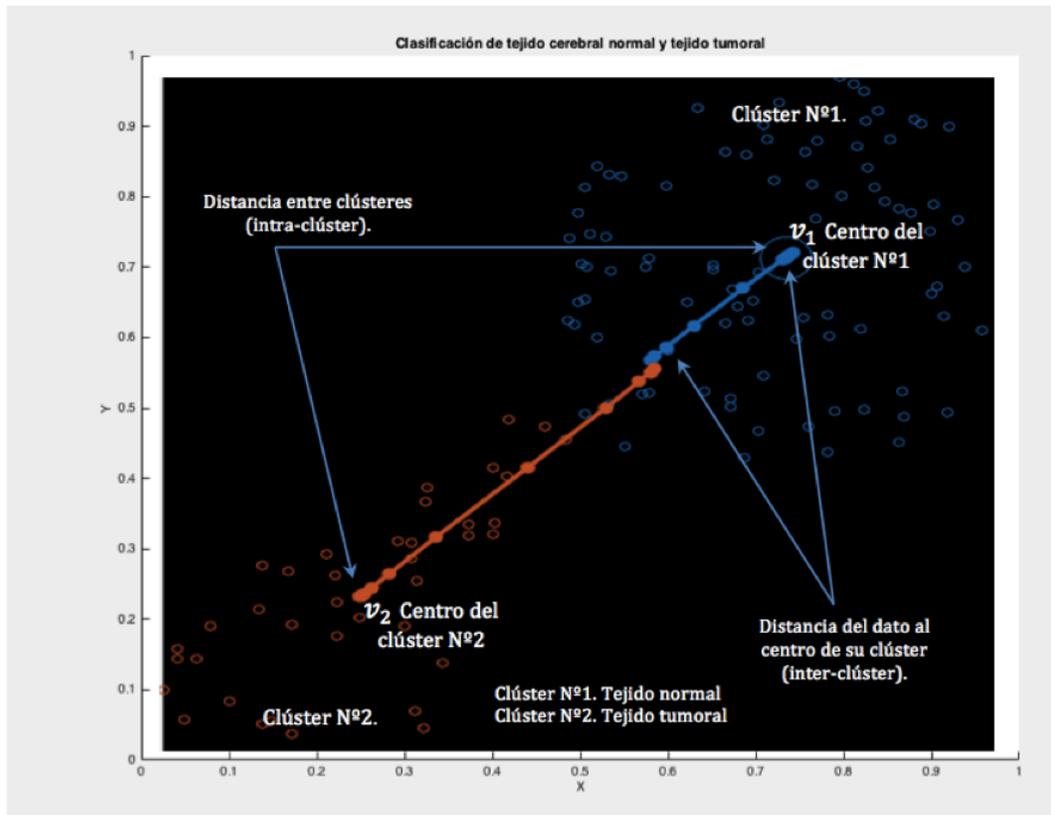


Figura 4.3: Conceptos de similitud entre grupos-clústeres (intra-clases) y distancias de cercanía dentro del grupo-clúster (inter-clases), en el proceso de agrupamiento.

La distancia Euclidiana es un caso especial de la distancia métrica de *Minkowsky* cuando (p=2) en la ecuación (4.3).

$$d_p(z_i, z_j) = \left( \sum_{k=1}^d (z_{i,k} - z_{j,k})^p \right)^{\frac{1}{p}} \quad (4.4)$$

$$d_2(z_i, z_j) = \|z_i - z_j\|_p \quad (4.5)$$

Muy importante tomar en cuenta para nuestra investigación, es que la correlación lineal que hay entre los patrones puede provocar que haya distorsiones en las medidas, esta distorsión puede ser aliviada utilizando la distancia de *Mahalanobis* (al cuadrado), en la ecuación (4.6).

$$d_M(z_i, z_j) = (z_i - z_j) \sum^{-1} (z_i - z_j)^T \quad (4.6)$$

## 4.5. Algoritmos de agrupamiento basado en la función objetivo.

En este trabajo aprovechamos las cualidades que tienen los algoritmos de agrupamiento particionales para encontrar  $c$  grupos (clústeres) en un conjunto de patrones no etiquetados  $z = z_1, z_2, \dots, z_N$  en el espacio  $M$  dimensional, es decir; los patrones  $z_k$  que están más cerca a un prototipo  $v_i$  o *centroide* de un grupo (clúster), y que pertenecen a un mismo grupo. La pertenencia de cada uno de los patrones  $z_k$  hacia los grupos, depende de la partición del espacio de las características que se tenga del conjunto de patrones  $Z$ , esta puede ser: *estricta, probabilística, difusa y posibilista* [127, 155, 156]. En la partición estricta o dura, un patrón sólo puede pertenecer a uno de los grupos o clases [152]; en la partición probabilística y en la partición difusa los patrones tienen un cierto grado de pertenencia entre [0 y 1] hacia cada uno de los grupos, y la suma de esta pertenencia es igual a uno [58, 153].

Finalmente, una partición posibilista, la cual relaja la condición antes mencionada de la partición difusa, tiene una pertenencia que es independiente de los demás grupos, en la que los patrones de un mismo grupo tiene un cierto grado de typicalidad [13], es decir; no todos los patrones en un mismo grupo son equivalentes, algunos patrones son más representativos o típicos que otros.

Un patrón es típico si es similar a los otros miembros del grupo al que pertenece y está muy cerca del *prototipo* (centro del clúster o clase). Un patrón es atípico si está muy alejado del prototipo, por lo tanto es poco representativo del grupo, pero tiene algunas características que lo hacen pertenecer a él. En la siguiente sección se define de manera más detallada cada una de las particiones anteriormente mencionadas.

Los algoritmos que se basan en la función objetivo, determinan la partición óptima minimizando la función objetivo, y normalmente cada grupo es representado por un

prototipo. Como hemos venido mencionando en este trabajo, el **prototipo ó centroide** es el centro de un grupo, y cuando se calcula, en algunas ocasiones puede o no aparecer dentro del conjunto de datos, como se mostró en la (Fig. 4.3).

### 4.5.1. Partición Difusa.

La partición difusa a partir de un conjunto de patrones proporciona una información más rica sobre la pertenencia que tiene cada uno de los datos en un subgrupo. Más adelante se realiza una descripción detallada de dos particiones difusas. El caso de la partición difusa es una generalización de la partición estricta, dura o clásica, en la que se sigue permitiendo que se represente la función  $\mu_{ik}$  pero ahora con sus valores reales de  $[0,1]$  [136]. Las condiciones impuestas para una matriz de partición difusa, son de manera análoga las mismas que la de la matriz de partición estricta, y están dadas por:

$$\mu_{ik} \in [0, 1]; \quad 1 \leq i \leq c; \quad 1 \leq k \leq N \quad (4.7)$$

$$\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1; \quad 1 \leq k \leq N \quad (4.8)$$

$$0 \leq \sum_{i=1}^c \mu_{ik} \leq N; \quad 1 \leq i \leq c \quad (4.9)$$

Una Partición difusa del espacio de características, está dada por: Sea  $z = z_1, z_2, \dots, z_N$  de dimensión finita, y  $2 \leq c \leq N$  sean enteros. La partición difusa del espacio de características del conjunto  $Z$ , esta definido por la ecuación (4.10).

$$M_{fcm} = \left\{ U \in \mathfrak{R}^{c \times N} \mid \mu_{ik} \in [0, 1], \forall_i \text{ y } k; \sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1 \forall_k; 0 \leq \sum_{k=1}^n \mu_{ik} \leq N, \forall_i \right\} \quad (4.10)$$

La  $i$ -ésima fila de la matriz de partición difusa  $U$  contiene valores de la  $i$ -ésima función de pertenencia del sub-conjunto difuso  $A_i$  del conjunto  $Z$ . La ecuación (4.10) tiene la restricción de que la suma de cada columna de la matriz de pertenencia  $U$  es igual a 1, así el total de la pertenencia de cada  $z_k$  en  $Z$  es igual a 1.

### 4.5.2. Estructura matemática del algoritmo FCM (Fuzzy Cluster Means)

La primera propuesta de utilizar la teoría de conjuntos difusos en algoritmos de agrupamientos particionales es presentada por Ruspini [135, 136]. Después Dunn [49, 50], propone el primer algoritmo de agrupamiento difuso llamado c-Medias Difuso (FCM Fuzzy c-Means) y posteriormente éste fue generalizado por Bezdek [13]. El FCM es un algoritmo de agrupamiento en donde cada patrón  $z_k$  tiene un grado de pertenencia gradual  $\mu_{ik}$  hacia cada uno de los grupos  $A_i$  del conjunto de datos  $Z$ . Por lo tanto la matriz de pertenencia  $U$  generada ya no es binaria, ésta puede tomar valores que estén entre el intervalo  $[0,1]$ , bajo las siguientes restricciones:

$$\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1; \quad \forall_k = 1, \dots, N \quad (4.11)$$

$$\sum_{N=1}^c \mu_{ik} > 0; \quad \forall_i = 1, \dots, c \quad (4.12)$$

La restricción en (4.11) fue inicialmente propuesta por Ruspini [135]. Los algoritmos de agrupamiento difusos bajo la restricciones de las ecuaciones (4.11) y (4.12) son llamados o conocidos como algoritmos de agrupamientos probabilísticos [145], así mismo, otros algoritmos de agrupamiento difusos relajan la restricción de la ecuación (4.11) como lo demuestran los investigadores [36, 100, 125, 126]. La función objetivo para el algoritmo de agrupamiento difuso c-medias es una generalización propuesta para el agrupamiento de c-medias estricto o nítido denominado HCM (Hard C-Means), y por el algoritmo K-means, que tiene además una consideración heurística que le permite funcionar bien cuando el conocimiento sobre el número de clases no es bueno; así como a la restricción de que, a cada patrón le corresponde exclusivamente un grupo o clúster. La ecuación resultante esta dada como:

$$J_{fcm}(Z, U, V) = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N (\mu_{ij})^m \|k_k - v_i\|_{A_i}^2 \quad (4.13)$$

donde:

$$U = [\mu_{ik}] \in M_{fcm} \quad (4.14)$$

es una partición difusa del espacio de características del conjunto de patrones  $Z$ ,

$$V = [v_1, v_2, \dots, v_c], \quad v_i \in \mathfrak{R}^n \quad (4.15)$$

es el vector de prototipos o centro de los clústeres (centroides), y se determina mediante:

$$D_{ikA_i}^2 = \|k_k - v_i\|^2 = (z_k - v_i)^T A_i (z_k - v_i) \quad (4.16)$$

que es el producto del cuadrado-interno de la norma de la distancia Euclídea, y:

$$m \in [1, \infty), \quad (4.17)$$

es un *vector de ponderación escalar* que determina el grado de borrosidad o *difusidad de la partición*. El valor del exponente  $m$  es uno de los parámetros más importantes en el algoritmo FCM ya que éste parámetro influye directamente en los prototipos. Cuando  $m$  tiene un valor cercano a uno, el algoritmo FCM se asemeja al algoritmo HCM. Hay varias recomendaciones en la literatura [10, 25, 89, 124], que utilizan una estrategia heurística para determinar el valor del exponente  $m$ . La mayoría recomienda que el valor debe de estar entre el intervalo [1.5, 2.5], aunque normalmente utilizan el valor de  $m = 2$ . Sin embargo éstas recomendaciones están basadas en estudios empíricos y por lo tanto pueden generar errores en algunos casos.

Utilizando los multiplicadores de *Lagrange* para la restricciones, y diferenciando las ecuaciones obtenidas se llega a las siguientes fórmulas que minimizan la función objetivo  $J_{fcm}$ . Teorema FCM [13].

Si  $D_{ikA_i} = \|z_k - v_i\|_{A_i} > 0$  para todo  $i$  y  $k$ ,  $m > 1$  y  $Z$  contiene por lo menos  $c$  datos distintos, entonces  $(U, V) \in M_{fcm} \times \mathfrak{R}^{c \times N}$  puede minimizarse  $J_{fcm}$  únicamente si:

$$\mu_{ikA_i} = \left( \sum_{j=1}^c \left( \frac{D_{ikA_i}}{D_{jkA_i}} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right)^{-1}, \quad 1 \leq i \leq c, \quad 1 \leq k \leq n \quad (4.18)$$

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^N \mu_{ik}^m z_k}{\sum_{k=1}^N \mu_{ik}^m}, \quad 1 \leq i \leq c \quad (4.19)$$

Aquí ocurre una singularidad en el Algoritmo FCM cuando una o más de las distancias  $D_{ikA_i} = 0$  en alguna iteración. El algoritmo más popular para minimizar  $J_{fcm}$  es la *iteración de Picard* a través de (4.18) y (4.19). Este tipo de iteraciones es llamada ***Alternativa de Optimización*** (AO, Alternating Optimization) [125], y consiste en inicializar los prototipos o centroides con un valor aleatorio  $V_0$  (optimización continua) y

en cada paso de optimización  $t$  se hace una partición  $U_t$  y los prototipos  $V_t$  son actualizados. para cuando el algoritmo haya alcanzado el número máximo de iteraciones, éstas han sido previamente determinadas,  $t = t_{max}$ , ó cuando las sucesivas aproximaciones al prototipo se hayan estabilizado,  $\|V_t - V_{(t-1)}\|_{error} \leq \varepsilon$ , donde el  $\varepsilon > 0$ ; a este algoritmo se le conoce como AO-V. La optimización con AO no garantiza encontrar el mínimo global, y puede quedar atrapado en un punto silla o en un mínimo local.

Existen otras alternativas en la literatura que son menos sensibles a caer en mínimos locales. Bezdek et al.,[17] utiliza un algoritmo genéticos para optimizar el HCM, Runkler [134] propone el uso de ACO (Ant Colony Optimization) para optimizar los algoritmos HCM-ACO y FCM-ACO y también propone el uso de WSO (Wasp Swarm Optimization) para optimizar el HCM [134], ambos son algoritmos bioinspirados, el primero se basa en el comportamiento de las hormigas y el segundo en el enjambre de las avispas.

Para nuestra investigación nos hemos basado en la optimización de los criterios de agrupamiento difuso basados en los algoritmos genéticos como describen Bezdek y Hathaway, ya que este enfoque es el primero que re-parametriza los criterios solo en función de las variables prototipos ó centroides que determinan de manera clara la geometría de los clústeres (inter-clústeres e intra-clústeres), además ofrecen una aplicación práctica a los parámetros requeridos de una imagen con muchas variables, como las imágenes de resonancia magnética.

### 4.5.3. Estructura del Algoritmo Fuzzy C-means - estándar.

La estructura es como sigue:

- Dada una imagen con  $n$  píxeles, construir un conjunto difuso asociado a la imagen  $A = \{ [x_i, \bar{x}_i] \mid x_i \in X \}$ ,  $i = 1, \dots, n$ .
- Fijar el parámetro de particiones  $\mathbf{c} \quad 2 \leq c \leq n$ , configurar el exponente de ponderación escalar  $m = 2$  y la cantidad máxima de iteraciones.
- Inicializar la matriz de partición  $(\mu_{ij})^0$ . Indicamos la cantidad de clústeres que corresponden a los tejidos cerebrales que queremos identificar  $c = 6$  (corresponde a materia blanca, materia gris, líquido cefalorraquídeo, edema, necrosis y el fondo).
- Obtener el conjunto inicial de los centros de clústeres aleatorios  $z = [z_1, z_2, \dots, z_c]$ .  
\* Más adelante se hace la propuesta del cálculo automático.
- Calcular la distancia Euclídea  $d_{ij}^2(z_j, x_i)$  para  $i = 1, 2, \dots, n$ ;  $j = 1, 2, \dots, c$ .

- Calcular la matriz de pertenencia  $\mu_{ij}$  por medio de la ecuación:

$$\mu_{ij} = \sum_{k=1}^c \left[ \left( \frac{d_{ij}}{d_{ik}} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (4.20)$$

- Actualizar los centros de conglomerados  $z_j$  utilizando la matriz de pertenencia como sigue:

$$z_j = \frac{\sum_{i=1}^n \mu_{ij}^m x_i}{\sum_{i=1}^n \mu_{ij}^m} \quad (4.21)$$

- Actualizar la matriz de partición para el paso  $r$ -ésimo, como sigue:

$$\mu_{ij}^{(r+1)} = \left[ \sum_{k=1}^c \left( \frac{d_{ij}^r}{d_{ik}^r} \right)^{\frac{2}{(m-1)}} \right]^{-1} \quad (4.22)$$

- Para  $I_k = 0$ , ó  $\mu_{ij}^{(r+1)} = 0$ . Para todas las clases  $i$  donde  $i \in I_k$ , con:

$$I_k = i \mid 2 \leq c \leq n; \quad d_{ij}^r = 0 \quad (4.23)$$

$$y, \quad \bar{I}_k = \{1, 2, \dots, c\} - I_k \quad (4.24)$$

$$y, \quad \sum_{i \in I_k} \mu_{ij}^{(r+1)} = 1 \quad (4.25)$$

$$si \quad \|\underline{\mu}^{(r+1)} - \underline{\mu}^{(r)}\| \leq \varepsilon_L \quad (4.26)$$

- detenerse; de lo contrario ejecutar  $r = r + 1$  y retornar al cálculo de centros de clústeres  $z_j$ .

