

# METODOLOGÍA

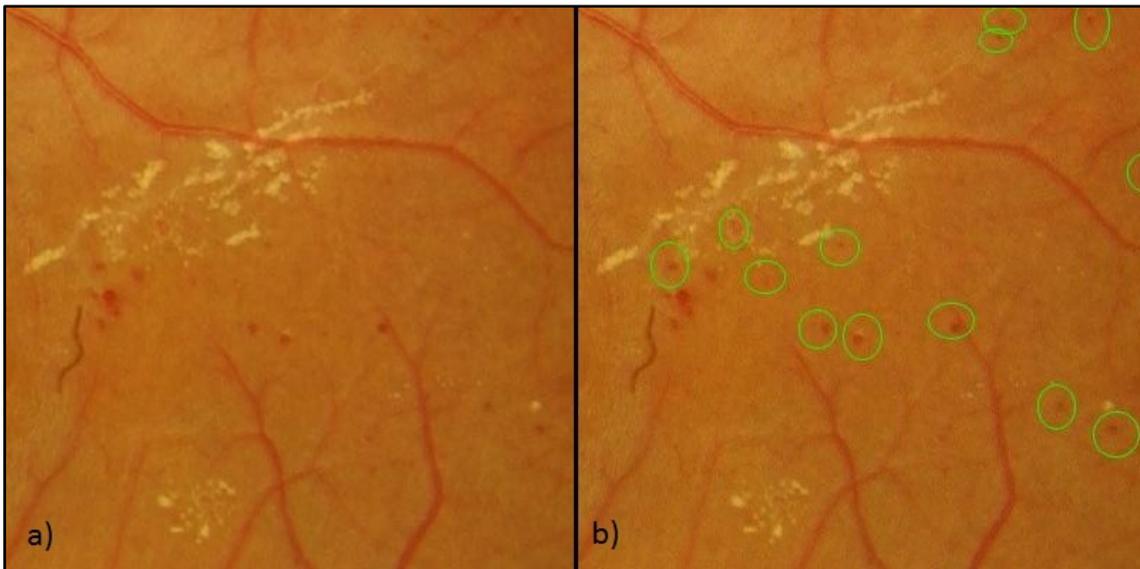
---

## 2. METODOLOGÍA

### 2.1. Materiales empleados

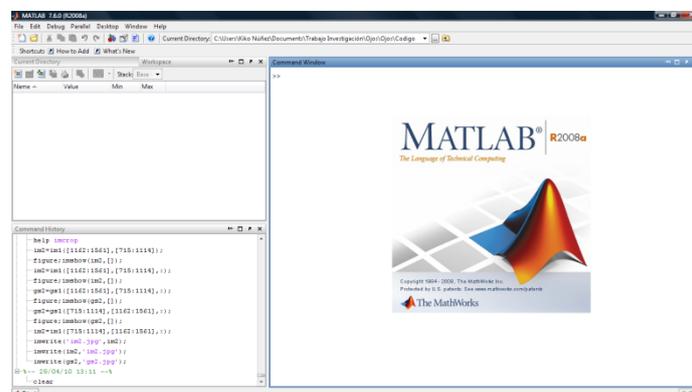
Para el desarrollo del proyecto se ha empleado la base de datos proporcionada por el servicio de endocrinología del Hospital Universitario Puerta del Mar de Cádiz, y un equipo informático proporcionado por el grupo de investigación de Imágenes Médicas perteneciente al departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones de la Escuela Superior de Ingenieros de la Universidad de Sevilla.

La base de datos consta de 30 imágenes retinográficas en formato JPG con una resolución de 1960 x 1960 píxeles procedentes de un retinógrafo midriático TOPCON TRC-50EX ubicado en el servicio de endocrinología del Hospital Universitario Puerta del Mar de Cádiz. De cada imagen disponemos de dos versiones, una sin diagnosticar y otra diagnosticada por un especialista (ver Ilustración 13). En las imágenes diagnosticadas el especialista señala los MA encerrándolos en una circunferencia de color verde.



**Ilustración 13:** a) Recorte de retinografía. b) Mismo recorte que a) diagnosticado por el especialista.

Para llevar a cabo el desarrollo de los algoritmos de detección automática se ha utilizado un ordenador de la marca Hewlett-Packard modelo HP COMPAQ dc7600 Convertible con un procesador Intel Pentium IV de 3.20 GHz y 1 GB de memoria RAM propiedad del grupo de Imágenes Médicas del departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones de la Escuela Superior de Ingenieros de la Universidad de Sevilla. El software utilizado es MATLAB 7.6.0 (R2008a).



**Ilustración 14:** Entorno de desarrollo del proyecto.

## 2.2. Algoritmo de detección automática

### 2.2.1. Descripción del método

En los siguientes apartados desarrollaremos detalladamente cada uno de los bloques que conforman esta herramienta de detección automática. A modo de resumen diremos que el algoritmo puede dividirse en cinco grandes bloques (ver Ilustración 15) que implementan una serie de funciones cada uno. En primer lugar, se le realiza un preprocesado a la imagen donde se la reescala a la resolución de trabajo y se le extrae el canal verde negado. En esta fase también se realiza un realce de contraste y la extracción del árbol vascular junto con los elementos brillantes (disco óptico y exudados, si los hubiera). Tras el preprocesado tiene lugar el procesado de la imagen, que consta de dos bloques principalmente: un algoritmo de selección de semillas y su posterior validación. Una vez obtenidas las semillas definitivas aplicamos un algoritmo de crecimiento de regiones basado en intensidad de forma que las regiones segmentadas son los candidatos a MA. A cada candidato le calculamos catorce características, de las cuales seleccionaremos las que mayor capacidad discriminativa tengan para la posterior clasificación mediante una red neuronal previamente entrenada.

