

**MODELO COMPUTACIONAL PARA CARACTERIZACIÓN DE CÉLULAS  
ENDOCERVICALES**

**VÍCTOR EDUARDO MARTÍNEZ ABAUNZA**

**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER  
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICO MECÁNICAS  
MAESTRÍA EN INGENIERÍA  
ÁREA: INFORMÁTICA Y CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN  
BUCARAMANGA  
2007**

**MODELO COMPUTACIONAL PARA CARACTERIZACIÓN DE CÉLULAS  
ENDOCERVICALES**

**VÍCTOR EDUARDO MARTÍNEZ ABAUNZA**

**Trabajo de Investigación para optar al Título de  
Magíster e Ingeniería: Área informática y Ciencias de la Computación**

**Director:  
Alfonso Mendoza Castellanos  
BSc. DEA en Automática**

**Codirectora:  
Olga Mercedes Álvarez Ojeda  
MD. Especialista en Patología**

**Codirector:  
Ernesto García Ayala  
MD. Especialista en Patología**

**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER  
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICO MECÁNICAS  
MAESTRÍA EN INGENIERÍA  
ÁREA: INFORMÁTICA Y CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN  
BUCARAMANGA  
2007**

A mis padres

Entre todos sus conflictos,  
sólo un sentimiento en común:  
consideran que soy un fracaso.

## **AGRADECIMIENTOS**

Al profesor Alfonso Mendoza Castellanos, a quien le debo cada uno de mis logros académicos.

A la doctora Olga Mercedes Álvarez Ojeda, por su infinita generosidad y su entrañable ejemplo.

Al doctor Ernesto García Ayala, por la libertad del conocimiento.

A mi familia, por encontrarnos en otros espacios.

A Adrián Rodríguez, Andrea Reyes, Carol Galvis, Diana Niño, Diana Villamizar, Donaida Coneo, Erica Torres, Ivonne Roa, Julián Martínez, Juan Remolina, Laura Valbuena, Martha Amaya, Milton Caviedes, Olga Molina, Ruddyguer Castillo, Sandra Delgado y Sofía Ramírez, por darme el mejor de los regalos: la posibilidad de entregarles mi experiencia.

A los compañeros del GIB, siempre es un placer trabajar con su compañía.

A los estudiantes de Tratamiento Digital de Imágenes, por el aprendizaje compartido.

A quienes no menciono, la memoria siempre me juega malas pasadas.

A Dios, porque ya terminé.

## CONTENIDO

INTRODUCCIÓN	20
1. MARCO TEÓRICO	22
1.1 FUNDAMENTOS DEL PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES	22
1.2 IMÁGENES DIGITALES	22
1.3 MODELOS DE COLOR	24
1.3.1 Modelo de color RGB.	24
1.3.2 Modelo de color HSL.	25
1.3.3 Conversión del Modelo RGB a HSL.	26
1.4 ETAPAS DEL PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES	27
1.4.1 Adquisición.	28
1.4.2 Preprocesamiento.	31
1.4.3 Segmentación.	35
1.4.4 Descripción.	39
1.4.5 Interpretación y Reconocimiento.	42
1.5 MORFOLOGÍA MATEMÁTICA	50
1.5.1 Operaciones básicas.	50
1.5.1 Operaciones complementarias.	51
1.6 EL ENDOCÉRVIX	53
1.6.1 Células Endocervicales.	53
1.6.2. Lesiones Endocervicales.	54

2. ADQUISICIÓN	57
2.1 RELACIÓN PÍXEL-MICRA	58
3. PREPROCESAMIENTO	60
3.1 CONVERSIÓN AL MODELO IHSL	61
3.2 MÁSCARA PARA EL CAMPO CELULAR	62
3.3 FILTRADO MORFOLÓGICO	63
4. SEGMENTACIÓN	65
4.1 UMBRALIZACIÓN	65
4.2 CRECIMIENTO DE REGIONES	66
4.3 SEGMENTACIÓN MANUAL	68
5. DESCRIPCIÓN	70
5.1 DESCRIPCIÓN DEL CAMPO CELULAR	70
5.1.1 Medidas Morfológicas.	70
5.1.2 Medidas de Textura.	71
5.2 DESCRIPCIÓN DE NÚCLEOS INDIVIDUALES	72
5.2.1 Medidas Morfológicas.	72
5.3 MODELO ENTIDAD-RELACIÓN	73
6. INTERPRETACIÓN Y RECONOCIMIENTO	76
6.1 INTERPRETACIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS NUCLEARES	77
6.2 INTERPRETACIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS DE LOS GRUPOS CELULARES	79
6.2.1 Red Neuronal Artificial de Clasificación	83
7. MODELO COMPUTACIONAL	87

7.1 DESCRIPCIÓN DE LOS CASOS DE USO	87
8. RESULTADOS	90
9. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	93
BIBLIOGRAFÍA	94
ANEXO A. FUNCIONAMIENTO DEL MODELO COMPUTACIONAL	98
ANEXO B. BENEFICIOS ADICIONALES	114

## LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Número de Imágenes, grupos y núcleos caracterizados	76
Tabla 2. Salida de la Red Neuronal Artificial de Clasificación	83
Tabla 3. Documento de descripción de los casos de uso	87
Tabla 4. Clasificación de Grupos Celulares Realizada por el Modelo Computacional Automático	91
Tabla 5. Clasificación de Grupos Celulares Realizada por la Interacción entre el Usuario y el Modelo Computacional	92

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Clases de imágenes	23
Figura 2. Espacio de color del modelo RGB	24
Figura 3. Escalas del Modelo RGB	24
Figura 4. Espacio de Color del Modelo HSL	25
Figura 5. Escalas del Modelo HSL	25
Figura 6. Etapas fundamentales del procesamiento de imágenes.	28
Figura 7. Sistema de adquisición de imágenes.	30
Figura 8. Clasificación de la mejora de imágenes.	31
Figura 9. Función para el ajuste del contraste y su resultado	32
Figura 10. Negativo de imágenes y resultado.	33
Figura 11. Compresión del rango dinámico	33
Figura 12. Filtrado pasa-bajo por operaciones espaciales	35
Figura 13. Filtrado pasa-alto por operaciones espaciales	35
Figura 14. Segmentación por umbralización	36
Figura 15. División y fusión de regiones	37
Figura 16. Crecimiento de regiones.	38
Figura 17. Resultado del algoritmo de crecimiento de regiones.	39
Figura 18. Representación de firmas	40
Figura 19. Encadenamiento de reglas.	43
Figura 20. Modelo no lineal de una neurona artificial	45

Figura 21. Modelo modificado de neurona	46
Figura 22. Funciones de activación más comunes	47
Figura 23. Arquitectura de una RNA perceptrón multicapa	48
Figura 24. Aplicación de Morfología Matemática: Top-Hat	52
Figura 25. El Endocérvix	53
Figura 26. Células endocervicales	54
Figura 27. Células endocervicales atípicas: sin especificar	55
Figura 28. Células endocervicales atípicas, sugestivas de neoplasia.	55
Figura 29. Adenocarcinoma	56
Figura 30. Modelo de Adquisición de Imágenes	57
Figura 31. Interfaz de usuario para el registro de imágenes digitales.	58
Figura 32. Cámara de Neubauer.	59
Figura 33. Representación de una imagen en RGB y sus respectivos planos	60
Figura 34. Representación de una imagen en el IHS y sus respectivos planos	62
Figura 35. Selección de máscara celular	63
Figura 36. Filtrado morfológico.	64
Figura 37. Imagen empleada durante la etapa de segmentación	65
Figura 38. Resultado del algoritmo de segmentación basado en umbrales	66
Figura 39. Segmentación por crecimiento de regiones	67
Figura 40. Resultado de la Segmentación Manual	68
Figura 41. Núcleo detectado y borde empleado para calcular el perímetro.	72
Figura 42. Núcleo detectado y diámetros calculados	73
Figura 43. Modelo Entidad-Relación para almacenar la caracterización celular.	75

Figura 44. Dispersión de los parámetros nucleares	77
Figura 45. Dispersión de los parámetros de los grupos celulares	80
Figura 46. Normalización e imagen de las medidas celulares	81
Figura 47. Arquitectura de la Red Neuronal Artificial	84
Figura 48. Superficies de entrenamiento para la RNA	85
Figura 49. Convergencia del Algoritmo de Entrenamiento	85
Figura 50. Superficie de Respuesta de la RNA Entrenada	86
Figura 51. Diagrama de Casos de uso.	89
Figura 52. Inicio de la Herramienta Software.	98
Figura 53. Ventana Principal de la Herramienta Software	99
Figura 54. Opción Abrir Imagen	99
Figura 55. Registro de Imágenes Celulares	100
Figura 56. Visualización de la Imagen Celular	100
Figura 57. Detección Automática del Campo celular	101
Figura 58. Detección Manual del Campo Celular	102
Figura 59. Delimitación de las Células Seleccionadas Manualmente	102
Figura 60. Detección Automática de Núcleos (Umbralización Iterativa)	103
Figura 61. Ventana de Detección Nuclear	104
Figura 62. Opción Crecimiento de Regiones	104
Figura 63. Detección Automática de Núcleos (Crecimiento de Regiones)	105
Figura 64. Detección Manual de Núcleos	105
Figura 65. Resultado de la Detección Nuclear	106

Figura 66. Ventana para Eliminar Núcleos	107
Figura 67. Procedimiento para Eliminar Núcleos	107
Figura 68. Procedimiento para Restaurar Núcleos	108
Figura 69. Detección Nuclear Ajustada	108
Figura 70. Caracterización Celular	109
Figura 71. Clasificación Celular Realizada por el Modelo Computacional	110
Figura 72. Presentación de la Superposición Nuclear	110
Figura 73. Caracterización Nuclear	111
Figura 74. Resultado de la Caracterización Nuclear	112
Figura 75. Clasificación de Células Anormales	112
Figura 76. Resultado del Software para Núcleos Anormales.	113

## **LISTA DE ANEXOS**

ANEXO A. FUNCIONAMIENTO DEL MODELO COMPUTACIONAL	98
ANEXO B. BENEFICIOS ADICIONALES	114

## GLOSARIO

**ADENOCARCINOMA:** forma de carcinoma que se origina en el tejido glandular.

**ADQUISICIÓN:** etapa del procesamiento digital de imágenes que permite obtener una imagen digital de un objeto, a partir de una escena.

**BINARIZACIÓN:** procedimiento para convertir una imagen que se encuentra en el formato de color verdadero, o en escala de grises, a un formato de dos colores (Blanco y Negro).

**CARCINOMA ESCAMOSO:** término descriptivo para tumor, cuyas células tienen apariencia escamosa.

**CARCINOMA:** cualquier tipo de cáncer que se forma en las células epiteliales, maligno por definición.

**CÉLULAS ENDOCERVICALES:** células encontradas en una muestra de citología cérvico uterina. Cumplen una función de protección y lubricación.

**CÉLULAS ESCAMOSAS:** células encontradas en una muestra de citología cérvico uterina. De acuerdo con su etapa de maduración se clasifican en: basales, parabasales, intermedias y superficiales.

**CIANÓFILO:** con tendencia al color azul o verde.

**CITOLOGÍA CÉRVICO UTERINA:** prueba de tamizaje realizada a las mujeres, que consiste en obtener una muestra adecuada de la unión exoendocervical y del endocérvix.

**CITOPATOLOGÍA:** rama conocida que se dedica al estudio de los cambios celulares.

**CROMATINA:** sustancia contenida en unos filamentos que son susceptibles de teñirse y que está esparcida por todo el núcleo.

**DIGITALIZADOR:** dispositivo electrónico que permite convertir una señal análoga a un formato digital, por medio de la discretización.

**EOSINOFÍLIA:** propiedad que tienen algunas células de teñirse con la eosina.

**FILTRADO:** etapa del procesamiento digital de imágenes que permite mejorar las características de una imagen digital.

**FIRMA DE NÚCLEO:** función unidimensional del contorno nuclear.

**HIPERCROMASIA:** abundancia de cromatina en una célula. En imágenes digitales se manifiesta con bajos niveles de color.

**HIPERCROMATISMO:** véase hipercromasia.

**HIPERPLÁSICO:** aumentado de tamaño.

**HISTOGRAMA:** gráfico utilizado para la representación de la cada uno de los niveles de color.

**LESIÓN INTRAEPITELIAL ESCAMOSA:** término acuñado por el sistema Bethesda para referirse a un cambio en el tejido del cérvix, a veces se usa como otra palabra para tumor

**NEOPLASIA:** sinónimo de tumor, en el sentido de cualquier proceso que curse con proliferación celular excesiva, se aplica generalmente para tumores malignos.

**NEOPLASIA INTRAEPITELIAL CERVICAL:** crecimiento anormal que se origina en el cérvix, causado por una sola célula alterada.

**NIVEL DE COLOR:** valor asociado con la cantidad de luz detectada por un dispositivo de adquisición. Depende del número de bits empleado, para 8 bits se encuentra entre el intervalo [0, 255].

**PLEOMÓRFICO:** variaciones morfológicas nucleares.

**PREPROCESAMIENTO:** véase filtrado.

**RECONOCIMIENTO:** etapa del procesamiento digital de imágenes que permite la clasificación de los objetos presentes en una escena.

**RED NEURONAL:** conjunto de operadores interconectados en forma de red, que son utilizados para resolver problemas de optimización y clasificación, mediante funciones de activación.

**SEGMENTACIÓN:** etapa del procesamiento digital de imágenes que permite la separación de los objetos presentes en una imagen.

**SISTEMA BASADO EN EL CONOCIMIENTO:** sistemas informáticos que involucran conocimiento propio de especialistas.

**TRANSFORMADA DE FOURIER:** función matemática que permite obtener las componentes de frecuencia de una señal.

**UMBRALIZACIÓN:** técnica de segmentación que consiste en binarizar una imagen, tomando como referencia un nivel del histograma.

**VPH:** virus de Papiloma Humano, relacionado ampliamente con el cáncer de cérvix.

## RESUMEN

**Título:** MODELO COMPUTACIONAL PARA CARACTERIZACIÓN DE CÉLULAS ENDOCERVICALES.\*

**Autor:** Víctor Eduardo Martínez Abaunza.\*\*

**Palabra Claves:** Tratamiento Digital de Imágenes, Morfología Matemática, Redes Neuronales, Citología Cérvico Uterina, Células Endocervicales, Células Glandulares Atípicas, Adenocarcinoma.

**Descripción:** El presente proyecto continúa el trabajo realizado por el Grupo de Investigación en Ingeniería Biomédica (GIIB), en la línea de tratamiento de imágenes médicas, orientada a la construcción de aplicaciones para la detección precoz de cáncer de cuello uterino. La investigación ha sido enfocada principalmente en la caracterización y detección de lesiones glandulares, dado que éstas han mostrado un aumento sensible en la tasas de incidencia.

El progreso de las herramientas informáticas para la identificación de células afectadas por lesiones neoplásicas abre la posibilidad de lograr un diagnóstico más exacto y con mayor prontitud. Lo que ha llevado a que el GIIB tenga como objetivo desarrollar una herramienta software que pueda ser utilizada en la región y que apoye la clasificación de los hallazgos encontrados en una citología cérvico uterina.

El desarrollo de la aplicación software fue soportado por una conjunción entre la metodología clásica del procesamiento digital de imágenes y el proceso unificado de desarrollo de software. Se determinaron los parámetros correspondientes a los criterios expuestos en el Sistema Bethesda para los estados de las células endocervicales. Se recomienda que la continuidad de la investigación se dé en el análisis de campos que contengan un gran número de células y el uso de arquitectura en paralelo para la construcción de algoritmos más robustos.

---

\* Trabajo de Investigación

\*\* Facultad de Ingenierías Físico Mecánicas. Escuela de Ingeniería de Sistemas e Informática. Maestría en Ingeniería, Área: Informática y Ciencias de la Computación. Director: Alfonso Mendoza Castellanos. Codirectores: Olga Mercedes Álvarez Ojeda, Ernesto García Ayala.

## ABSTRACT

**Title:** COMPUTATIONAL MODEL FOR ENDOCERVICAL CELLS CHARACTERIZATION.\*

**Author:** Víctor Eduardo Martínez Abaunza.\*\*

**Keywords:** Digital Image Processing, Mathematical Morphology, Artificial Neural Networks, Cervical Smear Cytology, Endocervical Cells, Atypical Glandular Cells, Adenocarcinoma.

**Description:** This project continues the work done by Biomedical Engineering Research Group (GIIB), in medical and digital image processing area; focus on building of applications for cervical cancer early detection. Research has been developed in characterization and recognition of glandular lesions, due to this has been shown a sensitive growing on incidence rates.

Informatics tools advancing for neoplasical lesions cells identification is the possibility to obtain an accurate and faster diagnosis. It has motivated to GIIB to build a software tool that can be use in the local region, and that supports finding classification discovered on cervical smear cytology.

Software development process was supported between classical methodology for digital image processing and rational unified process. It was found endocervical cells criteria according to Bethesda system classification. It's recommended that research continuance is on grater field analysis, with a large cells number, and distributed architecture for parallel algorithms.

---

\* Researching Work

\*\* Physical-Mechanics Engineering Faculty. Informatics and Systems Engineering School. Engineering Master, Area: Informatics and Computational Sciences. Director: Alfonso Mendoza Castellanos. Co-directors: Olga Mercedes Álvarez Ojeda, Ernesto García Ayala.

## INTRODUCCIÓN

El cáncer de cuello uterino ocupa el segundo lugar en incidencia de enfermedades por neoplasias y Colombia posee una de las mayores tasas de mortalidad debido a esta patología. Esta enfermedad se puede detectar precozmente por medio de la citología cérvico uterina, la cual ha mostrado su efectividad mediante estudios epidemiológicos realizados en todo el mundo. Se ha logrado disminuir la incidencia y mortalidad de cáncer hasta un 60% en las poblaciones sometidas a tamizaje sistemático.<sup>1</sup>

Esto ha llevado a que la citología cérvico uterina sea el principal método de tamizaje para la detección del cáncer de cuello uterino, sin embargo este examen presenta tasas de sensibilidad y especificidad muy bajas, los diversos estudios informados muestran que existe una diferencia importante en la agudeza diagnóstica de este examen con una gran variabilidad en los resultados al respecto; la Agencia internacional de Investigación en Cáncer (IARC) ha informado una sensibilidad entre 47-62% y una especificidad entre 60-95%<sup>2</sup>.

Así, los porcentajes ponen de manifiesto la posibilidad de sospechar lesiones neoplásicas que no existen o, más preocupante aún, descartar aquellos casos que presentan la lesión preneoplásica o neoplásica y se escapan de la detección oportuna. Debido a esta situación, sólo con dos o tres extendidos normales realmente se certifica la ausencia de cáncer y ante la duda se hace necesario recurrir a otro tipo de exámenes de mayor costo.

Los factores limitantes de la efectividad del tamizaje, que condicionan también una baja eficiencia de estos programas en nuestro medio, se relacionan con la validez de la propia citología cérvico uterina. Existe la tendencia en atribuir una tercera parte de los resultados falsos negativos a errores de lectura e interpretación de las muestras en el laboratorio, y las dos terceras partes restantes a fallos en la toma de la muestra (no se logra recoger células anormales existentes).<sup>3</sup>

---

<sup>1</sup> JANERICH, Dt *et al.* The screening histories of women with invasive cervical cancer, En : American Journal of Public Health. Connecticut. Vol. 85, No. 6 (Junio 1995); p. 791-794.

<sup>2</sup> INTERNATIONAL AGENCY FOR RESEARCH ON CANCER. Planning and Implementing Cervical Cancer Prevention and Control Programs. Lyon: IARC, 2004. p. 15.

<sup>3</sup> SAWAYA, George *et al.* Current approaches to cervical – Cancer Screening, En : The New England Journal of Medicine. Massachusetts. Vol. 344, No. 21 (Mayo 2001); p. 1603 -1607.

En lo que respecta a la calidad de un extendido cérvico uterino, ésta depende fundamentalmente de la habilidad y entrenamiento específico del que hace la toma. La formación adecuada y la retroalimentación sobre la calidad de las tomas con citotecnólogos y patólogos se han mostrado muy eficaces para mejorar la calidad de los frotis; pero existen situaciones en que por más adecuado entrenamiento, la subjetividad del observador interfiere en el diagnóstico o muchas veces cambios sutiles que se escapan al ojo humano dan origen a la no adecuada clasificación de la lesión. Por otra parte, se ha encontrado que no es posible lograr una alta reproducibilidad de la lectura citológica entre diferentes observadores o durante intervalos de tiempo para un mismo observador.<sup>4</sup>

Para la clasificación del cáncer de cuello uterino se recurre tanto a la gravedad como al epitelio que afectan; pueden presentarse lesiones de bajo o alto grado y en las células del exocérvix se denomina carcinoma, en el endocérvix se conoce como adenocarcinoma. Aunque este último representa sólo una pequeña proporción de los cánceres detectados en el cérvix; aunque alrededor del mundo se ha notado un sensible incremento en los últimos años, pasando de tasas inferiores al 10% entre 1950 y 1980 a cerca del 25% en la década de 1990.<sup>5</sup>

Surge entonces la pregunta que genera este proyecto: ¿Es posible desarrollar un software que permita caracterizar los estados de las células endocervicales encontradas en citologías cérvico uterinas con el propósito de reducir el número de falsos negativos y falsos positivos? Parte de la importancia de este proyecto, radica en que se ha construido una herramienta que servirá de apoyo a la clasificación de aquellas células que presenten dificultad al ojo humano y con esto se espera una contribución en la disminución sustancial de los falsos negativos.

---

<sup>4</sup> STOLER Mark. New Bethesda terminology and evidence-based management guidelines for cervical cytology findings. En : The Journal of American Medical Association, 2002; 287:2140-1. Chicago. Vol. 287, No. 16 (Abril 2002); p. 2140 - 2141

<sup>5</sup> PACEY, Norman y NG Alan. Glandular Neoplasms of the Uterine Cervix. En: BIBBO, Marluce, ed. Comprehensive Cytopathology. 2 ed. Philadelphia: W.B. Saunders Company. 1997, p. 231-250.

## **1. MARCO TEÓRICO**

### **1.1 FUNDAMENTOS DEL PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES**

Aunque es un área de investigación reciente, el procesamiento digital de imágenes ha sido utilizado en una gran cantidad de disciplinas científicas, con diferente grado de éxito, y gracias a la disminución en el costo de los dispositivos para adquirir información gráfica y al aumento en la capacidad de los equipos de cómputo se puede afirmar que su crecimiento será mayor.

Con el propósito de aclarar los términos y las técnicas usadas en el transcurso de la investigación, se hará una descripción y una definición que unifique los conceptos. En primer lugar, se aclara el término de imagen utilizado en el presente trabajo, dado que éste encierra una categoría muy amplia de información que proviene ya sea de variaciones en el espectro electromagnético (infrarrojo, luz visible, rayos x, etc.) o de reflexiones del sonido (ecografías).

### **1.2 IMÁGENES DIGITALES**

Las imágenes se pueden presentar en varias formas: algunas visibles otras no, unas abstractas u otras físicas; de la misma manera, algunas pueden ser procesadas en un computador y otras no. En términos generales, una imagen se considera como información descriptiva de un objeto, proporcionada de tal manera que una persona puede visualizarla en un campo específico. En esta definición tan amplia existen representaciones que no son percibidas por el ojo humano.

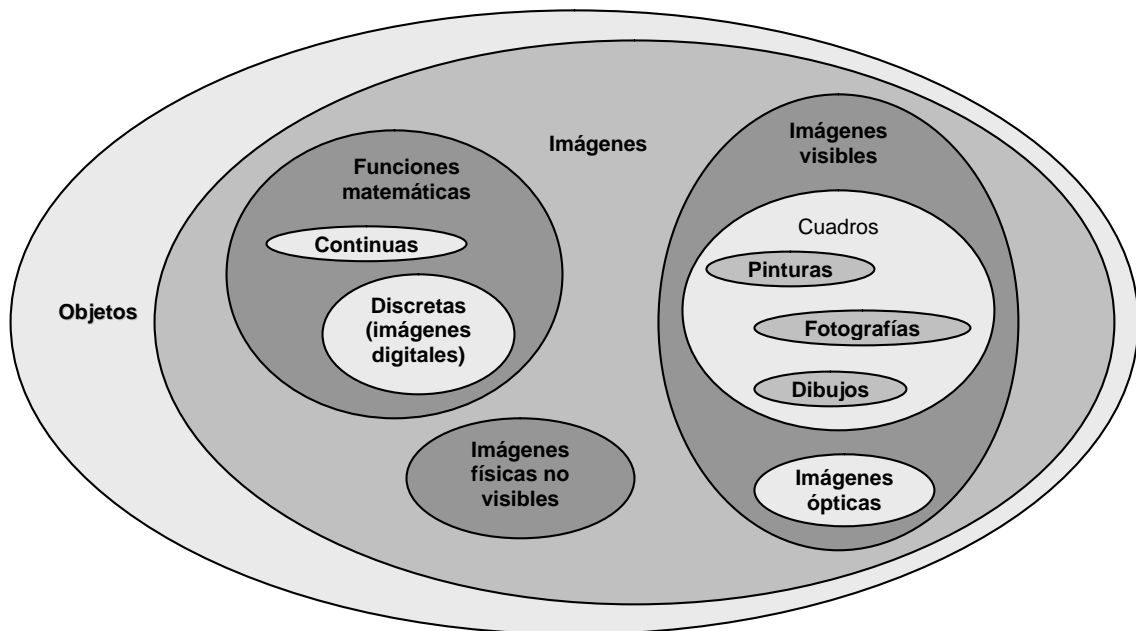
Las imágenes pueden ser clasificadas en varios tipos, de acuerdo con la forma o el método de generación. Si se considerara un conjunto universal (Figura 1), que contiene todos los objetos, las imágenes conforman un subconjunto. Dentro de éste se encuentra otro subconjunto compuesto por las imágenes visibles (aquellas que puede percibir el ojo humano), que contiene más subconjuntos; en el primero se tienen las fotografías, los dibujos o las pinturas, denominado como el subconjunto de los cuadros que es complementado con el subconjunto de las imágenes ópticas, formadas a partir de lentes, rejillas u hologramas.<sup>6</sup>

---

<sup>6</sup> CASTLEMAN, Kenneth. Digital Image Processing. Upper Saddle River: Prentice Hall, 1996. p. 1-11.

Aunque las imágenes físicas están conformadas por distribuciones de energía. Por ejemplo, las imágenes ópticas son distribuciones de intensidades de luz y son percibidas por el ojo humano, se encuentran además las imágenes físicas no visibles, como las de temperatura, ultrasonido, presión, elevación o mapas de densidad de población; de igual manera, se encuentran las imágenes multispectrales, aquellas que tienen más de un valor en un punto determinado. Un caso particular de estas imágenes lo conforman la fotografía y la televisión en color, compuestas por tres valores de brillo en los colores básicos (Rojo, Verde y Azul). Para completar el conjunto de las imágenes, está el subconjunto que contiene las imágenes abstractas matemáticas, compuesto por funciones continuas y funciones discretas, o imágenes digitales. Sólo las imágenes digitales pueden ser procesadas por un computador.

Figura 1. Clases de imágenes



Fuente: Ibid., pp. 5.

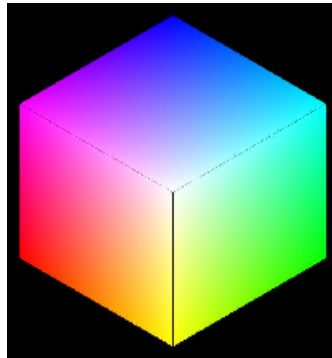
De acuerdo con lo anterior, una definición estricta de una imagen digital es: una función bidimensional discreta (muestreada y cuantificada) y que ha sido generada por medios ópticos, el muestreo se hace en un patrón cuadrilado de rectángulos igualmente espaciados y la cuantificación se hace en intervalos iguales de amplitud.

### 1.3 MODELOS DE COLOR

Como se mencionó anteriormente, una imagen en color es una representación que posee tres componentes independientes. La mayoría de modelos de color empleados están orientados hacia el hardware, otros hacia aplicaciones que pretenden manipularlo. Por esto, se hará una introducción a los espacios de color más comunes: el modelo RGB (Red, Green, Blue), para el primer caso; y el modelo HSL (Hue, Saturation, Luminance), para el segundo caso.

**1.3.1 Modelo de color RGB.** El color aparece con sus componentes espectrales primarias de rojo, verde y azul. Basado en un sistema de coordenadas cartesianas. En la figura 2 se observa que el subespacio de color de interés es un cubo. En este modelo los colores son definidos por todos los vectores que se extienden desde el origen hasta cualquier punto del cubo.

Figura 2. Espacio de color del modelo RGB



Las imágenes de este modelo consisten en tres planos independientes, uno por cada color primario, los cuales se superponen para formar una imagen en color. La figura 3 muestra las variaciones que se presentan en los colores primarios del modelo RGB. Cuando la proporción de colores es igual en sus tres componentes se obtiene la escala de grises.

Figura 3. Escalas del Modelo RGB



(a) Escala de Rojo



(b) Escala de Verde



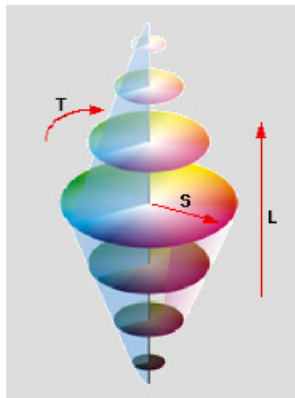
(c) Escala de Azul



(d) Escala de Grises

**1.3.2 Modelo de color HSL.** En este modelo, el color se representa como dos conos unidos por su base (Figura 4). La componente H representa el matiz del color (rojo, amarillo, verde, cian, azul, magenta) y está definida como un ángulo; La componente S o saturación es la cantidad del matiz que ha sido diluido en blanco. Mientras que la componente L es la escala de grises o Luminancia. En este modelo las componentes del matiz y saturación están íntimamente relacionadas con la forma en que los seres humanos perciben el color.

Figura 4. Espacio de Color del Modelo HSL



Fuente: HANBURY, Allan. Technical Report N-04/01/MM. Paris: Centre de Morphologie Mathématique. Ecole de Mines de Paris, 2001. p. 7.

En la siguiente figura se observa una escala de matices en la que se distinguen tonos naranjas, amarillos, verdes, azules, etc. En la escala de saturaciones para un estímulo amarillo se observa como varía el tono en función de la saturación. En la escala de luminosidades, el matiz emite más o menos luz de acuerdo con la modificación que se haga en los valores.

