

UT-T00043-SS1

DOV. 7013

xx (208630.1)



CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS
DEL INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

Laboratorio de Tecnologías de Información

**Metodología computacional para la
segmentación de ultrasonografías de mama
basada en la red neuronal pulso acoplada.**

Tesis que presenta:

Eduardo Aceves Adán

Para obtener el grado de:

**Maestro en Ciencias
en Computación**

Director de la Tesis:
Dr. Wilfrido Gómez Flores

Cd. Victoria, Tamaulipas, México.

Agosto, 2012

**CINVESTAV
IPN
ADQUISICION
LIBROS**

CLASIF.. UT-00043
ADQUIS.. UT-T00043-SSI
FECHA: 05-06-2013
PROCED.. DEN. 2013
\$

ID: 208577-1001

© Derechos reservados por
Eduardo Aceves Adán
2012

Esta investigación fue parcialmente financiada mediante el proyecto No. 50689 del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

This research was partially funded by project number 50689 from National Council of Science and Technology (CONACyT).

La tesis presentada por Eduardo Aceves Adán fue aprobada por:

Dr. César Torres Huitzil

Dr. Gregorio Toscano Pulido

Dr. Wilfrido Gómez Flores, Director

Cd. Victoria, Tamaulipas, México., 14 de Septiembre de 2012.

"Nunca consideres el estudio como una obligación, si no como una oportunidad para penetrar en el bello y maravilloso mundo del saber"

Albert Einstein.

Agradecimientos

A mi padre, por enseñarme a andar este sendero tan difícil de la vida mediante su constante impulso que siempre vigilante guió mis pasos para no dejarme caer y perderme en la oscuridad. Por compartir su sabiduría, por darme su amor incondicional y por ser un ejemplo digno de seguir. Esta tesis es el resultado de lo que me has enseñado, ya que siempre has sido una persona dedicada y entregada a su trabajo, una persona que siempre ha podido salir adelante y ser un triunfador.

A mi madre, por el gran amor y la devoción brindada, por el apoyo ilimitado e incondicional que siempre me has dado, por ser la mujer que me dio la vida y me enseñó a vivirla correctamente formándome como un hombre de bien. No hay palabras en este mundo para agradecerte, mamá.

A mis hermanos, que han sido el motor que mueve mis deseos para lograr mis propósitos, por todos los momentos que hemos vivido juntos, por su ayuda constante y fortaleza.

Al gran amor de mi vida, a ella especialmente le dedico esta tesis. Gracias, por ser mi fuente de motivación principal, por tu amor, comprensión, paciencia y fortaleza, por ser tal y como eres. Gracias por llenar mi alma con tu esencia y darme la paz que me permite dar el máximo de mí. Nunca te podré estar suficientemente agradecido. Te amo S.S.R.

A mi asesor, el Dr. Wilfrido Gómez Flores, por haberme guiado durante el desarrollo de esta tesis. Gracias por contribuir en mi formación académica y fortalecer mi carácter mediante sus conocimientos y ardua disciplina. Gracias por todo amigo mío.

A mis sinodales, el Dr. Gregorio Toscano Pulido por sus conocimientos brindados y por las observaciones realizadas que enriquecieron esta tesis. Gracias al Dr. César Torres Huitzil por el apoyo y conocimientos brindados a lo largo de mi formación académica.

Agradezco al Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV) unidad Tamaulipas por la oportunidad brindada para realizar mis estudios de maestría, así como al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico recibido para el desarrollo de este trabajo de investigación.

Índice General

Índice General	I
Índice de Figuras	v
Índice de Tablas	vii
Índice de Algoritmos	ix
Publicaciones	xi
Resumen	xiii
Abstract	xv
1. Introducción	1
1.1. Antecedentes	1
1.2. Planteamiento del problema	7
1.2.1. Problema de segmentación	7
1.2.2. Problema de minimización del error de segmentación	7
1.3. Motivación	8
1.4. Hipótesis	8
1.5. Objetivos	9
1.5.1. Objetivo general	9
1.5.2. Objetivos específicos	9
1.6. Organización del documento	9
2. Estado del arte	11
2.1. Métodos de segmentación basados en bordes	12
2.2. Métodos de segmentación basados en regiones	13
2.2.1. Basados en el histograma	13
2.2.2. Basados en contornos activos	14
2.2.3. Basados en el crecimiento de regiones	16
2.2.4. Basados en la transformada <i>watershed</i>	20
2.2.5. Basados en la Red Neuronal Pulso Acoplada	23
3. Metodología	27
3.1. Introducción	27
3.2. Banco de imágenes	28
3.2.1. Imágenes reales	28
3.2.2. Imágenes simuladas	30

3.2.2.1.	Generación del mapa de tejido mamario	30
3.2.2.2.	Simulación del proceso físico de adquisición	31
3.3.	Método de segmentación propuesto	33
3.3.1.	Etapa de preprocesamiento	33
3.3.1.1.	Mejoramiento de contraste	34
3.3.1.2.	Filtrado del artefacto <i>speckle</i>	36
3.3.1.3.	Enfatización de la lesión	39
3.3.2.	Etapa de segmentación	41
3.3.2.1.	Red Neuronal Pulso Acoplada	43
3.3.2.2.	Modelo Cortical de Intersección	45
3.3.2.3.	Primer Modelo Simplificado de PCNN	46
3.3.2.4.	Segundo Modelo Simplificado de PCNN	47
3.3.3.	Etapa de sintonización de parámetros	49
3.3.3.1.	Evolución diferencial	49
3.3.4.	Algoritmo de segmentación evolutivo basado en PCNN	52
3.3.4.1.	Función objetivo	52
3.3.4.2.	Mapa de aptitud	53
3.3.4.3.	Algoritmo de segmentación propuesto	54
4.	Experimentación y resultados	57
4.1.	Evaluación de desempeño	58
4.2.	Experimentos realizados	59
4.3.	Análisis estadístico	60
4.3.1.	Prueba de <i>Shapiro-Wilk</i>	60
4.3.2.	Prueba de <i>Kruskal-Wallis</i>	61
4.3.3.	Análisis de exactitud.	62
4.3.3.1.	Gráficas de caja: Imágenes reales	63
4.3.3.2.	Gráficas de caja: Imágenes simuladas	64
4.3.3.3.	Análisis multicomparativo por pares	71
4.3.4.	Análisis de convergencia	73
4.3.4.1.	Gráficas de caja: Imágenes reales	73
4.3.4.2.	Gráficas de caja: Imágenes simuladas	76
4.3.4.3.	Análisis multicomparativo por pares	79
4.3.5.	Análisis " <i>winner takes all</i> "	80
4.3.5.1.	Análisis intra-modelo cortical	80
4.3.5.2.	Análisis inter-modelo cortical	84
4.3.6.	Comparación en contra de métodos basados en función de restricción Gaussiana	86
5.	Conclusiones y trabajo futuro	91
	Apéndices	96

A. Tablas de multicomparación por pares: Exactitud.	99
A.1. Imágenes reales: Exactitud.	100
A.2. Imágenes simuladas: Exactitud.	105
B. Tablas de multicomparación por pares: Convergencia.	109
B.1. Imágenes reales: Número de generaciones.	110
B.2. Imágenes simuladas: Número de generaciones.	114
C. Tablas de probabilidad de valores atípicos.	119
C.1. Imágenes reales: Valores Atípicos.	120
C.2. Imágenes simuladas: Valores Atípicos.	121
Bibliografía	123

Índice de Figuras

1.1. Diferencia gráfica entre mamografía y ultrasonido.	4
1.2. Características morfológicas y sonográficas de lesiones malignas y benignas.	5
1.3. Apariencia sonográfica de lesiones mamarias.	5
2.1. Ejemplo de los enfoques de segmentación.	12
2.2. Visualización topológica de una imagen de US.	20
3.1. Metodología general del método de segmentación propuesto.	28
3.2. Principales pantallas de <i>Radio Marker v1.0</i>	29
3.3. Resultados obtenidos de <i>Radio Marker v1.0</i>	29
3.4. Patrones binarios simulados	30
3.5. Mapa de tejido mamario femenino.	31
3.6. Proceso físico de simulación de imágenes de US	32
3.7. Ejemplo de imágenes simuladas de US de mama.	32
3.8. Resultados de la implementación del algoritmo CLAHE.	35
3.9. Banco de de filtros de Gabor.	38
3.10. Resultados de filtro FDAG.	39
3.11. Proceso de enfatización de la lesión.	41
3.12. Modelo neuronal de Eckhorn.	42
3.13. Matrices de pesos sinápticos.	43
3.14. Modelo PCNN.	45
3.15. Modelo ICM.	46
3.16. Modelo SPCNN1	47
3.17. Modelo SPCNN2	48
3.18. Resultados de segmentación de cada modelo cortical implementado.	48
3.19. Ejemplo del mapa de aptitud aplicado en imágenes US	54
4.1. Conjunto de métricas del error del área	58
4.2. Gráfica de caja	63
4.3. Gráficas de caja de imágenes reales: exactitud ICM	65
4.4. Gráficas de caja de imágenes reales: exactitud PCNN	65
4.5. Gráficas de caja de imágenes reales: exactitud SPCNN1	66
4.6. Gráficas de caja de imágenes reales: exactitud SPCNN2	66
4.7. Gráficas de caja de imágenes simuladas: exactitud ICM	68
4.8. Gráficas de caja de imágenes simuladas: exactitud PCNN	68
4.9. Gráficas de caja de imágenes simuladas: exactitud SPCNN1	69
4.10. Gráficas de caja de imágenes simuladas: exactitud SPCNN2	69
4.11. Gráficas de caja de imágenes reales: número de generaciones ICM	74
4.12. Gráficas de caja de imágenes reales: número de generaciones PCNN	75

4.13. Gráficas de caja de imágenes reales: número de generaciones SPCNN1	75
4.14. Gráficas de caja de imágenes reales: número de generaciones SPCNN2	76
4.15. Gráficas de caja de imágenes simuladas: número de generaciones ICM	77
4.16. Gráficas de caja de imágenes simuladas: número de generaciones PCNN	78
4.17. Gráficas de caja de imágenes simuladas: número de generaciones SPCNN1	78
4.18. Gráficas de caja de imágenes simuladas: número de generaciones SPCNN2	79
4.19. Gráficas de barra del sistema de votos para las imágenes reales	82
4.20. Gráficas de barra del sistema de votos para las imágenes simuladas.	83
4.21. Comparativa de segmentación entre los métodos de segmentación.	87
4.22. Comparativo de exactitud entre métodos de segmentación	87

Índice de Tablas

1.1. Ventajas y desventajas entre mastografía y ultrasonido.	3
1.2. Diferencias morfológicas y sonográficas entre lesiones benignas y malignas.	4
3.1. Número de parámetros a sintonizar de cada modelo cortical desarrollado.	49
4.1. Variantes de evolución diferencial.	57
4.2. Prueba estadística de <i>Kruskal-Wallis</i> para exactitud.	62
4.3. Análisis de las gráficas de caja de las imágenes reales.	67
4.4. Análisis de las gráficas de caja de las imágenes simuladas.	70
4.5. Ejemplo de la tabla de análisis multicomparativo de exactitud: ICM	72
4.6. Prueba estadística de <i>Kruskal-Wallis</i> para número de generaciones	73
4.7. Ejemplo de la tabla de análisis multicomparativo del número de generaciones: ICM	80
4.8. Ejemplo de la tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento A.	81
4.9. Ganadores del sistema de votos	81
4.10. Resultados la prueba U de Mann-Whitney para imágenes reales.	84
4.11. Resultados la prueba U de Mann-Whitney para imágenes simuladas.	85
4.12. Mediana de exactitud y porcentaje de valores atípicos de cada algoritmo ganador.	85
4.13. Resultados del análisis multicomparativo entre métodos de función Gaussiana.	88
4.14. Análisis comparativo de valores atípicos.	88
A.1. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes reales: ICM	101
A.2. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes reales: PCNN	102
A.3. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes reales: SPCNN1	103
A.4. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes reales: SPCNN2	104
A.5. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes simuladas: ICM	105
A.6. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes simuladas: PCNN	106
A.7. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes simuladas: SPCNN1	107
A.8. Análisis multicomparativo de exactitud para imágenes simuladas: SPCNN2	108
B.1. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes reales: ICM	110
B.2. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes reales: PCNN	111
B.3. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes reales: SPCNN1	112
B.4. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes reales: SPCNN2	113
B.5. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes simuladas: ICM	114
B.6. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes simuladas: PCNN	115
B.7. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes simuladas: SPCNN1	116
B.8. Análisis multicomparativo de convergencia para imágenes simuladas: SPCNN2	117
C.1. Tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento A.	120
C.2. Tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento B.	121

Índice de Algoritmos

1.	Algoritmo CLAHE	35
2.	Filtro FDA Gabor	39
3.	Algoritmo evolutivo de segmentación basado en modelos corticales	55

Publicaciones

- A. Aceves, W. Gómez, "Breast ultrasound segmentation using evolutionary pulse-coupled neural networks" XXIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CBEB).
1 al 5 de Octubre de 2012, Pernambuco, Brasil.
- A. Aceves, W. Gómez, "Evolutive pulse-coupled neural networks for breast ultrasound segmentation" IEEE Nuclear Science Symposium, Medical Imaging Conference (NSS/MIC).
29 de Octubre al 3 de Noviembre de 2012, Anaheim, California, EUA.

Metodología computacional para la segmentación de ultrasonografías de mama basada en la red neuronal pulso acoplada.

por

Eduardo Aceves Adán

Laboratorio de Tecnologías de Información

Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, 2012

Dr. Wilfrido Gómez Flores, Director

El ultrasonido de mama se ha posicionado como la técnica coadyuvante más importante a la mastografía para pacientes con masas palpables y mamogramas no conclusivos. El estudio de ultrasonografías se realiza de manera visual por radiólogos, cuyas observaciones se basan en la morfología y textura de los tumores. La exactitud del diagnóstico de una lesión depende del entrenamiento y experiencia del especialista. Sin embargo, debido al gran traslape en las características de las lesiones benignas y malignas existe una gran variabilidad inter e intra-observador que puede derivar en la realización de una biopsia innecesaria o un mal manejo del paciente. Con el objetivo de tener diagnósticos más consistentes se han desarrollado sistemas de diagnóstico asistido por computadora (CAD, por sus siglas en inglés) los cuales proveen a los radiólogos "una segunda opinión" para el análisis de las imágenes por medio de algoritmos computacionales. Una etapa crucial en el desarrollo de un sistema CAD es la segmentación, la cual debe de ser capaz de delinear el contorno de la lesión con exactitud para extraer características de textura y morfológicas, las cuales servirán en una etapa posterior de clasificación para determinar si la lesión es benigna o maligna.

Sin embargo, debido a las características sonográficas de las imágenes de ultrasonido, tales como el artefacto *speckle*, la iluminación heterogénea y el bajo contraste, el proceso de segmentación es una tarea difícil. Actualmente, una tendencia dentro del campo de imágenes médicas es aplicar paradigmas de inteligencia computacional, como las redes neuronales artificiales o computación evolutiva. Estos paradigmas bio-inspirados poseen la capacidad de adaptación para resolver problemas complejos del mundo real.

Los modelos corticales, como la red neuronal pulso acoplada (PCNN), han sido aplicados de manera exitosa en la segmentación de imágenes. Sin embargo, el desempeño de estos modelos depende fuertemente de la sintonización de sus parámetros. Este problema puede ser visto desde un enfoque de optimización que puede ser tratado con algoritmos evolutivos como la evolución diferencial (ED). Por tanto, el objetivo principal de este trabajo de investigación es desarrollar un nuevo algoritmo de segmentación para imágenes de ultrasonido basado en la PCNN, cuyos parámetros sean sintonizados mediante ED.

Breast ultrasound segmentation using evolutionary pulse-coupled neural networks

by

Eduardo Aceves Adán

Information Technology Laboratory

Center for Research and Advanced Studies of the National Polytechnic Institute, 2012

Dr. Wilfrido Gómez Flores, Advisor

Breast ultrasound (BUS) is the most important adjunct to mammography for patients with palpable masses and inconclusive mammograms. BUS analysis is performed visually by radiologists, which observations are based on tumor's morphology and texture. Hence, their diagnosis depends on the expertise and training that could lead to large variations inter-/intra-observer. To overcome this problem, computer-aided diagnosis (CAD) systems have been emerged as *second observer* for analyzing BUS images using computational algorithms. BUS segmentation is a fundamental stage in the construction of CAD systems, whereby the lesion is separated from the background and other tissues. Then, from the segmented lesion morphological and textural features are extracted to classify it as benign or carcinoma.

BUS segmentation is a difficult task, due to speckle artifact, low contrast, and blurry boundaries. Currently, the design and tuning of segmentation algorithms is still a rather lengthy process, which goes through empirical trial-and-error stages, and whose effectiveness is mostly based on the skills and experience of the designer. The current tendency within medical images field is to apply paradigms of *computational intelligence* such as artificial neural networks and evolutionary computation. The cortical models, as the pulse-coupled neural network, have been applied efficiently to image segmentation. However, the performance of these models depends strongly on their parameter tuning. This problem could be viewed as an optimization problem, which could be deal with evolutionary algorithms such as differential evolution (DE). Therefore, the aim of this study is to propose a new BUS segmentation algorithm based on PCNN, where parameters are tuned dynamically by DE.

1

Introducción

1.1 Antecedentes

El cáncer de mama es una enfermedad que se caracteriza por el crecimiento anormal de las células que componen los tejidos de la mama. Esta neoplasia maligna aparece cuando una célula acumula varias mutaciones, generalmente durante varios años, escapando de los procesos de control de proliferación y muerte celular [29].

Las últimas estimaciones estadísticas de GLOBOCAN [27], realizadas en el año 2008, indican que el cáncer de mama es la neoplasia maligna más frecuente entre la población femenina actual y la de mayor mortalidad en países desarrollados. Esta patología representa el 22.9% de todos los carcinomas que padece la mujer, figurando más de 1,384,000 nuevos casos cada año, lo que corresponde a una tasa ajustada por edad (ASR, por sus siglas en inglés) de 39 por cada 100,000 mujeres. Con respecto a la mortalidad, en 2008 se registraron aproximadamente 458,503 muertes por cáncer de mama alrededor del mundo, lo que corresponde a una ASR de 12.5 por cada 100,000 mujeres [27]. En México, con una población un poco mayor de 100 millones de habitantes, el cáncer de mama es hoy en día uno de los desafíos más importantes para la salud de la mujer adulta. A partir del año

2006, el riesgo de morir por cáncer de mama excedió al cáncer cervicouterino, convirtiéndose en la primera causa de muerte en mujeres con edades entre 30 a 54 años y se estima que para el año 2020 habrá un incremento cercano a 16,500 casos anuales [48].

Una célula cancerosa de mama generalmente se duplica entre un lapso de 100 y 300 días. Una lesión maligna de mama de 1 centímetro realiza cerca de 30 duplicaciones antes de alcanzar ese tamaño, por lo que este cáncer tiene como mínimo una evolución de 7 años. Esta simple estimación sugiere la utilidad de la detección temprana con métodos capaces de visualizar alteraciones de tamaño menor a un centímetro [8]. Por tanto, la mortalidad por cáncer de mama puede reducirse por medio de la evaluación periódica del paciente.

La autoexploración es una técnica de detección de anomalías mamarias basada en la observación y palpación que se hace la mujer con sus propias manos. El Instituto Nacional de Cancerología (INCan) sugiere la autoexploración de la glándula mamaria de forma mensual a todas las mujeres mayores de 20 años [8]. Se ha demostrado que el 90% de los casos de cáncer de mama en México son detectados gracias a la autoexploración [8]. Sin embargo, en muchos casos esta técnica no detecta lesiones pequeñas, por lo que se recomienda realizar estudios de imagenología médica.

La mamografía o mastografía (rayos-X) es actualmente la técnica más utilizada en la clínica para la detección de anomalías mamarias. La realización de mamogramas periódicos, especialmente en mujeres mayores a 40 años de edad auxilia en la detección precoz del cáncer, ya que se pueden identificar señales prematuras de malignidad como las microcalcificaciones, las cuales según su tamaño, distribución y morfología pueden indicar el inicio de un proceso canceroso [62, 79]. Sin embargo, la sensibilidad de la mamografía depende de la densidad del tejido mamario (e.g. un tejido que presenta muchos ductos, glándulas, tejido fibroso y menos grasa que podría ocultar una lesión durante un estudio de mamografía). Se ha demostrado que a mayor densidad del tejido mamario se eleva el riesgo de no poder detectar visualmente las lesiones debido a que la apariencia del cáncer en mamogramas tiene un gran traslape con la apariencia de los tejidos normales [59, 7]. Por tanto, existen situaciones donde la mamografía es incapaz de proporcionar indicios suficientes para que un especialista realice el diagnóstico.

En estos casos en particular, el ultrasonido (US) ha emergido como la técnica coadyuvante más

importante a la mamografía y es usado especialmente en pacientes con masas palpables, mamas densas o mamogramas no conclusivos [46]. Esta técnica involucra la exposición de los tejidos a ondas acústicas de alta frecuencia para producir imágenes del interior del organismo; es una técnica de imagenología médica sencilla, no invasiva y debido a que las imágenes por ultrasonido se capturan en tiempo real permiten mostrar información de las estructuras internas del tejido mamario que pueden brindar una ayuda adicional sobre la naturaleza de la lesión.

Sin embargo, tiene la desventaja de ser dependiente del operador, el cual debe tener un amplio conocimiento de los principios físicos del ultrasonido, estar familiarizado con la ecotextura de los tejidos y de la anatomía mamaria. Además, es importante que el especialista sea capaz de reconocer los fenómenos sonográficos que pueden presentarse como confusores (denominados artefactos), para que pueda interpretar adecuadamente los estudios ecográficos y así evitar diagnósticos erróneos y procedimientos innecesarios. Por lo mencionado anteriormente, en la Tabla 1.1 se muestran las principales ventajas y desventajas entre la mastografía y ultrasonografías de mama.

VENTAJAS	DESVENTAJAS
MASTOGRAFÍA	
<ul style="list-style-type: none"> • Técnica básica de diagnóstico. • Identifica tumores en fases iniciales. • Detecta microcalcificaciones menores a 1 mm. 	<ul style="list-style-type: none"> • La sensibilidad depende de la densidad del tejido mamario. • Genera radiaciones ionizantes. • Proceso incómodo y doloroso.
ULTRASONIDO	
<ul style="list-style-type: none"> • Coadyuvante en mastografías no conclusivas. • Útil para diagnosticar masas palpables. • No genera radiaciones ionizantes. • Proceso cómodo e indoloro. • Bajo costo. 	<ul style="list-style-type: none"> • No detecta microcalcificaciones ni tumores en etapas iniciales. • Dependiente del operador.

Tabla 1.1: Ventajas y desventajas entre mastografía y ultrasonido.

En la Figura 1.1 se presenta un claro ejemplo de cómo la densidad del tejido mamario afecta en el diagnóstico médico de una mastografía y cómo el ultrasonido es capaz de detectar lesiones en donde la mastografía falla. Las Figuras 1.1a y 1.1b representan una mamografía frontal y lateral respectivamente de una mujer de 67 años con tejido denso en las cuales el radiólogo no observó ninguna anomalía. Mientras que la Figura 1.1c muestra cómo el US reveló que para la misma mama existe un carcinoma ductal infiltrante [18].

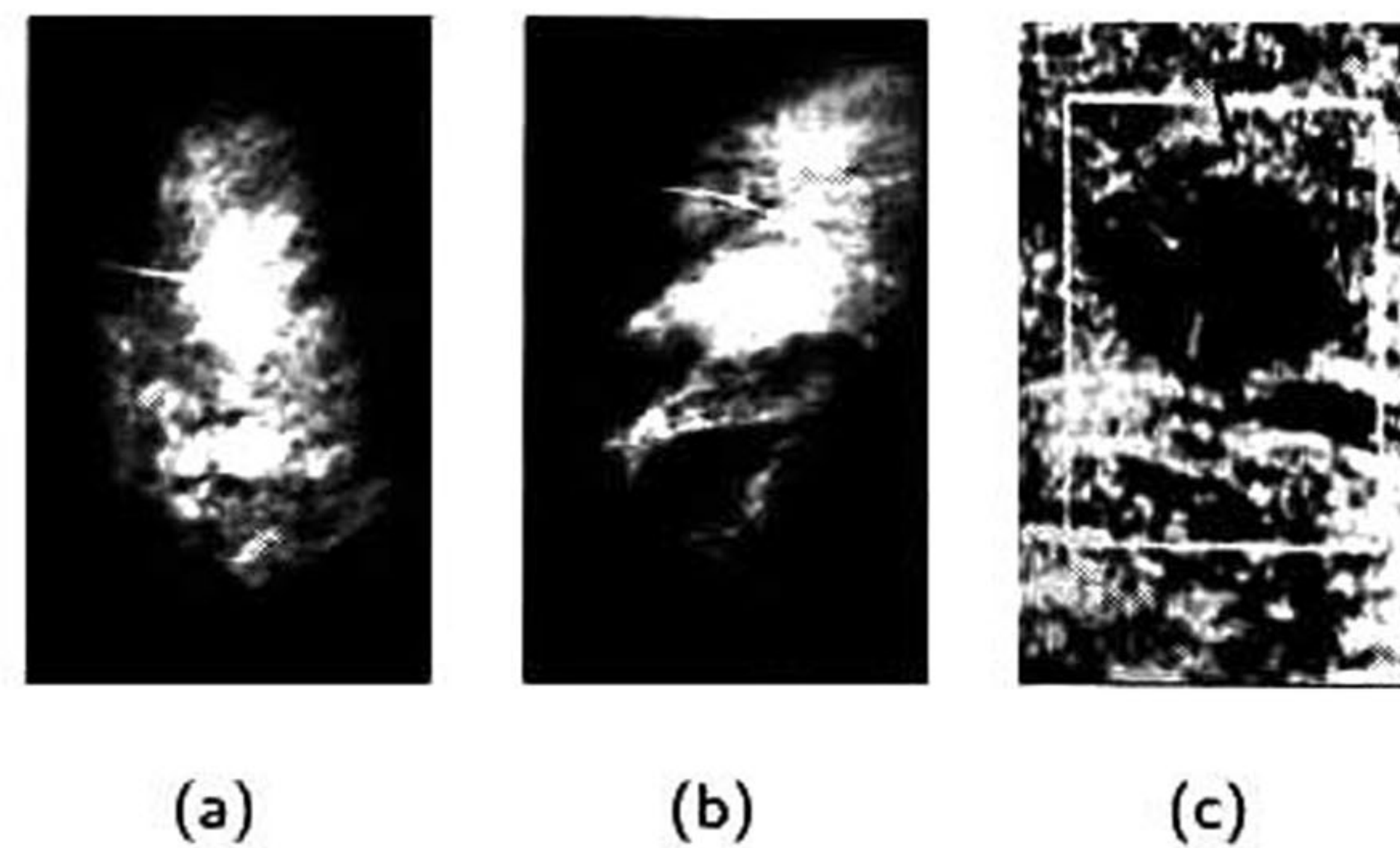


Figura 1.1: Diferencia gráfica entre mamografía y ultrasonido: las imágenes (a) y (b) pertenecen a una mamografía frontal y lateral respectivamente, mientras que (c) es una imagen de ultrasonido correspondiente a la misma mama, donde se observa un carcinoma ductal infiltrante [18].

Por otra parte, se ha demostrado que el diagnóstico por ultrasonografías realizado por un especialista es particularmente útil para distinguir quistes de lesiones sólidas con una exactitud cercana al 100 % [76, 22]. Este tipo de diagnóstico se basa en el análisis de las características morfológicas y de textura de las lesiones de mama mediante las cuales se puede diferenciar una lesión benigna de un carcinoma de acuerdo a la apariencia sonográfica que éstas poseen. En la Tabla 1.2 se presentan las principales características morfológicas, de textura y sonográficas de las lesiones benignas y malignas. En la Figura 1.2 podemos observar algunas de las características descritas en la Tabla 1.2.

LESIONES BENIGNAS	LESIONES MALIGNAS
<ul style="list-style-type: none"> • Contorno regular. • Forma redonda u oval. <ul style="list-style-type: none"> ◦ Lobulaciones suaves. • Orientación horizontal. • Refuerzo posterior acústico. • Textura homogénea. <ul style="list-style-type: none"> ◦ Hipoecoica. 	<ul style="list-style-type: none"> • Contornos irregulares. • Formas irregulares. <ul style="list-style-type: none"> ◦ Márgenes angulares. ◦ Microlubulaciones. ◦ Espiculaciones. • Orientación vertical. • Sombra posterior acústica. • Textura heterogénea.

Tabla 1.2: Diferencias morfológicas y sonográficas entre lesiones benignas y malignas.

En la Figura 1.3, se presentan cuatro imágenes de US de mama que muestran las principales características morfológicas y sonográficas descritas en la Tabla 1.2. A partir de estas características se sabe que la Figura 1.3a pertenece a una lesión benigna, mientras que la Figura 1.3b pertenece a una lesión maligna. Sin embargo, las Figuras 1.3c y 1.3d a pesar de ser una lesión benigna y maligna, respectivamente, presentan características muy parecidas.

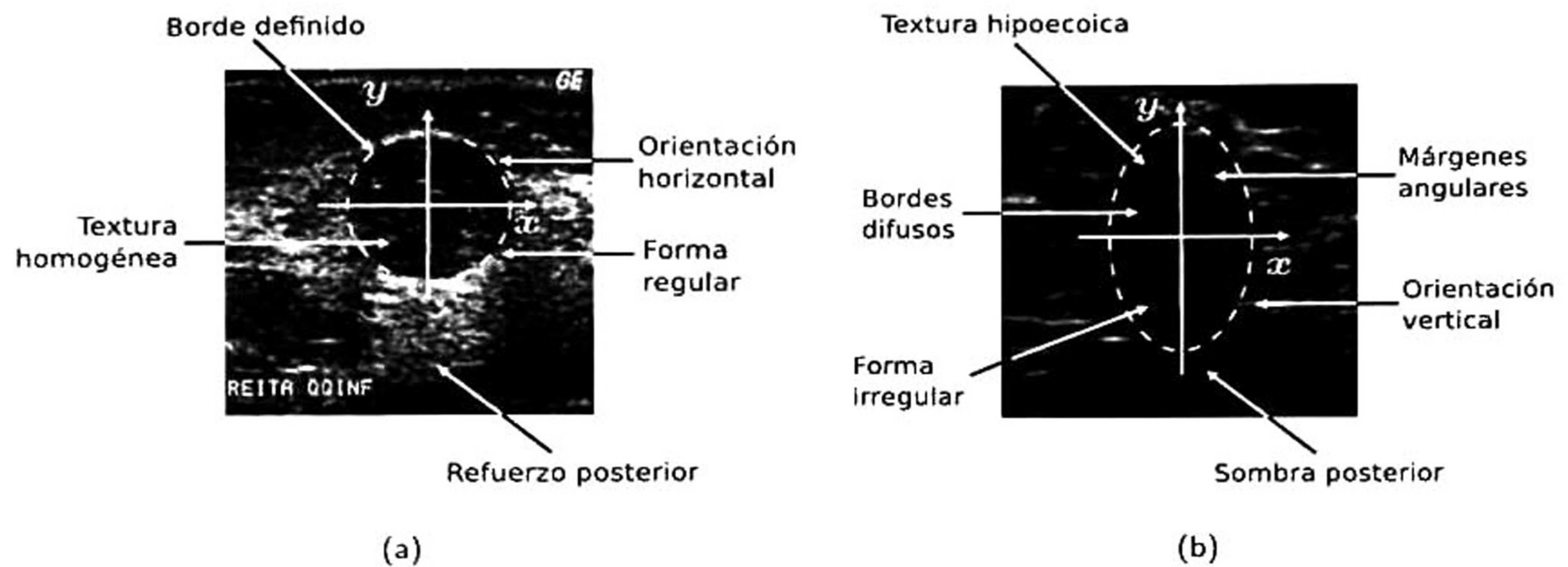


Figura 1.2: Características morfológicas y sonográficas de lesiones (a) benignas y (b) carcinomas.

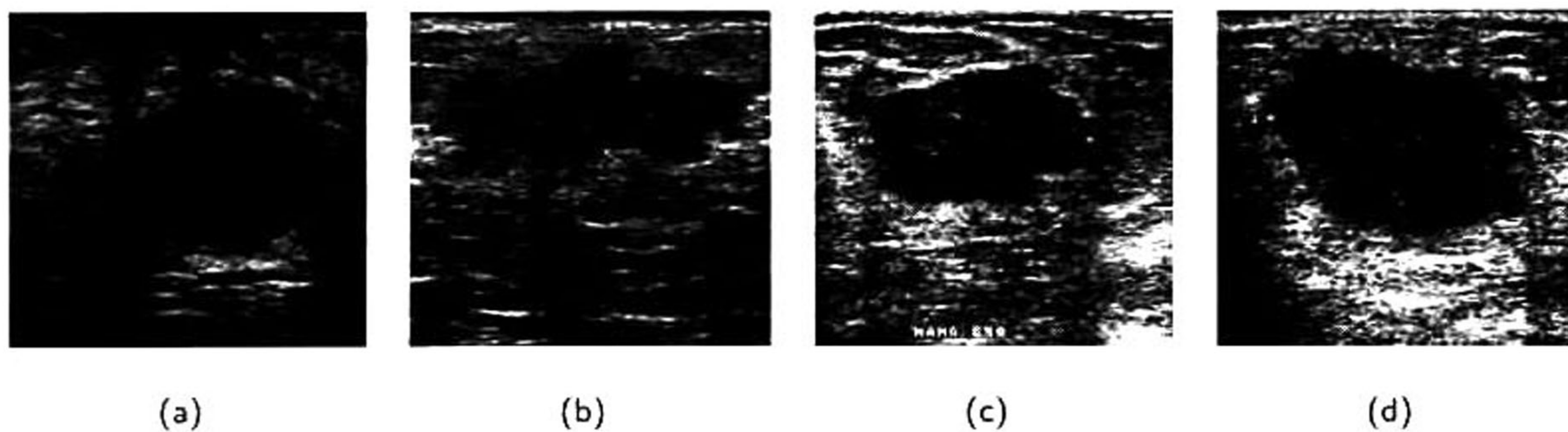


Figura 1.3: Tipos de lesiones: En las imágenes (a) y (c) se muestran dos lesiones benignas, mientras que en las imágenes (b) y (d) se visualizan dos lesiones malignas.

A partir de la información descrita anteriormente los radiólogos pueden emitir un diagnóstico con base en su entrenamiento y experiencia. Sin embargo, existen casos como el mostrado en las Figuras 1.3c y 1.3d, en donde debido al gran traslape en la apariencia sonográfica de las lesiones benignas y malignas existe una gran variabilidad inter e intra-observador al momento de realizar una evaluación médica, que puede derivar en la realización de una biopsia innecesaria o un mal manejo del paciente [9]. Para incrementar la exactitud del diagnóstico médico se han desarrollado sistemas CAD (*Computer-aided diagnosis*) [73, 80, 16], cuyo objetivo es proveer a los radiólogos "una segunda opinión" para el análisis de las imágenes por medio de algoritmos computacionales. De esta forma es posible reducir la tasa de falsos positivos e incrementar la tasa de verdaderos positivos.

Los sistemas CAD generalmente están basados en un paradigma de cinco etapas de acuerdo con el procesamiento digital de imágenes y visión por computadora [75, 38, 17, 52]:

1. Adquisición de la imagen: Consiste en captar la escena a través de transductores y digitalizarla.
2. Preprocesamiento: Aplicar un conjunto de técnicas digitales de mejoramiento y filtrado a la imagen.
3. Segmentación: Aislar los objetos de interés de la imagen.
4. Extracción y selección de atributos: Describir la naturaleza de los objetos de forma numérica y determinar cuáles son los más relevantes.
5. Clasificación: Asignar una clase a cada objeto de la imagen basado en sus atributos.

Una etapa crucial en el desarrollo de un sistema CAD es la segmentación, que para el caso de imágenes US de mama debe ser capaz de delinear el contorno del tumor con exactitud para poder describir de forma adecuada la naturaleza morfológica de las lesiones en la etapa de extracción de atributos. Sin embargo, debido a las características sonográficas de las imágenes de US, tales como el artefacto *speckle*¹, iluminación heterogénea y bajo contraste, el proceso de segmentación se vuelve una tarea difícil.

Debido a lo expuesto anteriormente, este trabajo de tesis se enfoca en el desarrollo de una nueva metodología para la segmentación de lesiones de mama en imágenes de US basada en modelos corticales como la red neuronal pulso acoplada (PCNN) y sus variantes, que han sido aplicadas de manera exitosa en la segmentación de imágenes en otros campos de investigación [56]. Sin embargo, han sido poco explorados para resolver el problema de segmentación en imágenes de US debido a que el desempeño de estos modelos depende fuertemente de la sintonización de sus parámetros. Por tanto, el objetivo principal de este trabajo de investigación es proponer un nuevo algoritmo de

¹ *Speckle* es el término utilizado para describir el patrón granular inherente en las imágenes de ultrasonido, el cual degrada notablemente la calidad de la imagen aumentando así la dificultad de discriminar detalles finos durante un examen diagnóstico.

segmentación para imágenes de US basado en la PCNN y sus variantes, cuyos parámetros serán sintonizados mediante el algoritmo evolutivo de evolución diferencial (ED).

1.2 Planteamiento del problema

Los métodos de segmentación para imágenes de US disponibles en la literatura generalmente están definidos para lesiones con características particulares. Por ejemplo, pueden resultar muy eficaces para segmentar lesiones de contornos bien definidos y texturas homogéneas. Sin embargo, para los casos en que las lesiones presentan bordes difusos, textura heterogénea o sombra acústica posterior, dichos métodos de segmentación suelen fallar. Por tanto, el reto actual se enfoca en resolver el problema de generalización de los métodos de segmentación mediante el uso de inteligencia computacional como alternativa para resolver este problema.

A partir de lo expuesto anteriormente se plantean dos problemas fundamentales para este trabajo de investigación, el primero derivado del problema de generalización de los métodos de segmentación para lesiones de mama en imágenes de US y el segundo planteado como un problema de minimización del error de segmentación.

1.2.1 Problema de segmentación

Sea R la región total ocupada por una imagen de ultrasonido de mama que contiene una lesión. El problema de segmentación consiste en dividir R en dos subregiones conexas, R_1 y R_2 , correspondientes al fondo y lesión, respectivamente, tal que $R_1 \cup R_2 = R$ y $R_1 \cap R_2 = \emptyset$.

1.2.2 Problema de minimización del error de segmentación

Sea R_c el resultado obtenido por un método de segmentación computacional y R_r la referencia o resultado deseado. El problema de minimización del error de segmentación consiste en disminuir la discrepancia entre R_c y R_r .

1.3 Motivación

Como se mencionó anteriormente, en la literatura se han propuesto diversos métodos para la segmentación de lesiones de mama en imágenes de ultrasonido. Sin embargo, a pesar de que dichos métodos han sido exitosos para segmentar lesiones con características específicas, en algunos casos no son capaces de generalizar para una gran gama de lesiones con características sonográficas muy variantes entre sí. Para solucionar este problema, la comunidad científica ha puesto especial atención en el desarrollo de métodos de inteligencia computacional capaces de emular la forma en que los humanos reconocen los objetos. Es por esto que se han desarrollado modelos que emulan la corteza visual (modelos corticales) de los mamíferos a través de dos enfoques principales. Primero, emulando directamente una porción del cerebro en donde se cree existe un procesador de imágenes eficiente. Segundo, validando los algoritmos desarrollados mediante un fundamento matemático [56].

Es por lo anterior que se abre un nicho de oportunidad para explorar los modelos corticales, como la PCNN, como una alternativa para la segmentación de lesiones de mama en imágenes de US. Actualmente, la PCNN no ha sido aplicada de forma sistemática en el diseño de métodos de segmentación para imágenes de US. Hasta el momento se tiene conocimiento de dos trabajos que relacionan las imágenes de US de mama con este tipo de red neuronal [42, 74].

Otro motivo que impulsó a la realización de esta tesis es su potencial aplicación como parte del desarrollo de un sistema CAD que ayude en un futuro a los radiólogos en la toma de decisiones al momento de realizar un diagnóstico. De esta manera se podrá reducir la subjetividad y evitar así el daño emocional y psicológico que se lleva un paciente al momento de recibir un mal diagnóstico y consecuentemente una biopsia innecesaria.

1.4 Hipótesis

A partir de lo expuesto anteriormente se deriva nuestra hipótesis de investigación que deberá ser validada o rechazada al final de este trabajo:

"Es posible sintonizar los parámetros de una red neuronal pulso acoplada y sus variantes mediante el uso de un algoritmo evolutivo de evolución diferencial para lograr la segmentación de las lesiones de mama en ultrasonografías, de modo que los resultados obtenidos superen el 90 % de exactitud"

1.5 Objetivos

El objetivo general y específicos a cumplir en este trabajo de tesis son los siguientes:

1.5.1 Objetivo general

Desarrollar e implementar una metodología computacional para la segmentación de lesiones de mama en imágenes de ultrasonido basada en la red neuronal pulso acoplada, la cual presente un desempeño mayor al 90 % de exactitud.

1.5.2 Objetivos específicos

- Contribuir al estado del arte con una metodología computacional para la segmentación de lesiones de mama en imágenes de ultrasonido que pueda ser potencialmente utilizada como parte de un sistema CAD.
- Contribuir al estado del arte con un estudio que abarque los aspectos necesarios para realizar la optimización de los distintos parámetros utilizados en la PCNN y sus variantes, para segmentar lesiones de mama en imágenes de US.
- Validar y publicar los resultados obtenidos durante este trabajo de tesis.

1.6 Organización del documento

El resto del documento está organizado de la siguiente manera. En el Capítulo 2 se muestra el estado del arte que describe los distintos métodos de segmentación utilizados para segmentar lesiones de mama en imágenes de US. En el Capítulo 3 se presenta la metodología utilizada para el

desarrollo del algoritmo de segmentación propuesto. Posteriormente, en el Capítulo 4 se describe la experimentación desarrollada y los resultados obtenidos. Finalmente, en el Capítulo 5, conforme a los resultados obtenidos se muestran las conclusiones del presente trabajo de investigación y el trabajo futuro a realizar.

2

Estado del arte

La segmentación de imágenes es una área de investigación relevante en visión por computadora. En las últimas décadas cientos de algoritmos han sido propuestos tratando de resolver este problema por medio de diferentes técnicas [13]. En la actualidad dichos métodos de segmentación propuestos se han agrupado en dos grandes enfoques: los basados en bordes y basados en regiones. Los métodos basados en bordes tratan de delinear el contorno del objeto de interés a partir de los límites que se producen entre regiones con niveles de intensidad diferentes. Por otro lado, los métodos basados en regiones tratan de agrupar los píxeles de una región de acuerdo a un criterio de similitud dado. En la Figura 2.1 se muestra un ejemplo de ambos conceptos aplicados a la Figura 2.1a, en donde 2.1b representa la segmentación basado en bordes, mientras que la Figura 2.1c la basada en regiones.

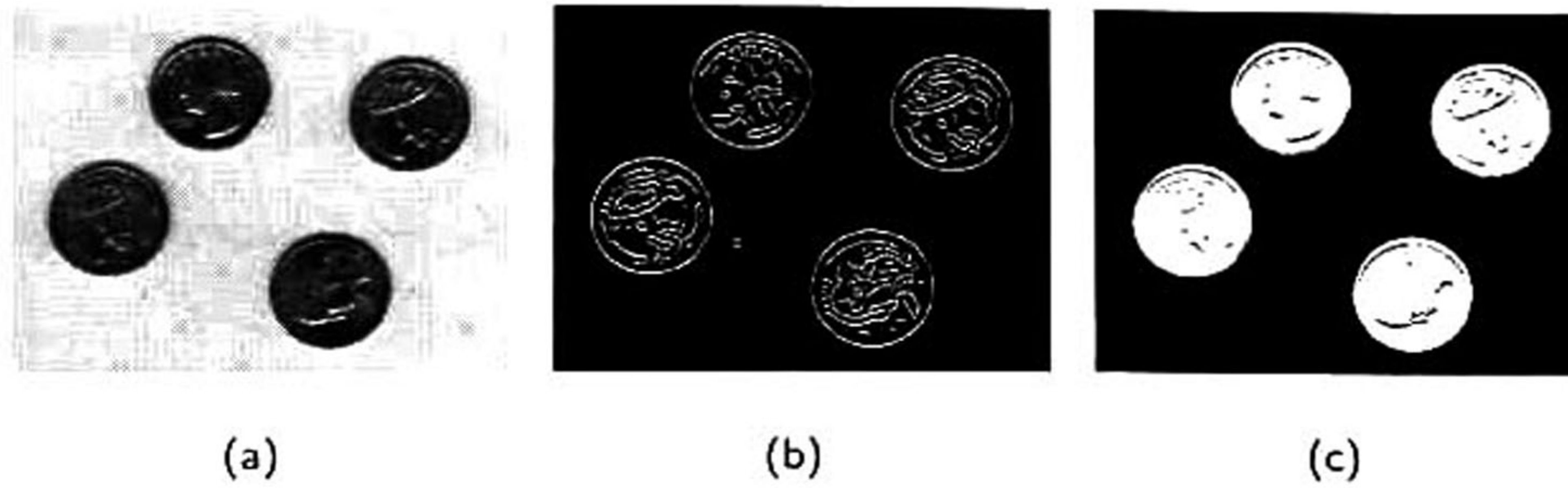


Figura 2.1: Enfoques de segmentación: (a) imagen original, (b) segmentación basada en bordes, (c) segmentación basada en regiones.

A continuación se hace una revisión de la literatura sobre los métodos de segmentación orientados a imágenes de US de mama.

2.1 Métodos de segmentación basados en bordes

Los métodos de segmentación basados en bordes generalmente utilizan la información del gradiente de la imagen (o de sus máximos locales) para determinar la frontera del objeto.

Dentro de esta categoría destaca un modelo deformable denominado *snakes*, que maximiza una función de gradiente para ajustar iterativamente un contorno inicializado cerca del borde del objeto de interés. Esta técnica fue propuesta originalmente por Kass *et al.* [45] y, posteriormente, Alemán-Flores *et al.* [60] la adaptó para segmentar ultrasonografías de mama. La desventaja de esta técnica radica en la selección del contorno inicial mediante una etapa de "presegmentación", de manera que si el contorno inicial no se coloca lo suficientemente cerca del contorno de la lesión, entonces el contorno final puede detenerse en gradientes espurios que no pertenecen al contorno real.

De la técnica de *snakes* se deriva un método denominado gradiente de flujo vectorial (GFV) propuesto por Xu y Prince [84, 83], en el cual se incorpora una fuerza externa que se calcula como la difusión de vectores de gradientes de un mapa de bordes en escala de grises o binario derivado de la imagen. Propuestas como la de Oshiro-Tamura [65] y Jumaat *et al.* [44] han aplicado GFV para segmentar lesiones de mama en imágenes US. Sus resultados mostraron que la técnica de GFV funciona adecuadamente en lesiones cuyos contornos están bien definidos, es decir, el contraste lesión/fondo es

notable.

Sin embargo, debido a la naturaleza de las imágenes de ultrasonido, en los casos donde: *i)* el borde de la lesión es débil; *ii)* existe bajo contraste o; *iii)* hay una elevada potencia del artefacto *speckle*, los métodos basados en bordes suelen realizar una mala asignación de los píxeles del contorno, ya que dependen de la fuerza del gradiente de la imagen [39].

2.2 Métodos de segmentación basados en regiones

Cuando se desarrolla un método de segmentación de imágenes de US de mama, los métodos basados en regiones son generalmente la primera opción, ya que tratan de agrupar los píxeles de la región de la lesión que poseen características similares como intensidad, textura, parámetros estadísticos, entre otros. Entre los métodos más comunes para segmentar lesiones de mama se encuentran los basados en el histograma de los niveles de gris de la imagen [15, 43], contornos activos [14, 15, 30], crecimiento de regiones [23, 37, 64], *watershed* morfológicos [3, 31, 39, 40] y basados en texturas [51, 75]. Recientemente algunos paradigmas de la inteligencia computacional han ido tomando relevancia en el campo de procesamiento de imágenes. Específicamente, técnicas como la colonia artificial de hormigas [2], algoritmos genéticos [4], o la red neuronal pulso acoplada [42, 74] se han aplicado para resolver el problema de segmentación en imágenes de mama.

2.2.1 Basados en el histograma

Los métodos de segmentación basados en el histograma han sido ampliamente utilizados para segmentar lesiones en imágenes de US. Por ejemplo, Matsubara *et al.* [57, 58] utilizó un nivel de umbral diferente para binarizar la lesión y segmentarla dependiendo del tipo de tejido basado en análisis del histograma.

Más recientemente, Joo *et al.* [43] utilizaron un nivel de umbralado para realizar la binarización de la imagen basado en el valle de un histograma multimodal. En este enfoque se realiza una selección de la región de interés de manera manual y se reduce el artefacto *speckle* por medio de un filtro de mediana [13]. Como siguiente paso, se utiliza un filtro pasa altas [13] mediante el negativo del filtro

Laplaciano [13] para enfatizar los bordes y mejorar el contraste entre la lesión y el fondo [13]. La región de interés es binarizada mediante su histograma. Si existe un valle entre el 33 % y 66 % de la distribución de los niveles de gris en el histograma, el umbral es seleccionado en el nivel de intensidad donde se encuentra dicho valle. En caso contrario, el umbral es seleccionado con el valor de nivel de gris del 50 % de la distribución. Finalmente, se remueven los píxeles aislados de la lesión mediante una operación de apertura [13], se eliminan las regiones dispersas menores a un área de 500 píxeles y se obtiene el contorno final de la lesión removiendo los píxeles internos de la lesión.

