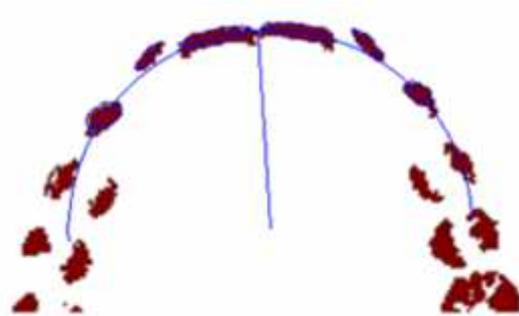

Biteprint: reconocimiento semiautomático de marcas dentales y comparación con moldes 3D



Doctoranda: Beatriz Ramos Ontiveros

Directores:

Juan Carlos Torres Cantero

Stella Martín de las Heras

Editor: Universidad de Granada. Tesis Doctorales
Autor: Beatriz Ramos Ontiveros
ISBN: 978-84-1306-163-4
URI: <http://hdl.handle.net/10481/55496>

Biteprint: reconocimiento semiautomático de marcas dentales y comparación con moldes 3D

Aplicaciones de las TIC: salud-bienestar social, medio ambiente-energía y agroalimentarias
Universidad de Granada



Beatriz Ramos Ontiveros

Directores:

Stella Martín de las Heras

Juan Carlos Torres Cantero

Granada, 2018

Agradecimientos

A mis padres, Francisco y María Isabel, mis mayores valedores. Gracias por la educación y los valores que me habéis dado, por haberme acompañado durante todo mi recorrido. Por vuestro apoyo incondicional, tanto en los momentos buenos como en los malos. Por vuestro cariño, vuestra inmensa paciencia y por haber creído siempre en mí.

A mis hermanas, Elisabet y María, mis mejores amigas. Gracias por vuestra paciencia y vuestro afecto, por haber estado siempre a mi lado y por haberme apoyado y aconsejado lo mejor que habéis podido. Sin vosotras nada hubiera sido lo mismo y mi vida hubiera estado mucho más vacía.

A mis dos directores de tesis, Juan Carlos Torres Cantero y Stella Martín de las Heras. Gracias por vuestro apoyo y vuestra paciencia, por haber creído en mi potencial, y por haberme guiado paso a paso, a lo largo de años. Sin vuestro apoyo, vuestro conocimiento y vuestro esfuerzo no hubiera sido posible este proyecto con el que tanto he disfrutado y aprendido.

A Ana Belén Molina García. Sin tu colaboración, apoyo y trabajo no hubiera sido posible realizar esta tesis. Mi más sincero agradecimiento por ello.

A Manolo Bravo Pérez, nuestro estadista. Gracias por tu ayuda y tu asesoramiento en ese complejo mundo que es la estadística, y por todo el tiempo dedicado a este trabajo altruistamente. Tus conocimientos han sido imprescindibles para nosotros.

Resumen

Una de las grandes dificultades con las que hay que lidiar frecuentemente en procesos judiciales en los que el agresor ha dado una o varias mordeduras a la víctima es la dificultad para la identificación objetiva del agresor a partir de un molde de la dentadura del sospechoso y una fotografía tomada por la Policía, la Guardia Civil o los Médicos Forenses de la marca dental que ha dejado la mordedura sobre la piel de la víctima.

La importancia del análisis de las marcas dentales en procesos judiciales se debe a la unicidad de la dentadura humana, y a que ésta puede marcarse en la piel u objetos de forma que permitan identificar al sujeto causante de una mordedura.

Actualmente, el proceso de comparación es complejo y subjetivo, dando lugar en muchas ocasiones a la pérdida de fuerza legal de este tipo de pruebas. Con intención de minimizar esta problemática, se ha desarrollado un programa, Biteprint®, capaz de realizar un reconocimiento semiautomático de marcas dentales humanas sobre una fotografía con la intención de extraer una serie de parámetros que identifiquen adecuadamente una dentadura y que nos permitan establecer una comparación con el molde dental de uno o varios sospechosos.

Los resultados obtenidos en el trabajo han sido aceptados como buenos por nuestros expertos en la materia, realizándose además un estudio estadístico para la validación de los parámetros elegidos como identificativos de una dentadura en el que se han obtenido resultados interesantes.

Índice

1. Introducción.....	6
1.1. Motivación	6
1.2. Mordeduras y sus características	7
1.3. Utilización de marcas de mordeduras como pruebas periciales	8
1.4. Estado del arte de la identificación de marcas dentales.....	10
1.5. Características de las imágenes de mordeduras	12
1.5.1. Fotografías de mordeduras	13
1.5.2. Imágenes de Dentalprint®	15
1.6. Justificación y objetivos	16
1.7. Estructura del estudio	18
2. Hipótesis. Propuesta de caracterización de la dentadura.....	20
3. Obtención de marcas dentales usando filtros.....	24
3.1. Filtros de Canny, Sobel y Roberts	24
3.2. Filtros de Prewitt y Kirsch	29
3.3. Filtro de color.....	31
3.4. Snakes.....	33
3.5. Filtro de inundación.....	35
4. Extracción de la firma de la dentadura.....	38
4.1. Sistema de coordenadas.....	38
4.2. Obtención de huellas dentales procedentes de fotografías	42
4.2.1. Conversión de una fotografía en una imagen binaria	43
4.3. Obtención de huellas dentales de imágenes de DentalPrint®	44
4.3.1. Características de las imágenes obtenidas con DentalPrint®	45
4.4. Cálculo de las elipses	45
4.4.1. Elipses iniciales	46
4.4.2. Elipses ajustadas mediante algoritmo genético	47
4.4.2.1. Algoritmos genéticos	47
4.4.2.2. Algoritmo genético para el ajuste de la marca dental	51
4.4.2.2.1. Método de cálculo del coste de las elipses	53
4.4.2.3. Validación del algoritmo genético usado	55

4.5. Cálculo de la arcada dental.....	65
4.5.1. Cálculo de la ecuación de una circunferencia	65
4.5.2 Cálculo de la circunferencia que mejor se ajusta a nuestras elipses	67
4.5.3. Selección de la semicircunferencia	69
4.6. Cálculo de los parámetros de la dentadura	69
5. Resultados y discusión.....	71
5.1. Resultados y validación del modelo	71
5.1.1. Ensayo experimental	71
5.1.2. Bases de datos para validación	74
5.1.3 Estadística	77
5.2. Discusión.....	89
6. Conclusiones y trabajo futuro	93
6.1. Conclusiones	93
6.2. Trabajo futuro.....	95
7. Bibliografía.....	97
8. Anexos	109
8.1. Información exportada desde BitePrint®	109
8.2. Bases de datos para validación	110

1. Introducción

1.1. Motivación

Uno de los problemas más frecuentes en procesos judiciales por agresiones, malos tratos, violaciones, asesinatos, etc. en los que el agresor ha mordido a la víctima, es la dificultad para conseguir una identificación objetiva del culpable. Esta identificación podríamos hacerla a partir de un molde de la dentadura del sospechoso y una fotografía tomada por los Cuerpos de Seguridad o los Médicos Forenses de la marca de la mordedura sobre la piel de la víctima.

Actualmente, esta comparación la realiza un experto de forma manual. Para ello, marca sobre un acetato transparente las marcas dentales del modelo en escayola obtenido de los dientes del sospechoso, y luego coloca el acetato sobre la fotografía de la mordedura en la piel de la víctima. Además, identifica los distintos dientes de la fotografía y mide una serie de parámetros que tratan de objetivar el proceso en la medida de lo posible. Teniendo en cuenta la superposición del acetato y la fotografía, y los parámetros medidos, concluye si es o no posible que esa dentadura haya realizado esa mordedura.

Este proceso que puede resultar trivial no lo es en absoluto: la identificación de las marcas dentales está dificultada por el hematoma producido sobre la piel, por las distintas propiedades elásticas de la propia piel en la zona de la mordedura (siendo distintas en diferentes regiones de la anatomía humana) e incluso por la propia toma de la fotografía, ya que no siempre se toma en las mismas condiciones de iluminación, orientación, etc.

Por ello, debido a todas estas complicaciones y dificultades que, junto con la experiencia del experto, que añade un plus de subjetividad y un grado de error al proceso, es frecuente que este tipo de pruebas pierdan fuerza en muchas ocasiones.

Con intención de eliminar en la medida de lo posible la parte subjetiva de esta identificación, hemos desarrollado un programa, Biteprint®, que permite realizar un reconocimiento semiautomático de marcas dentales humanas sobre una fotografía y

sobre otro tipo de imágenes para la extracción de parámetros identificativos de una dentadura con los que poder establecer una comparación con el molde dental de uno o varios sospechosos.

No se pretende con esta aplicación eliminar por completo la participación del experto en el proceso sino aprovechar su experiencia sin que eso signifique una pérdida de validez para las pruebas.

1.2. Mordeduras y sus características

Cuando una persona muerde a otra, queda sobre la piel de la víctima una marca formada por los dientes del agresor que, en ocasiones, incluyen otras estructuras orales como la marca de los labios o de la lengua [69; 77; 104].

La marca dejada por los dientes sobre la piel de una persona viva queda difuminada por el hematoma formado y es dependiente de variables como la elasticidad de la piel en la zona mordida, la vascularización en la misma, y la fuerza o angulación de la mordida. También influyen el movimiento de la víctima durante la mordedura como acto reflejo defensivo, la toma de ciertos fármacos o la curvatura de la zona donde se ha producido la mordedura [15; 23; 37; 47; 48; 50; 59; 88; 95; 115].

La identificación de un sujeto a partir de la marca dental que queda al morder a otra persona se basa en la unicidad de la dentadura y en que esa unicidad puede quedar registrada con precisión en la piel de otra persona [2; 3; 53; 61; 75; 82; 89; 100; 109; 116]. Actualmente, las marcas por mordedura son aceptadas en juicios reales como pruebas [33; 81; 83], pero debido a la parte subjetiva de los análisis comparativos entre estas marcas dentales y los moldes dentales de los sospechosos, estas pruebas pierden credibilidad [12; 30; 84; 110].

Generalmente, las marcas dejadas por los dientes se pueden aproximar a elipses, mientras que todas esas elipses (y especialmente las de la región anterior de la boca) quedan incluidas en una semicircunferencia correspondiente a la arcada dental. Lo más frecuente es que, en una mordedura humana, podamos observar los dos arcos

de dientes correspondientes a cada una de las arcadas de la boca [54; 106]. Los dientes que más habitualmente quedan registrados en la mordedura son los seis dientes anteriores (los cuatro incisivos y los dos caninos), pudiendo encontrarse a veces los premolares y muy raramente los molares [29; 36].

Es un punto importante también a tener en cuenta el hecho de que en todas las mordeduras no quedan bien definidas las características individuales necesarias para el análisis e identificación del agresor. Tanto en las mordeduras más leves como en las más graves (en las que ha habido avulsión de tejido) es más complejo analizar y encontrar los datos necesarios para la identificación del agresor [85].

1.3. Utilización de marcas de mordeduras como pruebas periciales

La presencia de marcas dentales por mordeduras son frecuentes en delitos de homicidio, violencia de género, violaciones y abuso a menores. El causante puede ser el agresor, que muerde durante el ataque, o la víctima en un intento de defenderse.

Hay múltiples estudios que tratan la unicidad de la dentición humana y la posibilidad de identificar al causante de una mordedura analizando la huella dental [2; 3; 33; 38; 44; 51; 53; 61; 75; 82; 89; 100; 109; 111; 116].

La presencia de un diente con algún rasgo distintivo, la ausencia de un diente, o características como la rotación y distancia entre los mismos aportan datos significativos para la identificación de una persona a partir de su dentadura. En algunos estudios se ha visto que los dientes tienen un patrón característico y distintivo incluso entre gemelos [2; 3; 34; 43; 100].

Es importante tener en cuenta que, de todos modos, aunque la dentadura de cada persona sea única, lo que estudiamos en este caso es si las huellas dentales producidas en una mordedura permiten identificar al causante de la misma, para lo cual las características identificadoras del modelo dental deben quedar impresas sobre la piel de la víctima. Por las características propias de la piel, las marcas dentales quedan distorsionadas, variando además según la zona de piel afectada (cada zona

tiene una elasticidad propia y diferente, una curvatura variable, diferente nivel de vascularización que dará lugar a mayor o menor hematoma y eritema...). También influyen en la marca resultante y en su evolución otras variables dependientes de la víctima como las enfermedades que padece (por ejemplo, enfermedades de la piel que modifican el colágeno, la elasticidad o la cicatrización; patologías que aumentan la fragilidad de los vasos sanguíneos...) o los fármacos que toma (los anticoagulantes favorecen el sangrado y, por tanto, el hematoma formado será mayor), la edad (la cicatrización en los niños es más rápida que en los adultos)... [6; 95].

Para el análisis de las huellas de mordeduras humanas, lo primero a tener en cuenta es el tipo de marca típico dejado en una mordedura [Figura 1], donde se observan los dos arcos dentales opuestos, separados por espacios en sus bases, un hematoma más o menos extenso en la zona y, en ocasiones, otro en la zona central dejado por la lengua. Algunas mordeduras dejan otro tipo de formas debido a las características particulares de la zona de mordedura, pero lo más típico es lo descrito previamente [36].



Figura 1. Dos ejemplos de marcas dejadas en una mordedura humana.

Para la identificación de un sujeto a partir de las marcas dentales dejadas en una mordedura, se compara el modelo dental del sospechoso extraído en escayola con las fotografías tomadas de la lesión por los Cuerpos de Seguridad o por los Médicos Forenses.

En esta comparación, se miden y analizan diversas características y parámetros tanto de la fotografía tomada como del molde dental. Entre otros datos, se tienen en

cuenta el tamaño de los dientes, la posición y rotación de los mismos, la falta de alguna pieza dental, y la distancia intercanina (en caso de que los caninos estén presentes en la marca registrada en la piel de la víctima) [13; 55; 64].

Tras obtener esos parámetros, se procede a comparar una huella dental extraída del molde en escayola de los dientes del sospechoso (bien con la ayuda de un acetato, bien con la ayuda de Adobe Photoshop®) con la huella de la dentadura sobre la piel de la víctima mediante la superposición de ambas [92].

Este método, aunque aceptado, tiene un grado de subjetividad y una precisión variable que hace que estas pruebas pierdan fuerza en juicios reales.

1.4. Estado del arte de la identificación de marcas dentales

El problema de la comparación semiautomática entre marcas de mordeduras y moldes 3D de dentaduras ha sido estudiado previamente por otros autores.

Blackwell, Taylor, et. al [17] desarrollaron una técnica que permite la comparación de una dentadura 3D con una marca de mordedura también en 3D, eliminando la distorsión que se produce debido a la perspectiva en la fotografía convencional. No obstante, según dicen los mismos autores, no se consiguió una solución final para los problemas que se presentan en el análisis de la marca de la mordedura.

Otros investigadores como Martin – de las Heras, Valenzuela, et al [28] han presentado en su trabajo el software DentalPrint® que genera automáticamente diferentes marcas de mordeduras a partir de modelos de dentaduras 3D conseguidos tras digitalizar con un escáner 3D el correspondiente molde dental, teniendo en cuenta la presión de la mordedura o la distorsión causada por la reacción de la víctima, siendo posible usar esas imágenes en procesos judiciales. Este software se usa en el presente trabajo para extraer huellas dentales a partir de modelos de dentaduras 3D.

Otros trabajos, como el de Tuceryan, Li, et al [112], estudian la posibilidad de identificar correctamente la imagen de una marca de mordedura con la dentadura 3D

que la ha producido a partir de la comparación de imágenes de los contornos 2D obtenidos del modelo dental en 3D y los contornos 2D obtenidos de las imágenes de la marca de la mordedura, consiguiendo resultados interesantes.

Bholsithi, Phichitchaiphan y Sinthanayothin [16] han trabajado en una base de datos online para almacenar y manejar modelos dentales en 3D e imágenes en 2D destinada al uso de dentistas. Además, la base de datos permite almacenar información de identificación dental tanto de dientes individuales como de la estructura dental con la intención de poder usar esos datos para identificar a personas desaparecidas comparando la dentadura postmortem de alguien con la información almacenada.

Van der Velden, Spiessens y Willems [37] han presentado un método para facilitar el análisis de una marca dental visible sobre la piel en una fotografía mediante el coloreado artificial de ciertas áreas con valores idénticos de intensidad, así como para representar una imagen 2D como un objeto de superficie pseudo-3D. De este modo, se consigue un grado de visualización de detalle mayor que con otros métodos.

En su trabajo, Hofer y Nilceu-Marana [52] desarrollaron un método para la identificación de personas a partir de información dental extraída de radiografías dentales. Estos autores siguen tres pasos: primero hacen una segmentación para extraer las características relevantes (la segmentación final se obtiene con un algoritmo de snakes), luego crean un código dental (teniendo en cuenta la posición y el tamaño del diente, y la distancia entre los dientes vecinos) y, por último, realizan una comparación (haciendo uso de la distancia de Levenshtein). El método fue probado en una base de datos con 68 radiografías dentales obteniendo resultados alentadores. No obstante, la cantidad de imágenes usadas no era alta, por lo que tampoco es posible establecer claramente cuál es el rendimiento y la efectividad del método propuesto.

En esta misma línea de investigación, los autores Chen y Jain [28], al igual que Hofer y Nilceu-Marana [52], estudiaron cómo identificar a una persona a partir de radiografías dentales. En este caso, hacen uso de los contornos de los dientes, las posiciones relativas de un diente con sus vecinos y la forma de las piezas dentales. El sistema que ellos proponen tiene dos fases: la extracción de características y la

comparación. Para la extracción de características, estos investigadores tratan de mejorar las imágenes con difusión anisotrópica, y emplean un modelo de gaussianas para la segmentación de las piezas dentales. Y para la etapa de comparación hay tres pasos secuenciales: el registrado de la forma (donde se alinean los contornos de los dientes y se obtiene la distancia entre ellos), la computación de la similitud entre imágenes (donde se establece la correspondencia de los dientes entre dos imágenes dadas) y la identificación del sujeto (para lo que se usan las distancias obtenidas previamente). Los resultados obtenidos son prometedores.

Flora, Tuceryan y Blitzer [42] han desarrollado un método semiautomático para comparar modelos dentales en 3D tomados a una persona con las imágenes de marcas dentales dejadas en la escena de un crimen con la intención de reducir al máximo la interacción humana, de forma que haya una buena precisión reduciendo el sesgo humano. Para ello, se calcula el alineamiento ideal entre la imagen de la marca dental y el molde dental en 3D, encontrando la transformación que minimiza la distancia entre ambos. Luego, se identifica el mejor emparejamiento comparando con un conjunto de modelos dentales de sospechosos. Los resultados en la identificación aplicando este método fueron comparados con los obtenidos manualmente por odontólogos forenses, siendo bastante prometedores.

Como vemos, son muchos los investigadores que están trabajando en el campo de la identificación automática y objetiva de marcas dentales y su comparación, habiéndose logrado importantes avances en este campo, centrándose algunos en las características tridimensionales de las mordeduras [17; 40; 67; 71; 73; 74; 76; 78; 79; 86; 98; 103; 107; 109; 113; 114]. Sin embargo, aún no se han conseguido resultados del todo satisfactorios, siendo necesario continuar trabajando en este ámbito.

1.5. Características de las imágenes de mordeduras

Las imágenes con las que vamos a trabajar tienen unas características particulares que conviene tener en cuenta para entender el proceso seguido.

BitePrint® trabaja con dos tipos de imágenes: fotografías de mordeduras humanas e imágenes extraídas del programa DentalPrint®.

1.5.1. Fotografías de mordeduras

Las fotografías de las agresiones son tomadas por Médicos Forenses o por miembros de la Policía o de la Guardia Civil, procurando realizarlas lo más perpendiculares posibles a la marca de la mordedura. Habitualmente, se toman varias fotografías distintas de cada lesión: algunas de ellas con un campo de visión más amplio, que permita la ubicación de la lesión, y otras con menor campo de visión pero más definición de detalles [90; 97].

Algunas de estas fotografías se toman directamente, y otras colocando una regla estándar (escala ABFO nº2) [Figura 2], específica para el análisis de lesiones por mordeduras [8].

Cuando se usa la regla, ésta debe colocarse junto a la lesión y paralela al plano de la misma. Biteprint® usará fotografías con escala para poder hacer el cálculo del valor de los parámetros [9].

Para evitar posibles deformaciones de las imágenes por pequeñas variaciones en el ángulo en que se toman, todas ellas son tratadas previamente con Adobe Photoshop®, que permite corregir la distorsión en la imagen [18; 19; 20; 24; 31; 56; 57; 68; 105].



Figura 2. Fotografía de una mordedura tomada por la Policía.

Respecto al tipo de marcas dentales que encontraremos, lo que va a quedar marcado en una mordedura generalmente es la parte anterior de la boca, siendo excepcional encontrar marcas de molares. Típicamente veremos marcados los incisivos (laterales y centrales) y los caninos, que son, por lo general, más prominentes. También podemos encontrar premolares, especialmente en mordidas lateralizadas.

Por lo general, podremos observar marcas de ambas arcadas (superior e inferior), y es típico que, cuando se atiende a las víctimas, se haya formado ya un hematoma alrededor de la marca del diente y exista inflamación de la zona, lo que dificulta la identificación de la señal dejada por cada pieza dental [Figura 3].



Figura 3. Fotografía de una mordedura donde se observan las dos arcadas dentales.

Si la víctima tarda más en denunciar lo ocurrido, podemos encontrar heridas en proceso de cicatrización.

En algunas ocasiones hay, además, señales de varias mordeduras sucesivas en la misma región [Figura 4].



Figura 4. Fotografía donde se observan varias mordeduras dobles.

1.5.2. Imágenes de Dentalprint®

En el trabajo propuesto por Martín-de-las-Heras et al [71; 72; 76] se desarrolló un programa, DentalPrint®, capaz de extraer las huellas dentales que una dentadura dejaría al morder sobre un plano.

Para conseguir este tipo de imágenes, partimos del molde en escayola de la dentadura de una persona. Usando un escáner 3D, digitalizamos el modelo y, una vez tenemos el modelo 3D en el ordenador, usamos DentalPrint® para aplicarle un plano que simule el plano de mordida sobre esa dentadura. Ese plano nos da una serie de marcas correspondientes a la zona de corte del plano sobre el molde dental [Figura 5].



Figura 5. Huella dental obtenida con DentalPrint® a partir de un molde dental escaneado.

Estas imágenes, al contrario de lo que ocurre con las fotografías, tienen frecuentemente las marcas correspondientes a premolares y molares, y no tienen el problema de estar distorsionadas por inflamación ni hematomas.

Son imágenes binarias en las que, sobre un fondo blanco, observamos la marca de los dientes en un color plano.

1.6. Justificación y objetivos

Teniendo en cuenta la pérdida de fuerza y objetividad en juicios reales de la comparación de las fotografías de marcas dentales con los modelos dentales por lo explicado previamente, hemos desarrollado Biteprint® para facilitar y homogeneizar el proceso de identificación y comparación de marcas dentales, de forma que no sea tan dependiente del experto que analiza la fotografía. Para ello, Biteprint® debe ser capaz de extraer los mismos parámetros de una fotografía y de una imagen obtenida a partir de un molde dental 3D con el programa Dentalprint®.

Nuestro principal objetivo ha sido desarrollar un modelo que permita la comparación semiautomática de marcas dentales 2D con un modelo dental en 3D, para lo cual nos hemos basado en la representación matemática de una dentadura mediante una serie de coeficientes geométricos.

Más concretamente, los objetivos del trabajo son:

- Proponer una caracterización matemática simple y representativa de dentaduras.
- Proponer un método para obtener esta caracterización a partir de la imagen de una mordedura.
- Proponer un método de comparación de dentaduras basado en la similitud de estas caracterizaciones.
- Validar el método de identificación.

Para realizar este proceso, se ha seguido un flujo de trabajo de dos vías que, finalmente, debe converger para la comparación.

Por un lado, tenemos las fotografías de mordeduras que se introducen en BitePrint®, programa con el que tras el análisis correspondiente, se extraen los parámetros identificativos de la mordedura. Y, por otro lado, tenemos los moldes en escayola de la dentadura del/de los sospechoso/s. Esos moldes se escanean usando un escáner 3D y, una vez se digitalizan, se introducen en el programa DentalPrint® para extraer los mismos parámetros identificativos. Una vez tenemos la caracterización de ambas imágenes, podemos realizar una comparación objetiva de la misma [Figura 6].