Figura 5. Escalas del Modelo HSL



(a) Matices



(b) Saturación para el amarillo



(c) Luminancia para el amarillo

**1.3.3 Conversión del Modelo RGB a HSL.** La representación del espacio RGB en términos de coordenadas polares 3D es usada frecuentemente en el análisis de imágenes. Aunque presenta algunas fallas, ofrece una representación más intuitiva, y revela características de la imagen que no son visibles con ese modelo. La transformación entre estos dos sistemas es una simple operación de coordenadas.<sup>7</sup>

Las siguientes funciones proporcionan los valores HSL en el intervalo [0,1]. Se debe cumplir también que las componentes RGB se encuentren normalizadas en el mismo intervalo. La función para el matiz es:

$$H = \cos^{-1} \left\{ \frac{\frac{1}{2}[(R-G) + (R-G)]}{\left[ (R-G)^2 + (R-B)(G-B) \right]^{\frac{1}{2}}} \right\} \quad (1.1)$$

Para la saturación se tiene:

$$S = 1 - \frac{3}{R+G+B} [\text{mín}(R, G, B)] \quad (1.2)$$

Finalmente, para la luminancia

$$L = \frac{1}{3}(R+G+B) \quad (1.3)$$

Sin embargo, en esta transformación se encuentra que:

- La saturación no necesariamente tiene un bajo valor para píxeles acromáticos.

<sup>7</sup> GONZÁLEZ, Rafael C. y WOODS, RICHARD E. Tratamiento Digital de Imágenes. Wilmington: Addison-Wesley Iberoamericana, 1996. p. 245-255

- o La información cromática y de brillo no son independientes. La función de luminancia es usada para normalizar la saturación, así que los valores de saturación dependen en gran medida de la función brillo.

Las anteriores desventajas deben solucionarse entonces, dentro de una nueva alternativa se tiene que las cantidades máx-mín asociadas a la saturación permiten una mejora del espacio HLS. Sin embargo, esta semi-norma no puede utilizarse para el brillo o luminancia, así que para ésta se utiliza la ecuación recomendada por el estándar de televisión de alta definición. Obteniéndose un sistema HLS mejorado o Improve Hue Luminance Saturation System (IHLS).<sup>8</sup> El cual está fundamentado en las siguientes ecuaciones

$$H' = \cos^{-1} \left\{ \frac{\frac{1}{2}[(R-G) + (R-G)]}{\left[ (R-G)^2 + (R-B)(G-B) \right]^{\frac{1}{2}}} \right\} \quad (1.4)$$

$$H_{IHLS} = \begin{cases} 360^\circ - H' & \text{si } B > G \\ H' & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (1.5)$$

$$S_{IHLS} = \text{máx}(R, G, B) - \text{mín}(R, G, B) \quad (1.6)$$

$$L_{IHLS} = 0.213R + 0.715G + 0.072B \quad (1.7)$$

Estas nuevas ecuaciones permiten separar la información del color de la información lumínica.

## 1.4 ETAPAS DEL PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES

La palabra digital hace referencia al cálculo por métodos numéricos, o por unidades discretas, y conforme a la definición dada anteriormente, una imagen digital es una representación numérica de un objeto donde los píxeles son las unidades discretas y la escala de gris cuantificada provee las componentes para el cálculo numérico.

De acuerdo con su definición, la palabra procesamiento consiste en someter algo a un proceso, que es una serie de acciones u operaciones para obtener un

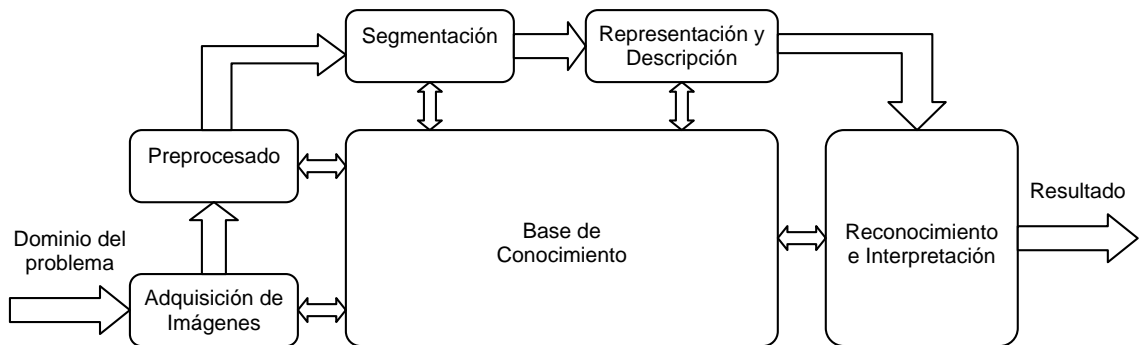
---

<sup>8</sup> HANBURY Allan y SERRA, Jean. Colour Image Analysis in 3D-polar coordinates. En : DAGM SYMPOSIUM. (25 : 2003 : Magdeburg). p. 124-131.

resultado deseado. En ese orden de ideas, se puede definir el procesamiento digital de imágenes como la serie de operaciones a las cuales se somete la representación numérica de un objeto para obtener un resultado esperado. Estas acciones han sido estudiadas a lo largo del tiempo y han sido agrupadas en las siguientes etapas, de acuerdo con la figura 6.<sup>9</sup>

- **Adquisición:** Comprende todas las tareas para obtener la imagen digital, por diferentes dispositivos electrónicos (sensibles a la luz o a cualquier banda del espectro electromagnético).
- **Preprocesamiento:** Aquí se agrupan las operaciones numéricas que tienden a mejorar la información presente en la imagen. Existen métodos espectrales basados en la información frecuencial y otros operan directamente sobre el dominio espacial de la imagen.
- **Segmentación:** Cada una de los objetos que constituyen la imagen deben ser separados para su respectivo análisis. Mediante técnicas estadísticas y otros métodos pueden diferenciarse cada una de las regiones u objetos que componen una imagen digital.
- **Descripción:** Los objetos o regiones presentes en una imagen poseen características que los diferencian de los demás. Lo que se busca en esta etapa es asignarle propiedades a los objetos que contribuyan con el análisis de la imagen.
- **Interpretación:** Una vez que se obtienen las propiedades de los objetos se utilizan técnicas de reconocimiento de patrones o se emplean algoritmos que clasifiquen los objetos presentes en la imagen.

Figura 6. Etapas fundamentales del procesamiento de imágenes.



Fuente. Ibid., p. 8.

**1.4.1 Adquisición.** El primer paso para procesar imágenes digitales es su conversión a un formato digital. Los equipos especializados para la digitalización

<sup>9</sup> GONZÁLEZ, Rafael C. Op. cit., p. 1-22.

de las imágenes es lo que ha transformado un sistema de computación ordinario en una estación de trabajo para el procesamiento de imágenes.<sup>10</sup> Un digitalizador de imágenes debe ser capaz de dividir una imagen en los elementos fundamentales de pintura o píxeles (del inglés picture element) y asignarles una dirección a cada uno; para medir el nivel de gris en cada píxel y cuantificar las medidas continuas que producen un conjunto de enteros, finalmente debe proveerse la capacidad de guardar ese conjunto en un dispositivo de almacenamiento, para lograr todo esto es necesario poseer cinco elementos:

- El primero de ellos se utiliza para un muestreo y control de apertura que acceda a un píxel individual, mientras ignora el resto de la imagen.
  - El segundo elemento es un mecanismo que recorra la imagen. El proceso consiste en mover el elemento de apertura sobre la imagen en un patrón predeterminado.
  - El tercer elemento es un sensor de luz (o algún sector del espectro electromagnético) que mida el brillo de la imagen a través del elemento de apertura. Comúnmente es un transductor que convierte la intensidad de luz en un voltaje eléctrico o corriente.
  - El cuarto elemento, un cuantificador, es un circuito llamado convertidor análogo-digital. Esta unidad produce un número proporcional al valor de entrada de voltaje o corriente.
  - El quinto elemento es el dispositivo de almacenamiento, los valores en la escala de grises deben ser guardados en un formato apropiado para su procesamiento posterior.
- 
- **Características de un digitalizador de imágenes.** Aunque los diferentes dispositivos difieren en los aparatos utilizados, pueden ser comparados por sus características más relevantes.
    - **Tamaño del píxel:** Dos características importantes son el tamaño del muestreo de apertura y el espacio entre los píxeles adyacentes. Si el digitalizador es colocado en un sistema óptico con un aumento variable, el tamaño de la muestra y el espacio de la imagen de entrada también será variable.
    - **Tamaño de la imagen:** Es importante la capacidad del instrumento para el tamaño de la imagen. La salida está dada por el número máximo de líneas y por el número de píxeles por línea.
    - **Medida local:** Una característica significativa de un digitalizador es el parámetro físico que realmente mide y cuantifica. El instrumento debe medir y cuantificar la transmisión o la densidad óptica, que son funciones de la cantidad de luz.

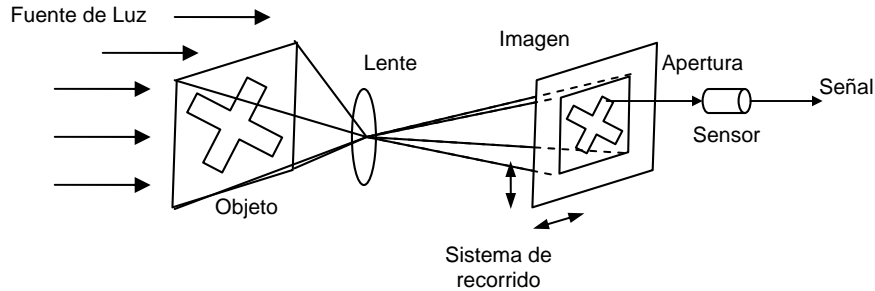
---

<sup>10</sup> CASTLEMAN, Op. Cit., p. 13-36.

- **Linearidad:** El nivel de gris de la imagen digital siempre debe ser proporcional a la cantidad de luz. En la actualidad, es común que se utilicen 256 niveles para representar el brillo de una imagen.
- **Ruido:** El ruido introducido por el digitalizador es una fuente de distorsión de la imagen y debe ser relativamente pequeño en contraste con la imagen.

• **Componentes de un sistema de digitalización de imágenes.** Un digitalizador de imágenes debe tener una fuente de luz, un sensor de luz y un sistema que recorra la imagen. La siguiente figura presenta los componentes básicos de un sistema de digitalización de imágenes.

Figura 7. Sistema de adquisición de imágenes.



Fuente: Ibid., pp. 15

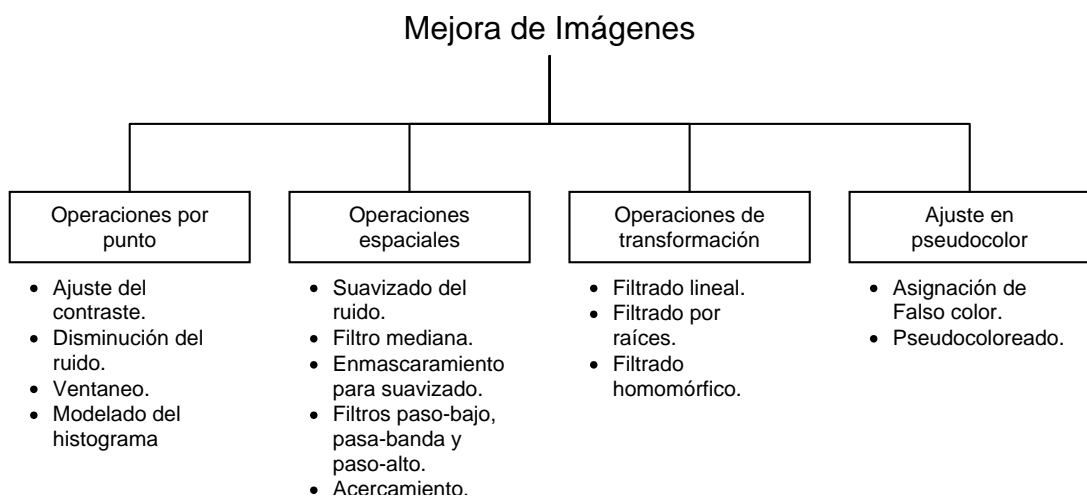
- **Fuentes de luz:** El sistema más común es la lámpara incandescente, se puede utilizar iluminando directamente la zona de interés, también reflejando la luz por medio de superficies o por medio de una iluminación posterior a la zona de interés. Este último es el sistema utilizado por microscopios. También se utilizan los rayos láser, su principal ventaja es lograr un rayo de luz delgado, intenso y coherente. Los diodos LED se han convertido en una fuente alternativa de luz, gracias a que convierten en mayor proporción la energía que consumen en luz.
- **Sensores de luz:** Los sensores de luz convierten la intensidad de luz que reciben en una señal eléctrica. Existen cinco tipos de sensores, de acuerdo con el fenómeno físico que utilizan: dispositivos fotoemisores, células fotovoltaicas, fotoconductores, sensores de silicio y dispositivos híbridos. Los primeros emiten electrones cuando son irradiados por luz, los segundos generan un potencial eléctrico, los terceros disminuyen su resistencia eléctrica, los cuartos aprovechan las propiedades de sensibilidad a la luz del cristal puro de silicio y finalmente se puede utilizar una combinación de estos sensores de acuerdo con el resultado esperado.

- **Sistema de recorrido:** Después de ser adquirida la imagen se necesita una técnica que recorra la imagen para ser visualizada. Aunque existen dispositivos mecánicos son poco usados, debido a su limitada velocidad de operación. Es usual encontrar técnicas como el desvío de electrones, lo cual se hace por medio de la atracción de éstos a un campo cargado positivamente, el ángulo de desviación depende de la velocidad del rayo de electrones y del potencial eléctrico entre el cátodo y el ánodo. También puede utilizarse un campo magnético transversal para producir el mismo efecto de desviación.

**1.4.2 Preprocesamiento.** El filtrado o preprocesamiento hace referencia a la atenuación, o realce, de las características de una imagen tales como los bordes, límites o el contraste para hacer que la visualización sea la apropiada. Este proceso no incrementa la información inherente contenida en los datos, pero sí aumenta el rango dinámico de las características de una imagen de tal manera que pueden ser fácilmente manipulables.

La mejora de imágenes incluye manipulación del contraste y los niveles de gris, reducción de ruido, suavizado o realce de bordes, filtrado, interpolación y aumento o ajustes en falso color. La dificultad en esta etapa es determinar el criterio para el ajuste, por lo que la mayoría de las técnicas de mejora son empíricas y requieren procedimientos interactivos para obtener resultados satisfactorios. En términos generales estos algoritmos pueden ser agrupados de acuerdo con la figura 8.

Figura 8. Clasificación de la mejora de imágenes.



Fuente: JAIN, Anil K. Fundamentals of Image Processing. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1989. p. 233.

Por efectos de la temática utilizada en el transcurso de la investigación, sólo se hará mención al preprocesamiento por Operaciones por punto y las Operaciones Espaciales.

- **Mejora por Operaciones por Punto.** Estos métodos de filtrado están dados por un nivel de gris  $u \in f(x,y)$  definido en el intervalo  $[0,L]$  que cambia al nivel de gris  $v \in g(x,y)$  en el intervalo  $[0,L]$ , de acuerdo con la siguiente transformación del nivel de gris:

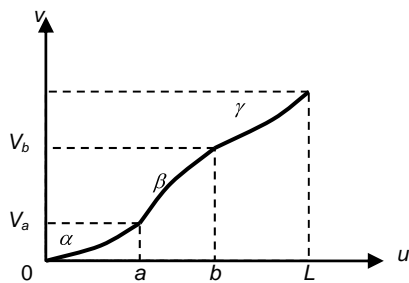
$$v = z(u) \quad (1.8)$$

Entre los más conocidos están el ajuste del contraste y el negativo de imágenes.<sup>11</sup> El ajuste del contraste se hace cuando una imagen ha sido sometida a condiciones de iluminación deficientes o no uniformes, o suele usarse si el rango dinámico en el sensor de adquisición es pequeño. Este filtrado está dado por la siguiente expresión.

$$v = \begin{cases} \alpha u, & 0 \leq u < a \\ \beta(u-a) + v_a, & a \leq u < b \\ \gamma(u-b) + v_b, & b \leq u < L \end{cases} \quad (1.9)$$

La siguiente figura muestra el resultado de aplicar este filtrado.

Figura 9. Función para el ajuste del contraste y su resultado



(a) Función para el ajuste del contraste



(b) Imagen original



(c) Imagen filtrada

<sup>11</sup> Ibid., p. 233-266.

El Negativo de imágenes es obtenido por el inverso en la escala de grises, de acuerdo con la siguiente transformación, la definición gráfica y su resultado están representados en la figura 10.

$$v = L - u \quad (1.10)$$

Figura 10. Negativo de imágenes y resultado.

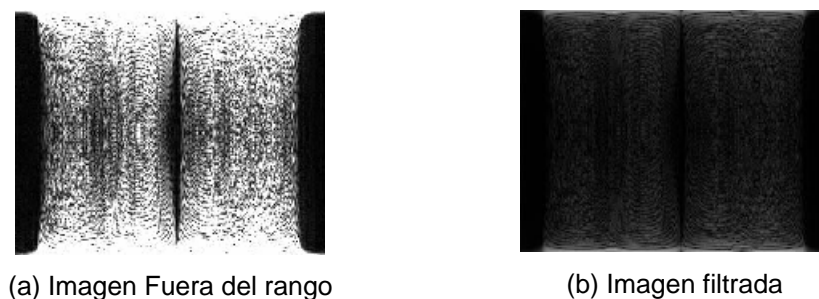


La compresión del rango dinámico se necesita cuando el dispositivo de visualización es excedido en su capacidad, de esta manera las partes más brillantes de la imagen se verán como zonas totalmente blancas. Una manera efectiva de comprimir el rango dinámico de una imagen lo da la siguiente transformación de intensidad:<sup>12</sup>

$$s = c * \log(1 + |r|) \quad (1.11)$$

Donde  $c$  es un factor de escala y la función logaritmo realiza la compresión deseada. La siguiente figura presenta el resultado de la operación.

Figura 11. Compresión del rango dinámico



<sup>12</sup> GONZÁLEZ, Rafael C, Op cit., p. 182-184.

- **Mejora por Operaciones Espaciales.** Este filtrado se hace con procedimientos que operan directamente sobre el dominio espacial de la imagen, o conjunto de píxeles. Las funciones pueden expresarse como:

$$g(x, y) = T[f(x, y)] \quad (1.12)$$

Donde  $f(x,y)$  es la imagen de entrada,  $g(x,y)$  es la imagen procesada y  $T$  es un operador cuyos coeficientes actúan sobre  $f$ , definido en algún entorno de  $(x,y)$ . La forma más simple de  $T$  corresponde a un entorno 1x1. En ese caso,  $g$  depende sólo del valor de  $f$  en el punto  $(x,y)$ , y  $T$  se convierte en una función  $z$  de transformación del nivel de gris.<sup>13</sup> Otra manera de definir el filtrado espacial es:

$$g(x, y) = \sum_{(k,l) \in W} a(k,l) f(x-k, y-l) \quad (1.13)$$

Donde  $a(k,l)$  son los coeficientes de la función  $T$  definido en el entorno  $W$ , delimitado por  $k$  y  $l$ .<sup>14</sup>

Los filtros son utilizados para atenuar o eliminar las componentes de altas frecuencias en el dominio de Fourier,<sup>15</sup> a la vez que dejan inalteradas las bajas frecuencias. Las componentes de alta frecuencia está directamente relacionadas con los bordes y los detalles muy marcados de la imagen, por ello el resultado de estos filtros, denominados paso bajo, es hacer más borrosa la imagen. De otra forma, los filtros pasa alto atenúan o eliminan las componentes de baja frecuencia, responsables de las características menos variables en la imagen, de esta manera se agudizan los bordes y los detalles finos.

Para el primer grupo, la forma de la respuesta de un impulso indica que ha de tener todos sus coeficientes positivos, ese es el caso del filtro cuyo resultado es el promedio del píxel con un entorno de  $n \times n$ . Pero una de las principales dificultades de ese filtro es que difumina los bordes y otros detalles de realce, en ese caso suele utilizarse el filtro mediana, que reemplaza el nivel de gris de cada píxel por la mediana de los niveles de gris en el entorno definido. La diferencia de estos filtrados en una imagen que se le agregado ruido en forma de impulsos se puede observar en la figura 12.

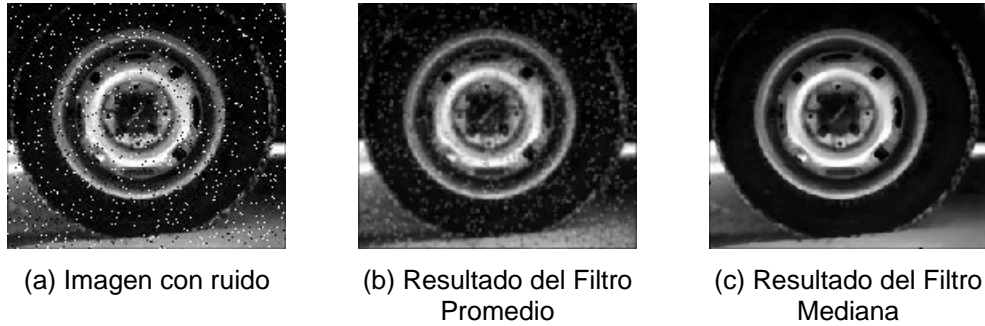
---

<sup>13</sup> Ibid., p. 204-218

<sup>14</sup> JAIN, Op cit, p. 244-249.

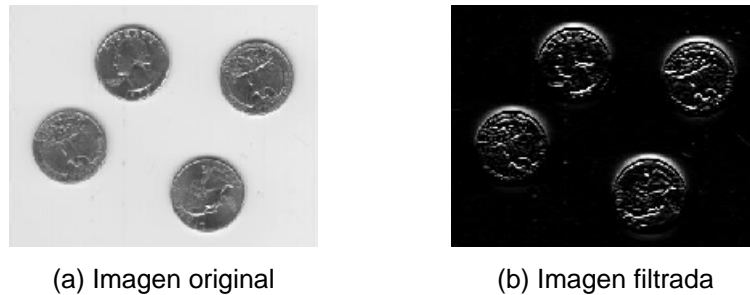
<sup>15</sup> GONZÁLEZ, Rafael C, Op ct., p. 90-138.

Figura 12. Filtrado pasa-bajo por operaciones espaciales



Para el segundo grupo, el perfil de la respuesta a un impulso indica que el filtro debe tener coeficientes positivos cerca de su centro y coeficientes negativos en la periferia. El grupo más conocido lo conforman los filtros diferenciales, que se basan en el gradiente de la imagen  $f$  en el punto  $(x,y)$ . La figura 13 presenta el resultado de este filtrado.

Figura 13. Filtrado pasa-alto por operaciones espaciales



**1.4.3 Segmentación.** Para entender este proceso, se considerará un objeto o una región como un conjunto de píxeles adyacentes, en forma horizontal, vertical o diagonal, que comparten características similares. En términos generales, en esta etapa se busca separar cada una de las regiones u objetos que componen la imagen. Por ejemplo, en imágenes celulares se dividen las regiones que conforman los núcleos y los citoplasmas, las cuales son aisladas del fondo.

Los algoritmos de segmentación pueden basarse en la discontinuidad o en la similitud de los píxeles; en el primer caso, las principales áreas de interés son la detección de puntos aislados y la detección de bordes y líneas, en el segundo es usual utilizar algoritmos como la umbralización o aquellos orientados a regiones

(crecimiento o división y fusión), dado que agrupan las píxeles de acuerdo con propiedades semejantes.<sup>16</sup>

- **Umbralización.** Es la técnica más común para la segmentación de imágenes, dado el bajo consumo de computación que requiere. Se basa en la suposición que los objetos producen regiones con niveles de luminosidad semejantes y al ser representados en un histograma mostrarán modas dominantes separadas por un nivel denominado umbral. Se tiene entonces que es una operación de la función T de la forma:

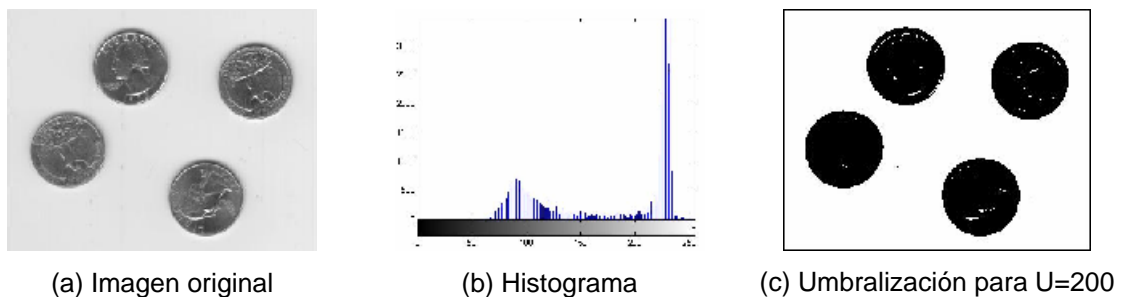
$$U = T[x, y, p(x, y), f(x, y)] \quad (1.14)$$

Donde  $f(x,y)$  es el nivel del punto  $(x,y)$ , y  $p(x,y)$  representa alguna propiedad local de este punto. Una imagen umbralizada  $g(x,y)$  se define como:

$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{si } f(x, y) > U \\ 0 & \text{si } f(x, y) \leq U \end{cases} \quad (1.15)$$

La figura 14 presenta una imagen modelo, su histograma y el resultado de aplicar el método de umbralización.

Figura 14. Segmentación por umbralización



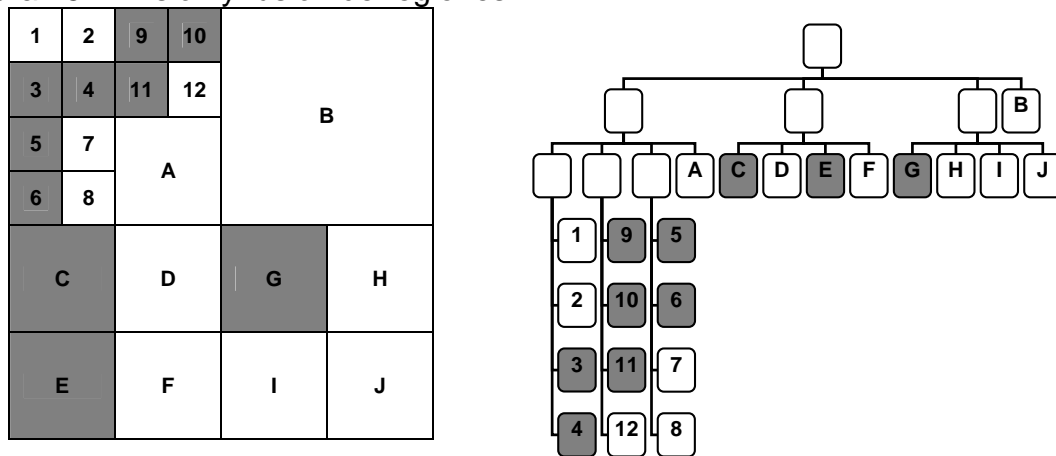
- **División y fusión de regiones.** Es un método que consiste en dividir la imagen en regiones uniformes, como lo muestra la figura 15. El algoritmo comienza con la hipótesis que la imagen completa es una sola región, entonces analiza la homogeneidad de la misma (mediante algún cierto criterio soportado en las propiedades de la región). Si existe homogeneidad, la región se encuentra ya segmentada; si no es así, entonces la región es dividida en cuatro regiones

<sup>16</sup> GONZÁLEZ, Rafael C. Op cit., p. 468. 478-494.

adicionales. Este proceso se repite para cada una de las regiones generadas hasta que la división no puede llevarse a cabo.

Luego de dividir la imagen, se comprueba si cada región generada se puede unir con una región adyacente (se evalúa nuevamente si satisface el criterio de homogeneidad establecido). El proceso termina cuando no se pueden fusionar más regiones.<sup>17</sup>

Figura 15. División y fusión de regiones



Fuente: Ibid.

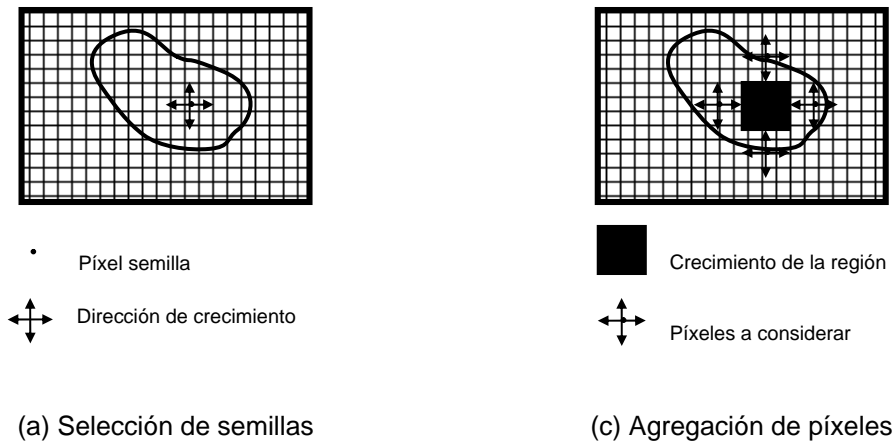
- **Crecimiento de regiones.** Es un método de segmentación que utiliza un principio opuesto a la división y fusión. En la figura 16 se observa el resultado de este método, donde las regiones crecen mediante agregación de píxeles similares en valor, respecto a una propiedad de homogeneidad que se utilice para realizar la segmentación.

Este algoritmo inicia con la selección de un conjunto de puntos semilla en la imagen. Estos puntos semillas servirán como puntos de comienzo del proceso de crecimiento de las regiones, con lo cual, el número máximo de regiones finales es igual al número de semillas seleccionadas (aunque llegará a ser menor si dos regiones se unen para formar una sola).

<sup>17</sup> GONZÁLEZ PENEDO, Manuel. Visión Artificial. Documento en línea. Unversidade da Coruña. Fecha de consulta: Febrero de 2006. URL: <http://www.lfcia.org/~cipenedo/cursos/lp/inicio2.html>.

Para realizar la agregación de píxeles similares será necesario definir el concepto de similaridad, que puede no ser el mismo para todas las aplicaciones. Posibles criterios, ya utilizados en algoritmos desarrollados, son la diferencia entre el valor del píxel a agregar y el valor de la semilla, o que el valor medio de la región ya formada sea menor que un cierto umbral predeterminado.<sup>18</sup>

Figura 16. Crecimiento de regiones.



Fuente: GONZÁLEZ PENEDO, Manuel. Op. cit.

El comienzo con un píxel semilla permite que esa región crezca completamente; sin embargo, antes de tratar otras semillas se deben tener en cuenta varios aspectos:

- En el crecimiento de regiones dominantes las ambigüedades respecto a los bordes de regiones adyacentes pueden no ser resueltas correctamente.
- La elección de diferentes puntos semilla puede dar lugar a diferentes segmentaciones.
- Pueden surgir problemas si un píxel semilla elegido aleatoriamente pertenece a un borde.