Otro método de segmentación basado en umbralado del histograma fue propuesto por Chang *et al.* [15], en donde la imagen de entrada es preprocesada con el filtro de difusión anisotrópico [68] que mejora la calidad de la imagen mediante la reducción del ruido en regiones homogéneas mientras se enfatizan los bordes. Posteriormente, se aplica el método *stick* [19] que utiliza una máscara lineal para reducir aún más el ruido mediante el cálculo de los bordes de los objetos desde distintas orientaciones. Se binariza la imagen preprocesada mediante una adaptación del algoritmo de umbralado Otsu [66] para separar la lesión del fondo de la imagen. En este punto los autores le permiten al usuario cambiar el nivel de umbral si no se encuentran satisfechos con el valor dado por el método Otsu [66]. Finalmente, la imagen binaria resultante se utiliza como contorno inicial de un algoritmo de contornos activos para ajustar el contorno real de la lesión.

Aunque se han desarrollado y aplicado varias técnicas de segmentación basadas en el umbralado del histograma mostrando resultados aceptables, estos métodos son demasiado simples y no muestran un buen desempeño para imágenes que poseen histogramas unimodales donde el contraste lesión/fondo no es muy notable.

2.2.2 Basados en contornos activos

Los enfoques clásicos de contornos activos maximizan una función de gradiente para detener el contorno dinámico en el límite de la lesión a segmentar. Sin embargo, cuando la imagen posee una

gran potencia de artefacto *speckle* o los límites de la lesión se encuentran difuminados, el contorno activo suele detenerse en máximos locales que no corresponden con el límite real. Por tanto, tras observar este problema se crearon nuevas técnicas de segmentación basadas en contornos activos que no dependieran de la información del gradiente para realizar la segmentación de imágenes.

Chan y Vese [14] propusieron un nuevo modelo de segmentación basado en contornos activos utilizando un criterio de parada que utiliza la función de energía de Mumford-Shah [61] y no el gradiente de la imagen como en las técnicas de *snakes* o GFV. Mumford y Shah [61] propusieron un algoritmo de segmentación basado en la minimización de una función de energía, la cual mide las variaciones de intensidad dentro y fuera del contorno deformable de forma iterativa. Por tanto, el modelo de Chan-Vese al adoptar este criterio de parada permitió segmentar imágenes con objetos que presentarían bordes débiles y, posteriormente, se aplicaron exitosamente en imágenes de US de mama.

Gómez *et al.* [30] propusieron un método de segmentación semiautomático basado en el modelo de Chan-Vese. En éste, se realiza la selección de la región de interés de manera manual, se normaliza en un rango entre $[0, 255]$ y posteriormente se mejora su contraste mediante una ecualización adaptativa del histograma limitada por contraste (*CLAHE*) [87]. Para reducir el artefacto *speckle*, preservar los detalles y los límites de la lesión se hace uso de un filtro de difusión anisotrópica basado en la descripción de texturas provistas por una serie de filtros de Gabor. A la imagen preprocesada se le aplica la operación morfológica de imposición de mínimos mediante el uso de un marcador binario definido por el usuario colocado en el centro de la lesión para enfatizar la lesión del fondo de la imagen. Después, se crea un contorno inicial, definido como un pequeño círculo, a partir del centro de la lesión y se aplica el modelo de Chan-Vese para ajustar el contorno deformable al borde de la lesión. Los resultados mostraron que el método era capaz de preservar detalles finos de las lesiones como márgenes angulares y espiculaciones que las delineaciones manuales realizadas por radiólogos no presentaban.

En resumen, los métodos basados en el modelo Chan-Vese son capaces de segmentar cualquier

tipo de lesiones de mama y mantener el límite de éstas de una manera efectiva siempre y cuando no exista sombra posterior acústica. Sin embargo, poseen la desventaja de ser lentos debido a que la deformación del contorno activo necesita de varias iteraciones para ajustarse al borde de la lesión.

2.2.3 Basados en el crecimiento de regiones

El crecimiento de regiones es un procedimiento que agrupa píxeles o subregiones dentro de regiones más grandes. La sencillez del método radica en la agregación de píxeles a partir de un punto inicial, denominado semilla, el cual crece gradualmente al ir agregando píxeles que poseen propiedades similares como nivel de gris, textura o color, para de esta forma establecer una región completa. Debido a la sencillez del método se han realizado diversos algoritmos orientados a la segmentación de lesiones de mama en imágenes ultrasónicas.

El método de segmentación desarrollado por Horsch *et al.* [37] está basado en la maximización de una función de gradiente a partir de contornos potenciales generados por un proceso de umbralado iterativo, equivalente al crecimiento de región. Esta técnica primeramente reduce el artefacto *speckle* por medio de un filtro de mediana, mientras que paralelamente se calcula una función de restricción Gaussiana mediante la delimitación manual de la región de interés. A continuación, ésta es multiplicada por el complemento de la imagen filtrada. Posteriormente se realiza un proceso iterativo, de modo que en cada iteración se genera un contorno potencial, el cual se utiliza como máscara para evaluar una función de gradiente denominada media radial derivativa (ARD). Al finalizar el proceso iterativo, el argumento del máximo de la función ARD determina el umbral del contorno final de la lesión.

Uno de los principales aportes de este método de segmentación es el uso de la función de restricción Gaussiana cuyo objetivo es enfatizar la lesión mediante la atenuación de regiones distantes que no pertenecen a ésta.

Una de las principales desventajas que se pudo observar en este método se presenta en el filtrado del artefacto *speckle*, la elección del tamaño del filtro es esencial para obtener buenos resultados. Si

el filtro es demasiado grande tiende a suavizar los límites de los elementos presentes en la imagen haciendo que los márgenes de la lesión candidata sean erróneos. Por otra parte, si el tamaño del filtro es pequeño el artefacto *speckle* produce bordes irregulares y espurios que no pertenecen a la lesión. Otra desventaja que es importante señalar es la falta de una etapa de mejoramiento de contraste, la mayoría de éste tipo de imágenes posee bajo contraste por lo que es muy recomendable no omitir esta parte para obtener mejores resultados.

Por otra parte, el método propuestos por Oshiki *et al.* [64] requiere que se le indique uno o más puntos arbitrarios dentro de las áreas de interés, los cuales se expanden hasta el límite de la zona objetivo mediante la técnica de crecimiento de regiones. El algoritmo cuenta de los siguientes pasos:

1. Seleccionar una o más lesiones dentro de la imagen de ultrasonido.
2. Colocar un punto de referencia dentro de cada lesión.
3. Establecer un umbral para obtener el contorno apropiado de cada lesión.
4. Expandir cada punto hasta el límite de cada lesión mediante la técnica de crecimiento de regiones.
5. Segmentar la lesión con el resultado obtenido.

En el procedimiento de crecimiento de región la diferencia de nivel de gris entre el píxel de referencia y sus vecinos es examinada. Si la diferencia es menor al umbral preestablecido se agregan nuevos píxeles a la región. Este proceso continúa hasta que la diferencia del valor de gris entre los píxeles sea mayor que el umbral preestablecido.

La gran desventaja de este método radica en que no utiliza técnicas de preprocesamiento para mejorar la calidad de la imagen. Existen casos en el que el límite de la lesión se encuentra mal definido o difuminado debido al bajo contraste y la gran cantidad de artefacto *speckle*. En estos casos no se puede obtener un resultado satisfactorio de segmentación usando solamente los niveles de gris

pertenecientes a la lesión.

Más adelante, Shan [71] utilizó el crecimiento de regiones para generar de manera automática la región de interés en imágenes de US a través de la selección automática de una semilla centrada en la lesión. Este método consta básicamente de cuatro pasos:

1. Selección automática de la semilla: Primeramente, se aplica un filtro de difusión anisotrópica a la imagen de entrada para reducir el artefacto *speckle*. Posteriormente, a partir del mínimo nivel de gris se inicia un proceso iterativo de umbralado, en donde se calcula la relación entre el número de píxeles catalogados como lesión y fondo para determinar el mejor nivel de umbral. A la imagen binaria seleccionada se le aplica el operador morfológico de cerradura, para eliminar los píxeles aislados y cerrar espacios vacíos. Como siguiente paso se etiquetan las regiones candidatas y se evalúan a través de una ventana centrada en la imagen binaria. Si una región candidata no tiene intersección con la ventana central y está conectada con los límites de la imagen, se elimina de la lista de candidatos. Las regiones resultantes son evaluadas mediante una función de rango, en donde se selecciona como ganadora aquella que es jerárquicamente superior. Posteriormente, se calcula el centroide de la región ganadora y se coloca la semilla.
2. Selección de la región de interés: Después de la generación de la semilla se emplea el método de crecimiento de regiones para obtener una segmentación preliminar que servirá para determinar la ROI de la imagen. Para asegurarse de cubrir totalmente la lesión se expande la región de interés 50 píxeles en cada dirección.
3. Preprocesamiento de la región de interés: La etapa está dividida en dos partes:
 - i) Filtrado del artefacto *speckle*: Se utiliza un método denominado "*de-speckle*" [34] que hace uso de la información de textura entre la lesión y el fondo para describir la naturaleza del artefacto *speckle* mediante la información de homogeneidad local. Esta función arroja valores altos en los bordes y produce valores bajos en las regiones homogéneas, asegurando la reducción del ruido y la preservación de los detalles del contorno.

ii) Mejoramiento: Se hace uso de una función de energía máxima que utiliza la información acumulada de diferentes direcciones provistas por una serie de filtros de Gabor logarítmicos (*Log-Gabor filters*) para determinar la máxima energía de orientación de cada píxel que mejor caracterice la información estructural de la imagen.

4. Segmentación: Después del preprocesamiento la imagen se encuentra compuesta de una región oscura perteneciente a la lesión, un fondo claro y algunas regiones con valores de intensidad variantes. El objetivo de esta etapa es separar los píxeles de la imagen en dos grupos: lesión y fondo. Para realizar esta tarea se utiliza una generalización de lógica difusa denominada "filosofía neutra" que hace uso de la información de tres componentes neutros pertenecientes a la imagen (T, F, I) para clasificar cada píxel. El componente T representa a aquellos píxeles candidatos a lesión, mientras que el componente F representa el complemento de T y el componente I representa aquellos píxeles indeterminados que poseen intensidades variantes. Una vez terminado el proceso de agrupamiento se obtiene una imagen binaria a la cual se le aplica un post-procesamiento mediante morfología matemática para obtener la segmentación final.

El método desarrollado por Shan muestra un buen desempeño en imágenes que poseen texturas homogéneas y un buen contraste lesión/fondo. Sin embargo, suele fallar en aquellas imágenes que poseen un bajo contraste y sombras posteriores con valores de intensidad cercanos a la lesión.

A pesar de haberse desarrollado métodos de segmentación basados en el crecimiento de regiones, éstos suelen funcionar con imágenes que poseen características específicas como textura e iluminación homogénea. Sin embargo, la mayoría de las imágenes de ultrasonido poseen características sonográficas muy variantes que dificulta utilizar solamente los niveles de gris, textura o color para ir agregando píxeles a una región, por lo que los métodos de crecimiento de regiones suelen fallar con este tipo de imágenes.

2.2.4 Basados en la transformada watershed

El concepto de *watershed* se basa en la visualización de la imagen como una topología de tres dimensiones, que consiste de dos coordenadas espaciales (x, y) y un valor de intensidad (f), donde se interpreta la intensidad de un píxel como su altura en el relieve.

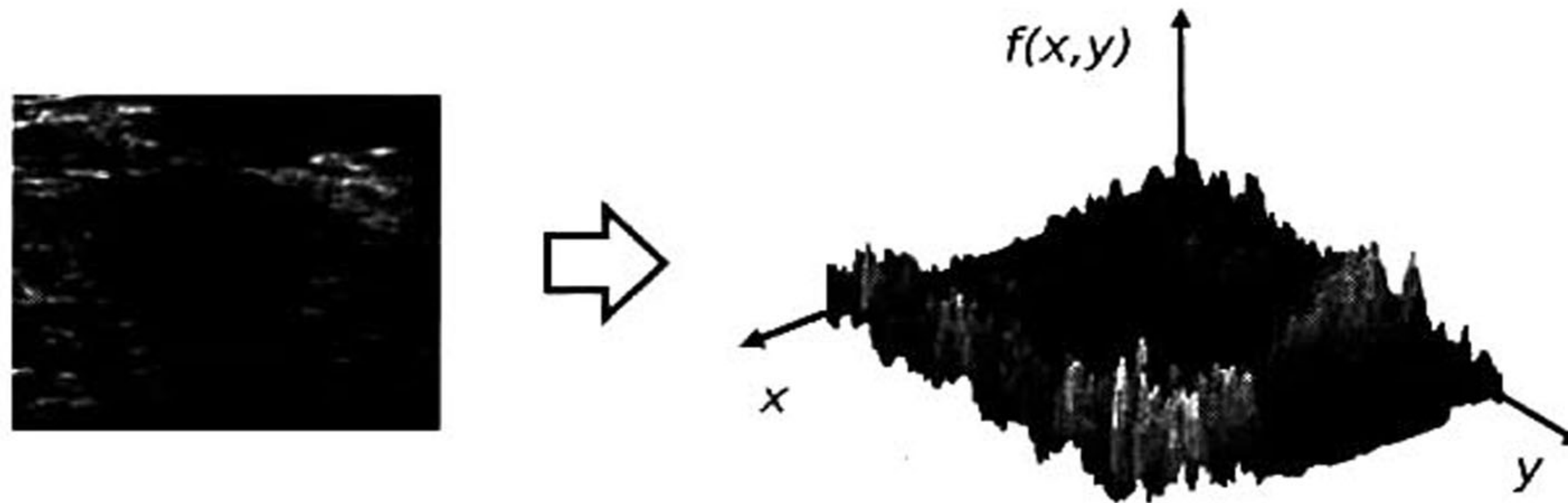


Figura 2.2: Visualización topológica de una imagen de US.

Imaginemos que el relieve topográfico es perforado en sus mínimos locales y es sumergido en un lago de modo que comienzan a inundarse bacías a partir de los mínimos locales. Entonces, cuando el agua rebasa el límite de cada bacía y se encuentra con el agua proveniente de otra bacía adyacente se construye una barrera en ese punto para mantenerlas separadas (de ahí el nombre *watershed*: línea de división de aguas). Finalmente, cuando se alcanza el pico más alto del relieve el proceso de inundación termina. Esta idea fue introducida en el año de 1979 por S. Beucher y C. Lantuéjoul [5].

Huang y Chen [39] propusieron un método de segmentación para lesiones de mama en sonografías que integra las ventajas de la red neuronal auto-organizativa de Kohonen (SOM) y la transformada *watershed*. La metodología se divide en una etapa de entrenamiento y una etapa de segmentación. El entrenamiento consiste en aplicar un clasificador de texturas mediante el modelo SOM a 60 imágenes para extraer un vector con 25 características relevantes que describan la naturaleza de la imagen de una manera apropiada. Estas características sirven para realizar una discriminación entre lesión y fondo para evitar el problema de sobre-segmentación de la transformada *watershed* y mejorar los resultados de algoritmo. En la etapa de segmentación la imagen de entrada es filtrada para reducir el artefacto *speckle*, posteriormente es aplicada la transformada *watershed* para producir el contorno

de la lesión y postprocesada mediante el método de *Wiener* que consiste en un filtro pasa bajas basado en las estadísticas del vecindario de cada píxel con un tamaño de 3x3 ó 5x5 píxeles. Este filtro mejora los resultados de la transformada *watershed* mediante la generación de marcadores más precisos. La etapa fundamental de este método es la de entrenamiento, debido a que ayuda a prevenir la sobre-segmentación y como consecuencia mejorar los resultados de la técnica *watershed*.

Los autores enfatizan que su método es capaz de segmentar con buena exactitud las lesiones con respecto de las delineaciones manuales de especialistas. Por otra parte, consideran a su método como una técnica de ayuda efectiva en el diagnóstico médico de lesiones de mama en imágenes de US.

El método de Alvarenga *et al.* [3] aplica la transformada *watershed* al histograma para reducir los niveles de gris y encontrar el mejor nivel de umbral para segmentar el tumor. Inicialmente, sobre la imagen de entrada se aplica una reconstrucción por apertura con un elemento estructurante cuadrado de 3x3 píxeles para reducir el artefacto *speckle*. A continuación, un operador morfológico de apertura con un elemento estructurante lineal de tres píxeles es aplicado al histograma de la imagen filtrada para remover los máximos locales y suavizar el contraste de la imagen. Como siguiente paso, se aplica la transformada *watershed* para determinar las regiones modales del histograma, donde cada una posee una etiqueta numérica, y son ordenadas ascendentemente para construir una imagen con un número reducido de niveles de gris. En este punto se aplica una imposición de mínimos para enfatizar el tumor del fondo, la imagen resultante de esta operación tiende a presentar regiones bien definidas que acentúan y delimitan la lesión. El nivel de gris correspondiente al máximo gradiente de la curva acumulativa del histograma es utilizado como umbral para binarizar la imagen y obtener su contorno.

La principal ventaja de esta técnica es la aplicación de operadores morfológicos, debido a que tienden a preservar los detalles del contorno de las lesiones, que es una característica importante para identificar tumores malignos o benignos. Sin embargo, cuando se presentan áreas cercanas a la lesión con niveles de gris similares esta técnica suele realizar una mala segmentación.

Basado en la idea del método de Alvarenga, Infantosi *et al.* [40] desarrollaron un método de

segmentación híbrido basado en el uso de las técnicas propuestas por Alvarenga *et al.* [3] y Horsch *et al.* [37] para determinar mediante operaciones morfológicas dos marcadores que son utilizados por la transformada *watershed* para definir el margen de la lesión. Estos dos marcadores son: un interno y otro externo, que sirven de líneas divisoras al momento de aplicar la transformada *watershed* ayudando a delimitar las regiones donde el proceso se llevará a cabo. El marcador exterior es obtenido aplicando el gradiente de la dilatación morfológica a la segmentación provista por Horsch *et al.* [37], mientras que el marcador interior se obtiene mediante la erosión morfológica del método de Alvarenga *et al.* [3]. Entonces, la imagen marcadora se obtiene mediante la unión del marcador interno con el marcador externo.

Antes de aplicar la transformada *watershed*, la imagen original es homogeneizada mediante un filtrado de apertura y cerradura por reconstrucción para reducir el artefacto *speckle*. Para enfatizar los límites de la lesión se aplica un gradiente morfológico a la imagen filtrada. Como último paso, la transformada *watershed* es aplicada a la imagen de imposición de mínimos usando los marcadores internos y externos predefinidos y el gradiente de la imagen para obtener el contorno final de la lesión. La principal ventaja del método de Infantosi *et al.* es la rapidez con la que realiza la segmentación de las lesiones en las imágenes de ultrasonido. Sin embargo, una de las principales desventajas es que produce márgenes irregulares y bordes espurios que no pertenecen a la lesión.

Más adelante, el método de segmentación desarrollado por Gómez *et al.* [31] consiste en aplicar primeramente el algoritmo *CLAHE* [87] a la imagen de entrada para mejorar su contraste. Después, con el objetivo de reducir el artefacto *speckle* y enfatizar los límites de la lesión se hace uso del filtro de difusión anisotrópica basado en la descripción de texturas provistas por una serie de filtros de Gabor [60]. Para atenuar los píxeles distantes no pertenecientes a la lesión, la imagen preprocesada es multiplicada con una función de restricción Gaussiana. Un nivel de umbral entre [0, 255] define una serie de particiones binarias que son utilizadas para crear los marcadores internos y externos mediante los operadores morfológicos de dilatación y erosión respectivamente. Estos marcadores son utilizados por la transformada *watershed* para crear una serie de contornos potenciales, los cuales se utilizan como una máscara para evaluar la función de gradiente ARD. Al finalizar el proceso, el

argumento máximo devuelto por la función ARD determina el contorno final de la lesión. El método de segmentación propuestos por Gómez *et al.* [31] es capaz de delinear la lesión con una buena exactitud preservando detalles del contorno. Sin embargo, posee la desventaja de ser lento debido al uso de la transformada *watershed* en cada una de las iteraciones realizadas.

La principal ventaja del enfoque de segmentación basado en la transformada *watershed* es que tiende a preservar y definir los detalles del contorno de las lesiones, que es una característica importante para identificar tumores malignos o benignos. Sin embargo, esta técnica presenta un problema intrínseco de sobre-segmentación que produce un gran número de regiones debido a la presencia de mínimos locales derivados del inherente artefacto *speckle*, a pesar de que este problema puede solucionarse mediante el uso marcadores que discriminan la región perteneciente al tumor, existen casos en los que el resultado de segmentación produce márgenes irregulares y bordes espurios que no pertenecen a la lesión.

2.2.5 Basados en la Red Neuronal Pulso Acoplada

Los modelos corticales surgieron por la necesidad de contar con nuevas metodologías que realizaran tareas de procesamiento digital de imágenes y reconocimiento con una buena precisión y tiempo de cómputo razonables. Al principio estos modelos se inspiraron en las habilidades que poseen los seres humanos para reconocer, clasificar y discriminar objetos. Sin embargo, debido a la gran complejidad del sistema visual humano, las primeras contribuciones de los modelos matemáticos corticales se realizaron emulando la corteza visual de mamíferos pequeños. El primer trabajo fue propuesto por Hodgkin y Huxley en 1952 [36], su modelo cortical describe cómo se inician y transmiten los potenciales de acción en la neuronas. Años después se publicó otro importante avance matemático conocido como el modelo de Fitzhugh-Nagumo [28, 63], en el cual el comportamiento de la neurona es descrito como un oscilador no lineal. Este modelo de oscilador acoplado sería tomado como base para otros modelos propuestos posteriormente. En 1989 Eckhorn [25] descubrió que las oscilaciones en la corteza visual del gato generan imágenes binarias de las que se pueden extraer diferentes

características de las impresiones visuales para generar una imagen.

La PCNN [56, 50] es un modelo bioinspirado basado en el modelo de Eckhorn y utilizada, en gran parte, para tener un alto desempeño biomimético en el procesamiento de imágenes. Sin embargo, aunque se ha demostrado su eficacia para segmentar imágenes en otras áreas de investigación, este modelo no se ha aplicado de manera sistemática en el diseño de métodos de segmentación de imágenes de US. Hasta el momento se tiene conocimiento de dos trabajos existentes en el estado del arte que relacionan las imágenes de US de mama con este modelo cortical.

El primero de ellos es el método propuesto por Jiao *et al.* [42] el cual se puede dividir en dos etapas principales. La primera se encarga de crear la región de interés y el contorno inicial de la lesión de manera automática mediante el uso de un modelo simplificado de PCNN, mientras que la siguiente etapa se hace cargo de segmentar la lesión mediante el uso de contornos activos basados en el modelo de Chan-Vese [14]. El algoritmo propuesto se compone de los siguientes pasos:

1. Binarización de la imagen mediante el modelo simplificado de PCNN.
2. Eliminación de píxeles¹ aislados no pertenecientes a la lesión mediante el uso de morfología matemática.
3. Generación de la región de interés y el contorno inicial de la lesión a partir de la imagen devuelta por el proceso anterior.
4. Segmentación final de la lesión mediante la deformación del contorno inicial a partir del algoritmo iterativo de Chan-Vese.

Los resultados experimentales mostrados en [42] son insuficientes debido a que solo fue probado en 18 imágenes de ultrasonido, por lo que no se demuestra una generalización para una gran gama de lesiones, tanto benignas como malignas con características sonográficas muy variantes entre sí. Por otra parte, los autores sólo presentan resultados numéricos de 4 imágenes, las 14 restantes se muestran de manera gráfica.

¹ Estos píxeles son causados debido al inherente artefacto *speckle* presente en las imágenes US de mama.

El segundo método de segmentación para lesiones de mama en imágenes US basado en PCNN es el propuesto por Shi *et al.* [74] el cual aplica teoría difusa al método de Información Mutua (MI, por sus siglas en inglés) para lograr una mejor robustez ante el ruido que afecta al método clásico de MI provocando una sobre-segmentación de las lesiones.

Para realizar la segmentación de la lesión en imágenes de US, Shi *et al.* [74] reportan la siguiente metodología:

1. Inicialización de los parámetros del modelo simplificado de PCNN (S-PCNN).
2. Segmentación de la lesión presente en la imagen de US mediante la S-PCNN y cálculo del IFMI² correspondiente.
3. Adaptación de los parámetros de la S-PCCN con respecto a los valores preestablecidos.
4. Selección de la imagen con el máximo valor de IFMI como la mejor imagen segmentada.
5. Reconstrucción de la región segmentada mediante morfología matemática.
6. Suavizado de la imagen reconstruida y extracción del contorno final de la lesión.

Para evaluar la precisión del método propuesto se utilizaron una serie de métricas basadas en el error del área y del contorno. Los resultados obtenidos se compararon en contra de cuatro diferentes algoritmos: una mejora del algoritmo de Chan-Vese propuesto por Ha [35], el algoritmo PCNN basado en máxima entropía [54], el algoritmo PCCN basado en MI y el algoritmo S-PCNN basado en IFMI. La investigación reportada por Shi *et al.* [74] hace uso de un modelo simplificado de PCNN y de información mutua difusa para sintonizar los parámetros iniciales establecidos en el primer paso del algoritmo. Los resultados mostraron que el algoritmo es capaz de extraer de manera eficaz el contorno de la lesión independientemente de la naturaleza de ésta sin hacer uso de algún método de preprocesamiento para mejorar la calidad de la imagen de entrada. Sin embargo, el algoritmo solamente fue validado con 35 imágenes de US de mama.

² Mejora Difusa de Información Mutua.

En conclusión los métodos presentados por Jiao *et al.* [42] y Shi *et al.* [74] hacen uso del modelo simplificado de PCNN para crear nuevas estrategias de segmentación capaces de extraer de manera eficaz los márgenes de las lesiones en imágenes sonográficas. Sin embargo, hubiera sido deseable que ambos métodos fueran evaluados con una mayor cantidad que lesiones con características distintas para probar la robustez de los métodos propuestos.

3

Metodología

3.1 Introducción

Para cumplir con los objetivos que rigen nuestra investigación científica y poder validar nuestra hipótesis de investigación planteada, se desarrolló una metodología general (ver Figura 3.1). El punto de partida es la generación de un banco de imágenes reales y simuladas mediante las cuales se realizarán una serie de experimentos. Cada una de las imágenes pertenecientes a nuestro banco fue segmentada con el método propuesto en este trabajo de investigación, los resultados fueron comparados en contra de tres métodos publicados en la literatura basados en la función de restricción Gaussiana¹ [31, 37, 40]. El desempeño de cada método fue medido en términos de exactitud a través de cuatro métricas del error del área: verdaderos positivos, verdaderos negativos, falsos positivos y falsos negativos. Posteriormente, se realizó un análisis estadístico de los datos obtenidos de nuestro método de segmentación propuesto.

¹ Se decidió utilizar estos tres enfoques debido a que el método de segmentación propuesto en esta tesis también utiliza la función de restricción Gaussiana para enfatizar la lesión como parte fundamental de la etapa de preprocesamiento.

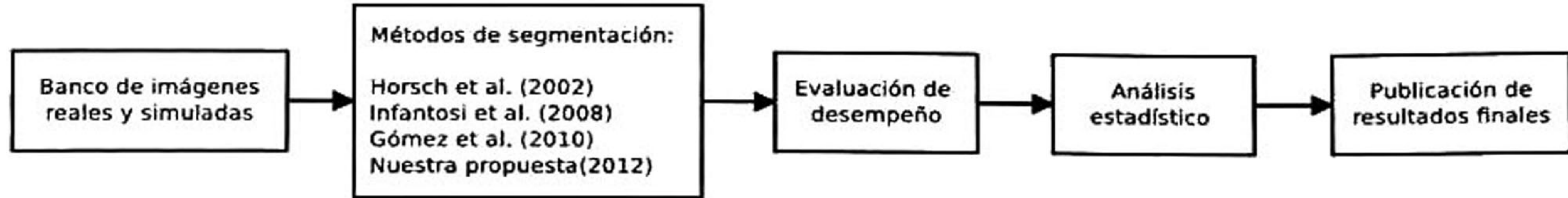


Figura 3.1: Metodología general del método de segmentación propuesto.

3.2 Banco de imágenes

Es bien conocido en la comunidad científica que cuando se desarrolla un nuevo método o algoritmo de segmentación es necesario evaluarlo objetivamente para medir su efectividad y error con respecto a una referencia [78]. Generalmente, estas referencias son bases de datos públicas que se utilizan para realizar distintas pruebas. Sin embargo, al no contar con un *benchmark*² especializado para esta área de investigación [17], se formó un banco de referencias compuesto de imágenes reales y simuladas.

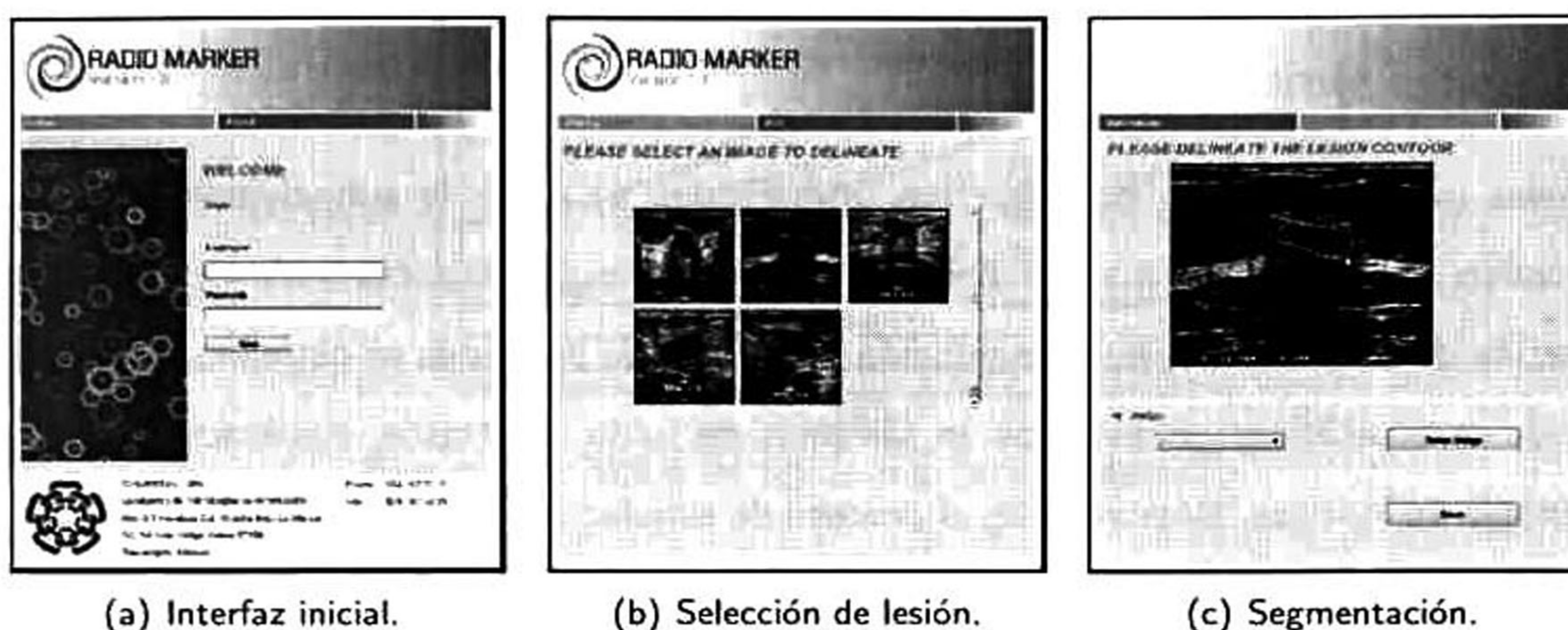
3.2.1 Imágenes reales

El banco de imágenes reales de US fue adquirido durante estudios rutinarios en el Instituto Nacional de Cáncer (INCa), ubicado en Rio de Janeiro, Brasil, bajo el proyecto: *Quantificação das Características Primárias de Tumores da Mama em Imagens Ultra-sônicas* con registro CEP num. 3801.

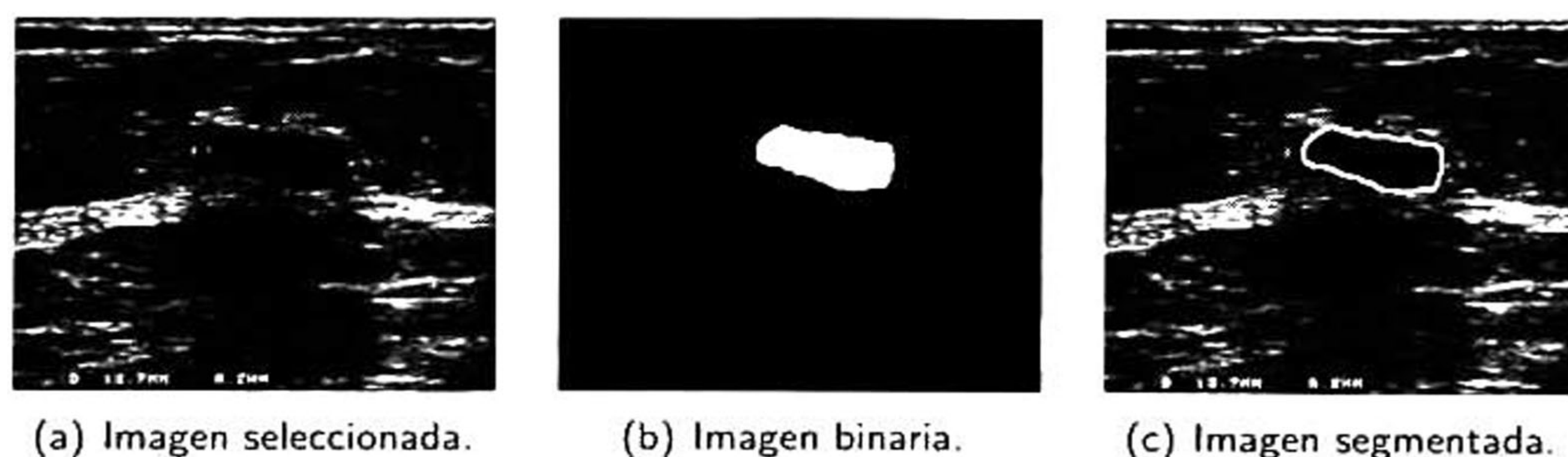
Hasta el momento se cuenta con 51 imágenes que han sido segmentadas por dos radiólogos especializados, las cuales servirán de referencia para evaluar los métodos de segmentación computarizada. La herramienta desarrollada para poder obtener estas referencias fue *Radio Marker v1.0*³, una aplicación web que fusiona el uso de *JavaServer Pages (JSP)*, una tecnología Java para la generación de contenido dinámico, *HTML 5*, que nos proporciona nuevas funcionalidades multimedia, y *javascript*, que nos permite flexibilidad y mejoras en la interfaz del usuario. Mientras que para la gestión de la base de datos se hizo uso de *Apache*, un servidor web HTTP multiplataforma de código abierto.

² Conjunto de imágenes de prueba especializado para medir el desempeño de los métodos de segmentación.

³ <http://hades.tamps.cinvestav.mx:8080/rrivera/>

Figura 3.2: Principales pantallas de *Radio Marker v1.0*.

En la interfaz inicial de *Radio Marker v1.0* (Figura 3.2a) el médico inserta en los campos de texto su nombre de usuario y contraseña para poder tener acceso al sistema. Una vez dentro, es capaz de seleccionar una imagen (Figura 3.2b) de una lista disponible y segmentarla (Figura 3.2c) según su nivel de entrenamiento y experiencia personal. Una vez que terminó la delineación manual de la lesión el médico puede grabar los resultados o volver a delinear la lesión si no se encuentra conforme con lo realizado. Posteriormente estos datos son enviados al servidor en donde son recuperados y procesados en MATLAB para crear la imagen final. En la Figura 3.3 se pueden observar los resultados obtenidos de *Radio Marker v1.0*.

Figura 3.3: Resultados obtenidos de *Radio Marker v1.0*.

3.2.2 Imágenes simuladas

Las imágenes simuladas tienen dos objetivos primordiales: *i*) evitar la subjetividad humana al momento de realizar la delineación manual de las lesiones y *ii*) simular distintos ambientes de prueba para la evaluación de los métodos de segmentación. Este tipo de imágenes se obtienen mediante la reproducción de características ultrasónicas en términos de ruido, contraste, iluminación, tipos de tejido y morfología de lesiones. Básicamente, el proceso de simulación de imágenes de ultrasonido se dividió en dos etapas básicas: *i*) generación del mapa de tejido mamario y *ii*) simulación del proceso físico de adquisición [32].

3.2.2.1. Generación del mapa de tejido mamario

El punto de partida para la simulación de las imágenes de ultrasonido fue un conjunto de patrones binarios de lesiones. En total siete tipos de patrones fueron simulados, cada uno de estos representa las lesiones más comunes presentadas en esta patología y pueden ser descritas por la presencia o ausencia de constricciones⁴ y angularidades. En la Figura 3.4 se muestran los patrones redondo, ovalado, lobulado, poligonal, angular, microlobulado y espiculado. Además, cabe mencionar que para cada tipo lesión se definieron tres diferentes tamaños: 0.5 cm, 1 cm y 2 cm.

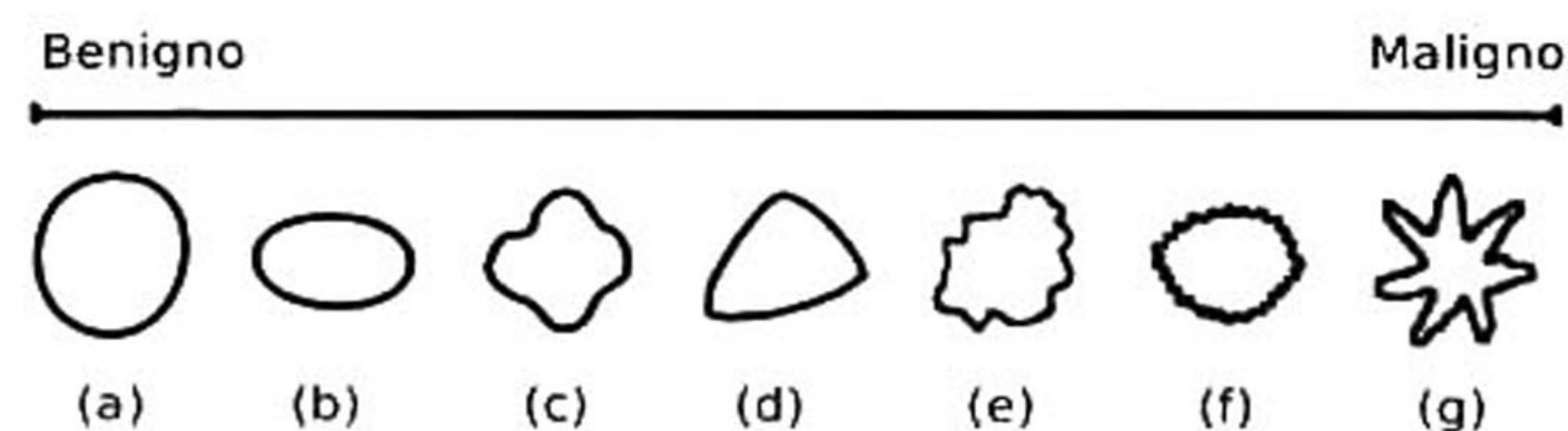


Figura 3.4: Patrones binarios simulados: (a) redondo, (b) ovalado, (c) lobulado, (d) poligonal, (e) angular, (f) microlobulado y (g) espiculado.

Posteriormente, uno de los 7 patrones binarios simulados es seleccionado y colocado en una posición aleatoria en una imagen base en escala de grises, que incluye las estructuras y elementos más comunes encontrados en el tejido mamario femenino (Figura 3.5).

⁴ Disminución del diámetro de la lesión debido a la contracción de sus paredes.

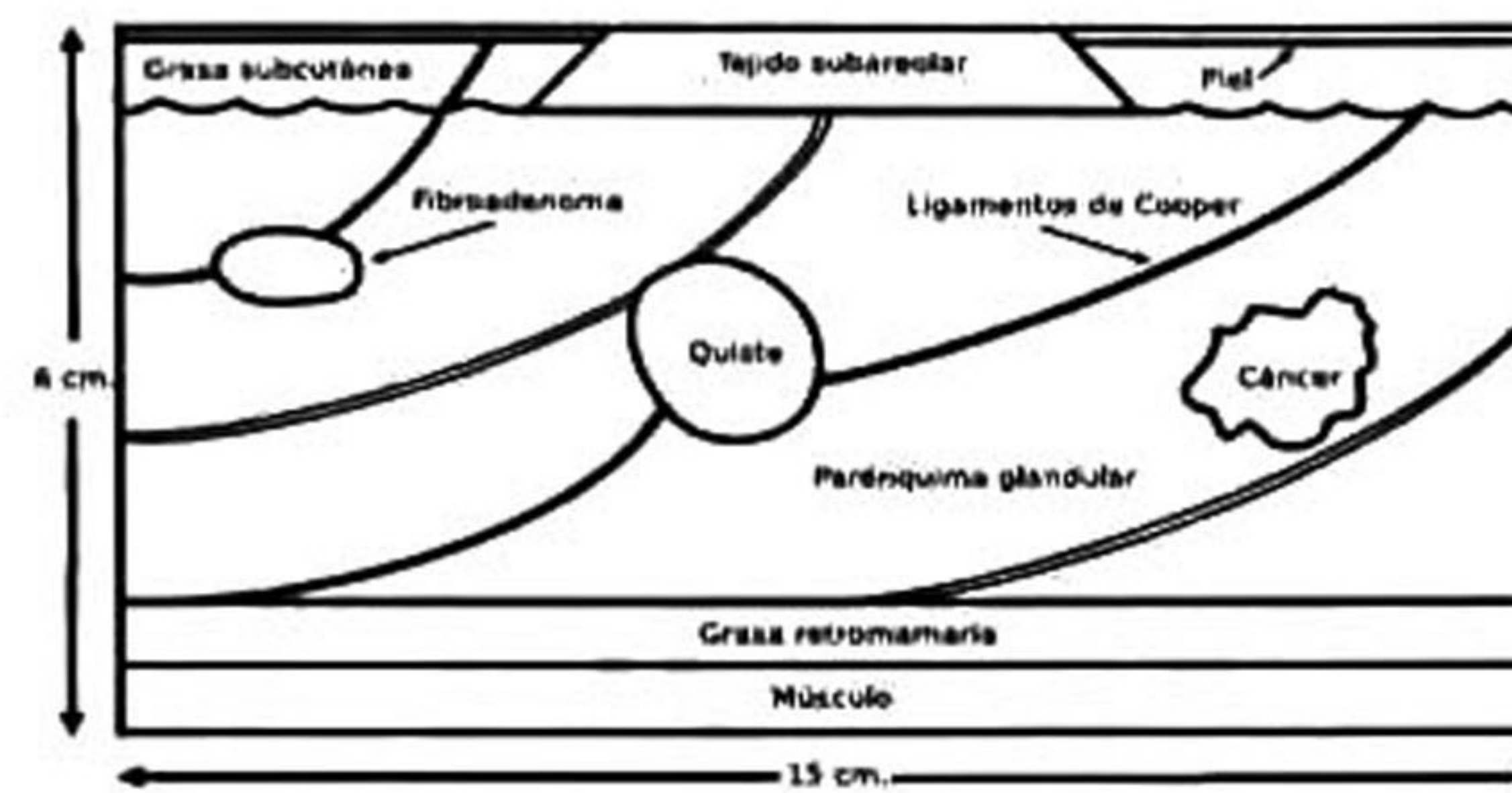


Figura 3.5: Mapa de tejido mamario femenino.

A continuación, se establecen valores característicos de atenuación ultrasónica a cada elemento de la imagen para obtener el mapa de tejido mamario con atenuación acústica [32]. Esta imagen resultante es el punto de partida para la segunda parte del proceso de simulación.

3.2.2.2. Simulación del proceso físico de adquisición

Esta etapa se encarga de simular los principios físicos de adquisición de las imágenes de ultrasonido en términos de iluminación, contraste y ruido. Como paso inicial, se realiza una multiplicación entre el mapa de tejido mamario atenuado y un gradiente de iluminación con la finalidad de representar la pérdida de intensidad del haz ultrasónico en función de la profundidad. El siguiente paso es la simulación del artefacto *speckle*, que se modela como un tipo de ruido multiplicativo Gaussiano, por lo que se crea un campo de ruido aleatorio Gaussiano y se multiplica con la imagen resultante del paso anterior. Esta operación nos genera un mapa de ecogenicidad que es convolucionado con un pulso ultrasónico para generar el fenómeno de dispersión del haz acústico arrojando una imagen de radiofrecuencia que presenta el patrón granulado característico del artefacto *speckle*. A continuación, se aplica la transformada de Hilbert a la imagen de radiofrecuencia para obtener la modulación de la señal. Como paso final, al resultado de la operación anterior se le realiza una compresión logarítmica y una normalización entre 0 y 255 para obtener una imagen en escala de grises de ocho bits de profundidad.

La Figura 3.6 muestra el diagrama a bloques del procedimiento realizado para lograr la simulación del proceso físico de adquisición de una imagen de ultrasonido de mama.

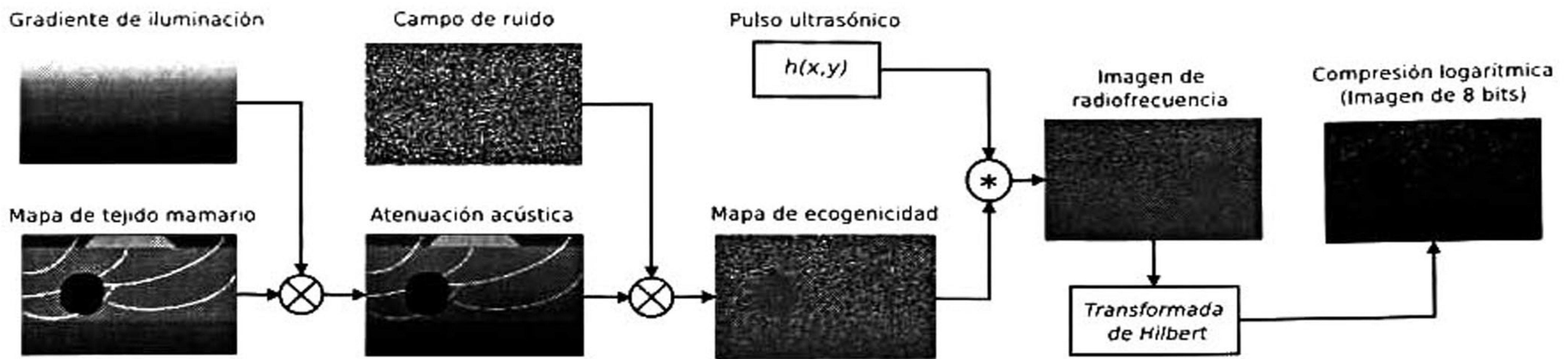


Figura 3.6: Proceso físico de simulación de imágenes de US [32].

Para realizar la experimentación en este trabajo de investigación se simularon un total de 620 imágenes, clasificadas en: *i*) quistes, *ii*) fibroadenomas y *iii*) carcinomas. Para la simulación de los quistes se utilizaron los patrones binarios (a), (b) y (c) (Figura 3.4) y los tamaños 0.5, 1 y 2 cm respectivamente. En el caso de los fibroadenomas se utilizaron los patrones (b), (c), (d) y (f) (Figura 3.4) y se tomaron dos tamaños: 1 y 2 cm. Para los carcinomas se utilizaron los patrones (e), (f) y (g) (Figura 3.4) y solamente un único tamaño: 2 cm. Se obtuvo un total de 20 combinaciones diferentes entre quistes, fibroadenomas y carcinomas y para cada diferente combinación se simularon 31 imágenes dando un total de 620 imágenes. En la Figura 3.7 se muestra un ejemplo de los tres tipos de lesiones simuladas. La Figura 3.7a pertenece a un quiste redondo (2 cm), la Figura 3.7b pertenece a un fibroadenoma ovalado (1 cm), y la Figura 3.7c pertenece a un carcinoma espiculado (2 cm).

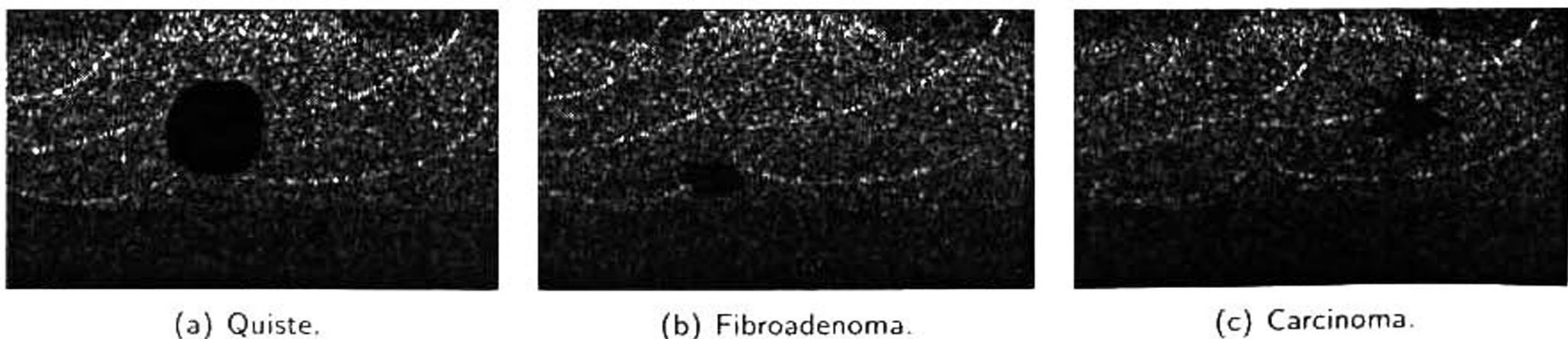


Figura 3.7: Ejemplo de imágenes simuladas de US de mama.