Cabe mencionar que para nuestro trabajo se espera que al segmentar la región de interés en la imagen original (ROI), todos los píxeles pertenecientes a la misma región objetivo serán numéricamente similares y estarán espacialmente compactos (en cúmulos) [91, 93]. Por lo tanto, proponemos incorporar información de adyacencia difusa en la función de pertenencia, cada vez que un píxel obtenga un valor alto de pertenencia en ese clúster con respecto a sus vecinos cercanos que contengan un mismo valor alto de

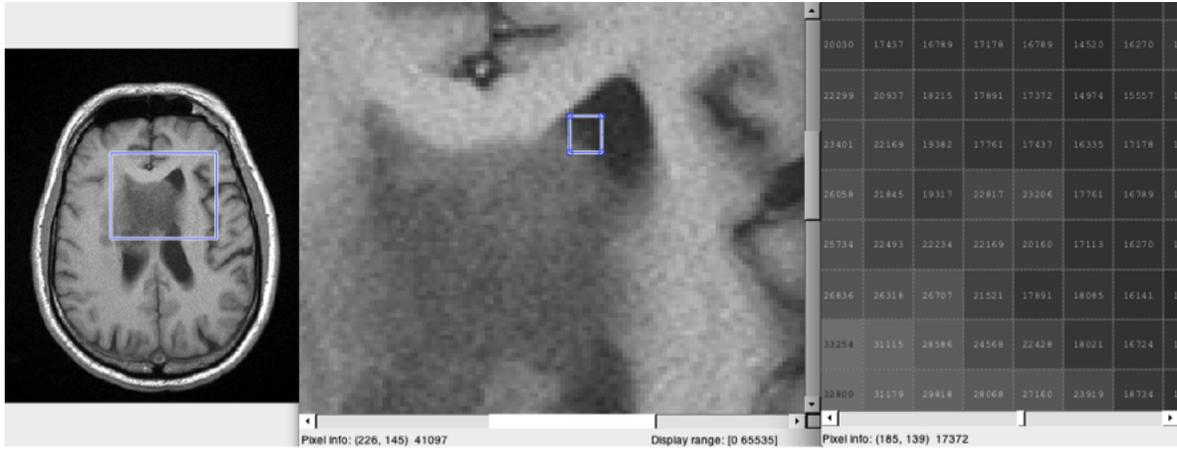


Figura 4.4: Corte N°20 muestra la ROI de interés, aplicando un filtro con una ventana de  $7 \times 7$ , a la intensidad que corresponde a discriminar el tumor del tejido sano.

pertenencia a ese clúster [92]. La *función de adyacencia*  $h_{ik}$  representa la probabilidad de que el píxel  $x_k$  pertenezca al  $i$ -ésimo clúster.  $NB_{(x_k)}$  representa el centro de una grilla o ventana cuadrada donde el píxel  $x_k$  esta situado en el dominio espacial [90]. Una malla o ventana de  $7 \times 7$  se utiliza para efectuar el *proceso de convolución* sobre la imagen original para filtrar el ruido lo mejor posible; el efecto de diferentes tejidos en diferentes locaciones puede tener una apariencia en intensidad similar como se muestra en la figura (4.4).

La función de pertenencia modificada aplicada al píxel actual, que incluye la función espacial se define como sigue:

$$u_{ik}^* = \frac{u_{ik} h_{ik}}{\sum_{j=1}^C u_{jk} h_{jk}} \quad (4.27)$$

Donde  $u_{ik}^*$  es el valor de pertenencia difusa,  $i = 1, \dots, N$ ,  $k = 1, \dots, C$ , luego la función se calcula como:

$$u_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^C \left( \frac{D(v_i, x_k)}{D(v_j, x_k)} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (4.28)$$

Tomando en consideración la información espacial definimos una función espacial estructurada de la siguiente forma:

$$h_{ik} = \sum_{k \in NB(x_k)} g_{ik} \quad (4.29)$$

#### 4.5.4. Mejoras a los algoritmos de agrupamiento difuso, mediante la implementación de algoritmos Evolutivos.

En este apartado se va a tratar de presentar, según unos criterios determinados, algunos trabajos que se pueden encontrar en la bibliografía respecto a mejoras efectuadas a los problemas de agrupamiento. Tanto el criterio de clasificación como la propia selección y comentario de los artículos son discrecionales y, como tal, discutibles; la intención es presentar los artículos que, a parte de los temas más consolidados y generales ya citados, han servido al autor como base del trabajo de esta tesis.

De esta forma, muchos artículos que, indiscutiblemente, merecerían ser citados quedarán fuera de esta pequeña clasificación. El criterio de clasificación es bastante sencillo: en los Apartados (4.5.1) y (4.5.2) se han presentado los problemas más comunes al algoritmo FCM. Una de las técnicas que ha sido utilizada para solventar este problema, ha sido el uso de los algoritmos evolutivos, principalmente los “Algoritmos Genéticos”. De esta forma, de acuerdo a los problemas del algoritmo FCM que resuelven, se presentarán los distintos trabajos. En la literatura encontramos diversos algoritmos que son extensiones del algoritmo de agrupamiento FCM que solventan el criterio de agrupamiento tanto para medir la “Bondad” de las agrupaciones candidatas, usando como base distancia Euclídea, así como también el uso de distancias “Adaptativas” que detectan e identifican conjuntos con ayuda de estructuras *hiperelípticas* como la distancia Mahalanobis, Hausdorff, entre otras.

#### 4.5.5. Soluciones al problema de la partición inicial, basadas en el algoritmo de agrupamiento difuso Genético.

[68, 105]. “A Genetics-based approach to fuzzy clustering”. Estos trabajos son uno de los primeros cronológicamente encontrados por nuestra investigación, por lo que se puede entender que es la referencia básica en este terreno. La idea es resolver el problema de la partición inicial del algoritmo FCM mediante un algoritmo de tipo genético. Las características básicas del algoritmo son las siguientes:

- Población: Cada individuo está compuesto por  $c$  centroides, de forma que cada individuo es una solución completa al problema de agrupamiento.
- Función Objetivo: Es la propia  $J(U, v)$ , siendo el objetivo del algoritmo minimizar dicha función.

- Operadores genéticos: Cada paso del algoritmo realiza las operaciones de **selección, entrecruzamiento y mutación**, propias de los algoritmos genéticos. En este trabajo, la selección se realiza por “ruleta” y el entrecruzamiento y mutación se realizan tomando la codificación binaria de los individuos.

El resto de trabajos de este sub-apartado parten de algoritmos similares, si bien tienen diferencias en cuanto a la forma de codificación de los individuos, función de adaptación, etc.. En cada artículo se comentan las características más destacadas.

[137]. “**A Clustering Algorithm using Evolutionary programming**”. Lo interesante de este trabajo es el algoritmo basado en la programación evolutiva que compara con un algoritmo específico de agrupamiento para encontrar conjunto en entornos ruidosos, identificando los puntos de ruido y los agrupa en un nuevo conjunto  $c + 1$  de esta forma se definen dos métricas de distancia, la de *Mahalanobis* para los  $c$  primeros conjuntos y para el conjunto  $c + 1$  se utiliza:

$$d_{ik}^2 = \frac{\lambda}{n \cdot c} \cdot \sum_{j=1}^c \sum_{i=1}^n d_{ik}^2 \quad (4.30)$$

donde  $n$  es el número de puntos y  $\lambda$  un parámetro de ruido Gaussiano.

El resultado de la comparación es el siguiente: mientras el nivel de ruido es bajo, el rendimiento y los resultados del algoritmo genético son mejores que el FCLUST (conjunto de entornos ruidosos), con la ventaja adicional de que no se precisa inicialización. Cuando el nivel de ruido es alto, los resultados del FCLUST son mejores, si bien en cualquier caso el algoritmo genético es interesante para hallar la partición inicial.

#### 4.5.6. Soluciones al problema de la partición inicial, basadas en la metodología del algoritmo de agrupamiento difuso Evolutivo.

[Castillo, 2012] “**Optimization Fuzzy C- Means algorithm using Evolutionary Method**” En este artículo se describe un algoritmo evolutivo, basado en el FCM, que actualiza la función de distancia calculando la validez según el coeficiente de la partición. La estructura del algoritmo evolutivo es presentado en la siguiente figura (4.5):

El coeficiente de la partición es un índice que mide lo borroso o difuso que es una partición. Su definición proviene del grado de separación entre dos conjuntos borrosos

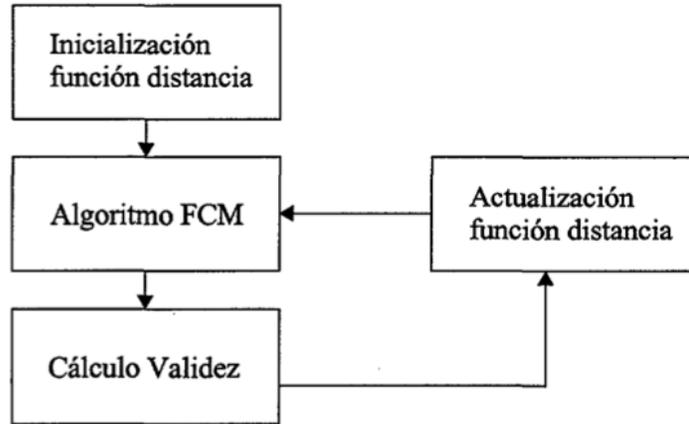


Figura 4.5: Esquema de la estructura del algoritmo evolutivo que actualiza la función de distancia.

definido por el propio Zadeh en 1965 y es:

$$F = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c u_{ik}^2 / n \quad (4.31)$$

donde  $u_{ik}$  son las funciones de pertenencia del algoritmo FCM y  $n$  es el número de puntos. El índice tiene valores comprendidos en el intervalo  $[0,1]$ , considerándose mejor si se acerca a uno (partición estricta). Por otro lado, la función distancia que se optimiza es la de Mahalanobis con matriz diagonal. En cuanto al tipo de algoritmo, este es evolutivo y no genético debido a que sólo utiliza operadores de mutación, añadiéndose a los valores de la matriz diagonal de la función distancia del ruido gaussiano. El punto más débil de este trabajo es el *índice de validez* utilizado; ya en [14].

Se dudaba de que se pudiera utilizar realmente el coeficiente de partición como índice de validez, ya que su optimización implica que la partición sea la más estricta de las posibles, no que sea la mejor. Sin embargo, y aunque haya muchas diferencias en el desarrollo del algoritmo, en este artículo se encuentra la base del método utilizado en esta tesis para solventar el problema de la forma de los conjuntos.

#### 4.5.7. Soluciones con criterio multiobjetivo basadas en el algoritmo de agrupamiento difuso FCM.

[112] “A multiobjective approach to MR Brain image segmentation.”

[104] “Multicriteria fuzzy clustering for Brain image Segmentation.”

Estos dos artículos son el núcleo fundamental en que basamos nuestros estudios para resolver en la práctica la mejor clasificación de volúmenes de tejido y poder discriminar con detalle el límite entre los tejidos subyacentes que diferencian un tumor de un tejido sano. El novedoso esquema de *agrupamiento difuso multiobjetivo genético* consta de un código propio para la segmentación de imágenes multispectrales de resonancia magnética (MRI) del cerebro humano. La técnica propuesta es capaz de forma automática, evolucionar el número de clústeres junto con el resultado del agrupamiento. Utilizando la técnica de longitud de cadena variable del agrupamiento multiobjetivo se codifican los centros de los conglomerados en cromosomas y al mismo tiempo optimiza la compacidad difusa global, así como la separación difusa entre las agrupaciones; como mencionamos en la parte final del apartado (2.2.10). En la generación final, se produce un conjunto de soluciones no dominadas, a partir de la cual la mejor solución en términos de un índice de validez  $\mathcal{J}$  propuesto recientemente en el apartado (4.5.3), es elegido para formar la solución final del agrupamiento de la siguiente forma:

$$\min \mathcal{J} = \frac{\sigma_i}{n_i} = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^{*m} D(v_i, x_k)}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^{*m}} \quad (4.32)$$

para *la compacidad difusa* (compactación difusa global), intra-clústeres. y:

$$\max \mathcal{S} = \sum_{i=1 \in C} \sum_{j=1(j \neq i)}^C u_{ik}^{*m} D(v_i, v_j) \quad (4.33)$$

para la *Separación* difusa global entre clústeres.

La longitud del cromosoma correspondiente proporciona el número de clústeres. El método propuesto se aplica en muchas simulaciones de imágenes cerebrales, ponderada en T2 y densidad protónica, en T1 de ponderada normales, y en lesión de esclerosis múltiple de imágenes de resonancia magnética.

*Así, el problema del agrupamiento difuso se ha modelado como la optimización simultánea de la compacidad difusa de los conglomerados- clústeres y la separación entre los clústeres difusos.*

En este sentido, el bien conocido algoritmo NSGA-II se ha utilizado como técnica de codificación de longitud variable de cadenas, con el fin de cubrir el número de clústeres de forma automática. Por lo tanto el algoritmo propuesto no requiere la especificación a priori de el número de grupos presentes en un conjunto de datos. La incertidumbre en la segmentación de imágenes médicas proviene de la imprecisión en los cálculos y la vaguedad de las definiciones de las clases.

## 4.6. Propuesta y consideraciones teórico-prácticas como modificaciones de mejora al algoritmo de agrupamiento FCM.

El enfoque de la mejora aplicada en esta sección se fundamenta en el hecho de que a partir de la segmentación realizada, todos los píxeles pertenecientes a la misma región seleccionada sean numéricamente similares y que su *compactación espacial* también lo sea. Por esa razón se propone incorporar al experimento la información de adyacencia difusa en la función de pertenencia, cada vez que un píxel obtenga un valor alto de pertenencia a ese grupo (clúster), debido a que en su vecindario también habrá píxeles que obtengan un valor alto de pertenencia a dicho grupo (clúster) [157], como se muestra en el figura (Fig.4.4) del apartado (4.5.3). Una función de adyacencia  $h_{ik}$  representa la probabilidad de que el píxel de  $x_k$  pertenezca a la  $i$ -ésima agrupación.  $NB(x_k)$  es el centro de una ventana cuadrada o rejilla donde el píxel  $x_k$  está ubicado en el centro de un dominio espacial, y la representamos de la siguiente forma (De la Eq.4.29):

$$h_{ik} = \sum_{k \in NB(x_k)} g_{ik}$$

A partir de este marco de referencia utilizamos dicho argumento de adyacencia para la optimización de una forma simultánea para la compactación y la separación difusa, tomando en cuenta los trabajos realizados por Wang et al., [157], que utilizó como base una ventana de  $5 \times 5$ , para describir la representación pixelar de la segmentación usando una medida inicial de similitud espacial local que determina los centroides de los clústeres, junto con una modificación de la función de pertenencia difusa basada en la alta correlación entre los píxeles inherentes, como se muestra en la Figura (4.6)

Para nuestra propuesta de investigación en esta sección experimental utilizamos para la segmentación una ventana de  $7 \times 7$  como núcleo para generar el proceso de *convolución* de la imagen original-en la fig. (4.8), de manera que se pueda filtrar el

ruido lo mejor posible de manera que obtengamos una buena intensidad lumínica que identifique los diferentes tejidos en diferentes lugares del dominio que puedan tener un aspecto de intensidad similar, como se muestra en la figura (4.7). La función de pertenencia modificada para el píxel actual, que incluye la información espacial, (De la Eq.4.27), y (De la Eq.4.28), de manera que, usando la función de adyacencia podemos incluir la información espacial como mencionamos anteriormente, para que:

$$g_{ik} = \begin{cases} 1 & \text{if } u_{ik} \geq u_{lk} \\ 0 & \text{Otherwise} \end{cases} \quad (4.34)$$

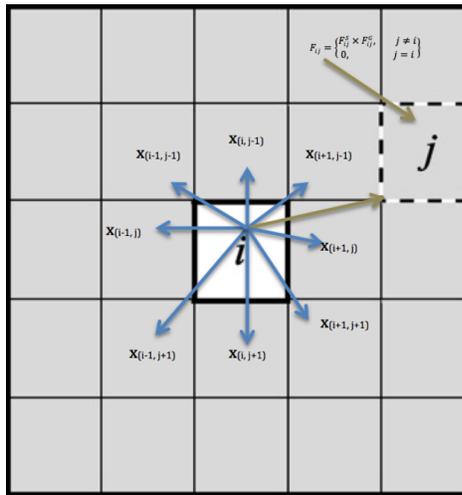


Figura 4.6: Representación gráfica de una ventana de imagen local que muestra el vecindario de un píxel y la relación espacial con un píxel adyacente, y la relación de nivel de gris local.

De manera que el vector resultante en el contexto de optimización multiobjetiva, resuelva la situación de representar la solución óptima a la mayoría de las funciones objetivas, usando para ello el concepto subyacente de simultaneidad de la Compactación difusa global  $\mathcal{J}$  junto con la Separación difusa global  $S$ . Utilizamos para ello la metodología basada en el Algoritmo Genético de clasificación no-dominada (NSGA-II-Non-dominated Sorting Genetic Algorithm), que tiene como base el concepto de codificación de longitud cromosómica variable que automáticamente evoluciona el número de clústeres con ayuda de operadores genéticos especiales. Este algoritmo NSGA-II posee dos características que lo hacen uno de los principales y más importantes Algoritmos Genéticos Multi-Objetivo: Una es la asignación del *fitness* basada en el *ranking del Pareto j* junto con el operador de crowding; y la otra es el procedimiento de actualización de cada generación a través del *elitismo*. Este algoritmo, cuya primera versión se apoya en algoritmos genéticos es clasificado como de tipo elitista, ya que incorpora un

mecanismo de preservación de las soluciones dominantes a través de varias generaciones de un algoritmo genético. El proceso se inicia a partir de un conjunto de tamaño  $N$  de soluciones (Padres) obtenidas al azar o a través de un constructivo suave. Las siguientes generaciones son determinadas usando mecanismos modificados de selección, cruzamiento y mutación definidos por el algoritmo genético clásico.

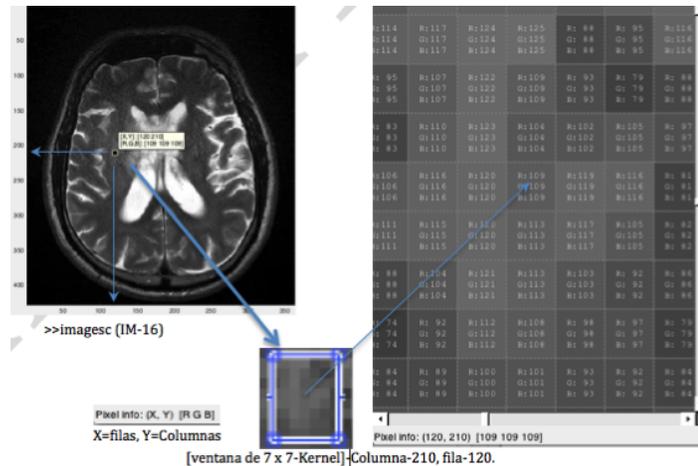


Figura 4.7: Ventana de  $7 \times 7$  mostrando un corte consecutivo axial de una imagen de resonancia magnética con tumor.