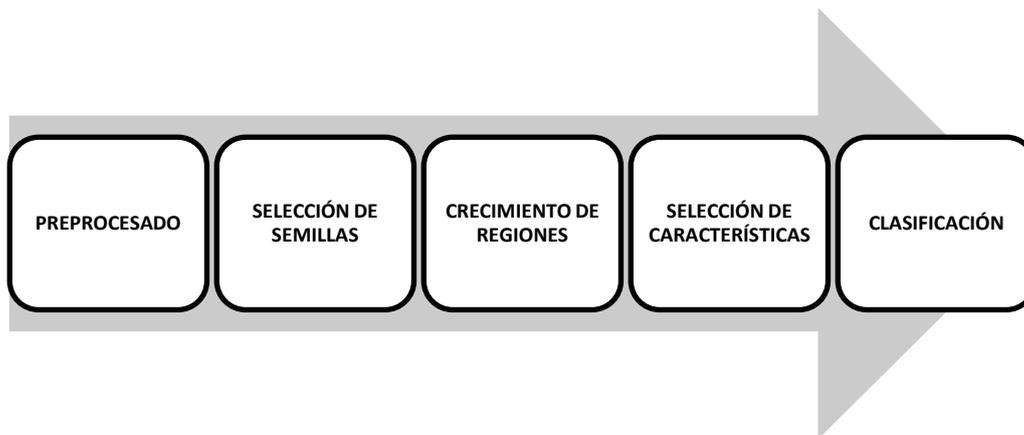
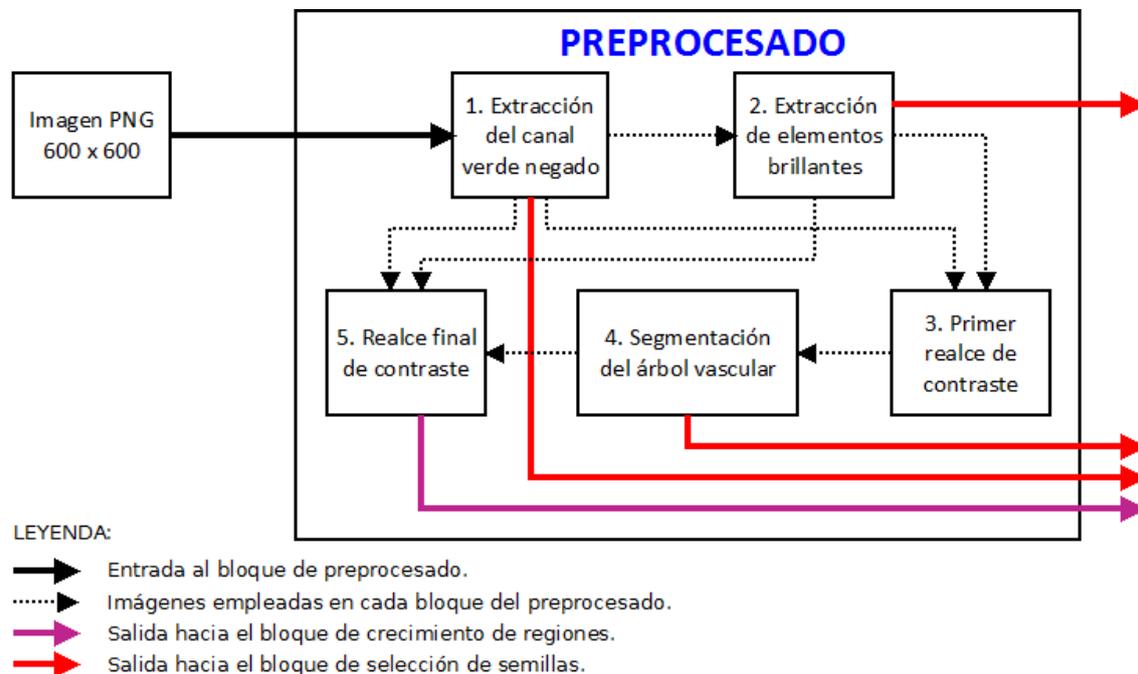


Ilustración 15: Diagrama de bloques del algoritmo

### 2.2.2. Preprocesado

Partimos de las imágenes pertenecientes a la base de datos proporcionada por el servicio de endocrinología del Hospital Universitario Puerta del Mar que, recordemos, son imágenes en formato JPG con una resolución de 1960 x 1960 píxeles. Debido a la gran carga computacional que desarrolla el algoritmo, el primer paso será reescalar la imagen a una resolución adecuada que mantenga un buen compromiso entre tiempo de ejecución y fiabilidad de los resultados. Empíricamente, se establece esta resolución en 600 x 600 píxeles,

y las almacenamos en formato PNG para perder la menor información posible. Una vez reescalada la imagen estamos listos para realizar el preprocesado.



**Ilustración 16:** Diagrama de bloques del preprocesado.

El objetivo del preprocesado es obtener las imágenes que serán útiles para los siguientes bloques del algoritmo de detección automática de MA. Como se puede apreciar en la Ilustración 16, la primera operación que se realiza es la extracción del canal verde negado ( $g_{neg}$ ) de la imagen, que es una imagen en escala de grises cuyos píxeles toman valores entre 1 (negro) y 255 (blanco). Esta será la imagen que utilizaremos, junto con las máscaras de la segmentación del árbol vascular y de la extracción de los elementos brillantes, para realizar la selección de semillas.

El siguiente paso consiste en la segmentación de los elementos brillantes de la imagen. Para conseguirlo, aprovechamos que los píxeles de  $g_{neg}$  pertenecientes a estos elementos tienen mayor intensidad que el resto, de forma que realizando una umbralización del histograma conseguimos extraer la mayor parte de ellos. El umbral se calcula de manera automática de la siguiente forma:

Si el valor medio de los píxeles de  $g_{neg}$  es menor que 100:

$$\text{Umbral} = X_{\text{out}}(8) - 255/20;$$

Si el valor medio de los píxeles de  $g_{neg}$  es mayor o igual que 100:

$$\text{Umbral} = X_{\text{out}}(8).$$

Este método de umbralización adaptativo ha sido desarrollado de manera experimental de la siguiente forma: el valor de  $X\_out(8)$  resulta de dividir el rango dinámico del histograma de  $g_{neg}$  en diez segmentos equidistantes y tomar el valor del centro del octavo segmento. En la siguiente ilustración se muestra un ejemplo para aclarar el concepto.