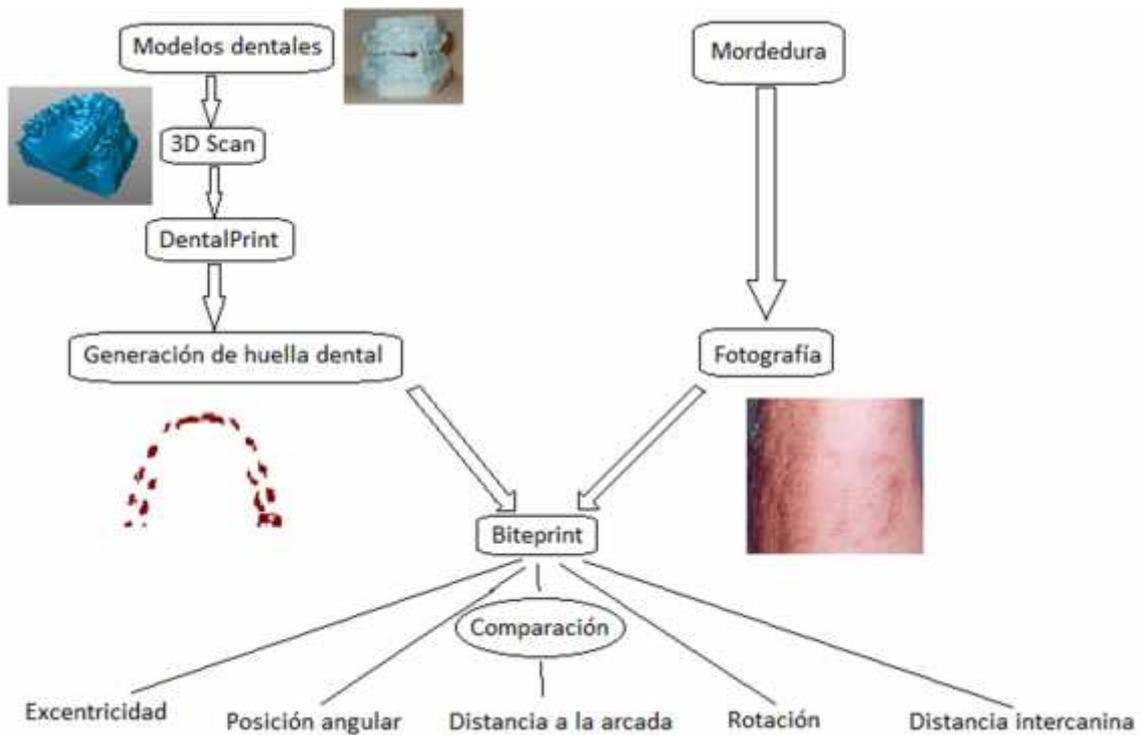


Figura 6. Figura con descripción del proceso completo seguido para la obtención de los parámetros identificativos de una mordedura.

1.7. Estructura del estudio

En el documento aquí expuesto vamos a realizar una descripción amplia y profunda del estudio que hemos realizado para el desarrollo de esta tesis. Dentro de cada uno de los apartados desarrollados se explica lo siguiente:

- 1- Introducción: como introducción, se describe la utilidad, necesidad y aplicación futura del trabajo en el campo de la odontología forense, describiéndose las características especiales de las mordeduras y las marcas dentales que producen sobre la piel, el uso de las mismas en procesos judiciales, características de las imágenes de las mordeduras y sus fotografías, y objetivos de esta tesis.
- 2- Hipótesis: hipótesis planteada en la tesis y parámetros para la caracterización de una dentadura.

- 3- Obtención de marcas dentales usando filtros: filtros, técnicas y algoritmos desarrollados y aplicados inicialmente sobre las imágenes de mordeduras con objeto de conseguir una extracción automática o semiautomática, según el caso, de las marcas dentales, así como los resultados obtenidos con los mismos.
- 4- Extracción de la firma de la dentadura: descripción exhaustiva del proceso completo para la extracción de la firma de la dentadura, paso por paso.
- 5- Resultados y discusión: resultados obtenidos con el método aquí propuesto, estudio estadístico de los mismos para validación de nuestra propuesta, y discusión de los resultados presentados.
- 6- Conclusiones y trabajo futuro: conclusiones extraídas tras realizar el estudio y con los resultados obtenidos, propuestas de mejoras y trabajo futuro.
- 7- Bibliografía: bibliografía usada para el desarrollo de la tesis.
- 8- Anexos: otro datos de interés para la profundización y comprensión de algunos aspectos del trabajo.

2. Hipótesis. Propuesta de caracterización de la dentadura

Para resolver el problema que nos atañe hemos identificado una serie de parámetros característicos de cada dentadura, extraíbles tanto de fotografías de mordeduras reales, como de imágenes de marcas dentales obtenidas con el programa Dentalprint®.

Para poder hacer la extracción y comparación de los parámetros de las marcas dentales, ya provengan de una fotografía o de una imagen de Dentalprint®, hemos desarrollado un programa llamado Biteprint® que permite el marcado de huellas dentales en una imagen, a partir de unos datos iniciales introducidos por el usuario, ajustar los dientes marcados y extraer automáticamente los parámetros identificativos de la dentadura.

Por último, para ver si los resultados obtenidos son significativos, se ha realizado un estudio estadístico que nos informa de qué parámetros son los más relevantes para identificar una marca dental.

La hipótesis de esta tesis es, por tanto, que es posible encontrar una caracterización geométrica compacta y precisa de dentaduras que permita correlacionar huellas dentales con sujetos de forma fiable en un momento dado y que esta caracterización se puede extraer de forma sistemática tanto de las fotografías de las mordeduras como de las imágenes generadas por DentalPrint.

Para ello, se decidió aplicar las siguientes aproximaciones:

- Dientes: la marca dejada en una mordedura por un diente humano puede aproximarse por una elipse de mayor o menor excentricidad. Así podremos realizar computacionalmente una comparación de una forma razonable, disminuyendo el número de parámetros, sin que eso implique pérdida de objetividad ni de fiabilidad.

- Arcada de la boca: cuando alguien muerde, la parte de la arcada de la boca implicada, principalmente, es la delantera. Esa región puede representarse correctamente por una semicircunferencia.

Los parámetros elegidos inicialmente para la identificación de una dentadura, siguiendo las indicaciones de expertos en la materia, fueron los siguientes:

- Parámetros descriptivos de la arcada:
 - o Tipo de la arcada: superior o inferior. Éste es un dato que realmente no calcula el programa, sino que tiene que indicarlo el usuario mediante las etiquetas de los dientes.
 - o Distancia intercanina: distancia del centro de un canino al centro del otro canino.
 - o Radio de la arcada: radio de la circunferencia (arcada de la boca).
- Parámetros descriptivos de un diente dentro de una arcada:
 - o Distancia del diente a la arcada: distancia del centro de la elipse (que representa al diente) al centro de la circunferencia (que representa a la arcada de la boca) [Figura 7].

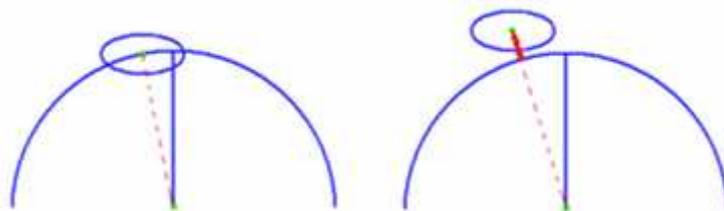


Figura 7. Dos ejemplos sobre el radio que se tendría en cuenta para el cálculo de la distancia del diente a la arcada. En la imagen de la izquierda la distancia es cero.

- o Posición angular: ángulo que hay entre el centro de la arcada y el radio que va desde el centro de la circunferencia hasta el centro de la elipse [Figura 8].

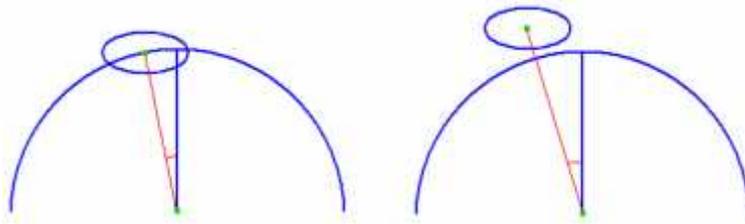


Figura 8. Dos ejemplos sobre la posición angular.

- Tamaño del eje mayor de la elipse (en milímetros).
- Excentricidad: relación que hay entre el eje mayor y el eje menor de la elipse [Figura 9].

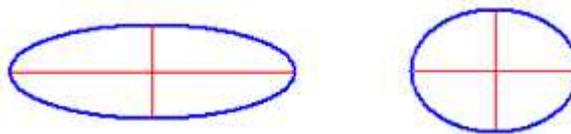


Figura 9. Dos ejemplos distintos sobre la excentricidad.

- Rotación: ángulo que forman el eje mayor de la elipse con la tangente a la circunferencia que pasa por el centro de la elipse (o por la proyección del centro de la elipse sobre la circunferencia si el centro de la elipse no es un punto de la circunferencia, es decir, si queda por dentro o por fuera de la misma). Debe estar entre -90 y 90 grados [Figura 10].

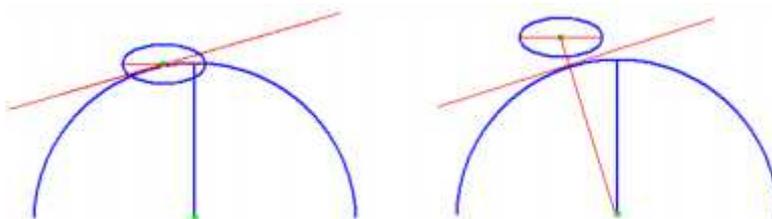


Figura 10. Dos ejemplos sobre lo que se consideraría para el cálculo de la rotación.

- Tipo de arcada: a la que pertenece el diente, superior o inferior.
- Posición del diente: cada diente debe ser identificado por el usuario, asignándole su número correspondiente según su posición y tipo

dentro de la arcada, siguiendo el Sistema Internacional de Numeración. El número depende tanto de la posición izquierda-derecha del diente como de si está en el maxilar superior o en el inferior. También varía según si el diente pertenece a un niño o a un adulto [Figura 11].

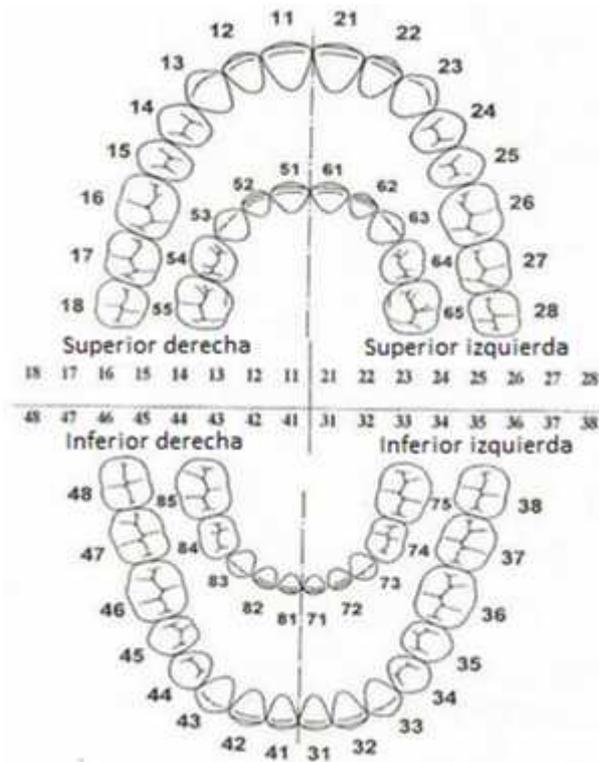


Figura 11. Sistema Internacional de Numeración tanto para niños como para adultos.

Más adelante, se realizó un proceso de estudio y validación de estos parámetros para ver, de ellos, cuáles son los que mejor identifican a una dentadura. Este proceso se explica detenidamente más adelante.

3. Obtención de marcas dentales usando filtros

Dado que las imágenes obtenidas por DentalPrint son binarias nos planteamos generar imágenes binarias de las lesiones, de forma que los métodos de identificación en ambos sean compatibles. El primer problema al que nos enfrentamos, tal como se comentó en la introducción, es la falta de definición de las lesiones en las fotografías de las mordeduras. Habitualmente, este problema se resuelve mediante la utilización de filtros, pero los resultados obtenidos con estos métodos no son suficientemente satisfactorios.

En este capítulo exponemos los diferentes filtros evaluados en este trabajo y los resultados obtenidos con imágenes de mordeduras reales.

3.1. Filtros de Canny, Sobel y Roberts

Una de las primeras opciones que se barajó para conseguir los contornos de las marcas dentales fue hacer uso de los típicos algoritmos de detección de contornos, como el de Canny, Sobel y Roberts [10; 11; 14; 25; 32; 45; 46; 70; 91; 121], implementados ya en la librería opencv [21; 65]. Desde el principio, se sospechaba que, teniendo en cuenta el tipo de imágenes con las que estábamos trabajando donde los cambios de gradiente son, por lo general, bastante sutiles, los resultados obtenidos con estos algoritmos iban a tener bastante ruido. Por eso se pensó en probar los tres filtros, ver cuál daba mejores resultados y centrarnos en ese filtro para trabajar a partir de él. Algunas de las imágenes obtenidas con estos filtros se muestran en las Figuras 13, 14 y 15.



Figura 12. Imagen original sobre la que se probaron los filtros. Es una mordedura hecha sobre la piel de un cerdo muerto, por eso no hay hematoma. La piel de cerdo es la más similar a la de persona, aunque es más dura.

Como se ve en las imágenes inferiores [Figura 13], ambas obtenidas tras aplicar a la imagen original [Figura 12] el filtro de Sobel con diferentes parámetros, los resultados conseguidos tienen una gran cantidad de ruido. Por ello, se decidió desde un principio descartar este filtro.



Figura 13. Dos ejemplos del filtro de Sobel aplicado a la Figura 12, con diferentes parámetros.

En el caso del filtro de Canny [Figuras 14 y 15], que detecta fronteras, los resultados conseguidos son algo mejores, aunque sigue habiendo demasiado ruido, ya que no hay cambios realmente apreciables entre las marcas dentales y el resto de la imagen.



Figura 14. Ejemplo obtenido con el filtro de Canny aplicado sobre la Figura 12.

Se plantearon inicialmente varias posibles soluciones a este problema:

- Permitir que el usuario marcara grosso modo la zona donde aplicar el filtro. De este modo se eliminaría el ruido del exterior de las marcas dentales.
- Quitar, a priori, parte del ruido. En este caso, el usuario tendría que eliminar de la imagen aquello que no es marca de mordedura. Pero esto traería problemas a la hora de emplear la aplicación en juicios reales.
- Resaltar, a priori, las marcas dentales mediante la aplicación en la imagen de filtros de color, modificación del contraste, etc. En juicios reales se admite el uso de filtros de color sobre las imágenes siempre y cuando afecten a la totalidad de la misma y no sólo a una zona. Sin embargo, no se consiguieron buenos resultados, debido en gran medida a que el filtro detecta contornos que no se corresponden a la mordedura (manchas en la piel, lunares o incluso bello, como se aprecia en las Figuras 15B y 15C).



Figura 15. Ejemplo obtenido con el filtro de Canny. A) Imagen original. B) Imagen tras aplicar el filtro de Canny. C) Imagen tras aplicar primero un filtro de color y luego el filtro de Canny.

Más adelante, se probaron los filtros con algunas imágenes [Figura 16] pero aplicándolos sólo a zonas concretas [Figura 17], en vez de a toda la imagen en general. Como se puede apreciar en las Figuras 18 y 19, los resultados obtenidos tampoco son buenos. Siguen conteniendo demasiado ruido, debido a la falta de homogeneidad del gradiente de color dentro de las imágenes tanto dentro como fuera de las mismas, sin haber unas fronteras claras, sino muy difuminadas.



Figura 16. Ejemplo de imagen real de una mordedura en fase de hematoma sobre la que se aplicaron los filtros.

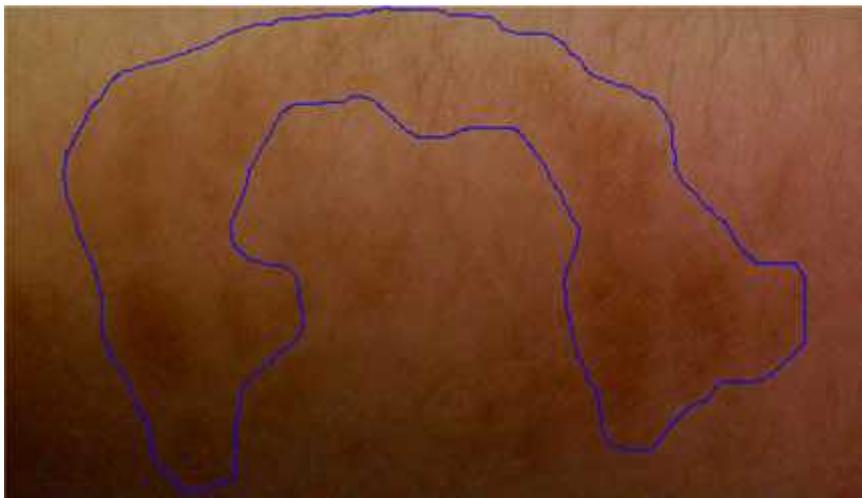


Figura 17. Ejemplo de contorno marcado por el usuario en la Figura 16 para aplicar los filtros de Canny y de Sobel.



Figura 18. Filtro de Sobel aplicado únicamente al área delimitada por el contorno que se observa en la Figura 17.



Figura 19. Filtro de Canny aplicado únicamente al área delimitada por el contorno que se observa en la Figura 17.

3.2. Filtros de Prewitt y Kirsch

Se probó también a aplicar los métodos de detección de contorno de Prewitt y de Kirsch [1; 4; 62; 80; 93; 94; 96; 99; 119], pero tampoco se obtuvieron buenos resultados como se observa a continuación, por el mismo motivo por el que no funcionaban los filtros anteriores [Figuras 20, 21, 22 y 23].

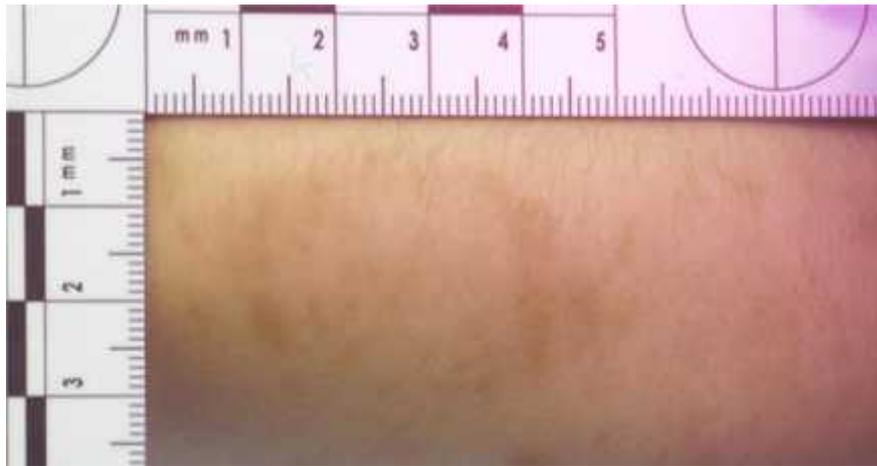


Figura 20. Imagen real de una mordedura humana.

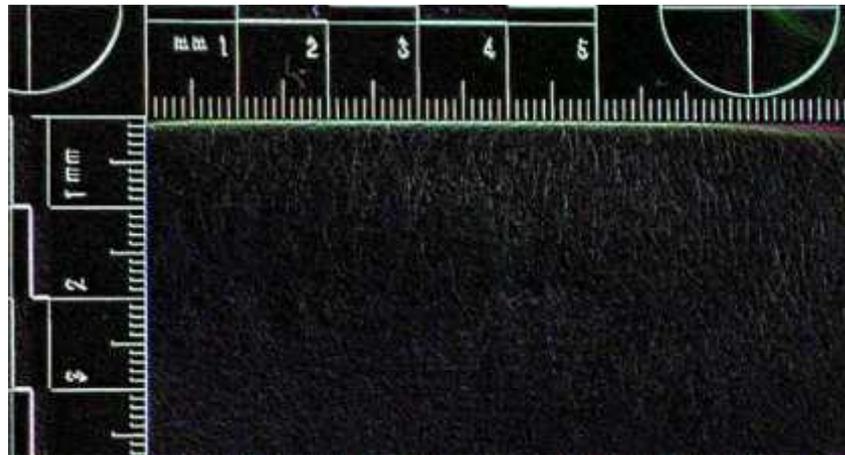


Figura 21. Ejemplo obtenido con el filtro de Kirsch al aplicarlo sobre la imagen de la Figura 20.

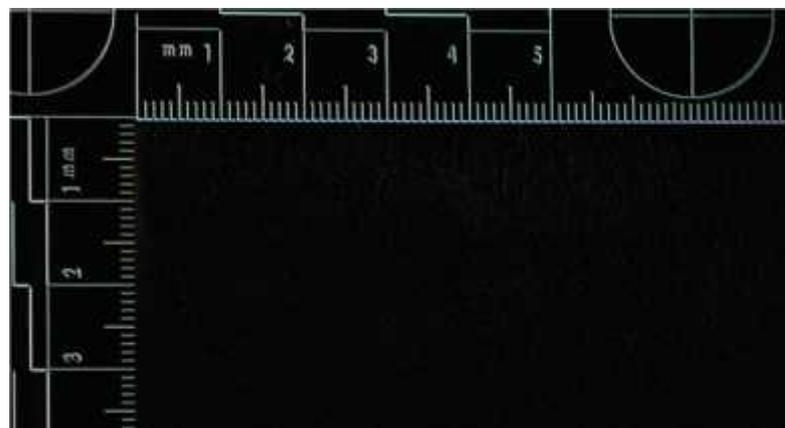


Figura 22. Ejemplo obtenido con el filtro de Prewitt al aplicarlo sobre la imagen de la Figura 20.

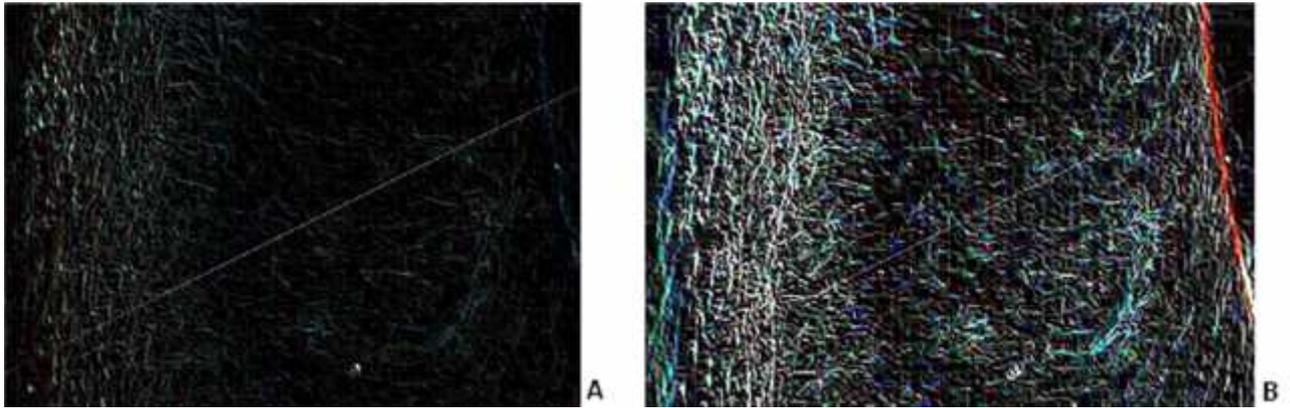


Figura 23. Ejemplo obtenido con el filtro de Prewitt, con distintos parámetros, aplicado a la imagen de la Figura 15A.

3.3. Filtro de color

Posteriormente, se barajó la posibilidad de aplicar a la imagen un filtro de color [27; 35; 39; 63; 93], de tal forma que el usuario marcara un píxel en la imagen del que el programa cogería el color y, a continuación, se borrarían automáticamente de la imagen todos los puntos con un color muy diferente al píxel marcado (disponiendo de un umbral de tolerancia modificable por el usuario). Los resultados no fueron satisfactorios, como puede apreciarse en la Figura 24.

El principal problema de este método deriva de dos puntos:

- En una misma imagen, debido a las zonas de luz y de sombra, las distintas marcas dentales que se observan pueden tener tonalidades muy diferentes, de forma que el color que tenga una marca dental no tiene por qué ser similar al de otra.
- Dentro de una misma marca dental, podemos encontrar píxeles de muy diferentes tonos.



Figura 24. Ejemplos obtenidos aplicando el filtro de color a la Figura 12 con diferentes parámetros.

