



CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN MATEMÁTICAS, A. C.

Segmentación y Reconstrucción de Arterias Coronarias en Angiogramas de Rayos X

TESIS

para obtener el grado de
MAESTRO EN CIENCIAS
con especialidad en
COMPUTACIÓN Y MATEMÁTICAS INDUSTRIALES

presenta:

Fernando Cervantes Sánchez

Directores

Dr. Ivan CRUZ ACEVES

CONACYT - Centro de Investigación en Matemáticas A.C. (CIMAT), Guanajuato, Gto, México

Dr. Sergio Eduardo SOLORIO MEZA

Cardiólogo, Doctor en Ciencias Médicas

21 de julio de 2016

A Dios, por brindarme esta enorme oportunidad.

*A mis padres, por su apoyo constante durante estos dos años
y por los valores y educación que me han inculcado
y me han servido para llegar hasta aquí.*

*A Karina, que siempre estuvo a mi lado
y que su ánimo me permitió seguir adelante.*

Agradecimientos

A mi asesor el Dr. Ivan Cruz Aceves, por compartir conmigo sus conocimientos científicos en el área de esta investigación, y por su apoyo, recomendaciones, consejos y dedicación al guiar el desarrollo de este trabajo.

Al Cardiólogo Dr. Sergio Eduardo Solorio Meza, por habernos provisto de tan valioso material para la realización de estas investigaciones, y por la aportación de sus conocimientos médicos en el tema.

Al Dr. Arturo Hernández Aguirre, por su colaboración y apoyo en la publicación y presentación de los resultados obtenidos con el desarrollo de este trabajo.

Al CIMAT, por la oportunidad de realizar los estudios de posgrado y crecer en el aspecto científico y profesional.

Al CONACYT, por la beca que me brindó y que me permitió sustentar mis estudios de maestría.

Resumen

En este trabajo se revisó la metodología existente en la literatura para la detección, segmentación y reconstrucción de arterias coronarias en angiogramas de rayos X. Para la etapa de detección, el uso del filtro Gaussiano (GMF) y el filtro de Gabor de escala-simple (SSG) para el realzamiento de las arterias en imágenes médicas fueron abordados, haciendo énfasis en utilizar algoritmos de Evolución Computacional (EC), tales como el Algoritmo Genético (GA), Algoritmo de Distribución Marginal Univariada (UMDA) y el Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann (BUMDA), para determinar sus parámetros óptimos. Este esquema reduce el tiempo computacional hasta 61.66% respecto a la búsqueda exhaustiva como técnica de entrenamiento, utilizando un conjunto de 20 imágenes para dicha etapa. Los métodos entrenados demostraron tener un comportamiento superior a los del estado del arte, al alcanzar un área bajo la curva de ROC (A_z) promedio de hasta **0.956928**, para un conjunto de 60 imágenes de prueba. También se introdujo una función objetivo (CC) como alternativa al cálculo del A_z para medir el desempeño de la respuesta del filtro SSG, con una similitud entre ambos comportamientos del 99.05%, y una reducción del tiempo de evaluación del 95.68% en promedio. El uso de esta nueva función permitió mejorar el desempeño del proceso de detección, al alcanzar un A_z promedio de **0.959266**, siendo más alto que los métodos basados en entrenamiento y los del estado del arte. En la etapa de segmentación, se propuso el uso de los métodos de Otsu, y Ridler y Calvard que a partir de la etapa de detección mejorada, se logran exactitudes superiores a **0.956698** en promedio para los métodos entrenados con EC. Por último, se propuso un método de estimación del ancho arterial, que permitió obtener una aproximación de la reconstrucción tridimensional de una arteria coronaria.

Trabajos publicados

Artículo de revista indizada (JCR): '*A novel Gaussian matched filter based on entropy minimization for automatic segmentation of coronary angiograms*' (doi:10.1016/j.compeleceng.2016.05.002) publicado en la revista **Computers and Electrical Engineering** (2016).

Publicación del artículo de congreso: '*Automatic Detection of Coronary Artery Stenosis in X-ray Angiograms using Gaussian Filters and Genetic Algorithms*' (dx.doi.org/10.1063/1.4954092) en el congreso Nacional **14th Mexican Symposium on Medical Physics** (2016).

Publicación del artículo de congreso: '*Coronary artery segmentation in X-ray angiograms using Gabor filters and differential evolution*' en el congreso **XVI International Symposium on Solid State Dosimetry** (aceptado por el comité del *ISSSD* para ser presentado en 2016).

Capítulo de libro: '*Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques*' para el libro **Hybrid Soft Computing for Image Segmentation, Springer International Publishing AG** (aprobado por los editores en 2016).

Índice general

1. Introducción	1
1.1. Antecedentes	4
1.2. Motivación	5
2. Detección de estructuras arteriales	6
2.1. Estado del arte en la detección de arterias	6
2.2. Filtros Gaussianos	8
2.2.1. Método	9
2.3. Filtro de escala-simple de Gabor	15
2.3.1. Método	15
2.4. Análisis de la característica operativa del receptor	22
2.5. Entrenamiento de parámetros	26
2.5.1. Técnicas de evolución computacional	28
2.6. Función objetivo de Correlación-Contraste	40
3. Segmentación mediante umbralización	44
3.1. Estado del arte en la segmentación de arterias	45
3.2. Método de umbralización de Otsu	47
3.3. Método de umbralización de Ridler y Calvard	49
3.4. Medida de exactitud para la segmentación	51
4. Análisis Coronario Cuantitativo	52
4.1. Estimación del ancho arterial	53
4.2. Reconstrucción tridimensional de arterias coronarias	55
5. Resultados	59
5.1. Resultados de la etapa de entrenamiento	61
5.1.1. Entrenamiento de parámetros para el GMF	61
5.1.2. Entrenamiento de parámetros para el SSG	64

<i>ÍNDICE GENERAL</i>	6
5.1.3. Obtención de parámetros para el SSG utilizando la función objetivo <i>CC</i> propuesta	66
5.2. Resultados de la etapa de prueba	68
6. Conclusiones y Trabajo futuro	85
6.1. Trabajo futuro	86
A. Resultados de la función Correlación-Contraste	87

Índice de figuras

1.1. Cantidad de fallecimientos en México debido a enfermedades del corazón en general (en gris), y las muertes causadas únicamente por cardiopatía isquémica (en rojo).	2
1.2. Angiograma de rayos X, tomada de una secuencia resultante de la angiografía coronaria. Se observa a la arteria en tonalidad más oscura que el resto de la imagen.	3
2.1. a) Imagen médica de la retina [42], b) imagen médica de una arteria coronaria.	7
2.2. a) Representación de la plantilla del GMF propuesta por Chaudhuri et. al [14] y la relación de tres de sus cuatro parámetros (σ la dispersión de la intensidad, L la longitud en pixeles de la plantilla, y T el ancho en pixeles de la plantilla), b) la plantilla del GMF en el espacio de la imagen.	10
2.3. Rotación de la plantilla a: a) 0° , b) 15° , c) 30° , y d) 45°	11
2.4. Ilustración del proceso de detección del GMF, a) Imagen original, b) ampliación de la ventana seleccionada, c) respuesta final del GMF para la ventana seleccionada. Las siguientes tres filas muestran el comportamiento del filtro a cada orientación: d) 0° , e) 15° , f) 30° , g) 45° , h) 60° , i) 75° , j) 90° , k) 105° , l) 120° , m) 135° , n) 150° , o) 165°	13
2.5. a) Imagen de entrada y b) su respuesta obtenida con el filtro GMF.	14
2.6. a) Representación de la plantilla del SSG simplificada por Ayres y Rangayyan et. al [47], donde la dispersión de la intensidad en el eje x depende de τ ; y la dispersión de la intensidad en el eje y depende de L ; b) el filtro de Gabor de escala-simple en el espacio de la imagen.	17
2.7. Rotación del filtro de Gabor de escala-simple a: a) 0° , b) 15° , c) 30° , y d) 45°	17
2.8. Ilustración del proceso de detección del filtro SSG, a) Imagen original, b) ampliación de la ventana seleccionada, c) respuesta final del filtro SSG para la ventana seleccionada. Las siguientes tres filas muestran el comportamiento del filtro a cada orientación: d) 0° , e) 15° , f) 30° , g) 45° , h) 60° , i) 75° , j) 90° , k) 105° , l) 120° , m) 135° , n) 150° , o) 165°	20
2.9. a) Imagen de entrada y b) su respuesta obtenida con el filtro SSG.	21

2.10. Ejemplo de la umbralización de la respuesta del SSG de la Figura 2.9 a seis diferentes niveles. En blanco aparecen los píxeles considerados como parte de la arteria, mientras que los píxeles negros son considerados como fondo de la imagen.	24
2.11. Curva de ROC para la respuesta del filtro de escala-simple de Gabor de la Figura 2.9. Se indican sobre la curva de ROC los valores de FPF y TPF para las umbralizaciones mostradas en la Figura 2.10.	25
2.12. Ejemplo de la cruce uniforme para obtener dos nuevos individuos a partir de dos padres mezclando uniformemente sus genes. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo <i>Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques</i> del libro <i>Hybrid Soft Computing for Image Segmentation</i> de próxima publicación.	30
2.13. Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo Genético utilizado en este trabajo. Únicamente se ilustran las dos primeras generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo <i>Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques</i> del libro <i>Hybrid Soft Computing for Image Segmentation</i> de próxima publicación.	32
2.14. Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo de Distribución Marginal Univariada utilizado en este trabajo. Se muestran las dos primeras generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo <i>Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques</i> del libro <i>Hybrid Soft Computing for Image Segmentation</i> de próxima publicación.	35
2.15. Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann utilizado en este trabajo. Se muestran únicamente dos generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo <i>Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques</i> del libro <i>Hybrid Soft Computing for Image Segmentation</i> de próxima publicación.	39
2.16. Orientaciones para obtener la GLCM. Se consideran los píxeles inmediatos: a) a la derecha, b) arriba y a la derecha, c) arriba, y d) arriba y a la izquierda.	41
3.1. a) Respuesta del filtro GMF, b) binarización de la imagen de respuesta.	44
3.2. a) Imagen binarizada, b) filtrado por conjuntos de tamaño 100, c) filtrado por conjuntos de tamaño 500, y d) filtrado por conjuntos de tamaño 1000.	46

4.1. a) Imagen binarizada, b) esqueleto extraído con el algoritmo de adelgazamiento [64], c) mapa de distancias de la imagen segmentada, y d) bordes detectados a partir del mapa de distancias.	53
4.2. Intervalo de búsqueda para el pixel que aparece en amarillo en el esqueleto. En rojo se indica el vecino del borde más cercano, utilizado para estimar el ancho de la arteria en ese nivel.	54
4.3. Ilustración de un cilindro generado sobre un pixel del esqueleto morfológico. Se muestran los vectores \vec{v}_N en rojo, y \vec{v}_D en azul, útiles para obtener la orientación del cilindro. En la ilustración se considera un nivel $\delta_{detalle} = 4$ pixeles.	56
4.4. Ilustración de un cilindro generado con nivel $\delta_{detalle} = 4$ pixeles, con el método propuesto de reconstrucción 3-D.	57
4.5. Con fines de ilustrar el método de reconstrucción propuesto, en la primera fila se muestra: a) una imagen segmentada y filtrada para conservar únicamente conjuntos mayores a 2000 elementos. En las siguientes dos filas se muestran las reconstrucciones a niveles de detalle $\delta_{detalle}$: b) 1, c) 4, d) 20, y e) 100.	58
5.1. En (a) se muestra una angiografía original, en (b) se indica el FOV de ésta imagen con pixeles blancos, y en negro el área fuera del campo visual. En (c) se observa el pre-procesado del área fuera del FOV mediante la normalización de las intensidades de sus pixeles.	60
5.2. Gráfico de dispersión del A_z (a), y del tiempo en segundos (b), para 30 ejecuciones de los algoritmos GA, UMDA y BUMDA, dedicados al entrenamiento de los parámetros del GMF. La línea discontinua en (a) indica el A_z alcanzada en la búsqueda exhaustiva, mientras que en (b), es el tiempo de ejecución de la búsqueda exhaustiva.	63
5.3. Gráfico de dispersión del A_z (a), y del tiempo en segundos (b), para 30 ejecuciones de los algoritmos GA, UMDA y BUMDA, empleados en el entrenamiento de los parámetros del SSG. La línea discontinua en (a) indica el A_z alcanzada en la búsqueda exhaustiva, mientras que en (b), es el tiempo de ejecución de la búsqueda exhaustiva.	65
5.4. Resumen de los mejores métodos de detección y el número de imágenes para las que su desempeño fue el más alto.	70
5.5. Dispersión del área bajo la curva de ROC (A_z) alcanzada por cada método en el conjunto de prueba. En rojo se observa el A_z promedio alcanzada por cada método.	71
5.6. Ilustración de las respuestas obtenidas por los diferentes métodos de detección para la imagen 1 del conjunto de prueba. En la esquina superior izquierda se encuentra la imagen original. Las casillas siguientes muestran las respuestas de los métodos utilizados en la comparación. En la esquina superior derecha la curva de ROC de todos los métodos.	72

5.7. Dispersión de la Exactitud para los dos métodos de umbralización aplicados a la respuesta del método de detección con mejor desempeño para cada imagen. 74

5.8. Distribución de los niveles óptimos para el filtro de conjuntos conexos aplicado posterior a la umbralización de las 60 imágenes de prueba. En el eje x se indica el nivel de filtrado, y en el y la cantidad de imágenes del conjunto de prueba para las que ese nivel funcionó mejor. 76

5.9. Segmentación de la imagen 1 del conjunto de prueba. En la primera fila se muestra la imagen original, su ground-truth, y la respuesta obtenida por el método SSG (Exhaustive+CC). En la esquina superior derecha se indica el Az y exactitud alcanzadas contra el ground-truth. En la segunda fila se presentan las imágenes binarias obtenidas con el método de Otsu [24] y Ridler y Calvard [25]. En las siguientes dos filas se muestra el resultado de aplicar el filtro de conjuntos conexos con el nivel de filtrado que aparece entre paréntesis. 77

5.10. Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 1 del conjunto de prueba. En la primer fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+CC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 200 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 1 con los quince métodos. 78

5.11. Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 2 del conjunto de prueba. En la primer fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+CC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 100 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 2 con los quince métodos. 79

5.12. Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 14 del conjunto de prueba. En la primer fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+ROC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 200 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 14 con los quince métodos. 80

5.13. Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle. 82

5.14. Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle. 83

5.15. Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle. 84

Índice de tablas

1.1. Porcentajes anuales de defunciones en México provocadas por algún padecimiento del corazón, y en especial, causadas por cardiopatía isquémica, desde 1998 hasta el 2014.	1
2.1. Rango de búsqueda de los parámetros T , L y σ para el Filtro Gaussiano (GMF) [6, 43].	26
2.2. Rango de búsqueda de los parámetros τ y L para el filtro de escala-simple de Gabor (SSG) [22].	27
5.1. Parámetros de trabajo para cada técnica de EC utilizados durante la etapa de entrenamiento de ambos filtros.	61
5.2. Estadísticas del A_z obtenida para cada técnica de optimización durante la etapa de entrenamiento de los parámetros del filtro GMF.	62
5.3. Tiempo computacional requerido para encontrar los mejores parámetros del GMF con las cuatro técnicas de optimización.	62
5.4. Número de llamadas a la función objetivo realizadas por cada técnica de optimización en el ajuste de los parámetros del GMF.	63
5.5. Parámetros elegidos para el GMF con cada método de optimización, y el A_z que se logra en el conjunto de prueba al utilizar esos valores.	64
5.6. Estadísticas del A_z obtenida para cada técnica de optimización durante la etapa de entrenamiento de los parámetros del filtro SSG.	64
5.7. Tiempo computacional requerido para encontrar los mejores parámetros del SSG con las cuatro técnicas de optimización.	65
5.8. Número de llamadas a la función objetivo realizadas por cada técnica de optimización en el ajuste de los parámetros del SSG.	66
5.9. Parámetros elegidos para el SSG con cada método de optimización, y el A_z que se logra en el conjunto de prueba al utilizar esos valores.	66
5.10. Comparación de las funciones objetivo A_z y CC para la búsqueda exhaustiva de los parámetros del SSG con el conjunto de prueba.	67

5.11. Métodos de detección del estado del arte y los propuestos en este trabajo. Se indica el tipo de filtro que utiliza y los parámetros propuestos para éste.	68
5.12. Resultados para el proceso de detección para cada imagen del conjunto de prueba. Se indica el filtro con el cuál se alcanzó la mayor área bajo la curva de ROC para cada imagen, entre paréntesis se muestra el método con el cuál se determinaron los parámetros.	69
5.13. Resultados para el proceso de segmentación para el conjunto de prueba. Para cada imagen se indica el método de umbralización con el cuál se alcanzó la mayor exactitud. Entre paréntesis se indica el umbral utilizado para el filtro de conjuntos conexos.	73
5.14. Desempeño promedio de cada método para el proceso de detección y segmentación del conjunto de prueba de 60 imágenes.	75
A.1. Resultados para las imágenes de la 1 a la 20 del conjunto de prueba. Se tabulan los parámetros encontrados, la evaluación en la función objetivo CC , el $Az(i)_{CC}$, $Az(i)_{ROC}$ y medida de similitud alcanzados para cada imagen con la búsqueda exhaustiva.	87
A.2. Resultados para las imágenes de la 21 a la 60 del conjunto de prueba. Se tabulan los parámetros encontrados, la evaluación en la función objetivo CC , el $Az(i)_{CC}$, $Az(i)$ y medida de similitud alcanzados para cada imagen con la búsqueda exhaustiva.	88

Organización del documento

Este documento se organiza de la siguiente manera. El capítulo 1 da una breve introducción del problema que las investigaciones de este trabajo están orientadas a resolver. En los capítulos 2 y 3 se describe la metodología de las técnicas utilizadas para la detección y segmentación, respectivamente, de las arterias coronarias. En el capítulo 4 se introduce el análisis cuantitativo de las arterias y la estrategia propuesta de reconstrucción tridimensional de las mismas. Los experimentos computacionales y los resultados obtenidos están contenidos en el capítulo 5. Finalmente, las conclusiones a las que se llegaron con el desarrollo de este trabajo se encuentran en el capítulo 6.

Capítulo 1

Introducción

Las enfermedades del corazón han sido las causas de muerte más frecuentes en México durante los últimos años. Éstas afectan fatalmente a los adultos a partir de los 35 años de edad generalmente [1]. En los pasados dieciocho años, el porcentaje de fallecimientos debido a las enfermedades del corazón se ha incrementado paulatinamente (Tabla 1.1).

Tabla 1.1: Porcentajes anuales de defunciones en México provocadas por algún padecimiento del corazón, y en especial, causadas por cardiopatía isquémica, desde 1998 hasta el 2014.

Año	Enfermedades del corazón (%*)	Cardiopatía isquémica (%*)	Año	Enfermedades del corazón (%*)	Cardiopatía isquémica (%*)
1998	15.44	9.64	2007	16.95	10.89
1999	15.60	9.93	2008	17.18	11.08
2000	15.70	10.07	2009	17.21	11.22
2001	15.91	10.32	2010	17.76	11.97
2002	16.17	10.57	2011	17.90	12.03
2003	16.45	10.80	2012	18.15	12.29
2004	16.36	10.70	2013	18.66	12.76
2005	16.40	10.79	2014	19.16	12.99
2006	16.43	10.88			

*Porcentaje respecto al total de muertes registradas en ese año.

Fuente: Estadística vital, Dirección General de Estadísticas Sociodemográficas, INEGI [1].

De las muertes causadas por enfermedades del corazón, las cardiopatía isquémica representan el 60% [1] (Figura 1.1). La cardiopatía isquémica es una enfermedad causada por la insuficiencia de oxígeno proveído al miocárdio. Para esta afectación, una de las causas fundamentales es la aterosclerosis [2]. Este padecimiento crea un estrechamiento en las venas conocido como estenosis. Cuando el estrechamiento se presenta en las arterias

coronarias, se provoca la disminución del flujo sanguíneo hacia el corazón, ocasionando un riesgo inminente para la salud.

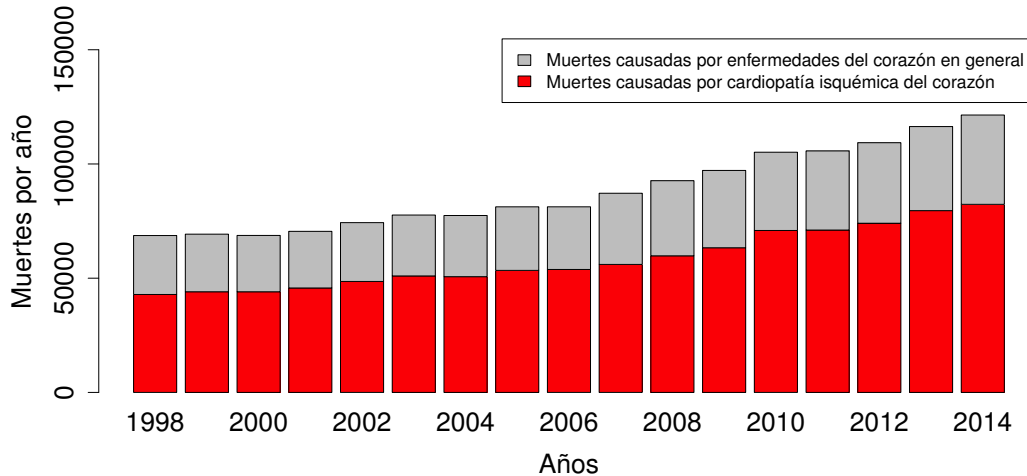


Figura 1.1: Cantidad de fallecimientos en México debido a enfermedades del corazón en general (en gris), y las muertes causadas únicamente por cardiopatía isquémica (en rojo).

Actualmente el estándar de oro para la detección de lesiones en las arterias coronarias es la angiografía coronaria. Esta técnica permite diagnosticar enfermedades de manera precisa, y obtener información de relevancia, como la severidad de la lesión y su naturaleza. Además de la estenosis, las enfermedades en las arterias coronarias detectables con dicha técnica son: la ectasia coronaria, trombosis intravascular, disección y aneurismas [3].

La angiografía coronaria se basa en la adquisición de imágenes de rayos X del paciente, mientras se hace circular un tinte que permite contrastar las arterias del resto de los órganos. De esta manera se obtiene una secuencia de imágenes con las arterias coronarias en una intensidad más oscura que el resto de la imagen (Figura 1.2).

La detección de lesiones utilizando angiografías resulta ser una carga de trabajo para el especialista, pues es una tarea que involucra la revisión exhaustiva de las secuencias de imágenes en busca de afectaciones a las arterias. El uso de sistemas computarizados que permitan apoyar al diagnóstico de enfermedades resulta esencial, debido a la carga de trabajo y tiempo que pueden restar a dicha tarea.



Figura 1.2: Angiograma de rayos X, tomada de una secuencia resultante de la angiografía coronaria. Se observa a la arteria en tonalidad más oscura que el resto de la imagen.

1.1. Antecedentes

El problema que enfrenta principalmente un sistema de diagnóstico asistido por computadora (Computer Aided Diagnosis **CAD**), es la propia abstracción de la arteria en las imágenes de rayos X. Dicha abstracción debe ser lo más precisa posible, pues a partir de ésta se obtiene información cuantitativa útil para el diagnóstico de lesiones y que depende directamente de la calidad de la abstracción. De igual manera, todo el proceso debe ser realizado en el menor tiempo posible y de manera automatizada, de tal forma que permita delegar parcialmente esta importante tarea.

En la literatura, se ha abordado este problema en dos etapas principales: la **detección** de las arterias en la imagen médica, y la **segmentación** o separación de la arteria del resto de la imagen. Estas etapas han sido generalmente aplicadas para la segmentación de vasos sanguíneos en imágenes médicas. La aproximación más cercana a este problema es la segmentación de vasos sanguíneos de la retina, debido a la similitud anatómica que comparten con las arterias coronarias. Partiendo de este parecido, se ha ampliado el uso de técnicas de segmentación de vasos sanguíneos de la retina al problema de arterias coronarias[4-6].

Para la etapa de detección, se han utilizado métodos de filtrado basados en operadores de morfología matemática [7-12], en la matriz Hessiana [13], filtros Gaussianos [4, 14-19] y filtros de Gabor [6, 20-23].

En la etapa de segmentación, han sido utilizados métodos de separación de las arterias del fondo a partir de la respuesta obtenida en la etapa de detección basados en umbralización. Dos técnicas que se destacan por su desempeño son: el método de Otsu [24], y el de Ridler y Calvard [25].

Posterior a la segmentación de las arterias, en la literatura se ha abordado el tema del análisis cuantitativo de las mismas [26-31], donde información útil para la detección de lesiones es extraída. Adicionalmente se ha abordado la reconstrucción de las arterias coronarias en modelos tridimensionales [26-39] basados en la información cuantitativa obtenida.

1.2. Motivación

Dada la necesidad de un sistema asistido por computadora para el diagnóstico de lesiones en las arterias coronarias, se requiere del desarrollo de métodos capaces de segmentar y analizar dichas estructuras en imágenes médicas, de manera precisa y automática.

Partiendo de las metodologías de segmentación de vasos sanguíneos en imágenes médicas de la literatura, se aprovecha la oportunidad de mejorar el desempeño de las mismas, donde los parámetros utilizados en la detección de vasos sanguíneos, han sido generalmente definidos de manera empírica por los autores.

Por otro lado, enfoques donde éstos parámetros son entrenados previo a su uso, resultan ser inviables en la clínica práctica debido al alto consumo de tiempo que conllevan. Para estas propuestas, la búsqueda exhaustiva es la más referenciada.

El desarrollo de este trabajo explora la oportunidad de mejorar el desempeño de la segmentación de arterias coronarias en angiogramas de rayos X, y de igual manera la reducción del tiempo computacional empleado en dicha tarea. Así como investigar alternativas para la función objetivo utilizada en el entrenamiento de los parámetros del proceso de detección, que permitan omitir la supervisión de un experto en esta etapa.

De igual manera, se requiere la exploración de métricas validadas para el análisis cuantitativo de las arterias, y a partir de estas, una estrategia de reconstrucción tridimensional que aproveche toda la información posible de las secuencias de imágenes adquiridas en una angiografía coronaria en una sólo perspectiva.

Capítulo 2

Detección de estructuras arteriales

El proceso de detección incrementa el contraste entre el fondo y los objetos que comparten ciertas características de interés en una imagen. En este caso, se desean resaltar aquellas estructuras en la angiografía que compartan la anatomía de las arterias, es decir, estructuras tubulares elongadas y delgadas. De la misma manera se pueden presentar en cualquier orientación e incluso formar ramificaciones.

No obstante, se han observado diversas dificultades en el proceso de detección de arterias en imágenes de rayos-X, causado principalmente al bajo contraste entre las arterias y el fondo de la imagen. El fondo de la imagen esta constituido generalmente por otros tejidos, e incluso objetos utilizados para la obtención de las imágenes [7].

2.1. Estado del arte en la detección de arterias

El uso de métodos basados en morfología matemática ha sido ampliamente aplicado a este problema. Con esta técnica se busca empatar un elemento estructurante con los objetos que tienen una estructura similar a la de interés. Estos métodos trabajan generalmente en el espacio de la imagen, asumiendo que sólo las características de interés son resaltadas del fondo.

Dentro de estos métodos se encuentran: el operador top-hat de escala simple [7, 9], de escala simple con la transformación de watershed [11], el operador top-hat de escala múltiple [8], operadores hit-or-miss [10], y region-growing junto con geometría diferencial [12]. Sin embargo, los métodos basados en morfología matemática tienden a perder rendimiento cuando la imagen presenta bajo contraste o ruido, lo cual es muy común en una angiografía de rayos-X.

Por otra parte, existen métodos que aprovechan el conocimiento sobre la forma que presentan las arterias cuando son proyectadas en una angiografía.

En primera instancia se encuentran los métodos de filtros basados en la curva Gaussiana (GMF) [14-16]. Estos trabajan sobre el espacio de la imagen, y la plantilla utilizada conserva la forma de un segmento de arteria en una angiografía. Como segunda aproximación están los filtros de Gabor de escala-simple [21, 23], cuyos filtros se aplican en el espacio de las frecuencias de la imagen, y también aprovechan las características anatómicas de la arteria.

Ambos métodos han sido aplicados respectivamente en la detección de vasos sanguíneos de la retina [15-17, 21, 40, 41] logrando buenos resultados. Además, debido a la similitud anatómica entre los vasos sanguíneos de la retina y las arterias coronarias (Figura 2.1), se aplicaron exitosamente para la detección de éstas el GMF [4, 6, 18, 19], y los filtros de Gabor [5].

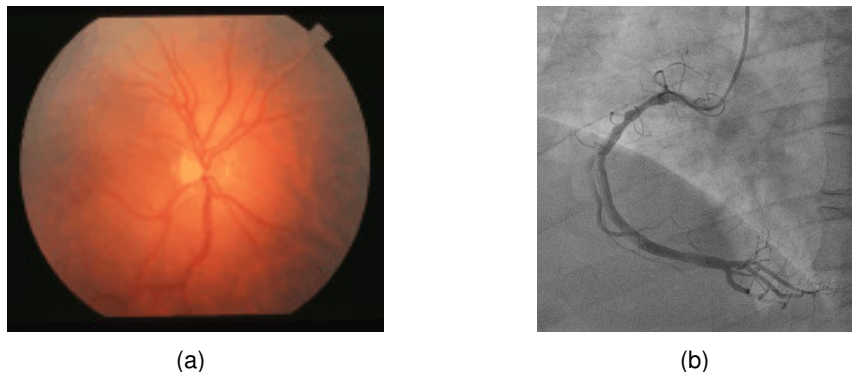


Figura 2.1: a) Imagen médica de la retina [42], b) imagen médica de una arteria coronaria.