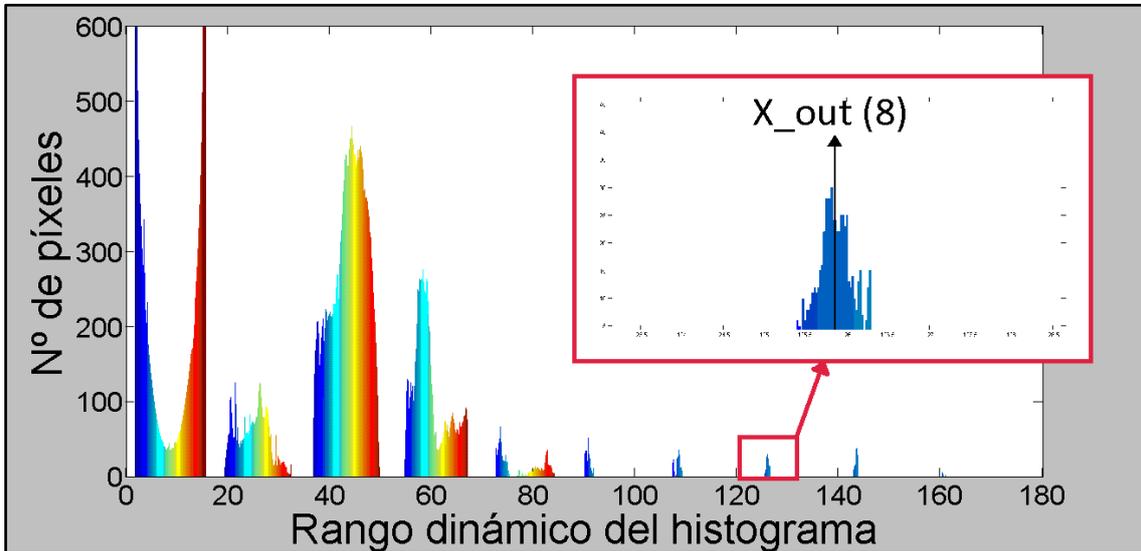


Ilustración 17: Ejemplo del valor  $X\_out(8)$

Como resultado de esta umbralización obtenemos la máscara de los elementos brillantes de  $g_{neg}$ , que utilizaremos más adelante durante el proceso de selección de semillas.

Siguiendo los pasos descritos en la Ilustración 16, realizamos un primer realce de contraste polinómico partiendo de las imágenes  $g_{neg}$  y la imagen binaria que representa a los objetos brillantes, con el objetivo de segmentar correctamente el árbol vascular. Este realce de contraste está basado en el trabajo de Walter y otros (Walter, Massin, Erginay, Ordonez, Jeulin, & Klein, 2007), aunque como veremos, se le realizan algunas modificaciones. El realce de contraste no es más que un operador que se aplica a cada píxel de la imagen de forma que se calcula un nuevo valor de intensidad para cada píxel independientemente de la distribución de intensidades de los píxeles vecinos. La formulación matemática sería la siguiente:

Sea  $f: E \rightarrow T$  una imagen en escala de grises con  $T = \{t_{min}, \dots, t_{max}\} \subset \mathbb{R}$  un grupo de números reales. Sea  $U = \{u_{min}, \dots, u_{max}\} \subset \mathbb{R}$  un segundo grupo de números reales. Una transformación de nivel de gris  $\Gamma$  es una función tal que  $T \rightarrow U, u = \Gamma(t)$ .

Definimos la transformación polinómica de nivel de gris con parámetro  $r$  como:

$$u = \Gamma(t) = \begin{cases} a_1 \cdot (t - t_{min})^r + b_1, & t \leq \mu_f \\ a_2 \cdot (t - t_{max})^r + b_2, & t > \mu_f \end{cases} \quad (\text{Ecuación 1})$$

siendo  $a_1, a_2, b_1, b_2$  un conjunto de parámetros que pueden determinarse para obtener una transformación adecuada, y  $\mu_f$  la media de nivel de gris global de la imagen  $f$ .

Por conveniencia, la transformación de nivel de gris se construye de tal forma que se asigne el valor medio entre  $u_{min}$  y  $u_{max}$  al valor  $\mu_f$ , es decir:

$$\lim_{t \rightarrow \mu_f^-} I(t) = \lim_{t \rightarrow \mu_f^+} I(t) = \frac{1}{2}(u_{max} + u_{min}) \quad (\text{Ecuación 2})$$

Además, parece lógico postular que  $I(t_{min}) = u_{min}$  y que  $I(t_{max}) = u_{max}$  para poder hacer uso del rango completo de  $U$ . Con estas cuatro condiciones podemos calcular los valores de los parámetros  $a_1, a_2, b_1$  y  $b_2$  de la Ecuación 1, y así obtenemos la expresión del operador global de realce de contraste polinómico:

$$u = I(t) = \begin{cases} \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{min})^r} \cdot (t - t_{min})^r + u_{min}, & t \leq \mu_f \\ \frac{-\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{max})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{max}, & t > \mu_f \end{cases} \quad (\text{Ecuación 3})$$

Con el parámetro  $r$ , que puede ser elegido libremente, podemos controlar la cantidad de realce que aplicamos al contraste. Por ejemplo, en el caso de que  $\mu_f = \frac{1}{2}(t_{min} + t_{max})$ , obtendremos un operador de extensión lineal de contraste para  $r = 1$ . En cambio, si hacemos  $r \rightarrow \infty$  aplicamos el umbral  $\mu_f$ . En la Ilustración 18 podemos observar el comportamiento de la transformación para diferentes valores de  $\mu_f$ . Si aplicamos este operador a la imagen completa, el resultado no es satisfactorio debido a la poca variabilidad existente en el fondo de la imagen. De hecho, esta transformación solamente es efectiva para aquéllos subconjuntos de  $T$  en los que se cumple que  $\frac{\partial u}{\partial t} > 1$ , es decir, un detalle oscuro situado en una región oscura podría resultar atenuado en lugar de realzado.