Se probó a aplicar este filtro solamente a un área delimitada por el usuario, eliminándose directamente todos los píxeles que quedan fuera de esa región (Figura 25):

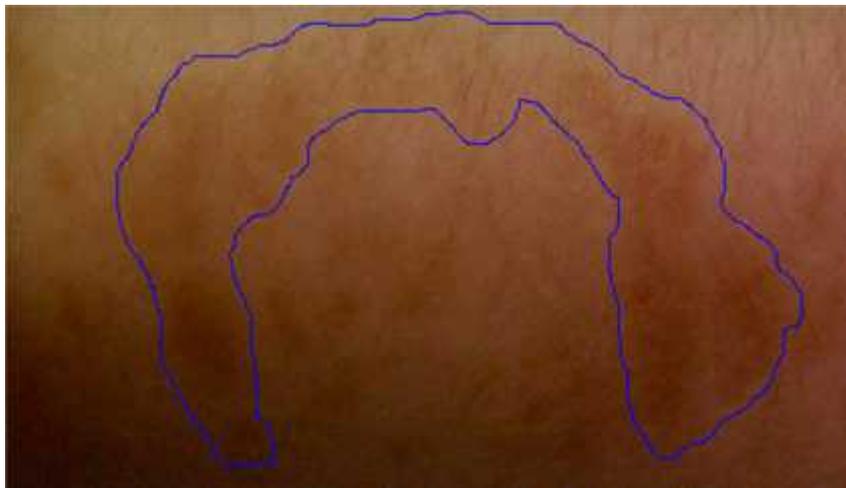


Figura 25. Ejemplo de contorno marcado por el usuario en la Figura 16 para aplicar el filtro de color.



Figura 26. Ejemplos del filtro de color con distintos parámetros aplicado al área delimitada por el usuario en la Figura 25.

La Figura 26 (tanto A como B) se ha conseguido dándole al usuario un umbral triple, en el que puede modificar el umbral de tolerancia para rojo, verde y azul. En la Figura 24, sin embargo, el umbral era único, es decir, el mismo para los tres colores. A pesar de eso, en ninguno de los casos el resultado es satisfactorio.

3.4. Snakes

Una vez que verificamos que la aplicación de la detección de contornos automática con los diversos filtros planteados no funcionaba, se pensó en utilizar los snakes. Los snakes son modelos de contornos activos, estructuras dinámicas utilizadas en el tratamiento de imágenes para marcar la frontera de un objeto en una imagen 2D con ruido [60; 101; 118].

Para ello, era necesario que el usuario marcara la zona donde quería que el snake trabajara. La zona marcada por el usuario es un área cerrada que es tratada como un polígono irregular. Ese polígono queda inscrito dentro de un rectángulo, que es la única zona de la imagen que va a interesarnos.

El algoritmo parte de un snake inicial, que sería el contorno marcado por el usuario, y tiene que ajustarlo a la marca dental que el experto haya rodeado [Figuras 27 y 28].

Los snakes están implementados en la librería opencv, usándose esta librería directamente para hacer las pruebas.

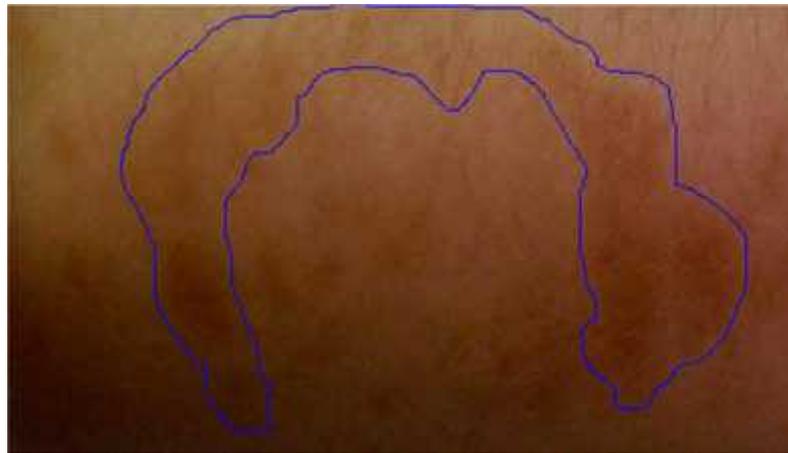


Figura 27. Ejemplo de contorno marcado por el usuario en la Figura 16 para aplicar como snake inicial.

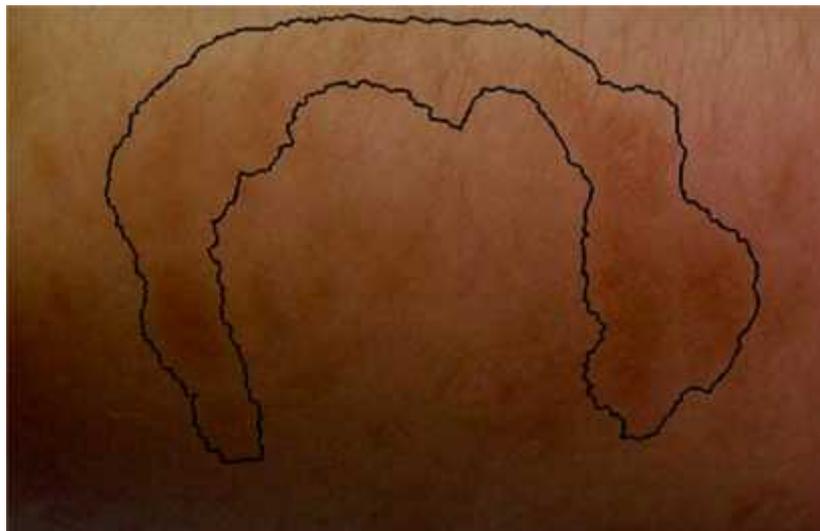


Figura 28. Snake aplicado a la Figura 27.

Aunque los resultados obtenidos de este modo fueron mejores que con los filtros previos, no son válidos. En este caso, el principal problema es que intentamos ajustar el snake a la totalidad de la marca dental. Al intentar captar todas las marcas dentales de forma simultánea nos volvemos a encontrar con el problema de la falta de uniformidad en la huella de la mordedura completa, además de lo comentado previamente de tener unas fronteras muy mal delimitadas. Analizando los resultados y

datos obtenidos a posteriores, creemos que se hubieran conseguido mejores resultados intentando ajustar los snakes a cada diente de forma individual. No obstante, si analizamos la imagen obtenida para la marca dental en su conjunto, el snake tampoco se acaba de ajustar correctamente al contorno de la misma, por lo que es muy posible que aplicando los snakes a cada diente de forma individual se hubieran conseguido mejores resultados pero, a pesar de ello, no válidos para el problema que nos compete.

3.5. Filtro de inundación

Tras los resultados anteriores, constatamos que no era posible obtener todas las marcas dentales a la vez, sino que tendríamos que ir consiguiéndolas por separado.

Después de decidir esto, se planteó el uso de un filtro de inundación que recibiera como datos de entrada dos puntos marcados por el usuario: uno en el interior de la marca dental y otro fuera (pero en las cercanías de la marca dental). De este modo, esperábamos poder identificar cada marca considerando las variaciones de color en su región en particular.

El algoritmo empleado consistía en lo siguiente:

- El usuario marca un punto dentro de la marca del diente y otro fuera.
- Se crean una serie de vectores de puntos para almacenar la información necesaria, en concreto: puntos inundados, puntos del borde, candidatos aún no comprobados y puntos ya comprobados.
- En el vector de candidatos se almacena el punto marcado por el usuario dentro del diente.
- Mientras haya puntos candidatos en el vector de candidatos:
 - o Se coge el último candidato del vector y se compara su intensidad con la intensidad media entre los dos puntos marcados.

- Si el punto es de intensidad mayor (más claro), queda fuera de la marca (los puntos más claros no son hematoma ni quedan en sombra al estar más elevados que las indentaciones), por lo que se añade al vector de puntos del borde y al de puntos comprobados, y se quita del vector de candidatos sin comprobar.
- Si el punto es de intensidad menor, queda dentro del diente, por lo que se almacena en el vector de puntos inundados y en el de puntos comprobados, y se quita del vector de puntos sin comprobar. A continuación, se busca de entre sus 8 vecinos aquellos que no estén ni en el vector de puntos comprobados ni en el de puntos sin comprobar, y se añaden a puntos sin comprobar.

Aunque en este caso los resultados eran mejores que en los casos anteriores, no llegaban a ser del todo satisfactorios, ya que las marcas dentales no son homogéneas, sino que tienen unos lados más claros y otros más oscuros: la intensidad dentro de una marca dental es bastante variable [Figuras 29 y 30].



Figura 29. Imagen inicial de la mordedura sobre la que se aplicaron los filtros de inundación.

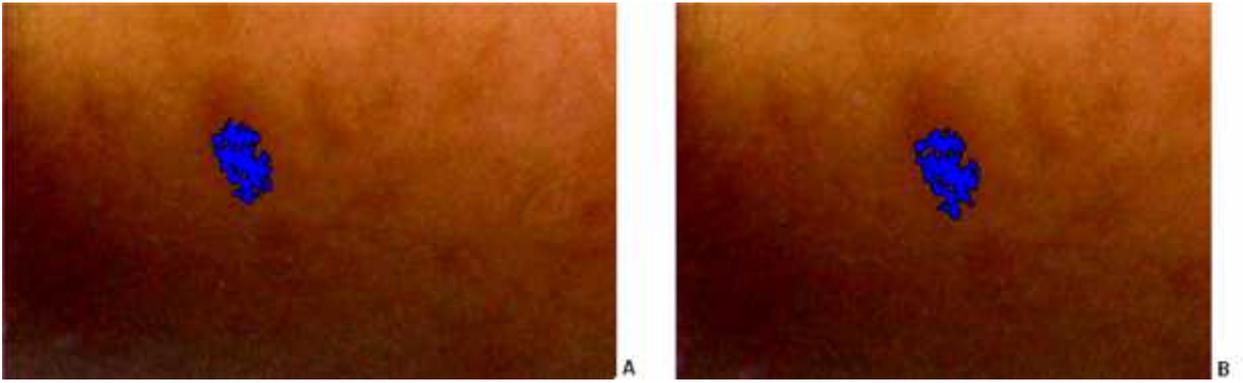


Figura 30. Ejemplos obtenidos aplicando el filtro de inundación inicial con distintos parámetros sobre la Figura 29. Como vemos, lo que se considera borde de la marca está dibujado en negro, y el interior de la marca está en azul.

4. Extracción de la firma de la dentadura

Para la extracción de la firma de la dentadura, hay que tener en cuenta las características particulares de las imágenes con las que vamos a trabajar, tanto si son fotografías como imágenes de DentalPrint®. En el caso de las fotografías, requerirán un procesamiento previo para convertirlas en imágenes similares a las que tenemos con DentalPrint: imágenes binarias.

Una vez hayamos procesado las imágenes con las que vamos a trabajar, habrá que identificar los dientes que aparecen en las mismas y, a continuación, cuando hayamos identificado todos los dientes visibles, se calculará la circunferencia que representa a la arcada dental.

Por último, se calcularán automáticamente los parámetros que identifican la dentadura [86; 87].

A continuación, explicaremos detalladamente cómo se realiza cada uno de estos pasos.

4.1. Sistema de coordenadas

Como se explicaba previamente, las imágenes con las que se trabaja en este ámbito tienen en su mayoría una regla estándar (escala ABFO nº2) que ayuda a tener una referencia de las medidas reales sobre la fotografía.

El programa necesita esa referencia para el cálculo de los parámetros correspondientes a cada diente y a la marca dental, y para obtener la firma de la dentadura que nos permita hacer comparaciones posteriormente.

Por ello, es necesario en Biteprint® que el usuario indique cuánto vale un centímetro en el eje X y cuánto en el eje Y. En ocasiones, en alguna de estas imágenes falta uno de los ejes de la escala [Figura 31]. En ese caso, se interpretará que un centímetro en el eje que falta mide lo mismo que en el eje que sí está presente.



Figura 31. Ejemplo de fotografía de mordedura humana en el que sólo aparece uno de los ejes de la escala.

Las diferencias que se encuentran entre las medidas en uno y otro eje se deben a las distorsiones que existen en la fotografía por la perspectiva.

Para el cálculo del sistema de coordenadas, se sigue el siguiente procedimiento:

- Se marca el origen del sistema de coordenadas.
- Luego, se marca un punto a 1 cm de distancia del origen a partir del cual se calcula la escala de la imagen en la dirección X. El usuario se ayuda de la visualización de la escala para indicar el punto.
- Por último, se indica a Biteprint® cuál es el eje Y. El programa calcula el eje en la orientación indicada por el usuario de forma que sea perpendicular al eje X marcado.
- Por último, se indica a Biteprint® cuál la dirección del eje Y. El programa calcula el eje en la orientación indicada por el usuario de forma que sea perpendicular al eje X marcado.

- Si sólo se ve un eje de la escala, el eje Y será una línea perpendicular al eje X y del mismo tamaño que éste.
 - Puesto que se asumirá que 1 centímetro en el eje X y en el eje Y tienen el mismo tamaño, calcularemos el punto que se encuentra sobre la línea perpendicular al primer eje y a una distancia del origen de coordenadas igual al tamaño del primer eje. Para ello, resolveremos un sistema de ecuaciones formado por la ecuación de la recta que representa al eje de coordenadas que falta (una recta perpendicular al primer eje calculado) y la ecuación $d = \sqrt{(x - orig_x)^2 + (y - orig_y)^2}$, siendo d el tamaño del primer eje, x e y las incógnitas, y orig el origen de coordenadas (es decir, la ecuación nos dice que la distancia euclídea del punto x,y al origen de coordenadas debe ser d).
- Si se ven las dos partes de la escala en la imagen, el usuario marca sobre la misma el tamaño que tendrá el eje Y, y el programa se encarga de encontrar la línea perpendicular correspondiente más cercana al punto marcado por el usuario, usando el mismo modo explicado para el caso de un solo eje presente pero usando como tamaño del eje el marcado por el usuario (se explica más abajo cómo se calcula este tamaño exactamente).

Es importante recordar la fórmula que relaciona las pendientes de dos rectas perpendiculares: $pendiente_{r1} = \frac{-1}{pendiente_{r2}}$.

Para calcular la pendiente de una recta, comprobamos la variación en Y entre dos puntos que pertenezcan a la misma, y dividimos ese valor entre la variación en X de esos dos puntos.

Teniendo eso en cuenta, una vez que tenemos el eje X y su pendiente, nos aseguramos de que el eje Y sea perpendicular calculando la pendiente de la recta que

representa al eje Y como $pendiente_y = \frac{-1}{pendiente_x}$. Hay que destacar dos casos particulares con los que podemos encontrarnos:

- La pendiente del eje X es infinita: esto ocurre cuando el eje X es perpendicular a la horizontal de la imagen. En este caso, el eje Y es paralelo a la horizontal de la imagen (su pendiente vale 0) y, por ello, en el eje Y todos los puntos tendrán la misma coordenada Y, que coincidirá con la coordenada Y del origen del sistema de coordenadas.
- La pendiente del eje X es 0: esto ocurre cuando el eje X es paralelo a la horizontal de la imagen. En este caso, el eje Y tendría una pendiente infinita y sería perpendicular a la horizontal de la imagen. Todos los puntos del eje Y tendrán la misma coordenada x, que coincidirá con la coordenada x del origen del sistema de coordenadas.

Cuando la pendiente de los ejes no es ni 0 ni infinita, para el cálculo de la ecuación completa de la recta del eje Y, calculamos la ordenada en el origen (b) de una recta perpendicular según la fórmula de la ecuación de las rectas ($y=mx+b$).

Es también interesante saber cómo se realiza el cálculo del punto sobre la recta del eje Y que está más cercano a donde el usuario ha marcado el eje, para poder dibujar el eje con el tamaño adecuado.

Para ello, se calcula el punto de corte de la recta del eje Y con una recta paralela al eje X que pase por el punto marcado por el usuario (recta R). La recta R tendrá la misma pendiente que el eje X (puesto que es paralela al mismo). Para obtener el punto de corte entre ambas rectas, resolvemos el sistema de dos ecuaciones formado por las ecuaciones de la recta R y del eje Y. El tamaño del eje viene dado por la distancia euclídea entre ese punto de corte y el origen de coordenadas [Figura 32].



Figura 32. A. El usuario ya ha indicado cuál es el Eje X, y también ha marcado un punto para el Eje Y, que debe ser perpendicular al Eje X. B. El programa calcula una línea paralela al Eje X que pase por el punto marcado por el usuario. C. El Eje Y se calculará con el tamaño correspondiente al punto de corte de la línea paralela al Eje X con el Eje Y.

4.2. Obtención de huellas dentales procedentes de fotografías

El proceso de obtención de huellas dentales a partir de fotografías de las mordeduras es un proceso complejo por las características propias del tipo de imagen con las que trabajamos. Por ello, es fundamental considerar las características especiales de las fotografías de mordeduras con las que vamos a trabajar.

Previamente se describió ampliamente cómo se consiguen estas imágenes y cuál es el preprocesamiento que se ha de seguir con ellas.

En ningún caso está aceptado durante el preprocesamiento modificar sólo parte de la imagen, sin bien está permitido aplicar filtros siempre y cuando se empleen sobre la totalidad de la imagen.

Sólo recordar que lo que queda marcado en una mordedura es, generalmente, la parte anterior de la boca, sobre todo los incisivos laterales y centrales y los caninos. Cuando las mordeduras son lateralizadas, pueden marcarse los premolares, mientras que los molares es poco frecuente encontrarlos.

Normalmente, habrá marcas dentales de ambas arcadas, aunque no tienen por qué aparecer ambas en la misma fotografía, y es frecuente que las marcas dentales

estén distorsionadas por el hematoma y la inflamación que se producen por la mordedura [Figura 33].



Figura 33. Fotografía de una mordedura donde se observa la distorsión correspondiente al hematoma producido.

En aras de trabajar siguiendo el mismo proceso tanto para las imágenes de DentalPrint® como para las fotografías, el primer paso a dar cuando tenemos una fotografía es la obtención de una imagen binaria similar a la que obtenemos a través del programa DentalPrint® a partir de un molde dental en 3D.

4.2.1. Conversión de una fotografía en una imagen binaria

Para poder trabajar con una fotografía de forma similar a como lo haríamos con una imagen de DentalPrint®, el primer paso es convertir esa fotografía en una imagen binaria.

Para agilizar el proceso, trabajamos en cada momento con la marca de un diente y su bounding box. Para cada diente se busca la elipse que mejor se ajusta al mismo a partir de una elipse inicial que marca el usuario. El ajuste de la elipse se restringe a una zona rectangular que engloba a la elipse inicial. Más concretamente, el proceso es el siguiente: el usuario marca la elipse inicial (una aproximación del diente)

sobre la zona donde se encuentra la marca dental que quiere que el programa identifique. En torno a esta elipse inicial se calcula una elipse mayor cuyos ejes miden un 20% más de lo que midan los ejes de la inicial. La sección 4.4.1 detalla el proceso de selección de la elipse inicial.

Una vez tengamos las dos elipses, se calcula la media del color que hay dentro de la elipse inicial y la media del color en el anillo elíptico que queda entre ambas elipses.

Por último, para cada punto que quede dentro de las elipses comprobamos si el color del mismo se parece más a la media de color del anillo o a la de la elipse pequeña. Si se parece más al color del anillo se supone que ese punto está fuera del diente y se le asigna el color blanco, mientras que si el color se parece más al de la elipse pequeña se supone que el punto está dentro del diente y se le asigna el color rojo. De este modo, convertimos la parte que nos interesa de la fotografía en una imagen binaria [Figura 34].



Figura 34. A) Imagen original sobre la que se trabaja. B) Elipse inicial marcada por el usuario. C) Imagen binaria calculada por el programa.

La comparación entre colores se realiza mediante la distancia euclídea entre el color del punto que estamos comprobando y el color de la media de ambas elipses.

4.3. Obtención de huellas dentales de imágenes de DentalPrint®

La obtención de huellas dentales a partir de imágenes de DentalPrint es similar al seguido previamente para las fotografías, con la diferencia de que no es necesario obtener una imagen binaria, porque este tipo de imágenes ya lo son.

4.3.1. Características de las imágenes obtenidas con DentalPrint®

Biteprint® trabaja con dos tipos de imágenes diferentes: las fotografías de mordeduras reales e imágenes obtenidas de DentalPrint®.

Como se explicaba previamente, DentalPrint® crea imágenes de huellas dentales aplicando sobre un plano de mordedura un molde dental escaneado con un escáner 3D.

Gracias a esto podemos tener un molde 3D del molde en escayola de uno o varios sospechosos de haber realizado una mordedura, aplicarlo informáticamente sobre un plano y obtener cómo sería la huella que esos dientes dejan sobre ese plano para obtener una marca dental y poder comparar con la marca de la fotografía.

Las imágenes obtenidas de DentalPrint® serán del tipo mostrado en la Figura 35.

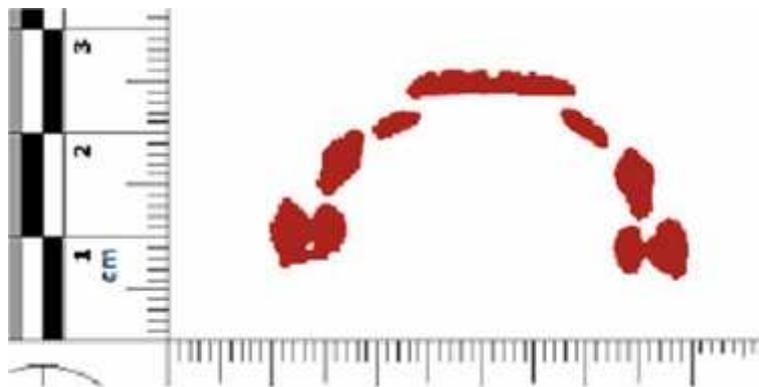


Figura 35. Ejemplo de imagen devuelta por DentalPrint. Como podemos observar, es una imagen binaria.

4.4. Cálculo de las elipses

A partir de este punto, el proceso es idéntico se trabaje con imágenes de DentalPrint® o con fotografías.

Para poder hacer comparaciones entre las marcas dentales existentes en una fotografía y las huellas dentales obtenidas con un molde de dentadura en DentalPrint®, se requieren calcular los mismos parámetros en ambas imágenes.

Para ello, el primer paso es el dibujado de la elipse que representará el diente, proceso en el que se distinguen dos pasos:

- Selección de la elipse inicial: el usuario dibuja una elipse inicial.
- Ajuste de la elipse inicial mediante un algoritmo genético: tras el dibujado de la elipse inicial, el programa ajustará dicha elipse a la marca dental a través de un algoritmo genético.

4.4.1. Elipses iniciales

Para la selección de la elipse inicial (la aproximación de la marca dental sobre la que vamos a trabajar), el usuario dibujará los ejes de la elipse.

Para ello, se dibuja el primer eje marcando dos puntos distintos de la imagen. Luego, se dibuja el segundo eje marcando un tercer punto que indicará la longitud de dicho eje. El programa se asegurará de que el primer y el segundo eje sean perpendiculares del mismo modo que se hacía para los ejes del sistema de coordenadas.

Una vez marcados los ejes, el programa dibujará la elipse inicial [Figura 36], a partir de la cual se calcularán automáticamente una serie de parámetros necesarios:

- Tamaño de ambos ejes mediante la distancia euclídea, identificándose con este dato el eje mayor y el eje menor.
- Ángulo que forma el eje mayor con la horizontal empleando la fórmula:

$$\text{arcotang}\left(\frac{\text{extremo}_{\text{ejemayor}_y} - \text{centro}_{\text{elipse}_y}}{\text{extremo}_{\text{ejemayor}_x} - \text{centro}_{\text{elipse}_x}}\right).$$

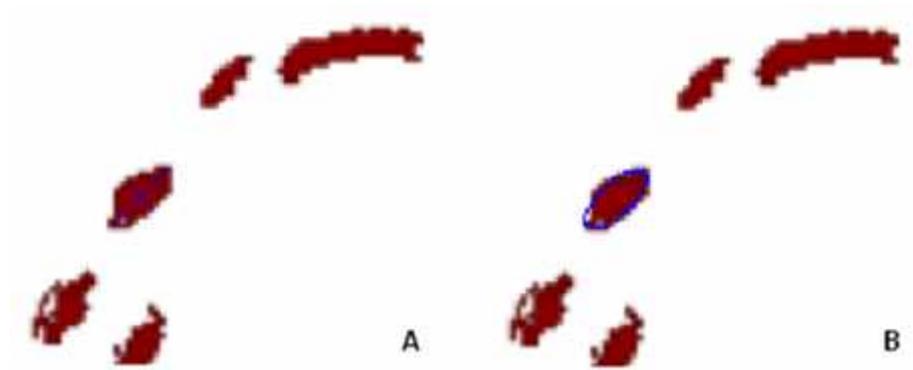


Figura 36. A) Dibujado de los ejes. B) Cálculo de la elipse inicial a partir de los ejes que se observan en la Figura A.

4.4.2. Elipses ajustadas mediante algoritmo genético

Una vez dibujada la elipse inicial, hay que ajustarla a la huella dental. Este proceso mejora el resultado final y aumenta su objetividad y reproducibilidad.

Para ello, se ha desarrollado un algoritmo genético que se ajusta al problema que se está tratando en este trabajo.

Los parámetros del algoritmo genético fueron, además, validados para ajustarlos de la forma más óptima posible.