En este trabajo se optó por revisar los métodos basados en filtros Gaussianos (GMF) y filtros de Gabor de escala-simple (SSG), debido a su robustez al ruido presentado naturalmente en las angiografías, donde los métodos basados en morfología matemática presentan bajo desempeño. Estos métodos son descritos en este mismo capítulo.

Un problema que surge en la detección de objetos en imágenes es la posibilidad de medir el desempeño que tiene este proceso. Para el problema de detección de arterias y vasos sanguíneos, se ha recurrido al análisis de la Característica Operativa del Receptor (ROC por sus siglas en inglés) [4-6, 17-19, 21, 22, 40, 41, 43]. Éste permite conocer la eficacia que tienen los métodos de detección al compararlos con delineaciones conocidas y tomadas como verdad o *ground-truth*.

2.2. Filtros Gaussianos

Los Filtros Gaussianos (Gaussian Matched Filters **GMF**) utilizan las propiedades visibles en una imagen de los objetos a resaltar. Presentado por Chaudhuri et. al [14] como una alternativa a los algoritmos basados en la detección de bordes de los vasos sanguíneos en imágenes médicas de la retina.

GMF se enfoca a incrementar la similitud entre la sección de un vaso sanguíneo en un espacio finito de la imagen y un modelo predefinido o *plantilla*. La plantilla propuesta por Chaudhuri et. al [14-16] de dos dimensiones es construida en base a un modelo Gaussiano debido a la dispersión de la intensidad que existe en los pixeles que conforman un vaso sanguíneo o arteria coronaria. En las imágenes médicas de la retina y en los angiogramas de rayos-X, existe menor intensidad en el centro del vaso o arteria, y aumenta paulatinamente hacia los bordes simétricamente, observándose éstas más oscuras que el resto de la imagen.

Como se mencionó con anterioridad, la similitud anatómica que existe entre los vasos sanguíneos de la retina y las arterias coronarias permite la aplicación de los mismos métodos de extracción para ambos problemas.

En la detección de arterias coronarias, Kang et. al [4, 18, 19] aplicaron el método de GMF considerando que los parámetros deben ser ajustados a las dimensiones de las arterias. Sin embargo, la definición de los parámetros afecta directamente al resultado de la detección, siendo estrictamente necesario optimizar estos previo a la aplicación del método.

Tanto para el problema de los vasos sanguíneos de la retina [14, 15, 17], como para el de las arterias coronarias [4, 18, 19], los parámetros se habían definido de manera experimental o empírica.

Para el problema de los vasos sanguíneos de la retina, Al-Rawi et. al [41] propusieron la búsqueda exhaustiva de tres de los cuatro parámetros, dejando fijo el número de ángulos a los que se rota la plantilla. Poco después, Al-Rawi y Karajeh [40] introdujeron la búsqueda de los parámetros mediante un Algoritmo Genético. Similarmente, para el problema de extracción de arterias coronarias en angiogramas de rayos-X, Cruz-Aceves et. al [6] presentaron el uso de un Algoritmo de Estimación de la Distribución para la optimización de los mismos.

En ambos casos se logran mejores resultados que los obtenidos utilizando los parámetros definidos de manera empírica o experimental. Dichos algoritmos y su implementación para el problema de optimización de parámetros del GMF serán detallados en la sección 2.5 de este capítulo.

2.2.1. Método

La plantilla que proponen Chaudhuri et. al [14-16], esta gobernada por cuatro parámetros, y se define en base a la siguiente curva Gaussiana (2.1):

$$G(x,y) = -\exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right), \quad |x| \leq T/2, \quad |y| \leq L/2, \quad (2.1)$$

donde σ es la dispersión de la intensidad, L es la longitud de la plantilla (en pixeles), y el parámetro T define el ancho de la plantilla (en pixeles) que a su vez trunca la curva Gaussiana al espacio finito de comparación.

La media de la plantilla se calcula como (2.2):

$$m = \sum_{x=-T/2}^{T/2} \left(\sum_{y=-L/2}^{L/2} G(x,y)/A \right), \quad (2.2)$$

donde A es el número de pixeles que conforman la plantilla.

A la plantilla se le resta su media m resultando una máscara como la mostrada en la Figura 2.2. Este paso permite que en cualquier sección de fondo en la imagen que no sea parte de la arteria, se obtenga una respuesta de 0.

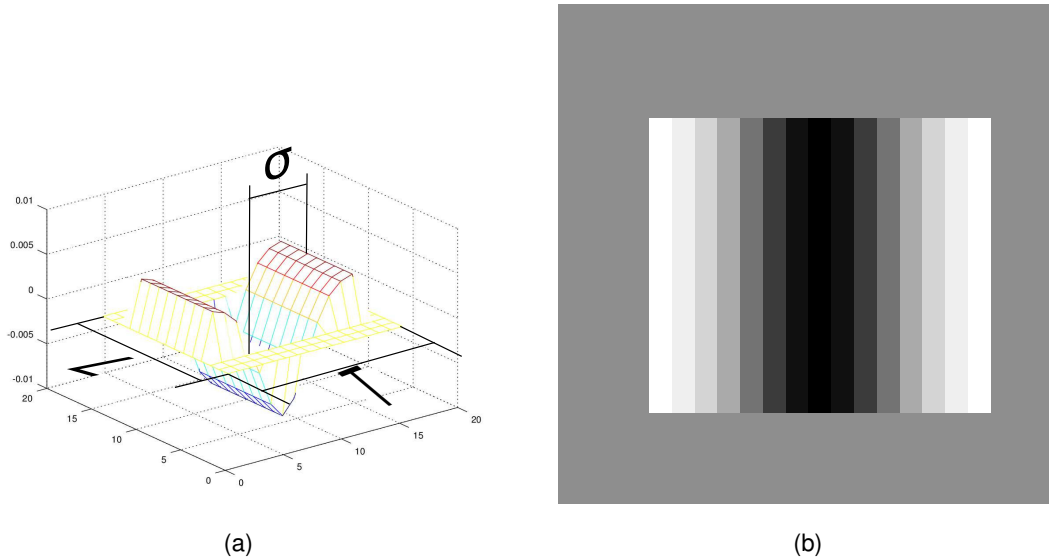


Figura 2.2: a) Representación de la plantilla del GMF propuesta por Chaudhuri et. al [14] y la relación de tres de sus cuatro parámetros (σ la dispersión de la intensidad, L la longitud en pixeles de la plantilla, y T el ancho en pixeles de la plantilla), b) la plantilla del GMF en el espacio de la imagen.

Debido a que los vasos sanguíneos se presentan en cualquier orientación, la plantilla es rotada a un ángulo θ_i utilizando la matriz de rotación:

$$R_{\theta_i} = \begin{bmatrix} \cos \theta_i & -\sin \theta_i \\ \sin \theta_i & \cos \theta_i \end{bmatrix}, \quad (2.3)$$

para los ángulos θ_i dentro del intervalo $[-\pi/2, \pi/2]$, tal que $\theta_i = i\pi/\kappa$, donde κ define el número de orientaciones consideradas en el proceso de detección, y siendo éste el cuarto parámetro del GMF. La plantilla resultante de realizar las rotaciones se ilustra en la Figura 2.3.

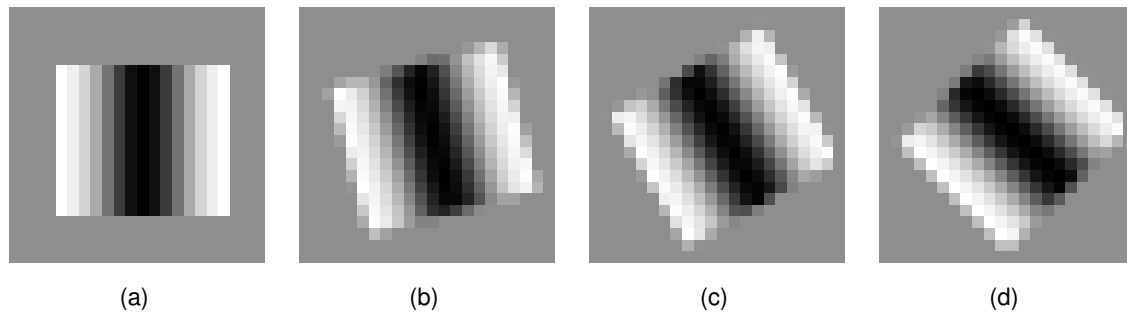


Figura 2.3: Rotación de la plantilla a: a) 0° , b) 15° , c) 30° , y d) 45° .

Finalmente la plantilla se convoluciona con la imagen a cada una de sus κ orientaciones. Para cada pixel se almacena la respuesta más alta obtenida de entre todas las orientaciones, y de esta manera, el conjunto de respuestas para todos los pixeles es la respuesta general del GMF. El procedimiento para obtener la respuesta del filtro GMF se resume en el Algoritmo 1. La Figura 2.4 ilustra este proceso, y la Figura 2.5 muestra la imagen de entrada y su resultado al ser filtrada.

input : Imagen original (I), ancho de la plantilla (T), alto de la plantilla (L), dispersión de la intensidad (σ) y número de orientaciones (κ)

output: Respuesta del filtro GMF (I_{GMF})

Construir la plantilla h de tamaño $L \times T$ utilizando (2.1).
 Generar las κ rotaciones de la plantilla: $h_{\theta_k} = R_{\theta_k}^T \cdot h \ \forall k \in [1, \kappa]$.
 Inicializar $I_{GMF}(i, j) = -\infty \ \forall i \in [1, \text{columnas de } I], j \in [1, \text{renglones de } I]$

```

for  $k \in [1, \kappa]$  do
  |  $cols$  = columnas de  $h_{\theta_k}$ 
  |  $rens$  = renglones de  $h_{\theta_k}$ 
  | for  $j \in [1, \text{renglones de } I]$  do
  | | for  $i \in [1, \text{columnas de } I]$  do
  | | |  $R(i, j) = \sum_{i'=1}^{cols} \left( \sum_{j'=1}^{rens} I(i - i' - \frac{cols}{2}, j - j' - \frac{rens}{2}) \cdot h_{\theta_k}(i', j') \right)$ 
  | | | if  $R(i, j) > I_{GMF}(i, j)$  then
  | | | |  $I_{GMF}(i, j) = R(i, j)$ 
  | | | end
  | | end
  | end
end
return  $I_{GMF}$ 

```

Algoritmo 1: Detección de vasos sanguíneos con Filtros Gaussianos (GMF).

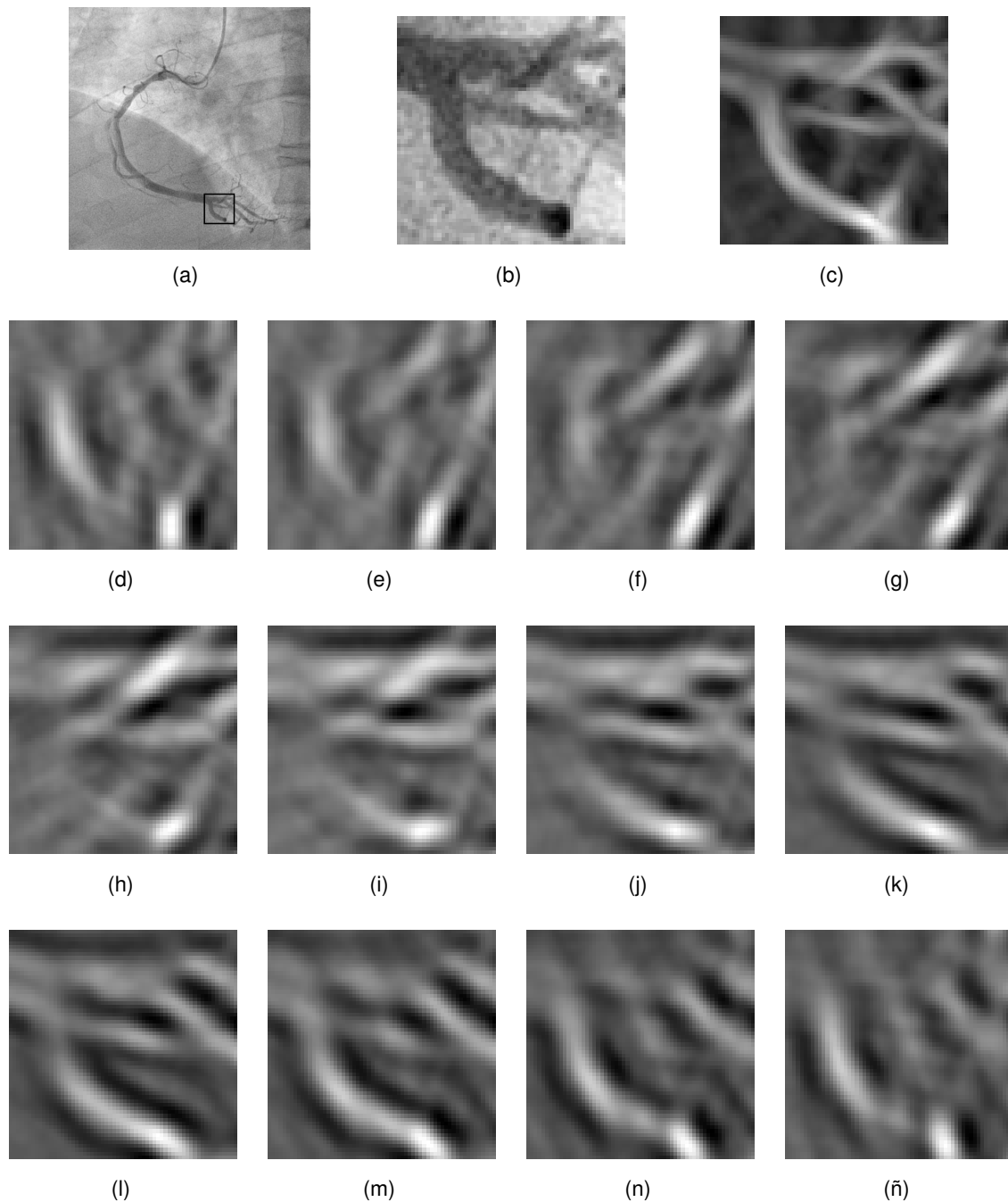
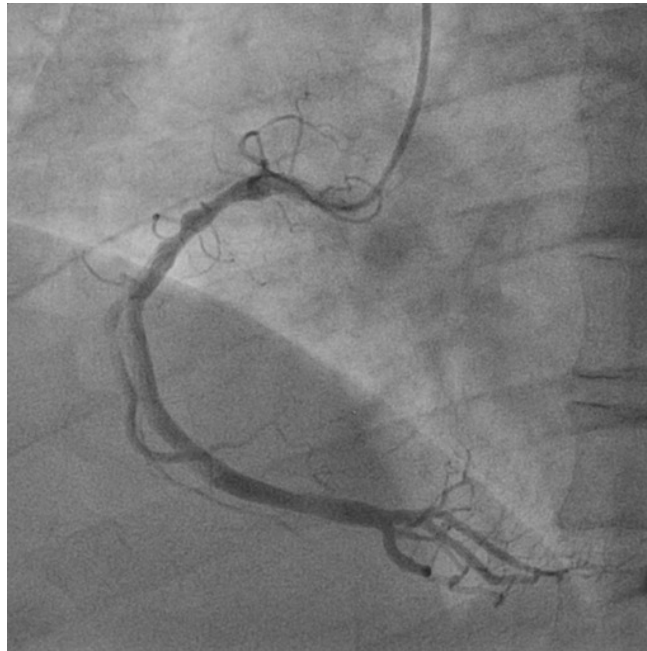
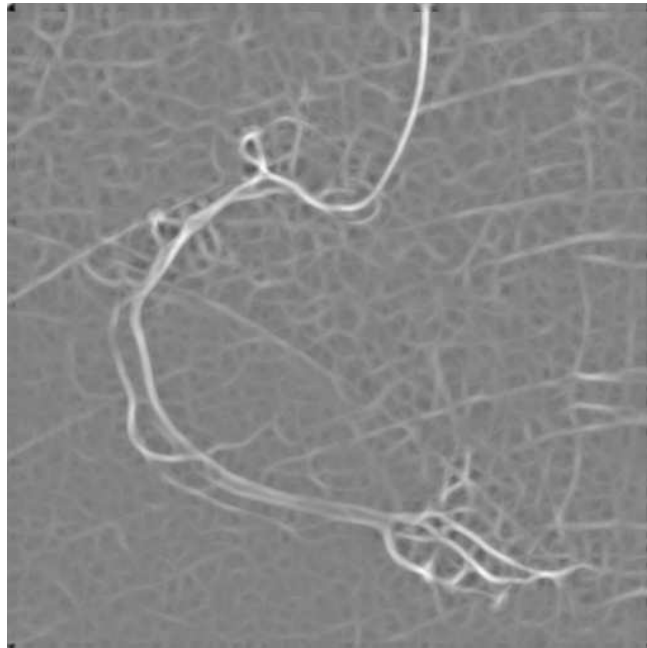


Figura 2.4: Ilustración del proceso de detección del GMF, a) Imagen original, b) ampliación de la ventana seleccionada, c) respuesta final del GMF para la ventana seleccionada. Las siguientes tres filas muestran el comportamiento del filtro a cada orientación: d) 0°, e) 15°, f) 30°, g) 45°, h) 60°, i) 75°, j) 90°, k) 105°, l) 120°, m) 135°, n) 150°, o) 165°.



(a)



(b)

Figura 2.5: a) Imagen de entrada y b) su respuesta obtenida con el filtro GMF.

2.3. Filtro de escala-simple de Gabor

El filtro de Gabor para detección de vasos sanguíneos de la retina fue presentado por Soares et al. [20] en su versión de escala múltiple, y más tarde Rangayyan et al. [21] introdujo el filtro de Gabor de escala-simple (Single-Scale Gabor **SSG**) para este mismo problema, debido a su buen comportamiento en imágenes médicas, como mamografías [44] e imágenes de la corteza estriada en el cerebro [45], y en general, para la detección de texturas en imágenes de cualquier tipo [46].

El filtro de Gabor de escala-simple se construye con una curva Gaussiana de dos dimensiones. Comparte las características del GMF en su construcción referentes al tamaño de la plantilla, τ el ancho de la plantilla y L su largo. A diferencia del GMF, la dispersión de la intensidad se modela tanto en el eje x como en el eje y de la plantilla. En este caso se busca una similitud entre la arteria y la plantilla en el espacio de frecuencias, en lugar del espacio original de la imagen. Rangayyan et al. [21] utilizaron únicamente la parte real del espectro del filtro de Gabor y consiguieron una mejor correspondencia al rotar la plantilla [47].

Así como GMF para la detección de vasos sanguíneos de la retina se utilizó en las arterias coronarias [4], el filtro de Gabor de escala-simple es aplicable a éste último. Esta aproximación ya ha sido explorada para la versión de escala múltiple del filtro de Gabor por Cruz-Aceves et al. [5] con excelentes resultados. La variante de escala múltiple del filtro de Gabor se reduce al método de escala-simple al fijar en una única escala el parámetro que define el ancho de la curva Gaussiana (τ) durante el proceso de detección.

Los métodos mencionados optimizan los parámetros del filtro de Gabor mediante el entrenamiento. Para los vasos sanguíneos de la retina, Rangayyan et al. [21] realizaron una búsqueda exhaustiva de los parámetros L y τ . Respecto a las arterias coronarias, Cruz-Aceves et al. [5] emplearon de la misma forma la búsqueda exhaustiva para encontrar los mejores parámetros L , κ y τ , del filtro de escala múltiple de Gabor. No obstante, es posible explorar el uso de algoritmos de Computación Evolutiva como los propuestos por Cruz-Aceves et al. para el GMF [6], con el mismo fin de reducir el tiempo computacional empleado por la búsqueda exhaustiva, enfocándose únicamente a optimizar los parámetros L y τ .

2.3.1. Método

El filtro de Gabor se basa en una curva Gaussiana modulada por una frecuencia sinusoidal. El método propuesto por Rangayyan et al. [21], para la detección de vasos sanguíneos de la retina, simplifica la construcción del filtro de Gabor utilizando tres parámetros, la elongación de la curva Gaussiana (L), el ancho de ésta (τ), y el número de orientaciones de la

plantilla (κ). A partir de los dos parámetros L y τ , se calculan los valores de la dispersión de la curva Gaussiana para ambos ejes. Así σ_x es la dispersión en el eje \mathbf{x} y σ_y en el eje \mathbf{y} . Adicionalmente, el valor de τ también define la frecuencia sinusoidal que modula la curva Gaussiana.

El diseño del filtro de Gabor de escala-simple se propuso por Ayres y Rangayyan [47] al considerar únicamente la parte real del filtro de Gabor original. Esto se realizó porque los desempeños de detección de la parte real del filtro, contra el filtro complejo de Gabor, son muy similares; además de que existe una ligera ganancia en tiempo computacional al utilizar únicamente la parte real del filtro de Gabor [48].

En general, el diseño del filtro de Gabor de escala-simple utilizada por Rangayyan et al. [21] para la detección de vasos sanguíneos se basa en la siguiente función de onda (2.4):

$$SSG(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma_x\sigma_y} \exp\left[-\frac{1}{2}\left(\frac{x^2}{\sigma_x^2} + \frac{y^2}{\sigma_y^2}\right)\right] \cos(2\pi f_o x), \quad (2.4)$$

donde σ_x y σ_y definen la dispersión de la curva en los ejes \mathbf{x} y \mathbf{y} respectivamente, y f_o es la frecuencia sinusoidal que la modula.

Las reglas de diseño para construir el filtro de escala-simple de Gabor definidas por Ayres y Rangayyan [47], establecen que:

- $\sigma_x = \tau/2\sqrt{2\ln(2)}$, dado que el filtro tiene un ancho completo a media altura (Full width at half maximum **FWHM**) de tamaño τ ,
- $\sigma_y = L \times \sigma_x$, y
- $f_o = 1/\tau$, pues la curva Gaussiana se modula con un periodo de tamaño τ .

Con dichas reglas de diseño se forma un filtro como el ilustrado en la Figura 2.6.

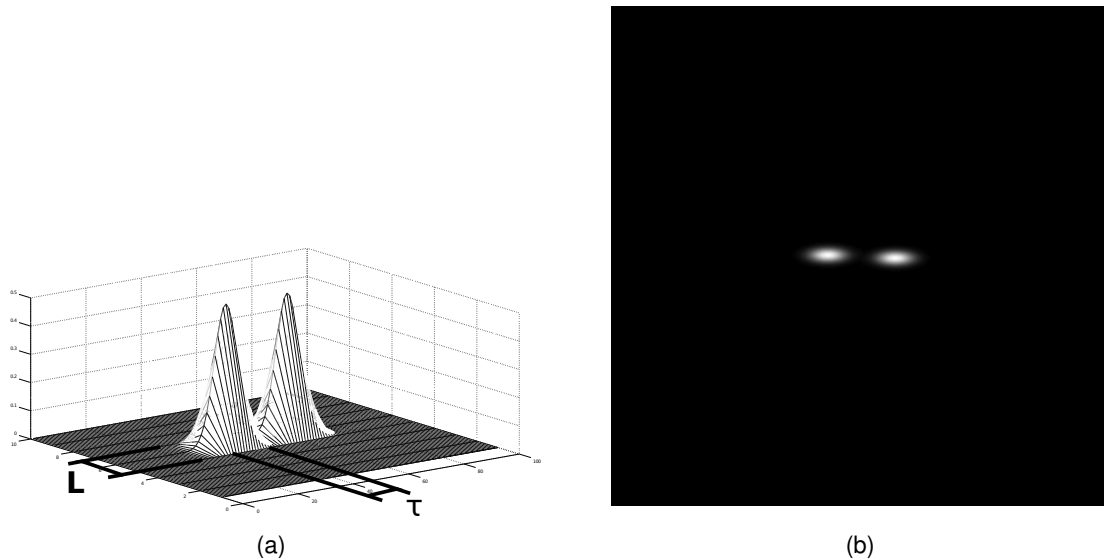


Figura 2.6: a) Representación de la plantilla del SSG simplificada por Ayres y Rangayyan et. al [47], donde la dispersión de la intensidad en el eje x depende de τ ; y la dispersión de la intensidad en el eje y depende de L ; b) el filtro de Gabor de escala-simple en el espacio de la imagen.

Una mejor correspondencia con las arterias a diferentes orientaciones se logra al rotar el filtro a κ ángulos equidistantes [47]. La Figura 2.7 ilustra las orientaciones del filtro que se logran al rotar la base sobre la cuál es evaluada la función de onda mediante la siguiente expresión (2.5):

$$\begin{bmatrix} x_{\theta_i} & y_{\theta_i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x & y \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \cos \theta_i & -\sin \theta_i \\ \sin \theta_i & \cos \theta_i \end{bmatrix}, \quad (2.5)$$

donde $i \in [1, \kappa]$ se refiere a la rotación a un ángulo $\theta_i = i\pi/\kappa$.



Figura 2.7: Rotación del filtro de Gabor de escala-simple a: a) 0° , b) 15° , c) 30° , y d) 45° .

Para obtener la respuesta del filtro de Gabor de escala-simple, la imagen de entrada es transformada al espacio de frecuencias y tratada con un filtro de paso alto (High-Pass Filter **HPF**). El filtro de Gabor de escala-simple se transforma al espacio de frecuencias a cada una de sus κ orientaciones.

Posteriormente se convoluciona la imagen tratada y el filtro SSG. Se retorna el resultado al espacio original de la imagen de entrada, donde para cada pixel, se almacena la respuesta más alta conseguida en las κ orientaciones. El conjunto de las máximas respuestas obtenidas es la respuesta final del filtro de Gabor de escala-simple. El procedimiento utilizado en este trabajo para la detección de arterias en imágenes médicas se describe en el Algoritmo 2. La Figura 2.8 ilustra el proceso de detección de SSG, y la Figura 2.9 muestra una imagen de entrada y su respuesta filtrada.

```

input : Imagen original ( $I$ ), ancho de la plantilla ( $\tau$ ), largo de la plantilla ( $L$ ) y número
          de orientaciones ( $\kappa$ )
output: Respuesta del filtro SSG ( $I_{SSG}$ )

 $\sigma_x = \tau/2\sqrt{2\ln(2)}$ .
 $\sigma_y = L \times \sigma_x$ .
 $f_o = 1/\tau$ .
 $FT(I) = \text{Fourier Transform}(I)$ .
 $HPF(I) = \text{High - Pass - Filter}(FT(I))$ .
 $cols_I = \text{columns de } I$ .
 $rens_I = \text{renglones de } I$ .
Inicializar  $I_{SSG}(x,y) = -\infty \forall x \in [1, cols_I], y \in [1, rens_I]$ .
for  $k \in [1, \kappa]$  do
     $\theta_k = \frac{k \cdot \pi}{\kappa}$ 
    Obtener  $(x_{\theta_k}, y_{\theta_k}) \forall x \in [1, cols_I], y \in [1, rens_I]$  con (2.5)
     $SSG_k = SSG(x_{\theta_k}, y_{\theta_k})$  con (2.4)
     $FT(SSG_k) = \text{Fourier Transform}(SSG_k)$ .
    for  $j \in [1, rens_I]$  do
        for  $i \in [1, cols_I]$  do
             $FT(R)(i, j) = FT(SSG_k)(i, j) \cdot HPF(I)(i, j)$ .
        end
    end
     $R = \text{Inverse Fourier Transform}(FT(R))$ .
    for  $j \in [1, rens_I]$  do
        for  $i \in [1, cols_I]$  do
            if  $I_{SSG}(i, j) < R(i, j)$  then
                 $I_{SSG}(i, j) = R(i, j)$ .
            end
        end
    end
end
return  $I_{SSG}$ 

```

Algoritmo 2: Detección de vasos sanguíneos con el filtro de Escala-Simple de Gabor (SSG).