3.3 Método de segmentación propuesto

Como se mencionó anteriormente, el método de segmentación propuesto en este trabajo de investigación se basa en la red neuronal pulso acoplada y sus variantes, cuyos parámetros se sintonizan dinámicamente mediante el algoritmo de evolución diferencial. La metodología del algoritmo propuesto se dividió en tres etapas principales:

1. Preprocesamiento.
2. Segmentación con algún modelo de red neuronal pulso acoplada.
3. Sintonización de parámetros con el algoritmo evolutivo de evolución diferencial.

Cada una de estas etapas representa una pieza clave para el desarrollo de una metodología que sea capaz de segmentar lesiones de mama con características sonográficas muy variantes entre sí. A continuación se describe el trabajo realizado en cada una de estas etapas.

3.3.1 Etapa de preprocesamiento

Dos características muy importantes de las imágenes de ultrasonido son: *i*) la iluminación heterogénea que produce una serie de sombras acústicas y bajo contraste en la imagen y *ii*) una elevada potencia de artefacto *speckle* que produce un efecto de granulado sobre las imágenes de ultrasonido, dificultando el proceso de segmentación de las lesiones de mama. Debido a estos motivos, la etapa de preprocesamiento se enfoca en adecuar la imagen para facilitar el proceso de segmentación atacando los problemas de iluminación y artefacto *speckle*. La etapa de preprocesamiento se dividió en tres partes principales: *i*) mejoramiento de contraste, *ii*) filtrado del artefacto *speckle* y *iii*) enfatización de la lesión.

3.3.1.1. Mejoramiento de contraste

En la literatura existen diversos métodos basados en la manipulación del histograma para el mejoramiento del contraste [1, 70, 67], varios de éstos han sido aplicados para mejorar el contraste de imágenes de ultrasonido. El principal de ellos es la ecualización del histograma (HE), que de manera general redistribuye uniformemente los niveles de gris de la imagen de tal forma que el número de píxeles para cada nivel de gris se preserva. El proceso de HE es una operación global, es decir, toma el histograma de toda la imagen y mejora su contraste sin perder información de tipo estructural. La desventaja de este proceso es que no toma en cuenta la información local de cada píxel, de modo que el contraste se pierde en regiones pequeñas. Para resolver esto, la ecualización adaptativa del histograma (AHE) procesa la imagen por subregiones sobre las cuales se aplica el procedimiento HE, mejorando localmente su contraste. Sin embargo, un problema asociado al AHE es la amplificación del ruido, que aumenta en la misma proporción con la que se mejora el contraste. Para evitar este problema se desarrolló la ecualización adaptativa del histograma limitada por contraste (CLAHE) [87] que ajusta (o recorta) el número de píxeles asociados a cada nivel de gris en regiones homogéneas mediante el uso de distintos histogramas locales. El CLAHE para sonografías de mama primeramente divide la imagen de entrada en cuatro regiones contextuales no traslapadas de igual tamaño, con esto se asegura que en cada región contextual esté presente información relacionada con la lesión y el fondo. Posteriormente, se calcula el histograma de cada región contextual y se realiza una normalización entre 0 y 1. A continuación, mediante una constante limitadora de contraste situada en un rango entre 0 y 1 se realiza un corte al histograma para evitar que una tasa alta de píxeles caiga en un mismo nivel de gris. Los píxeles que se encuentren arriba de ese umbral son distribuidos uniformemente a lo largo del histograma. Posteriormente, se calcula la función de distribución acumulada del histograma (fda) para mapear la intensidad de los píxeles de entrada a un nuevo valor de salida. Como último paso se realiza una interpolación bilineal de los niveles de gris para suavizar la transición entre regiones contextuales a partir de la información de los píxeles conocidos. El procedimiento mencionado anteriormente se encuentra descrito en el Algoritmo 1.

Algoritmo 1 Algoritmo CLAHE**Entrada:** Imagen de entrada (ROI), *cliplimit*.**Salida:** Imagen mejorada en contraste $I_c(x, y)$.

- 1: Dividir la ROI en 4 regiones contextuales (Rc_1, Rc_2, Rc_3, Rc_4);
- 2: **para** $n \leftarrow 1$ hasta 4 **hacer**
- 3: Calcular el histograma: $H_n = \text{histograma}(Rc_n)$;
- 4: Cortar píxeles: $Px_n = H_n > \text{cliplimit}$;
- 5: Redistribuir Px_n de manera uniforme: $Hd_n(i) = Px_n(j \leq i) \therefore 0 \leq i, j \leq 255$;
- 6: Calcular la función de distribución acumulada: $Hc_n = fda(Hd_n)$;
- 7: **fin para**
- 8: Realizar interpolación bilineal entre regiones:

$$I_c(x, y) = \frac{1}{4} \sum_{i=1}^4 Hc_i(x, y);$$

Para dar un mayor énfasis a los píxeles de la imagen en diferentes rangos del histograma y mejorar los resultados del algoritmo CLAHE se modificó la forma de la *fda* de cada región contextual mediante la función de distribución Rayleigh. La selección correcta de la distribución del histograma viene dada en función del tipo de imagen, para nuestro caso se utilizó la función de distribución Rayleigh debido a que el artefacto *speckle* posee esta misma distribución [20].

En la Figura 3.8 se muestran algunos resultados de la implementación del algoritmo CLAHE, se puede observar cómo se mejora el contraste entre la lesión y el fondo de la imagen.

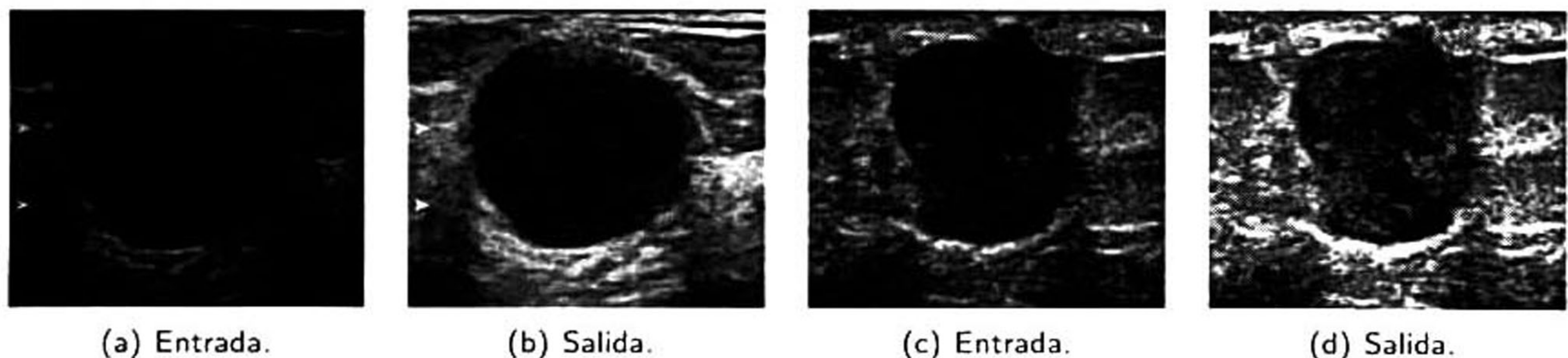


Figura 3.8: Resultados de la implementación del algoritmo CLAHE.

3.3.1.2. Filtrado del artefacto speckle

Una vez mejorado el contraste de la imagen de ultrasonido el siguiente paso es el filtrado del artefacto *speckle*. Como parte fundamental del procesamiento digital de imágenes el objetivo del filtrado de la imagen consiste en suavizar las variaciones locales de intensidad entre píxeles, para facilitar el proceso de extracción de información y características relevantes. Los filtros espaciales son aquellos que operan directamente sobre los píxeles de la imagen y se pueden clasificar en dos grandes grupos:

1. **Filtros lineales:** Utilizan un *kernel* simétrico de coeficientes para modificar los valores de los niveles de gris de la imagen mediante la operación de convolución. Dentro de este tipo de filtros podemos citar al filtro de medias [10, 33], media adaptativo [24, 53] y filtro Gaussiano [13].
2. **Filtros no lineales:** Emplean una máscara simétrica para modificar los valores de los píxeles contenidos dentro de la misma mediante operaciones estadísticas como el filtro de mediana [10, 33], filtro de mediana adaptativo [69, 26], la difusión no lineal [68], o los operadores morfológicos como apertura y cerradura [13].

Cuando se diseña un filtro se debe tomar en cuenta el compromiso entre el suavizado de la imagen y la preservación de detalles del contorno de los objetos. El filtro de difusión anisotrópico (FDA), es un filtro no lineal introducido por Perona y Malik [68], que ha sido ampliamente utilizado para reducir el ruido en imágenes sin suavizar demasiado los bordes entre regiones homogéneas. El FDA se define por la siguiente ecuación diferencial parcial:

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \text{div} [c(|\nabla I|)\nabla I], \quad (3.1)$$

donde, $|\cdot|$, ∇ y div representan la magnitud, el gradiente y el operador de divergencia, respectivamente, mientras que la función $c(\cdot)$ representa el coeficiente de difusión expresado como:

$$c(\nabla I) = [1 + (\nabla I/\kappa)^2]^{-1}, \quad (3.2)$$

donde κ es una constante que controla la difusión de la imagen, la cual es calculada automáticamente mediante el estimador de ruido propuesto por Canny [11].

Sin embargo, debido a que las imágenes de ultrasonido no poseen una intensidad uniforme a causa del bajo contraste, las sombras acústicas y una elevada potencia de artefacto *speckle*, Alemán-Flores *et al.* [60] proponen utilizar descriptores de texturas para enfatizar el borde de distintos tejidos que, se asume, poseen texturas diferentes. Es por esta razón que para filtrar el artefacto *speckle* se implementó el filtro de difusión anisotrópico basado en la descripción de texturas a partir de las respuestas de un conjunto de filtros de Gabor (FDAG). Como primer paso, se debe generar un banco de filtros de Gabor que capturen la información de texturas de la imagen en el dominio de la frecuencia, en donde la función de Gabor está definida como una función Gaussiana desplazada a partir del origen a una frecuencia radial, u_0 , con una orientación específica ($\theta = 0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ$) como:

$$H(u, v) = \exp[-2\pi\sigma_x^2(u_\theta - u_0) + \sigma_y^2v_\theta^2] + \exp[-2\pi\sigma_x^2(u_\theta + u_0) + \sigma_y^2v_\theta^2], \quad (3.3)$$

donde:

$$u_\theta = u\cos(\theta) + v\sin(\theta), \quad (3.4)$$

$$v_\theta = v\cos(\theta) - u\sin(\theta), \quad (3.5)$$

y las frecuencias radiales, u_0 , son calculadas con respecto al ancho de la imagen, N_c , como:

$$3\sqrt{2}, 4\sqrt{2}, \dots, \log_2(N_c/4)\sqrt{2} \quad \text{ciclos/ancho} - \text{imagen}. \quad (3.6)$$

Por otro lado, las escalas de la función Gaussiana σ_x, σ_y , se determinan automáticamente en función del ancho de banda, b , como:

$$\sigma = \frac{\lambda}{\pi} \sqrt{\frac{\ln 2}{2}} \cdot \frac{2^b + 1}{2^b - 1}, \quad (3.7)$$

donde la longitud de onda, λ , se calcula como $\lambda = 1/u_0$.

Mediante la variación de u_0 , θ y b se pueden crear diferentes filtros de Gabor para describir diferentes texturas. Las frecuencias se calculan de manera automática en función del ancho de la imagen, las orientaciones se determinaron en intervalos de 45° , mientras que el ancho de banda $b = 2$ [41].

En la Figura 3.9 se muestra el conjunto de filtros de Gabor, en el dominio de la frecuencia, calculados mediante la configuración mencionada anteriormente.

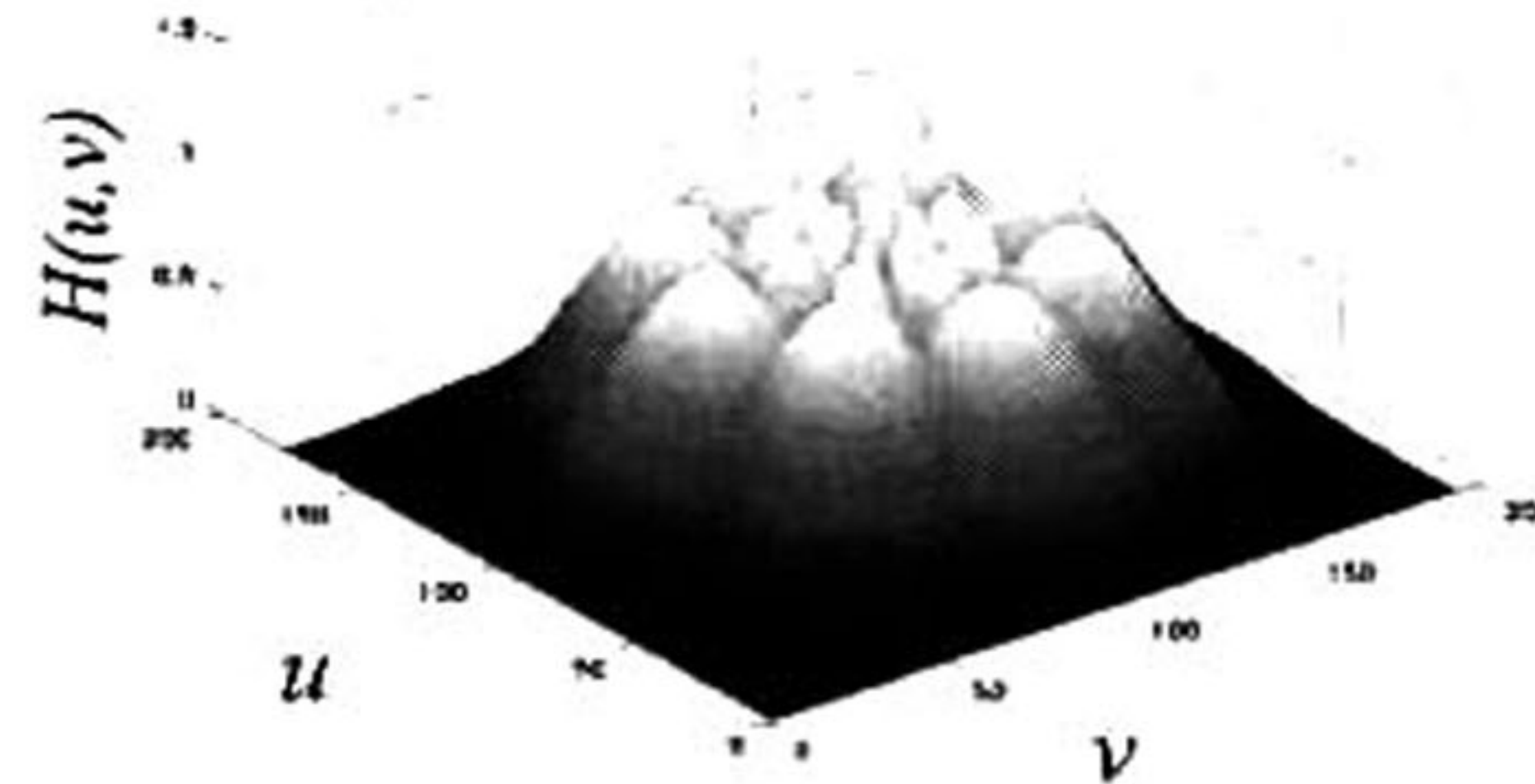


Figura 3.9: Banco de de filtros de Gabor calculados mediante un ancho de banda $b = 2$ a intervalos de 45°

Una vez generado el banco de filtros de Gabor se realiza una descomposición multicanal de la imagen de entrada en el dominio de la frecuencia, para generar un conjunto de imágenes con las respuestas de cada textura. Posteriormente, se aplica la transformada inversa de Fourier y se calcula el gradiente en cuatro direcciones espaciales (*i.e.* norte, sur, este, oeste). Después, se computa la magnitud del gradiente para cada una de las direcciones (*i.e.* respuesta conjunta del gradiente de las imágenes de textura), sobre las cuales se calcula el coeficiente de difusión $c(|\nabla_\delta R_n|)$, en donde c tiende a cero cuando se encuentre cerca de los límites de la lesión y tiende a 1 en regiones homogéneas. Como último paso se calcula la divergencia, es decir, la sumatoria de las respuestas de los gradientes de la imagen de entrada ponderadas por el coeficiente de difusión para una dirección espacial específica en un tiempo t . Todo este proceso se repite hasta que t sea igual al número máximo de iteraciones preestablecido. El Algoritmo 2 muestra el procedimiento del filtro FDAG descrito anteriormente.

Algoritmo 2 Filtro FDA Gabor**Entrada:** Imagen mejorada en contraste $I_C(x, y)$, θ , b .**Salida:** Imagen filtrada $I_F(x, y)$.

- 1: Generar N kernels de Gabor: $G_n(\theta, b)$.
- 2: **repetir**
- 3: **para** $n \leftarrow 1$ hasta N **hacer**
- 4: Filtrar imagen: $R_n^t = I_C(x, y)^t * G_n$;¹
- 5: Calcular Gradiente: $\nabla_\delta R_n^t$, $\delta = N, S, E, O$;
- 6: **fin para**
- 7: Computa la magnitud de los 4 gradientes:
 $|\nabla_\delta R_n^t| = [\sum_{i=1}^n (\nabla_\delta R_n^t)^2]^{\frac{1}{2}}$;
- 8: Computa el coeficiente de difusión:
 $c(|\nabla_\delta R_n^t|), c(\alpha) = \frac{1}{1+(\frac{\alpha}{\kappa})^2}$;
- 9: Computa el gradiente de la imagen filtrada en el tiempo t :
 $\nabla_\delta I_C(x, y)^t, \delta = N, S, E, O$;
- 10: Computa la divergencia:
 $I_C(x, y)^{t+1} = \text{div} [c(|\nabla_\delta R_n^t|) \nabla_\delta I_C(x, y)^t]$;
- 11: **hasta que** $t =$ número máximo de iteraciones.
- 12: $I_F(x, y) = I_C(x, y)^{t+1}$;

¹ Por el teorema de convolución: $f(x, y) * h(x, y) = F^{-1}[F(f(x, y)) \cdot H(u, v)]$.

En la Figura 3.10 se muestran los resultados de la aplicación del filtro FDAG aplicado a dos imágenes de ultrasonido mejoradas en contraste. Como se puede observar el resultado de este filtro tiende a suavizar regiones homogéneas y a realzar los bordes de las lesiones.

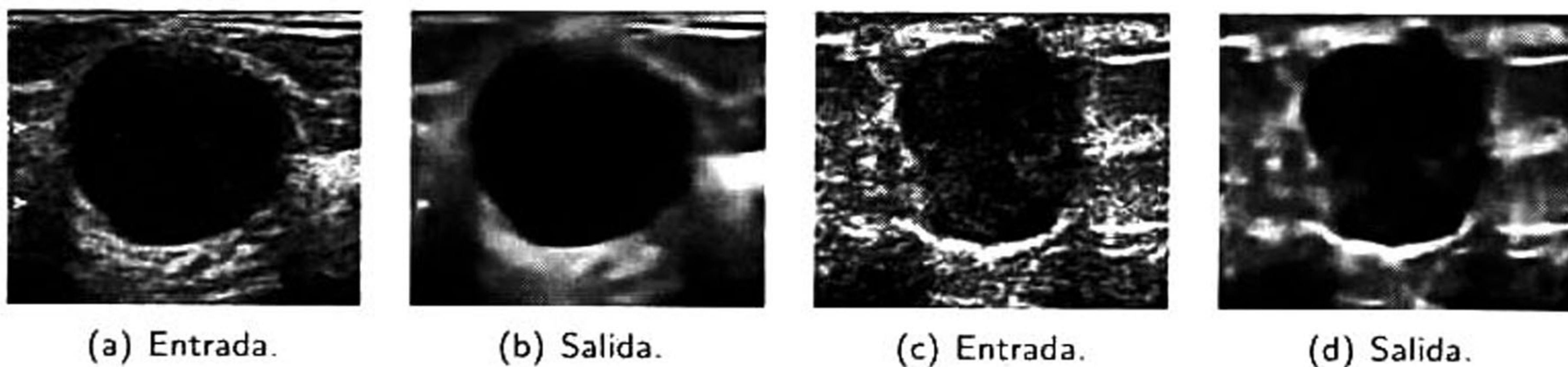


Figura 3.10: Resultados de filtro FDAG.

3.3.1.3. Enfatización de la lesión

El tercer paso en el preprocesamiento de la imagen consiste en enfatizar la lesión. Este procedimiento se lleva a cabo mediante la multiplicación del complemento de la imagen filtrada, $I_F(x, y)$,

por una función de restricción Gaussiana, $G(x, y)$, concéntrica a la lesión mediante la cual se logra atenuar aquellos píxeles lejanos que poseen niveles de gris similares a los de la región del tumor [37]. Entonces, la lesión enfatizada se define como:

$$J(x, y) = G(x, y) \left[1 - \frac{I_F(x, y)}{\max(I_F(x, y))} \right], \quad (3.8)$$

donde la función Gaussiana, $G(x, y)$, es calculada mediante:

$$G(x, y) = \frac{\exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\frac{(x-\mu_x)^2}{\sigma_w^2} + \frac{(y-\mu_y)^2}{\sigma_h^2} \right] \right\}}{2\pi\sqrt{\det K}}, \quad (3.9)$$

y la matriz de covarianza diagonal K se define como:

$$K = \begin{pmatrix} \sigma_w^2 & 0 \\ 0 & \sigma_h^2 \end{pmatrix} \quad (3.10)$$

Las desviaciones estándar (σ_w, σ_h) son definidas mediante la estimación manual de los límites de la lesión a través del marcado de cuatro puntos a lo ancho (w_1, w_2) y largo (h_1, h_2) de la misma. Estas desviaciones son calculadas como:

$$\sigma_w = \frac{w_2 - w_1}{2}, \sigma_h = \frac{h_2 - h_1}{2}. \quad (3.11)$$

Posteriormente, el centroide de la función Gaussiana, (μ_x, μ_y) , es calculado como:

$$(\mu_x, \mu_y) = \left(w_1 + \frac{w_2 - w_1}{2}, h_1 + \frac{h_2 - h_1}{2} \right) \quad (3.12)$$

A continuación se muestran algunas imágenes en tres dimensiones pertenecientes al proceso de enfatización de la lesión, donde se observa claramente el objetivo principal de esta última etapa de preprocesamiento. En las Figuras 3.11a y 3.11b se observa la imagen filtrada $I_F(x, y)$ y su respectiva

función de restricción Gaussiana $G(x, y)$. La lesión enfatizada $J(x, y)$ se muestra en la Figura 3.11d como resultado de multiplicar el complemento de la imagen filtrada $\overline{I_F(x, y)}$ (3.11c) con la función de restricción Gaussiana (3.11b).

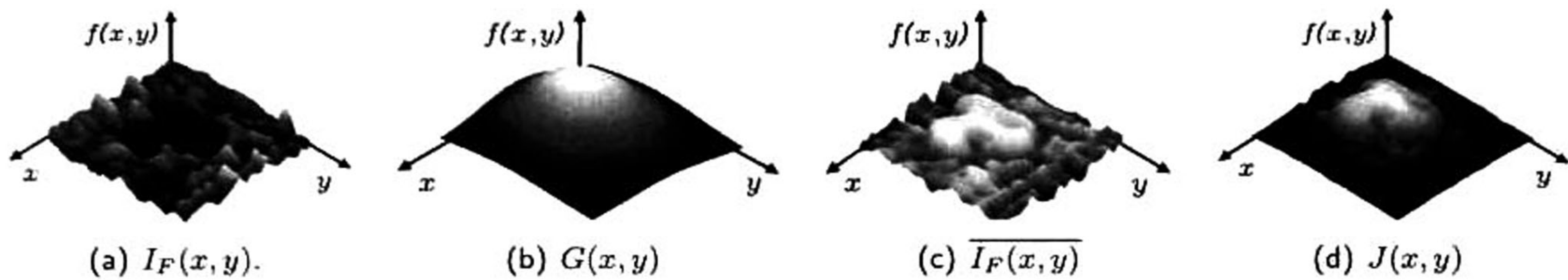


Figura 3.11: Proceso de enfatización de la lesión.

3.3.2 Etapa de segmentación

Los seres humanos tenemos una habilidad extraordinaria para reconocer, clasificar y discriminar objetos con extrema facilidad. Por ejemplo, si una persona se encuentra dentro de un salón de clase y se le pide que encienda la luz, no le tomará más de un segundo o dos localizar el interruptor. Incluso si éste se encuentra en un lugar distinto al esperado o si su forma es diferente, no le será difícil localizarlo. Los seres humanos no necesitamos cientos de ejemplos para identificar objetos similares. Por ejemplo, sólo necesitamos observar a un par de perros y después seremos capaces de reconocer perros, incluso si son de distintas razas. Esta habilidad de reconocimiento también la poseen los animales en mayor o menor medida.

Todos estos procesos de reconocimiento, clasificación y discriminación comienzan en los ojos, donde los fotorreceptores de la retina se encargan de capturar la información óptica y transformarla en impulsos eléctricos. El nervio óptico transmite los impulsos eléctricos hacia el cerebro, donde son procesados en la corteza visual. La corteza visual se encarga de dividir la información recibida en movimiento, color, formas, etc., dándonos así la capacidad de reconocer los diferentes objetos percibidos. Por otro lado, las computadoras necesitan una gran cantidad de memoria y grandes velocidades de cómputo para emular algunos procesos básicos que ocurren en el cerebro humano. Es por esta razón que muchos científicos han estado trabajando en el campo de las neurociencias, tratando de

emular la corteza visual humana debido a dos razones principales: *i*) la corteza visual es una parte del cerebro que posee un procesador de imágenes eficiente; *ii*) posee un fundamento matemático que le da validez científica a los algoritmos desarrollados [50].

Es por este motivo que los modelos corticales (*i.e.* modelos simplificados de la corteza visual) surgieron por la necesidad de contar con nuevas metodologías que realizaran tareas de procesamiento digital de imágenes y reconocimiento con una buena precisión y tiempo de cómputo razonables. Estos modelos se inspiraron en las habilidades que poseen los seres humanos para reconocer, clasificar y discriminar objetos. Sin embargo, debido a la gran complejidad del sistema visual humano, las primeras contribuciones de los modelos matemáticos corticales se realizaron emulando la corteza visual de mamíferos pequeños.

El primer trabajo fue propuesto por Hodgkin y Huxley en 1952 [36], su modelo cortical describe cómo se inician y transmiten los potenciales de acción en la neuronas. Años después se publicó otro avance matemático importante conocido como el modelo de Fitzhugh-Nagumo [28, 63], en el cual el comportamiento de la neurona es descrito como un oscilador no lineal. Este modelo de oscilador acoplado sería tomado como base para otros modelos propuestos posteriormente.

En 1989, Eckhorn [25] descubrió que las oscilaciones en la corteza visual del gato generan imágenes binarias de las que se pueden extraer diferentes características de las impresiones visuales para generar una imagen. En este modelo, cada neurona posee dos entradas: *feeding* (alimentación) y *linking* (enlace). El *feeding* recibe tanto estímulos externos como estímulos locales, mientras que el *linking* únicamente recibe estímulos locales. Después, ambas entradas son integradas para crear el voltaje de membrana, el cual es comparado con un umbral local para producir una salida (Figura 3.12).

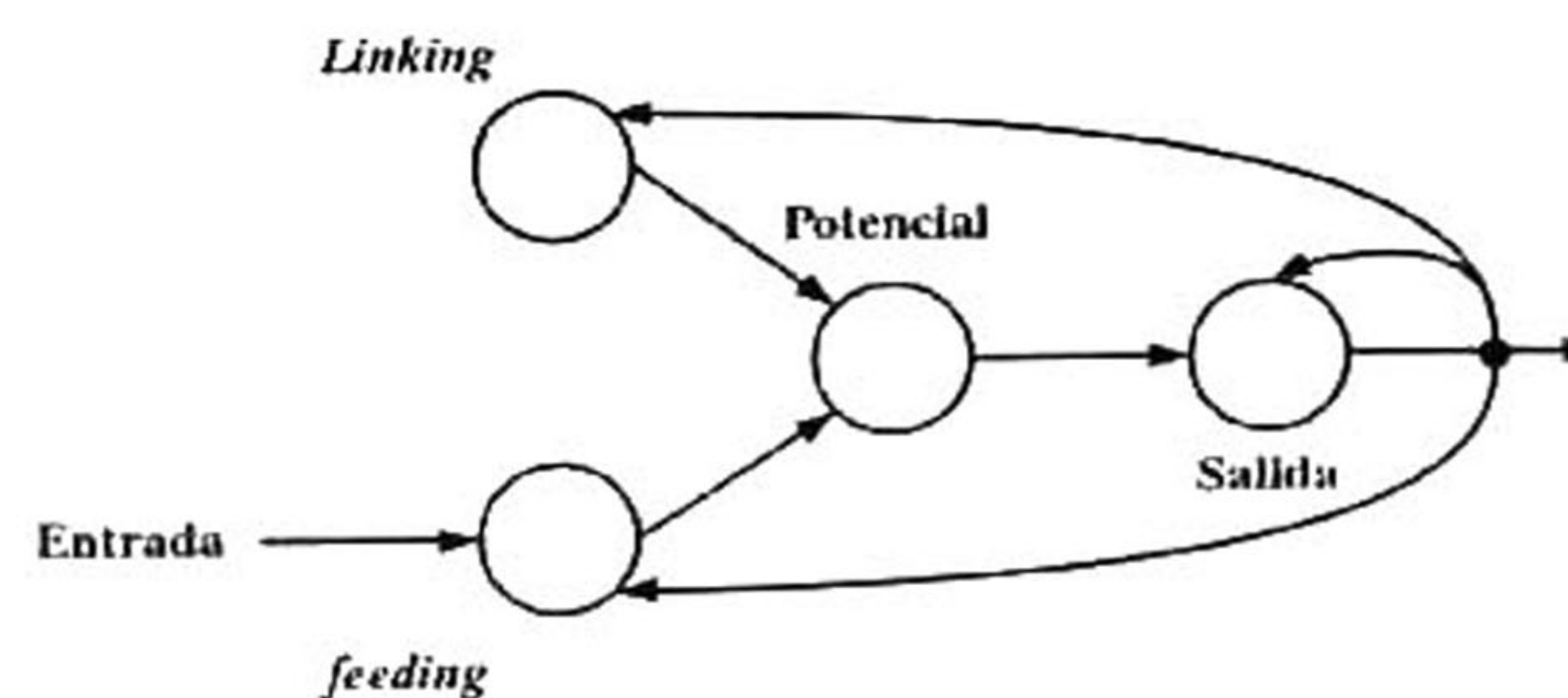


Figura 3.12: Modelo neuronal de Eckhorn.

3.3.2.1. Red Neuronal Pulso Acoplada

La red neuronal pulso acoplada (PCNN) [56, 50, 55] es un modelo bioinspirado basado en el trabajo propuesto por Eckhorn y utilizada para tener un alto desempeño biomímico en el procesamiento de imágenes. La PCNN es un tipo de red recurrente, la cual tiene una relación 1:1 con los píxeles de la imagen, es decir, a cada píxel le corresponde una neurona (ver Figura 3.14). Cada neurona está compuesta de tres etapas: entrada, conexión y generación de pulsos. La etapa de entrada se compone de dos capas: la capa de alimentación y la capa de enlace. Cada una de estas capas se comunica con sus neuronas vecinas, dentro de un radio específico, a través de los pesos sinápticos W (alimentación) y M (enlace), respectivamente. Dichos pesos definen la cantidad de información de las neuronas vecinas que entra a una neurona central, de manera que la contribución de las unidades vecinas decae en función de la distancia (Figura 3.13).

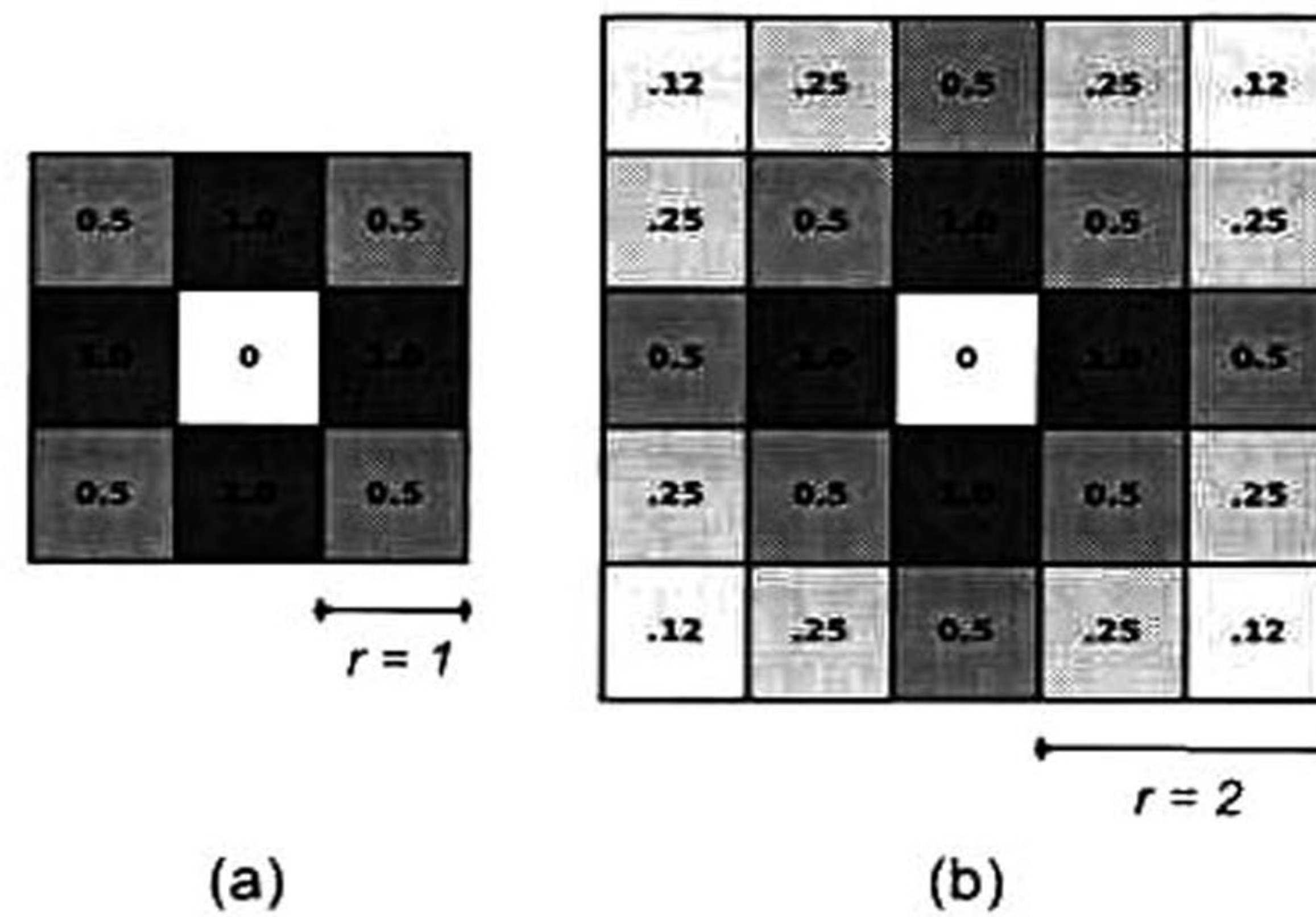


Figura 3.13: Matrices de pesos sinápticos: (a) matriz de tamaño 3x3 generada con un radio $r = 1$, (b) matriz de tamaño 5x5 generada con un radio $r = 2$.

Cada entrada (alimentación y enlace) retiene su estado previo atenuado con un factor de decaimiento. Solamente la capa de alimentación recibe el estímulo $S_{i,j}$, definido como el nivel de gris normalizado entre $[0,1]$ del píxel (i,j) de la imagen de entrada. Los valores de cada una de estas capas son determinados mediante:

$$F_{i,j}[n] = e^{-\alpha_F} F_{i,j}[n-1] + S_{i,j} + V_F \sum_{kl} M_{ijkl} Y_{kl}[n-1], \quad (3.13)$$

$$L_{i,j}[n] = e^{-\alpha_L} L_{i,j}[n-1] + V_L \sum_{kl} W_{ijkl} Y_{kl}[n-1], \quad (3.14)$$

donde, $F_{i,j}$ y $L_{i,j}$ representan la capa de alimentación y enlace, respectivamente. Y_{kl} representa la salida de la red neuronal en una iteración previa, $[n-1]$. Ambas capas tienen una memoria del estado previo que decae en el tiempo mediante las constantes $e^{-\alpha_F}$ y $e^{-\alpha_L}$. V_F y V_L son constantes de normalización para escalar la correlación entre las capas receptoras y prevenir la saturación. El resultado de la capa de alimentación y enlace son combinados en la etapa de conexión para crear el estado interno de la neurona, U . La combinación es controlada mediante el factor de enlace β . Este estado interno es calculado mediante:

$$U_{i,j}[n] = F_{i,j}[n] (1 + \beta L_{i,j}[n]). \quad (3.15)$$

Posteriormente, el estado interno de la neurona, U , es comparado con un umbral dinámico, T , para producir la salida, $Y_{i,j}$, mediante:

$$Y_{i,j}[n] = \begin{cases} 1, & U_{i,j}[n] > T_{i,j}[n] \\ 0, & \text{otro caso} \end{cases} \quad (3.16)$$

El umbral T , se calcula de manera dinámica mientras las neuronas son disparadas mediante:

$$T_{i,j}[n] = e^{-\alpha_T} T_{i,j}[n-1] + V_T Y_{i,j}[n], \quad (3.17)$$

donde, $e^{-\alpha_T}$ es una constante de decaimiento del umbral y V_T , es una constante de normalización con una magnitud mayor al valor de U .

Como podemos observar en la Figura 3.14, el modelo clásico de PCNN posee nueve parámetros que deben ser sintonizados simultáneamente ($V_F, V_L, V_T, e^{-\alpha_F}, e^{-\alpha_L}, e^{-\alpha_T}$, radio de M y W, β y n), lo que aumenta su complejidad computacional. Por tal motivo, a partir de la PCNN han surgido diversas variantes simplificadas con el único objetivo de reducir dicha complejidad. Es por esto que

se implementaron otras tres variantes de PCNN para realizar una comparativa y determinar cuál es la más viable para el desarrollo de nuestra metodología de segmentación. Las variantes en cuestión son: el modelo cortical de intersección (ICM) [47] y dos modelos simplificados de PCNN los cuales nombramos como: SPCNN1 [81] y SPCNN2 [86], respectivamente.

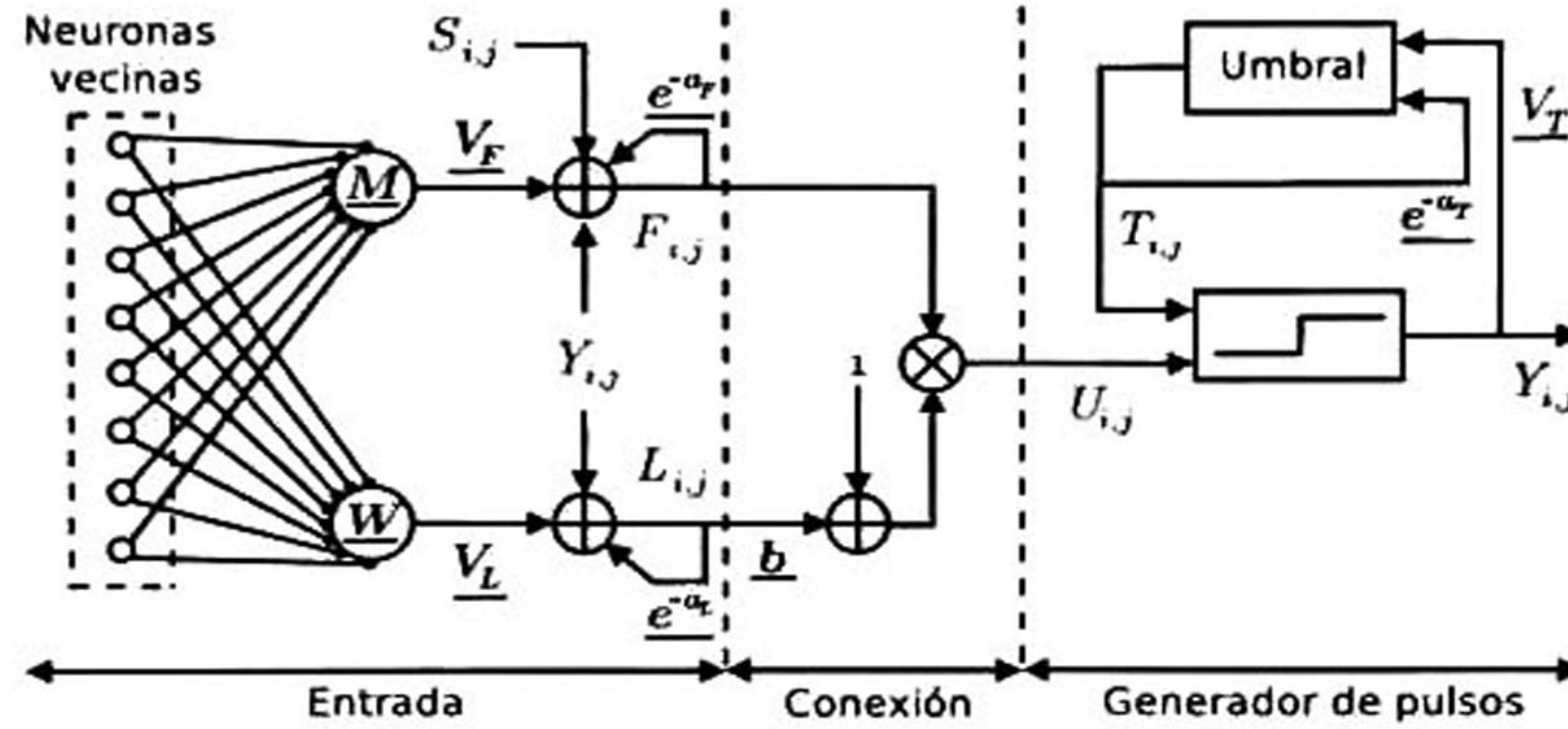


Figura 3.14: Modelo clásico de la PCNN. Subrayados se encuentran los diferentes parámetros que deben ser sintonizados, incluyendo el número de iteraciones.

3.3.2.2. Modelo Cortical de Intersección

En el año de 1996, Kinser introdujo el modelo cortical de intersección (ICM) [47], el cual fue especialmente diseñado para enfatizar características como bordes débiles o líneas mal definidas en imágenes. Es una versión simplificada de la PCNN y más rápida debido a su número reducido de ecuaciones. El modelo matemático se describe en las siguientes tres ecuaciones:

$$F_{i,j}[n] = fF_{i,j}[n - 1] + \sum_{kl} M_{ijkl}Y_{kl}[n - 1] + S_{i,j}, \tag{3.18}$$

$$Y_{i,j}[n] = \begin{cases} 1, & F_{i,j}[n] > T_{i,j}[n] \\ 0, & \text{otro caso} \end{cases}, \tag{3.19}$$

$$T_{i,j}[n] = gT_{i,j}[n - 1] + hY_{i,j}[n]. \tag{3.20}$$

Como podemos observar, este modelo es un caso especial de red neuronal en la que no existe una capa de enlace. La capa de alimentación $F_{i,j}$ (Ecuación 3.18) recibe el estímulo de entrada $S_{i,j}$, definido

como el nivel de gris normalizado entre $[0,1]$ del píxel (i, j) de la imagen de entrada. La salida del modelo ICM (Ecuación 3.19) representa algunos segmentos o bordes de los objetos de la imagen de entrada. El umbral T (Ecuación 3.20), se calcula de manera dinámica y es regulado mediante las constantes de normalización g y h que aseguran que el umbral decaiga de manera eventual cada vez que las neuronas son disparadas. En la Figura 3.15 se puede observar el diagrama a bloques del modelo cortical de intersección, el cual sólo depende de la sintonización de cinco parámetros.

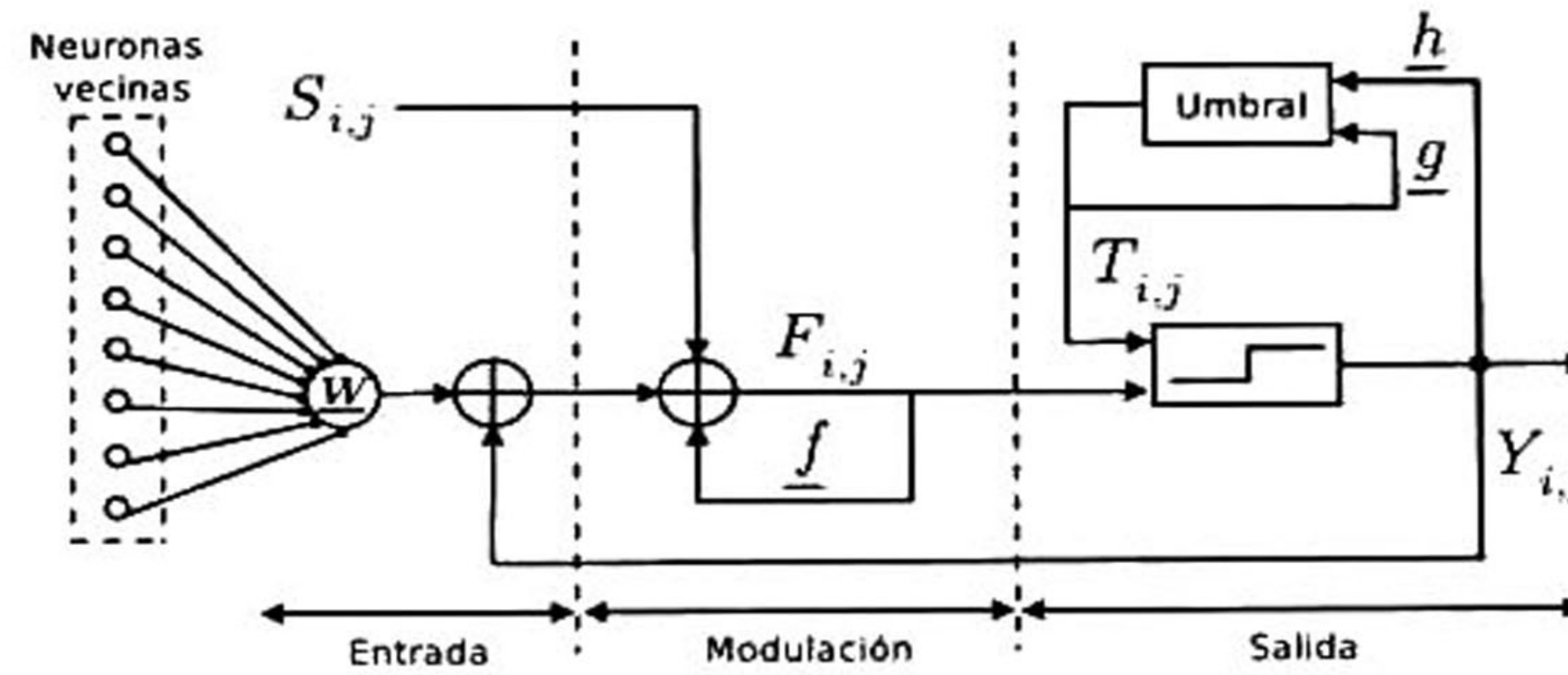


Figura 3.15: Modelo ICM. Subrayados se encuentran los diferentes parámetros que deben ser sintonizados, incluyendo el número de iteraciones.

3.3.2.3. Primer Modelo Simplificado de PCNN

Wei *et al.* [81] desarrollaron un modelo simplificado de PCNN que reduce el número de parámetros. Este modelo difiere con respecto a la PCNN en la capa de alimentación y enlace. La capa de alimentación se reduce solamente a la imagen $S_{i,j}$ en escala de grises normalizada entre 0 y 1, mientras que la capa de enlace es calculada mediante la convolución del resultado $Y_{i,j}$ y los pesos sinápticos W . El modelo matemático de la SPCNN1 se describe a continuación:

$$F_{i,j}[n] = S_{i,j}, \quad (3.21)$$

$$L_{i,j}[n] = \sum_{ijkl} W_{ijkl} Y_{kl}[n-1], \quad (3.22)$$

$$U_{i,j}[n] = F_{i,j}[n] (1 + \beta L_{i,j}[n]), \quad (3.23)$$

$$Y_{i,j}[n] = \begin{cases} 1, & U_{i,j}[n] > T_{i,j}[n] \\ 0, & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (3.24)$$

$$T_{i,j}[n] = e^{-\alpha_T} T_{i,j}[n-1] + V_T Y_{i,j}[n]. \quad (3.25)$$

En la Figura 3.16 se muestra el diagrama a bloques correspondiente a este modelo simplificado de PCNN, el cual depende de la sintonización de cinco parámetros.