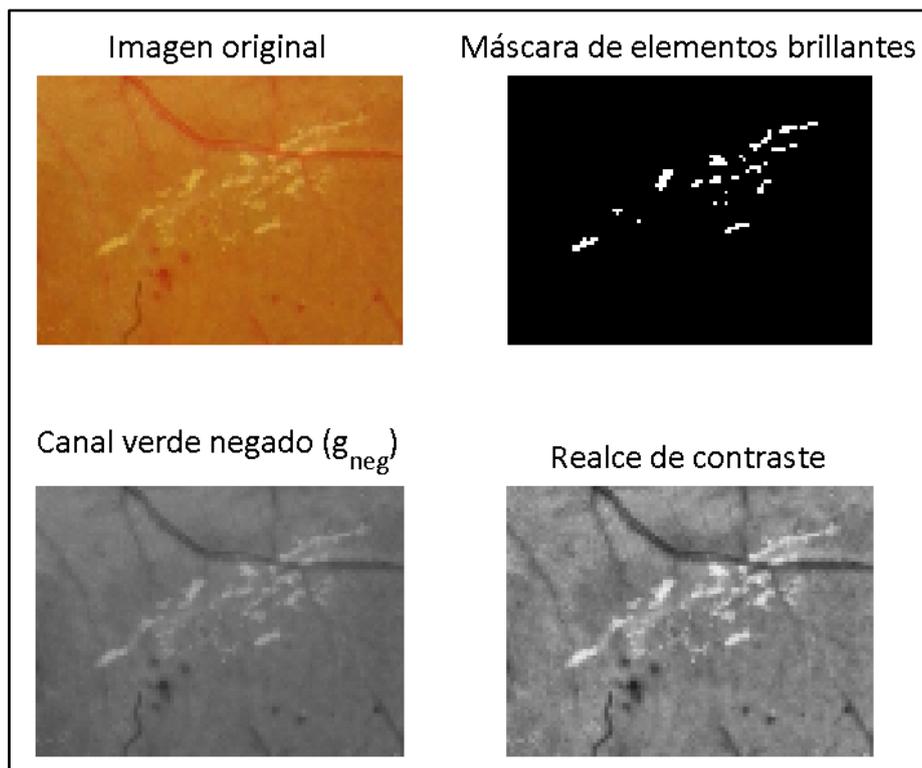
ello, utilizamos la máscara de elementos brillantes calculada anteriormente y la aplicamos sobre la imagen  $g_{neg}$ , de forma que la media local de la imagen filtrada la definimos como:

$$\mu^* = \frac{1}{N_W^*} \sum_{\varphi^* \in W(x)} f(\varphi^*)$$

(Ecuación 5)

donde  $N_W^*$  es el número de elementos de la ventana sin contar los píxeles de los elementos brillantes,  $\varphi^*$  son los píxeles de la ventana exceptuando los pertenecientes a los elementos brillantes y  $f(\varphi^*)$  son las intensidades de estos píxeles en la imagen original. Sustituyendo el valor de  $\mu^*$  por el de  $\mu_f$  en la Ecuación 3 obtenemos la transformación que buscábamos para realzar el contraste de la imagen. En la Ilustración 19 podemos apreciar el resultado de la aplicación de este operador de contraste sobre un recorte de una imagen de la base de datos.

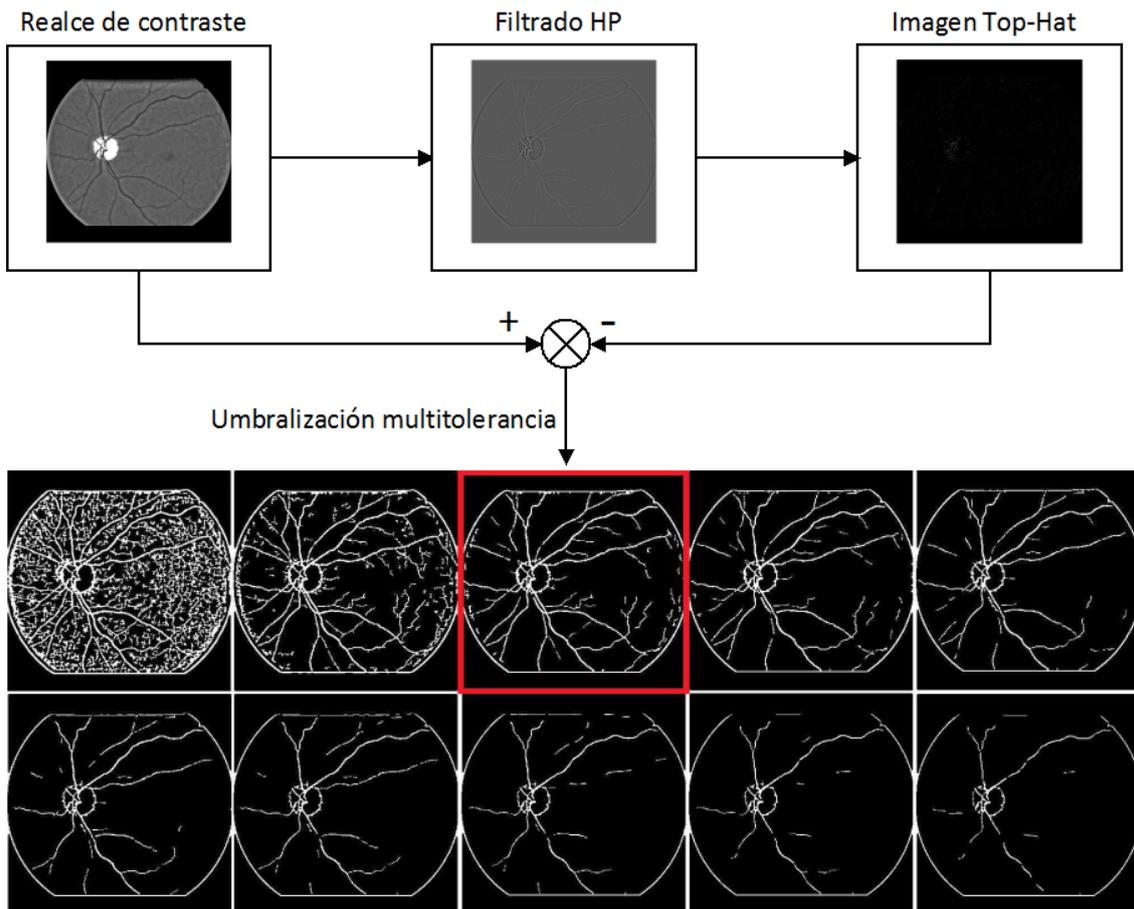
Con este proceso obtenemos un primer realce de contraste que será de utilidad para la segmentación del árbol vascular, como veremos a continuación.