4.4.2.1. Algoritmos genéticos

Un algoritmo genético es un algoritmo de optimización de búsqueda y aprendizaje inspirado en los procesos naturales de evolución de los organismos vivos.

En la naturaleza, existen una serie de individuos que forman parte de una población. Esos individuos sufren un proceso de selección en el que, por lo general, los individuos mejores y más fuertes que se adaptan y sobreviven se emparejan y reproducen combinando sus genes. Los hijos de estos individuos forman la nueva población que perpetúa el proceso. De vez en cuando, alguno de los individuos que forman parte de esa población sufre una alteración en sus genes, una mutación. Si la mutación es ventajosa, en el proceso de selección natural ese individuo tiene más probabilidades de reproducirse y, de este modo, transmitir esa mutación a sus

descendientes. Si la mutación es perjudicial, el individuo tiene menos posibilidades de reproducirse, y él y esa mutación se pierden.

En un algoritmo genético, se parte de una población inicial que se evalúa para asignarle una serie de costes, distinguiendo así si son individuos fuertes o débiles dentro de la población. En función de esos costes, los individuos tienen más o menos posibilidad de emparejarse con otros y reproducirse transmitiendo su información y características a sus descendientes. De esos descendientes, un porcentaje sufren una mutación (una variación aleatoria de sus características) y, de este modo, se obtiene una nueva población para repetir el proceso n veces [5; 26; 41; 102].

La representación de cada individuo de la población se puede hacer mediante una codificación en la que cada característica que queremos representar (gen) se codifica con un número. La representación puede ser binaria si el gen informa sólo sobre la presencia o ausencia de esa característica, o no binaria. Y así, los individuos quedarían representados como vectores de características.

Hay distintos modelos de algoritmos genéticos, según cómo se elija la población inicial en cada iteración:

- Modelo generacional: en cada iteración, los hijos sustituyen a la población completa pasando a ser la población de partida. Los padres no forman parte de dicha población.
- Modelo estacionario: en cada iteración, los hijos sustituyen a uno o los dos padres de la población inicial, pudiendo haber en la población de partida tanto hijos como padres de la generación anterior. Distinguimos distintos tipos de estrategias de reemplazo de la población inicial:
 - o Aleatoria: de cada padre e hijo de la nueva población se decide al azar si pasa a la siguiente generación o no.
 - o Elitismo:

- Si decidimos que el mejor individuo de la población siempre va a pasar a la siguiente población inicial. Esto permite no perder la mejor solución encontrada hasta el momento.
 - Si de entre todos los padres y todos los descendientes elegimos los n mejores para pasar a la siguiente generación.
- Reemplazar a los n peores de la población anterior por los n hijos mejores.
 - Crowding determinístico: cada pareja tiene un hijo que reemplaza al padre al que más se le parece.
 - Torneo restringido: para cada hijo generado, se eligen n padres y, el que sea más parecido al hijo generado, será sustituido por él.
 - Peor entre semejantes: para cada hijo generado, se eligen los n padres de la población original más parecidos a él, y ese hijo reemplazará al padre de peor coste.

Hay también diferentes estrategias de selección de los individuos que van a reproducirse. Los mejores individuos deben tener una mayor posibilidad de reproducirse que los peores individuos, aunque a veces los individuos peores también tienen genes útiles en el proceso total y evitan que el proceso de evolución converja alrededor de un valor subóptimo.

Para la elección de cada uno de los padres candidatos a la reproducción se pueden usar diferentes esquemas de selección:

- Selección por torneo: entre n individuos elegidos al azar de la población total, se escoge al individuo de mejor coste. Si $n = 2$, se habla de torneo binario.
- Selección aleatoria: se elige al azar un individuo dentro del total de la población.

- Selección por ruleta: a cada individuo se le da una probabilidad de selección proporcional a su coste.
- Orden lineal: se ordena la población en función de su coste y a cada individuo se le da una probabilidad de selección que depende de su orden.
- Emparejamiento variado inverso: orientado a generar diversidad. En este caso, se escoge al primer padre de forma aleatoria, y para el segundo se seleccionan n candidatos y se escoge el más lejano al primero.

Una vez elegidos los dos padres, se procede a cruzarlos. Para ello hay que tener en cuenta que los hijos deben heredar algunas de las características de cada padre. Además, el hijo resultante debe ser compatible con la representación del problema que estamos haciendo, es decir, los individuos resultantes del cruce deben ser individuos válidos para la población. Los cruces se pueden hacer de forma directa (aleatoriamente, los hijos heredan unos genes de un padre y otros del otro) ó mediante una combinación de los genes de los padres (por ejemplo, si los genes contienen valores reales, se puede hacer la media aritmética entre el valor del primer y el segundo progenitor para el gen del hijo). Cada pareja de padres puede tener uno o más hijos.

Sobre el proceso de mutación, se ha de tener en cuenta que debe producir individuos válidos y que la probabilidad de mutación debe aplicarse a todos los individuos que vayan a formar parte de la siguiente población inicial (incluidos los padres que vayan a seguir formando parte de dicha población).

Respecto al criterio de parada del algoritmo genético, también hay varias estrategias posibles:

- Si el valor óptimo es conocido de antemano, el algoritmo puede detenerse cuando se alcance el óptimo.
- Cuando el algoritmo se haya ejecutado n veces prefijadas.

4.4.2.2. Algoritmo genético para el ajuste de la marca dental

En nuestro caso, se ha desarrollado un algoritmo genético en el que un individuo es una elipse, una población es un conjunto de elipses, y cada individuo tiene 5 genes:

- Posición x del centro de la elipse (x).
- Posición y del centro de la elipse (y).
- Tamaño del eje mayor (a).
- Tamaño del eje menor (b).
- Ángulo de rotación del eje mayor con respecto a la horizontal (g).

Para el algoritmo genético, se crea una población inicial de 36 individuos a partir de la elipse inicial dibujada, modificando sus parámetros (centro de la elipse, tamaño de los ejes y rotación). La modificación de estos parámetros se hace combinando distintas opciones de entre las siguientes:

- x : $x-1$, x , $x+1$.
- y : $y-1$, y , $y+1$.
- a : $a-1$, a , $a+1$.
- b : $b-1$, b , $b+1$.
- g : g , $g+5^\circ$, $g+10^\circ$.

El algoritmo genético desarrollado es un modelo generacional, con selección por orden lineal, cruce directo en el que cada pareja tiene 4 hijos, mutación del 25% de la población, y criterio de parada por 150 repeticiones del algoritmo.

Descrito paso a paso, lo que hacemos es repetir 150 veces lo siguiente:

- Ordenamos los individuos de la población por coste (un poco más adelante se explica cómo se calcula el coste de una elipse) y nos quedamos con los 18 mejores.
- Cruce: cruzamos a esos 18 individuos por orden (el primero con el segundo, el tercero con el cuarto...) de forma que cada pareja tenga 4 hijos. Por cada pareja se hace lo siguiente:
 - o Se generan 5 aleatorios entre 0 y 1 (uno por cada gen que tiene un individuo).
 - o Para cada gen:
 - Si el aleatorio vale 0:
 - En el gen correspondiente del primer hijo se copia el valor del mismo gen del primer padre.
 - En el gen correspondiente del segundo hijo se copia el valor del mismo gen del segundo padre.
 - Si el aleatorio vale 1:
 - En el gen correspondiente del primer hijo se copia el valor del mismo gen del segundo padre.
 - En el gen correspondiente del segundo hijo se copia el valor del mismo gen del primer padre.
 - o Con eso tenemos dos hijos. Repetimos el proceso obteniendo 5 nuevos aleatorios para los siguientes dos hijos.
 - o Con los cuatro hijos de cada pareja tenemos de nuevo 36 individuos.
- Mutamos un 25% de la población: para cada individuo de la población se repite lo siguiente:

- Se calcula un aleatorio entre 1 y 100. Si el aleatorio está entre 1 y 25 (inclusive), significa que ese individuo muta, y se hace lo siguiente:
 - Se calculan 5 aleatorios entre 0 y 2, uno por cada gen de la elipse.
 - Para cada gen:
 - Si su aleatorio vale 0, se le resta 1.
 - Si su aleatorio vale 1, se deja tal y como está.
 - Si su aleatorio vale 2, se le suma 1.

- Ésta es la población que entrará en la siguiente iteración del algoritmo.

De la población resultante tras aplicar el anterior algoritmo, elegimos el mejor individuo como elipse ajustada.

4.4.2.2.1. Método de cálculo del coste de las elipses

Para el cálculo del coste de las elipses, hay que tener en cuenta que estamos trabajando con imágenes binarias, por lo que siempre tenemos una serie de puntos de color correspondientes a las huellas dentales y una serie de puntos blancos correspondientes al fondo. Los puntos de color pertenecen, por tanto, al interior de la huella dental, mientras que los puntos blancos pertenecen al exterior de la misma. Una elipse será tanto mejor cuantos más puntos de color deje en su interior (*color_dentro*), menos de color queden fuera (*color_fuera*), y menos blancos queden en su interior (*blancos_dentro*). Por tanto, el coste de la elipse se calcula como: $\text{color_dentro} - \text{blancos_dentro} - \text{color_fuera}$. A mayor valor del coste, mejor es la elipse.

Teniendo eso en cuenta, una vez que tenemos una elipse ajustada calculamos su bounding box y comprobamos el color de cada punto que queda en el interior del mismo. Hay que distinguir entre los puntos del bounding box que quedan dentro de la elipse y los que quedan fuera.

Para saber si un punto está dentro o fuera de la elipse con la que estamos trabajando, tendremos en cuenta lo siguiente:

- Un punto que está sobre una elipse horizontal cumple la siguiente ecuación: $\frac{(x-h)^2}{a^2} + \frac{(y-k)^2}{b^2} = 1$, siendo el punto (x,y), a y b el tamaño del semieje mayor y del semieje menor respectivamente, y (h,k) el centro de la elipse.
- Un punto que está dentro de una elipse horizontal cumple la siguiente ecuación: $\frac{(x-h)^2}{a^2} + \frac{(y-k)^2}{b^2} < 1$, siendo el punto (x,y), a y b el tamaño del semieje mayor y del semieje menor respectivamente, y (h,k) el centro de la elipse.
- Un punto que está fuera de una elipse horizontal cumple la siguiente ecuación: $\frac{(x-h)^2}{a^2} + \frac{(y-k)^2}{b^2} > 1$, siendo el punto (x,y), a y b el tamaño del semieje mayor y del semieje menor respectivamente, y (h,k) el centro de la elipse.

Esas ecuaciones son válidas para una elipse horizontal, pero la elipse con la que trabajamos puede estar rotada, por lo que primero hay que hacer una transformación de los puntos de la imagen con los que trabajemos, para que la elipse sea horizontal. Para ello, si el punto es (x, y), las nuevas coordenadas se calculan como:

$$x_{rotada} = (x - centro_{elipse_x}) \times \cos(angulo_{elipse}) - (y - centro_{elipse_y}) \times \sin(angulo_{elipse})$$

$$y_{rotada} = (y - centro_{elipse_y}) \times \cos(angulo_{elipse}) + (x - centro_{elipse_x}) \times \sin(angulo_{elipse})$$

Una vez tenemos esas coordenadas, calculamos la situación del punto con respecto a la elipse:

- Si el punto está dentro de la elipse o sobre ella y no es de color blanco, sumamos uno al contador color_dentro.

- Si el punto está dentro de la elipse o sobre ella y es de color blanco, sumamos uno al contador blancos_dentro.
- Si el punto está fuera de la elipse y no es de color blanco, sumamos uno al contador color_fuera.

Con esos tres contadores, calculamos el coste de la elipse tal y como se explicó previamente, y así se van obteniendo las elipses ajustadas [Figura 37].

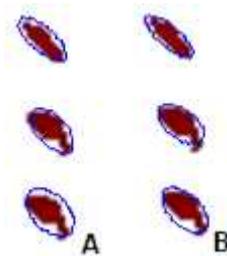


Figura 37. A) Elipses iniciales marcadas sobre una serie de huellas dentales. B) Elipses ajustadas obtenidas tras la ejecución del algoritmo genético sobre las elipses iniciales de la Figura 37A.

4.4.2.3. Validación del algoritmo genético usado

Para el estudio de validez de los parámetros elegidos en el algoritmo genético (principalmente el número de iteraciones del algoritmo y el porcentaje de mutación) hemos hecho diversas pruebas teniendo en cuenta lo descrito por otros autores [49; 102] para evaluar el rendimiento de los algoritmos genéticos. Se hicieron diversas modificaciones sobre estos parámetros y fuimos obteniendo los costes de las distintas elipses ajustadas en varias iteraciones para cada valor de cada parámetro y para distintos ejemplos de mordeduras.

En esta sección se detallan dos ejemplos concretos con dos imágenes diferentes. Para cada una de ellas, se coge una elipse inicial marcada por el usuario sobre una marca dental y se obtienen los costes de la elipse ajustada por el algoritmo genético modificando los parámetros del mismo (nº de iteraciones y porcentaje de mutación) en tres ejecuciones diferentes.

De este modo, podemos ver con qué número de iteraciones y con qué porcentaje de mutación se obtienen mejores resultados sin ralentizar el algoritmo en exceso.

Por último, para la mejor combinación número de iteraciones-porcentaje de mutación se realizan 10 ejecuciones, de forma que nos aseguremos que los resultados ofrecidos por el programa son reproducibles y fiables.

En el primer ejemplo partimos de la elipse inicial de la Figura 38.



Figura 38. Ejemplo de elipse inicial marcada sobre la huella de un diente dejada al morder sobre la piel de un sujeto.

El primer parámetro a evaluar fue el número de iteraciones, de forma que se fueron haciendo pruebas modificando el número de iteraciones y viendo los costes obtenidos para la elipse ajustada (recordemos que a mayor coste, mejor ajuste). Los resultados obtenidos podemos verlos en la Figura 39 y en la Tabla 1:

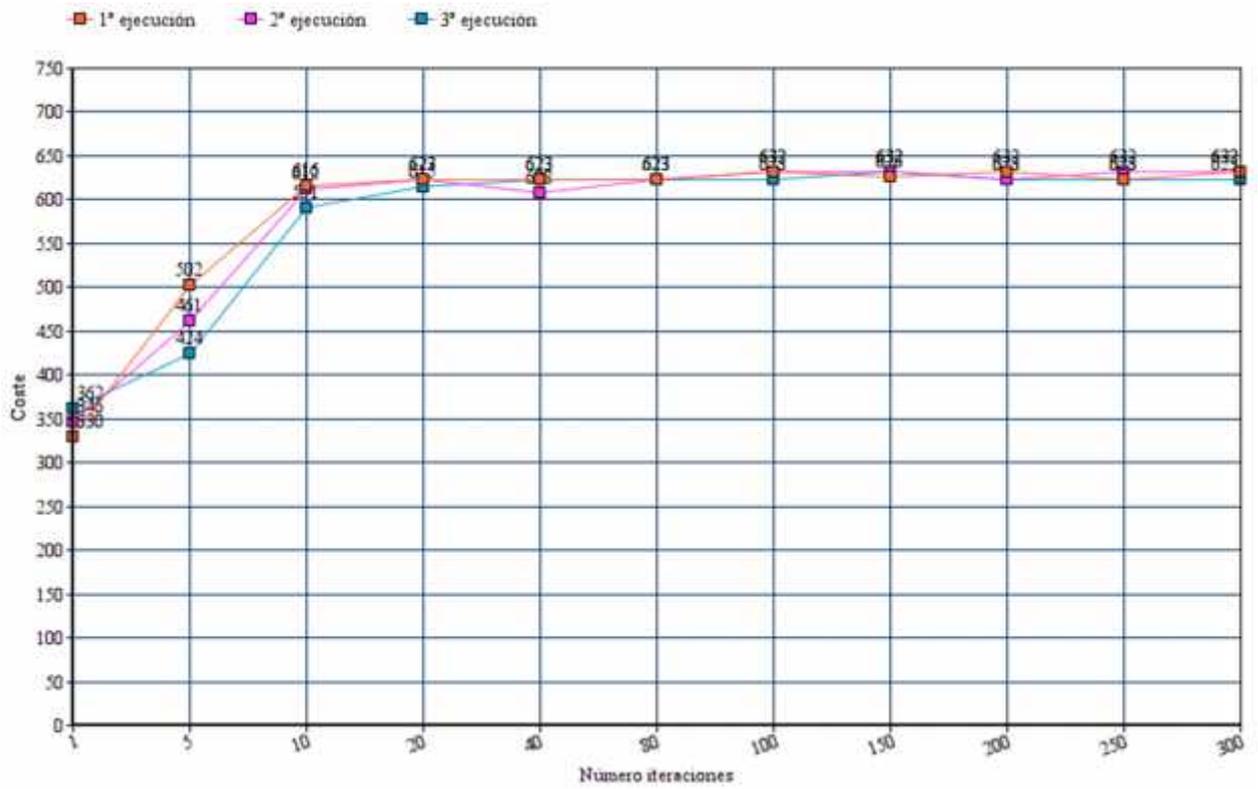


Figura 39. Costes obtenidos en 3 ejecuciones distintas del algoritmo genético para el ajuste de elipse, partiendo de la elipse inicial de la Figura 38, y variando el número de iteraciones del algoritmo genético.

Tabla 1. Media y varianza obtenidas de las ejecuciones del algoritmo genético para el ajuste de la elipse inicial de la Figura 38, habiendo variado el número de iteraciones.

Nº iteraciones	Media	Varianza
1	346	256
5	462,3333	1522,333
10	606,3333	180,3333
20	620,3333	21,33333
40	618	75
80	623	0
100	629	27
150	630	12
200	626	27
250	626	27
300	629	27

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos, se decidió elegir como mejor número de iteraciones 150 por ser el más coste-eficiente.

A continuación se fue modificando el porcentaje de mutación de la población en el algoritmo y obteniendo los costes de las diferentes elipses, también en tres ejecuciones diferentes para cada valor del porcentaje de mutación [Figura 40, Tabla 2].

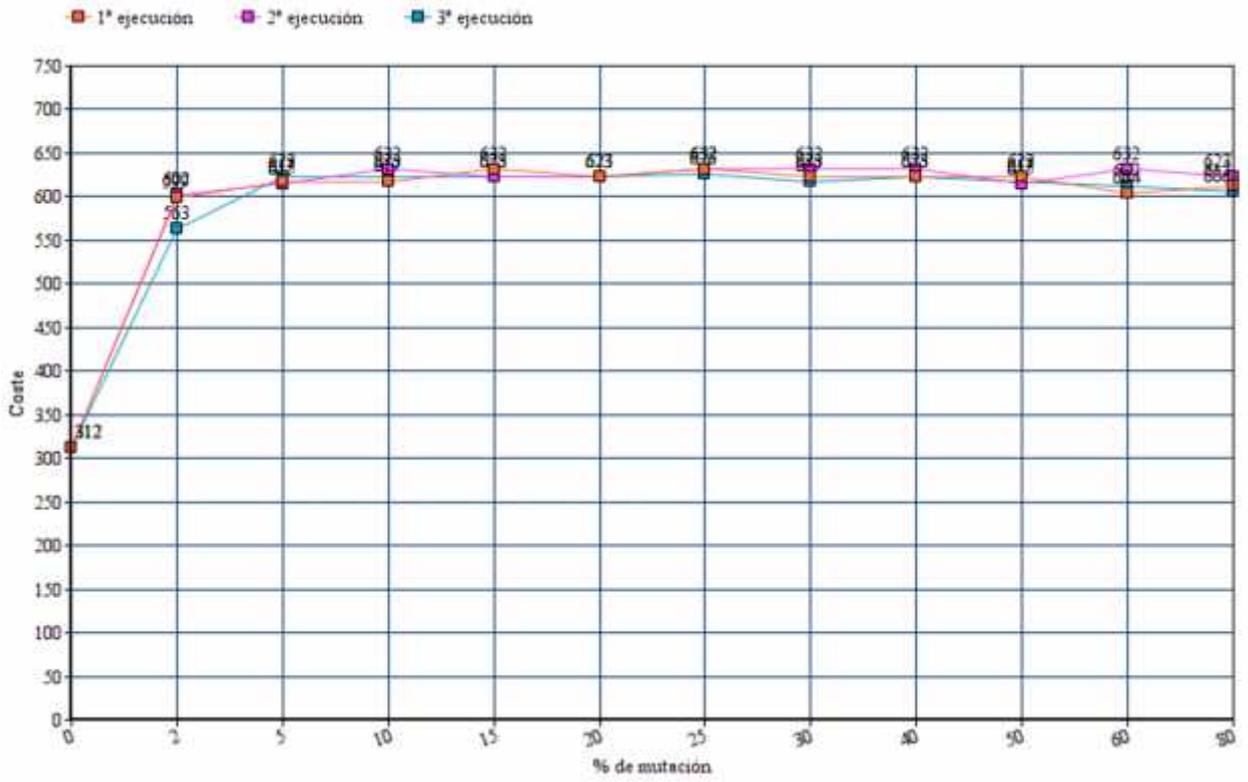


Figura 40. Costes obtenidos en 3 ejecuciones distintas del algoritmo genético para el ajuste de elipse, partiendo de la elipse inicial de la Figura 38, y variando el porcentaje de mutación del algoritmo genético.

Tabla 2. Media y varianza obtenidas de las ejecuciones del algoritmo genético para el ajuste de la elipse inicial de la Figura 38, habiendo variado el porcentaje de mutación.

% mutación	Media	Varianza
0	312	0
2	588	471
5	618,3333	17,33333
10	624	57
15	626	27
20	623	0
25	630	12
30	624	57
40	626	27
50	618,3333	17,33333
60	616	208
80	613,6667	74,33333

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos, se decidió seleccionar como mejor porcentaje de mutación 25%.

A continuación, se ejecutó el programa 10 veces para la misma elipse inicial con esos parámetros obteniéndose como resultados en las elipses una media de coste de 628,7 con una varianza de 18,9. En el 60% de las ejecuciones, el coste de la elipse ajustada fue de 632. Todas las elipses ajustadas devueltas por el programa son aceptadas como válidas por nuestros expertos.

Para el segundo ejemplo, la elipse inicial de la que partimos fue la que se observa en Figura 41.



Figura 41. Ejemplo de elipse inicial marcada sobre la huella de un diente dejada al morder sobre la piel de un sujeto.

En este caso, los costes obtenidos según el número de iteraciones pueden verse en la Figura 42 y en la Tabla 3:

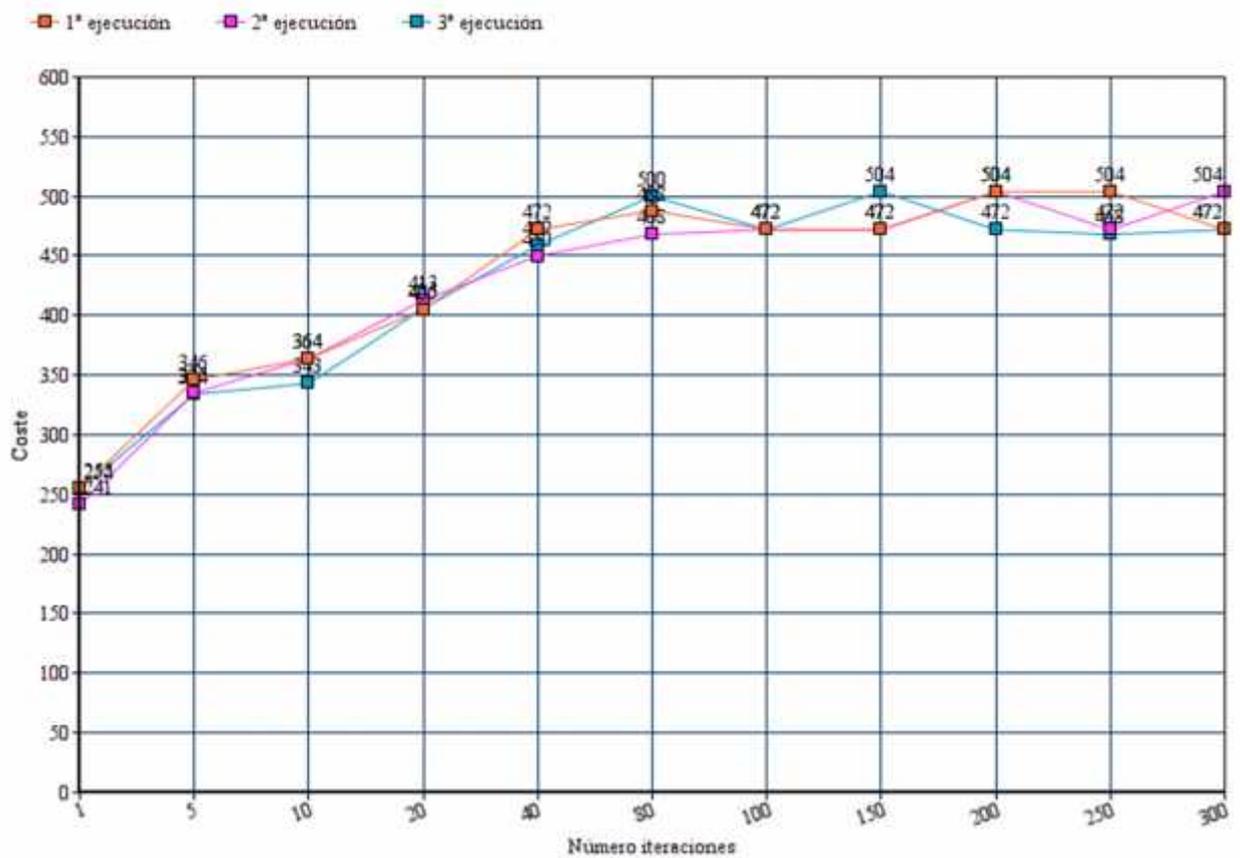


Figura 42. Costes obtenidos en 3 ejecuciones distintas del algoritmo genético para el ajuste de elipse, partiendo de la elipse inicial de la Figura 41, y variando el número de iteraciones del algoritmo genético.

