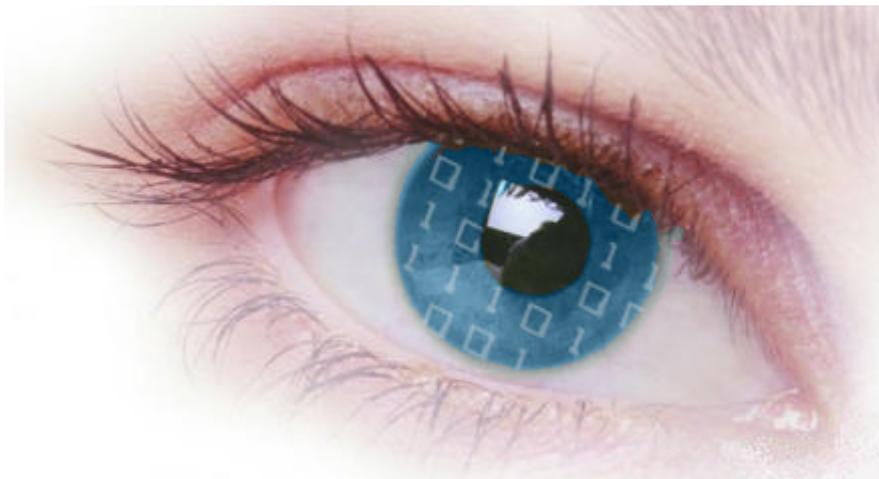




Proyecto Fin de Carrera

Detección Automática de Microaneurismas en Angiogramas de Retina



Autor: José Manuel Cordero García
Tutora: Carmen Serrano Gotarredona



Sevilla, Septiembre de 2002

Índice

CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN.....1

1.1 Descripción del proyecto.....	1
1.2 El ojo.....	2
1.3 La retina.....	4
1.4 Vasos sanguíneos retinianos.....	5
1.5 Angiografía con fluoresceína.....	6
1.5.1 Signos físicos de patología retiniana que aparecen en la angiografía.....	6
1.6 Retinopatía diabética.....	8
1.6.1 Clasificación de la retinopatía diabética.....	9
1.6.1.1 Retinopatía diabética de fondo o no proliferativa.....	10
1.6.1.2 Retinopatía diabética proliferativa.....	11
1.6.1.3 Maculopatía.....	12
1.6.2 Consideraciones pronósticas.....	12
1.6.3 Tratamiento.....	13
1.7 El sistema de análisis de imagen.....	14
1.7.1 Ventajas de los sistemas de análisis de imagen.....	15
1.7.2 Componentes de un sistema de análisis de imagen	16
1.8 Un poco de historia... ..	18
1.9 Alcance del proyecto.....	19
1.10 Desarrollo de la memoria.....	20

CAPÍTULO 2: FUNDAMENTOS TEÓRICOS DEL MÉTODO.....22

2.1 Morfología matemática.....	22
2.1.1 Imágenes binarias.....	22
2.1.1.1 Dilatación y erosión.....	23
2.1.1.2 Apertura y cierre.....	27
2.1.1.3 Algunas aplicaciones morfológicas.....	31
2.1.2 Imágenes en escala de grises.....	33
2.1.2.1 Dilatación	34
2.1.2.2 Erosión.....	36
2.1.2.3 Apertura y cierre.....	37
2.1.1.3 Algunas aplicaciones en escala de grises.....	41
2.2 Fundamentos del procesamiento de imágenes.....	46
2.2.1 Preprocesado.....	47
2.2.2 Segmentación.....	48
2.2.3 Caracterización de regiones	50
2.2.4 Toma de decisión	53

CAPÍTULO 3: EL MÉTODO DE DETECCIÓN DE MICROANEURISMAS: DESCRIPCIÓN DEL ALGORITMO.....	55
3.1 Esquema global del método.....	55
3.2 Imágenes de entrada.....	57
3.3 Caracterización de microaneurismas.....	59
3.4 Preprocesado.....	60
3.4.1 Filtro de media.....	61
3.4.2 Sustracción a la imagen original.....	64
3.4.3 Escalado de intensidad.....	65
3.4.4 Filtrado morfológico Top-Hat.....	69
3.4.5 Filtro gaussiano.....	75
3.5 Método de detección.....	77
3.5.1 Máximos locales.....	78
3.5.2 Umbralización de los máximos locales.....	79
3.5.3 Crecimiento de regiones.....	81
3.5.3.1 Crecimiento de regiones por adición de píxeles con condiciones de parada.....	82
3.5.3.2 Crecimiento de regiones por multitolerancia.....	85
3.5.3.3 Crecimiento de regiones por subida de pendiente (Hill-Climbing).....	87
3.5.3.4 Comparación de los métodos de segmentación propuestos.....	90
3.5.4 Validación de microaneurismas.....	92
3.5.4.1 Criterio de intensidad.....	93
3.5.4.2 Criterio de contraste.....	96
3.5.4.3 Criterio de forma.....	98
3.5.4.4 Utilización de los criterios de validación.....	101
3.5.5 Recuento de microaneurismas.....	104
CAPÍTULO 4: RESULTADOS.....	107
4.1 Caso práctico 1.....	107
4.2 Caso práctico 2.....	114
4.3 Caso práctico 3: Ojo sano.....	122
4.4 Resumen.....	129
CAPÍTULO 5: EL INTERFAZ GRÁFICO IRIS.....	131
5.1 Motivación de un interfaz gráfico.....	131
5.2 La creación del interfaz gráfico de usuario.....	132
5.3 Instalación y activación del interfaz.....	133
5.4 Descripción del interfaz.....	134
5.4.1 Carga de una imagen a analizar.....	135
5.4.2 Carga de un espacio preprocesado.....	136
5.4.3 Realización del preprocesado.....	136

5.4.4 Salvar el preprocesado.....	137
5.4.5 Detección.....	138
5.4.6 Guardar resultado de la detección.....	139
5.4.7 Análisis de certeza.....	140
5.4.8 Limpiar la ventana.....	141
5.4.9 Ayuda del interfaz.....	141
5.4.10 Controles de zoom.....	142
5.4.11 Opciones avanzadas.....	143
5.4.11.1 Reducción de cola residual.....	144
5.4.11.2 Filtrado Top-Hat.....	144
5.4.11.3 Método de segmentación utilizado.....	145
5.4.11.4 Umbrales para los criterios de validación.....	145
5.4.12 Cerrar el interfaz.....	146
5.5 Diseño de base de datos.....	147
CAPÍTULO 6: CONCLUSIÓN.....	150
6.1 Resultados obtenidos.....	150
6.2 Posibles aplicaciones.....	154
6.3 Futuras líneas de desarrollo.....	155
6.4 Contenido del CD anexo.....	157
6.5 Agradecimientos.....	158
6.6 Bibliografía.....	159



Introducción

DESCRIPCIÓN DEL PROYECTO

En nuestro mundo y nuestro tiempo, todo tiende a cuantificarse, a reducirse a cifras. Así, parece que un problema no es importante o trascendente hasta que se reduce a cantidades, a magnitudes que nos hacen ver que es algo inabarcable desde nuestro ámbito doméstico.

Por ello, y para ver la extensión y relevancia del problema que el presente proyecto aborda, valga lo siguiente: aproximadamente el 2% de la población mundial es diabética; de ellos, entre el 50 y el 60% son afectados en algún grado por la retinopatía diabética al cabo de 15 años, y el 90% al cabo de 25 años, de tal manera que el 5% de la población diabética presenta ceguera bilateral (es decir, en ambos ojos) e irreversible, y la pérdida de la visión de un ojo afecta al 10% de los diabéticos. Además, la retinopatía diabética puede aparecer también en niños, ya que es la edad de la diabetes y no la del sujeto la que importa a estos efectos.

De todo esto se concluye que la **retinopatía diabética** (que más adelante estudiaremos en profundidad) es la **causa más frecuente de ceguera** en los países industrializados en pacientes en edad laboral, lo que constituye un problema de apreciable magnitud. Sin embargo, las campañas de prevención y el tratamiento precoz pueden disminuir la tasa de ceguera por retinopatía diabética en más del 70% de los casos.

Es muy importante incidir en lo mencionado en el párrafo anterior: **lo más eficaz para contrarrestar la enfermedad es el diagnóstico precoz**, a fin de poder tomar las medidas oportunas. Es en esa línea de detección o diagnóstico precoz en la que profundiza este proyecto: facilitar al oftalmólogo nuevos elementos de diagnóstico basados en el procesamiento avanzado de imágenes. Evidentemente, es el oftalmólogo el que realiza el diagnóstico, lo que se pretende es proporcionarle las mejores herramientas para que dicho diagnóstico sea lo más seguro posible. Como se explicará posteriormente, lo que se hará es poner de manifiesto patrones patológicos que constituyen uno de los síntomas precoces de la retinopatía diabética, como son los **microaneurismas**.

La importancia de la detección precoz radica en que, una vez establecida la retinopatía, el único tratamiento eficaz es la fotocoagulación con láser (hasta la fecha no se ha podido demostrar que exista ningún tratamiento médico eficaz en ninguna de las formas clínicas de la retinopatía diabética), y conviene acceder a la misma lo antes posible, a fin de evitar las irreversibles pérdidas de visión que

INTRODUCCIÓN
▪ Descripción del proyecto
▪ El ojo
▪ La retina
▪ Vasos sanguíneos retinianos
▪ Angiografía con fluoresceína
▪ Retinopatía diabética
▪ El sistema de análisis de imagen
▪ Un poco de historia...
▪ Alcance del proyecto
▪ Desarrollo de la memoria

acontecen en etapas más avanzadas. La fotocoagulación se hace de forma ambulatoria, y es una técnica segura, eficaz y escasamente dolorosa. Bien aplicada, tiene pocos o ningún efecto secundario, por lo que resulta fundamental, una vez más, incidir en que el pronóstico visual del enfermo depende de realizar el tratamiento en el momento oportuno.

En resumen, el presente proyecto expone un **método de detección y recuento automáticos de microaneurismas en angiogramas de retina**, enfocado a la **detección precoz de la retinopatía diabética**. A lo largo de las páginas que siguen, se explicará esta enfermedad, sus síntomas y como caracterizarlos, los fundamentos teóricos que se usarán en el método, el algoritmo detallado, los prometedores resultados obtenidos y las conclusiones que nuestro estudio nos ofrece.

Nuestro método se basa, como ya se ha expuesto, en la detección de microaneurismas en angiogramas de retina. Los angiogramas de retina, o angiogramas fluoresceínicos, son imágenes médicas que, al basarse en la introducción de un contraste, permiten realzar las características que buscamos, esto es, los microaneurismas, ya que aparecen como pequeños objetos redondos e hiperfluorescentes.

En otro sentido, reseñar que el método se ha implementado en Matlab y en C, los cuales, como es sabido, presentan un interfaz de línea de comandos. Este tipo de interfaz puede resultar adecuado para alguien con un conocimiento más o menos profundo de estos entornos, pero este conocimiento no puede ni debe presuponerse en el profesional médico, al que, como se ha dicho antes, se le debe facilitar una herramienta útil y de fácil manejo, con un interfaz amigable y sencillo, y no un programa que le obligue a un aprendizaje árido y complejo, que le cree una exigencia más que le ofrezca una ayuda. Es por ello que, pese a encontrarse inicialmente fuera del alcance del proyecto, se ha diseñado e implementado un **interfaz gráfico de fácil utilización, llamado IRIS v1.0**, que proporciona la actual disponibilidad de utilización del método desarrollado. Dicho interfaz también se explicará en profundidad en esta memoria.



Logotipo diseñado para el interfaz IRIS en su versión 1.0

Por último, y a modo de avance de los resultados obtenidos, decir que el método desarrollado proporciona unos muy buenos resultados, de acuerdo con las imágenes validadas de las que se disponen, y que su uso es sencillo, rápido y muy flexible. Por ello, las conclusiones son muy prometedoras, y, pese a que se puede continuar avanzando en distintas líneas, el método es muy útil en su actual estado, lo que se espera pueda constituir un avance en la prevención de un problema de la importancia de la retinopatía diabética.

E L O J O

El desarrollo de una aplicación real, más aún si es una aplicación médica, supone una importante limitación de inicio: el desconocimiento del problema a tratar. Desgraciadamente, el método que aquí se presenta no supone una excepción, y se requiere un estudio inicial de la enfermedad a tratar desde el punto de vista médico. Así, en los apartados que siguen se introducirán conceptos

anatómicos y médicos que, si bien pueden resultar complejos, serán imprescindibles para entender en profundidad el algoritmo diseñado, ya que se mencionarán con frecuencia muchos de estos conceptos. En cualquier caso, estos conceptos médicos se expondrán con la mayor claridad posible y centrándonos sólo en lo que resultará útil para nuestro estudio. En este apartado se recordarán las partes del ojo, que serán citadas a menudo en las páginas siguientes.

Así, **el ojo** es el órgano de la visión y está compuesto por el globo ocular y sus anexos. Es un órgano par, situado en la fosa orbitaria u orbital, de la cual ocupa la mitad anterior. Tiene forma esférica, ligeramente ovalada, con un diámetro anteroposterior (esto es, de la parte frontal a la trasera) de 25 a 26 mm, mientras que los diámetros transversales y verticales son de 23 mm aproximadamente. Un esquema muy básico puede apreciarse en la Figura 1.1.

Las paredes del ojo están formadas por tres capas yuxtapuestas de diferente naturaleza: la **esclerótica**, la **úvea** y la **retina**. La capa más periférica o exterior es la

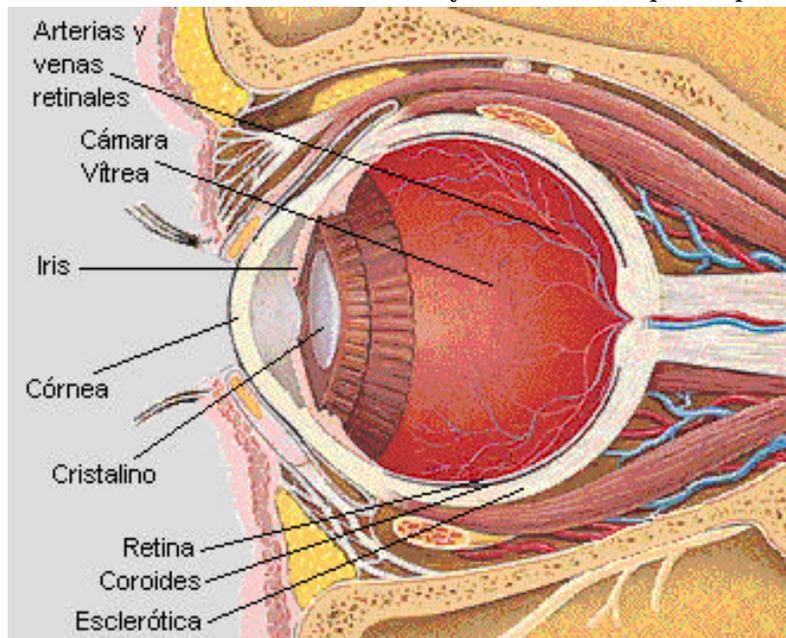


Figura 1.1: Esquema de la anatomía del ojo

esclerótica, que es fibrosa y que en su parte anterior se transforma en una membrana transparente, la **córnea**, que presenta una forma abombada por ser de menor radio. La capa intermedia, esto es, la **úvea**, se divide a su vez en tres partes bien diferenciadas: la **coroides**, el **cuerpo ciliar** y el **iris**. La coroides es la capa nutricia de la retina, que a continuación veremos en mayor detalle. Por otro lado, en su parte anterior, la úvea se transforma en el cuerpo ciliar. En tercer lugar encontramos el iris, constituyente de la membrana muscular y de naturaleza elástica; su orificio central, la **pupila**, es un diafragma del sistema óptico. Además, es la pigmentación variable del iris la que le confiere un color diferente de uno a otro individuo. Tras la úvea, encontramos la retina, que es la membrana más interna y tiene naturaleza nerviosa.

Dentro del ojo encontramos tres cámaras. La **cámara anterior** se halla limitada por la córnea, la cara anterior del iris y el cuerpo cristalino. Por su parte, la **cámara posterior** está limitada por el iris, el cuerpo ciliar y la región ecuatorial del cristalino. Ambas cámaras están ocupadas por humores acuosos, de naturaleza semejante al bulbo cefalorraquídeo. El **cristalino** separa estas cámaras de la tercera en

Para una descripción más profunda del ojo, pueden consultarse los manuales de oftalmología que se citan en la bibliografía

esclerótica, que es fibrosa y que en su parte anterior se transforma en una membrana transparente, la **córnea**, que presenta una forma abombada por ser de menor radio. La capa intermedia, esto es, la **úvea**, se divide a su vez en tres partes bien diferenciadas: la **coroides**, el **cuerpo ciliar** y el **iris**. La coroides es la capa nutricia de la retina, que a continuación veremos en mayor detalle. Por otro lado, en su parte anterior, la úvea se transforma en el cuerpo ciliar. En tercer lugar encontramos el iris, constituyente de la membrana muscular y de naturaleza elástica; su orificio central, la **pupila**, es un diafragma del sistema óptico. Además, es la pigmentación variable del iris la que le confiere un color diferente de uno a otro individuo. Tras la úvea, encontramos la retina, que es la membrana más interna y tiene naturaleza nerviosa.

cuestión, la *cámara vítrea*, ocupada por un gel (humor vítreo). El cristalino es una lente biconvexa y elástica, con un poder de refracción de 11 dioptrías y un poder de acomodación (esto es, capacidad del ojo de adaptarse instantáneamente a la distancia que le separa del objeto) de 14 dioptrías en niños de diez años, y que va disminuyendo con la edad.

Detrás del globo ocular está la *cápsula de Tenon*, mientras que por delante el ojo está protegido por los *párpados*, cuya cara posterior está cubierta por una mucosa (la *conjuntiva*), que también recubre la parte anterior de la esclerótica formando el saco conjuntival, siempre humedecido por la secreción de las *glándulas lacrimales*, situadas en la parte superior del globo.

El movimiento del globo ocular está regulado por seis músculos: recto superior, recto interno, recto inferior, recto externo, oblicuo mayor y oblicuo menor, que se encuentran inervados por los pares craneales tercero, cuarto y sexto.

En cuanto a sus patologías, indicar que, al ser el ojo un órgano sumamente delicado, cualquier lesión, por pequeña que sea, alcanza gran repercusión. En líneas generales, las afecciones oculares pueden ser atribuidas a agentes físico-químicos, infecciosos, tumorales, degenerativos o hereditarios, aunque también existen otras posibles causas. En cualquier caso, el número de posibles enfermedades es muy alto, por lo que a menudo el diagnóstico exacto puede resultar complejo y deben, por tanto, proporcionársele al oftalmólogo todas las herramientas posibles. Por otra parte, también aparecen los conocidos defectos de refracción, esto es, de formación de la imagen, de los cuales los más frecuentes son la miopía, el astigmatismo y la hipermetropía.



Ejemplo de software de diagnóstico

LA RETINA

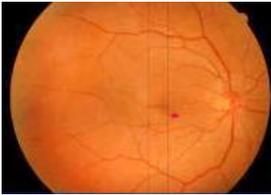
La **retina** es, como se ha explicado en el apartado anterior, la capa más interna de las tres que componen el globo ocular. Se desarrolla en la mitad posterior del ojo, estando constituida por células de tipo nervioso, encargadas de captar las sensaciones lumínicas que llegan al fondo del ojo a través de toda la estructura antes referida y de transferirlas a los centros cerebrales a través del nervio óptico. Es, por tanto, la parte donde se recibe el estímulo: el **centro de la visión**.

Así, vemos la retina como una prolongación, muy sensible a la luz, del nervio óptico, que la conecta al cerebro. Esta sensibilidad la tiene, básicamente, merced a la existencia de una capa de células en forma de *conos* y de *bastones*. Estos dos tipos de células nerviosas o neuronas desempeñan funciones diferentes pero complementarias: mientras los **conos** presentan una sensibilidad especial a las longitudes de onda de los rayos luminosos, y por tanto a los distintos **colores**, los **bastones** reaccionan sobre todo según la intensidad de la luz recibida, siendo los agentes de la visión en penumbra o en la noche.

Una pequeña parte de la retina, la *papila*, es, curiosamente, insensible a la luz. Esta es un ligero saliente en el punto donde el nervio óptico desemboca en el ojo, también llamado "*punto ciego*". Sin embargo, el vacío que produce en la visión lo compensan los mecanismos cerebrales automáticos.

Por el contrario, la parte más receptiva de la retina es la **región macular**, *mácula lútea* o “*mancha amarilla*” (nombre debido al pigmento amarillo resistente a la luz que recubre esta región), que es una depresión que se encuentra exactamente en el eje óptico del ojo y está compuesta exclusivamente de conos, por lo que desempeña un papel primordial en la visión de los colores. A esta importante región, que está **exenta de vasos sanguíneos**, nos referiremos frecuentemente en los capítulos que siguen, puesto que es en esta región macular en la que tenemos más interés en centrar nuestro análisis, ya que es en ella y sus alrededores donde se producen, principalmente, los fenómenos que nos interesa estudiar: los *microaneurismas*, que serán profusamente explicados en breve. Como comentario, indicar que **la región macular es la sede de la visión central** y que la destrucción de esta región por cualquier afección de la retina entraña ineludiblemente la ceguera.

VASOS SANGUÍNEOS RETINIANOS



Árbol vascular en imagen de fondo de ojo

Descendiendo un poco más en las estructuras de nuestro interés encontramos, dentro de la retina, un conjunto o **árbol de vasos sanguíneos**, que son de particular importancia para nosotros por su **relación con los microaneurismas**.

En este árbol, la arteria central de la retina abastece a todas las células de la retina neural, con la excepción de los fotorreceptores. Esta arteria central se divide en la papila óptica en cuatro ramas principales, técnicamente arteriolas, siendo cada una de ellas un vaso final. Estas arteriolas tienen una media de 7-8 células musculares lisas de espesor. Las ramas arteriales principales discurren en la capa de fibras nerviosas por debajo de la membrana limitante interna, donde cruzan a las venas acompañantes y existe una vaina adventicia común.

Por otra parte, existe una zona avascular de 200 μm alrededor de las arterias retinianas y de unos 400 μm de diámetro a través de la foveola. La foveola, por tanto, está desprovista de vasos sanguíneos que, de otra manera, oscurecerían la agudeza visual; al igual que el resto de los fotorreceptores, este área recibe su aporte sanguíneo de la coroides. Esta región avascular, que es donde se centra la visión (la región macular que se explicó en el apartado anterior), es **perfectamente reconocible en los angiogramas o angiografías de retina**, como se muestra en la Figura 1.2, donde las zonas claras son los capilares retinianos, y la oscura central es la zona avascular en cuestión.

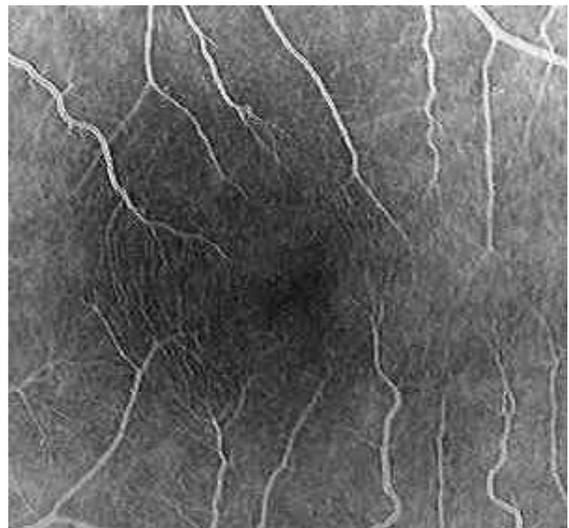


Figura 1.2: Vasos sanguíneos y región avascular

El árbol vascular es como la huella digital, distinto para cada persona. De hecho, existen métodos de identificación de personas a partir de su árbol vascular retiniano

ANGIOGRAFÍA CON FLUORESCÉINA

En nuestro estudio, como es lógico, habrán de analizarse imágenes de fondo de ojo. Estas imágenes, como se verá posteriormente, pueden ser de distintos tipos, pero para los fines que aquí perseguimos (detección de microaneurismas, como se detallará a continuación) son especialmente indicadas las **angiografías o angiogramas fluoresceínicos** (o con fluoresceína). Este importante tipo de imagen médica será frecuentemente mencionado en la descripción del método, razón por la cual se abundará algo más en su estudio.

Durante los últimos 20 años, la angiografía con fluoresceína (también llamada angiograma de retina o angiografía fluoresceínica) ha mejorado enormemente la interpretación de la patología retiniana. Tras una inyección intravenosa de fluoresceína sódica (5 ml de solución al 10-20%), este colorante o contraste es transportado en la sangre. Las soluciones diluidas absorben la luz con una máxima longitud de onda de 480 nm (azul) y la emiten con una longitud de onda de 530 nm (amarillo-verde). Utilizando filtros adecuados, la luz excitadora puede separarse de la luz emitida, y esto constituye la **base de la angiografía**. Unos 15-20 segundos después de la inyección, el colorante aparece en el ojo y se observa el tránsito a través de las arterias coroideas y retinianas, fotografiándose para su posterior estudio.

La angiografía con fluoresceína demuestra la existencia de dos circulaciones distintas: la **retiniana** y la **coroidea**. La circulación coroidea se llena unos pocos segundos antes que la retiniana, y el flujo de sangre coroidea es mayor, de forma que se llena de sangre enseguida. En esta circulación coroidea, el plasma, que contiene fluoresceína, se difunde al exterior de los vasos llenando el espacio extravascular, pero no pasa a la retina, y queda enmascarado. Por el contrario, en la circulación retiniana, la fluoresceína queda confinada en el espacio intravascular. Por tanto, en la angiografía normal, los vasos se observan como la marcada circulación retiniana separada de la circulación coroidea, que aparece muy difusa.

➤ **Signos físicos de patología retiniana que aparecen en la angiografía**

La retina sólo puede reaccionar a la enfermedad de unas formas limitadas y muestra un espectro limitado de signos físicos, de manera que aspectos del fondo de ojo similares pueden estar producidos por diversos procesos patológicos diferentes.

Los signos físicos más comunes son:

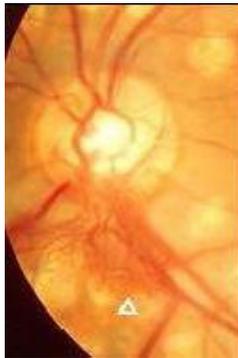
- **Manchas algodonosas:** aparecen como áreas de hipofluorescencia, es decir, áreas oscuras donde debería haber fluorescencia.
- **Exudados duros:** son un signo de permeabilidad vascular anómala. Aparecen como filtraciones a partir de un vaso.

➤ **Exudados blandos:** También llamados algodinosos. Presentan las mismas características que los duros, pero los bordes de la filtración aparecen poco definidos y presentando cierta elevación.

➤ **Hemorragias retinianas:** Tienen siempre un significado patológico. Ocultan la fluorescencia coroidea en la angiografía.

➤ **Edema macular:** Aparece como un almacenamiento de fluoresceína en el espacio tisular extravascular.

➤ **Neovascularización:** Formación de vasos nuevos. Su aparición tiene siempre una gran importancia. Todos los vasos nuevos carecen de propiedades de barrera, por lo que filtrarán fluoresceína, de forma rápida e intensa, durante la angiografía, lo que supone una útil demostración de su presencia. Un ejemplo de este síntoma se muestra en la Figura 1.3, donde la mancha clara en la zona del disco óptico corresponde a una filtración de fluoresceína debida a la neovascularización.



La neovascularización también puede apreciarse sin fluoresceína (Δ)

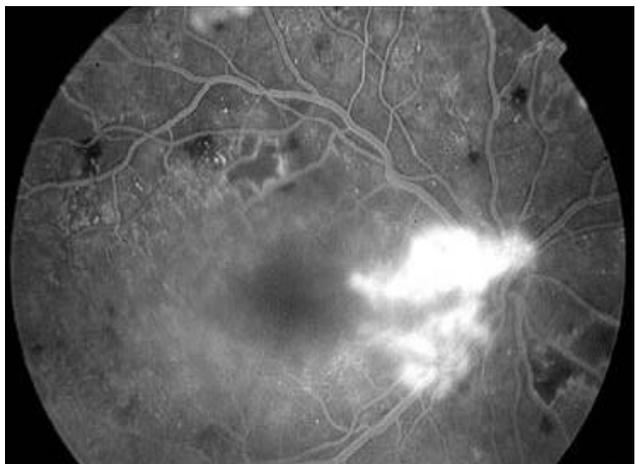


Figura 1.3: Ejemplo de neovascularización

➤ **Microaneurismas:** Son las características patológicas que buscará nuestro método, por ser un **síntoma precoz de la retinopatía diabética**, como se verá más adelante. En los angiogramas fluoresceínicos, se observan como **diminutos puntos redondos e hiperfluorescentes**, que en ocasiones se disponen como racimos de uvas en el extremo de las ramitas vasculares. Oftalmológicamente, son visibles cuando tienen un tamaño superior a las 15 micras, pero con la angiografía fluoresceínica pueden observarse microaneurismas de tamaño menor. En la Figura 1.4 aparecen señalados algunos microaneurismas en una imagen directa

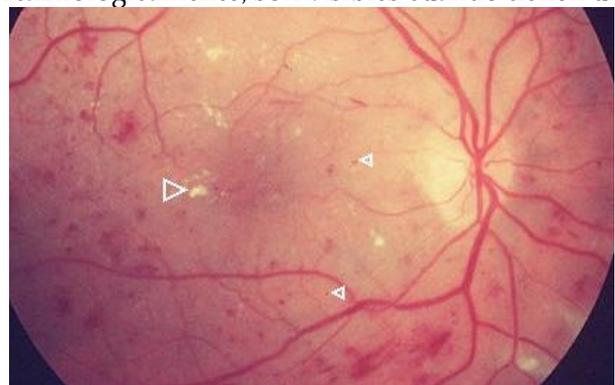


Figura 1.4: Microaneurismas en imagen de fondo de ojo

de fondo de ojo, mientras que en la Figura 1.5 pueden apreciarse sobre un angiograma con fluoresceína, apreciándose la hiperfluorescencia.

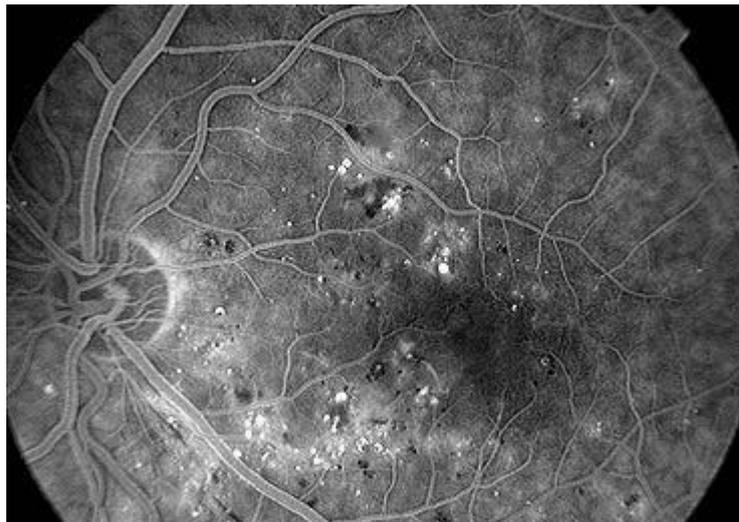


Figura 1.5: Microaneurismas en angiografía fluoresceínica

RETINOPATÍA DIABÉTICA

La **retinopatía diabética**, afección que el algoritmo que se presenta pretende detectar, es una afectación progresiva de los vasos y tejido retiniano, que ocurre en pacientes que padecen *diabetes mellitus*. Puede verse, pues, para los no iniciados, como una **complicación o derivación de la diabetes**, causada por el deterioro de las arterias y venas que irrigan la retina y llevan el oxígeno y los nutrientes que ésta necesita.

Después de la introducción de la insulina en 1921 por Banting y Best para el tratamiento de la diabetes, estos pacientes tienen una perspectiva de vida más larga y posibilidades procreadoras que, paradójicamente, han hecho **augmentar el número de enfermos con retinopatía diabética** (ya que cuantos más años tenga la diabetes, mayor es el riesgo de retinopatía diabética).

Esta afectación constituye en la actualidad uno de los grandes temas de la oftalmología, al ser, como ya se indicó, una de las causas más importantes de ceguera en el mundo, y la más importante en pacientes en edad laboral.

Volviendo brevemente a las cifras, se puede cuantificar que la diabetes afecta a, aproximadamente, el 2% de la población mundial. En el mundo occidental, un 1,5% de la población padece la enfermedad de forma declarada, estimándose que existe un 0,7% de la población que son diabéticos no identificados. Se presenta más comúnmente en sujetos de mediana edad, siendo más rara su aparición inicial en pacientes jóvenes y ancianos. Es ligeramente más frecuente en hembras que en varones, y su herencia es recesiva.

Concretando, la **aparición de la retinopatía diabética** viene dada, principalmente, por tres factores (supuesto que se padece diabetes, evidentemente):

- Los años de evolución de la diabetes
- La severidad de la enfermedad

Herencia recesiva:
La que se da cuando un gen no se manifiesta en un individuo pero permanece latente y puede manifestarse en su descendencia

➤ El control glucémico llevado por el paciente

Se puede decir que entre el 50 y el 60% de los diabéticos padecen lesiones retinianas entre los 12 y 15 años de evolución de la enfermedad, y el 90% después de los 25 años. Es frecuente hallar alteraciones oftalmoscópicas mínimas sin pérdida visual, pero **la retinopatía diabética es una enfermedad progresiva**, aunque puede sufrir periodos de estabilización, que en su evolución puede conducir a la ceguera.

➤ Clasificación de la retinopatía diabética

Existen distintas clasificaciones de retinopatía diabética, basadas principalmente en las fases de evolución de la enfermedad, es decir, en la agrupación de distintas fases bajo el mismo epígrafe (o no). La clasificación que se presenta es la más comúnmente aceptada y la que resulta más clara a los no profesionales del sector médico.