Para tratar de resolver estos problemas, se han desarrollado técnicas de crecimiento de regiones de forma simultánea:

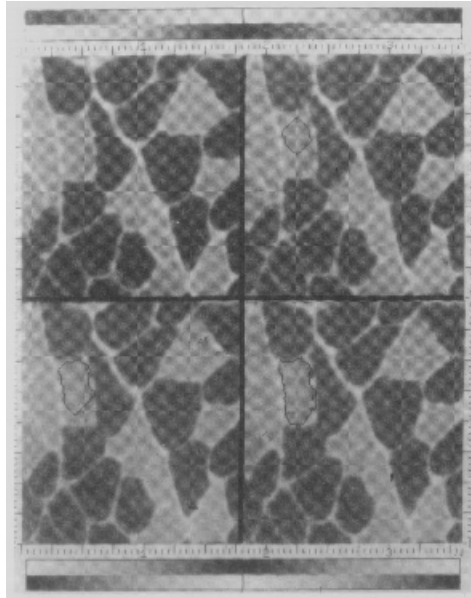
- No se permite que una única región domine completamente el proceso.

<sup>18</sup> ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIERÍA INFORMÁTICA, Cursos de formación on-line. Procesamiento de Imágenes Digitales. Universidad de Sevilla. Fecha de consulta: Febrero de 2006. URL: <http://www.sav.us.es/formaciononline/asignaturas/asigpid/>.

- Un cierto número de regiones crecen al mismo tiempo. (regiones similares, presentan un mismo comportamiento en su crecimiento).

La siguiente figura presenta el resultado de la aplicación del algoritmo de crecimiento de regiones.

Figura 17. Resultado del algoritmo de crecimiento de regiones.



Fuente: CASTLEMAN, Op. cit. p. 469

**1.4.4 Descripción.** Una vez que han sido separados los objetos de la imagen, es necesario representarlos y describirlos mediante el uso de ecuaciones y modelos matemáticos, con el propósito de encontrar las propiedades que los identifiquen. Existen dos posibilidades para describir las regiones, en términos de sus características externas relacionadas con la forma (contornos y bordes) o por medio de los píxeles que comprenden el interior del objeto (texturas).

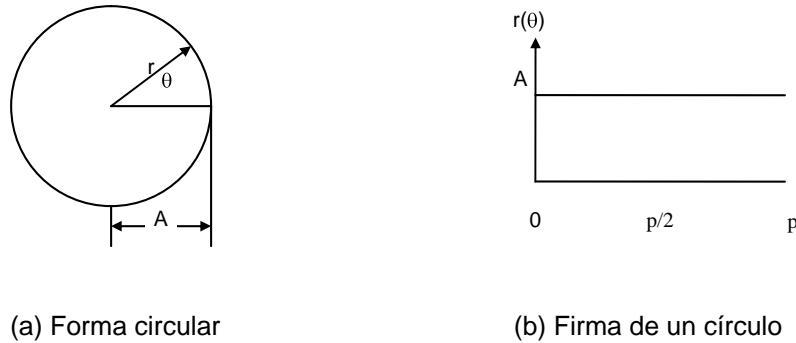
- **Descriptores de forma.** Es frecuente que algunos objetos puedan ser diferenciados de otros por su forma, la cual puede ser usada independientemente o en combinación con medidas relacionadas con el tamaño. Una medida muy común para la descripción de la forma es la circularidad, definida de la siguiente manera:

$$C = \frac{P^2}{A} \quad (1.16)$$

Es decir, es la relación entre el cuadrado del perímetro, distancia entre los píxeles del contorno, y el área, número de píxeles dentro del objeto. Esta medida toma el valor de  $4p$  para una figura de forma circular.<sup>19</sup>

Otro descriptor utilizado ampliamente en la representación de formas es la firma, y consiste en una representación unidimensional del contorno. El método más usual para determinar la firma es la distancia desde el centroide al contorno como una función del ángulo. La figura 18 muestra una forma geométrica con su respectiva firma<sup>20</sup>

Figura 18. Representación de firmas



De acuerdo con lo anterior, la firma puede ser expresada entonces como:

$$r = \sqrt{(c_{ix} - b_{ix})^2 + (c_{iy} - b_{iy})^2} \quad (1.17)$$

Donde  $c$  es la posición centroide y  $b$  es la posición de un píxel del borde.

- **Descriptores de textura.** Esta propiedad de las regiones hace referencia a un atributo que representa el orden o las características espaciales de un objeto, y se busca obtener un valor que cuantifique las variaciones en los niveles de la imagen. Se espera que este descriptor sea independiente de la posición, orientación, tamaño, forma, y el nivel promedio del objeto.

Un descriptor utilizado para la representación de texturas es la entropía, definida por la ecuación 1.18.

<sup>19</sup> Ibid., p. 492.

<sup>20</sup> GONZÁLEZ, Rafael C. Op. cit. p. 529-530.

$$entropía = -\sum_{i=0}^{255} p * \log(p) \quad (1.18)$$

Donde,  $p$  es el valor del histograma para el nivel  $i \in [0,255]$ .<sup>21</sup>

También se cuenta con la matriz de co-ocurrencia, que se ha convertido en un modelo bastante útil en la representación de texturas construyéndose a partir de las veces que dos niveles ocurren en una distancia determinada, así: supóngase que se establece una dirección (horizontal, vertical, etc.) y una distancia (un píxel, dos píxeles, etc.) en una imagen; entonces el elemento  $i,j$  de la matriz de co-ocurrencia  $P$  es el número de veces, dividido por  $M$ , que el nivel  $i$  y  $j$  ocurren en dos píxeles separados por la distancia y la dirección seleccionada, donde  $M$  es el número total de pares de píxeles posibles. La matriz  $P$  es de tamaño  $N \times N$ , para una imagen de  $N$  niveles.<sup>22</sup>

Debido a que el número total de pares de píxeles  $M$  es menor al número de píxeles del objeto, y disminuye si se incrementa la distancia, es usual reducir el número de niveles de 256 a 8, para el cálculo de la matriz de co-ocurrencia.<sup>23</sup> Una vez determinada la matriz, se calculan los respectivos descriptores a partir de las siguientes ecuaciones:

$$contraste = \sum_{i,j=0}^{N-1} |i - j|^2 p(i, j) \quad (1.19)$$

Donde  $p(i,j)$  es la probabilidad de co-ocurrencia de los valores  $i,j$  para un distancia dada y  $N$  es el tamaño de la matriz. El contraste es cero para una textura homogénea y un valor alto en caso contrario.

$$correlación = \sum_{i,j=0}^{N-1} \frac{(i - \mu_i)(j - \mu_j)p(i, j)}{\sigma_i \sigma_j} \quad (1.20)$$

El rango de la correlación se encuentra en el intervalo  $[-1,1]$ . Indica como se encuentra un píxel respecto a toda la región y existen dos consideraciones importantes: un objeto tiene mas alta correlación dentro de él que entre objetos

<sup>21</sup> THE MATHWORKS. Image Processing Toolbox for Use with Matlab. Natick: The Mathworks Inc. 2006. 1132 p.

<sup>22</sup> PRESUTTI, Miriam. La Matriz de Co-Ocurrencia en la Clasificación Multiespectral: Tutorial para la Enseñanza de Medidas Texturales en Cursos de Grado Universitario. En : Jornada de Educação em Sensoriamento Remoto no Âmbito do Mercosul (4 : 2004 : São Leopoldo, Brasil).

<sup>23</sup> CASTLEMAN, Op. cit. p. 500.

adyacentes y los píxeles cercanos están mas correlacionados entre sí que los píxeles mas distantes.

$$energía = \sum_{i,j=0}^{N-1} p(i, j)^2 \quad (1.21)$$

La energía es una medida de la homogeneidad local, se encuentra en el intervalo  $[0,1]$ , y llega a su máximo valor para las regiones homogéneas.

$$homogeneidad = \sum_{i,j=0}^{N-1} \frac{p(i, j)}{1 + |i - j|} \quad (1.22)$$

Esta medida es alta cuando la matriz de co-ocurrencia se concentra a lo largo de la diagonal. Esto ocurre cuando la imagen es localmente homogénea de acuerdo al tamaño de la ventana y posee un comportamiento similar a la energía.

- **Descriptores estadísticos.** Debido a su generalidad, estos últimos pueden ser utilizados tanto para la representación de contornos, como para las regiones. Se recurre a la estadística descriptiva gracias a que sencillos modelos, como el promedio, ecuación 1.23; la desviación estándar, ecuación 1.24; la varianza, cuadrado de la desviación estándar; o la mediana, logran representar algunas características significativas de los objetos.<sup>24</sup> Las ecuaciones aplicables son las siguientes:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (1.23)$$

$$\sigma = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \quad (1.24)$$

**1.4.5 Interpretación y Reconocimiento.** Para desarrollar un sistema que clasifique objetos de diferentes tipos, primero se deben decidir las medidas sobre las cuales se sustentará su funcionamiento. La selección adecuada de estas características es importante, puesto que se podrá determinar un patrón específico para cada clase o soportará adecuadamente la toma de decisiones.

---

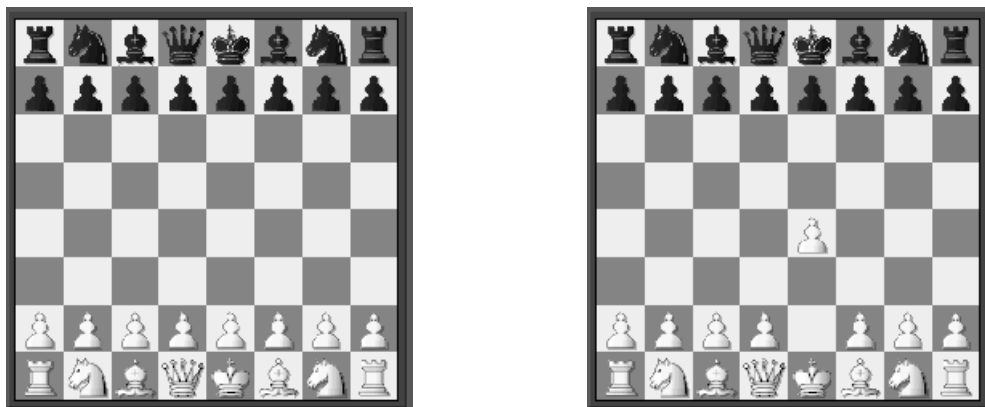
<sup>24</sup> THE MATHWORKS. Matlab: The Language of Technical Computing. Function Reference. Natick: The Mathworks Inc. 2004. 3 v.

Un método de clasificación puede ser implementado a través de un razonamiento basado en reglas, donde se tiene una representación del conocimiento de forma procedimental, esto es que la información de control necesaria para utilizar el conocimiento se encuentra inmersa en el propio conocimiento. Un razonamiento de esta forma define las posibles vías de ejecución de un problema de una forma parecida a como las instrucciones tradicionales de control, el caso de *if-then-else*, definen los caminos de ejecución de los programas tradicionales.<sup>25</sup>

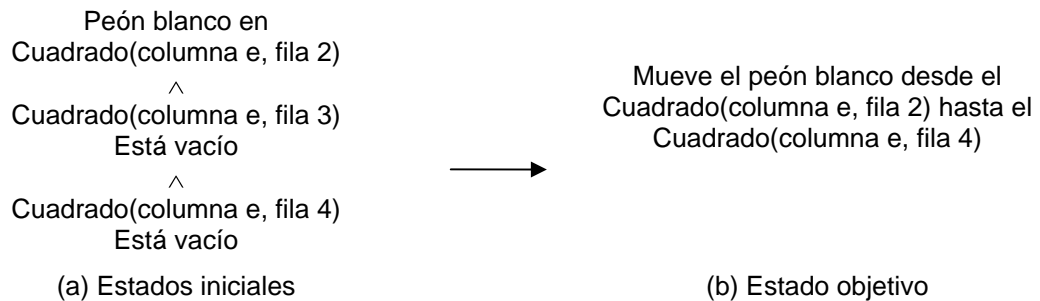
Por medio de las reglas se busca descubrir un camino a través del espacio problema que parte de un estado inicial y finaliza en un estado objetivo, para lo cual existen dos direcciones hacia las que se puede dirigir la búsqueda: hacia delante, a partir de los estados iniciales, y hacia atrás partiendo del estado objetivo. En el razonamiento hacia delante se comienza por construir un árbol de secuencias que pueden presentarse como soluciones, cada nivel se va creando con cada nodo que se haya generado aplicando todas las reglas hasta que se llegue a un estado objetivo. Este sistema de reglas es conveniente cuando se desea incorporar la información que se obtiene de una forma iterativa y se responde a determinadas configuraciones de entrada.

Para el razonamiento hacia atrás se construye un árbol de secuencias de movimientos que ofrezcan soluciones empezando en el estado objetivo como la raíz del árbol, cada nivel será generado a partir de las reglas que se cumplen para el objetivo y se continuará hasta que se llegue a la información obtenida. Este sistema de reglas es muy eficaz para la solución de problemas dirigidos hacia una meta. La siguiente figura presenta un conjunto de reglas que describe el movimiento de una ficha de ajedrez.

Figura 19. Encadenamiento de reglas.



<sup>25</sup> RICH, Elaine y KNIGHT. Kevin. Inteligencia Artificial. 2 ed. Madrid: McGraw Hill, 1994. p. 187-208.



Fuente: Ibid.

Otro Modelo que ha sido utilizado ampliamente en la solución de problemas de procesamiento de imágenes es el que ofrecen las Redes Neuronales Artificiales (RNA), con el propósito de apoyar la toma de decisiones, aplicándose principalmente en: control y modelado de procesos, percepción, diagnóstico médico, clasificación y reconocimiento de patrones; siendo esta última la aplicación más desarrollada.

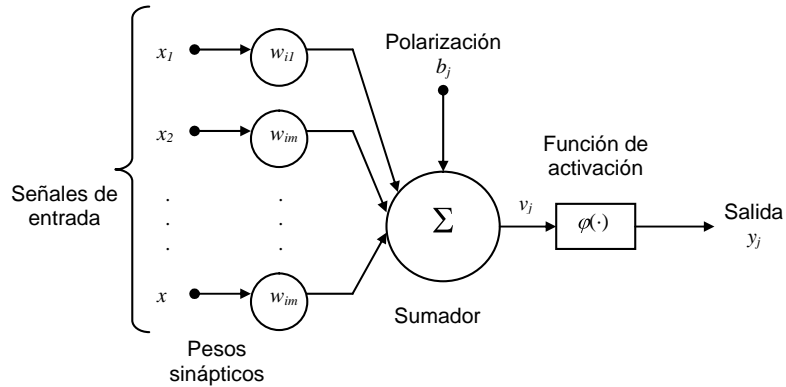
Una RNA, conocida simplemente como Red Neuronal, es un procesador (hardware o software) diseñado para modelar la forma en la cual se supone el cerebro realiza una tarea en particular o una función de interés. La principal ventaja de una red neuronal, respecto a otros modelos de decisión, es que permite resolver problemas no lineales. También, poseen la capacidad de aprender por medio de ejemplos, lo cual se conoce como entrenamiento, que puede ser supervisado (situaciones con una respuesta conocida) o no supervisado (no se conoce la respuesta del sistema); otra característica importante de una red neuronal es que se adapta a situaciones no aprendidas.

Una neurona artificial es la unidad fundamental de una red neuronal y básicamente el proceso de entrenamiento consiste en ajustar sus pesos sinápticos para lograr la salida deseada. La figura 20 presenta el modelo de una neurona, en la cual se pueden encontrar tres elementos básicos.<sup>26</sup>

- Un conjunto de sinapsis, el cual está caracterizado por sus pesos. La señal de entrada  $x_i$  es multiplicada por el peso sináptico  $w_{ij}$ .
- Un sumador para las señales de entrada.
- Una función de activación que limita la amplitud de la salida de la neurona.

<sup>26</sup> HAYKIN, Simon. Neural Networks: A Comprehensive Foundation. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 1999. p. 1-15

Figura 20. Modelo no lineal de una neurona artificial



Fuente: Ibid.

Este modelo neuronal incluye también una polarización externa, indicada por  $b_j$ ; ésta tiene el efecto de incrementar o decrecer la entrada a la función de activación, si ésta última es positiva o negativa, respectivamente. En términos matemáticos, se puede describir la neurona  $j$  con el siguiente par de ecuaciones:

$$u_i = \sum_{j=1}^m w_{ij} x_j \quad (1.25)$$

$$y_i = \phi(u_i + b_i) \quad (1.26)$$

Donde  $x_1, x_2, \dots, x_m$  son las señales de entrada;  $w_{11}, w_{12}, \dots, w_{1m}$  son los pesos sinápticos de la neurona;  $u_i$  es la salida de la unión lineal debido a la señal de entrada;  $b_i$  es la polarización;  $\phi(\cdot)$  es la función de activación; y  $y_i$  es la señal de salida de la neurona. El uso de la polarización  $b_i$  tiene el efecto de atribuir valores finitos a cantidades finitas de la salida  $u_i$  de la unión lineal, está dado por:

$$v_i = u_i + b_i \quad (1.27)$$

La polarización  $b_i$  es un parámetro externo de la neurona artificial. Por equivalencia, se puede formular la combinación de las ecuaciones (1.25) y (1.27) de la siguiente manera:

$$v_i = \sum_{j=0}^m w_{ij} x_j \quad (1.28)$$

$$y_i = \phi(v_i) \quad (1.29)$$

En la ecuación (1.28) se ha agregado una nueva sinapsis. Su entrada es:

$$x_0 = +1 \quad (1.30)$$

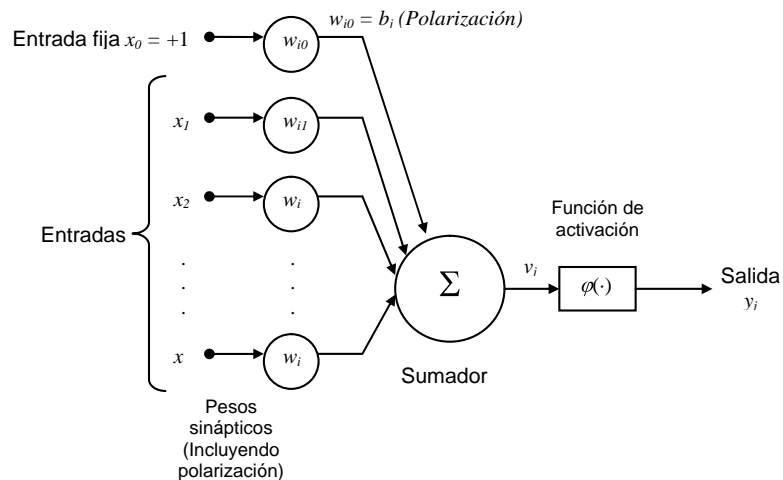
y su peso es:

$$w_{k0} = b_k \quad (1.31)$$

Por consiguiente se puede reformular el modelo de neurona  $i$  de la figura 19.

En este nuevo modelo, figura 21, el efecto de la polarización se puede tomar de dos maneras: agregar una nueva señal de entrada fija en  $+1$ , o agregar un nuevo peso sináptico igual a la polarización  $b_i$ . Aunque los modelos de la figura 3 y 4 son diferentes en apariencia, son matemáticamente equivalentes. La entrada fija, o polarización puede ser omitida de acuerdo con el criterio del diseño y la respuesta esperada.

Figura 21. Modelo modificado de neurona



Fuente: Ibid.

La función de activación designada por  $\phi(\cdot)$ , define la salida de la neurona en términos del campo local inducido  $v$ . Se pueden identificar tres tipos básicos de funciones de activación:

- **Función Umbral.** Para esta función, presentada en la figura 22.a se tiene:

$$\varphi(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \geq 0 \\ 0 & \text{si } v < 0 \end{cases} \quad (1.32)$$

- **Función lineal a trazos.** Para esta función, presentada en la figura 22.b se tiene:

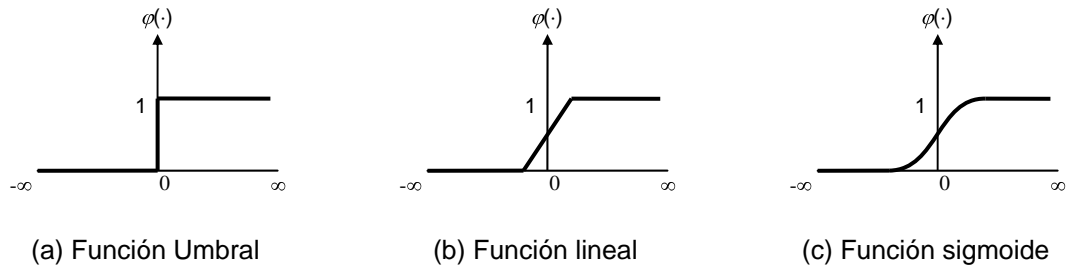
$$\varphi(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \geq +\frac{1}{2} \\ v + \frac{1}{2} & \text{si } +\frac{1}{2} > v > -\frac{1}{2} \\ 0 & \text{si } v \leq -\frac{1}{2} \end{cases} \quad (1.33)$$

- **Función sigmoideal.** Es la función de activación más común, presentada en la figura 22.c. Un ejemplo de ésta es la función logística:

$$\varphi(v) = \frac{1}{1 + e^{-av}} \quad (1.34)$$

Donde  $a$  es el parámetro de inclinación de la función sigmoideal.

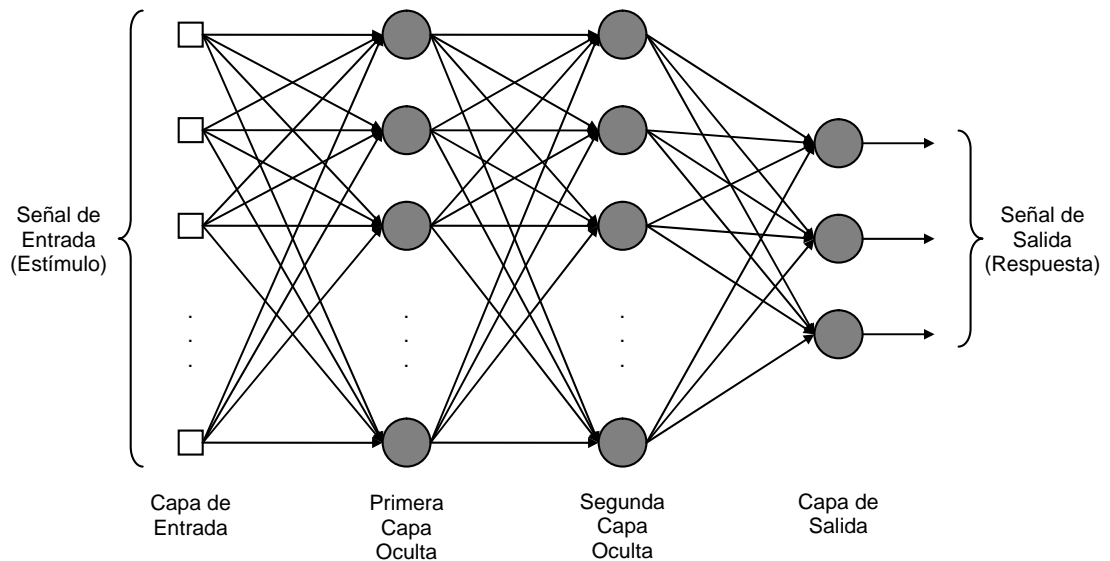
Figura 22. Funciones de activación más comunes



La red neuronal más simple es el perceptrón, desarrollada en la década de los 50 por Roseblat, y consistía una sola neurona que realizaba reconocimiento de patrones para dos clases. Sin embargo, su desempeño para resolver la compuerta XOR provocó un rechazo a este modelo. Luego, se ideó un modelo de red que consistía en un conjunto de nodos primarios, constituyendo la capa de entrada; luego se agregaron dos o más capas con nodos de computación; y finalmente una capa de salida conformada por otro conjunto de nodos. La señal de entrada se propagaba a través de red capa por capa, la novedad de este modelo consistió en que cada nodo estaba conformado por un perceptrón, de ahí que se denominara

perceptrón multicapa. La siguiente figura presenta la arquitectura de esta rna con dos capas ocultas.

Figura 23. Arquitectura de una RNA perceptrón multicapa



Fuente: Ibid, p. 159.

Este modelo de RNA ha sido utilizado con gran desempeño para resolver diferentes problemas de clasificación y reconocimiento de patrones. Su aprendizaje se hace por medio de ejemplos (supervisado) y por el algoritmo conocido como back-propagation, basado en la regla de corrección del error por la mínima media cuadrada (LMS). El algoritmo de aprendizaje back-propagation, utilizado para el entrenamiento de un perceptrón multicapa, itera cada uno de los  $N$  ejemplos dados por  $x(n)$  con una respuesta esperada  $d(n)$ , a través de cuatro fases.<sup>27</sup>

- **Inicialización.** El primer paso es asumir que no se dispone de información a priori, de esta manera se asigna a los pesos sinápticos y los umbrales de polarización los valores de una distribución uniforme con media igual a cero y varianza determinada de tal manera que la desviación estándar del campo local inducido de la neurona se encuentre situada en la transición entre la parte lineal y la saturada de la función de activación sigmoideal.
- **Presentación de ejemplos.** Se realiza la primera iteración para cada ejemplo del conjunto y se efectúa el cálculo hacia delante y hacia atrás respectivamente.

<sup>27</sup> Ibid. 117 – 178.

- **Cálculo hacia delante.** Con el ejemplo de entrenamiento en una iteración dada y representado por  $(x(n), d(n))$ , para el vector de entrada  $x(n)$  aplicado en la capa de entrada y la respuesta deseada  $d(n)$  presentada en la capa de salida. Se calculan los campos locales inducidos y las salidas de, avanzando hacia delante capa por capa de la red. El campo local inducido  $v_j^{(l)}(n)$  para la neurona  $j$  de la capa  $l$  es:

$$v_j^{(l)}(n) = \sum_{i=0}^{m_0} w_{ji}^{(l)}(n) y_i^{(l-1)}(n) \quad (1.35)$$

Donde  $y_j^{(l-1)}(n)$  es la señal de salida (función de activación) de la neurona  $i$  en la capa anterior  $l-1$  en la iteración  $n$  y  $w_{ji}^{(l)}(n)$  es el peso sináptico de la neurona  $j$  en la capa  $l$  que recibe la salida de la neurona  $i$  de la capa  $l-1$ . Para  $i=0$ , se tiene  $y_0^{(l-1)}(n)=+1$  y  $w_{j0}^{(l)}(n)=b_j^{(l)}(n)$  es la polarización aplicada a la neurona  $j$  en la capa  $l$ . Para una función sigmoide, la señal de salida de esta neurona es:

$$y_j^{(l)} = \varphi_j(v_j^{(l)}(n)) \quad (1.36)$$

Si la neurona  $j$  está en la primera capa oculta se tiene:

$$y_j^{(0)} = x_j(n) \quad (1.37)$$

Donde  $x_j(n)$  es el  $j$ -ésimo elemento del vector de entrada  $x(n)$ . Si la neurona  $j$  está en la capa de salida ( $l=L$ , profundidad de la red) se tiene:

$$y_j^{(L)} = o_j(n) \quad (1.38)$$

Luego, se calcula el error de la señal de salida:

$$e_j(n) = d_j(n) - o_j(n) \quad (1.39)$$

Donde  $d_j(n)$  es el  $j$ -ésimo elemento del vector de salida deseada  $d(n)$

- **Cálculo hacia atrás.** A continuación, se calcula  $\delta s$  (por ejemplo el gradiente local) de la red, definido por:

$$\delta_j^{(l)}(n) = \begin{cases} e_j^{(L)}(n) \varphi_j'(v_j^{(L)}(n)) & \text{para } n_j^L \\ \varphi_j'(v_j^{(l)}(n)) \sum_k \delta_k^{(l+1)}(n) w_{kj}^{(l+1)}(n) & \text{para } n_j^l \end{cases} \quad (1.40)$$

Donde  $\varphi_j'(\cdot)$  representa la derivada respecto al argumento. Se ajustan los pesos sinápticos de la red en la capa  $l$ , de acuerdo con la regla generalizada de delta:

$$w_{ji}^{(l)}(n+1) = w_{ji}^{(l)}(n) + \alpha [w_{ji}^{(l)}(n-1)] + \eta \delta_j^{(l)}(n) y_i^{(l-1)}(n) \quad (1.41)$$

Siendo  $\eta$  es el parámetro de la tasa de aprendizaje y  $\alpha$  el momento constante.

- **Iteración.** Se itera nuevamente hacia delante y hacia atrás hasta que se obtenga la convergencia de la red.

Durante el entrenamiento se recomienda que el orden de los ejemplos sea aleatorio entre iteración e iteración. Los parámetros para el momento y la tasa de aprendizaje son ajustados a medida que el número de iteraciones aumenta.

## 1.5 MORFOLOGÍA MATEMÁTICA

Un apartado especial merece la morfología matemática, debido a su amplia utilidad en el procesamiento de imágenes y gracias a que se pueden diseñar filtros, construir algoritmos de segmentación o representar descriptores a partir de su aplicación. Su base se encuentra en la teoría de conjuntos y en las operaciones del álgebra de Minkowski.<sup>28</sup>

El lenguaje utilizado representa las formas que se manifiestan sobre imágenes binarias imágenes o en escala de grises. Un componente importante en cada una de las operaciones es el elemento estructurante, compuesto por una pequeña vecindad que indica la forma y su centro corresponde al píxel de la imagen a operar. Los elementos estructurantes son construidos a partir de matrices binarias, donde los unos representan la vecindad.

**1.5.1 Operaciones básicas.** Sean la imagen y el elemento estructurante representados por los conjuntos  $A$  y  $B$  respectivamente. Las operaciones básicas en morfología matemática son la erosión y la dilatación, de las cuales surgen todas las operaciones morfológicas.<sup>29</sup>

---

<sup>28</sup> GIARDINA, Charles R. y DOUGHERTY, Edward R. Morphological Methods in Image and Signal Processing. Englewood Hills: Prentice Hall, 1988. p. 8-32.

<sup>29</sup> GONZÁLEZ, Rafael C. Op. cit. p. 561-565

- **Erosión.** Definida como:

$$A \ominus B = \{x \mid (\hat{B})_x \subseteq A\} \quad (1.42)$$

Esta operación indica que todos los componentes de la vecindad del elemento estructurante  $B$ , reflejado con el origen, se encuentran contenidos en la imagen binaria  $A$ . Otra definición de esta operación, utilizada principalmente para morfología en escala de grises, toma como resultado el máximo valor de la vecindad conformada por el elemento estructurante  $B$  en la imagen  $A$ .<sup>30</sup>

- **Dilatación.** Definida como:

$$A \oplus B = \{x \mid (\hat{B})_x \cap A \neq \emptyset\} \quad (1.43)$$

El resultado de esta operación tiene en cuenta que al menos uno de los componentes del elemento estructurante  $B$ , reflejado con el origen, se encuentra contenido en la imagen binaria  $A$ . La definición auxiliar de esta operación para imágenes en escala de grises toma el valor máximo.