**Ilustración 19:** Proceso de realce de contraste.

El siguiente paso en nuestro algoritmo es la segmentación del árbol vascular, y para realizar esta tarea haremos uso de la imagen de realce de contraste obtenida en el paso previo. El método utilizado para ello se fundamenta en la umbralización multitolerancia de la imagen resultante de restar la imagen top-hat de la imagen de realce de contraste filtrada HP

con la misma top-hat sin filtrar. El umbral utilizado en este proceso se calcula en función de la superficie que ocupa el árbol vascular en las retinografías de nuestra base de datos. Empíricamente, comprobamos que la vasculatura ocupa alrededor del 10.5% de la superficie de la imagen, por lo que el umbral elegido será aquél que al ser aplicado sobre la imagen diferencia segmento el número de píxeles más cercano al 10.5% del total. En la Ilustración 20 podemos apreciar el proceso de segmentación del árbol vascular.

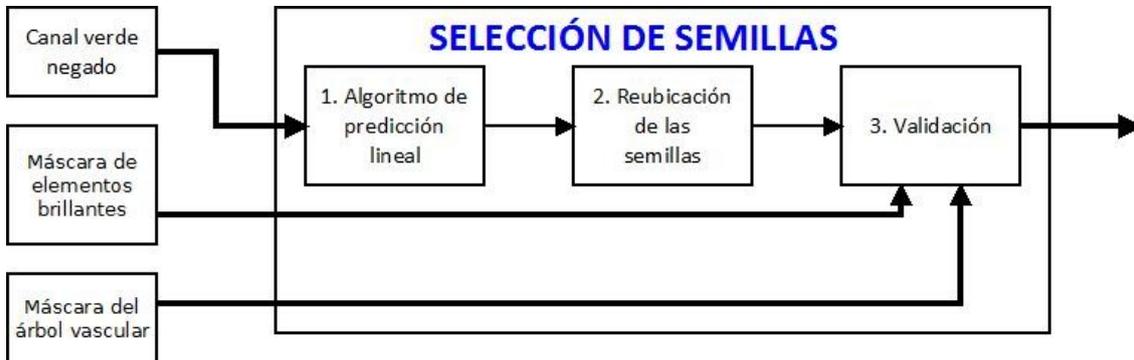


**Ilustración 20:** Proceso de segmentación del árbol vascular. La imagen encuadrada en rojo será la máscara elegida.

Por último, tras la segmentación del árbol vascular, realizamos un nuevo realce de contraste donde la novedad consiste en añadir esta máscara a la de elementos brillantes a la hora de realizar el cálculo de la media local, por lo que tampoco tenemos en cuenta la intensidad de los píxeles pertenecientes al árbol vascular. Esto nos proporciona una medida más exacta del valor medio local del fondo de la imagen y, consecuentemente, una mejora en el rango dinámico de la imagen de realce de contraste.

### 2.2.3. Selección de semillas

El siguiente paso en nuestro algoritmo consiste en la selección de las semillas que posteriormente servirán como punto de partida en el crecimiento de regiones. Este proceso consta de tres etapas, como se puede apreciar en la Ilustración 21.



**Ilustración 21:** Proceso de selección de semillas.

En primer lugar, se realiza una primera aproximación mediante el uso de un algoritmo de predicción lineal en 2D basado en la umbralización del error de predicción (Serrano, Díaz-Trujillo, Acha, & Rangayyan, 2001). El funcionamiento básico del algoritmo consiste en la predicción del valor de intensidad de un determinado píxel de la imagen en función de las intensidades de los píxeles que le rodean. Una vez predicho el valor, se compara con el valor de intensidad de dicho píxel en el canal verde negado de la imagen original, de forma que si el error de predicción supera un determinado umbral, el píxel queda automáticamente etiquetado como semilla. El establecimiento del umbral del error de predicción se ha realizado de forma empírica de tal forma que se maximice la sensibilidad en la detección de los MA, resultando los siguientes valores para dicho umbral:

$$U_{err} = \begin{cases} \mu_{err} + 4\sigma_{err}, & \mu_f^W > \mu^* + \sigma^* \\ \mu_{err} + 3\sigma_{err}, & \mu^* + \sigma^* > \mu_f^W > \mu^* - \sigma^* \\ \mu_{err} + 2\sigma_{err}, & \mu_f^W < \mu^* - \sigma^* \end{cases} \quad (\text{Ecuación 6})$$

donde  $U_{err}$  es el umbral del error de predicción,  $\mu_{err}$  y  $\sigma_{err}$  son la media y la desviación típica del error medio de predicción en la ventana,  $\mu_f^W$  es la intensidad media de los píxeles de la ventana y  $\mu^*$  y  $\sigma^*$  son la media y la desviación típica de la intensidad media de aquellos píxeles de la ventana que no pertenecen ni a la máscara de los elementos brillantes ni al árbol vascular. Este algoritmo coloca las semillas en los píxeles donde se producen cambios bruscos de intensidad, es decir, en los bordes de los MA y del árbol vascular.