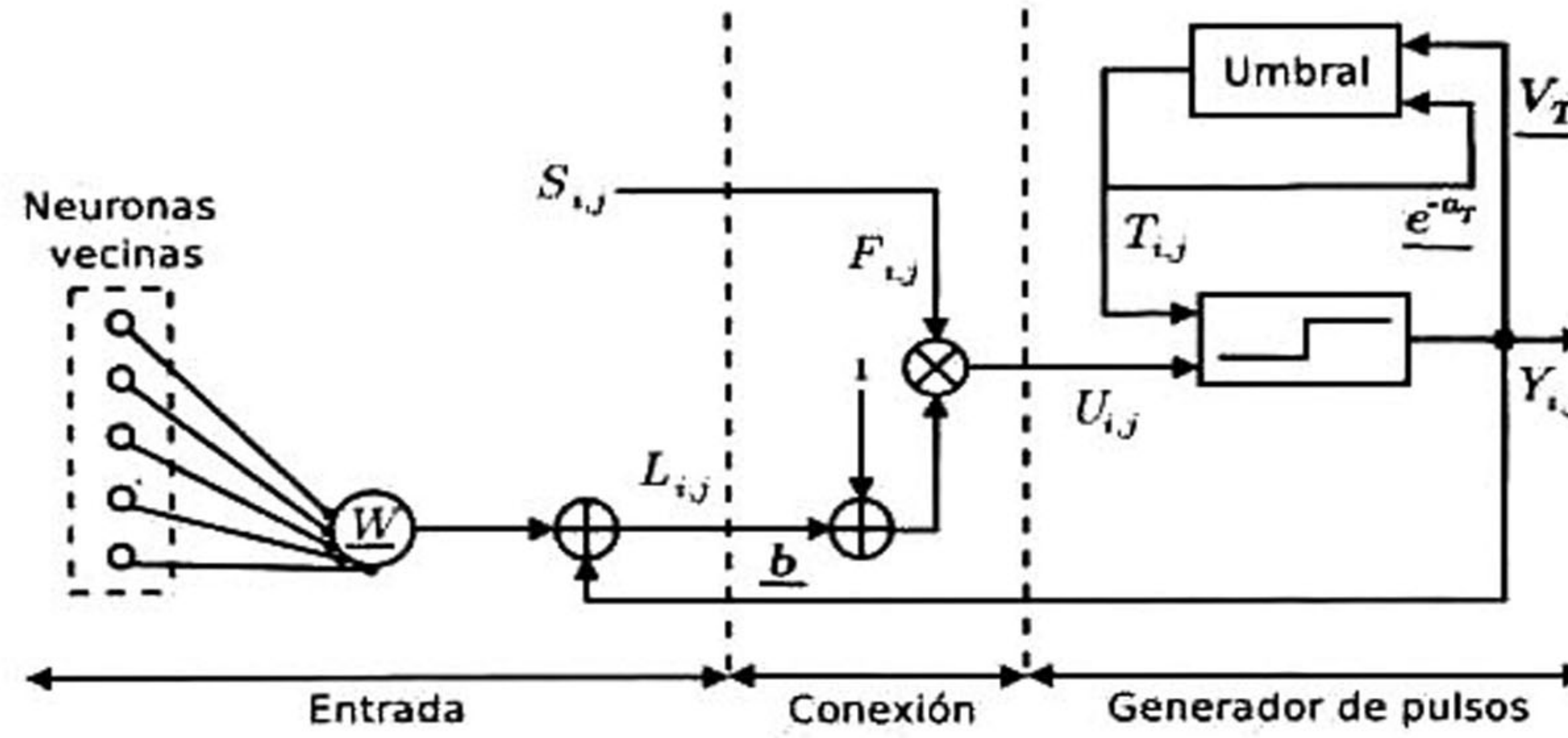


Figura 3.16: Modelo SPCNN1. Subrayados se encuentran los diferentes parámetros que deben ser sintonizados, incluyendo el número de iteraciones.

3.3.2.4. Segundo Modelo Simplificado de PCNN

Por otra parte, Yourui *et al.* [86] desarrollaron otro modelo simplificado de PCNN, este difiere con respecto al modelo SPCNN1 en el cálculo dinámico del umbral T (se observa en el generador de pulsos de la Figura 3.17), en el cual se elimina la multiplicación entre el factor de normalización V_T y la salida $Y_{i,j}$ del modelo cortical en una iteración anterior. Por tanto, el modelo SPCNN2 depende de la sintonización de cuatro parámetros. El modelo matemático y diagrama a bloques se muestran a continuación:

$$F_{i,j}[n] = S_{i,j}, \quad (3.26)$$

$$L_{i,j}[n] = \sum_{ijkl} W_{ijkl} Y_{kl}[n-1], \quad (3.27)$$

$$U_{i,j}[n] = F_{i,j}[n] (1 + \beta L_{i,j}[n]), \quad (3.28)$$

$$Y_{i,j}[n] = \begin{cases} 1, & U_{i,j}[n] > T_{i,j}[n] \\ 0, & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (3.29)$$

$$T_{i,j}[n] = e^{-\alpha\tau} T_{i,j}[n-1]. \quad (3.30)$$

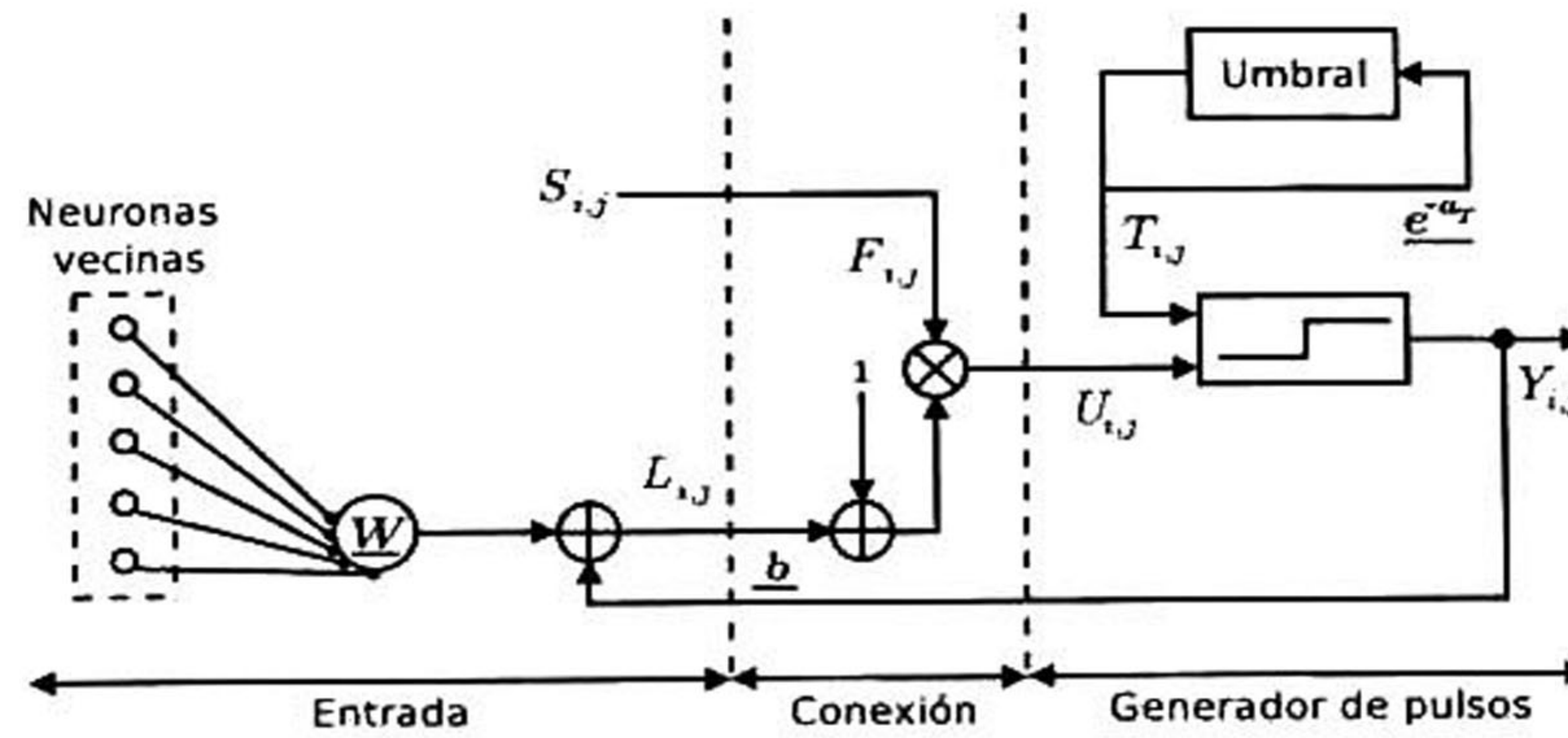


Figura 3.17: Modelo SPCNN2. Subrayados se encuentran los diferentes parámetros que deben ser sintonizados, incluyendo el número de iteraciones.

Como hemos visto, a partir de la PCNN han surgido distintas variantes que tratan de mejorar el desempeño del modelo original. Sin embargo, la eficiencia de estos modelos depende principalmente del valor asignado a sus parámetros de entrada para realizar una segmentación adecuada. Para ejemplificar esta afirmación se configuraron los parámetros de los cuatro modelos descritos anteriormente de acuerdo con valores propuestos en la literatura [55, 85, 81, 86]. Los resultados se pueden observar en la Figura 3.18, en donde los contornos de una lesión de mama segmentada por cada una de las variantes de PCNN pueden diferir del contorno esperado determinado por un radiólogo experto.

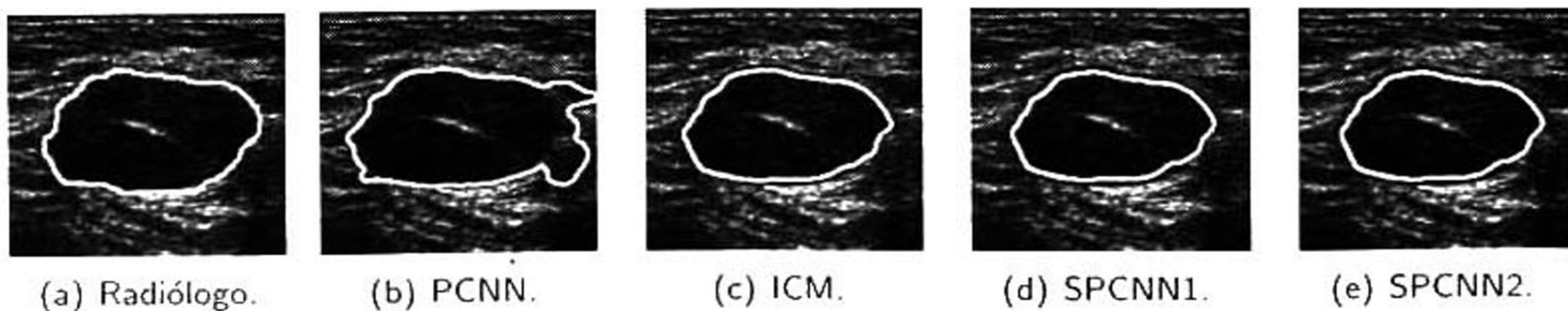


Figura 3.18: Resultados de segmentación de cada modelo cortical implementado.

Por otra parte, en la Tabla 3.1 se muestra el número total de parámetros que se deben sintonizar para cada modelo cortical desarrollado, incluyendo el número de iteraciones y el radio de los pesos sinápticos W y M .

Modelo cortical	Número de parámetros	Parámetros
PCNN	9	$V_F, V_L, V_T, e^{-\alpha_F}, e^{-\alpha_L}, e^{-\alpha_T}, \text{radio de } M \text{ y } W, \beta \text{ y } n$
ICM	5	$f, g, h, \text{radio de } W \text{ y } n$
SPCNN1	5	$V_T, e^{-\alpha_T}, \text{radio de } W, \beta \text{ y } n$
SPCNN2	4	$e^{-\alpha_T}, \text{radio de } W, \beta \text{ y } n$

Tabla 3.1: Número de parámetros a sintonizar de cada modelo cortical desarrollado.

3.3.3 Etapa de sintonización de parámetros

La idea principal de la sintonización de parámetros es ajustarlos de tal modo que minimicen el error de segmentación planteado en el Capítulo 1. Para minimizar este error de segmentación se plantea el uso de metaheurísticas poblacionales, ya que proveen soluciones aceptables en tiempos razonables para resolver problemas de optimización.

Las metaheurísticas poblacionales (P-metaheurísticas) se pueden ver como un proceso iterativo para la mejora de una población de soluciones. La mayoría de las P-metaheurísticas están inspiradas en la naturaleza, tales como los algoritmos evolutivos, optimización por cúmulo de partículas, optimización por colonia de hormigas, etc. En este trabajo de investigación se plantea el uso de la evolución diferencial (ED) como la P-metaheurística encargada de sintonizar los parámetros de cada modelo cortical.

3.3.3.1. Evolución diferencial

La ED es una P-metaheurística propuesta por Price y Storn en 1997 [77], cuya idea principal es usar una diferencia de vectores para perturbar una población de soluciones potenciales. Como cualquier algoritmo evolutivo, la ED inicializa aleatoriamente una población de N miembros ($N \geq 4$), donde cada vector i es un vector real D -dimensional, $\vec{x}_{i,j}$, con $i = 1, 2, \dots, N$ y $j = 1, 2, \dots, D$. Cada miembro

de la población se inicializa en el rango $[x_{min}, x_{max}]$ que representa los límites inferiores y superiores del espacio de búsqueda. Este algoritmo consta de tres pasos básicos: mutación, cruzamiento y selección.

- Mutación:

Para cada vector objetivo, $\vec{x}_{i,j}$, se crea un vector mutante (o donante), $\vec{v}_{i,j}$, el cual involucra tres miembros de la población ($\vec{x}_{r_1,j}, \vec{x}_{r_2,j}, \vec{x}_{r_3,j}$) seleccionados aleatoriamente (con $i \neq r_1 \neq r_2 \neq r_3$). El vector mutante se define como:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{r_1,j}(t) + F [\vec{x}_{r_2,j}(t) - \vec{x}_{r_3,j}(t)], \quad (3.31)$$

donde, F , es un factor de escala que controla la amplificación de la diferencia de vectores. Para este trabajo de tesis se implementaron los cinco diferentes tipos de mutación presentes en la literatura [21], los cuales se muestran a continuación:

1. DE/rand/1: Se eligen tres individuos al azar de entre toda la población para crear el vector mutante como:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{r_1,j}(t) + F \cdot [\vec{x}_{r_2,j}(t) - \vec{x}_{r_3,j}(t)]. \quad (3.32)$$

2. DE/best/1: Se elige el vector con el mejor valor de aptitud y dos vectores aleatorios para crear el vector mutante como:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{best}(t) + F [\vec{x}_{r_1,j}(t) - \vec{x}_{r_2,j}(t)]. \quad (3.33)$$

3. DE/rand-to-best/1: Utiliza dos pares de diferencias escaladas, en la primera diferencia participan el vector con el mejor valor de aptitud y el vector objetivo, mientras que en la segunda diferencia participan dos vectores aleatorios de la población:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{i,j}(t) + F \cdot [\vec{x}_{best}(t) - \vec{x}_{i,j}(t)] + F \cdot [\vec{x}_{r_2,j}(t) - \vec{x}_{r_3,j}(t)]. \quad (3.34)$$

4. DE/best/2: El vector mutante es formado utilizando el vector con el mejor valor de aptitud de la población y cuatro vectores aleatorios como:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{best}(t) + F \cdot [\vec{x}_{r_1,j}(t) + \vec{x}_{r_2,j}(t) + \vec{x}_{r_3,j}(t) + \vec{x}_{r_4,j}(t)]. \quad (3.35)$$

5. DE/rand/2: Se eligen cinco vectores aleatorios de la población para generar el vector mutante de la siguiente manera:

$$\vec{v}_{i,j}(t) = \vec{x}_{r_1,j}(t) + F [\vec{x}_{r_2,j}(t) - \vec{x}_{r_3,j}(t)] + F [\vec{x}_{r_4,j}(t) - \vec{x}_{r_5,j}(t)]. \quad (3.36)$$

■ Cruzamiento:

En esta segunda etapa del algoritmo ED se genera un vector de prueba, $\vec{u}_{i,j}$, combinando la información del vector objetivo, $\vec{x}_{i,j}$, y el vector donante, $\vec{v}_{i,j}$. Para este trabajo de tesis se implementaron los dos tipos de cruza presentes en la literatura: binomial (bin) y exponencial (exp).

1. Cruza binomial: Genera el vector de prueba, $\vec{u}_{i,j}$ mediante:

$$\vec{u}_{i,j}(t) = \begin{cases} \vec{v}_{i,j}(t), & \text{si } \text{rand}(0,1) < CR \\ \vec{x}_{i,j}(t), & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (3.37)$$

donde CR es un factor de cruzamiento que controla la cantidad de información que se copia del vector mutante al vector de prueba.

2. Cruza exponencial: Para generar el vector de prueba, $\vec{u}_{i,j}$, se genera un índice aleatorio d , entre 1 y D (dimensión del vector objetivo). A partir de ese índice se combina la información de $\vec{x}_{i,j}$ y $\vec{v}_{i,j}$, de acuerdo con el factor de cruza CR y el índice d como:

$$\vec{u}_{i,j}(t) = \begin{cases} \vec{v}_{i,j}(t), & \text{si } d \leq j \leq D \ \& \ \text{si } \text{rand}(0,1) < CR \\ \vec{x}_{i,j}(t), & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (3.38)$$

- Selección:

En esta tercera etapa de ED se determina cuál vector sobrevive a la siguiente generación (*i.e.*, el vector objetivo o el vector de prueba). Para realizar este paso se involucra la supervivencia del más fuerte, la cual se expresa como:

$$\vec{x}_{i,j}(t+1) = \begin{cases} \vec{u}_{i,j}(t), & \text{si } f(\vec{u}_{i,j}(t)) \leq f(\vec{x}_{i,j}(t)) \\ \vec{x}_{i,j}(t), & \text{otro caso} \end{cases}, \quad (3.39)$$

donde $f(x)$ es la función objetivo a ser minimizada o maximizada. Por tanto, si el vector de prueba, $\vec{u}_{i,j}$, obtiene un mejor valor cuando se evalúa en la función objetivo, reemplazará al vector objetivo, $\vec{x}_{i,j}$, en la siguiente generación, en caso contrario $\vec{x}_{i,j}$ se mantiene en la población.

3.3.4 Algoritmo de segmentación evolutivo basado en PCNN

3.3.4.1. Función objetivo

Una solución potencial está dada por el resultado de la segmentación de una lesión a partir de un modelo cortical, cuyos parámetros fueron configurados por el algoritmo de ED. Dicha solución debe evaluarse para determinar si la configuración que la generó permanecerá dentro de la población o será reemplazada, como lo estipula la Ecuación 3.39. Por tanto, se diseñó una función objetivo, la cual es una adaptación de la función de energía definida en la teoría de contornos activos geodésicos (GAC) [12], como:

$$f(\phi_i^t) = \frac{1}{N} \sum_{\hat{p} \in \phi_i^t} g(|\nabla J(\hat{p})|) |\nabla \phi_i^t| \kappa(\hat{p}) + \nabla g(|\nabla J(\hat{p})|) \nabla \phi_i^t, \quad (3.40)$$

donde ϕ_i^t es el i -ésimo contorno evaluado (obtenido por una configuración específica de parámetros) en la generación t , N es el número de puntos en ϕ_i^t , $g(|\nabla J|)$ es el mapa de aptitud, κ es la curvatura del contorno calculada como: $\kappa \nabla \cdot (\nabla \phi / |\nabla \phi|)$, y $\hat{p} = (x, y)$ es la localización de los píxeles de ϕ_i^t .

La idea fundamental de la función objetivo es cuantificar la energía de aquellos puntos del mapa de aptitud que están cubiertos por el contorno ϕ_i^t , de modo que si el contorno potencial ϕ_i^t se encuentra cerca de borde de la lesión $f(\phi_i^t) \approx 0$, de otro modo, $f(\phi_i^t) < 0$.

3.3.4.2. Mapa de aptitud

La idea básica del mapa de aptitud proviene de la topografía, donde la imagen podría contemplarse como un relieve topográfico que presenta ciertas características, tales como valles y montañas, que representan los bordes de las lesiones y regiones constantes, respectivamente. Para crear el mapa de aptitud se utilizó una representación en el espacio de escala, donde un *kernel* Gaussiano, h_σ , con una desviación estándar σ creciente, suaviza iterativamente la imagen enfatizada $J(x, y)$ para eliminar estructuras finas en el relieve topográfico. Posteriormente, la magnitud del gradiente de la imagen suavizada es sujeta a una transformación no lineal mediante la tangente hiperbólica. De esta manera el borde de una lesión, que posee la mayor fuerza del gradiente, estará representado por un valle profundo, en el cual se espera que "caiga" un contorno potencial, de modo que se maximice la energía de la función objetivo. El mapa de aptitud ese expresa como:

$$g(|\nabla J(x, y)|) = \tanh(\alpha \cdot |\nabla J(x, y) * h_\sigma|), \quad (3.41)$$

donde α es una variante de saturación que decrece linealmente de -0.05 a -0.01, para controlar de manera gradual la fuerza del gradiente. Finalmente, el mapa de aptitud es normalizado en un rango entre 0 y 1. En la Figura 3.19a se observa el suavizado Gaussiano de la imagen con la lesión enfatizada $J(x, y)$, mientras que la Figura 3.19b se muestra el mapa de aptitud después de aplicar la transformación no lineal. Para visualizar los valles profundos de los bordes de la lesión, en la Figura 3.19c se presenta el relieve topográfico del mapa de aptitud.

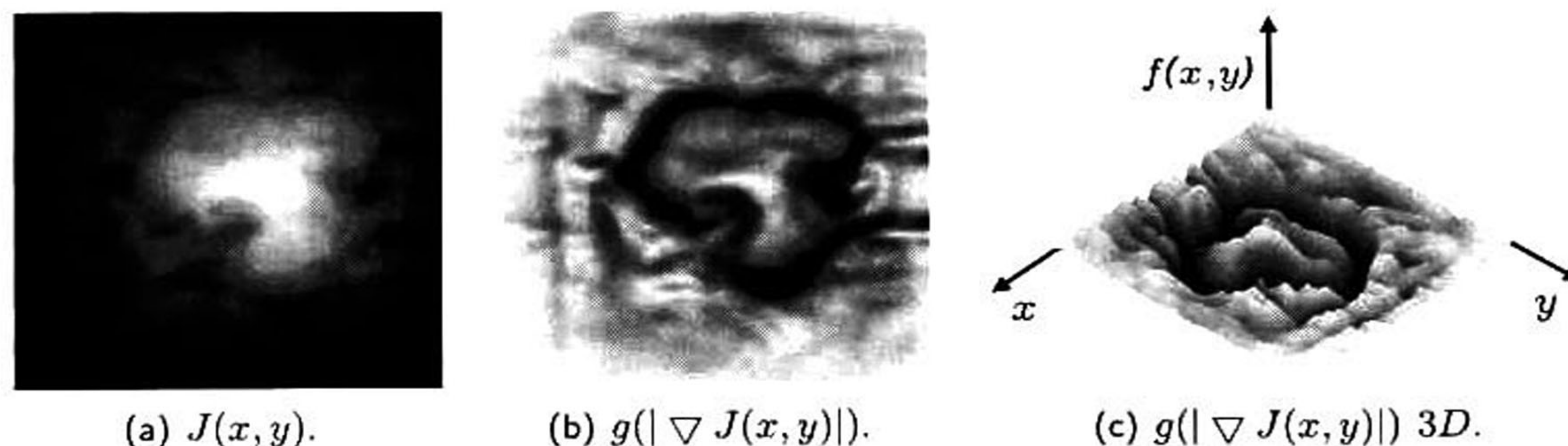


Figura 3.19: Ejemplo del mapa de aptitud aplicado en imágenes US. (a) representa la lesión enfatizada con la función de restricción Gaussiana, (b) muestra su respectivo mapa de aptitud y (c) presenta el relieve topográfico del mapa de aptitud.

3.3.4.3. Algoritmo de segmentación propuesto

El Algoritmo 3 muestra el pseudocódigo del método de segmentación evolutivo basado en modelos corticales para lesiones de mama en imágenes de US. Al comienzo del algoritmo se inicializa una población de 15 individuos⁵ $\vec{x}_{i,j}$, de manera aleatoria en el espacio de búsqueda definido por los límites inferiores y superiores de cada variable a optimizar. Posteriormente, se segmenta la imagen enfatizada, $J(x, y)$, con la población inicial, $\vec{x}_{i,j}$, usando algún modelo cortical (PCNN, ICM, SPCNN1 o SPCNN2) establecido y se evalúa el resultado de cada individuo en la función objetivo, $f(\phi_{\vec{x}_{i,j}})$. Una vez evaluada la población inicial se realiza un proceso iterativo en donde para cada individuo de la población se crea un vector mutante, $\vec{v}_{i,j}$, que combina la información de dos o más individuos de la población dependiendo del tipo de mutación elegida (Sección 3.3.3.1). Posteriormente, se cruza la información del vector mutante, $\vec{v}_{i,j}$, con el vector objetivo, $\vec{x}_{i,j}$, para crear un vector de prueba, $\vec{u}_{i,j}$, a través de uno de los dos tipos de cruza mencionados anteriormente⁶ (Sección 3.3.3.1). Como siguiente paso se segmenta $J(x, y)$ con el vector de prueba; si el resultado evaluado en la función de aptitud es mejor que el resultado del vector objetivo, entonces este último se reemplaza con el vector de prueba, de otro modo el vector objetivo permanece en la población. Con este reemplazo se asegura

⁵Como lo dictamina la Sección 3.3.3.1 el número máximo de individuos involucrados en cada generación del algoritmo ED pueden ser seis, se eligió tener una población de 15 individuos para tener un conjunto aceptable de soluciones.

⁶Los factores de mutación y cruza fueron decreciendo linealmente en un rango entre .95 y .45, con el único fin de hacer más elitista la evolución con el paso de las generaciones.

que la población de soluciones mejore en cada iteración del algoritmo. Este procedimiento se repite hasta que se cumpla el número máximo de iteraciones (definido en 300 generaciones) o el resultado del mejor individuo de la población no cambie después de 30 generaciones.

Algoritmo 3 Algoritmo evolutivo de segmentación basado en modelos corticales

Entrada: $J(x, y)$, $maxgen$, L_{inf} , L_{sup} , $Red = (PCNN|ICM|SPCNN1|SPCNN2)$.

Salida: Contorno generado por el mejor individuo ϕ^*

- 1: Inicializar aleatoriamente la población inicial $\bar{x}_{i,j}^0$;
 - 2: Segmentar con la población inicial: $\phi_{\bar{x}_{i,j}^0} = Red_{\bar{x}_{i,j}^0}(J(x, y))$;
 - 3: Evaluar el resultado de la población inicial: $f(\phi_{\bar{x}_{i,j}^0})$;
 - 4: **repetir**
 - 5: **para** todos los individuos **hacer**
 - 6: Disminuir linealmente el factor de cruce y mutación: $fmc = (L_{inf} - L_{sup}) \cdot \frac{t}{maxgen} + L_{sup}$;^{*}
 - 7: Crear vector mutante: $\bar{v}_{i,j}^t = mutación(\bar{x}_{i,j}^t, fmc)$;
 - 8: Crear vector de prueba: $\bar{u}_{i,j}^t = cruce(\bar{x}_{i,j}^t, \bar{v}_{i,j}^t, fmc)$;
 - 9: Segmentar con el vector de prueba, $\phi_{\bar{u}_{i,j}^t} = Red_{\bar{u}_{i,j}^t}(J(x, y))$;
 - 10: **si** $f(\phi_{\bar{u}_{i,j}^t}) \geq f(\phi_{\bar{x}_{i,j}^t})$ **entonces**
 - 11: $\bar{x}_{i,j}^t = \bar{u}_{i,j}^t$;
 - 12: **si no**
 - 13: $\bar{x}_{i,j}^t = \bar{x}_{i,j}^t$;
 - 14: **fin si**
 - 15: **fin para**
 - 16: Identificar el individuo de la generación con mayor valor de aptitud ϕ^* ;
 - 17: $t++$;
 - 18: **hasta que** $t = maxgen$ o convergencia.
-

^{*} $L_{inf} = 0.45$, $L_{sup} = 0.95$.

4

Experimentación y resultados

La etapa de experimentación consistió en determinar qué combinación de entre los cuatro modelos de redes neuronales (PCNN, ICM, SPCNN1, SPCNN2) y las diez variantes de ED presentó el mejor desempeño para segmentar lesiones de mama en imágenes de ultrasonido. En la Tabla 4.1 se muestran las diez variantes de ED utilizadas para sintonizar los parámetros de los cuatro modelos de redes neuronales. A partir de este punto nos referiremos a cada variante de ED por su respectivo código de la Tabla 4.1.

CÓDIGO	VARIANTE DE ED
1	best/1/exp
2	rand/1/exp
3	rand-to-best/1/exp
4	best/2/exp
5	rand/2/exp
6	best/1/bin
7	rand/1/bin
8	rand-to-best/1/bin
9	best/2/bin
10	rand/2/bin

Tabla 4.1: Variantes de evolución diferencial.

Cuarenta distintos algoritmos de segmentación resultaron de la combinación de modelo cortical y

variante de ED. El desempeño de cada uno de ellos se determinó utilizando el banco de imágenes reales y simuladas descritos en la Sección 3.2. Para medir la exactitud se comparó la salida de cada algoritmo de segmentación en contra de referencias obtenidas mediante la delineación manual de dos radiólogos o a través del conjunto de patrones binarios utilizados en la simulación de las imágenes de US.

4.1 Evaluación de desempeño

La evaluación del desempeño define el grado de coherencia entre el algoritmo de segmentación, S_c , y una referencia o salida deseada, S_r . Este grado de coherencia es medido en términos del error del área, que involucra cuatro métricas básicas: *i*) falsos positivos FP : denota el área identificada falsamente como lesión por S_c en comparación con S_r ; *ii*) falsos negativos FN : denota el área de S_m que no fue cubierta por S_r ; *iii*) verdaderos positivos VP : denota el área total de S_r que fue cubierta por S_c y *iv*) verdaderos negativos VN : denota el área total de S_r que no es parte de la lesión y que fue excluida por S_c . En la Figura 4.1 se muestra gráficamente cada una de estas métricas.

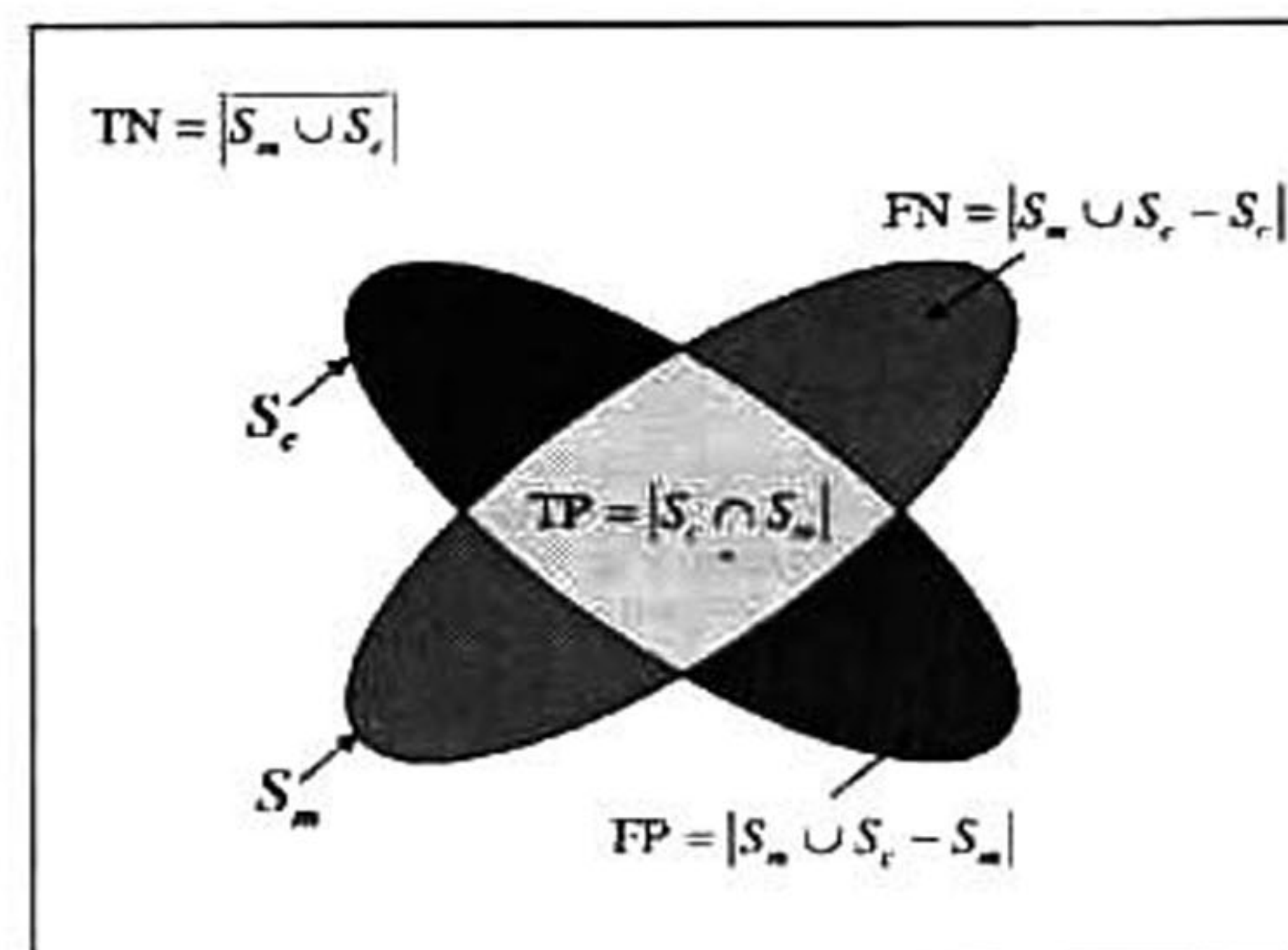


Figura 4.1: Métricas del error del área.

A partir de las cuatro métricas del error del área se calcula la exactitud que determina qué tan correctamente S_c identifica la región perteneciente a la lesión y excluye el fondo, a través de la siguiente expresión:

$$AC = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN). \quad (4.1)$$

4.2 Experimentos realizados

Para este trabajo de investigación se realizaron dos tipos de experimentos para cuantificar la exactitud de los algoritmos de segmentación:

1. **Experimento A:** Este primer experimento fue orientado hacia la segmentación de imágenes reales de US. El banco de imágenes constó de 51 ultrasonografías segmentadas manualmente por dos radiólogos, dando un total de 102 imágenes de referencia. Debido a que la evolución diferencial posee un comportamiento estocástico cada una de las imágenes fue segmentada 31 veces por cada algoritmo de segmentación y se calculó la exactitud y el número de generaciones efectivas en cada ocasión.
2. **Experimento B:** Este segundo experimento estuvo orientado a la segmentación de imágenes simuladas. Como se mencionó en la Sección 3.2 la simulación de las imágenes de US consistió en reproducir el proceso físico de adquisición a través de un modelo matemático con la finalidad de evaluar el comportamiento de los algoritmos de segmentación propuestos ante distintos escenarios sin la influencia de la subjetividad humana en la delineación manual. Para realizar dicha experimentación cada una de las 620 imágenes fue segmentada por cada uno de los 40 algoritmos de segmentación y se calculó la exactitud y el número de generaciones efectivas en cada ejecución.

A partir de los datos obtenidos en cada experimento se realizaron un conjunto de pruebas estadísticas, las cuales fueron aplicadas con imparcialidad para obtener los contrastes estadísticos necesarios que nos ayudarán a plantear una serie de conclusiones objetivas acerca de los resultados obtenidos. Estas mismas nos ayudaron a determinar el mejor algoritmo de segmentación evolutivo para cada tipo de imágenes. El análisis estadístico y los resultados obtenidos de cada experimento se muestran a continuación.

4.3 Análisis estadístico

Hoy en día se cuenta con una gran variedad de pruebas estadísticas para el análisis de los datos. Sin embargo, para poder seleccionar la herramienta estadística adecuada se necesita conocer la naturaleza de los datos y su distribución. Los datos pueden poseer una naturaleza numérica o categórica. Los datos numéricos se expresan en números y pueden ser discretos o continuos, mientras que los datos categóricos son aquellos en los que cada muestra pertenece a una categoría de entre varias mutuamente excluyentes. Por otra parte, los datos pueden poseer una distribución normal cuando se distribuyen uniformemente alrededor de la media y la curva de distribución de frecuencias tiene forma Gaussiana o de campana, en este tipo de datos se aplican pruebas estadísticas paramétricas. Cuando la curva de distribución es asimétrica, se utilizan otro tipo de estudios llamados pruebas estadísticas no paramétricas o sin distribución.

4.3.1 Prueba de Shapiro-Wilk

Como nuestros datos poseen una naturaleza numérica de tipo continuo solo necesitamos conocer su distribución. Para conocer si los datos poseen una distribución normal se utilizó la prueba de *Shapiro-Wilk* [72], en la cual se plantea como hipótesis nula:

- H_0 : la muestra proviene de una población normalmente distribuida;

y como hipótesis alternativa:

- H_1 : la muestra proviene de una población con una distribución asimétrica.

Conociendo el comportamiento de la prueba estadística mediante el planteamiento de ambas hipótesis se pueden cometer básicamente dos tipos de errores: *i*) error de tipo I: que consiste en rechazar la hipótesis nula, H_0 , siendo verdadera y; *ii*) error de tipo II: el cual consiste en no rechazar la hipótesis nula, H_0 , siendo cierta la hipótesis alternativa, H_1 . Para poder resolver este problema, se fija un *nivel de confianza* que establece una cota de probabilidad para no cometer ambos errores. El nivel

de confianza se fija mediante unos porcentajes próximos al 100 % y se denota por $1 - \alpha$. Los valores usuales para α , denominado *nivel de significación*, suelen ser de 0.01, 0.05 ó 0.10 que expresados en porcentajes son el 1 %, 5 % y 10 %, que corresponden a niveles de confianza del 99 %, 95 % y 90 %, respectivamente.

El test de *Shapiro-Wilk* arroja un *valor-p* de los datos analizados en un rango entre 0 y 1 que nos muestra la probabilidad de tener el resultado que hemos obtenido si suponemos que la hipótesis nula, H_0 , es cierta. De este modo podemos inferir que:

- Si el *valor-p* es inferior al nivel de significación se rechaza la hipótesis nula, H_0 , y se infiere que los datos poseen una distribución asimétrica.
- Si el *valor-p* es mayor al nivel de significación se acepta la hipótesis nula, H_0 , y se infiere que los datos poseen una distribución normal.

Entonces, al aplicar la prueba de *Shapiro-Wilk* a los experimento A y B (descritos en la Sección 4.2) se observó que los datos poseen una distribución asimétrica. La prueba se aplicó con un nivel de significación $\alpha = 0.05$, el cual fue elegido por ser el valor estándar en las pruebas estadísticas para investigaciones científicas.

4.3.2 Prueba de Kruskal-Wallis

Una vez que se estableció que los datos no siguen una distribución normal, la siguiente etapa sería determinar si existe una diferencia estadística significativa entre grupos, es decir, determinar si existen suficientes evidencias estadísticas que determinen una diferencia entre las medianas de los algoritmos de segmentación basados en modelos corticales para ambos experimentos. Para comprobar esto se realizó la prueba de *Kruskal-Wallis* [49], el cual es un método de análisis de varianza (ANOVA) no paramétrico cuya hipótesis nula es:

- H_0 : las k medianas de los n grupos son iguales;

y como hipótesis alternativa:

- H_1 : al menos una de las k medianas de los n grupos es diferente.

En la Tabla 4.2 se muestra el resultado de aplicar la prueba estadística de *Kruskal-Wallis* con un nivel de confianza del 95 % para ambos experimentos. Para cada variante de modelo cortical se consideraron 10 grupos correspondientes a las variantes de ED que sintonizan los modelos.

MODELO CORTICAL	EXPERIMENTO A: IMÁGENES REALES	EXPERIMENTO B: IMÁGENES SIMULADAS
	VALOR-P	VALOR-P
ICM	0.9749	0.9545
PCNN	0.0731	0.8990
SPCNN1	0.9325	0.9999
SPCNN2	0.6978	1.0000

Tabla 4.2: Resultados de la prueba estadística de *Kruskal-Wallis*, $\alpha = 0.05$.

Cada uno de los *valores-p* pertenecientes a cada modelo cortical son mayores al nivel $\alpha = 0.05$, por lo que se acepta la hipótesis nula, H_0 , infiriéndose que no existe una diferencia estadística significativa entre los distintos grupos definidos por las variantes de ED.

4.3.3 Análisis de exactitud

Como se mencionó anteriormente, en este trabajo se desea comparar el desempeño de diversos algoritmos de segmentación basados en modelos corticales y sintonizados por ED. Hasta este punto sólo se ha realizado la prueba estadística de *Kruskal-Wallis*, la cual determinó que no existía una diferencia estadística entre cada una de las distintas muestras comparadas.

Para ratificar esta afirmación se decidió hacer uso de las gráficas de caja que permiten visualizar la distribución de cada muestra a través de la información de cuartiles. Los cuartiles son los tres valores que dividen una muestra en cuatro partes porcentualmente iguales, comúnmente llamados: Q_1 , que representa el 25 % de todos los valores de la muestra; Q_2 , que representa la mediana de la muestra; y Q_3 , que representa el 75 % de la distribución. Además de la información de los cuartiles de la muestra, las gráficas de caja permiten visualizar de manera compacta los valores atípicos así como

sus valores mínimos y máximos (Figura 4.2). Cabe señalar que en estos experimentos un valor atípico indica que el método de segmentación quedó muy distante de la referencia.

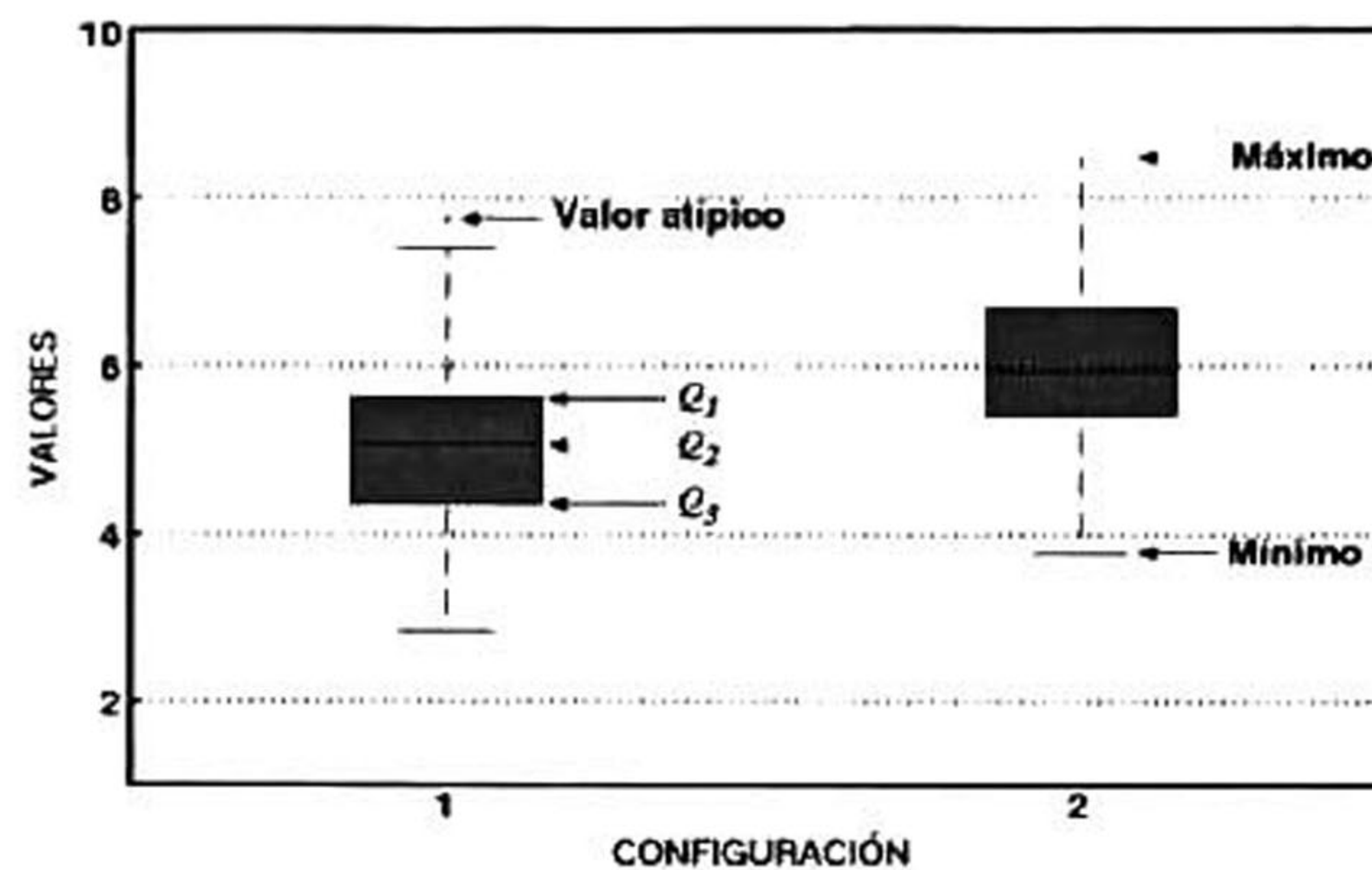


Figura 4.2: Partes que componen a una gráfica de caja.

4.3.3.1. Gráficas de caja: Imágenes reales

Las Figuras 4.3 - 4.6 muestran las gráficas de caja correspondientes al primer experimento orientado a la segmentación de imágenes reales. Cada gráfica representa los valores de exactitud para cada uno de los cuatro modelos de redes neuronales utilizados. Asimismo, cada gráfica contiene 10 cajas representan cada una de las variantes de evolución diferencial. En cada caja se visualiza la distribución de 3162 datos correspondientes a las 31 ejecuciones de cada una de las 51 imágenes reales, delineadas por dos radiólogos, así como su correspondiente mediana y la existencia de valores atípicos. Se observa en las gráficas de caja del "experimento A" que la exactitud global para todos los algoritmos de segmentación evolutivos se encuentra arriba del 90%. Sin embargo, existen valores atípicos que se encuentran por debajo del límite inferior. Para poder visualizar mejor estos resultados se analizó cada gráfica de caja y en la Tabla 4.3 se resumen los valores de cada cuartil (Q_1 , Q_2 , Q_3), los límites inferiores (L_I) y superiores (L_S) de cada combinación. De este modo, se determina fácilmente el número y porcentaje de valores atípicos, así como también la cantidad y porcentaje de datos que se encuentran arriba del límite inferior de cada caja. Como se observa en la Tabla 4.3, el

límite inferior de cada caja está por encima del 94 %, lo que demuestra que todos los algoritmos de segmentación evolutivos tienen un desempeño superior al 90 % para un porcentaje de entre el 95 % y 98 % de las ejecuciones. A partir de este análisis es posible afirmar que para las imágenes reales se logró superar el valor de exactitud planteado en nuestra hipótesis de investigación.

Por otra parte, estos resultados muestran que el comportamiento de los algoritmos de segmentación es muy homogéneo, lo que dificulta determinar qué algoritmo presenta un mejor desempeño. Por tanto, más adelante, en la Sección 4.3.4 se mostrará un análisis de convergencia para definir el algoritmo ganador.

4.3.3.2. Gráficas de caja: Imágenes simuladas

Las Figuras 4.7 4.10 muestran las gráficas de caja del segundo experimento orientado a la segmentación de imágenes simuladas. Al igual que el experimento anterior cada gráfica representa a uno de los cuatro modelos corticales. Dentro de cada gráfica se encuentra un conjunto de diez cajas, cada una de ellas muestra los valores de exactitud de 620 datos correspondientes a los 20 tipos de imágenes simuladas descritas en la Sección 3.2, así como su correspondiente mediana y valores atípicos.

Las gráficas de caja del “experimento B” muestran un comportamiento similar al “experimento A”, a excepción del número de valores atípicos reducidos en cada combinación debido al manejo de patrones binarios únicos utilizados en la simulación de imágenes de US que nos ayudan a eliminar la subjetividad humana de las delineaciones manuales. Por otra parte, se puede observar que al igual que el primer experimento cada combinación presenta una exactitud mayor al 90 %. En la Tabla 4.4 se muestran los valores de cada cuartil y sus correspondientes límites de cada combinación, su respectivo número y porcentaje de valores atípicos, así como los datos que son menores y mayores al límite inferior, respectivamente.