Tabla 3. Media y varianza obtenidas de las ejecuciones del algoritmo genético para el ajuste de la elipse inicial de la Figura 41, habiendo variado el número de iteraciones.

Nº iteraciones	Media	Varianza
1	250	61
5	338,3333	44,33333
10	357	147
20	408	19
40	460,3333	122,3333
80	485,3333	261,3333
100	472	0
150	482,6667	341,3333
200	493,3333	341,3333
250	481,3333	389,3333
300	482,6667	341,3333

A continuación se hizo lo mismo para el porcentaje de mutación de la población [Figura 43, Tabla 4].

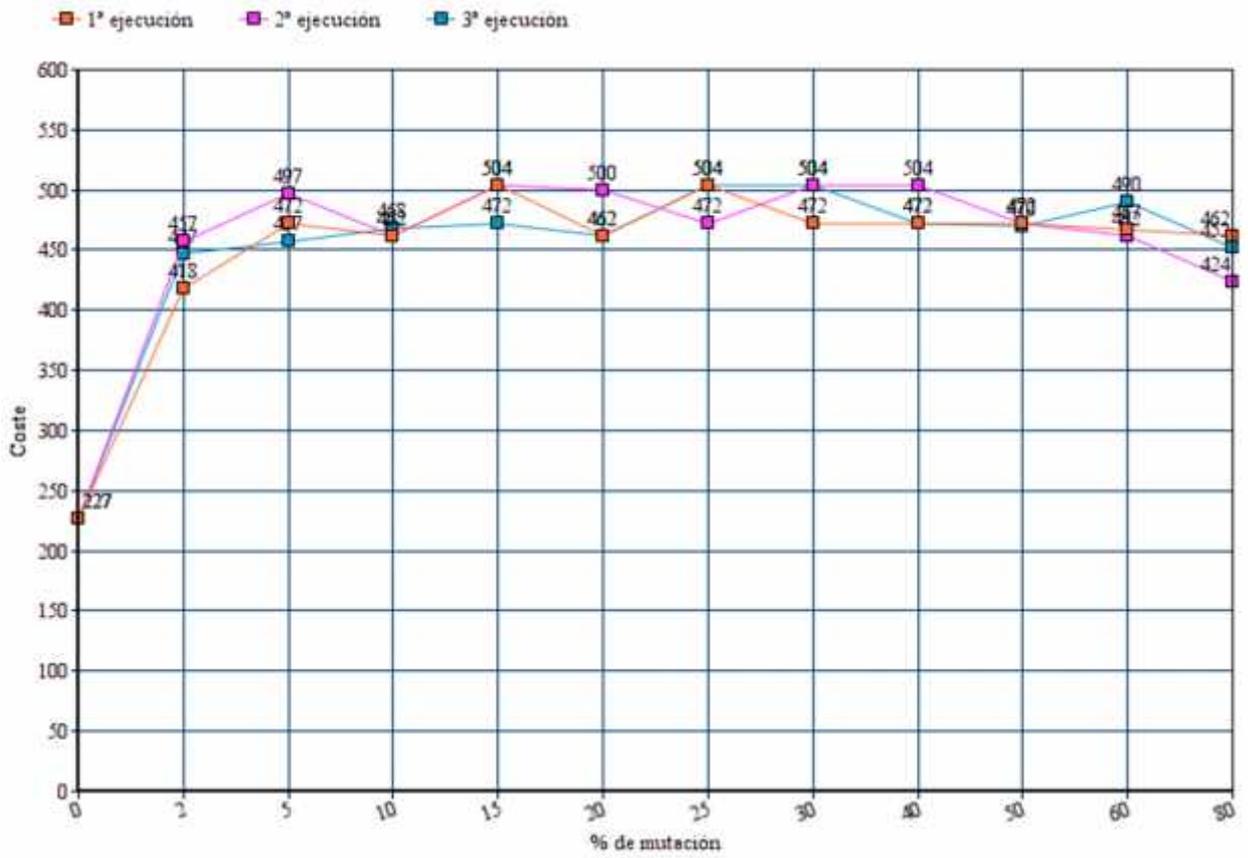


Figura 43. Costes obtenidos en 3 ejecuciones distintas del algoritmo genético para el ajuste de elipse, partiendo de la elipse inicial de la Figura 41, y variando el porcentaje de mutación del algoritmo genético.

Tabla 4. Media y varianza obtenidas de las ejecuciones del algoritmo genético para el ajuste de la elipse inicial de la Figura 41, habiendo variado el porcentaje de mutación.

% mutación	Media	Varianza
0	227	0
2	440,6667	410,3333
5	475,3333	408,3333
10	464	12
15	493,3333	341,3333
20	474,6667	481,3333
25	493,3333	341,3333
30	493,3333	341,3333
40	482,6667	341,3333
50	471,3333	1,333333
60	473	223
80	446	388

Una vez más, teniendo en cuenta los resultados que se fueron obteniendo, se decidió elegir como mejor número de iteraciones 150 y como mejor porcentaje de mutación 25% por ser los más coste-eficientes.

Tras ejecutar 10 veces el programa para la misma elipse inicial los resultados obtenidos muestran un coste medio de 490,2 con una varianza de 325,7333. En el 60% de las ejecuciones, la elipse ajustada tiene un coste de 504. Del 40% restante, un 30% tienen un coste de 472, y un 10% un coste de 462, de ahí que en este caso la varianza sea mayor. Sin embargo, al igual que en el caso anterior, todos los casos de elipses resultantes fueron aceptadas como válidas por nuestros expertos ya que a simple vista las variaciones no son apreciables.

Tras diversas pruebas, de forma global se decidió elegir para el programa un número de iteraciones de 150 y un porcentaje de mutación del 25%, ya que con estos valores se obtienen unos buenos resultados con una buena eficiencia.

4.5. Cálculo de la arcada dental

Una vez dibujados los dientes que se ven en una imagen, hay que calcular la arcada dental a la que éstos pertenecen, siendo la arcada un parámetro intermedio a la hora de calcular otros parámetros.

Una vez hemos calculado la arcada, el usuario debe indicarle a Biteprint® cuál es la semiarcada que le interesa.

A partir de estos datos, el programa calcula automáticamente los parámetros identificativos de la dentadura.

En este apartado vamos a describir este proceso detenidamente.

4.5.1. Cálculo de la ecuación de una circunferencia

Existen diversos métodos para el cálculo de la ecuación de una circunferencia. Lo primero que debemos recordar es que una circunferencia con centro (a,b) y radio r se representa mediante la fórmula $r^2 = (x - a)^2 + (y - b)^2$.

Una circunferencia puede calcularse de múltiples maneras: a partir de su centro y una línea tangente a ella, a partir de su tamaño de radio y dos líneas que intersectan en el centro de la misma, a partir de un punto por el que pasa y la ecuación de otra circunferencia concéntrica a ella, a partir de dos puntos que son extremos de un diámetro de la circunferencia...

Para el cálculo de la circunferencia que representa la arcada dental, vamos a partir de tres puntos que pertenecen a la circunferencia. Esos tres puntos serán los centros de tres dientes marcados por el usuario sobre la imagen. El único requisito que se debe cumplir es que deben ser tres puntos no alineados [Figura 44]. Más adelante se explica concretando lo que hacemos en nuestro caso en particular.

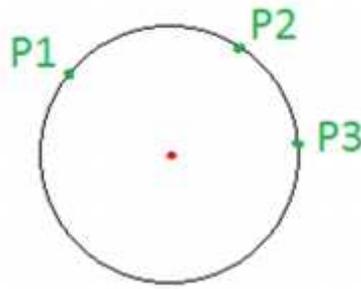


Figura 44. Ejemplo de circunferencia calculada a partir de tres puntos no alineados.

El cálculo de una circunferencia a partir de tres puntos pertenecientes a la misma se realiza partiendo de la ecuación de una circunferencia y desarrollándola, con lo que obtenemos $x^2 + a^2 - 2xa + y^2 + b^2 - 2yb = r^2$. Supongamos que tenemos tres puntos que pertenecen a la circunferencia: P1 ($p1x, p1y$), P2 ($p2x, p2y$) y P3 ($p3x, p3y$). Esos tres puntos, por estar sobre la circunferencia, deben cumplir su ecuación. Por ello, podemos formar el siguiente sistema de ecuaciones que, resolviéndolo, nos dará la ecuación de la circunferencia que pasa por esos tres puntos:

$$\left. \begin{aligned} p1_x^2 + a^2 - 2p1_x a + p1_y^2 + b^2 - 2p1_y b &= r^2 \\ p2_x^2 + a^2 - 2p2_x a + p2_y^2 + b^2 - 2p2_y b &= r^2 \\ p3_x^2 + a^2 - 2p3_x a + p3_y^2 + b^2 - 2p3_y b &= r^2 \end{aligned} \right\}$$

Resolviendo el sistema por reducción, nos quedarían las siguientes ecuaciones:

$$p1_x^2 - p2_x^2 - 2p1_x a + 2p2_x a + p1_y^2 - p2_y^2 - 2p1_y b + 2p2_y b = 0$$

$$p2_x^2 - p3_x^2 - 2p2_x a + 2p3_x a + p2_y^2 - p3_y^2 - 2p2_y b + 2p3_y b = 0$$

Y al despejar en ambas ecuaciones, tenemos:

$$a(2p2_x - 2p1_x) + b(2p2_y - 2p1_y) + (p1_x^2 - p2_x^2 + p1_y^2 - p2_y^2) = 0$$

$$a(2p3_x - 2p2_x) + b(2p3_y - 2p2_y) + (p2_x^2 - p3_x^2 + p2_y^2 - p3_y^2) = 0$$

Si le damos nombres a las expresiones numéricas para simplificar la escritura y cálculo del sistema de ecuaciones tendremos:

$$A = 2p2_x - 2p1_x$$

$$B = 2p_{2y} - 2p_{1y}$$

$$C = p_{1x}^2 - p_{2x}^2 + p_{1y}^2 - p_{2y}^2$$

$$D = 2p_{3x} - 2p_{2x}$$

$$E = 2p_{3y} - 2p_{2y}$$

$$F = p_{2x}^2 - p_{3x}^2 + p_{2y}^2 - p_{3y}^2$$

De este modo, el sistema a resolver sería:

$$aA + bB + C = 0$$

$$aD + bE + F = 0$$

Si despejamos eso, tenemos:

$$a = \frac{-C - bB}{A}$$

$$b = \frac{\frac{CD}{A} - F}{E - \frac{BD}{A}}$$

El radio, r , se calcularía como: $\sqrt{x^2 + a^2 - 2xa + y^2 + b^2 - 2yb}$.

Con eso, ya tenemos los datos necesarios para el cálculo de la ecuación de la circunferencia a partir de tres puntos.

4.5.2 Cálculo de la circunferencia que mejor se ajusta a nuestras elipses

Para poder calcular la circunferencia (arcada) que mejor se ajusta a las elipses dibujadas (dientes), usamos el método de cálculo de una circunferencia a partir de tres puntos. Por ello, previamente el usuario debe haber marcado un mínimo de tres elipses no alineadas, y tomamos sus centros como puntos para el cálculo de la arcada dental.

Teniendo en cuenta el tipo de imágenes con las que trabajamos, sabemos que el número de dientes que se marcan en una mordedura siempre es bajo. Por ello, podemos usar un algoritmo que, por fuerza bruta, haga grupos de 3 en 3 con los centros de las elipses marcadas por el usuario (todas las combinaciones posibles), y para cada grupo de 3 dientes:

- Calculamos la circunferencia que pase por los tres centros de las elipses tal y como se explicó previamente.
- Calculamos la suma de errores, es decir, la distancia de la circunferencia a cada centro de todas las elipses (y no sólo de las tres que estamos considerando para dibujar la circunferencia).

Una vez hecho lo anterior, hacemos la media de las circunferencias obtenidas (media de todos los centros y media de todos los radios) y calculamos también la suma de errores de esa otra circunferencia.

De todas las circunferencias anteriores, nos quedamos como arcada dental con la circunferencia en la que la suma de errores sea menor (incluyendo la circunferencia media en la comparación).

Un ejemplo de los resultados que se pueden obtener se ven en la Figura 45.

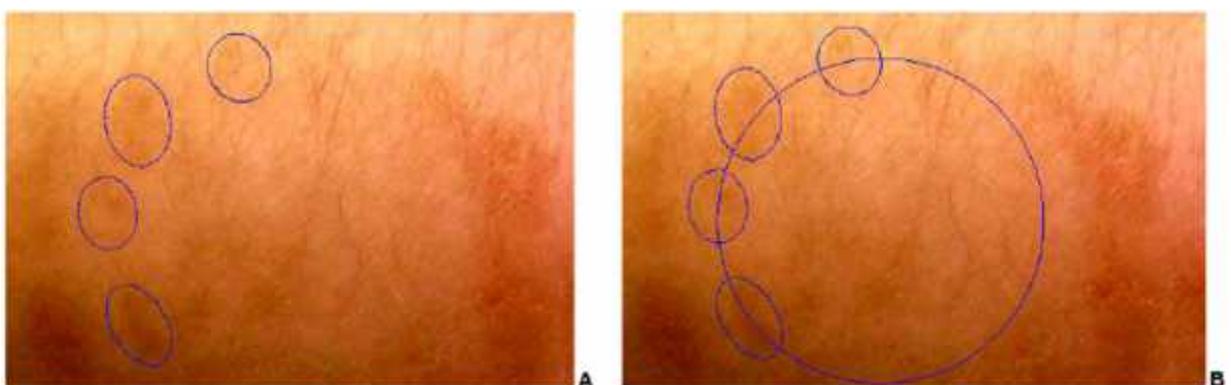


Figura 45. A) Dientes marcados por el usuario. B) Circunferencia calculada por el programa.

Otra opción que nos planteamos para el cálculo de la arcada dental fue la posibilidad de usar algoritmos genéticos para el cálculo de la misma. Si definimos la

circunferencia a partir de tres puntos por los que pasa, podemos buscar ternas de puntos que generen un error pequeño en el resto de la arcada.

Para ello, se podría usar como cromosoma los tres puntos, como medida de bondad la suma de distancias de los centros de las elipses a la arcada, como cruce la mezcla de puntos de dos circunferencias y como mutación la alteración de uno de los puntos de paso. El individuo, evidentemente, sería la circunferencia.

No obstante, para nuestro caso particular, consideramos que era más eficiente usar el método por fuerza bruta dado el bajo número de dientes que sabemos que habrá marcados en una mordedura real, y, al implementarlo, nos dio buenos resultados.

4.5.3. Selección de la semicircunferencia

Realmente, la arcada dental no se puede aproximar a una circunferencia, sino a una semicircunferencia.

Esta semicircunferencia debería incluir los dos cuartos de circunferencia que quedan a un lado y otro del centro de la misma, situado justo entre los dos incisivos centrales.

Es el usuario quien debe indicarle al programa dónde estaría el punto central entre los dos incisivos para que el programa pueda calcular la semicircunferencia con la que se queda.

4.6. Cálculo de los parámetros de la dentadura

Una vez tengamos todo lo anterior, el programa calculará automáticamente los parámetros que faltan para identificar la dentadura.

Los parámetros necesarios son:

- Distancia a la arcada.

- Posición angular.
- Tamaño del eje mayor de la elipse (en milímetros).
- Excentricidad.
- Rotación.
- Arcada.
- Radio de la circunferencia correspondiente a la arcada dental.
- Distancia intercanina.

Además de los parámetros anteriores, que se calculan automáticamente, cada diente debe ser identificado por el usuario, asignándole el número que le corresponda según el Sistema Internacional de Numeración. Este valor lo indica directamente el usuario en BitePrint® de entre las posibilidades, recogidas en una lista.

5. Resultados y discusión

En el presente trabajo, se ha conseguido extraer la información básica de la marca dental producida por una mordedura a partir de una fotografía de la misma, y la misma información a partir de la huella dental correspondiente a un molde 3D, con la intención de poder hacer la comparación entre la marca de mordedura en 2D (en una fotografía) y el molde 3D correspondiente a la dentadura del sospechoso o los sospechosos.

Tras el estudio estadístico realizado, que describiremos a continuación, hemos visto que la rotación dental es un buen parámetro para la identificación de una mordedura, pero debido a que el tamaño muestral que tenemos es bajo, es posible que otros parámetros también sean significativos aunque no los hayamos detectado en este estudio.

5.1. Resultados y validación del modelo

5.1.1. Ensayo experimental

Para validar el software BitePrint®, se procedió a realizar un ensayo experimental utilizando modelos dentales y fotografías de mordeduras.

1. Modelos dentales: se trabajó con 65 modelos dentales de escayola de los cuales tenemos tanto el maxilar superior como el inferior. De ellos, 61 son procedentes de pacientes de la Facultad de Odontología de la Universidad de Granada, y 4 procedentes de casos judiciales reales.

De los 65 modelos de la muestra, hay 16 que son culpables de haber producido alguna mordedura (2 provenientes de casos judiciales reales y 14 son pacientes de la Facultad de Odontología).

Hay 49 modelos dentales que no se corresponden con ninguna fotografía.

2. Fotografías de mordeduras: se trabajó con 18 mordeduras. Dos de ellas se obtuvieron de casos judiciales reales (2 maxilares inferiores y 1 maxilar

superior), mientras que el resto se obtuvieron de mordeduras experimentales sobre piel de cerdo cadáver.

De las 18 mordeduras, 16 están producidas por modelos dentales que están incluidos en este ensayo, y 2 no. En 7 casos tenemos sólo la arcada inferior, en 4 sólo la arcada superior y en los otros 7 tenemos tanto la arcada superior como la inferior.

Las mordeduras experimentales fueron realizadas sobre piel de cerdo muerto [Figura 46], siendo ésta un buen análogo de la piel humana [58; 117; 120]. Las mordeduras se produjeron sobre lechones procedentes de un matadero local, de 4-5 semanas y 5-6 kg de peso cada uno y con un intervalo postmortem de entre 3 y 10 horas.

Se seleccionaron en cada lechón las localizaciones anatómicas con menos curvatura en la piel y mínima distorsión.

Los modelos dentales fueron colocados unidos por una charnela a modo de bisagra y se ejerció presión sobre la piel de cerdo durante 15 minutos ayudándonos de unas pinzas de carpintero. Así, se creó una marca dental que, posteriormente, fue fotografiada digitalmente con la escala ABFO nº2 colocada, siguiendo las guías ABFO para recuperación de pruebas [7; 8].



Figura 46. Proceso de realización de las mordeduras sobre piel de cerdo muerto.

Las fotografías fueron almacenadas en formato JPEG en un ordenador personal, seleccionándose luego la mejor imagen de cada marca dental [Figura 47].

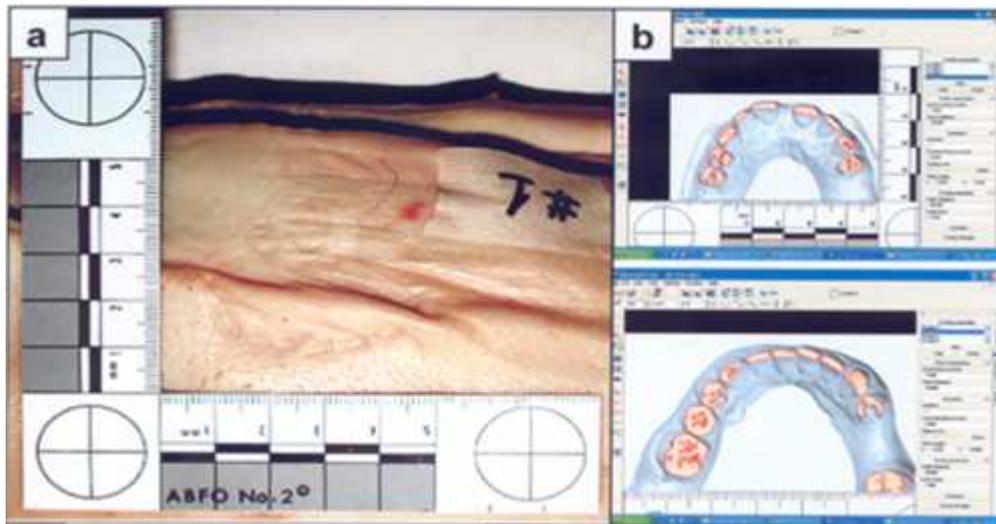


Figura 47. A) Fotografía de marca dental producida por un molde de escayola. B) Molde de escayola digitalizado y cargado en DentalPrint sobre el que se aplica un plano de mordida, obteniendo una huella dental para comparar con la fotografía posteriormente.

En resumen, el ensayo experimental incluye un total de 67 pacientes, de los cuales tenemos modelos dentales de 65 (todos tanto con la arcada dental superior

como con la inferior). De ellos, 16 pacientes han producido alguna mordedura, por tanto, disponemos tanto de los modelos dentales como de fotografía de la mordedura. Hay 2 pacientes de los que sólo tenemos fotografía de la mordedura, y 49 de los que sólo tenemos los modelos dentales.

Con los modelos dentales y las fotografías de las mordeduras se siguió el siguiente procedimiento. Los modelos dentales en escayola fueron escaneados con un escáner 3D de contacto (escáner Picza 3D, modelo PIX-3 de Roland DG Corp.), la imagen digital se importó al programa DentalPrint®, con el que se generó una huella dental. Esa imagen de DentalPrint® se importa a BitePrint®, para así obtener los parámetros identificativos de esa dentadura, tal y como se explicó previamente. Las fotografías de mordeduras, se cargaron directamente en el programa BitePrint® y, siguiendo el proceso explicado previamente, se obtuvieron los parámetros identificativos de la marca dental [Figura 6].

Los parámetros de identificación de los modelos dentales y de las fotografías de las mordeduras, son exportados con BitePrint® a un fichero .txt (la información almacenada en el fichero .txt y el formato exacto de la misma se describe con detalle en el Anexo 8.1).

5.1.2. Bases de datos para validación

Una vez obtuvimos todos los parámetros para cada modelo y para cada fotografía, se introdujeron estos valores en dos bases de datos. Se decidió hacer el trabajo por duplicado para minimizar los errores en la introducción de datos en las bases de datos, es decir, los errores de teclado. Para ello, una vez introducidos todos los datos por duplicado en dos bases de datos independientes, se compararon éstas entre sí y se localizaron las diferencias, de forma que pudimos comprobar cuál de los dos datos introducidos era el correcto y, de este modo, eliminar los errores de introducción de datos que existían.

Cada una de estas bases de datos comprendía las siguientes tablas con sus correspondientes parámetros:

- Tabla Pacientes: contiene información de las personas de las que se han obtenido tanto los modelos dentales como las fotografías de mordeduras.
 - o REF: es el parámetro identificativo de cada paciente, por lo que es diferente para cada uno.
 - o Edad: es la edad del paciente.
 - o Sexo: es el sexo del paciente.
 - o Culpable: nos dice si ese paciente es el causante de alguna de las mordeduras presentes en las fotografías.

- Tabla Arcadas: contiene un registro por cada arcada de la que se tiene información de cada paciente. Se incluyen tanto arcadas obtenidas del modelo dental como de fotografías de mordeduras.
 - o Id: es el parámetro identificativo de cada arcada (incluyendo arcadas provenientes de modelo dental y arcadas provenientes de fotografía), por lo que es diferente para cada una de ellas (salvo en el caso de que esté introducido dos veces, uno por cada observador; si esto ocurre se repite la Id en los dos que sean la misma arcada).
 - o REF: es el número identificativo del paciente al que pertenece esta arcada.
 - o Arcada: se refiere al tipo de arcada del modelo con el que se está trabajando (superior o inferior).
 - o Tipo: nos indica si esa arcada proviene de una fotografía o de un modelo de escayola escaneado.
 - o Radio: es el radio de la semicircunferencia correspondiente a la arcada dental.
 - o Distancia intercanina: indica la distancia que hay entre los dos caninos de la arcada, si están presentes.