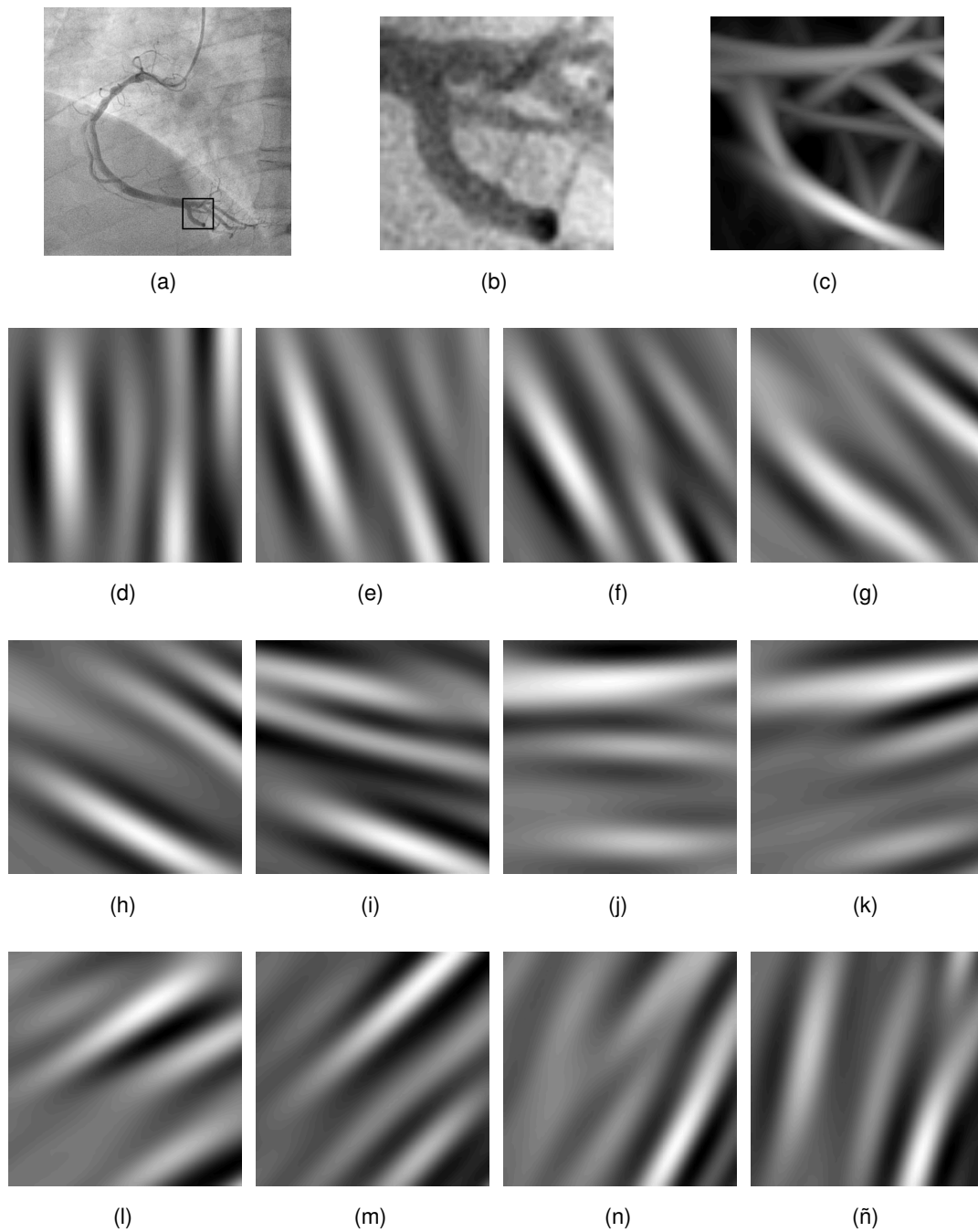
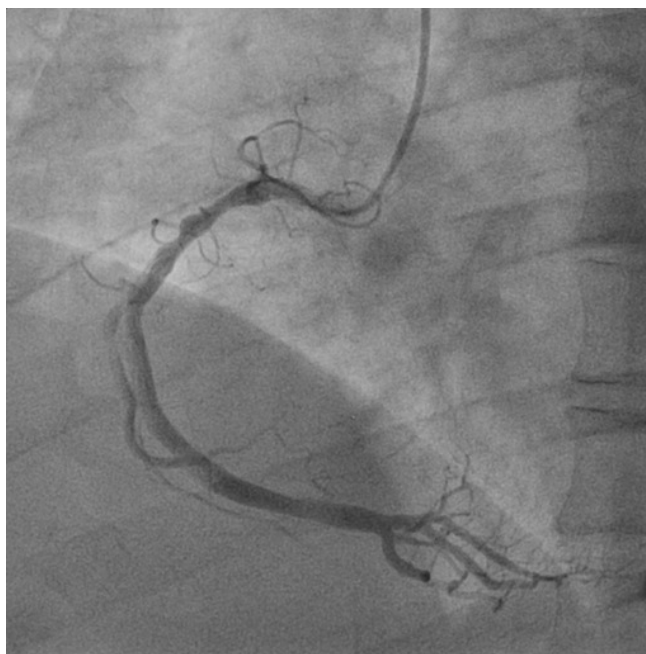
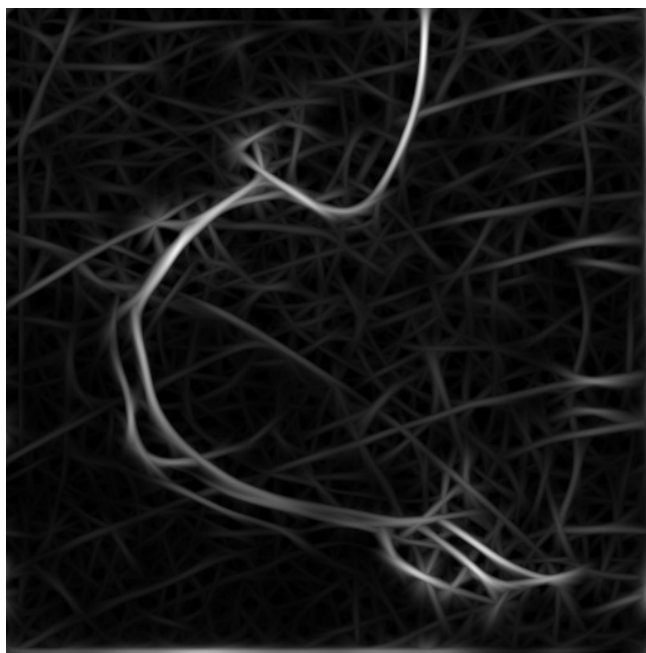


Figura 2.8: Ilustración del proceso de detección del filtro SSG, a) Imagen original, b) ampliación de la ventana seleccionada, c) respuesta final del filtro SSG para la ventana seleccionada. Las siguientes tres filas muestran el comportamiento del filtro a cada orientación: d) 0°, e) 15°, f) 30°, g) 45°, h) 60°, i) 75°, j) 90°, k) 105°, l) 120°, m) 135°, n) 150°, o) 165°.



(a)



(b)

Figura 2.9: a) Imagen de entrada y b) su respuesta obtenida con el filtro SSG.

2.4. Análisis de la característica operativa del receptor

El análisis de la característica operativa del receptor (Receiver Operating Characteristic **ROC**) posibilita la medición cuantitativa de la calidad que tiene un diagnóstico o *clasificador* a través de su eficacia [49]. En el área médica, ha sido ampliamente utilizado gracias a que soporta la evaluación de clasificadores o pruebas que retornan valores en múltiples niveles, en lugar de una respuesta binaria [50]. El análisis ROC ha sido utilizado también como herramienta de comparación del desempeño de diferentes clasificadores [51].

El análisis ROC emplea la *Sensibilidad* y la *Especificidad* [49] que presenta una clasificación binaria al compararla contra una verdad conocida o *ground-truth*. El conocimiento previo del *ground-truth* es estrictamente necesario para realizar éste análisis, siendo esta su desventaja.

Sensibilidad se refiere a la probabilidad que tiene un clasificador de catalogar a un individuo como positivo, cuando el *ground-truth* lo reconoce como tal [49]. A estos individuos se les conoce como verdaderos positivos, o *True Positive* (TP).

Esta métrica se calcula con la siguiente expresión (2.6):

$$\text{Sensibilidad} = \frac{\text{No. de Verdaderos Positivos}}{\text{No. Total de positivos en el ground - truth}} \quad , \quad (2.6)$$

esta fracción es también conocida como la fracción de verdaderos positivos, o *True Positive Fraction* (TPF).

Especificidad define la probabilidad que existe de designar un individuo como negativo por el clasificador, cuando el *ground-truth* lo considera negativo también [49]. Estos individuos son conocidos como verdaderos negativos, o *True Negative* (TN).

Para calcular la especificidad de un clasificador, se utiliza la expresión (2.7):

$$\text{Especificidad} = \frac{\text{No. de Verdaderos Negativos}}{\text{No. Total de negativos en el ground - truth}} \quad , \quad (2.7)$$

a esta relación también se le denomina como la fracción de verdaderos negativos, o *True Negative Fraction* (TNF). Así el complemento de ésta medida se define como la fracción de falsos positivos, o *False Positive Fraction* (FPF) obtenida con (2.8):

$$\text{Fraccion de Falsos Verdaderos} = 1 - \text{Especificidad} \quad , \quad (2.8)$$

Las métricas de Sensibilidad y Especificidad constituyen por sí solas medidas de exactitud, y con ambas se calcula la exactitud general del clasificador. Sin embargo, dichas métricas se obtienen con la evaluación de un clasificador binario, donde los individuos se encuentran en dos estados, positivo o negativo.

En el problema de detección de arterias coronarias, los métodos abordados, GMF y SSG, retornan imágenes de respuesta a diferentes escalas de intensidad, por lo que la evaluación de la exactitud general no es aplicable directamente. No obstante, el análisis ROC soporta la evaluación de varios niveles de respuesta de un clasificador, utilizando las métricas de fracción de verdaderos positivos (**TPF**) y fracción de falsos negativos (**FNF**) como coordenadas de una curva en dos dimensiones. Para el caso de las imágenes de respuesta, cada pixel se considera como un individuo, y los estados de clasificación son: positivo si pertenece a la arteria y negativo si no pertenece a la arteria.

La curva de ROC se construye modulando el nivel de clasificación de la respuesta a modo de umbral. Éste recorre los niveles de la respuesta incluyendo su valor mínimo y su máximo, tomando separaciones equidistantes. La separación se realiza entonces considerando la intensidad de los pixeles de la respuesta que se encuentran por debajo del umbral como negativos, y aquellos por encima de éste, como positivos. La Figura 2.10 es un ejemplo de como se categorizan los pixeles de la imagen de respuesta según la umbralización.

Como se observa en la Figura 2.10 (a), un umbral es estricto si es cercano al valor máximo de la respuesta, considerando a la mayoría de los pixeles como negativos. Por otro lado, un umbral es permisivo si es cercano al valor mínimo de la respuesta, el cuál catalogaría la mayoría de los pixeles como positivos, como se nota en la Figura 2.10 (f).

Una vez que los pixeles de la imagen de respuesta han sido clasificados, se calculan las fracciones **FPF** y **TPF** con respecto al ground-truth para ese umbral. Con ambas fracciones se establece un punto en la curva con coordenadas **FPF** en el eje x , y **TPF** en el y (Figura 2.11). Este proceso se repite hasta recorrer todos los niveles de umbralización.

El área bajo la curva de ROC se interpreta directamente como la correspondencia que logra el método de detección respecto al ground-truth. Si el área valiera 1, la correspondencia sería perfecta, siendo el caso contrario si ésta valiera 0. El área bajo la curva de ROC se puede calcular numéricamente a partir de los puntos en la curva y la regla del trapecio.

Para el problema abordado de la detección de arterias coronarias, así como en el de vasos sanguíneos en la retina, el área bajo la curva de ROC ha sido empleada como herramienta de comparación entre los métodos de detección [4-6, 17, 20, 21, 40, 52]. De esta manera un método tiene mejor desempeño respecto a otro, si el área alcanzada bajo la cur-

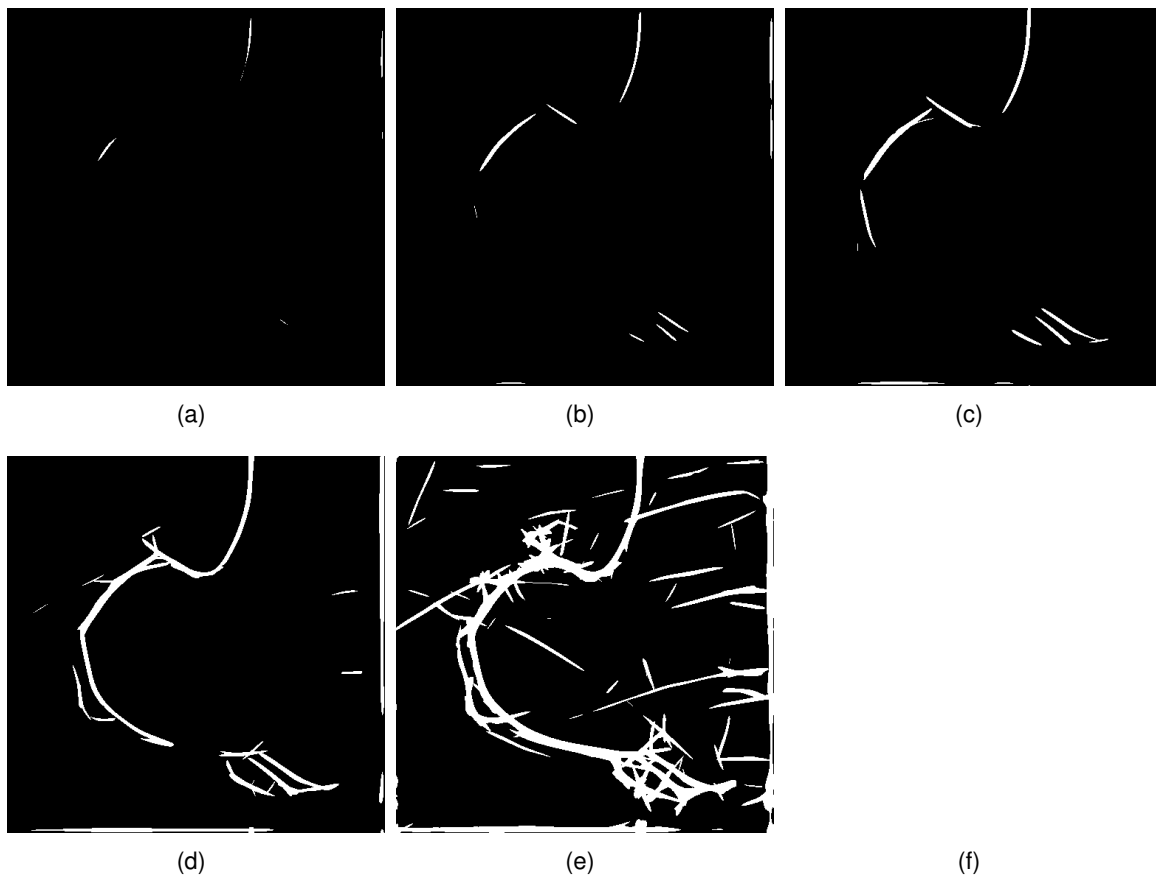


Figura 2.10: Ejemplo de la umbralización de la respuesta del SSG de la Figura 2.9 a seis diferentes niveles. En blanco aparecen los píxeles considerados como parte de la arteria, mientras que los píxeles negros son considerados como fondo de la imagen.

va de ROC del primero es mayor a la del segundo.

Como se detallará en la sección 2.5, el área bajo la curva de ROC se puede emplear como función objetivo durante en el proceso de entrenamiento y optimización de los parámetros para los filtros de GMF y SSG [6, 21, 22, 40, 41, 43].

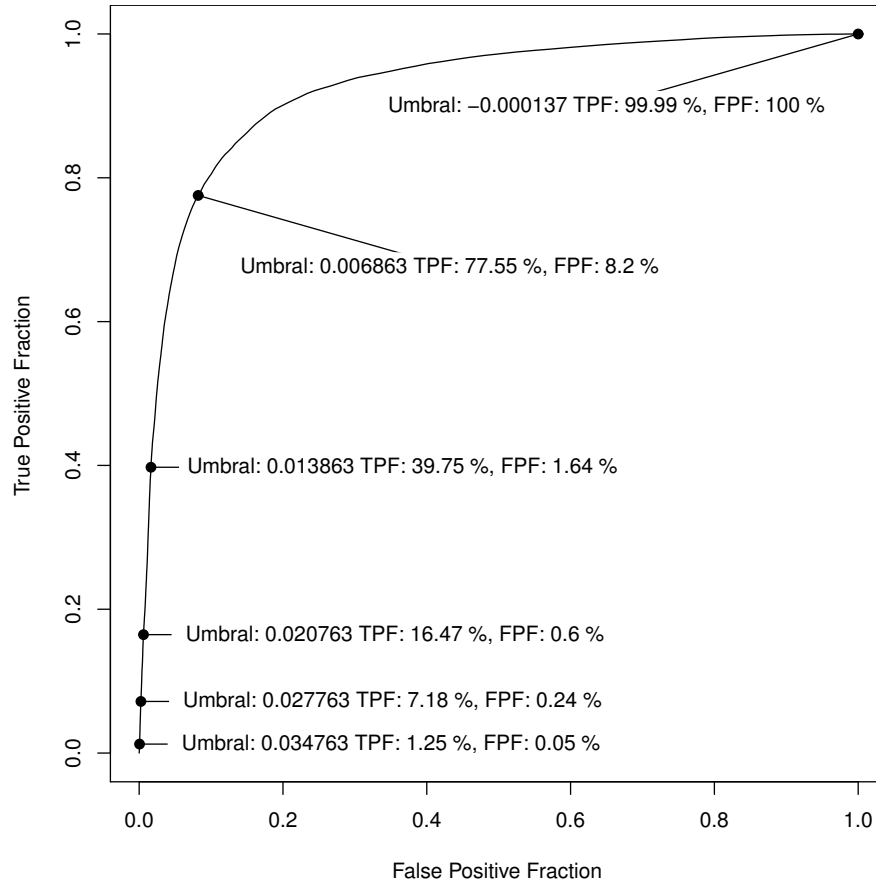


Figura 2.11: Curva de ROC para la respuesta del filtro de escala-simple de Gabor de la Figura 2.9. Se indican sobre la curva de ROC los valores de **FPF** y **TPF** para las umbralizaciones mostradas en la Figura 2.10.

2.5. Entrenamiento de parámetros

El desempeño de los métodos de detección ya abordados en éste capítulo, dependen de los parámetros que los gobiernan. Éstos han sido determinados generalmente de forma empírica o experimental [4, 14-19, 23]. Sin embargo, se ha propuesto un enfoque en que los parámetros deben ser elegidos por medio de una etapa de entrenamiento antes de ser puestos a prueba. Este enfoque tiene generalmente mejores resultados que el dejar fijos los parámetros.

Las primeras aproximaciones de este enfoque se realizaron con la búsqueda exhaustiva de los parámetros dentro del espacio de búsqueda [21, 22, 40]. Éste método consiste en recorrer todas las posibles combinaciones de los parámetros dentro de sus espacios de búsqueda discretizados. Después de haber recorrido todas las posibles combinaciones, los parámetros que arrojan la mejor solución son considerados como los óptimos.

Posteriormente el uso de algoritmos de Evolución Computacional, como algoritmos genéticos (GA) [41] y algoritmos de estimación de la distribución (EDA) [5, 6, 43], redujeron el número de evaluaciones de la función objetivo durante el entrenamiento, orientándose a la reducción del tiempo computacional [53, 54], en lugar del mejoramiento de la respuesta obtenida.

Para el problema de detección de vasos sanguíneos en la retina, Al-Rawi et al. [40, 41] y Rangayyan et al. [21, 22] fijaron ciertos parámetros durante el entrenamiento del GMF y el SSG respectivamente, disminuyendo el espacio de búsqueda y el esfuerzo computacional. Posteriormente, los rangos definidos fueron modificados para ajustarse a las arterias coronarias por Cruz-Aceves et al. para el GMF [6].

El método de GMF requiere optimizar tres parámetros: T , L , σ , dejando fijo el número de orientaciones en $\kappa = 12$ [40, 41]. El rango utilizado para cada uno de los tres parámetros a optimizar se muestra en la Tabla 2.1.

Tabla 2.1: Rango de búsqueda de los parámetros T , L y σ para el Filtro Gaussiano (GMF) [6, 43].

Parámetro	Minimo	Maximo	Discretización
T	8	15	1
L	8	15	1
σ	1	5	0.01

Los parámetros T y L en el GMF son discretos, por lo que la subdivisión de sus dominios

se realiza en pasos de una unidad, mientras tanto, la dispersión σ es continua, por lo que se discretiza en pasos de 0.01.

Respecto al SSG el número de orientaciones es fijado en $\kappa = 45$. A pesar de que Rangayyan et al. propusiera utilizar $\kappa = 180$ [21], se ha encontrado que la ganancia en el área bajo la curva de ROC, considerando más orientaciones, no es muy significativa. Respecto a los parámetros a optimizar τ y L , se utiliza el rango mostrado en la Tabla 2.2 propuesto por Rangayyan et al. [22].

Tabla 2.2: Rango de búsqueda de los parámetros τ y L para el filtro de escala-simple de Gabor (SSG) [22].

Parámetro	Mínimo	Máximo	Discretización
τ	1	16	1
L	1	18	0.1

Para el SSG, el parámetro τ es discreto, y se subdivide en espacios de una unidad, mientras que el parámetro L es continuo, para el cuál se toman divisiones de tamaño 0.1.

El entrenamiento consiste en aplicar un método de optimización sobre una proporción de la base de datos de imágenes, considerada como el conjunto de prueba, y determinar así los mejores parámetros para ese conjunto. La función objetivo a maximizar es el área bajo la curva de ROC, pues mide el desempeño de las respuestas de ambos filtros. Posteriormente, los parámetros encontrados son aplicados sobre el resto de las imágenes a manera de prueba, y conocer así el desempeño de cada método.

2.5.1. Técnicas de evolución computacional

Como en cualquier problema de optimización se busca maximizar, o minimizar cierta función objetivo. Sin embargo, si la expresión matemática de la función no existe, no puede ser optimizada mediante algoritmos de optimización clásicos basados en primeras y segundas derivadas de la misma. Las técnicas de Evolución Computacional (Evolutionary Computation **EC**) son métodos de optimización numérica cuyas estrategias bio-inspiradas sirven como alternativa a los métodos de optimización clásica.

Estas estrategias buscan iterativamente la solución óptima de un problema entre numerosas posibles soluciones, también llamadas *individuos*. Cada individuo comparte las mismas características aunque con diferentes valores para éstas, y debe poder ser evaluado en la función objetivo. La calidad de la solución que aporta cada individuo depende directamente de los valores de sus características.

Al conjunto de individuos donde se busca la solución se le conoce como *población*. Con el objetivo de mejorar la calidad de la solución, los valores de los individuos en la población son modificados en cada iteración. Para esto, diversas metaheurísticas que dependen del método de EC son empleadas.

En la actualidad existen diversas técnicas en el área de EC. En este trabajo se detalla el uso de tres técnicas ya exploradas con anterioridad para la optimización de los parámetros del GMF [6, 41] en vasos sanguíneos de la retina.

Algoritmos Genéticos

Los Algoritmos Genéticos (Genetic Algorithms **GA**) son métodos inspirados en un proceso de evolución genética en la naturaleza [55, 56]. Éste método simula dicho proceso para mejorar iterativamente los individuos de la población y encontrar así la solución global del problema de optimización. En los algoritmos genéticos, los individuos son codificados en cadenas de genes binarios (2.9).

$$x_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, x_{i,3}, \dots, x_{i,n}), \quad (2.9)$$

donde x_i es el i -ésimo individuo de la población, $x_{i,j}$ es el j -ésimo gen del individuo i , y n es el número de genes que forman la cadena binaria.

Los genes por si sólo carecen de sentido para el problema, sin embargo, al ser agrupados codifican cada característica del individuo. Para ser evaluados en la función objetivo, las cadenas de genes son decodificadas en las variables originales del problema de optimización.

La simulación del proceso de evolución es constituido por tres etapas: *selección*, *cruza* y *mutación*.

La etapa de selección asegura que los individuos con mejor calidad tengan mayor probabilidad de sobrevivir a las siguientes generaciones. Existen múltiples técnicas para elegir el conjunto de individuos que forman la selección. En este trabajo se utiliza la selección por ruleta. Ésta técnica determina la probabilidad de ser elegido para cada individuo en base a su calidad relativa. La calidad relativa se calcula con la expresión (2.10):

$$P(x_i) = \frac{f(x_i)}{\sum_{j=1}^N f(x_j)} \quad (2.10)$$

donde x_i es el individuo i de la población, $P(x_i)$ es la probabilidad de que el individuo x_i sea seleccionado, N es el tamaño de la población, y $f(x)$ es el valor de la función objetivo para un individuo x .

El grupo seleccionado es del tamaño de una fracción de la población. La fracción es definida al comenzar el algoritmo como CR (Crossover-Ratio). Se calcula la función de distribución de probabilidad $F(x)$ empírica a partir de las probabilidades de que los individuos sean elegidos $P(x)$. Posteriormente se genera un número aleatorio en el intervalo $(0, 1)$ y se elige el individuo cuya probabilidad acumulada sea mayor o igual al valor generado. Este

proceso se repite hasta completar el grupo.

En la etapa de cruce, se eligen dos individuos del grupo seleccionado a manera de padres y sus genes se mezclan, de esta forma se generan dos nuevos individuos. También existen diferentes técnicas para realizar el proceso de cruce, en este trabajo se utiliza la cruce uniforme. Ésta técnica permite elegir los genes que son tomados de cada padre para generar los nuevos individuos (Figura 2.12).

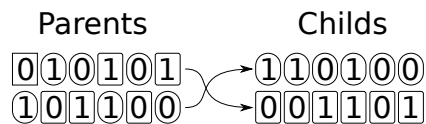


Figura 2.12: Ejemplo de la cruce uniforme para obtener dos nuevos individuos a partir de dos padres mezclando uniformemente sus genes. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo *Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques* del libro *Hybrid Soft Computing for Image Segmentation* de próxima publicación.

Por último, la etapa de mutación agrega variabilidad a los individuos con el fin de buscar otras áreas prometedoras dentro del espacio de búsqueda. Esta etapa se realiza con cierta probabilidad definida al comienzo del algoritmo como *MR* (Mutation-Rate). Un individuo es mutado con dicha probabilidad al cambiar el valor de uno de sus genes. El gen cambiado es elegido aleatoriamente.

Los algoritmos genéticos se inicializan con una población generada de manera aleatoria. En cada generación se llevan a cabo las etapas de selección, cruce y mutación, y los individuos son evaluados en la función objetivo. El individuo con mejor calidad es actualizado y preservado como *élite* en cada generación. El proceso es repetido un determinado número de generaciones. Al finalizar, el individuo élite es considerado la solución del problema de optimización.

En la Figura 2.13 se ilustran dos generaciones del proceso de optimización con GA. El procedimiento de optimización con GA implementado en este trabajo se muestra en el Algoritmo 3. El algoritmo está implementado para la maximización de la función.

input : Tamaño de la población (N), número máximo de generaciones (max_gen), función objetivo ($f(x)$), proporción de selección $CR \in (0, 1)$, probabilidad de mutación $MR \in (0, 1)$.

output: Solución al problema de optimización (x_{elite}).

Inicializar la población X aleatoriamente

for $g \in [1, max_gen]$ **do**

 Evaluar X en $f(x)$

 Actualizar el élitte x_{elite}

 Armar el grupo de selección con $CR \cdot N$ individuos

 Cruzar los individuos en el grupo de selección

 Mutar los individuos con probabilidad MR

 Armar X con los individuos resultantes de la cruce y mutación

 Completar X con individuos de la selección elegidos aleatoriamente

end

return x_{elite}

Algoritmo 3: Optimización por medio del Algoritmo Genético (GA).

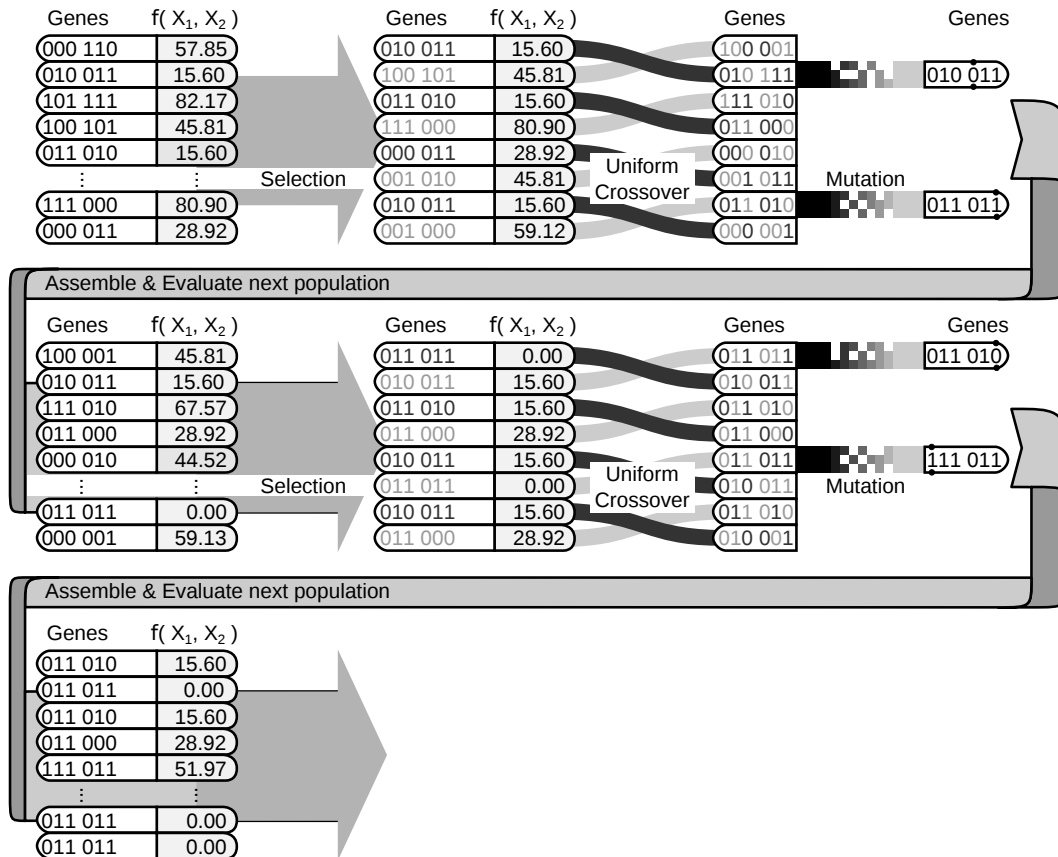


Figura 2.13: Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo Genético utilizado en este trabajo. Únicamente se ilustran las dos primeras generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo *Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques* del libro *Hybrid Soft Computing for Image Segmentation* de próxima publicación.