Con esta información se observa que la distribución de los datos es muy similar para todas las combinaciones y que conforme al conjunto de valores de los límites inferiores de todos los algoritmos de segmentación se tiende hacia un porcentaje de exactitud mayor al 96 % en el peor de los casos. Por tanto, al igual que el “experimento A” los resultados obtenidos con el conjunto de imágenes

simuladas superan el valor de exactitud planteado en nuestra hipótesis de investigación. Por otra parte, el número máximo de valores atípicos se registró en la combinación entre el modelo ICM y la segunda variante de ED (rand/1/exp) con un total de 48 casos detectados lo que representa el 7.74% de las 620 imágenes simuladas, las demás combinaciones presentan un número menor de estos valores. Sin embargo, a pesar de toda esta información es difícil determinar de manera objetiva el mejor algoritmo de segmentación evolutivo para este tipo de imágenes debido a la homogeneidad de los datos.

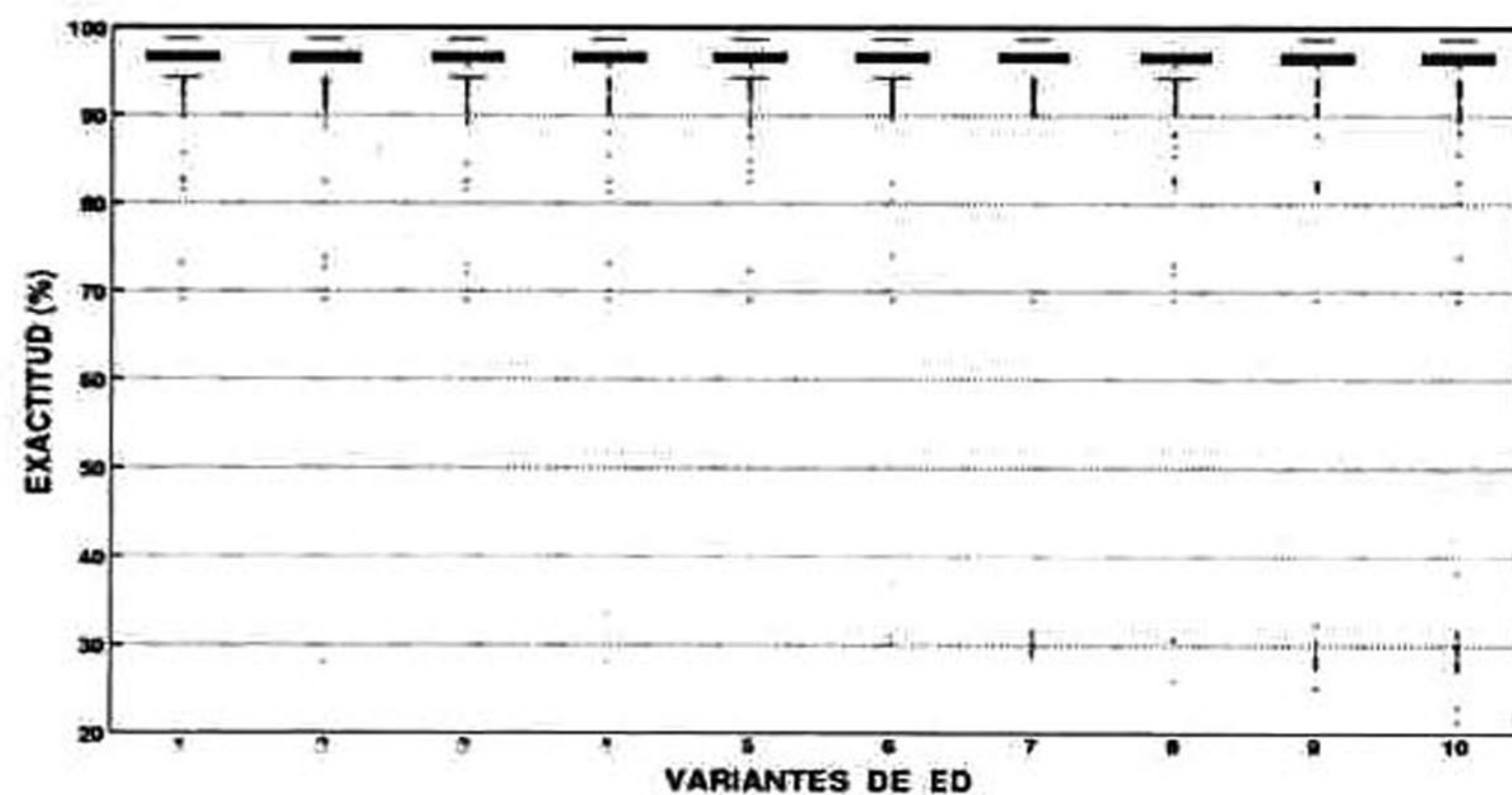


Figura 4.3: Imágenes reales: exactitud ICM.

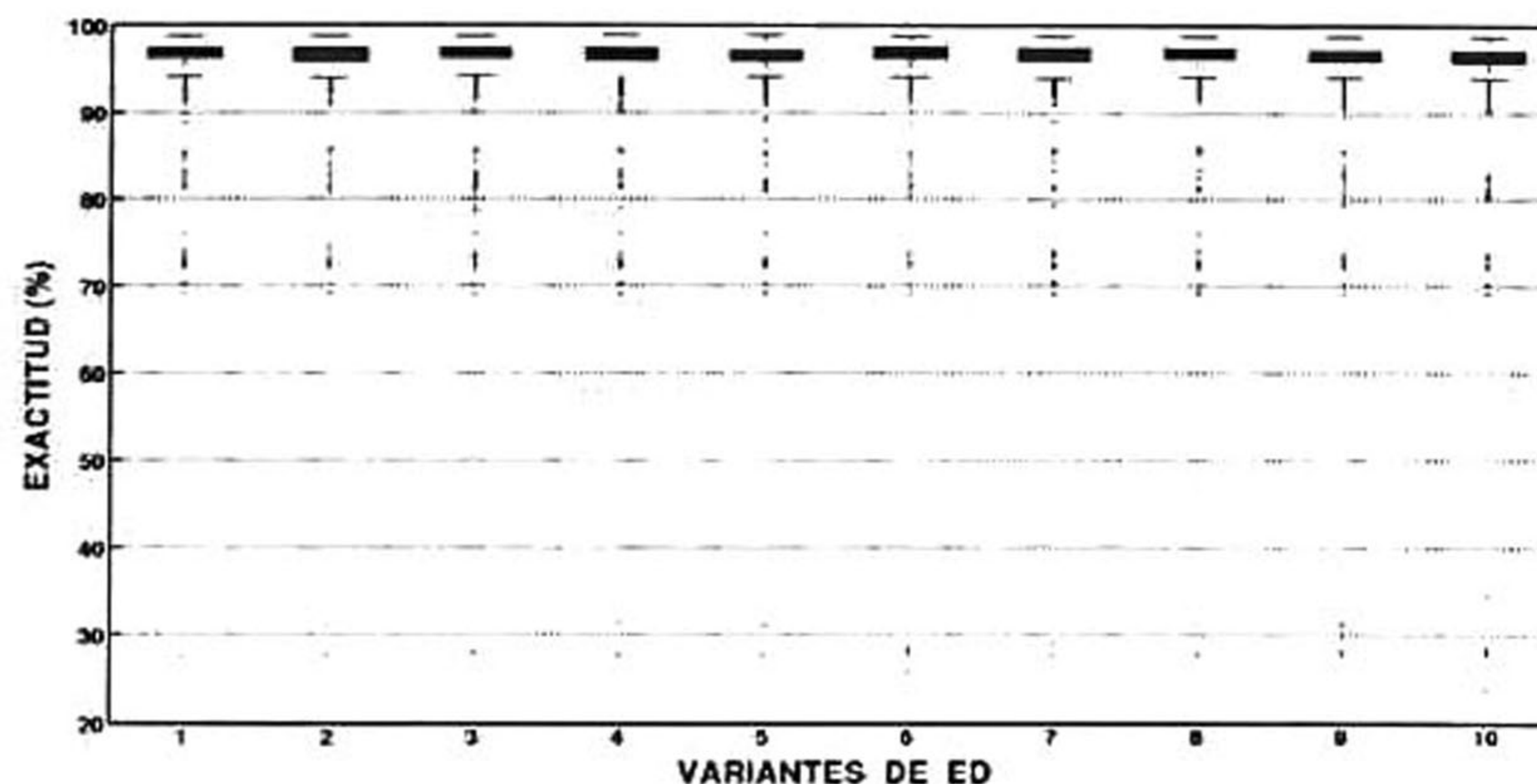


Figura 4.4: Imágenes reales: exactitud PCNN.

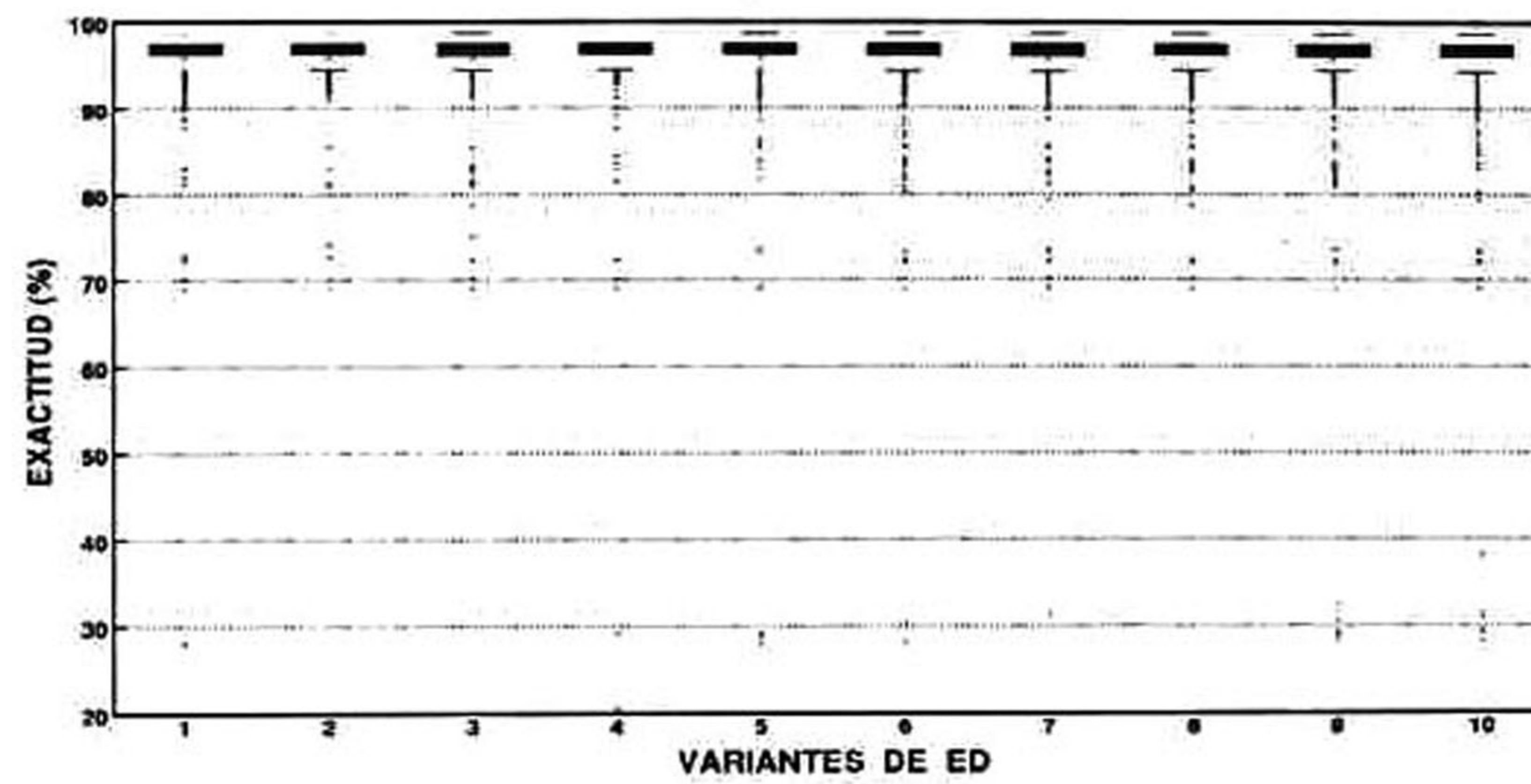


Figura 4.5: Imágenes reales: exactitud SPCNN1.

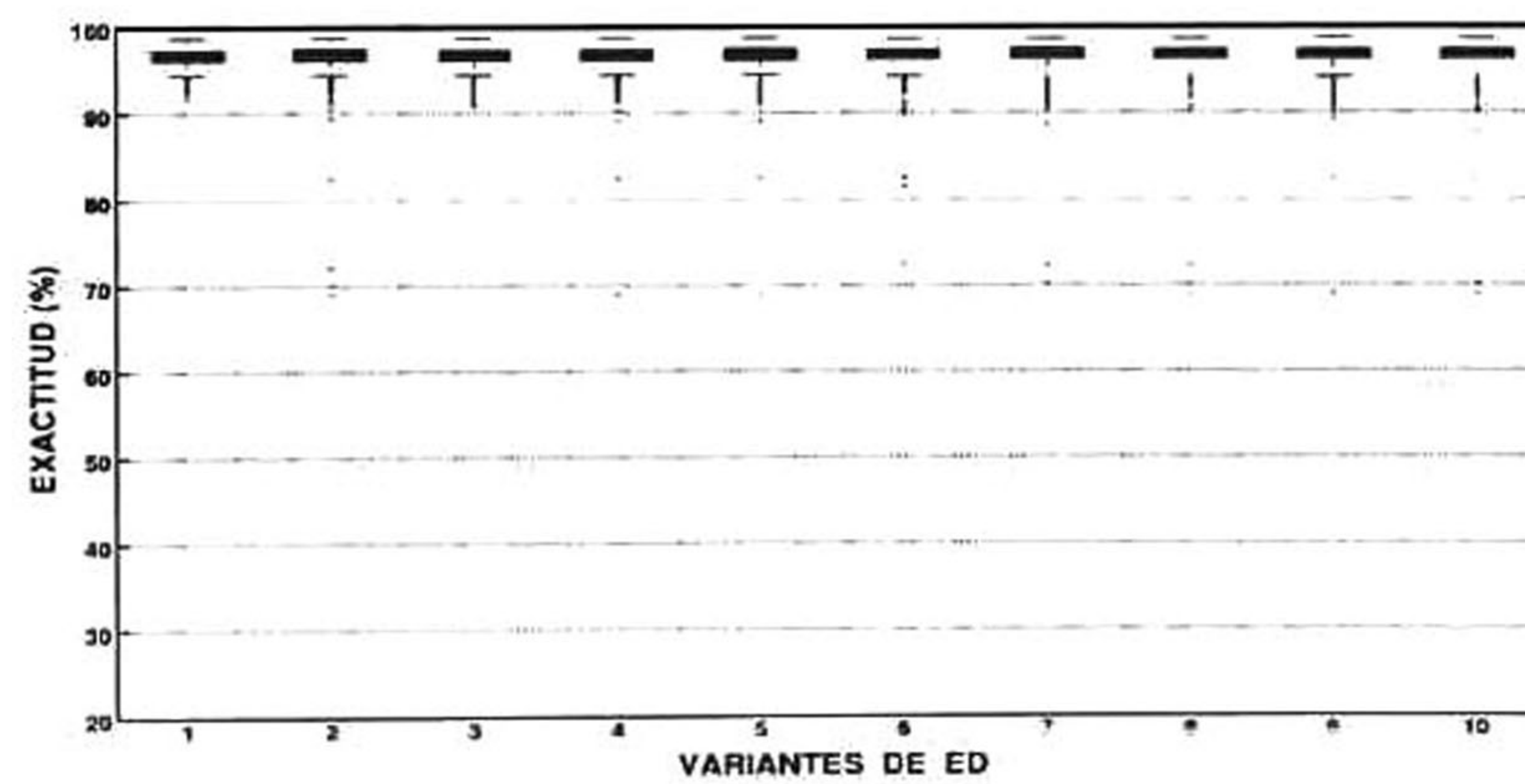


Figura 4.6: Imágenes reales: exactitud SPCNN2.

VARIANTES DE ED	VALOR DE EXACTITUD (%)					DATOS ATÍPICOS	PORCENTAJE DE ATÍPICOS	DATOS > LI	PORCENTAJE DE DATOS > LI
	LI	LS	Q1	Q2	Q3				
ICM									
1	94.3033	98.8647	96.7815	96.7814	97.3488	106	3.3523	3056	96.6477
2	94.2039	98.6849	96.7577	96.7577	97.3573	101	3.1942	3061	96.8058
3	94.3062	98.6796	96.7635	96.7635	97.3431	102	3.2258	3060	96.7742
4	94.2361	98.6940	96.7514	96.7514	97.3510	102	3.2258	3060	96.7742
5	94.2930	98.6553	96.7490	96.7496	97.3182	104	3.2891	3058	96.7109
6	94.3201	98.6693	96.7515	96.7515	97.3252	108	3.4156	3054	96.5844
7	94.2705	98.6410	96.7677	96.7677	97.3606	111	3.5104	3051	96.4896
8	94.3067	98.6338	96.7322	96.7322	97.3371	115	3.6369	3047	96.3631
9	94.2130	98.6782	96.7465	96.7465	97.3371	120	3.7951	3042	96.2049
10	94.2010	98.6697	96.7322	96.7332	97.3503	105	3.3207	3057	96.6793
PCNN									
1	94.0582	98.7218	95.9674	96.6852	97.2470	153	4.8387	3009	95.1613
2	94.8230	98.7290	95.8516	96.5967	97.2047	129	4.0797	3033	95.9203
3	94.0844	98.6852	95.9806	96.6646	97.2514	133	4.2062	3029	95.7938
4	94.9526	98.7811	95.9190	96.6223	98.7811	139	4.3960	3023	95.6040
5	94.1891	98.7794	95.9800	96.5785	98.7794	150	4.7438	3012	95.2562
6	94.1998	98.7062	95.9558	96.6815	97.2758	136	4.3011	3026	95.6989
7	94.1795	98.7531	95.8728	96.5885	97.2144	131	4.1429	3031	95.8571
8	94.0683	98.7712	95.9618	96.6514	97.2282	144	4.5541	3018	95.4459
9	94.0175	98.7614	95.9099	96.5716	97.1719	151	4.7755	3011	95.2245
10	94.8059	98.6879	95.8294	96.5274	97.1712	132	4.1746	3030	95.8254
SPCNN1									
1	94.4631	98.6847	96.1600	96.7392	97.2934	101	3.1942	3061	96.8058
2	94.3450	98.6849	96.1607	96.7551	97.3119	91	2.8779	3071	97.1221
3	94.3955	98.6796	96.1398	96.7604	97.3386	95	3.0044	3067	96.9956
4	94.3606	98.6940	96.1418	96.7641	97.3381	90	2.8463	3072	97.1537
5	94.4624	98.6553	96.1678	96.7504	97.3156	88	2.7830	3074	97.2170
6	94.3186	98.6693	96.1222	96.7629	97.3533	88	2.7830	3074	97.2170
7	94.3410	98.6331	96.1323	96.7377	97.3293	108	3.4156	3054	96.5844
8	94.4288	98.6338	96.1499	96.7469	97.3055	122	3.8583	3040	96.1417
9	94.3655	98.6782	96.1200	96.7281	97.2944	107	3.3839	3055	96.6161
10	94.3473	98.6697	96.1246	96.7365	97.3167	110	3.4788	3052	96.5212
SPCNN2									
1	94.7445	98.7709	96.1858	96.7413	97.3371	43	1.3599	3119	98.6401
2	94.4896	98.4896	96.2157	96.8149	97.3883	78	2.4668	3084	97.5332
3	94.4701	98.4701	96.1768	96.7824	97.3317	52	1.6445	3110	98.3555
4	94.5319	98.7523	96.2157	96.7855	97.3428	76	2.4035	3086	97.5965
5	94.4650	98.7519	96.2104	96.8256	97.3803	95	3.0044	3067	96.9956
6	94.3621	98.6796	96.1228	96.7322	97.3165	62	1.9608	3100	98.0392
7	94.2956	98.6513	96.1165	96.7790	97.3714	82	2.5933	3080	97.4067
8	94.3270	98.6496	96.1295	96.7349	97.3337	43	1.3599	3119	98.6401
9	94.2389	98.6982	96.0971	96.7298	97.3371	60	1.8975	3102	98.1025
10	94.2907	98.6757	96.1160	96.7322	97.3428	79	2.4984	3083	97.5016

Tabla 4.3: Análisis de las gráficas de caja de las imágenes reales.

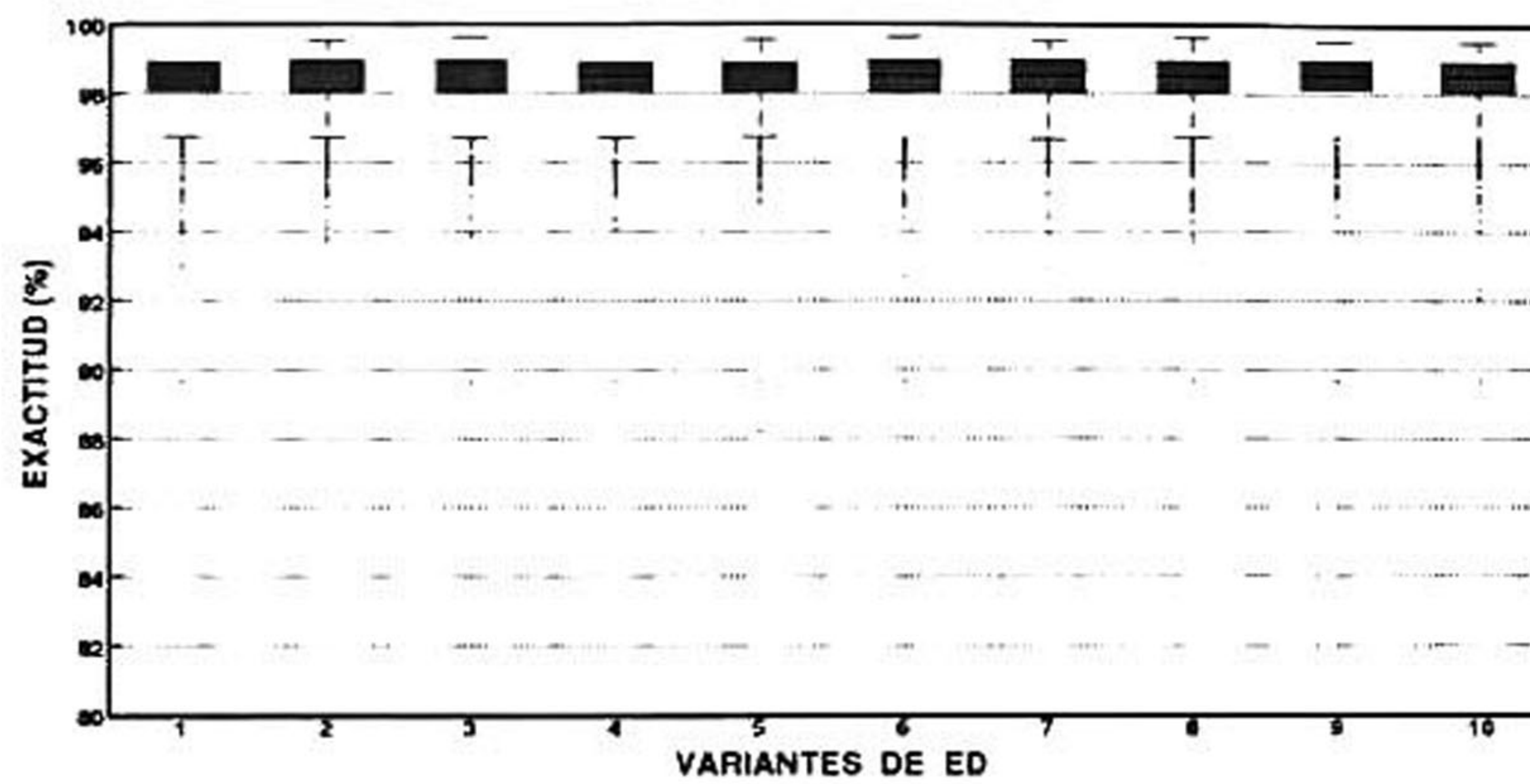


Figura 4.7: Imágenes simuladas: exactitud ICM.

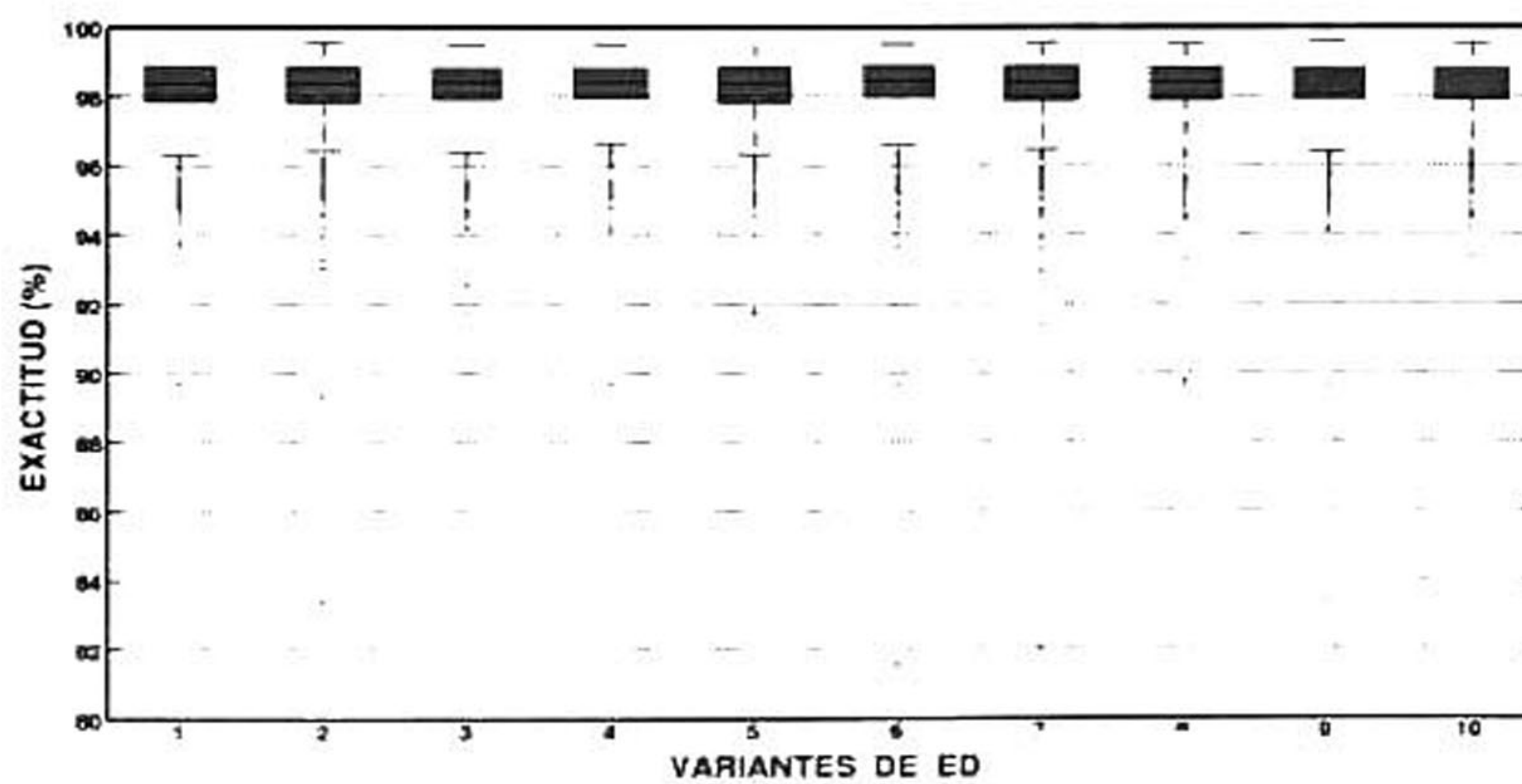


Figura 4.8: Imágenes simuladas: exactitud PCNN.

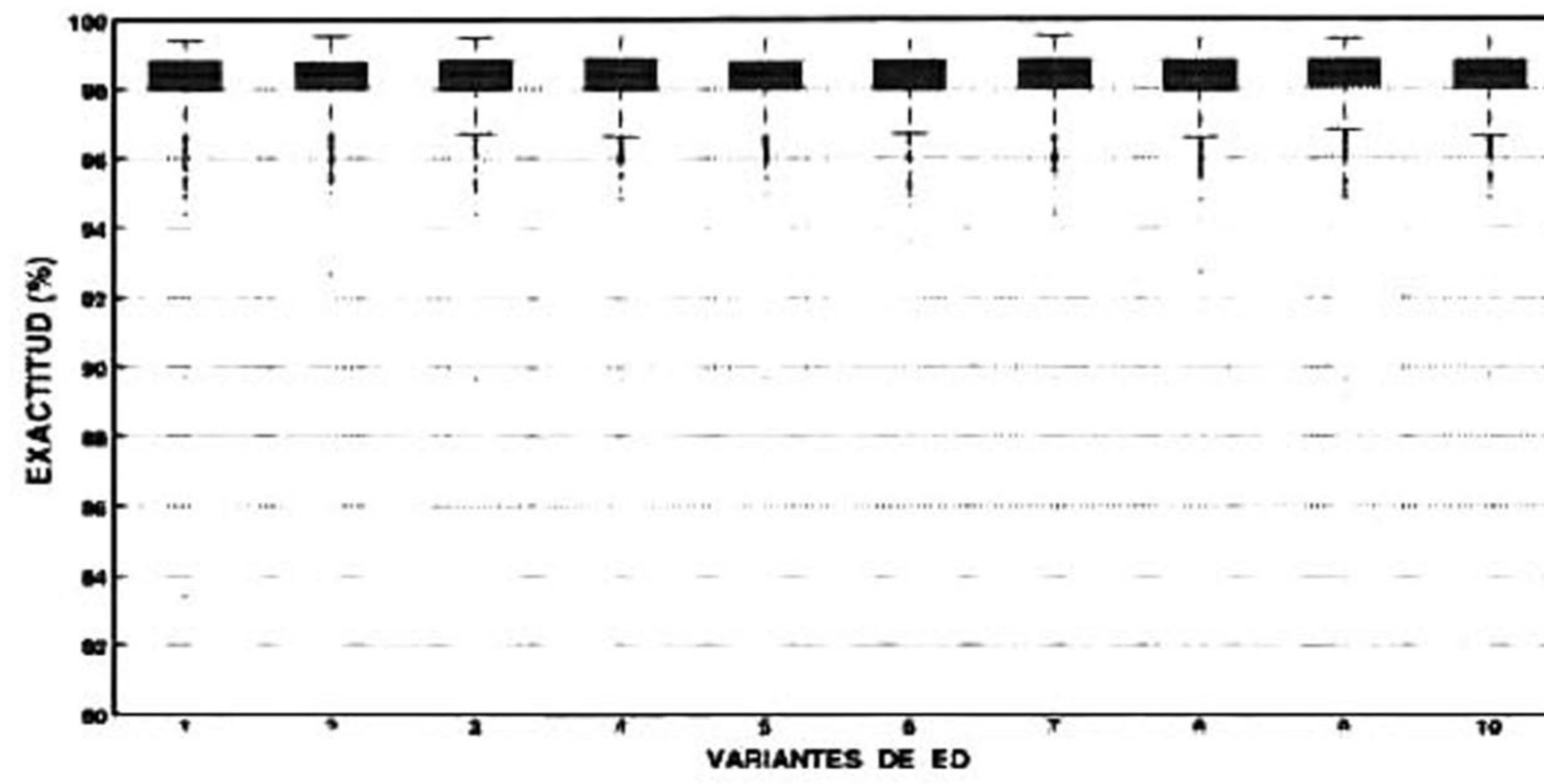


Figura 4.9: Imágenes simuladas: exactitud SPCNN1.

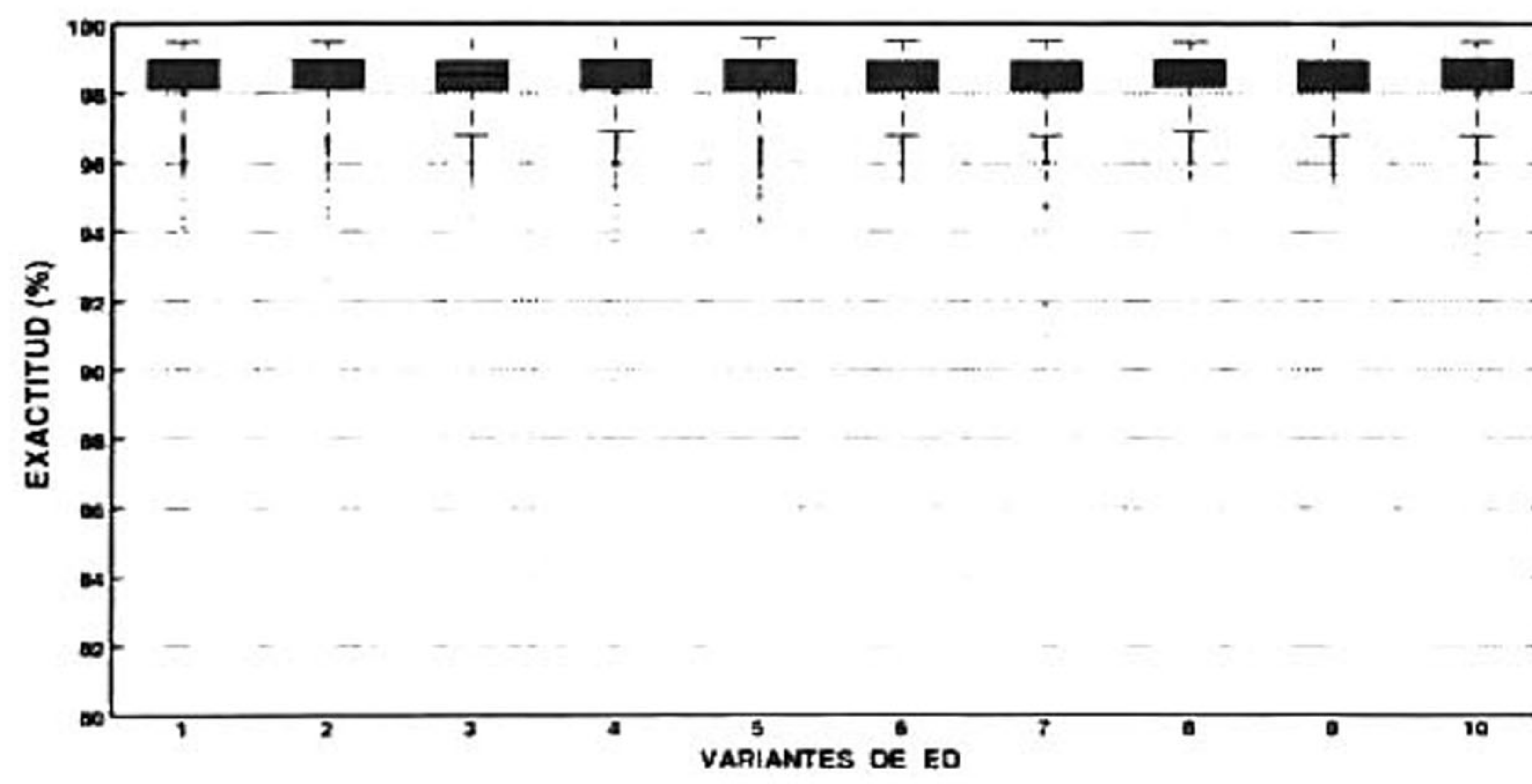


Figura 4.10: Imágenes simuladas: exactitud SPCNN2.

VARIANTES DE ED	VALOR DE EXACTITUD (%)					DATOS ATÍPICOS	PORCENTAJE DE ATÍPICOS	DATOS > LI	PORCENTAJE DE DATOS > LI
	LI	LS	Q1	Q2	Q3				
ICM									
1	96.7544	99.5364	98.0348	98.4542	98.9123	44	7.0968	576	92.9032
2	96.7487	99.5211	98.0491	98.4974	98.9367	48	7.7419	572	92.2581
3	96.7131	99.6327	98.0493	98.5079	98.9454	38	6.1290	582	93.8710
4	96.7094	99.5481	98.0307	98.5125	98.9182	46	7.4194	574	92.5806
5	96.7411	99.5718	98.0490	98.5002	98.9834	46	7.4194	574	92.5806
6	96.7350	99.6327	98.0546	98.5310	98.9449	43	6.9355	577	93.0645
7	96.6825	99.5269	98.0574	98.5227	98.9708	41	6.6129	579	93.3871
8	96.7433	99.6327	98.0434	98.5181	98.9414	46	7.4194	574	92.5806
9	96.7922	99.5160	98.9280	98.5378	98.9753	43	6.9355	577	93.0645
10	96.6525	99.4682	98.0804	98.4531	98.9556	43	6.9355	577	93.0645
PCNN									
1	96.3052	99.4904	97.8430	98.3685	98.8764	38	6.1290	582	93.8710
2	98.4189	99.5364	97.8303	98.3557	98.8353	47	7.5806	573	92.4194
3	96.3600	99.4773	97.8595	98.4045	98.8614	44	7.0968	576	92.9032
4	96.6427	99.5181	97.9639	98.4016	98.8556	47	7.5806	573	92.4194
5	96.3028	99.4933	97.8131	98.3664	98.8462	30	4.8387	590	95.1613
6	96.5957	99.5099	97.9433	98.4458	98.8753	40	6.4516	580	93.5484
7	96.4631	99.5477	97.9033	98.4022	98.8758	44	7.0968	576	92.9032
8	96.5504	99.5152	97.8924	98.4221	98.8376	39	6.2903	581	93.7097
9	96.4169	99.5970	97.8650	98.3839	98.8501	43	6.9355	577	93.0645
10	96.4750	99.5364	97.8955	98.3793	98.8491	44	7.0968	576	92.9032
SPCNN1									
1	96.8144	99.4092	97.9929	98.4230	98.8536	41	6.6129	579	93.3871
2	96.8487	99.5120	97.0100	98.4251	98.8232	39	6.2903	581	93.7097
3	96.7188	99.4682	97.9871	98.4265	98.8397	36	5.8065	584	94.1935
4	96.6562	99.5343	97.9780	98.4144	98.8722	32	5.1613	588	94.8387
5	96.7362	99.4945	97.9689	98.4287	98.8175	37	5.9677	583	94.0323
6	96.7115	99.4242	97.9897	98.4546	98.8160	40	6.4516	580	93.5484
7	96.6803	99.5069	97.9753	98.4270	98.8392	37	5.9677	583	94.0323
8	96.6115	99.4832	97.9482	98.4294	98.8473	37	5.9677	583	94.0323
9	96.8389	99.4470	98.0236	98.4293	98.8320	39	6.2903	581	93.7097
10	96.6472	99.5047	97.9581	98.4270	98.8541	34	5.4839	586	94.5161
SPCNN2									
1	96.8560	99.5276	98.1280	98.5690	98.9812	40	6.4516	580	93.5484
2	96.8429	99.5160	98.1246	98.5752	98.9827	40	6.4516	580	93.5484
3	96.7022	99.6327	98.1150	98.5530	99.0024	31	5.0000	589	95.0000
4	96.9309	99.6327	98.1220	98.5756	98.9819	30	4.8387	590	95.1613
5	96.8046	99.6200	98.1116	98.5648	98.9840	36	5.8065	584	94.1935
6	96.7922	99.6481	98.1057	98.5698	99.0084	34	5.4839	586	94.5161
7	96.7922	99.5481	98.1155	98.5701	99.0117	35	5.6452	585	94.3548
8	96.9248	99.5160	98.1418	98.5839	98.9865	38	6.1290	582	93.8710
9	96.7922	99.6327	98.1109	98.5813	98.9948	37	5.9677	583	94.0323
10	96.7922	99.5281	98.1231	98.5664	99.0142	35	5.6452	585	94.3548

Tabla 4.4: Análisis de las gráficas de caja de las imágenes simuladas.

4.3.3.3. Análisis multicomparativo por pares

Las gráficas de caja nos permiten visualizar el desempeño de cada algoritmo evolutivo y por medio de su análisis concluir qué algoritmo se desempeñó mejor. Sin embargo, los resultados nos harían caer en una conclusión temprana y afirmar que: "Cualquier algoritmo de segmentación evolutivo aplicado a imágenes de US reales o simuladas presenta una exactitud mayor al 90%" Esta afirmación sería válida y pondríamos fin a nuestro análisis debido a que hasta este punto ya hemos cumplido con nuestra hipótesis de investigación. Sin embargo, es importante llevar a cabo una prueba estadística que permita realizar conclusiones más objetivas de los resultados. Por este motivo, se optó por un análisis estadístico multicomparativo por pares para determinar la diferencia entre varios tipos de muestras de un mismo conjunto, considerando los experimentos A y B.

Bajo este contexto, la hipótesis nula, H_0 , a contrastar determina que todos los algoritmos poseen un rendimiento igual bajo la premisa de que todas medianas poblacionales de las n muestras son iguales y que las diferencias observadas entre los rendimientos mostrados por los algoritmos son debidas al azar. Sin embargo, cuando se realiza un gran número de contrastes, como en nuestro caso, para un nivel de significación, α , la probabilidad de que alguna hipótesis sea rechazada por efectos del azar crece, siendo relativamente fácil llegar a la conclusión de que existen diferencias sin haberlas, elevando la probabilidad de cometer un error de tipo I. Para controlar el porcentaje de hipótesis nulas erróneamente rechazadas se realizan *contrastos a posteriori* que corrigen el nivel de significación de cada contraste particular. Para nuestro caso como *contraste a posteriori* se utilizó la corrección de Bonferroni [6] por ser una prueba conservadora que disminuye el porcentaje de errores de tipo 1 detectados a través del ajuste dinámico del nivel de significación, α , mediante la división de dicho valor entre el número de contrastes.

A través de la corrección de Bonferroni nuestro procedimiento de comparación múltiple está diseñado para proporcionar un límite inferior y superior para nuestro intervalo de confianza, con el único fin de reducir la probabilidad de que cualquier comparación incurra en un error significativo. Los resultados de esta prueba estadística se encuentran disponibles en un conjunto de tablas en el Apéndice A, en donde cada fila representa una comparación entre dos variantes de ED. Por ejemplo, en los datos de

la primera fila de la Tabla A.1 correspondiente al modelo ICM, se observa lo siguiente:

VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LIMITE INFERIOR	DMOR	LIMITE SUPERIOR
1	2	-487.8661	-19.0851	449.6960

Tabla 4.5: Ejemplo de la tabla de análisis multicomparativo de exactitud: ICM

Estas cifras indican que la diferencia entre medias de ordenamiento por rango (DMOR)¹ entre la mediana de la variante 1 y la variante 2 se estima en -19.0851 y que para un intervalo de confianza del 95 % con un valor de significancia inicial, $\alpha = 0.05$, los límites inferior y superior son de $[-487.8661, 449.6960]$, respectivamente. Si dentro del intervalo de ambos límites se encuentra el cero se acepta la hipótesis nula, H_0 y se infiere que las pruebas no son significativamente diferentes. Por otra parte, si este intervalo no contiene el cero se acepta la hipótesis alternativa, H_1 , y se infiere que existe una diferencia significativa entre ambas variantes.

Como podemos observar en cada una de las tablas del Apéndice A para ambos experimentos, no existe una diferencia estadística significativa que nos indique que algún algoritmo de segmentación presenta mejores resultados que otro. Por lo que podemos inferir que con respecto a la exactitud cualquier algoritmo es capaz de segmentar cualquier tipo de imágenes con una exactitud promedio mayor al 90 %.

Sin embargo, en ciencias de la computación y especialmente en la disciplina de análisis y diseño de algoritmos, se dice que: "un algoritmo es eficiente cuando logra llegar a sus objetivos planteados utilizando la menor cantidad de recursos posibles", es decir, minimizando el uso memoria y tiempo de cómputo. Debido a la practicidad que necesita nuestro método se decidió realizar un estudio de convergencia que analiza el número de generaciones utilizadas por cada algoritmo de segmentación evolutivo para determinar qué algoritmo segmenta las lesiones de mama con un menor número de generaciones y, en consecuencia con un menor tiempo de cómputo.

¹ Para calcular esta diferencia se ordenan de menor a mayor los datos de cada variante y se le asigna un rango, al finalizar el ordenamiento se calcula la media de los rangos generados y se realiza una resta entre las medias de ambas variantes.

4.3.4 Análisis de convergencia

Para realizar este análisis se tomó el número de generaciones efectivas de cada uno de los algoritmos de segmentación. De manera similar que el análisis multicomparativo de exactitud primeramente se aplicó la prueba estadística de *Shapiro-Wilk*, la cual determinó que el conjunto de datos de ambos experimentos poseían una distribución asimétrica. Posteriormente, a través de la prueba estadística de *Kruskal-Wallis* se determinó que para un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$, existió una diferencia estadística significativa entre grupos debido a que el valor-p calculado fue menor al nivel α . Los resultados de esta prueba se observan claramente en la Tabla 4.6.

RED NEURONAL	EXPERIMENTO A: IMÁGENES REALES	EXPERIMENTO B: IMÁGENES SIMULADAS
	VALOR-P	VALOR-P
ICM	$1.14e^{-073}$	$2.55e^{-014}$
PCNN	$3.63e^{-111}$	$2.96e^{-021}$
SPCNN1	$1.47e^{-066}$	$9.42e^{-028}$
SPCNN2	$8.55e^{-268}$	$8.10e^{-180}$

Tabla 4.6: Resultados de la prueba estadística de *Kruskal-Wallis*, $\alpha = 0.05$.

4.3.4.1. Gráficas de caja: Imágenes reales

Una vez determinada la diferencia estadística de cada una de las variantes, se procedió a analizar los resultados del "experimento A" a través de un conjunto de gráficas de caja descritas en las Figuras 4.11 - 4.14, respectivamente. Se realizó un análisis de la información de cada una de las gráficas de caja el cual se describe a continuación.

- **Modelo ICM**

En la Figura 4.11 se muestran los resultados para el modelo cortical de intersección donde se observa de manera general que los límites inferior y superior del número de generaciones necesarias para obtener un resultado de segmentación oscila entre las 30 y 151 generaciones. Por otra parte, con respecto al número de valores atípicos registrados la variante de ED número 8 (rand-to-best/1/bin) presentó el mayor número de valores atípicos con un total de 147 casos.

Por otra parte, se observó que la variante de ED número 10 (rand/2/bin) presentó la menor cantidad de valores atípicos con un total de 28 casos y la menor mediana global con un valor de 48 generaciones.

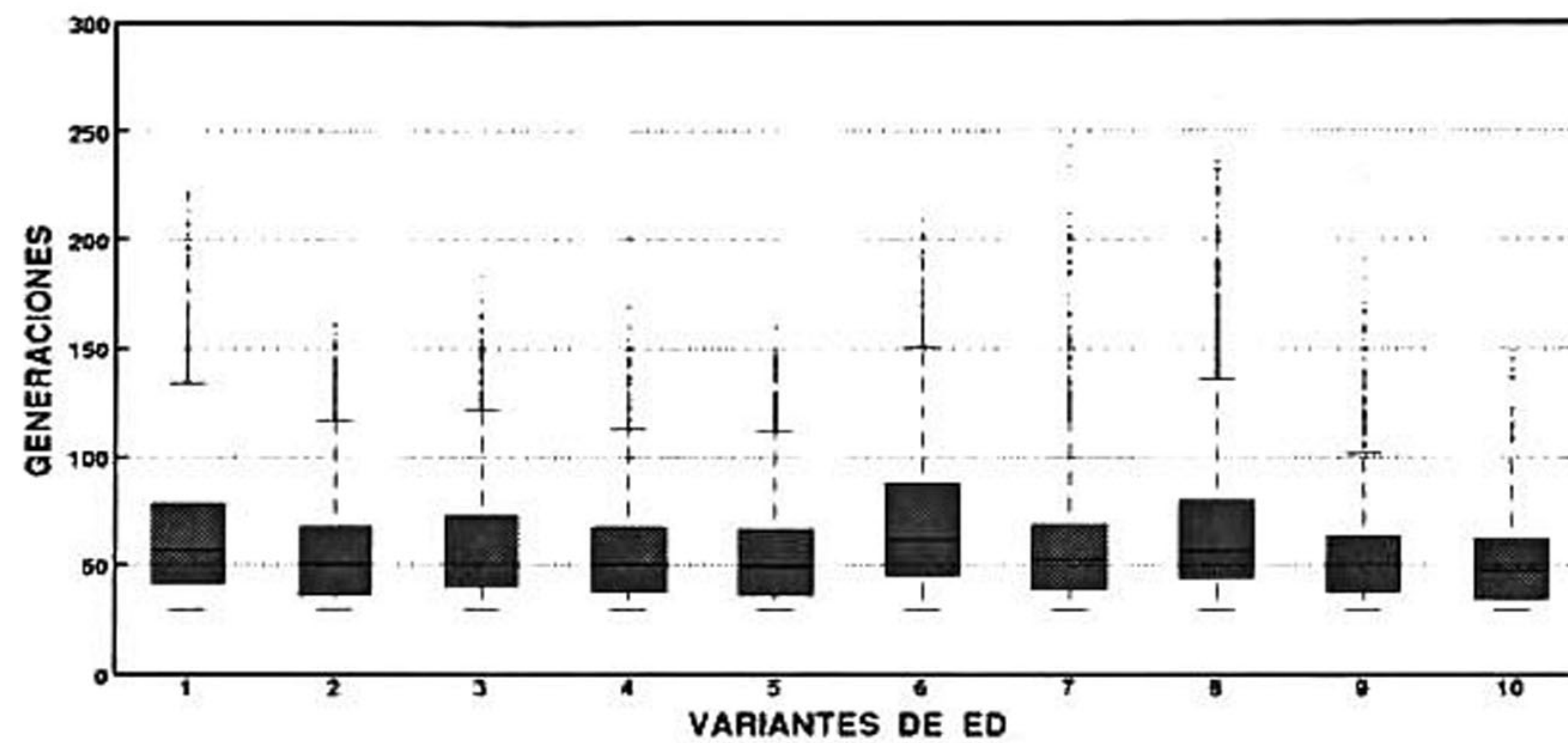


Figura 4.11: Imágenes reales: número de generaciones ICM.