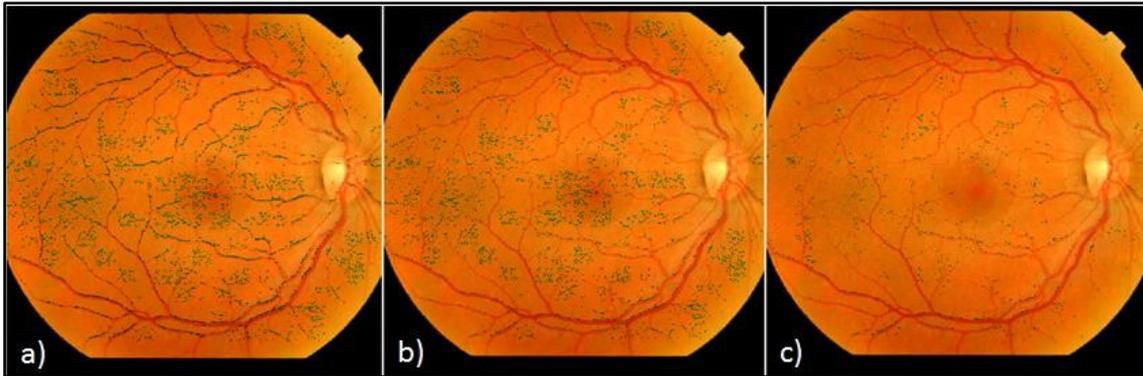
Para el crecimiento de regiones es conveniente que la semilla esté situada en el centro de la lesión, así que el siguiente paso consiste en la reubicación de las semillas en el píxel de mayor valor de intensidad en una ventana de tamaño 5x5 píxeles centrada en cada píxel predicho.

Por último, realizamos un proceso de validación de las semillas predichas. Este proceso consta de dos partes. En primer lugar eliminamos todas aquellas semillas que, tras la reubicación, caen dentro del árbol vascular o de la máscara de elementos brillantes. Con las semillas restantes iniciamos un proceso de validación basado en el cálculo del *Tail Ratio* (*TR*) (Acha B. , Serrano, Rangayyan, & Desautels, 2009) que es una medida estadística que aporta información sobre la distribución del histograma en un entorno centrado en la semilla sometida a evaluación. El *TR* se define en la siguiente ecuación:

$$TR(s_i) = \frac{\max [W(s_i)] - M[W(s_i)]}{M[W(s_i)] - \min [W(s_i)]} \quad (\text{Ecuación 7})$$

donde  $s_i$  son las semillas que queremos validar,  $W(s_i)$  es una ventana centrada en  $s_i$  cuyo tamaño va creciendo desde 1x1 hasta 21x21 píxeles y  $M[W(s_i)]$  es la mediana de los píxeles de la ventana. El funcionamiento es el siguiente: para cada  $s_i$  se calcula el valor del *TR* de la ventana. Mientras que el *TR* sea menor que cierto umbral, se incrementa el tamaño de la ventana y se vuelve a calcular el *TR*. Si se alcanza el tamaño máximo y no se ha superado el umbral, la semilla se rechaza, pero si el valor del *TR* supera el umbral establecido y no se ha alcanzado el tamaño máximo de la ventana, la semilla se considera válida. El umbral se calcula de forma experimental para que el algoritmo no rechace semillas colocadas en los MA. El valor que hemos utilizado para este umbral es de 1.5.

En la Ilustración 22 podemos apreciar el resultado de este proceso de selección de semillas sobre una de las retinografías de nuestra base de datos. Como podemos comprobar, el algoritmo de predicción lineal sitúa las semillas en aquéllos píxeles donde hay un cambio brusco de intensidad, i. e., en los bordes del árbol vascular y de los MA sobre todo. Posteriormente, al aplicar la máscara del árbol vascular podemos eliminar una gran parte de las semillas situadas sobre el mismo. Aquéllas que no son eliminadas al aplicar esta máscara son las que posteriormente son validadas mediante el *TR*.



**Ilustración 22:** Resultado del proceso de selección y validación de las semillas. a) Semillas tras la predicción lineal. b) Semillas tras eliminar las pertenecientes al árbol vascular y elementos brillantes. c) Semillas tras validación con *TR*.

#### 2.2.4. Crecimiento de regiones

Una vez que ya tenemos las semillas definitivas podemos comenzar el proceso de crecimiento de regiones. La técnica del crecimiento de regiones está basada en la idea de que los píxeles vecinos de una misma imagen poseen propiedades similares. Gracias a esto se puede establecer un criterio de similitud que puede definirse conjugando dos propiedades: la vecindad y la homogeneidad.

En nuestro caso, cada píxel de la región intentará crecer siguiendo unas pautas determinadas que atienden a estas dos propiedades. Partiendo del píxel semilla, el algoritmo comprueba para cada uno de los 8 vecinos si se cumplen las siguientes condiciones: que el píxel bajo estudio no se haya añadido anteriormente, que la diferencia de intensidad entre el píxel perteneciente a la región y el píxel bajo estudio no supere cierto umbral de inclusión, y que el número total de píxeles crecidos en la región no supere un tamaño máximo establecido. Una vez que hemos comprobado todos los vecinos, el proceso se repite desde cada píxel nuevo que se haya incluido en la región. El umbral de inclusión se ha establecido empíricamente en 1, es decir, solo se añadirá a la región aquel píxel cuyo valor de intensidad sea igual o un nivel de gris inferior al del píxel de la región desde el que se está intentando crecer. En cuanto al tamaño máximo de la región crecida, comprobamos que en la base de datos de la que se dispone para realizar este proyecto no existe ningún MA cuya superficie exceda los 30 píxeles, por lo que se establece este valor como tamaño máximo de región. Por último, debe mencionarse que el crecimiento de regiones se realiza sobre la imagen de realce de contraste ya que los resultados obtenidos sobre ella son satisfactorios. En la Ilustración 23 podemos observar el diagrama de flujo que se corresponde con el crecimiento de regiones.