Algoritmo de Distribución Marginal Univariada

El Algoritmo de Distribución Marginal Univariada (Univariate Marginal Distribution Algorithm **UMDA**)[57, 58] es un método de la rama de Algoritmos de Estimación de la Distribución (**EDA** por sus siglas en inglés). Éstos métodos se basan en la estimación de un modelo de probabilidad marginal para cada variable del problema.

Este enfoque permite muestrear los individuos en la población a partir de los modelos estimados, en lugar de modificarlos y preservarlos a lo largo del proceso de optimización, como lo hacen los algoritmos genéticos. Sin embargo, prevalece la selección de los mejores individuos, ésta vez para calcular los modelos de probabilidad marginales.

Similar al GA, UMDA codifica las características de los individuos en una cadena binaria. De esta forma, cada gen de la cadena binaria es modelada por una distribución de probabilidad marginal. En el caso de UMDA, se considera que no hay relación entre los genes, siendo así las distribuciones de probabilidad univariadas.

El procedimiento de optimización que sigue el algoritmo UMDA implementado en este trabajo consiste en tres etapas: *selección, estimación de modelos y remuestreo*.

En la etapa de selección, se elige una proporción de $CR \in (0, 1)$ de individuos de la población con las mejores evaluaciones en la función objetivo y se forma un grupo S . A esta técnica de selección se le conoce como truncamiento.

Para la etapa de estimación, se calculan las probabilidades marginales de cada gen a partir de los individuos en S . Cada probabilidad marginal se calcula con la siguiente expresión (2.11):

$$P_j = P(X_j = 1) = \frac{\sum_{k=1}^{N_S} S_{k,j}}{N_S}, \quad (2.11)$$

Donde P_j es la probabilidad de que el gen j valga 1, $S_{k,j}$ es el k -ésimo individuo en el grupo de selección, y N_S es el tamaño de S .

En la etapa de remuestreo, UMDA genera N nuevos individuos a partir de los modelos de probabilidad marginales. De esta forma, un individuo es muestreado con una probabilidad de (2.12):

$$P(x) = \prod_{j=1}^n P(X_j = x_j), \quad (2.12)$$

donde $P(x)$ es la probabilidad de muestrear a un individuo x , y $P(X_j = x_j)$ es la probabilidad de que x tenga un valor de x_j en su j -ésimo gen.

El algoritmo UMDA se inicializa muestreando la población con las probabilidades marginales $P_j = 0.5$ para todos los genes. Las etapas de selección, estimación de los modelos de probabilidad y remuestreo se repiten iterativamente, y cada generación el individuo élite es actualizado con la mejor solución hasta el momento. Cuando el proceso llega a un determinado número de generaciones, el individuo élite se considera como la solución al problema de optimización.

La Figura 2.14 ilustra un par de iteraciones en el proceso que lleva a cabo UMDA para optimizar una función objetivo. El procedimiento que sigue la implementación de UMDA realizada en este trabajo se describe en el Algoritmo 4.

input : Tamaño de la población (N), número máximo de generaciones (max_gen), función objetivo ($f(x)$), tamaño de la selección $N_S \in (0, N)$.

output: Solución al problema de optimización (x_{elite}).

Inicializar la población X con probabilidades marginales $P_j = 0.5 \forall j = 1, 2, \dots, n$

for $g \in [1, max_gen]$ **do**

 Evaluar X en $f(x)$

 Ordenar X respecto a la evaluación de sus individuos

 Actualizar el élite x_{elite}

 Armar el grupo de selección con los N_S mejores individuos

 Estimar los modelos de probabilidad marginales con (2.11)

 Muestrear N individuos con probabilidad (2.12) de ser elegidos y formar X

end

return x_{elite}

Algoritmo 4: Optimización por medio del Algoritmo de Distribución Marginal Univariada (UMDA).

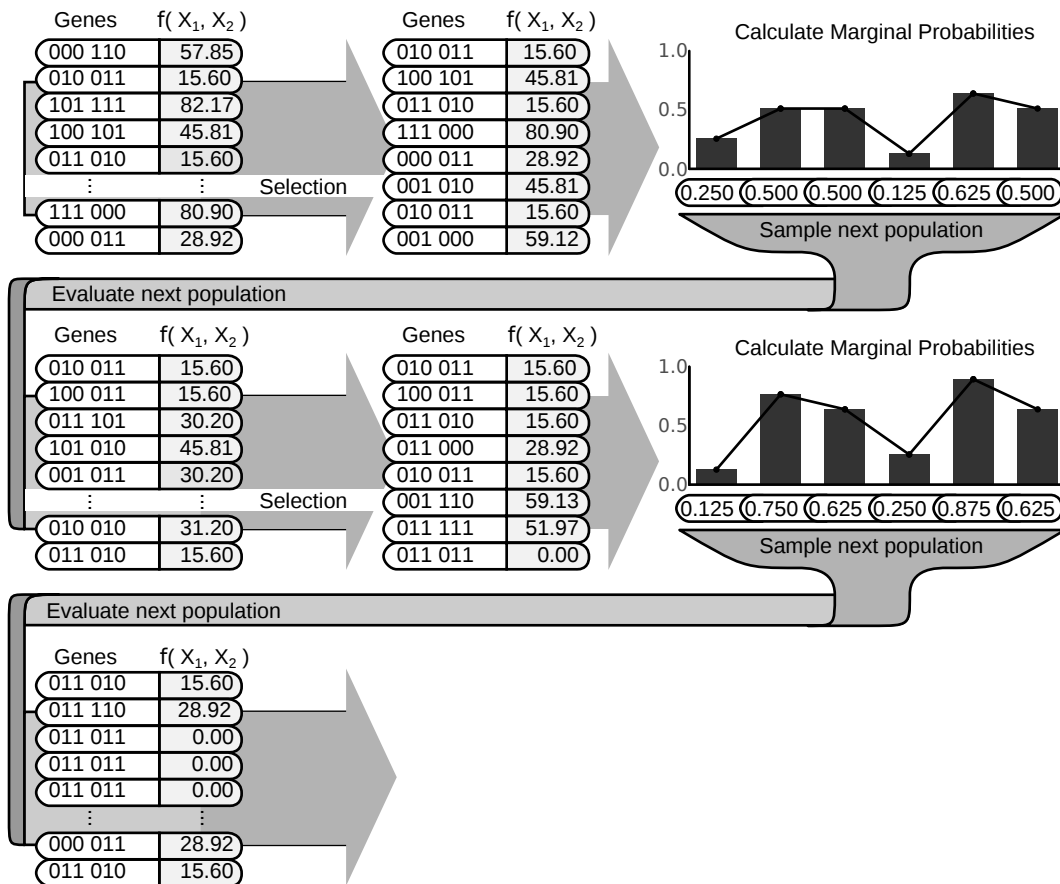


Figura 2.14: Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo de Distribución Marginal Univariada utilizado en este trabajo. Se muestran las dos primeras generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo *Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques* del libro *Hybrid Soft Computing for Image Segmentation* de próxima publicación.

Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann

El Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann (Boltzman Univariate Marginal Distribution Algorithm **BUMDA**)[59] es un algoritmo de estimación de la distribución similar al UMDA, con la diferencia de que BUMDA trabaja con variables continuas. Al evitar la codificación de las variables, BUMDA es capaz de encontrar soluciones más exactas, cuando las variables originales también son continuas.

El algoritmo de BUMDA esta basado en una aproximación de la distribución de Boltzmann, realizada con la distribución Normal univariada, como modelo de muestreo para las variables del problema de optimización.

El procedimiento que sigue BUMDA consta de tres etapas: *selección, estimación de parámetros y remuestreo*.

Para la etapa de selección, BUMDA utiliza un umbral φ para discriminar a los individuos con bajo desempeño. Dicho umbral es elevado en cada iteración forzando a mejorar la selección de individuos, no permitiendo entrar aquellos que reduzcan el desempeño logrado hasta el momento.

El umbral φ se define al iniciar el algoritmo como la peor solución encontrada. A lo largo de las iteraciones el umbral se actualiza con la solución que supere a φ en la población actual. Si todos los individuos de la población superan el umbral, se elige entonces la mediana de las soluciones en la población como nuevo umbral φ .

La etapa de estimación consiste en calcular las medias y varianzas de los modelos de probabilidad marginales por separado a partir del grupo seleccionado. La media en la iteración t se calcula con la siguiente expresión (2.13):

$$\mu_t = \frac{\sum_{i=1}^{N_S} \bar{f}(S_i) \cdot S_i}{\sum_{i=1}^{N_S} \bar{f}(S_i)} . \quad (2.13)$$

donde μ_t es un vector de tamaño n con las medias de los modelos marginales. El valor de $\bar{f}(x_i)$ se refiere a la diferencia entre la evaluación del individuo S_i y la peor evaluación dentro de S .

La varianza se calcula de la siguiente manera (2.14):

$$v_t = \frac{\sum_{i=1}^{N_S} \bar{f}(S_i) \cdot (S_i - \mu_t)^2}{\sum_{i=1}^{N_S} \bar{f}(S_i)} . \quad (2.14)$$

donde v_t es un vector de tamaño n con las varianzas de los modelos marginales.

La etapa de remuestreo permite generar una población cuya diversidad depende de las varianzas de los modelos marginales, calculadas en la etapa anterior. En conjunto, las etapas de selección y estimación de parámetros, provocan que las medias de los modelos converjan a los valores de la solución élite. Al mismo tiempo, las varianzas de éstos tienden a 0 y permiten detener el algoritmo utilizando esto como criterio.

El algoritmo BUMDA inicia con una población generada aleatoriamente dentro de los límites de búsqueda para cada variable. Las etapas de selección, estimación de parámetros y remuestreo se iteran hasta que las varianzas de cada variable sea menor que una tolerancia dada.

En cada generación se actualiza el individuo élite como el mejor individuo de la población. Después de el remuestreo el individuo élite es reinsertado a la población. Al terminar, el individuo élite es elegido como solución final.

En la Figura 2.15 se ilustran dos generaciones del proceso de optimización con BUMDA. El procedimiento de BUMDA utilizado en este trabajo se describe en el Algoritmo 5.

```

input : Tamaño de la población ( $N$ ), varianza mínima para cada variable ( $min\_var$ ),
        función objetivo ( $f(x)$ ).
output: Solución al problema de optimización ( $x_{elite}$ ).

Inicializar la población  $X$  con valores aleatoriamente generados entre los límites de
búsqueda
Evaluar  $X$  en  $f(x)$ 
Definir el umbral  $\varphi$  como la peor evaluación de la población
while  $v_i > min\_vars$  do
    Actualizar el élite  $x_{elite}$ 
    Armar el grupo de selección con los individuos cuya evaluación sea mayor o igual a
     $\varphi$ 
    Estimar las medias con (2.13)
    Estimar las varianzas con (2.14)
    Muestrear  $N$  individuos con una distribución univariada  $N(m_i, v_i)$  y formar  $X$ 
    Evaluar  $X$  en  $f(x)$ 
    Reinsertar el élite  $x_{elite}$  a  $X$ 
    Actualizar el umbral  $\varphi$ 
end
return  $x_{elite}$ 

```

Algoritmo 5: Optimización por medio del Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann (BUMDA).

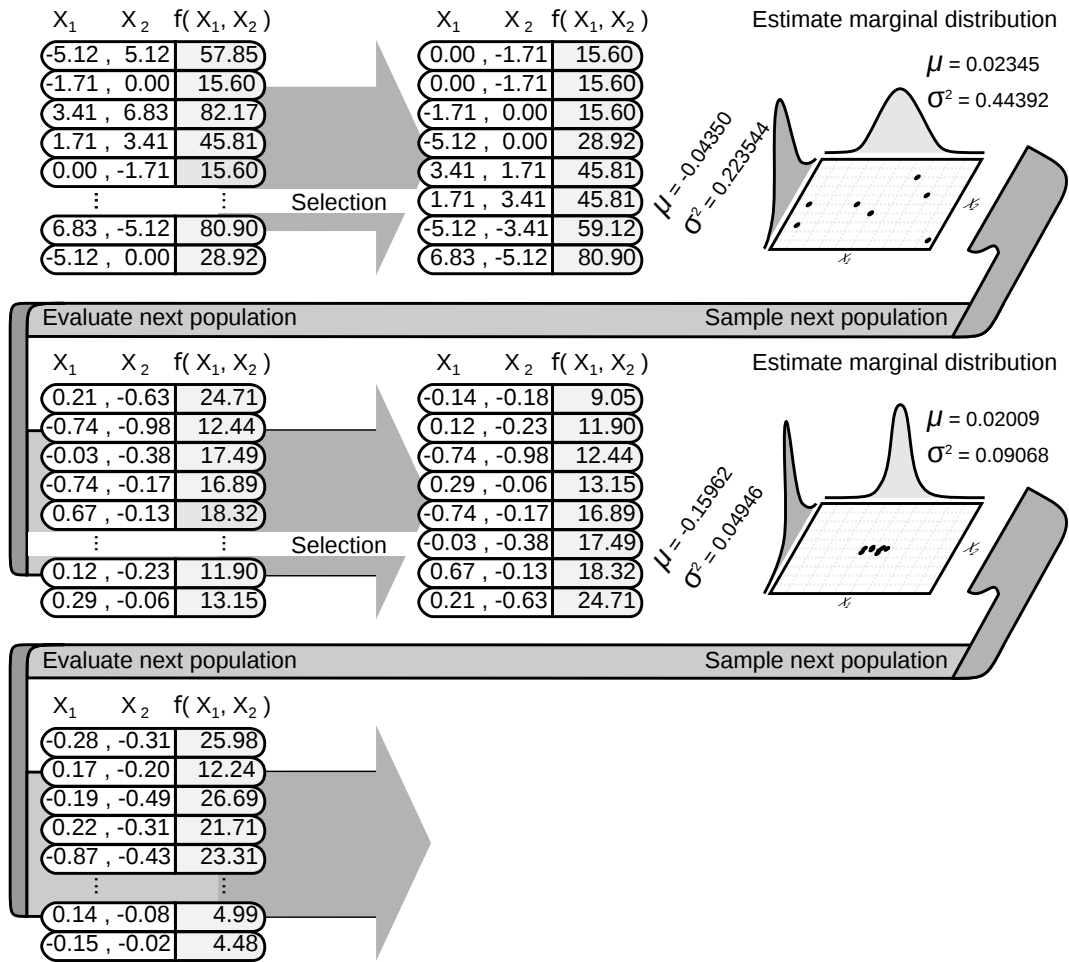


Figura 2.15: Optimización de la función Rastrigin en dos dimensiones con el Algoritmo de Distribución Marginal Univariada de Boltzmann utilizado en este trabajo. Se muestran únicamente dos generaciones del proceso. Reproducido con permiso de Cervantes-Sanchez et al. del capítulo *Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques* del libro *Hybrid Soft Computing for Image Segmentation* de próxima publicación.

2.6. Función objetivo de Correlación-Contraste

Con el fin primordial de evitar el uso del ground-truth para evaluar el desempeño del filtro de SSG, y las etapas de entrenamiento de sus parámetros, se exploraron distintas heurísticas como alternativas al área bajo la curva de ROC. Las heurísticas exploradas debían aprovechar la información inherente de la imagen de respuesta, así como cumplirse que al maximizar su evaluación, también lo hiciera el área bajo la curva de ROC.

Siguiendo esta idea básica, se compararon numerosas funciones relacionadas con la información de la imagen, tales como la correlación, entropía, imagen de bordes, contraste, etc. En este trabajo se introduce la función objetivo de Correlación-Contraste, que alcanzó la mayor similitud con el comportamiento del área bajo la curva de ROC.

La correlación y el contraste de la imagen de respuesta se obtienen tras calcular su matriz de co-ocurrencia de niveles de grises (Gray-Level Co-Occurrence Matrix **GLCM**)[60]. Para dicha matriz, se define una escala de L_G niveles de grises, y un número O de orientaciones a considerar en su construcción. En este trabajo se utilizan $L_G = 8$ niveles para la nueva escala de grises y $O = 4$ orientaciones (Figura 2.16).

La matriz GLCM de dimensiones $L_G \times L_G \times O$ es calculada re-escalando en I_{L_G} la imagen I de entrada, considerando los L_G niveles de grises. A partir de I_{L_G} se cuentan el número de píxeles que pasan de un estado a a uno b , con a y $b \in [1, L_G]$.

El cambio de estado de un píxel con posición (i, j) a otro $(i + d_x, j + d_y)$ se define como (2.15):

$$\delta(a, b) = \begin{cases} 1 & \text{si } I_{L_G}(i, j) = a \text{ y } I_{L_G}(i + d_x, j + d_y) = b \\ 0 & \text{otro caso} \end{cases} \quad (2.15)$$

donde d_x es el desplazamiento relativo a i en el eje x , y d_y el relativo a j en el eje y .

A continuación se listan las cuatro orientaciones consideradas en este trabajo y que determinan los desplazamientos relativos a la posición (i, j) .

- orientación 1 (a la derecha): $d_x = 1, d_y = 0$,
- orientación 2 (arriba y a la derecha): $d_x = 1, d_y = -1$,
- orientación 3 (arriba): $d_x = 0, d_y = -1$, y
- orientación 4 (arriba y a la izquierda): $d_x = -1, d_y = -1$.

En el Algoritmo 6 se muestra como se completa la matriz GLCM, necesaria para calcular la correlación y contraste de la respuesta del SSG. De la GLCM se estiman las probabilidades de que un píxel pase de un estado a a uno b dependiendo de la orientación o con (2.16):

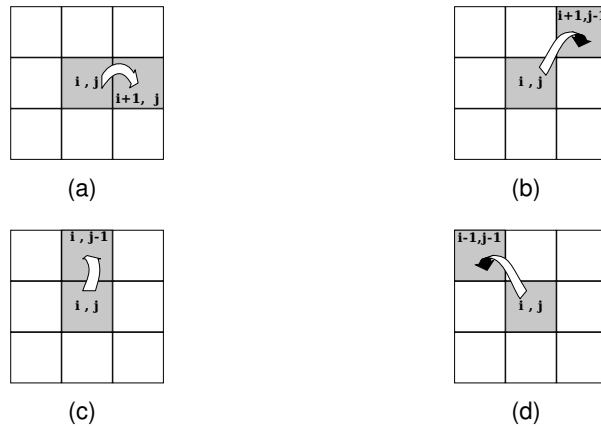


Figura 2.16: Orientaciones para obtener la GLCM. Se consideran los pixeles inmediatos: a) a la derecha, b) arriba y a la derecha, c) arriba, y d) arriba y a la izquierda.

```

input : Imagen re-escalada ( $I_{L_G}$ ), niveles de la nueva escala de grises ( $L_G$ ), y las  $O$ 
         orientaciones.
output: Matriz  $GLCM$ 

cols = columnas de  $I_{L_G}$ 
rens = renglones de  $I_{L_G}$ 
Inicializar la matriz  $GLCM$  con 0 en todas sus entradas
for  $o \in [1, O]$  do
     $d_x^o$  es el desplazamiento que define la orientación  $o$  en el eje  $x$ 
     $d_y^o$  es el desplazamiento que define la orientación  $o$  en el eje  $y$ 
    for  $j \in [1, rens]$  do
        for  $i \in [1, cols]$  do
             $a = I_{L_G}(i, j)$ 
             $b = I_{L_G}(i + d_x^o, j + d_y^o)$ 
             $GLCM_o(a, b) = GLCM_o(a, b) + 1$ 
        end
    end
end
return  $GLCM$ 
    
```

Algoritmo 6: Llenado de la matriz $GLCM$ a partir de la imagen I_{L_G} y las O orientaciones.

$$p_o(a, b) = \frac{GLCM_o(a, b)}{\sum_{a=1}^{L_G} \sum_{b=1}^{L_G} GLCM_o(a, b)}, \quad (2.16)$$

La medida de contraste de la imagen de respuesta para cierta orientación o , se define como (2.17) [60] a partir de las probabilidades estimadas de la GLCM.

$$\text{Contraste}_o = \sum_{l=0}^{L_G-1} \left(l^2 \cdot \sum_{a=1}^{L_G} \sum_{b=1}^{L_G} p_o(a,b) \right), \quad (2.17)$$

Una imagen re-escalada a L_G niveles de grises tiene un contraste máximo de $(L_G - 1)^2$ y mínimo de 0. La heurística de Correlación-Contraste introducida indica que es necesario que el filtro SSG minimice el contraste de la respuesta para tener un mejor desempeño.

Para calcular la correlación de la imagen se emplea (2.18) [60].

$$\text{Correlacion}_o = \sum_{a=1}^{L_G} \sum_{b=1}^{L_G} \left(\frac{p_o(a,b) \cdot (a - \mu_{A,o}) \cdot (b - \mu_{B,o})}{\sigma_{A,o} \cdot \sigma_{B,o}} \right), \quad (2.18)$$

donde, para cualquier cambio de estado en la dirección o , $\mu_{A,o}$ es el estado origen promedio (2.19) y $\mu_{B,o}$ es el estado destino esperado (2.20). El estado origen presenta una desviación estándar de $\sigma_{A,o}$ (2.21), mientras que el estado destino tiene una desviación estándar de $\sigma_{B,o}$ (2.22), para cualquier cambio en la orientación o .

$$\mu_{A,o} = \sum_{a=1}^{L_G} \left(a \cdot \sum_{b=1}^{L_G} p_o(a,b) \right), \quad (2.19)$$

$$\mu_{B,o} = \sum_{b=1}^{L_G} \left(b \cdot \sum_{a=1}^{L_G} p_o(a,b) \right), \quad (2.20)$$

$$\sigma_{A,o} = \sqrt{\sum_{a=1}^{L_G} \left((a - \mu_{A,o})^2 \cdot \sum_{b=1}^{L_G} p_o(a,b) \right)}, \quad (2.21)$$

$$\sigma_{B,o} = \sqrt{\sum_{b=1}^{L_G} \left((b - \mu_{B,o})^2 \cdot \sum_{a=1}^{L_G} p_o(a,b) \right)}, \quad (2.22)$$

La correlación de una imagen se encuentra en el intervalo $[-1, 1]$. La función de Correlación-Contraste introducida requiere que la respuesta del filtro SSG maximice su correlación para tener un mejor desempeño.

Finalmente, la función de Correlación-Contraste (CC) se define con la siguiente expresión (2.23):

$$CC = \overline{\text{Correlacion}} + \left((L_G - 1)^2 - \overline{\text{Contraste}} \right), \quad (2.23)$$

donde $\overline{Correlacion}$ es el promedio de la correlación (2.24), y $\overline{Contraste}$ es el promedio del contraste de la imagen (2.25) para las O orientaciones.

$$\overline{Correlacion} = \frac{\sum_{o=1}^O Correlacion_o}{O} \quad (2.24)$$

$$\overline{Contraste} = \frac{\sum_{o=1}^O Contraste_o}{O} \quad (2.25)$$

Capítulo 3

Segmentación mediante umbralización

El proceso de segmentación utilizado en este trabajo consiste en la binarización de la respuesta obtenida en el proceso de detección, la cuál se encuentra en escala de grises. El resultado de la segmentación es una imagen a blanco y negro, cuyos pixeles blancos representan las arterias detectadas, y los negros, las características que corresponden a otros tejidos o artefactos que no son de interés (Figura 3.1).

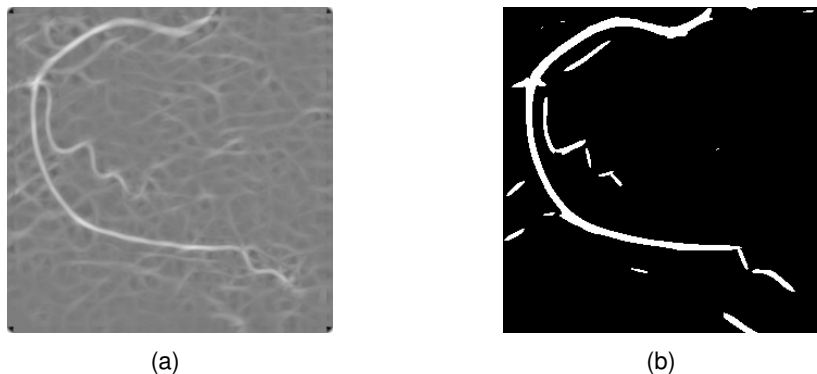


Figura 3.1: a) Respuesta del filtro GMF, b) binarización de la imagen de respuesta.

3.1. Estado del arte en la segmentación de arterias

El tema de separación de vasos sanguíneos y arterias en imágenes médicas ha sido abordado con técnicas de segmentación basadas en la entropía de las intensidades de los píxeles [4, 5, 16]. Sobre el espacio de la imagen, se ha utilizado el filtrado mediante la aplicación de máscaras [7], modelos de mezclas de gaussianas (GMM) y la maximización de la esperanza (EM) [20] y separación de clústers con k-medias [17]. Otra aproximación establece el umbral con un valor fijo obtenido experimentalmente [6, 41, 43].

Para la segmentación de imágenes en general, se han realizado comparaciones de distintos métodos, tanto basados en entropía, entropía relativa y el histograma de las intensidades de una imagen en escala de grises [61, 62]. También se han comparado métodos basados en clusterización, en la similitud entre la imagen binarizada y la original, en información del espacio de la imagen y métodos de umbralización locales [62]. En dichas comparaciones los métodos basados en la entropía y la clusterización de las intensidades de la imagen muestran un desempeño prometedor.

En este trabajo se presentan dos métodos de umbralización basados en clusterización como alternativa a los métodos basados en la entropía. Los métodos adoptados son el de Otsu [24] y el de Ridler y Calvard [25], cuyos resultados para la segmentación de arterias coronarias fueron los más prometedores en la comparación realizada en el capítulo *Coronary Artery Segmentation and Width Estimation using Gabor Filters and Evolutionary Computation Techniques* del libro *Hybrid Soft Computing for Image Segmentation* de próxima publicación.

Varios de los métodos estudiados aplican un post-proceso a la imagen resultante de la segmentación, pues es común encontrar falsos positivos en la clasificación de secciones de la imagen como parte del objeto de interés cuando no deberían serlo. Esto se debe generalmente a la propagación de errores durante el proceso de detección. La solución propuesta en los trabajos del estado del arte ha sido etiquetar los conjuntos conexos que se presentan en la imagen umbralizada, para inmediatamente realizar un filtrado que conserve el conjunto con mayor cantidad de elementos [16, 63] como el cuerpo del vaso sanguíneo o arteria (Figura 3.2).

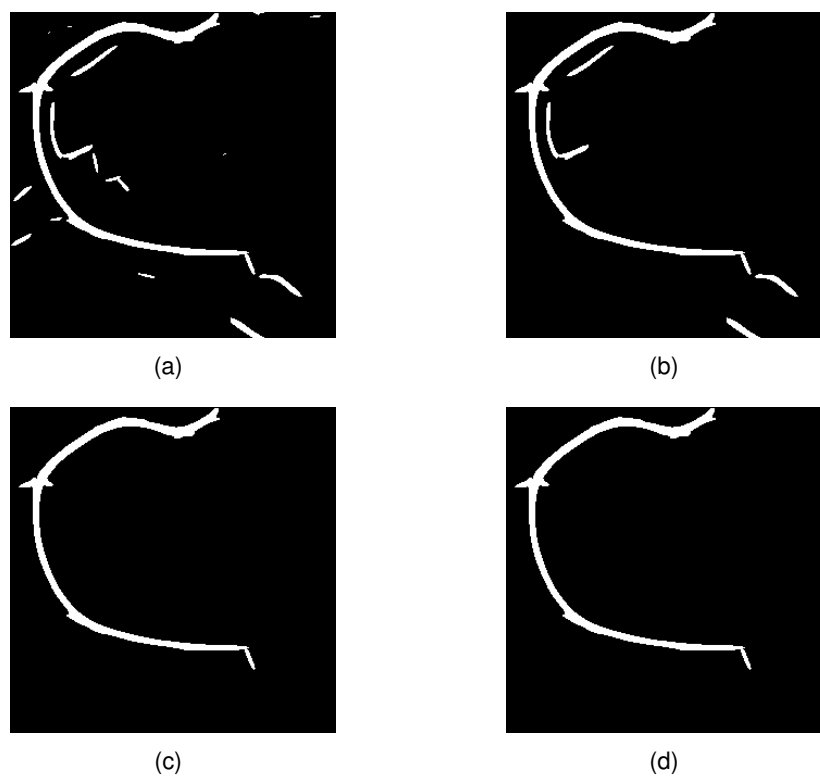


Figura 3.2: a) Imagen binarizada, b) filtrado por conjuntos de tamaño 100, c) filtrado por conjuntos de tamaño 500, y d) filtrado por conjuntos de tamaño 1000.