■ Modelo PCNN

Los resultados del modelo clásico de PCNN mostrados en la Figura 4.12 presentan un comportamiento similar al modelo ICM con respecto al número de generaciones necesarias para obtener un resultado óptimo de segmentación. Estas oscilaron entre 30 y 157 generaciones. El máximo número de valores atípicos fue registrado por la variante de ED número 8 (rand-to-best/1/exp), con 58 casos totales, mientras que la variante de ED número 5 (rand/2/exp) fue la que presentó el menor número de estos valores con un total de 26 casos. Por otra parte, la variante de ED número 10 (rand/2/bin) con un total de 40 generaciones presentó la menor mediana global.

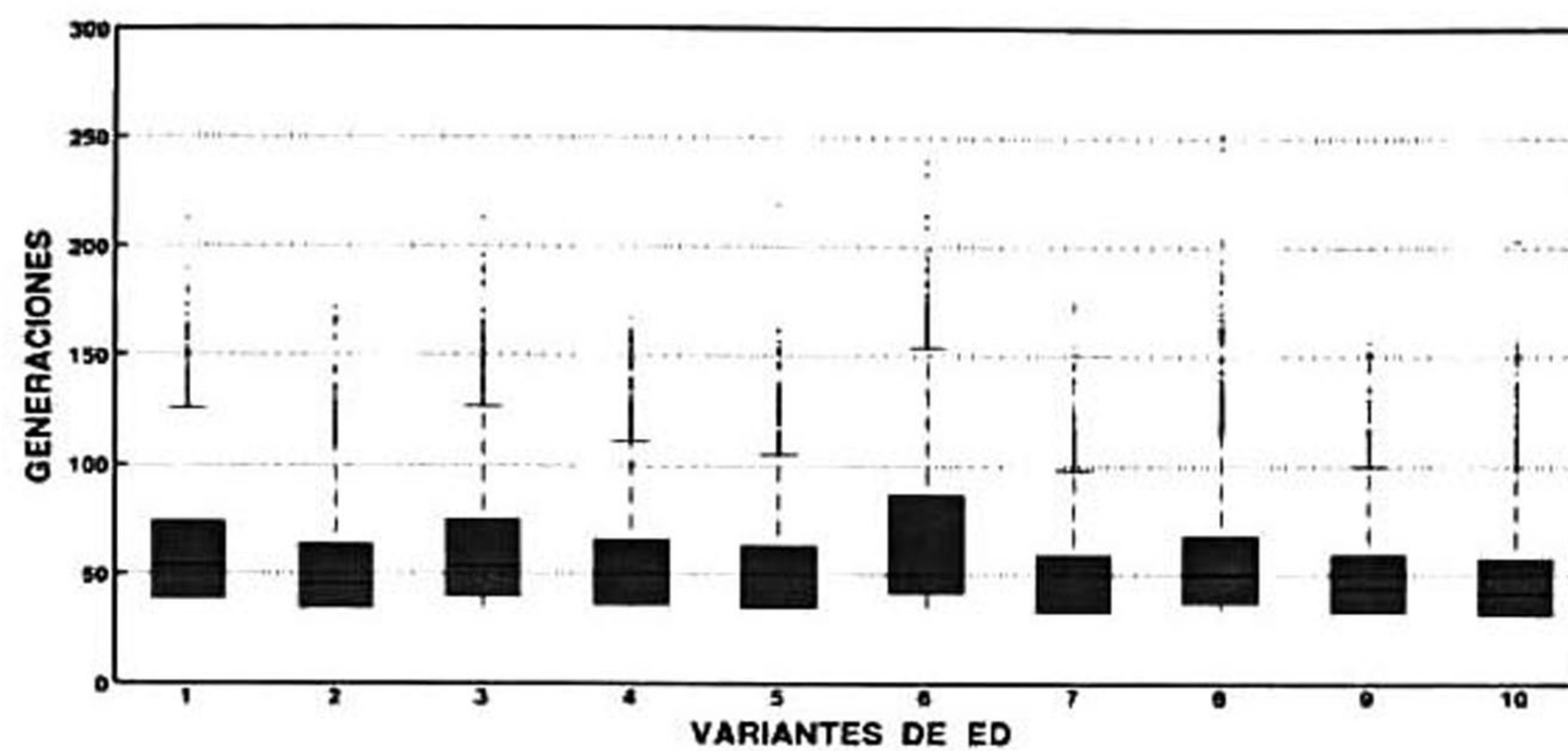


Figura 4.12: Imágenes reales: número de generaciones PCNN.

■ Modelo SPCNN1

En los resultados del primer modelo simplificado de PCNN mostrados en la Figura 4.13 se observa un comportamiento similar para cada una de las variantes de ED. Sin embargo, a través de un análisis de la cantidad de valores atípicos se determinó que la variante de ED número 10 (rand/2/bin) obtuvo el mayor número con un total de 107 casos, mientras que la variante de ED número 6 (best/1/exp) obtuvo la menor cantidad con 55 casos totales. Por otra parte, se puede observar que la variante de ED número 5 (rand/2/exp), con un total de 55 generaciones presentó la menor mediana global.

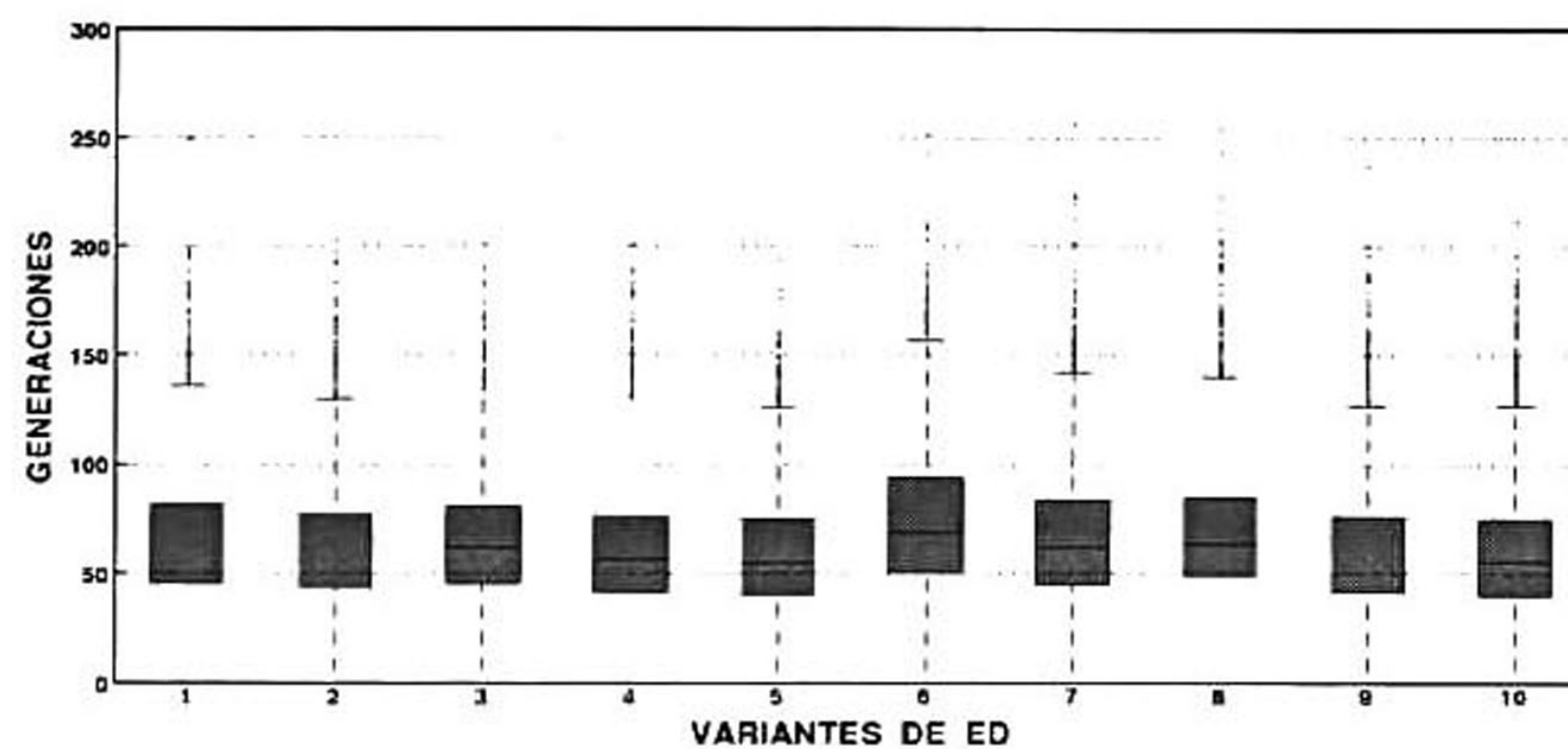


Figura 4.13: Imágenes reales: número de generaciones SPCNN1.

■ Modelos SPCNN2

De todos los modelos presentados anteriormente éste parece ser el modelo que tuvo el peor comportamiento general, el número de valores atípicos que presentó cada variante de ED es superior al de los demás modelos corticales. Algunas variantes de ED como lo números 2 (rand/1/exp) y 8 (rand-to-best/2/exp) llegaron a alcanzar un máximo de 300 y 290 generaciones, respectivamente. Sin embargo, existe un caso especial, la variante de ED número 6 (best/1/bin) registró una distribución compacta, el menor número de valores atípicos y la menor mediana global con respecto a todos los demás algoritmos de segmentación. Esta información se muestra en la Figura 4.14.

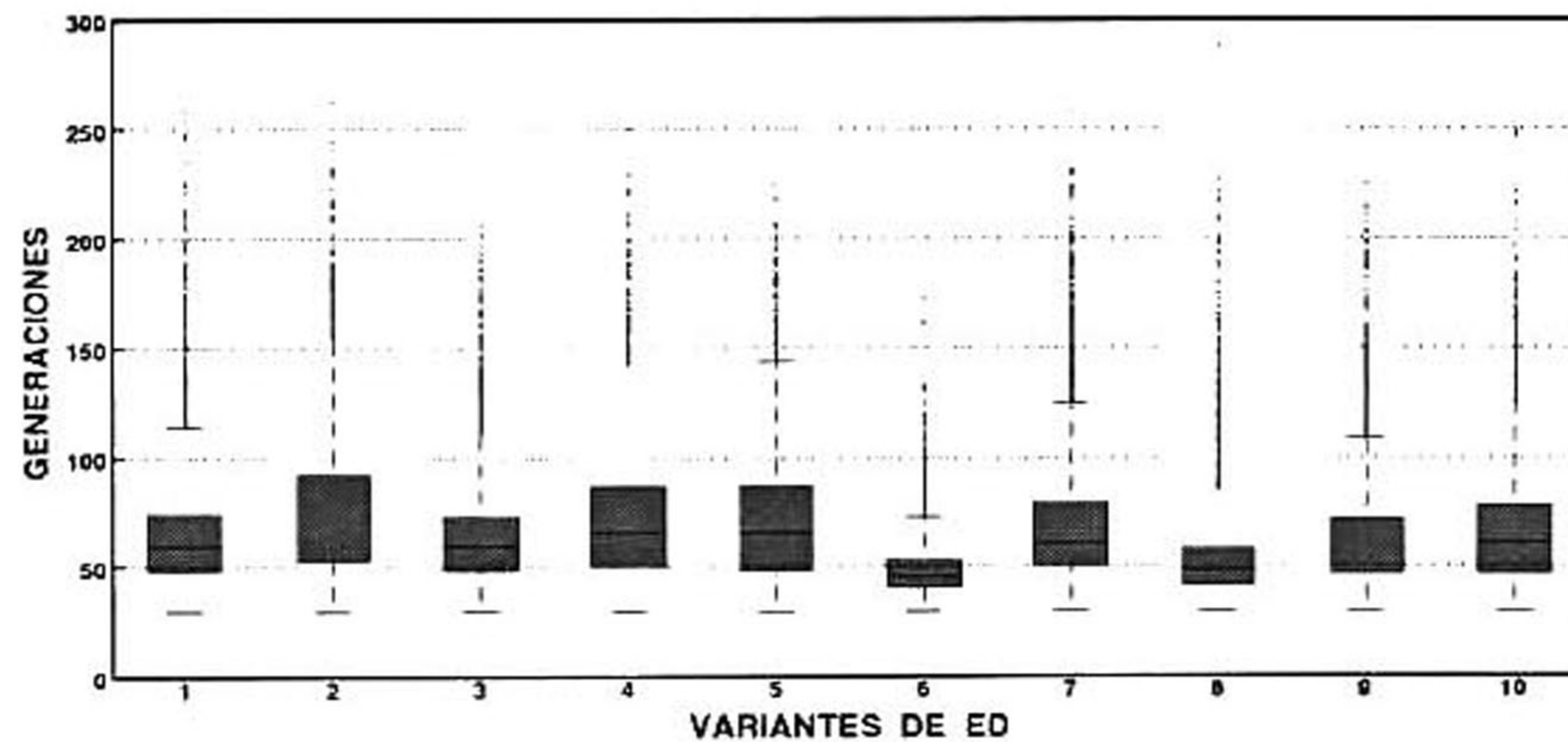


Figura 4.14: Imágenes reales: número de generaciones SPCNN2.

4.3.4.2. Gráficas de caja: Imágenes simuladas

En las Figuras 4.15 - 4.18 se muestran las gráficas de caja correspondientes al análisis de convergencia de los cuatro modelos corticales utilizados en función de la variante de ED.

De manera general se puede observar un mejor comportamiento global con respecto al "experimento A", debido a los patrones binarios (independientes de la subjetividad humana) que se utilizaron para simular cada una de las imágenes utilizadas. Por otra parte, al igual que el primer experimento

se realizó un análisis de los datos, el cual se muestra a continuación.

■ Modelo ICM

De manera general se observa en la Figura 4.15 que el número de generaciones osciló entre 30 y 125. La variante de ED número 1 (best/1/exp), con 7 valores atípicos, fue la que menor cantidad obtuvo, mientras que la variante de ED número 6 presentó la mayor cantidad con 48 casos. Sin embargo, esta misma variante fue la que obtuvo la menor mediana grupal con un total de 48 generaciones.

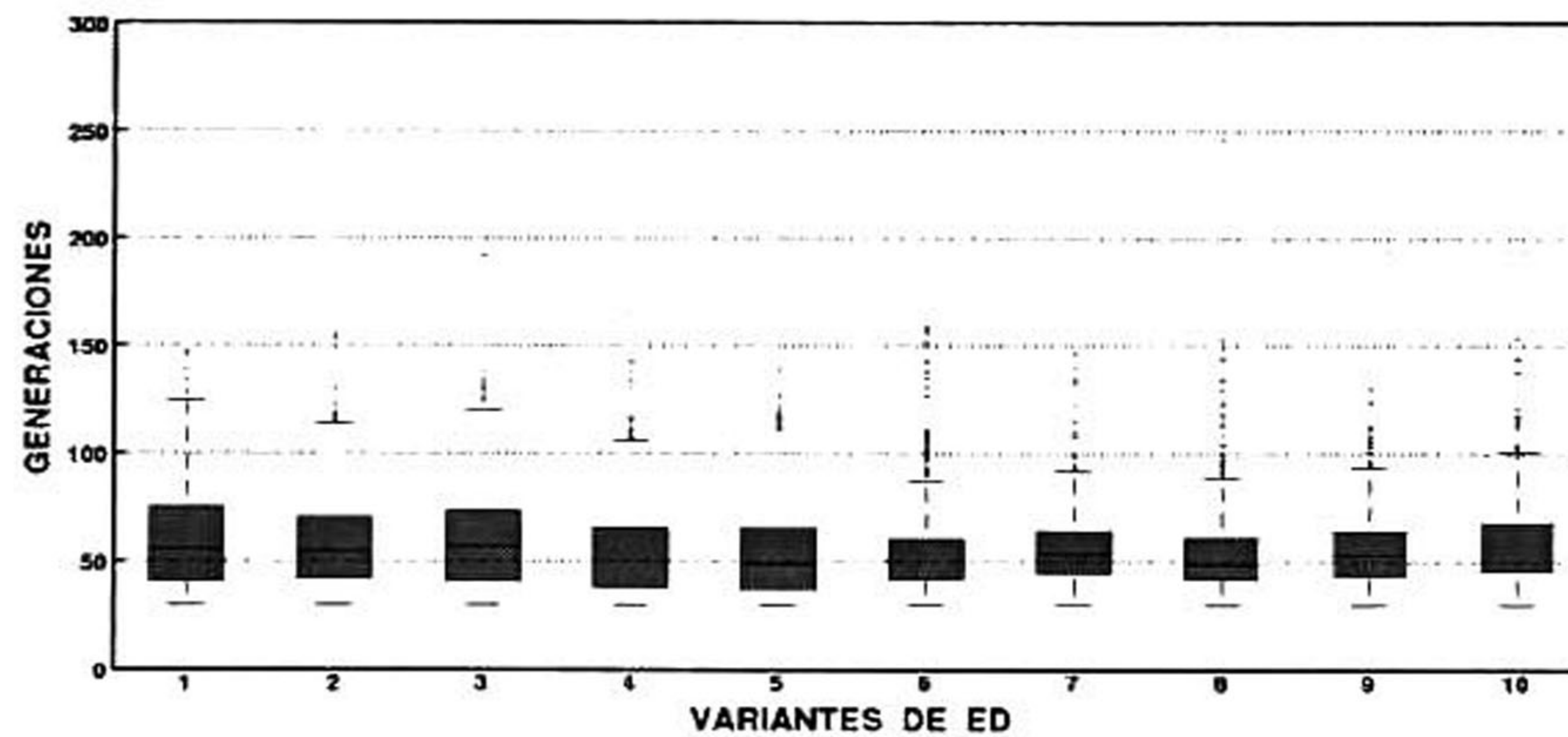


Figura 4.15: Imágenes simuladas: número de generaciones ICM.

■ Modelo PCNN

En la Figura 4.16, perteneciente al modelo clásico de PCNN, se puede observar un comportamiento inferior con respecto al modelo ICM. El límite inferior de generaciones fue de 30, mientras que el número máximo fue de 127 generaciones. Con respecto a la mediana, las variantes de ED números 8 (rand-to-best/1/bin) y 6 (best/1/bin) presentaron la menor mediana global con un total de 48 generaciones. Por otra parte, con respecto al número de valores atípicos, la variante de ED número 8 presentó la menor cantidad con un total de 4 casos, mientras que la variante de ED número 6, con 37 casos, obtuvo la mayor cantidad de valores atípicos.

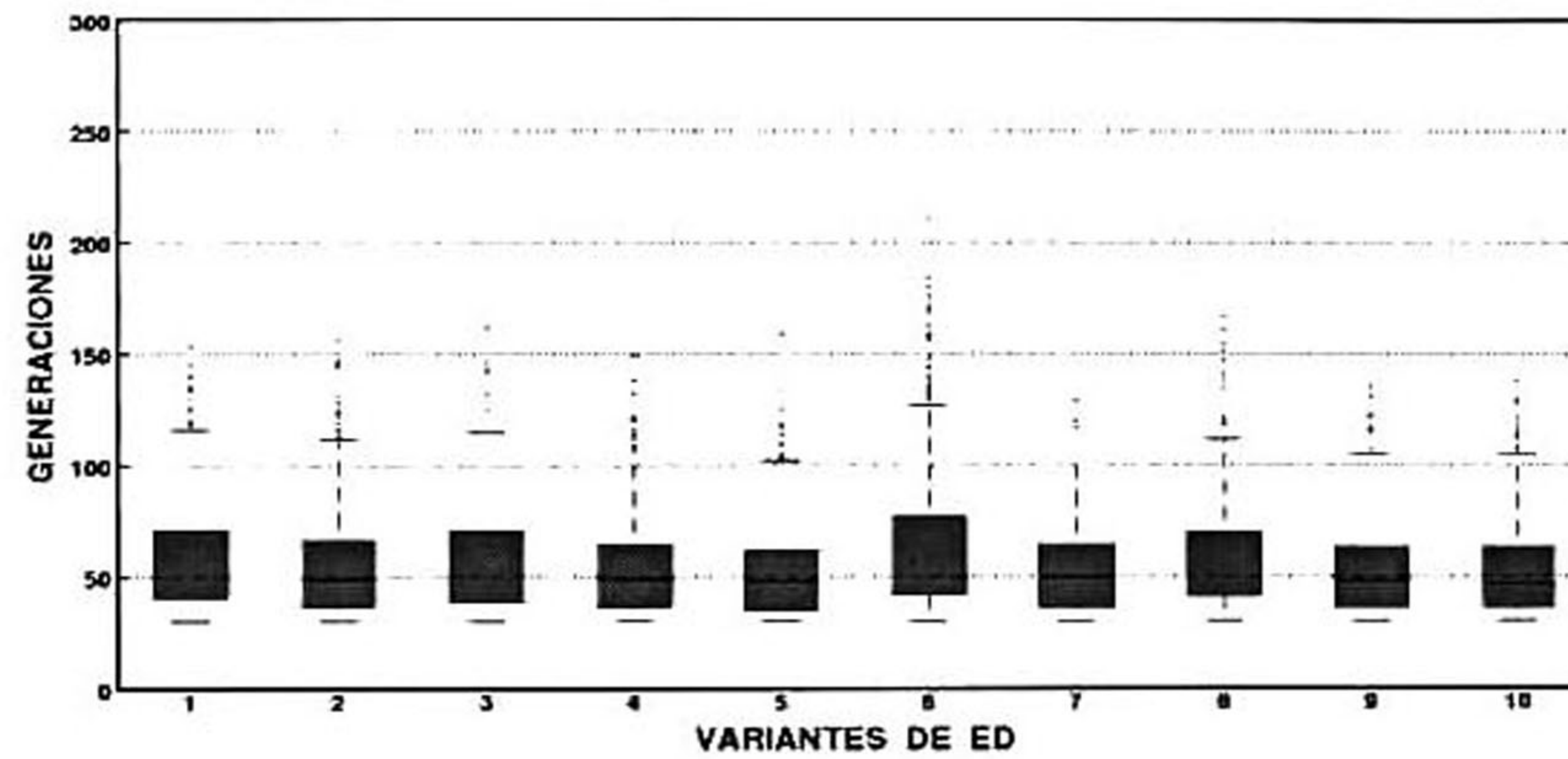


Figura 4.16: Imágenes simuladas: número de generaciones PCNN.

■ Modelo SPCNN1

En la Figura 4.17 se observa a simple vista que el primer modelo simplificado de PCNN obtuvo un rendimiento inferior con respecto al modelo clásico. El límite inferior de generaciones fue de 30, mientras que el límite superior fue de 155 generaciones. Con respecto al número de valores atípicos registrados, las variantes de ED números 2 (rand/1/exp) y 6 (best/1/bin) fueron las que presentaron un número menor, con nueve casos cada una. En la contraparte se encuentra la variante de ED número 9 (best/2/bin) que presentó un total de 18 casos, mientras que la variante de ED número 5 (rand/2/exp) fue la que obtuvo la menor mediana global con un total de 56 generaciones.

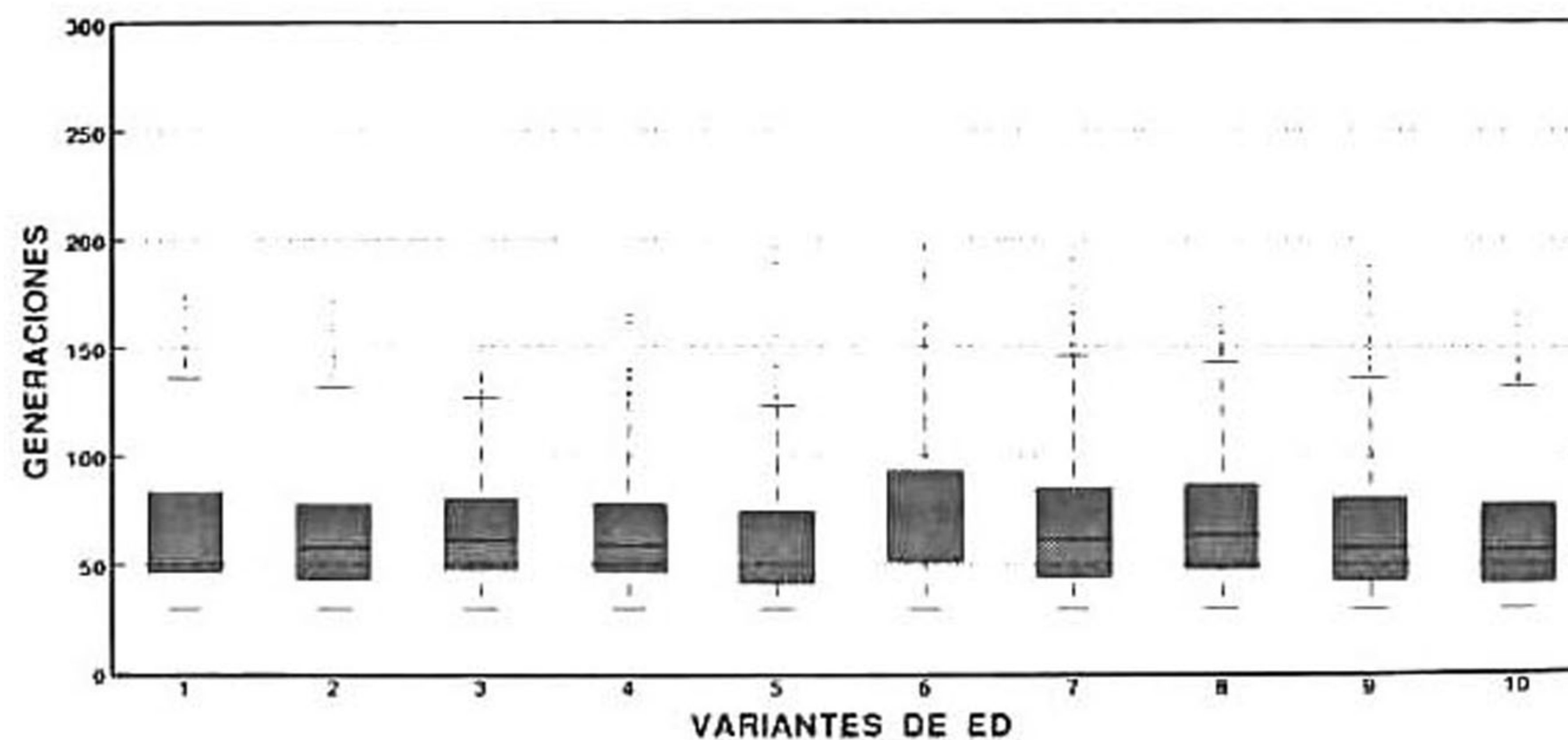


Figura 4.17: Imágenes simuladas: número de generaciones SPCNN1.

■ Modelo SPCNN2

El segundo modelo simplificado de PCNN presentó un comportamiento muy variante que se puede notar en cada una de las cajas de la Figura 4.18. En ellas se aprecia que el límite inferior fue de 30 generaciones, mientras que el número máximo varió entre 62 y 126 generaciones. La variante de ED número 6 (best/1/bin) presentó una distribución de sus datos muy compacta y la menor mediana global. Sin embargo, éste mismo modelo junto con la variante de ED número 8 (rand-to-best1/bin) presentaron el mayor número de valores atípicos con un total de 33 casos. Por otra parte, la variante de ED número 5 (rand/2/exp) fue la que obtuvo la menor cantidad de valores atípicos con un total de 5 casos.

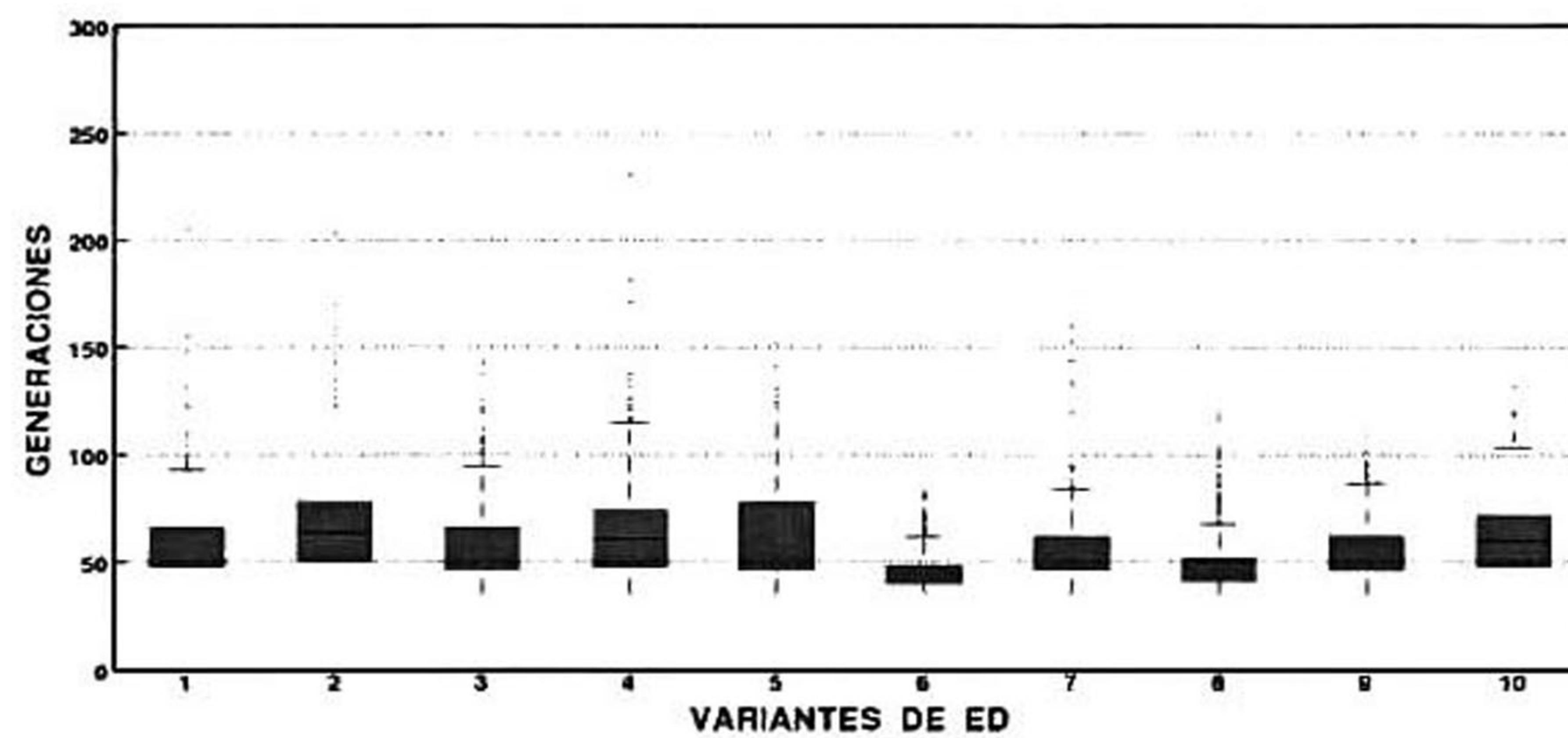


Figura 4.18: Imágenes simuladas: número de generaciones SPCNN2.

4.3.4.3. Análisis multicomparativo por pares

A través del análisis de las gráficas de caja se observó el comportamiento general de cada variante de ED con respecto a un determinado modelo de PCNN. Sin embargo, a pesar de que se pudieron determinar algunos puntos clave que ayudarán a definir qué algoritmo obtuvo un mejor desempeño, en términos del número de generaciones y valores atípicos, es importante realizar una prueba estadística que permita hacer conclusiones más objetivas de los resultados.

Del mismo modo que en el análisis de exactitud de la Sección 4.3.3.3, se realizó un análisis estadístico

multicomparativo por pares, considerando los experimentos A y B, para determinar cuáles variantes de ED tienen valores de mediana significativamente diferentes. Posteriormente, a partir de los resultados se realizó un análisis jerárquico entre modelos para determinar qué algoritmo resultó ganador. Se utilizó la corrección de Bonferroni como prueba de *contraste a posteriori* para disminuir los errores de hipótesis nulas erróneamente rechazadas.

Los resultados del análisis multicomparativo por pares se encuentran disponibles en un conjunto de tablas en el Apéndice B, en donde se marcan en color gris las comparaciones que presentaron una diferencia estadística significativa dentro del intervalo de confianza del 95 %, de modo que si dentro del intervalo se encuentra el cero se acepta la hipótesis nula, H_0 , y se infiere que las medianas de los algoritmos comparados no son significativamente diferentes. Por otra parte, si dentro de este intervalo no está contenido el cero se acepta la hipótesis alternativa, H_1 , y se infiere que existe una diferencia significativa entre ambos algoritmos comparados. Por ejemplo, en los datos de la primera fila de la Tabla B.1, correspondiente al modelo ICM, se observa lo siguiente:

VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LIMITE INFERIOR	DMOR	LIMITE SUPERIOR
1	2	436.52	905.18	1373.8
1	3	-167.97	300.69	769.35

Tabla 4.7: Ejemplo de la tabla de análisis multicomparativo del número de generaciones: ICM. El renglón marcado en gris indica que existe diferencia significativa entre variantes de ED.

4.3.5 Análisis “winner takes all”

4.3.5.1. Análisis intra-modelo cortical

A partir de los resultados mostrados en las tablas del análisis multicomparativo del número de generaciones (Apéndice B), se realizó un sistema de votación para determinar la variante de ED ganadora para cada modelo cortical (análisis intra-modelo). Este análisis tomó como candidatos aquellas variantes que mostraron diferencias significativas al momento de ser comparadas. El voto se

asignó al candidato que obtuvo la menor mediana de ambos contendientes. Los resultados del sistema de votación de los experimentos A y B se muestran en las gráficas de barras de las Figuras 4.19 y 4.20, respectivamente, donde se observa que en algunos casos existieron candidatos que poseían la misma cantidad de votos (e.g. Modelo SPCNN1 de la Figura 4.19). Para desempatar estos casos se analizó la probabilidad de ocurrencia de cada variante para obtener un valor atípico del número de generaciones (Secciones 4.3.4.1 y 4.3.4.2). En el Apéndice C se muestran las tablas del análisis de probabilidad de los valores atípicos para cada variante de ED considerando cada modelo cortical. Las tablas cuentan con tres columnas que describen la variante de ED, la cantidad de valores atípicos registrados y su probabilidad de ocurrencia, respectivamente. Por ejemplo, en los datos de la primera fila de la Tabla C.1 correspondiente al modelo ICM, se observa lo siguiente:

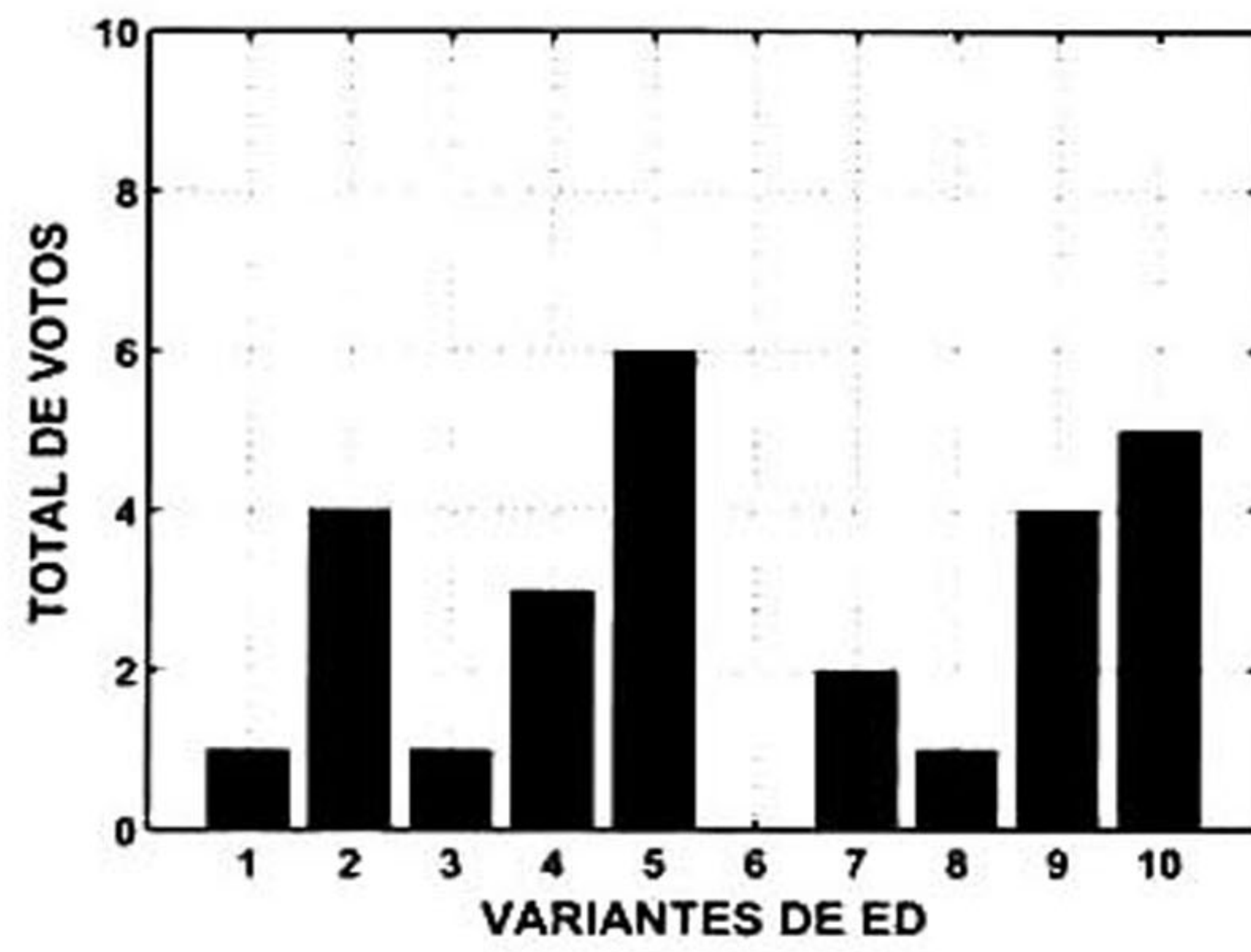
VARIANTE DE ED	VALORES ATÍPICOS	PROBABILIDAD DE OCURRENCIA
ICM		
1	109	6.89 %

Tabla 4.8: Ejemplo de la tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento A.

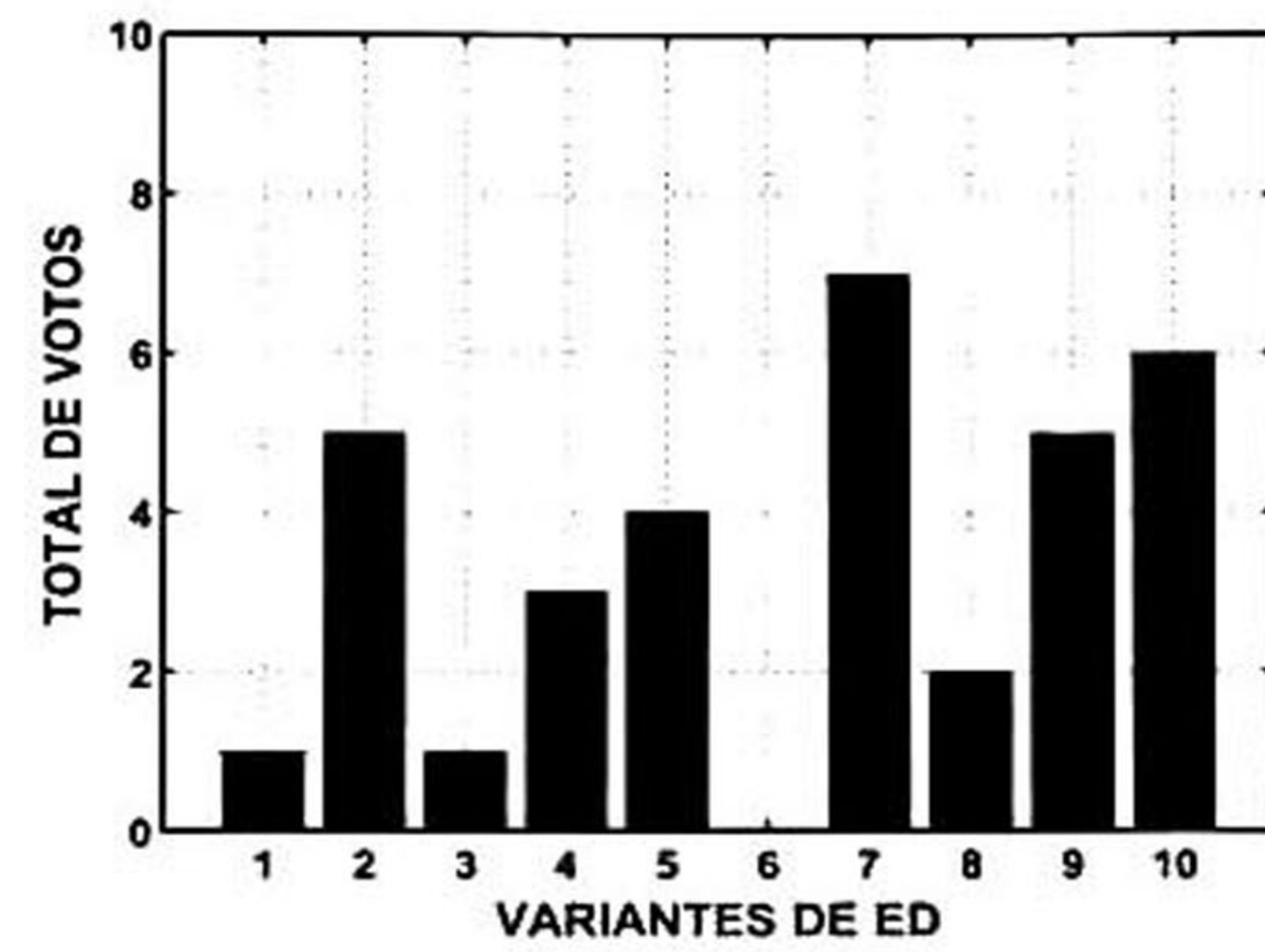
En la Tabla 4.9 se muestran las variantes de ED ganadoras de cada modelo cortical para los experimentos A y B de acuerdo con el sistema de votos descrito anteriormente. Cabe mencionar que existieron casos en los que la probabilidad de ocurrencia de un valor atípico para dos candidatos con la misma cantidad de votos era la misma, en estos casos se asignó el voto al candidato que presentaba una estructura matemática más simple, es decir, menos ecuaciones y parámetros por configurar (Sección 3.3.3.1).

MODELO CORTICAL	VARIANTE DE ED GANADORA	
	EXPERIMENTO A	EXPERIMENTO B
ICM	5	5
PCNN	7	9
SPCNN1	2	6
SPCNN2	6	5

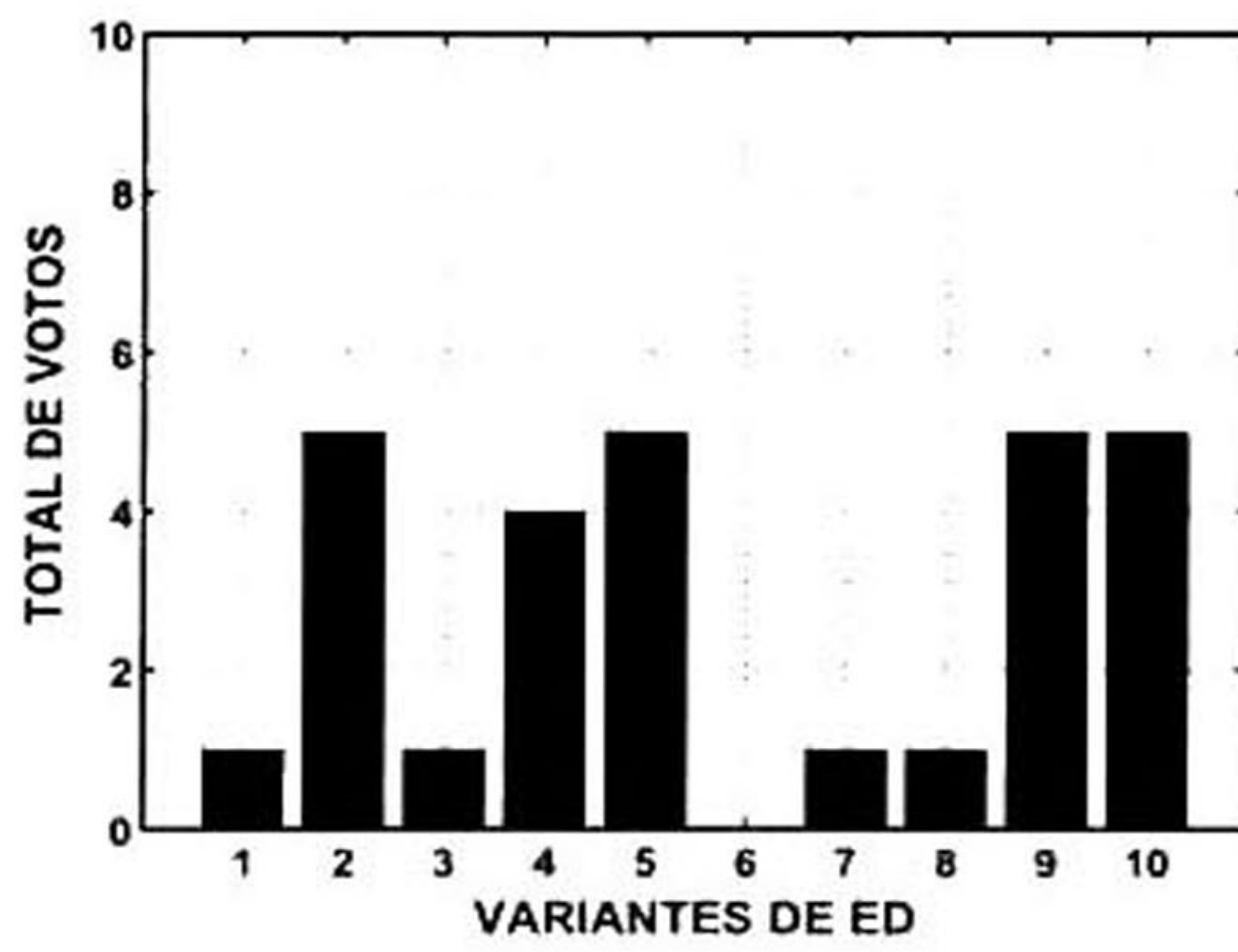
Tabla 4.9: Variantes de ED ganadoras para cada modelo cortical de acuerdo al sistema de votos.



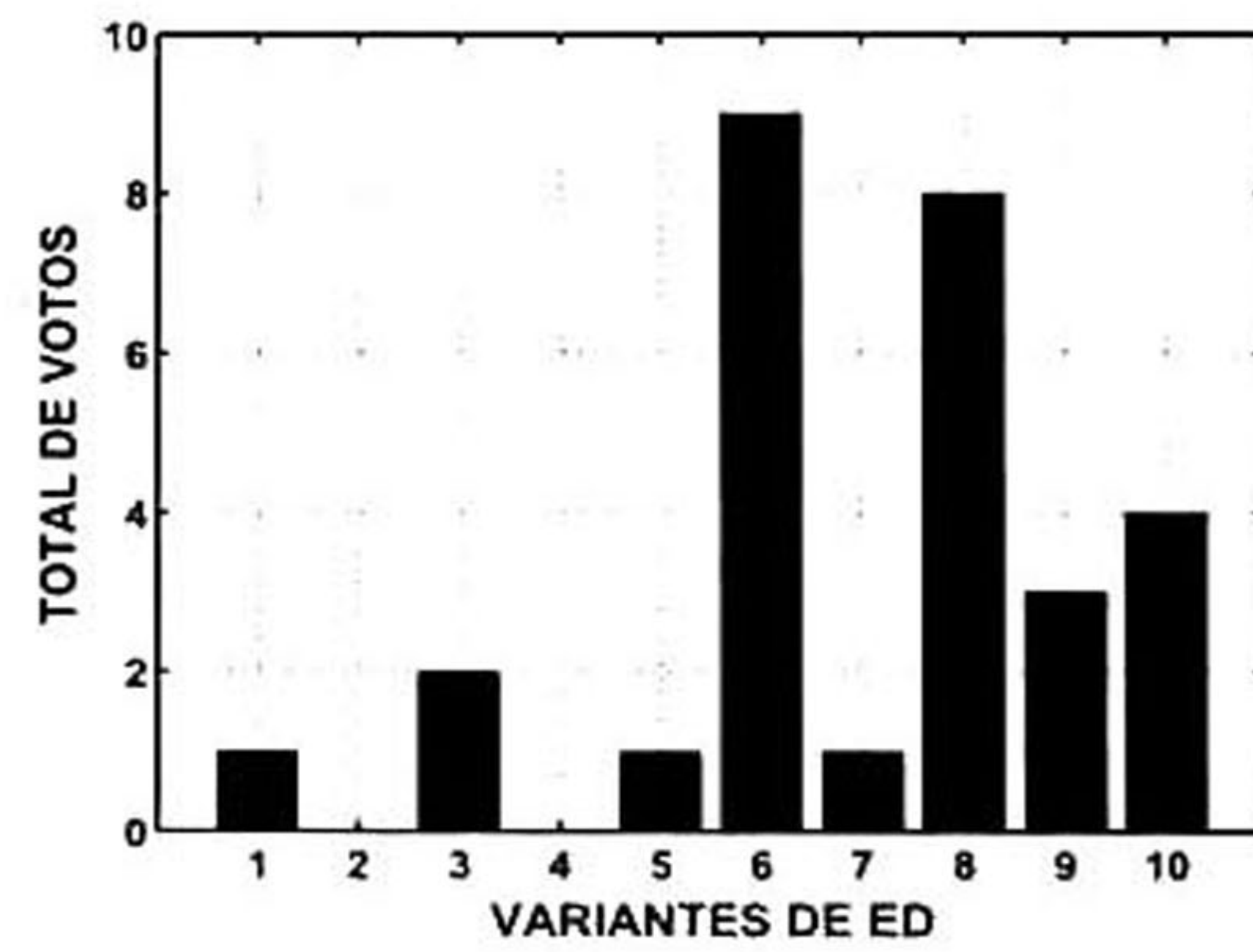
(a) ICM.