Atendiendo a esto, la retinopatía diabética puede dividirse en varios subtipos, o **etapas fundamentales**:

① Retinopatía de fondo, no proliferativa, o intrarretiniana

En la retinopatía de fondo destacan los microaneurismas y no hay pérdida de visión. Será en esta etapa en la que se intente detectar la enfermedad

Más habitualmente conocida por alguno de los dos primeros términos. Hablamos de ella cuando se observan **microaneurismas**, hemorragias pequeñas, manchas algodinosas, exudados duros y pequeñas áreas de cierre capilar en presencia de una **agudeza visual normal**. Esta situación puede progresar de una de las dos formas que siguen: puede conducir a una maculopatía o puede aparecer una retinopatía proliferativa. Esta evolución se explica en el cuadro que sigue (Figura 1.6):

La etapa de retinopatía de fondo siempre existe, lo que es ideal para la detección

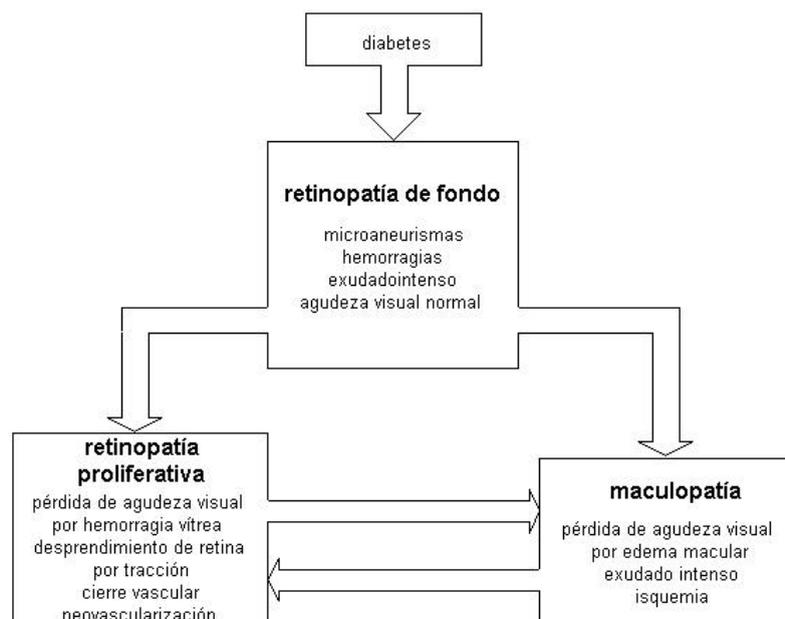


Figura 1.6: Posibles evoluciones de la retinopatía diabética

② Retinopatía proliferativa

Conduce **rápida y progresivamente a la pérdida total de la visión** por hemorragia vítrea y desprendimiento de retina, además de la aparición de neovascularización. Pueden, aunque no es muy común hacerlo, diferenciarse dos subtipos:

-Juvenil: Aparece en un porcentaje de diabéticos jóvenes sin existir otras retinopatías previas. Tiene con frecuencia una evolución acelerada hacia fases terminales.

-Del adulto: Es una complicación más avanzada de la retinopatía diabética de fondo en la que aparece la neovascularización. Suele tener un curso evolutivo menos acelerado.

③ Maculopatía

En ella se pierde agudeza visual por cambios maculares como edema, exudación de lípidos o isquemia. Es precisamente esta afectación de la mácula la **causa más frecuente de ceguera legal por retinopatía diabética**.

☑ **Retinopatía diabética de fondo o no proliferativa**

A continuación se profundizará algo más en cada una de estas formas de retinopatía diabética

Es, como se ha explicado líneas más arriba, el principio de la afección: **la retinopatía diabética siempre empieza por esta fase**. Por tanto, y como nuestro objetivo es la detección de la retinopatía diabética lo más precozmente posible, es en esta etapa en la que debemos centrarnos: sus síntomas y características serán los elementos o indicios a seguir por nuestro método, como se verá más adelante. Una detección (que siempre verifica el médico) en esta fase sería ideal para nuestros fines, y es **nuestro objetivo en el presente proyecto**.

Pericito: Células que se encuentran en las paredes de los vasos capilares

Centrándonos en la evolución, en esta fase se producen anomalías capilares, especialmente en la zona temporal de la mácula, apareciendo el signo clave y característico de esta etapa: el **microaneurisma**. Estos son dilataciones saculares de la pared capilar, como consecuencia de anomalías histológicas como son el engrosamiento de la membrana basal y la desaparición de los pericitos, y pueden apreciarse en la Figura 1.7, que es un preparado con tripsina (esto es, un colorante). Los microaneurismas constituyen, como se ha dicho, el **primer signo visible en la clínica**, apareciendo en el fondo del ojo como pequeños puntos rojos (en el examen directo) muy bien delimitados, aunque por este

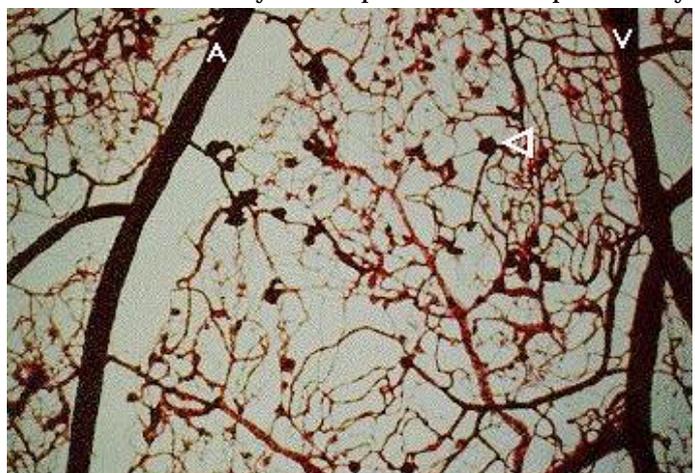


Figura 1.7: Preparación retiniana con tripsina que permite ver las arterias (A), las venas (V), y los microaneurismas (marcados con Δ)

método sólo se advierten cuando tienen un tamaño suficiente (alrededor de unas 15 micras). Sin embargo, las imágenes que ya hemos presentado, esto es, los angiogramas fluoresceínicos, permiten la detección con mayor antelación, por lo que estas imágenes serán las que usaremos en nuestra investigación, en la que, reiterándolo una vez más, la precocidad del diagnóstico es el factor clave.

La aparición de microaneurismas es el hallazgo más sugestivo de una retinopatía diabética incipiente, aunque esto no es definitivo, por cuanto **los microaneurismas pueden hallarse en otras vasculopatías**, como la insuficiencia carotídea, anemias y trombosis venosas.

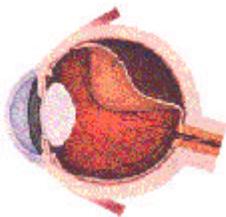
Es preciso indicar que, además de los microaneurismas, existen otros signos patológicos, como son las hemorragias puntiformes (**indistinguibles de los microaneurismas sin angiograma fluoresceínico**), hemorragias en forma de mancha o llama, exudados duros y manchas algodinosas.

Por definición, la agudeza visual permanece normal e inalterada en esta fase. Sin embargo, los riesgos de deterioro progresivo pueden conducir, si no se trata a tiempo, a la siguiente fase de la retinopatía diabética. Este deterioro progresivo se correlaciona angiográficamente con el **aumento de hemorragias y microaneurismas**, cierre capilar, dilatación de los capilares y aumento de la filtración de fluoresceína.

Es decir, en conclusión, que **esta fase inicial de la retinopatía diabética es la que más nos interesa** y en la que pretendemos realizar la detección. Para ello, usaremos los angiogramas fluoresceínicos, que constituyen la herramienta más adecuada para observar los signos patológicos. Entre estos signos, los más importantes y reveladores son los microaneurismas, que serán los que busquemos, y que, además, indican la degeneración de la enfermedad, ya que su número es un claro signo del estadio de evolución de la enfermedad.

☑ **Retinopatía diabética proliferativa**

Tras un periodo de retinopatía diabética no proliferativa, puede pasarse a una segunda fase en la que, como respuesta a todas las alteraciones retinianas anteriores, se produce la creación de neovasos (nuevos vasos sanguíneos) que se disponen en la retina y entre ella y el vítreo, constituyendo la **retinopatía diabética proliferativa**, que tiene **consecuencias muy graves**.



Desprendimiento de retina por tracción

Estos **neovasos** tienen una alta permeabilidad y pueden sangrar fácilmente con los movimientos del gel vítreo, produciendo hemorragias prerretinianas y vítreas que estimulan la formación de fibrosis vítrea, la cual produce nuevas contracciones del vítreo y nuevas hemorragias. Entrados en este círculo vicioso, se llegan a producir adherencias vítreo-retinianas, y nuevas contracciones que producirán un **desprendimiento de retina por tracción, con pérdida completa de la visión**. Este es uno de los estados finales de la retinopatía diabética, y es la segunda causa más frecuente de ceguera en la diabetes (ceguera por hemorragia vítrea y desprendimiento de retina por tracción). Además, durante el desarrollo del proceso anterior, las hemorragias vítreas se van produciendo de forma caprichosa, llevando a un enturbiamiento y pérdida progresiva de la visión.

Hacer un breve comentario respecto a los microaneurismas: a lo largo de esta fase puede **mantenerse o incluso reducirse su número**, pero lo habitual es que sean menos visibles, incluso que queden completamente enmascarados en el angiograma por las otras patologías antes mencionadas. Es por ello que el método de detección precoz desarrollado, en general, **no será útil en esta fase de la retinopatía diabética**, ya que en ella la detección precoz tiene poco sentido: los síntomas ya son muy perceptibles, incluso por el paciente, aquejado de pérdida de visión.

☑ **Maculopatía**

Como se refleja en el cuadro de la Figura 1.6, la **maculopatía** es otra posible evolución de la retinopatía no proliferativa o de fondo. En este caso, lo que ocurre es una afectación de la mácula, la cual es, globalmente, **la principal causa de ceguera legal por retinopatía diabética** (ceguera por edema macular), y aparece en forma de tres patrones básicos: exudación lipídica, edema macular difuso e isquemia macular, todos los cuales se diagnostican fácilmente mediante angiografía fluoresceínica. Indicar que, pese a que los microaneurismas en general persisten, suelen estar ocultos, y, desde luego, su detección no podría basarse en los mismos principios que en la fase de retinopatía no proliferativa (que son los que seguirá nuestro algoritmo).

➤ **Consideraciones pronósticas**

Detallaremos aquí algunos aspectos de la enfermedad de forma muy breve, para poder comprender la seriedad de esta afección y del problema que se trata.

Es habitual que todo paciente o familiar afectado por cualquier enfermedad desee conocer un pronóstico temporal, ya sea de recuperación o de vida, del mal particular. Evidentemente, la retinopatía diabética no es una excepción. Sin embargo, aquí estos pronósticos, tanto de expectativas de visión como de evolución o vida, conllevan una importante dificultad, o, cuanto menos, no se pueden realizar aseveraciones dogmáticas debido a la individual forma de progresión de esta patología en cada paciente.

Como ya se ha indicado anteriormente, la retinopatía diabética es tanto más frecuente cuanto más antigua sea la diabetes. Sin embargo, **el 2% de los diabéticos no desarrollan una retinopatía diabética jamás** y no se sabe porqué. Por el contrario, cuando sucede, la evolución de la forma no proliferativa puede fluctuar de un ojo a otro y entre zonas (cuadrantes) de un mismo ojo, pero inexorablemente, si no se trata, pasados unos años se llega al deterioro total de la retina.

Finalmente, indicar que conclusiones estadísticas denotan que en pacientes diabéticos con ceguera por retinopatía diabética se tiene un pronóstico de vida menor a cinco años, debido a que las lesiones vasculares en otros órganos vitales (corazón, riñón y sistema nervioso central) tienen un deterioro de alguna manera semejante al retiniano.

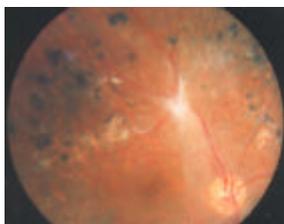
➤ Tratamiento

Muchos tratamientos han sido propuestos para paliar las graves consecuencias ya enunciadas de la retinopatía diabética, pero en esencia son sólo cuatro modalidades de tratamiento las únicas que han sido consideradas hasta hoy como válidas, aunque su efectividad no es, en todos los casos, aceptada de forma universal.

➤ **Control glucémico:** implica un control de la dieta, los antidiabéticos orales y la insulina. Está demostrado que el buen control de la diabetes retarda la aparición de la retinopatía, radicando aquí su eficacia. Igualmente, cuando esta se establece, es importante continuar con el control y el equilibrio para demorar y disminuir su progresión.

➤ **Otras medicaciones:** Hasta la fecha no se ha podido demostrar que exista un tratamiento médico que sea realmente eficaz en ninguna de las formas clínicas de la retinopatía diabética. Existen vías de investigación, especialmente en anticoagulantes, que actualmente están en desarrollo.

➤ **Fotocoagulación:** La fotocoagulación con láser de Argón es el **tratamiento más eficaz** actualmente de la retinopatía diabética. El láser ocasiona una destrucción controlada de aquellas zonas del tejido retiniano patológicas que son origen de fenómenos exudativos o de estímulos neovasoproliferativos. Existen diversas técnicas de tratamiento que, básicamente, pueden dividirse en:



Retina tratada con láser

➔ **Tratamiento focal:** Se destruyen selectivamente las áreas en la que la angiografía fluoresceínica demuestra trastornos de la permeabilidad. Se utiliza sobre todo en el tratamiento de las formas no proliferativas y de la maculopatía diabética (es decir, de la fase en la que nuestro método pretende detectar la enfermedad).

➔ **Panretinofotocoagulación:** Se trata de una destrucción generalizada del tejido retiniano, excepto del polo posterior. Es la técnica utilizada en la retinopatía diabética proliferativa.

Ambas formas de fotocoagulación se realizan de forma ambulatoria, siendo técnicas seguras, eficaces y escasamente dolorosas, además de tener pocos o ningún efecto secundario. Sin embargo, para su máxima eficacia, es fundamental realizar el tratamiento en el momento oportuno, de donde una vez más surge la necesidad de un diagnóstico precoz. En la Figura 1.8 se ilustra esquemáticamente el procedimiento seguido en la fotocoagulación.

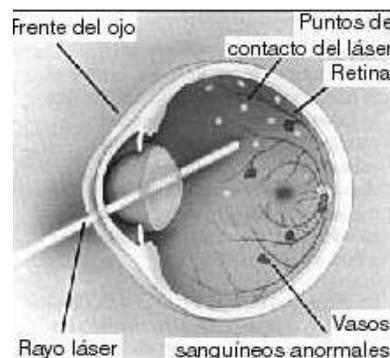


Figura 1.8: Esquema de fotocoagulación

➤ **Cirugía:** Cuando el vítreo toma parte activa en la evolución de la retinopatía (es decir, en la forma proliferante), el cuadro clínico se agrava

enormemente. En estos casos, la única alternativa es la cirugía del vítreo, de la que distinguimos dos tipos:

La parte de retina hipóxica es aquella a la que no llega oxígeno suficiente

→**Criocoagulación panretiniana:** Utilizada para eliminar las áreas de retina hipóxica cuando la transparencia de medios no permite el empleo del láser (catarata, hemorragia vítrea). En ocasiones tiene un beneficioso efecto acelerador de la reabsorción de hemorragias vítreas.

→**Vitrectomía:** Se emplea en el tratamiento de formas terminales de retinopatía diabética proliferativa para eliminar hemorragias vítreas, proliferaciones fibrovasculares y desprendimientos de retina por tracción del vítreo, y consiste en la extirpación del vítreo hemorrágico que está causando daños, de la forma que se refleja en la Figura 1.9. Sus resultados suelen ser mediocres, debido en gran parte a la gravedad evolutiva de los casos en los que se emplea.

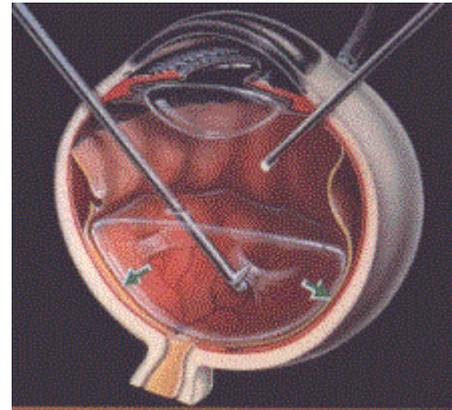


Figura 1.9: Tratamiento quirúrgico del desprendimiento de retina

EL SISTEMA DE ANÁLISIS DE IMAGEN

Consideramos imágenes naturales las obtenidas por medios ópticos, sin que exista digitalización

Se ha indicado ya que las imágenes más adecuadas para nuestro estudio son los angiogramas fluoresceínicos. Sin embargo, estas imágenes son **naturales**, por lo que habrá que digitalizarlas de manera adecuada para su tratamiento y procesamiento posterior. En este apartado se presentará el esquema general de un **sistema de adquisición y digitalización de estas imágenes**.

Hasta hace pocos años, el método más habitual de obtención de imágenes del fondo de ojo era, simplemente, realizar una fotografía mediante una cámara acoplada a un funduscopio o a un retinógrafo (en general, nos referiremos a este último por ser más adecuado a las imágenes que usaremos). Sin embargo, con el desarrollo tecnológico de los últimos tiempos se ha extendido el uso de sistemas de captación de imágenes digitalizadas.

Como es sabido, la digitalización consiste en la conversión de imágenes visuales en formatos electrónicos que permiten su introducción en un computador. Así, la digitalización exige la subdivisión del conjunto de una imagen óptica en pequeños cuadrados adyacentes llamados, por supuesto, **píxeles** (*picture elements*). En la medida que los píxeles son más numerosos la resolución de la imagen será mejor. Evidentemente, ampliar una zona concreta de la imagen pondrá de manifiesto estos píxeles, como se muestra en la Figura 1.10, que está en la página siguiente. Este es el efecto de tener una imagen discreta en el espacio, como son las imágenes digitales.

Actualmente, las resoluciones más habituales en angiogramas fluoresceínicos son de 512x512 píxeles y de 1024x1024 píxeles. Además, en estas

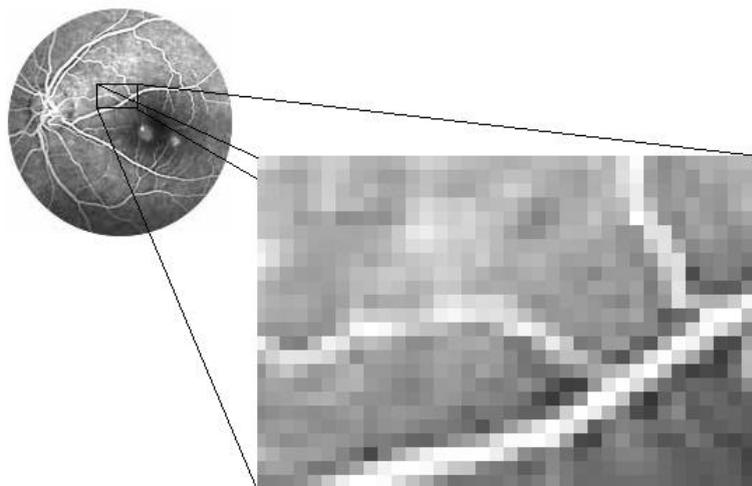


Figura 1.10: Ampliación de angiograma, donde se aprecian los píxeles

imágenes trabajaremos con **8 bits en escala de grises**, por lo que cada píxel recibirá un valor numérico correspondiente a un **nivel de gris que oscila entre 0 y 255**. Estos datos codificados obtenidos por digitalización son fácilmente manejables por un ordenador, lo que va a permitir que las imágenes sufran diferentes transformaciones (como veremos más adelante).

➤ **Ventajas de los sistemas de análisis de imagen**

En la angiografía tradicional, es decir, la angiografía realizada sobre película fotográfica, la imagen impresiona esta película, que posteriormente se revela para realizar copias en papel, tras lo cual es interpretada. Todo ello precisa, obviamente, de un laboratorio fotográfico, personal especializado y, en consecuencia, de un tiempo necesario para realizar todo este proceso.

El tiempo necesario para obtener los resultados de un estudio fotográfico tradicional puede verse reducido en el caso de los servicios médicos dotados de un laboratorio fotográfico propio, y, por el contrario, se suele dilatar cuando se emplean los servicios de un laboratorio fotográfico externo.

Así, una de las principales ventajas de los sistemas de análisis de imagen radica en que permite un **acceso inmediato al diagnóstico**, al poder visualizar instantáneamente en un monitor las imágenes obtenidas en el estudio angiográfico. Esta inmediatez de los resultados se traduce en beneficios tanto para el paciente como para el angiografista, ya que todos los errores técnicos cometidos en la realización de las angiografías pueden ser corregidos en el momento, eliminando las imágenes incorrectas, repitiendo las tomas y conservando únicamente las de calidad diagnóstica. Del mismo modo, la rapidez diagnóstica permite a su vez el **acceso inmediato a la terapéutica**, principalmente (como ya se explicó) a la fotocoagulación con láser, hecho de especial importancia en aquellas patologías que, como la retinopatía diabética, requieren un tratamiento precoz (si no urgente) y que gracias a estos sistemas de análisis se pueden efectuar incluso el mismo día del diagnóstico.

Por otra parte, y como su nombre pone de manifiesto, la otra gran ventaja de los sistemas de análisis de imágenes es la posibilidad de realizar un **procesamiento** sobre la imagen en cuestión que ponga de manifiesto

información subyacente en la misma, y que en su forma original era poco o nada visible. Esta información resulta de vital importancia en muchas ocasiones para realizar un diagnóstico, como es el caso del método que este proyecto propone. Aparte de algoritmos muy concretos, como el que aquí nos ocupa u otros similares, algunas operaciones genéricas de estos sistemas podrían ser:

- ✓ Aumento del contraste
- ✓ Medida de áreas
- ✓ Ampliación de zonas de la imagen
- ✓ Imagen en negativo
- ✓ Pseudorelieve
- ✓ Otras: filtrado de realce, medidas de distancias, densitometrías

⇒ Componentes de un sistema de análisis de imagen

A continuación estudiaremos cada uno de los componentes genéricos de un sistema de análisis de imágenes, poniendo ejemplos concretos cuando sea posible. No obstante, no todo sistema de análisis debe seguir el esquema expuesto, aunque es lo más común.

1) Captación de la imagen del fondo de ojo

En la actualidad, la captación de la imagen del fondo de ojo se realiza, principalmente, por medio de un retinógrafo tradicional, un retinógrafo combinado AGF-AVI, una cámara modificada, o un SLO (*Scanning Laser Ophthalmoscope*).

A) Retinografía tradicional: A la mayoría de los retinógrafos habitualmente usados en una clínica se les puede adaptar un sistema de análisis de imagen. El único requisito que se exige es que el retinógrafo tenga una salida para acoplar una videocámara, hecho que se da en la mayoría de los retinógrafos recientes sea cual sea la marca.

La angiografía con verde de indocianina (AVI) es una variación de la angiografía fluoresceínica que no utilizaremos

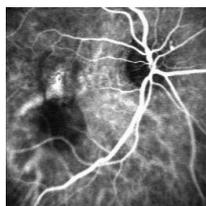
Con estos retinógrafos la única limitación que existe es la imposibilidad de realizar angiografía con verde de indocianina (AVI), pero la angiografía fluoresceínica (AGF), que es la que nos interesa, es perfectamente realizable, teniendo además todas las ventajas que proporciona el analizador de imágenes.

B) Retinógrafo combinado AGF-AVI: Son retinógrafos especialmente diseñados para efectuar simultáneamente tanto retinografías del fondo como angiografía fluoresceínica, además de estudiar la circulación coroidea con verde de indocianina. El primer modelo de estas características, que surgió en 1994, es el *TRC 501A* de la marca Topcon®, siendo un modelo muy extendido.

C) Cámara de fondo modificada: Una tercera opción consiste en la utilización de una cámara de fondo modificada, a la que se adapta un láser de diodo que sirve como fuente lumínica cuando se realiza estudio angiográfico con verde de indocianina. Este sistema también puede realizar tres funciones: retinografías de fondo, angiografía fluoresceínica tradicional y angiografía coroidea con verde de indocianina.

Su mayor inconveniente es el elevado precio, no mejorando excesivamente la calidad que se obtiene con el sistema anteriormente citado. Un ejemplo de este sistema es el *Choriografer de Puliafito* de la marca Candela®.

El SLO barre áreas pequeñas enfocadas con gran precisión, lo que proporciona un contraste óptimo



Angiograma obtenido con SLO

D) Sistema SLO (*Scanning Laser Ophthalmoscope*): El SLO (que en español podemos traducir como "Oftalmoscopio Láser de Barrido") es un original método de reconstrucción de la imagen en una pantalla de vídeo que permite, además de la exploración diagnóstica del fondo de ojo, estudiar la dinámica de la circulación retiniana y coroidea.

Con el SLO se pueden realizar múltiples funciones, permitiendo realizar angiografía fluoresceínica y con verde de indocianina. Las imágenes obtenidas se registran en una banda magnética, y se pueden obtener copias en papel para visualización estática. Además, este sistema también se puede beneficiar de las ventajas de la digitalización, igual que sucede con los retinógrafos. La ventaja del retinógrafo reside en su facilidad y rapidez de ejecución, siendo el SLO más voluminoso y precisa mayor tiempo para cada estudio.

Así, el SLO se presenta como el sistema más óptimo para la investigación clínica de la patología del fondo de ojo, aunque la combinación del SLO y un sistema de análisis supone un coste muy elevado.

2) Cámara de vídeo

A partir de la fuente de imagen se precisa la utilización de un elemento intermedio que capte las imágenes en una superficie electrónica fotosensible. Actualmente, gracias al progreso de las cámaras de vídeo, y especialmente las cámaras CCD (*Charge-Coupled-Device*), es posible captar las imágenes y visualizar instantáneamente el resultado en una pantalla de televisión. Esto permite al angiografista la corrección instantánea de las imágenes incorrectas.

Una alternativa a las cámaras de vídeo lo constituyen las nuevas cámaras fotográficas con captación directa de la imagen en una placa digitalizadora que cumple la misma función que el vídeo.

En la actualidad los sistemas de vídeo de 1024x1024 píxeles son capaces de captar prácticamente toda la información clínica que se obtiene con una cámara de fondo, al menos para angiografías en blanco y negro (como las angiografías fluoresceínicas objeto de nuestro interés). Sin embargo, hay que señalar que aún están lejos de alcanzar la definición que se obtiene, por ejemplo, con una película de 35 mm Ektacrome®, que se sitúa en el orden de los 5000x3500 píxeles de resolución.

3) Computador

El computador es el núcleo del sistema de análisis de imagen

Un computador convencional es el elemento que convierte las imágenes en señales digitales para su análisis. Este computador u ordenador se acompaña de un monitor de alta resolución para tratamiento de la imagen, de sus correspondientes placas digitalizadoras y de otra placa para el sincronismo del flash del retinógrafo.

El computador permite capturar, visualizar, almacenar y procesar las imágenes de fondo de ojo. Estas imágenes se almacenan de forma temporal, tras su digitalización, en el disco duro del ordenador, pero se requiere un sistema de almacenamiento permanente.

4) Sistema de archivo

Se ha diseñado una base de datos para gestionar el almacenamiento que se presentará en el Capítulo 5

Dado que la capacidad de archivo del disco duro del computador es limitada, es necesario un sistema de archivo más amplio para guardar las imágenes seleccionadas de cada angiograma. Para esta función se utiliza normalmente un CD de tipo WORM (*write once, read many*), por lo cual necesitaremos que nuestro equipo disponga de una unidad de escritura de discos ópticos.

Los angiogramas se archivan, pues, de forma sucesiva en el CD, por lo que es necesaria una **base de datos adicional** que permita localizar en éste, de forma inmediata y sin recorrer todo el disco, los angiogramas de cada paciente.

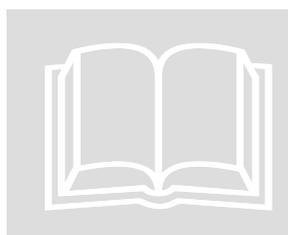
5) Sistema de impresión

La impresión de las imágenes obtenidas con el analizador de imágenes es un proceso de gran importancia, ya que el diagnóstico, como se mencionó anteriormente, **siempre lo realiza el médico**, y las decisiones terapéuticas se realizan habitualmente utilizando copias en papel.

Como se ha señalado previamente, los monitores de vídeo de alta resolución (1024x1024) ofrecen unas prestaciones elevadas que se aproximan a las obtenidas con película fotográfica, permitiendo ver los detalles más críticos de los angiogramas. Por el contrario, la impresión siempre conduce a una pérdida de calidad de los angiogramas, siendo imposible igualar la calidad de las fotografías en papel. No obstante, el hecho de obtener inmediatamente el resultado del estudio, evitando los costes en material y tiempo del estudio fotográfico, hace que la visualización en pantalla y la impresión (aunque sea de menor calidad) permita un acceso rápido al diagnóstico y, en consecuencia, a un tratamiento inmediato.

Como curiosidad, añadir que, además de las impresoras en papel, los sistemas de análisis de imagen pueden dotarse de un generador de diapositivas por medio de un fichero TIFF que capta la imagen tal y como se aprecia en el monitor, siendo éste un sistema de gran valor para presentación de casos clínicos, en cursos, conferencias o en la enseñanza.

UN POCO DE HISTORIA...



Llegados a este punto, con un mayor conocimiento de la materia, parece evidente que un problema de semejante importancia ha sido tratado a lo largo de los años por numerosos autores y se han dado muy diversas soluciones. La que se detalla en esta memoria, que pretende avanzar un paso más hacia una completa solución, empezó basándose en una de ellas, la aportada por *A.M. Mendonça, A.J. Campilho y J.M. Nunes*, con la finalidad de llevar a cabo una implementación de la misma. Sin embargo, pronto el método que aquí se expone empezó a desviarse

del mencionado, para acabar siendo una **solución esencialmente distinta**, apoyada principalmente en un nuevo criterio de validación de microaneurismas, que se explicará en su momento, y que está basado en un banco de correladores bidimensionales. Esta novedad, así como otras variaciones, hacen del algoritmo que se presenta una solución novedosa o, cuanto menos, distinta.

Además de la búsqueda de microaneurismas, existen otras estrategias de detección de retinopatía diabética, en general menos utilizadas

Sin embargo, el profundizar en el tema nos revela que entre las soluciones propuestas por los distintos autores hay pocas diferencias, siguiéndose en general una **estructura básica** y produciéndose las innovaciones, principalmente, en la manera de decidir si una región candidata es un microaneurisma o no. Así, autores como *C.E. Baudoin*, *B.J. Layy* *J.C. Klein* propugnan la determinación de un espacio de características, asignando diez parámetros distintos a cada candidato, y, a partir del estudio con oftalmólogos, determinar unas restricciones en forma de inequaciones que cada candidato debe cumplir. Este sistema, si bien es útil, resulta algo lento y requiere de un banco de imágenes muy amplio y de un equipo de oftalmólogos a nuestra disposición (lo que constituye un requisito, cuanto menos, exigente). Además, dichas restricciones son poco robustas a cambios entre unos equipos de toma de imágenes y otros, lo que influye en características como iluminación, contraste, etc...

Otra autoridad en la materia es *Frédéric Zana*, cuyo artículo *Automatic Segmentation and Registration of Retinal Fluorescein Angiographies* expone un método muy útil de detección de microaneurismas, basado en la morfología matemática y en una utilísima herramienta consistente en un modelo matemático paramétrico que aproxima los histogramas de las imágenes.

Las tendencias actuales son las redes neuronales y Data Mining

Por último, los trabajos de *Mendonça*, *Campilho* y *Nunes* son de gran relevancia, y serán utilizados, como se verá en el epígrafe de resultados, para **validar nuestro método**. Como inconveniente a su método, indicar que los criterios de validación que utilizan parecen ser algo insuficientes. Recientemente, dichos autores han presentado un modelo de red neuronal para este problema, en lo que parece ser la línea de desarrollo más evidente para obtener mejoras notables en este área.

ALCANCE DEL PROYECTO

Como se ha explicado, el objetivo inicial del proyecto no era otro que llevar a la práctica la somera descripción de un método de segmentación automática de microaneurismas expuesto por *Mendonça*, *Campilho* y *Nunes*. Aunque inicialmente esa fue la línea de desarrollo, lo somero y oscuro de la descripción del citado método y la investigación de técnicas alternativas fueron derivando en una **separación progresiva** del método original, cuya estructura sirve como base pero las técnicas empleadas son distintas o, en algunos casos, novedosas. Así, se ha desarrollado un **nuevo método de detección de microaneurismas en angiogramas de retina**, cuyos resultados, como se verá, son buenos y muy esperanzadores.

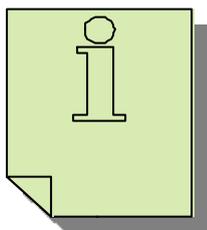
No obstante, parecía interesante la creación de un **interfaz de fácil manejo** para que el método pudiera estar disponible de forma inmediata para todo

profesional médico sin que se le supongan unos conocimientos profundos de informática. Así, se ha creado, y se incluye en el proyecto, el **interfaz IRIS**, que será presentado en el *capítulo 5*.

Para todo el desarrollo aquí esbozado y más adelante detallado, se ha contado con un **banco de imágenes francamente limitado y de calidad manifiestamente mejorable**. Sin embargo, en este punto no ha sido posible encontrar una solución por la reticencia (siempre comprensible) de profesionales oftalmológicos a facilitar imágenes con los microaneurismas validados, o a analizar imágenes de mayor calidad para las que no se disponía de la formación necesaria para interpretarlas de manera fiable. Así, se han utilizado imágenes de las que teníamos una validación contrastada, pero este conjunto es muy limitado.

Pese a todo, se ha conseguido un **método robusto**, muy inmune a variaciones locales y/o globales de las características de la imagen, **eficiente** y con **buenos resultados**, que es el que va a presentarse en los próximos capítulos.

DESARROLLO DE LA MEMORIA



En la memoria no se incluye el código fuente del método diseñado

La presente memoria tiene la vocación de explicar el método que se ha desarrollado de forma que pueda ser entendido por lectores iniciados, aunque no necesariamente expertos, en el procesamiento y análisis de imagen. No se suponen conocimientos en medicina, razón por la cual se ha hecho una breve introducción de los aspectos médicos del problema en las páginas anteriores, procurando ser lo menos críptico posible. Completada con este apartado la introducción, la memoria contiene otros cinco bloques o capítulos, que son:

➤ **Fundamentos teóricos del problema:** aquí estudiaremos algunas cuestiones o aspectos que se usarán en el método y por su especialización pueden ser poco conocidos. Así, para que pueda entenderse el método en profundidad, se realizará una introducción a campos como la matemática morfológica o la teoría de detección de imágenes.

➤ **Presentación del método de detección de microaneurismas:** en este capítulo se analizará el método paso a paso, entrando en profundidad en cada uno de sus aspectos teóricos y prácticos.

➤ **Resultados obtenidos:** se mostrarán tres casos validados, observándose cada uno de los pasos intermedios del proceso y los microaneurismas detectados.

➤ **El interfaz gráfico IRIS:** a causa de la naturaleza inherentemente gráfica del problema que tratamos, y considerando los profesionales a los que va destinada la solución aportada, se ha diseñado e implementado un programa con interfaz gráfico: el **IRIS v1.0**, que se presenta de forma detallada en este capítulo.