- Observador: indica cuál de nuestros dos observadores ha extraído esos parámetros con Biteprint®.
 - Matching: en el caso de las fotografías, indica cuál es el identificador del modelo dental que ha producido la mordedura que se observa; mientras que en el caso de los moldes dentales indica cuál es el identificador de la mordedura que se aprecia en una fotografía.
- Tabla Dientes: contiene información de los distintos parámetros calculados por el programa o indicados por el usuario sobre cada diente que forma parte de las arcadas dentales registradas.
- Id: es el parámetro identificativo de cada diente, debiendo de ser todos, por ello, diferentes entre sí (salvo en el caso de que esté introducido dos veces, uno por cada observador; si esto ocurre se repite la Id en los dos que sean el mismo diente de la misma fotografía/modelo y no se duplican los casos).
 - REF: es el número identificativo del paciente al que pertenece ese diente.
 - POSI: es la posición del diente dentro de la boca según el Sistema Internacional de Numeración.
 - Distancia a la arcada: distancia del diente a la arcada.
 - Excentricidad: excentricidad del diente.
 - Posición angular: posición angular del diente.
 - Rotación: rotación del diente.
 - Tamaño de eje mayor: tamaño del eje mayor en milímetros.
 - Arcada: se refiere al tipo de arcada (superior o inferior) a la que pertenece el diente con el que se está trabajando.

- Tipo: nos indica si esa arcada proviene de una fotografía o de un modelo de escayola escaneado.
- Observador: indica cuál de nuestros dos observadores ha extraído esos parámetros con Biteprint®.

Estos parámetros y sus valores vienen descritos con más detenimiento en el Anexo 8.2.

5.1.3 Estadística

El análisis estadístico se realizó usando el programa SPSS-Windows 15.0 (SPSS Inc., Chicago, IL). Para este estudio, se compararon los modelos con las medidas de las mordeduras siguiendo parcialmente lo indicado por Blackwell et al. [17].

El primer paso, como se explicó previamente, fue la extracción de los parámetros descritos anteriormente para arcadas y dientes para cada modelo y fotografía, y su introducción en la base de datos.

En la Tabla 5 podemos observar la distribución de patrones dentarios presentes en los modelos y en las fotografías. Vemos, por ejemplo, que hay 53 modelos (un 81.5% de la muestra) que tenían presentes todos los dientes anteriores (los cuatro incisivos y los dos caninos) tanto en la arcada superior como en la inferior. Sin embargo, en las fotografías, sólo 2 casos (un 11'1% de la muestra) tienen todos los dientes presentes. Esto ocurre por dos motivos: el primero de ellos es que el número de fotografías es muy bajo. El segundo es que al morder, según cómo se produzca la mordedura, no siempre quedan marcados todos los dientes, incluso aunque no estén ausentes en la boca del agresor. Hay 65 modelos dentales en los que se ha registrado algún diente superior, y 65 donde hay algún diente inferior. Respecto a las fotografías, hay 11 fotografías con algún diente de la arcada superior (4 con dientes sólo de la arcada superior y 7 con dientes de la arcada superior y de la inferior), y 14 con algún diente de la arcada inferior (7 con dientes sólo de la arcada inferior y 7 con dientes de la superior y de la inferior).

Tabla 5. Patrones dentarios correspondientes a 67 pacientes^a.

Variable	n (%)
Modelos (n=65 pacientes)	
Patrones Superior-Inferior^b	
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	3 (4.6)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	1 (1.5)
	53 (81.5)
# de dientes	
9-11	12 (18.5)
12	53 (81.5)
media ± s	11.6±0.8
Fotografías (n=18 pacientes)	
Patrones Superior-Inferior	
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	2 (11.1)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	1 (5.6)
	2 (11.1)
# de dientes	
3	5 (27.8)
4-5	5 (27.8)
6-11	6 (33.3)
12	2 (11.1)
media ± s	5.9±3.1

a: El número total de pacientes es n=67. Tenemos modelos de 65 y fotografías de la piel de 18 pacientes. La distribución exacta se explicó previamente

b: Todos los dientes anteriores, superiores e inferiores, siguen la siguiente secuencia: 13-12-11-21-22-23-43-42-41-31-32-33, con □ siendo "ausencia de diente" y ■ siendo "presencia de diente".

En la Tabla 6 podemos observar para cada uno de los dientes anteriores y para la distancia intercanina la distribución de los distintos parámetros calculados. Por ejemplo, el canino izquierdo de la arcada inferior en los modelos (diente 33), vemos que está presente en 65 de los casos (en todos), y que tiene una excentricidad de $2'4 \pm 0'6$ mm. Sin embargo, el mismo diente en las fotografías está presente en 11 de los 18 casos y tiene una excentricidad de $2'1 \pm 0'4$ mm.

Tabla 6. Descripción de las medidas en los participantes (n=67)^a.

Medida	n ^b	Distancia al arco (mm.)	Excentricidad	Posición angular (°)	Rotación (°)	Tamaño (mm.)	Distancia intercan. (mm.)
Modelo-Superior (n=65)							
11 (incisivo central derecho)	63	0.0±0.4	4.2±1.3	-13±2	2±9	7.7±0.7	-
12 (incisivo lateral derecho)	59	-0.4±1.7	3.0±0.8	-35±6	-3±14	5.1±1.0	-
13 (canino derecho)	62	-0.1±0.7	2.0±0.5	-57±10	1±18	5.1±1.3	-
21 (incisivo central izq.)	63	0.0±0.5	4.2±1.4	12±3	-3±13	7.7±1.0	-
22 (incisivo lateral izq.)	59	-0.3±1.3	3.2±0.9	35±7	-1±14	5.1±1.0	-
23 (canino izquierdo)	65	0.0±0.1	2.2±0.5	56±11	-5±20	5.2±1.4	-
Distancia intercanina	62	-	-	-	-	-	32±3
Modelo-Inferior (n=65)							
31 (incisivo central izq.)	64	0.2±0.6	3.3±0.7	-8±2	1±11	5.0±0.4	-
32 (incisivo lateral izq.)	65	-0.1±1.0	3.4±0.7	-23±7	1±15	5.2±0.6	-
33 (canino izquierdo)	65	0.0±0.1	2.4±0.6	-40±12	-11±22	4.5±0.9	-
41 (incisivo central derecho)	64	0.2±0.6	3.5±0.8	7±2	2±13	5.0±0.5	-
42 (incisivo lateral derecho)	63	-0.3±0.6	3.5±0.9	23±7	0±10	5.3±0.5	-
43 (canino derecho)	65	0.0±0.1	2.2±0.4	40±12	-9±27	4.6±0.9	-
Distancia intercanina	65	-	-	-	-	-	25±2
Fotografía-Superior (n=11)							
11 (incisivo central derecho)	10	0.4±0.9	3.4±0.7	-15±7	1±14	6.9±1.7	-
12 (incisivo lateral derecho)	4	0.1±0.3	2.4±0.7	-30±4	-9±24	4.5±0.9	-
13 (canino derecho)	4	-0.8±0.9	1.9±0.4	-56±14	14±51	4.9±1.9	-
21 (incisivo central izq.)	10	-0.1±0.1	3.6±1.6	14±5	-5±15	6.8±1.6	-
22 (incisivo lateral izq.)	10	-0.3±0.7	3.0±0.6	38±12	6±15	4.8±1.0	-
23 (canino izquierdo)	6	-0.1±0.2	2.0±0.6	54±19	-1±21	5.1±1.5	-
Distancia intercanina	3	-	-	-	-	-	27±5
Fotografía-Inferior (n=14)							
31 (incisivo central izq.)	11	0.1±0.6	2.7±1.0	-7±1	-1±20	4.5±0.8	-
32 (incisivo lateral izq.)	11	0.0±0.4	2.6±0.6	-24±9	6±17	4.8±1.0	-
33 (canino izquierdo)	11	0.0±0.2	2.1±0.4	-37±10	-14±17	4.2±1.3	-
41 (incisivo central derecho)	10	0.8±1.1	2.8±0.7	6±1	1±14	4.6±0.6	-
42 (incisivo lateral derecho)	8	-0.3±0.4	2.6±0.6	18±4	3±15	4.6±0.9	-
43 (canino derecho)	11	0.0±0.1	2.1±0.6	34±5	-6±25	4.3±1.5	-
Distancia intercanina	9	-	-	-	-	-	23±4

a: El número total de pacientes es n= 67. Tenemos modelos (superiores e inferiores) de 65. Tenemos fotografías de la piel de 18 pacientes (incluyendo los 2 sin modelos).

b: Esta cifra es a veces inferior al total (65 para los modelos y 18 para las fotografías) debido a la falta de un diente en la boca (modelo) o en la fotografía.

A continuación, se creó una matriz para comparar todas las combinaciones posibles de coincidencias (matchings) y no coincidencias (no matchings) de modelos y mordeduras. Para cada combinación, se almacenaron las diferencias entre las variables del modelo y esas mismas variables de las mordeduras. Estas diferencias reflejan la proximidad cuantitativa entre el modelo y la mordedura de la fotografía con la que se compara. Un matching implica, evidentemente, que la combinación foto-dentadura es la correcta, es decir, que esa dentadura ha producido la mordedura de la fotografía. Si definimos la discrepancia entre un modelo y una fotografía como la suma de la distancia entre sus parámetros, en un matching positivo la distancia debe ser menor, mientras que en un matching negativo esa distancia será mayor.

La matriz consta de 1045 combinaciones: 65 modelos x 18 mordeduras, después de excluir 125 combinaciones incompatibles (sería el caso, por ejemplo, de una mordedura donde se aprecia una pieza dental que está ausente en el modelo). De todas estas combinaciones, 16 eran coincidencias (matchings) reales (2 de casos judiciales reales y 14 sobre la piel de cerdo). Es decir, se sabía exactamente qué modelo es el que produjo la mordedura.

En la Tabla 7 se muestran los resultados de las combinaciones de coincidencias (matchings) y no coincidencias (no matchings) de los modelos dentales con las fotografías de las mordeduras. Por ejemplo, vemos que de los que tenemos todos los dientes superiores e inferiores presentes hay 106 casos (53 modelos x 2 fotografías, Tabla 5). De esos, ninguno ha hecho matching (ninguno es detectado como culpable de producir las mordeduras). Sin embargo, de la combinación en que están presentes todos los dientes salvo el 41 (incisivo central derecho inferior) hay un total de 54 combinaciones posibles (54 modelos x 1 fotografía según la Tabla 5; notemos que sólo hay 1 fotografía en la que falta ese diente, 1 modelo en el que se cumple ese patrón exacto y 53 modelos que tienen todos los dientes y que, por tanto, podrían ser los causantes de esa fotografía ya que cabe la posibilidad de que al morder ese diente no se haya grabado en la marca dental de la fotografía), de las cuales 1 ha hecho matching, es decir, se ha identificado como culpable de realizar esa mordedura.

Si agrupamos el número de dientes presentes en el modelo dental y en la fotografía de las mordeduras que se combinan, vemos que hay una media de 5'7 dientes presentes, con una desviación estándar de ± 3 . Hay un 29% de las combinaciones (303 casos) con 3 dientes, un 28.4% (297 casos) con 4-5 dientes, un 32'4% (339 casos) con 6-11 dientes, y sólo un 10'1% (106 casos) con 12 dientes (los 6 dientes superiores y los 6 inferiores presentes tanto en la dentadura como en la fotografía).

Si analizamos los dientes por separado presentes tanto en el modelo dental como en la fotografía, vemos que, por ejemplo, hay 215 combinaciones posibles en las que está presente el canino derecho superior, diente nº 13 (un 20'6%; si nos fijamos en los patrones combinados, este diente está presente en los patrones de las filas 3º, 15º y 16º cuyos n son de 55, 54 y 106 respectivamente que, al sumarlos, da un total de 215 combinaciones). Comparando esto con los datos de la Tabla 5, vemos que en las fotografías este diente se encuentra en los patrones 3º, 15º y 16º, con un n cada uno de 1, 1 y 2 respectivamente. El patrón 3º de las fotografías es compatible con los patrones 9º, 10º y 11º de los modelos (con n de 1, 1 y 53, respectivamente que, al sumarlos, da 55 y que al multiplicarlo por el n del patrón 3º de las fotografías es de $55 \times 1 = 55$). El patrón 15º de las fotografías es compatible con los patrones de los modelos 9º y 11º (con n de 1 y 53 respectivamente, un total de 54 modelos que al multiplicarlo por el n del patrón 15º de las fotografías da un total de $54 \times 1 = 54$). Y el patrón 16º de las fotografías sólo es compatible con el patrón 11º de los modelos (que tiene un n de 53 y que al multiplicarlo por el n del modelo 16º de las fotografías da un total de $53 \times 2 = 106$). Sumando estos valores, tendríamos $55 + 54 + 106 = 215$, las combinaciones que contienen este diente en los patrones combinados como indica la Tabla 7. De las 215 combinaciones correspondientes al diente 13, se han identificado 2 como culpables de producir las mordeduras. Este mismo análisis se realizó para las distancias intercaninas superior e inferior y para los dientes superiores e inferiores en su conjunto.

Vemos, además, que en un 78'6% de las mordeduras hay implicados dientes inferiores frente a un 58'2% de las mordeduras, en las que hay implicados dientes

superiores. Esto significa que los dientes inferiores se graban mejor que los dientes superiores.

Mirando los patrones combinados superior-inferior podríamos ver, también, que en 224 modelos (21'4%) hay sólo dientes superiores, mientras que en 437 (41'8%) hay sólo dientes inferiores y en 384 (36'8%) hay de ambos.

Tabla 7. Combinaciones de patrones dentarios de modelos y fotografías (n=1045^a).

Variable	Todos (n=1045) n (%)	No matching (n=1029) n (%)	Matching (n=16) n (%)
Patrones combinados. Superior-Inferior^b			
□□■ ■ ■ ■ ■ □ □ □ □ □ □ □	56 (5.4)	55	1 (6.2)
□ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■ □ □ □ □ □ □ □	57 (5.5)	56	1 (6.2)
■ ■ □ ■ ■ ■ □ □ □ □ □ □ □	55 (5.3)	54	1 (6.2)
□ □ ■ ■ ■ ■ □ □ □ □ □ □ □	56 (5.4)	55	1 (6.2)
□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ ■ ■ ■ ■ ■	128 (12.2)	126	2 (12.5)
□ □ □ □ □ □ □ □ ■ ■ ■ ■ ■ □	61 (5.8)	60	1 (6.2)
□ □ □ □ □ □ □ ■ □ □ ■ ■ ■ □	64 (6.1)	63	1 (6.2)
□ □ □ □ □ □ □ ■ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■	62 (5.9)	61	1 (6.2)
□ □ □ □ □ □ □ ■ ■ ■ ■ ■ □ ■ ■	61 (5.8)	60	1 (6.2)
□ □ □ □ □ □ □ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■	61 (5.8)	60	1 (6.2)
□ □ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■ □ □ □ □ □ □	61 (5.8)	60	1 (6.2)
□ □ ■ ■ ■ ■ □ ■ □ ■ □ □ □ □ ■ ■	55 (5.3)	54	1 (6.2)
□ □ ■ ■ ■ ■ □ ■ □ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■	54 (5.2)	53	1 (6.2)
□ □ ■ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■	54 (5.2)	53	1 (6.2)
■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ □ ■ ■ ■ ■ ■ ■	54 (5.2)	53	1 (6.2)
■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■	106 (10.1)	106	0 (0.0)
<hr/>			
# de dientes presentes en modelo y en foto.			
3	303 (29.0)	298 (29.0)	5 (31.3)
4-5	297 (28.4)	292 (28.4)	5 (31.3)
6-11	339 (32.4)	333 (32.4)	6 (37.5)
12	106 (10.1)	106 (10.3)	0 (0.0)
media ± s	5.7±3.0	5.8±3.0	5.1±2.3
<hr/>			
Patrones con... (en modelo y en fotografía):			
11 (incisivo central derecho superior)	553 (52.9)	545 (53.0)	8 (50.0)
12 (incisivo lateral derecho superior)	217 (20.8)	215 (20.9)	2 (12.5)
13 (canino derecho superior)	215 (20.6)	213 (20.7)	2 (12.5)
21 (incisivo central izquierdo superior)	551 (52.7)	543 (52.8)	8 (50.0)
22 (incisivo lateral izquierdo superior)	547 (52.3)	539 (52.4)	8 (50.0)
23 (canino izquierdo superior)	334 (32.0)	330 (32.1)	4 (25.0)
31 (incisivo central izquierdo inferior)	643 (61.5)	634 (61.6)	9 (56.3)
32 (incisivo lateral izquierdo inferior)	651 (62.3)	642 (62.4)	9 (56.3)
33 (canino izquierdo inferior)	635 (60.8)	626 (60.8)	9 (56.3)
41 (incisivo central derecho inferior)	575 (55.0)	567 (55.1)	8 (50.0)
42 (incisivo lateral derecho inferior)	459 (43.9)	453 (44.0)	6 (37.5)
43 (canino derecho inferior)	632 (60.5)	623 (60.5)	9 (56.3)
Intercanina superior	160 (15.3)	159 (15.5)	1 (6.3)
Intercanina inferior	507 (48.5)	500 (48.6)	7 (43.8)
Dientes superiores	608 (58.2)	599 (58.2)	9 (56.2)
Dientes inferiores	821 (78.6)	809 (78.6)	12 (75.0)

a: Inicialmente teníamos 1170 combinaciones (=65 modelos x 18 fotografías), pero excluimos para este análisis 125 (10.7%) combinaciones incompatibles (p.e., cuando una marca de un diente determinado está presente en la fotografía, pero ese diente está ausente en el modelo dental). Esto dio 1045 (=1170-125) combinaciones posibles para el análisis.

b: Todos los dientes anteriores, superiores e inferiores, están en la siguiente secuencia: 13-12-11-21-22-23--43-42-41-31-32-33, con □ siendo "ausencia del diente en el modelo y/o fotografía" y ■ siendo "presencia del diente tanto en el modelo como en la fotografía".

Posteriormente, se calcularon los valores discriminativos (área bajo la curva ROC) para los cinco parámetros identificativos del diente en los 12 dientes anteriores de forma individual, y para las distancias intercaninas. También se calcularon intervalos de confianza del 95% para AUCs de [media \pm 1'96 x error estándar], donde el error estándar fue calculado mediante bootstrapping (100 iteraciones) ya que las combinaciones no eran independientes [Tabla 8].

Las curvas ROC son una forma de conocer la calidad de un test diagnóstico [22]. Adaptándolo al caso que nos compete, la sensibilidad nos daría la probabilidad de obtener un matching cuando realmente esa dentadura ha producido la mordedura, y la especificidad nos diría la probabilidad de obtener un no-matching cuando la dentadura no ha producido la mordedura. El test diagnóstico ideal tendría una sensibilidad y una especificidad lo más cercanas al 100% posible. La curva ROC es un gráfico en el que se representan todo los pares sensibilidad/1-especificidad, representándose la sensibilidad en el eje Y y 1-especificidad en el eje X. Un test diagnóstico con una discriminación perfecta tendría una curva ROC que pasaría por la esquina superior izquierda de la curva (es decir, tendría los máximos valores de sensibilidad y especificidad). Por el contrario, un test diagnóstico sin capacidad de discriminación tendría como curva ROC una diagonal de 45º desde la esquina inferior izquierda hasta la superior derecha [Figura 48].

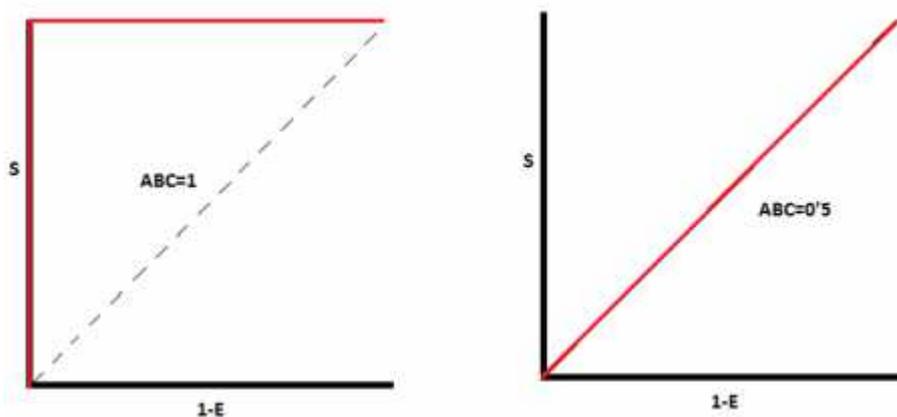


Figura 48. Representación de la curva ROC de una prueba con máxima sensibilidad (S) y especificidad (E), con área bajo la curva (ABC) de 1, a la izquierda; y prueba con mínima sensibilidad y especificidad, con área bajo la curva de 0'5.

El área bajo la curva ROC (ABC) es, por tanto, una medida global que nos habla de la capacidad discriminatoria y exactitud de un test diagnóstico. Es decir, en nuestro caso concreto es la probabilidad de que el test diagnóstico clasifique correctamente una dentadura tanto si es culpable como si es no culpable.

Teniendo en cuenta que en la cavidad oral son simétricos los mismos dientes a izquierda y derecha (11 y 21, 12 y 22...), no así los superiores e inferiores, decidimos unir esos dientes entre sí con intención de elevar la n para el estudio estadístico. Por ejemplo, cuando unimos los dientes 11 y 21 tenemos un total de 1104 combinaciones de distancias a la arcada (obtenidas de combinaciones en las que está presente el diente 11, el 21 o ambos), siendo 1088 de casos en los que no hay matching y 16 de casos en los que sí hay matching (8 matchings correspondientes al 11 y 8 al 21, como se ve en la Tabla 7). El valor de esta distancia en ese ejemplo es, para los no matching de $0'5 \pm 0'7$, y de $0'5 \pm 0'6$ en los matchings. Para la posición angular hay que tener en cuenta que se trabajó con valores absolutos, ya que los dientes derechos de la arcada superior y los izquierdos de la arcada inferior eran valores negativos por definición, y el resto eran positivos. Pues que aquí unimos dientes izquierdos y derechos, se decidió trabajar con valores absolutos al perder el signo su relevancia. Como vemos, en ambos casos el valor es muy similar, por lo que no da información relevante para la identificación del culpable y, por ello, el área bajo la curva ROC es de 0'43. Este comportamiento fue similar para el resto de los parámetros excepto para las rotaciones y la distancia intercanina inferior, en los que se obtuvieron valores del AUC por encima de 0'60.

Por ello, tras analizar los resultados, decidimos crear una medida compuesta usando la distancia euclídea para el valor de las rotaciones, ya que éste es el único parámetro que muestra consistencia en todos los dientes, teniendo además capacidad discriminativa estadísticamente significativa en los dientes inferiores. Recordemos que la distancia euclídea entre dos puntos se deduce a partir del teorema de Pitágoras y se calcula del siguiente modo: si llamamos a los dos puntos $P(px,py)$ y $Q(qx,qy)$, *Distancia Euclídea* = $\sqrt{(qx - px)^2 + (qy - py)^2}$. En nuestro caso, la medida compuesta de las distancias euclídeas se calcula considerando que la rotación de cada

diente de la combinación modelo-fotografía es una coordenada. Para entenderlo más claramente, lo veremos con un ejemplo: supongamos una combinación modelo-fotografía de 3 dientes, 11, 21 y 22. Llamaremos a la rotación del diente 11 para el modelo Rm1, a la del 21 Rm2 y a la del 22 Rm3. Para la fotografía, llamaremos a la rotación del diente 11 Rf1, para la del 21 Rf2 y para la del 22 Rf3. La distancia euclídea se calcularía como la raíz cuadrada de $(Rm1-Rf1)^2+(Rm2-Rf2)^2+(Rm3-Rf3)^2$. En este ejemplo, la combinación modelo-fotografía tiene 3 dientes en común, pero como hemos visto previamente, hay casos con 3 dientes en común, con 4, con 5... Por eso, para poder comparar esta medida, la dividiremos entre el número de dientes, y a eso es a lo que llamamos medida compuesta de las distancia euclídeas de las rotaciones.

Por tanto, se usó la distancia euclídea entre las rotaciones como medida compuesta para estudiar la similitud de las rotaciones, y esto se hizo para todos los dientes por un lado (superiores e inferiores) y luego por separado para los dientes inferiores y para los superiores. Hay un total de 1045 medidas compuestas de rotaciones para todos los dientes (1029 no matchings y 16 matchings). Para los dientes superiores (donde se incluyen combinaciones que tienen dientes sólo superiores o superiores e inferiores) se han calculado 599 no matchings y 9 matchings con la medida compuesta de rotaciones, y para los inferiores (donde hay combinaciones con dientes sólo inferiores e inferiores con superiores) 809 no matchings y 12 matchings. De los resultados obtenidos, vemos que el área bajo la curva ROC de las rotaciones en los dientes inferiores es superior a 0'7, superando la medida compuesta de rotación la capacidad discriminativa de cada diente individual, ya que aquí se aúna el poder discriminativo de cada diente. En un test diagnóstico, el área bajo la curva ROC es siempre mayor o igual a 0'5. Cuanto más cercano sea el valor del área bajo la curva a 0'5, menor es la capacidad de discriminación en ese test, mientras que cuanto más cercano sea el área bajo la curva a 1 mayor es su capacidad discriminativa. Por tanto, entre 0'5-0'6 los resultados del test no son útiles, entre 0'6-0'7 ofrece pobres resultados, y por encima de 0'7 el test ofrece resultados de utilidad en pruebas diagnósticas, de 0'8-0'9 la precisión del test es muy buena y entre 0'9 y 1 la exactitud del test es excelente [108].