**1.5.1 Operaciones complementarias.** A partir de la erosión y la dilatación pueden desarrollarse la apertura y el cierre<sup>31</sup>, que a su vez soportan las operaciones de top-hat y bottom-hat.<sup>32</sup>

- **Apertura.** Definida como:

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B \quad (1.44)$$

En esta operación se aplica primero una erosión y luego una dilatación. En imágenes binarias es útil para separar objetos unidos.

---

<sup>30</sup> THE MATHWORKS. Op. cit.

<sup>31</sup> DOUGHERTY, Edward R. y LOCE, Robert P. Efficient Design Strategies for the Optimal Binary Digital Morphological Filter: Probabilities, Constraints, and Structuring-Element Libraries. En : DOUGHERTY, Edward R. Mathematical Morphology in Image Processing. New York : Marcel Decker, 1993. p. 43-92.

<sup>32</sup> HANBURY, Allan. Mathematical Morphology: from Erosion to Watersheds. En : 11th Summer School on Image Processing (SSIP), West University of Timisoara, Romania, 2003.

- **Cierre.** Definida como:

$$A \bullet B = (A \oplus B) \ominus B \quad (1.44)$$

Como se puede observar, es la operación contraria a la apertura, Permite llenar huecos en los objetos de imágenes binarias.

- **Top-Hat.** Definida como:

$$\rho(A) = A - A \circ B \quad (1.45)$$

Es el resultado de la resta de la imagen con la apertura. Sirve para extraer las componentes positivas.

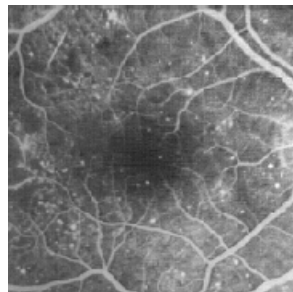
- **Bottom-Hat.** Definida como:

$$\rho(A) = A \bullet B - A \quad (1.46)$$

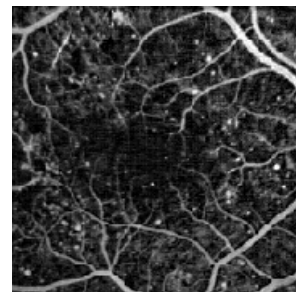
Es el resultado de la resta del cierre con la imagen. Sirve para extraer las componentes negativas.

El uso complementario de Top-Hat y Bottom-Hat permite mejorar el contraste en la imágenes, remover objetos más grandes que el elemento estructurante y remover la tendencia a bajos niveles. La figura 24 presenta la aplicación de la operación Top-hat con un elemento estructurante de forma hexagonal y tamaño 10.

Figura 24. Aplicación de Morfología Matemática: Top-Hat



(a) Imagen Original



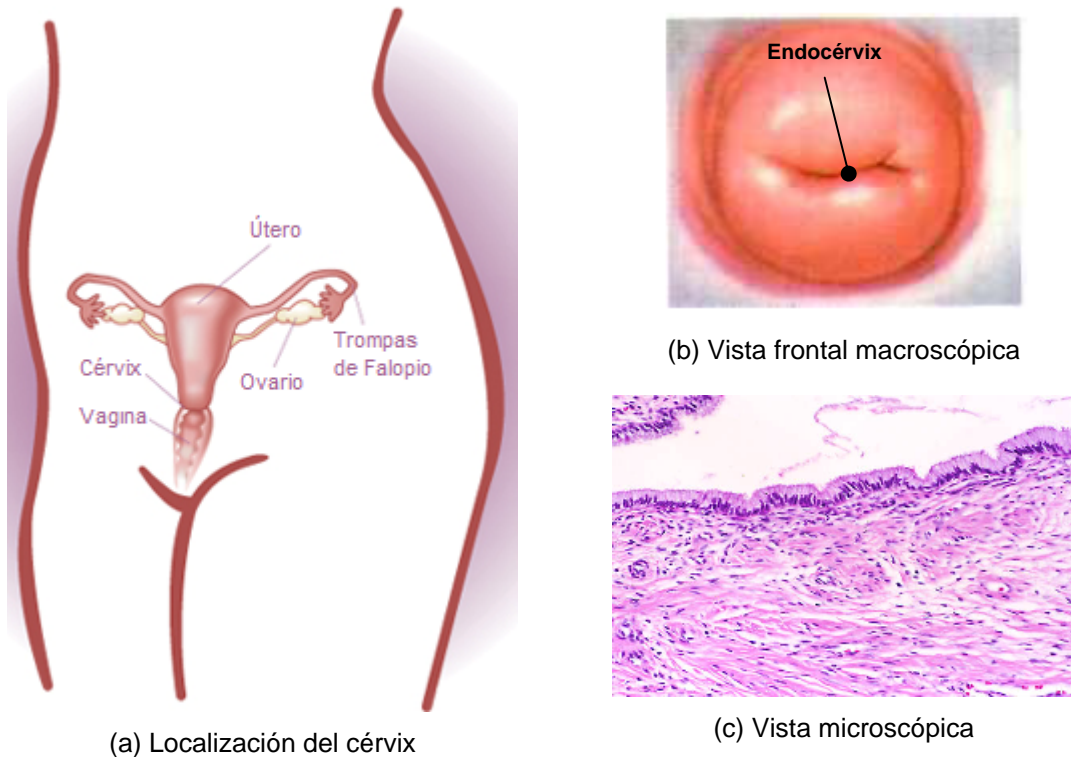
(b) Resultado de aplicar Top-Hat

Fuente: Ibid.

## 1.6 EL ENDOCÉRVIX

Esta porción del cuello uterino comunica el endometrio con el exocérnix y tiene dos funciones principales: una de tipo esfinteriano, se relaja por la influencia de los estrógenos y se contrae por acción de la progesterona, y la otra función es actuar como barrera protectora ante las bacterias que provienen de la vagina, acción que desempeña el moco cervical.<sup>33</sup>

Figura 25. El Endocérnix



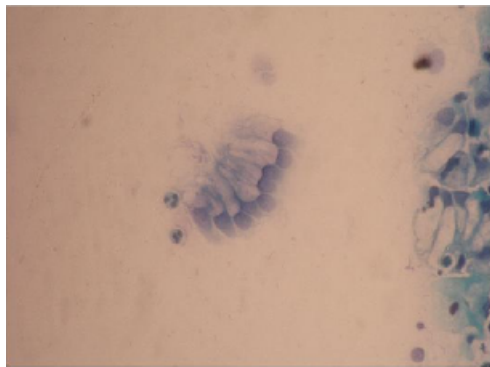
Fuentes: (a) MERCK & co. Test For HPV to help detect abnormal cells <http://hvp.com/what-to-do/test-for-hpv.html>.  
(b) INSTITUTO NACIONAL DE CANCEROLOGÍA. Salud Mujer. Guía para la detección precoz y el control del cáncer de cuello uterino. INC. 1997.  
(c) HALE, Laura P. Introduction to Systemic Histology. <http://pathology.mc.duke.edu/research/PTH225.html>

**1.6.1 Células Endocervicales.** El canal endocervical está formado por una sola capa de células columnares, a menudo con apariencia pseudoestratificada; la superficie presenta una forma irregular con apariencia de glándulas.

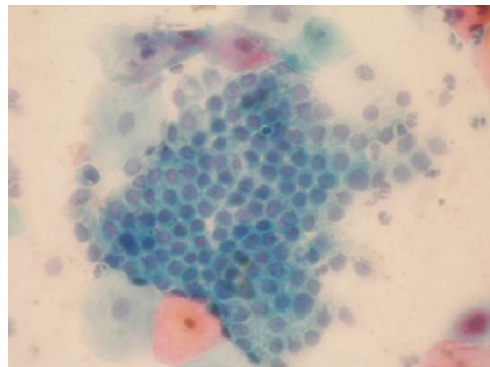
<sup>33</sup> LLINÁS ARDILA, Julio M., El Endocérnix: Un Nuevo Órgano. En: [http://www.medilegis.com/bancoconocimiento/T/Tribuna102n2invitado/art\\_invitado.htm](http://www.medilegis.com/bancoconocimiento/T/Tribuna102n2invitado/art_invitado.htm). Noviembre 1 de 2005.

En un extendido normal, las células endocervicales son grandes, con un citoplasma finamente vacuolado y suavemente cianofílico. Se distribuyen en hileras o en forma de sábanas, estas últimas crean una configuración conocida como panal de abejas. Pueden aparecer células ciliadas. El núcleo, localizado basalmente, es redondo u oval, de tamaño variable, con cromatina uniformemente distribuida y finamente granular, uno o dos nucleolos pueden ser observados.<sup>34</sup> La figura 26 muestra las agrupaciones típicas de células endocervicales.

Figura 26. Células endocervicales



(a) Configuración columnar



(b) Configuración en Panal de Abejas

**1.6.2. Lesiones Endocervicales.** De acuerdo con el Sistema Bethesda,<sup>35,36</sup> los cambios asociados al cáncer se clasifican en células endocervicales atípicas: sin especificar; células endocervicales atípicas, sugestivas de neoplasia; y Adenocarcinoma

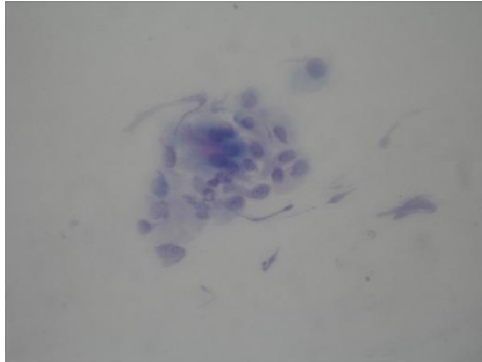
- **Células endocervicales atípicas: sin especificar.** Se disponen en láminas e hileras, con cierta superposición nuclear, el núcleo puede llegar a quintuplicar el tamaño de una célula endocervical normal. También se observa algún grado de variación de tamaño y forma, con leve hiperchromasia nuclear. La figura 27 presenta un grupo de células endocervicales atípicas sin especificar, con discreto aumento en el tamaño del núcleo y alteración en la textura del núcleo.

<sup>34</sup> VOOIJS Peter. Benign Proliferative Reactions, Intraepithelial Neoplasia, and Invasive Cancer of the Uterine Cervix. En : BIBBO, Marluce, . Op ct. p. 161-230.

<sup>35</sup> SOLOMON, Diane. The Bethesda System for Cervicovaginal Cythopatlogy. En : BIBBO, Marluce. Op ct. 93-100.

<sup>36</sup> BIRDSONG George G. *et al.* Anomalías Epiteliales Glandulares. En : SOLOMON, Diane y NAYAR Ritu, ed. El Sistema Bethesda para Informar la Citología Cervical. Buenos Aires: Ediciones Journal, 2005. p. 127-161.

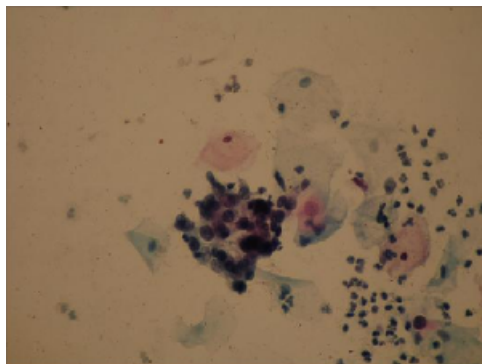
Figura 27. Células endocervicales atípicas: sin especificar



- **Células endocervicales atípicas, sugestivas de neoplasia.** Esta denominación es utilizada cuando la morfología celular no basta para la interpretación de adenocarcinoma.

Los grupos celulares pueden mostrar formación de rosetas o desflecamiento, con disposición tridimensional, los núcleos están agrandados y presentan hiperchromatismo. La figura 28 presenta un grupo de células endocervicales atípicas sugestivas de neoplasia, con superposición nuclear e hiperchromatismo, se observa pérdida de la polaridad y escaso citoplasma mal definido.

Figura 28. Células endocervicales atípicas, sugestivas de neoplasia.

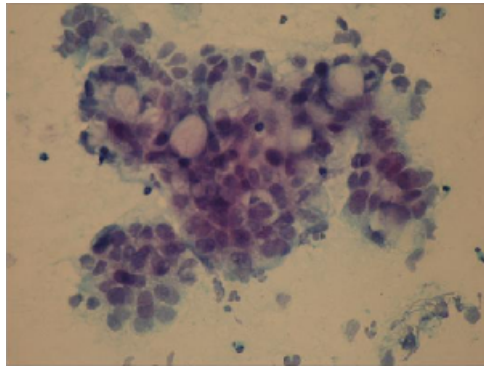


- **Adenocarcinoma.** Es una lesión glandular endocervical de alto grado, que se caracteriza por la hipertrofia del núcleo, la hiperchromasia, la estratificación y la actividad mitótica.

Las células se disponen en láminas, grupos, hileras o rosetas con núcleos aglomerados y superpuestos, no se observa la configuración del panal de abejas. Es infrecuente hallar células anómalas aisladas. Los núcleos pleomórficos sobresalen de la periferia, y presentan aspecto de desflecado. El citoplasma puede ser finamente vacuolado.

En el adenocarcinoma invasor se pueden presentar grupos tridimensionales y agregados sincitiales. La siguiente figura presenta un grupo grande de adenocarcinoma con células pleomórficas con cromatina irregularmente distribuida en algunos núcleos, al igual que hiper cromatismo y aumentados de tamaño. Se observa citoplasma vacuolado con bordes mal definidos.

Figura 29. Adenocarcinoma



## 2. ADQUISICIÓN

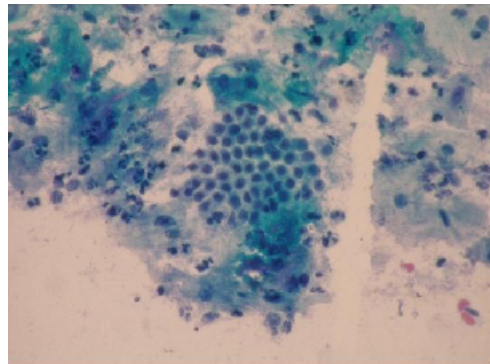
La adquisición de las imágenes digitales se hizo en el Departamento de Patología de la Universidad Industrial de Santander, a cargo del Grupo de Oncología y Patología de Santander, quienes contribuyeron con las láminas de citología que se utilizaron para el presente trabajo de investigación.

Se contó con una cámara fotográfica digital Olympus C7070 wide zoom, y un microscopio trinocular Olympus CX31. Con este modelo de adquisición se obtienen imágenes en formato JPEG y una resolución de 1600x1200 píxeles. La imágenes adquiridas tienen un tamaño promedio de 1.1 MB. La siguiente figura muestra el montaje de la cámara y el microscopio y una imagen digital típica.

Figura 30. Modelo de Adquisición de Imágenes



(a) Equipos de adquisición



(b) Imagen Digital

Durante la adquisición de las imágenes, cada caso se documentaba en un software desarrollado para tal fin. El cual consiste en una sencilla interfaz gráfica que va enumerando cada imagen y muestra la fecha de adquisición de la imagen; el usuario documenta el caso a partir de la descripción que hace el patólogo y lo clasifica conforme al Sistema Bethesda.<sup>37</sup>

---

<sup>37</sup> BIRDSONG George G. *et al.* Calidad de la Muestra. En: SOLOMON, Diane y NAYAR, Ritu. Op. cit. 1-21.

Una vez han sido tomadas las fotografías, se ingresa al módulo de vínculo para crear la relación entre la descripción del caso, almacenada en una base de datos, y la imagen adquirida. La siguiente figura presenta las interfaces de usuario utilizadas en el registro de imágenes.

Figura 31. Interfaz de usuario para el registro de imágenes digitales.



(a) Interfaz de Registro

(b) Interfaz de vínculo

## 2.1 RELACIÓN PÍXEL-MICRA

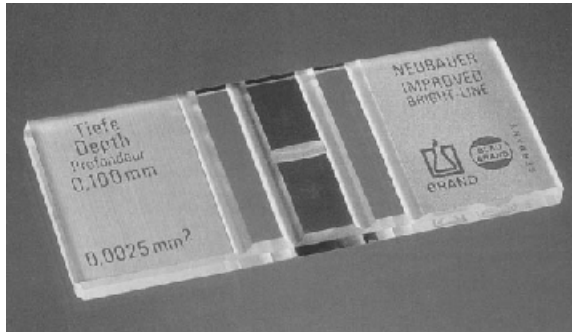
La imagen que se obtiene posee 1200 filas por 1600 columnas, pero no se contaba con una medida que permitiera conocer el tamaño del píxel, para calcular las dimensiones de las células. Con el fin de determinar la medida de un píxel, asignadas en micras ( $\mu\text{m}$ ), se utilizó una cámara de Neubauer<sup>38</sup> de contaje celular.

Se adquirieron fotografías de los cuadros interiores, puesto que la medida de sus lados es conocida. Para la cámara de Neubauer utilizada, el lado del cuadro interior más pequeño tiene una medida de  $62.5 \mu\text{m}$  y mediante técnicas de detección de bordes y aproximaciones estadísticas se encontró que cada lado tenía 247 píxeles; si se utilizaba: un objetivo de 40x en el microscopio, un zoom óptico de 4x para la cámara fotográfica y un lente de acople Olympus C5060.

Estas condiciones de aumento se utilizaron para todas las imágenes adquiridas. A partir de las relaciones mencionadas, se obtuvo que cada píxel tenía un lado de  $0.2530 \mu\text{m}$ . En la siguiente figura se muestra la cámara de Neubauer.

<sup>38</sup> REINA, Manuel. Técnicas de contaje celular. Universitat de Barcelona. Documento en línea. Fecha de consulta: Agosto de 2006. <http://www.ub.es/biocel/wbc/tecnicas/contajecelular.htm>.

Figura 32. Cámara de Neubauer.



(a) Cámara de Neubauer



(b) Cuadros interiores

Fuente: (a) Ibid.

Se adquirieron en total 231 imágenes digitales. De las cuales 107 corresponden a células endocervicales negativas; 10, a células endocervicales atípicas sin especificar; 19, a células endocervicales atípicas que favorecen neoplasia; y 95, a adenocarcinomas.

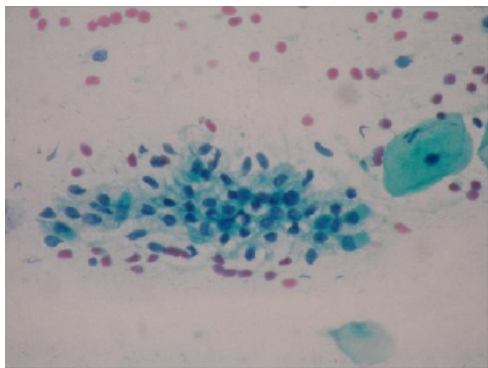
El principal criterio que se tuvo en cuenta para la toma de los campos celulares era que el grupo de células endocervicales se encontrara aislado de las células escamosas. Se tomaron fotografías en las diferentes posiciones celulares, ya sea en formación columnar o en disposición panal de abejas.

### 3. PREPROCESAMIENTO

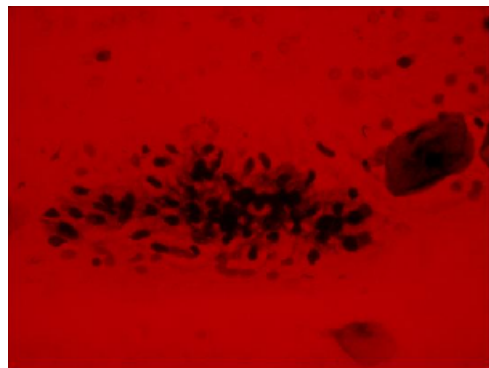
Una vez se adquiere la imagen digital, se sigue a la etapa de preprocesamiento; el objetivo principal de esta etapa es obtener una imagen que permita diferenciar notoriamente cada uno de los componentes celulares (núcleo, citoplasma) encontrados en el campo observado. La imagen que se obtiene de la etapa anterior se encuentra en el modelo de color RGB (Rojo, Verde y Azul). Es decir, que posee tres planos con toda la información de color separada en los colores básicos.

La siguiente figura muestra una imagen digital y sus respectivas componentes de color.

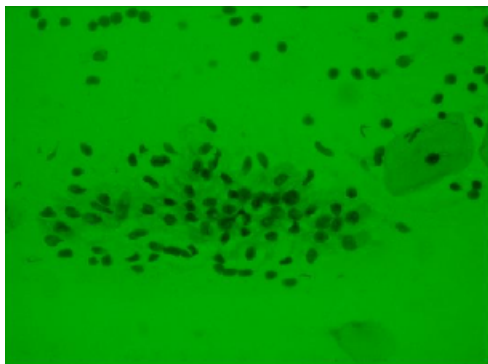
Figura 33. Representación de una imagen en RGB y sus respectivos planos



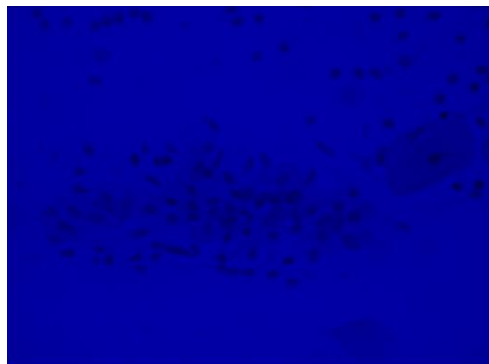
(a) Imagen RGB



(b) Plano Rojo



(c) Plano Verde



(d) Plano Azul

### 3.1 CONVERSIÓN AL MODELO IHSL

Debido a que en una imagen de color RGB no es posible separar la información cromática de la información lumínica, lo que hace difícil segmentar los objetos que allí se encuentren, se buscó un modelo que permitiera esta labor.

En la actualidad se dispone de diversos modelos que ofrecen esta alternativa; después de diversas pruebas se encontró que el modelo IHSL, propuesto por Hanbury,<sup>39</sup> reunía las condiciones óptimas que permiten descomponer la imagen en planos que logran una separación de los niveles de cada uno de los componentes celulares, para determinar el grado de diferenciación se utilizó el rango dinámico del histograma de cada plano, y las diferentes crestas que éste presentaba, asumiendo que cada una de ellas se relaciona con un objeto en particular.

Este modelo de transformación de color se encuentra implementado en la función implementada para Matlab® `rgb2hsy.m`.<sup>40</sup> El modelo IHSL convierte los planos de color RGB, en tres planos con diferente información relacionada a la imagen.

El plano H (Hue en inglés) representa los variados matices que se distribuyen durante todo el campo de la imagen. Se encontró que el fondo de la imagen, esto es cualquier lugar vacío sin componentes celulares, presentaba matices anaranjados o en términos numéricos matices muy bajos, mientras que las células y sus componentes aparecen en matices azules y rojos, dado que se obtenía un mayor nivel.

El plano de la Saturación representa la variación que sufre el matiz en un píxel, ésta se mide como la cantidad de color disuelto en un fondo blanco. Gracias al plano de la saturación se pudo observar los diferentes cambios en la textura nuclear y que dan indicio a posibles variaciones neoplásicas.

El tercer plano (Luminance en inglés) representa el nivel de luz, o escala de grises, de la imagen. En este plano se logró determinar una medida que mostrara el grado de hiper Cromatismo nuclear, debido a que se halló relación entre éste y

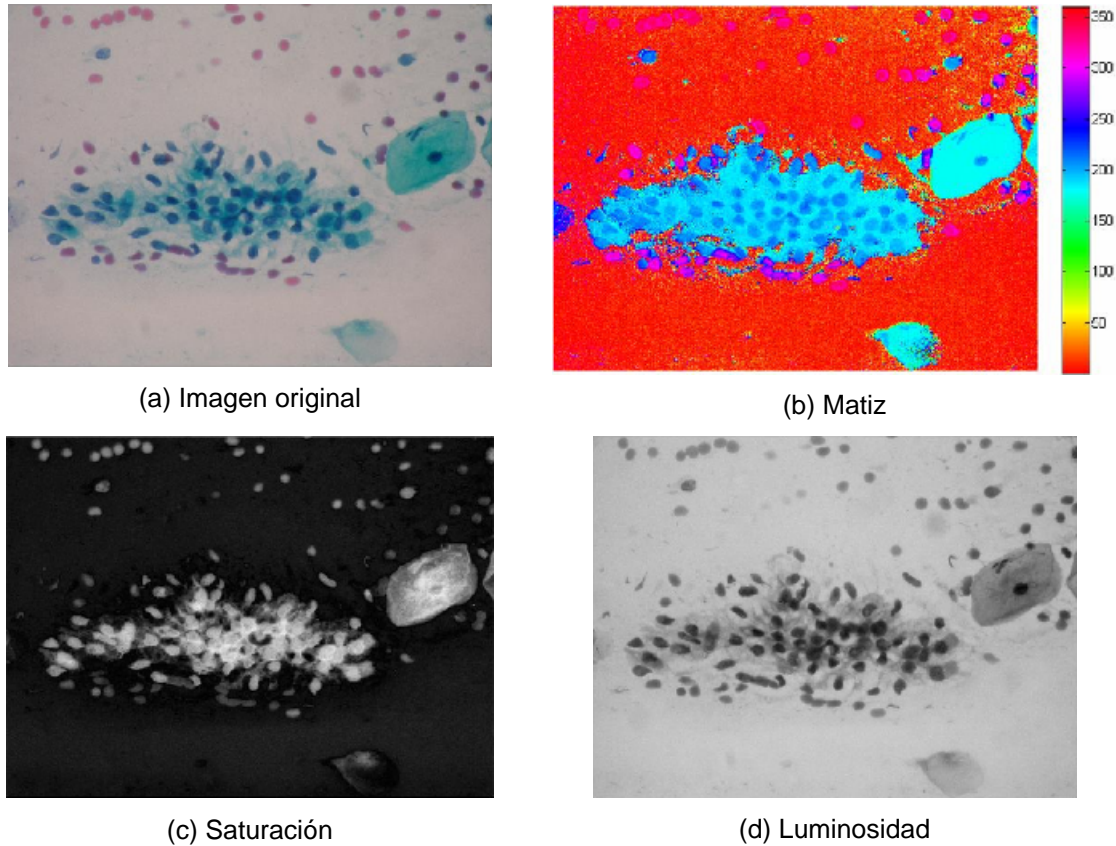
---

<sup>39</sup> HANBURY, Allan. Morphological Operators on the Unit Circle, with applications to Hues and to Oriented Textures. Paris, 2002. PhD thesis. Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris. Centre de Morphologie Mathématique.

<sup>40</sup> \_\_\_\_\_. `rgb2hsy.m` function. [http://www.prip.tuwien.ac.at/~hanbury/Online\\_docs.html](http://www.prip.tuwien.ac.at/~hanbury/Online_docs.html). Febrero de 2006.

los bajos niveles en la luminosidad. La siguiente figura muestra la imagen convertida al modelo IHSL.

Figura 34. Representación de una imagen en el IHSL y sus respectivos planos



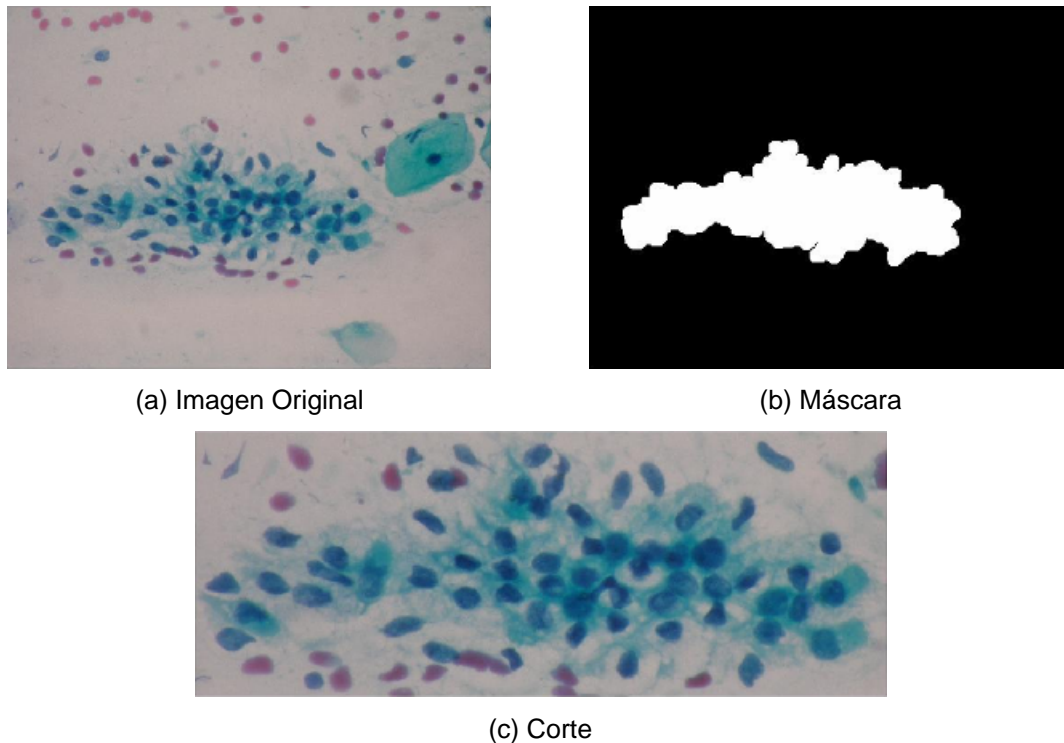
### 3.2 MÁSCARA PARA EL CAMPO CELULAR

Debido al tamaño de la imagen, no es recomendable trabajar con toda la extensión de la información contenida en la matriz de píxeles. Ante esta situación, se creó una máscara para encontrar el campo que contiene sólo las células endocervicales, para excluir del procesamiento todas aquellas células que no se encuentren dentro de este grupo.

Como se ha mencionado, en el matiz se observó una gran separación entre los valores del fondo y los demás objetos constituyentes de la imagen. Gracias a esta situación, se puede determinar un umbral que separe las componentes celulares

del fondo. Este umbral se calcula con el método de Otsu,<sup>41</sup> aplicado al plano del matiz. A continuación se realiza una umbralización, se aplica el operador morfológico de la apertura binaria para separar grupos celulares contiguos y se toma como máscara el objeto que presente el área mayor. Una vez encontrada la máscara se recorta la imagen a procesar. La figura 35 presenta la máscara creada y el corte realizado en la imagen.

Figura 35. Selección de máscara celular



### 3.3 FILTRADO MORFOLÓGICO

Después de cambiar el modelo de color y encontrar la máscara para el campo celular a estudiar, se realizó un filtrado basado en morfología matemática en escala de grises, con el propósito de ampliar la diferencia que existe entre los valores de los píxeles de los núcleos y los citoplasmas.