➤ **Conclusiones y futuras líneas de desarrollo:** a modo de resumen, se enumerarán someramente las principales ideas obtenidas del desarrollo, las limitaciones encontradas en el mismo, y las líneas de desarrollo que parecen más convenientes para profundizar en el estudio de la materia.

Además de todo esto, se incluye un **CD** en el que está contenido el citado interfaz **IRIS** así como todo el código fuente de todas las funciones utilizadas para implementar el método, tanto en Matlab como en C. Dicho código no se incluye en la memoria por ser demasiado extenso y poco relevante.

Con esto cerramos este **primer capítulo de la memoria**, que da paso a lo que constituye el grueso del proyecto, según el esquema anterior. Y a ello procedemos.

Fundamentos teóricos del método

MORFOLOGÍA MATEMÁTICA

Nuestro algoritmo está basado en la morfología matemática, que es una rama del procesamiento avanzado de imágenes, y puede verse como una herramienta para extraer componentes de una imagen que sean útiles en la representación y descripción de la forma de una región, tales como contornos, esqueletos o cerco convexo. Para una introducción a esta rama pueden verse las páginas que siguen, o acudir a obras como *Tratamiento Digital de Imágenes*, de Gonzalez y Woods, o *Image Analysis Applications*, de Kasturi y Trivedi.

La base de la morfología matemática es la **teoría de conjuntos**. En ella, los conjuntos representan las formas de los objetos de una imagen. Por ejemplo, en una imagen binaria, el conjunto de todos los píxeles negros es una descripción completa de la misma. Aquí conviene hacer una aclaración: no es lo mismo la morfología matemática para imágenes binarias que para imágenes en escala de grises. Así, como haremos uso de esta última, comenzaremos por la binaria, que permite una mejor comprensión de la materia, y luego extenderemos los conceptos a escala de grises.

En **imágenes binarias**, los conjuntos son miembros del espacio bidimensional entero \mathbf{Z}^2 , donde cada elemento de un conjunto es una dupla cuyas componentes son las coordenadas (x,y) de un píxel negro (por convención) de una imagen (nos es indiferente en principio asignar a un píxel negro valor 0 ó 1, aunque se considerará que los negros son los no nulos). De forma análoga, las **imágenes en escala de grises** se pueden representar como conjuntos cuyos componentes son parte de \mathbf{Z}^3 , siendo cada elemento del conjunto una terna, de la cual dos componentes son las coordenadas del píxel y la tercera componente es el valor de intensidad de dicho píxel.

➤ Imágenes binarias

Vamos a ver las operaciones morfológicas a partir de las más simples, para, utilizando éstas, ir avanzando y complicando estas operaciones. Como se ha dicho, comenzaremos con las imágenes binarias, para, en el apartado siguiente, ampliar los conceptos a imágenes en escala de grises.

FUNDAMENTOS
TEÓRICOS

- Morfología matemática
- Fundamentos del procesamiento de imágenes

El convenio de que el conjunto que define una imagen binaria sea de píxeles negros es arbitrario, sin más razón que su mejor representación sobre papel

☑ **Dilatación y erosión**

Estas operaciones constituyen la **base de la matemática morfológica**. Para empezar, se definen algunos conceptos básicos:

Sean A y B conjuntos de \mathbf{Z}^2 , con componentes $a=(a_1, a_2)$ y $b=(b_1, b_2)$, respectivamente. La **traslación de A por x** , donde $x=(x_1, x_2)$, y que se representa por $(A)_x$, se define como:

$$(A)_x = \{c \mid c = a + x, \text{ para } a \in A\}$$

Podemos ver este concepto en la figura 2.1, donde el punto negro (\bullet) identifica el origen de cada conjunto. Así, en esta figura tenemos el conjunto original A , mientras que en la figura 2.2 podemos ver la traslación de A por x , donde $x=(x_1, x_2)$. Como se puede observar, la traslación se consigue sumando x_1 a la primera componente de cada elemento de A , y x_2 a la segunda componente de cada elemento, o, lo que es lo mismo, sumar (x_1, x_2) a cada elemento de A .

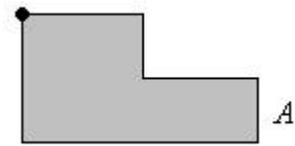


Figura 2.1: Conjunto A

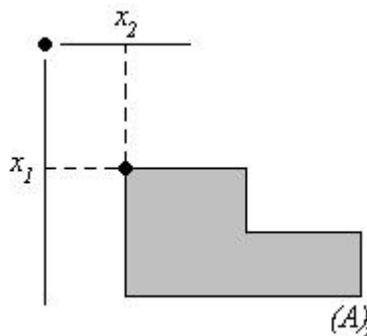


Figura 2.2: Traslación de A por x

Por otra parte, podemos definir la **reflexión de A** , representada por \hat{A} , como:

$$\hat{A} = \{x \mid x = -b, \text{ para } b \in B\}$$

De nuevo, en la figura 2.3 que sigue se refleja otro conjunto inicial A , mostrándose en la figura 2.4 la reflexión sobre el origen de dicho conjunto.

Estamos tratando con conjuntos, por lo que no se han definido aún los límites de la imagen

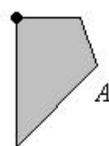


Figura 2.3: Conjunto A

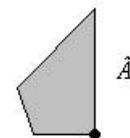


Figura 2.4: Reflexión de A

En tercer lugar, definimos el **complemento del conjunto A**, representado como A^c como:

$$A^c = \{x \mid x \notin A\}$$

En la figura 2.5 tenemos tanto el conjunto A como su complemento, ya que el complemento del conjunto A es todo elemento de la imagen que no forma parte del conjunto A.

Aquí se han representado límites al conjunto A^c , pero en realidad el complemento de A no acaba en ellos

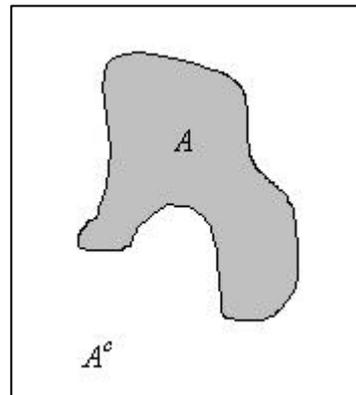


Figura 2.5: Conjunto A y su complemento

Finalmente, la **diferencia de dos conjuntos A y B**, representada por $A-B$, se define como sigue:

$$A-B = \{x \mid x \in A, x \notin B\} = A \cap B^c$$

La figura 2.6 ilustra este concepto. En la parte (a) tenemos el conjunto A, en la parte (b) el conjunto B y en la parte (c) el resultado de $A-B$.

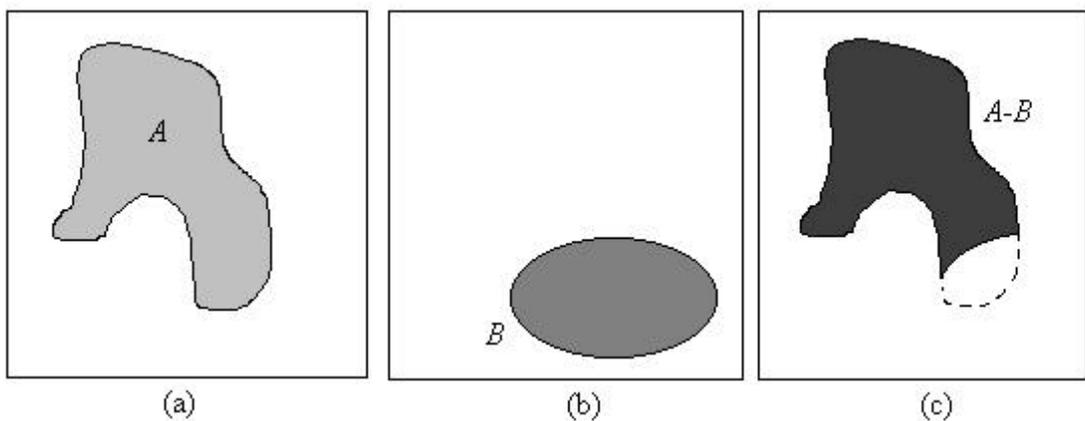


Figura 2.6: Diferencia de conjuntos

Una vez conocidas estas herramientas básicas, podemos entrar en el primer concepto que realmente constituye una novedad, y que se describe a partir de las herramientas anteriores: la **dilatación**.

Con A y B siendo conjuntos binarios, esto es, contenidos en \mathbf{Z}^2 , y siendo \emptyset la representación del conjunto vacío, la **dilatación de A por B** , representada por $A \oplus B$, se define como:

Dilatación de A por B
 $A \oplus B$

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

Así, viéndolo en función de los elementos recién definidos, tenemos que la dilatación consiste en obtener la reflexión de B sobre su origen y a continuación trasladar esta reflexión por x , siendo x variable. Por tanto, la dilatación de A por B es el conjunto de todos los desplazamientos x tales que A y la reflexión de B se solapen en, al menos, un elemento no nulo. Esto es, justamente, lo que indica la fórmula anterior. Llegados a este punto, conviene incidir en dos cuestiones:

① Las ecuaciones como la anterior pueden tener distintas expresiones, todas equivalentes. Aquí se ha puesto la más ilustrativa o intuitiva, sin preocuparnos de formulaciones alternativas, frecuentemente de carácter meramente académico.

② El conjunto B , esto es, el que se desplaza, es conocido como **elemento estructural** o **elemento de estructura**. Este nombre se repetirá a menudo, y tendrá especial relevancia cuando se estudie la transformación *Top-Hat*, que es el bloque morfológico que usa nuestro método, y se analizará en el *capítulo 3*.

La dilatación se estudia en las figuras 2.7 y 2.8. En la primera, a la izquierda de la imagen tenemos el conjunto A y el elemento estructural B , que coincide con su reflexión puesto que B es simétrico respecto a su origen. A la derecha, sombreada, tenemos la dilatación de A por B . La línea discontinua en su interior corresponde al conjunto original, A , para que sirva como referencia; asimismo, la línea continua que constituye el borde exterior es el límite más allá del cual desplazamientos del origen (nótese que los desplazamientos son del origen) de la reflexión de B (que es igual a B) por x harían que la intersección de dicha reflexión

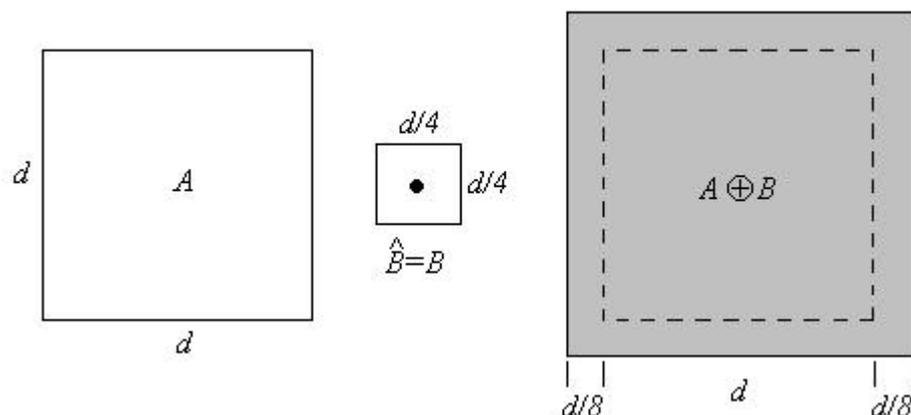


Figura 2.7: Ejemplo de dilatación de A por B

y A estuviera vacía.. La figura 2.8 muestra otra dilatación del mismo conjunto A , pero esta vez por un elemento estructural B distinto, diseñado para obtener más

dilatación vertical que horizontalmente. A la derecha de la imagen, sombreado, está el resultado de la dilatación.

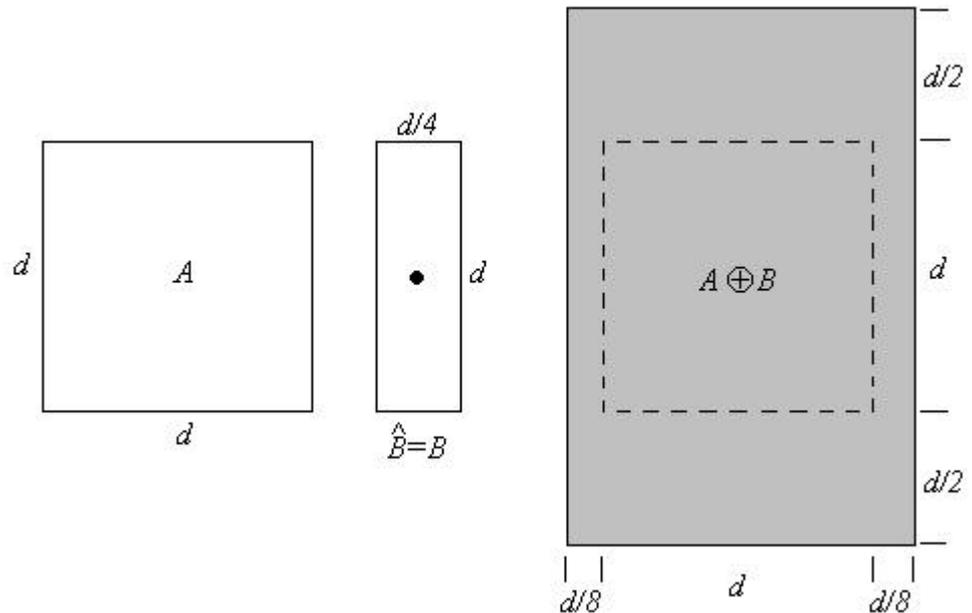


Figura 2.8: Otro ejemplo de dilatación

En el mismo nivel que la dilatación, siendo su operación dual, definimos la **erosión**: dados los conjuntos A y B de \mathbf{Z}^2 , la **erosión de A por B** , representada por $A \ominus B$, se define así:

Erosión de A por B
 $A \ominus B$

$$A \times B = \{x \mid (B)_x \subseteq A\}$$

es decir, que la erosión de A por B es el conjunto de todos los puntos x tales que B , trasladado por x , está contenido en A . De nuevo, mencionar que existen formulaciones alternativas, pero la expuesta es la más clara y la más adecuada en implementaciones prácticas.

En las figuras 2.9 y 2.10 se ilustra el concepto de erosión. Al igual que hacíamos en la dilatación, a la izquierda de la figura 2.9 tenemos el conjunto A , en el centro el elemento estructural B , siendo el punto central su origen, y a la derecha,

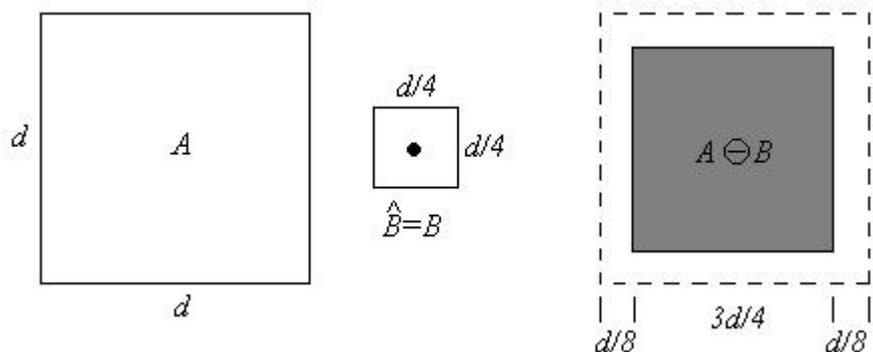


Figura 2.9: Ejemplo de erosión de A por B

sombreado, el resultado de la erosión de A por B , donde la línea discontinua sirve como referencia, indicando donde se encontraba el conjunto A , y la línea continua muestra el límite más allá del cual un desplazamiento del origen de B haría que este conjunto dejase de estar **completamente contenido** en A . Por otro lado, en la figura 2.10, a la izquierda se muestra un elemento estructural alargado, mientras que a la derecha encontramos el resultado de la erosión de A por este elemento, notándose como dicho conjunto A , indicado por la línea discontinua, ha quedado erosionado hasta ser tan sólo una línea continua.

La elección de un elemento estructural adecuado permite obtener resultados sorprendentes

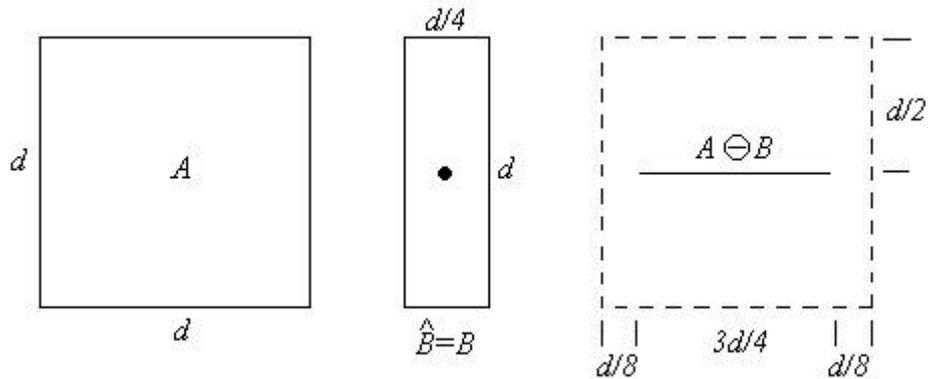


Figura 2.10: Otro ejemplo de erosión

Explicados los conceptos de erosión y dilatación, parecen intuirse ciertas relaciones entre ellos. Efectivamente, puede decirse que **ambas operaciones son duales entre sí**, pero no se abundará más en este concepto de dualidad por no ser necesario en nuestro estudio, tan sólo mencionaremos cuando un par de operaciones sean duales.

☑ **Apertura y cierre**

Tal y como se ha visto en el punto anterior, la dilatación expande una imagen, mientras que la erosión la contrae. Estudiados estos conceptos, trataremos aquí otras dos operaciones morfológicas, que se apoyan en las anteriores: la **apertura** y el **cierre**. Así, la apertura, generalmente, suaviza el contorno de una imagen, rompe istmos estrechos y elimina protuberancias delgadas. Por su parte, el cierre también tiende a suavizar contornos, pero lo hace fusionando separaciones estrechas y entrantes delgadas y profundos, eliminando pequeños huecos y rellenando agujeros del contorno.

Así, dados los conjuntos A y B , definimos la **apertura de A por B** , representada por $A \circ B$, como:

Apertura de A por B
 $A \circ B$

$$A \circ B = (A \times B) \oplus B$$

es decir, la apertura de A por el elemento estructural B es simplemente la erosión de A por B seguida por una dilatación del resultado por B . Este concepto se ilustra en la figura 2.11, donde en (a) se muestra el conjunto original A , al que se le aplica el elemento estructural B , que es un disco con su origen en el centro. En la parte (b) se muestran varias posiciones del elemento de estructura durante la erosión, que da como resultado el que se muestra en la parte (c) de la figura. Es de reseñar la

desaparición del istmo entre las dos secciones principales, que es debida a que su anchura era menor que el diámetro del elemento de estructura, con lo cual el disco no podía estar completamente contenido en esta parte, de modo que es eliminada en la erosión. Además, sucede lo mismo con los dos salientes de la derecha del objeto. A continuación, se lleva a cabo la dilatación de este resultado, proceso que se muestra en la parte (d), y que resulta en la salida del proceso de apertura, que encontramos en (e). Nótese el suavizado que se ha originado en la imagen, debido al elemento de estructura utilizado. Evidentemente, el resultado de la apertura, como lo será del cierre, es dependiente del elemento estructural utilizado.

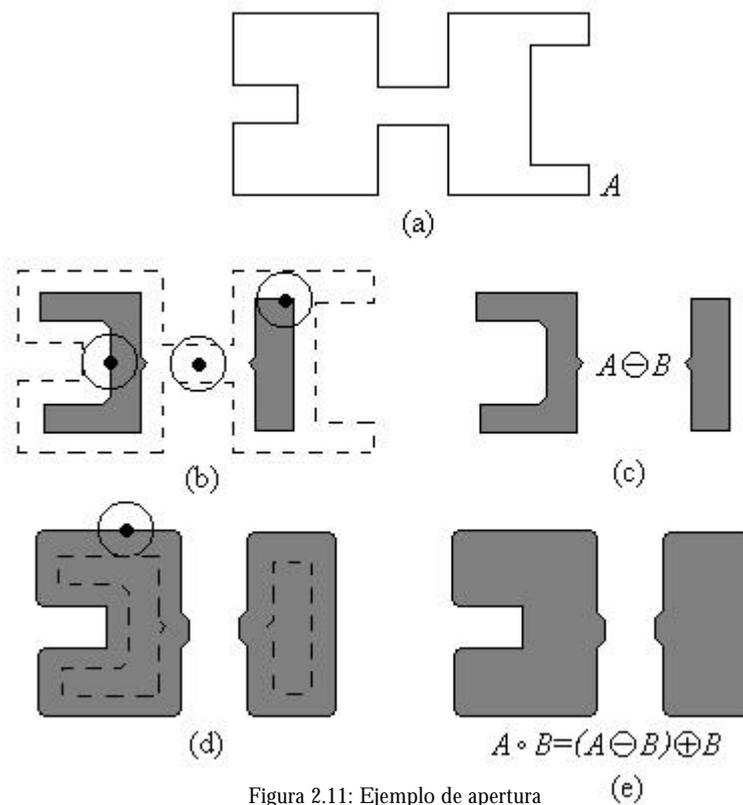


Figura 2.11: Ejemplo de apertura (e)

Análogamente, el **cierre de A por B**, representado por $A \bullet B$, se define como

Cierre de A por B
 $A \bullet B$

$$A \bullet B = (A \oplus B) \times B$$

o, lo que es lo mismo, el cierre del conjunto A por el elemento estructural B es la dilatación de A por B, seguida por la erosión del resultado por B. Podemos apreciar esta operación en la figura 2.12, donde el conjunto original A se muestra en la parte (a) (es el mismo que en la figura 2.11), y el elemento estructural es, de nuevo, un disco. En (b) observamos algunos pasos de la dilatación, cuyo resultado aparece en (c). A continuación, se erosiona como se muestra en (d), lo que proporciona la salida de la operación de cierre, que está representada en (e). Vemos que el resultado más significativo es el relleno del hueco a la izquierda del conjunto A, debido a que su tamaño es menor al diámetro del disco B. Como pasaba en la apertura, se observa

un suavizado del conjunto original, aunque este suavizado es distinto al obtenido en aquel caso.

El suavizado que produce el cierre es muy distinto del que produce la apertura

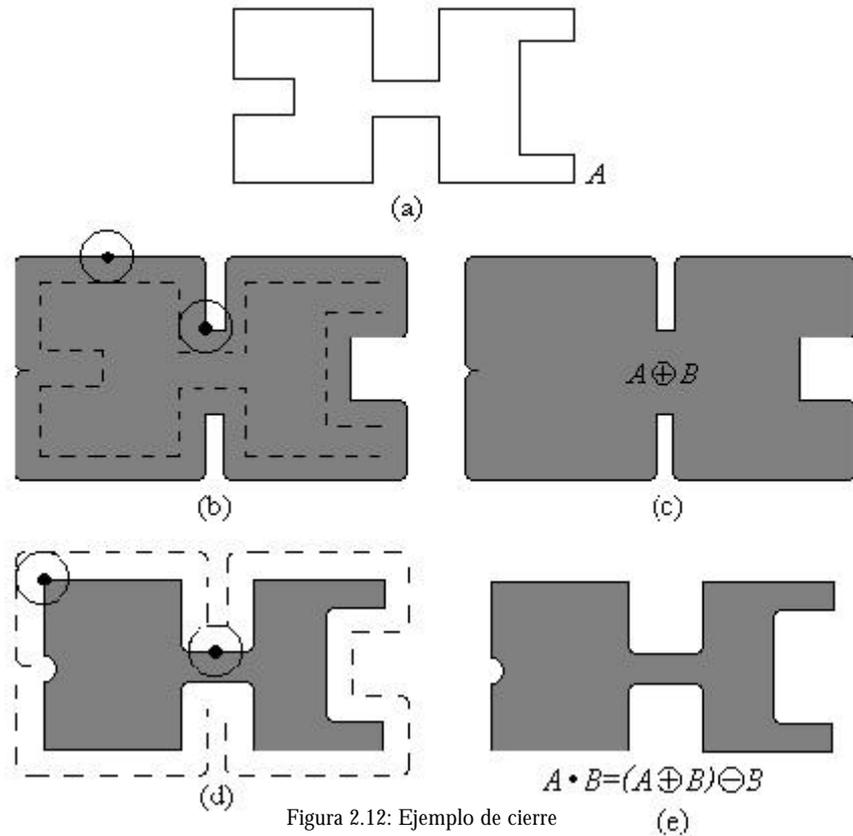


Figura 2.12: Ejemplo de cierre

La apertura y el cierre pueden **interpretarse geoméricamente** de una manera sencilla. Así, volviendo a los ejemplos recién estudiados de la apertura y el cierre, podemos ver el elemento estructural B como una "bola rodante plana". De este modo, el contorno de la apertura viene dado por la trayectoria de B cuando se hace rodar este disco por el interior del conjunto original. Puede comprobarse este hecho en el ejemplo de la apertura, en la figura 2.11, donde, como se dijo anteriormente, se redondearon todas las esquinas exteriores (aquellas en que el ángulo se abre hacia adentro), ya que la "bola rodante" no puede entrar, quedando indemnes las interiores (aquellas en que el ángulo se abre hacia afuera). Asimismo, los salientes e istmos donde el disco no encaja son eliminados, ya que la bola no los recorre. A esta propiedad se la denomina habitualmente **encaje geométrico**, y permite explicar la apertura de A por B como la unión de todas las traslaciones de B que encajan en A , interpretación que se ilustra en la figura 2.13.

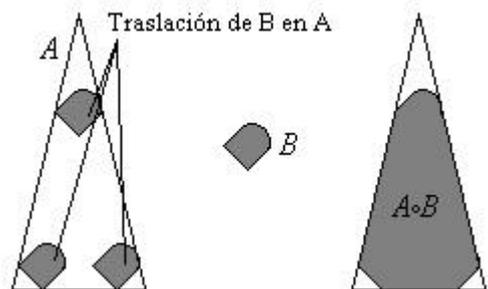


Figura 2.13: Interpretación geométrica de la apertura

De igual forma, la **interpretación geométrica del cierre** es similar, con la diferencia de que ahora el elemento estructural (tomamos de nuevo, como ejemplo, un disco) "rueda" por el exterior del contorno de A , de modo que va trazando el contorno del cierre como la trayectoria más cercana a dicho contorno. Esto puede apreciarse fácilmente en la figura 2.12, donde, como es de esperar, las que se redondean ahora son las esquinas interiores, permaneciendo inalteradas las exteriores. Asimismo, se observa como el entrante a la izquierda de A se ha reducido hasta casi desaparecer, puesto que el disco apenas encajó allí. Otro ejemplo aparece en la figura 2.14 (sobre estas líneas) donde se aprecia que en lugar del encaje interior que aparecía en la apertura, aquí hay una especie de **encaje exterior**.

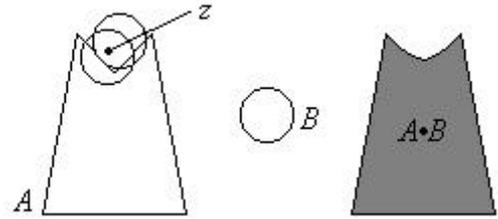


Figura 2.14: Interpretación geométrica del cierre

A continuación veremos algunas **propiedades** de estas operaciones de apertura y cierre. Concretamente, la **apertura** satisface las siguientes propiedades:

- Propiedades de la apertura
- ❶ $A \circ B$ es un subconjunto (una subimagen) de A
 - ❷ Si C es un subconjunto de D , entonces $C \circ B$ es un subconjunto de $D \circ B$.
 - ❸ $(A \circ B) \circ B = A \circ B$

Por su parte, el **cierre** cumple las propiedades que siguen:

- Propiedades del cierre
- ❶ A es un subconjunto de $A \bullet B$
 - ❷ Si C es un subconjunto de D , entonces $C \bullet B$ es un subconjunto de $D \bullet B$.
 - ❸ $(A \bullet B) \bullet B = A \bullet B$

Estas propiedades merecen algunos comentarios. Referente a las de la apertura, la primera indica que el resultado de esta operación será un subconjunto de la entrada; la segunda conlleva la preservación de la **monotonía**; por último, la tercera propugna que la aplicación de más de una operación de apertura no tiene efecto en el resultado: es lo que se denomina **idempotencia**. Respecto a las propiedades de cierre se cumplen comentarios similares, salvo que en la primera es el resultado del cierre el que será un subconjunto de la entrada.

Estas propiedades son de gran utilidad cuando nuestras recién definidas herramientas (apertura y cierre) se utilizan para construir **filtros morfológicos**. Veremos un ejemplo de este tipo de filtrado en las líneas que siguen, ilustrado en la figura 2.15 (en la página siguiente). En ella, en la parte (a) se muestra una imagen binaria simple que consiste en un objeto rectangular perturbado por ruido, que se

manifiesta como elementos oscuros sobre fondo claro y como huecos claros sobre un objeto oscuro. En esta imagen, el conjunto A se compone del objeto y del ruido de fondo, donde el ruido de dentro del objeto crea contornos interiores a través de los cuales aparece el fondo. Es a este objeto al que vamos a realizar un filtrado morfológico, con el objetivo de eliminar el ruido y sus efectos sobre el objeto, introduciéndose la menor distorsión posible. Es importante incidir en este hecho: no sólo se elimina el ruido sino que además se reparan los efectos de este. Con este fin, se diseña el filtro morfológico $(A \circ B) \bullet B$, donde B es un elemento estructural

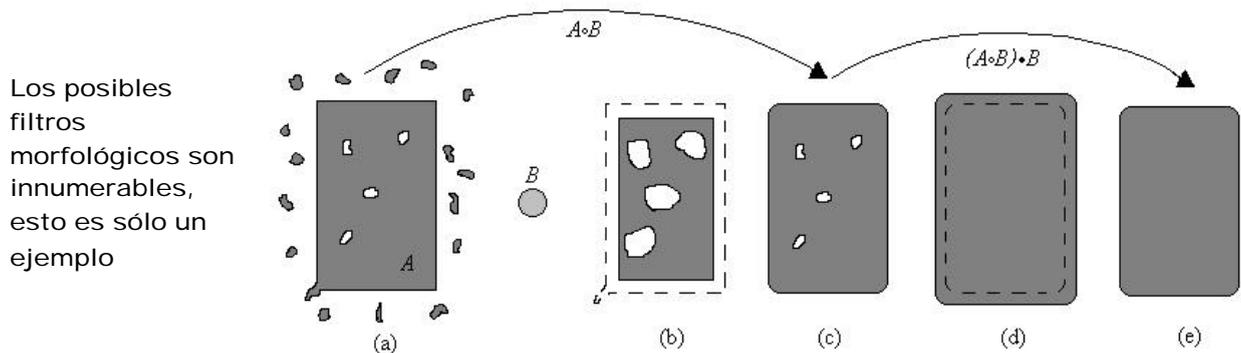


Figura 2.15: Ejemplo de filtrado morfológico

con forma de disco mayor que todas las componentes del ruido. A partir de este filtro, en primer lugar se realiza la apertura, de la cual tenemos el resultado obtenido en la parte (c) de la figura, siendo la parte (b) un paso intermedio (la erosión). El resultado de la apertura tiene eliminado el ruido de fondo pero no el ruido interior. Este último se elimina en la segunda parte del filtro, el cierre, del cual un paso intermedio (la dilatación) aparece en la parte (d) de la figura, y el resultado final del cierre, y por tanto del filtrado morfológico, aparece en (e). Se observa una **eliminación total del ruido** y una **reconstrucción del objeto rectangular**, pagando el precio de una pequeña distorsión en las esquinas del objeto, que se han redondeado.

☑ **Algunas aplicaciones morfológicas**

Utilizando las herramientas definidas en los puntos anteriores se enumerarán aquí de forma breve, por no ser objeto primordial de nuestro análisis, algunos **usos prácticos de la morfología**.

En el caso de imágenes binarias, en el que nos encontramos todavía, la aplicación principal de la morfología es la **extracción de los componentes de la imagen**. Así, se presentarán de forma somera algunos algoritmos morfológicos que tienen este fin y son muy utilizados. En los ejemplos que siguen se utilizarán "mini-imágenes", esto es, matrices de píxeles binarios, que valdrán 1 si el recuadro está sombreado y 0 si no lo está.

↪ Extracción de contornos

El **contorno de un conjunto A** , que denotaremos $b(A)$, puede obtenerse mediante una erosión de A por B , seguida de una sustracción de este resultado al

conjunto original A . Esto es:

$$b(A) = A - (A \times B)$$

donde B es un elemento de estructura apropiado.

La mecánica de este algoritmo se muestra en la figura 2.16. El conjunto A aparece en (a) y el elemento estructural B se encuentra en la parte (b) de la figura. Con ellos se realiza la erosión que se muestra en (c), lo que, sustrayéndola al conjunto A , obtiene el contorno, que aparece en (d). Aunque el elemento estructural B utilizado es de los más frecuentes, no es el único. Si, por ejemplo, se utilizara un elemento de estructura de 5x5 píxeles de valor 1, obtendríamos un contorno de espesor entre 2 y 3 píxeles. Además, a efectos de implementación, se asume implícitamente que los valores exteriores de B son nulos, esto es, valen 0. Como se indicó previamente, empieza ya a vislumbrarse la importancia del elemento estructural y de su adecuada elección para una aplicación concreta.