Para la medida compuesta de las rotaciones, en los dientes anteriores inferiores, puesto que era significativa, calculamos también la sensibilidad (Se) y especificidad (Sp) para el índice de Youden. En nuestro caso, lo hicimos maximizando la suma Se + Sp, obteniendo unos valores de sensibilidad del 92% y de especificidad del 53%.

Tabla 8: Discrepancia^a en los matchings^b entre Modelos (n=65) y Mordeduras (fotografías) (n=18), y capacidad discriminativa (áreas bajo la curva ROC).

Medición	No matching		Matching		Discriminación: Área bajo la curva ROC media (95%-CI)
	n	media ± s	n	media ± s	
<i>Medidas individuales^c</i>					
Distancia al arco (mm.)					
Incisivo central superior (11+21)	1088	0.5±0.7	16	0.5±0.6	0.43 (0.29-0.56)
Incisivo lateral superior (12+22)	754	1.1±1.1	10	1.2±1.5	0.50 (0.30-0.70)
Canino superior (13+23)	543	0.5±0.7	6	0.5±0.7	0.56 (0.27-0.84)
Incisivo central inferior (31+41)	1201	0.7±0.8	17	0.5±0.3	0.53 (0.46-0.61)
Incisivo lateral inferior (32+42)	1095	0.7±0.7	15	0.5±0.5	0.56 (0.39-0.72)
Canino inferior (33+43)	1249	0.1±0.1	18	0.1±0.1	0.55 (0.42-0.68)

Excentricidad					
Incisivo central superior (11+21)	1088	1.5±1.2	16	1.6±1.2	0.47 (0.34-0.60)
Incisivo lateral superior (12+22)	754	0.8±0.7	10	0.9±0.5	0.43 (0.29-0.56)
Canino superior (13+23)	543	0.5±0.5	6	0.7±0.4	0.36 (0.16-0.55)
Incisivo central inferior (31+41)	1201	1.0±0.7	17	1.0±0.7	0.49 (0.34-0.64)
Incisivo lateral inferior (32+42)	1095	1.0±0.8	15	0.9±0.9	0.56 (0.41-0.71)
Canino inferior (33+43)	1249	0.6±0.5	18	0.7±0.6	0.51 (0.36-0.66)

Posición angular (°)					
Incisivo central superior (11+21)	1088	5±4	16	5±4	0.54 (0.39-0.68)
Incisivo lateral superior (12+22)	754	10±8	10	12±9	0.41 (0.21-0.61)
Canino superior (13+23)	543	15±12	6	17±12	0.45 (0.19-0.70)
Incisivo central inferior (31+41)	1201	2±2	17	2±1	0.61 (0.48-0.73)
Incisivo lateral inferior (32+42)	1095	8±6	15	8±6	0.55 (0.42-0.68)
Canino inferior (33+43)	1249	12±9	18	9±6	0.59 (0.48-0.70)

Rotación (°)					
Incisivo central superior (11+21)	1088	14±12	16	9±8	0.61 (0.48-0.73)
Incisivo lateral superior (12+22)	754	18±14	10	15±19	0.62 (0.40-0.83)
Canino superior (13+23)	543	28±25	6	32±38	0.52 (0.18-0.86)
Incisivo central inferior (31+41)	1201	16±12	17	11±10	0.62 (0.50-0.74)
Incisivo lateral inferior (32+42)	1095	16±13	15	10±9	0.66 (0.51-0.82)
Canino inferior (33+43)	1249	24±21	18	15±20	0.67 (0.57-0.78)

Tamaño (mm.)					
Incisivo central superior (11+21)	1088	1.6±1.1	16	1.8±1.0	0.44 (0.27-0.60)
Incisivo lateral superior (12+22)	754	1.1±0.8	10	1.2±0.7	0.44 (0.25-0.63)
Canino superior (13+23)	543	1.6±1.2	6	1.5±0.5	0.46 (0.33-0.60)
Incisivo central inferior (31+41)	1201	0.8±0.6	17	0.7±0.5	0.54 (0.39-0.69)
Incisivo lateral inferior (32+42)	1095	1.0±0.7	15	0.9±0.7	0.52 (0.35-0.69)

Canino inferior (33+43)	1249	1.4±1.0	18	1.4±0.8	0.47 (0.35-0.59)
<i>Distancia intercanina</i>					
Arcada superior	159	5.5±4.4	1	10.4±0.0	0.23 (0.15-0.31)
Arcada inferior	500	3.8±2.5	7	2.9±2.5	0.62 (0.36-0.88)
<i>Medidas compuestas (distancias euclídeas):</i>					
Rotaciones de todos los dientes	1029	11±7	16	10±10	0.64 (0.47-0.82)
Rotaciones de los dientes superiores	599	12±8	9	12±11	0.59 (0.35-0.83)
Rotaciones de los dientes inferiores	809	11±6	12	8±8	0.73 (0.58-0.88) ^d

a: Se calcula como la diferencia en término absoluto entre x1 (medición en modelo) y x2 (medición en fotografía).

b: Nótese que hay 16 matchings (p.e., identificación positiva o coincidencia entre modelo y fotografía). En algunos casos, el n de matching es mayor de 16, porque estamos sumando los matchings dados por el diente izquierdo y por el derecho.

c: Para un diente individual determinado (p.e, incisivo central superior), por conveniencia a la hora de presentar los resultados, hemos unido el diente derecho (p.e., 11) e izquierdo (p.e., 21). Los tamaños de las muestras se obtienen de sumar los tamaños de las muestras correspondientes de la última fila de la Tabla 7.

d: El Índice de Youden es J=0.45, para el punto de corte ≤ 9.17 , y que arroja una Sensibilidad=92% y Especificidad=53%.

Además de lo anterior, se realizó un estudio interobservador [Tabla 9], de forma que la dentista exploradora fue calibrada previamente al estudio con ejercicios teóricos y también frente a una exploradora experimentada de referencia (SMH) repitiendo las exploraciones en 83 dientes de 7 pacientes. Se midió el ICC (intraclass correlation coefficient) para la distancia intercanina y para las variables dentarias de distancia a la arcada, excentricidad, posición angular, rotación y tamaño. El ICC se interpreta del siguiente modo: 0'00 es una correlación pobre, 0'00-0'20 correlación ligera, 0'21-0'40 correlación justa, 0'41-0'60 correlación moderada, 0'61-0'80 correlación sustancial, y 0'81-1'00 correlación casi perfecta.

El ICC obtenido osciló de 0'96 (excentricidad) a 1'00 (posición angular), indicando una excelente concordancia [66].

Tabla 9. Concordancia interobservador en modelos dentales, en 83 dientes correspondientes a 14 arcadas de 7 pacientes.

Variable	Observador 1 (dentista)	Observador 2 (SMH)	ICC
Arcadas (n=14)			
Distancia intercanina	30.0±4.6	30.2±4.7	1.00
Dientes (n=83)			
Distancia al arco	-0.03±0.74	-0.07±0.67	0.98
Excentricidad	3.25±1.09	3.40±1.22	0.96
Posición angular	0.04±30.91	0.18±31.08	1.00
Rotación	-3.50±15.06	-3.60±15.09	0.99
Tamaño	5.59±1.34	5.54±1.30	0.99

r: coeficiente de correlación de Pearson

ICC: Intraclass correlation coefficient (coeficiente de correlación intraclase).

5.2. Discusión

Tras los resultados obtenidos y el estudio realizado, hay una serie de puntos en los que consideramos que debemos seguir trabajando.

La circunferencia calculada como arcada por el programa es una aproximación, que en algunos casos no es representativa de la posible arcada real. Esto ocurre, sobre todo, cuando en una fotografía tenemos registradas pocas marcas dentales y éstas están o casi alineadas o muy separadas. En las Figuras 49 y 50 podemos ver ejemplos de cálculo erróneo de la arcada que devolvería BitePrint®.

En la Figura 49, como vemos, con los dientes marcados el programa devuelve una circunferencia que claramente es menor que la que debería de devolver para corresponderse con la arcada.

En la Figura 50, sin embargo, la circunferencia que devuelve es de radio mucho mayor y, además, invertida, cuando lo que debería devolver es lo que se observa en la Figura 51.

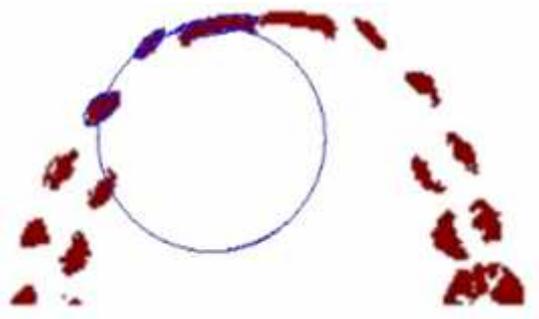


Figura 49. Ejemplo de arcada mal ajustada por el programa, con radio menor.



Figura 50. Ejemplo de arcada mal ajustada por el programa, con radio mayor. Lo correcto sería lo que se observa en la Figura 51.



Figura 51. Ejemplo de arcada bien ajustada por el programa, para la misma marca dental que vemos en la Figura 50.

Debido a esto, los parámetros que se extraen como identificativos de la marca dental (por ejemplo, la distancia a la arcada) dependientes de la arcada calculada pierden relevancia y, en ocasiones, aunque pudieran ser útiles como identificadores de una dentadura, en nuestro caso no lo son, ya que la arcada calculada por el programa no deja de ser una medida intermedia para la consecución del resto de parámetros, y no es un valor representativo de la mordedura. Por ello, un objetivo futuro para este estudio es calcular parámetros identificativos de forma independiente de la circunferencia que se calcula, como la distancia del centro de cada elipse al centro del resto de elipses o la angulación relativa entre elipses. Es importante resaltar que, debido a que la arcada calculada no es una medida fiable, sino intermedia, no hemos usado en este estudio directamente el tamaño del radio de la arcada dentro del estudio, a pesar de que se sabe que es un dato útil para la identificación de una dentadura.

También puede ser útil estudiar la significación que tendría para la identificación de la mordedura el uso combinado de varios de los parámetros identificativos de las mordeduras.

Por otro lado, algunos de los parámetros valorados en el estudio como identificativos de la marca dental, como es el caso de la excentricidad, si bien sí son identificativos de una dentadura en sí, no lo son de la imagen que deja la dentadura sobre la piel de una persona, como podemos ver en el estudio estadístico realizado. Esto ocurre porque la marca que deja un diente sobre la piel no mantiene exactamente la forma del diente, sino que la imagen queda difuminada en mayor o menor grado en función de la zona de la piel donde se muerda.

Para la validación que hemos hecho en este estudio sabíamos con certeza en cada fotografía cuál era la arcada superior y la inferior, y sabíamos a qué diente correspondía exactamente cada marca dental presente en las fotografías de las mordeduras. Esto era fundamental para hacer el estudio de validación y que los resultados obtenidos fueran fiables. Sin embargo, debemos recordar que en la realidad puede haber dudas sobre cómo orientar el caso, sobre si la marca dental que observamos en una fotografía pertenece a la arcada dental superior o a la inferior, o

sobre qué diente es exactamente el que ha podido producir determinada marca presente en la mordedura.

Finalmente, también creemos que podría ser un punto interesante para una comparación más exacta el hacer que la imagen generada por el programa DentalPrint sea una huella que simule el hematoma que se formaría alrededor de los dientes al morder, en lugar de ser imágenes de bordes bien definidos. Para ello, al aplicar un plano sobre el molde de la dentadura, podríamos tomar las cúspides más altas para crear la huella dental y, a partir de ellas, difuminar el hematoma.

6. Conclusiones y trabajo futuro

6.1. Conclusiones

Con este estudio se pretende facilitar el trabajo de los expertos en la comparación de huellas dentales provenientes de fotografías y obtenidas a partir de un molde en escayola de la dentadura del sospechoso, a la par que aportar objetividad al proceso, de forma que este tipo de pruebas ganen fuerza y fiabilidad en procesos judiciales que tengan lugar por agresiones, violaciones, malos tratos...

Para ello, hemos desarrollado un programa llamado BitePrint® con el que podemos realizar un reconocimiento semiautomático de marcas dentales tanto sobre una fotografía como sobre imágenes de huellas dentales obtenidas a partir del programa DentalPrint®, obteniendo los mismos parámetros de ambos tipos de imágenes para su posterior comparación.

Para realizar este proceso, hemos hecho una aproximación de la forma de la zona anterior de la arcada humana por una semicircunferencia, y la forma dejada por un diente al morder sobre la piel o sobre un plano cualquiera por una elipse, y hemos tenido en cuenta las características particulares del tipo de imágenes con las que estamos trabajando, tanto en el caso de las fotografías como en el caso de las imágenes de DentalPrint®.

De este modo, hemos conseguido representar una dentadura humana mediante una serie de coeficientes geométricos (distancia intercanina, distancia del diente a la arcada, posición angular del diente, excentricidad del diente, tamaño del eje mayor, rotación del diente y posición del diente), y hemos realizado un estudio de validación de dicho método de identificación.

Tras la realización del análisis estadístico de los datos obtenidos, en el que se empleó una base de datos que incluía modelos dentales procedentes de pacientes de la Facultad de Odontología, modelos dentales de juicios reales, fotografías de juicios reales y fotografías de mordeduras realizadas sobre piel de cerdo muerto, encontramos que, según nuestro estudio, el parámetro más significativo y consistente para la identificación de una marca dental es la rotación del diente, especialmente en

el caso de los dientes de la arcada inferior, donde alcanza una capacidad discriminativa estadísticamente significativa. No obstante, hay que tener en cuenta que la n con la que se ha trabajado para la validación del método es muy pequeña debido a las dificultades propias del tipo de imágenes fotográficas con las que se está trabajando, siendo posible que otros parámetros incluidos en el estudio fueran también significativos si usáramos una n mayor.

Además, también hay que tener en cuenta que la capacidad discriminativa de estos parámetros está limitada por la técnica de la fotografía y por las características de la piel (como la elasticidad). En el momento actual, hemos conseguido un AUC de 0'73 con la medida compuesta de las rotaciones. Este valor nos indica que el método desarrollado está validado para ser utilizado en casos prácticos forenses, con unos valores más altos de sensibilidad (de detección de la persona que mordió a la víctima) que de especificidad (de detección de la persona que no lo hizo). Por tanto, podemos concluir que la capacidad discriminativa es potencialmente significativa para las rotaciones de los dientes combinados inferiores, y que puede ser utilizada como prueba pericial en un juicio real.

Por tanto, destacamos como conclusiones del estudio las siguientes:

- 1- BitePrint® facilita el trabajo de expertos en identificación de huellas dentales de fotografías.
- 2- BitePrint® aporta objetividad al proceso de comparación de huellas dentales provenientes de fotografías y de moldes en escayola, permitiendo que estas pruebas ganen fuerza y fiabilidad en procesos judiciales.
- 3- BitePrint® permite obtener los mismos parámetros identificativos para una dentadura tanto de una fotografía como de una imagen de DentalPrint®.
- 4- Hemos representado una dentadura humana mediante una serie de coeficientes geométricos que, posteriormente, se han validado mediante estudio estadístico.

- 5- El parámetro más significativo para la identificación de una marca dental, según nuestro estudio, es la rotación del diente, sobre todo en los dientes de la arcada inferior.
- 6- Para poder concluir la significación real de los distintos parámetros propuestos necesitaríamos un tamaño de muestra más grande.

Según nuestros resultados, la capacidad discriminativa es potencialmente significativa para las rotaciones combinadas de los dientes inferiores.

- 7- Por tanto, el método desarrollado está validado para ser utilizado como prueba pericial en casos prácticos forenses.

6.2. Trabajo futuro

Uno de nuestros objetivos futuros es mejorar el método de ajuste de la elipse inicial marcada por el usuario. Debido a que las imágenes fotográficas presentan marcas dentales con bordes difuminados que complican la identificación de la marca dental y el ajuste de la elipse, nos planteamos implementar un método que quite peso a la región de frontera de las elipses iniciales, haciendo que dicha zona tenga menos peso en el proceso de ajuste. Para ello, en vez de realizar una binarización de la fotografía marcando los puntos como dentro de la marca dental o fuera de ella, planteamos asignar a cada píxel una probabilidad de estar dentro o fuera de la misma. De este modo, los puntos con probabilidad intermedia (frontera) quedarían excluidos a la hora de realizar el ajuste de la elipse mediante el algoritmo genético.

Otro objetivo planteado como trabajo futuro es implementar un módulo de comparación en la aplicación, de forma que nos permita cargar los parámetros extraídos de dos marcas dentales diferentes y nos devuelva un porcentaje de similitud entre ambas, lo que nos permitiría identificar al autor de una mordedura con una certeza determinada.

Posteriormente, queremos ampliar la aplicación para que permita hacer comparaciones entre una marca dental determinada proveniente de una fotografía y

una base de datos con los modelos dentales de los sospechosos, devolviendo la probabilidad de que cada uno de esos modelos dentales sea el causante de la mordedura observada en la fotografía [Figura 52].

Esto tendría, también, una utilidad adicional, ya que nos permitiría comparar la dentadura de un sospechoso determinado con una base de datos que contenga moldes dentales de individuos de la población en general, lo que nos daría información sobre cómo de corriente es esa dentadura entre la población y, por tanto, nos informaría sobre cómo de posible es que la aplicación devuelva un resultado correcto o no en la comparación de esa dentadura con la marca dental de una fotografía.

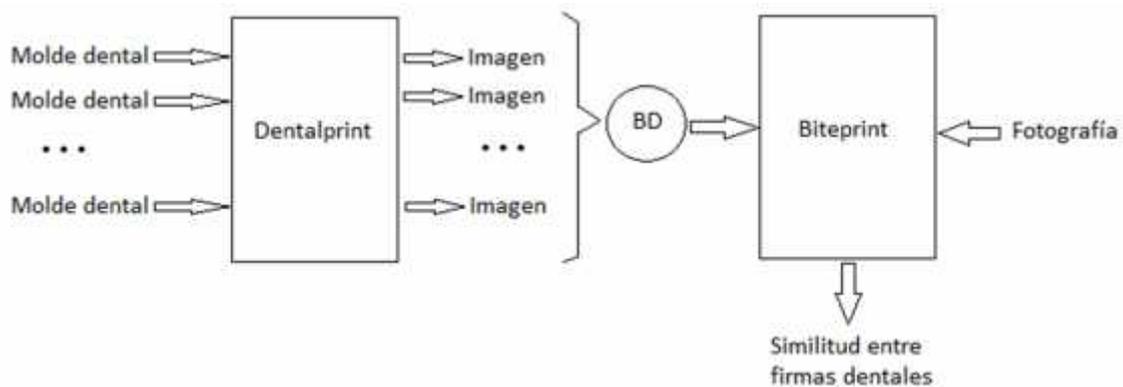


Figura 52. Imagen resumen del trabajo futuro a desarrollar. Se desea extraer imágenes de DentalPrint que representen la huella dental dejada por los moldes dentales de distintos sospechosos para introducirlas en una base de datos. Con la fotografía de la mordedura y los moldes de sospechosos de la base de datos, Biteprint debería devolver la similitud entre cada uno de esos moldes y la marca dental de la Fotografía.

7. Bibliografía

[1] Abdou IE, Pratt WK. Quantitative design and evaluation of enhancement/thresholding edge detectors. Proc IEEE. 1979;67(5):753-63.

[2] Adams BJ. Establishing personal identification based on specific patterns of missing, filled, and unrestored teeth. J Forensic Sci. 2003;48(3):487-96.

[3] Adams BJ. The diversity of adult dental patterns in the United States and the implications for personal identification. J Forensic Sci. 2003;48(3):497-503.

[4] Al-Amri SS, Kalyankar NV, Khamitkar SD. Image segmentation by using edge detection. IJCSE. 2010;2(3):804-7.

[5] Alex F. Simulation of genetic systems by automatic digital computers. Introduction. Aust J Biol Sci. 1957;10:484-91.

[6] American Academy of Pediatric Dentistry. Clinical guideline on oral and dental aspects of child abuse and neglect. Pediatr Dent. 2004;26(7):63-6.

[7] American Board of Forensic Odontology. Guidelines for bite mark analysis. J Am Dent Assoc. 1986;112:383-6.

[8] American Board of Forensic Odontology. ABFO bite mark methodology guidelines. En: Bowers CM, Bell GL, editor. Manual of forensic odontology. Montpelier, VT: American Society of Forensic Odontology; 1995. p. 334-7.

[9] American Board of Forensic Odontology. ABFO Bitemark Analysis Guidelines. En: Bell GL, Bowers CM, editor. Manual of Forensic odontology. 3.a ed. Saratoga Springs; 1997. p. 299-357.

[10] Arbelaez P, Maire M, Fowlkes C, Malik J. Contour detection and hierarchical image segmentation. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell. 2011;33(5):898-916.

[11] Argyle E. Techniques for edge detection. Proc IEEE. 1971;59:285-6.

[12] Avon SL, Victor C, Mayhall JT, Wood RE. Error rates in bite mark analysis in an in vivo animal model. *Forensic Sci Int.* 2010;201(1-3):45-55.

[13] Barsley RE, Lancaster DM. Measurement of arch widths in a human population: relation of anticipated bite marks. *J Forensic Sci.* 1987;32(4):975-82.

[14] Bergues G, Ames G, Canali L, Schurrer C, Flesia AG. Detección de líneas en imágenes con ruido en un entorno de medición de alta precisión. En San Carlos de Bariloche, Argentina; 2014. p. 582-7.

[15] Bernitz H, Piper SE, Solheim T, Van Niekerk PJ, Swart TJ. Comparison of bitemarks left in foodstuffs with models of the suspects' dentitions as a means of identifying a perpetrator. *J Forensic Odontostomatol.* 2000;18(2):27-31.

[16] Bholsithi W, Phichitchaiphan N, Sinthanayothin C. Online Dental Information Database for Dental Identification System. En Seoul, South Korea; 2010. p. 278-83.

[17] Blackwell SA, Taylor RV, Gordon I, Ogleby CL, Tanijiri T, Yoshino M, Donald MR, Clement JG. 3 D imaging and quantitative comparison of human dentitions and simulated bite marks. *Int J Legal Med.* 2007;121(1):9-17.

[18] Bowers CM, Johansen RJ. Digital analysis of bite marks and human identification. *Dent Clin North Am.* 2001;45(2):327-42.

[19] Bowers CM, Johansen RJ. Bitemark evidence. En: Saks MJ, editor. *Modern Scientific Evidence.* New York: West Publishing Co; 2002. p. 374-426.

[20] Bowers CM, Johansen RJ. Photographic evidence protocol: The use of digital methods to rectify angular distortion and create life size reproductions of bite mark evidence. *J Forensic Sci.* 2002;47(1):178-85.

[21] Bradski G, Kaehler A. *Learning OpenCV: Computer vision with the OpenCV library.* O'Reilly Media, Inc.; 2008.

[22] Burgueño MJ, García-Bastos JL, González-Buitrago JM. Las curvas ROC en la evaluación de las pruebas diagnósticas. *Med Clin*. 1995;104(17):661-70.

[23] Bush MA, Miller RG, Bush PJ, Dorion RB. Biomechanical factors in human dermal bitemarks in a cadaver model. *J Forensic Sci*. 2009;54(1):167-76.

[24] Cameron J, Sims BG. Bite marks. En: Cameron J, Sims BG, editor. *Forensic dentistry*. Edinburgh: Churchill Livingstone; 1974. p. 129-45.

[25] Canny J. A Computational Approach To Edge Detection. *IEEE Trans PAMI*. 1986;8(6):679-98.

[26] Cha SH, Tappert CC. Genetic Algorithm for Constructing Compact Binary Decision Trees. *JPRR*. 2009;4(1):1-13.

[27] Chao RM, Wu HC, Chen ZC. Image segmentation by automatic histogram thresholding. En: *Proceedings of the 2nd International Conference on Interaction Sciences*. Seoul, Republic of Korea; 2009. p. 136-41.

[28] Chen H, Jain AK. Dental Biometrics: Alignment and Matching of Dental Radiographs. En Breckenridge, USA; 2005. p. 316-21.

[29] Ciapparelli L, Hughes P. Bite marks in tissue and inanimate objects: analysis and comparison. En: Clark DH, editor. *Practical Forensic Odontology*. Oxford: Wright Butterworth-Heinemann Ltd; 1992. p. 149-77.

[30] Clement JG, Blackwell SA. Is current bite mark analysis a misnomer? *Forensic Sci Int*. 2010;201(1-3):33-7.