3.2. Método de umbralización de Otsu

El método de umbralización de Otsu [24] clasifica los píxeles de una imagen en dos clases mediante la técnica de discriminación lineal. Esto se logra al maximizar la varianza que existe entre clases σ_B^2 , y reduciendo la varianza dentro de cada clase σ_W^2 .

Primero se calcula el histograma de las intensidades de los píxeles de la imagen normalizada. El histograma se construye con $L = 256$ clases, dado el número de escalas de grises a considerar. A partir de esto, la clasificación de los píxeles se realiza de manera iterativa. Un umbral k determina la pertenencia de los píxeles en la imagen al clúster del fondo, cuando su intensidad está por debajo de dicho umbral. Los píxeles restantes se consideran como el objeto de interés a separar.

A partir del histograma de frecuencias, se estiman las probabilidades de que un píxel pertenezca al clúster del fondo ($P(C_0)$) o del objeto ($P(C_1)$). Dichas probabilidades son estimadas con la proporción de píxeles que pertenecen a cada clase como (3.1) y (3.2):

$$\omega_0 = P(C_0) = \sum_{i=1}^k p_i, \quad (3.1)$$

$$\omega_1 = P(C_1) = \sum_{i=k+1}^L p_i, \quad (3.2)$$

donde p_i se refiere a la proporción de píxeles correspondiente a la intensidad de i en la escala de grises.

Posteriormente se estiman las medias de cada clúster con las expresiones (3.3) y (3.4), y con (3.5) se calcula la media total:

$$\mu_0 = \sum_{i=1}^k \frac{i \cdot p_i}{\omega_0}, \quad (3.3)$$

$$\mu_1 = \sum_{i=k+1}^L \frac{i \cdot p_i}{\omega_1}, \quad (3.4)$$

$$\mu_T = \omega_0 \cdot \mu_0 + \omega_1 \cdot \mu_1, \quad (3.5)$$

Las varianzas de cada clúster pueden estimarse como (3.6) y (3.7):

$$\sigma_0^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(i - \mu_0)^2 \cdot p_i}{\omega_0}, \quad (3.6)$$

$$\sigma_1^2 = \sum_{i=k+1}^L \frac{(i - \mu_1)^2 \cdot p_i}{\omega_1}, \quad (3.7)$$

Finalmente las varianzas entre clases (σ_B^2) y dentro de clase (σ_W^2) se calculan con las siguientes expresiones, (3.8) y (3.9):

$$\sigma_B^2 = \omega_0 \cdot \omega_1 \cdot (\mu_1 - \mu_0)^2, \quad (3.8)$$

$$\sigma_W^2 = \omega_0 \cdot \sigma_0^2 + \omega_1 \cdot \sigma_1^2, \quad (3.9)$$

Una vez establecidas las fórmulas, la separación de los clústers se trata como un problema de optimización. En este trabajo se tomó como criterio la maximización de la varianza entre clases σ_B^2 como objetivo para determinar el k^* óptimo. El procedimiento utilizado en este trabajo para la implementación del método de Otsu [24] se describe en el Algoritmo 7.

```

input : Imagen original ( $I$ )
output: Imagen umbralizada ( $U$ )

Calcular el histograma de las intensidades de  $I$ 
Iniciar  $\sigma_B^2(k^*) = 0$ 
Iniciar  $k^* = 0$ 
for  $k \in [1, 256]$  do
    Estimar  $\omega_0$  y  $\omega_1$  con (3.1) y (3.2)
    Calcular  $\mu_0$  y  $\mu_1$  con (3.3) y (3.4)
    Calcular  $\sigma_B^2(k)$  con (3.8)
    if  $\sigma_B^2(k^*) < \sigma_B^2(k)$  then
         $\sigma_B^2(k^*) = \sigma_B^2(k)$ 
         $k^* = k$ 
    end
end
 $U$  es la umbralización de  $I$  a un nivel  $k^*$ 
return  $U$ 

```

Algoritmo 7: Segmentación de una imagen con el método de Otsu [24].

3.3. Método de umbralización de Ridler y Calvard

El método propuesto por Ridler y Calvard [25], funciona estableciendo un umbral k como el promedio entre las medias del clúster de fondo (μ_0) y del clúster del objeto de interés (μ_1).

El algoritmo de éste método se inicializa con un valor $k_{inicial}$ igual a la media de las intensidades de toda la imagen (3.10):

$$k_{inicial} = \sum_{x,y} \frac{I(x,y)}{N_I}, \forall x \in cols_I, y \in rens_I, \quad (3.10)$$

donde N_I es la cantidad de pixeles dentro de la imagen I , $cols_I$ es el ancho de I , y $rens_I$ el alto de I .

El valor de $k_{inicial}$ distingue a los clústers del fondo y del objeto de interés, según la intensidad que tenga cada pixel en la imagen. De esta forma los pixeles de la imagen que se encuentran debajo del umbral k_{previo} forman parte de C_0 , y los pixeles restantes forman parte de C_1 . Las medias de los clústers se calculan como (3.11) y (3.12):

$$\mu_0 = \sum_{i=1}^{N_0} \frac{C_0(i)}{N_0}, \quad (3.11)$$

donde $C_0(i)$ es la intensidad del i -ésimo pixel dentro del clúster C_0 , y N_0 es la cantidad de pixeles que forman a C_0 .

$$\mu_1 = \sum_{i=1}^{N_1} \frac{C_1(i)}{N_1}, \quad (3.12)$$

donde $C_1(i)$ es la intensidad del i -ésimo pixel dentro del clúster C_1 , y N_1 es el número de pixeles que forman a C_1 .

El nuevo umbral se obtiene como el promedio de las medias de ambos clústers con (3.13):

$$k_{nuevo} = \frac{\mu_0 + \mu_1}{2}, \quad (3.13)$$

Los clústers son nuevamente calculados en base a k_{nuevo} . Este proceso se repite hasta que la diferencia entre k_{previo} y k_{nuevo} sea menor a una tolerancia ε establecida. Si este criterio no se cumple, se reemplaza $k_{previo} = k_{nuevo}$ y se continua iterando. El procedimiento descrito y utilizado en este trabajo se muestra en el Algoritmo 8.


```
input : Imagen original ( $I$ ), tolerancia ( $\epsilon$ )  
output: Imagen umbralizada ( $U$ )  
  
Iniciar el umbral  $k_{inicial}$  como la media  $I$  con (3.10)  
Armar el clúster  $C_0$  con  $I \leq k_{inicial}$   
Armar el clúster  $C_1$  con  $I > k_{inicial}$   
 $k_{nuevo} = k_{inicial}$   
repeat  
     $k_{previo} = k_{nuevo}$   
    Calcular  $\mu_0$  de  $C_0$  con (3.11)  
    Calcular  $\mu_1$  de  $C_1$  con (3.12)  
     $k_{nuevo} = \frac{\mu_0 + \mu_1}{2}$   
    Armar el clúster  $C_0$  con  $I \leq k_{nuevo}$   
    Armar el clúster  $C_1$  con  $I > k_{nuevo}$   
until  $\|k_{nuevo} - k_{previo}\| \leq \epsilon$ ;  
 $U$  es la umbralización de  $I$  a un nivel  $k_{nuevo}$   
return  $U$ 
```

Algoritmo 8: Segmentación de una imagen con el método de Ridler y Calvard [25].

3.4. Medida de exactitud para la segmentación

Las medidas de exactitud (Accuracy) permiten conocer el desempeño de un clasificador binario con respecto a su ground-truth. En este trabajo, la Exactitud de un método de segmentación recae en la similitud que existe entre el ground-truth y la respuesta umbralizada de la imagen. Para determinar dicha similitud, se utiliza la medida de exactitud empleada en el estado del arte, para evaluar la segmentación de vasos sanguíneos y arterias coronarias en imágenes médicas [5, 17, 40, 41, 43, 63].

Para determinar dicha similitud, se utilizan los conceptos descritos en la sección 2.4 del capítulo anterior. De la imagen de respuesta umbralizada, se obtienen el conteo de verdaderos positivos (**TP**) y verdaderos negativos (**TN**). Estas medidas se suman a modo de conteo de píxeles correctamente clasificados. Posteriormente, la suma se divide entre el número total de píxeles clasificados, como se muestra en la expresión (3.14):

$$Exactitud = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} , \quad (3.14)$$

donde FP y FN son el conteo de falsos positivos y falsos negativos respectivamente.

Para el problema abordado en este trabajo, la Exactitud se definió como en (3.14) debido a la subjetividad con la que se obtiene el ground-truth, siendo éste delineado manualmente y posteriormente aprobado por un experto.

Capítulo 4

Análisis Coronario Cuantitativo

En el estado del arte, se refiere al procesamiento computarizado de las angiografías como Análisis Coronario Cuantitativo (Quantitative Coronary Analysis **QCA**)[26-31], el cual permite extraer las características de mayor interés para los especialistas, que son utilizadas durante el diagnóstico de enfermedades de las arterias coronarias.

Los objetivos comúnmente señalados en el estado del arte, que se buscan lograr a partir del QCA, son los siguientes:

- Detección de anomalías en las arterias [28, 32]
- Determinación de los ángulos óptimos para la obtención de los angiogramas [31, 36]
- Estimación del movimiento de las arterias [26, 27, 34, 39]
- Reconstrucción tridimensional de las arterias [26-39]

Es posible alcanzar dichos objetivos por medio de la extracción de características a partir de las angiografías. Características tales como el esqueleto morfológico de las arterias [26, 27, 29-35, 37-39], el ancho de las venas [27, 30, 38], o el seguimiento de las arterias en secuencias de angiogramas [26, 27, 34, 39], entre otros, han sido la base de los métodos de diagnóstico de enfermedades asistidos por computadora (Computer Aided Diagnosis **CAD**) en las últimas décadas.

En este capítulo se describen los métodos de estimación del ancho arterial y una primera aproximación de la reconstrucción en tres dimensiones de las arterias coronarias a partir de una sola vista, basándose en información obtenida del proceso de QCA.

4.1. Estimación del ancho arterial

En este trabajo se propone la estimación del ancho arterial a partir de la imagen resultante del proceso de segmentación. A la imagen binarizada se le extrae el esqueleto morfológico con un algoritmo de adelgazamiento [64]. Los bordes de la arteria se definen como aquellos pixeles cuya distancia sea igual a 0 en el mapa de distancias de la imagen segmentada. El mapa de distancias permite conocer la distancia máxima que puede existir entre algún pixel dentro de la arteria segmentada y el borde de la misma. Ésta distancia D_{max} se utiliza para formar un intervalo de búsqueda en el paso de estimación del ancho de la arteria.

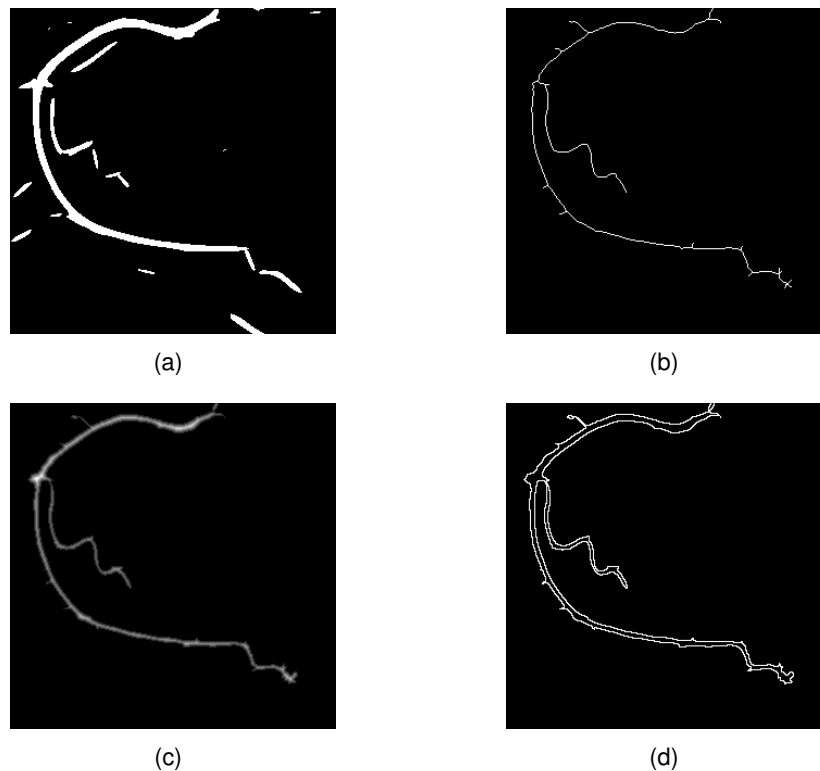


Figura 4.1: a) Imagen binarizada, b) esqueleto extraido con el algoritmo de adelgazamiento [64], c) mapa de distancias de la imagen segmentada, y d) bordes detectados a partir del mapa de distancias.

Para cada pixel con posición (x_i, y_i) en el esqueleto morfológico, se busca el vecino más cercano con posición (x_j, y_j) en los pixeles del borde de la arteria segmentada. La búsqueda se realiza en un intervalo de pixeles $[x_i - D_{max}, x_i + D_{max}]$ y $[y_i - D_{max}, y_i + D_{max}]$ (Figura 4.2). La distancia euclídeana entre el pixel actual (x_i, y_i) y el más cercano (x_j, y_j) se toma como

estimación del ancho de la arteria en ese pixel (4.1).

$$\hat{w}_i = 2 \cdot \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2} \quad (4.1)$$

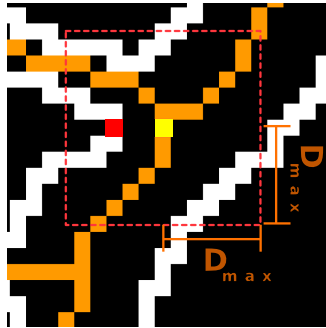


Figura 4.2: Intervalo de búsqueda para el pixel que aparece en amarillo en el esqueleto. En rojo se indica el vecino del borde más cercano, utilizado para estimar el ancho de la arteria en ese nivel.

Las estimaciones del ancho de la arteria son utilizadas en la etapa de reconstrucción tridimensional de la arteria, descrito en la siguiente sección.

4.2. Reconstrucción tridimensional de arterias coronarias

En el estado del arte existen numerosas aproximaciones para la reconstrucción de las arterias coronarias en modelos tridimensionales. Entre las investigaciones realizadas en este campo, se aborda el uso de imágenes obtenidas desde dos perspectivas diferentes, ya sea desde ángulos arbitrarios, o desde ángulos predefinidos. En diversos métodos se requiere la adquisición de las imágenes por medio de equipos específicos, reduciendo su posibilidad de aplicación en la práctica.

Debido a los diferentes requisitos o limitaciones que existen entre los diversos métodos de reconstrucción, no existe hasta el momento un estándar para llevar a cabo dicha tarea.

En este trabajo se propone como primera aproximación del problema, la reconstrucción mediante el uso de una sola angiografía, obtenida de una secuencia de imágenes tomadas desde una misma perspectiva. La motivación de este método recae en la futura explotación de la secuencia en su totalidad, y así el refinamiento de la reconstrucción realizada con el método propuesto. Por otra parte, se busca la reconstrucción en una sola vista debido a la pérdida de información que existe en los métodos basados en dos perspectivas, causado principalmente al proceso de registro de las imágenes obtenidas en diferentes ángulos.

El método propuesto se basa en generar un modelo paramétrico formado por cilindros, siguiendo el supuesto de la anatomía de una arteria coronaria. Los cilindros toman sus parámetros de conjuntos consecutivos de píxeles del esqueleto morfológico, y los anchos estimados en cada uno de ellos. Cada conjunto contiene a lo más un número $\delta_{detalle}$ de píxeles.

Para cada conjunto de píxeles, comenzando por cualquier extremo del esqueleto, se genera un cilindro con origen (x_o, y_o) en la posición del primer pixel de dicho conjunto. El radio del cilindro es el promedio de los anchos estimados del conjunto actual, dado por (4.2):

$$r = \frac{\sum_{i=1}^{\delta_{detalle}} \hat{W}_i}{2 \cdot \delta_{detalle}} \quad (4.2)$$

donde \hat{W}_i es el ancho estimado para el pixel i del conjunto actual.

La altura del cilindro se calcula como la norma del vector \vec{v}_D (4.3). Éste vector surge como la diferencia entre las posiciones del primer pixel (x_o, y_o) y el último (x_f, y_f) .

$$h_i = \|\vec{v}_D\| \quad (4.3)$$

Por último, dado el vector \vec{v}_N que es normal a una de las caras circulares del cilindro, la orientación de éste se obtiene alineando dicho vector con \vec{v}_D (Figura 4.3).

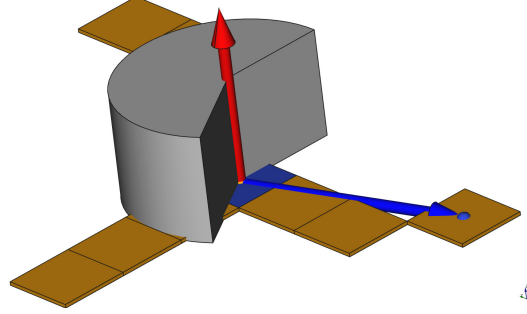


Figura 4.3: Ilustración de un cilindro generado sobre un pixel del esqueleto morfológico. Se muestran los vectores \vec{v}_N en rojo, y \vec{v}_D en azul, útiles para obtener la orientación del cilindro. En la ilustración se considera un nivel $\delta_{detalle} = 4$ pixeles.

Para realizar esta tarea, se emplea la matriz \mathbb{R} propuesta por Rodrigues [65] que permite alinear un vector normalizado \hat{v}_B con otro \hat{v}_A por medio de (4.4):

$$\hat{v}_A = \mathbb{R}^T \cdot \hat{v}_B \quad (4.4)$$

La matriz de rotación \mathbb{R} empleada en (4.4) que se utiliza para orientar cada cilindro, se construye en base a los vectores normalizados de \vec{v}_N y \vec{v}_D (4.5 y 4.6),

$$\hat{v}_N = \frac{\vec{v}_N}{\|\vec{v}_N\|} \quad (4.5)$$

$$\hat{v}_D = \frac{\vec{v}_D}{\|\vec{v}_D\|} \quad (4.6)$$

el ángulo entre los vectores \hat{v}_N y \hat{v}_D (4.7),

$$\alpha = \cos^{-1} \left(\langle \hat{v}_N, \hat{v}_D \rangle \right) \quad (4.7)$$

y el vector resultante del producto cruz entre \hat{v}_N y \hat{v}_D (4.8):

$$\vec{w} = \hat{v}_N \times \hat{v}_D \quad (4.8)$$

Posteriormente \mathbb{R} se calcula con (4.9).

$$\mathbb{R} = \mathbb{I} + \sin(\alpha) \cdot \hat{W} + (1 - \cos(\alpha)) \cdot \hat{W}^T \cdot \hat{W} \quad (4.9)$$

donde \mathbb{I} es la matriz identidad, y $\hat{\mathbb{W}}$ es la matriz antisimétrica dada por (4.10):

$$\hat{\mathbb{W}} = \begin{bmatrix} 0 & -\vec{w}_z & \vec{w}_y \\ \vec{w}_z & 0 & -\vec{w}_x \\ -\vec{w}_y & \vec{w}_x & 0 \end{bmatrix} \quad (4.10)$$

La Figura 4.4 ilustra un cilindro generado a partir de un conjunto de 4 pixeles mediante el método de reconstrucción propuesto. En la Figura 4.5, se ilustran las reconstrucciones realizadas con niveles de detalle de: 1, 4, 20 y 100 pixeles.

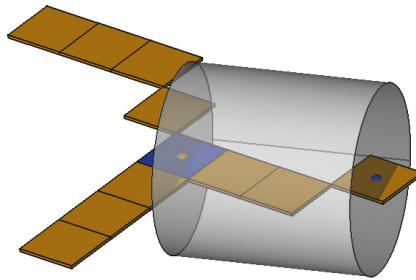


Figura 4.4: Ilustración de un cilindro generado con nivel $\delta_{detalle} = 4$ pixeles, con el método propuesto de reconstrucción 3-D.

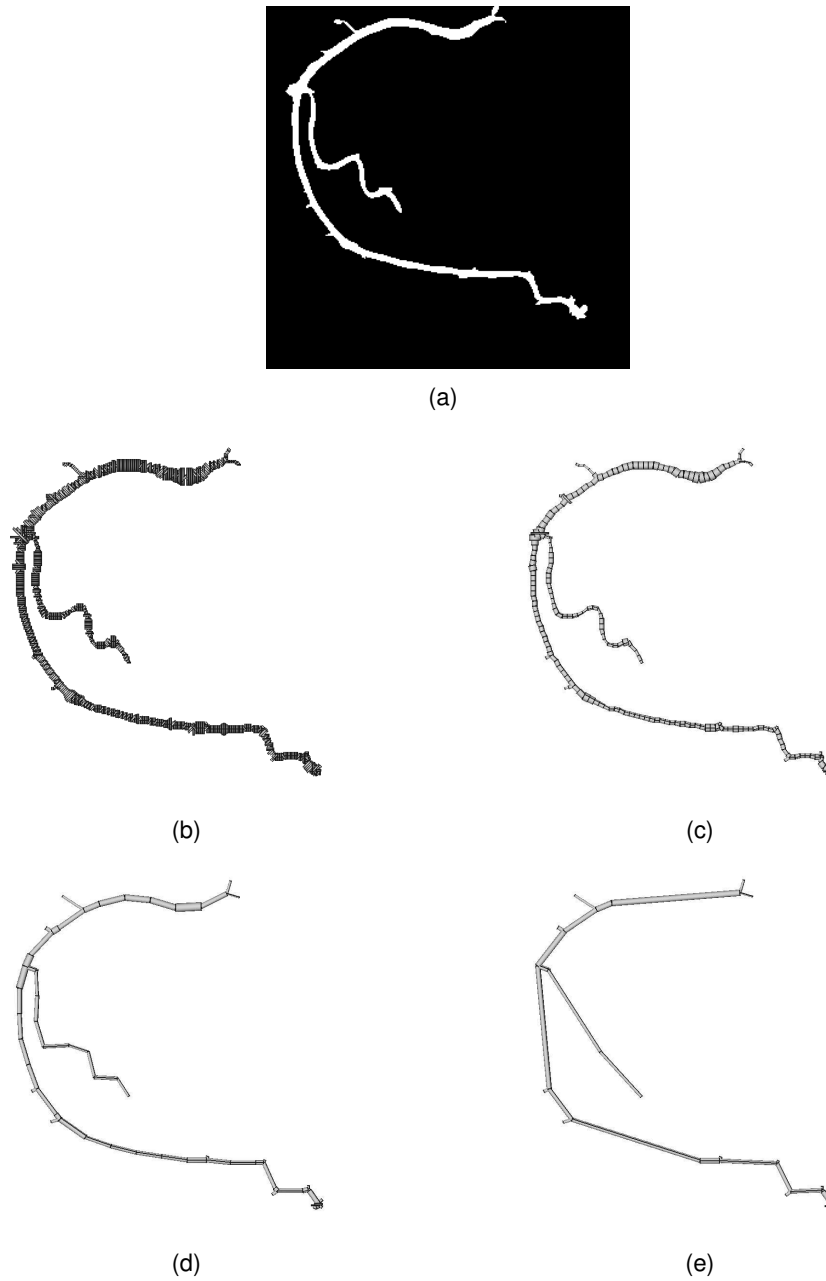


Figura 4.5: Con fines de ilustrar el método de reconstrucción propuesto, en la primera fila se muestra: a) una imagen segmentada y filtrada para conservar únicamente conjuntos mayores a 2000 elementos. En las siguientes dos filas se muestran las reconstrucciones a niveles de detalle $\delta_{detalle}$: b) 1, c) 4, d) 20, y e) 100.

Capítulo 5

Resultados

Los experimentos computacionales de las etapas de detección, segmentación y reconstrucción de las arterias coronarias, se realizaron utilizando una computadora con procesador AMD A10-5800B a 3.8 GHz y 8 GB de memoria RAM. Los métodos se codificaron completamente en lenguaje C/C++, utilizando la herramienta de visualización VTK [66] para mostrar los resultados localmente. Para la implementación del filtro de Gabor de escala-simple, se utilizó la librería FFTW [67] para las transformaciones al espacio de las frecuencias y sus inversas.

Se dispone de un conjunto de 80 angiografías de rayos-X, y sus respectivas delineaciones para ser utilizadas como ground-truth, aprobadas por un especialista de la Unidad Médica de Alta Especialidad **UMAE T1**, del Instituto Mexicano del Seguro Social, en León, Gto. Cada imagen se encuentra en escala de grises, con resolución de 300×300 píxeles. El conjunto de imágenes se separó en un conjunto de entrenamiento de 20 imágenes, y en otro de 60 imágenes para ser utilizado en la etapa de prueba.

El área bajo la curva de ROC (A_z), para el proceso de detección, y la Exactitud, para la segmentación, son las medidas utilizadas en este trabajo para evaluar el comportamiento de los diferentes métodos. Se toma en cuenta únicamente el Campo de Visión de la imagen (Field of Vision **FOV**)[20, 22, 40] al evaluar el desempeño de detección y segmentación con las métricas mencionadas. En la Figura 5.1 se observa una imagen original de entrada y el pre-proceso de normalización del área fuera del FOV. La normalización evita artefactos causados por el cambio abrupto en la imagen durante el proceso de detección.

En las siguientes secciones se muestran los resultados de la etapa de entrenamiento para los parámetros del GMF y SSG mediante su optimización con búsqueda exhaustiva y algoritmos de Evolución Computacional, utilizando el conjunto de 20 imágenes de entrenamiento. Posterior a esta etapa, se muestran los resultados de la comparación de quince

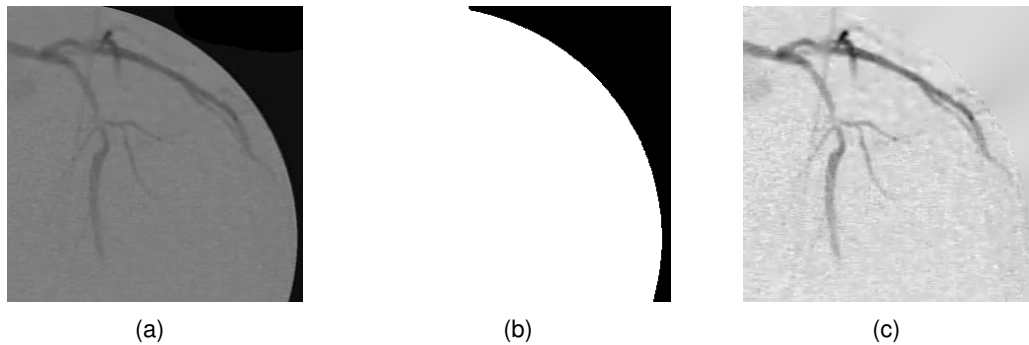


Figura 5.1: En (a) se muestra una angiografía original, en (b) se indica el FOV de ésta imagen con píxeles blancos, y en negro el área fuera del campo visual. En (c) se observa el pre-procesado del área fuera del FOV mediante la normalización de las intensidades de sus píxeles.

métodos de detección basados en GMF y SSG. También se discute el desempeño de los dos métodos de umbralización descritos en el capítulo 3. Por último, se muestran resultados de la estrategia de reconstrucción introducida en el capítulo 4 a manera ilustrativa únicamente.

5.1. Resultados de la etapa de entrenamiento

Con el fin de obtener un mejor desempeño en el proceso de detección, se optimizaron los parámetros de los filtros GMF y SSG. El ajuste de los parámetros se realizó por medio de la búsqueda exhaustiva y las técnicas de Evolución Computacional: GA, UMDA y BUMDA.

Previo a la etapa de entrenamiento, las 20 imágenes dedicadas a este proceso se concatenaron en una sola imagen de 300 píxeles de alto y 6000 píxeles de ancho. La concatenación de las imágenes permite encontrar un solo conjunto de parámetros que permitan alcanzar el mayor área bajo la curva de ROC.

Los parámetros propios de los algoritmos se definieron como lo hizo Cruz-Aceves et al. [43] para el GA y el UMDA. Para el BUMDA se tomaron los mismos parámetros y se definió una varianza mínima como 0.001 (Tabla 5.1).

Tabla 5.1: Parámetros de trabajo para cada técnica de EC utilizados durante la etapa de entrenamiento de ambos filtros.

Algoritmo	Tamaño de la población	Máximo de generaciones	Probabilidad de Cruza	Probabilidad de Mutación	Tamaño de la selección
GA	30	50	70%	30%	-
UMDA	30	50	-	-	18 (60%)
BUMDA	30	50	-	-	-

5.1.1. Entrenamiento de parámetros para el GMF

Basándose en las tablas con los rangos de búsqueda de los parámetros del GMF descritos en la sección 2.5, se estableció utilizar en la codificación de los individuos del GA y UMDA, 3 genes para T , 3 genes para L , y 9 genes para σ . Respecto a BUMDA, se definieron las varianzas mínimas como condición de paro para T de 0.001, para L de 0.001, y para σ de 0.0001.

La búsqueda exhaustiva se ejecutó una sola vez, dado que es un método determinista. Por otro lado, para el GA, UMDA y BUMDA, se realizaron 30 corridas de cada algoritmo para conocer su comportamiento. En la Tabla 5.2 se muestra el área bajo la curva de ROC obtenida con las cuatro técnicas de optimización. Se observa que el algoritmo BUMDA es capaz de superar en al menos 50% de las veces el valor encontrado en la búsqueda exhaustiva. Cabe mencionar que la codificación de los algoritmos GA y UMDA, y el manejo de variables continuas del BUMDA, permite encontrar parámetros más precisos que con la búsqueda exhaustiva, donde para ésta última, sería necesario refinar las divisiones del ran-

go de búsqueda, lo que impactaría directamente en el tiempo computacional.