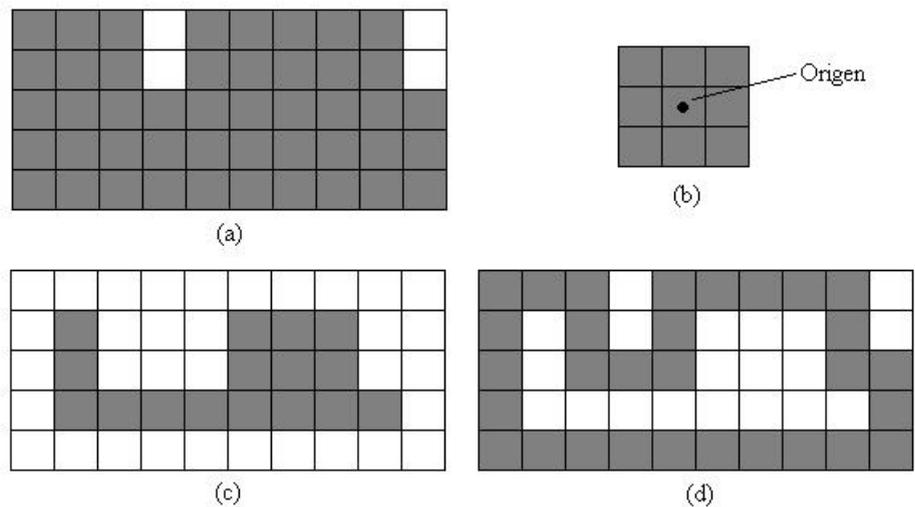


Figura 2.16: Ejemplo de extracción de contornos

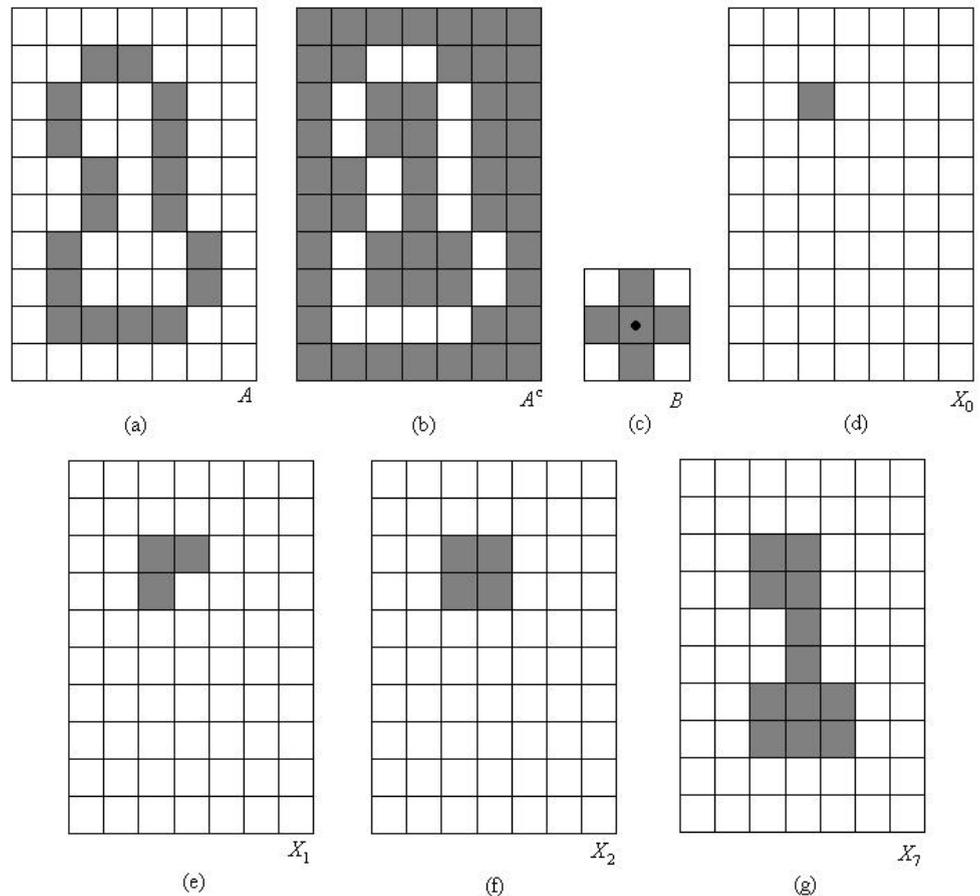
↳ Relleno de regiones

Este algoritmo sirve para **rellenar una región** en base a dilataciones, complementos e intersecciones de conjuntos. Se basa en la existencia de un contorno de valor 1 con una región interior de valor 0. Así, a partir de un punto p del interior del contorno se desarrolla un **procedimiento iterativo** regido por la ecuación:

$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A^c \quad k = 1, 2, 3$$

donde $X_0 = p$ y B es el elemento estructural. El algoritmo se detiene en la iteración k si $X_k = X_{k-1}$. Este proceso se ilustra en la figura 2.17, donde en (a) aparece la imagen A con el contorno a rellenar, en (b) el complemento de A , A^c , en (c) el elemento estructural B , en (d), (e) y (f) las tres primeras iteraciones del algoritmo, y en (g) el

resultado final, que se obtiene en la séptima iteración, y que rellena perfectamente al contorno definido en A .



De este modo,
 AUX_7 es el
 conjunto relleno

Figura 2.17: Ejemplo de relleno de regiones

➤ Imágenes en escala de grises

En este apartado vamos a extender los conceptos estudiados en el apartado anterior de imágenes binarias a las **imágenes en escala de grises**. Una vez conocidos los fundamentos de estas operaciones ya analizadas, podemos dar un paso más en la utilidad de la morfología matemática mediante la ampliación de estas operaciones a las imágenes en escala de grises.

Estas imágenes pueden tener tantos posibles niveles de gris como queramos, pero habitualmente se limita a 256

Ahora vamos a tratar con funciones de imágenes digitales de la forma $f(x,y)$ y $b(x,y)$, donde $f(x,y)$ es la imagen de entrada y $b(x,y)$ es el elemento de estructura. Así, si \mathbf{Z} representa al conjunto de números enteros, se supone que (x,y) son elementos de $\mathbf{Z} \times \mathbf{Z}$ y que f y b son funciones que asignan un valor de escala de grises (un número real del conjunto de números reales, \mathbf{R} , típicamente entre 0 y 255 ó entre 0 y 1) a cada par de coordenadas (x,y) . Si los niveles de gris también son enteros, el dominio pasa de ser \mathbf{R} a ser \mathbf{Z} (sería el mencionado caso clásico de niveles entre 0 y 255).

☑ **Dilatación**

La **dilatación en escala de grises de f por b** , representada por $f \oplus b$, se define como:

$$(f \oplus b)(s, t) = \text{máx} \{ f(s-x, t-y) + b(x, y) \mid (s-x), (t-y) \in D_f; (x, y) \in D_b \}$$

donde D_f y D_b son los dominios de f y b , respectivamente. Como ocurría en las imágenes binarias, b es el elemento estructural, pero ahora es una función en vez de un conjunto.

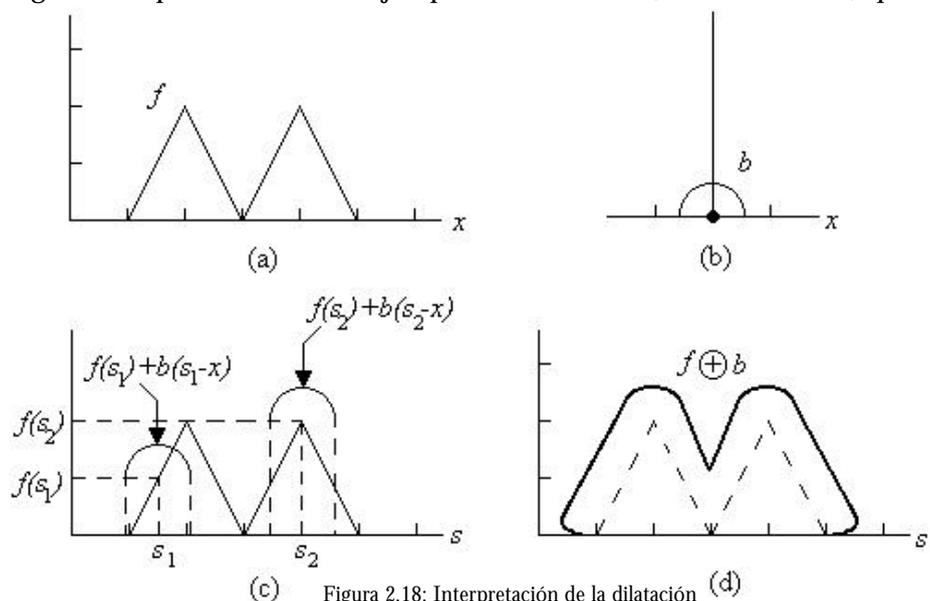
La condición de que los desplazamientos $(s-x)$ y $(t-y)$ tienen que estar definidos en el dominio de f es análoga a la condición de solapamiento de los conjuntos que encontrábamos en la dilatación para imágenes binarias.

Para **ilustrar la dilatación** utilizaremos, por ser más sencillas y visuales, funciones unidimensionales (es decir, de una variable). Esto puede verse como si a una imagen le hacemos un corte longitudinal en la dirección de algunos de los ejes coordenadas, o como si tomásemos una única fila o columna de la imagen. Así, para **funciones de una variable**, la dilatación se expresa como:

$$(f \oplus b)(s) = \text{máx} \{ f(s-x) + b(x) \mid (s-x) \in D_f; x \in D_b \}$$

Como se ha dicho, la condición de que $(s-x)$ tiene que estar en el dominio de f y que el valor de x tiene que estar en el dominio de b , implica que f y b se solapan, de forma análoga a como lo hacían en la dilatación binaria. Una diferencia es que, en la ecuación, es f quien se desplaza en lugar de b , al contrario de lo que teníamos en el caso binario. Esto no es más que notación, ya que podría escribirse al contrario, y, en cualquier caso, no tiene ninguna influencia en el resultado.

Un aspecto interesante es la **conmutatividad**. La dilatación es conmutativa, esto es, $f \oplus b$ es lo mismo que $b \oplus f$. Sin embargo, la erosión no es conmutativa, con lo cual se obtendrá un resultado distinto al hacer $f \ominus b$ que $b \ominus f$. En la figura 2.18 podemos ver un ejemplo de dilatación (unidimensional) que nos



(c) (d) Figura 2.18: Interpretación de la dilatación

permite ver esta conmutatividad: si bien gráficamente resulta más sencillo "deslizar" b sobre f , matemáticamente es más sencillo, como ya se ha dicho, "deslizar" f sobre b , siendo en ambos casos el resultado el mismo.

Como se puede ver en su ecuación de definición, la dilatación se basa en elegir el valor máximo de $f+b$ en un entorno definido por la forma del elemento de estructura. Así, los **efectos de la dilatación en escala de grises** son principalmente dos:

- ❶ Si todos los valores del elemento de estructura son positivos, la imagen de salida será más brillante que la de entrada, en general.
- ❷ Los detalles oscuros se reducen o eliminan, dependiendo de como se relacionen sus valores y formas con el elemento de estructura utilizado.

Podemos apreciar estos efectos en el ejemplo que sigue. Tenemos en la figura 2.19 una imagen en escala de grises de tamaño 512x512, y en la figura 2.20 la representación tridimensional del elemento estructural que utilizaremos: un conjunto "plano", con forma de paralelepípedo de altura unidad y tamaño 5x5 píxeles. Con estos elementos, realizamos la dilatación, cuyo resultado (obtenido con un algoritmo implementado específicamente para este proyecto y contrastado y validado con las dilataciones que proporcionan programas comerciales) se muestra en la figura 2.21. Se observa claramente que esta última imagen es más brillante que la original, y que se han reducido o eliminado los detalles oscuros y pequeños (como las marcas de los pétalos de la flor de la esquina inferior izquierda), lo que nos proporciona una comprobación clara de los efectos, antes explicados, de la dilatación en escala de grises.

La imagen a la derecha es la que ilustrará todas las operaciones: presenta detalles claros (reflejos en las ramas del fondo y brillos en primer plano) y oscuros (manchas en la flor de la esquina inferior izquierda)



Figura 2.19: Imagen ejemplo en escala de grises

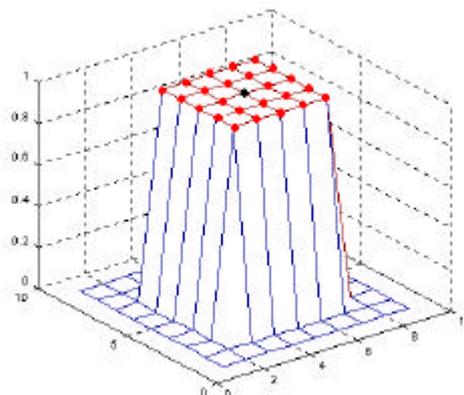


Figura 2.20: Elemento estructural



Figura 2.21: Dilatación de la imagen de la figura 2.19

☑ **Erosión**

La **erosión en escala de grises de f por b** , representada por $f \ominus b$, viene definida por la siguiente expresión:

$$f \times b(s, t) = \text{mín} \{ f(s+x, t+y) - b(x, y) \mid (s+x), (t+y) \in D_f; (x, y) \in D_b \}$$

donde D_f y D_b son los dominios de f y b , respectivamente. Al igual que ocurría con la dilatación, encontramos que la condición de que los desplazamientos $(s+x)$ y $(t+y)$ tienen que estar contenidos en el dominio de f es análoga a la condición necesaria en la erosión binaria de que el elemento estructural debe estar completamente contenido en el conjunto original.

De nuevo, como se hizo con la dilatación, se considerarán funciones univariadas para **ilustrar la erosión**. Tenemos pues, para estas funciones de una sola variable, la ecuación simplificada de erosión en escala de grises que sigue:

$$(f \times b)(s) = \text{mín} \{ f(s+x) - b(x) \mid (s+x) \in D_f, x \in D_b \}$$

En esta expresión, los requisitos de que $(s+x)$ esté contenido en D_f y de que x esté contenido en D_b implican *de facto* que el campo de b esté completamente contenido dentro del campo de la f desplazada, en lo que constituye la analogía necesaria con la definición de la erosión en imágenes binarias.

Por otra parte, y como ya se indicó en la dilatación, en la expresión de la erosión es f la que se desplaza respecto a b . Podría escribirse la misma expresión en términos de desplazar b , pero esto complicaría bastante la indexación de dicha función, enmascarando el concepto. En la figura 2.22 aparece la erosión de f por b , siendo este un caso simplificado de imagen unidimensional.

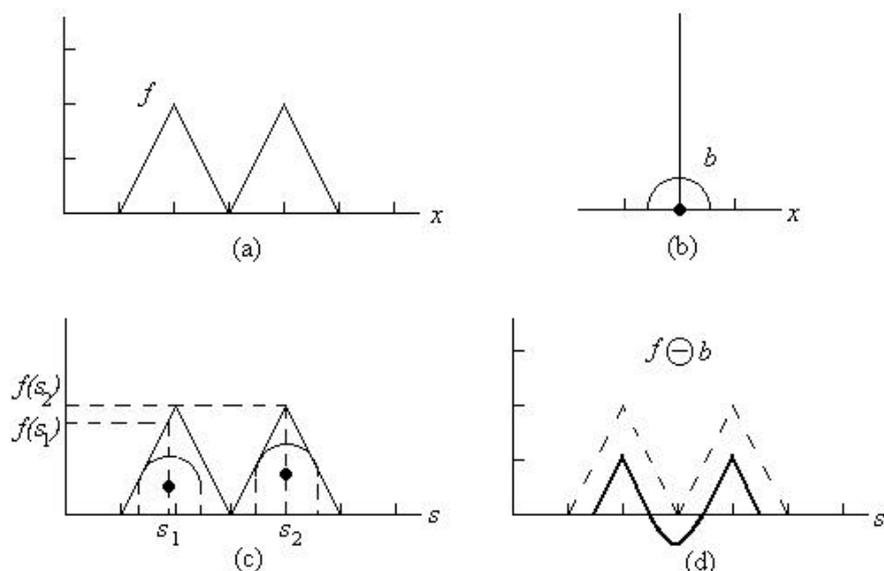


Figura 2.22: Interpretación de la erosión

Si analizamos la ecuación de definición de la erosión, se observa que ésta se basa en elegir el mínimo valor de $(f-b)$ en un entorno definido por la forma del elemento estructural utilizado. De esta forma, existe un **doble efecto al realizar la erosión en escala de grises**:

- ❶ Si todos los valores del elemento de estructura son positivos, la imagen de salida tiende a ser más oscura que la imagen de entrada, en general.
- ❷ Se disminuye el efecto de los detalles brillantes de la imagen de entrada que son menores en área o extensión que el elemento estructural, con un grado de reducción que depende de los valores de nivel de gris que rodean al detalle brillante y por la forma y valores de amplitud del propio elemento de estructura.

Al igual que hacíamos en el caso de la dilatación, podemos apreciar estos efectos en el ejemplo que sigue. Para este fin utilizamos nuevamente la imagen ejemplo que aparecía en la figura 2.19, además de la cual encontramos en la figura 2.23 la representación bidimensional del elemento estructural que vamos a utilizar, y que es el mismo elemento plano 5x5 que se utilizaba en la dilatación, y cuya representación tridimensional teníamos en la figura 2.20. Con estos elementos realizamos la erosión, cuyo resultado (al igual que en la dilatación, obtenido con un

0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0

Figura 2.23: Elemento estructural



Figura 2.24: Erosión de la imagen de la figura 2.19

algoritmo implementado específicamente para este proyecto y validado con las erosiones de programas comerciales) aparece en la figura 2.24. Se pueden observar claramente los mencionados efectos de la erosión, esto es, que esta imagen resultado es más oscura que la original, y que se han reducido o eliminado los detalles pequeños y brillantes, como los reflejos en las ramas y hojas del fondo. Es decir, que los efectos de la erosión son los contrarios a los de la dilatación.

☑ **Apertura y cierre**

Definidas las herramientas morfológicas básicas en escala de grises, esto es, la dilatación y la erosión, las expresiones de la apertura y el cierre tienen la misma forma que sus equivalentes binarias, puesto que son simplemente utilizaciones en cadena de dichas herramientas básicas.

Así, la **apertura de la imagen f por la imagen b** , representada por $f \circ b$, se define como:

$$f \circ b = (f \times b) \oplus b$$

es decir, simplemente la erosión de f por el elemento estructural b , seguida por una dilatación del resultado por b .

Por su parte, el **cierre de la imagen f por la imagen b** , representado por $f \bullet b$, cumple la expresión:

$$f \bullet b = (f \oplus b) \times b$$

que, como en el caso binario, no es más que la dilatación de f por b , seguida de la erosión del resultado obtenido por b .

Como ocurría con la dilatación y la erosión, la apertura y el cierre de imágenes tienen una **interpretación geométrica** sencilla. Si tenemos una imagen $f(x,y)$, supongamos que se contempla en perspectiva tridimensional, esto es, en relieve, siendo los ejes x e y las coordenadas espaciales normales y el tercer eje la intensidad o nivel de gris (esto es, los valores de f). En esta representación, la imagen aparece como una superficie discreta (aunque, por simplicidad, en nuestra representación pueda tomar cualquier valor, sin contemplar cuantización), donde el valor en cualquier punto (x,y) es el de f en esas coordenadas. Suponiendo que queremos realizar la apertura de f por un elemento estructural esférico b , podemos ver este elemento como una "bola rodante" (tridimensional). Así, la apertura de f por b puede interpretarse geométicamente como el proceso de empujar la bola contra el lado inferior de la superficie, haciéndola rodar de forma que recorra toda la parte inferior de la superficie. De este modo, la apertura de f por b será la superficie de los puntos más altos alcanzados por cualquier parte de la esfera según se desliza sobre la parte inferior de toda la superficie de f . Encontramos este mecanismo en la figura 2.25: en (a), tenemos un corte o perfil de una imagen en escala de grises, para simplificar la ilustración; en (b), se observa la bola rodante en distintas posiciones, y en (c) encontramos el resultado de la apertura a lo largo del corte (que actúa como f). Se observa que todos los picos que eran más estrechos

El elemento de estructura rueda por la parte inferior de la superficie, por eso los detalles profundos (oscuros) no se ven afectados

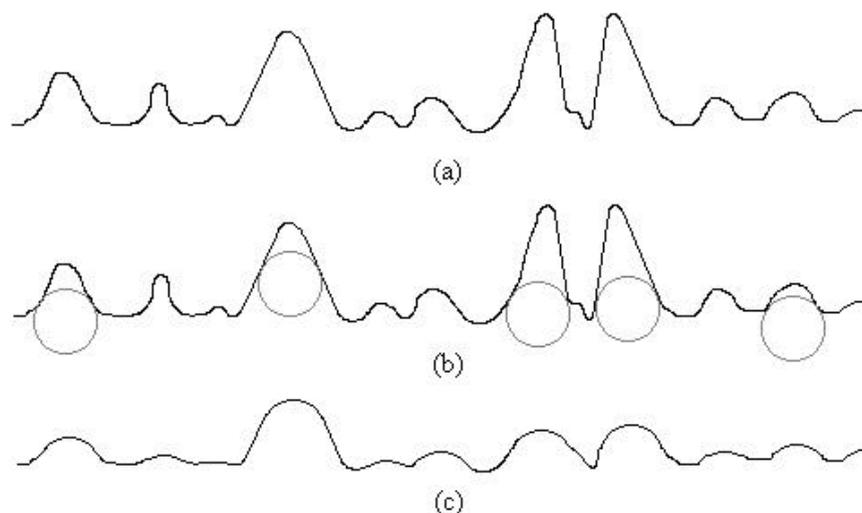


Figura 2.25: Interpretación geométrica de la apertura

que el diámetro de la bola se han reducido en amplitud y forma, puesto que la bola no pudo entrar en ellos.

Aplicación principal de la apertura

De acuerdo con lo visto, en las aplicaciones prácticas la apertura se utiliza para **eliminar detalles pequeños** (respecto al tamaño del elemento estructural) y **claros** (brillantes), dejando sin modificar los niveles de gris globales y los detalles brillantes más grandes. Paso a paso, la erosión inicial elimina los detalles pequeños, pero también oscurece la imagen, algo que arregla la dilatación posterior al aumentar de nuevo el brillo de la imagen sin reintroducir los detalles eliminados por la erosión.

En cuanto al **cierre de f por b** , la **interpretación geométrica** es análoga a la anterior, con la particularidad de que aquí la bola se desliza por la parte superior de la superficie, y el resultado del cierre lo constituyen los puntos más bajos alcanzados por cualquier parte de la esfera en su deslizamiento por el lado superior de la superficie. Este funcionamiento se ilustra en la figura 2.26, donde en (a) se muestra un corte de la superficie, como hacíamos con la apertura; en (b) encontramos distintas posiciones de la bola, y en (c) tenemos el resultado del cierre de f por b , donde los picos se mantienen esencialmente con su forma original siempre que su separación en el punto más estrecho exceda del diámetro de la bola.

Aquí el elemento rueda por la parte superior, luego el efecto será el contrario al de la apertura

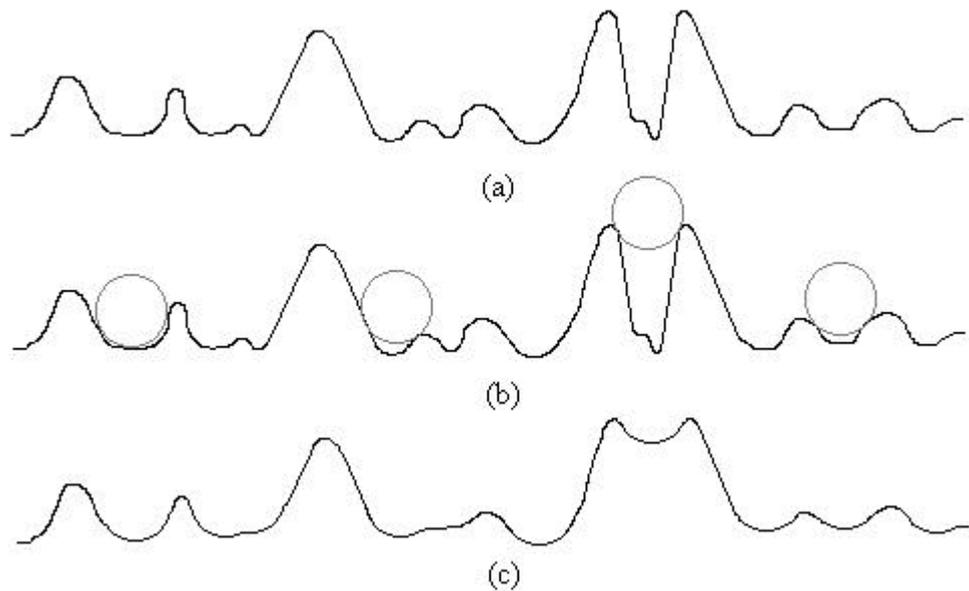


Figura 2.26: Interpretación geométrica del cierre

Aplicación principal del cierre

En aplicaciones prácticas, al contrario que la apertura, generalmente el cierre se utiliza para **eliminar pequeños detalles oscuros** de una imagen, dejando total o casi **inalterados los detalles brillantes**. Si estudiamos el proceso del cierre paso a paso, tenemos que la dilatación inicial elimina los detalles oscuros a costa de un abrillantamiento generalizado de la imagen, mientras que la erosión posterior reoscurce la imagen sin introducir de nuevo los detalles eliminados por la dilatación.

Al igual que ocurría en el caso binario, la apertura y el cierre en escala de grises presentan ciertas **propiedades**. En concreto, la **apertura** cumple las siguientes:

- Propiedades de la apertura
- ❶ El dominio de $f \circ b$ es un subconjunto del dominio de f , y además $f \circ b \leq f$ para cualquier (x,y) del dominio de $f \circ b$.
 - ❷ Si el dominio de f_1 es un subconjunto del de f_2 y $f_1(x,y) \# f_2(x,y)$ para cualquier (x,y) del dominio de f_1 , entonces el dominio de $f_1 \circ b$ es un subconjunto del dominio de $f_2 \circ b$ y $f_1 \circ b \leq f_2 \circ b$ para todo (x,y) del dominio de $f_1 \circ b$.
 - ❸ $(f \circ b) \circ b = f \circ b$

Por su parte, la operación de **cierre** tiene propiedades análogas:

- Propiedades del cierre
- ❶ El dominio de f es un subconjunto del dominio de $f \bullet b$, y además $f \leq f \bullet b$ para cualquier (x,y) del dominio de f .
 - ❷ Si el dominio de f_1 es un subconjunto del de f_2 y $f_1(x,y) \# f_2(x,y)$ para cualquier (x,y) del dominio de f_1 , entonces el dominio de $f_1 \bullet b$ es un subconjunto del dominio de $f_2 \bullet b$ y $f_1 \bullet b \leq f_2 \bullet b$ para todo (x,y) del dominio de $f_1 \bullet b$.
 - ❸ $(f \bullet b) \bullet b = f \bullet b$

Como cabía esperar, la interpretación de estas propiedades es similar a las del caso binario. Así, la segunda propiedad ilustra la **monotonía**, y la tercera la **idempotencia**, tanto en la apertura como en el cierre.

Encontramos un ejemplo de estas operaciones en la figuras que siguen. Inicialmente tenemos la figura 2.27, que es la misma que usábamos en la dilatación y erosión en escala de grises, y en la figura 2.28 (en la página siguiente) se muestra el resultado de realizar la apertura de esta imagen por el mismo elemento de estructura utilizado allí, esto es, un paralelepípedo plano de altura unidad y tamaño 5x5, que aparece en la figura 2.20. En este resultado puede apreciarse como **se han reducido los detalles brillantes**



Figura 2.27: Imagen ejemplo original, igual a la 2.19

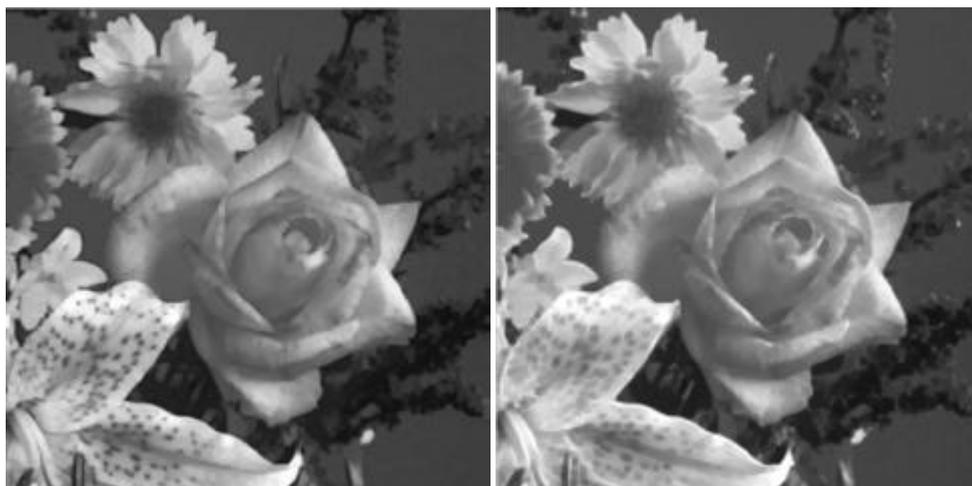


Figura 2.28: Apertura de la imagen de la figura 2.27 Figura 2.29: Cierre de la imagen de la figura 2.27

y pequeños (detalles de las hojas del fondo y en los pétalos de la flor central) sin que se haya producido alteración en los niveles oscuros. Por otra parte, en la figura 2.29 encontramos el resultado del cierre de la misma imagen que se ha utilizado en la apertura, esto es, la figura 2.27. En este caso el efecto es contrario al que se produce en la apertura, esto es, **se reducen los detalles pequeños y oscuros** (manchas en los pétalos en la flor de la esquina inferior izquierda) permaneciendo inalteradas las partes brillantes.

☑ ***Algunas aplicaciones en escala de grises***

Veremos ahora brevemente una serie de **aplicaciones morfológicas para escala de grises**, a semejanza de lo que hicimos con imágenes binarias en el apartado anterior. Al igual que se hizo allí, no se detallarán los algoritmos ni se realizará una enumeración exhaustiva de los mismos, tan sólo se citarán algunas aplicaciones importantes. Todas las aplicaciones se ilustrarán con los correspondientes resultados que se obtienen al operar sobre la imagen de la figura 2.27, que ya se ha utilizado anteriormente, con el **elemento estructural también citado del paralelepípedo plano 5x5**.

↳ Suavizado morfológico

Existen distintas formas de suavizar una imagen, pero la más clásica es la realización de una apertura seguida de un cierre, es decir:

$$g = (f \circ b) \bullet b$$

donde f es la imagen original y b el elemento estructural. Como se puede observar en la página siguiente, concretamente en la figura 2.31 (resultado del suavizado) respecto de la figura 2.30 (imagen original), el resultado de esta operación es eliminar los detalles, tanto claros como oscuros, y el ruido. Este efecto es análogo al que puede obtenerse con un filtrado paso de baja normal (ya que, como es sabido, los detalles de las imágenes se sitúan en alta frecuencia, independientemente de que sean claros u oscuros), aunque los resultados no serán exactamente iguales.



Figura 2.30: Imagen original



Figura 2.31: Suavizado morfológico de la figura 2.30

↳ Gradiente morfológico

Esta aplicación permite obtener un gradiente distinto a los clásicos de, por ejemplo, *Sobel* o *Prewitt*, ya que los resultados obtenidos si se utiliza un elemento estructural simétrico **dependen menos de la direccionalidad del borde** que en los gradientes clásicos antes citados. No obstante, esto tiene el inconveniente de aumentar significativamente la complejidad y duración del procesamiento. La expresión que se utiliza para obtener el gradiente morfológico es:

$$g = (f \oplus b) - (f \ominus b)$$

En la figura 2.32 aparece el resultado de realizarle un gradiente morfológico a nuestra imagen de prueba. Puede apreciarse como están **destacadas las transiciones bruscas** de niveles de gris de la imagen de entrada.

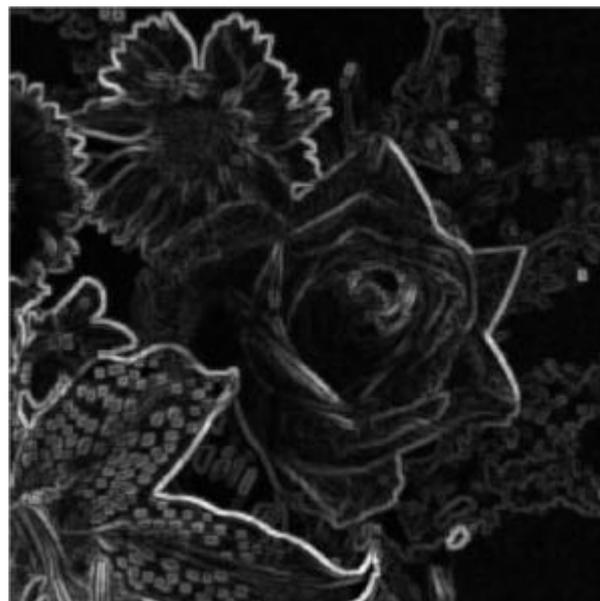


Figura 2.32: Gradiente morfológico de la figura 2.30

↳ Transformación Top-Hat

Esta aplicación será utilizada en el método de detección desarrollado

La **transformación Top-Hat**, o *sombrero de copa*, será una **pieza clave en el método** que este proyecto implementa, y su comprensión es la causa de haber realizado toda la introducción a la matemática morfológica de las páginas anteriores. Por tanto se explicará aquí con un poco más de detalle que las dos aplicaciones anteriores, pero se realizará un análisis mucho más exhaustivo en el *capítulo 3* donde se describe el método. Esta separación es por cuestiones organizativas, ya que, además de entenderse mucho mejor cuando sepamos su finalidad, se abundará en aspectos muy particulares del problema que abordamos, mientras que aquí pretende darse una introducción teórica y general a la materia.

Así, la transformación morfológica Top-Hat se define como:

$$h = f - f \circ b$$

donde, como de costumbre, f es la imagen de entrada y b es el elemento estructural. De hecho, esta transformación debe su nombre a la habitual utilización de un elemento estructural cilíndrico (figura 2.33, donde se aprecia la semejanza con un sombrero de copa) o en forma de paralelepípedo con su parte superior plana (figura 2.34), pese a lo cual **puede utilizarse con cualquier elemento de estructura** (como es nuestro caso, que utilizaremos ciertos elementos estructurales muy particulares).

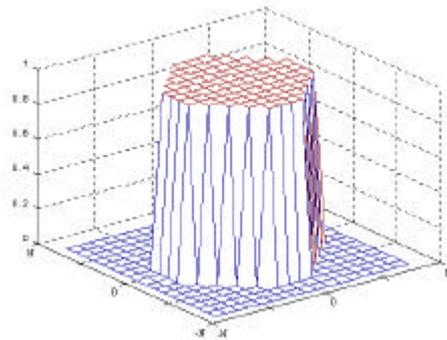


Figura 2.33: Elemento estructural cilíndrico

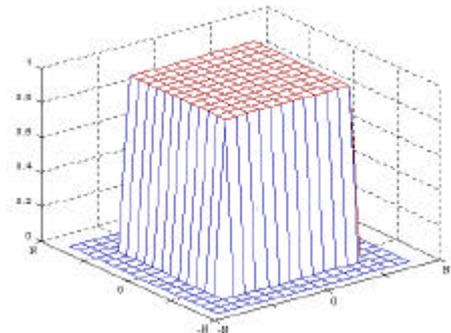


Figura 2.34: Elemento estructural paralelepípedo

Según el tamaño y la forma del elemento estructural utilizado se pondrán de manifiesto unos detalles u otros



Figura 2.35: Resultado de la Top-Hat

La utilidad de esta transformación, con estos elementos estructurales, es el **realce de detalles en presencia de sombreado**, como puede apreciarse en la figura 2.35, donde se ha realizado la transformación Top-Hat de nuestra imagen de prueba utilizando como elemento estructural el paralelepípedo 11x11. Puede apreciarse como aparecen detalles de las ramas que se encuentran al fondo y que no eran muy perceptibles en la imagen original.