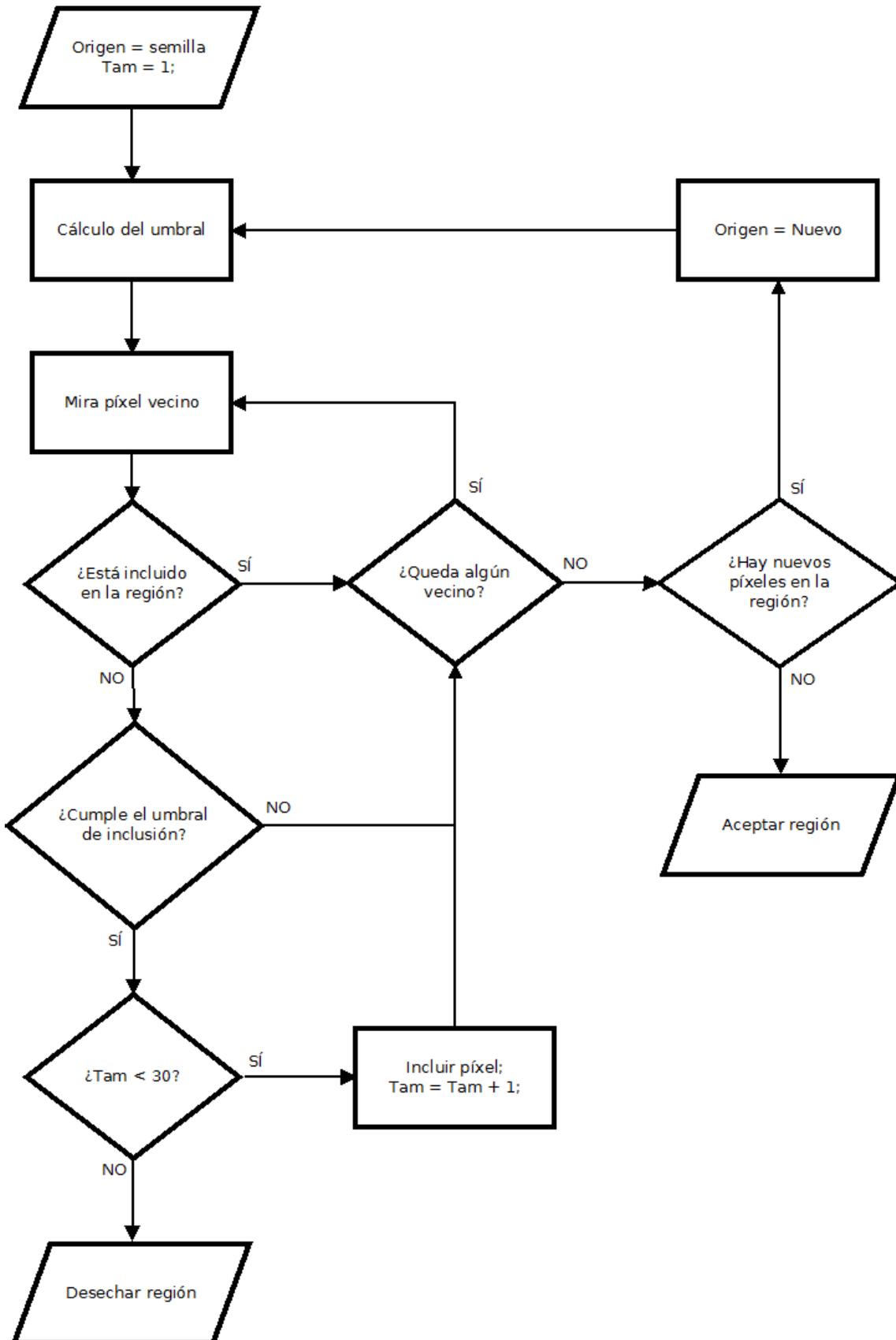
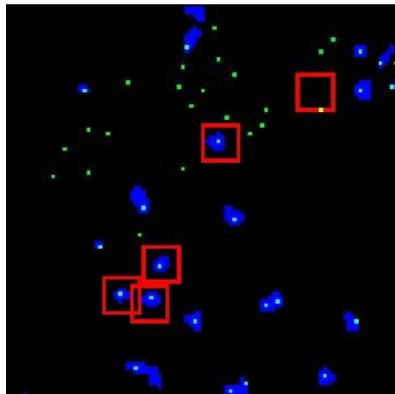


Ilustración 23: Diagrama de flujo del crecimiento de regiones.

La explicación para el diagrama de flujo es la siguiente: inicialmente tomamos como píxel desde el que realizar el crecimiento (origen) al píxel etiquetado como semilla. El siguiente paso será establecer el umbral de inclusión en la región para el valor de intensidad del píxel origen. Tras conocer el valor de dicho umbral realizamos el siguiente proceso con los 8 vecinos del origen: en primer lugar comprobamos si el píxel vecino está ya incluido en la región. Si no está incluido, procedemos a verificar si se cumple el umbral de inclusión y, en el caso de que cumpla dicho requisito, comprobamos que el tamaño de la región completa no haya superado el tamaño máximo permitido. Si se cumplen estas condiciones, el píxel es incluido en la región y se repite el proceso con el siguiente píxel vecino al píxel origen. En el caso de que no queden más píxeles vecinos al píxel origen hacia los que crecer, el algoritmo comprueba si se ha añadido algún píxel. En caso afirmativo, se considera dicho píxel como el nuevo origen y se repite el proceso al completo. Si no existe ningún píxel añadido desde el que continuar creciendo, la región es considerada como candidato a MA. Si el tamaño de la región completa supera el tamaño máximo, dicha región se desecha como candidato a MA. En la Ilustración 24, se aprecia el resultado de aplicar este crecimiento de regiones.