El filtro que se utilizó se construyó a partir de las operaciones morfológicas top-hat y bottom-hat, su funcionamiento está dado por los siguientes pasos:

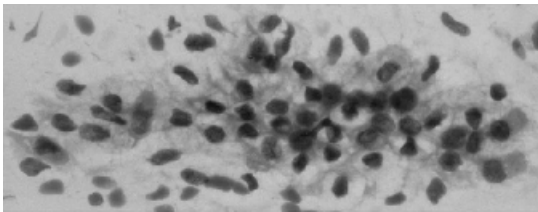
---

<sup>41</sup> THE MATHWORKS. Op. cit.

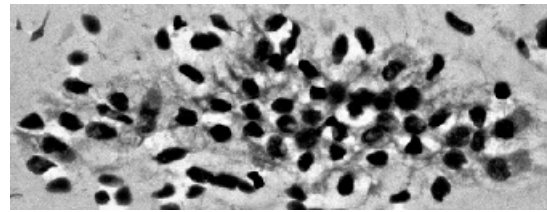
- Se determinó un elemento estructurante plano de forma circular y radio 25.
- Se aplica la operación morfológica top-hat al corte de la imagen correspondiente al plano de la luminosidad.
- Se aplica la operación morfológica bottom-hat al corte de la imagen correspondiente al plano de la luminosidad.
- Se suma la imagen de la luminosidad con la imagen resultado de la operación top-hat.
- Se resta la imagen de la suma del paso anterior con la imagen resultado de la operación bottom-hat.

La siguiente figura presenta el resultado de filtrar la imagen de la luminosidad.

Figura 36. Filtrado morfológico.



(a) Plano de la Luminosidad



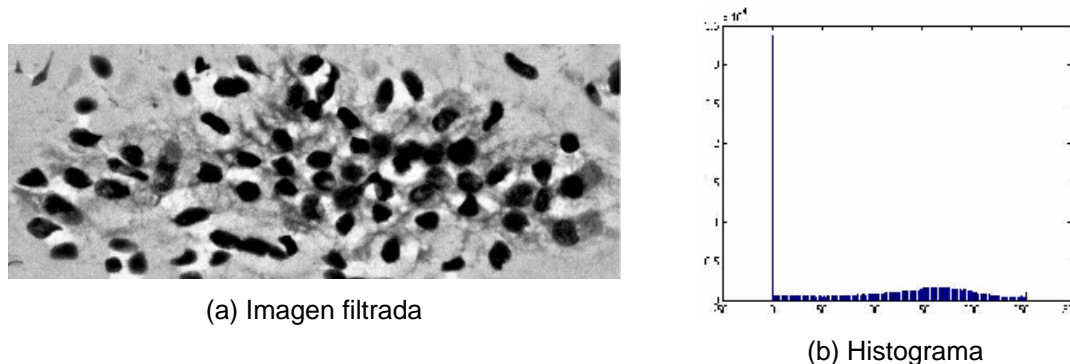
(b) Plano de la Luminosidad Filtrado

Después de aplicar este filtrado se sigue con la etapa de la segmentación.

## 4. SEGMENTACIÓN

En la etapa anterior se logró obtener una imagen en la cual se pueden diferenciar claramente los núcleos, de esta manera separarlos de los citoplasmas se hace una labor más sencilla, el fondo ha sido eliminado en el proceso del enmascaramiento. Como se observa en la siguiente figura, la distribución de los núcleos en el histograma se encuentra en los valores más bajos (izquierda del histograma), una gran cantidad de píxeles se encuentra en el valor mínimo; mientras que los valores de los citoplasmas presentan un sesgo hacia la derecha.

Figura 37. Imagen empleada durante la etapa de segmentación



### 4.1 UMBRALIZACIÓN

El primer método utilizado para detectar los núcleos de las células consiste en calcular un umbral, basado en la separación que presenta el histograma. En un trabajo anterior<sup>42</sup> se implementaron varios métodos para el cálculo de umbrales. En esta investigación se diseñó un proceso de umbralización recursivo e iterativo que se presenta a continuación:

- Se calcula el umbral con el método de Otsu.
- Se realiza la operación morfológica de la apertura binaria, para separar algunos objetos unidos.
- Se eliminan los objetos que se encuentren en el extremo de la imagen.

<sup>42</sup> MARTÍNEZ Víctor E. *et al.* Software Tool for Squamous Cells Classification in Cervical Smear Cytologies. En: INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTATIONAL BIOENGINEERING. (2° : 2005 : Lisboa). ICCB2005 Proceedings of II International Conference on Computational Bioengineering, Lisbon: IST Press. 2005. v. 2 : p.1089-1094.

- Se calcula el área de todos los objetos encontrados y la respectiva mediana.
- Se eliminan los objetos cuya área es menor al 50% de la mediana.
- Se eliminan los objetos cuya área es mayor al 150% de la mediana.
- Se crea una máscara con los objetos eliminados por el criterio de la mediana.
- Se inicia nuevamente el proceso de umbralización con los núcleos que han sido eliminados, a partir de la máscara creada, hasta que la mediana de los objetos eliminados sea menor al doble de la mediana de los objetos no eliminados.

La etapa de segmentación da como resultado dos imágenes binarias: la primera contiene las áreas de los objetos que son considerados núcleos; la segunda, objetos que no se consideran núcleos. La siguiente figura presenta este resultado.

Figura 38. Resultado del algoritmo de segmentación basado en umbrales



## 4.2 CRECIMIENTO DE REGIONES

Aunque el algoritmo de segmentación diseñado funciona adecuadamente con las células endocervicales negativas; en algunos casos presenta fallas para las células que empiezan a tener variaciones en la coloración nuclear, posiblemente a causa de alguna anomalía celular.

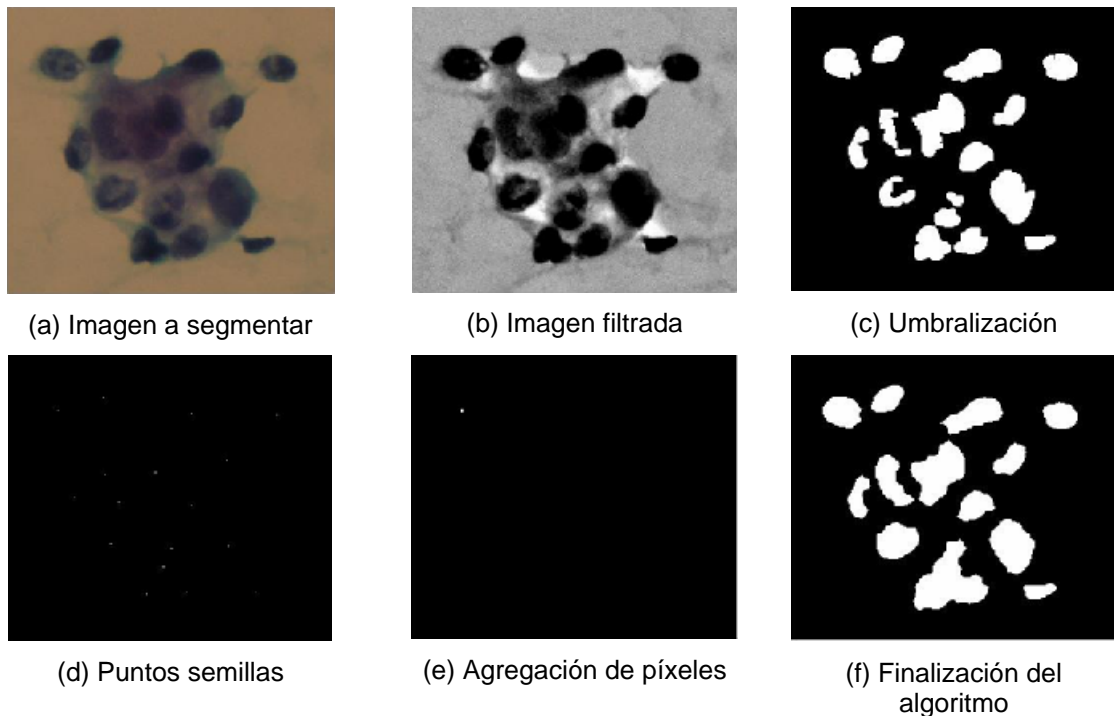
Para resolver esta situación, se recurrió a un algoritmo de segmentación implementado en la caracterización de células mesoteliales de líquido pleural,<sup>43</sup> el cual está basado en el crecimiento de regiones a partir de puntos semillas. Se hicieron las variaciones respectivas para que este procedimiento funcionara en las células endocervicales. El algoritmo es explicado a continuación.

<sup>43</sup> DELGADO, Sandra M. *et al.* MESOFT 1.0 Prototipo Software para la Caracterización de Células Mesoteliales No Tumorales Malignas en Citología de Líquido Pleural. En : CONGRESO IBERO COLOMBO VENEZOLANO Y DEL CARIBE DE PATOLOGÍA. (1° : 2006 : Cartagena de Indias).

- Se aplica una umbralización a la imagen filtrada, con un umbral predeterminado en el nivel 25, valor obtenido por medio de la experimentación.
- Se realiza la operación morfológica de la dilatación binaria.
- Se encuentran los centroides de los objetos detectados, para ser utilizados como puntos semillas. A cada centroide se le realizan los siguientes pasos:
- Se comparan los píxeles de la vecindad por medio de un criterio de agregación, para hacer crecer la región, el cual consiste en que la diferencia entre el valor del píxel a agregar y el valor promedio de los píxeles de la región sea menor a un valor experimental encontrado.
- Si la región ha crecido, se aplica nuevamente el criterio de agregación a los píxeles que se encuentren en el contorno.
- El algoritmo se detiene cuando ninguno de los píxeles del contorno agrega píxeles a la región.
- Se realiza la operación morfológica del cierre binario.

La siguiente figura presenta los principales pasos de este algoritmo.

Figura 39. Segmentación por crecimiento de regiones



El principal inconveniente de este método es el tiempo de computación que requiere, el cual toma varios minutos. Adicional a esto, no se implementó un criterio que elimine falsos núcleos, debido a que este método es recomendado

principalmente para funcionar con células de adenocarcinoma, las cuales pueden presentar pleomorfismo nuclear, que se traduce en diversos tamaños de los núcleos. Se recomienda su uso en campos celulares pequeños.

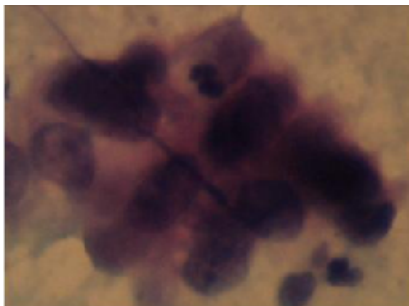
### 4.3 SEGMENTACIÓN MANUAL

Aunque los métodos implementados segmentaron adecuadamente la mayoría de las imágenes celulares, es probable que en algún caso fallen; sobre todo si las células presentan alteraciones relacionadas con adenocarcinoma, como la presencia de nucleolos o vacuolización.

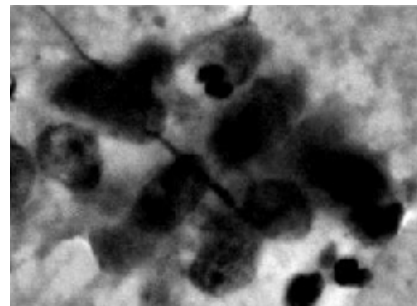
Debido a esta situación y para asegurar el mayor número de imágenes segmentadas, se utilizó una segmentación manual, que consiste en localizar el umbral por experimentación. La figura 40 presenta el resultado de este método. Los pasos son los siguientes:

- Se establece el umbral manualmente.
- Se realiza la operación morfológica de la apertura binaria.
- Se eliminan los objetos que se encuentren en el extremo de la imagen.
- Se calcula el área de todos los objetos encontrados y la respectiva mediana.
- Se eliminan los objetos cuya área es menor al 50% de la mediana.
- Se eliminan los objetos cuya área es mayor al 150% de la mediana.

Figura 40. Resultado de la Segmentación Manual



(a) Imagen Celular



(b) Imagen filtrada



(c) Núcleos válidos



(d) Núcleos Eliminados

Si se ha segmentado adecuadamente la imagen, se sigue con la etapa de descripción.

## 5. DESCRIPCIÓN

Las imágenes binarias resultado de la segmentación se utilizan para etiquetar los núcleos encontrados como válidos o eliminados, dependiendo de la imagen en que se encuentren. Se recurre también a la imagen utilizada como máscara para el campo celular, producto del preprocesamiento. El objetivo de esta etapa es encontrar las medidas adecuadas para caracterizar las células encontradas.

La descripción se dividió en dos grandes grupos: Campo Celular y Núcleos Individuales. En cada uno de éstos se utilizaron diferentes medidas que se pueden resumir en morfológicas, relacionadas con el tamaño y la forma de las células, y de textura, corresponden a las variaciones que se presentan por la cromatina y el color de las células.

### 5.1 DESCRIPCIÓN DEL CAMPO CELULAR

En el conjunto de células es importante determinar el grado de pleomorfismo nuclear, variación de tamaños y formas; la sobreposición, núcleos que se encuentran unidos; el hiperromatismo, coloración oscura del núcleo; la pérdida de la polaridad; desorden en el agrupamiento de las células; y la distribución de la cromatina nuclear. Es por ello que se proponen los siguientes descriptores.

**5.1.1 Medidas Morfológicas.** Hacen referencia a aquellas relacionadas con la forma y la distribución espacial de las células, como el pleomorfismo o la sobreposición nuclear

• **Pleomorfismo.** Para determinar el grado de variación en la forma de los núcleos se utilizó un descriptor que se ha denominado pleomorfismo, basado en la circularidad, definido por la siguiente ecuación:

$$pleomorfismo = \begin{cases} \frac{x}{4 * \pi} & si \quad n = 1 \\ \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 & si \quad n > 1 \end{cases} \quad (6.1)$$

Donde  $n$  es el número de núcleos válidos y  $x_i$  es la circularidad.

- **Sobreposición.** Esta medida es calculada con los núcleos que han sido etiquetados como eliminados. Es una aproximación a la proporción de núcleos que se encuentran unidos o traslapados, definida por la siguiente ecuación:

$$sobreposición = \frac{\sum_{i=1}^l \text{área}(\text{eliminado\_mayor}_i)}{\sum_{j=1}^m \text{área}(\text{núcleo\_válido}_j) + \sum_{k=1}^n \text{área}(\text{núcleo\_eliminado}_k)} * 100 \quad (6.2)$$

Donde  $\text{área}(\text{eliminado\_mayor})$  indica aquellos núcleos cuya área es mayor al doble de la mediana de los núcleos válidos,  $l$  es el número de núcleos que cumplen la condición anterior,  $m$  es el número total de núcleos válidos y  $n$  es el número total de núcleos eliminados.

**5.1.2 Medidas de Textura.** En esta categoría se agrupan las características que afectaban la coloración del campo celular.

- **Hipercromatismo.** Se encontró que el alto grado de tinción nuclear producía bajos niveles en el plano de la luminancia. Después de analizar los histogramas, se determinó un descriptor que consistía en la probabilidad acumulada de los niveles de los núcleos en el intervalo  $[0, 50]$  de dicho plano, y está definido por la siguiente ecuación:

$$\text{hipercromatismo} = \sum_{i=0}^{50} p_i \quad (6.3)$$

Donde  $p_i$  es la probabilidad del nivel  $i \in [0, 255]$  en el histograma.

- **Pérdida de polaridad.** Se observó que esta situación provocaba cambios en la textura del plano del matiz, por lo cual se decidió utilizar los descriptores de la matriz de co-ocurrencia para dicho plano explicados en el marco teórico. Se adicionaron la entropía y la desviación estándar de los niveles en el plano. Estas medidas se calcularon utilizando la máscara del campo celular encontrada en la etapa de preprocesamiento.

- **Distribución de cromatina nuclear.** La saturación es un indicador de la cantidad de color presente, por ello se propuso que los cambios en la cromatina nuclear se modelaran con los mismos descriptores de textura mencionados para la pérdida de la polaridad pero calculados en el plano de la saturación.

## 5.2 DESCRIPCIÓN DE NÚCLEOS INDIVIDUALES

Cada núcleo puede ser medido de acuerdo con su morfología o su textura, a continuación se explicará cada uno de los descriptores propuestos.

**5.2.1 Medidas Morfológicas.** En los núcleos individuales primaron las medidas morfológicas, porque para estos casos las mayores variaciones se dan en la forma y tamaño de los núcleos.

- **Área.** Definida como el número de píxeles en blanco de la región que comprende al núcleo detectado en la imagen binaria y que contiene los núcleos válidos. Para determinar la medida en micras cuadradas ( $\mu\text{m}^2$ ) se multiplica por el factor de conversión descrito en el capítulo de adquisición.

$$\text{Área} = \sum \text{píxeles\_blancos} \quad (6.4)$$

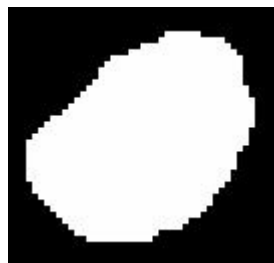
Donde los píxeles blancos pertenecían a un núcleo válido

- **Perímetro.** Suma de las distancias entre los píxeles que se encuentran en el borde. Para determinar la medida en micras ( $\mu\text{m}$ ) se multiplica por el factor de conversión descrito en el capítulo de adquisición.

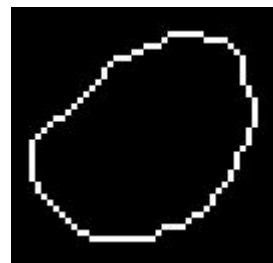
$$\text{Perímetro} = \sum_{i=1}^n \sqrt{(a_x - b_x)^2 + (a_y - b_y)^2} \quad (6.5)$$

Donde:  $a$  y  $b$  son píxeles adyacentes que se encuentran en el borde y  $n$  es el número de píxeles que se encuentran en el borde. La siguiente figura presenta los píxeles encontrados en el borde que se usan para el cálculo del perímetro.

Figura 41. Núcleo detectado y borde empleado para calcular el perímetro.



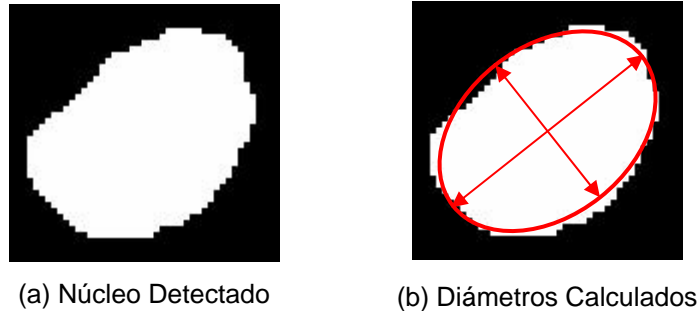
(a) Núcleo Detectado



(b) Píxeles del borde

- **Diámetro mayor y menor.** Longitud de los ejes mayor y menor de la elipse que tiene el segundo momento central igual a la región del núcleo.<sup>44</sup> Para determinar la medida en micras ( $\mu\text{m}$ ) se multiplica por el factor de conversión descrito en el capítulo de adquisición. La siguiente figura presenta la gráfica de los ejes calculados.

Figura 42. Núcleo detectado y diámetros calculados



- **Irregularidad Nuclear.** Este parámetro es determinado por la varianza de la firma del núcleo.
- **Hipercromatismo.** Se utiliza el mismo modelo matemático empleado en el campo celular.
- **Distribución de la cromatina.** Se utiliza el mismo modelo matemático empleado en el campo celular. En la descripción nuclear no es utilizado el plano del matiz, esto obedece principalmente a que los núcleos presentan el mismo color en toda su superficie debido a que esta característica es afectada por la tinción utilizada para la lámina, constante en el núcleo. La variación de la cromatina es ocasionada por la absorción del material nuclear, que influye directamente en el plano de la saturación.

### 5.3 MODELO ENTIDAD-RELACIÓN

Todas las descripciones de las imágenes y las medidas tomadas de las componentes celulares han sido almacenadas en una base de datos, que constituye a su vez la base de conocimiento empleada para realizar la caracterización nuclear y determinar los posibles parámetros anormales de las células.

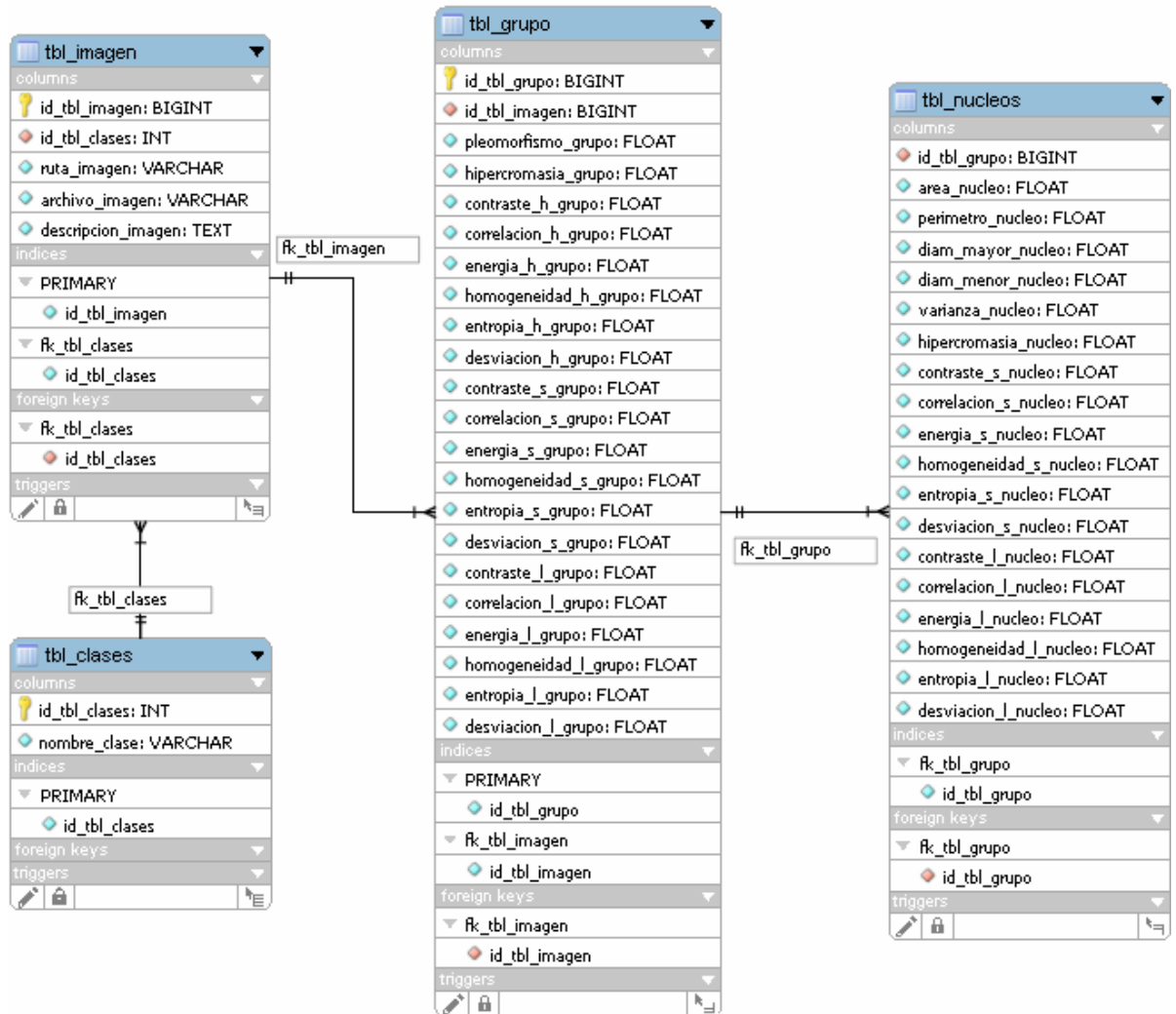
<sup>44</sup> THE MATHWORKS. Op. cit.

Las entidades son las siguientes:

- **tbl\_clases:** Contiene la clasificación asignada por el Sistema Bethesda a las células endocervicales.
- **tbl\_imagen:** Contiene el identificador de la clase celular, la descripción dada por el especialista, la ubicación y el nombre del archivo de la imagen digital. Su relación con la entidad tbl\_clases permite que la imagen sea clasificada de acuerdo con el Sistema Bethesda.
- **tbl\_grupo:** Contiene todas las medidas que caracterizan y describen el campo celular endocervical, las cuales han sido mencionadas anteriormente. Su relación con la entidad tbl\_imagen permite establecer la imagen donde se encontró el grupo y a su vez la posibilidad de establecer los patrones para la diferenciación de las clases mencionadas en el Sistema Bethesda. Los datos contenidos en esta entidad se utilizaron en el entrenamiento de la red neuronal artificial de clasificación celular.
- **tbl\_nucleos:** Contienen todas las medidas que caracterizan y describen los núcleos de las células endocervicales, que han sido mencionadas anteriormente. Esta entidad es la base del sistema de conocimiento que establece los parámetros de una célula endocervical negativa. Su relación con la entidad tbl\_grupo permite conocer el grupo celular junto con la imagen de donde provienen los núcleos. A partir de la relación que se puede establecer con la entidad tbl\_clases se construyeron las reglas para la identificación de las características anormales en los núcleos individuales.

Una vez se calcularon todas las medidas de las células se crearon los parámetros que permiten clasificar los estados celulares endocervicales. La siguiente figura presenta el modelo Entidad-Relación diseñado para el proceso de caracterización celular.

Figura 43. Modelo Entidad-Relación para almacenar la caracterización celular.



## 6. INTERPRETACIÓN Y RECONOCIMIENTO

Con el propósito de lograr un sistema de clasificación para los estados celulares, se almacenaron todas las medidas de las muestras endocervicales en el modelo de entidad relación presentado en el capítulo anterior. La siguiente tabla presenta el número de imágenes, grupos celulares y núcleos que se utilizaron para crear el patrón de clasificación de las células endocervicales.

Tabla 1. Número de Imágenes, grupos y núcleos caracterizados

<b>Clasificación</b>	<b>Número de Imágenes</b>	<b>Número de Grupos</b>	<b>Número de Núcleos</b>
<b>Negativas</b>	41	41	145
<b>AGC-NOS</b>	10	11	83
<b>AGC-Neoplásica</b>	13	13	92
<b>Adenocarcinoma</b>	35	50	281

El primer paso para establecer un patrón, que permitiera esta tarea, fue identificar si existían diferencias significativas entre cada una de las clases establecidas por el Sistema Bethesda. El criterio que se utilizó fue la observación de las características por medio de gráficas de dispersión. Se contrastaron esencialmente medidas morfológicas y de textura para los núcleos individuales y en campos celulares.

Para construir las gráficas se hicieron todas las comparaciones posibles entre dos parámetros (gráficas 2D) y se observó también la dispersión que existía al confrontar tres parámetros (gráficas 3D). Se presentan las gráficas con las diferencias más significativas para las características de los núcleos individuales y de los campos celulares, respectivamente. Se buscaba que las características de las clases de células endocervicales negativas (puntos verdes), atípicas sin especificar (puntos azules), atípicas que favorecen neoplasia (puntos rojos) y adenocarcinomas (puntos negros); se localizaran en diferentes sectores de la representación gráfica.

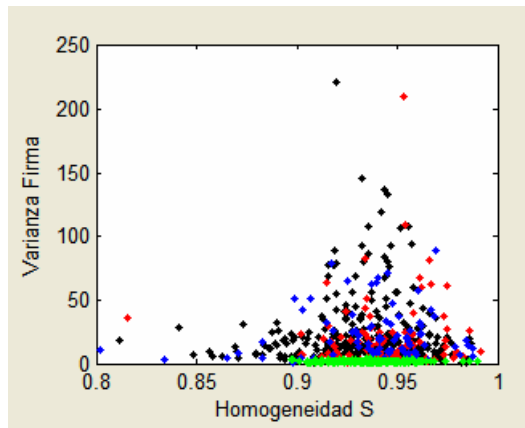
Se utilizó este criterio de gráficas de dispersión en 2D y 3D debido a que no es posible realizar una comparación con todos los parámetros al mismo tiempo, puesto que se requiere un gráfico de 19 dimensiones para las medidas nucleares

y de 20 dimensiones para las medidas de los campos celulares. No se utilizaron estimadores estadísticos dado que las poblaciones no presentaron el mismo número de elementos.

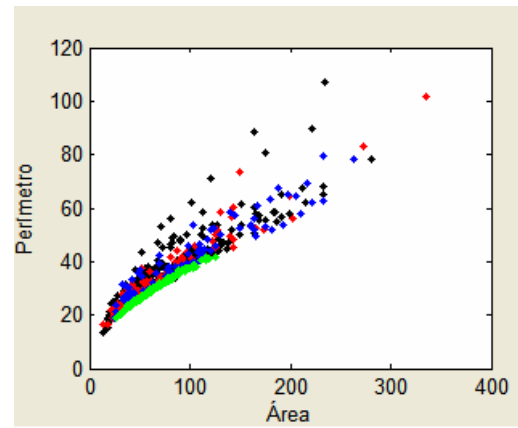
## 6.1 INTERPRETACIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS NUCLEARES

Como se puede observar en la figura 44, las características de los núcleos de las células endocervicales negativas se agrupan en un pequeño sector, luego la dispersión de los datos aumenta a medida que se empiezan a ubicar las células atípicas, hasta llegar a la máxima dispersión con los afectados por adenocarcinoma. Este comportamiento es fácilmente diferenciable para todas las gráficas.

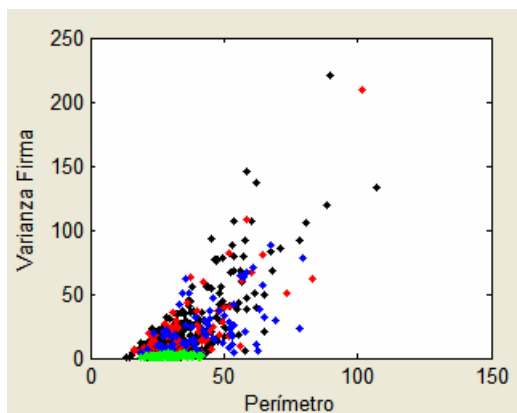
Figura 44. Dispersión de los parámetros nucleares



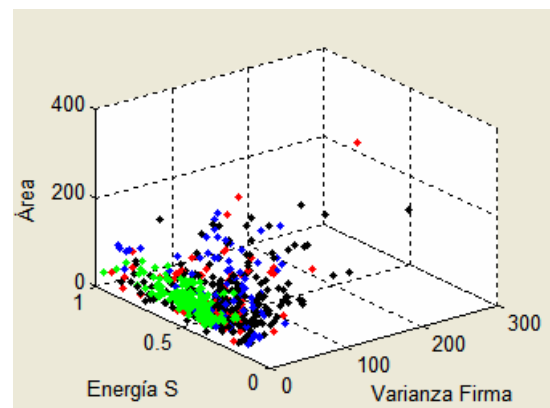
(a) Homogeneidad en el Plano de la Saturación – Varianza de la Firma Nuclear



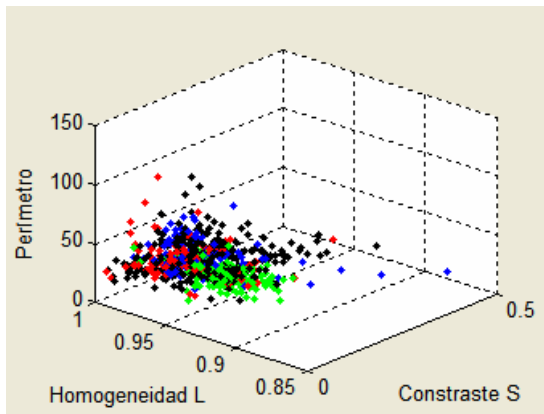
(b) Área Nuclear – Perímetro Nuclear.