Sin embargo, aunque no se abundará mucho más de momento, sí hay una conclusión muy interesante y que será la clave de nuestro estudio, cuya obtención viene de numerosas pruebas y ensayos. Su comprensión es más sencilla si imaginamos una **imagen binaria**, compuesta por unos y ceros. Pues bien, si tenemos un elemento estructural también binario, y vemos tanto la imagen como el elemento de estructura en forma tridimensional (representación en relieve), podemos decir que en el resultado de la Top-Hat aparecen **aquellas partes dentro de las cuales no encaja el elemento estructural**. Esto, si utilizamos elementos de formas adecuadas, nos va a permitir eliminar todo aquello que nos estorba de una imagen, lo que supone una herramienta de enorme utilidad.

Imagen que utilizaremos como banco de pruebas de la Top-Hat

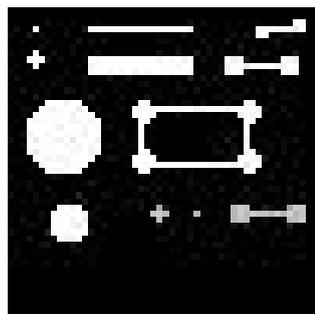


Figura 2.36: Imagen ejemplo

Para ilustrar esto presentamos el siguiente ejemplo, especialmente diseñado para ilustrar la conclusión expuesta en el párrafo anterior. Así, partimos de la imagen de la figura 2.36, que es una imagen en escala de 256 grises, de tamaño 50x50 que contiene distintas formas geométricas sobre fondo negro (de valor 0), algunas de las cuales son blancas (de valor 256) y otras grises (de valor 128). Vamos a ir variando el elemento estructural utilizado, y veremos que resultados se obtienen en cada caso:

① **Si b es 1x1** y de altura la unidad (figura 2.37), el resultado es una imagen donde todos los valores son nulos. Esto es lo esperado, ya que el elemento estructural utilizado "cabe" en todos los píxeles no nulos, luego la imagen f es idéntica a su apertura $f \circ b$, con lo cual el resultado es nulo, como aparece en la figura 2.38.

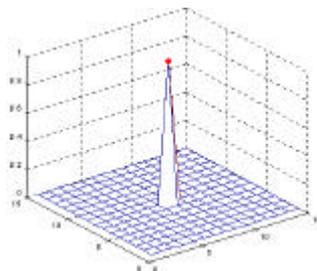


Figura 2.37: Elemento estructural 1x1



Figura 2.38: Resultado de la Top-Hat

② **Si b es 3x3 plana** y de altura la unidad (figura 2.39), el resultado es el que se muestra en la figura 2.40. De nuevo puede observarse lo explicado anteriormente. Nótese como en algunas regiones hay partes que aparecen y partes que no lo hacen, porque en estas últimas sí "cabe" el elemento estructural.

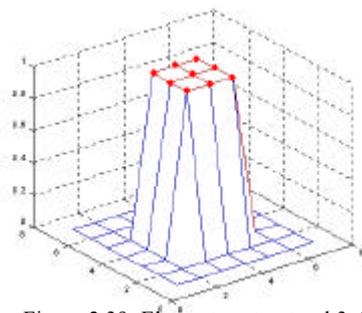


Figura 2.39: Elemento estructural 3x3

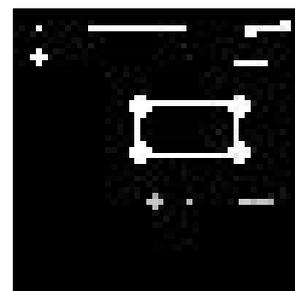
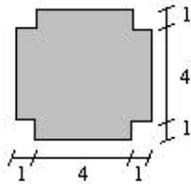


Figura 2.40: Resultado de la Top-Hat

La región inferior izquierda no se ha eliminado porque sus dimensiones son:



con lo cual un elemento 5x5 no cabe en su interior

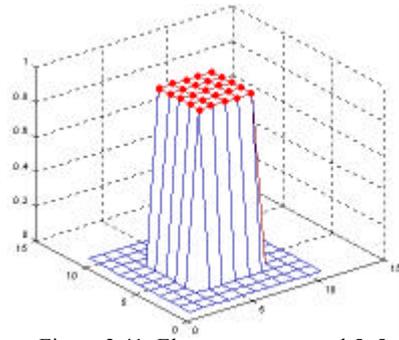


Figura 2.41: Elemento estructural 5x5

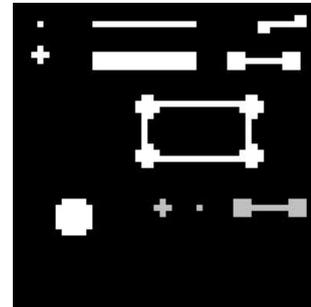


Figura 2.42: Resultado de la Top-Hat

③ **Si b es 5x5 plana** y de altura la unidad (figura 2.41), el resultado de la Top-Hat aparece en la figura 2.42, donde sale todo salvo la región que es mayor que el tamaño del elemento estructural. Es decir, podemos **eliminar a voluntad una región mayor que cierta cota**, sin ninguna influencia en el resto de la imagen.

④ **Si b es 7x7 plana** y de altura la unidad (figura 2.43), el resultado es muy ilustrativo del concepto postulado: como se aprecia en la figura 2.44, el resultado es idéntico al del caso anterior, salvo porque salen los bordes planos de la región que quedaba excluida. La explicación corrobora la hipótesis: al ser bordes de 5 píxeles de anchura, no cabe una región de tamaño 7x7, por lo cual aparecen en la imagen.

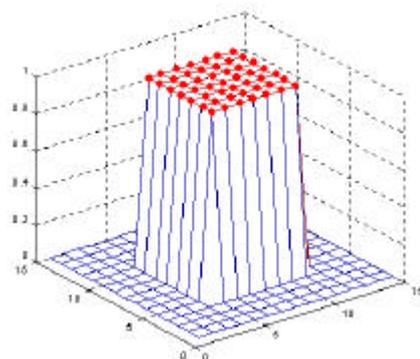


Figura 2.43: Elemento estructural 7x7

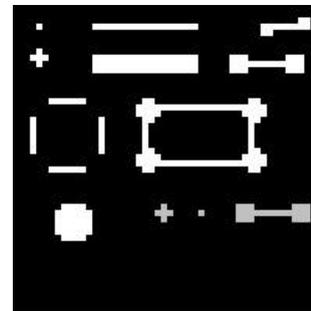


Figura 2.44: Resultado de la Top-Hat

⑤ **Si b es 9x9 plana** y de altura la unidad (figura 2.45), el resultado es que la imagen queda inalterada, como se muestra en la figura 2.46, ya que el elemento estructural no cabe en ningún sitio, ni siquiera en la mayor de las regiones, debido al redondeado de las esquinas.

Este elemento estructural no tiene ningún efecto: será vital una buena elección según el objetivo

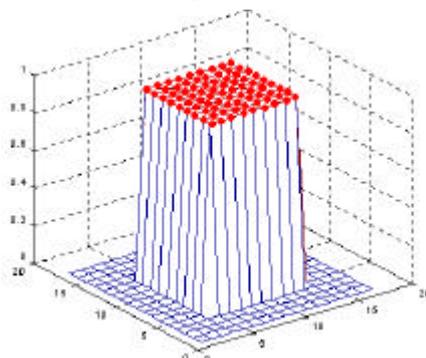


Figura 2.45: Elemento estructural 9x9

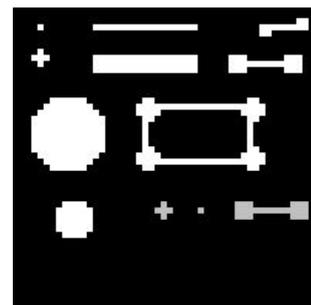


Figura 2.46: Resultado de la Top-Hat

⑥ **Si b es $n \times n$ plana** con $n > 9$, el resultado es exactamente el mismo que en caso anterior, puesto que el elemento estructural es aún mayor.

⑦ **Si b es 3×3 con la esquinas nulas** y el resto altura unidad, como se muestra en la figura 2.47, tenemos el resultado que aparece en la figura 2.48, donde se observa como se ratifica lo expuesto.

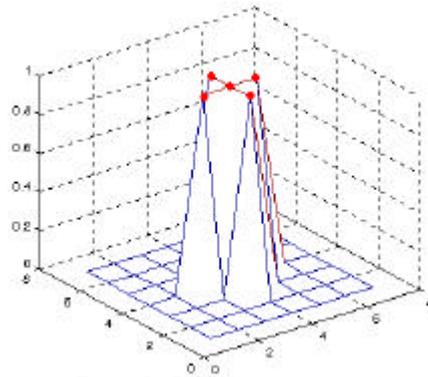


Figura 2.47: Elemento estructural

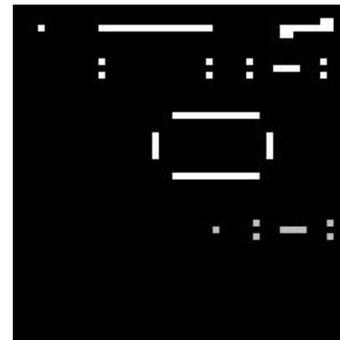


Figura 2.48: Resultado de la Top-Hat

Por tanto, como conclusión práctica, puede extraerse la siguiente: En el resultado de la Top-Hat **aparecen con valores no nulos aquellas partes de la imagen original dentro de las cuales no encaja el elemento estructural.**

Como comentario adicional, añadir que la transformación Top-Hat que se ha estudiado es la comúnmente conocida de esta forma, aunque en algunos casos se distingue otro tipo de transformación. En estos casos, la Top-Hat analizada se denomina **Top-Hat de apertura**, y se define la **Top-Hat de cierre** como:

$$h = (f \bullet b) - f$$

que es poco utilizada en general, y no lo será en absoluto a lo largo del presente proyecto. Así, cuando se haga referencia a la transformación Top-Hat debe interpretarse como la Top-Hat de apertura.

Variante de transformación Top-Hat

FUNDAMENTOS DEL PROCESAMIENTO DE IMÁGENES

En esta segunda sección teórica se realizará una breve introducción al **esquema básico de procesamiento de imagen**, que, en general, será el seguido en la implementación de nuestro método.

El esquema básico citado es el que se muestra en la figura 2.49 (página siguiente), donde se reflejan los bloques principales: **preprocesado** (que se representa en línea discontinua porque su existencia no es imprescindible, sino que más bien depende de la aplicación), **segmentación**, **caracterización de regiones** y **toma de decisión**. Evidentemente, el esquema presentado es muy genérico, y en un sistema particular las funciones de cada uno de los bloques citados pueden estar divididas, entremezcladas con las de otros bloques o incluso no existir.

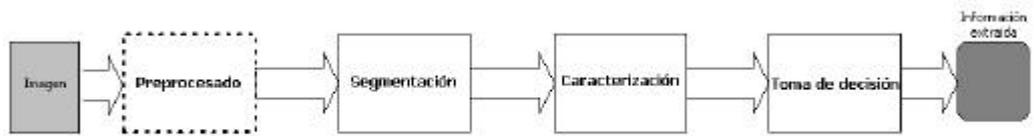


Figura 2.49: Esquema genérico de un sistema de análisis de imágenes

A continuación estudiaremos de forma somera cada uno de estos bloques, citando sus características principales, con el objetivo de que más adelante, cuando en el *Capítulo 3* se desarrolle el método implementado, se puedan identificar cada uno de sus bloques con los mencionados, de forma que se alcance una mejor comprensión del funcionamiento del algoritmo diseñado.

➔ Preprocesado

Todo sistema de procesamiento de imagen tiene un fin: la obtención de cierta **información contenida en la imagen** pero que puede estar **enmascarada o incluso oculta**. Aunque esto podría no ser así, esto es, que la imagen que entra al sistema de procesamiento presente ya las características deseadas, no es lo habitual, ya que es muy común la existencia de defectos de iluminación, enfoque o contraste en la toma de la imagen, que suelen hacer conveniente que, antes de empezar a analizar o procesar la imagen, se lleven a cabo ciertos procesos que realcen las características que posteriormente buscaremos.

Así, todos estos procesos pueden englobarse en un único bloque: el **preprocesado**, cuyo objetivo es la **homogeneización de imágenes de entrada** para que pasen al sistema con la forma deseada y el **realce de características** de dicha imagen.

Dentro de este bloque, las funciones que podemos encontrar son innumerables, dependiendo su utilización de la aplicación concreta, de las características a realzar o de la apreciación subjetiva de la calidad de las imágenes que tenga el diseñador del método. Se reseñarán a continuación algunas de estas, las más comunes, pero no se explicarán puesto que no es el objeto de esta sección, y además una detallada descripción de las mismas puede encontrarse en cualquier libro de tratamiento de imágenes.

Existen ilimitadas operaciones de procesamiento de imágenes, aquí se presenta un subconjunto muy reducido

Podemos, de alguna manera, agrupar las principales operaciones en el siguiente esquema:

● Operaciones puntuales (se contempla cada píxel de forma aislada)

- ✓ Modificación del contraste
 - Expansión del contraste
 - Binarización
 - Clipping
 - Negativización
- ✓ Extracción de bits
- ✓ Compresión/Expansión de rango
- ✓ Ecuilización del histograma

② Operaciones espaciales (se contempla un píxel y sus vecinos)

- ✓ Suavizado espacial
- ✓ Suavizado direccional
- ✓ Filtro de media
- ✓ Realce de contornos
- ✓ Modificación local de contraste y luminosidad
- ✓ Detección de contornos
- ✓ Ampliación e interpolación

③ Operaciones por transformada

- ✓ Filtrado lineal generalizado
- ✓ Filtrado de raíz
- ✓ Cepstrum generalizado
- ✓ Filtrado homomórfico

④ Introducción de color

- ✓ Color falso
- ✓ Pseudocolor

⑤ Otras

- ✓ Filtrado morfológico
- ✓ Métodos adaptativos
- ✓ Técnicas de restauración
- ✓ etc...

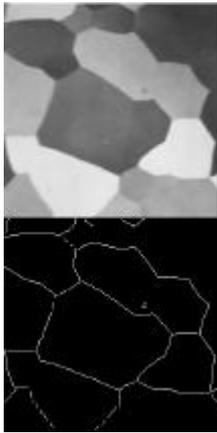
Así, cada una tiene unas aplicaciones principales, pero no existe ninguna "receta mágica" ni infalible, dependiendo muchísimo la utilidad o no de una función de la aplicación concreta y del tipo de imagen que tratemos. Además, el esquema anterior es una pequeña muestra de las operaciones que existen, y para un caso concreto puede desarrollarse una nueva función que sea la que mejor se adapte.

⇒ Segmentación

Este bloque del proceso lleva a cabo la **división o separación de la imagen en regiones** de atributos similares. Estos atributos pueden ser muy variados, utilizándose en cada caso el más adecuado para una aplicación concreta. Así, es un área abierta, que siempre acepta nuevas soluciones a cada problema.

De igual forma, como un sistema de análisis de imagen precisa de la obtención de la información que dicha imagen contiene, este bloque se constituye como un paso imprescindible del proceso.

Los algoritmos de segmentación se dividen, de forma genérica, en dos grupos: aquellos que segmentan buscando discontinuidades, esto es, los de



Ejemplo de segmentación por detección de contornos

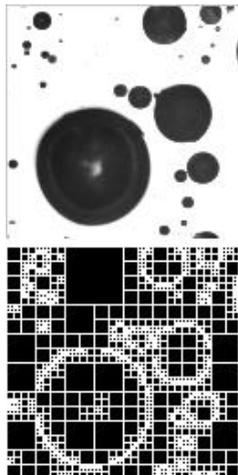
detección de contornos, frente a aquellos que segmentan buscando similitudes, comúnmente llamados de **crecimiento de regiones**.

A continuación se analizarán brevemente los grupos mencionados, comenzando por el **crecimiento de regiones**. Los algoritmos de este tipo no sólo tienen en cuenta los valores de los píxeles, sino que también consideran la **información espacial**. Son métodos muy utilizados porque en general dan muy buenos resultados, y casi siempre se basan en la presencia de unos **píxeles iniciales denominados semillas**. Así, tenemos estas semillas, que se suponen obtenidas de alguna forma en la que no incidiremos, alrededor de las cuales van creciendo las regiones, atendiendo a ciertas **propiedades de los píxeles**, como pueden ser el nivel de gris, la textura u otras. Son métodos muy útiles si se solucionan bien dos problemas:

- ① Obtención de las semillas
- ② Elección de la propiedad de inclusión en la región

los cuales dependen totalmente de la **naturaleza de la aplicación**, por lo que las características que en un caso pueden hacer el algoritmo óptimo para una aplicación pueden hacerlo totalmente inservible en un caso distinto. Sin embargo, si consiguen subsanarse adecuadamente las cuestiones citadas estos algoritmos son muy eficaces, además de ser **robustos frente al ruido**.

En este grupo de segmentación por crecimiento de regiones, encontramos también el algoritmo de división y fusión de regiones (*Split and Merge*), que elimina la necesidad de elegir píxeles semilla.



Ejemplo de segmentación Split and Merge

Por otra parte, tenemos los algoritmos de **segmentación por detección de contornos** o detección de discontinuidades, que consisten en detectar los píxeles o puntos de una imagen donde existe una discontinuidad o borde, de acuerdo a la definición de borde como aquellos píxeles que unen dos regiones de distintas características de intensidad o de color de una imagen.

La forma más común de aplicar estos métodos consiste en la implementación de una máscara, que se aplica a cada píxel. Existen distintas máscaras, según se busque la detección de puntos, de líneas o de bordes (estos últimos suelen basarse en un operador de derivación, como el gradiente, el laplaciano o el operador de Canny). En general, las características que deben cumplir los detectores de bordes son:

- 1) **Buena detección**: es decir, que exista una baja tasa de probabilidad de encontrar un falso borde o de pérdida del mismo.
- 2) **Buena localización**: el borde debe situarse en la posición correcta.
- 3) **Inmunidad a objetos interferentes**: esto es, no verse afectado por la presencia de bordes pertenecientes a objetos vecinos.

En cualquier caso, cualquiera que sea el método de segmentación utilizado, la salida de esta etapa es un **conjunto de regiones** que habrá que estudiar para clasificar, validar o realizar alguna operación con o sobre ellas. Para hacer esto, debemos cuantificar ciertos aspectos de las regiones segmentadas, que es lo que veremos en el siguiente bloque.

➔ Caracterización de regiones

Como se acaba de exponer, a la entrada de este bloque tenemos una serie de regiones segmentadas. Así, hay que proceder a su **caracterización por medio de ciertos parámetros** que dependen, como es lógico, de la aplicación, de modo que posteriormente pueda validarse o clasificarse la región.

Así, dependiendo de la aplicación concreta de que se trate, se utilizarán unos parámetros de caracterización u otros, además de variar su número. Estos parámetros, genéricamente x_1, x_2, \dots, x_m , pueden agruparse conceptualmente en el vector de medida \vec{x} :

$$\vec{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix}$$

Los descriptores clásicos que suelen utilizarse se dividen en dos grandes grupos:

➤ **Características externas:** son las que vienen dada por la topología de la imagen, sin entrar en su contenido, por ejemplo la forma, el tamaño, la circularidad, etc...

➤ **Características internas:** aquellas que vienen determinadas por los píxeles contenidos en la región, como pueden ser la intensidad media, el color, la textura, etc...

Además, es conveniente que los descriptores elegidos sean insensibles a cualquier **rotación, traslación o cambio de escala** que pueda sufrir la región.

En general, cada aplicación requiere de la selección de unos descriptores u otros para caracterizar adecuadamente las regiones. Así, a continuación enumeraremos algunos de los descriptores más habituales, sin profundizar en su definición, que puede encontrarse en cualquier título de reconocimiento de formas o patrones.

Algunos de los principales descriptores son:

● Descriptores geométricos:

- ✓ **Área:** número de píxeles contenidos en la región

- ✓ **Perímetro:** longitud del contorno
- ✓ **Densidad:** tiene la ventaja de ser insensible a cambios de escala y orientación, y responde a la siguiente expresión:

$$Densidad = \frac{(Perímetro)^2}{Área}$$

Los autovalores asociados a esos autovectores dan el tamaño de la expansión en esas direcciones

- ✓ **Ejes principales:** son los autovectores de la matriz de covarianza, y dan las direcciones de máxima expansión de la región
- ✓ **Parámetros estadísticos:** media, máximo, valor mediano, varianza,...
- ✓ **Momentos:** permiten caracterizar la función densidad de probabilidad de las variables aleatorias que tengamos. En tratamiento de imagen tenemos que tratar, evidentemente, con funciones densidad de probabilidad bivariables. Los momentos permiten calcular, entre otras cosas, el centro de gravedad de la región o la excentricidad de la misma.

② Descriptores topológicos:

La topología de una región o imagen se refiere a las propiedades que no se ven afectadas por ninguna deformación, siempre que no haya división o fusión de regiones

- ✓ **Número de huecos de una región:** como parece lógico, este parámetro no se ve afectado por cambios de escala o rotación de la imagen o la región.
- ✓ **Número de componentes conexas:** donde una componente conexa se define como aquella región de tamaño máximo tal que para cualquier par de puntos de la misma se pueden unir por una curva conexa trazada completamente dentro de la región.
- ✓ **Número de Euler:** se define como el número de componentes conexas menos el número de huecos. Estos descriptor, junto a los dos anteriores, tienen aplicaciones muy importantes como, por ejemplo, el reconocimiento de caracteres.

③ Descriptores de textura:

Estos descriptores ilustran aquellas propiedades que dan información acerca de características como **granularidad, suavizado, rugosidad, regularidad**, etc... de una región. Hay, principalmente, **tres tipos de métodos de detección de texturas:** métodos estadísticos, métodos estructurales (para texturas compuestas por otras texturas más básicas) y métodos espectrales (basados en el espectro de Fourier, y que detectan posibles periodicidades en una imagen o región).

① **Métodos estadísticos:**

✓ **Momentos del histograma de la imagen (o de la región):** de este método, que contempla estadísticos de primer orden, pueden obtenerse parámetros como la media, la varianza, la torsión (mide la simetría de la función densidad de probabilidad respecto de la media) o la *curtosis* (que refleja la semejanza de la función densidad de probabilidad respecto a una gaussiana).

✓ **Matriz de coocurrencia:** este método se basa en estadísticos de segundo orden, lo que lo hace **más adecuado** que el anterior para caracterizar texturas. Permite obtener parámetros como la energía de una imagen o región, la entropía (que ilustra la aleatoriedad de la textura), el contraste, la homogeneidad (opuesta al contraste) y la correlación.

② **Métodos estructurales:**

Permiten distinguir texturas primitivas que se repiten para componer una textura más compleja.

③ **Métodos espectrales:**

La transformada de Fourier proporciona la información acerca de la periodicidad o la direccionalidad de patrones bidimensionales periódicos o cuasiperiódicos en una imagen o región.

④ **Descriptores relacionales:**

Permiten establecer **relaciones entre regiones**, de modo que se proporcione una información o bien complementaria o bien más útil que las regiones constituyentes por separado. Algunos descriptores característicos son: adyacencia entre regiones, tamaño relativo entre regiones, distancia normalizada, etc...

⑤ **Descriptores de contorno:**

- ✓ **Longitud del contorno:** número de píxeles del mismo
- ✓ **Diámetro del contorno:** tomado como la máxima distancia entre puntos del contorno
- ✓ **Eje mayor:** línea que conecta los puntos extremos del diámetro antes definido
- ✓ **Curvatura:** ritmo de variación de la pendiente del contorno
- ✓ **Descriptores de Fourier:** determinan la forma de los objetos

Los parámetros seleccionados deben diferenciar claramente los distintos tipos de regiones

En resumen, cualquiera de los descriptores anteriores, un conjunto de ellos, o un nuevo descriptor que se defina, pueden ser los parámetros seleccionados en una aplicación concreta, y a los que, para cada región, se asignen unos valores con los que pasaremos a la siguiente y última etapa genérica de estos sistemas de análisis de imagen.

➤ Toma de decisión

Al final del sistema de análisis encontramos el bloque que **utilizará la información** que se ha obtenido a lo largo de los pasos anteriores. Así, en general y como se explicó más arriba, la entrada del presente módulo es una serie de parámetros descriptores de algunas características de cada región, agrupados de forma genérica en el vector de medida \vec{x} :

$$\vec{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix}$$

Con esta caracterización, en general se realiza uno de los siguientes procedimientos:

① Clasificación de las regiones de acuerdo a patrones

② **Validación de una región**, esto es, decidir si una región cumple las características buscadas o no

Así, mientras en el primer caso se asigna cada una de las regiones caracterizadas a uno de los grupos preestablecidos como patrones, en el segundo se decide si una región cumple con unos requisitos deseados. En cualquier caso, lo que se persigue es la realización de un **análisis automático** de la imagen.

Como comentario, indicar que el método de detección de microaneurismas que aquí se presenta hará uso de la validación, ya que no es necesaria la clasificación de patrones. Sin abundar demasiado, es interesante mencionar algunos de los **métodos de clasificación de patrones** más habituales:

➤ **Métodos de decisión teórica:** utilizan una función de decisión para asignar una región a un determinado grupo. Ejemplos son los clasificadores de mínima distancia, los de Bayes o las *redes neuronales*.

➤ **Métodos estructurales:** realizan una representación de los patrones en forma simbólica, como cadenas o árboles.

➤ **Métodos de interpretación de la imagen:** se asigna un significado a un conjunto de elementos reconocidos en una imagen. Como ejemplo de estos métodos tenemos los *sistemas expertos*.

En cualquiera de los casos anteriores, lo ideal para un perfecto funcionamiento del método es, como se ha indicado en los apartados previos, encontrar las características individuales o el conjunto de las mismas que permitan una **buena clasificación y discriminación de cada región**. Esto, por supuesto, depende de la aplicación concreta y de los objetivos que se persigan, por lo que convendrá estudiar cada caso de forma detallada, de manera que la solución que se implemente sea tanto útil como eficiente en cuanto a complejidad computacional.

No todo sistema debe seguir el esquema expuesto, aunque es muy habitual

Por último, incidir una vez más en el hecho de que aquí se ha presentado un esquema muy genérico, que se concretará y tendrá sus particularidades y diferenciaciones dependiendo de la aplicación concreta de que se trate. No obstante, de una forma global y conceptual, el esquema que sigue todo sistema de análisis de imagen es el que se ha indicado, y, en cualquier caso será el que, a grandes líneas, siga el método que aquí se presenta, y que se detalla en el capítulo que sigue.

El método de detección de microaneurismas: Descripción del algoritmo

A lo largo de este tercer capítulo se explicará en profundidad el **método de detección de microaneurismas en angiogramas de retina** que se ha desarrollado. Para ello, se expondrá inicialmente un esquema general del sistema, para proceder a continuación a estudiar cada uno de los bloques que componen el algoritmo. Así, se irá desarrollando poco a poco el proceso que sigue una imagen que entra en el sistema, para analizar de forma secuencial el mismo camino que dicha imagen recorre. Igualmente, a lo largo del capítulo se presentan otros bloques que, si bien no forman parte del esqueleto básico del método, pueden habilitarse de forma opcional por el usuario con el fin de incidir en ciertos aspectos del análisis o para, subjetivamente, mejorar los resultados, según las preferencias del usuario, que conviene recordar que es el **profesional médico**.

EL MÉTODO DE DETECCIÓN

- Esquema global del método
 - Imágenes de entrada
 - Caracterización de microaneurismas
 - Preprocesado
 - Método de detección
-

ESQUEMA GLOBAL DEL MÉTODO

Como se ha dicho, el conjunto del método diseñado se compone de distintos bloques funcionales, que posteriormente se plasman, dentro del código que implementa el método, en funciones o ficheros distintos. Estos bloques se estructuran y relacionan de la forma que muestra el esquema de la página siguiente (Figura 3.1), que atiende en su organización al propuesto por *Mendonça, Campilho y Nunes* aunque internamente los bloques presentan, a menudo, aspectos novedosos.

La primera parte del sistema, desde el principio hasta el filtro gaussiano, incluido éste, componen la etapa de **preprocesado**, donde se pretende eliminar la mayor cantidad posible de información no relevante de la imagen, como se verá a continuación. Posteriormente se encuentra el **núcleo del sistema**, donde se realiza todo el análisis que permite detectar los **microaneurismas**. En estos bloques, en general, aparece como entrada, debido a su naturaleza secuencial, la salida del bloque anterior, pero en ocasiones también requiere de otras entradas, como puede verse en el mencionado esquema. En concreto, aunque ya se explicará en su momento, puede observarse que el bloque de validación de microaneurismas cuenta con tres entradas, siendo cada una de ellas el fruto de un paso intermedio del algoritmo. Como estos resultados parciales serán citados a menudo se ha incluido en el esquema (en color gris) el nombre que se les ha dado, para facilitar su reconocimiento.

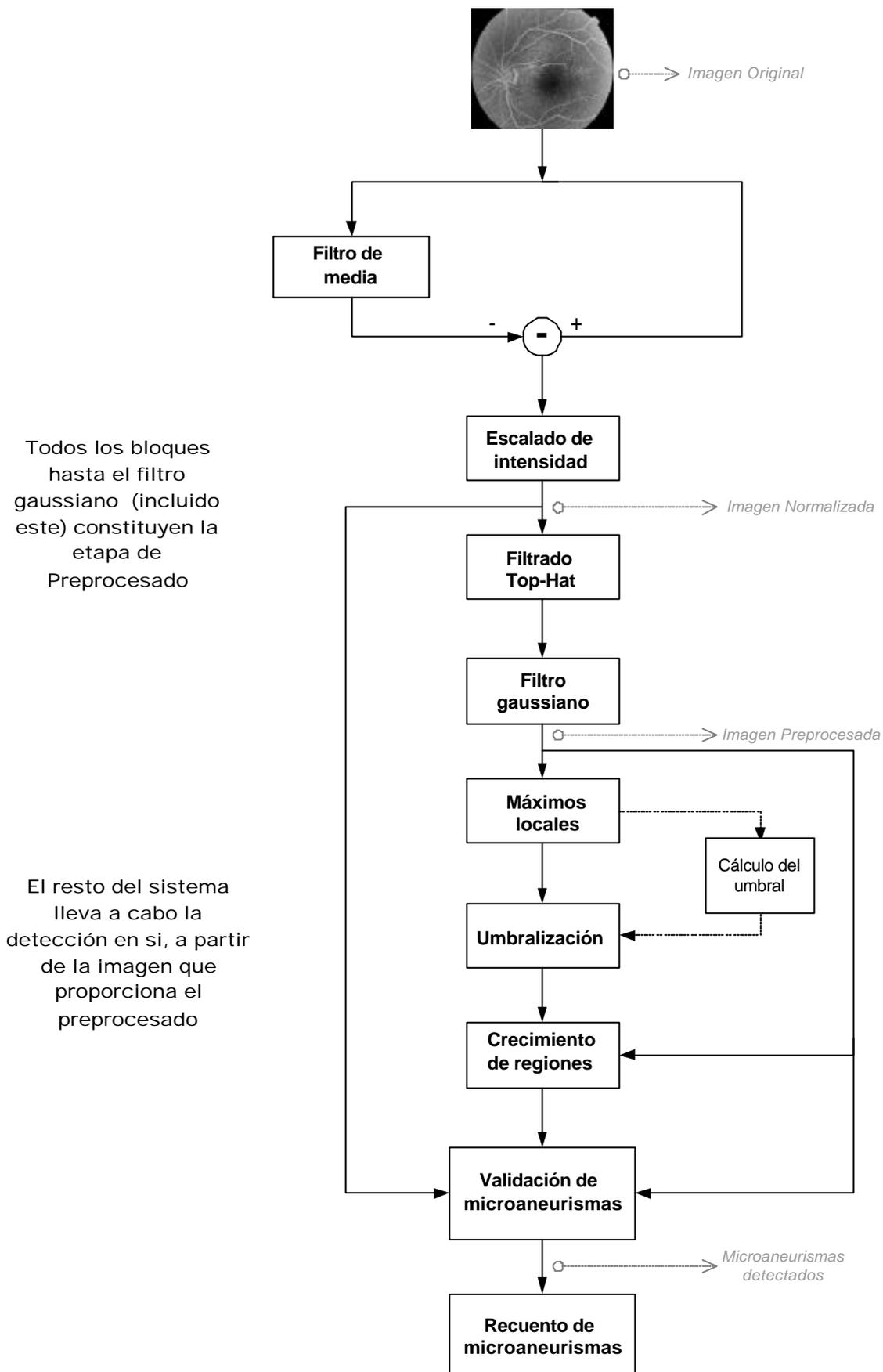


Figura 3.1: Esquema de bloques del método de detección diseñado

Así, podemos trazar, *grosso modo*, las siguientes líneas generales que sigue el método o algoritmo:

➤ **Normalización de la imagen**, que pretende independizar el proceso adaptándolo a imágenes con características muy diferentes de iluminación o contraste, de forma que se produzca una homogeneización de estas imágenes.

➤ **Realce de la imagen**, con filtros especiales que permitan discriminar estructuras con aspecto de microaneurismas respecto a otras estructuras retinales, como puedan ser los vasos sanguíneos.

➤ **Determinación de las semillas o posiciones centrales de las regiones**, para aplicar un algoritmo de segmentación por crecimiento de regiones.

➤ **Delimitación de las regiones de interés**, que se hacen crecer a partir de las semillas anteriores mediante un algoritmo de crecimiento de regiones muy particular, que se presentará más adelante.

➤ **Determinación de las regiones candidatas que se considerarán microaneurismas**, a partir de tres criterios: intensidad, contraste y forma.

➤ **Recuento de microaneurismas**, puesto que dos regiones segmentadas y validadas que estén unidas pueden formar parte del mismo microaneurisma o ser dos distintos.

A continuación se estudian en profundidad cada uno de los bloques funcionales del esquema, lo que permitirá comprender el funcionamiento del algoritmo en detalle.

IMÁGENES DE ENTRADA

Como se indicó en el *capítulo 1*, las imágenes que utilizará nuestro método son los **angiogramas de retina o fluoresceínicos**, que son imágenes en escala de grises especialmente indicadas para la detección de microaneurismas, que es el objetivo de nuestro algoritmo. La idoneidad de los angiogramas fluoresceínicos para nuestros fines radica en la **hiperfluorescencia**, que, causada por la sustancia de contraste que se inyecta al paciente, se manifiesta en los microaneurismas en forma de diminutos puntos redondos (vistos en planta) e hiperfluorescentes. Además, en estas imágenes pueden observarse los microaneurismas cuando tienen un diámetro de, como mínimo, unas 6 ó 7 micras (dependiendo de la resolución del equipo de adquisición), lo que permite un diagnóstico mucho más precoz que si se utilizan otras imágenes del fondo de ojo, donde la detección de microaneurismas no es posible hasta que estos alcanzan un diámetro de 15 micras.