**Ilustración 24:** Recorte de crecimiento de regiones. En verde, semillas que han sido excluidas tras el crecimiento de regiones; en celeste, las semillas pertenecientes a regiones aceptadas por el crecimiento de regiones; en azul, regiones crecidas y aceptadas; en rojo, zonas correspondientes a MA diagnosticados por un oftalmólogo experto.

### 2.2.5. Selección de características

Tras realizar el crecimiento de regiones para todas las semillas, procedemos a calcular varias características en cada una de estas regiones, utilizando para ello una máscara binaria que contiene a las regiones segmentadas en cada imagen y que aplicaremos sobre diferentes imágenes resultantes del preprocesado.

Como los MA se definen como zonas circulares, aisladas y con un valor alto de intensidad respecto al fondo que los rodea, hemos calculado para cada región un conjunto de

características que incluyen aspectos tanto morfológicos como cromáticos de los píxeles que la conforman. En total son 14 características, de las cuales 4 serán calculadas directamente sobre la máscara binaria de las regiones ya que abarcan aspectos puramente morfológicos, 5 se calculan sobre la imagen  $g_{neg}$  y las últimas 5 sobre la imagen de realce de contraste. Las características morfológicas son:

- (1) Superficie ( $S_i$ ): es el número de píxeles pertenecientes a la región  $i$ .
- (2) Perímetro ( $P_i$ ): número de píxeles situados en el borde de la región  $i$ .
- (3) Relación de aspecto: resulta de dividir el eje mayor de la región entre el eje menor.
- (4) Circularidad ( $C_i$ ): nos da información acerca de la forma de la región  $i$ . Se define como:

$$C_i = \frac{P_i^2}{4\pi S_i} \quad (\text{Ecuación 8})$$

Las 5 características tomadas sobre el canal  $g_{neg}$  son las siguientes:

- (5) Intensidad A ( $I_i^A$ ): es la suma de las intensidades de los píxeles de la región  $i$ .
- (6) Intensidad media A ( $\bar{I}_i^A$ ): es la intensidad promedio de la región  $i$ , calculada como:

$$\bar{I}_i^A = I_i^A / S_i \quad (\text{Ecuación 9})$$

- (7) Intensidad normalizada A ( $\langle I_i^A \rangle$ ):

$$\langle I_i^A \rangle = \frac{I_i^A - \mu^A}{\sigma^A} \quad (\text{Ecuación 10})$$

donde  $\mu^A$  es la media global de la imagen  $g_{neg}$  y  $\sigma^A$  es la desviación de la imagen  $g_{neg}$ .

- (8) Correlación con gaussiana A: nos informa acerca del parecido de la región  $i$  con un elemento estructural gaussiano del mismo tamaño que la región  $i$ .
- (9) Contraste A: mide la diferencia entre la media de la región  $i$  y la media de los píxeles adyacentes a ella. El cálculo de los píxeles adyacentes se realiza mediante la dilatación de la región  $i$  con un elemento estructural circular de 3 píxeles de radio.

Las 5 características restantes se calculan sobre la imagen de realce de contraste, y son: (10) Intensidad B, (11) Intensidad media B, (12) Intensidad normalizada B, (13) Correlación con gaussiana B y (14) Contraste B. Estas 5 características se definen como (5), (6), (7), (8) y (9) respectivamente.

Una vez calculadas estas 14 características para todas las regiones candidatas a MA resultantes en todas las imágenes de nuestra base de datos, procedemos a realizar el proceso mediante el que seleccionaremos las características que den la mayor sensibilidad al sistema, es decir, las que tengan mayor poder discriminativo. Este proceso de selección de características está basado en el método de selección secuencial de características hacia delante (SFS) y en el método de eliminación secuencial de características hacia atrás (SBE) (Pudil, Novovicová, & Kittler, 1994), realizándose una validación cruzada de los resultados en cada método con 4 subconjuntos de entrenamiento y clasificación. Para llevar a cabo el proceso de selección de características, tomamos las características de los candidatos pertenecientes a 18 de las 30 imágenes disponibles y las dividimos en 4 grupos. Cada grupo de características será clasificado tras haber sido entrenado el clasificador con los 3 grupos restantes. De esta forma hemos comprobado que las características que ofrecen una mayor sensibilidad en la clasificación son: **(14) Contraste B, (13) Correlación con Gaussiana B, (12) Intensidad Normalizada B, (3) Relación de aspecto, (4) Circularidad y (9) Contraste A**. El método mediante el que las hemos obtenido ha sido la SBE, presentando una sensibilidad media del 75.03 % con un máximo en el cuarto subconjunto de clasificación del 81.69 %, presentando el clasificador una tasa de aciertos del 92.26 % (Ver ANEXO A).

#### 2.2.6. Clasificación de candidatos

En el presente trabajo se utiliza una red neuronal artificial del tipo *Fuzzy ARTMAP* como clasificador (Carpenter, 1992). Este clasificador está basado en la Teoría de la Resonancia Adaptativa (ART) desarrollada por Stephen Grossberg y Gail Carpenter. Esta teoría define un modelo de red neuronal artificial que fundamenta su funcionamiento en la forma en la que el cerebro procesa la información a la hora de abordar problemas tales como el reconocimiento y la predicción de patrones a través de métodos de aprendizaje supervisados o no supervisados (Ver ANEXO B).

Una vez que hemos definido el tipo de red neuronal que hemos utilizado en el proyecto, procedemos a exponer los resultados obtenidos.