Tabla 5.2: Estadísticas del A_z obtenida para cada técnica de optimización durante la etapa de entrenamiento de los parámetros del filtro GMF.

Medida	Búsqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
media		0.955259	0.954968	0.955249
mediana		0.955265	0.955173	0.955275
min.		0.955162	0.953392	0.954582
max.	0.955266	0.955270	0.955270	0.955276
desv.est.		1.9781e-05	44.649e-05	1.2687e-05

En el aspecto computacional, el tiempo requerido para encontrar los mejores parámetros para el GMF se muestra en la Tabla 5.3. Se puede apreciar la reducción del tiempo es de hasta: 66.71 % para el GA, 57.32% para el UMDA, y 61.18% para el BUMDA, en al menos el 50 % de las veces. De las tres técnicas de EC, en promedio, el GA encuentra los parámetros para el GMF en el menor tiempo.

Tabla 5.3: Tiempo computacional requerido para encontrar los mejores parámetros del GMF con las cuatro técnicas de optimización.

Medida	Búsqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
media		16,344.31 s (4h 32m 24.31s)	25,381.34 s (7h 3m 1.34s)	19,362.69 s (5h 22m 42.69s)
mediana		16,227.28 s (4h 30m 27.28s)	26,806.56 s (7h 26m 46.56s)	18,926.76 s (5h 15m 26.76s)
min.		15,648.73 s (4h 20m 48.73s)	19,256.41 s (5h 20m 52.41s)	11,636.44 s (3h 13m 56.44s)
max.	48,758.57 s (13h 32m 38.58s)	17,156.31 s (4h 45m 56.31s)	28,871.98 s (8h 1m 11.98s)	28,017.42 s (7h 46m 57.42s)
desv.est.		407.16 s (6m 47.16s)	3,146.13 s (52m 26.13s)	5,898.21 s (1h 38m 18.21s)

En la Figura 5.2 se ilustra el comportamiento de las cuatro técnicas. En las gráficas de caja y brazo correspondientes al A_z (Figura 5.2 (a)), se aprecia como los algoritmos GA y BUMDA tienen menor variabilidad entre sus corridas que el UMDA. Mientras que por el lado computacional, el GA presenta un tiempo de ejecución más estable que el UMDA y BUMDA. La Tabla 5.4 contiene el promedio y la mediana del número de evaluaciones realizadas en la función objetivo. En ésta tabla se observa que el GA realiza un menor número de evaluaciones entre las cuatro técnicas, debido a que en el algoritmo con el que fue implementado se

completa la población utilizando individuos que ya habían sido evaluados con anterioridad y no hay necesidad de reevaluarlos.

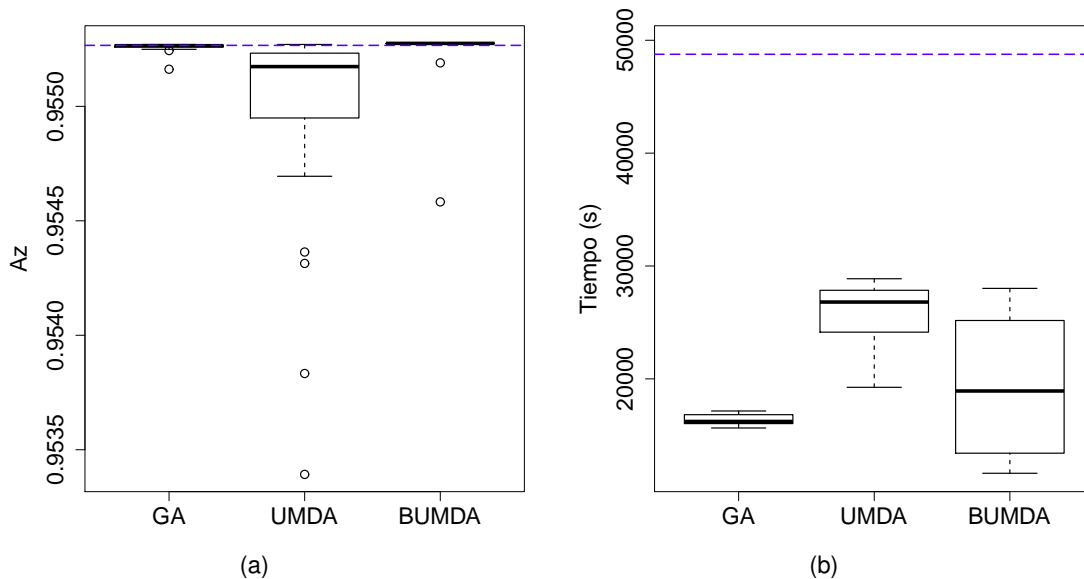


Figura 5.2: Gráfico de dispersión del A_z (a), y del tiempo en segundos (b), para 30 ejecuciones de los algoritmos GA, UMDA y BUMDA, dedicados al entrenamiento de los parámetros del GMF. La línea discontinua en (a) indica el A_z alcanzada en la búsqueda exhaustiva, mientras que en (b), es el tiempo de ejecución de la búsqueda exhaustiva.

Tabla 5.4: Número de llamadas a la función objetivo realizadas por cada técnica de optimización en el ajuste de los parámetros del GMF.

	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
Evaluaciones	3264	882	1500	1123 \pm 10.89

La Tabla 5.5 muestra los parámetros elegidos por cada técnica. Los valores de las técnicas de EC se determinaron como aquellos con los que se consigue el A_z más cercano a la mediana de las A_z de las 30 ejecuciones. Se decidió utilizar este criterio debido a que se conocen los parámetros con los que se logra dicho A_z .

Tabla 5.5: Parámetros elegidos para el GMF con cada método de optimización, y el A_z que se logra en el conjunto de prueba al utilizar esos valores.

Medida	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
T	13	13	13	13
L	14	14	14	14
σ	2.5	2.546	3.241	2.441
A_z	0.955266	0.955265	0.955172	0.955275

5.1.2. Entrenamiento de parámetros para el SSG

Siguiendo el mismo procedimiento aplicado para optimizar los parámetros del GMF, para el SSG se utilizan los rangos establecidos en la sección 2.5. Para el GA y UMDA, se establecieron 3 genes para τ y 7 genes para L . Para el BUMDA las varianzas mínimas permitidas fueron de 0.001 para ambas variables. Nuevamente se ejecutó la búsqueda exhaustiva una sola vez, mientras que las técnicas de EC se ejecutaron 30 veces. En la Tabla 5.6 se muestra el A_z que se alcanzó con las cuatro técnicas, donde se observa que el BUMDA demostró ser capaz de superar en al menos 50% de las veces el A_z obtenido con la búsqueda exhaustiva.

Tabla 5.6: Estadísticas del A_z obtenida para cada técnica de optimización durante la etapa de entrenamiento de los parámetros del filtro SSG.

Medida	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
media		0.933517	0.932722	0.933439
mediana		0.933523	0.933329	0.933597
min.		0.933277	0.929147	0.931394
max.	0.933589	0.933589	0.933589	0.933597
desv.est.		7.6041e-05	10.8288e-05	42.7364e-05

El tiempo requerido para encontrar los mejores parámetros para el SSG con las cuatro técnicas de optimización está contenido en la Tabla 5.7. Se observó una reducción en el tiempo de hasta: 50.45% para el GA, 61.66% para el UMDA, y 48.68% para el BUMDA, para al menos el 50% de las veces. Para el SSG, el UMDA encuentra los parámetros óptimos en el menor tiempo de entre las cuatro técnicas. Sin embargo, como se observa en la Figura 5.3 (a), éste es el método con mayor dispersión en su resultado, mientras que el GA y BUMDA tienden a ser más estables.

En la Figura 5.3 (b) se observa como el GA presenta la menor variabilidad en el tiempo de optimización. En la Tabla 5.8 se aprecian las evaluaciones requeridas por cada técnica para encontrar los parámetros óptimos. Como se mencionó anteriormente, el GA requiere

Tabla 5.7: Tiempo computacional requerido para encontrar los mejores parámetros del SSG con las cuatro técnicas de optimización.

Medida	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
media		10,223.28 s (2h 50m 23.28s)	7,901.34 s (2h 11m 41.34s)	10,590.07 s (2h 56m 30.07s)
mediana		10,347.18 s (2h 52m 27.18s)	7,910.67 s (2h 11m 50.67s)	11,269.78 s (3h 7m 49.78s)
min.		9,397.01 s (2h 36m 37.01s)	7,045.38 s (1h 57m 25.38s)	6,061.51 s (1h 41m 1.51s)
max.	20,635.85 s (5h 43m 55.85s)	10,632.37 s (2h 57m 12.37s)	9,186.85 s (2h 33m 6.85s)	13,456.97 s (3h 44m 16.97s)
desv.est.		355.74 s (5m 55.74s)	675.65 s (11m 15.65s)	2,042.07 s (34m 2.07s)

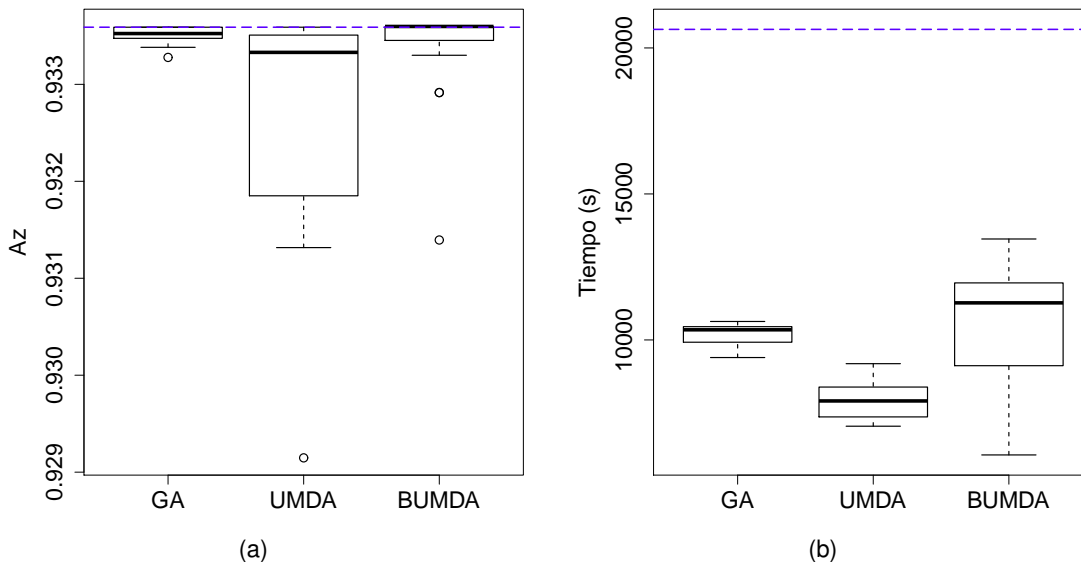


Figura 5.3: Gráfico de dispersión del A_z (a), y del tiempo en segundos (b), para 30 ejecuciones de los algoritmos GA, UMDA y BUMDA, empleados en el entrenamiento de los parámetros del SSG. La línea discontinua en (a) indica el A_z alcanzada en la búsqueda exhaustiva, mientras que en (b), es el tiempo de ejecución de la búsqueda exhaustiva.

menos evaluaciones gracias al algoritmo que emplea para ensamblar la población cada iteración, mientras que las evaluaciones que realiza el BUMDA varían respecto al cumplimiento de su condición de paro.

Tabla 5.8: Número de llamadas a la función objetivo realizadas por cada técnica de optimización en el ajuste de los parámetros del SSG.

	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
Evaluaciones	2736	882	1500	1333 ± 6.03

Los parámetros elegidos por cada técnica están contenidos en la Tabla 5.9. Se utilizó el mismo criterio de elección empleado para los parámetros del GMF.

Tabla 5.9: Parámetros elegidos para el SSG con cada método de optimización, y el A_z que se logra en el conjunto de prueba al utilizar esos valores.

Medida	Busqueda exhaustiva	GA	UMDA	BUMDA
τ	10	10	11	10
L	2.4	2.267	2.333	2.362
A_z	0.933589	0.933508	0.9332777	0.933597

5.1.3. Obtención de parámetros para el SSG utilizando la función objetivo CC propuesta

A pesar de que el entrenamiento de los parámetros, para ambos filtros abordados en este trabajo, permite obtener desempeños mayores a los esperados utilizando valores empíricos [6, 21, 22, 40, 41, 43], aún es requerido el ground-truth para construir la curva de ROC usada como función objetivo de las técnicas de optimización. El problema principal que conlleva esto es que la carga de trabajo se extiende al experto que delinea y aprueba cada ground-truth. Como se introdujo en la sección 2.6 para el filtro SSG, la CC no requiere del ground-truth para su evaluación, y pretende ser un sustituto a la curva de ROC. A continuación se describe el procedimiento para obtener los mejores parámetros para el filtro SSG de cada imagen.

Como primera aproximación, para cada imagen del conjunto de prueba, se optimizan los parámetros del SSG mediante la búsqueda exhaustiva, con el objetivo de maximizar la función CC (2.23). Al finalizar la búsqueda, se define a $A_z(i)_{CC}$ como el área bajo la curva de ROC alcanzada con los parámetros encontrados para la imagen i .

Para evaluar el desempeño de los parámetros encontrados, se realiza nuevamente la búsqueda exhaustiva para cada imagen, esta vez maximizando el A_z . Al área bajo la curva

de ROC alcanzada se le define como $Az(i)_{ROC}$. Se compara el desempeño del CC como función objetivo con la siguiente medida de similitud promedio (5.1):

$$Similitud = \frac{1}{N_{prueba}} \sum_{i=1}^{N_{prueba}} \frac{Az(i)_{CC}}{Az(i)_{ROC}}, \quad (5.1)$$

donde N_{prueba} es el tamaño del conjunto de prueba.

Por último, se realizó este proceso con las 60 imágenes del conjunto de prueba, para las cuales se alcanza un 99.05% de similitud promedio. En el Apéndice A se detallan los parámetros obtenidos para dicho conjunto, utilizando CC y Az como funciones objetivo. De igual manera, se encuentra la similitud alcanzada en particular para cada imagen. En la tabla 5.10 se aprecia el Az promedio alcanzado con la búsqueda exhaustiva para el conjunto de prueba, así como el tiempo computacional empleado para evaluar la respuesta de filtrado del SSG, empleando cada función objetivo.

Tabla 5.10: Comparación de las funciones objetivo Az y CC para la búsqueda exhaustiva de los parámetros del SSG con el conjunto de prueba.

Función objetivo	Az promedio	Tiempo de evaluación promedio por imagen
ROC	0.968480	0.0417s
CC	0.959266	0.0018s

5.2. Resultados de la etapa de prueba

En esta sección se lleva a cabo una comparación de los métodos del estado del arte, y los propuestos en este trabajo para la detección de arterias coronarias en angiogramas de rayos X. En la Tabla 5.11 se muestran los quince métodos a comparar. Los parámetros de los primeros seis métodos son tomados de la literatura, los siguientes nueve son los obtenidos de la etapa de entrenamiento. Los métodos propuestos indican la técnica de optimización empleada y la función objetivo que se buscó maximizar.

Tabla 5.11: Métodos de detección del estado del arte y los propuestos en este trabajo. Se indica el tipo de filtro que utiliza y los parámetros propuestos para éste.

Método	Filtro	T / τ	L	σ	κ
Chaudhuri et al. [14-16]	GMF	13	9	2.0	12
Al-Rawi et al. [40]	GMF	10	9	3.0	12
Al-Rawi and Karajeh [41]	GMF	9	11	3.0	12
Cinsdikici and Aydin [17]	GMF	13	9	2.0	18
Kang et al. [4, 18, 19]	GMF	13	9	1.5	6
Oloumi et al. [23]	SSG	8	2.9	-	180
Exhaustive+ROC	GMF	13	14	2.5	12
GA+ROC	GMF	13	14	2.546	12
UMDA+ROC	GMF	13	14	3.241	12
BUMDA+ROC	GMF	13	14	2.441	12
Exhaustive+ROC	SSG	10	2.4	-	45
GA+ROC	SSG	10	2.267	-	45
UMDA+ROC	SSG	11	2.333	-	45
BUMDA+ROC	SSG	10	2.352	-	45
Exhaustive+CC	SSG	<i>ver Apéndice A</i>			45

Se aplicó el proceso de detección a cada una de las 60 imágenes del conjunto de prueba, utilizando los métodos de detección listados en la Tabla 5.11. Posteriormente, se binarizaron las imágenes con los métodos de Otsu [24] y Ridler y Calvard [25], y se aplicó el filtro de conjuntos conexos a diferentes niveles para mejorar el comportamiento de la segmentación. Los desempeños medidos con el A_z y la Exactitud, respecto a los ground-truth, son las métricas de comparación.

Tabla 5.12: Resultados para el proceso de detección para cada imagen del conjunto de prueba. Se indica el filtro con el cuál se alcanzó la mayor área bajo la curva de ROC para cada imagen, entre paréntesis se muestra el método con el cuál se determinaron los parámetros.

Imagen	Método <i>Az</i>	Imagen	Método <i>Az</i>	Imagen	Método <i>Az</i>
1	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.982458</i>	21	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.969488</i>	41	GMF (UMDA+ROC) <i>0.978136</i>
2	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.986956</i>	22	GMF (UMDA+ROC) <i>0.961891</i>	42	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.96513</i>
3	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.984072</i>	23	GMF (UMDA+ROC) <i>0.936552</i>	43	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.969138</i>
4	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.958977</i>	24	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.971581</i>	44	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.968124</i>
5	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.970903</i>	25	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.977041</i>	45	GMF (UMDA+ROC) <i>0.95485</i>
6	Kang et al. <i>0.972248</i>	26	GMF (UMDA+ROC) <i>0.953497</i>	46	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.972753</i>
7	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.972413</i>	27	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.963095</i>	47	GMF (BUMDA+ROC) <i>0.975913</i>
8	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.979623</i>	28	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.965345</i>	48	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.975957</i>
9	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.969284</i>	29	GMF (UMDA+ROC) <i>0.963692</i>	49	GMF (UMDA+ROC) <i>0.96883</i>
10	GMF (UMDA+ROC) <i>0.97836</i>	30	GMF (UMDA+ROC) <i>0.986887</i>	50	GMF (UMDA+ROC) <i>0.972532</i>
11	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.957178</i>	31	GMF (BUMDA+ROC) <i>0.960922</i>	51	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.961233</i>
12	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.963713</i>	32	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.957802</i>	52	GMF (UMDA+ROC) <i>0.978186</i>
13	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.971251</i>	33	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.978534</i>	53	GMF (UMDA+ROC) <i>0.947158</i>
14	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.986698</i>	34	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.967974</i>	54	SSG (BUMDA+ROC) <i>0.966334</i>
15	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.973659</i>	35	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.973587</i>	55	GMF (UMDA+ROC) <i>0.992753</i>
16	GMF (BUMDA+ROC) <i>0.974257</i>	36	Chaudhuri et al. <i>0.966566</i>	56	GMF (UMDA+ROC) <i>0.96942</i>
17	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.980369</i>	37	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.958131</i>	57	GMF (UMDA+ROC) <i>0.970282</i>
18	GMF (UMDA+ROC) <i>0.947268</i>	38	GMF (BUMDA+ROC) <i>0.969151</i>	58	GMF (UMDA+ROC) <i>0.969941</i>
19	SSG (Exhaustive+CC) <i>0.979633</i>	39	GMF (UMDA+ROC) <i>0.957375</i>	59	Chaudhuri et al. <i>0.97165</i>
20	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.98092</i>	40	SSG (Exhaustive+ROC) <i>0.984709</i>	60	GMF (BUMDA+ROC) <i>0.969672</i>

La Tabla 5.12 contiene el resumen del método que mayor *Az* obtuvo en el proceso de detección para cada imagen del conjunto de prueba. Como se muestra en la Figura 5.4, los

métodos que presentan el mejor desempeño para el conjunto de prueba son: el filtro SSG, con los parámetros obtenidos mediante la búsqueda exhaustiva maximizando el CC como función objetivo, y el filtro GMF, utilizando UMDA para entrenar los parámetros, y maximizar el A_z como objetivo.

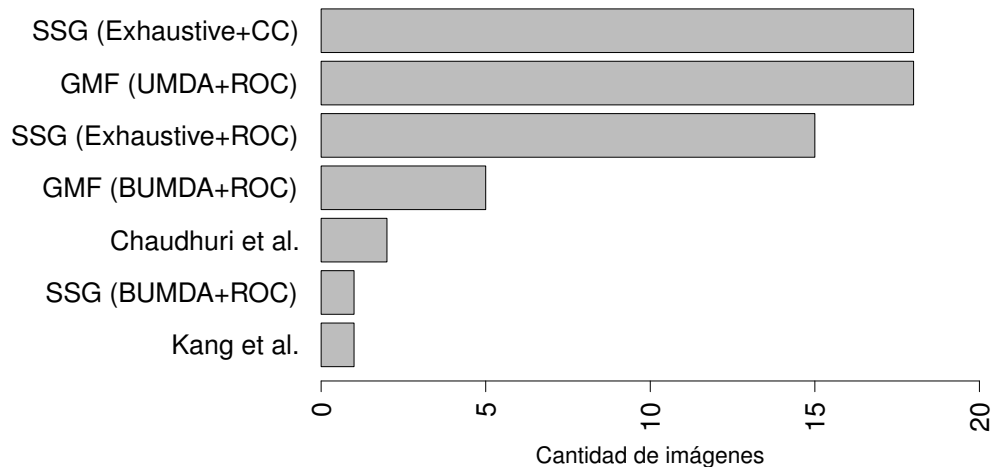


Figura 5.4: Resumen de los mejores métodos de detección y el número de imágenes para las que su desempeño fue el más alto.

La Figura 5.5 muestra la dispersión que presenta cada método respecto al A_z conseguido para las 60 imágenes de prueba. En la misma gráfica se observa que los métodos cuyos parámetros se definieron mediante entrenamiento, alcanzan un desempeño promedio más alto que los que definen sus parámetros de manera empírica. En el mismo gráfico (Figura 5.5) se aprecia el alto desempeño del método SSG (Exhaustive+CC), que logra un comportamiento promedio superior a los métodos empíricos y con entrenamiento, con una baja variabilidad y sin valores atípicos para este conjunto de prueba.

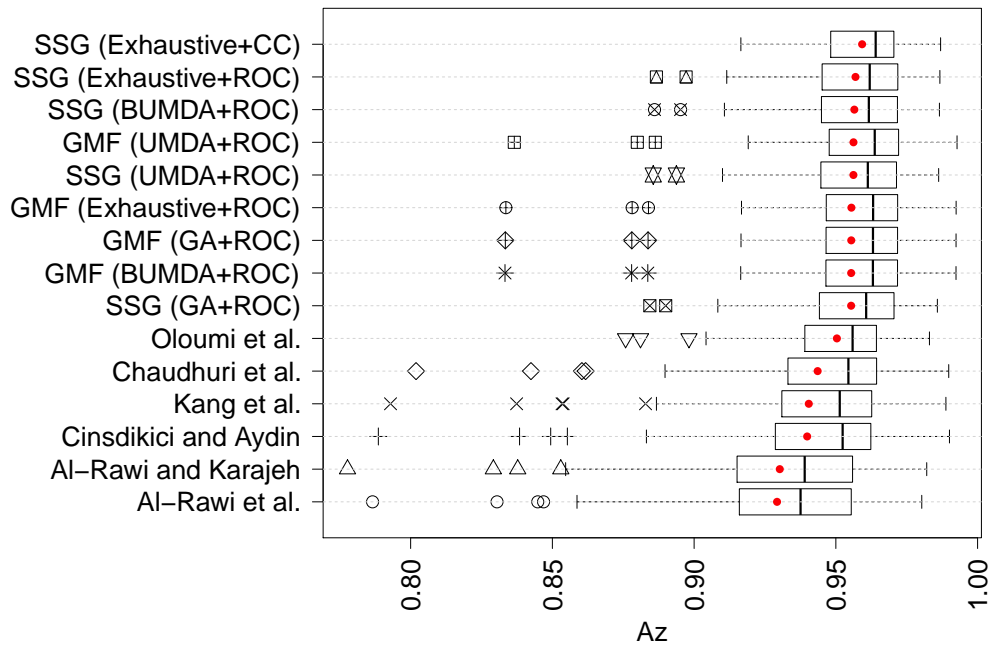


Figura 5.5: Dispersión del área bajo la curva de ROC (A_z) alcanzada por cada método en el conjunto de prueba. En rojo se observa el A_z promedio alcanzada por cada método.

En la Figura 5.6 se aprecia la diferencia en las respuestas obtenidas para cada método para una angiografía, y como sus parámetros afectan el comportamiento del filtro utilizado.

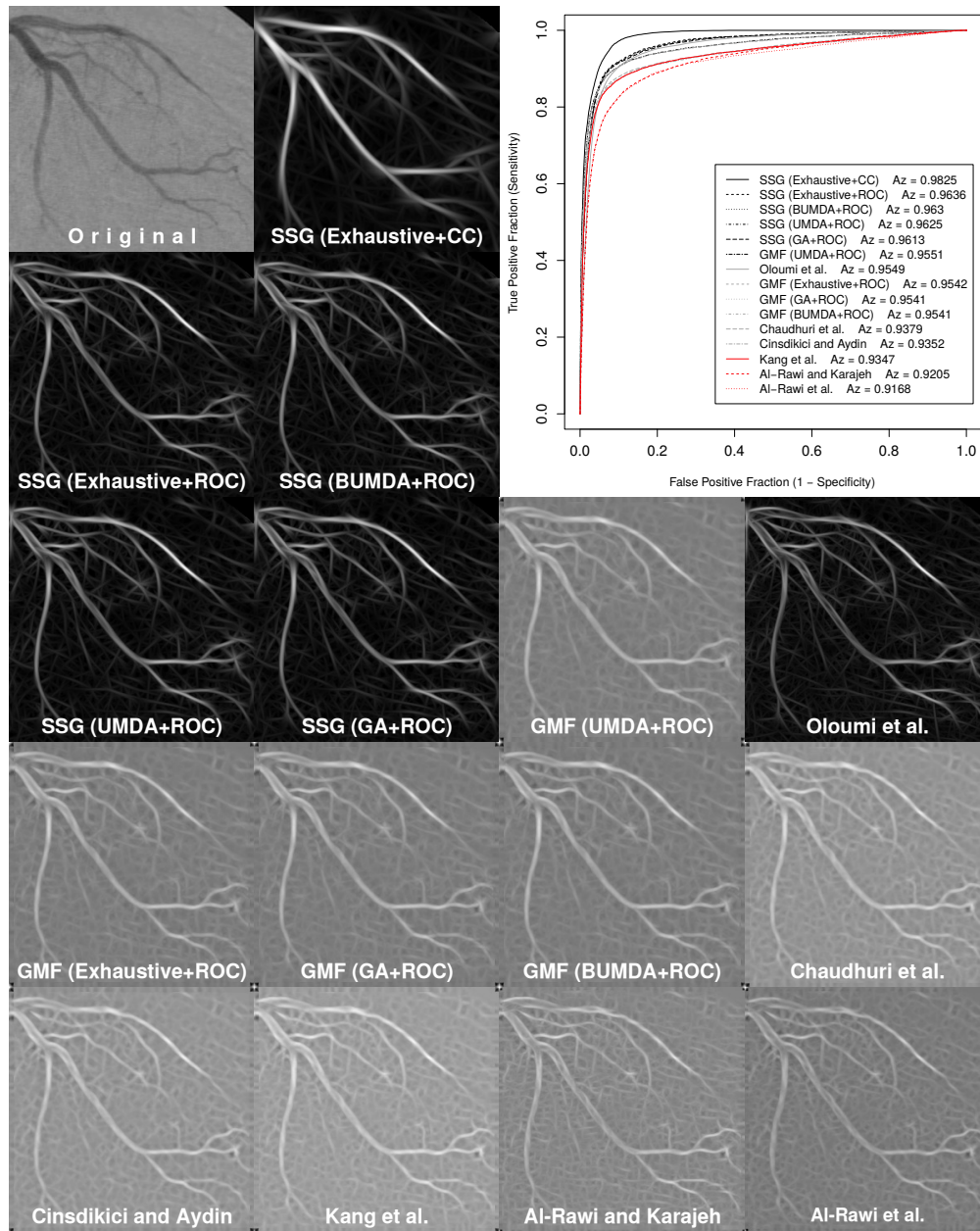


Figura 5.6: Ilustración de las respuestas obtenidas por los diferentes métodos de detección para la imagen 1 del conjunto de prueba. En la esquina superior izquierda se encuentra la imagen original. Las casillas siguientes muestran las respuestas de los métodos utilizados en la comparación. En la esquina superior derecha la curva de ROC de todos los métodos.

Tabla 5.13: Resultados para el proceso de segmentación para el conjunto de prueba. Para cada imagen se indica el método de umbralización con el cuál se alcanzó la mayor exactitud. Entre paréntesis se indica el umbral utilizado para el filtro de conjuntos conexos.