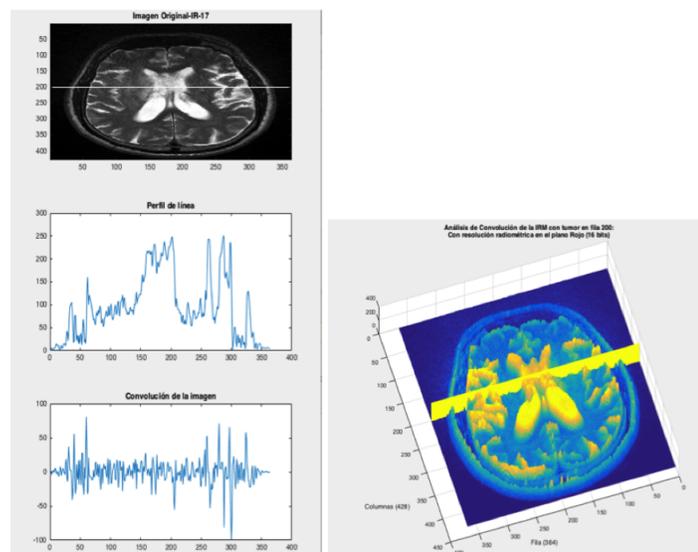


Figura 4.8: Proceso de convolución de la imagen con un kernel  $3 \times 3$  que identifica los píxeles (línea horizontal) y su representación en 3D.

### 4.6.1. Soluciones con criterio multi-objetivo basadas en el algoritmo de agrupamiento FCM.

Normalmente, las metodologías de optimización se concentran en adecuar un conjunto de elementos de manera que se mejore el resultado dado por una función objetivo. Sin embargo los problemas reales involucran otra serie de objetivos que pueden ser de tanto interés como el que se optimizó, e incluso ser tan relevantes y conflictivos que harían inviable la solución obtenida. La optimización multi-objetivo basada en técnicas evolutivas es una meta heurística que surgió con el fin de resolver este tipo de problemas, caracterizada por ser capaz de obtener un conjunto de soluciones, con los mejores compromisos entre los objetivos optimizados (frente óptimo de Pareto). Entonces, formulamos la optimización multiobjetivo de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
 & \min/\max \quad f_m(x) \quad m = 1, 2, \dots, M \\
 \text{si} \quad & g_i(x) \geq 0 \quad i = 1, 2, \dots, I \\
 & h_k(x) \geq 0 \quad k = 1, 2, \dots, K \\
 & x_j^L \leq x_j \leq x_j^U \quad j = 1, 2, \dots, J
 \end{aligned} \tag{4.35}$$

De esta forma, lo que se busca es encontrar un vector de variables de estado  $x = (x_1, x_2, \dots, x_j)$  que cumpla con el conjunto de restricciones y donde las funciones objetivos resultantes sean optimizadas. El espacio de solución, representado por todas las combinaciones posibles en el valor de las variables, genera un segundo espacio vectorial conocido como *Espacio Objetivo* y denotado por  $f_n(x) = z = (z_1, z_2, \dots, z_M)$ . Cuando se trata con problemas de optimización mono-objetivo una alternativa de solución se considera mejor que otra si produce una solución objetivo de menor valor para el caso de minimización, o de mayor valor para el caso de maximización. Pero en los problemas multiobjetivo este criterio debe ser revaluado, ya que se considera al mismo tiempo funciones de minimizar y funciones de maximizar. Además, el orden de magnitud de cada función puede ser diferente, haciendo inviable una comparación directa; como se muestra en la figura (4.9).

Por tanto, los algoritmos multiobjetivo introducen el *operador de Dominancia*, el cual define que una solución  $x(1)$  domina otra solución  $x(2)$  si se cumplen las siguientes condiciones:

- La solución  $x(1)$  no es de menor calidad que  $x(2)$  en todos los objetivos.
- La solución  $x(1)$  es estrictamente mejor que  $x(2)$  en al menos uno de los objetivos.

Aplicando iterativamente estas reglas sobre un conjunto cualquiera de soluciones de

un problema de optimización multi-objetivo, se puede establecer cuáles son las alternativas dominantes, conocidas como *Conjunto No Dominado*. Las soluciones restantes forman parte del *Conjunto de Soluciones Dominadas*. Si se logra establecer cuál es el conjunto de Soluciones Dominantes a través de todo el espacio objetivo, entonces se habla de *Frente óptimo de Pareto*.

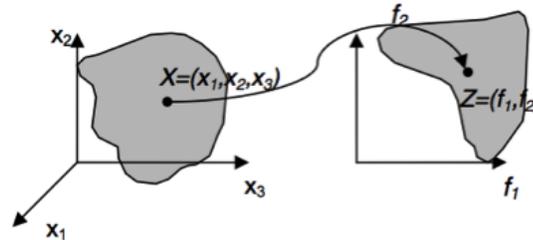


Figura 4.9: Representación del espacio de solución y su correspondiente Espacio Objetivo.

El método discutido por Kung en [38], descrito en el diagrama de flujo de la figura (4.10), propone una división recursiva de la población y es considerado en la literatura especializada como el método computacionalmente más eficiente. El primer paso consiste en ordenar descendientemente la población  $P$  según la importancia del valor de la primera función objetivo. Posteriormente, la población es dividida en dos subpoblaciones  $I$  (izquierda) y  $D$  (derecha) de forma recursiva (ver líneas 5 y 6 del código mostrado en la tabla de la fig 4.11). Lo anterior implica que la subpoblación  $I$  es de mejor calidad que la  $D$  desde el punto de vista de la primera función objetivo. Así, es posible verificar el criterio de dominancia, respecto a la segunda función objetivo, entre la subpoblación  $D$  y la  $I$  (el proceso es aplicable para problemas con más de dos funciones objetivo). Las soluciones de  $D$  que no son dominadas por cualquier miembro de  $I$  son combinadas con los miembros de  $I$  para formar una población no dominada  $M$  (ver líneas 9 y 16 del diagrama de flujo en la Fig 4.11). La conformación de la población  $M$  y la verificación de dominancia tienen lugar en el momento en que el tamaño de  $I$  y de  $D$  sea igual a 1, es decir, hasta que las divisiones recursivas de las subpoblaciones permitan comparar sólo un individuo de la población  $I$  con uno de la población  $D$ . El diagrama de flujo de la Figura (4.10) ilustra la discusión anterior considerando la definición de los siguientes parámetros:

- **V**: Matriz que contiene los valores de todas las funciones objetivo para cada uno de los individuos de la población.
- **P**: Vector que contiene el número de cada individuo y corresponde a la primera columna de la matriz Población.

- **N**: Número de individuos de una población.
- **M**: Número de funciones objetivo del problema.
- **TipoOpt**: Vector que define el tipo de optimización (minimización = 0 ó maximización = 1) de cada una de las funciones objetivo. Por ejemplo,  $TipoOpt = [0, 1]$  significa que  $F_{obj1}$  es de minimización y  $F_{obj2}$  es de maximización.

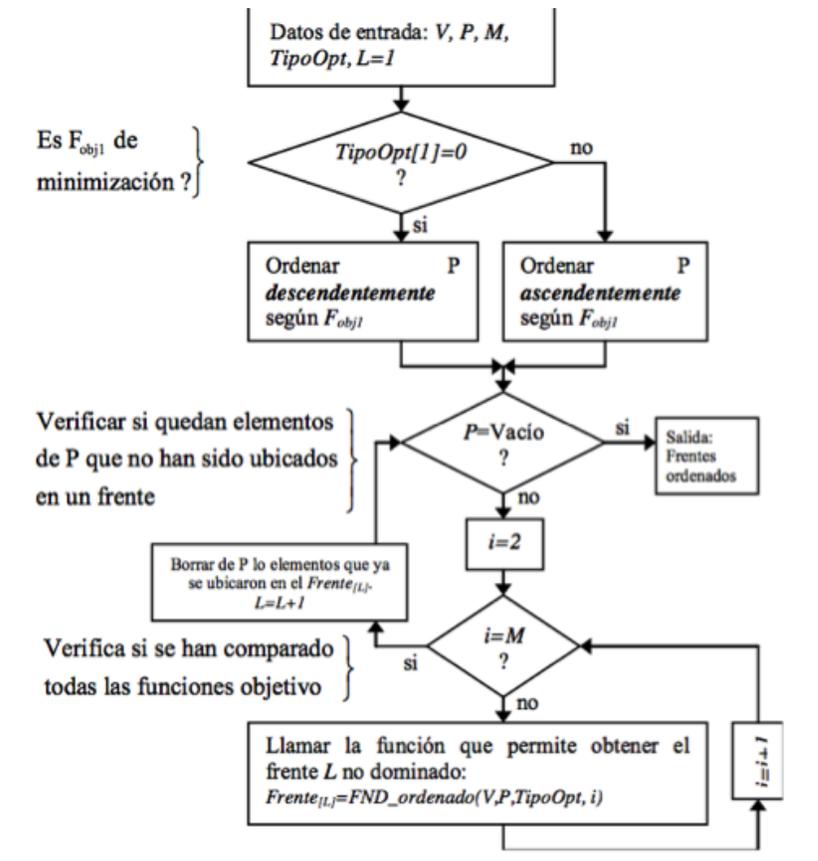


Figura 4.10: Diagrama de flujo del método de Bisección Recursiva. (Fuente: Deb, 2001)

Este algoritmo, además de entregar el conjunto de soluciones dominantes, permite organizar las soluciones en frentes que indican el nivel o rango de dominancia que posee una alternativa frente a las demás. Así por ejemplo, para la población mostrada en la tabla de la figura (4.11), se obtienen los resultados mostrados en la gráfica de la misma figura (4.11). Si se quieren obtener los demás frentes, correspondientes a los individuos que no hacen parte del conjunto no dominado, el procedimiento consiste en retirar de la población los individuos que ya han sido ubicados en un frente y repetir el proceso de bisección recursiva. Los algoritmos multiobjetivo requieren para su desarrollo de métodos matemáticos de optimización sobre una población de soluciones, por lo que se ha

Vector P	Matriz [V]	
Individuo	Fobj1	Fobj2
1	0.2285	11.5128
2	0.3902	7.4299
3	0.7559	7.1822
4	0.1688	28.4664
5	0.457	11.8462
6	0.4078	8.0556
7	0.3727	7.7673
8	0.1195	26.9118
9	0.7348	6.5577
10	0.2813	8.2604
11	0.6785	3.863
12	0.8121	3.5582

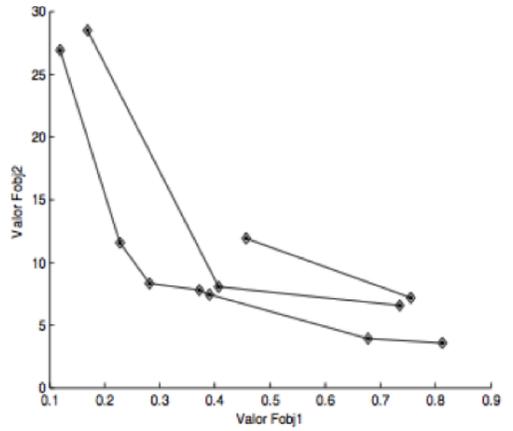


Figura 4.11: Tabla de población de individuos y su gráfica, que muestra la organización en Frentes de Dominancia de las alternativas de solución.

encontrado en los algoritmos genéticos una propuesta firme, dadas sus características de diversidad y confiabilidad. Sin embargo se debe mantener una mente abierta y posibilitar el uso de otros mecanismos tales como la Optimización por Colonia de Hormigas ACO (Ant Colony Optimization), ó la Optimización por Enjambre de Partículas PSO (particle swarm optimization).

- **Proceso de selección, cruzamiento y mutación:** Sobre la población actual (Padres) son seleccionadas N parejas de soluciones escogidas aleatoriamente. Cada pareja compite en un torneo donde gana la alternativa que pertenezca al rango de mejor calidad. Si las alternativas en competencia pertenecen al mismo frente, entonces gana la que introduzca un mayor grado de diversidad al conjunto en construcción. Los vencedores de cada torneo son los únicos facultados para obtener descendencia, el cruzamiento y mutación se manejan de igual forma al mostrado por el algoritmo genético clásico. De esta manera, lo que se espera es que la información genética de las alternativas dominantes esté presente en las siguientes generaciones y atraiga al resto de la población hacia sus vecindades.
- **Operador de Apilamiento:** Los Algoritmos multi-objetivos buscan encontrar el mayor número posible de soluciones que pertenezcan al “frente de Pareto”. Por tanto, es necesario que la población se mantenga tan diversa como sea posible. El operador de apilamiento permite cuantificar el espacio alrededor de una alternativa que no se encuentra ocupada por ninguna otra solución. Para esto se debe calcular el perímetro del cuboide formado por las soluciones vecinas que poseen el mismo rango de dominancia que la alternativa  $i$ , lo cual se describe por medio de la ecuación (4.36) como:

$$d_i = \sum_{m=1}^M \left| \frac{f_m^{(I_m^{m+1})}}{f_m^{max} - f_m^{min}} \right| \quad (4.36)$$

Donde  $I^m$  es un vector que indica la alternativa de solución vecina a una alternativa  $i$ ,  $f_m^{max}$  y  $f_m^{min}$  son los valores máximo y mínimo sobre todo el **espacio de solución** de la función objetivo  $m$ , y  $M$  es el número de funciones objetivo optimizadas.

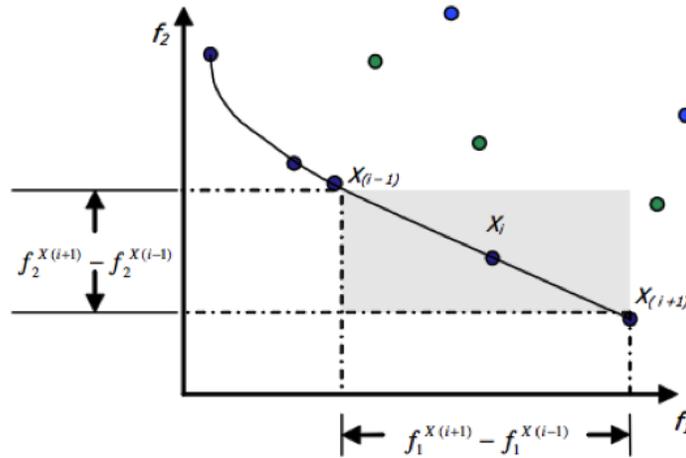


Figura 4.12: Distancia de Apilamiento para la alternativa de solución  $x_i$

Por ejemplo para el caso de la figura (4.12), con dos funciones objetivo y tres rangos de dominancia para las 10 alternativas mostradas, el semiperímetro del área sombreada está dado por medio de la ecuación (4.37) como:

$$d_i = \left| \frac{f_1^{x(i+1)} - f_1^{x(i-1)}}{f_1^{max} - f_1^{min}} \right| - \left| \frac{f_2^{x(i+1)} - f_2^{x(i-1)}}{f_1^{max} - f_1^{min}} \right| \quad (4.37)$$

De esta manera se puede afirmar que para un conjunto de soluciones en competencia, la alternativa que introduce el mayor nivel de diversidad es aquella con la mayor distancia de apilamiento dada por la ecuación anterior.

■ **Selección por torneo según operador de apilamiento ( $> c$ ):**

Este procedimiento reemplaza la selección usada en el algoritmo genético tradicional. Consiste en comparar dos soluciones que poseen, cada una, dos atributos:

- Un rango de no dominación  $r_i$ . Según el frente de Pareto.

- Una distancia local de apilamiento  $d_i$ .

La selección retorna la solución ganadora  $i$  basándose en dos criterios fundamentales:

- Si tiene mejor rango:  $r_i < r_j$ .
  - Si tiene el mismo rango, pero  $i$  tiene mejor distancia de apilamiento:  $d_i > d_j$ .
- **Determinación del conjunto Descendiente final:** Antes de finalizar una generación del algoritmo se ejecuta un proceso de preselección y preservación de las soluciones de élite, que consiste en reunir el conjunto de soluciones Padres y los descendientes obtenidos por medio de los operadores de *selección*, *cruce* y *mutación*. De esta manera la población actual aumenta al doble de los individuos de la población inicial. Para ello es necesario clasificar el conjunto completo en sus respectivos frentes de dominancia y preservar los individuos que pertenezcan a los frentes de mejor calidad, tal como se ilustra en La Figura (4.13). Si no es posible ingresar todas las alternativas de un frente determinado, entonces son eliminados aquellos individuos con una menor distancia de apilamiento dada por la ecuación (4.37).

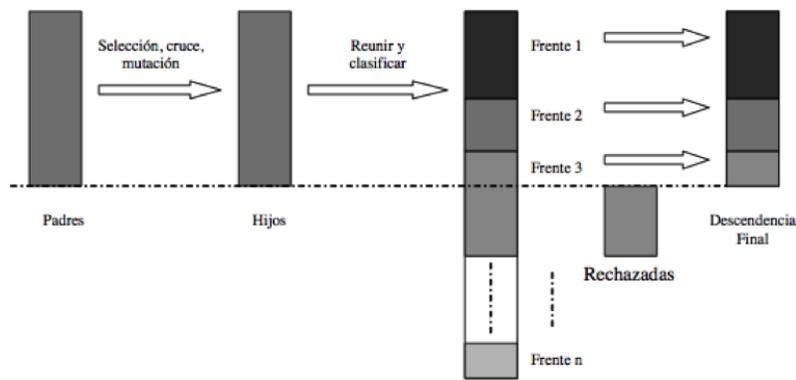


Figura 4.13: Representación gráfica del proceso de determinación de una nueva población.

■ **Seudo-código del Algoritmo NSGA-II:**

1. Generar una población P de tamaño N.
2. Identificar los frentes de dominancia evaluando la distancia de apilamiento en cada frente.
3. Reunir Padres e Hijos en un conjunto de tamaño 2N y clasificar los frentes de Dominancia.