En general, como se explicó en el *capítulo 1*, y más concretamente en el apartado *El sistema de análisis de imagen*, la resolución más habitual de estas imágenes es de 1024x1024 píxeles en escala de 256 grises. Sin embargo, el presente proyecto se ha visto limitado en su desarrollo por la **escasez de imágenes de calidad** que fueran adecuadas para el análisis, y, dentro de las imágenes de calidad aceptable,

A lo largo de los bloques citados se han desarrollado avances e innovaciones que serán enunciados en cada caso

también ha sido un factor limitante la **necesidad de validación** de los microaneurismas detectados por parte de un oftalmólogo, de forma que los resultados obtenidos pudieran ser considerados como buenos o no. Así, las imágenes que finalmente se han utilizado se acercan más al tamaño 256x256 que al 1024x1024 propuesto, lo cual, evidentemente, será un elemento restrictivo en cuanto al nivel de detalle que podemos alcanzar. Se presentarán casos prácticos completos y validados en el *capítulo 4*, donde se indicarán sus tamaños exactos, pero suelen estar en torno a 290x290 píxeles.

Esta reducción en el tamaño de las imágenes tiene su incidencia en el **tamaño de los filtros** que se aplican sobre la imagen. Así, si bien se explicará el método tal y como se ha concebido y utilizado, esto es, para las imágenes de tamaño reducido, al ser el tamaño 1024x1024 un estándar *de facto*, se indicarán los tamaños adecuados de los filtros para este tamaño comúnmente utilizado. Se han tomado aquí resultados empíricamente comprobados, pero parece lógico pensar, y la experiencia lo confirma, que si para una imagen 1024x1024 se utiliza un filtro de, por ejemplo, 32x32, en una imagen de 256x256 dará resultados análogos usar un filtro de 8x8, manteniendo el factor de reducción de 4 que ha sufrido la imagen. En cualquier caso, se incidirá sobre esto en cada caso concreto.

Otro comentario es acerca de la **región de interés de la imagen**. Si bien el método funciona perfectamente con angiogramas completos del fondo de ojo, esto es, con las esquinas no pertenecientes al fondo de ojo, como la que se muestra en la Figura 3.2, gana en precisión si limitamos nuestro estudio a cierto área de estas imágenes, concretamente a la **región macular**, que es el área central de la visión, como se explicó en el apartado dedicado a la retina en el *capítulo 1*. Es alrededor de esta área, avascular, donde se concentran principalmente los microaneurismas, aunque pueden ocurrir en cualquier parte del árbol vascular. Sin embargo, el **mayor porcentaje de microaneurismas** ocurren en torno a la región macular, por lo que conseguiríamos una reducción sustancial del número de operaciones o coste computacional de nuestro método si nos limitamos a esta región. Otra razón de peso, que va contra el inconveniente antes mencionado de la posible pérdida de microaneurismas si nos limitamos a la región macular es el hecho de que **no se necesita una precisión absoluta** en el número de microaneurismas detectados: así, no es lo mismo detectar 10 microaneurismas que 100, pero no existe una diferencia en el diagnóstico ni en la gravedad del estado del paciente si se detectan 10 en lugar de 12. Así, nuestro método ofrece la posibilidad de detectar microaneurismas tanto en el angiograma completo como en la región macular, pero, como se verá en la parte de resultados, nos hemos centrado en la región macular, debido a la ya mencionada escasez de imágenes y limitado tamaño de las mismas. Pese a esto, incidir en que **el método de detección sirve en ambos casos**.

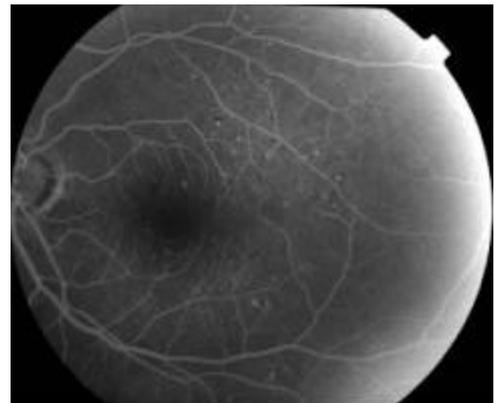


Figura 3.2 : Angiograma del fondo de ojo completo

Los microaneurismas se concentran principalmente en la región macular

El método sirve tanto para imágenes globales como para la región macular, ya que en las esquinas sobrantes en el primer caso no existirán máximos locales (se estudiará su importancia más adelante)

Por último, mencionar que inicialmente el método está preparado para **imágenes BMP** (formato *BitMaP*) en escala de 256 grises. Así, si se quiere introducir otro formato de imagen, habrá que transformarlo a formato BMP previamente, puesto que en la versión actual del método no se contemplan otros formatos de entrada.

CARACTERIZACIÓN DE MICROANEURISMAS

Antes de empezar a describir el método, es conveniente describir en detalle **como aparecen los microaneurismas** en las angiografías fluoresceínicas, de modo que las características que presenten puedan ser utilizadas en su detección.

Así, las **características de los microaneurismas** en estas imágenes son las siguientes:

- **Aparecen como picos aislados e hiperfluorescentes**, esto es, son mucho más brillantes que el fondo de la imagen y están desconectados de la red de vasos sanguíneos.
- **Su diámetro es menor a 100 μm** . Así, sabemos cuanto es lo máximo que puede abarcar un microaneurisma, lo que dará tamaños de referencias en los filtros, como se verá.
- **Su forma puede aproximarse por una gaussiana bidimensional**, como la que se muestra en la Figura 3.3. Esta característica es especialmente relevante, y será utilizada en aspectos clave del problema, como la validación.

Así, debido a esta naturaleza gaussiana, puede parecer adecuado utilizar la pronunciada variación de los niveles de gris de los microaneurismas para detectarlos. Sin embargo, hay otras estructuras que pueden interferir con este propósito: los vasos sanguíneos y las hemorragias retinianas o similares.

Los **vasos sanguíneos**, si se les realiza un corte transversal, presentan una forma gaussiana o aproximadamente gaussiana, pero sin embargo esto no ocurre en su eje longitudinal, donde no se producen variaciones abruptas. Así, estos vasos presentan, en general, una forma similar a la de la Figura 3.4:

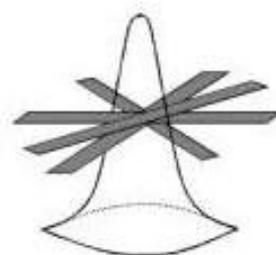


Figura 3.3: Modelo de microaneurisma

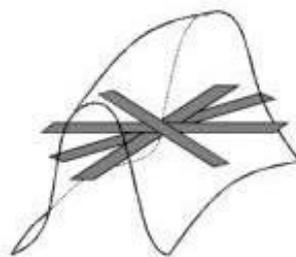


Figura 3.4: Modelo de vaso sanguíneo

donde podemos reseñar una importante diferencia con los microaneurismas: mientras en estos últimos encontramos una gaussiana si realizamos un corte en cualquier dirección espacial, en los vasos sanguíneos esto no ocurre. Este hecho se aplicará en la utilización de un filtrado morfológico Top-Hat (descrito en el *Capítulo 2*), como se detallará en su momento.

Existen otras estructuras semejantes a microaneurismas que pueden producir errores

En cuanto a las hemorragias, indicar que, si no fuera por los angiogramas fluoresceínicos, serían prácticamente **indistinguibles de los microaneurismas** en las imágenes directas de fondo de ojo. Sin embargo, en los angiogramas, las hemorragias aparecen como puntos circulares (vistos en planta), con una distribución no necesariamente gaussiana, y, fundamentalmente, con una fluorescencia o brillo mucho menor que los microaneurismas. Serán, pues, diferenciadas de estos últimos aprovechando estas características, lo que tendrá lugar principalmente en la etapa de validación.

PREPROCESADO

En esta **primera etapa** se agrupan distintos bloques que se analizarán a continuación, y que persiguen un fin común: **homogeneizar las imágenes** ante posibles diferencias de iluminación y contraste a la entrada y, hecho esto, **eliminar partes de la imagen que puedan interferir en la detección**, principalmente el árbol vascular, de modo que a la salida de esta etapa queden sólo regiones **candidatas a ser microaneurismas**, aunque sólo un conjunto reducido de las mismas serán finalmente validadas.

Se ilustrará cada paso del algoritmo utilizando la imagen de la derecha

En cada uno de los pasos siguientes se ilustrarán los resultados obtenidos, procediendo con la imagen de la región macular que se muestra en la Figura 3.5. Esta imagen nos servirá como referencia en todo el algoritmo, y procede de un fichero BMP. Por esto, al principio del método hay que adaptarla al formato necesario para su manipulación, para lo que se utilizan funciones adecuadas a tal fin en los lenguajes de programación utilizados (como ya se explicó, el algoritmo se ha implementado en *Matlab* y en *C*). Por otra parte, y a pesar de que es una imagen en 256 niveles de gris, como se aprecia en el histograma de la Figura 3.6, inicialmente sólo encontramos ocurrencias en 20 de estos niveles.

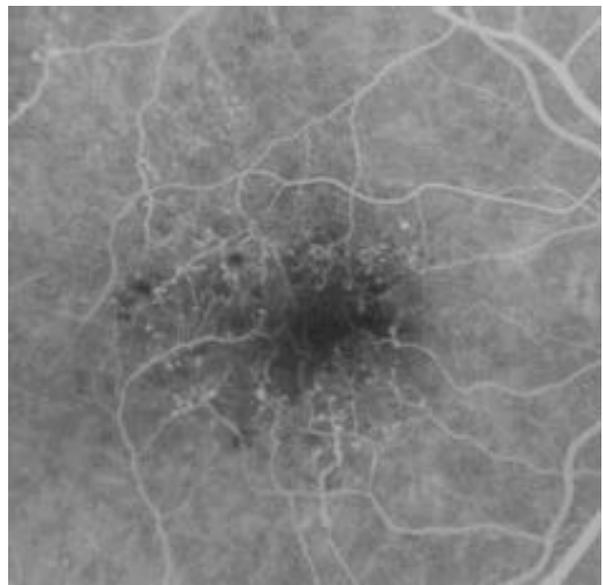


Figura 3.5 : Angiograma de retina que servirá como ejemplo

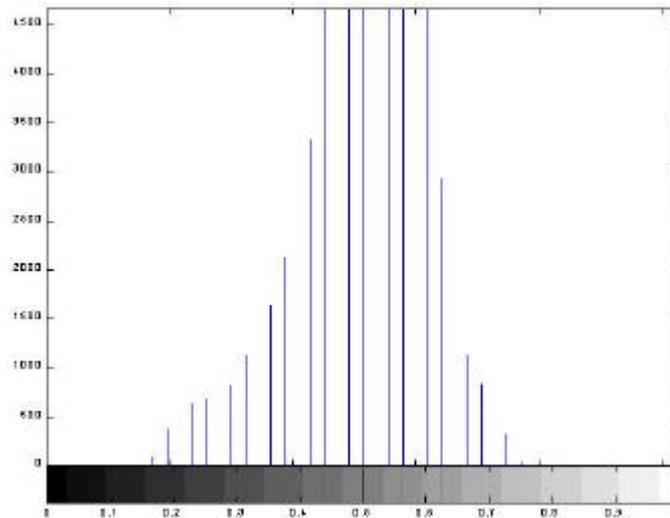


Figura 3.6: Histograma de la imagen de la figura 3.5

➤ Filtro de media

Lo primero que hace el método es proceder a uniformizar las imágenes de entrada de características distintas, mediante una normalización de la intensidad del fondo de imagen. Para ello, se implementa una cadena de tres bloques: **filtro de media, sustracción respecto de la imagen original, y escalado de intensidad.**

Aquí se analizará el primero de estos bloques, el filtro de media. Este filtro se hará de dimensión genérica $N \times N$, y se convolucionará bidimensionalmente con la imagen original. Lo que se persigue es aplicar este filtro con una **gran ventana**, de forma que para cada píxel se obtenga como salida la media de su contorno. El hecho de ser de gran ventana permite que tengamos una media muy exacta de la región de la imagen en que se encuentra cada píxel, lo que permitirá, con los bloques que siguen, **compensar variaciones locales de iluminación y contraste** dentro de la misma imagen.

Así, cada píxel de la imagen es reemplazado por el promedio de los píxeles circundantes en cierto entorno de anchura o "radio" $(N-1)/2$, de acuerdo con la expresión:

$$u(m, n) = \sum_{i=-(N-1)/2}^{(N-1)/2} \sum_{j=-(N-1)/2}^{(N-1)/2} h(i, j) \cdot i(m-i, n-j) = h(m, n) * u(m, n)$$

donde $h(m, n)$ es el filtro de media e $i(m, n)$ es la imagen de entrada al filtro.

Además, es importante imponer la condición de que no se distorsione o modifique el nivel medio de gris de la imagen, lo que se traduce en que el filtro debe estar normalizado, esto es:

$$\sum_{\forall i} \sum_{\forall j} h(i, j) = 1$$

Esta condición garantiza que no se modifica la luminosidad media de la imagen

De este modo, un **filtro de media $N \times N$** sigue la expresión:

Máscara de un filtro de media $N \times N$

$$h(i, j) |_{N \times N} = \begin{bmatrix} h_{1,1} & h_{1,2} & \dots & h_{1,N} \\ h_{2,1} & h_{2,2} & \dots & h_{2,N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ h_{N,1} & h_{N,2} & \dots & h_{N,N} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{1}{N^2} & \frac{1}{N^2} & \dots & \frac{1}{N^2} \\ \frac{1}{N^2} & \frac{1}{N^2} & \dots & \frac{1}{N^2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{1}{N^2} & \frac{1}{N^2} & \dots & \frac{1}{N^2} \end{bmatrix}$$

esto es, una respuesta impulsional bidimensional como sigue:

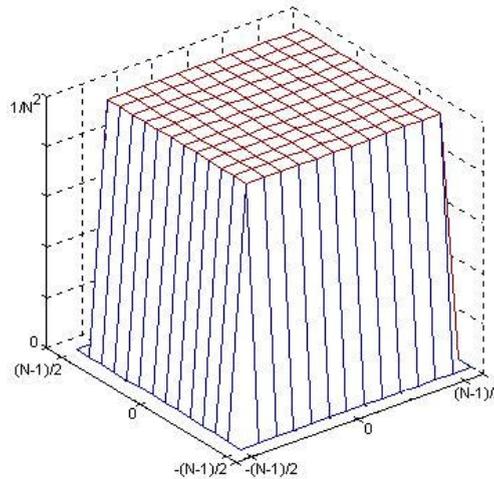


Figura 3.7: Respuesta impulsional del filtro de media $N \times N$

donde en ambos casos, matriz e imagen, se considera que el origen está en el centro.

Este filtro se convoluciona con la imagen de entrada, que suponemos de tamaño $A \times B$. De este modo, el resultado de la convolución bidimensional será de dimensión $(A+N-1) \times (B+N-1)$. Sin embargo, tan sólo nos interesa la **parte central** de tamaño $A \times B$ que se corresponde con los píxeles de la imagen original, puesto que habrá que sustraer este resultado de la imagen inicial, y esto sólo es posible si **ambas imágenes tienen las mismas dimensiones**. Así, resulta muy aconsejable el que N sea impar, puesto que, de esta forma, hacer este recorte explicado del resultado de la convolución es tremendamente sencillo, bastando con dejar fuera un marco de $(N-1)/2$ píxeles en los cuatro lados de la imagen. Por contra, si N es par, en algunos lados se debe dejar fuera un trozo de una anchura dada y en otros de otra, lo cual puede resultar confuso y hacer que la región con la que finalmente nos quedamos no se corresponda con los píxeles a los que se va a sustraer, lo que distorsionaría los resultados de la normalización.

Se aconseja que N sea impar

En particular, con las imágenes de tamaño aproximadamente de 256×256 , y considerando esta conveniencia de que N sea impar, empírica y, por supuesto, subjetivamente, se observa que los mejores resultados ocurren para $N=7$ ó $N=9$. Como los resultados no difieren demasiado, en aras de la eficiencia computacional

se ha optado por elegir $N=7$. Para otros tamaños, tomando siempre como referencias aquellos tamaños que son potencia de 2 (esto es, 256×256 , 512×512 ó 1024×1024), se propone la siguiente **regla empírica para determinar el tamaño**, utilizando siempre en sustitución de X aquel valor del conjunto (256 , 512 y 1024) que esté más próximo al tamaño real de la imagen:

$$N = \left(\frac{X}{1024} \right) \cdot 32 - 1$$

esto es, el ya mencionado tamaño 7×7 en imágenes de aproximadamente 256×256 y, en el tamaño considerado idóneo para tener máxima resolución, 1024×1024 , tendríamos un filtro de media 31×31 , que coincide con lo propuesto por autores como Mendonça, Campilho y Nunes, en lo que constituye no sólo un punto de convergencia sino que implica una generalización a otros tamaños.

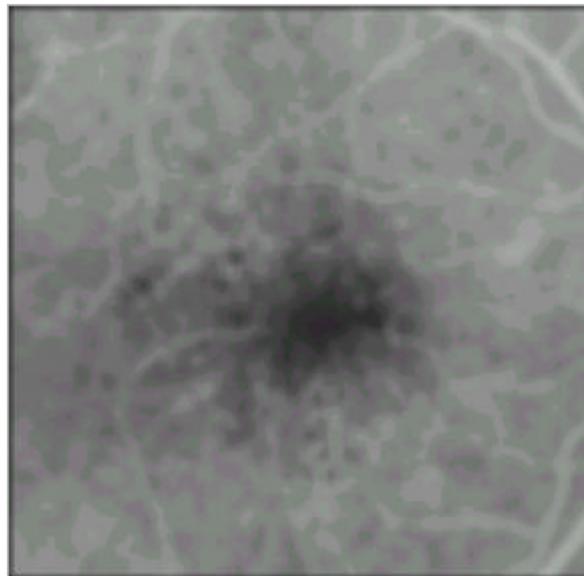


Figura 3.8: Resultado de aplicar el filtro de media 7×7 a la imagen de la figura 3.5

Así, para la imagen de entrada ejemplo que aparece en la Figura 3.5, la salida del filtro de media 7×7 , habiéndose producido el "recorte" hasta el tamaño adecuado, es la que se muestra en la Figura 3.8. Puede observarse el efecto clásico de suavizado de la imagen, que era esperado puesto que **el filtro de media es un filtro paso de baja**. Además, al ser un filtro de gran ventana, el suavizado que se produce es muy fuerte. Por otra parte, los bordes negros se deben al efecto de aplicar la máscara del filtro de media sobre píxeles

cuyo entorno promediado queda fuera de los límites de la imagen, en lo que se denomina **efecto borde**.

Asimismo, se incluye el histograma de esta imagen filtrada (Figura 3.9), que puede compararse con el de la imagen inicial (Figura 3.6), y donde se aprecia que, además de seguir siendo una imagen en 256 niveles de gris, por el efecto de la media del entorno existen ocurrencias de muchos más niveles que en la imagen inicial, donde sólo había ocurrencias de 25 niveles, y que existen ocurrencias

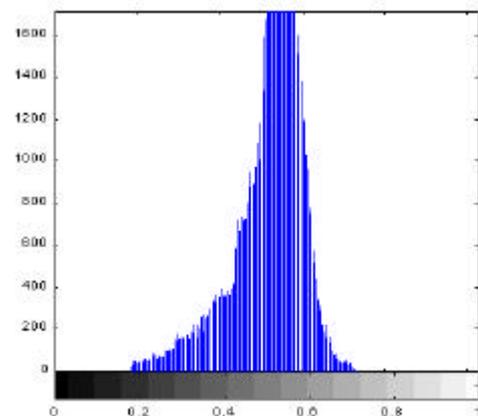


Figura 3.9: Histograma de la imagen de la figura 3.8

en muchos de los niveles que estaban entre dos de los que sí tenían ocurrencias pero que no aparecían. Asimismo, como es de esperar, los niveles que antes tenían unas 4500 ocurrencias ahora presentan unas 1700, esto es, muchos píxeles han cambiado su valor. Esto se debe a la **dispersión y suavizado** que lleva a cabo este filtro de media.

➤ **Sustracción a la imagen original**

El segundo paso del algoritmo es simple: consiste en la **sustracción o resta, píxel a píxel, de la imagen filtrada a la imagen original**. Esta operación de resta redundará en una imagen resultado con un rango dinámico de los niveles de gris muy pequeño y localizado en torno a los niveles más oscuros del histograma.

Se toman los 256 niveles de gris entre 0 y 1, ambos valores incluidos

Indicar aquí que los 256 niveles de gris considerados se han implementado, por comodidad y por restricciones de los lenguajes utilizados (*Matlaby C*), entre 0 y 1, sin que esto tenga mayor relevancia que el tenerlo en cuenta. Así, la operación de resta que se lleva a cabo aquí **no contempla la saturación**, esto es, si el resultado de la operación para un píxel determinado es negativo, inicialmente se conservará este valor negativo, aunque en su representación como imagen se muestran como si tuviesen el valor más bajo del intervalo, esto es, el valor nulo.

Las operaciones de cada bloque dan resultados muy precisos que en ningún caso se redondean ni cuantizan a 256 niveles, salvo, implícitamente, en la representación

El objetivo de este bloque es avanzar en la finalidad de normalizar la intensidad de fondo de la imagen, como medida de homogeneización de las imágenes de entrada y de realce de las características a analizar (los microaneurismas). De esta forma, puede verse la salida de esta etapa como la imagen original a la que se le ha restado su media local, considerando este intervalo local como aquel contenido dentro de la gran ventana que contempla el filtro de media. Esta resta local **compensa las variaciones locales de luminosidad** en una misma imagen.

En el caso ejemplar que se está utilizando, encontramos que el resultado de la operación de sustracción es el que se muestra en la Figura 3.10, que se muestra también negativizado (Figura 3.11) para poder apreciar mejor la existencia de diferentes niveles (lo cual es difícil dada la estrechez del rango dinámico).

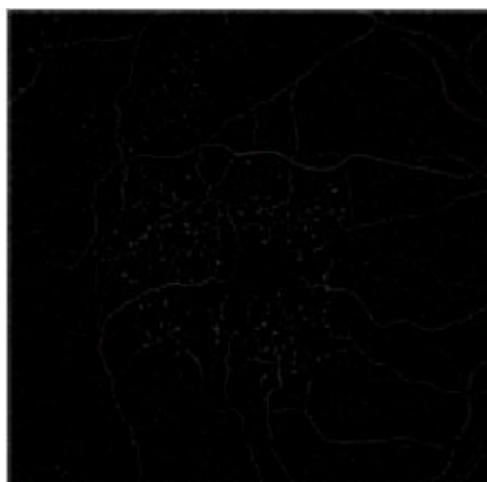


Figura 3.10: Resultado de la sustracción (imagen resta)



Figura 3.11: Imagen 3.10 negativizada

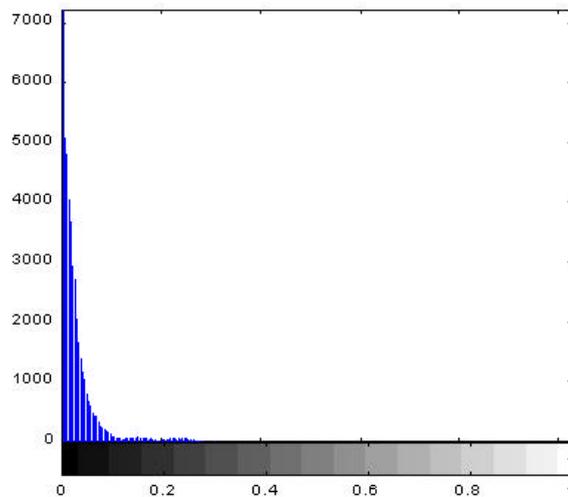


Figura 3.12: Histograma de la imagen resta de la figura 3.10

Como se indicó y se ilustra en el histograma de la Figura 3.12, es una imagen con un **rango de niveles de gris muy pequeño** y muy **desplazado hacia los niveles oscuros**, que es precisamente lo que se busca para el siguiente bloque, el cual expandirá el histograma para aumentar el contraste.

Sin embargo, y pese a lo enunciado de la limitación del rango dinámico, esto no es

rigurosamente cierto: existen ocurrencias de niveles de gris elevados, de mitad de escala y en ocasiones de los niveles más claros, como puede verse en la ampliación de los niveles medios del histograma que se muestra en la Figura 3.13 (donde aparecen ocurrencias en la parte media de la escala de grises). Este efecto, que se ha denominado "*de cola residual*", presenta su verdadero efecto en el próximo bloque, como se verá a continuación. En cualquier caso, el rango dinámico *reducido* puede entenderse en cuanto al núcleo de dicho rango dinámico: en general, en torno al 93-94% de los píxeles de la imagen resta tienen valores de gris contenidos en este núcleo del histograma centrado en los niveles bajos.

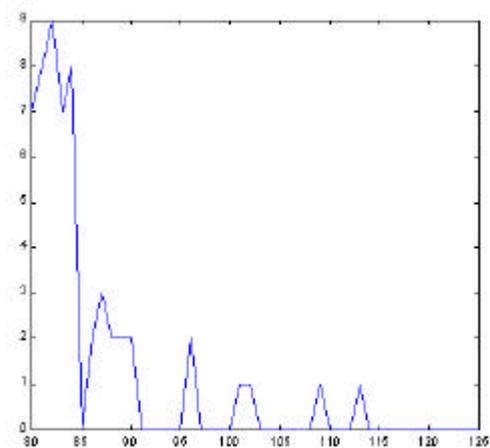


Figura 3.13: Ampliación de la parte central del histograma de la figura 3.12, entre los niveles de gris 80 y 125 (sobre 256)

La cola residual es un efecto indeseado que impediría una gran expansión posterior del histograma

➤ Escalado de intensidad

En la tercera etapa del algoritmo se lleva a cabo una operación de **escalado de intensidad**, de forma que se **incremente la separación entre niveles de intensidad similares**, mediante una maximización del rango dinámico. En otras palabras, se lleva a cabo una expansión del histograma de la imagen resta, para obtener un incremento del contraste.

En concreto, la técnica de escalado de intensidad o modificación de los niveles de gris que se utiliza es el **clipping**, consistente en establecer una pendiente creciente entre dos niveles máximo y mínimo. Es especialmente adecuada por ser una pendiente constante y por ser conocido a priori el rango dinámico de la imagen de entrada. Así, si el rango dinámico fuese de m a M , donde m y M son,

respectivamente, el mínimo y el máximo nivel de gris de la imagen resta, la **ecuación de la transformación** a aplicar se deduce (de forma paramétrica) como sigue, al ser una transformación lineal:

Buscamos una recta que cumpla que: $\begin{cases} \text{Si } u=m \Rightarrow v=0 \\ \text{Si } u=M \Rightarrow v=1 \end{cases}$

tenemos entonces el punto $(m,0)$ y el vector $(M-m,1)$, con lo que definimos la ecuación paramétrica que sigue:

$$(u,v) = (m,0) + t(M-m,1)$$

donde t es un parámetro que varía entre 0 y 1. Esta ecuación puede a su vez desglosarse en un sistema de ecuaciones:

$$\begin{cases} u = m + t(M - m), & t \in [0,1] \\ v = t, & t \in [0,1] \end{cases}$$

que, despejando t e igualando, resulta en la ecuación buscada:

$$v = \frac{1}{M - m}(u - m)$$

que se representa como se muestra en la Figura 3.14, donde u son los niveles de la imagen de entrada (en este caso, la imagen resta) y v son los niveles de gris a los que se mapean los anteriores, esto es, los de la imagen de salida de esta etapa, que llamaremos en adelante **imagen normalizada**.

Sin embargo, como se indicó en el apartado anterior, el histograma de la imagen resta tiene un rango dinámico pequeño (en su núcleo, esto es, sin considerar la llamada cola residual), y centrado en los niveles más oscuros. Así, es muy común que el valor de m en la ecuación de transformación sea finalmente 0 (aunque esto no se supondrá, sino que se obtendrá en cada caso). La importancia de este hecho es que **el histograma no va a expandirse demasiado** (en general no lo hará apenas nada) hacia los valores más oscuros de la escala de grises. Es de esperar, pues, que la expansión se produzca hacia los valores más claros del histograma.

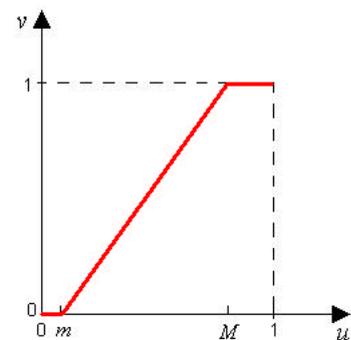


Figura 3.14: Transformación de niveles

Y es en este punto donde aparece el problema de la **cola residual**: la aparición de una cola de niveles de grises con muy pocas ocurrencias (valores bajos en el histograma en niveles de grises medios o altos), entremezclados con niveles sin ocurrencias, tal y como vimos en la Figura 3.13, impide la expansión satisfactoria del histograma. La razón es fácil de comprender: el máximo del histograma, o nivel M en el desarrollo anterior, está más próximo al máximo nivel

Para obtener la ecuación de una recta en forma paramétrica basta con conocer un punto y el vector en la dirección de la misma

Como utilizamos el histograma de la imagen resta, los valores que eran negativos aparecen en el histograma con valor cero, por lo que a efectos de la expansión tendrán este valor

en escala de grises (que, como trabajamos con 256 niveles entre 0 y 1, sería este último) de lo que es deseable, además del hecho de que entre este máximo y los valores sustancialmente altos del histograma hay un amplio intervalo de niveles con pocas o ninguna ocurrencia, todo lo cual deriva en que, finalmente, la expansión es apenas apreciable.

Sin embargo, es fácil apreciar que en la mencionada cola residual aparecen **niveles muy separados entre sí** (es decir, sin ocurrencias de otros niveles en medio) y **con muy pocas ocurrencias**, esto es, valores del histograma que habitualmente denotan entre 1 y 5 apariciones en la imagen, lo cual es muy poco hasta para una imagen de 256x256. De este modo, si se elimina todo o parte de la cola residual, el nivel máximo de la imagen, M , será más bajo, y por tanto la expansión del histograma (y, por tanto, del contraste) será mayor. Por supuesto, todo nivel que esté por encima del máximo que finalmente se considere, se mapeará también al máximo posible (es decir, a 1). Esta transformación se ilustra como sigue (de forma análoga a la Figura 3.14):

Este nuevo M no es el máximo absoluto de la imagen, sino el máximo efectivo, esto es, el que se utilizará para expandir

$$v = \begin{cases} 0 & u \leq m \\ \frac{1}{M - m}(u - m) & m < u \leq M \\ 1 & M < u \end{cases}$$

y es aquí donde realmente se aplica la técnica de *clipping* en su forma más general, siendo el anterior un caso particular, ya que, aunque se representaban, no existían niveles de gris mayores que M , algo que sí ocurre aquí (en esta última ecuación M no es el máximo nivel de gris de la imagen resta, sino el referido *máximo efectivo*).

Evidentemente, esta reducción de la cola residual introduce una **pérdida de información o distorsión** en la imagen. Pese a todo, no es una pérdida grave en tanto estos píxeles no son erróneos ni contienen información inútil, puesto que su información es totalmente utilizable, por cuanto se ha realizado una acotación de su valor. En cualquier caso, se ha previsto **limitar mucho esta distorsión**, y se ha conseguido imponiendo condiciones muy restrictivas para reducir la cola residual. Estas condiciones, arbitrarias pero probadas empíricamente, se aplican recursivamente hasta que no se verifique alguna de ellas. El funcionamiento, que se repite mientras se cumplan las condiciones, es el que sigue:

Funcionamiento de la reducción de cola residual (se aplica recursivamente)



Sea M el máximo nivel de gris de la imagen de entrada, o el que se toma como tal. Puede reducirse este máximo M en un nivel de gris si se cumplen las dos condiciones siguientes:

- ① El número de ocurrencias (valor del histograma) para ese nivel de gris y todos los que son mayores que él (los que se encuentran a su derecha en el histograma) es menor o igual que cierta cota C .
- ② El número de píxeles que tienen valores de gris mayores al máximo M actual (es decir, aquellos píxeles que forman parte de la cola residual ya eliminada) es menor a un cierto porcentaje, P , del número total de píxeles de la imagen.

Aunque es modificable, por defecto se utiliza $C=3$ y $P=0.05$ (esto es, el 5%)

De esta forma, **permitimos al usuario controlar esta reducción de la cola** y la subsiguiente distorsión. De hecho, si no desea aplicarse reducción, basta con fijar C o P a cero. Sin embargo, esta reducción se ha aplicado con resultados muy satisfactorios, imponiendo condiciones bastante restrictivas. Así, para una imagen de tamaño 256×256 (o similar), se ha tomado empíricamente (**son los valores que se toman por defecto**) una cota $C=3$ ocurrencias, y un porcentaje $P=5\%$, esto es, como máximo un 5% de los píxeles de la imagen serán distorsionados (incidir en que es una distorsión relativa: se les asigna un valor muy próximo al suyo). En cualquier caso, también es reseñable el hecho de que en la mayoría de los casos la condición que se incumple en primer lugar (y por tanto detiene la reducción de la cola) es la primera, lo que hace que, en general, el porcentaje de píxeles con pérdida de información no exceda de, aproximadamente, el 2%. Para **otros tamaños de imagen**, bastaría con **extender proporcionalmente la cota C , no siendo necesario hacer esto con la cota P** . Como comentario adicional, añadir que la posible flexibilización de las condiciones podría aumentar significativamente el contraste, lo que facilitaría mucho el procesamiento posterior, pero se ha preferido no hacerlo porque esta distorsión es, además de mayor a la deseada, posible fuente de falsos positivos en la detección de microaneurismas, que es algo que se ha pretendido evitar a toda costa. Así, esta precaución en las condiciones impuestas nos permite confiar en la información que esta fase proporciona, pero nos exige un refinamiento posterior a lo largo del método.

Por último, podemos ver la salida de esta etapa **sin reducción de cola residual** (Figura 3.15) y **con reducción de cola residual** (Figura 3.16). Esta última es la que se utiliza por defecto, con las condiciones antes enunciadas, y a la imagen resultante de este bloque se le denomina **imagen normalizada**, porque concluye la cadena de tres bloques que resultan en una normalización de la intensidad del fondo.