(b) PCNN.

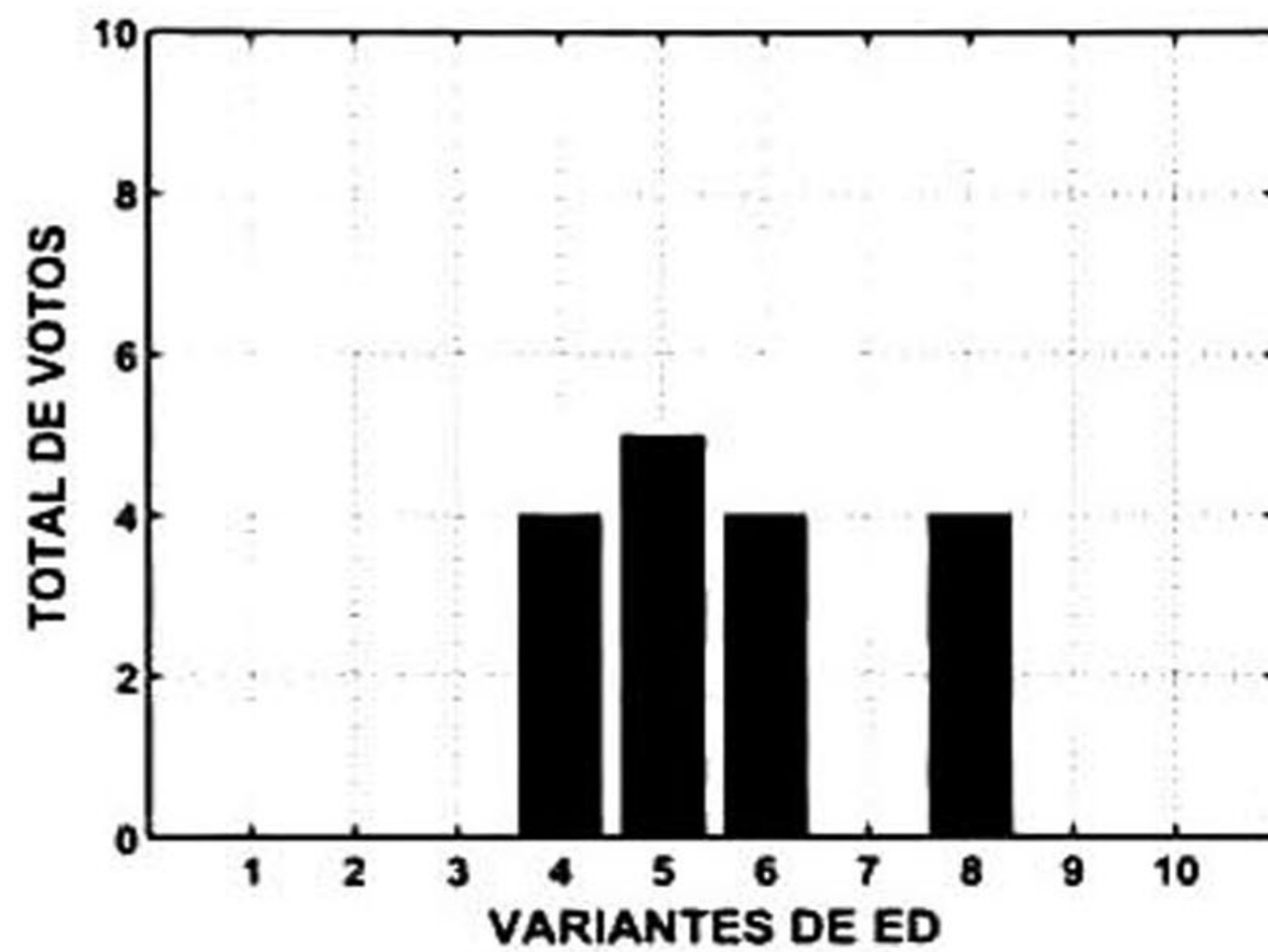


(c) SPCNN1.

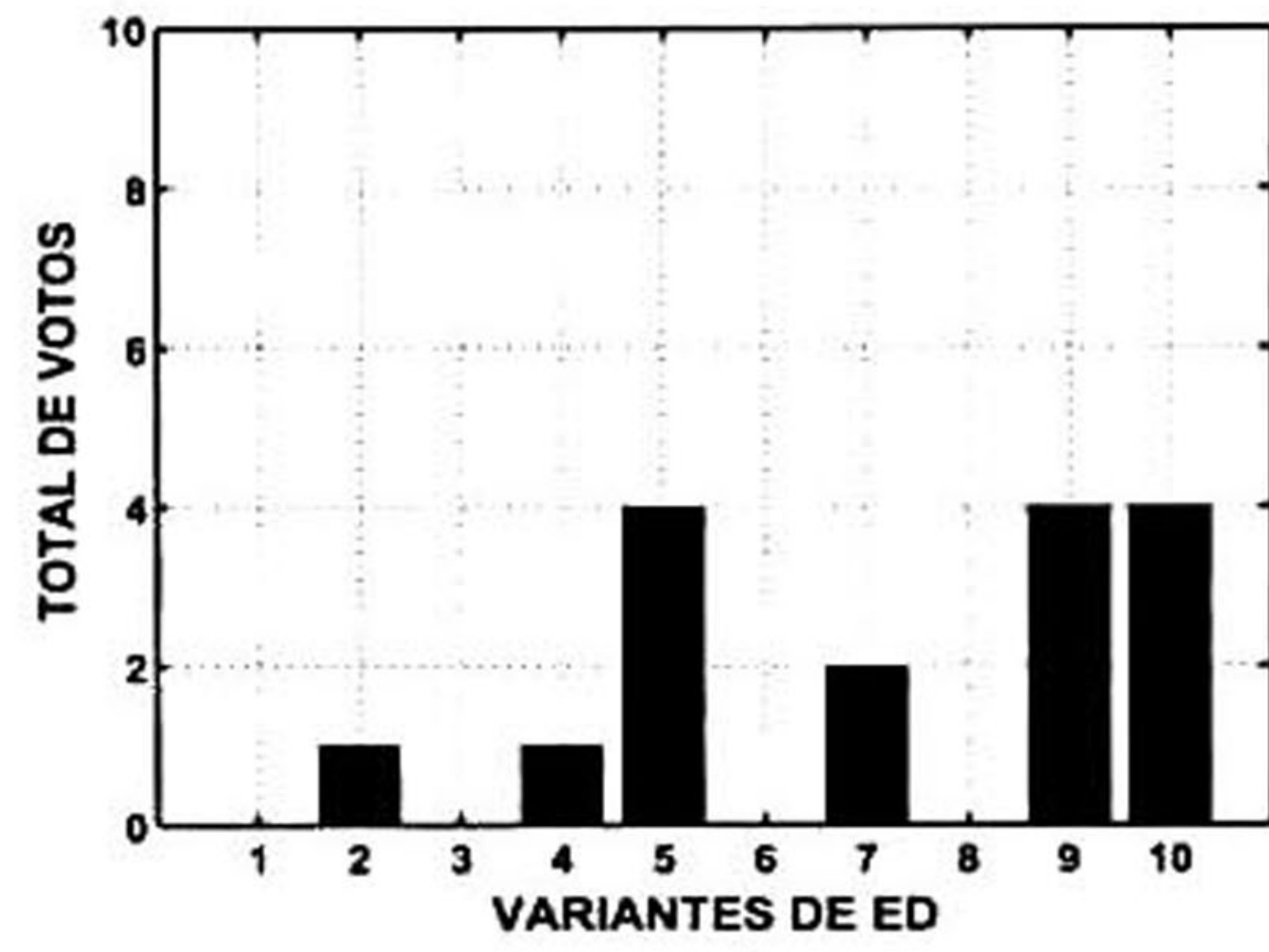


(d) SPCNN2.

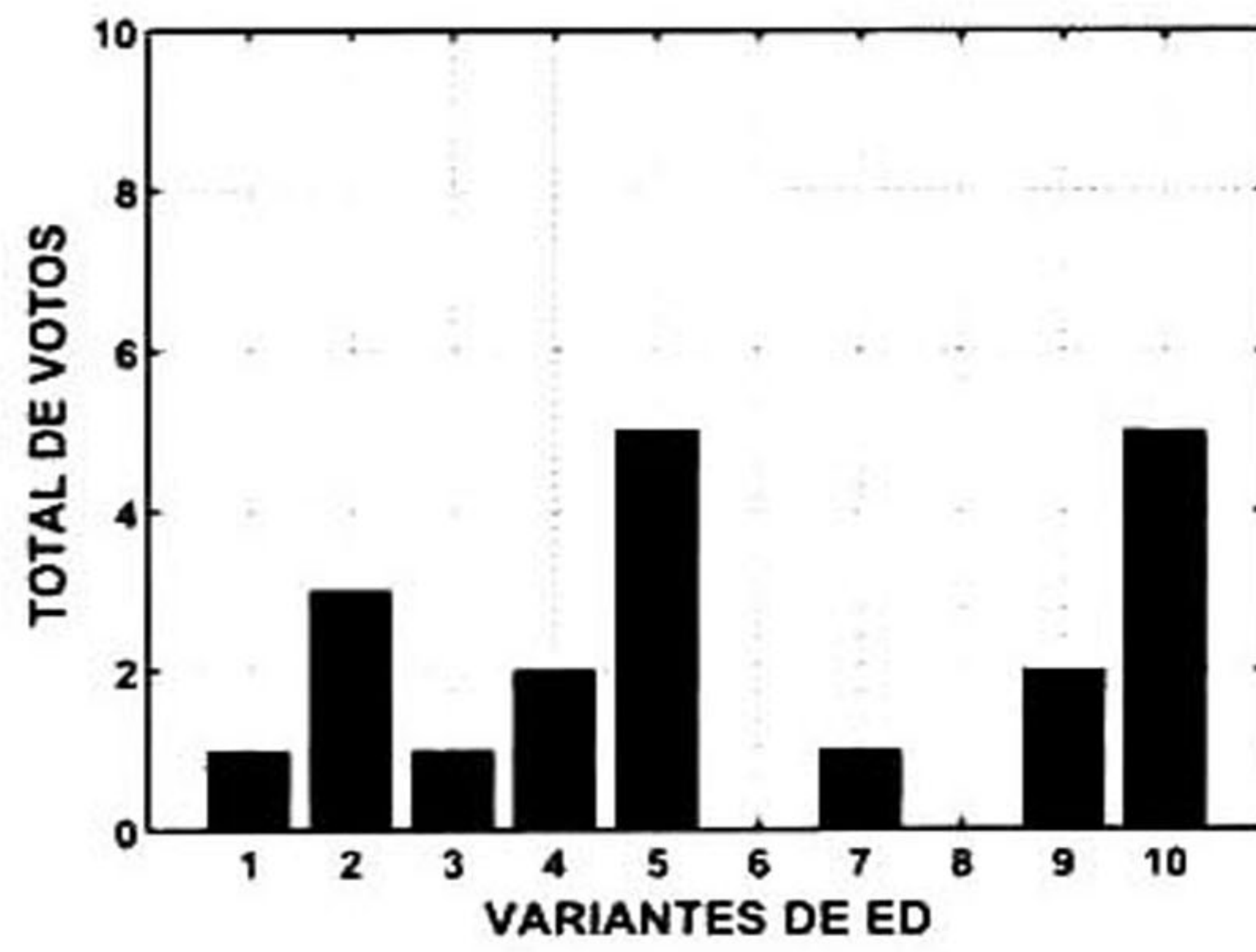
Figura 4.19: Resultados del sistema de votos para el experimento A.



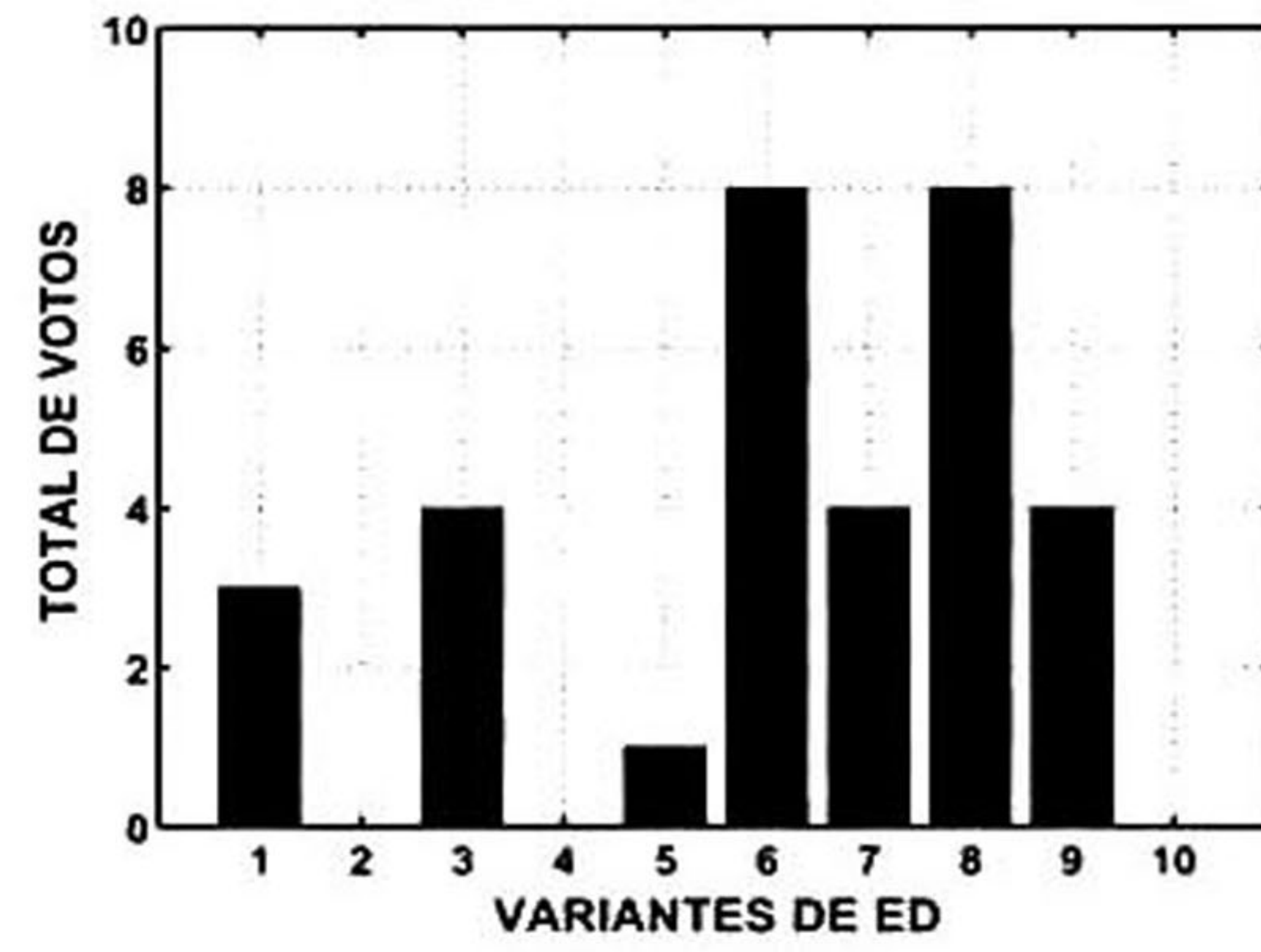
(a) ICM.



(b) PCNN.



(c) SPCNN1.



(d) SPCNN2.

Figura 4.20: Resultados del sistema de votos para el experimento B.

4.3.5.2. Análisis inter-modelo cortical

Una vez determinadas las variantes de ED ganadoras para cada modelo cortical (análisis intra-modelo), se realizó la prueba (no paramétrica) U de Mann-Whitney [82] para comparar las medianas de dos algoritmos ganadores (análisis inter-modelo), considerando el análisis de convergencia. Este estadístico plantea como hipótesis nula:

- H_0 : las medianas de dos muestras independientes son iguales;

y como hipótesis alternativa:

- H_1 : las medianas de dos muestras independientes son diferentes.

Como se observa en la Tabla 4.10, cada una de las comparaciones realizadas con la prueba U de Mann-Whitney ($\alpha = 0.05$) aceptó a H_1 como hipótesis válida. Para determinar qué variante fue la ganadora entra cada par de comparaciones, se eligió aquella que poseía la menor mediana (*i.e.*, la que requiere menor número de iteraciones). En la Tabla 4.10 el ganador de cada comparación se identifica con un asterisco. De este modo, se determinó que el algoritmo de segmentación ganador para las imágenes reales está constituido por la combinación del modelo clásico de PCNN y la variante de ED número 7 (rand/1/bin), debido a que ganó en tres de las seis comparaciones inter-modelo.

PRUEBA U DE MANN-WHITNEY			
MODELO/VARIANTE		VALOR-P	HIPÓTESIS
E-ICM/5	E-PCNN/7*	$5.72e^{-041}$	H_1
E-ICM/5*	E-SPCNN1/2	$7.76e^{-053}$	H_1
E-ICM/5	E-SPCNN2/6*	$7.47e^{-008}$	H_1
E-PCNN/7*	E-SPCNN1/2	$1.4575e^{-166}$	H_1
E-PCNN/7*	E-SPCNN2/6	$1.9772e^{-026}$	H_1
E-SPCNN1/2	E-SPCNN2/6*	$1.801e^{-125}$	H_1

Tabla 4.10: Resultados la prueba U de Mann-Whitney ($\alpha = 0.05$) para imágenes reales.

Por otra parte, se realizó el mismo análisis para el conjunto de algoritmos ganadores pertenecientes a las imágenes simuladas. En la Tabla 4.11 se muestran los resultados en donde se observa que la combinación de SPCNN2 y la variante de ED número 6 (best/1/bin) fue la combinación que obtuvo el mayor número de victorias.

PRUEBA U DE MANN-WHITNEY			
MODELO/VARIANTE		VALOR-P	HIPÓTESIS
E-ICM/5	E-PCNN/9*	$2.02e^{-002}$	H_1
E-ICM/5*	E-SPCNN1/5	$4.59e^{-08}$	H_1
E-ICM/5	E-SPCNN2/6*	$2.54e^{-07}$	H_1
E-PCNN/9*	E-SPCNN1/5	$7.65e^{-04}$	H_1
E-PCNN/9	E-SPCNN2/6*	$1.33e^{-28}$	H_1
E-SPCNN1/5	E-SPCNN2/6*	$2.38e^{-32}$	H_1

Tabla 4.11: Resultados la prueba U de Mann-Whitney ($\alpha = 0.05$) para imágenes simuladas.

Los resultados obtenidos del análisis inter-modelo para los experimentos A y B mostraron diferentes algoritmos ganadores: PCNN/7 y SPCNN2/6, respectivamente. Por tanto, se realizó la prueba U de Mann-Whitney [82] ($\alpha = 0.05$) para determinar entre ellos el algoritmo campeón mediante la comparación de sus medianas. El razonamiento de esta prueba fue el siguiente: si PCNN/7 ganó el experimento A y SPCNN2/6 ganó el experimento B, entonces verificar la significancia estadística comparando ambos algoritmos para los experimentos A y B. En la Tabla 4.12 se observa el conjunto de valores-p obtenidos en dicha prueba. Estos resultados indicaron una diferencia significativa entre los algoritmos ganadores. Para determinar el algoritmo campeón se analizó la mediana de exactitud y porcentaje de valores atípicos. Los resultados se observan en la Tabla 4.12.

	IMÁGENES REALES				IMÁGENES SIMULADAS			
	EXACTITUD		GENERACIONES		EXACTITUD		GENERACIONES	
	MEDIANA ESTADÍSTICA	VALORES ATÍPICOS	MEDIANA ESTADÍSTICA	VALORES ATÍPICOS	MEDIANA ESTADÍSTICA	VALORES ATÍPICOS	MEDIANA ESTADÍSTICA	VALORES ATÍPICOS
PCNN/7	96.59	4.14 %	43	2.21 %	98.40	7.09 %	50	0.64 %
SPCNN/6	96.73	1.96 %	46	6.48 %	98.57	5.48 %	44	5.32 %
VALOR-P	$6.76e^{-13}$		$1.97e^{-026}$		$7.48e^{-05}$		$3.92e^{-08}$	

Tabla 4.12: Mediana de exactitud y porcentaje de valores atípicos de cada algoritmo ganador.

En la Tabla 4.12 se observa que el algoritmo SPCNN2/6 posee una mejor exactitud y menor cantidad de valores atípicos al momento de segmentar imágenes reales y simuladas. Por otro lado, la mediana de convergencia de dicho algoritmo es mayor que la del algoritmo PCNN/7. Por tanto, debido a que el algoritmo SPCNN2/6 posee una mayor mediana de exactitud y el menor porcentaje de valores atípicos al segmentar imágenes de US reales y simuladas, se eligió este algoritmo como campeón, ya que se necesita una mayor exactitud al momento de describir las características mor-

fológicas de la lesión para los procesos futuros de extracción de características y clasificación de la lesión en un sistema CAD, aunque demore unas pocas generaciones más en converger a una solución óptima.

4.3.6 Comparación en contra de métodos basados en función de restricción Gaussiana

Se realizó una comparación entre los resultados del algoritmo campeón, SPCNN2/6, y algunos métodos de segmentación publicados en la literatura, los cuales se basan en función de restricción Gaussiana. Se eligieron tres algoritmos de los cuales el primero es el propuesto por Horsch *et al.* [37], en donde se definió por primera vez el uso de la función de restricción Gaussiana para enfatizar la lesión. El segundo algoritmo fue el de Infantosi *et al.* [40], el cual fusiona el método de segmentación de Alvarenga *et al.* [4] y Horsch *et al.* [37] para crear dos marcadores que son utilizados por la transformada *watershed* para segmentar las lesiones en las imágenes US. El tercer algoritmo fue el método de Gómez *et al.* [31], el cual umbrala iterativamente la imagen enfatizada con la función Gaussiana para generar una serie de marcadores que controlan la sobresegmentación de la transformada *watershed*.

Estos tres algoritmos de segmentación son deterministas, ya que la inicialización del algoritmo al ser siempre la misma el resultado final no cambiará. Por tanto, sólo fue necesaria una sola ejecución para segmentar cada una de las 51 ultrasonografías del banco de imágenes reales. La salida de cada algoritmo se comparó contra las delineaciones manuales de dos radiólogos en términos de exactitud. En la Figura 4.21 se muestra un ejemplo de la salida de los tres métodos de segmentación descritos, junto con la salida del algoritmo SPCNN2/6 y la delineación manual de un radiólogo. En la imagen se observa un tumor maligno el cual posee un contorno irregular con zonas de bajo contraste. Los métodos de Horsch *et al.* [37] e Infantosi *et al.* [40] no son congruentes con la delineación esperada hecha por un radiólogo, mientras que los métodos de Gómez *et al.* [31] y el método propuesto se aproximan a la forma de la lesión.

En la Figura 4.22 se muestran los resultados de los métodos de segmentación aplicados al conjunto de imágenes reales. Por otra parte, para determinar objetivamente el desempeño de cada algoritmo y confirmar si nuestra propuesta mejora los resultados obtenidos por los métodos de segmentación propuestos en la literatura se realizó un análisis estadístico.

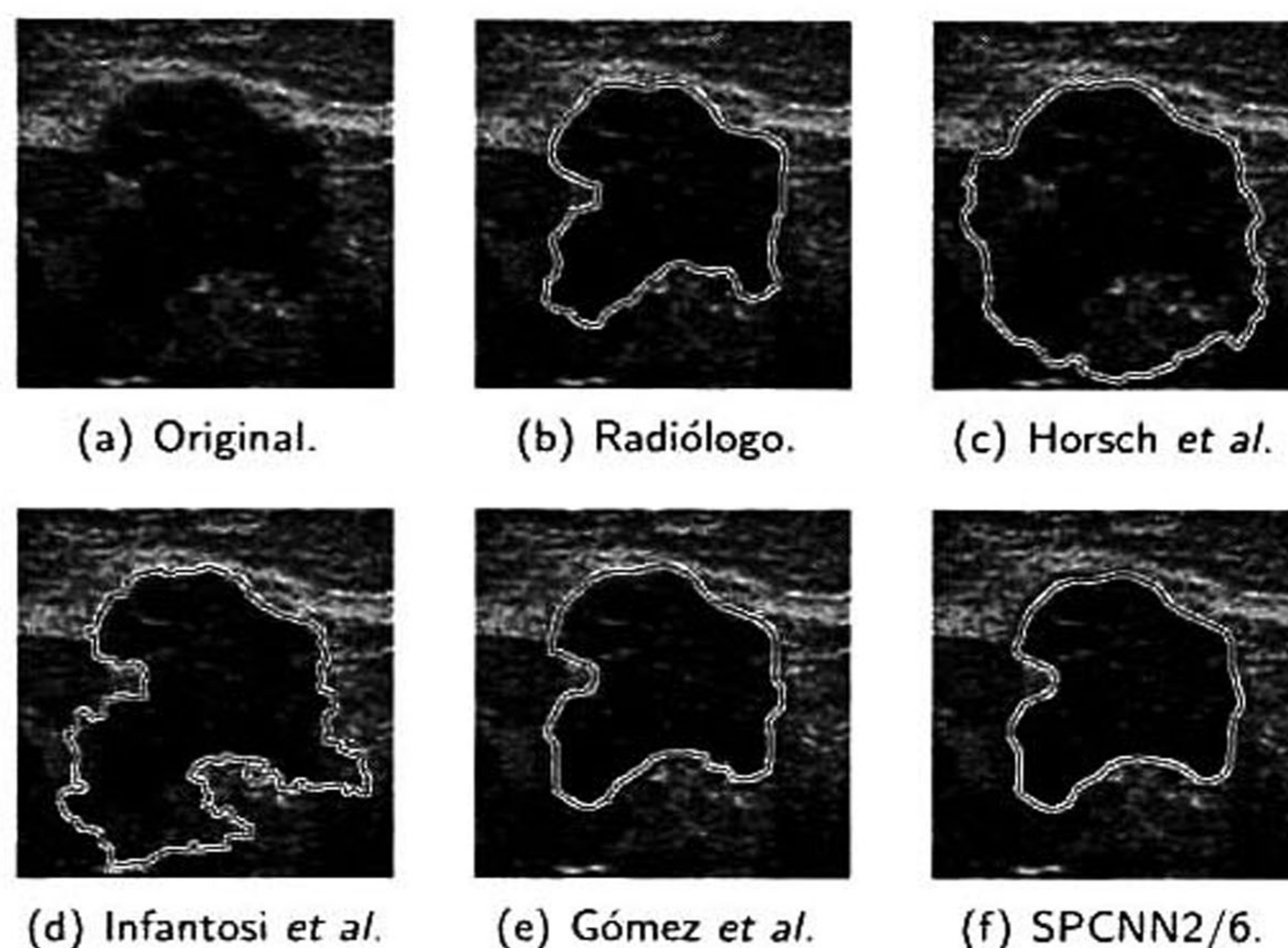


Figura 4.21: Comparativa de segmentación: (a) original, (b) manual, (c), (d) y (e) métodos de segmentación basados en función Gaussiana y (f) método propuesto: SPCNN2/6.

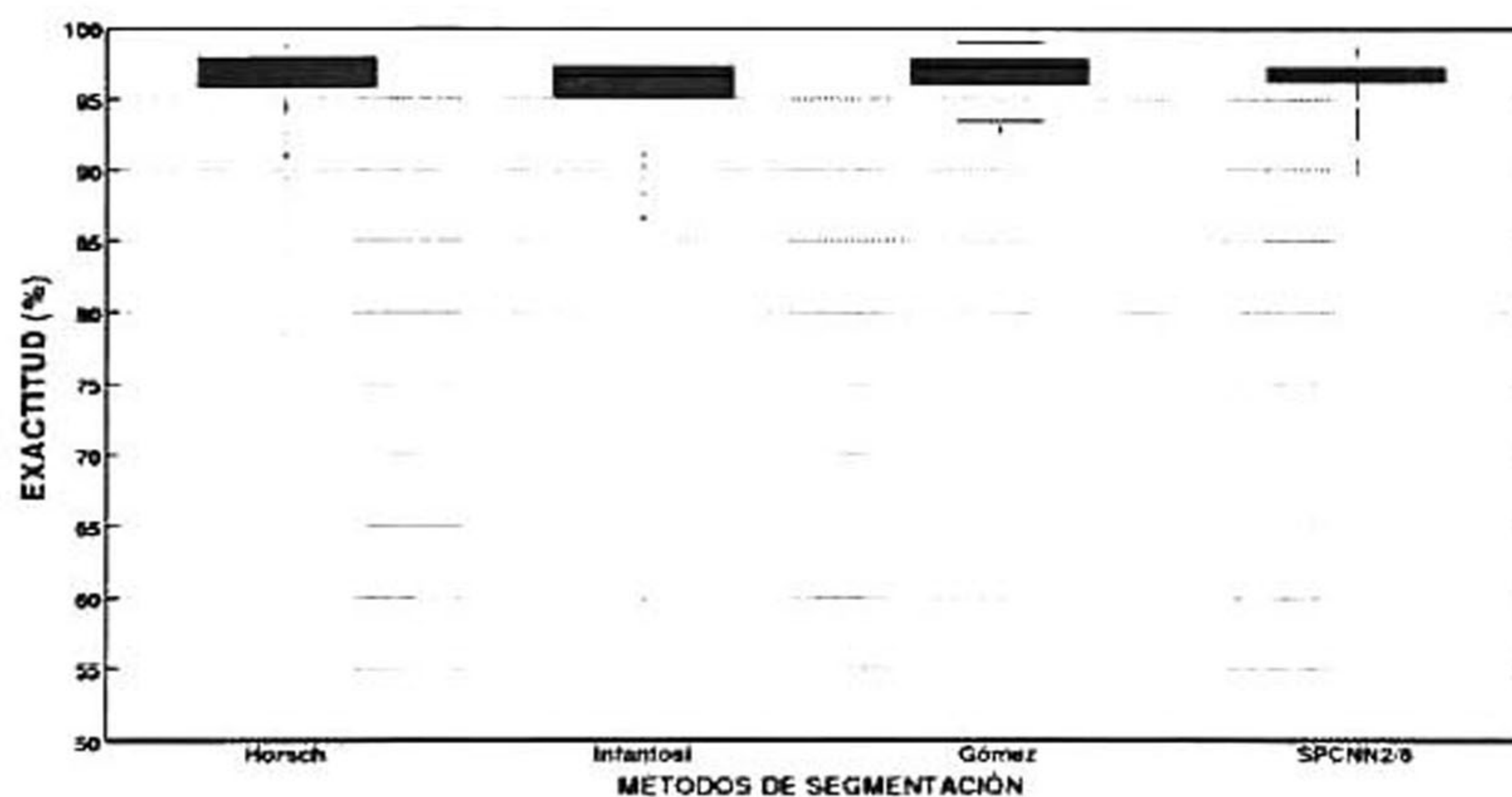


Figura 4.22: Comparativo de exactitud entre métodos de segmentación

La prueba de *Shapiro-Wilk* [72] ($\alpha = 0.05$), determinó que los datos obtenidos por los métodos de

segmentación poseían una distribución asimétrica. Posteriormente, la prueba de *Kruskal-Wallis* [49] ($\alpha = 0.05$) determinó que existían diferencias estadísticas significativas entre los distintos métodos de segmentación. Por tanto, el análisis multicomparativo por pares, con la corrección de Bonferroni, indicó cuáles métodos resultaron significativamente diferentes, como se muestra en la Tabla 4.13. Las filas marcadas con color gris representan aquellas comparaciones que poseen una diferencia significativa.

ANÁLISIS MULTICOMPARATIVO ENTRE MÉTODOS				
MÉTODOS		LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
Horsch <i>et al.</i>	Infantosi <i>et al.</i>	-8.4936	361.4020	731.2976
Horsch <i>et al.</i>	Gómez <i>et al.</i>	-554.4054	-184.5098	185.3858
Horsch <i>et al.</i>	SPCNN2/6	-57.8987	207.8422	473.5830
Infantosi <i>et al.</i>	Gómez <i>et al.</i>	-915.8074	-545.9118	-176.0162
Infantosi <i>et al.</i>	SPCNN2/6	-419.3006	-153.5598	112.1811
Gómez <i>et al.</i>	SPCNN2/6	126.6111	392.3520	658.0928

Tabla 4.13: Resultados del análisis multicomparativo entre métodos de segmentación para un nivel de confianza del 95 %.

Como se observa en la Tabla 4.13, nuestro método de segmentación, SPCNN2/6, es significativamente diferente con respecto al método de Gómez *et al.* [31]. Sin embargo, no muestra alguna diferencia estadística con respecto al método de Infantosi *et al.* [40] y Horsch *et al.* [37]. Esto se puede ratificar en la Tabla 4.14 en donde se muestra la mediana estadística de exactitud de cada método, así como un cálculo del porcentaje de valores atípicos de cada método de segmentación.

MÉTODOS DE SEGMENTACIÓN	MEDIANA DE EXACTITUD (%)	PORCENTAJE DE VALORES ATÍPICOS
Horsch <i>et al.</i>	97.03	19.61
Infantosi <i>et al.</i>	96.62	17.65
Gómez <i>et al.</i>	97.25	7.84
SPCNN2/6	96.73	1.96

Tabla 4.14: Porcentaje de valores atípicos y valor de mediana de los métodos de segmentación.

En la Tabla 4.14 se observa que el método de Horsch *et al.* [37] obtuvo el mayor porcentaje de valores atípicos, seguido de Infantosi *et al.* [40] y Gómez *et al.* [31], mientras que nuestro algoritmo,

SPCNN2/6, obtuvo el menor porcentaje de valores atípicos, lo que indica que tiene un comportamiento más estable que los otros métodos de segmentación.

5

Conclusiones y trabajo futuro

Actualmente, los algoritmos de segmentación descritos en la literatura están desarrollados para obtener un buen desempeño en imágenes que poseen características sonográficas muy específicas, por ejemplo, imágenes con una textura homogénea y lesiones con bordes bien definidos. Por tanto, estos métodos suelen realizar una mala segmentación cuando se presentan imágenes con características sonográficas muy variantes como bordes irregulares, baja iluminación y textura heterogénea. Por esta razón, se decidió desarrollar un nuevo método de segmentación basado en el uso de inteligencia computacional que combina la generalización de las redes neuronales y la adaptabilidad de la evolución diferencial con el único fin de proveer una serie de mecanismos adaptativos que permitan una conducta inteligente en ambientes cambiantes y complejos como lo son las imágenes de ultrasonido.

Una etapa que juega un papel muy importante en el método propuesto es el preprocesamiento debido a que prepara la imagen para la etapa de segmentación a través de un conjunto de técnicas que se aplican a la imagen de US con el objetivo de mejorar su calidad y facilitar la búsqueda de información. Es por esta razón, que se eligieron tres diferentes técnicas descritas en la literatura para realizar dicho proceso. Primeramente, el algoritmo CLAHE [87] ajusta el contraste de la imagen

haciendo una redistribución local de los niveles de gris de la misma. A continuación, el filtro de difusión anisotrópico guiado por descriptores de texturas (banco de filtros de Gabor) [60] reduce el artefacto *speckle* sin difuminar en exceso el borde de las lesiones. Finalmente, la función de restricción Gaussiana propuesta por Horsch *et al.* [37] enfatiza el tumor de la imagen filtrada mediante una atenuación de los píxeles distantes a la región del tumor.

En la etapa de segmentación dos paradigmas de inteligencia computacional fueron aplicados para segmentar las lesiones en las imágenes de US a través de la sintonización de los parámetros de entrada de la PCNN y variantes (ICM, SPCNN1, SPCNN2) mediante el algoritmo de ED. Para configurar los distintos parámetros se utilizaron diez variantes de evolución diferencial definidas por la combinación de cinco tipos de mutación (Sección 3.3.3.1) y dos tipos de cruza (Sección 3.3.3.1) descritos en la literatura [21]. Se seleccionó como solución óptima aquella configuración de parámetros que produjera un contorno que maximizara la energía de la función objetivo al momento de ser evaluado en el mapa de aptitud.

Para evaluar el desempeño de cada algoritmo de segmentación se utilizó una base de datos compuesta de imágenes reales y simuladas. Las imágenes reales fueron segmentadas por dos radiólogos especializados, mientras que las simuladas fueron obtenidas mediante la reproducción de características ultrasónicas en términos de ruido, contraste, iluminación, tipos de tejido y morfología de lesiones. Se realizaron dos experimentos: *i*) experimento A: orientado a imágenes reales y *ii*) experimento B: orientado a imágenes simuladas. La evaluación del desempeño se realizó a través de cuatro métricas básicas del error del área (TP, FP, TN, FN) en términos de exactitud mediante la comparación de una referencia manual o un patrón binario (utilizado en la simulación de las imágenes de US) y la salida del algoritmo de segmentación. Debido a la naturaleza estocástica de nuestro método cada experimento se ejecutó 31 veces para las imágenes reales, mientras que se generaron 31 muestras para cada uno de los 20 tipos de imágenes simuladas. A partir de los resultados obtenidos se desarrolló un análisis estadístico de significancia en ambos experimentos para determinar qué algoritmo de segmentación presentaba un mejor desempeño al momento de segmentar las imágenes de US.

Sin embargo, los resultados no mostraron alguna diferencia significativa entre los algoritmos de segmentación en términos de exactitud. Con esto se ratificó que el algoritmo de ED posee una gran capacidad de adaptación para sintonizar adecuadamente los parámetros de cualquier modelo cortical de modo que no se presenten diferencias entre los resultados de cada algoritmo.

Para determinar objetivamente el mejor algoritmo de segmentación se utilizó el número de generaciones efectivas de cada algoritmo con el único fin de seleccionar un ganador. A través de este análisis se determinó que para las imágenes reales el mejor algoritmo de segmentación fue el modelo clásico de PCNN sintonizado con la variante de ED rand/1/bin, mientras que para las imágenes simuladas se seleccionó como mejor algoritmo a SPCNN2 sintonizado con la variante de ED best/1/bin. Las estrategias de mutación de ambos ganadores presentan la estructura matemática más sencilla de las cinco utilizadas (Sección 3.3.3.1), la cual involucra el vector objetivo (rand/1/bin) o el mejor vector (best/1/bin) de la generación y una diferencia entre dos vectores aleatorios. Por otra parte, ambos ganadores tienen en común el cruzamiento binomial, esto se debe a que la probabilidad de cruza involucra todas las variables a configurar, al contrario de la cruza exponencial que sesga la información de los vectores involucrados provocando una convergencia tardía.

El modelo clásico de PCNN simula el funcionamiento neuronal de la corteza visual primaria del gato. Cada neurona de este modelo posee dos entradas: *feeding* (alimentación) y *linking* (enlace). El *feeding* recibe tanto estímulos externos (*i.e.*, información de los píxeles de la imagen) como locales (*i.e.*, retroalimentación de la respuesta de la propia neurona y las salidas de neuronas vecinas), mientras que el *linking* únicamente recibe estímulos locales. Después ambas entradas son combinadas para crear el voltaje de la membrana, el cual es comparado con un umbral local para producir la imagen de salida. Por otra parte, en el modelo SPCNN2 el *feeding* únicamente recibe estímulos externos, mientras que el *linking* en cada pulsación recibe estímulos locales. Las neuronas de estos modelos tienen una capacidad especial de comunicarse a través de sinapsis que son conexiones especializadas entre varias neuronas que permiten transmitir información entre ellas. Al eliminar la sinapsis del modelo SPCNN2 (*i.e.*, la capa de *feeding*) se reduce la cantidad de información redundante (que

puede interpretarse como ruidosa) provocando una mayor exactitud al segmentar las lesiones en las imágenes US. Sin embargo, esta falta de información es compensada a través de más generaciones del algoritmo de ED para converger a una solución aceptable. Por otra parte, el modelo PCNN al poseer una doble sinapsis (i.e, capa de *feeding* y *linking*) realiza la segmentación en menos generaciones del algoritmo ED. Sin embargo, al recibir una mayor cantidad de información redundante o ruidosa provoca una menor exactitud en la segmentación.

Debido a que el proceso de segmentación debe describir la naturaleza morfológica de una lesión con buena exactitud para determinar qué rasgos proveen mayor información con respecto a una clase (i.e, lesión benigna o maligna), se eligió al algoritmo SPCNN2/6 como el ganador, debido a que presenta una mejor exactitud al momento de segmentar lesiones en imágenes de US de mama.

El algoritmo de segmentación ganador, SPCNN2/6 fue comparado contra tres algoritmos de segmentación basados en función de restricción Gaussiana descritos en la literatura. Para realizar una evaluación objetiva cada algoritmo segmentó el conjunto de imágenes reales utilizado en el "experimento A" A través de los resultados obtenidos se concluyó que nuestro algoritmo además de ser competitivo con los presentes en la literatura en términos de exactitud posee una capacidad mayor para disminuir significativamente el número de valores atípicos registrados, debido al uso de inteligencia computacional.

Creemos que la contribución más importante de este trabajo de investigación es el uso de inteligencia computacional para sintonizar dinámicamente los parámetros de distintos modelos corticales con el único fin de lograr la segmentación óptima de las lesiones en imágenes de US. La serie de experimentos desarrollados mostraron que los paradigmas de inteligencia computacional utilizados son capaces de segmentar las imágenes de ultrasonido con una precisión mayor al 90 % planteado en nuestra hipótesis de investigación. Sin embargo, el algoritmo desarrollado posee algunos puntos débiles debido a que en algunos casos la exactitud obtenida no superó el 90 %. Estos casos se presentaron en imágenes que poseen lesiones mal definidas debido a la elevada potencia del artefacto *speckle*, una gran cantidad de sombras acústicas y bajo contraste. Por lo que se plantea como trabajo futuro explorar nuevas técnicas metaheurísticas para mejorar el resultado de segmentación en estos casos particulares

mediante el uso de distintas técnicas de inteligencia computacional.

Por otra parte, se plantea el desarrollo de un sistema CAD que involucre el algoritmo de segmentación propuesto en este trabajo de tesis para estudiar su influencia en el diagnóstico final de lesiones de mama en imágenes de US. El objetivo es medir su tolerancia en términos de exactitud y el efecto que produce al momento de extraer el conjunto de características relevantes que permitan discriminar entre una lesión benigna y maligna. El sistema desarrollado será probado clínicamente con nuevos casos para determinar su utilidad. Por otra parte, este sistema servirá para generar una vinculación con centros de radiología y hospitales especializados para realizar una investigación conjunta. La colaboración con el sector salud nos permitirá obtener de primera mano opiniones de expertos y datos necesarios para realizar futuras investigaciones que ayuden a disminuir la mortalidad causada por esta patología por medio de *software* especializado que ayude a los médicos en la toma de decisiones.

Apéndices

A

Tablas de multicomparación por pares con corrección de Bonferroni: Exactitud.

A.1 Imágenes reales: Exactitud.

IMÁGENES REALES: EXACTITUD ICM				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-487.8661	-19.0851	449.6960
1	3	-467.5859	1.1952	469.9762
1	4	-525.0823	-56.3012	412.4799
1	5	-453.3161	15.4649	484.2460
1	6	-583.0307	-114.2496	354.5315
1	7	-594.0266	-125.2456	343.5355
1	8	-470.7887	-2.0077	466.7734
1	9	-509.4468	-40.6657	428.1153
1	10	-592.8379	-124.0569	344.7242
2	3	-448.5008	20.2802	489.0613
2	4	-505.9972	-37.2161	431.5649
2	5	-434.2311	34.5500	503.3311
2	6	-563.9456	-95.1645	373.6166
2	7	-574.9416	-106.1605	362.6206
2	8	-451.7036	17.0774	485.8585
2	9	-490.3617	-21.5806	447.2004
2	10	-573.7528	-104.9718	363.8093
3	4	-526.2774	-57.4964	411.2847
3	5	-454.5113	14.2698	483.0508
3	6	-584.2258	-115.4448	353.3363
3	7	-595.2218	-126.4407	342.3403
3	8	-471.9839	-3.2028	465.5782
3	9	-510.6420	-41.8609	426.9202
3	10	-594.0331	-125.2520	343.5291
4	5	-397.0149	71.7661	540.5472
4	6	-526.7295	-57.9484	410.8327
4	7	-537.7254	-68.9444	399.8367
4	8	-414.4875	54.2935	523.0746
4	9	-453.1456	15.6355	484.4166
4	10	-536.5367	-67.7556	401.0254
5	6	-598.4956	-129.7145	339.0666
5	7	-609.4916	-140.7105	328.0706
5	8	-486.2536	-17.4726	451.3085
5	9	-524.9117	-56.1306	412.6504
5	10	-608.3028	-139.5218	329.2593
6	7	-479.7770	-10.9960	457.7851
6	8	-356.5391	112.2419	581.0230
6	9	-395.1972	73.5839	542.3649
6	10	-478.5883	-9.8073	458.9738
7	8	-345.5432	123.2379	592.0190
7	9	-384.2012	84.5798	553.3609
7	10	-467.5924	1.1887	469.9698
8	9	-507.4391	-38.6581	430.1230
8	10	-590.8303	-122.0492	346.7319
9	10	-552.1722	-83.3911	385.3899

Tabla A.1: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: ICM.

IMÁGENES REALES: EXACTITUD PCNN				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-172.6515	296.1315	764.9144
1	3	-315.0253	153.7577	622.5407
1	4	-284.1003	184.6827	653.4657
1	5	-56.6503	412.1327	880.9157
1	6	-448.3632	20.4198	489.2028
1	7	-378.0346	90.7484	559.5314
1	8	-335.6640	133.1190	601.9019
1	9	-229.7447	239.0383	707.8213
1	10	-136.4741	332.3089	801.0919
2	3	-611.1568	-142.3738	326.4092
2	4	-580.2318	-111.4488	357.3342
2	5	-352.7818	116.0012	584.7842
2	6	-744.4947	-275.7117	193.0713
2	7	-674.1661	-205.3831	263.3999
2	8	-631.7955	-163.0125	305.7705
2	9	-525.8761	-57.0931	411.6898
2	10	-432.6056	36.1774	504.9604
3	4	-437.8580	30.9250	499.7080
3	5	-210.4080	258.3750	727.1580
3	6	-602.1209	-133.3379	335.4451
3	7	-531.7923	-63.0093	405.7737
3	8	-489.4217	-20.6387	448.1443
3	9	-383.5023	85.2806	554.0636
3	10	-290.2318	178.5512	647.3342
4	5	-241.3330	227.4500	696.2330
4	6	-633.0459	-164.2629	304.5201
4	7	-562.7173	-93.9343	374.8487
4	8	-520.3467	-51.5637	417.2193
4	9	-414.4273	54.3556	523.1386
4	10	-321.1568	147.6262	616.4092
5	6	-860.4959	-391.7129	77.0701
5	7	-790.1673	-321.3843	147.3987
5	8	-747.7967	-279.0137	189.7693
5	9	-641.8773	-173.0944	295.6886
5	10	-548.6068	-79.8238	388.9592
6	7	-398.4544	70.3286	539.1116
6	8	-356.0838	112.6992	581.4822
6	9	-250.1644	218.6185	687.4015
6	10	-156.8939	311.8891	780.6721
7	8	-426.4124	42.3706	511.1536
7	9	-320.4931	148.2899	617.0729
7	10	-227.2225	241.5605	710.3435
8	9	-362.8636	105.9194	574.7023
8	10	-269.5931	199.1899	667.9729
9	10	-375.5124	93.2706	562.0536

Tabla A.2: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: PCNN.