4. Determinar el conjunto descendiente final seleccionando los frentes de mejor rango. Si se supera el límite de población  $N$ , se eliminan las soluciones con menor distancia de apilamiento en el último frente seleccionado.
5. Si se cumple el criterio de convergencia; fin del proceso. De lo contrario retornar al paso 3.

Es importante mencionar en este apartado que se ha tomado en cuenta para nuestra investigación que la correlación lineal que hay entre los patrones encontrados puede provocar distorsiones en las medidas de distancia que determinen la cercanía o lejanía de los datos con respecto a su centroide, que a su vez caracteriza una misma etiqueta como elemento de un mismo grupo. Esto se logra mediante la aplicación de la ***distancia de Mahalanobis***, como metodo efectivo de solución al problema de la correlación en la forma hiperesférica de los conjuntos detectados. De esta manera con ayuda de los algoritmos de agrupamiento difuso, cuya función objetivo es generada a partir del agrupamiento difuso de  $c$ -medias FCM y del Algoritmo Genético (elitista), hace posible el cálculo exacto de los centroides con la cantidad de píxeles segmentados a los centros de gravedad encontrados (en las imágenes de resonancia magnética). No obstante, al algoritmo de agrupamiento no Euclídeo genético difuso multidimensional presentado en esta tesis se le mejora la definición de ***hiperelipses paralelas a los ejes de coordenadas***; que se corresponden con los parámetros elegidos de la extracción de características, dejando como nulos los coeficientes de la matriz  $Z$  que no pertenecen a la diagonal principal. Este hecho se debe principalmente a dos motivos:

- ● En muchos problemas de agrupamiento es suficiente con este tipo de hiperelipses (e incluso con las hiperesferas), ya que los conjuntos a detectar se pueden asemejar a estas figuras.
- La situación principal es que el número de coeficiente puede ser muy elevado, sobre todo si hay muchas dimensiones. Además, habría que comprobar la convergencia del algoritmo cuando se traten de optimizar todos estos coeficientes.

El problema es más de índole práctica que teórica, por lo que, para algunos problemas de agrupamiento, esta mejora es muy necesaria. La demostración de la convergencia es otro punto muy interesante. Además gracias a que contamos con una poderosa herramienta de programación como lo es el producto MATLAB y con un buen procesador, podemos hacer las iteraciones de los algoritmos tanto FCM como Genético sorteando la situación de costo vs iteración como mencionamos anteriormente.

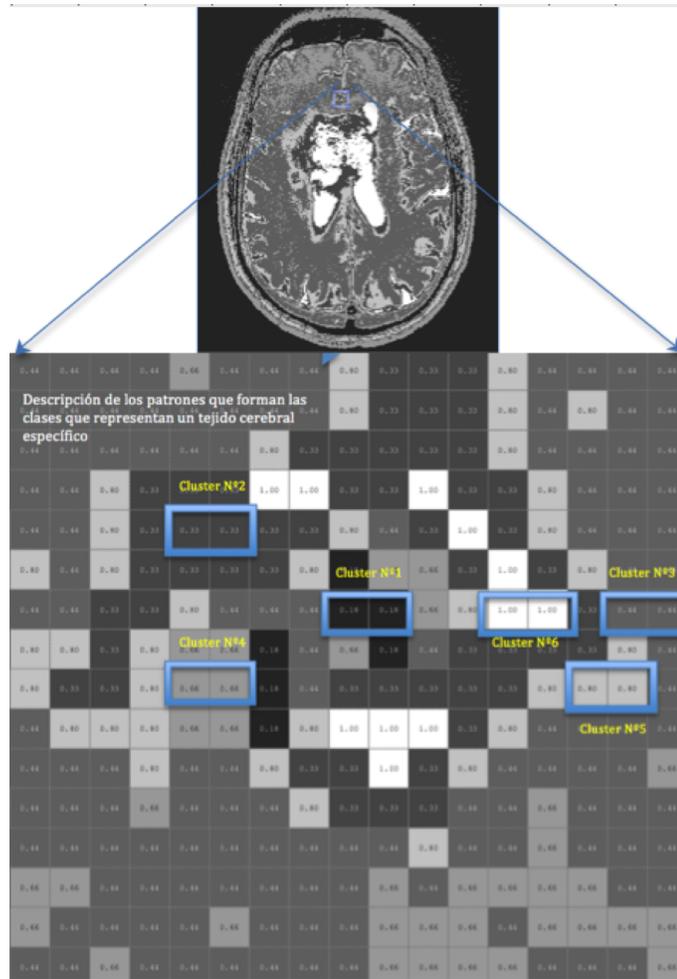


Figura 4.14: Descripción de los patrones que forman los clústeres o conglomerados que determinan a las clases que representan un tejido cerebral sano o patológico.

Para ello cada cúmulo o agrupamiento de datos a partir de las imágenes médicas en estudio, sirven de marco de referencia para los datos de entrada en el análisis combinatorio y para el marco de referencia híbrido elegido de los algoritmos que se han de utilizar. En un marco representativo podemos mostrar un ejemplo de agrupamiento de cúmulos de datos como se aprecia en la Figura (4.14). En la Figura (4.15) se muestra cómo la mejora del algoritmo Genético influye en la ubicación y determinación de dichos cúmulos.

Para concluir en la figura (4.16) se muestra una gráfica representativa de la forma hiperesférica de los conjuntos extraídos para la aproximación de la matriz de pertenencia de los clústeres ó cúmulos representativos del agrupamiento difuso genético. Para el caso de la optimización de la convergencia de los algoritmos propuestos en esta tesis, el mismo se desarrollará en el capítulo posterior referente

a la evaluación y resultados.

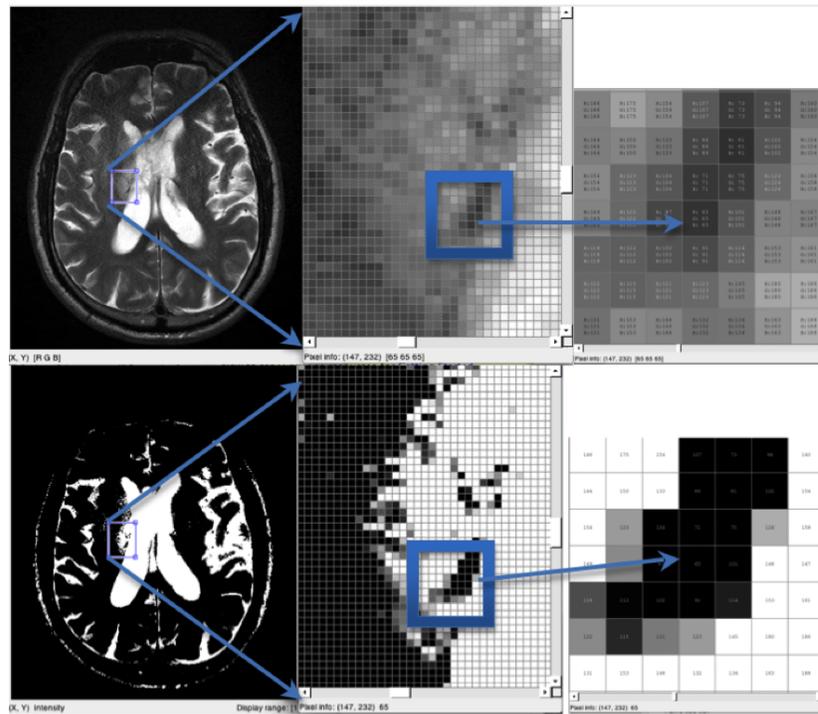


Figura 4.15: Resultado de la optimización de la función multiobjetivo mediante una distancia adaptativa con los algoritmos de agrupamiento difuso Genéticos.

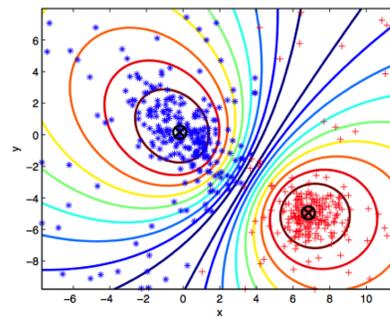


Figura 4.16: Representación gráfica de dos cúmulos de datos generados por la matriz de pertenencia  $U$ , y la aproximación de pertenencia se basa en una distancia adaptativa como Gustavson y Kessel.

---

## Capítulo 5

# Análisis y resultados experimentales de los Algoritmos de agrupamiento difuso modificado c-medias MFCM, y los algoritmos Genéticos en la segmentación de imágenes de resonancia magnética con tumor.

### 5.1. Segmentación por umbralación y ajuste de nivel de contorno activo de imagen con corte consecutivo axial de resonancia magnética.

La imagen segmentada obtenida por el proceso de agrupamiento difuso con los algoritmos MFCM + AG, se introduce como argumento de entrada para ser binarizada con la técnica de “umbral inverso enmascarado”, así obtenemos subregiones con límites continuos que luego serán filtrados. La imagen resultante es una primera localización de la región de interés ROI; luego se le aplica una máscara a la zona de tejido tumoral (área hiperintensa, con color identificativo como se muestra en la Fig (5.1)).

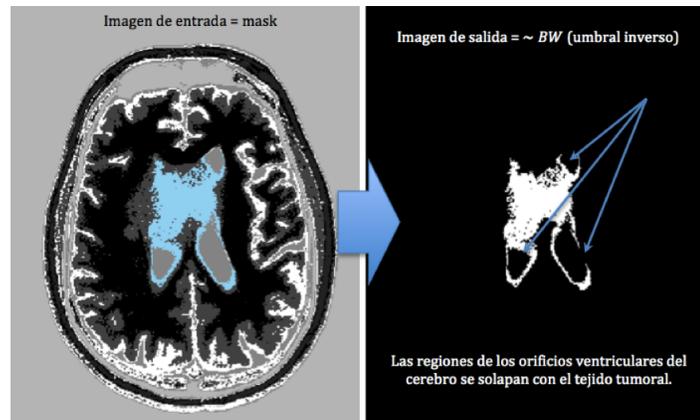


Figura 5.1: imagen previa segmentada con los algoritmos MFCM + AG a la que aplicamos la técnica de umbral inverso enmascarado.

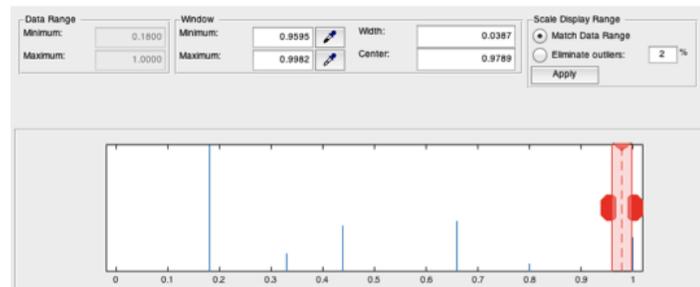


Figura 5.2: Histograma ecualizado de la imagen con umbral 0,9789

En la fig (5.2), se muestra el histograma ecualizado de la imagen segmentada que hemos binarizado con un umbral preestablecido en 0,9789 insertado manualmente (Se puede usar botones automáticos con la herramienta de “imtool”). A continuación las líneas de comando en MATLAB<sup>®</sup>.

- $mask = im > 0,9789;$
- $im = \sim BW(umbral \ inverso);$

Obtenemos una primera localización de la Región de interés ROI aplicando una máscara a la zona de tejido tumoral (área hiperintensa).

Luego hacemos el ajuste de nivel de contorno activo en forma de curvas cerradas modificándolas de forma iterativa mediante la técnica shrink/expansion, de acuerdo a las restricciones de cada paso, ver Fig (5.3).

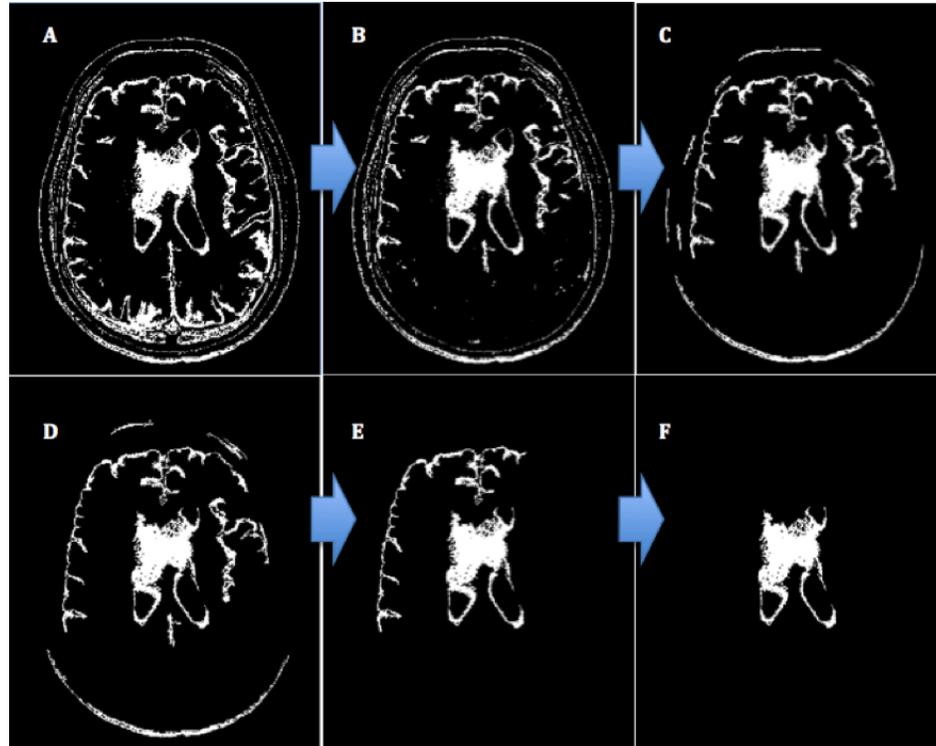


Figura 5.3: Ajuste de nivel de contorno activo paso a paso con la técnica shrink/expansion

A continuación mostramos las líneas de comando correspondiente al ajuste de nivel de contorno con la técnica shrink/expansion:

- $BW = bwareafilt(mask, [Número \quad Inf]);$
- $maskedImage = im;$
- $maskedImage(\sim BW) = 0;$

## 5.2. Extracción de características para la clasificación y validación.

A la imagen de salida con umbral inverso le extraemos componentes a partir de la binarización cuando se hizo el filtrado por áreas, extrayendo de la máscara de la imagen **los descriptores** como se muestra en la fig (5.4):

En nuestro caso usaremos los valores *paramétricos globales* y valores *topológicos* que forma parte de la información contenida en la colección de imágenes DICOM del corte

consecutivo axial que presenta el tumor, y que son 8: Área, Excentricidad, Diámetro equivalente, El número de Euler, cociente de las longitudes de los ejes Mayor y Menor de la región, Orientación y Perímetro.

Utilizaremos 4 base de datos con cortes seccionales consecutivos axiales en canales T1, T2, y un casos de corte sagital para fluido oscuro, extraídas desde un repositorio online de imágenes de resonancia magnética de OsiriX-Lite<sup>®</sup> por medio de la interface de MATLAB<sup>®</sup>.

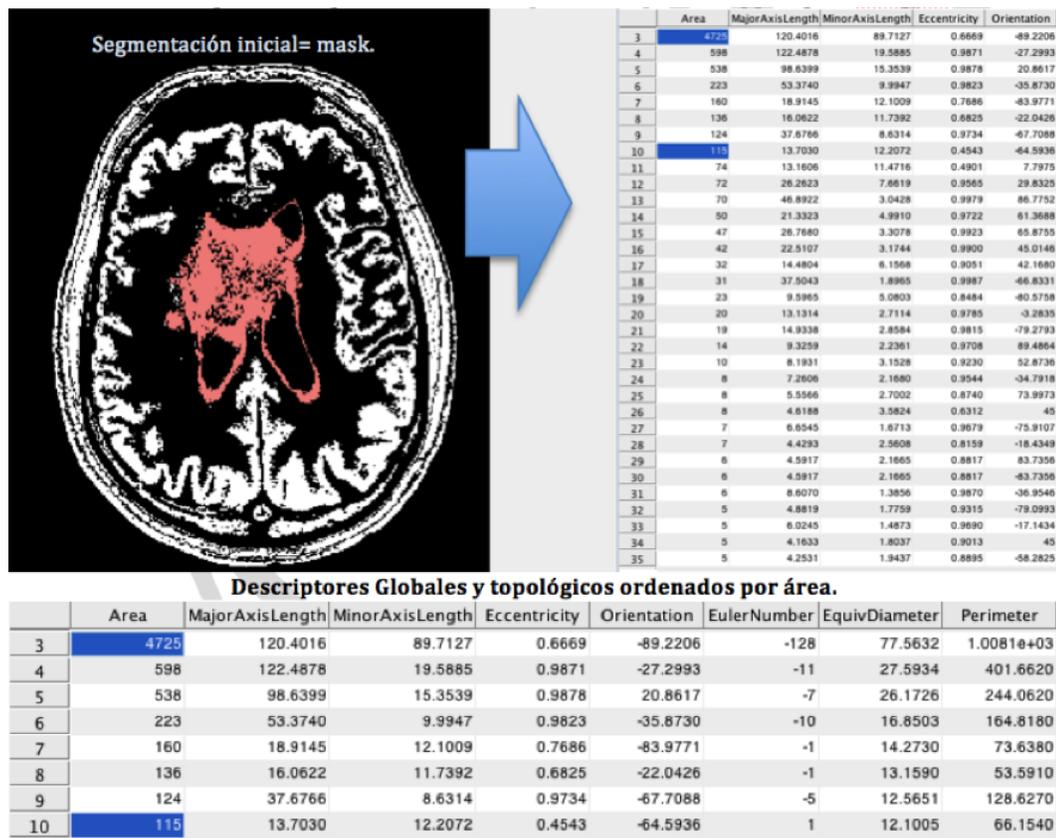


Figura 5.4: Imagen binarizada con región de interés para la extracción de descriptores paramétricos globales y topológicos.