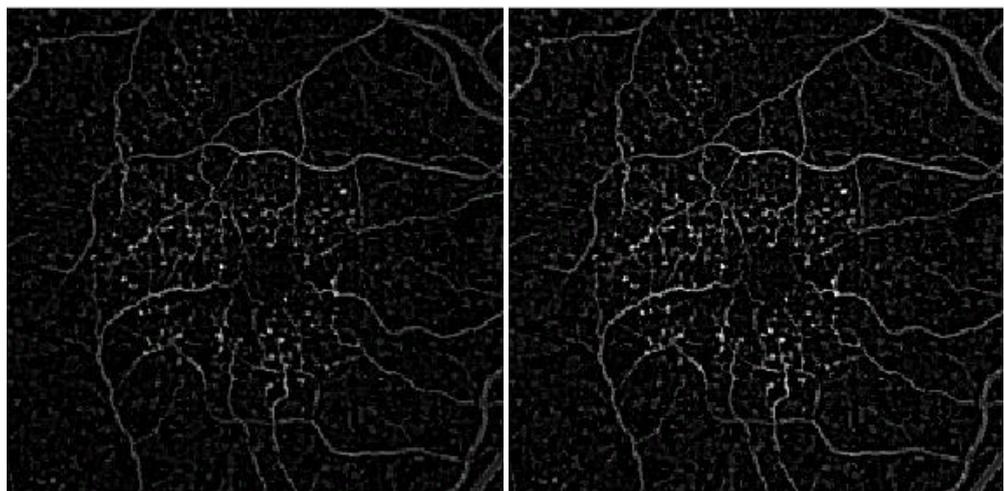


Figura 3.15: Imagen normalizada sin reducción de cola Figura 3.16: Imagen normalizada con reducción de cola

Como aparentemente son muy similares (aunque más brillante en conjunto la imagen 3.16), se incluyen a continuación los histogramas de ambas imágenes. En el de la imagen normalizada con reducción de la cola residual se aprecia una mayor expansión de los niveles, lo que, como se desea, aumenta el contraste.

La mayor expansión con reducción de cola también se aprecia en que en la figura 3.17 los valores más oscuros tienen más de 1000 ocurrencias, cantidad que se reduce a menos de 1000 en la figura 3.18

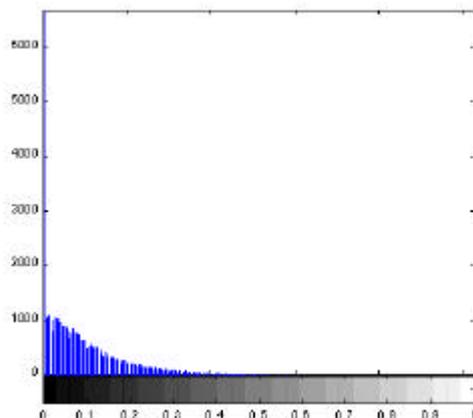


Figura 3.17: Histograma de la imagen de la figura 3.15

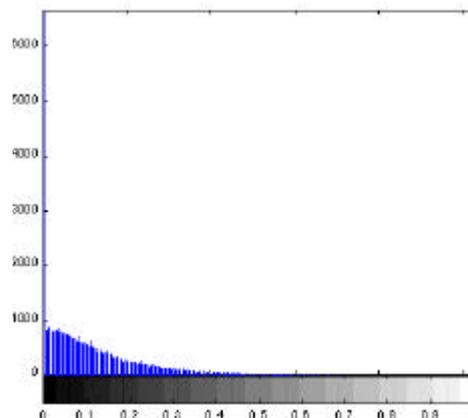


Figura 3.18: Histograma de la imagen de la figura 3.16

➤ Filtrado morfológico Top-Hat

En el *capítulo 2* dentro de la parte correspondiente a la morfología matemática, se introdujo la **transformación morfológica Top-Hat** o *sombrero de copa*. De hecho, toda la introducción teórica que precede a la mencionada introducción es con el fin de entenderla en profundidad, y de poder comprender lo que la etapa del método que ahora nos ocupa lleva a cabo.

De esta forma, en este apartado se profundizará más en la aplicación práctica de la transformación Top-Hat, que, recordemos, tenía la expresión que sigue:

$$h = f - (f \circ b)$$

donde f es la **imagen a procesar** y b es el **elemento estructural** elegido.

A efectos prácticos, en el citado *capítulo 2* se enunció una importante conclusión que la experiencia con la Top-Hat había permitido extraer: en el resultado de la Top-Hat sólo aparecen con valores no nulos aquellas partes de la imagen original dentro de las cuales no "encaja" (si se ve la imagen en su representación tridimensional) el elemento estructural (se remite al lector a dicho capítulo para una explicación detallada de este hecho).

Así, este bloque del algoritmo, que lleva a cabo un filtrado Top-Hat, persigue una función clara: **eliminar en la medida de lo posible el árbol vascular, manteniendo inalterados los microaneurismas** y estructuras similares.

Para esto, deberemos realizar una serie de filtrados Top-Hat con diferentes elementos estructurales, lo cual se detallará dentro de pocas líneas. Antes, para una mejor comprensión de lo que se persigue, se introducirá un **ejemplo práctico**.

En la Figura 3.19 encontramos la imagen original, esto es, la que vamos a filtrar. Lo que pretendemos en esta imagen es quedarnos con los dígitos de las

teclas, que es la parte más clara de la imagen, y eliminar lo demás. Así, es fundamental la elección de un elemento estructural adecuado, como lo será en el algoritmo de detección de microaneurismas y como lo es siempre en las

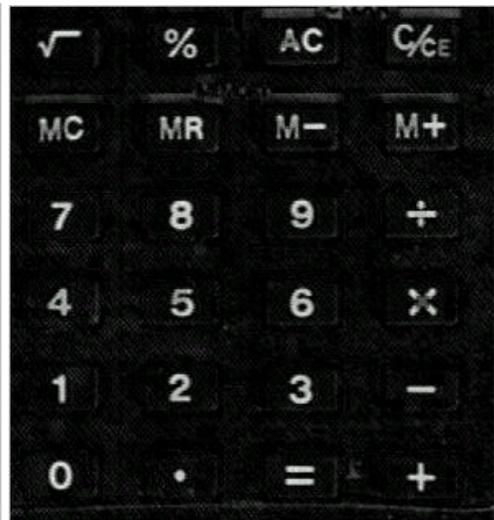
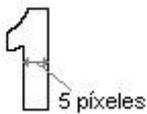


Figura 3.19: Imagen ejemplo para aplicar Top-Hat Figura 3.20: Resultado de filtrar Top-Hat la figura 3.19

El grosor de línea de los dígitos es de 5 píxeles, por lo que elementos estructurales menores a 6x6 no son útiles



operaciones morfológicas. De esta forma, estudiando la imagen, vemos que estos dígitos están "trazados" con una línea de aproximadamente 5 píxeles de anchura, por lo que elegimos un elemento estructural cuadrado de tamaño 7x7 píxeles, con el fin de que no encaje dentro de la línea clara de los dígitos. Realizando el filtrado se verifica este hecho, como se muestra en la Figura 3.20, donde se aprecia como casi todo el resto de la imagen se ha eliminado, ya sea porque el elemento estructural sí encaja geoméricamente en esas zonas o porque previamente ya eran zonas de valor nulo. En cualquier caso, lo que es indudable es la utilidad del filtrado morfológico para **realzar información de nuestro interés** mediante la eliminación de la información inútil de la imagen.

Sin embargo, hay que poner de manifiesto dos cuestiones:

① La **elección de un elemento estructural adecuado** es fundamental para la utilidad del filtrado. Así, en el ejemplo anterior, si no se hubiese llevado a cabo un estudio riguroso de la imagen podría haberse elegido un elemento estructural inútil, como sería por ejemplo uno plano de tamaño 3x3, lo que supondría que la imagen resultante fuese completamente negra, puesto que el elemento de estructura encajaría en todas partes. Conviene, por tanto, detenerse lo necesario en el análisis de la imagen, lo que permitirá optimizar los resultados del filtrado.

② El caso anterior, pese a ser una imagen en escala de grises, es un **caso relativamente sencillo**, sin demasiadas irregularidades en la imagen (esto es, con muchas áreas "planas"). Los casos que nos ocuparán en los angiogramas son mucho más complejos, por lo que los resultados no serán tan sencillos de interpretar, ni la información sobrante de eliminar. Además, se producirá, al ser una imagen en escala de grises, una reducción de la amplitud de los píxeles que no son llevados a cero (esto es, se mantendrá la forma pero la amplitud se reducirá).

Explicado esto, podemos abundar más en el problema de los **microaneurismas**. Como se dijo, el filtrado morfológico pretende eliminar, en lo posible, el árbol vascular. Estudios de los microaneurismas de la imagen nos desvelan que, para una imagen de la región macular de tamaño 256x256, estos presentan un diámetro de, a lo sumo, **4 píxeles**. Por tanto, para que el elemento estructural que se utilice no encaje en los microaneurismas, deberá tener en alguna dimensión un tamaño mayor que cuatro píxeles.

El árbol vascular lo forman las arterias o arteriolas retinianas y, como se puede ver en la Figura 3.21, estas arterias son líneas finas y curvas, que pueden descomponerse en tramos de líneas rectas. Así, un ejemplo de esta descomposición podemos encontrarlo en la Figura 3.22, donde vemos resaltado un trozo de un vaso retiniano y su descomposición en segmentos de línea recta. Podemos, pues, interpretar el árbol vascular como un conjunto de segmentos rectos, que se combinan de forma que asemejan líneas curvas.

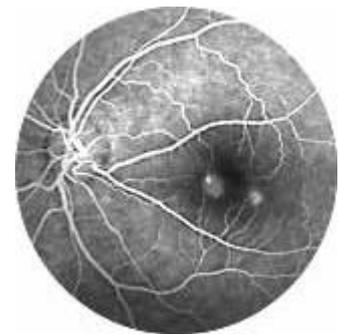


Figura 3.21: Árbol vascular

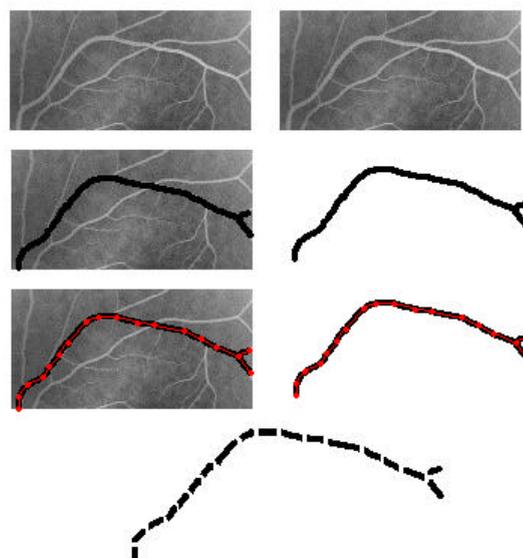


Figura 3.22: Descomposición de vaso en segmentos rectos

Considerando lo anterior, para eliminar el árbol vascular por completo bastaría con implementar filtrados Top-Hat sucesivos, utilizando en cada caso un elemento estructural consistente en una recta plana con una orientación dada. Y aquí aparece un nuevo problema: las posibles orientaciones de estos segmentos son ilimitadas, aunque en el dominio digital, y para segmentos de corta longitud, existe un número finito de posibles orientaciones. La dificultad de este problema radica en la **complejidad**

computacional de la implementación del filtrado Top-Hat. Así, cada filtrado Top-Hat que se realice supone un incremento considerable en el número de operaciones que lleva a cabo el sistema y, por consiguiente, en el tiempo que se requiere en el preprocesado. Además, el realizar más filtrados no nos asegura eliminar totalmente el árbol vascular, porque es habitual la presencia de segmentos de arterias con **orientaciones no previstas**. Por supuesto, la solución a esto es sencilla: realizar un nuevo filtrado Top-Hat con un elemento estructural en la orientación de este segmento, y así con cada una de las posibles orientaciones distintas que surjan. Así, aunque teóricamente el problema se resuelve fácilmente, en la práctica esto supone un aumento del tiempo de preprocesado que es a menudo inadmisibles.

Los filtrados Top-Hat que se realizan por defecto no suelen eliminar todo el árbol vascular

Debemos por tanto encontrar una **solución de compromiso** entre la cantidad de árbol vascular que eliminamos y el tiempo de preprocesado. La solución que se ha propuesto es la que sigue: por defecto, se realizan **cuatro filtrados Top-Hat**, en las cuatro direcciones principales y más comunes (las que, según se ha comprobado, en general eliminan la mayor parte del árbol vascular), que se muestran en la Figura 3.23: vertical, horizontal y diagonales de desviación $\pm\pi/4$ respecto a la vertical. Estos filtrados eliminan habitualmente una buena parte del árbol vascular, pero si existe alguna otra dirección predominante y no filtrada (nótese que cada árbol vascular es distinto en cuanto a las orientaciones de los vasos), se permite al usuario **aumentar el número de filtrados** de una de las dos formas siguientes (ambas habilitadas en el interfaz gráfico **IRIS** que se presentará en el capítulo 5):

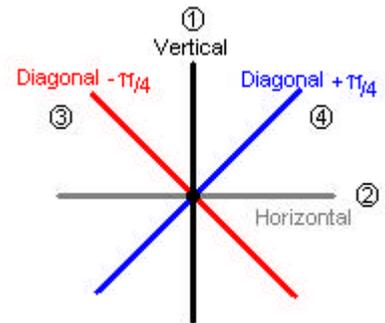


Figura 3.23: Direcciones de los filtrados Top-Hat realizados por defecto

❶ **Determinar una dirección** en la que realizar un filtrado Top-Hat adicional. Esta dirección se introduce en radianes respecto a la vertical, tal y como se ilustra en la Figura 3.24.

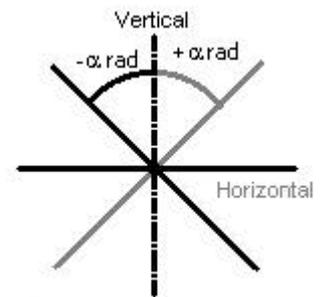


Figura 3.24: Referencias de signos de las direcciones

❷ **Habilitar un filtrado Top-Hat extendido**, en el que se realizan filtrados con elementos estructurales orientados en **ocho direcciones angulares distintas**, las mostradas en la Figura 3.25, donde las nuevas direcciones contempladas se representan en color verde. Evidentemente, esto ralentizará bastante el preprocesado, pero se eliminará el árbol vascular prácticamente completo.

Las direcciones añadidas a la opción por defecto se muestran en verde, y no son modificables

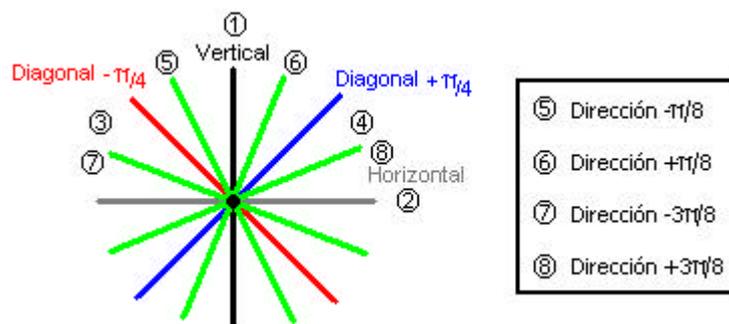


Figura 3.25: Direcciones del filtrado Top-Hat extendido

En cualquier caso, se incide en el hecho de que con los cuatro filtrados morfológicos los resultados son, en general, más que suficientes para una detección posterior satisfactoria, y **sólo en casos muy particulares hay que definir direcciones especiales** para que el resultado sea útil.

Una vez realizados los filtrados, apenas quedarán en la imagen segmentos lineales, aunque sí puede quedar alguno, por tener una orientación muy particular.

Además, quedarán un gran número de regiones pequeñas y redondeadas, **semejantes a microaneurismas**, y entre las que habrá que discernir en pasos posteriores. Estas regiones pueden ser principalmente de tres tipos:

➤ **Microaneurismas propiamente dichos**, que, como se explicó anteriormente, son pequeños y redondos, pero en esta etapa aún no los distinguimos como tales.

➤ **Restos del árbol vascular que no han sido eliminados**, y que quedan con la misma forma que los microaneurismas. Estos restos son generalmente "esquinas" o codos de los vasos, y son una repercusión negativa del filtrado Top-Hat. Así, en prevención de los falsos positivos que pudiesen producirse por este hecho se introducirá un **criterio de validación por forma** que se presentará en su momento, y que subsana este hecho.

➤ **Otras estructuras retinianas**, como pueden ser las hemorragias o restos de exudado, que aparecen como puntos redondos las primeras o como una región difusa y que aparece como ruido de fondo los segundos.

A continuación se presenta, en la Figura 3.26 el resultado de hacer la eliminación del árbol vascular típica, la que se realiza por defecto, esto es, cuatro filtrados morfológicos sucesivos en las direcciones que aparecían en la Figura 3.23. Se aprecia una gran eliminación del árbol vascular, aunque quedan segmentos de vasos no eliminados debido a su particular orientación. En la Figura 3.27 se muestra la misma imagen pero negativizada, para una mayor apreciación de todas las estructuras candidatas a ser microaneurismas que existen.

Pueden apreciarse tanto regiones circulares como trozos del árbol vascular no eliminados (al tener orientaciones no filtradas)

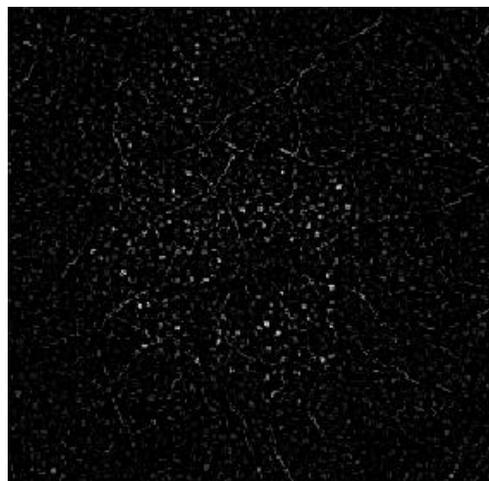


Figura 3.26: Salida de los filtrados Top-Hat

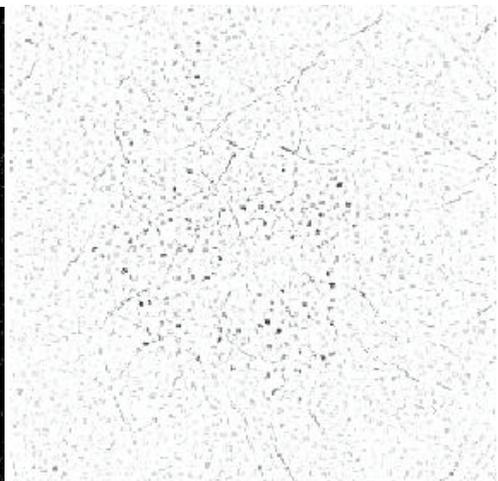
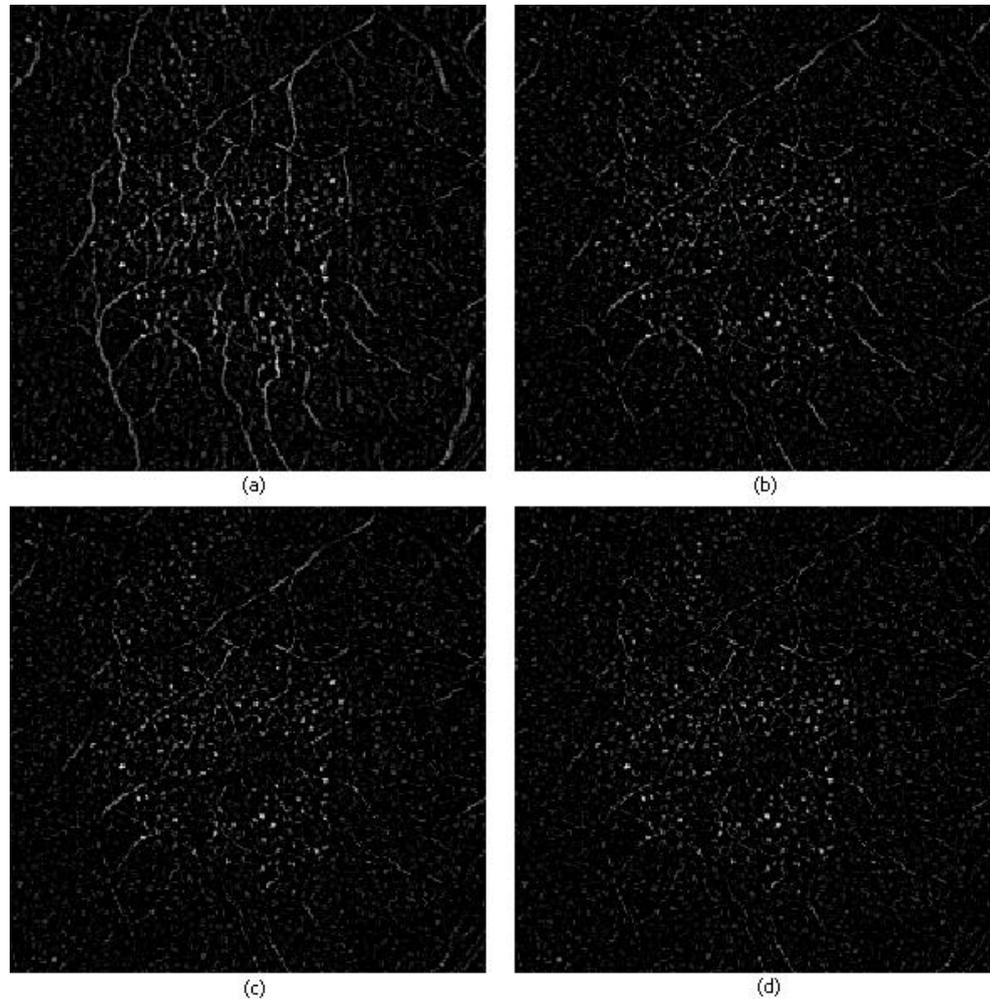


Figura 3.27: Negativo de la figura 3.26

Para entender un poco mejor los sucesivos filtrados, se ilustra el **procedimiento paso a paso** en la Figura 3.28. En la parte (a) aparece el resultado de filtrar Top-Hat la imagen normalizada procedente de la etapa anterior por un elemento estructural plano con orientación horizontal ($\pi/2$ con la vertical) de tamaño 1×5 , que se muestra en la sección (a) de la Figura 3.29. En (b) encontramos el resultado de filtrar la imagen en (a) por un elemento estructural de orientación vertical y tamaño 5×1 , que está en la parte (b) de la Figura 3.29. Análogamente, en (c)

está el resultado de filtrar la imagen en (b) por el elemento estructural de la sección (c) de la Figura 3.29. Y, por último, en la parte (d) de la Figura 3.28 está la salida final del proceso, obtenida del filtrado de la imagen (c) de esa misma figura con el elemento de estructura mostrado en la parte (d) de la Figura 3.29. Se aprecia cómo el filtrado morfológico en cada paso elimina aquellos segmentos de árbol vascular precisamente en la dirección del elemento estructural que se utiliza.



Como era de esperar, la sección (d) de la figura de la derecha coincide con la imagen de la figura 3.26

Figura 3.28: Resultados de los pasos intermedios de la eliminación del árbol vascular

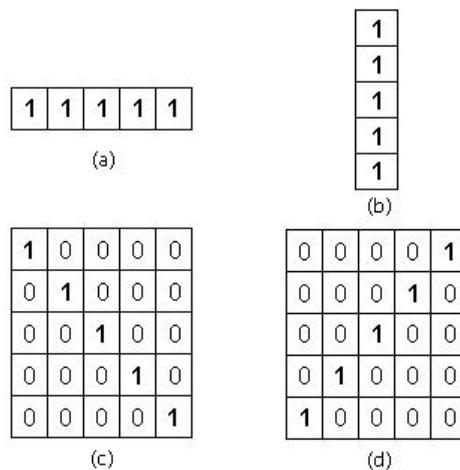


Figura 3.29: Elementos estructurales utilizados

Para terminar con este apartado, insistir en la función de este bloque: se pretende con el filtrado Top-Hat **eliminar el árbol vascular** para quedarnos con los **candidatos a microaneurismas solamente**. Es conveniente eliminar el árbol vascular porque en los pasos posteriores se localizarán máximos de intensidad en los cuales incidiría la presencia de los vasos. Es por esto por lo que no es

necesario eliminar completamente el árbol vascular, además del incremento del tiempo de computación que esto supondría. Sin embargo, cuanto más árbol vascular se elimine más sencilla es la detección de microaneurismas. Así, conviene aclarar que si no existe limitación en cuanto al tiempo de procesamiento nuestro método permite una total eliminación de dicho árbol, pero se ha pretendido alcanzar una solución funcional y práctica, de forma que, como se explicó párrafos más arriba, se ha optado por una solución de compromiso.

➤ Filtro gaussiano

Como se ha explicado y se ilustró en la Figura 3.26, la salida de la etapa anterior (y, por tanto, entrada de ésta) contiene numerosas regiones pequeñas y pocos segmentos lineales. Todas estas regiones son, en principio, **candidatas a microaneurismas**, por lo que debemos, como fin del preprocesado, **realzar las regiones que lo sean** o que cumplan con las características que se enunciaron en el tercer apartado de este capítulo, *Caracterización de microaneurismas*, así como eliminar o, al menos, **reducir el ruido adicional** que constituyen los elementos no deseados.

Con este fin, a la imagen filtrada morfológicamente se le aplica un **filtro gaussiano**, de forma que se realcen aquellas áreas que tienen un alto grado de circularidad, entre las que se incluyen los microaneurismas. La razón de aplicar concretamente un filtro gaussiano es porque actúa como **filtro adaptado**, ya que, como se expuso en el apartado citado en el párrafo anterior, se modela la forma (tridimensional) de los microaneurismas a partir de una gaussiana bidimensional, por lo que la aplicación del filtro, siempre que tenga el tamaño adecuado, resaltará estos microaneurismas, así como otras regiones de aspecto similar, a la vez que atenuará las regiones lineales o no circulares (esto es, lo que se considera ruido).

La expresión de una gaussiana bidimensional donde ambas componentes unidimensionales son independientes entre si es la siguiente:

$$g(x, y) = \frac{1}{2ps_1s_2} \cdot e^{-\frac{1}{2} \left[\frac{(x-m_1)^2}{s_1^2} + \frac{(y-m_2)^2}{s_2^2} \right]}$$

y será la que se utilizará en la definición del filtro, con la particularidad de que se considerarán gaussianas de media 0 y ambas desviaciones típicas se harán iguales, a fin de lograr la simetría circular del filtro (esto es, $m_1=m_2=0$ y $s_1=s_2=s$). Así, la expresión quedará:

$$g(x, y) = \frac{1}{2ps^2} \cdot e^{-\frac{1}{2} \cdot \frac{x^2+y^2}{s^2}}$$

Una vez más, como ya ocurrió con el filtro de media, debemos entrar en cuestiones de **tamaño de las máscaras**. Como se pretende que el filtro sea simétrico en todas las direcciones, de forma que se realice el mismo procesamiento en todos los sentidos, es **muy conveniente que el filtro sea de tamaño impar**, $M \times M$, de tal manera que se pueda definir un centro u origen de la máscara que esté

Tamaños de las máscaras del filtro gaussiano, que dependen del tamaño de la imagen

justo en el centro geométrico de la misma. De esta forma, y como se definirá la desviación típica igual en ambas dimensiones, el filtro gaussiano tendrá una clara **simetría circular**, como se aprecia en la Figura 3.30, para un tamaño genérico M . Así, para imágenes de 256×256 o similares se establece, aconsejados por la práctica, un tamaño $M=3$, que pasa a ser $M=11$ para imágenes del orden de 1024×1024 . Así, para imágenes de tamaño 512×512 o similares, se propone un tamaño $M=5$.

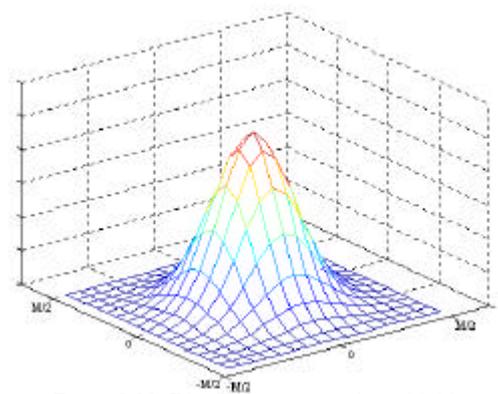


Figura 3.30: Filtro gaussiano genérico $M \times M$

Hecho esto, también hay que asignar un valor a la desviación típica s . Esto se hace atendiendo al tamaño M fijado, puesto que ambos parámetros guardan relación en tanto que modelan la forma de los microaneurismas. Así, para $M=3$ los mejores resultados se han obtenido con $s=1$, mientras que para otros tamaños de M basta con extender s proporcionalmente.

Para ilustrar todo lo expuesto encontramos, en la Figura 3.31, el resultado de aplicar un filtro gaussiano de tamaño 3×3 y desviación típica $s=1$ sobre la imagen resultado del filtrado morfológico Top-Hat que se representó en la Figura 3.26.

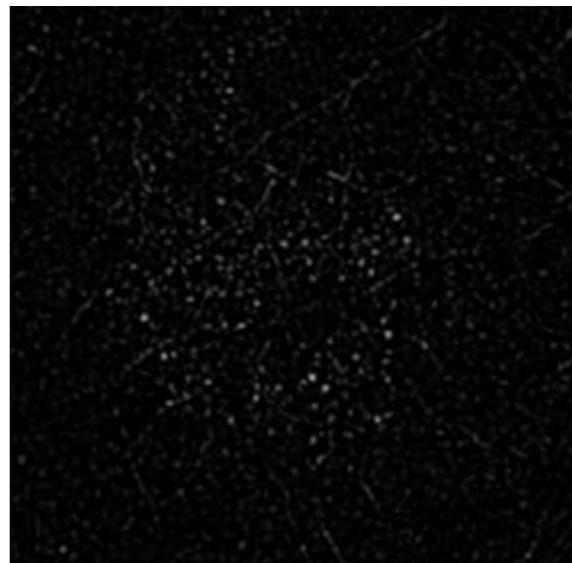


Figura 3.31: Imagen Preprocesada

El filtro gaussiano es un filtro LP con igual característica en el espacio que en la frecuencia

3.26. Puede observarse una **reducción del ruido** (regiones no circulares y segmentos lineales) pese a que no se alcanza una total eliminación. Asimismo, es reseñable el hecho previamente anticipado del **realce que experimentan los microaneurismas o regiones con estructura similar**.

frecuencial del filtro gaussiano es, como la característica espacial, de forma gaussiana, esto es, **paso de baja** (LP). Es precisamente el hecho de que sea paso de baja el que permite una reducción sustancial del ruido de la imagen, tal y como se desea.

Debe destacarse también en la Figura anterior el **efecto de suavizado** que produce el filtro gaussiano. Por supuesto, este efecto se esperaba puesto que la característica

Por último, y para concluir con el preprocesado (puesto que, como se muestra en la Figura 3.1, este es el último bloque del mismo), indicar que la salida de este bloque se denominará genéricamente **imagen preprocesada**, y será

utilizada en varios bloques de los que siguen, perdiéndose en parte la estructura lineal del esquema. Además, como el preprocesado es la parte que más tiempo requiere del método, se han separado los bloques hasta ahora presentados y los que siguen en dos rutinas globales, de forma que el preprocesado puede realizarse de forma autónoma y **almacenarse los resultados**, lo que redundará en una mayor facilidad y velocidad de uso del método de detección en sí, que se presenta a continuación. El almacenamiento de los resultados del preprocesado se debe llevar a cabo, preferiblemente, en un soporte permanente, porque acelerará sustancialmente la detección o la reproducción de una detección previa, sin tener que repetir todo el proceso. Con este fin, se ha normalizado el **modelo de datos** que se almacena, y que se ilustra en la Figura 3.32: cuando se procede a salvar los

La normalización del espacio de preprocesado y de sus componentes guardados permite independizar totalmente ambas etapas del método



Figura 3.32: Modelo de datos normalizado

resultados de un preprocesado, se crea un espacio de trabajo que posteriormente podrá ser cargado de nuevo y que almacena tres imágenes:

➤ **Imagen original**

➤ **Imagen normalizada** (la que sale del escalado de intensidad)

➤ **Imagen preprocesada**

Estas tres imágenes se guardan con su tamaño real y siempre con los mismos nombres, de forma que se

normalice el acceso para los bloques posteriores. El hecho de guardar en un espacio de trabajo el preprocesado no es automático, ya que si lo fuera se malgastaría mucho espacio de almacenamiento en, por ejemplo, preprocesados inadecuados, incorrectos, o resultado de pruebas de variación de parámetros, así como tiempo de procesamiento, puesto que el almacenamiento de imágenes de tamaño considerable supone una cierta duración. De este modo, la utilidad de salvado de preprocesado está disponible solamente en el interfaz gráfico **IRIS**, que se describirá en el *capítulo 5*. En ese mismo capítulo se volverá a tratar el tema de los modelos de datos en el espacio de trabajo normalizado.

MÉTODO DE DETECCIÓN

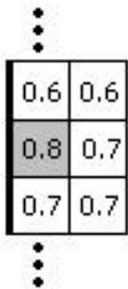
Como se ha explicado en el punto anterior, la entrada a esta etapa es, principalmente, la imagen preprocesada, aunque también se utilizará en ocasiones información contenida en la imagen normalizada. Esta segunda fase del algoritmo **lleva a cabo la detección en sí**, para lo que aprovecha la información puesta de manifiesto y enfatizada durante la fase de preprocesado, con el fin de determinar cuántos microaneurismas presenta la imagen analizada y dónde están situados dentro de la misma.

A continuación, y a lo largo de los siguientes apartados, se explicarán cada uno de los bloques que componen esta fase y que se mostraron en la Figura 3.1, donde se ilustró la secuencia de operaciones que permite analizar la imagen.

➤ Máximos locales

El paso inicial de esta segunda etapa consiste en la **localización de los puntos** a partir de los que se obtendrán las **regiones candidatas a ser microaneurismas**. Estos puntos serán usados posteriormente como semillas en el crecimiento de regiones.

Con este propósito, en este primer bloque de máximos locales se tiene como entrada únicamente la imagen preprocesada, y se lleva a cabo un procedimiento de **búsqueda de máximos locales** mediante comparación con su contorno (también podría hacerse con el gradiente y la laplaciana, pero es computacionalmente más complejo). El algoritmo que lleva a cabo esta comparación es, pues, sencillo, pero presenta dos particularidades:



El píxel sombreado no se marcará como máximo local por estar en el borde de la imagen

➤ **Existencia de máximos en el borde:** Puede haber un píxel en un borde o esquina de la imagen que sea mayor que la parte de su contorno de la que disponemos, pero, como es obvio, no disponemos de su entorno completo. Así, se plantea la cuestión de si debe o no considerarse a este punto como un máximo local, puesto que podría no serlo realmente si tuviésemos una imagen que abarcara una mayor parte de la retina. Ante esta incertidumbre, se opta por **no considerar máximos locales en el borde de la imagen**, en prevención de falsas detecciones de microaneurismas (falsos positivos), por dos razones principales:

- La precaución respecto a la información incompleta en estos píxeles

- La poca utilidad de definir un punto central o semilla (que servirá para el crecimiento de regiones) en un lugar donde las regiones tienen su crecimiento prohibido en una dirección.