[31] Dailey JC. A practical technique for the fabrication of transparent bite mark overlays. *J Forensic Sci*. 1991;36(2):565-70.

[32] Davis LS. A survey of edge detection techniques. *Comput Vision Graph*. 1975;4(3):248-60.

[33] De Angelis D, Cattaneo C, Grandi M. Dental superimposition: a pilot study for standardising the method. *Int J Legal Med*. 2007;121(6):501-6.

[34] Dedouit F, Telmon N, Guilbeau-Frugier C, Gainza D, Otal P, Joffre F, Rougé D. Virtual Autopsy and Forensic Identification – Practical Application: A Report of One Case. *J Forensic Sci.* 2007;52(4):960-4.

[35] Dony RD, Wesolkowski S. Edge detection on color images using RGB vector angles. En: *Electrical and Computer Engineering, IEEE.* Edmonton, Alberta, Canada; 1999. p. 687-92.

[36] Dorion RBJ. *Bitemark Evidence: A Color Atlas and Text.* 2.a ed. United States of America: CRC Press; 2011. 674 p.

[37] Earley MJ, Bardsley AF. Human bites: a review. *BR J Plast Surg.* 1984;37(4):458-62.

[38] European IOFOS Millennium. Human bite mark evidence. En: *Forensic odontology: proceedings of the European IOFOS Millennium Meeting.* Leuven University Press, Belgium; 2000. p. 75-80.

[39] Evans AN, Lin XU. A morphological gradient approach to color edge detection. *IEEE Trans Image Process.* 2006;15(6):1454-63.

[40] Evans S, Plassmann P. 3D Image Capture for the Analysis of Bite Mark Injuries. *JBC.* 2011;37(2-3):36-42.

[41] Ferreira C. Gene Expression Programming: A New Adaptive Algorithm for Solving Problems. *Complex Systems.* 2001;13(2):87-129.

[42] Flora G, Tuceryan M, Blitzer H. Forensic Bite Mark Identification Using Image Processing Methods. En: *Symposium on Applied Computing.* 2009. p. 903-7.

[43] Franco A, Willems G, Souza PHC, Coucke W, Thevissen P. Uniqueness of the anterior dentition three-dimensionally assessed for forensic bitemark analysis. *J Forensic Leg Med.* 2017;46:58-65.

[44] Franco A, Willems G, Souza PHC, Tanaka OM, Coucke W, Thevissen P. Three-dimensional analysis of the uniqueness of the anterior dentition in orthodontically treated patients and twins. *Forensic Sci Int.* 2017;273:80-7.

[45] Freeman WT, Adelson EH. The design and use of steerable filters. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell.* 1991;9:891-906.

[46] Gao W, Zhang X, Yang L, Liu H. An improved Sobel edge detection. En: *Computer Science and Information Technology (ICCSIT)*. Chengdu, China; 2010. p. 67-71.

[47] Gold MH, Roenigk HH, Smith ES, Pierce LJ. Evaluation and treatment of patients with human bite marks. *Am J Forensic Med Pathol.* 1989;10(2):140-3.

[48] Gold MH, Roenigk HH, Smith ES, Pierce LJ. Human bite marks. Differential diagnosis. *Clin Pediatr.* 1989;28(7):329-31.

[49] Goldberg DE, Korb B, Deb K. Messy genetic algorithms: motivation, analysis, and first results. *Complex Systems.* 1989;5(3):493-530.

[50] Goldstein EJ, Richwald GA. Human and animal bite wounds. *J Pract Nurs.* 1987;37(4):16-9.

[51] Hill AJ, Hewson I, Lain R. The role of the forensic odontologist in disaster victim identification: Lessons for management. *Forensic Sci Int.* 2011;205(1-3):44-7.

[52] Hofer M, Nilceu-Marana A. Dental Biometrics: Human Identification Based On Dental Work Information. En Minas Gerais, Brazil; 2007. p. 281-6.

[53] Holtkötter H, Sheets HD, Bush PJ, Bush MA. Effect of systematic dental shape modification in bitemarks. *Forensic Sci Int.* 2013;228(1-3):61-9.

[54] Jakobsen JR, Keiser-Nielsen S. Bite mark lesions in human skin. *Forensic Sci Int.* 1981;18(1):41-55.

[55] Jensen E, Kai-Jen Yen P, Moorrees CF, Thomsen SO. Mesiodistal crown diameters of the deciduous and permanent teeth in individuals. *J Dent Res*. 1957;36(1):39-47.

[56] Johansen RJ, Bowers CM. Digital analysis of bite mark evidence. California: Forensic Imaging Services; 1999.

[57] Johansen RJ, Bowers CM. Digital analysis of bite mark evidence: using Adobe Photoshop. California: Forensic Imaging Services; 2000.

[58] Johnson LT, Radmer TW, Jeutter D, Stafford GL, Thulin J, Wirtz T, Corliss G, Ahn KW, Visotky A, Groffy RL. Replication of Known Dental Characteristics in Porcine Skin: Emerging Technologies for the Imaging Specialist. 2014. Report No.: 2010-DN-BX-K176.

[59] Karazulas CP. The presentation of bite mark evidence resulting in the acquittal of a man after serving even years in prison for murder. *J Forensic Sci*. 1984;29(1):355-8.

[60] Kass M, Witkin A, Terzopoulos D. Snakes: Active contour models. *Int J Comp Vis*. 1988;1(4):321-31.

[61] Keiser-Nielsen S. Person identification by means of the teeth. Bristol: England: John Wright & Sons; 1980. 59-72 p.

[62] Kirsch R. Computer determination of the constituent structure of biological images. *Comput Biomed Res*. 1971;4:315-28.

[63] Koschan A. A comparative study on color edge detection. En: Proceedings of the 2nd Asian Conference on Computer Vision. Singapore; 1995. p. 574-8.

[64] Kouble RF, Craig GT. A Comparison Between Direct and Indirect Methods Available for Human Bite Mark Analysis. *J Forensic Sci*. 2004;49(1):1-8.

[65] Laganière R. OpenCV Computer Vision Application Programming Cookbook. Packt Publishing Ltd; 2014.

[66] Landis JR, Koch GG. The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*. 1977;33:159-74.

[67] Lasser AJ, Warnick AJ, Berman GM. Three-Dimensional Comparative Analysis of Bitemarks. *J Forensic Sci*. 2009;54(3):658-61.

[68] Luntz LL, Luntz P. A case in forensic odontology: a bite-mark in a multiple homicide. *Oral Surg Oral Med Oral Pathol*. 1973;36(1):72-8.

[69] MacDonald DG. Bite mark recognition and interpretation. *J Forensic Sci Soc*. 1974;14(3):229-33.

[70] Marr D, Hildreth E. Theory of Edge Detection. *P Roy Soc Lond B Bio*. 1980;207(1167):187-217.

[71] Martin-de-Las Heras S, Valenzuela A, Valverde AJ, Torres JC, Luna-del-Castillo JD. Effectiveness of comparison overlays generated with DentalPrint software in bite mark analysis. *J Forensic Sci*. 2007;52(1):151-6.

[72] Martin-de-las-Heras S, Tafur D. Comparison of simulated human dental bitemarks possessing three-dimensional attributes to suspected biters using a proprietary three-dimensional comparison. *Forensic Sci Int*. 2009;190(1-3):33-7.

[73] Martin-de-las-Heras S, Tafur D. Validity of a dichotomous expert response in bitemark analysis using 3-D technology. *Sci Justice*. 2011;51(1):24-7.

[74] Martin-de-Las-Heras S, Tafur D, Bravo M. A quantitative method for comparing human dentition with tooth marks using three-dimensional technology and geometric morphometric analysis. *Acta Odontol Scand*. 2014;72(5):331-6.

[75] Martin-de-las-Heras S, Valenzuela A, Luna Jde D, Bravo M. The utility of dental patterns in forensic dentistry. *Forensic Sci Int*. 2010;195(1-3):166.

[76] Martin-de-las-Heras S, Valenzuela A, Ogayar C, Valverde AJ, Torres JC. Computer-based production of comparison overlays from 3D-scanned dental casts for bite mark analysis. *J Forensic Sci*. 2005;50(1):127-33.

[77] Molina García AB. Desarrollo de nuevas herramientas informáticas para el análisis de huellas por mordeduras humanas. [Granada, Spain]: Universidad de Granada; 2017.

[78] Naether S, Buck U, Campana L, Breitbeck R, Thali M. The examination and identification of bitemarks in foods using 3D scanning and 3D comparison methods. *Int J Legal Med.* 2012;126(1):89-95.

[79] Naru A, Dykes E. The Use of a Digital Imaging Technique to Aid Bite Mark Analysis. *Science and Justice.* 1996;36:47-50.

[80] Peli T, Malah D. A study of edge detection algorithms. *Comput Gr Image Process.* 1982;20(1):1-21.

[81] Pierce LJ, Strickland DJ, Smith ES. The case of Ohio v. Robinson. An 1870 bite mark case. *Am J Forensic Med Pathol.* 1990;11(2):171-7.

[82] Pretty IA. A web-based survey of odontologist's opinions concerning bitemark analysis. *J Forensic Sci.* 2003;48(5):1117-20.

[83] Pretty IA. Development and validation of a human bitemark severity and significance scale. En Seattle, Washington, USA; 2006. p. 209.

[84] Pretty IA. The barriers to achieving an evidence base for bitemark analysis. *Forensic Sci Int.* 2006;159(1):110-20.

[85] Pretty IA. Development and validation of a human bitemark severity and significance scale. *J Forensic Sci.* 2007;52(3):687-91.

[86] Ramos B, Torres JC, Molina A, Martín-de-las-Heras S. A new method to geometrically represent bite marks in human skin for comparison with the suspected dentition. *Aust J Forensic Sci.* 2017;1-11.

[87] Ramos Ontiveros B, Torres Cantero JC (dir), Martín de las Heras S (dir). Reconocimiento semiautomático de marcas dentales [trabajo fin de máster]. [Granada, Spain]: Universidad de Granada; 2013.

[88] Rawson RD, Koot A, Martin C, Jackson J, Novosel S, Richardson A, et al. Incidence of bite marks in a selected juvenile population: a preliminary report. *J Forensic Sci.* 1984;29(1):254-9.

[89] Rawson RD, Ommen RK, Kinard G, Johnson J, Yfantis A. Statistical evidence for the individuality of the human dentition. *J Forensic Sci.* 1984;29(1):245-53.

[90] Rawson RD, Vale GL, Herschaft EE, Sperber ND, Dowell S. Analysis of photographic distortion in bite marks: a report of the Guidelines Committee. *J Forensic Sci.* 1986;31:1261-8.

[91] Rebaza JV. Detección de bordes mediante el algoritmo de Canny. Escuela Académico Profesional de Informática. Universidad Nacional de Trujillo; 2007.

[92] Robinson E, Wentzel J. Toneline bite mark photography. *J Forensic Sci.* 1992;37(1):195-207.

[93] Robinson GS. Color edge detection. *Opt Eng.* 1977;16(5):1654-79.

[94] Roushdy M. Comparative study of edge detection algorithms applying on the grayscale noisy image using morphological filter. *GVIP Journal.* 2006;6(4):17-23.

[95] Schweich P, Fleisher G. Human bites in children. *Pediatr Emerg Care.* 1985;1(2):51-3.

[96] Sharifi M, Fathy M, Mahmoudi MT. A classified and comparative study of edge detection algorithms. En: *Information Technology: Coding and Computing.* Las Vegas, NV, USA; 2002. p. 117-20.

[97] Sheasby DR, MacDonald DG. A forensic classification of distortion in human bite marks. *Forensic Sci Int.* 2001;122(1):75-8.

[98] Sheets HD, Bush PJ, Bush MA. Patterns of variation and match rates of the anterior biting dentition: characteristics of a database of 3D-scanned dentitions. *J Forensic Sci.* 2013;58(1):60-8.

[99] Shrivakshan GT, Chandrasekar C. A comparison of various edge detection techniques used in image processing. IJCSI. 2012;9(5):269.

[100] Sognaes RF, Rawson RD, Gratt BM, Nauyen NB. Computer comparison of bitemark patterns in identical twins. J Am Dent Assoc. 1982;105(3):449-51.

[101] Stalder AF, Kulik G, Sage D, Barbieri L, Hoffman P. A snake-based approach to accurate determination of both contact points and contact angles. Colloids Surf A. 2006;286(1-3):92-103.

[102] Sugihara K. Measures for Performance Evaluation of Genetic Algorithms. En Reserch Triangle Park, North Carolina, USA; 1997. p. 172-5.

[103] Sweet D, Parhar M, Wood RE. Computer-based production of bite mark comparison overlays. J Forensic Sci. 1998;43:1050-5.

[104] Sweet D, Pretty IA. A look at forensic dentistry--Part 2: teeth as weapons of violence--identification of bitemark perpetrators. Br Dent J. 2001;190(8):415-8.

[105] Sweet DJ, Bowers CM. Accuracy of bite mark overlays: a comparison of five common methods to produce exemplars from a suspect's dentition. J Forensic Sci. 1998;43(2):362-7.

[106] Sweet DJ, Lorente JA, Valenzuela A, Lorente M, Villanueva E. PCR-based DNA typing of saliva stains recovered from human skin. J Forensic Sci. 1997;42:447-51.

[107] Tafur Elbaz D, Martín de las Heras S (dir), Bravo Pérez M (dir). Aplicación del programa informático DentalPrint en el análisis de las huellas por mordeduras humanas [Internet]. [Granada, Spain]: Universidad de Granada; 2010. Disponible en: <http://digibug.ugr.es/handle/10481/15394>

[108] Tape TG. Interpreting diagnostic tests [Internet]. [citado 14 de agosto de 2012]. Disponible en: <http://gim.unmc.edu/dxtests/>

[109] Thali MJ, Braun M, Markwalder TH, Brueschweiler W, Zollinger U, Malik NJ, et al. Bite mark documentation and analysis: the forensic 3D/CAD supported photogrammetry approach. *Forensic Sci Int.* 2003;135(2):115-21.

[110] The Innocence Project. Cases where DNA revealed that bite mark analysis led to wrongful arrests and convictions [Internet]. 1992. Disponible en: <http://www.innocenceproject.org>

[111] Torres A, Navarro P, García-Esteve L, Tarragona MJ, Ascaso C, Herreras Z, Gelabert E, Imaz ML, Roca A, Subirà S, Martín-Santos R. Detecting Domestic Violence: Spanish External Validation of the Index of Spouse Abuse. *J Fam Violence.* 2010;25(3):275-86.

[112] Tuceryan M, Li F, Blitzer HL, Parks ET, Platt JA. A Framework for Estimating Probability of a Match in Forensic Bite Mark Identification. *J Forensic Sci.* 2011;56(1):83-9.

[113] Valverde Moreno AJ, Valenzuela Garach A (dir), Martín de las Heras S (dir). Aportación de nuevas tecnologías en tres dimensiones para el análisis de las huellas por mordeduras humanas [Internet]. [Granada, Spain]: Universidad de Granada; 2006. Disponible en: <http://digibug.ugr.es/handle/10481/919>

[114] Van-der-Velden A, Spiessens M, Willems G. Bite Mark Analysis and Comparison Using Image Perception Technology. *J Forensic Odonto Stomatol.* 2006;24(1):14-7.

[115] Webster G. A suggested classification of bite marks in foodstuffs in forensic dental analysis. *Forensic Sci Int.* 1982;20(1):45-52.

[116] West MH, Hayne S, Barsley RE. Uniqueness of wound patterns. *Am Soc Forensic Odontol Newsl.* 1992;4:6-7.

[117] Whittaker DK. Some laboratory studies on the accuracy of bite mark comparison. *Int Dent J.* 1975;25(3):166-71.

[118] Xu C, Prince JL. Snakes, Shapes, and Gradient Vector Flow. IEEE Trans Image Process. 1998;7(3):359-69.

[119] Yang L, Wu X, Zhao D, Li H, Zhai J. An improved Prewitt algorithm for edge detection based on noised image. En Shanghai, China; 2011. p. 1197-200.

[120] Zhang Z, Monteiro-Riviere NA. Comparison of integrins in human skin, pigskin, and perfused skin: an in vitro skin toxicology model. J Appl Toxicol. 1997;17(4):247-53.

[121] Ziou D, Tabbone S. Edge Detection Techniques – An Overview. International Journal of Pattern Recognition and Image Analysis. 1998;8:537-59.

8. Anexos

8.1. Información exportada desde BitePrint®

Una vez el usuario tiene toda la información de una dentadura en BitePrint, esos datos se exportan a un fichero .txt en el que constan:

- Imagen original: localización y nombre del fichero.
- Sistema de coordenadas: tamaño del eje X y del eje Y en píxeles.
- Datos sobre la arcada dental: centro (coordenadas x e y) y radio (tamaño en milímetros).
- Punto central de la arcada: coordenadas x e y del punto marcado por el usuario.
- Dientes: lista de dientes y, para cada uno, los datos correspondientes a:
 - o Distancia a la arcada en milímetros.
 - o Excentricidad.
 - o Posición angular.
 - o Rotación.
 - o Tamaño del eje mayor en milímetros.
 - o Etiqueta: número del diente según su posición y según el Sistema Internacional de Numeración.
- Distancia intercanina en milímetros: si había dos caninos marcados en la imagen.

8.2. Bases de datos para validación

Los valores exactos que asignamos a cada parámetro dentro de las bases de datos para validación fueron los siguientes:

- Tabla Pacientes:
 - REF: es un valor entero que va desde 1 hasta el número total de pacientes introducidos en la tabla. Se asigna automáticamente por orden, según se introduce el paciente en la base de datos.
 - Edad: es un valor entero comprendido entre 0 y 120.
 - Sexo: es un entero dicotómico. Su valor será 1 si el paciente es varón o 2 si es mujer.
 - Culpable: es un entero dicotómico cuyo valor es 0 si ese paciente no es culpable y 1 si sí lo es.

- Tabla Arcadas:
 - Id: es un valor entero que va desde 1 hasta el número total de arcadas introducidas en la base de datos. Se asigna por orden de introducción de las mismas en la base de datos. Se repite sólo en aquellas arcadas que, aunque cambie el observador, se refieren a la misma fotografía/modelo dental.
 - REF: es un entero que va desde 1 hasta el número de pacientes introducidos en la tabla Pacientes.
 - Arcada: es un entero dicotómico, cuyo valor será 1 si es la arcada superior o 2 si es la arcada inferior.
 - Tipo: entero dicotómico cuyo valor será 1 si proviene de una fotografía o 2 si es de un modelo.
 - Radio: su valor es de tipo real, siempre mayor que 0.

- Distancia intercanina: es un valor real, siempre mayor que 0. No siempre está presente para todas las arcadas, sólo en aquellas en las que estén identificados los dos caninos.
 - Observador: es un entero que indica qué experto ha extraído los parámetros de esta arcada con Biteprint®. Como tenemos dos expertos que se han encargado de extraer esos datos, este parámetro puede valor 1 o 2, según sea un experto o el otro.
 - Matching: indica, si lo hay, cuál es el identificador de la arcada culpable de haber producido la mordedura que se observa en una fotografía, o el identificador de la arcada visible en una fotografía en la que esa dentadura ha producido la mordedura en el caso de los modelos dentales. 0 indica inocente (esa arcada no ha producido ninguna mordedura), mientras que un número distinto de 0 indica la arcada culpable.
- Tabla Dientes:
- Id: es un entero que va desde 1 hasta el número total de dientes introducidos en la tabla. Se asigna por orden, según se introducen los dientes en la misma. Se repite sólo en aquellos dientes que, aunque cambie el observador, son el mismo.
 - REF: es un entero que va desde 1 hasta el número de pacientes introducidos en la base de datos.
 - POSI: su valor será uno de los números enteros correspondientes a la identificación de un diente según el Sistema Internacional de Numeración.
 - Distancia a la arcada: es un valor real. Si vale 0, el centro del diente está sobre la arcada, si es un número positivo está desplazado hacia región vestibular y negativo hacia región lingual.

- Excentricidad: es un valor real positivo.
- Posición angular: es un valor real que va desde -90° hasta $+90^\circ$. Su valor positivo o negativo indica la hemiarcada (derecha o izquierda, respectivamente) en la que se encuentra el diente [Figura 53], pero para el estudio estadístico se ha considerado este dato en valor absoluto, ya que la posición izquierda o derecha del diente viene dada realmente por el parámetro POSI.

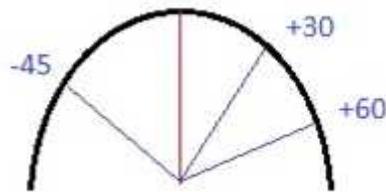


Figura 53. Imagen explicativa sobre el significado del signo de la posición angular.

- Rotación: es un valor real. Las rotaciones positivas indican un giro distovestibular del diente, mientras que las rotaciones negativas indican un giro distopalatino [Figuras 54 y 55].

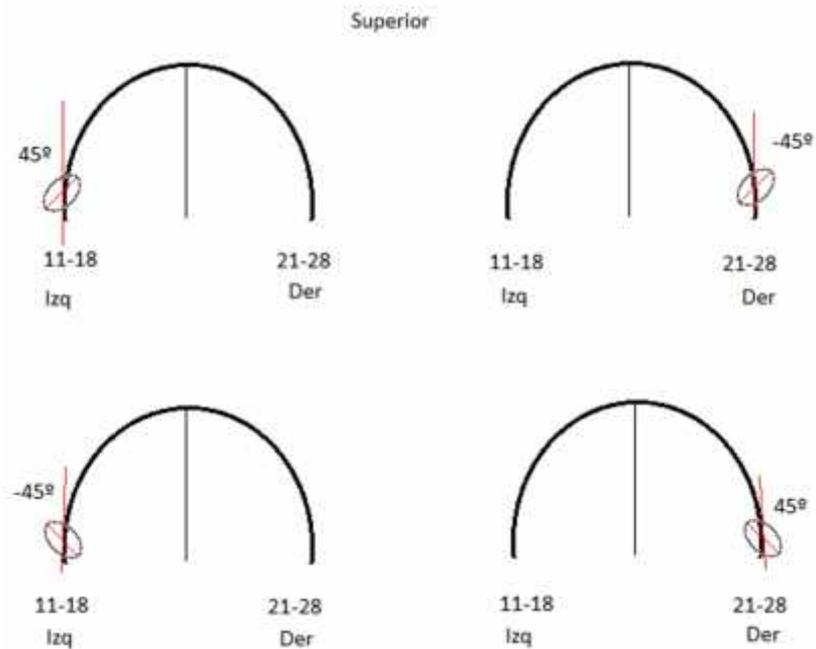


Figura 54. Imagen explicativa del significado de los valores de rotación en la arcada superior.

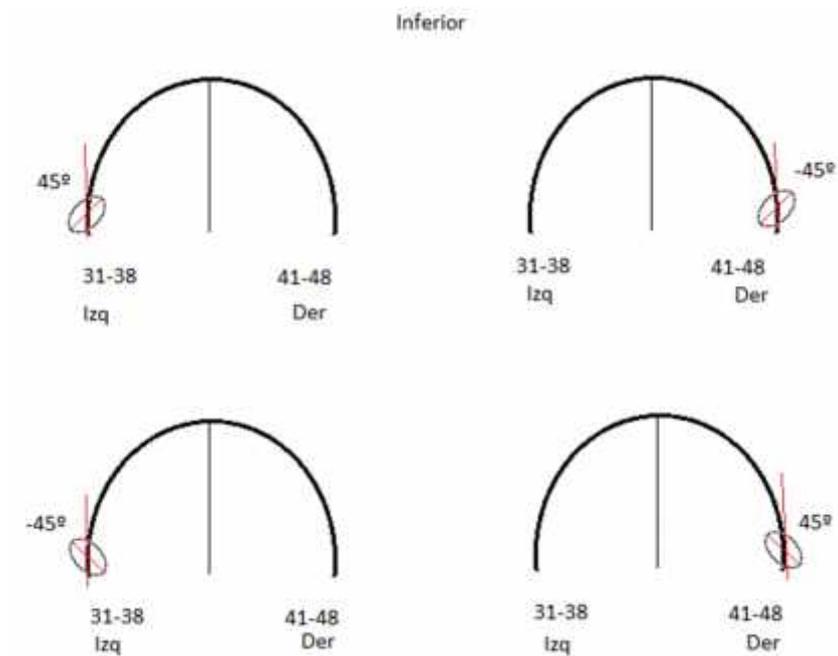


Figura 55. Imagen explicativa del significado de los valores de rotación en la arcada inferior.

- Tamaño de eje mayor: es un valor real positivo y mayor que 0.
- Arcada: es un entero dicotómico. Vale 1 si es la arcada superior y 2 si es la inferior.
- Tipo: es un entero dicotómico que puede valer 1 si el diente se ha extraído desde una fotografía y 2 si es de un modelo.
- Observador: entero dicotómico que vale 1 o 2, según cuál de nuestros dos expertos haya extraído los datos.