- $D_{s1}$  = t1-fl2d-tra-10\_imadjust (29 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_I$ -20.
- $D_{s2}$  = T1-se-extrp -70\_imadjust (22 slices)-corresponde al tumor del corte—  $S_I$ -10.
- $D_{s3}$  = t2\_tirm\_cor-dark-fluid-fs\_imadjust (29 slices)-corresp. tumor del corte—  $S_I$ -20.
- $D_{s4}$  = MPR Range\_1 -18\_imadjust (60 slices)-correspo. al tumor del corte—  $S_I$ -25.

En la página anterior se describen los 4 **Data Sets** utilizados en nuestra investigación. Así que para esta etapa de extracción de características se utilizó un sólo corte (slice) de un *Data set* (corte N°20 del Data set N°1), para generar las tablas con los valores de los descriptores globales y topológicos que se ven en la figura (5.4). A continuación mostramos algunas líneas de comando usadas para crear las tablas. En la Fig (5.5) se aprecia con más detalle la distribución de la imagen a nivel de píxeles.

- `BW_out = BW_in;`
- **% Obtener las caractersticas.**
- `properties = regoinprops(BW_out, {'Area', 'Eccentricity', 'EquivDiametr',  
'EulerNumber', 'MajorAxisLength', 'MinorAxisLength', 'Orientation', 'Perimeter'})`
- **% Ordenar las caractersticas.**
- `properties = sortProperties(properties, 'Area');`
- **% Descriptores para el tejido tumoral [PropsStruct, PropsTable]**
- `% properties = struct#table(properties);`
  
- `function properties = sortProperties, sortField;`

El concepto de similitud es importante para definir los grupos en una base de datos, la medida de similitud que hay entre dos patrones dibujados en el mismo espacio de características, es esencial para la mayoría de los procedimientos de agrupamiento.

La definición de grupos para conjuntos de datos no etiquetados, consiste en determinar distancias de cercanía, o de lejanía, de un dato hacia los distintos prototipos (centro de grupo ó centroides) que se tengan, de tal manera que los datos más cercanos entre sí, a un valor representativo correspondiente al centro del grupo, son caracterizados con una misma etiqueta o como elementos de un mismo grupo. Como puede adivinarse el concepto de grupo está íntimamente relacionado con el de clase.

La distancia métrica más popular para un conjunto de datos numéricos continuo es la *distancia Euclidiana*. Muy importante tomar en cuenta para nuestra investigación, es que la correlación lineal que hay entre los patrones puede provocar que haya distorsiones en las medidas, esta distorsión puede ser aliviada utilizando la distancia de *Mahalanobis* (al cuadrado).

El análisis se extendió para verificar la mejora en la incorporación de los Algoritmos de agrupamiento difusos Genéticos en el cálculo de los centroides con la cantidad de píxeles segmentados y los centros de gravedad.



Figura 5.5: Obtención de los descriptores con valores nominales generados en estructuras de tablas, que representan el contorno del tumor.

La distancia métrica más popular para un conjunto de datos numéricos continuo es la *distancia Euclidiana*. Muy importante tomar en cuenta para nuestra investigación, es que la correlación lineal que hay entre los patrones puede provocar que haya distorsiones en las medidas, esta distorsión puede ser aliviada utilizando la distancia de *Mahalanobis* (al cuadrado).

El análisis se extendió para verificar la mejora en la incorporación de los Algoritmos de agrupamiento difusos Genéticos en el cálculo de los centroides con la cantidad de píxeles segmentados y los centros de gravedad.

Se obtienen gráficas representativas de análisis de similaridad inter-clúster y de similaridad intra-clúster como se muestra en las Figuras (5.6),(5.7) y (5.8).

También se aplica un análisis de rendimiento de los algoritmos utilizados con respecto a la Función Objetivo (para los casos multi-objetivos), del estudio realizado con ayuda del Algoritmo de agrupamiento difuso modificado, y el Algoritmo de agrupa-

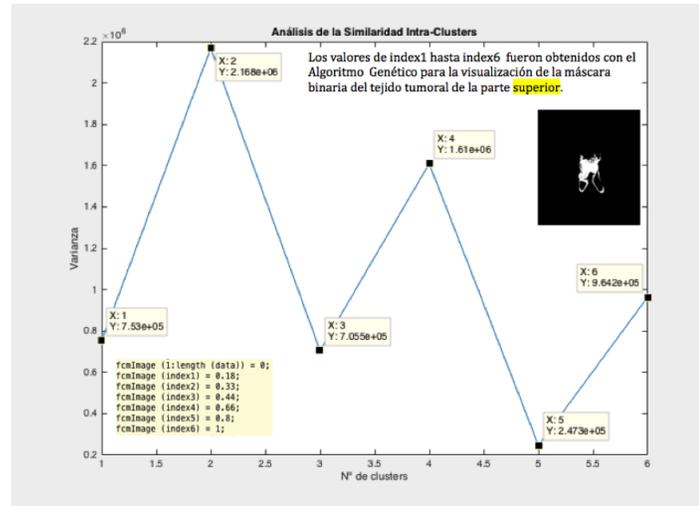


Figura 5.6: Análisis de similitud Intra-clústeres.

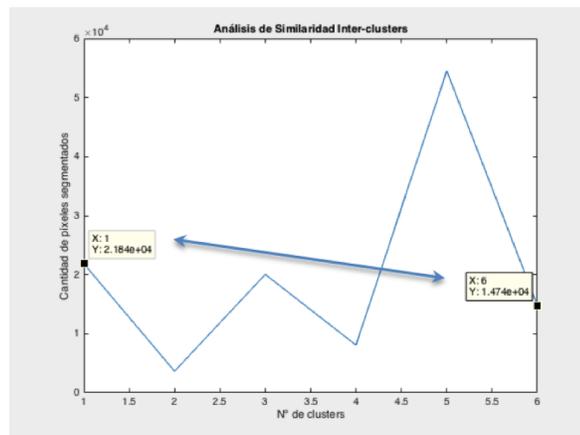


Figura 5.7: Análisis de similitud Inter-clúster.

miento difuso Genético, respectivamente. En la figura (5.9) mostramos la gráfica de rendimiento del Algoritmo FCM modificado.

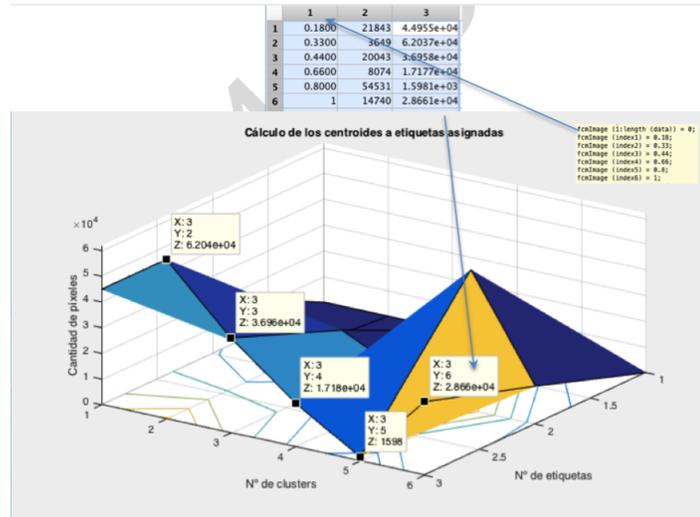


Figura 5.8: Gráfica representativa del cálculo de los centroides a las etiquetas asignadas luego de la mejora con el algoritmo genético.

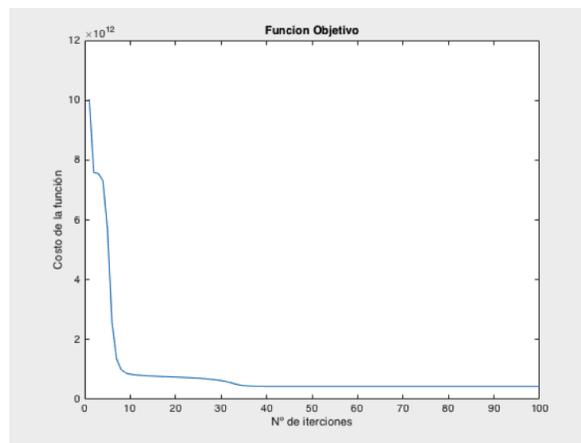


Figura 5.9: Gráfica de la Función Objetivo, que muestra el costo de la función versus cantidad de iteraciones.

### 5.3. Diseño del Clasificador y evaluación de la calidad de la segmentación.

Los descriptores recopilados en la sección anterior son la base fundamental que constituyen la entrada a las máquinas de aprendizaje. Estos patrones serán utilizados para entrenar al clasificador. La imagen analizada con los valores paramétricos obtenidos en formato de tablas se guarda como una máscara binaria exportable para ser utilizados como parámetros de entrada, de manera que se pueda discriminar los diferentes tejidos a estudio patológico.

### 5.3.1. Entrenamiento del algoritmo de clasificación y obtención de resultados

Un único clasificador no permite separar los grupos de una manera óptima. Es por eso que en este trabajo se plantea estudiar diversos algoritmos de clasificación para analizar una categorización en paralelo que permita determinar mediante más de un algoritmo si una hiperintensidad pertenece a **un tumor o no**. La salida de estos algoritmos, que llamaremos clasificadores debiles, serán la entrada de un sistema de clasificación final que asigna pesos a cada entrada y que será el que finalmente clasifique el caso como tumor o no tumor constituyendo un clasificador fuerte.

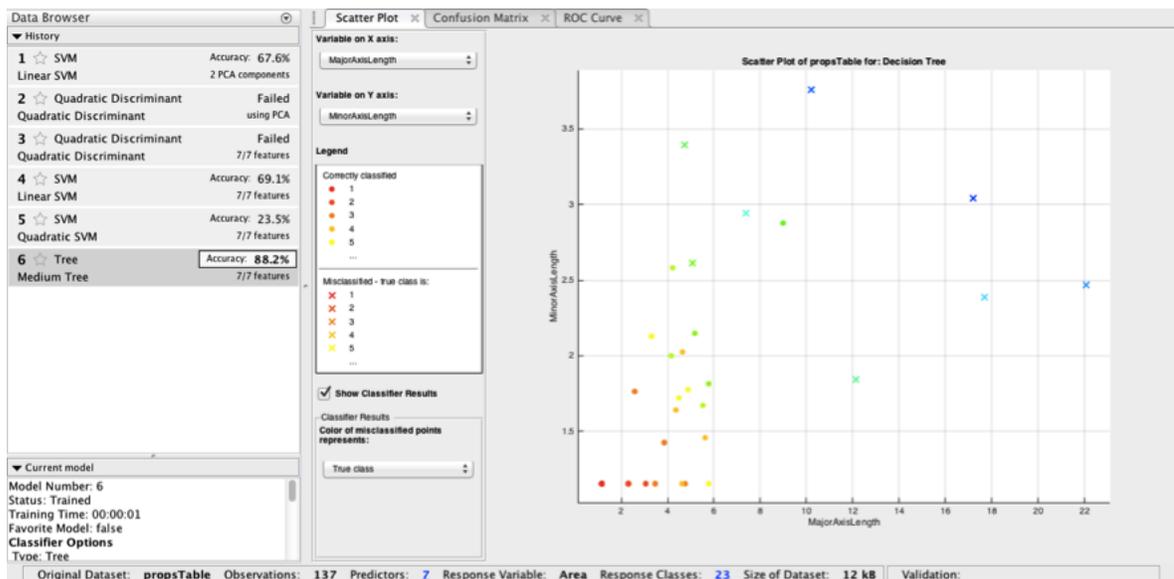


Figura 5.10: Gráfico de Dispersión de los parámetros de ejes Mayor y menor para la función de Árbol de decisión gerárquico.

Para entrenar al sistema antes mencionado se dividió la totalidad de los datos en dos grupos de los 4 Data sets tomados (que contienen imágenes con cortes de cerebro normal y con cortes de cerebro con tumor) , con el fin de tener un grupo de entrenamiento y otro de validación y adicionalmente entrenar al clasificador final con un conjunto de datos (grupo validación) distinto al del entrenamiento de los clasificadores primarios.

El entrenamiento del clasificador final con casos distintos a los de entrenamiento de clasificadores primarios permite al clasificador final ajustar las predicciones de los algoritmos precedentes y por tanto ser más robusto para la clasificación de casos nunca vistos.

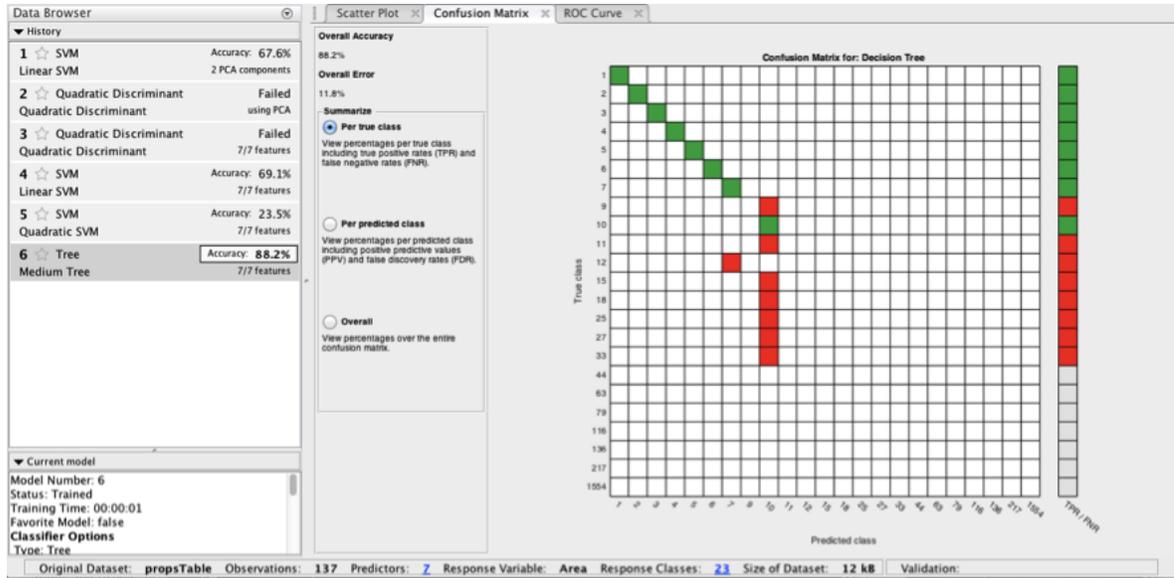


Figura 5.11: Gráfico de la Matriz de Confusión para la función de Árbol de decisión del parámetro ejes mayor y menor.

Cabe mencionar que para este trabajo de investigación se utilizaron varias funciones, debido a que los valores paramétricos elegidos permiten una innumerable variabilidad de posibles combinaciones entre dichos parámetros para obtener una clasificación fuerte; ésto con ayuda de MATLAB<sup>®</sup>. Las funciones elegidas para uno de los casos fueron: Función Cuadrática (que falló), Máquina de soporte vectorial, y Árbol gerárquico.

Mostramos en la figura (5.10) una de las combinaciones hechas con los patrones; en este caso el cociente de la longitud de los ejes mayor y menor de la región junto a su *gráfico de dispersión* (mostrando una precisión del 82 %).

En la Figura (5.11) se aprecian los resultados gráficos representativos de la *Matriz de confusión*.

En la Figura (5.12) apreciamos los resultados gráficos representativos de *la Curva ROC*.

En este trabajo se ha propuesto el uso de algoritmos híbridos de agrupamiento FCM para la segmentacion de imagenes digitales, tambien se ha propuesto un novedoso metodo para en encontrar sub-grupos, en donde se encuentran los pixeles mas atípicos de cada una de las regiones en las que se ha segmentado una imagen, y que por su numero de píxeles son muy difíciles de identificar. En un primer ejemplo se mostró la segmentación y sub-segmentación de la imagen, en la que identificamos las imperfecciones que caracterizan a los píxeles de un tumor. En un segundo ejemplo se realizaron las segmentación y sub-segmentación de imagenes de tejido subyacente para la identificación de tumor, edema, tejido sano y fondo.

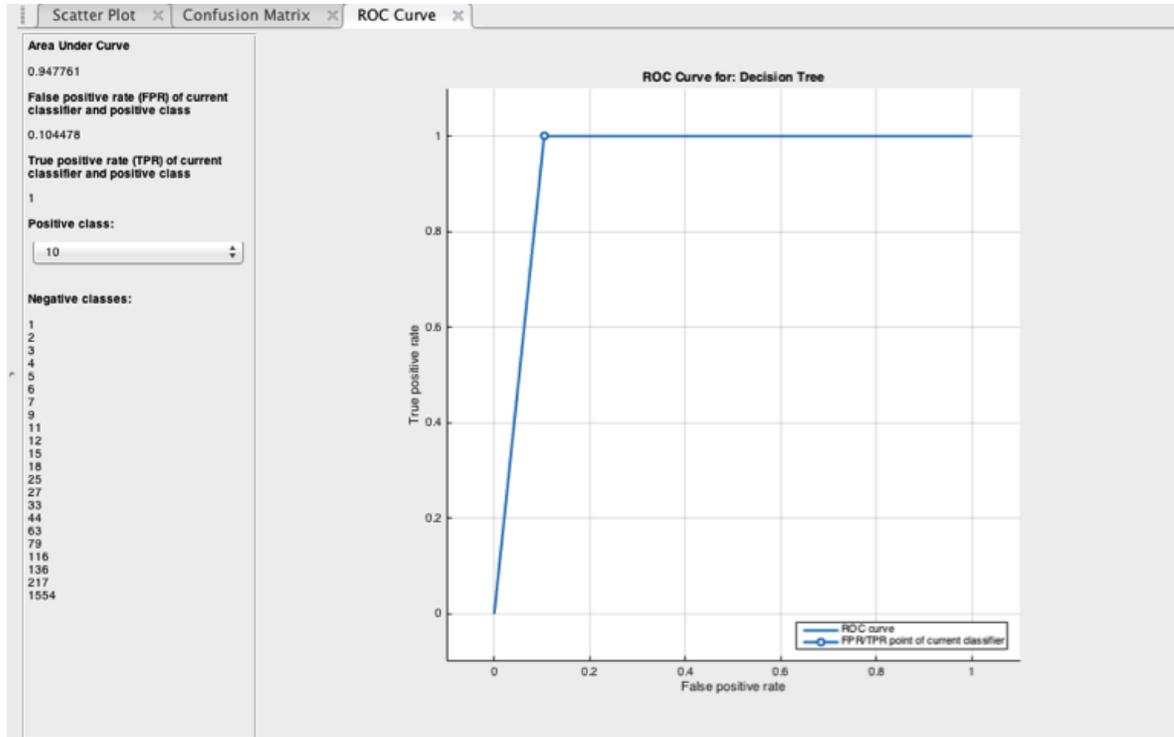


Figura 5.12: Gráfico del Área bajo la curva ROC para la función Árbol de decisión del parámetro ejes mayor y menor.