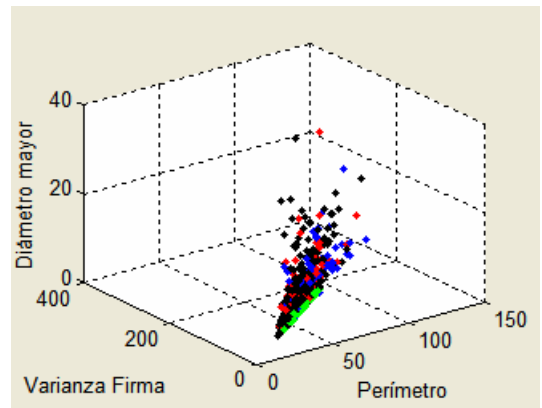
(c) Varianza de la Firma Nuclear – Perímetro Nuclear



(d) Energía en el Plano de la Saturación – Varianza de la Firma Nuclear – Área Nuclear



(e) Homogeneidad en el Plano de la Luminancia – Contraste en el Plano de la Saturación – Perímetro Nuclear



(f) Varianza de la Firma Nuclear – Perímetro Nuclear – Diámetro Nuclear Mayor

En algunas ocasiones, las características se confundían para las células atípicas, sin especificar y que favorecen neoplasia; sin embargo, es de resaltar que las células endocervicales negativas siempre se agrupaban en un pequeño sector de las gráficas y presentaron un comportamiento que podría ser modelado con una sencilla función lineal.

Como las gráficas presentaron diferencias satisfactorias en cada uno de los estados celulares, se consideró la posibilidad de establecer reglas para la caracterización de los núcleos, que son la base para que el modelo pueda determinar si un núcleo presenta parámetros de anomalía. De esta manera se diseña una base de reglas para identificar los posibles cambios por lesión.

Las reglas se forman por comparación de los datos de las células endocervicales negativas, almacenados en la entidad `tbl_nucleos` y por encadenamiento hacia delante, representándose de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} & \text{Si} \\ & \text{tbl\_nucleos.id\_tbl\_grupo} = \text{tbl\_grupo.id\_tbl\_grupo} \\ & \quad \wedge \\ & \text{tbl\_grupo.id\_tbl\_clases} = 1 \end{aligned}$$

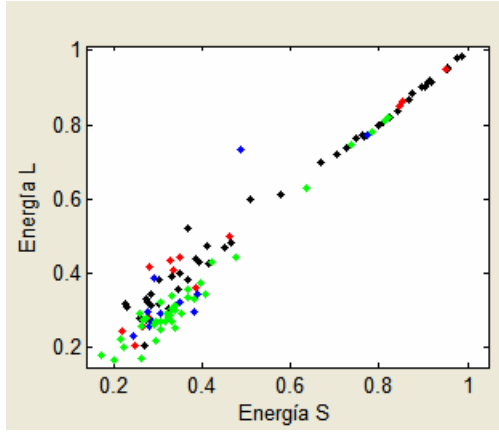
- Si  $\text{Área}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.area\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Aumento\_Area}(\text{núcleo}).$
- Si  $\text{Perímetro}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.perimetro\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Aumento\_Perímetro}(\text{núcleo}).$

- Si  $\text{Diámetro\_Mayor}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.diam\_mayor\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Aumento\_Diámetro\_Mayor}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Diámetro\_Menor}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.diam\_menor\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Aumento\_Diámetro\_Menor}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Diámetro\_Mayor}(\text{núcleo}) > 1.5 * \text{Diámetro\_Menor}(\text{tbl\_nucleos.núcleo})$   
 $\Rightarrow \text{Elongación}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Varianza\_Firma}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.varianza\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Forma\_Irregular}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) \geq 0.25 \wedge \text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) < 0.50$   
 $\Rightarrow \text{Leve\_Hiper Cromatismo}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) \geq 0.50 \wedge \text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) < 0.75$   
 $\Rightarrow \text{Moderado\_Hiper Cromatismo}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) \geq 0.75 \wedge \text{Hiper Cromatismo}(\text{núcleo}) \leq 1$   
 $\Rightarrow \text{Intenso\_Hiper Cromatismo}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Contraste\_S}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.contraste\_s\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Correlacion\_S}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.correlacion\_s\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Energía\_S}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.energia\_s\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Homogeneidad\_S}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.homogeneidad\_s\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Entropía\_S}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.entropia\_s\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Desviación\_S}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.desviacion\_s\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Cromatina\_Grumosa}(\text{núcleo})$ .
- Si  $\text{Contraste\_L}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.contraste\_l\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Correlacion\_L}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.correlacion\_l\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Energía\_L}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.energia\_l\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Homogeneidad\_L}(\text{núcleo}) < \text{mín}(\text{tbl\_nucleos.homogeneidad\_l\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Entropía\_L}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.entropia\_l\_nucleo})$   
 $\wedge \text{Desviación\_L}(\text{núcleo}) > \text{máx}(\text{tbl\_nucleos.desviacion\_l\_nucleo})$   
 $\Rightarrow \text{Cromatina\_No\_Homogénea}(\text{núcleo})$ .

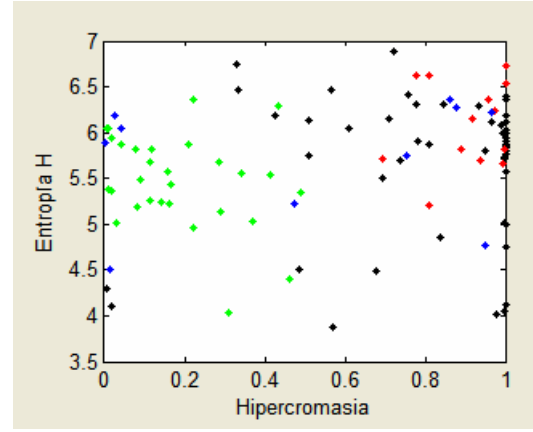
## 6.2 INTERPRETACIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS DE LOS GRUPOS CELULARES

Un comportamiento similar a las medidas nucleares se observó en las características del grupo celular (Figura 45); aunque la diferencia de las poblaciones no se hizo tan evidente como en las características nucleares si se pueden observar algunos sesgos que indican presencia de lesión, de acuerdo con las gráficas de dispersión para los campos celulares.

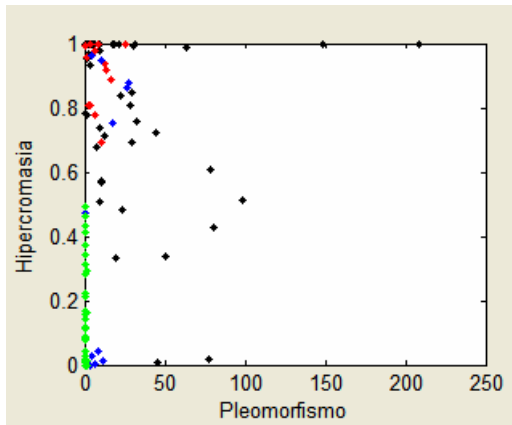
Figura 45. Dispersión de los parámetros de los grupos celulares



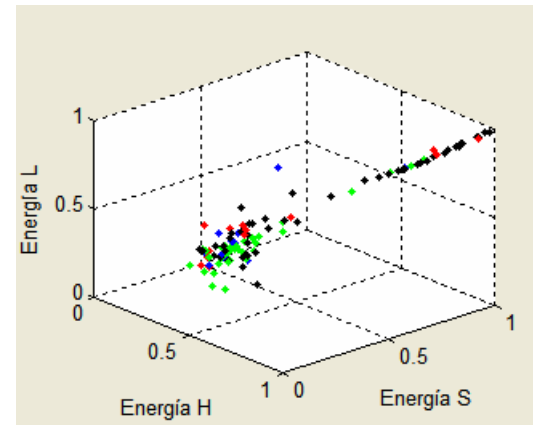
(a) Energía en el Plano de la Saturación – Energía en el Plano de la Luminancia



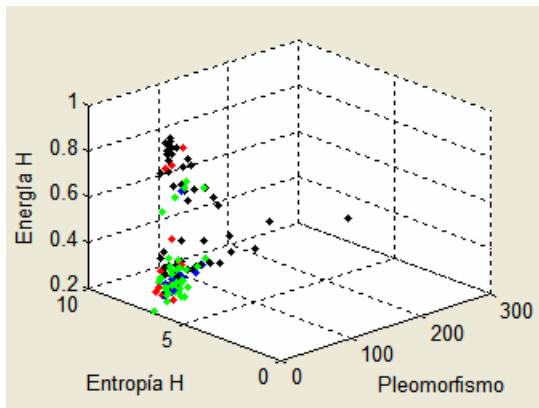
(b) Hiper cromatismo Nuclear – Entropía en el Plano del Matiz



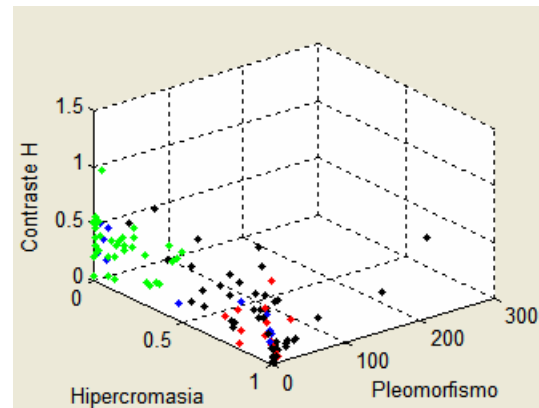
(c) Pleomorfismo Nuclear – Hiper cromatismo Nuclear



(d) Energía en el plano del Matiz – Energía en el Plano de la Saturación – Energía en el Plano de la Luminancia



(e) Entropía en Plano del Matiz – Pleomorfismo Nuclear – Energía en el Plano del Matiz

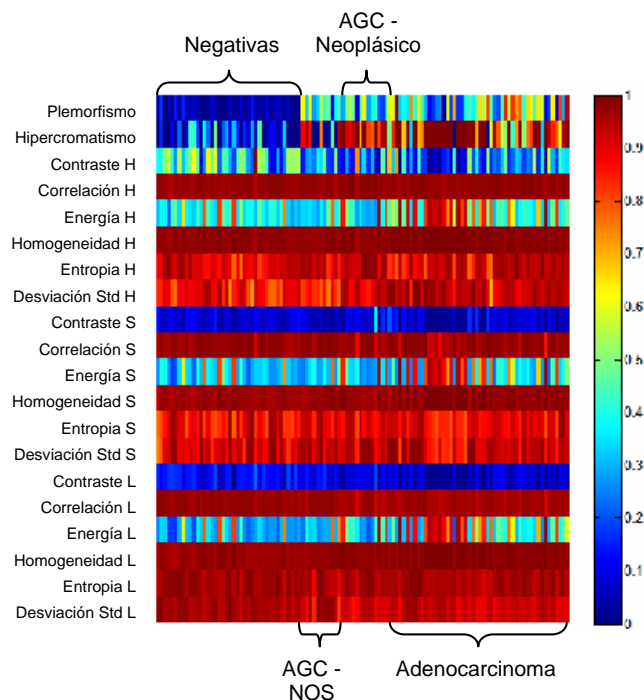


(f) Hiper cromatismo Nuclear – Pleomorfismo Nuclear – Contraste en el Plano del Matiz

Luego de encontrar que las características de las clases celulares producían mayor dispersión de los datos, a medida que aumentaba el grado de lesión, se creó una imagen para determinar el comportamiento de cada uno de los parámetros. Se hizo necesario comprimir el rango dinámico de aquéllos que no se encontraban en el intervalo  $[0,1]$ . Las columnas de la imagen indican la clase celular (41 endocervicales negativas, 10 atípicas sin especificar, 13 atípicas que favorecen neoplasia, 35 adenocarcinomas) mientras que las filas corresponden a las medidas calculadas para cada uno de los parámetros (iniciando con el pleomorfismo y continuando con el hiper cromatismo hasta finalizar con la desviación estándar para la luminancia).

Esta organización de los parámetros y las clases celulares produjo una imagen en escala de grises, cuya intensidad indicaba el aumento o disminución de la medida calculada. Para una mejor visualización del comportamiento se utilizó una paleta de colores que asigna tonalidades diferentes de acuerdo con el valor asignado en la imagen. La figura 46 presenta esta imagen construida a partir de los valores de las medidas de los grupos celulares.

Figura 46. Normalización e imagen de las medidas celulares



La anterior imagen se interpreta de la siguiente manera:

- La primera fila de elementos representa los valores que se obtuvieron para el pleomorfismo nuclear, nótese que el área de las células endocervicales negativas es azul, indicando valores bajos. Luego se continúa con las células atípicas sin especificar, que muestran un incremento en esta medida, ocasionado por la variación de tamaño y forma que empiezan a sufrir los núcleos del grupo celular; sucede lo mismo con las células atípicas que favorecen neoplasia. En la región para el adenocarcinoma se encuentran los picos máximos de este cálculo.
- En la segunda fila se localizan las medidas de hiperromatismo nuclear, y presenta el mismo comportamiento que la medida mencionada anteriormente.
- Las siguientes seis filas son los cálculos relacionados con la textura y variaciones del matiz (Contraste, correlación, energía, homogeneidad, entropía y desviación estándar), para todos los grupos celulares. En el primer valor se puede observar que la región de las células endocervicales negativas indica un mayor contraste que las otras clases, esto se debe a que la formación en panal de abejas o columnar produce amplias diferencias entre el núcleo y el citoplasma. Mientras que las células atípicas y los adenocarcinomas, al presentar variaciones que afectan el color (sobreposición, pleomorfismo, pérdida de la polaridad, etc.) reducen este fenómeno. La correlación no es fácilmente diferenciable para las clases celulares estipuladas. La energía presenta los altos valores en los adenocarcinomas, situación que se debe a la presencia de núcleos grandes. La homogeneidad tampoco es fácilmente diferenciable. La entropía exhibe un comportamiento no predecible, mientras que la desviación estándar presenta diferencias entre el grupo conformado por las células negativas y atípicas con el grupo de las que han sido catalogadas como adenocarcinomas.
- Después se continúa con las medidas relacionadas con la textura y variaciones de la saturación y la luminancia (definidas de igual manera que las anteriores). Éstas se relacionan principalmente con la distribución de cromatina en los núcleos. Se observa que para ambos planos existe un comportamiento similar. El contraste disminuye sensiblemente en los adenocarcinomas, mientras que la correlación tiene un ligero aumento en esta lesión. La Energía presenta sus mayores valores en los adenocarcinomas, aunque se presenten algunos en las células negativas. La desviación estándar en la luminancia presenta dos rangos visibles, el primero para las negativas y las atípicas sin especificar, y el segundo para las atípicas que favorecen neoplasia y los adenocarcinomas. La homogeneidad, la entropía y la correlación muestran comportamientos impredecibles.

Con el fin de determinar un sistema que manejara la incertidumbre encontrada en los datos se planteó la utilización de un modelo de clasificación que lograra esta tarea.

### 6.2.1 Red Neuronal Artificial de Clasificación

Para el caso de los grupos celulares se encontraron dos situaciones diversas, por una parte algunos de los parámetros mostraron diferencias significativas entre las clases de células; pero por otro lado, algunas medidas parecían no relacionarse con el estado celular. Gracias a que en trabajos anteriores<sup>45,46</sup> se han sido utilizados diversos modelos de RNA con resultados óptimos en situaciones similares se propone una vez más la utilización de este método.

- **Arquitectura y Algoritmo de Entrenamiento.** Con base en los resultados de los trabajos mencionados se planteó la arquitectura feedforward multicapa con algoritmo de entrenamiento back-propagation.

En este tipo de red, el error se propaga a medida que se avanza en cada una de las capas que conforman la red, por esta razón sólo se definió una capa oculta; la capa de entrada estaría definida por las medidas calculadas para un campo celular, mientras que en la capa de salida se definieron cuatro neuronas con un comportamiento binario, una de ellas indicaría la clase celular encontrada.

La tabla 2 muestra la salida deseada para la red neuronal, mientras que la figura 47 presenta la arquitectura de la RNA utilizada.

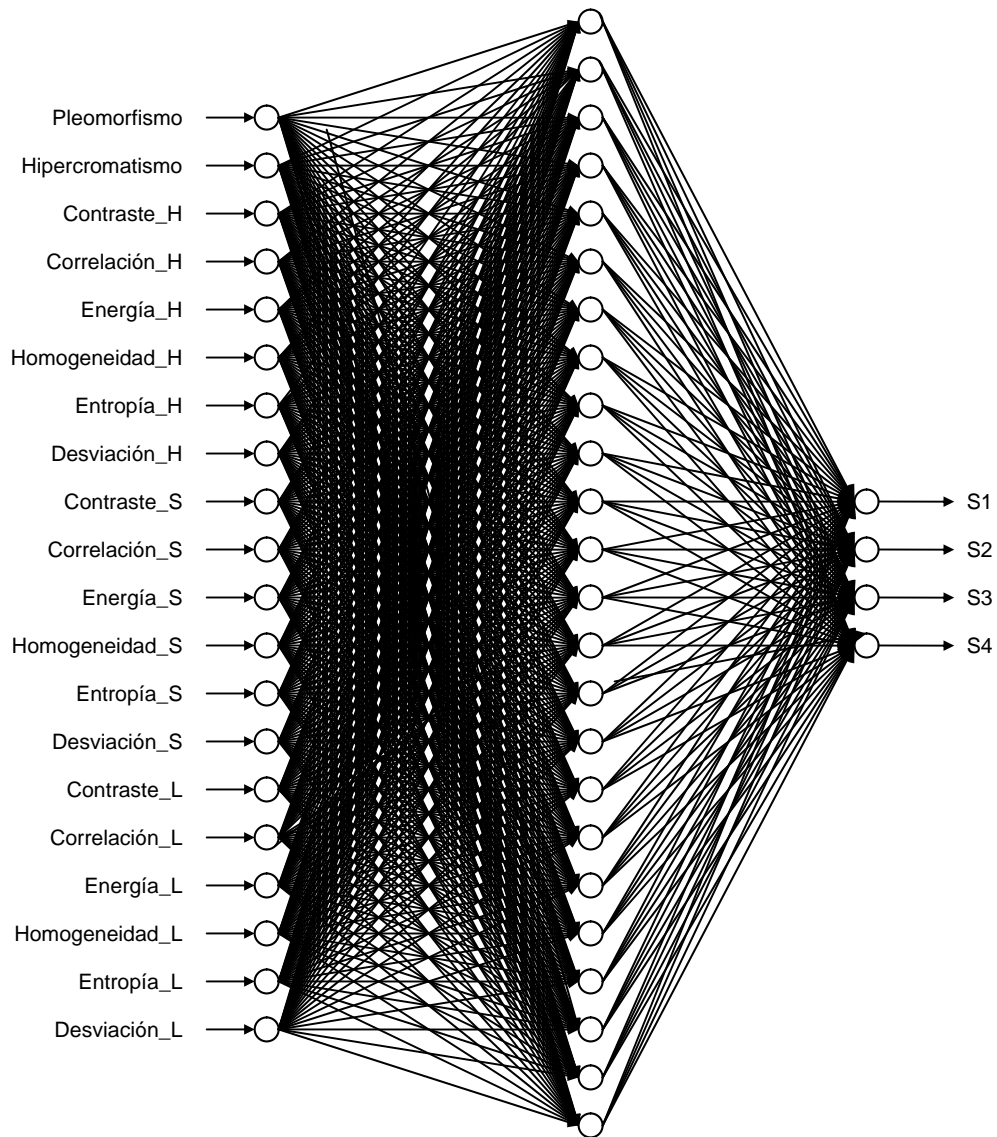
Tabla 2. Salida de la Red Neuronal Artificial de Clasificación

Clasificación	S1	S2	S3	S4
<b>Negativas</b>	1	0	0	0
<b>AGC-NOS</b>	0	1	0	0
<b>AGC-Neoplásica</b>	0	0	1	0
<b>Adenocarcinoma</b>	0	0	0	1

<sup>45</sup> MARTÍNEZ, Víctor. *et al.* Op. cit.

<sup>46</sup> AMAYA, Martha. *et al.* Contribución al estudio de las Células Escamosas de Citologías Cérvico Uterinas que Presentan Cambios por Virus de Papiloma Humano (VPH), utilizando Tratamiento Digital de Imágenes. 2006. 150 p. Trabajo de Grado (Ingeniería de sistemas). Universidad Industrial de Santander. Facultad de Ingenierías Físico-Mecánicas.

Figura 47. Arquitectura de la Red Neuronal Artificial

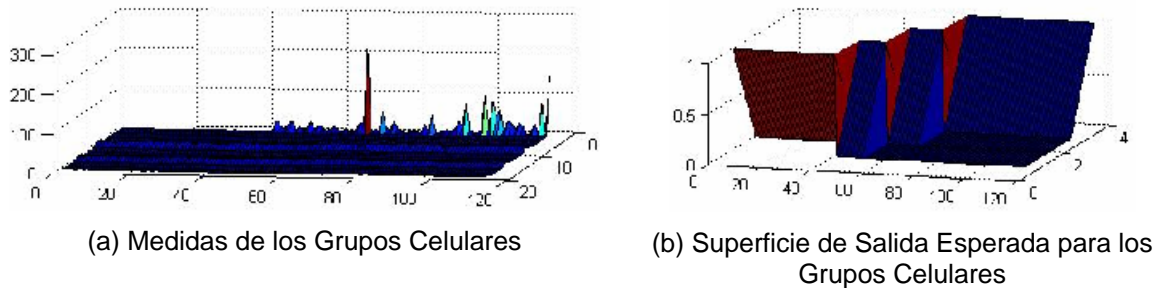


Como función de activación se utilizó Log-Sigmoid, debido al comportamiento que se deseaba para la salida y ésta presenta una respuesta en el intervalo  $[0,1]$ . Para la función de entrenamiento se recurrió a la optimización por Levenberg-Marquardt.<sup>47</sup>

<sup>47</sup> DEMUTH, Howard, BEALE, Mark y HAGAN, Martin. Neural Network Toolbox for Use with Matlab®. Natick: The Mathworks Inc. 2006. 840 p.

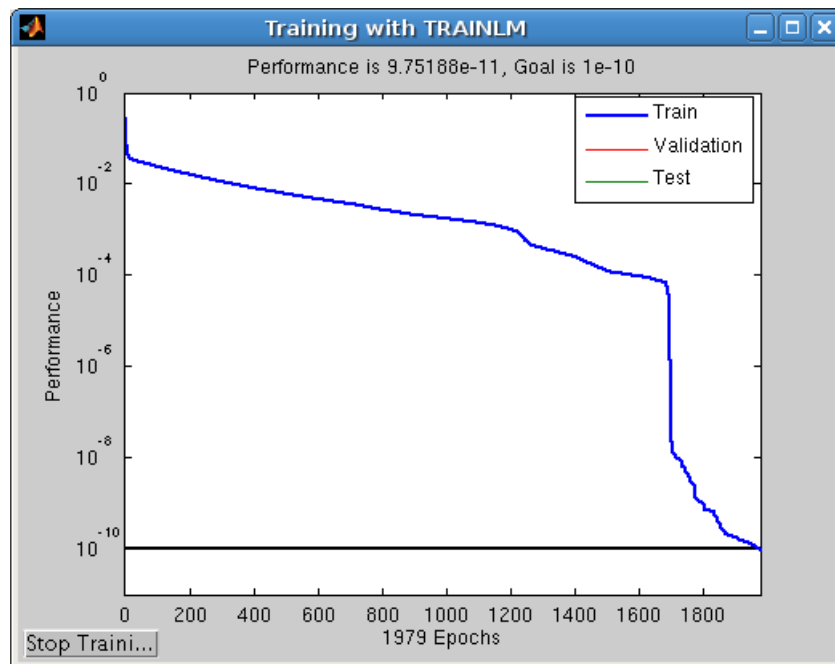
Definida la arquitectura de la RNA, se crearon dos superficies, la primera con todas las características de los grupos celulares, y la segunda de acuerdo con la salida esperada para esas medidas.

Figura 48. Superficies de entrenamiento para la RNA



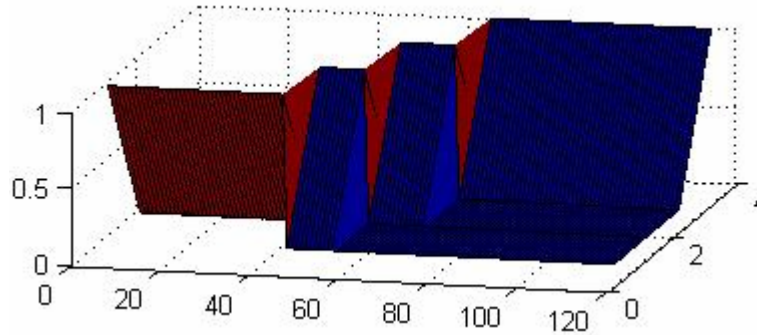
Luego de crear las superficies para el entrenamiento de la RNA, se definió un error de  $1 \times 10^{-10}$  en la salida. A continuación, se procedió a ejecutar el algoritmo optimización mencionado hasta que se lograra la convergencia, la cual se obtuvo en la iteración 1979. Como lo indica la siguiente figura.

Figura 49. Convergencia del Algoritmo de Entrenamiento



Con la RNA entrenada se hizo la primera prueba de validación, que consistió en utilizar nuevamente la superficie de entrada que contenía todas las medidas de los grupos celulares, para crear una superficie de salida a partir de la respuesta que proporcionara la RNA. Dicha superficie corresponde a la figura 50.

Figura 50. Superficie de Respuesta de la RNA Entrenada



Como se puede observar claramente, la superficie de salida producto de la respuesta de la RNA entrenada es igual a la superficie de salida esperada creada durante el entrenamiento, lo cual indica que alcanzó un grado de aprendizaje adecuado.

## 7. MODELO COMPUTACIONAL

El desarrollo de la aplicación software fue soportado por una conjunción entre la metodología clásica del procesamiento digital de imágenes y el proceso unificado de desarrollo de software.<sup>48,49</sup> Por esta razón se presenta a continuación el diagrama (figura 51) y la descripción de los casos de uso que orientó el desarrollo de la aplicación y sus respectivas funciones.

### 7.1 DESCRIPCIÓN DE LOS CASOS DE USO

Una vez que se tiene el diagrama de casos es de suma importancia contar con el documento de descripción de los casos de uso, debido a que es ahí donde se explica la forma de interactuar entre el usuario y el sistema. La tabla 3 presenta este documento.

Tabla 3. Documento de descripción de los casos de uso

<b>Nombre:</b>	Modelo Computacional para Caracterización de Células Endocervicales
<b>Autor:</b>	Víctor Eduardo Martínez Abaunza
<b>Fecha:</b>	Abril de 2006 (Última actualización)
<b>Descripción:</b>	Caracteriza y clasifica un campo celular endocervical obtenido en una imagen microscópica digital de una lámina de citología.
<b>Actores:</b>	Especialista en Patología, Sistema Endocervical y Auxiliar (Opcional)
<b>Precondiciones:</b>	El especialista debe contar con una lámina de citología cérvico uterina, una cámara fotográfica digital Olympus C7070 WZ, un microscopio trinocular Olympus CX31 y un acople Olympus C5060. El zoom óptico de la cámara debe estar ajustado en 4x y deshabilitado el digital. El objetivo a utilizar en el microscopio corresponde a 40x. La resolución de la imagen debe ser 1200x1600 píxeles y en formato jpeg. La aplicación debe ser ejecutada en la plataforma Matlab r2006a o superior.

<sup>48</sup> JACOBSON, Ivar; BOOCH, Grady y RUMBAUGH James. El Proceso Unificado de Desarrollo de Software. Madrid : Addison Wesley. 2000. 464 p.

<sup>49</sup> \_\_\_\_\_. El Lenguaje Unificado de Modelado. Madrid : Addison Wesley. 1999. 432 p.

**Flujo normal:**

El especialista adquiere fotografías digitales de los campos celulares endocervicales, simultáneamente un auxiliar registra una clasificación y la descripción de los casos.

El auxiliar toma las imágenes digitales y crea el vínculo con la descripción respectiva.

El especialista carga la imagen en la aplicación, si la imagen es abierta por primera vez se solicitará una clasificación y la descripción, que puede ser recuperada del registro realizado por el auxiliar.

El sistema endocervical convierte la imagen cargada del modelo de color RGB a IHSL. Dado que el plano H se encuentra en grados se ejecuta una normalización de la imagen. En la interfaz se habilita la opción para detectar el campo a estudiar.

El especialista ejecuta la selección del campo celular. El sistema Endocervical detecta el umbral del matiz que separa las células endocervicales del fondo y crea la máscara y el corte para el campo celular. En la interfaz se habilita la opción detección manual. Se habilita la opción para detectar núcleos.

Si el campo celular detectado no cumple los requisitos del especialista, se cuenta con una opción para seleccionarlo manualmente.

En la detección de núcleos se crea una interfaz para que el especialista observe los resultados de los métodos de segmentación implementados.

El sistema Endocervical ejecutará el filtrado basado en morfología matemática y a continuación el algoritmo de umbralización iterativa. En la nueva interfaz el especialista puede solicitar que el sistema ejecute adicionalmente el algoritmo de crecimiento de regiones.

Si los algoritmos de segmentación muestran un resultado no adecuado, el especialista puede recurrir a un método manual donde determinará el valor del umbral a utilizar.

Una vez el especialista ha decidido el resultado de la segmentación se habilitan dos opciones: modificar la detección nuclear y caracterización.

Para modificar el resultado de la detección nuclear se despliega un interfaz donde se eliminan elementos mal detectados y que no corresponden con núcleos o se agregan elementos que pertenecen a núcleos segmentados incorrectamente. Cada núcleo es enumerado consecutivamente de acuerdo a su posición en la imagen. El especialista sólo debe seleccionarlo de una lista que se le presenta.

El especialista puede efectuar la caracterización ya sea en núcleos individuales o en un grupo celular. Cada una se realiza en interfaces diferentes.