IMÁGENES REALES: EXACTITUD SPCNN1				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-564.5001	-95.7177	373.0646
1	3	-463.5566	5.2258	474.0082
1	4	-602.6126	-133.8302	334.9521
1	5	-526.9247	-58.1423	410.6400
1	6	-548.3747	-79.5923	389.1900
1	7	-543.0364	-74.2540	394.5283
1	8	-423.3735	45.4089	514.1913
1	9	-404.6352	64.1472	532.9296
1	10	-469.2090	-0.4266	468.3558
2	3	-367.8388	100.9435	569.7259
2	4	-506.8949	-38.1125	430.6699
2	5	-431.2070	37.5754	506.3578
2	6	-452.6570	16.1254	484.9078
2	7	-447.3187	21.4637	490.2461
2	8	-327.6558	141.1266	609.9090
2	9	-308.9175	159.8649	628.6473
2	10	-373.4913	95.2911	564.0735
3	4	-607.8384	-139.0560	329.7263
3	5	-532.1505	-63.3681	405.4142
3	6	-553.6005	-84.8181	383.9642
3	7	-548.2622	-79.4798	389.3025
3	8	-428.5993	40.1831	508.9654
3	9	-409.8610	58.9214	527.7038
3	10	-474.4348	-5.6524	463.1300
4	5	-393.0945	75.6879	544.4703
4	6	-414.5445	54.2379	523.0203
4	7	-409.2062	59.5762	528.3586
4	8	-289.5433	179.2391	648.0215
4	9	-270.8050	197.9774	666.7598
4	10	-335.3788	133.4036	602.1860
5	6	-490.2324	-21.4500	447.3324
5	7	-484.8941	-16.1117	452.6707
5	8	-365.2312	103.5512	572.3336
5	9	-346.4929	122.2895	591.0719
5	10	-411.0667	57.7157	526.4981
6	7	-463.4441	5.3383	474.1207
6	8	-343.7812	125.0012	593.7836
6	9	-325.0429	143.7395	612.5219
6	10	-389.6167	79.1657	547.9481
7	8	-349.1195	119.6629	588.4453
7	9	-330.3812	138.4012	607.1836
7	10	-394.9550	73.8274	542.6098
8	9	-450.0441	18.7383	487.5207
8	10	-514.6179	-45.8355	422.9469
9	10	-533.3562	-64.5738	404.2086

Tabla A.3: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: SPCNN1.

IMÁGENES REALES: EXACTITUD SPCNN2				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-643.1893	-174.4266	294.3361
1	3	-505.6402	-36.8774	431.8853
1	4	-540.8389	-72.0762	396.6865
1	5	-642.0829	-173.3202	295.4426
1	6	-401.2143	67.5484	536.3111
1	7	-559.2192	-90.4565	378.3063
1	8	-505.2849	-36.5222	432.2406
1	9	-447.8059	20.9569	489.7196
1	10	-408.3430	60.4198	529.1825
2	3	-331.2135	137.5492	606.3119
2	4	-366.4123	102.3504	571.1131
2	5	-467.6563	1.1065	469.8692
2	6	-226.7877	241.9750	710.7377
2	7	-384.7926	83.9702	552.7329
2	8	-330.8583	137.9044	606.6672
2	9	-273.3793	195.3835	664.1462
2	10	-233.9164	234.8464	703.6091
3	4	-503.9615	-35.1988	433.5639
3	5	-605.2055	-136.4427	332.3200
3	6	-364.3369	104.4258	573.1885
3	7	-522.3418	-53.5790	415.1837
3	8	-468.4075	0.3552	469.1180
3	9	-410.9285	57.8343	526.5970
3	10	-371.4656	97.2972	566.0599
4	5	-570.0067	-101.2440	367.5188
4	6	-329.1381	139.6246	608.3873
4	7	-487.1430	-18.3802	450.3825
4	8	-433.2087	35.5540	504.3168
4	9	-375.7297	93.0331	561.7958
4	10	-336.2668	132.4960	601.2587
5	6	-227.8942	240.8685	709.6313
5	7	-385.8990	82.8637	551.6264
5	8	-331.9647	136.7980	605.5607
5	9	-274.4857	194.2770	663.0397
5	10	-235.0228	233.7399	702.5027
6	7	-626.7676	-158.0048	310.7579
6	8	-572.8333	-104.0706	364.6922
6	9	-515.3543	-46.5915	422.1712
6	10	-475.8914	-7.1286	461.6341
7	8	-414.8285	53.9343	522.6970
7	9	-357.3494	111.4133	580.1760
7	10	-317.8865	150.8762	619.6389
8	9	-411.2837	57.4790	526.2418
8	10	-371.8208	96.9419	565.7047
9	10	-429.2998	39.4629	508.2256

Tabla A.4: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: SPCNN2.

A.2 Imágenes simuladas: Exactitud.

IMÁGENES SIMULADAS: EXACTITUD ICM				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-372.22	-40.728	290.77
1	3	-389.51	-58.012	273.48
1	4	-384.56	-53.07	278.42
1	5	-375.11	-43.612	287.88
1	6	-430.55	-99.056	232.44
1	7	-436.32	-104.83	226.67
1	8	-401.67	-70.177	261.32
1	9	-473.28	-141.78	189.71
1	10	-453.46	-121.97	209.52
2	3	-348.78	-17.284	314.21
2	4	-343.84	-12.342	319.15
2	5	-334.38	-2.8839	328.61
2	6	-389.82	-58.328	273.17
2	7	-395.59	-64.097	267.4
2	8	-360.94	-29.449	302.04
2	9	-432.55	-101.06	230.44
2	10	-412.73	-81.24	250.25
3	4	-326.55	4.9419	336.44
3	5	-317.09	14.4	345.89
3	6	-372.54	-41.044	290.45
3	7	-378.31	-46.813	284.68
3	8	-343.66	-12.165	319.33
3	9	-415.27	-83.772	247.72
3	10	-395.45	-63.956	267.54
4	5	-322.04	9.4581	340.95
4	6	-377.48	-45.986	285.51
4	7	-383.25	-51.755	279.74
4	8	-348.6	-17.107	314.39
4	9	-420.21	-88.714	242.78
4	10	-400.39	-68.898	262.6
5	6	-386.94	-55.444	276.05
5	7	-392.71	-61.213	270.28
5	8	-358.06	-26.565	304.93
5	9	-429.67	-98.172	233.32
5	10	-409.85	-78.356	253.14
6	7	-337.26	-5.7685	325.72
6	8	-302.61	28.879	360.37
6	9	-374.22	-42.727	288.77
6	10	-354.41	-22.912	308.58
7	8	-296.85	34.648	366.14
7	9	-368.45	-36.959	294.53
7	10	-348.64	-17.144	314.35
8	9	-403.1	-71.606	259.89
8	10	-383.28	-51.791	279.7
9	10	-311.68	19.815	351.31

Tabla A.5: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: ICM.

IMÁGENES SIMULADAS: EXACTITUD PCNN				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-287.9	43.589	375.08
1	3	-339.04	-7.55	323.94
1	4	-394.49	-62.992	268.5
1	5	-306.58	24.91	356.4
1	6	-449.37	-117.88	213.62
1	7	-401.39	-69.893	261.6
1	8	-388.61	-57.113	274.38
1	9	-352.44	-20.946	310.55
1	10	-336.32	-4.8298	326.66
2	3	-382.63	-51.139	280.35
2	4	-438.07	-106.58	224.91
2	5	-350.17	-18.678	312.82
2	6	-492.96	-161.47	170.03
2	7	-444.97	-113.48	218.01
2	8	-432.2	-100.7	230.79
2	9	-396.03	-64.535	266.96
2	10	-379.91	-48.419	283.07
3	4	-386.94	-55.442	276.05
3	5	-299.03	32.46	363.95
3	6	-441.82	-110.33	221.17
3	7	-393.84	-62.343	269.15
3	8	-381.06	-49.563	281.93
3	9	-344.89	-13.396	318.1
3	10	-328.77	2.7202	334.21
4	5	-243.59	87.902	419.4
4	6	-386.38	-54.885	276.61
4	7	-338.39	-6.9008	324.59
4	8	-325.61	5.879	337.37
4	9	-289.45	42.046	373.54
4	10	-273.33	58.162	389.66
5	6	-474.28	-142.79	188.71
5	7	-426.3	-94.803	236.69
5	8	-413.52	-82.023	249.47
5	9	-377.35	-45.856	285.64
5	10	-361.23	-29.74	301.75
6	7	-283.51	47.985	379.48
6	8	-270.73	60.765	392.26
6	9	-234.56	96.931	428.42
6	10	-218.45	113.05	444.54
7	8	-318.71	12.78	344.27
7	9	-282.55	48.947	380.44
7	10	-266.43	65.063	396.56
8	9	-295.33	36.167	367.66
8	10	-279.21	52.283	383.78
9	10	-315.38	16.116	347.61

Tabla A.6: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: PCNN.

IMÁGENES SIMULADAS: EXACTITUD SPCNN1				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-313.96	17.537	349.03
1	3	-307.96	23.531	355.02
1	4	-329.43	2.0589	333.55
1	5	-296.2	35.294	366.79
1	6	-351.33	-19.835	311.66
1	7	-301.79	29.702	361.2
1	8	-285.3	46.195	377.69
1	9	-318.36	13.138	344.63
1	10	-314.85	16.644	348.14
2	3	-325.5	5.9944	337.49
2	4	-346.97	-15.478	316.02
2	5	-313.74	17.757	349.25
2	6	-368.87	-37.373	294.12
2	7	-319.33	12.165	343.66
2	8	-302.84	28.658	360.15
2	9	-335.89	-4.3992	327.09
2	10	-332.39	-0.89274	330.6
3	4	-352.97	-21.473	310.02
3	5	-319.73	11.763	343.26
3	6	-374.86	-43.367	288.13
3	7	-325.32	6.171	337.66
3	8	-308.83	22.664	354.16
3	9	-341.89	-10.394	321.1
3	10	-338.38	-6.8871	324.61
4	5	-298.26	33.235	364.73
4	6	-353.39	-21.894	309.6
4	7	-303.85	27.644	359.14
4	8	-287.36	44.136	375.63
4	9	-320.41	11.079	342.57
4	10	-316.91	14.585	346.08
5	6	-386.62	-55.13	276.36
5	7	-337.09	-5.5919	325.9
5	8	-320.59	10.901	342.39
5	9	-353.65	-22.156	309.34
5	10	-350.14	-18.65	312.84
6	7	-281.96	49.538	381.03
6	8	-265.46	66.031	397.52
6	9	-298.52	32.973	364.47
6	10	-295.01	36.48	367.97
7	8	-315	16.493	347.99
7	9	-348.06	-16.565	314.93
7	10	-344.55	-13.058	318.44
8	9	-364.55	-33.057	298.44
8	10	-361.04	-29.551	301.94
9	10	-327.99	3.5065	335

Tabla A.7: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: SPCNN1.

IMÁGENES SIMULADAS: EXACTITUD SPCNN2				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-317.24	14.252	345.75
1	3	-297.07	34.419	365.91
1	4	-306.74	24.756	356.25
1	5	-307.16	24.33	355.82
1	6	-327.96	3.5355	335.03
1	7	-327.72	3.7685	335.26
1	8	-328.11	3.3847	334.88
1	9	-310.05	21.446	352.94
1	10	-316.1	15.391	346.88
2	3	-311.33	20.166	351.66
2	4	-320.99	10.503	342
2	5	-321.42	10.077	341.57
2	6	-342.21	-10.717	320.78
2	7	-341.98	-10.484	321.01
2	8	-342.36	-10.868	320.63
2	9	-324.3	7.1935	338.69
2	10	-330.35	1.1387	332.63
3	4	-341.16	-9.6629	321.83
3	5	-341.58	-10.089	321.4
3	6	-362.38	-30.883	300.61
3	7	-362.14	-30.65	300.84
3	8	-362.53	-31.034	300.46
3	9	-344.47	-12.973	318.52
3	10	-350.52	-19.027	312.47
4	5	-331.92	-0.42581	331.07
4	6	-352.71	-21.22	310.27
4	7	-352.48	-20.987	310.51
4	8	-352.86	-21.371	310.12
4	9	-334.8	-3.3097	328.18
4	10	-340.86	-9.3645	322.13
5	6	-352.29	-20.794	310.7
5	7	-352.05	-20.561	310.93
5	8	-352.44	-20.945	310.55
5	9	-334.38	-2.8839	328.61
5	10	-340.43	-8.9387	322.55
6	7	-331.26	0.23306	331.73
6	8	-331.64	-0.15081	331.34
6	9	-313.58	17.91	349.4
6	10	-319.64	11.856	343.35
7	8	-331.88	-0.38387	331.11
7	9	-313.82	17.677	349.17
7	10	-319.87	11.623	343.12
8	9	-313.43	18.061	349.55
8	10	-319.49	12.006	343.5
9	10	-337.55	-6.0548	325.44

Tabla A.8: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de exactitud: SPCNN2.

B

Tablas de multicomparación por pares con corrección de Bonferroni: Número de generaciones.

B.1 Imágenes reales: Número de generaciones.

IMÁGENES REALES: NÚMERO DE GENERACIONES ICM				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	436.52	905.18	1373.8
1	3	-167.97	300.69	769.35
1	4	209.48	678.15	1146.8
1	5	697.86	1166.5	1635.2
1	6	-1359.4	-890.74	-422.08
1	7	-7.3125	461.35	930.01
1	8	-597.3	-128.64	340.02
1	9	435.94	904.6	1373.3
1	10	659.32	1128	1596.6
2	3	-1073.2	-604.49	-135.83
2	4	-695.7	-227.04	241.62
2	5	-207.33	261.33	729.99
2	6	-2264.6	-1795.9	-1327.3
2	7	-912.5	-443.84	24.824
2	8	-1502.5	-1033.8	-565.16
2	9	-469.25	-0.5871	468.07
2	10	-245.86	222.8	691.46
3	4	-91.208	377.45	846.11
3	5	397.16	865.82	1334.5
3	6	-1660.1	-1191.4	-722.77
3	7	-308.01	160.65	629.32
3	8	-897.99	-429.33	39.328
3	9	135.24	603.9	1072.6
3	10	358.63	827.29	1295.9
4	5	19.711	488.37	957.03
4	6	-2037.5	-1568.9	-1100.2
4	7	-685.46	-216.8	251.86
4	8	-1275.4	-806.78	-338.12
4	9	-242.21	226.45	695.11
4	10	-18.824	449.84	918.5
5	6	-2525.9	-2057.3	-1588.6
5	7	-1173.8	-705.17	-236.51
5	8	-1763.8	-1295.2	-826.5
5	9	-730.58	-261.92	206.74
5	10	-507.2	-38.535	430.13
6	7	883.43	1352.1	1820.7
6	8	293.44	762.1	1230.8
6	9	1326.7	1795.3	2264
6	10	1550.1	2018.7	2487.4
7	8	-1058.6	-589.99	-121.33
7	9	-25.411	443.25	911.91
7	10	197.97	666.63	1135.3
8	9	564.58	1033.2	1501.9
8	10	787.96	1256.6	1725.3
9	10	-245.28	223.38	692.05

Tabla B.1: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: ICM.

IMÁGENES REALES: NÚMERO DE GENERACIONES PCNN				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	444.63	912.98	1381.3
1	3	-687.52	-219.16	249.19
1	4	182.12	650.47	1118.8
1	5	436.62	904.97	1373.3
1	6	-1308.1	-839.72	-371.36
1	7	1098.1	1566.5	2034.9
1	8	-55.555	412.8	881.15
1	9	798.53	1266.9	1735.2
1	10	1076.8	1545.2	2013.5
2	3	-1600.5	-1132.1	-663.79
2	4	-730.87	-262.51	205.84
2	5	-476.37	-8.0105	460.34
2	6	-2221.1	-1752.7	-1284.3
2	7	185.17	653.52	1121.9
2	8	-968.54	-500.18	-31.828
2	9	-114.45	353.91	822.26
2	10	163.85	632.2	1100.6
3	4	401.28	869.63	1338
3	5	655.78	1124.1	1592.5
3	6	-1088.9	-620.55	-152.2
3	7	1317.3	1785.7	2254
3	8	163.61	631.96	1100.3
3	9	1017.7	1486.1	1954.4
3	10	1296	1764.3	2232.7
4	5	-213.85	254.5	722.86
4	6	-1958.5	-1490.2	-1021.8
4	7	447.68	916.03	1384.4
4	8	-706.03	-237.67	230.68
4	9	148.06	616.42	1084.8
4	10	426.36	894.71	1363.1
5	6	-2213	-1744.7	-1276.3
5	7	193.18	661.53	1129.9
5	8	-960.53	-492.17	-23.818
5	9	-106.44	361.92	830.27
5	10	171.86	640.21	1108.6
6	7	1937.9	2406.2	2874.6
6	8	784.16	1252.5	1720.9
6	9	1638.3	2106.6	2575
6	10	1916.5	2384.9	2853.3
7	8	-1622.1	-1153.7	-685.35
7	9	-767.97	-299.62	168.74
7	10	-489.67	-21.319	447.04
8	9	385.73	854.09	1322.4
8	10	664.03	1132.4	1600.7
9	10	-190.06	278.3	746.65

Tabla B.2: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: PCNN.

IMÁGENES REALES: NÚMERO DE GENERACIONES SPCNN1				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	405.06	873.79	1342.5
1	3	-221.61	247.12	715.84
1	4	285.91	754.64	1223.4
1	5	694.93	1163.6	1632.4
1	6	-1227.7	-758.93	-290.21
1	7	-179.22	289.5	758.22
1	8	-587.34	-118.62	350.1
1	9	448.33	917.05	1385.8
1	10	612.39	1081.1	1549.8
2	3	-1095.4	-626.67	-157.95
2	4	-587.87	-119.15	349.57
2	5	-178.86	289.86	758.59
2	6	-2101.4	-1632.7	-1164
2	7	-1053	-584.29	-115.56
2	8	-1461.1	-992.41	-523.68
2	9	-425.45	43.268	511.99
2	10	-261.4	207.33	676.05
3	4	38.798	507.52	976.24
3	5	447.81	916.53	1385.3
3	6	-1474.8	-1006	-537.32
3	7	-426.34	42.382	511.1
3	8	-834.46	-365.74	102.99
3	9	201.22	669.94	1138.7
3	10	365.27	834	1302.7
4	5	-59.711	409.01	877.73
4	6	-1982.3	-1513.6	-1044.8
4	7	-933.86	-465.14	3.5843
4	8	-1342	-873.26	-404.53
4	9	-306.31	162.42	631.14
4	10	-142.25	326.47	795.2
5	6	-2391.3	-1922.6	-1453.9
5	7	-1342.9	-874.15	-405.43
5	8	-1751	-1282.3	-813.55
5	9	-715.32	-246.59	222.13
5	10	-551.26	-82.537	386.19
6	7	579.7	1048.4	1517.1
6	8	171.58	640.31	1109
6	9	1207.3	1676	2144.7
6	10	1371.3	1840	2308.8
7	8	-876.84	-408.12	60.604
7	9	158.83	627.56	1096.3
7	10	322.89	791.61	1260.3
8	9	566.95	1035.7	1504.4
8	10	731.01	1199.7	1668.5
9	10	-304.67	164.06	632.78

Tabla B.3: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: SPCNN1.

IMÁGENES REALES: NÚMERO DE GENERACIONES SPCNN2				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-1372.8	-904.08	-435.35
1	3	-286.96	181.77	650.5
1	4	-929.05	-460.32	8.4083
1	5	-705.61	-236.88	231.85
1	6	2575.9	3044.6	3513.4
1	7	-464.67	4.0613	472.79
1	8	1634	2102.8	2571.5
1	9	-119.62	349.11	817.84
1	10	-231.08	237.64	706.37
2	3	617.11	1085.8	1554.6
2	4	-24.973	443.76	912.48
2	5	198.46	667.19	1135.9
2	6	3480	3948.7	4417.4
2	7	439.41	908.14	1376.9
2	8	2538.1	3006.9	3475.6
2	9	784.46	1253.2	1721.9
2	10	672.99	1141.7	1610.4
3	4	-1110.8	-642.09	-173.36
3	5	-887.38	-418.65	50.079
3	6	2394.1	2862.9	3331.6
3	7	-646.43	-177.71	291.02
3	8	1452.3	1921	2389.7
3	9	-301.39	167.34	636.07
3	10	-412.85	55.877	524.61
4	5	-245.29	223.44	692.17
4	6	3036.2	3504.9	3973.7
4	7	-4.347	464.38	933.11
4	8	2094.4	2563.1	3031.8
4	9	340.7	809.43	1278.2
4	10	229.24	697.96	1166.7
5	6	2812.8	3281.5	3750.2
5	7	-227.78	240.94	709.67
5	8	1870.9	2339.7	2808.4
5	9	117.26	585.99	1054.7
5	10	5.7977	474.53	943.25
6	7	-3509.3	-3040.6	-2571.8
6	8	-1410.6	-941.85	-473.12
6	9	-3164.2	-2695.5	-2226.8
6	10	-3275.7	-2807	-2338.3
7	8	1630	2098.7	2567.4
7	9	-123.68	345.05	813.78
7	10	-235.15	233.58	702.31
8	9	-2222.4	-1753.7	-1284.9
8	10	-2333.9	-1865.1	-1396.4
9	10	-580.19	-111.47	357.26

Tabla B.4: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: SPCNN2.

B.2 Imágenes simuladas: Número de generaciones.

IMÁGENES SIMULADAS: NÚMERO DE GENERACIONES ICM				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-220.88	110.56	441.99
1	3	-299.11	32.326	363.76
1	4	135.75	467.19	798.62
1	5	215.04	546.47	877.91
1	6	167.12	498.55	829.99
1	7	-117.28	214.16	545.6
1	8	165.98	497.42	828.85
1	9	-20.143	311.29	642.73
1	10	-296.36	35.073	366.51
2	3	-409.67	-78.231	253.2
2	4	25.197	356.63	688.07
2	5	104.48	435.92	767.35
2	6	56.563	388	719.43
2	7	-227.83	103.6	435.04
2	8	55.426	386.86	718.3
2	9	-130.7	200.74	532.17
2	10	-406.92	-75.484	255.95
3	4	103.43	434.86	766.3
3	5	182.71	514.15	845.58
3	6	134.79	466.23	797.66
3	7	-149.6	181.83	513.27
3	8	133.66	465.09	796.53
3	9	-52.469	278.97	610.4
3	10	-328.69	2.7468	334.18
4	5	-252.15	79.283	410.72
4	6	-300.07	31.366	362.8
4	7	-584.46	-253.03	78.407
4	8	-301.21	30.229	361.66
4	9	-487.33	-155.9	175.54
4	10	-763.55	-432.12	-100.68
5	6	-379.35	-47.917	283.52
5	7	-663.75	-332.31	-0.87646
5	8	-380.49	-49.054	282.38
5	9	-566.61	-235.18	96.257
5	10	-842.83	-511.4	-179.96
6	7	-615.83	-284.4	47.04
6	8	-332.57	-1.1371	330.3
6	9	-518.7	-187.26	144.17
6	10	-794.92	-463.48	-132.05
7	8	-48.178	283.26	614.69
7	9	-234.3	97.133	428.57
7	10	-510.52	-179.09	152.35
8	9	-517.56	-186.12	145.31
8	10	-793.78	-462.35	-130.91
9	10	-607.66	-276.22	55.215

Tabla B.5: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: ICM.

IMÁGENES SIMULADAS: NÚMERO DE GENERACIONES PCNN				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-12.255	319.11	650.48
1	3	-275.48	55.885	387.25
1	4	-37.909	293.46	624.83
1	5	217.74	549.11	880.48
1	6	-601.64	-270.28	61.09
1	7	21.079	352.45	683.81
1	8	-289.18	42.187	373.55
1	9	130.35	461.72	793.08
1	10	142.98	474.35	805.72
2	3	-594.59	-263.23	68.141
2	4	-357.02	-25.653	305.71
2	5	-101.37	230	561.37
2	6	-920.76	-589.39	-258.02
2	7	-298.03	33.335	364.7
2	8	-608.29	-276.93	54.443
2	9	-188.76	142.6	473.97
2	10	-176.13	155.24	486.61
3	4	-93.794	237.57	568.94
3	5	161.86	493.23	824.59
3	6	-657.53	-326.16	5.2047
3	7	-34.806	296.56	627.93
3	8	-345.07	-13.698	317.67
3	9	74.464	405.83	737.2
3	10	87.098	418.47	749.83
4	5	-75.715	255.65	587.02
4	6	-895.1	-563.74	-232.37
4	7	-272.38	58.988	390.36
4	8	-582.64	-251.27	80.096
4	9	-163.11	168.26	499.63
4	10	-150.48	180.89	512.26
5	6	-1150.8	-819.39	-488.02
5	7	-528.03	-196.66	134.7
5	8	-838.29	-506.92	-175.56
5	9	-418.76	-87.394	243.97
5	10	-406.13	-74.76	256.61
6	7	291.36	622.72	954.09
6	8	-18.903	312.46	643.83
6	9	400.63	731.99	1063.4
6	10	413.26	744.63	1076
7	8	-641.63	-310.26	21.108
7	9	-222.1	109.27	440.64
7	10	-209.46	121.9	453.27
8	9	88.162	419.53	750.9
8	10	100.8	432.16	763.53
9	10	-318.73	12.634	344

Tabla B.6: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: PCNN.

IMÁGENES SIMULADAS: NÚMERO DE GENERACIONES SPCNN1				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	12.651	344.11	675.58
1	3	-237.02	94.444	425.91
1	4	-50.651	280.81	612.28
1	5	166.23	497.7	829.16
1	6	-785.42	-453.95	-122.49
1	7	-292.97	38.493	369.96
1	8	-459.41	-127.95	203.52
1	9	-33.558	297.91	629.37
1	10	130.17	461.64	793.1
2	3	-581.13	-249.67	81.793
2	4	-394.77	-63.302	268.16
2	5	-177.88	153.58	485.05
2	6	-1129.5	-798.07	-466.6
2	7	-637.09	-305.62	25.842
2	8	-803.53	-472.06	-140.6
2	9	-377.67	-46.209	285.25
2	10	-213.94	117.52	448.99
3	4	-145.1	186.37	517.83
3	5	71.79	403.25	734.72
3	6	-879.86	-548.4	-216.93
3	7	-387.41	-55.951	275.51
3	8	-553.85	-222.39	109.07
3	9	-128	203.46	534.93
3	10	35.731	367.19	698.66
4	5	-114.58	216.88	548.35
4	6	-1066.2	-734.77	-403.3
4	7	-573.78	-242.32	89.144
4	8	-740.22	-408.76	-77.296
4	9	-314.37	17.094	348.56
4	10	-150.64	180.83	512.29
5	6	-1283.1	-951.65	-620.19
5	7	-790.67	-459.2	-127.74
5	8	-957.11	-625.64	-294.18
5	9	-531.25	-199.79	131.67
5	10	-367.52	-36.059	295.4
6	7	160.98	492.45	823.91
6	8	-5.4571	326.01	657.47
6	9	420.4	751.86	1083.3
6	10	584.13	915.59	1247.1
7	8	-497.9	-166.44	165.02
7	9	-72.051	259.41	590.88
7	10	91.682	423.15	754.61
8	9	94.39	425.85	757.32
8	10	258.12	589.59	921.05
9	10	-167.73	163.73	495.2

Tabla B.7: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: SPCNN1.

IMÁGENES SIMULADAS: NÚMERO DE GENERACIONES SPCNN2				
VARIANTE DE ED	VARIANTE DE ED	LÍMITE INFERIOR	DMOR	LÍMITE SUPERIOR
1	2	-982.57	-651.15	-319.72
1	3	-300.77	30.652	362.08
1	4	-709.4	-377.97	-46.547
1	5	-641.7	-310.28	21.149
1	6	1189.6	1521	1852.4
1	7	-114.45	216.97	548.4
1	8	893.3	1224.7	1556.2
1	9	-72.061	259.37	590.79
1	10	-665.73	-334.3	-2.8725
2	3	350.37	681.8	1013.2
2	4	-58.254	273.17	604.6
2	5	9.4418	340.87	672.3
2	6	1840.7	2172.2	2503.6
2	7	536.69	868.12	1199.5
2	8	1544.4	1875.9	2207.3
2	9	579.09	910.51	1241.9
2	10	-14.579	316.85	648.27
3	4	-740.05	-408.63	-77.2
3	5	-672.36	-340.93	-9.5039
3	6	1158.9	1490.4	1821.8
3	7	-145.11	186.32	517.75
3	8	862.64	1194.1	1525.5
3	9	-102.71	228.71	560.14
3	10	-696.38	-364.95	-33.525
4	5	-263.73	67.696	399.12
4	6	1567.6	1899	2230.4
4	7	263.52	594.95	926.37
4	8	1271.3	1602.7	1934.1
4	9	305.91	637.34	968.77
4	10	-287.75	43.675	375.1
5	6	1499.9	1831.3	2162.7
5	7	195.82	527.25	858.68
5	8	1203.6	1535	1866.4
5	9	238.22	569.64	901.07
5	10	-355.45	-24.021	307.41
6	7	-1635.5	-1304	-972.61
6	8	-627.71	-296.28	35.142
6	9	-1593.1	-1261.6	-930.22
6	10	-2186.7	-1855.3	-1523.9
7	8	676.32	1007.8	1339.2
7	9	-289.03	42.392	373.82
7	10	-882.7	-551.27	-219.85
8	9	-1296.8	-965.36	-633.93
8	10	-1890.4	-1559	-1227.6
9	10	-925.09	-593.66	-262.24

Tabla B.8: Análisis multicomparativo ($\alpha = 0.05$) de número de generaciones: SPCNN2.



Tablas de probabilidad de valores atípicos.

C.1 Imágenes reales: Valores Atípicos.

VARIANTE DE ED	NÚMERO DE VALORES ATÍPICOS	PROBABILIDAD DE OCURRENCIA
ICM		
1	109	6.89 %
2	82	5.19 %
3	84	5.31 %
4	57	3.61 %
5	71	4.49 %
6	60	3.80 %
7	121	7.65 %
8	147	9.30 %
9	70	4.43 %
10	28	1.77 %
PCNN		
1	77	4.87 %
2	95	6.01 %
3	72	4.55 %
4	92	5.81 %
5	65	4.11 %
6	90	5.69 %
7	72	4.55 %
8	106	6.70 %
9	76	4.81 %
10	91	5.76 %
SPCNN1		
1	86	5.44 %
2	69	4.36 %
3	66	4.17 %
4	80	5.06 %
5	69	4.36 %
6	55	3.48 %
7	89	5.63 %
8	87	5.50 %
9	93	5.88 %
10	107	6.77 %
SPCNN2		
1	239	15.12 %
2	121	7.65 %
3	189	11.95 %
4	101	6.39 %
5	79	5.00 %
6	184	11.64 %
7	270	17.08 %
8	296	18.72 %
9	191	12.10 %
10	133	8.41 %

Tabla C.1: Tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento A.

C.2 Imágenes simuladas: Valores Atípicos.

VARIANTE DE ED	NÚMERO DE VALORES ATÍPICOS	PROBABILIDAD DE OCURRENCIA
ICM		
1	7	0.56 %
2	13	1.05 %
3	9	0.73 %
4	18	1.45 %
5	15	1.21 %
6	48	3.87 %
7	15	1.21 %
8	39	3.15 %
9	14	1.13 %
10	12	0.97 %
PCNN		
1	16	1.29 %
2	17	1.37 %
3	15	1.21 %
4	15	1.21 %
5	14	1.13 %
6	37	2.98 %
7	4	0.32 %
8	16	1.29 %
9	9	0.73 %
10	14	1.13 %
SPCNN1		
1	13	1.05 %
2	9	0.73 %
3	14	1.13 %
4	11	0.89 %
5	13	1.05 %
6	9	0.73 %
7	14	1.13 %
8	13	1.05 %
9	18	1.45 %
10	15	1.21 %
SPCNN2		
1	18	1.45 %
2	12	0.97 %
3	19	1.53 %
4	12	0.97 %
5	5	0.40 %
6	33	2.66 %
7	20	1.61 %
8	33	2.66 %
9	11	0.89 %
10	7	0.56 %

Tabla C.2: Tabla de probabilidad de valores atípicos: experimento B.

Bibliografía

- [1] S.S. Al-Amri, NV Kalyankar, and SD Khamitkar. Linear and non-linear contrast enhancement image. *International Journal of Computer Science and Network Security*, 10(2):139–143, 2010.
- [2] AV Alvarenga. Artificial ant colony: Features and applications on medical image segmentation. In *Health Care Exchanges (PAHCE), 2011 Pan American*, pages 96–101. IEEE, 2011.
- [3] AV Alvarenga, AFC Infantosi, CM Azevedo, and WCA Pereira. Application of morphological operators on the segmentation and contour detection of ultrasound breast images. *Brazilian Journal of Biomedical Engineering*, 19(2):91–101, 2003.
- [4] Infantosi A.F.C Azevedo C.M Alvarenga A.V, Pereira W.C.A. Automatic segmentation of breast tumors on ultrasound images using genetic algorithms and morphological operators. In *Revista de Acustica ICA2007(19th International Congress on Acustics)*, volume 38, pages 1–6, 2007.
- [5] Serge Beucher and Christian Lantuéjoul. Use of watersheds in contour detection. In *International workshop on image processing, real-time edge and motion detection*, 1979.
- [6] J.M. Bland and D.G. Altman. Multiple significance tests: the bonferroni method. *Bmj*, 310(6973):170, 1995.
- [7] N.F Boyd, G.A. Lockwood, J.W. Byng, D.L. Tritchler, and M.J. Yaffe. Mammographic densities and breast cancer risk. *Cancer Epidemiology Biomarkers & Prevention*, 7(12):1133–1144, 1998.
- [8] ME Brandan and Y. Villaseñor. Detección del cáncer de mama: Estado de la mamografía en México. *Rev Inst Nal Cancerol*, 1:147–162, 2006.
- [9] MJG Calas, R. Almeida, B. Gutfilen, and WCA Pereira. Intraobserver interpretation of breast ultrasonography following the bi-rads classification. *European journal of radiology*, 74(3):525–528, 2010.

- [10] P. Calópe, F. Medeiros, R. Marques, and R. Costa. A comparison of filters for ultrasound images. *Telecommunications and Networking-ICT 2004*, pages 1035–1040, 2004.
- [11] J. Canny. A computational approach to edge detection. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, (6):679–698, 1986.
- [12] V. Caselles, R. Kimmel, and G. Sapiro. Geodesic active contours. *International journal of computer vision*, 22(1):61–79, 1997.
- [13] Rafael C.G. and Richard E.W. *Digital Image Processing*. third edition.
- [14] T.F. Chan and L.A. Vese. Active contours without edges. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 10(2):266–277, 2001.
- [15] R.F. Chang, W.J. Wu, W.K. Moon, and D.R. Chen. Automatic ultrasound segmentation and morphology based diagnosis of solid breast tumors. *Breast cancer research and treatment*, 89(2):179–185, 2005.
- [16] D.R. Chen and Y.H. Hsiao. Computer-aided diagnosis in breast ultrasound. *Journal of Medical Ultrasound*, 16(1):46–56, 2008.
- [17] HD Cheng, J. Shan, W. Ju, Y. Guo, and L. Zhang. Automated breast cancer detection and classification using ultrasound images: A survey. *Pattern Recognition*, 43(1):299–317, 2010.
- [18] P. Crystal, S.D. Strano, S. Shcharynski, and M.J. Koretz. Using sonography to screen women with mammographically dense breasts. *American Journal of Roentgenology*, 181(1):177–182, 2003.
- [19] R.N. Czerwinski, D.L. Jones, and W.D. O'Brien Jr. Line and boundary detection in speckle images. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 7(12):1700–1714, 1998.
- [20] R.G. Dantas, E.T. Costa, and S. Leeman. Ultrasound speckle and equivalent scatterers. *Ultrasonics*, 43(6):405–420, 2005.

- [21] S. Das, A. Abraham, and A. Konar. Particle swarm optimization and differential evolution algorithms: technical analysis, applications and hybridization perspectives. *Advances of Computational Intelligence in Industrial Systems*, pages 1–38, 2008.
- [22] M.A. Dennis, S.H. Parker, A.J. Klaus, A.T. Stavros, T.I. Kaske, and S.B. Clark. Breast biopsy avoidance: The value of normal mammograms and normal sonograms in the setting of a palpable lump. *Radiology*, 219(1):186–191, 2001.
- [23] K. Drukker, M.L. Giger, K. Horsch, M.A. Kupinski, C.J. Vyborny, and E.B. Mendelson. Computerized lesion detection on breast ultrasound. *Medical Physics*, 29:1438, 2002.
- [24] V. Dutt and J.F. Greenleaf. Adaptive speckle reduction filter for log-compressed b-scan images. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 15(6):802–813, 1996.
- [25] R. Eckhorn, HJ Reitboeck, M. Arndt, and P. Dicke. A neural network for feature linking via synchronous activity: results from cat visual cortex and from simulations. *Models of brain function*, pages 255–272, 1989.
- [26] A.N. Evans and MS Nixon. Mode filtering to reduce ultrasound speckle for feature extraction. In *Vision, Image and Signal Processing, IEE Proceedings-*, volume 142, pages 87–94. IET, 1995.
- [27] J. Ferlay, H.R. Shin, F. Bray, D. Forman, C. Mathers, and D.M. Parkin. Estimates of worldwide burden of cancer in 2008: Globocan 2008. *International Journal of Cancer*, 127(12):2893–2917, 2010.
- [28] R. Fitzhugh. Impulses and physiological states in theoretical models of nerve membrane. *Biophysical Journal*, 1(6):445–466, 1961.
- [29] F. Franco-Marina, E. Lazcano-Ponce, L. López-Carrillo, et al. Breast cancer mortality in Mexico: an age-period-cohort analysis. *salud pública de México*, 51(Supl 2), 2009.

- [30] W. Gómez, AFC Infantosi, L. Leija, and WCA Pereira. Active contours without edges applied to breast lesions on ultrasound. In *XII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing 2010*, pages 292–295. Springer, 2010.
- [31] W. Gómez, L. Leija, AV Alvarenga, AFC Infantosi, and WCA Pereira. Computerized lesion segmentation of breast ultrasound based on marker-controlled watershed transformation. *Medical physics*, 37:82, 2010.
- [32] W. Gomez, WCA Pereira, AFC Infantosi, and A. Diaz-Perez. Computerized simulation of breast ultrasound images. In *Health Care Exchanges (PAHCE), 2011 Pan American*, pages 83–87. IEEE, 2011.
- [33] R.C. Gonzalez and R.E. Woods. Digital image processing. *Prentice Hall*, 2002.
- [34] Y. Guo, HD Cheng, J. Tian, and Y. Zhang. A novel approach to speckle reduction in ultrasound imaging. *Ultrasound in medicine & biology*, 35(4):628–640, 2009.
- [35] Z. Ha and F Li, C. Segmentation of breast tumor ultrasound images based on an improved c-v model. *Chinese J. Med. Instrum.*, 31(6):395–399, 2007.
- [36] A.L. Hodgkin and A.F Huxley. A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve. *The Journal of physiology*, 117(4):500, 1952.
- [37] K. Horsch, M.L. Giger, L.A. Venta, and C.J. Vyborny. Automatic segmentation of breast lesions on ultrasound. *Medical Physics*, 28:1652, 2001.
- [38] Y.L. Huang. Computer-aided diagnosis using neural networks and support vector machines for breast ultrasonography. *Journal of Medical Ultrasound*, 17(1):17–24, 2009.
- [39] Y.L. Huang and D.R. Chen. Watershed segmentation for breast tumor in 2-d sonography. *Ultrasound in medicine & biology*, 30(5):625–632, 2004.

- [40] A.F.C. Infantosi, LMS Luz, WCA Pereira, and AV Alvarenga. Breast ultrasound segmentation using morphologic operators and a gaussian function constraint. In *14th Nordic-Baltic Conference on Biomedical Engineering and Medical Physics*, pages 520–523. Springer, 2008.
- [41] A.K. Jain and F. Farrokhnia. Unsupervised texture segmentation using gabor filters. *Pattern recognition*, 24(12):1167–1186, 1991.
- [42] J. Jiao and Y. Wang. Automatic boundary detection in breast ultrasound images based on improved pulse coupled neural network and active contour model. In *Bioinformatics and Biomedical Engineering, (iCBBE) 2011 5th International Conference on*, pages 1–4. IEEE, 2011.
- [43] S. Joo, Y.S. Yang, W.K. Moon, and H.C. Kim. Computer-aided diagnosis of solid breast nodules: use of an artificial neural network based on multiple sonographic features. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 23(10):1292–1300, 2004.
- [44] A.K. Jumaat, W.E.Z.W.A. Rahman, A. Ibrahim, and R. Mahmud. Comparison of balloon snake and gvf snake in segmenting masses from breast ultrasound images. In *Computer Research and Development, 2010 Second International Conference on*, pages 505–509. IEEE, 2010.
- [45] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos. Snakes: Active contour models. *International journal of computer vision*, 1(4):321–331, 1988.
- [46] K.M. Kelly, J. Dean, S.J. Lee, and W.S. Comulada. Breast cancer detection: radiologists' performance using mammography with and without automated whole-breast ultrasound. *European radiology*, pages 1–8, 2010.
- [47] J.M. Kinser. Simplified pulse-coupled neural network. In *Proceedings of SPIE*, volume 2760, page 563, 1996.
- [48] F.M. Knaul, G. Nigenda, R. Lozano, H. Arreola-Ornelas, A. Langer, and J. Frenk. Cáncer de mama en México: una prioridad apremiante. *Salud Publica Mex*, 51(2), 2009.

- [49] W.H. Kruskal and W.A. Wallis. Use of ranks in one-criterion variance analysis. *Journal of the American statistical Association*, pages 583–621, 1952.
- [50] T Lindblad and J.M. Kinser. *Image processing using pulse-coupled neural networks*. Springer Verlag, 2005.
- [51] B. Liu, HD Cheng, J. Huang, J. Tian, J. Liu, and X. Tang. Automated segmentation of ultrasonic breast lesions using statistical texture classification and active contour based on probability distance. *Ultrasound in medicine & biology*, 35(8):1309–1324, 2009.
- [52] B. Liu, HD Cheng, J. Huang, J. Tian, X. Tang, and J. Liu. Fully automatic and segmentation-robust classification of breast tumors based on local texture analysis of ultrasound images. *Pattern Recognition*, 43(1):280–298, 2010.
- [53] A. Lopes, R. Touzi, and E. Nezry. Adaptive speckle filters and scene heterogeneity. *Geoscience and Remote Sensing, IEEE Transactions on*, 28(6):992–1000, 1990.
- [54] Y. Ma, R. Dai, and L. Li. Automated image segmentation using pulse coupled neural networks and image's entropy. *JOURNAL-CHINA INSTITUTE OF COMMUNICATIONS*, 23(1):46–51, 2002.
- [55] Y. Ma, R. Dai, L. Li, and L. Wei. Image segmentation of embryonic plant cell using pulse-coupled neural networks. *Chinese Science Bulletin*, 47(2):169–173, 2002.
- [56] Y. Ma, K. Zhan, and Z. Wang. *Applications of pulse coupled neural networks*. Higher Education Press, 2010.
- [57] T. Matsubara, H. Fujita, S. Kasai, M. Goto, Y. Tani, T Hara, and T Endo. Development of new schemes for detection and analysis of mammographic masses. In *Intelligent Information Systems, 1997. IIS'97. Proceedings*, pages 63–66. IEEE, 1997.

- [58] T. Matsubara, H. Fujita, S. Kasai, M. Goto, Y. Tani, T. Hara, and T. Endo. Development of a new algorithm for detection of mammographic masses. In *In Proc. International Workshop on Digital Mammography*, page 139–142. IEEE, 1998.
- [59] M. Michael, E. Garzoli, and CS Reiner. Mammography, sonography and mri for detection and characterization of invasive lobular carcinoma of the breast. *Breast disease*, 30(-1):21–30, 2008.
- [60] Vicent Caselles Miguel Alemán-Flores, Luis Álvarez. Texture-oriented anisotropic filtering and geodesic active contours in breast tumor ultrasound segmentation. In *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, volume 28, page 81—97, 2007.
- [61] D. Mumford and J. Shah. Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems. *Communications on pure and applied mathematics*, 42(5):577–685, 1989.
- [62] M. Muttarak, P. Kongmebhol, and N. Sukhamwang. Breast calcifications: which are malignant. *Singapore Med J*, 50(9):907–914, 2009.
- [63] J. Nagumo, S. Arimoto, and S. Yoshizawa. An active pulse transmission line simulating nerve axon. *Proceedings of the IRE*, 50(10):2061–2070, 1962.
- [64] M. Oshiki, R. Shinomura, T. Mitake, T. Sakurai, S. Matsuura, and J. Harada. Boundary detection method for ultrasound diagnostic images using region-growing approach. *Japanese journal of applied physics. Pt. 1, Regular papers & short notes*, 43(7):4411–4416, 2004.
- [65] M. Oshiro and T. Nishimura. A contour extraction method using active contour model on ultrasonic images. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2007. EMBS 2007. 29th Annual International Conference of the IEEE*, pages 825–828. IEEE, 2007.
- [66] N. Otsu. A threshold selection method from gray-level histograms. *Automatica*, 11:285–296, 1975.

- [67] G.H. Park, H.H. Cho, and M.R. Choi. A contrast enhancement method using dynamic range separate histogram equalization. *Consumer Electronics, IEEE Transactions on*, 54(4):1981–1987, 2008.
- [68] P. Perona and J. Malik. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 12(7):629–639, 1990.
- [69] R.W. Prager, A.H. Gee, G.M. Treece, and L.H. Berman. Analysis of speckle in ultrasound images using fractional order statistics and the homodyned k-distribution. *Ultrasonics*, 40(1):133–137, 2002.
- [70] N. Sengee, A. Sengee, and H.K. Choi. Image contrast enhancement using bi-histogram equalization with neighborhood metrics. *Consumer Electronics, IEEE Transactions on*, 56(4):2727–2734, 2010.
- [71] J. Shan. *A fully automatic segmentation for breast ultrasound images*. PhD thesis, Utah State University, Logan, Utah., 2011.
- [72] S.S. Shapiro and M.B. Wilk. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika*, 52(3/4):591–611, 1965.
- [73] W.C. Shen, R.F. Chang, W.K. Moon, Y.H. Chou, and C.S. Huang. Breast ultrasound computer-aided diagnosis using bi-rads features. *Academic radiology*, 14(8):928–939, 2007.
- [74] J. Shi, Z. Xiao, and S. Zhou. Automatic segmentation of breast tumor in ultrasound image with simplified pcnn and improved fuzzy mutual information. In *Proceedings of SPIE*, volume 7744, page 77441P, 2010.
- [75] X. Shi, H.D. Cheng, L. Hu, W. Ju, and J. Tian. Detection and classification of masses in breast ultrasound images. *Digital Signal Processing*, 20(3):824–836, 2010.

- [76] A.T. Stavros, D. Thickman, C.L. Rapp, M.A. Dennis, S.H. Parker, and G.A. Sisney. Solid breast nodules: use of sonography to distinguish between benign and malignant lesions. *Radiology*, 196(1):123–134, 1995.
- [77] R. Storn and K. Price. Differential evolution—a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. *Journal of global optimization*, 11(4):341–359, 1997.
- [78] J.K. Udupa, VR LeBlanc, H. Schmidt, C. Imielinska, KP Saha, G.J. Grevera, Y. Zhuge, P. Molholt, L. Currie, and Y. Jin. A methodology for evaluating image segmentation algorithms. In *SPIE Medical Imaging*, volume 9, pages 9–4, 2002.
- [79] T. Uematsu, M. Kasami, and S. Yuen. A cluster of microcalcifications: women with high risk for breast cancer versus other women. *Breast Cancer*, 16(4):307–314, 2009.
- [80] Y. Wang, H. Wang, Y. Guo, C. Ning, B. Liu, HD Cheng, and J. Tian. Novel computer-aided diagnosis algorithms on ultrasound image: Effects on solid breast masses discrimination. *Journal of Digital Imaging*, 23(5):581–591, 2010.
- [81] S. Wei, Q. Hong, and M. Hou. Automatic image segmentation based on pcnn with adaptive threshold time constant. *Neurocomputing*, 2011.
- [82] F. Wilcoxon. Individual comparisons by ranking methods. *Biometrics Bulletin*, 1(6):80–83, 1945.
- [83] C. Xu and J.L. Prince. Snakes, shapes, and gradient vector flow. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 7(3):359–369, 1998.
- [84] C. Xu, A. Yezzi Jr, and J.L. Prince. On the relationship between parametric and geometric active contours. In *Signals, Systems and Computers, 2000. Conference Record of the Thirty-Fourth Asilomar Conference on*, volume 1, pages 483–489. IEEE, 2000.
- [85] G. Xu, Z. Zhang, and Y. Ma. A novel method for iris feature extraction based on intersecting cortical model network. *Journal of Applied Mathematics and Computing*, 26(1):341–352, 2008.

- [86] H. Yourui and W. Shuang. Image segmentation using pulse coupled neural networks. In *Multi-Media and Information Technology, 2008. MMIT'08. International Conference on*, pages 94–97. IEEE, 2008.
- [87] K. Zuiderveld. Contrast limited adaptive histogram equalization. In *Graphics gems IV*, pages 474–485. Academic Press Professional, Inc., 1994.



CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS DEL IPN

UNIDAD TAMAULIPAS

Cd. Victoria, Tamaulipas, a 14 de septiembre de 2012

Los abajo firmantes, integrantes del jurado para el examen de grado que sustentará el C. EDUARDO ACEVES ADAN, declaramos que hemos revisado la tesis titulada:

“Metodología computacional para la segmentación de ultrasonografías de mama basada en la red neuronal pulso acoplada”

Y consideramos que cumple con los requisitos para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Computación.

Atentamente,

Dr. Gregorio Toscano Pulido



Dr. César Torres Huitzil



Dr. Wilfrido Gómez Flores





CINVESTAV - IPN
Biblioteca Central



SSIT0011303