En donde los píxeles más atípicos (sub-grupos) son los de mayor interés. En el primer caso, la región de interés se presentan en la imagen como un grupo de píxeles bien definido, y se encuentran en la región del tejido circundante, para el tumor, y en el caso del tejido subyacente, los píxeles que representan a los nodos de tejido sano se encuentran como datos atípicos de ambas regiones. El valor del umbral  $\alpha$  para la sub-segmentación varía en cada imagen, y por ahora éste es calculado de manera empírica. Si hay un contraste alto entre las regiones de la imagen, es más sencillo determinar el valor del umbral, de lo contrario hay que variar el valor de  $\alpha$  hasta que discrimine de la mejor manera el sub-grupo de interés.

Por ahora sólo hemos utilizado la intensidad de gris como única característica, y se han obtenido buenos resultados, ya que además se utilizó información espacial (tomar en cuenta a los píxeles vecinos), a través de filtros, o modificando la función objetivo de los algoritmos de agrupamiento difusos genéticos, para evitar problemas con el ruido que está presente en la imagen, y que pueden ocasionar una mala segmentación. Al tener más información de la imagen, aumenta el número de características, y hay un factor importante a tomar en cuenta; y este es, el de la correlación que hay entre las imágenes: si las características tienen una correlación alta, entonces nosotros utilizaremos el algo-

ritmo difuso genético [112] propuesto por los autores, para lograr una mejor partición del espacio de las características.

### 5.3.2. Evaluación de la calidad de la segmentación.

El uso de coeficientes que estimen la performance de la segmentación de una imagen permite determinar la bondad del algoritmo de reconocimiento de patrones a nivel global e identificar particularidades de determinadas clases identificadas. Se han definido diferentes medidas de calidad para los algoritmos de segmentación. El uso de una misma medida de similitud es lo que permitirá realizar comparaciones entre diferentes técnicas y paradigmas de segmentación. En general, para poder medir cuantitativamente la calidad de la segmentación debe contarse con imágenes o partes de imágenes previamente segmentadas que puedan tomarse como referencia a partir de una base de datos como se comentó en la sección (5.2). Las medidas de validación que requieren para su cómputo de datos previamente etiquetados se conocen como medidas externas o índices externos [64]. En el caso particular del uso de técnicas de clustering las imágenes Gold Standard no están disponibles necesariamente. En estos casos, pueden utilizarse medidas de validación que utilicen solamente información presente en el conjunto de datos sin necesidad de contar con los datos previamente etiquetados, conocidos como índices internos o medidas internas [65, 66]. Para obtener cada una de estas medidas deben determinarse los vectores de etiquetas de los datos clasificados, el vector de etiquetas de la segmentación obtenida será anotado como  $\mathbf{A}$  y el vector de referencia como vector  $\mathbf{B}$ . La intersección entre ambos conjuntos (los elementos comunes entre ambos) serán los datos correctamente clasificados. Además, se definirán los conjuntos  $A_i$  y  $B_i$  con el conjunto de índices de los elementos que fueron clasificados con la clase  $i$  en  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$  respectivamente. A continuación se definen las medidas de calidad externas e internas más utilizadas. Partimos del análisis de la imagen original versus la imagen obtenida de la segmentación como se muestra en la figura (5.13).

- **Matriz de confusión y porcentaje de error:**

La matriz de confusión  $M$  presenta cuántos datos (o qué porcentaje de ellos) fueron clasificados correctamente para cada una de las clases a detectar y brinda información sobre los errores de clasificación para cada una de las clases. Es una matriz de  $k \times k$ , donde  $k$  es la cantidad de clases; clases según los datos esperados y clases que fueron obtenidas. La diagonal de la matriz de confusión representa los datos agrupados correctamente.

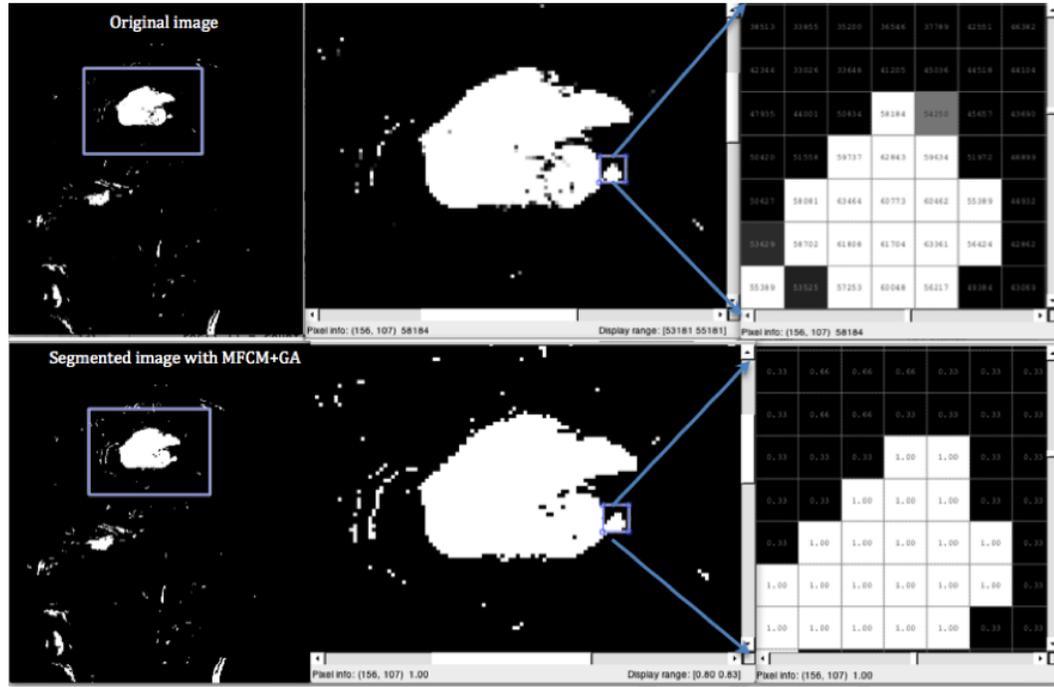


Figura 5.13: Evaluación de la calidad de la segmentación basada en umbralización y ecualización de la imagen original vs imagen segmentada con MFCM + GA<sup>®</sup>.

El resto de los valores representan errores en la clasificación y permiten obtener cuántos píxeles fueron erróneamente clasificados en cada una de las clases. Así, los datos de la clase  $i$  que fueron clasificados como clase  $j$ , serán [48, 110]:

$$M_{i,j} = \#(A_j \cap B_i), \quad i = 1, \dots, k \quad j = 1, \dots, k \quad (5.1)$$

donde el operador  $\#$  denota la cantidad de elementos del conjunto. De esta forma se obtienen cada uno de los valores de la matriz de confusión. Una valoración global del proceso de clasificación se puede obtener con un porcentaje de error de clasificación (MCR, del inglés Misclassification Rate), obtenido como el cociente entre la suma de los elementos de la matriz de confusión (exceptuando a los de la diagonal) y la cantidad total de datos:

$$MCR = 100\% \frac{\sum_{i,j} M_{i,j}}{\sum_i \#(B_i)}, \quad i \neq j \quad (5.2)$$

Además pueden obtenerse porcentajes de error para cada una de las clases individualmente.

En la Figura (5.14) se muestra un ejemplo de una imagen de 7 por 7 píxeles, segmentada en dos clases (Clase 1 de color negro y Clase 2 de color blanco), imagen generada a partir de la figura anterior (5.13). Como puede observarse en la figura, la cantidad de elementos de cada clase en la **imagen obtenida** es:  $\#(A_1) = 28$  y  $\#(A_2) = 21$ ; y para la imagen de referencia es:  $\#(B_1) = 32$  y  $\#(B_2) = 17$ .

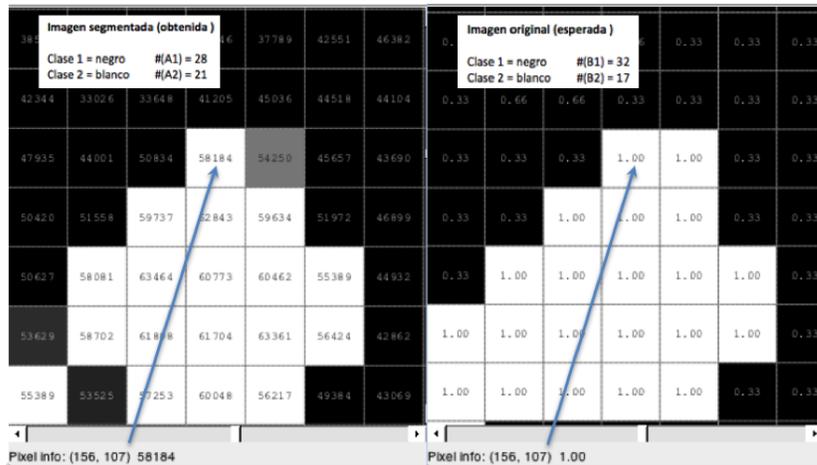


Figura 5.14: Ejemplo de clasificación (a)Obtenida y (b)Esperada

La matriz de confusión correspondiente al ejemplo de la Figura (5.14) se presenta en la Tabla 1 de la figura (5.15). El porcentaje de error en la clasificación es de 6,12 %.

Matriz de Confusión normalizada	They were labeled as class 1		They were labeled as class 2	
	Actual Class 1	Actual Class 2	Actual Class 1	Actual Class 2
Pixels corresponding to class 1	28/32 = 0.875	3/32 = 0.0937	0/17 = 0	17/17 = 1
Pixels corresponding to class 2	0/17 = 0	17/17 = 1	28/32 = 0.875	3/32 = 0.0937

Figura 5.15: Tabla N°1: Matriz de Confusión normalizada.

- **Coeficiente de Tanimoto:** (TC, del inglés Tanimoto Coefficient) para una determinada clase  $i$  se define como [48]:

$$TC_i = \frac{\#(A_i \cap B_i)}{\#(A_i) + \#(B_i) - \#(A_i \cap B_i)}, \quad i = 1, \dots, k \quad (5.3)$$

donde  $\#$  denota la cantidad de elementos del conjunto;  $A_i$  y  $B_i$  son el conjunto de índices de los elementos que fueron clasificados con la clase  $i$  en  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$  respectivamente.

El coeficiente de Tanimoto es el cociente entre el número de elementos iguales (correctamente clasificados) y el número de elementos distintos (que pertenecen a la clase  $i$  o fueron clasificados como clase  $i$ ). Si  $TC_i = 1$ , entonces la clasificación para la clase  $i$  fue correcta, si  $TC_i = 0$  ningún dato de la clase fue clasificado correctamente. Para el ejemplo de la Figura (5.14) los coeficientes de Tanimoto son:

$$TC_1 = 0,875, \quad TC_2 = 0,8095 \quad *29/06/2016LabExp \quad (5.4)$$

- **Coeficiente de Dice:** El coeficiente de Dice  $DICE_i$  se define como sigue [44]:

$$DICE_i = \frac{2\#(A_i \cap B_i)}{\#(A_i) + \#(B_i)}, \quad i = 1, \dots, k \quad (5.5)$$

donde  $\#$  denota la cantidad de elementos del conjunto;  $A_i$  y  $B_i$  son el conjunto de índices de los elementos que fueron clasificados con la clase  $i$  en  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$  respectivamente.

El coeficiente de Dice está relacionado con el coeficiente de Tanimoto de la siguiente forma:

$$DICE_i = \frac{2TC_i}{1 + TC_i}, \quad i = 1, \dots, k \quad (5.6)$$

Para el ejemplo de la Figura (5.14) los coeficientes de Dice son:

$$DICE_1 = 0,933, \quad DICE_2 = 0,8947 \quad *29/06/2016LabExp \quad (5.7)$$

- **Coeficiente de exactitud:** El coeficiente de exactitud (ACC, del inglés Accuracy Coefficient) es el cociente entre el número de elementos clasificados correctamente y el número de elementos esperados en esa clase; se define como sigue [44]:

$$Accuracy = 100\% \frac{\sum_{i=1}^k \#(A_i \cap B_i)}{\sum_{j=1}^k \#(B_j)} \quad (5.8)$$

donde  $\#$  denota la cantidad de elementos del conjunto;  $A_i$  y  $B_i$  son el conjunto de índices de los elementos que fueron clasificados con la clase  $i$  en  $\mathbf{A}$  y  $\mathbf{B}$  respectivamente.

Para el ejemplo de la Figura (5.14) los coeficientes de exactitud ACC son:

$$ACC_1 = 0,875, \quad ACC_2 = 1 \quad Accuracy = 0,918367 \quad *29/06/2016LabExp \quad (5.9)$$

La valoración global del proceso de clasificación se puede obtener con un porcentaje de error de clasificación (MCR, del ingles Misclassification Rate):

$$MCR = 6,12\% \quad *29/06/2016-grilla7 \times 7* \quad (5.10)$$

---

## Capítulo 6

### Conclusiones.

Debido al carácter híbrido del modelo de representación presentado en esta investigación, y que define una tarea descriptiva del estudio realizado a un caso particular de segmentación a imágenes médicas de resonancia magnética, es importante anotar que partimos de estudios previos de otros autores para poder enfocarnos en la técnica de agrupamiento difuso; de hecho, primero nos enfocamos en esta técnica para utilizar los valores generados por dicho algoritmo relacionándolos con *valores de pertenencia* (ejemplo, valor de pertenencia igual a 0.70 o el 70%), y el valor restante (ó igual a 0.30 o al 30%), como parte del término que relaciona la totalidad (o sea igual a 1), de la partición difusa del modelo. El otro punto de vista es el de la *tipicidad*, y en este sentido el valor se determina por la similitud de un dato y sus prototipos.

Sin embargo uno de los inconvenientes del algoritmo es que esta basdo en una *distancia Euclídeana* para determinar la cercanía entre los datos y los prototipos. El inconveniente de usar esta medida es que los grupos identificados tienen formas hiperisféricas y no ayudan a discriminar píxeles subyacentes cuyos valores son muy similares cuando se analiza una región de interés ROI (discriminando más de un tejido cerebral). Por tal razón buscamos una manera de darle más flexibilidad al algoritmo. Para eso utilizamos los estudios previos de autores que efectuaron mejoras al algoritmo incluyendo la adyacencia de los píxeles, como lo hace el algoritmo FCM-modificado propuesto en este trabajo. Así, el algoritmo propuesto muestra una mejor partición del espacio de características, además de aportar simultáneamente los valores de pertenencia y los valores de tipicidad para un mismo prototipo.

De acuerdo a lo anterior y considerando el punto de vista de la extracción de información y conocimiento, esta mejora al algoritmo nos sirve de base como una poderosa herramienta para determinar valores de características o relaciones en una base de datos que sirve de entrada para alimentar a otro sistema, como ha sido expuesto en nuestra

propuesta de **hibridación** para la segmentación de imágenes médicas de resonancia magnética con tejido tumoral.

A partir de la interpretación de los valores de pertenencia y de los valores de tipicidad, hemos desarrollado un novedoso **método de sub-segmentación** que descubre un subgrupo en el conjunto de datos a estudio (Data sets  $D_{s_1}$  al  $D_{s_4}$ ), generando un valor de atipicidad con respecto a la propiedad inicial que se analiza por medio de la técnica implícita en los algoritmos Genéticos, y cuyos resultados servirán como datos de entrada para que la función de pertenencia modificada incluya **la información espacial** subyacente en el píxel sujeto a ubicación, discriminando los otros valores alrededor de dicho píxel. De esta manera se puede generar un vector resultante en un contexto de solución multi-objetiva, usando para ello el concepto subyacente de **simultaneidad de compactación y Separación difusa global y la Separación difusa global**, como ha sido adoptada para este trabajo.

Es importante resaltar que uno de los logros significativos de esta investigación fue poder llegar hasta la optimización multi-objetiva y poder encontrar todos los vectores de desición de los datos atípicos (píxeles), debido a que son ellos los que representan variaciones con respecto a los valores normales o deseables, y están directamente relacionados con la calidad (discriminación entre la necrosis, el edema y el tejido sano).

**La sub-segmentación** propuesta en este trabajo tiene la ventaja de identificar los datos atípico; si bien son de uno en uno, mejoran la descripción de una dimensión sin degradar la otra. Por esa razón nos hemos basado en la técnica denominada óptimo de pareto subyacente en el algoritmo genético de segunda generación, no diferenciado y no dominado por sus siglas en inglés NSGA-II (Non dominated Sorting Genetic Algorithm). De manera que se pueda elegir una solución de este conjunto utilizando para ello otro tipo de información o consideración de alto nivel como lo es el caso del elitismo, aprovechando la característica original de este algoritmo de encontrar múltiples soluciones óptimas en una sola ejecución.

Así comparativamente la sub-segmentación genera mejores resultados y de una manera más simple. Como se puede observar en los resultados, esta nueva propuesta desarrollada puede ser considerada como una alternativa muy interesante para la identificación y cuantificación, as como para la extracción de información y/o conocimiento.