En la interfaz de caracterización de los núcleos individuales el especialista selecciona el núcleo que desea medir, todas las medidas serán visualizadas y tiene la opción de observar los parámetros de anormalidad que se presenten.

La interfaz de caracterización de los grupos celulares presentará todas las medidas calculadas y la opción de clasificación.

Finalmente, el especialista le solicitará al sistema que efectúe la clasificación del grupo celular. Una interfaz le mostrará el resultado, junto con la clasificación y la descripción registrada la primera vez que se utilizó la imagen.

**Flujo alternativo:**

No se cuenta con el actor denominado auxiliar.

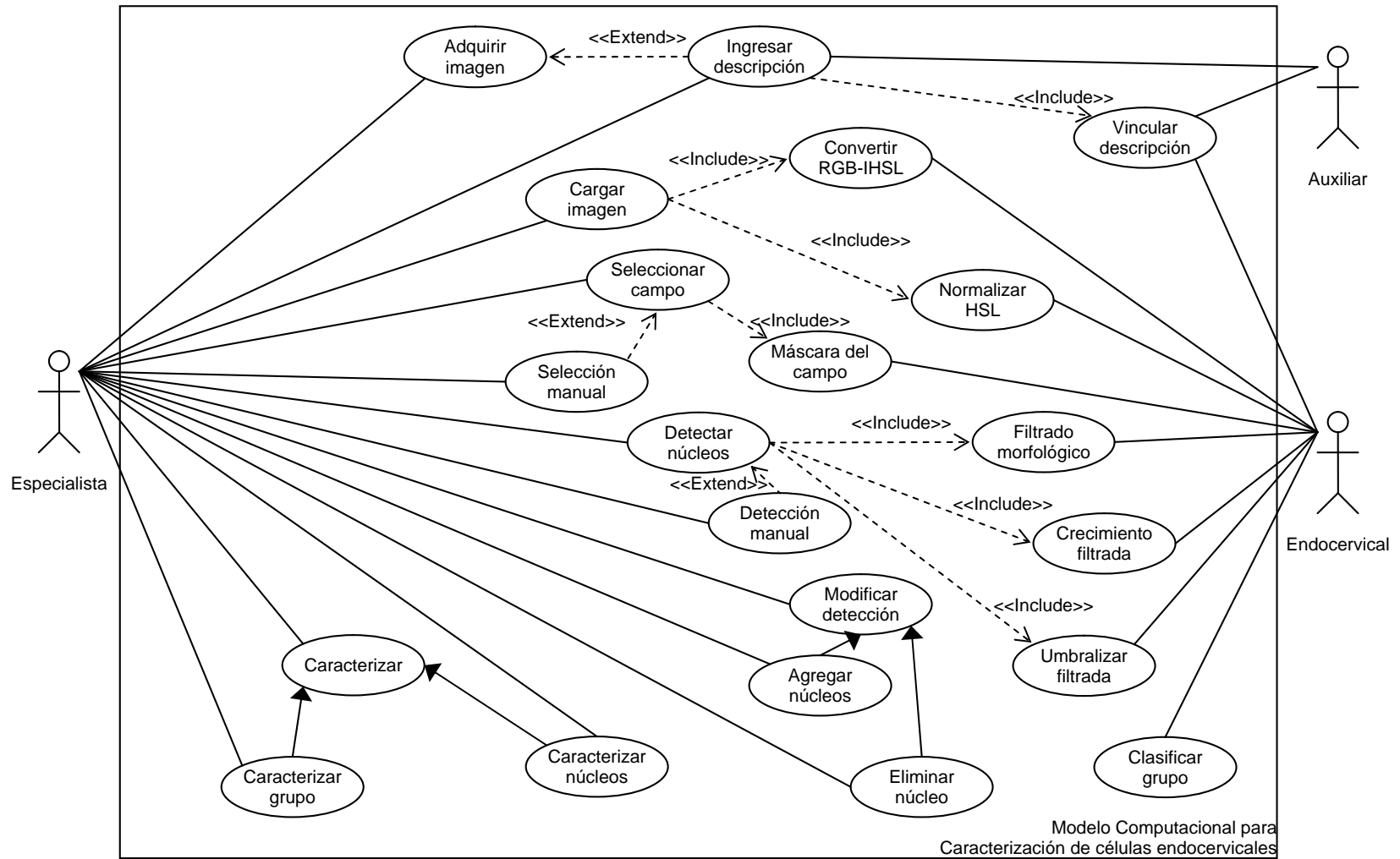
El especialista registra la descripción al momento de cargar por primera vez la imagen en la aplicación.

Se continúan con los pasos posteriores.

**Poscondiciones:**

El campo celular ha sido clasificado, el especialista confrontará el resultado del sistema con su criterio y confirmará o rechazará el resultado.

Figura 51. Diagrama de Casos de uso.



## 8. RESULTADOS

Luego de construido el Modelo Computacional, se efectuaron pruebas de validación para la clasificación de las células. En estas pruebas se emplearon 30 imágenes de células endocervicales negativas que no habían sido utilizadas en el transcurso de la investigación y una cantidad igual de imágenes nuevas se usó para los adenocarcinomas. Para el caso de las atípicas sin especificar no se presentaron imágenes nuevas y en aquéllas que favorecen neoplasia se agregaron seis imágenes a las empleadas en los procesos anteriores.

Se hicieron dos pruebas de validación, la primera consistió en utilizar todos los procedimientos automáticos, sin intervención del usuario para finalmente clasificar el campo celular; en la segunda, se eliminaron los núcleos detectados que presentaron una segmentación no adecuada o se agregaron aquéllos que presentaban una segmentación apropiada y habían sido eliminados por los algoritmos.

Para cada una de las pruebas se crearon tablas de verdad con el propósito de determinar el número de células clasificadas correcta o incorrectamente. Las filas corresponden a la clasificación real, en tanto que las columnas hacen referencia a la clasificación dada por el Modelo.

Para establecer los criterios de efectividad para el Modelo propuesto se recurre al cálculo de la sensibilidad, capacidad de encontrar todos los miembros de una población anormal; la especificidad, capacidad de encontrar todos los miembros de una población normal; y al valor predictivo positivo, probabilidad de encontrar una lesión en los pacientes que han sido catalogados como positivos.<sup>50</sup> Conforme a las siguientes ecuaciones:

$$\text{sensibilidad} = \frac{\text{Verdaderos\_Positivos}}{\text{Verdaderos\_Positivos} + \text{Falsos\_Negativos}} * 100 \quad (8.1)$$

$$\text{especificidad} = \frac{\text{Verdaderos\_Negativos}}{\text{Verdaderos\_Negativos} + \text{Falsos\_Positivos}} * 100 \quad (8.2)$$

---

<sup>50</sup> Anderson GH. Cytology Screening Programs. En : BIBBO, Marluce. Op. cit. p. 48-58

$$\text{valor\_predictivo\_positivo} = \frac{\text{Verdaderos\_Positivos}}{\text{Verdaderos\_Positivos} + \text{Falsos\_Positivos}} * 100 \quad (8.3)$$

Los resultados para la primera prueba son presentados en la tabla 4, mientras que la tabla 5 muestra lo que sucede cuando el usuario interacciona con el modelo computacional.

Tabla 4. Clasificación de Grupos Celulares Realizada por el Modelo Computacional Automático

Clasificación Real	Clasificación por el Modelo Computacional			
	Negativa	AGC (NOS)	AGC (Neoplásica)	Adenocarcinoma
<b>Negativa</b>	14	6	5	5
<b>AGC-NOS</b>	1	3	2	4
<b>AGC-Neoplásica</b>	1	6	7	5
<b>Adenocarcinoma</b>	0	9	10	11

<b>Falsos Negativos:</b>	<b>2</b>
<b>Falsos Positivos:</b>	<b>16</b>

Conforme a las ecuaciones presentadas se tiene:

$$\text{sensibilidad} = \frac{3 + 7 + 11}{3 + 7 + 11 + 2} * 100 = 91,3\%$$

$$\text{especificidad} = \frac{14}{14 + 16} * 100 = 46,66\%$$

$$\text{valor\_predictivo\_positivo} = \frac{3 + 7 + 11}{3 + 7 + 11 + 16} * 100 = 56,75\%$$

Estos resultados preliminares reconocen la posibilidad de aumentar la sensibilidad de la citología cérvico uterina, por medio de un análisis basado en procesamiento digital de imágenes. Pero, la especificidad y el valor predictivo positivo se mantienen entre los márgenes estipulados actualmente.

Es necesario aclarar que esta prueba se hizo sin interactuar sobre la detección de los núcleos que hace el modelo, de esta manera algunos núcleos utilizados para el cálculo de los parámetros pueden estar segmentados incorrectamente. A continuación se presentan los resultados obtenidos por la interacción usuario-modelo.

Tabla 5. Clasificación de Grupos Celulares Realizada por la Interacción entre el Usuario y el Modelo Computacional

Clasificación Real	Clasificación por el Modelo Computacional			
	Negativa	AGC (NOS)	AGC (Neoplásica)	Adenocarcinoma
<b>Negativa</b>	25	3	1	1
<b>AGC-NOS</b>	0	10	0	0
<b>AGC-Neoplásica</b>	0	0	19	0
<b>Adenocarcinoma</b>	0	2	4	24

<b>Falsos Negativos:</b>	<b>0</b>
<b>Falsos Positivos:</b>	<b>5</b>

Se calculan los indicadores, para esta prueba:

$$sensibilidad = \frac{10 + 19 + 24}{10 + 19 + 24 + 0} * 100 = 100\%$$

$$especificidad = \frac{25}{25 + 5} * 100 = 83,33\%$$

$$valor\_predictivo\_positivo = \frac{10 + 19 + 24}{10 + 19 + 24 + 5} * 100 = 91,37\%$$

Finalmente, a partir de la contundencia los resultados encontrados, se confirma que la prueba de clasificación en una muestra de células endocervicales presentes en una citología cérvico uterina aumenta significativamente su sensibilidad, especificidad y valor predictivo positivo si se soporta en el análisis y procesamiento de imágenes digitales. Respondiéndose a la pregunta de investigación planteada.

## 9. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Los algoritmos empleados y el procesamiento planteado lograron detectar adecuadamente las células endocervicales en cualquiera de sus estados: Negativas, Atípicas sin Especificar, Atípicas que Favorecen Neoplasia y Adenocarcinomas. Esta segmentación permitió que se determinaran las medidas y características que diferenciaron cada uno de los estados mencionados. Las pruebas efectuadas mostraron tasas de sensibilidad y especificidad aún mayores a las informadas mundialmente. De esta manera se cuenta con una herramienta computacional que favorecerá la detección oportuna del cáncer de cuello uterino, específicamente en casos de Adenocarcinoma.

Para un correcto funcionamiento de la Herramienta Software desarrollada, se recomienda seguir los parámetros descritos en la adquisición de las fotografías digitales y que su uso se haga mediante la interacción entre el usuario y el sistema, de esta manera se puede asegurar un mejor rendimiento y una mayor fiabilidad en el resultado.

Aunque los resultados encontrados son satisfactorios, el campo celular estudiado en una imagen digital sólo contiene una pequeña muestra de células, de todas las presentes en una lámina de citología cérvico uterina. Es así, que la continuidad de la investigación actual debe ser orientada hacia el procesamiento de campos celulares mayores, que se formarían a partir del entrecruzamiento y ajuste de múltiples imágenes. Este tipo de procesamiento requiere el diseño e implementación de tecnología enfocada hacia la computación de alto rendimiento, para el manejo de grandes volúmenes de información. Esta tecnología propuesta beneficiaría también al algoritmo de segmentación basado en crecimiento regiones, el cual siempre presentó un tiempo de ejecución bastante alto.

## BIBLIOGRAFÍA

AMAYA, Martha. *et al.* Contribución al estudio de las Células Escamosas de Citologías Cérvico Uterinas que Presentan Cambios por Virus de Papiloma Humano (VPH), utilizando Tratamiento Digital de Imágenes. 2006. 150 p. Trabajo de Grado (Ingeniería de sistemas). Universidad Industrial de Santander. Facultad de Ingenierías Físico-Mecánicas.

BIBBO, Marluce, ed. *Comprehensive Cytopathology*. 2 ed. Philadelphia: W.B. Saunders Company. 1997.

CASTLEMAN, Kenneth. *Digital Image Processing*. Upper Saddle River: Prentice Hall, 1996. p. 1-11.

DELGADO, Sandra M. *et al.* MESOFT 1.0 Prototipo Software para la Caracterización de Células Mesoteliales No Tumorales Malignas en Citología de Líquido Pleural. En : CONGRESO IBERO COLOMBO VENEZOLANO Y DEL CARIBE DE PATOLOGÍA. (1° : 2006 : Cartagena de Indias).

DEMUTH, Howard, BEALE, Mark y HAGAN, Martin. *Neural Network Toolbox for Use with Matlab®*. Natick: The Mathworks Inc. 2006.

DOUGHERTY, Edward R. *Mathematical Morphology in Image Processing*. New York : Marcel Decker, 1993. p. 43-92.

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIERÍA INFORMÁTICA, Cursos de formación on-line. *Procesamiento de Imágenes Digitales*. Universidad de Sevilla. Fecha de consulta: Febrero de 2006. URL: <http://www.sav.us.es/formaciononline/asignaturas/asigpid/>.

GIARDINA, Charles R. y DOUGHERTY, Edward R. *Morphological Methods in Image and Signal Processing*. Englewood Hills: Prentice Hall, 1988.

GONZÁLEZ, Rafael C. y WOODS, RICHARD E. Tratamiento Digital de Imágenes. Wilmington: Addison-Wesley Iberoamericana, 1996.

GONZÁLEZ PENEDO, Manuel. Visión Artificial. Documento en línea. Universidade da Coruña. Fecha de consulta: Febrero de 2006. URL: <http://www.lfcia.org/~cipenedo/cursos/lp/inicio2.html>.

HALE, Laura P. Introduction to Systemic Histology. <http://pathology.mc.duke.edu/research/PTH225.html>

HANBURY, Allan. Mathematical Morphology: from Erosion to Watersheds. En : 11th Summer School on Image Processing (SSIP), West University of Timisoara, Romania, 2003.

\_\_\_\_\_. Morphological Operators on the Unit Circle, with applications to Hues and to Oriented Textures. Paris, 2002. PhD thesis. Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris. Centre de Morphologie Mathématique.

\_\_\_\_\_. [http://www.prip.tuwien.ac.at/~hanbury/Online\\_docs.html](http://www.prip.tuwien.ac.at/~hanbury/Online_docs.html). February 2006. `rgb2hsy.m` function.

\_\_\_\_\_. Technical Report N-04/01/MM. Paris: Centre de Morphologie Mathématique. Ecole de Mines de Paris, 2001.

\_\_\_\_\_ y SERRA, Jean. Colour Image Analysis in 3D-polar coordinates. En : DAGM SYMPOSIUM. (25 : 2003 : Magdeburg).

HAYKIN, Simon. Neural Networks: A Comprehensive Foundation. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 1999.

INSTITUTO NACIONAL DE CANCEROLOGÍA. Salud Mujer. Guía para la detección precoz y el control del cáncer de cuello uterino. INC. 1997.

INTERNATIONAL AGENCY FOR RESEARCH ON CANCER. Planning and Implementing Cervical Cancer Prevention and Control Programs. Lyon: IARC, 2004.

JACOBSON, Ivar; BOOCH, Grady y RUMBAUGH James. El Proceso Unificado de Desarrollo de Software. Madrid : Addison Wesley. 2000. 464 p.

\_\_\_\_\_. El Lenguaje Unificado de Modelado. Madrid : Addison Wesley. 1999.

JAIN, Anil K. Fundamentals of Image Processing. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1989.

JANERICH, Dt *et al.* The screening histories of women with invasive cervical cancer, En : American Journal of Public Health. Connecticut. Vol. 85, No. 6 (Junio 1995); p. 791-794.

LLINÁS ARDILA, Julio M., El Endocérvix: Un Nuevo Órgano. En : [http://www.medilegis.com/bancoconocimiento/T/Tribuna102n2invitado/art\\_invitado.htm](http://www.medilegis.com/bancoconocimiento/T/Tribuna102n2invitado/art_invitado.htm). Noviembre 1 de 2005.

MARTÍNEZ Víctor E. *et al.* Software Tool for Squamous Cells Classification in Cervical Smear Cytologies. En : INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTATIONAL BIOENGINEERING. (2° : 2005 : Lisboa). ICCB2005 Proceedings of II International Conference on Computational Bioengineering, Lisbon: IST Press. 2005. v. 2 : p.1089-1094.

MERCK & co. Test For HPV to help detect abnormal cells <http://hvp.com/what-to-do/test-for-hpv.html>.

PRESUTTI, Miriam. La Matriz de Co-Ocurrencia en la Clasificación Multiespectral: Tutorial para la Enseñanza de Medidas Texturales en Cursos de Grado Universitario. En : Jornada de Educação em Sensoriamento Remoto no Âmbito do Mercosul (4 : 2004 : São Leopoldo, Brasil).

REINA, Manuel. Técnicas de contaje celular. Universitat de Barcelona. Documento en línea. Fecha de consulta: Agosto de 2006. <http://www.ub.es/biocel/wbc/tecnicas/contajecelular.htm>.

RICH, Elaine y KNIGHT. Kevin. Inteligencia Artificial. 2 ed. Madrid: McGraw Hill, 1994.

SAWAYA, George *et al.* Current approaches to cervical – Cancer Screening, En : The New England Journal of Medicine. Massachusetts. Vol. 344, No. 21 (Mayo 2001); p. 1603 -1607.

SOLOMON, Diane y NAYAR Ritu, ed. El Sistema Bethesda para Informar la Citología Cervical. Buenos Aires: Ediciones Journal, 2005.

STOLER Mark. New Bethesda terminology and evidence-based management guidelines for cervical cytology findings. En : The Journal of American Medical Association, 2002; 287:2140-1. Chicago. Vol. 287, No. 16 (Abril 2002); p. 2140 - 2141

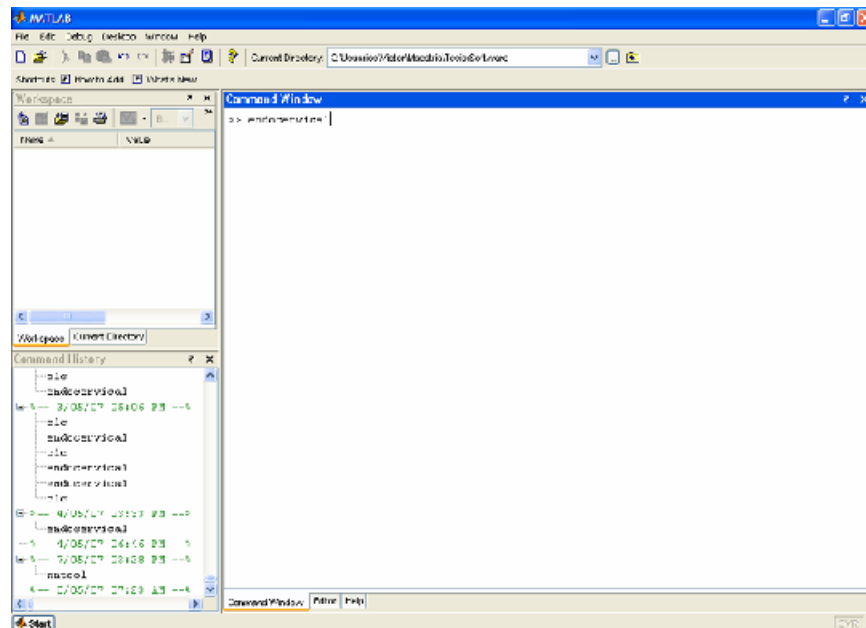
THE MATHWORKS. Image Processing Toolbox for Use with Matlab. Natick: The Mathworks Inc. 2006.

\_\_\_\_\_. Matlab: The Language of Technical Computing. Function Reference. Natick: The Mathworks Inc. 2004. 3 v.

## ANEXO A. FUNCIONAMIENTO DEL MODELO COMPUTACIONAL

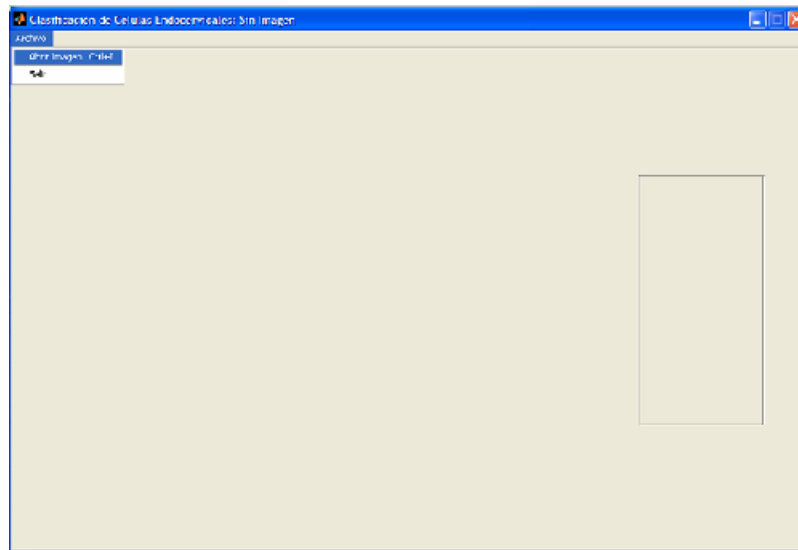
La herramienta software que soporta el modelo computacional fue desarrollada totalmente en Matlab® r2006a. El motor de base de datos utilizado para soportar las reglas de la caracterización nuclear es MySQL. El primer paso para ejecutar la herramienta es ubicar el directorio donde se encuentran las funciones y ejecutar el comando para iniciar la interfaz gráfica, como lo presenta la siguiente figura.

Figura 52. Inicio de la Herramienta Software.



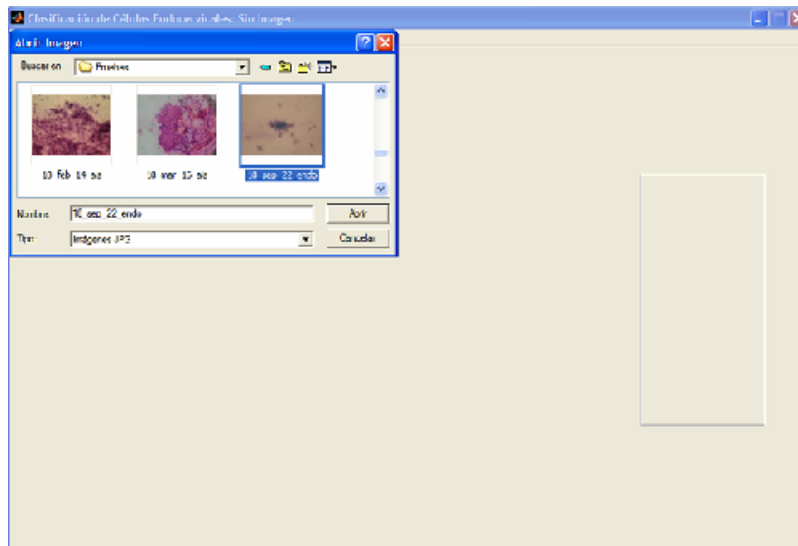
Luego de ejecutar este comando se despliega la ventana principal, que habilitará las opciones de procesamiento a medida que avanza la caracterización y clasificación celular. En un primer momento, sólo se encuentran disponibles las opciones: Abrir imagen y Salir; como lo muestra la figura 53.

Figura 53. Ventana Principal de la Herramienta Software



Por medio de la opción Abrir Imagen se despliega una ventana de exploración con el propósito de buscar la imagen celular que se desea analizar. El software sólo debe ser utilizado para el análisis de células endocervicales. La siguiente figura presenta la selección de la imagen que será estudiada.

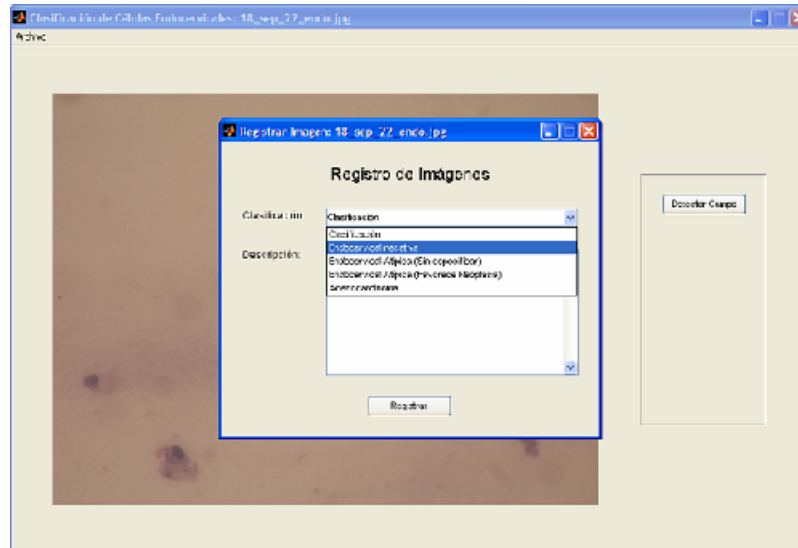
Figura 54. Opción Abrir Imagen



Una vez escogida la imagen, el software la mantendrá en memoria para ser procesada. Si la imagen a estudiar no ha sido almacenada en la base de datos, se

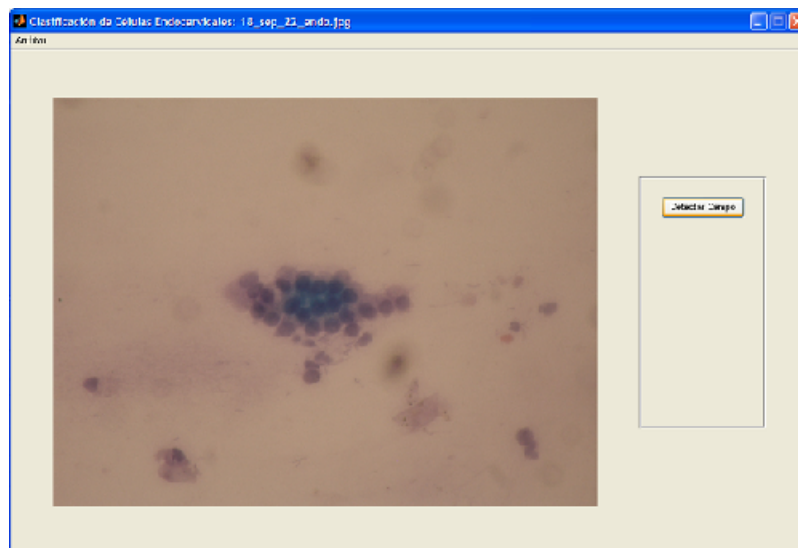
desplegará una ventana donde se solicitará al usuario que registre la clase celular y una descripción del campo. La clasificación corresponde a la determinada por el Sistema Bethesda. Tal como se presenta en la siguiente figura.

Figura 55. Registro de Imágenes Celulares



Luego de abrir la imagen y almacenada en memoria, se visualizará la imagen y se habilitará la opción para detectar el campo celular. (Figura 56)

Figura 56. Visualización de la Imagen Celular



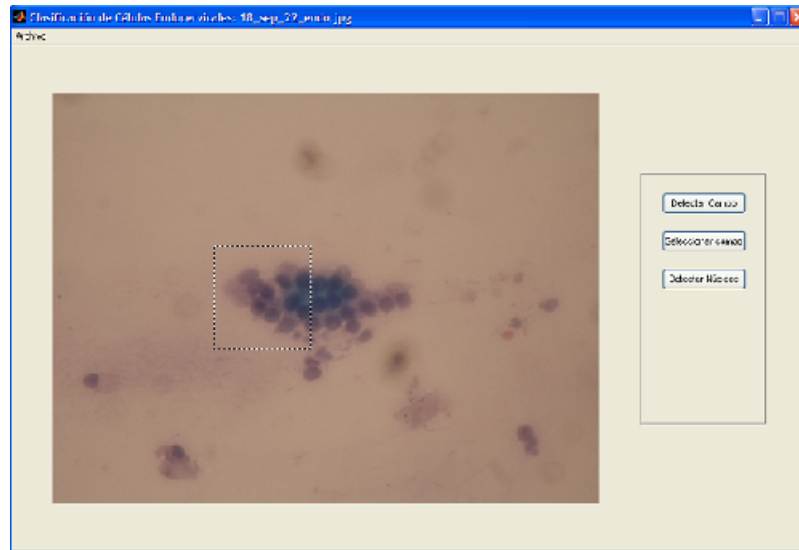
Al utilizar la opción Detectar Campo, se ejecutará el algoritmo descrito en el capítulo de Preprocesamiento. La siguiente figura muestra el resultado de este paso.

Figura 57. Detección Automática del Campo celular



Si el campo celular detectado no corresponde al deseado, o si una imagen llegara a presentar más de un campo celular, dado que el software sólo estudia un campo a la vez, existe una opción para seleccionar el campo manualmente. La figura 58 muestra esta opción.

Figura 58. Detección Manual del Campo Celular



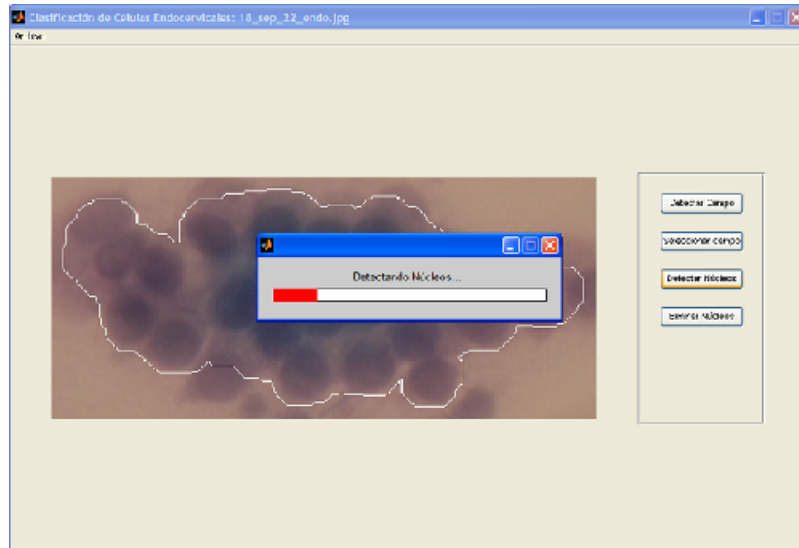
Seleccionado el campo celular, la herramienta delimita las correspondientes células para su posterior análisis. Se ejecuta nuevamente el algoritmo descrito en el Capítulo de preprocesamiento. La figura 59 ilustra las células seleccionadas manualmente.