Imagen	Método <i>Exactitud</i>	Imagen	Método <i>Exactitud</i>	lamgen	Método <i>Exactitud</i>
1	Ridler & Calvard (200) 0.963915	21	Otsu (100) 0.960395	41	Ridler & Calvard (100) 0.979804
2	Ridler & Calvard (100) 0.961476	22	Ridler & Calvard (500) 0.951902	42	Ridler & Calvard (600) 0.964162
3	Ridler & Calvard (100) 0.965392	23	Ridler & Calvard (500) 0.949019	43	Ridler & Calvard (0) 0.963821
4	Ridler & Calvard (300) 0.945679	24	Ridler & Calvard (200) 0.950222	44	Ridler & Calvard (500) 0.955578
5	Ridler & Calvard (1300) 0.963277	25	Ridler & Calvard (100) 0.969449	45	Otsu (1000) 0.963146
6	Ridler & Calvard (600) 0.980554	26	Ridler & Calvard (1300) 0.967782	46	Ridler & Calvard (200) 0.962155
7	Ridler & Calvard (500) 0.958933	27	Ridler & Calvard (100) 0.955846	47	Ridler & Calvard (100) 0.97494
8	Ridler & Calvard (800) 0.974753	28	Ridler & Calvard (200) 0.950378	48	Ridler & Calvard (600) 0.968078
9	Otsu (100) 0.950889	29	Ridler & Calvard (1600) 0.96088	49	Ridler & Calvard (300) 0.961353
10	Ridler & Calvard (1300) 0.97699	30	Ridler & Calvard (700) 0.976967	50	Ridler & Calvard (500) 0.967343
11	Ridler & Calvard (200) 0.914868	31	Ridler & Calvard (200) 0.976225	51	Ridler & Calvard (600) 0.956215
12	Ridler & Calvard (1100) 0.963467	32	Ridler & Calvard (0) 0.936211	52	Ridler & Calvard (500) 0.973703
13	Ridler & Calvard (100) 0.973775	33	Ridler & Calvard (200) 0.956923	53	Ridler & Calvard (400) 0.954756
14	Ridler & Calvard (200) 0.977378	34	Ridler & Calvard (100) 0.923436	54	Ridler & Calvard (500) 0.938135
15	Ridler & Calvard (200) 0.949461	35	Ridler & Calvard (700) 0.963549	55	Ridler & Calvard (100) 0.9857
16	Ridler & Calvard (100) 0.968167	36	Ridler & Calvard (400) 0.959502	56	Otsu (200) 0.974189
17	Ridler & Calvard (100) 0.97145	37	Ridler & Calvard (400) 0.942311	57	Ridler & Calvard (0) 0.97414
18	Ridler & Calvard (400) 0.94147	38	Ridler & Calvard (300) 0.96095	58	Otsu (400) 0.975488
19	Ridler & Calvard (100) 0.960278	39	Ridler & Calvard (300) 0.971105	59	Ridler & Calvard (100) 0.972384
20	Ridler & Calvard (0) 0.968956	40	Ridler & Calvard (100) 0.968189	60	Ridler & Calvard (100) 0.975725

La Tabla 5.13 contiene el resumen de los métodos de umbralización aplicados sobre las respuestas de los filtros. Para cada imagen, se aplicó la segmentación sobre la respuesta

que consigue el método que mejor se comportó con dicha imagen. Posterior a la binarización, se aplicó el filtro de conjuntos conexos con niveles entre 0 y 2000 elementos, con incrementos de 100 elementos. A partir de la imagen filtrada, se calcula la exactitud que existe con el ground-truth.

Como se muestra en la Figura 5.7, ambos métodos de umbralización tienen un desempeño similar, por lo que no existe diferencia significativa en el resultado al aplicar el método de Otsu [24] o el de Ridler y Calvard [25].

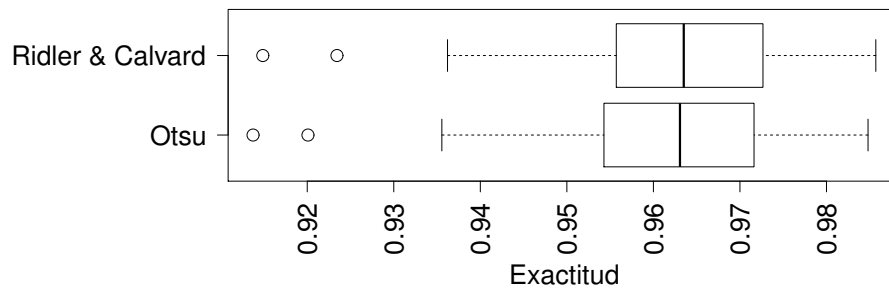


Figura 5.7: Dispersión de la Exactitud para los dos métodos de umbralización aplicados a la respuesta del método de detección con mejor desempeño para cada imagen.

La distribución de los niveles para el filtro de conjuntos conexos se muestra en la Figura 5.8. Según la distribución de niveles, eliminar conjuntos con menos de 500 elementos es suficiente. Se nota además que eliminar conjuntos grandes (≥ 800 elementos) es poco probable.

La Figura 5.9 muestra la segmentación de la respuesta obtenida del proceso de detección, donde las imágenes binarias que obtienen ambos métodos de segmentación son muy similares. En la misma imagen se percibe el efecto que tiene el filtro de conjuntos conexos sobre la imagen binaria, donde artefactos en las esquinas de la imagen se eliminan utilizando un nivel de 100 elementos. Se nota además, que existe un nivel a partir del cuál la imagen no cambia.

El resumen del desempeño de los quince métodos está contenido en la Tabla 5.14, donde se aprecia que el método SSG, entrenado con búsqueda exhaustiva y maximizando la función de Correlación-Contraste como función objetivo, es el que consigue un mayor A_z en promedio (0.959266). Por la parte de segmentación, el mejor comportamiento lo tiene el método GMF, entrenado con UMDA y maximizando el A_z como función objetivo. Respecto al tiempo de ejecución, se destaca el método GMF, que entrenado con la búsqueda exhaustiva tarda poco más de 2 segundos por imagen para el proceso de detección en promedio. En general, el tiempo de filtrado depende de los parámetros definidos por cada método.

Tabla 5.14: Desempeño promedio de cada método para el proceso de detección y segmentación del conjunto de prueba de 60 imágenes.

Método	Az promedio	Exactitud promedio	Tiempo de ejecución promedio por imagen	Tiempo de entrenamiento
SSG (Exhaustive+CC) ^a	0.959266	0.948167	0.2243s + 780.31s ^b	No requiere
SSG (Exhaustive+ROC)	0.956928	0.956698	0.2175s	20,635.85s
SSG (BUMDA+ROC)	0.956521	0.956764	0.219s	10,590.07s
GMF (UMDA+ROC)	0.956221	0.966777	0.6214s	25,381.34s
SSG (UMDA+ROC)	0.956198	0.956807	0.2203s	7,901.34s
GMF (Exhaustive+ROC)	0.955489	0.966537	2.2145s	48,758.57s
GMF (GA+ROC)	0.955438	0.966505	0.6117s	16,344.31s
GMF (BUMDA+ROC)	0.955406	0.966441	0.6127s	19,362.69s
SSG (GA+ROC)	0.955392	0.957098	0.2164s	10,223.28s
Oloumi et al. [23]	0.950371	0.952159	0.7628s	empírico
Chaudhuri et al. [14-16]	0.943574	0.966392	0.2671s	empírico
Kang et al. [4, 18, 19]	0.940451	0.965591	0.1442s	empírico
Cinsdikici and Aydin [17]	0.939883	0.966106	0.3798s	empírico
Al-Rawi and Karajeh [41]	0.930219	0.958951	0.5088s	4,978.13s
Al-Rawi et al. [40]	0.929261	0.959922	0.379s	99,437.70s

^a Implementado en Matlab [68].

^b Tiempo promedio por imagen para realizar la búsqueda exhaustiva utilizando CC como función objetivo.

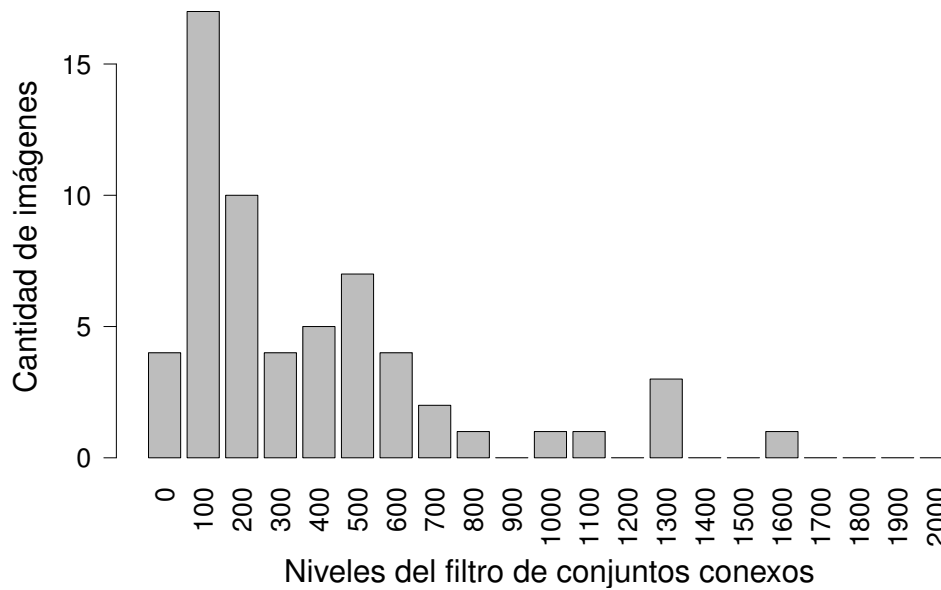


Figura 5.8: Distribución de los niveles óptimos para el filtro de conjuntos conexos aplicado posterior a la umbralización de las 60 imágenes de prueba. En el eje x se indica el nivel de filtrado, y en el y la cantidad de imágenes del conjunto de prueba para las que ese nivel funcionó mejor.

En las Figuras 5.10, 5.11 y 5.12, se muestra el resultado del proceso de detección y segmentación aplicado con los métodos que mejor desempeño demostraron para las imágenes 1, 2 y 14 del conjunto de prueba.

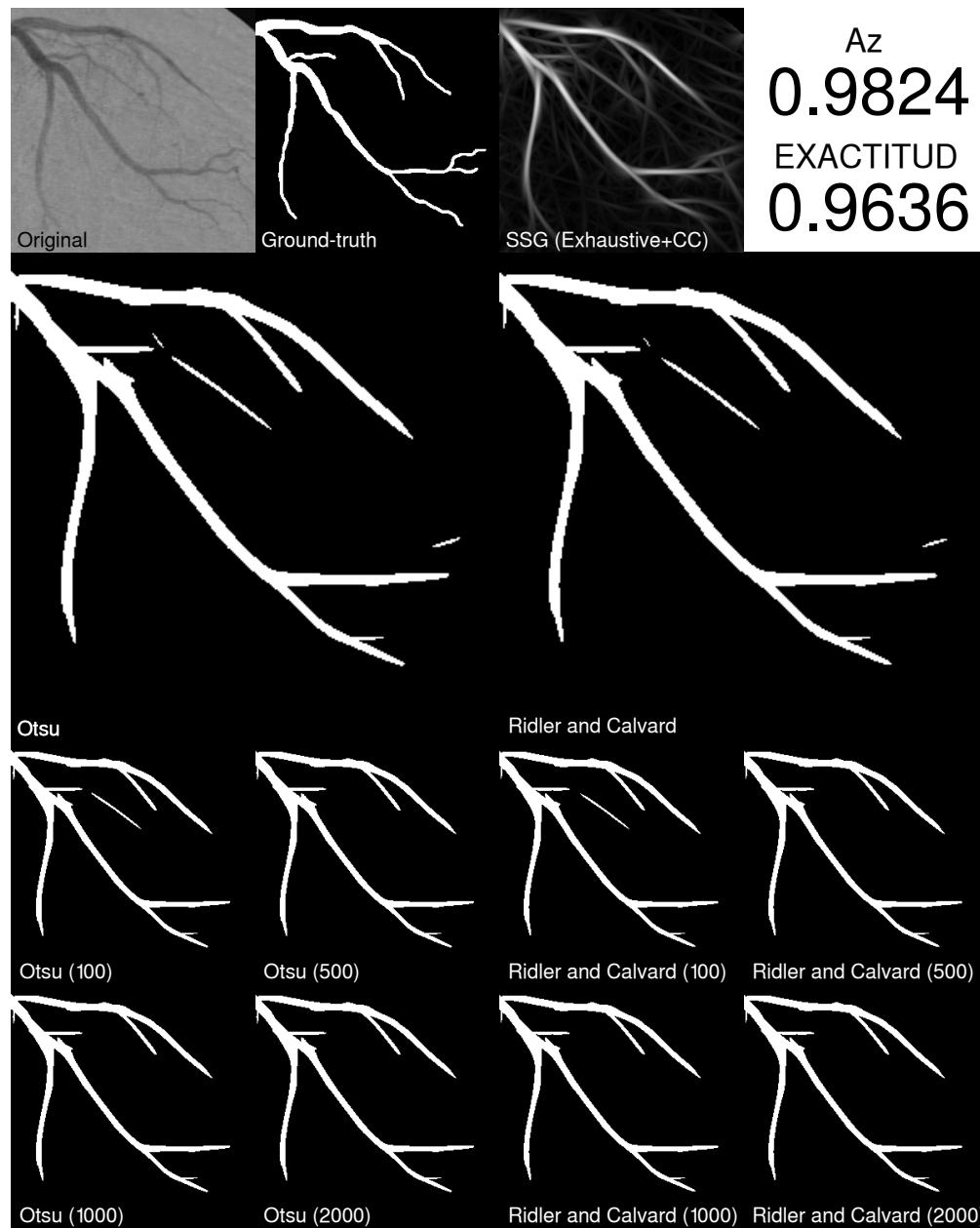


Figura 5.9: Segmentación de la imagen 1 del conjunto de prueba. En la primera fila se muestra la imagen original, su ground-truth, y la respuesta obtenida por el método SSG (Exhaustive+CC). En la esquina superior derecha se indica el Az y exactitud alcanzadas contra el ground-truth. En la segunda fila se presentan las imágenes binarias obtenidas con el método de Otsu [24] y Ridler y Calvard [25]. En las siguientes dos filas se muestra el resultado de aplicar el filtro de conjuntos conexos con el nivel de filtrado que aparece entre paréntesis.

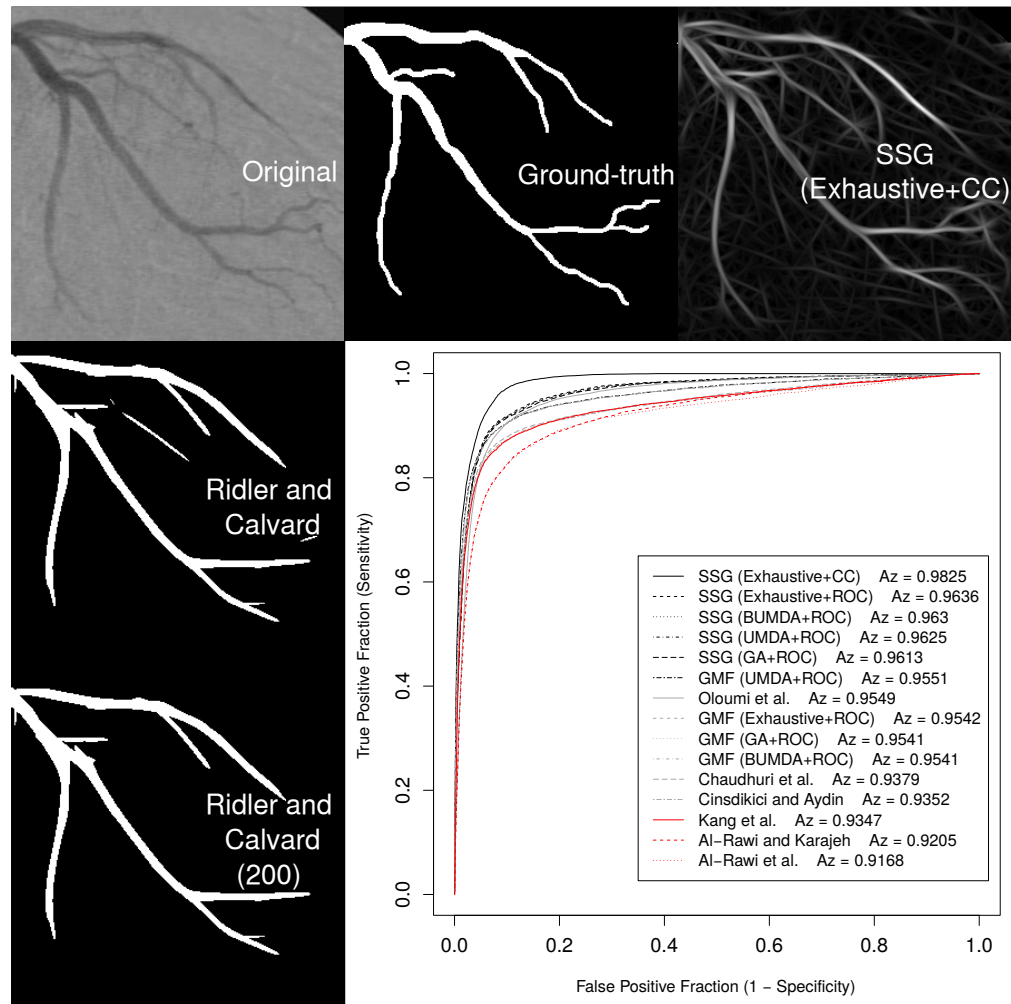


Figura 5.10: Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 1 del conjunto de prueba. En la primer fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+CC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 200 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 1 con los quince métodos.

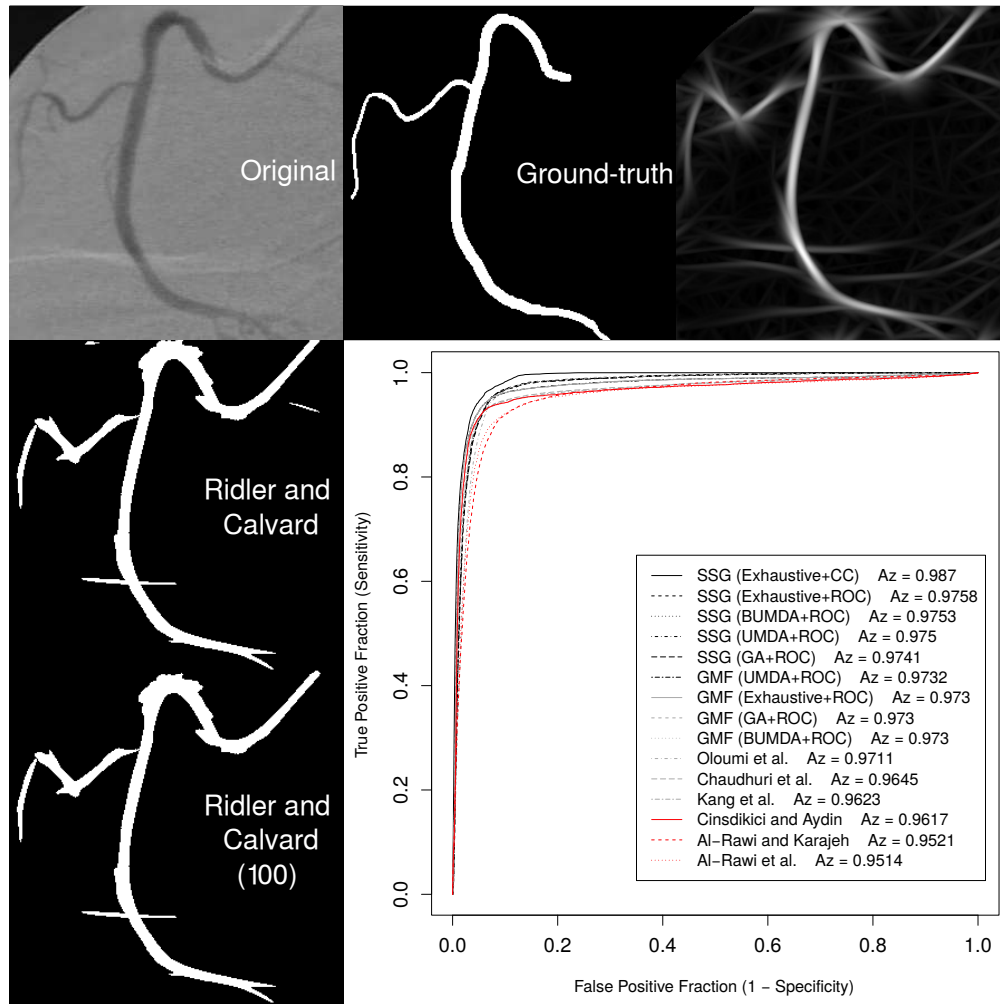


Figura 5.11: Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 2 del conjunto de prueba. En la primer fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+CC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 100 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 2 con los quince métodos.

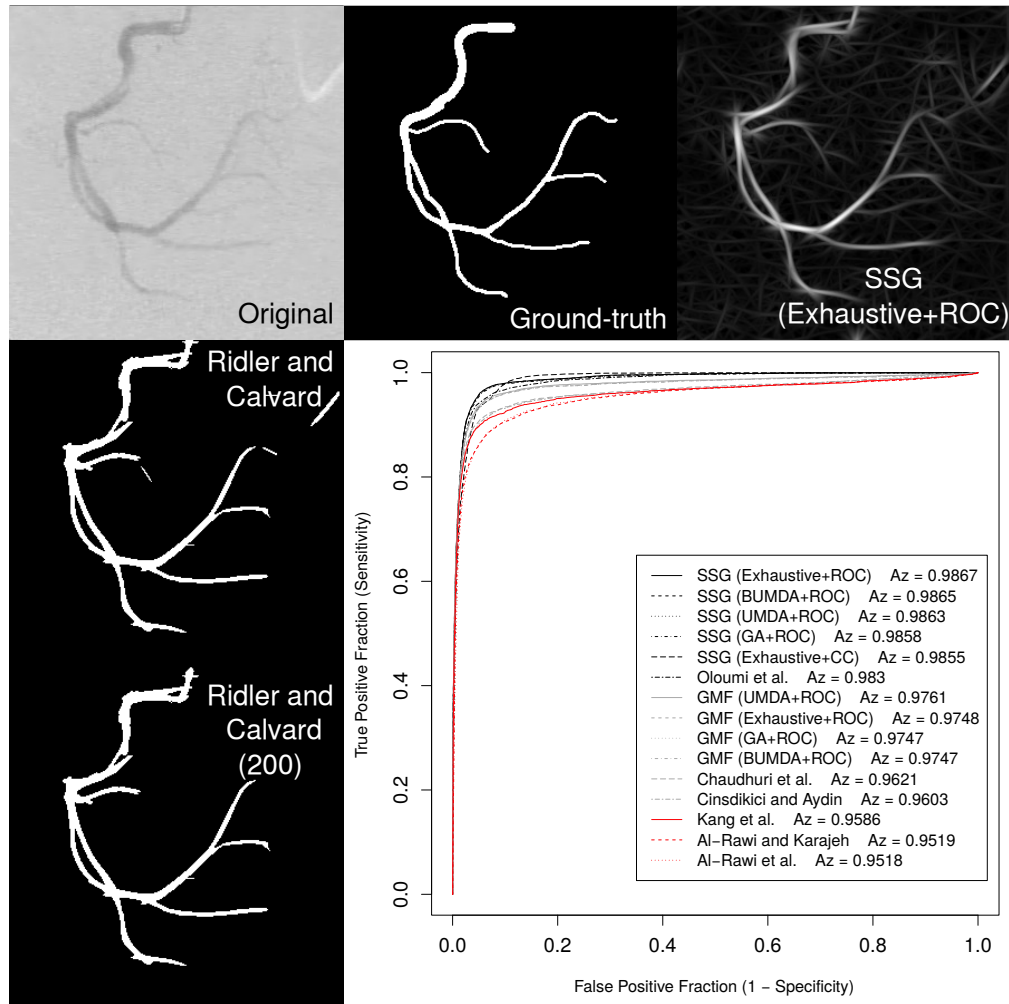


Figura 5.12: Resultado del proceso de detección y segmentación para la imagen 14 del conjunto de prueba. En la primera fila se muestra el angiograma original, seguido por su ground-truth y la respuesta del filtro SSG (Exhaustive+ROC). Al centro se muestra el resultado de la umbralización con el método de Ridler y Calvard [25], y más abajo, el resultado del filtro de conjuntos conexos a un nivel de 200 elementos. En la esquina inferior derecha, la curva de ROC para la detección de la imagen 14 con los quince métodos.

En las Figuras 5.13, 5.14 y 5.15, se ilustra el resultado de la reconstrucción utilizando la estrategia propuesta en la sección 4.2. Para realizar las reconstrucciones generadas, se emplearon los esqueletos morfológicos y bordes extraídos de la imagen segmentada. El modelo se genera utilizando el software FreeCAD [69] y un script de Python para crear los cilindros basados en los anchos estimados para cada pixel del esqueleto. Los niveles de refinamiento utilizados son $\delta_{detalle}$ a 5, 20, 50 y 100.

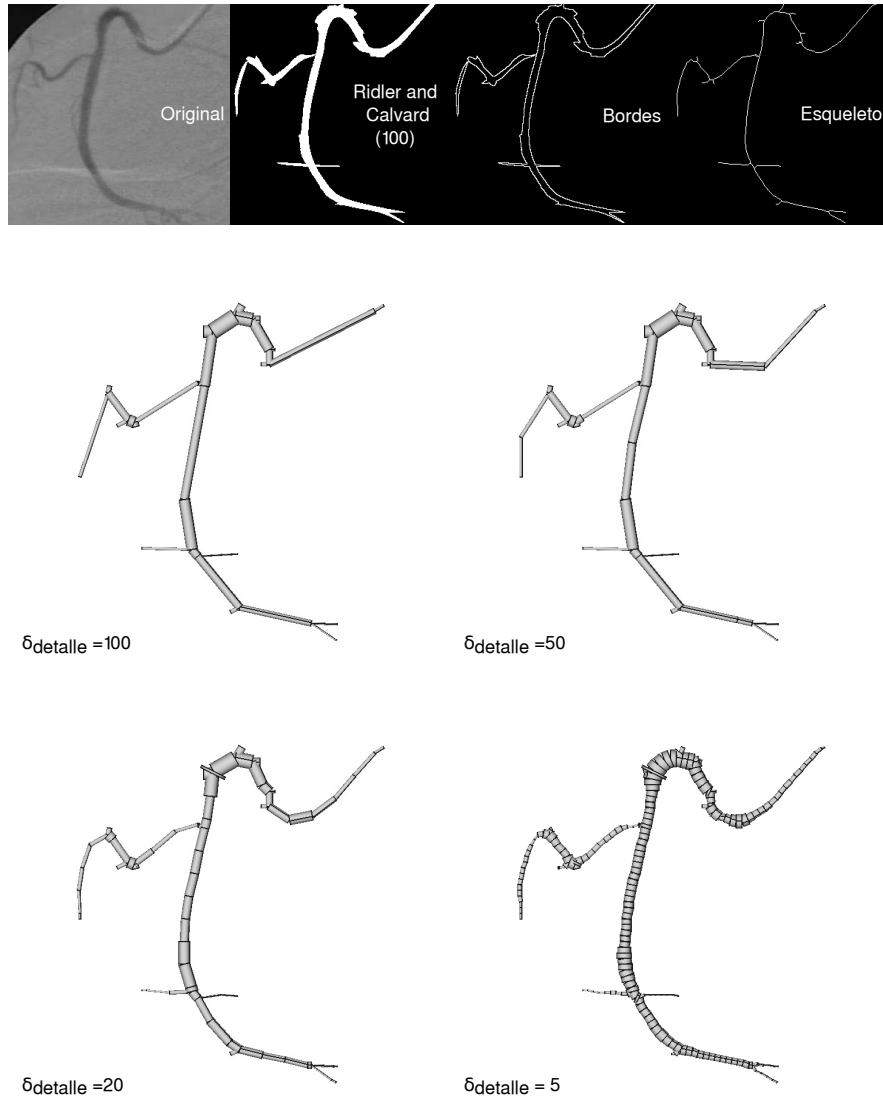


Figura 5.13: Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle.