Coforme a lo anterior, podemos decir que el objetivo de la tesis se ha concretado, pues hemos logrado extraer, incluso, mayor información y mayor conocimiento de las bases de datos estudiadas, correspondientes a imágenes médicas de resonancia Magnética para estudio y discriminación de tejido, usando para ello los algoritmos híbridos de agrupamiento difuso y los algoritmos evolutivos, y más específicamente el NSGA-II, así

como los sistemas difusos.

---

# Bibliografía

- [1] A. Abdullah, A. Hirayama, A. Hirayama, S. Yatsushiro, M. Matsumae, y K. Kuroda. Cerebrospinal fluid image segmentation using spatial fuzzy clustering method with improved evolutionary expectation maximization. *IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, 2:359–362, 2013.
- [2] S.K. Adhikari, J.K. Sing, Basu, D.K., y M. Nasipuri. *A Spatial Fuzzy C-means Algorithm With Application to MRI Image Segmentation*. IEEE. *Advanc. in Pattern. Recogn.*, 1st ed<sup>ón</sup>., 2015.
- [3] S. Agrawal, R. Panda, y L. Dora. *A study on fuzzy clustering for magnetic resonance brain image segmentation using soft computing approaches*. *Appl. Soft. Computing.*, 1st ed<sup>ón</sup>., 2014.
- [4] M.N. Ahmed, S.M. Yamany, N. Mohamed, y A.A. Farag. A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of mri data. *IEEE Trans. Med. Imaging.*, 21:193–199, 2002.
- [5] A. Akselrod-Ballin, M. Galun, J.M. Gomori, M. Filippi, P. Valsasina, R. Basri, y A. Brandt. Automatic segmentation and classification of multiple sclerosis in multichannel mri. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, 56:2461–2469, 2009.
- [6] R. Alcalá, J. Alcalá-Fdez, M.J. Gacto, y F. Herrera. Genetic learning of membership functions for mining fuzzy association rules. *IEEE. Fuzzy. Systems.*, 25:1–6, 2007.
- [7] J. Alcalá-Fdez, R. Alcalá, y F. Herrera. A fuzzy association rule-based classification model for high-dimensional problems with genetic rule selection and lateral tuning. *IEEE. Fuzzy. Systems.*, 19:857–872, 2011.
- [8] E. Avellato, R. Pedarr, y M. Del Fresno. Segmentación de imágenes digitales 3d basado en regiones y contornos activos para la generación de mallas de superficie. *Asoc. Argen. Mec. Comput.*, 25:149–161, 2006.

- 
- [9] O.R.P. Bellon, A.I. Direne, y L. Silva. Edge detection to guide range image segmentation by clustering techniques. *IEEE Trans.Image Process.*, 2:725–729, 1999.
- [10] A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, y L.P. Clarke. Validity-guided (re)clustering with applications to image segmentation. *IEEE Trans.Image Process.*, 2:112–123, 1996.
- [11] A.M. Bensaid, L.O. Hall, L.P. Clarke, y R.P. Velthuizen. *MRI segmentation using Supervised and Unsupervised method*. Med.and. Biology Society., 1st ed<sup>ón</sup>., 1991.
- [12] G. Berbecel. Digital image display :algorithms and implementation. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 2:c–2003, 2003.
- [13] J.C. Bezdek. *A Convergence Theorem for the Fuzzy ISODATA Clustering Algorithms*. IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell., 1st ed<sup>ón</sup>., 1980.
- [14] J.C. Bezdek, L.O. Hall, M.C. Clark, D.B. Goldgof, y L.P. Clarke. Medical image analysis with fuzzy models. *Statistic.Methods Medicine.Res.*, 6:191–214, 1997.
- [15] J.C. Bezdek, L.O. Hall, y L.P. Clarke. *Review of MR image segmentation techniques using pattern recognition*. Med.Phys., 1st ed<sup>ón</sup>., 1993.
- [16] J.C. Bezdek y R.J. Hathaway. Numerical convergence and interpretation of the fuzzy c-shells clustering algorithm. *IEEE Trans.Neural Netw.*, 3:787–793, 1992.
- [17] J.C. Bezdek y R.J. Hathaway. *Optimization of fuzzy clustering criteria using genetic algorithms*. IEEE.Evolut.Computation., 1st ed<sup>ón</sup>., 1994.
- [18] S. Bocanegra. Aplicaciones open source en el mbito de la salud y sanidad. *Rev.Cub.Informat.Med.*, 20:231–241, 2010.
- [19] A. Bouchet, M. Brun, y V. Ballarn. Morfologa matemtica difusa aplicada a la segmentacin de angiografas retinales. *Rev.Argnt.Bioingenr.*, 20:231–241, 2014.
- [20] G. Bucci, S. Cagnoni, y D.R. De. Integrating content-based retrieval in a medical image reference database. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 20:231–241, 1996.
- [21] L. Buccoliero, S. Calciolari, M. Marsilio, y E. Mattavelli. Picture, archiving and communication system in the italian nhs: a primer on diffusion and evaluation analysis. *Journal.Digit.Imaging.*, 22:034–047, 2009.

- 
- [22] A.A. Bui, C. Morioka, J.D. Dionisio, D.B. Johnson, U. Sinha, S. Ardekani, R.K. Taira, D.R. Aberle, S. El-Saden, y H. Kangarloo. Open source pacs: An extensible infrastructure for medical image management. *IEEE Comp.vision.and.Patt.Recog.*, 11:094–109, 2007.
- [23] H. Bulu y A. Alpkoak. Comparison of 3d segmentation algorithms for medical imaging. *IEEE. Trans.Image Process.*, 1:269–274, 2007.
- [24] J.J. Caban, A. Joshi, y P. Nagy. Rapid development of medical imaging tools with open-source libraries. *Journal.Digit.Imaging.*, 20:083–093, 2007.
- [25] R.L. Cannon, J.V. Dave, y J.C. Bezdek. Efficient implementation of the fuzzy c-means clustering algorithms. *IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell.*, PAMI-8:248–255, 1986.
- [26] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell.*, 8:679–698, 1986.
- [27] O. Castillo, E. Rubio, J. Soria, y E. Naredo. Optimization of the fuzzy c-means algorithm using evolutionary methods. *Engineering.letters.*, 20:20–41, 2012.
- [28] K.S. Chuang, H.L. Tzeng, S. Chen, J. Wu, y T.J. Chen. Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 30:009–015, 2006.
- [29] M.C. Clark, L.O. Hall, y D.B. Goldof. Mri segmentation using fuzzy clustering techniques. *IEEE Trans.Med.Imaging.*, 13:730–742, 1994.
- [30] G.B. Coleman, A. Andrews, y C. Harri. Image segmentation by clustering. *IEEE Browse.journal.and Magazines.*, 67:773–785, 1979.
- [31] O. Colliot, O. Camara, y I. Blosch. Integration of fuzzy spatial relations in deformable modelsapplication to brain mri segmentation. *Pattern.Recognition.*, 39:1401–1414, 2006.
- [32] O. Cordon, F. de Moya, y C. Zarco. Fuzzy logic and multiobjective evolutionary algorithms as soft computing tools for persistent query learning in text retrieval environments. *IEEE Fuzzy.Systems.*, 1:571–576, 2004.
- [33] O. Cordon, A. Quirin, y L. Sanchez. A first study on bagging fuzzy rule-based classification systems with multicriteria genetic selection of the component classifiers. *IEEE Genetic.Envolving.Syst.*, 1:11–16, 2008.

- [34] J. Dai, X. Wang, Y. Dong, H. Yu, D. Yang, y G. Shen. Two- and three-dimensional models for the visualization of jaw tumors based on ct-mri image fusion. *Journal.Craniofac.Surg.*, 23:502–508, 2012.
- [35] J.B. Davis, B. Reiner, M. Huser, C. Burger, G. Szekely, y I.F. Ciernik. Assessment of 18f pet signals for automatic target volume definition in radiotherapy treatment planning. *Radiother.Oncol.*, 80:043–050, 2006.
- [36] R.N. Dav y R. Krishnapuram. Robust clustering methods: a unified view. *IEEE Trans.Fuzzy.System.*, 5:270–293, 1997.
- [37] E. Day, J. Betler, D. Parda, B. Reitz, A. Kirichenko, S. Mohammadi, y M. Miften. A region growing method for tumor volume segmentation on pet images for rectal and anal cancer patients. *Med.Phys.*, 36:4349–4358, 2009.
- [38] K. Deb y H.G. Beyer. *Self-adaptive genetic algorithms with simulated binary crossover*. Evol.Comput., 1st ed<sup>ón</sup>., 2001.
- [39] K. Deb, A. Pratap, S. Agarwal, y T. Meyarivan. *A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II*. IEEE Trans.Evolut.Comput., 1st ed<sup>ón</sup>., 2002.
- [40] M. Del-Fresno y M.J. Vénere. Un método de segmentación de imágenes digitales tridimensionales por crecimiento de regiones. *Rev.Inst.UNLP.Arg.*, 8:354–364, 2002.
- [41] M. Del-Fresno y M.J. Vénere. Algoritmo de generación de mallas de superficie a partir del crecimiento de regiones en imágenes 3d. *Open.Journal.System.*, 7:354–364, 2005.
- [42] M. Del-Fresno, M.J. Vénere, y A. Clause. A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3d ct and mri scans. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 33:369–376, 2009.
- [43] H. Delingette, M. Herbert, y A. Ikeuchi. Shape representation and image segmentation using deformable surfaces. *Comp.vision.and.Patt.Recog.*, 8:467–472, 1991.
- [44] L.R. Dice. *Measures to the amount of ecologic association between spices*. Ecology., 1st ed<sup>ón</sup>., 1945.

- [45] W. Dou, Q. Wu, Y. Chen, S. Ruan, y J.M. Constans. *Fuzzy modelling of different tumorous cerebral tissues on MRI images based on fusion of feature information*. Conf.Proc.IEEE Eng Med.Biol.Soc., 1st ed<sup>ón</sup>., 2005.
- [46] R. Dubes y A.K. Jain. *Clustering techniques: The user's dilemma*. Patt.Recong., 1st ed<sup>ón</sup>., 1976.
- [47] D. Dubois y H. Prade. *An introduction to fuzzy systems*. Clin.Chim.Acta, 1st ed<sup>ón</sup>., 1998.
- [48] R.O. Duda y H. Fossum. *Pattern Classification by Iteratively Determined Linear and Piecewise Linear Discriminant Functions*. IEEE Trans.Electr.Computer., 1st ed<sup>ón</sup>., 1966.
- [49] J.C. Dunn. Fuzzy relative of the isodata process and in use in detecting compact well-separated clusters. *Journal.Cybern.*, 3:32–57, 1973.
- [50] J.C. Dunn. *A graph Theoretic analysis of pattern classification via Tamura's fuzzy relation*. IEEE Trans.Syst.Man.Cybern.B Cybern., 1st ed<sup>ón</sup>., 1974.
- [51] V.A. Efremovic. The geometry of proximity (i) matematchesky sbornik (new series). *IEEE Browse.Conference.Publication.*, 3:2–10, 1952.
- [52] M.A. Egan, M. Krishnamoorthy, y K. Rajan. Comparative study of a genetic fuzzy c-means algorithm and a validity guided fuzzy c-means algorithm for locating clusters in noisy data. *IEEE Evolutionary.Computation.Proceed.*, 3:200–210, 1998.
- [53] A. El-Sayed, A. El-Dahshan, H.M. Mohsen, K. Revett, y A.-B.M. Salem. *Computer-aided diagnosis of human brain tumor through MRI: A survey and a new algorithm*. Expert.Sys.with App., 1st ed<sup>ón</sup>., 2014.
- [54] C.M. Emre, H.A. Kingravi, y P.A. Vela. *A comparative study of efficient initialization methods for the k-means clustering algorithm*. Expert.Sys.with App., 1st ed<sup>ón</sup>., 2013.
- [55] E. Ferrante, M. Del Fresno, J. D Amato, y M.J. Vnere. Deteccin y reconstruccin de geometras a partir de imgenes de resonancia magntica para seguimiento de tumores. *Open.Journ.System.*, 30:115–123, 2011.
- [56] M. Forouzanfar, N. Forghani, y M. Teshnehlab. Parameter optimization of improved fuzzy c-means clustering algorithm for brain mr image segmentation. *En-gin.Applic.of Art.Intell.*, 23:160–168, 2010.

- [57] F.J. Galdames, F. Jaillet, y C.A. Perez. An accurate skull stripping method based on simplex meshes and histogram analysis for magnetic resonance images. *Journal.Neuroscist.Methods.*, 26:103–119, 2012.
- [58] I. Gath y A.B. Geva. *Unsupervised optimal fuzzy clustering*. IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell., 1st ed<sup>ón</sup>., 1989.
- [59] J.R. Geis. Medical imaging informatics: how it improves radiology practice today. *Journal.Digit.Imaging.*, 20:099–104, 2007.
- [60] A.F. Goldszal y D.L. Pham. Volumetric segmentation-handbook of medical imaging. *Biomedical.Engin.*, 20:185–194, 2000.
- [61] L.M. González, M. Luna, R. Caballero, C. Cáceres, J.M. Tormoz, y E.J. Gómez. Herramienta de modelado disfuncional tridimensional basado en estudios de neuroimagen. *Arch.Digit.UPM.*, 20:185–194, 2012.
- [62] N.N. Gopal y M.Dr. Karnan. Diagnose brain tumor through mri using image processing clustering algorithms such as fuzzy c means along with intelligent optimization techniques. *IEEE Comput.Intellig.and.Comput.Research.*, 15:381–392, 2010.
- [63] G.J. Grevera y J.K. Udupa. Shape-based interpolation of multidimensional grey-level images. *IEEE Trans.Med.Imaging.*, 15:881–892, 1996.
- [64] M. Halkidi, Y. Batistakis, y M. Vazirgiannis. On clustering validation techniques. *Intellig.Informt.System.*, 17:107–145, 2001.
- [65] M. Halkidi, Y. Batistakis, y M. Vazirgiannis. Cluster validity methods: part i. *Intellig.Informt.System.*, 31:40–45, 2002.
- [66] M. Halkidi, Y. Batistakis, y M. Vazirgiannis. Clustering validity checking methods: part ii. *Intellig.Informt.System.*, 31:40–45, 2002.
- [67] L.O. Hall, A.M. Bensaid, L.P. Clarke, R.P. Velthuizen, M.S. Silbiger, y J.C. Bezdek. *A comparison of neural network and fuzzy clustering techniques in segmenting magnetic resonance images of the brain*. IEEE Trans.Neural Netw., 1st ed<sup>ón</sup>., 1992.
- [68] L.O. Hall, J.C. Bezdek, S. Boggavaru, y A. Bensaid. Genetic fuzzy clustering. *IEEE Trans.Neural Network.*, 6:411–415, 1994.

- 
- [69] L.O. Hall, I.B. Ozyurt, y J.C. Bezdek. *Clustering with a genetically optimized approach*. IEEE Evolutionary.Computation., 1st ed<sup>ón</sup>., 1999.
- [70] R.M. Haralick. Digital step edges from zero crossing of second directional derivatives. *IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell.*, 6:058–068, 1984.
- [71] R.M. Haralick. Author’s reply. *IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell.*, 7:127–129, 1985.
- [72] R.M. Haralick, X. Zhuang, C. Lin, y J. Lee. Binary morphology: working in the sampled domain. *Comput.vision and Pattern.Recogn.*, 7:780–791, 1988.
- [73] L.M. Harrison, W. Penny, J. Daunizeau, y K.J. Friston. Diffusion-based spatial priors for functional magnetic resonance images. *Neuroimage.*, 41:408–423, 2008.
- [74] L.M. Harrison, W. Penny, G. Flandin, y C.C. Ruff. Graph-partitioned spatial priors for functional magnetic resonance images. *Neuroimage.*, 43:694–707, 2008.
- [75] R.J. Hathaway, J.C. Bezdek, y N.R. Pal. New sequential competitive learning and the fuzzy c-means clustering algorithms. *Comput.vision and Pattern.Recogn.*, 9:787–796, 1996.
- [76] F. Herrera y E. Herrera-Viedma. Linguistic decision analysis: Step for solving decision problem under linguistic information. *Fuzzy.set and system.*, 17:067–082, 2000.
- [77] F. Herrera, E. Herrera-Viedma, y L. Martnez. A fuzzy linguistic methodology to deal with unbalanced linguistic term set. *Transac.on Fuzzy.Syst.*, 16:354–370, 2008.
- [78] F. Herrera, E. Herrera-Viedma, y L. Verdegay. Direct approach processes in group decision making using linguistic owa operators. *Fuzzy.set and system.*, 79:175–190, 1996.
- [79] F. Herrera, E. Herrera-Viedma, y L. Verdegay. A model of consensus in group decision making under linguistic assessments. *Fuzzy.set and system.*, 16:073–087, 1996.
- [80] F. Herrera, E. Herrera-Viedma, y L. Verdegay. Linguistic measures based on fuzzy coincidence for reaching consensus in group decision making. *Int.Journal.Aprox.Reasoning.*, 16:309–334, 1997.