Figura 59. Delimitación de las Células Seleccionadas Manualmente



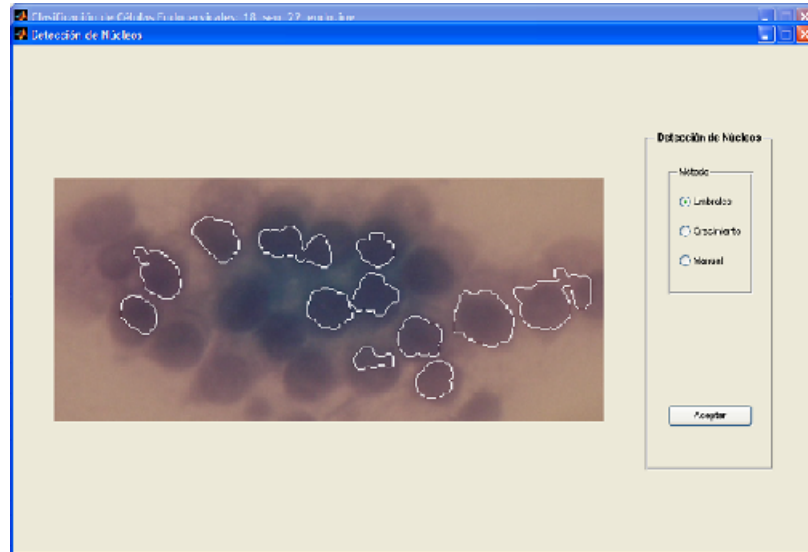
Luego de demarcar el campo celular adecuado para el análisis de la imagen se activa la opción para detectar los núcleos. Una ventana auxiliar mostrará el estado del proceso de segmentación. Como se indica en la siguiente figura.

Figura 60. Detección Automática de Núcleos (Umbralización Iterativa)



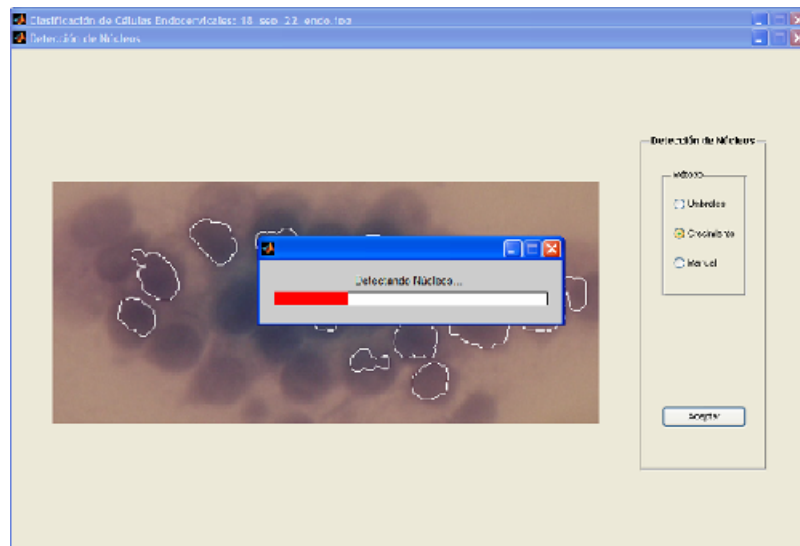
A continuación, esta opción desplegará una ventana con las opciones para elegir el método que encontrará los núcleos, la herramienta utiliza por defecto el algoritmo por umbralización iterativa. La figura 61 corresponde a la ventana para la detección de los núcleos.

Figura 61. Ventana de Detección Nuclear



Si la detección de núcleos lograda por el algoritmo de umbralización iterativa no es adecuada o no satisface los requisitos del usuario, se puede utilizar el método de crecimiento de regiones. Se desplegará la ventana auxiliar (Figura 62) para indicar el avance del proceso.

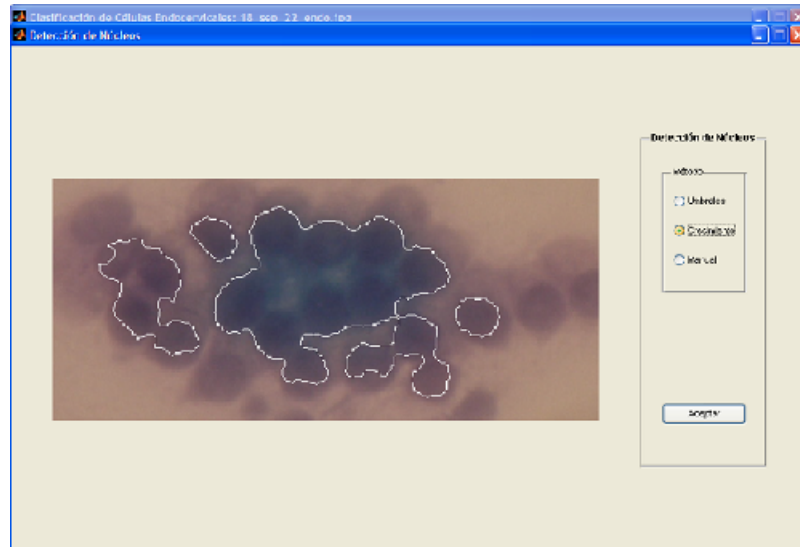
Figura 62. Opción Crecimiento de Regiones



También es posible mostrar en la misma ventana el resultado del algoritmo de crecimiento de regiones, como lo indica la figura 63, se recomienda que este

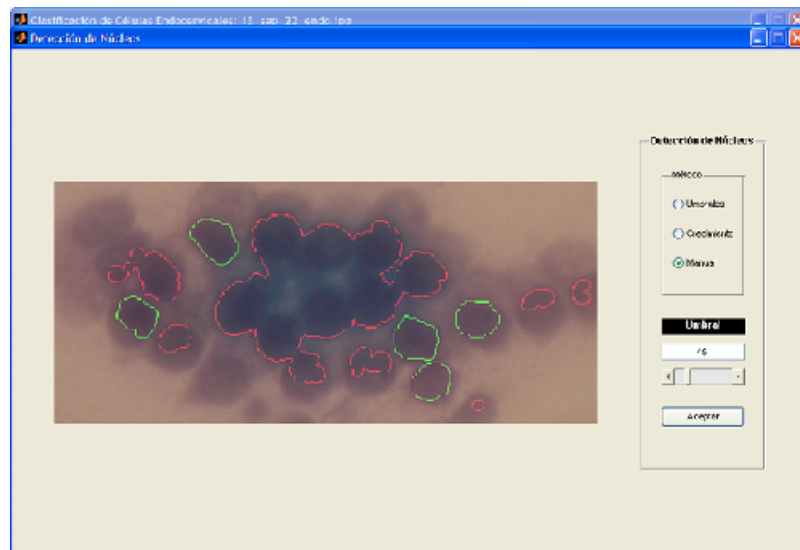
algoritmo sea utilizado para campos celulares pequeños, dada la gran capacidad de cómputo que requiere.

Figura 63. Detección Automática de Núcleos (Crecimiento de Regiones)



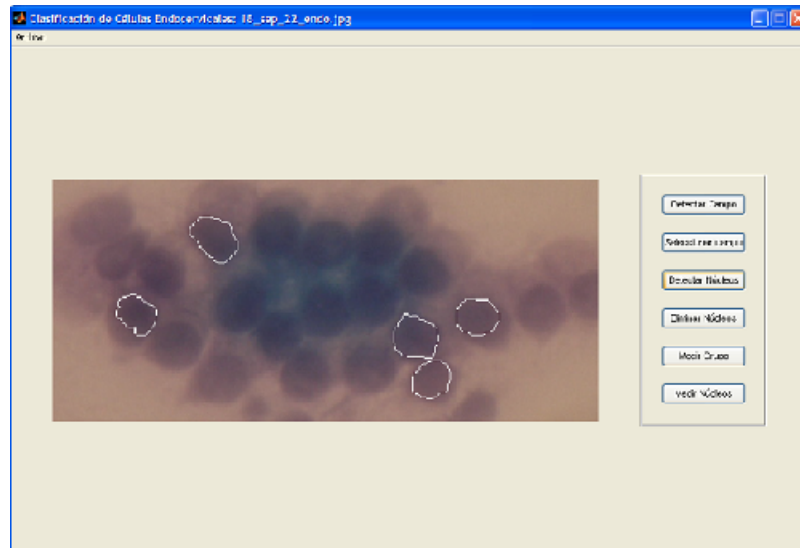
Si ninguno de los métodos automáticos logra una detección de núcleos adecuada o satisfactoria. Existe una opción para la detección manual; la cual distingue núcleos válidos, marcados con un borde verde, de núcleos eliminados, borde rojo. Como se presentan en la siguiente figura.

Figura 64. Detección Manual de Núcleos



Después de la segmentación se muestran los núcleos que serán considerados válidos para la caracterización celular. Se habilitan las tres opciones restantes: Eliminar Núcleos, Medir Grupo y Medir Núcleos. En la ventana principal (Figura 65) se dibujará el resultado de la detección nuclear realizada.

Figura 65. Resultado de la Detección Nuclear



En algunos casos, los núcleos que han sido considerados como válidos pueden estar segmentados incorrectamente, o por el contrario, los núcleos eliminados pueden contener alguno válido. Para resolver este inconveniente existe una opción en la que el usuario puede efectuar este cambio.

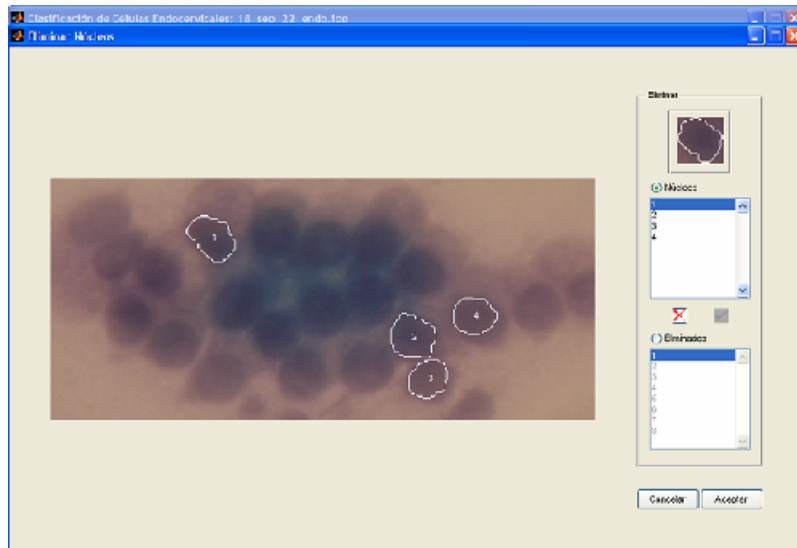
Los núcleos son enumerados de tal manera que el usuario debe seleccionar el número del núcleo que desea en la casilla donde son listados los núcleos válidos y luego por medio del botón que indica la opción de eliminar efectúa el cambio. Mientras se estén eliminando los núcleos la opción de restauración es deshabilitada. Como lo presenta la figura 66.

Figura 66. Ventana para Eliminar Núcleos



Una vez eliminado el núcleo desaparece de la selección, es marcado como eliminado y la lista es modificada, al igual que la numeración. Como lo muestra la siguiente figura.

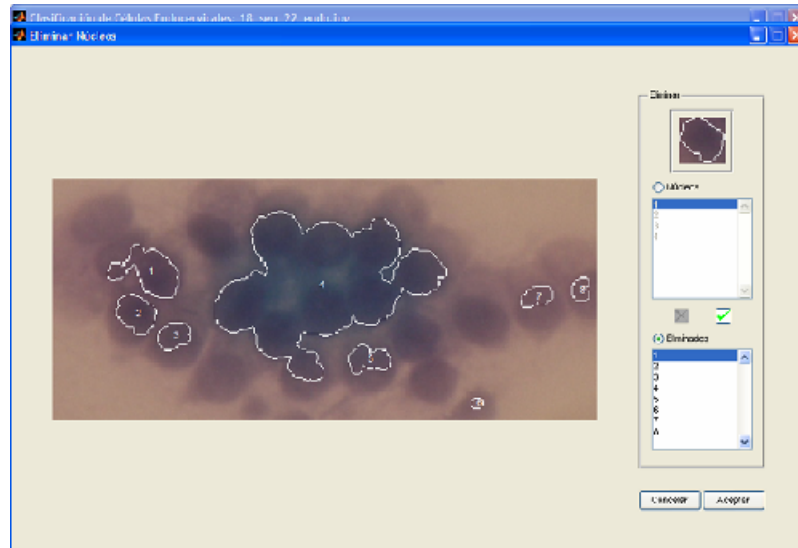
Figura 67. Procedimiento para Eliminar Núcleos



Como se puede presentar el caso de un núcleo que sea eliminado incorrectamente, ya sea por el algoritmo o por acción involuntaria del usuario, En la misma ventana de Eliminar Núcleos se encuentra la opción de restaurarlos,

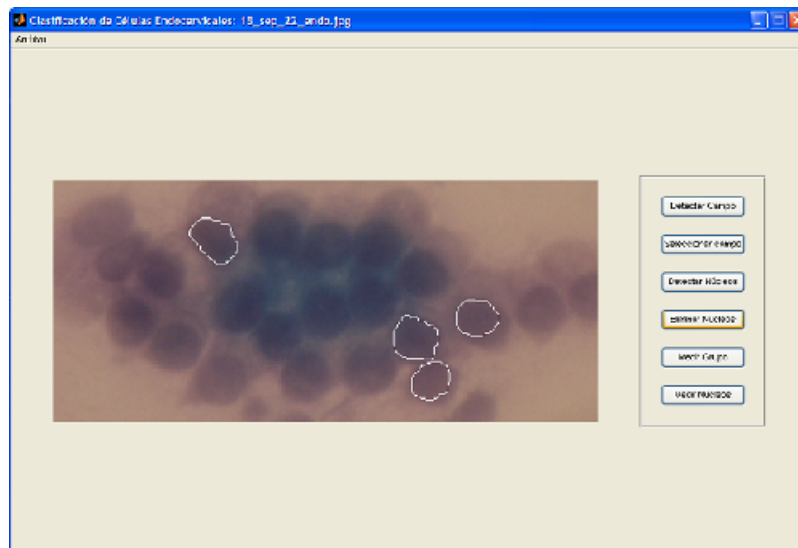
para lo cual es necesario activar la lista de núcleos eliminados y habilitar la opción de Restauración. En este caso se deshabilita la opción de eliminar núcleos. Tal como se muestra en la siguiente figura.

Figura 68. Procedimiento para Restaurar Núcleos



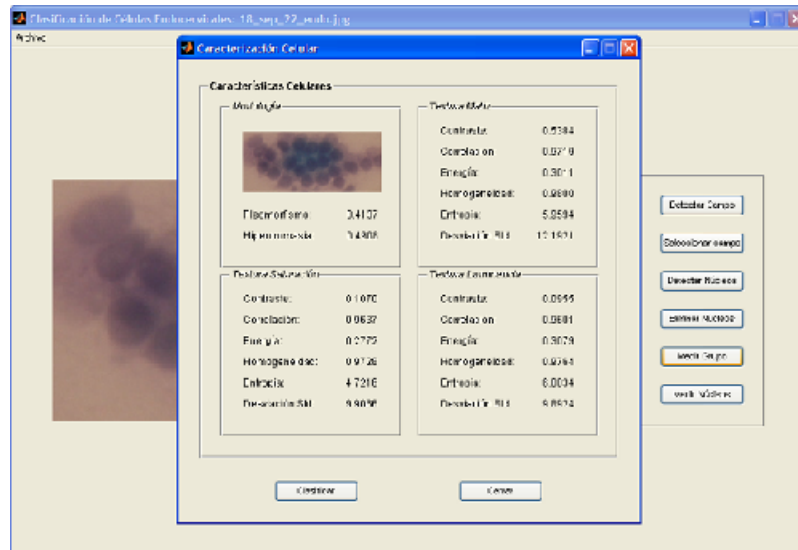
Luego de utilizar esta opción de ajuste se dibujará el resultado de la detección nuclear realizada en la ventana principal (Figura 69). La caracterización celular se realiza con las dos opciones que permiten esta labor.

Figura 69. Detección Nuclear Ajustada



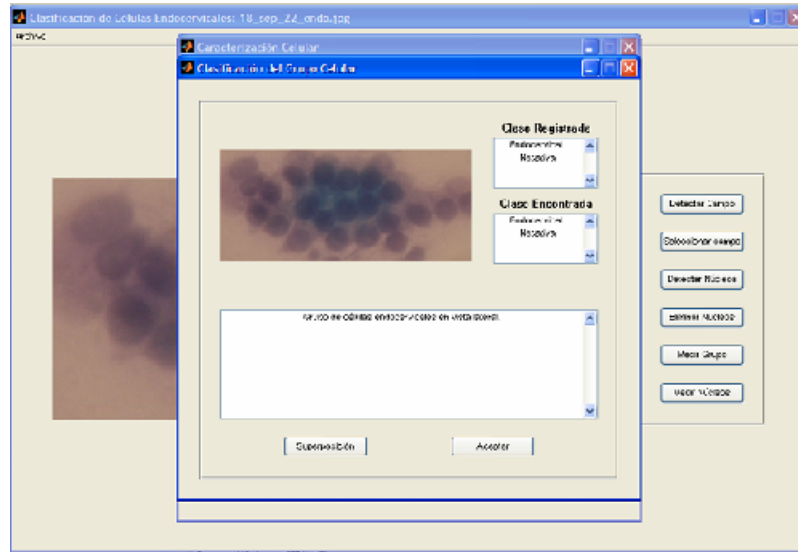
En la caracterización celular se puede elegir entre medir el campo celular o los núcleos. Para la primera opción, se despliega la ventana de la figura 70, con las medidas del campo celular calculadas. Como guía visual se observa la imagen digital.

Figura 70. Caracterización Celular



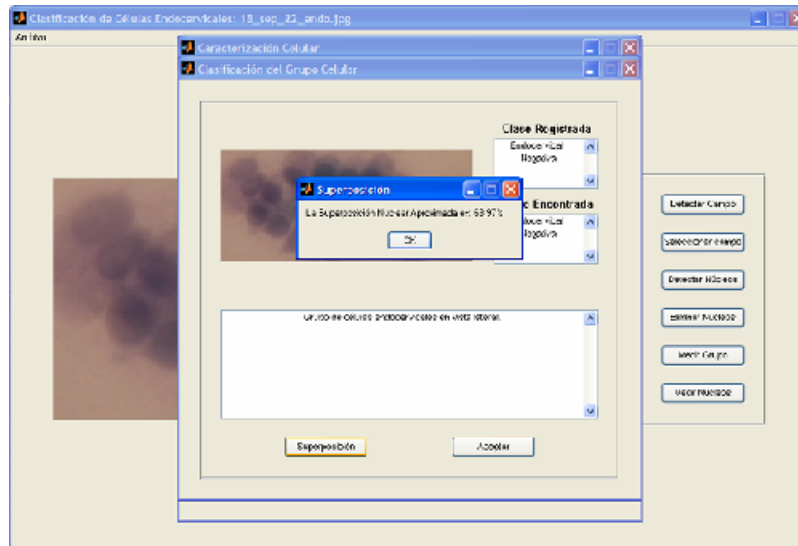
En la ventana de caracterización celular se encuentra la opción que clasifica la muestra celular, realizada por la RNA. Esta opción despliega una ventana (figura 71) donde se encontrará la clasificación y la descripción dada por el usuario, junto con la clasificación dada por la herramienta.

Figura 71. Clasificación Celular Realizada por el Modelo Computacional



Adicional a la clasificación celular se encuentra la opción para determinar si en el campo celular se encuentra sobreposición nuclear. Este valor se calcula con la ecuación explicada en el capítulo de Descripción. Se aclara que no es una medida exacta, sino aproximada. Como se muestra a continuación.

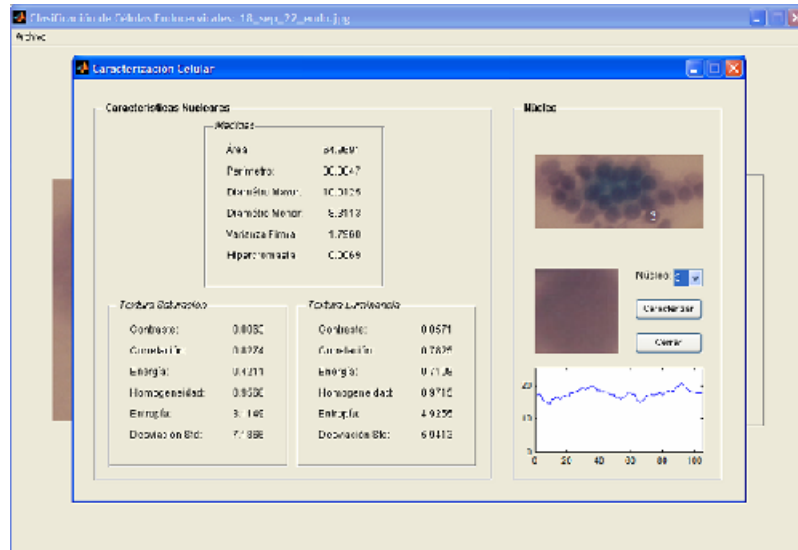
Figura 72. Presentación de la Superposición Nuclear



Para el caso de los núcleos individuales se encuentra la opción Medir Núcleos, que despliega la ventana de la figura 73, con todas las medidas para un núcleo

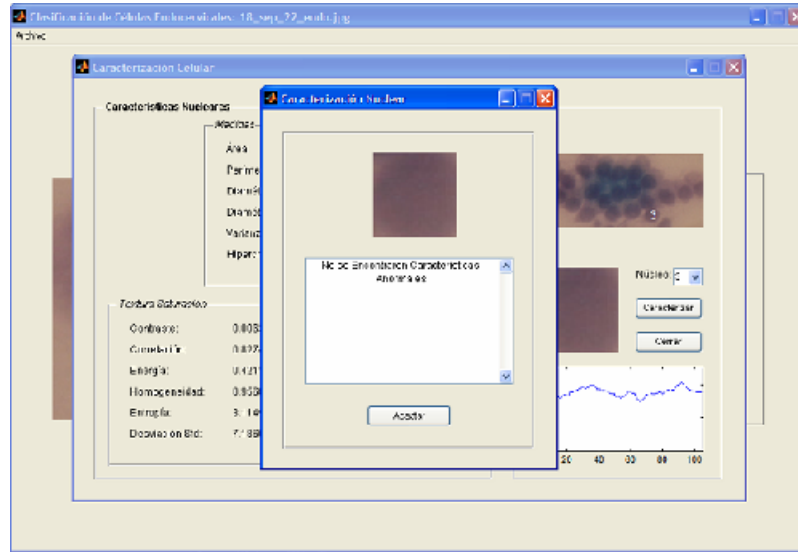
individual. Por medio de un menú desplegable se selecciona el núcleo que se desea medir.

Figura 73. Caracterización Nuclear



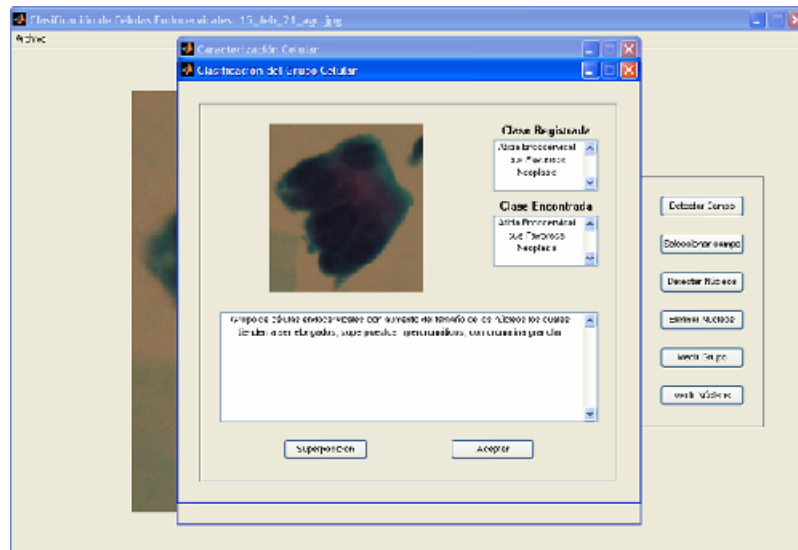
La ventana de Caracterización Nuclear presenta la opción para analizar el estado del núcleo respecto a las reglas establecidas en el capítulo de Interpretación. Para los cual presenta una lista de las características que no cumplen esta reglas. Si el núcleo no presenta parámetros de anomalía el software muestra el resultado conforme a la figura 74.

Figura 74. Resultado de la Caracterización Nuclear



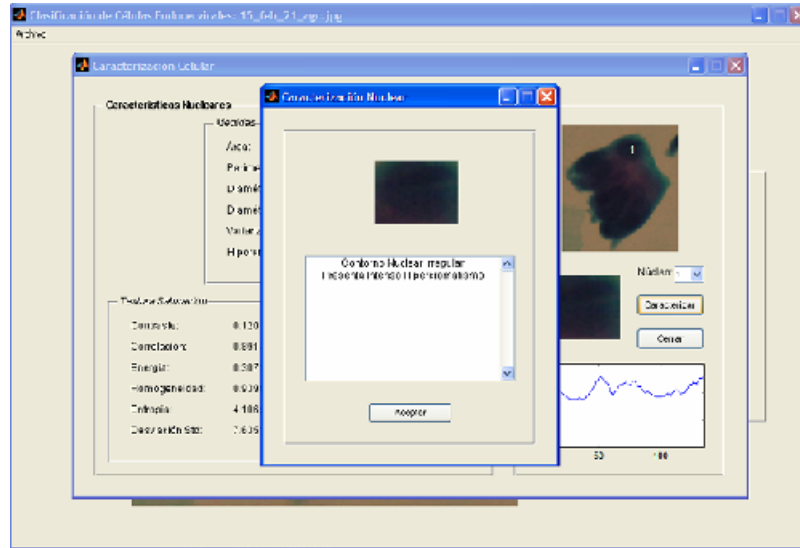
Para la clasificación de las células que presenten alguna lesión, se sigue el mismo procedimiento y la respuesta del software se ilustra en la siguiente figura.

Figura 75. Clasificación de Células Anormales



En los núcleos que presenten algún grado de lesión el software muestra la lista de parámetros que no se cumplen, la cual varía de acuerdo con el número de reglas estipulas en el capítulo de Descripción. La figura 76 presenta la respuesta dada por el software.

Figura 76. Resultado del Software para Núcleos Anormales.



## **ANEXO B. BENEFICIOS ADICIONALES**

La ejecución de la presente investigación ha soportado el desarrollo de trabajos de grado que se beneficiaron con el conocimiento adquirido en el transcurso del proyecto, los trabajos que han sido finalizados son:

- Contribución al estudio de las Células Escamosas de Citologías Cérvico Uterinas que Presentan Cambios por Virus de Papiloma Humano (VPH), utilizando Tratamiento Digital de Imágenes. Autoras: Martha Lucía Amaya Ramírez y Olga María Molina Meneses. 2006.
- Prototipo software para la caracterización de células mesoteliales no tumorales malignas en citología de líquido pleural. Autoras: Sandra Mylena Delgado Anaya y Diana Rosalva Villamizar Arias. 2006.
- Contribución al estudio de las células escamosas de citologías cérvico uterinas que presentan cambios por ASCUS, por medio de tratamiento digital de imágenes. Autoras: Erica Carolina Torres Vega y Diana Niño Pimiento. 2006.
- Software para la Contribución al Diagnóstico en Citologías Cérvico Uterinas de Células Escamosas que Presentan Cambios de Neoplasia Intraepitelial Cervical III (NIC III), por medio de Tratamiento Digital de Imágenes. Autoras: Raquel Sofía Ramírez González y Carol Paola Galvis Méndez. 2006.

De igual manera, los trabajos que se encuentran en ejecución son:

- Contribución al Estudio de las Células Escamosas de Citologías Cérvico Uterinas que Presentan Cambios de Neoplasia Intraepitelial Cervical I (NIC I), por medio de Tratamiento Digital de Imágenes. Autores: Ivonne Andrea Roa Porras y Ruddyguer Leonardo Castillo.
- Contribución al Estudio de las Células Escamosas de Citologías Cérvico Uterinas que Presentan Cambios de Neoplasia Intraepitelial Cervical II (NIC II), por medio de Tratamiento Digital de Imágenes. Autores: Donaida Coneo Plata y Julián Alberto Martínez Peñaloza.
- Diseño e Implementación de un Sistema Basado en redes Neuronales Artificiales para la caracterización de Células Malignas en Fluido Pleural.

Autores: Juan Francisco Remolina Caviedes y Adrián Fernando Rodríguez Vega.

Y en la fase de planeación se encuentran los trabajos de grado:

- Herramienta basada en Máquinas de Soporte Vectorial para clasificación de las células escamosas de citologías cérvico uterinas. Autores: Laura Yadira Valbuena Rodríguez y Milton Antonio Caviedes Sanabria.
- Paralelización del algoritmo de crecimiento de regiones. Autora: Andrea Pilar Reyes.

La continuidad del presente trabajo de investigación se dará en el siguiente trabajo de maestría, el cual se encuentra en fase de planeación:

- Integración de los Modelos Computacionales Empleados en la Caracterización y Clasificación Celular de un Extendido Cervical. Autora: Raquel Sofía Ramírez González.

Referente a la publicación de los resultados y las conclusiones encontradas en la investigación desarrollada, éstas se aceptaron en congresos de carácter nacional e internacional para las siguientes presentaciones:

- Congreso Nacional de Egresados Universidad Industrial de Santander. XVII ASEDUIS, V Medicina UIS. Bucaramanga. 2006.  
Título: Modelo Computacional para Clasificación de Células en Extendidos de Citología Cérvico Uterina.
- Primer Congreso Ibero Colombo Venezolano y del Caribe de Patología, 36 Congreso de Patología. Cartagena de Indias. 2006.  
Título: MESOFT 10. Prototipo Software para caracterización de células mesoteliales no tumorales y malignas en citología de líquido pleural.
- Conferencia Latinoamericana de Computación en Alto Rendimiento. Santa Martha. 2007.  
Título: Tecnología Grid para la Detección de Cáncer de Mama y Cuello Uterino por Medio de Procesamiento de Imágenes.
- III International Congress on Computational Bioengineering. Isla Margarita. 2007.

Título: Mesothelials Cells Characterization by Computational Software.

Título: Software Tool for Squamous Cells Analysis with Changes by ASCUS.

Título: Software Tool for HPV Detection in Cervical Smears Cytologies.

Finalmente, la asignatura de Tratamiento Digital de Imágenes, ofrecida dentro del ciclo de electivas técnicas profesionales en la Escuela de Ingeniería de Sistemas en Informática, fue beneficiada con la inclusión dentro de su contenido de la totalidad del conocimiento en procesamiento digital de imágenes que se obtuvo con el desarrollo de la presente investigación.