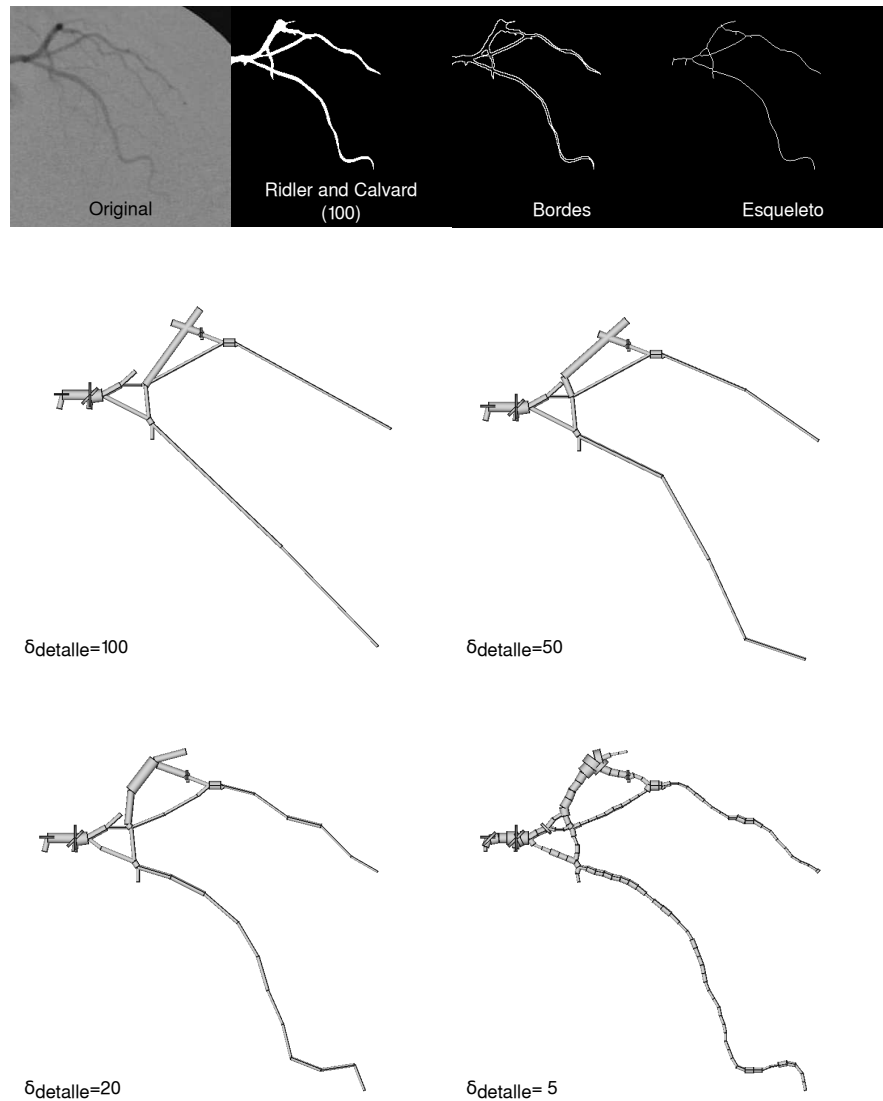


Figura 5.14: Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle.

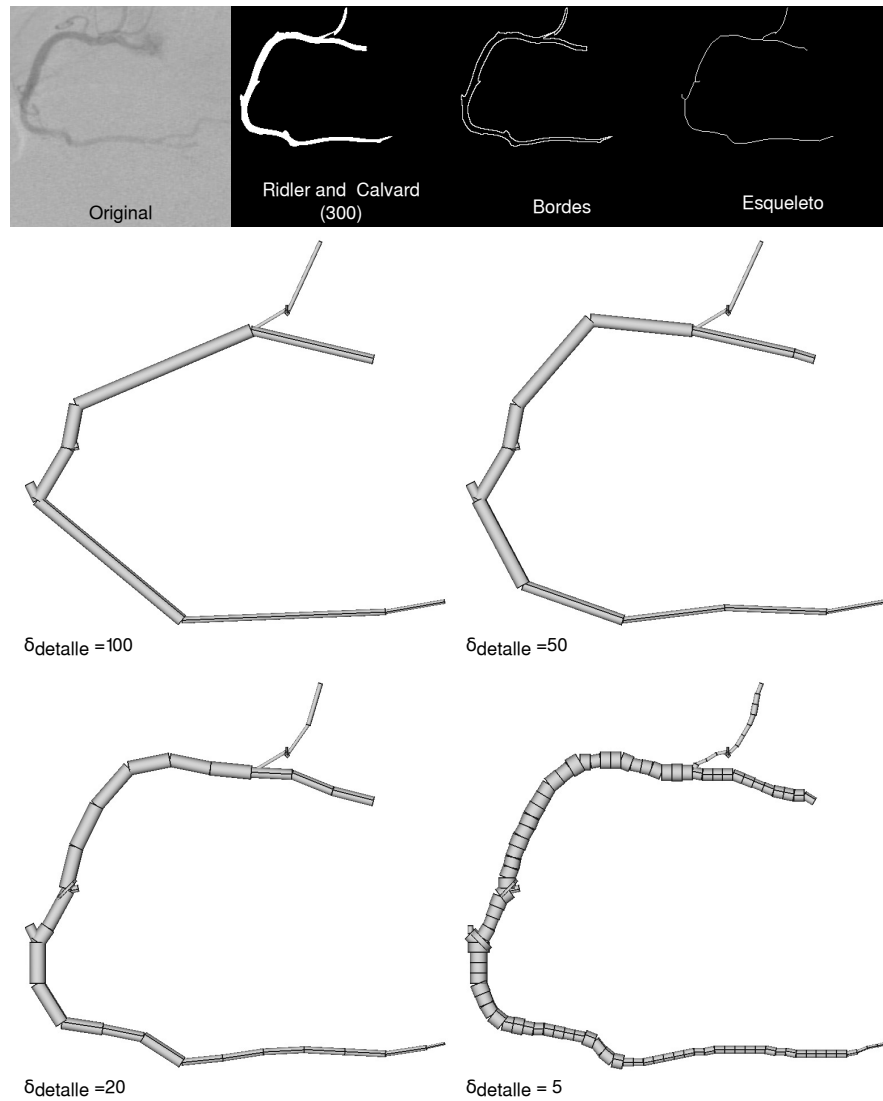


Figura 5.15: Reconstrucción de la arteria coronaria a partir de un angiograma. En la primera fila se muestra la imagen original, su segmentación, la imagen de bordes y el esqueleto morfológico. Las siguientes imágenes muestran las reconstrucciones generadas, especificando su nivel de detalle.

Capítulo 6

Conclusiones y Trabajo futuro

En este trabajo se propuso el uso de algoritmos de Evolución Computacional para el entrenamiento de los parámetros de los filtros Gaussianos y del filtro de escala-simple de Gabor. Los métodos GA, UMDA y BUMDA, demostraron tener un desempeño promedio superior al de los métodos del estado del arte, con un A_z promedio de hasta 0.956928 . Los mismos métodos probaron ser alternativas prácticas y precisas a la búsqueda exhaustiva de los parámetros, con la reducción del tiempo de hasta 61.66% del tiempo en el filtro de escala-simple de Gabor, y hasta 66.71% para el filtro Gaussiano.

Para el proceso de segmentación, se propuso utilizar los métodos de Ridler y Calvard [25] y Otsu [24], que a la par de los métodos de detección entrenados, alcanzan una exactitud promedio de hasta 0.966777 . Para este proceso, se encontró que el método de Ridler y Calvard [25] y de Otsu [24] tienen un comportamiento muy similar al momento de separar las arterias del fondo a partir de la respuesta de los filtros, por lo que no existe ganancia significativa al elegir alguno de los dos. Adicionalmente se propuso eliminar los conjuntos conexos con menos de 500 elementos de la imagen umbralizada para mejorar la medida de Exactitud.

Por otro lado, se propuso también el uso de una nueva función objetivo, basada en información de la propia imagen de respuesta del filtro de escala-simple de Gabor, como alternativa al cálculo del área bajo la curva de ROC (A_z) como función objetivo para la etapa de entrenamiento. Ésto con el fin de evitar el empleo de un ground-truth delineado y aprobado por un experto. La función de Correlación-Contraste (CC) demostró ser similar al comportamiento del área bajo la curva de ROC en un 99.05% , e incluso ser en promedio 95.68% más rápida de calcular que el A_z . Respecto al desempeño de este nuevo esquema de optimización de los parámetros del SSG, se alcanzó un A_z promedio de 0.959266 , superior al comportamiento de los otros catorce métodos comparados. En cuanto a la exactitud, se alcanzó un promedio de 0.948167 , por debajo del promedio obtenido por otros métodos.

El pobre comportamiento en el proceso de segmentación crea la necesidad de buscar alternativas de umbralización, pues los métodos de Otsu [24] y de Ridler y Calvard [25] no fueron capaces de sacar provecho del comportamiento superior de este esquema en el proceso de detección.

Por último, se propuso una estrategia de reconstrucción tridimensional de las arterias coronarias, a partir de la segmentación de las imágenes, y aprovechando características tales como el esqueleto morfológico, los bordes y los anchos estimados de la arteria. En la estrategia propuesta se define un valor $\delta_{detalle}$ que permite modular el nivel de detalle de la reconstrucción.

6.1. Trabajo futuro

Dada la exploración realizada de los filtros de escala-simple de Gabor, y a la introducción de una función objetivo capaz de sustituir el cálculo del A_z , se propone continuar con la búsqueda de métodos de detección de escala múltiple que permitan mejorar el desempeño de la detección de arterias en angiogramas de rayos X.

En este trabajo se limitó a introducir la nueva función objetivo de Correlación-Contraste para el filtro de escala-simple de Gabor, sin profundizar en la demostración del buen comportamiento que tiene. Por esta razón queda como trabajo futuro el explicar su funcionamiento.

Por el lado del análisis de los resultados de la segmentación, queda abierta a la investigación para métricas validadas para el análisis cuantitativo de las arterias. Ésto para su posterior empleo en métodos de clasificación para el diagnóstico de lesiones en arterias coronarias, donde técnicas de reconocimiento estadístico de patrones son la primera alternativa a tratar.

El tema de la reconstrucción de arterias coronarias es un área que puede ser explorada con más detenimiento. En el futuro, explotar las secuencias de angiogramas de rayos X adquiridas desde una misma perspectiva luce prometedor para el análisis de otras características, como el movimiento de las arterias y el flujo sanguíneo.

Apéndice A

Resultados de la función Correlación-Contraste

Tabla A.1: Resultados para las imágenes de la 1 a la 20 del conjunto de prueba. Se tabulan los parámetros encontrados, la evaluación en la función objetivo CC , el $Az(i)_{CC}$, $Az(i)_{ROC}$ y medida de similitud alcanzados para cada imagen con la búsqueda exhaustiva.

Imagen	τ_{CC}	L_{CC}	Evaluación en función Correlación-Contraste	$Az(i)_{CC}$	$Az(i)_{ROC}$	Similitud
1	16	2.9	49.8219	0.9824579279	0.9824729581	0.9999847017
2	16	2.7	49.8627	0.9869557200	0.9871337385	0.9998196612
3	16	2	49.8742	0.9840723755	0.9844368558	0.9996297576
4	16	2.4	49.857	0.9589774448	0.9595147727	0.9994400004
5	16	2.2	49.8494	0.9709025037	0.9719808492	0.9988905691
6	16	3.2	49.8926	0.9617228525	0.9631123993	0.9985572329
7	16	4.4	49.8733	0.9724133515	0.9740437305	0.9983261748
8	1	18	49.8215	0.9796232059	0.9816729533	0.9979119854
9	16	2.8	49.882	0.9692837022	0.9722147319	0.9969852033
10	16	2.7	49.8865	0.9626756388	0.9655766673	0.9969955483
11	16	5.4	49.8648	0.9571780262	0.9604035666	0.996641474
12	15	1.9	49.8644	0.9637126364	0.9666728002	0.9969377811
13	16	1.7	49.8491	0.9712514503	0.9747323445	0.9964288717
14	16	2	49.8886	0.9854812161	0.9894169591	0.9960221593
15	16	2.6	49.8778	0.9736586752	0.9780123680	0.9955484277
16	16	2	49.8549	0.9694331696	0.9736561069	0.9956628041
17	16	4.7	49.9071	0.9803694619	0.9865520149	0.9937331708
18	16	3.7	49.8759	0.9375516764	0.9435000316	0.9936954372
19	16	3.6	49.9063	0.9796330961	0.9860814049	0.9934606729
20	16	2.4	49.9013	0.9768532739	0.9833785543	0.9933644268

Tabla A.2: Resultados para las imágenes de la 21 a la 60 del conjunto de prueba. Se tabulan los parámetros encontrados, la evaluación en la función objetivo CC , el $Az(i)_{CC}$, $Az(i)$ y medida de similitud alcanzados para cada imagen con la búsqueda exhaustiva.

Imagen	τ_{CC}	L_{CC}	Evaluación en función Correlación-Contraste	$Az(i)_{CC}$	$Az(i)_{ROC}$	Similitud
21	16	2.7	49.9112	0.9685695729	0.9751034662	0.9932992821
22	16	2.8	49.8543	0.9493671379	0.9555690047	0.9935097656
23	16	3.2	49.8519	0.9164941249	0.9224666980	0.9935254324
24	16	2.7	49.8867	0.9681038509	0.9753214386	0.9925997856
25	16	3.8	49.9055	0.9728396532	0.9800407135	0.9926522845
26	16	3.8	49.8742	0.9489605659	0.9562689618	0.9923573846
27	16	2.7	49.8828	0.9604697975	0.9683383382	0.9918741824
28	16	3.2	49.8768	0.9644975989	0.9720481843	0.9922322931
29	16	4	49.8608	0.9418083685	0.9502300772	0.99113719
30	16	3.7	49.8837	0.9790929525	0.9876786180	0.9913072274
31	15	4.3	49.8725	0.9427969445	0.9513756562	0.9909828346
32	16	4.6	49.8351	0.9578021655	0.9663099030	0.9911956428
33	16	2.2	49.8992	0.9700371207	0.9792600538	0.9905817325
34	16	4.7	49.886	0.9679736641	0.9771499573	0.9906091249
35	16	1.3	49.8049	0.9652554021	0.9746139710	0.9903976659
36	16	1.6	49.8231	0.9500198740	0.9603312306	0.9892627083
37	16	2	49.8139	0.9581310953	0.9690685151	0.9887134711
38	16	3.4	49.8318	0.9552389895	0.9661528382	0.9887038072
39	16	2.7	49.8782	0.9474152881	0.9586882572	0.9882412567
40	16	3.8	49.8906	0.9750607481	0.9866820279	0.9882218593
41	16	3.5	49.8332	0.9674600684	0.9795017756	0.9877062936
42	16	1.9	49.867	0.9651304676	0.9771760080	0.9876731108
43	16	3.5	49.9062	0.9643852937	0.9766875927	0.9874040593
44	16	4.3	49.8448	0.9662085543	0.9792788413	0.9866531508
45	16	2.4	49.8293	0.9360175223	0.9490578734	0.9862596881
46	16	4.8	49.8745	0.9691483183	0.9826362335	0.9862737453
47	16	2.7	49.8466	0.9437995658	0.9574805742	0.9857114508
48	16	4	49.8807	0.9678943002	0.9824163658	0.9852180134
49	16	3.7	49.8592	0.9329261510	0.9470671625	0.9850686287
50	16	3.5	49.8518	0.9599524172	0.9744355623	0.9851368878
51	16	2.9	49.8526	0.9513644825	0.9657617507	0.9850923189
52	16	3.7	49.864	0.9689001992	0.9843857077	0.9842688609
53	16	3.3	49.8414	0.9391012465	0.9540216966	0.9843604709
54	16	2.2	49.8798	0.9522820241	0.9686228189	0.983129868
55	16	3.3	49.8555	0.9460898691	0.9625847352	0.9828639854
56	16	3.2	49.8484	0.9205376396	0.9398454382	0.9794564108
57	16	2.8	49.8817	0.9362350446	0.9564516103	0.9788629498
58	16	2.7	49.8769	0.9207482812	0.9412396112	0.9782294224
59	16	2.7	49.8789	0.9343829718	0.9551433993	0.9782645962
60	3	6.3	49.8843	0.9292640385	0.9500455239	0.9781258004

Bibliografía

- [1] INEGI Estadísticas Vitales Dirección General de Estadísticas Sociodemográficas. *Principales causas de mortalidad por residencia habitual, grupos de edad y sexo del fallecido*. accedido el 21 de Junio del 2016. URL: www.inegi.org.mx/est/contenidos/proyectos/registros/vitales/mortalidad/.
- [2] R. Ross. «Atherosclerosis An Inflammatory Disease». En: *The New England Journal of Medicine* 340.2 (1999), págs. 115-126.
- [3] Instituto Mexicano del Seguro Social. *Guía de Práctica Clínica Diagnóstico y Tratamiento de la Cardiopatía Isquémica Crónica*. Mexico: IMSS. URL: <http://www.imss.gob.mx>.
- [4] W. Kang et al. «Segmentation Method Based on Fusion Algorithm for Coronary Angiograms». En: *2nd International Congress on Image and Signal Processing* (2009), págs. 1-4.
- [5] I. Cruz-Aceves et al. «Automatic Segmentation of Coronary Arteries using Gabor Filters and Thresholding Based on Multiobjective Optimization». En: *Biomedical Signal Processing and Control* 25 (2015), págs. 76-85.
- [6] I. Cruz-Aceves, A. Hernandez-Aguirre e I. Valdez-Pena. «Automatic Coronary Artery Segmentation Based on Matched Filters and Estimation of Distribution Algorithms». En: *Proceedings of the 2015 International Conference on Image Processing, Computer Vision, Pattern Recognition* (2015), págs. 405-410.
- [7] S. Eiho e Y. Qian. «Detection of Coronary Artery Tree Using Morphological Operator». En: *Computers in Cardiology* 24 (1997), págs. 525-528.
- [8] Y. Qian et al. «Automatic Extraction of Coronary Artery Tree on Coronary Angiograms by Morphological Operators». En: *Computers in Cardiology* 25 (1998), págs. 765-768.
- [9] K. Sun y N. Sang. «Morphological Enhancement of Vascular Angiogram with Multiscale Detected by Gabor Filters». En: *Electronic Letters* 44 (2008), págs. 86-87.
- [10] B. Bouraoui et al. «Fully Automatic 3D Segmentation of Coronary Arteries Based on Mathematical Morphology». En: *5th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging* (2008), págs. 1059-1062.

- [11] K. Sun, S. Jiang e Y. Wang. «Segmentation of Coronary Artery on Angiogram by Combined Morphological Operations and Watershed». En: *2nd International Conference on Measurement, Information and Control* (2009), págs. 1-4.
- [12] D. Lara et al. «A Semi-Automatic Method for Segmentation of the Coronary Artery Tree from Angiography». En: *XXII Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing* (2009), págs. 194-201.
- [13] A.F. Frangi et al. «Multiscale Vessel Enhancement Filtering». En: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* 1496 (1998), págs. 130-137.
- [14] S. Chaudhuri et al. «Detection of Blood Vessels in Retinal Images Using Two-Dimensional Matched Filters». En: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 8.3 (1989), págs. 263-269.
- [15] T. Chanwimaluang y G. Fan. «An Efficient Blood Vessel Detection Algorithm For Retinal Images Using Local Entropy Thresholding». En: *Proc. IEEE International Symposium on Circuits and Systems* 5 (mayo de 2003), págs. 21-24.
- [16] T. Chanwimaluang, G. Fan y S.R. Fransen. «Hybrid Retinal Image Registration». En: *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 10.1 (ene. de 2006), págs. 129-142.
- [17] M.G. Cinsdikici y D. Aydin. «Detection of Blood Vessels in Ophthalmoscope Images using MF/ant (Matched Filters and Ant Colony) Algorithm». En: *Computer methods and programs in biomedicine* 96 (2009), págs. 85-96.
- [18] W. Kang et al. «Segmentation Method of Degree-based Transition Region Extraction for Coronary Angiograms». En: *2nd International Conference on Advanced Computer Control* 4 (2010), págs. 466-470.
- [19] W. Kang et al. «The Segmentation Method of Degree-Based Fusion Algorithm for Coronary Angiograms». En: *2nd International Conference on Measurement, Information and Control* (2013), págs. 696-699.
- [20] J.V.B Soares et al. «Retinal Vessel Segmentation Using the 2-D Gabor Wavelet and Supervised Classification». En: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 25.9 (sep. de 2006), págs. 1214-1222.
- [21] R.M. Rangayyan et al. «Detection of Blood Vessels in the Retina using Gabor Filters». En: *in Proc. 20th Canadian Conference Electrical and Computer Engineering* (2007), págs. 717-720.
- [22] R.M. Rangayyan et al. «Detection of blood vessels in the retina with multiscale Gabor filters». En: *Journal of Electronic Imaging* 17.6 (abr. de 2008), págs. 23018.
- [23] F. Oloumi et al. «Detection of Blood Vessels in Retinal Fundus Images». En: *Computer Science Journal of Moldova* 22.2 (2014), págs. 155-185.
- [24] M. Otsu. «A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms». En: *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics* 9 (1979), págs. 62-66.

- [25] T.W. Ridler y S. Calvard. «Picture Thresholding Using an Iterative Selection Method». En: *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics* 8 (ago. de 1978), págs. 630-632.
- [26] I. Nwogu y L. Lorigo. «Fast Temporal Tracking and 3D Reconstruction of a Single Coronary Vessel». En: *International Conference on Image Processing* 5 (2007), págs. 537-540.
- [27] Z. Chen y S. Molloy. «Automatic 3D vascular tree construction in CT angiography». En: *Computarized Medical Imageing and Graphics* 27 (2002), págs. 469-479.
- [28] C. Pellot et al. «A 3D Reconstruction of Vascular Structures from Two X-Ray Angiograms Using an Adapted Simulated Annealing Algorithm». En: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 13.1 (mar. de 1994), págs. 48-60.
- [29] T. Nguyen y J. Sklansky. «Reconstructing the 3-D Medial Axes of Coronary Arteries in Single-View Cineangiograms». En: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 13.1 (mar. de 1994), págs. 61-73.
- [30] K. Hoffmann et al. «Biplane X-ray angiograms, intravascular ultrasound, and 3D visualization of coronary vessels». En: *International Journal of Cardiac Imaging* 15 (1999), págs. 495-512.
- [31] J. Messenger et al. «3D coronary reconstruction from routine single-plane coronary angiograms: Clinical validation and quantitative analysis of the right coronary artery in 100 patients». En: *International Journal of Cardiac Imaging* 16 (2000), págs. 413-427.
- [32] U. Jandt et al. «Automatic generation of 3D coronary artery centerlines using rotational X-ray angiography». En: *Medical Image Analysis* 13 (2009), págs. 486-858.
- [33] C. Chalopin, I. E. Magnin y G. Finet. «Automatic Labeling of the Coronary Tree Using a Three Dimensional Reference Prior Model». En: *Computers in Cardiology* 25 (1998), págs. 761-764.
- [34] S. Zheng e Y. Qi. «Motion estimation of 3D coronary vessel skeletons from X-ray angiographic sequences». En: *Computarized Medical Imageing and Graphics* 35 (2010), págs. 353-364.
- [35] R. M. Tayebi et al. «3D multimodal cardiac data reconstruction using angiography and computarized tomographic angiography registration». En: *Journal of Cardiothoracic Surgery* 10.58 (2015), págs. 1-25.
- [36] S.Y. Chen y J. Carroll. «Computer Assisted Coronary Intervention by Use of On-line 3D Reconstruction and Optimal View Strategy». En: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Berlin Heidelberg, Alemania: Springer, 1998.
- [37] A. Zifan et al. «Automatic 3D Reconstruction of Coronary Artery Centerlines from Monoplane X-Ray Angiogram Images». En: *International Journal of Biological Sciences* 2.3 (2008), págs. 105-110.

- [38] F. Auricchio et al. «A simple framework to generate 3D patient-specific model of coronary artery bifurcation from single-plane angiographic images». En: *Computers in Biology and Medicine* 44 (2014), págs. 97-109.
- [39] F. Mourgues et al. «3D+t Modeling of Coronary Artery Tree from Standard Non Simultaneous Angiograms». En: *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Utrecht, Holanda: Springer, 2001.
- [40] M. Al-Rawi, M. Qutaishat y M. Arrar. «An Improved Matched Filter for Blood Vessel Detection of Digital Retinal Images». En: *Computers in Biology and Medicine* 37.2 (2007), págs. 262-267.
- [41] M. Al-Rawi y H. Karajeh. «Genetic Algorithm Matched Filter Optimization for Automated Detection of Blood Vessels from Digital Retinal Images». En: *Computer methods and programs in biomedicine* 87 (2007), págs. 248-253.
- [42] Structured Analysis of the Retina. *Imagen 24 tomada de la base de datos STARE*. accedido el 2 de Junio del 2016. URL: www.ces.clemson.edu/~ahoover/stare/.
- [43] I. Cruz-Aceves, A. Hernandez-Aguirre y S.I. Valdez. «On the Performance of Nature Inspired Algorithms for the Automatic Segmentation of Coronary Arteries Using Gaussian Matched Filters». En: *Applied Soft Computing* (2016), (12).
- [44] R.M. Rangayyan y F.J. Ayres. «Gabor Filters and Phase Portraits for the Detection of Architectural Distortion in Mammograms». En: *Medical and Biological Engineering and Computing* 44 (ago. de 2006), 883-894.
- [45] J.P. Jones y L.A. Palmer. «An Evaluation of the Two-Dimensional Gabor Filter Model of Simple Receptive Fields in Cat Striate Cortex». En: *Journal of Neurophysiology* 58.6 (dic. de 1987), págs. 1233-1258.
- [46] B.S. Manjunathi y W.Y. Ma. «Texture Features for Browsing and Retrieval of Image Data». En: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 18.8 (ago. de 1996), págs. 837-842.
- [47] F.J. Ayres y R.M. Rangayyan. «Performance Analysis of Oriented Feature Detectors». En: *XVIII Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing* (2005), págs. 147-154.
- [48] F.J. Ayres y R.M. Rangayyan. «Design and performance analysis of oriented feature detectors». En: *Journal of Electronic Imaging* 16.2 (2007), págs. 1-12.
- [49] C.E. Metz. «Basic Principles of ROC Analysis». En: *Seminars of Nuclear Medicine* 8.4 (oct. de 1978), págs. 283-298.
- [50] B.J. McNeil y S.J. Adelstein. «Determining the Value of Diagnostic and Screening Tests». En: *Journal of Nuclear Medicine* 17.6 (jun. de 1976), págs. 439-448.
- [51] D.A. Turner. «An Intuitive Approach to Receiver Operating Characteristic Curve Analysis». En: *Journal of Nuclear Medicine* 19.2 (feb. de 1979), págs. 213-220.

- [52] N. Salem y A.K. Nandi. «Unsupervised Segmentation of Retinal Blood Vessels Using a Single Parameter Vesselness Measure». En: *Sixth Indian Conference on Computer Vision, Graphics and Image Processing* 34 (2008), págs. 528-534.
- [53] H. Li, H. Duan y X. Zhang. «A Novel Image Template Matching Based on Particle Filtering Optimization». En: *Pattern Recognition Letters* 31 (2010), págs. 1825-1832.
- [54] E. Cuevas, D. Zaldivar y M. Perez-Cisneros. «Circle Detection on Images Based on an Evolutionary Algorithm that Reduces the Number of Function Evaluations». En: *Applications of Evolutionary Computation in Image Processing and Pattern Recognition*. Springer International Publishing, 2016.
- [55] D.E. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. New York: Addison Wesley, 1989.
- [56] M. Mitchell. *An Introduction to Genetic Algorithms*. Cambridge, MA.: The MIT Press, 1997.
- [57] L.V. Lozada-Chang y R. Santana. «Univariate Marginal Distribution Algorithm Dynamics for a Class of Parametric Functions with Unitation Constraints». En: *Information Sciences* 181 (2011), págs. 2340-2355.
- [58] M. Hauschild y M. Pelikan. «An Introduction and Survey of Estimation of Distribution Algorithms». En: *Swarm and Evolutionary Computation* 1.3 (2011), págs. 111-128.
- [59] S. Ivvan-Valdez, Arturo Hernandez-Aguirre y Salvador Botello-Rionda. «A Boltzmann Based Estimation of Distribution Algorithm». En: *Information Sciences* 236 (2013), págs. 126-137.
- [60] R. Haralick, K. Shanmugam e I. Dinstein. «Textural Features for Image Classification». En: *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics* 3.6 (nov. de 1973), págs. 610-621.
- [61] C. I. Chang et al. «Survey and Comparative Analysis of Entropy and Relative Entropy Thresholding Techniques». En: *IEE Proceedings - Vision, Image and Signal Processing* 153.6 (dic. de 2006), págs. 837-850.
- [62] M. Sezgin y B. Sankur. «Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation». En: *Journal of Electronic Imaging* 13.1 (ene. de 2004), págs. 146-165.
- [63] T.C. Tsai, H.J. Lee y M.Y.C. Chen. «Adaptive Segmentation of Vessels from Coronary Angiograms Using Multi-scale Filtering». En: *International Conference on Signal-Image Technology and Internet-Based Systems* (2013), págs. 143-147.
- [64] T. Zhang y C. Suen. «A fast parallel algorithm for thinning digital patterns». En: *Communications of the ACM* 27.3 (mar. de 1984), págs. 236-239.

- [65] O. Rodrigues. «Des lois géométriques qui régissent les déplacements d'un système solide dans l'espace, et de la variation des coordonnées provenant de ces déplacements considérés indépendamment des causes qui peuvent les produire». En: *Journal de mathématiques pures et appliquées 1re série* 5 (dic. de 1840), págs. 380-440.
- [66] W. Schroeder et al. *The Visualization Toolkit*. Third Edition. Kitware Inc., 2003. URL: <http://www.vtk.org>.
- [67] M. Frigo y S. Johnson. «FFTW: An Adaptive Software Architecture for the FFT». En: *IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing* 3 (mayo de 1998), págs. 1381-1384.
- [68] Matlab. ver. 7.14 (R2012a). Natick, Massachusetts: The MathWorks Inc., 2012.
- [69] J. Riegel, W. Mayer e Y. Havre. *FreeCAD ver. 0.14*. <http://www.freecadweb.org/>, 2011.