- [81] E. Herrera-Viedma, F. Chiclana, F. Herrera, y S. Alonzo. Group decision making model with incomplete fuzzy preference relations based on additive consistency. *Transac.on Fuzzy.Syst.*, 37:176–189, 2007.
- [82] E. Herrera-Viedma, F. Herrera, y F. Chiclana. A consensus model for multiperson decision-making with different preference structures. *Transac.on Fuzzy.Syst.*, 32:394–402, 2002.
- [83] E. Herrera-Viedma, L. Martnez, F. Chiclana, F. Mata, y F. Chiclana. A consensus support system model for group decision-making problems with multigranular linguistic preference relations. *Transac.on Fuzzy.Syst.*, 13:644–658, 2005.
- [84] H. Hooda, O.P. Verma, y T. Singhal. Brain tumor segmentation: A performance analysis using k-means, fuzzy c-means and region growing algorithm. *Browse.Conference.Publication.*, 16:1621–1666, 2014.
- [85] E.R. Hruschka, G.P.G.R. Campello, A.A. Freitas, y A.C. Carvalho. *A Survey of Evolutionary Algorithms for Clustering*. IEEE Trans.Syst.Man.Cybern.B Cybern., 1st ed<sup>ón</sup>., 2009.
- [86] H.K. Huang. *PACS and imaging Informatics: Basic principles and applications*. Editorial.John Wiley.Sons., 2st ed<sup>ón</sup>., 2004.
- [87] K.C. Im, I.S. Choi, J.S. Ryu, G.S.Eo, J.S. Kim, y D.H. Moon. Pet/ct fusion viewing software for use with picture archiving and communication systems. *Journal.Digit.Imaging.*, 23:732–743, 2010.
- [88] K.C. Im, B.J. Liu, y Z. Zhou. A continuous available (ca) server for medical imaging applications. *Acad.Radiology.*, 11:767–778, 2004.
- [89] A.K. Jain y A. Vailaya. *Image retrieval using color and shape*. Patt.Recong., 1st ed<sup>ón</sup>., 1996.
- [90] G.C. Kamakar y L. Dooley. *A generic fuzzy rule based technique for image segmentation*. IEEE Acoust.Speech.Sign.Process., 1st ed<sup>ón</sup>., 2001.
- [91] J. Kang, L. Min, Q. Luan, X. Li, y J. Liu. Novel modified fuzzy c-means algorithm with applications. *Digital.Sign.Proces.*, 19:309–319, 2009.
- [92] S.R. Kannan, S. Ramathilagam, A. Sathya, y R. Pandiyarajan. Effective fuzzy c-means based kernel function in segmenting medical images. *Digital.Sign.Proces.*, 40:572–579, 2010.

- 
- [93] T. Kapur, W.E. Grimson, W.M. Wells, y R. Kikinis. Segmentation of brain tissue from magnetic resonance images. *Med.Image Anal.*, 1:109–127, 1996.
- [94] J. Kawa y E. Pietka. Kernelized fuzzy c-means method in fast segmentation of demyelination plaques in multiple sclerosis. *IEEE Eng. Med.Biol.Soc.*, 27:5616–5619, 2007.
- [95] S.S. Khan y A. Ahmad. Cluster center initialization algorithm for k-modes clustering. *Expert.System.with App.*, 40:7444–7456, 2013.
- [96] H. Khotanlou, O. Colliot, J. Atif, y I. Bloch. 3d brain tumor segmentation in mri using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models. *Fuzzy.set and system.*, 160:1457–1473, 2009.
- [97] V.A. Kovalevsky. Discrete topology and contour definition. *Patt.Recong.Lett.*, 2:281–288, 1984.
- [98] V.A. Kovalevsky. Finite topology as applied to image analysis. *Journal.Neurosci.Methods.*, 46:110–114, 1986.
- [99] V.A. Kovalevsky. Axiomatic digital topology. *Journal.Math.Imaging.Vision.*, 26:41–58, 2006.
- [100] R. Krishnapuram y J.M. Keller. A possibilistic approach to clustering. *IEEE Trans.Fuzzy.System.*, 1:98–110, 1993.
- [101] T.M. Lehmann y J. Bredno. Strategies to configure image analysis algorithms for clinical usage. *Journ.Am.Med.Inform.Assoc.*, 12:497–504, 2005.
- [102] R. Lenz, T. Elstner, H. Siegele, y K.A. Kuhn. A practical approach to process support in health information systems. *J.Am.Med.Inform.Assoc.*, 9:571–585, 2002.
- [103] L. Li, X. Liu, y M. Xu. A novel fuzzy clustering based on particle swarm optimization. *IEE Techn.and App.in Educat.*, 9:88–90, 2007.
- [104] O. Limam y F. Ben Abdelaziz. Multicriteria fuzzy clustering for brain image segmentation. *IEEE Trans.Image Process.*, 29:1–5, 2013.
- [105] J. Liu, J.K. Udupa, D. Odhner, D. Hackney, y G. Moonis. A system for brain tumor volume estimation via mr imaging and fuzzy connectedness. *Comp.Med.Imag.and Graph.*, 29:21–34, 2005.

- [106] Z. Liu, J. Dezert, G. Mercier, y Q. Pan. A system for brain tumor volume estimation via mr imaging and fuzzy connectedness. *Comp.Med.Imag.and Graph.*, 29:21–34, 2005.
- [107] G. Lorca, J. Arzola, y O. Pereira. Segmentacin de imgenes mdicas digitales mediante tcnicas de clustering. *Rev. Aporte. Santiaguino.*, 3:108–116, 2010.
- [108] I. Martin-Lesende, E. Orruno, C. Cairo, A. Bilbao, J. Asua, M.I. Romo, I. Vergara, J.C. Bayon, R. Abad, E. Reviriego, y J. Larranaga. *Assessment of a primary care-based telemonitoring intervention for home care patients with heart failure and chronic lung disease. The TELBIL study.* BMC.Health Serv.Res., 1st ed<sup>ón</sup>., 2011.
- [109] A. Martinez y M. Chavarra. Ix informe seis (sociedad espaola de informática de la salud), y la comisi3n econ3mica para am3rica latina: ”manual de salud electr3nica para directivos de servicios de sistemas de salud. *CEPAL.Nac.Unidas.*, I<sup>o</sup>:153–169, 2012.
- [110] G. Meschino, D. Comas, V. Vallarin, A. Scandurra, y L. Passoni. *Automatic design of interpretable fuzzy predicate systems for clustering using self-organizing maps.* Neurocomputing., 1st ed<sup>ón</sup>., 2014.
- [111] H.M. Moftha, A.T. Azar, E.T. Al-Shammari, N.I. Ghali, A.E. Hassanien, y M. Shoman. Adaptive k-means clustering algorithm for mr breast image segmentation. *Neural.Comput.and Appl.*, 73:01–023, 2013.
- [112] A. Mukhopadhyay, U. Maulik, y S. Bandyopadhyay. *Gene expression data analysis using multiobjective clustering improved with SVM based ensemble.* In Silico.Biol., 1st ed<sup>ón</sup>., 2011.
- [113] H. Müller, N. Michoux, D. Bandon, y A. Geissbuhler. A review of content-based image retrieval systems in medical applications-clinical benefits and future directions. *Int.Journal.Med.Inform.*, 73:01–023, 2004.
- [114] H. Müller, A. Rosset, J.P. Vallee, F. Terrier, y A. Geissbuhler. A reference data set for the evaluation of medical image retrieval systems. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 28:295–305, 2004.
- [115] P. Nagy. Open source in imaging informatics. *Journal.Digit.Imaging.*, 20:01–010, 2007.

- [116] S.A. Naimpally, A. Di Consilio, y B.D. Warrak. Proximity spaces- proximal convergence. *Mh.Math.*, 103:93–102, 1987.
- [117] S. Nascimento y F. Moura-Pires. A genetic approach to fuzzy clustering with a validity measure fitness function. *Adv.Inttell.Data Analys.Res.Data.*, 2:10–21, 1997.
- [118] H.P. Nema. *DICOM-Digital Imaging and Communication in Medicine*. National.Electrical.Manufacturers.Association., 1st ed<sup>ón</sup>., 2004.
- [119] A. Nikravanshalmani, S.-D. Qanadli, T.-J. Ellis, y J. Dehmeshki. Three-dimensional semi-automatic segmentation of intracranial aneurysms in cta. *IEEE Trans.Inf.Technol.Biomed.*, 5:1–4, 2010.
- [120] R.K. Nuñez y O.P. Barzaga. Reconstrucción tridimensional de modelos anatómicos a partir de imágenes mdicas digitales. *Rev.Cub.Informat.Med.*, 5:1–4, 2009.
- [121] J.I. Orlando, E. Ferrante, H.L. Manterola, y M. Del Fresno. Un enfoque híbrido para la segmentación de tumores en mri cerebrales. *Soc.Arg.Inform.*, 1:205–208, 2012.
- [122] A. Ortíz, J.M. Górriz, J. Ramírez, y D. Salas-González. Improving mri segmentation with probabilistic ghsom and multiobjective optimization. *Journal.Neurocomputing.*, 114:118–131, 2013.
- [123] J.E. Ortuño, N. Malpica, S. Reig, R. Martínez, M. Desco, y A. Santos. Algoritmo morfológico de segmentación de imágenes de resonancia magnética-normales ponderadas en t1. *Stud.Health Technol.Inform.*, 1:205–208, 2001.
- [124] N.R. Pal y J.C. Bezdek. On cluster validity for the fuzzy c-means model. *IEEE Trans.Fuzzy.Sets.and Systems.*, 3:370–379, 1995.
- [125] N.R. Pal, K. Pal, y J.C. Bezdek. A mixed c-means clustering model. *IEEE Trans.Fuzzy.Sets.and Systems.*, 0:627–636, 1997.
- [126] N.R. Pal, K. Pal, J.M. Keller, y J.C. Bezdek. A possibilistic fuzzy c-means clustering algorithm. *IEEE Trans.Fuzzy.Sets.and Systems.*, 13:517–530, 2005.
- [127] W. Pedrycz y J.V. de Oliveira. Optimization of fuzzy models. *IEEE Trans.Syst.Man.Cybern.*, 26:627–636, 1996.

- [128] D.L. Pham y J.L. Prince. *Adaptive fuzzy segmentation of magnetic resonance images*. IEEE Trans.Med.Imaging, 1st ed<sup>ón</sup>., 1999.
- [129] W.E. Phillips, R.P. Velthuizen, S. Phuphanich, L.O. Hall, L.P. Clarke, y M.L. Silbiger. Application of fuzzy c-means segmentation technique for tissue differentiation in mr images of a hemorrhagic glioblastoma multiforme. *Magn Reson.Imaging.*, 13:277–290, 1995.
- [130] J.M.S. Prewitt y S.C. Wu. An application of pattern recognition to epithelial tissues. *IEEE Conference.Publications.*, 12:081–083, 1978.
- [131] P. Pulkkinen. *A Multiobjective Genetic Fuzzy System for Obtaining Compact and Accurate Fuzzy Classifiers with Transparent Fuzzy Partitions*. Mach.Learn.and Appl., 1st ed<sup>ón</sup>., 2009.
- [132] H. Qi y W.E. Snyder. Content-based image retrieval in picture archiving and communications systems. *Journal.Digit.Imaging.*, 12:081–083, 1999.
- [133] R.L.Richesson y J.Krischer. Data standards in clinical research: gaps, overlaps, challenges and future directions. *J.Am.Med.Inform.Assoc.*, 14:687–696, 2007.
- [134] T.A. Runkler. Ant colony optimization of clustering models. *Internat.Journal.of Intellig.Systems.*, 20:1233–1251, 2005.
- [135] E.H. Ruspini. A new approach to clustering. *Information.and Control.*, 15:22–32, 1969.
- [136] E.H. Ruspini. Numerical methods for fuzzy clustering. *Information.Science.*, 2:319–350, 1970.
- [137] M. Sarkar y B. Yegnanarayana. A clustering algorithm using evolutionary programming. *IEEE Neural. Netw.*, 2:1162–1167, 1996.
- [138] L.G. Shapiro y R.M. Haralick. A metric for comparing relational descriptions. *IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell.*, 7:090–094, 1985.
- [139] D.W. Shattuck y R.M. Leahy. *BrainSuite: an automated cortical surface identification tool*. Med.Image Anal., 1st ed<sup>ón</sup>., 2002.
- [140] S. Shen, W. Sandham, M. Granat, y A. Sterr. Mri fuzzy segmentation of brain tissue using neighborhood attraction with neural-network optimization. *IEEE Trans.Inf.Technol.Biomed.*, 9:459–467, 2005.

- [141] K. Somasundaram y T. Kalaiselvi. *Automatic brain extraction methods for T1 magnetic resonance images using region labeling and morphological operations*. *Comput.Biol.Med.*, 1st ed<sup>ón</sup>., 2011.
- [142] T. Stephen, C. Wong, y H.K. Huang. *Desing methods and architectural issue and integrated medical image data base systems*. *Comp.Med.Imag.and Graph.*, 1st ed<sup>ón</sup>., 1996.
- [143] Melanie. Sutton. Chapter 6 - image segmentation by fuzzy clustering: Methods and issues. *Magn Reson.Imaging.*, 15:91–111, 2009.
- [144] H. Suzuki y J. Toriwaki. Automatic segmentation of head mri images by knowledge guided tresholding. *Comp.Med.Imag.and Graph.*, 15:233–240, 1991.
- [145] H. Timm, Ch. Borgelt, Ch. Dring, y R. Kruse. An extension to possibilistic fuzzy cluster analysis. *Fuzzy.Sets.and Systems.*, 147:3–16, 2004.
- [146] T. Tolxdorff, T.M. Deserno, H. Handels, y H.P. Meinzer. Advances in medical image computing. *Methods. Inf.Med.*, 48:311–313, 2009.
- [147] J.K. Udupa y R. Goncalves. Imaging transforms for visualizing surfaces and volumes. *Journal.Dig.Imaging.*, 6:231–236, 1993.
- [148] J.K. Udupa y S. Samarasekera. Fuzzy connectedness and object definition: Theory, algorithms, and applications in image segmentation. *Graph.Model.Im.Process.*, 58:246–261, 1993.
- [149] M. Vaidyanathan, L.P. Clarke, C. Heidtman, R.P. Velthuisen, y L.O. Hall. Normal brain volume measurements using multispectral mri segmentation. *Magn. Reson.Imaging.*, 15:87–97, 1997.
- [150] M. Vaidyanathan, L.P. Clarke, R.P. Velthuisen, S. Phuphanich, A.M. Bensaid, L.O. Hall, J.C. Bezdek, H. Greenberg, A. Trotti, y M. Silbiger. Comparison of supervised mri segmentation methods for tumor volume determination during therapy. *Magn. Reson.Imaging.*, 13:719–728, 1995.
- [151] L.K. Van, F. Maes, y D. Vandermeulen. A unifying framework for partial volume segmentation of brain mr images. *IEEE Trans.Med.Imaging.*, 22:105–119, 2003.
- [152] H. Vargas y B. Zanella. Possibilistic clustering criterion for the segmentation of magnetic resonance images. *Transac.Circuit.System.*, 3:2128–2131, 2004.

- [153] R.P. Velthuizen, L.O. Hall, y L.P. Clarke. An initialization scheme for clustering of mr images of the brain. *IEEE Engin.Med.Biol.Soc.*, 3:164–166, 1993.
- [154] C.M. Wang, S.W. Su, P.C. Kuo, y G.C. Lin. A study on the application of fuzzy information seeded region growing in brain mri tissue segmentation. *IEEE Trans.Med.Imaging.*, 5:356–359, 2014.
- [155] J. Wang, L. Ju, y X. Wang. Image segmentation using local variation and edge-weighted centroidal voronoi tessellation. *IEEE Trans.Image Process.*, 20:3242–3256, 2011.
- [156] J. Wang, J. Kong, Y. Lu, M. Qi, y B. Zhang. *A modified FCM algorithm for MRI brain image segmentation using both local and non-local spatial constraints*. Comp.Med.Imag.and Graph., 1st ed<sup>ón</sup>., 2008.
- [157] X.-Y. Wang y J. Bu. *A fast and robust image segmentation using FCM with spatial information*. Digital.Sign.Proces., 1st ed<sup>ón</sup>., 2010.
- [158] P. Welter, C. Hocken, T.M. Deserno, y C. Grouls. Workflow management of content-based image retrieval for cad support in pacs environments based on ihe. *Int.Journal.Comput.Assist.Radiol.Surg.*, 5:393–400, 2010.
- [159] Y. Wen, L. He, K.M. von Deneen, y Y. Lu. Brain tissue classification based on dti using an improved fuzzy c-means algorithm with spatial constraints. *Magn Reson.Imaging.*, 31:1623–1630, 2013.
- [160] S.T. Wong y H.K. Huang. Design methods and architectural issues of integrated medical image data base systems. *Comput.Med.Imaging Graph.*, 20:285–299, 1996.
- [161] X.L. Xie y G. Beni. *A validity measure for fuzzy clustering*. IEEE Trans.Pattern.Anal.Mach.Intell., 1st ed<sup>ón</sup>., 1991.
- [162] C. Xu, D.L. Pham, M.E. Rettmann, D.N. Yu, y J.L. Prince. *Reconstruction of the human cerebral cortex from magnetic resonance images*. IEEE Trans.Med.Imaging, 1st ed<sup>ón</sup>., 1999.
- [163] C. Xu y J.L. Prince. Snakes, shapes, and gradient vector flow. *IEEE Trans.Image Process.*, 7:359–369, 1998.
- [164] X. Yang y B. Fei. *A multiscale and multiblock fuzzy C-means classification method for brain MR images*. Med.Phys., 1st ed<sup>ón</sup>., 2011.

- 
- [165] A. Yardimci. Soft computing in medicine. *Appl.Soft.Computing.*, 9:1029–1043, 2009.
- [166] J. Yu, Q. Cheng, y H. Huang. *Analysis of the weighting exponent in the FCM.* IEEE Trans.Syst.Man.Cybern.B Cybern., 1st ed<sup>ón</sup>., 2004.
- [167] Bo. Yuan, G.J. Klir, y J.F. Swan-Stone. Evolutionary fuzzy c-means clustering algorithm. *IEEE Fuzzy.Systems.*, 9:129–143, 1991.
- [168] J. Zhang, X.-B. andLi. *A New Validity Index of Fuzzy c-Means Clustering.* Int.H.Machine.Syst, 1st ed<sup>ón</sup>., 2009.
- [169] W. Zhang, M.and Zhang, H. Sicotte, y P. Yang. *A new validity measure for a correlation-based fuzzy c-means clustering algorithm.* Conf.Proc.IEEE Eng Med.Biol.Soc., 1st ed<sup>ón</sup>., 2009.
- [170] A.P. Zijdenbos y B.M. Dawant. *Brain segmentation and white matter lesion detection in MR images.* Crit Rev.Biomed.Eng, 1st ed<sup>ón</sup>., 1994.
- [171] A.P. Zijdenbos, B.M. Dawant, R.A. Margolin, y A.C. Palmer. *Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation.* IEEE Trans.Med.Imaging, 1st ed<sup>ón</sup>., 1994.