➤ **Existencia de mesetas**, esto es, un conjunto de píxeles con el mismo valor que son mayores a su entorno. Así, es, por ejemplo, como si encontrásemos un *macromáximo* compuesto por cuatro píxeles en lugar de por uno, como se ilustra en la Figura 3.33. Si se produce este hecho, en principio, con el algoritmo de búsqueda de máximos explicado, no se consideraría máximo local, al no ser un píxel mayor a todo su entorno. Sin embargo, parece claro que aquí debe haber un máximo local, por lo que debe tratarse de forma especial. Esto es precisamente lo que se hace, y **cuando aparece una meseta se marca un sólo máximo local** en uno de los píxeles que la constituyen.

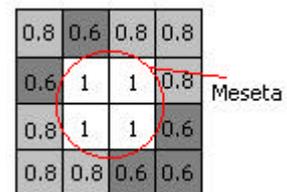


Figura 3.33: Mesetas

Como adelanto, indicar que de todos los máximos locales detectados se eliminarán muchos antes de ser validados como semillas. Esta operación de cribado de los máximos locales se realizará en la siguiente etapa, pero se indica aquí porque el presente bloque debe verse como paso previo del siguiente, sin que sus resultados sean especialmente ilustrativos.

En cualquier caso, la salida de esta fase no será una imagen sino un **conjunto de coordenadas** que indican las posiciones dentro de la imagen de los píxeles que son máximos locales. Para ver el funcionamiento, se han indicado las

posiciones de los máximos locales de la imagen preprocesada de la Figura 3.31 en negro, en la Figura 3.34, y, para una mayor claridad, se muestran superpuestos sobre la imagen original en la Figura 3.35.

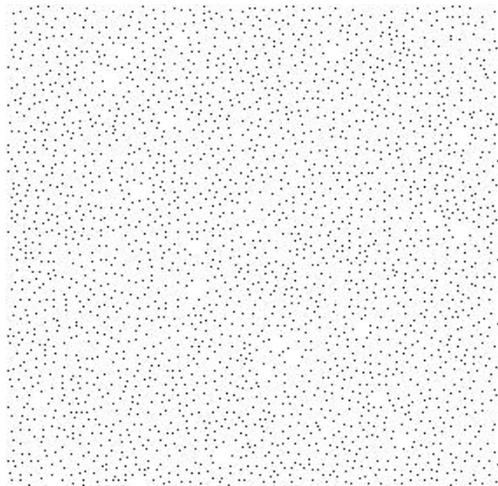


Figura 3.34: Máximos locales detectados

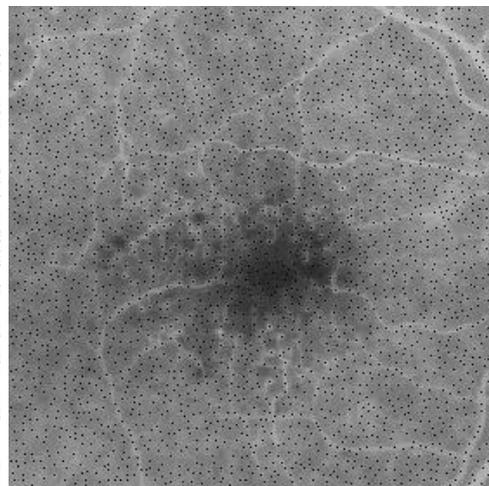


Figura 3.35: Máximos superpuestos a la imagen original

Podemos ver como se localiza una gran cantidad de máximos locales, incluso en zonas donde aparentemente, a la vista de la imagen preprocesada, no los había. En el *capítulo 4*, donde se expondrán distintos casos prácticos, se detallarán cantidades, pero baste de momento decir que en esta imagen se detectan más de 2600 máximos locales, de los cuales **la mayoría serán después desechados**.

➤ Umbralización de los máximos locales

En esta etapa se toman como entradas la imagen preprocesada y las posiciones de los máximos locales detectados en el bloque anterior, y se realizará con ellos un proceso de **selección por umbral** (*thresholding*), de modo que nos quedemos con un subconjunto de máximos locales, que se llamarán en adelante **semillas**.

El proceso es simple: dado un umbral (que a continuación se detallará), se toma, para cada píxel máximo local, su valor de intensidad en la imagen preprocesada. Si este valor de intensidad es mayor o igual al umbral, el píxel se considera semilla (esto es, se valida), pero si no lo es simplemente se desecha. Podemos, pues, subdividir este bloque en dos partes:

➤ Cálculo automático del umbral

➤ Validación de los máximos locales por umbralización

Así, la **fijación del umbral** se revela como el aspecto clave para la discriminación de los máximos locales, por lo que su elección es sumamente importante. El algoritmo diseñado hace uso de un umbral que, como se ha dicho, se calcula **automáticamente** (sin intervención del usuario), y que es dependiente de las características de la imagen preprocesada, lo cual parece un claro requisito

En este bloque sólo se desechan algunos máximos locales, no se toma ninguna decisión acerca de posibles microaneurismas

puesto que la propiedad que se utiliza para comparar con el umbral es la intensidad de los píxeles en esta imagen.

De este modo, el umbral (que, como se ha dicho, se calcula automáticamente por parte del algoritmo), se toma como la **suma de la media y la desviación típica de los valores de intensidad** (en la imagen preprocesada) de los máximos locales detectados en la etapa previa. Esto es, si m es la media de dichos valores de intensidad y s su desviación típica, el umbral atiende a la simple expresión que sigue:

$$\text{Umbral} = m + s$$

Todos estos cálculos se hacen a partir de la imagen preprocesada

Este umbral es, claramente, **dependiente de la imagen**, lo que garantiza la **flexibilidad y adaptabilidad** del mismo a diferentes condiciones de iluminación entre imágenes distintas, o al hecho de la presencia de un mayor o menor número de microaneurismas en la imagen. Este hecho es significativo en cuanto a flexibilidad: si existe un alto número de microaneurismas, amén de otras estructuras (con sus máximos locales), la media de los valores será más alta que si hay pocos, pero la desviación típica será, en general, menor. Así, se conforma un umbral en el que siempre quedarán dentro de las semillas los microaneurismas, por ser puntos hiperfluorescentes (claramente superiores al umbral), y quedarán fuera muchas estructuras indeseadas (aunque no todas).

El citado umbral se ha elegido de **forma empírica**, a través de muchos ensayos, y se ha optado por la elección mencionada porque proporciona unos resultados muy positivos: en todas las imágenes utilizadas se validaron como semillas los máximos locales correspondientes a las estructuras de interés, mientras que gran parte de los máximos locales asociados a características indeseadas, tales como el ruido de fondo, se eliminan gracias al umbral.

Por supuesto podría utilizarse un umbral más restrictivo, pero puede dejarse fuera algún microaneurisma, sin que esto signifique que se quedan fuera todas las regiones indeseadas, ya que en general existe superposición de los niveles de intensidad, como se ejemplifica en la Figura 3.36. Así, vemos que no pueden distinguirse solamente por este criterio los microaneurismas de otras estructuras, puesto que existe **solapamiento de los histogramas** (recuérdese que la figura es un ejemplo genérico, el algoritmo no sabe *a priori* qué regiones son microaneurismas y cuales no, como es obvio).

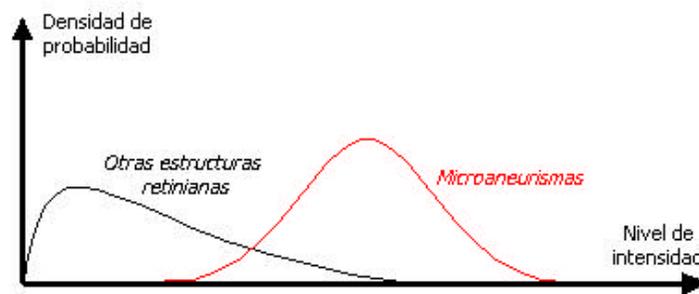
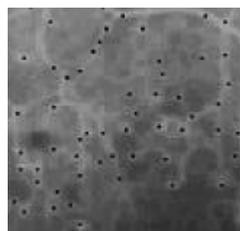


Figura 3.36: Ejemplo de solapamiento de los histogramas

que llamaremos **semillas**, y que son un subconjunto de los máximos locales que

De este modo, a la salida de esta etapa nos encontramos con un conjunto de coordenadas o posiciones de píxeles

entraban en el bloque. Continuando con el ejemplo que se viene desarrollando, en la Figura 3.37 se muestran las semillas superpuestas sobre la imagen original, en lo



Zona ampliada de la imagen semilla, donde se aprecian los píxeles marcados en negro (semillas)

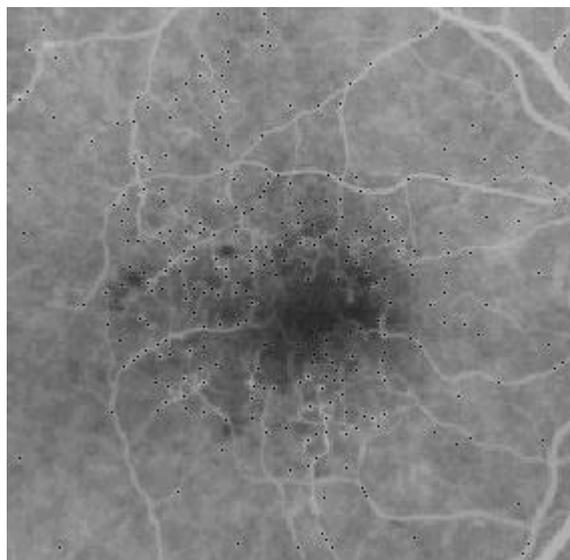


Figura 3.37: Imagen semilla

que se denomina **imagen semilla**. Obsérvese como son sólo un subconjunto de los máximos locales que aparecían en la Figura 3.35, y que corresponden a las estructuras principales y candidatas a ser microaneurismas que se destacaron en la imagen preprocesada (Figura 3.31). El porcentaje de semillas validadas del conjunto original es variable, dependiendo de la imagen, y se darán resultados en el capítulo 4, pero, a modo de ejemplo, indicar que en la imagen anterior se ha validado menos del 12% de los máximos locales

detectados (en concreto, en el ejemplo se han obtenido 296 semillas). Como se ha explicado en las líneas precedentes, cada una de las semillas validadas será utilizada en el bloque que sigue para hacer crecer a su alrededor una región, de forma que tengamos segmentadas las regiones candidatas a ser microaneurismas.

➤ Crecimiento de regiones

En este momento, en base al resultado del paso anterior (esto es, un conjunto de máximos locales validados o semillas), se procede a la **segmentación de las regiones candidatas a ser microaneurismas**. Esta segmentación se llevará a cabo mediante un método de crecimiento de regiones a partir de una semilla, de los cuales se han diseñado tres. Es importante también reseñar que tenemos dos entradas a este bloque: la imagen preprocesada y el conjunto de semillas validadas en el bloque anterior. Así, como ya se reflejó en el esquema de la Figura 3.1 (al inicio de este capítulo) la segmentación se lleva a cabo a partir de la imagen preprocesada.

Con este fin, se han implementado **tres métodos de segmentación**, cada uno de los cuales está disponible en el interfaz gráfico del programa (**IRIS**), como se detallará en su momento. Todos estos métodos dan resultados positivos, y son los que siguen:

- ❶ **Crecimiento de regiones por adición de píxeles con condiciones de parada**
- ❷ **Crecimiento de regiones por multitolerancia**
- ❸ **Crecimiento de regiones por subida de pendiente (*Hill-Climbing*)**

Si el usuario no lo modifica *ex profeso*, se segmentará utilizando el método de Hill-Climbing

Los tres métodos pueden seleccionarse dentro del interfaz, como se ha dicho, aunque el que se ha decidido que el algoritmo use **por defecto**, por sus magníficos resultados, es el tercero (*Hill-Climbing*).

Como los tres métodos están disponibles, se detallarán a continuación cada uno de ellos, tras lo cual se compararán sus resultados, indicando sus fortalezas y debilidades. Resaltar que **la segmentación con cualquiera de los tres es perfectamente válida**, y es por ello por lo que se permite configurar cual desea utilizarse.

☑ **Crecimiento de regiones por adición de píxeles con condiciones de parada**

Este método es el clásico algoritmo de crecimiento de regiones: a partir de un píxel de la región, llamado **semilla** (que procede, en nuestro caso, de la etapa anterior, con lo cual el método es totalmente automático), se van añadiendo píxeles que estén conectados al mismo, y así sucesivamente, mientras los píxeles a añadir cumplan con la **condición o condiciones de pertenencia a la región** (también llamadas **condiciones de parada**, porque es cuando ningún píxel candidato a añadirse las cumple cuando se detiene el crecimiento y la región queda definida (segmentada)).

Como el método es simple, la particularidad la constituyen las citadas condiciones de parada. Se han elegido dos, que son las que siguen:

- ① **Intensidad**
- ② **Conectividad**

La **condición de intensidad** impone que todos los puntos pertenecientes a la región deben tener un **valor de intensidad (nivel de gris) mayor a cierto porcentaje del valor del píxel del que proceden** (inicialmente la semilla, pero posteriormente otros píxeles de valor menor), y, como esto va haciendo disminuir el nivel de gris, se limita el mínimo imponiendo que además **los píxeles añadidos deban ser mayores a otro porcentaje del valor del píxel semilla** (máximo local de su entorno). El problema es, obviamente, la fijación de los porcentajes de forma que la segmentación sea satisfactoria. Así, si estos porcentajes son muy elevados, la segmentación de la región será ineficaz, porque quedarán fuera del área marcada píxeles que, visualmente, forman parte de la región. Por contra, unos porcentajes demasiado bajos puede hacer que tengamos regiones mayores a lo que realmente son. Podemos, pues, ver la importancia de estos parámetros y la dificultad de su fijación, hechos que hacen, como se explicará posteriormente, que este método de crecimiento de regiones sea el menos utilizado de los tres disponibles.

Sin embargo, es mucho más restrictivo e importante el primer porcentaje (el de relación con el píxel precedente) que el segundo (la relación absoluta con el píxel semilla de la región). Por tanto, centraremos nuestro esfuerzo en la elección del primer porcentaje, siendo el segundo mucho menos restrictivo, comprobándose que, habitualmente, el que pone fin a la segmentación de la región

es el primero. Así pues, para la elección de este primer porcentaje se han manejado dos argumentos (que confluyen en la misma elección):

❶ **Resultados empíricos:** la experiencia y testeo de diversos porcentajes con distintas imágenes nos arrojan resultados complicados, ya que los porcentajes que en unas imágenes son perfectos en otras no lo son tanto. Finalmente, se toma un porcentaje del **90% de la intensidad del píxel semilla**, lo que aporta resultados satisfactorios.

❷ **Pendiente de los microaneurismas:** tras analizar numerosas regiones que se sabían, *a priori*, microaneurismas, se observan resultados como los de la Figura 3.38, esto es, a partir del píxel semilla la pendiente de decrecimiento está por encima del 92% en general (esta pendiente es mantenida, esto es, los píxeles que se añaden a partir del píxel semilla deben tener un valor mayor a un porcentaje (el que

El decir que la pendiente de decrecimiento es mayor a P% implica que el píxel anexo a cierto píxel origen tiene, como mínimo, un P% del valor de este

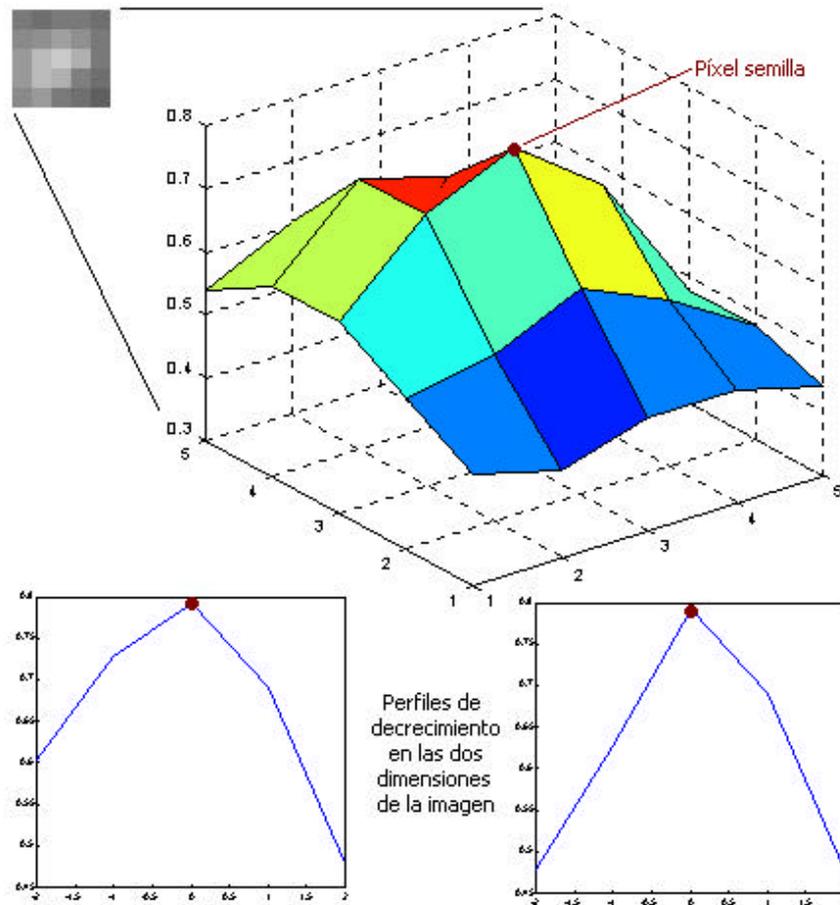


Figura 3.38: Representación de la superficie de un microaneurisma tipo

buscamos) de dicho píxel semilla, pero lo que se añadan a partir de un píxel no semilla deben ser mayores al mismo porcentaje pero del píxel a partir del que se añaden, no de la semilla). Sin embargo, por convergencia con el anterior criterio y por flexibilidad, **se fija el porcentaje en el 90%**.

Respecto al segundo porcentaje, el que da un mínimo absoluto permitido de intensidad para la región (al que, en general, no se llega, porque se incumplió

previamente el primer criterio), decir que su función es evitar que, por circunstancias, la región pueda crecer indefinidamente. Esto puede pasar porque, como se aprecia en la Figura 3.39, donde aparecen perfiles de decrecimiento basados en distintas pendientes (constituyen la base de la operación, mientras el exponente x es la distancia al píxel semilla), son funciones monótonas decrecientes cuyo límite inferior es el cero, esto es, se validaría cualquier píxel. De este modo, se aprecia la conveniencia de un límite, que se ha establecido en el algoritmo diseñado en un **50% del valor del píxel semilla**.

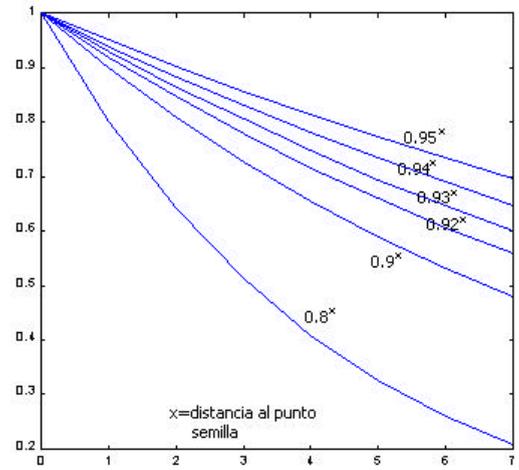


Figura 3.39: Funciones decrecientes con distinta base

En otra dirección aparece el segundo criterio de parada: la **conectividad**. Este criterio pretende evitar el crecimiento de regiones lineales, esto es, eventuales segmentos de árbol vascular que permanecieran, como ya se anticipó en la etapa de preprocesado, en la entrada de esta fase, es decir, la imagen preprocesada. Para hacer esto, se han impuesto fuertes **condiciones de conectividad**: salvo en el caso de los dos primeros píxeles de cada región, sólo podrá añadirse un nuevo píxel cuando tenga como vecinos, al menos, dos píxeles previamente añadidos a la región. Esta restricción evitará en gran medida la segmentación de objetos lineales.

Conviene aclarar qué se entiende por "vecinos". Comúnmente, se consideran dos formas de conectividad o vecindad de un píxel, aunque pueden definirse tantas como se deseen (independientemente de su utilidad, por supuesto). Estas dos formas comunes son las que se ilustran en la Figura 3.40:

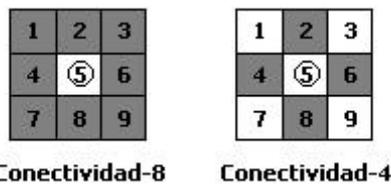


Figura 3.40: Tipos clásicos de conectividad

En la figura, se considera que el píxel cuya conectividad se estudia es el central (el número cinco), y que, en cada caso, los píxeles que se consideran vecinos de éste son los que aparecen sombreados.

Para aumentar la restrictividad se ha utilizado conectividad-4

Explicado el concepto de vecindad, en el método diseñado se ha buscado, como se indicó antes, imponer condiciones restrictivas de conectividad. Por tanto, se ha exigido que los dos píxeles vecinos previamente agregados se consideren bajo la vecindad que define la conectividad-4. La aplicación de conectividad-4, junto con el criterio de intensidad antes definido, dan unos resultados de segmentación mucho mejores que con conectividad-8, de manera que la experiencia confirma el diseño realizado.

Aunque posteriormente se realizará una comparativa de los métodos de segmentación, se incluye aquí el **resultado de la segmentación** superpuesto sobre

Se observa que en algunas regiones la segmentación es menor de lo que debería, puesto que hay zonas que visualmente pertenecen a la región pero no han sido segmentadas

la imagen original (nótese que, en el algoritmo, la salida de esta etapa no es en sí una imagen, aunque nos referiremos a esta superposición como **imagen segmentada**, sino un conjunto de regiones candidatas a ser microaneurismas, cada una de las cuales agrupa varios píxeles). Este resultado se muestra en la Figura 3.41, obtenida a partir de las semillas de la etapa anterior y con conectividad-4. Como último comentario, indicar que este método es el que ofrece peores resultados de los tres que se han habilitado, aunque la información que proporciona es totalmente válida. Esta menor eficacia se atribuye, principalmente, a la dependencia de parámetros subjetivos de difícil ajuste y al **erróneo modelado** que éstos hacen de los microaneurismas, ya que, como se ha indicado repetidamente, la aproximación más correcta es una gaussiana bidimensional, mientras que aquí se intenta aproximar, como se explicó, por una función exponencial con base constante.

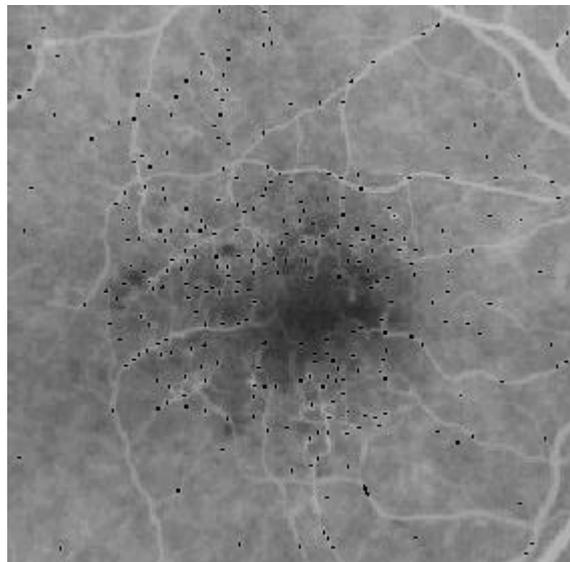


Figura 3.41: Imagen segmentada por el primer método

☑ **Crecimiento de regiones por multitolerancia**

Este algoritmo es, conceptualmente, algo más complejo que el anterior, con el beneficio de que proporciona unos resultados mejores. El método, propuesto por *Shen, Rangayyan y Desautels* en 1993, parte de la existencia de una **semilla** (que, como se explicó, se obtiene de forma automática en los bloques anteriores), a partir de la cual se hace crecer una región en base a **condiciones variables**.

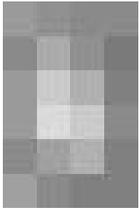
De este modo, a partir del píxel semilla y de los que sean añadidos a la región, se incluyen píxeles vecinos (a partir del concepto de **conectividad-4**) que satisfacen la condición

$$(1 + t) \frac{F_{máx} + F_{mín}}{2} \geq p \geq (1 - t) \frac{F_{máx} + F_{mín}}{2}$$

donde p es el valor de intensidad del píxel candidato a añadirse, t es el parámetro de tolerancia, y $F_{máx}$ y $F_{mín}$ son, respectivamente, el máximo y el mínimo valor de intensidad de la región obtenida hasta el momento presente (es decir, van cambiando conforme la región se va extendiendo).

Conviene aclarar algo más el carácter de estos valores: en realidad, **ninguno de ellos es un parámetro**, esto es, no hay que dar valores subjetivos como pasaba en el método de segmentación inicial, lo que hace que estos

resultados sean más independientes. Así, el valor de t no lo selecciona el usuario: su valor óptimo se determina automáticamente para cada región segmentada mediante la repetición del crecimiento de la región con un t distinto cada vez, estando contenidos estos valores de t entre 0.01 y 0.4 con pasos de $s=1/v$, donde v es el valor en 8 bits del píxel semilla (esto es, el valor entre 0 y 255 del píxel semilla; como en las imágenes que trata nuestro método los valores van entre 0 y 1, se realiza la adaptación multiplicando estos valores por 255, con lo cual se obtiene un valor v válido para este algoritmo de multitolerancia).



Ejemplo de región que es un microaneurisma

De cada región segmentada con un nivel de tolerancia t distinto se extraen tres características: **compactitud de la región**, **centro de gravedad** y **tamaño**. Así, para cada región, el algoritmo determina el valor de t que supone el **cambio mínimo** en el vector que agrupa las tres características anteriores respecto al valor de t anterior en la secuencia. Este cambio mínimo se evalúa mediante la computación de una distancia normalizada entre vectores consecutivos. De esta forma, el vector con mínima distancia respecto al anterior indica el valor óptimo de t , que será el finalmente validado para esa región (evidentemente, hay que repetir todo el procedimiento para cada región).

A continuación se presentan las definiciones que se han utilizado para evaluar las tres características mencionadas de cada iteración de t . En primer lugar, si asignamos un sistema de coordenadas a la imagen, independientemente de donde esté el origen (en Matlab y C, lenguajes utilizados, se ha considerado que el origen está en la esquina superior izquierda de la imagen, pero esto no es determinante ni supone ningún cambio en la expresión), cada píxel de la región tiene una posición que se expresa mediante un vector bidimensional $r=(r_x, r_y)$ y un valor $f(r_x, r_y)$. De esta forma, se obtiene el **centro de gravedad** de la región con las expresiones:

$$c_x = \frac{\sum_{\forall x} r_x \cdot f(x, y)}{\sum_{\forall x, y \in \text{región}} f(x, y)} \quad c_y = \frac{\sum_{\forall y} r_y \cdot f(x, y)}{\sum_{\forall x, y \in \text{región}} f(x, y)}$$

donde los sumatorios se extienden a todos los píxeles de la región.

Por su parte, para definir la **compactitud** de la región se ha considerado que el paradigma de lo compacto es el círculo, ya que tiene todas sus dimensiones iguales. Así, para cada región se han localizado la dimensión mayor y la dimensión menor, y se expresa la compactitud como sigue:

$$Compactitud = \frac{\text{dimensión menor}}{\text{dimensión mayor}}$$

lo que supone que el máximo posible de compactitud es 1 (esto es, el 100%).

Por último, la caracterización del **tamaño** es sencilla: el tamaño de una región es el número de píxeles que contiene. De este modo, se crea un tamaño relativo, medido en píxeles en lugar de en unidades de superficie.

Así, el **cambio global** se mide como la suma de las diferencias en cada una de las características particulares, de forma que buscaremos, para la determinación de t , el **mínimo cambio global**.

A modo de ejemplo, en la Figura 3.42 se muestra el resultado de la segmentación por multitolerancia superpuesto sobre la imagen original. Incidir, como se hizo en el método de segmentación anterior, en que el resultado de esta etapa no es en si una imagen, sino un conjunto de coordenadas de píxeles que conforman cada una de las regiones. Se aprecian los buenos resultados que se obtienen, con el inconveniente de que, como puede intuirse de la explicación del funcionamiento de la multitolerancia, la **complejidad computacional** de este método de segmentación es elevadísima,

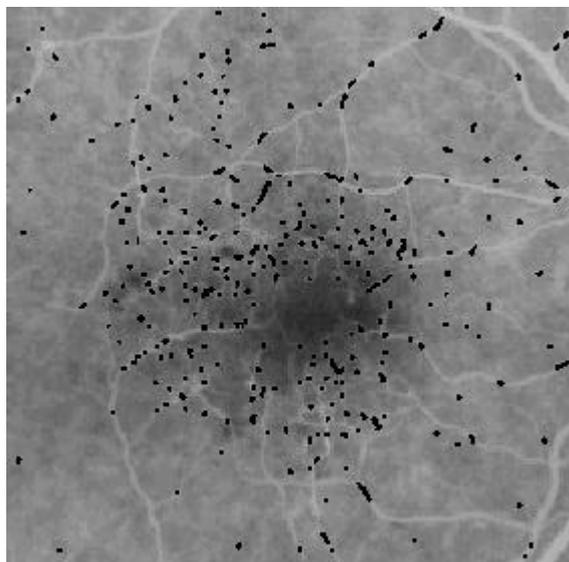


Figura 3.42: Imagen segmentada por el método de multitolerancia

mucho mayor que en cualquier otro, ya que la segmentación de cada región se realiza numerosas veces para obtener la t óptima.

☑ **Crecimiento de regiones por subida de pendiente (Hill-Climbing)**

Este método es el que se utiliza en general y por defecto en nuestro algoritmo de detección, al ser el que **mejores resultados** ofrece, haciéndolo además en un tiempo reducido. Su utilización en procesos de detección de microaneurismas es **completamente novedosa**, ya que es una evolución de un método propuesto por *Isaac N. Bankman* y sus colaboradores para la segmentación de microcalcificaciones en mamografías. Sin embargo, tras la consulta de numerosos métodos de segmentación, se ha optado por este ya que, a causa de basarse en características de las microcalcificaciones que también presentan los microaneurismas, es especialmente útil (y fácilmente adaptable) para nuestro objetivo.

Así pues, este tercer método es el que en realidad y por defecto se utiliza en el algoritmo de detección, constituyendo **una innovación en el área que nos ocupa** por su novedosa utilización y la adaptación que del mismo se ha realizado.

El método se basa en el hecho de que, en una imagen dada $f(x,y)$, el borde de un microaneurisma (originalmente una microcalcificación) que se pretende segmentar es un contorno cerrado alrededor de un píxel (x_0, y_0) , que es el **máximo local de intensidad**. Evidentemente, esto encaja de manera perfecta en nuestro algoritmo de detección, ya que las semillas que se obtuvieron de forma automática en los bloques anteriores son, precisamente, los máximos locales.

Este método fue concebido inicialmente para segmentación de microcalcificaciones

De este modo, partiendo de dicho píxel (x_0, y_0) , se define para cada píxel (x, y) un **valor de pendiente** $s(x, y)$ respecto a $f(x_0, y_0)$ que atiende a la siguiente expresión:

$$s(x, y) = \frac{f(x_0, y_0) - f(x, y)}{d(x_0, y_0, x, y)}$$

donde $d(x_0, y_0, x, y)$ es la distancia euclídea entre el máximo local y semilla (x_0, y_0) y el píxel (x, y) . Así, se considera que un píxel está en el borde si presenta el máximo valor de $s(x, y)$ en una línea con origen el píxel máximo local. Para abundar un poco más en esto, consideremos que $p(n)$, con $n=0, \dots, N-1$, representa a N píxeles consecutivos, comenzando en el máximo local ($n=0$), a lo largo de una línea recta en una dirección k .

El número N no constituye una elección crítica mientras sea **mayor al máximo número de píxeles que se esperan entre el máximo local y el contorno** (en nuestro caso, al máximo radio previsto de un microaneurisma). Así, entre los píxeles $p(n)$, el píxel en el que $s(x, y)$ es máximo se toma como un **píxel contorno en esa dirección**, y se denota como $e(k)$. Este procedimiento se repite en 16 direcciones equiespaciadas con origen el píxel semilla, lo que resulta en el conjunto de puntos contorno $e(k)$, donde $k=1, \dots, 16$. Igualmente, para cada dirección, todos los píxeles entre el píxel contorno y el máximo local (considerando este último pero no el píxel contorno) son **marcados** (esto es, incluidos dentro de la región), lo que resulta en **16 líneas radiales de píxeles marcados**. Este detalle constituye una variación respecto al método original de Bankman: en él, también se marcaban como incluidos en la región los píxeles contorno, cosa que no haremos aquí puesto que se obtienen mejores resultados de segmentación con la variación enunciada.

Los píxeles contorno $e(k)$ no se incluyen dentro de la región segmentada

Conviene aquí hacer un inciso: Si N es un valor elevado, quedarán huecos dentro de la región, por lo que habrá que seguir completando la región, utilizando cada píxel marcado como un nuevo píxel semilla, y rellenar los huecos amén de cerrar el contorno. Sin embargo, esto no será necesario en el caso de los microaneurismas, ya que tendremos un valor de N (esto es, el máximo "radio" esperado de la región) bastante bajo, concretamente se utilizará un valor $N=4$ (en imágenes de 256×256 o similares, extendiéndose proporcionalmente a otros tamaños), **permitiéndose su modificación** dentro de las opciones avanzadas del interfaz **IRIS**.

permitiéndose su modificación dentro de las opciones avanzadas del interfaz **IRIS**.

De este modo, partiendo de un píxel semilla (x_0, y_0) , podemos ver en la Figura 3.43 las 16 direcciones radiales y equiespaciadas que de él parten. Estas direcciones están numeradas para poder aclarar, en la Figura 3.44 (página siguiente), los píxeles que pertenecen a cada dirección.

La distancia angular entre dos líneas adyacentes es de $\pi/8$ radianes

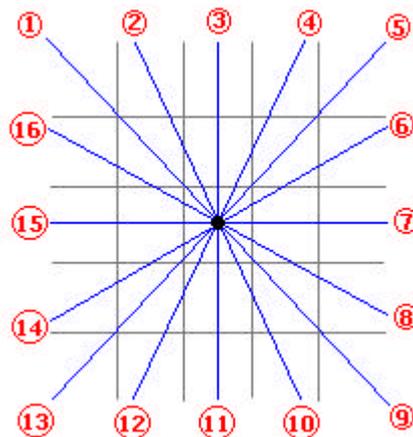
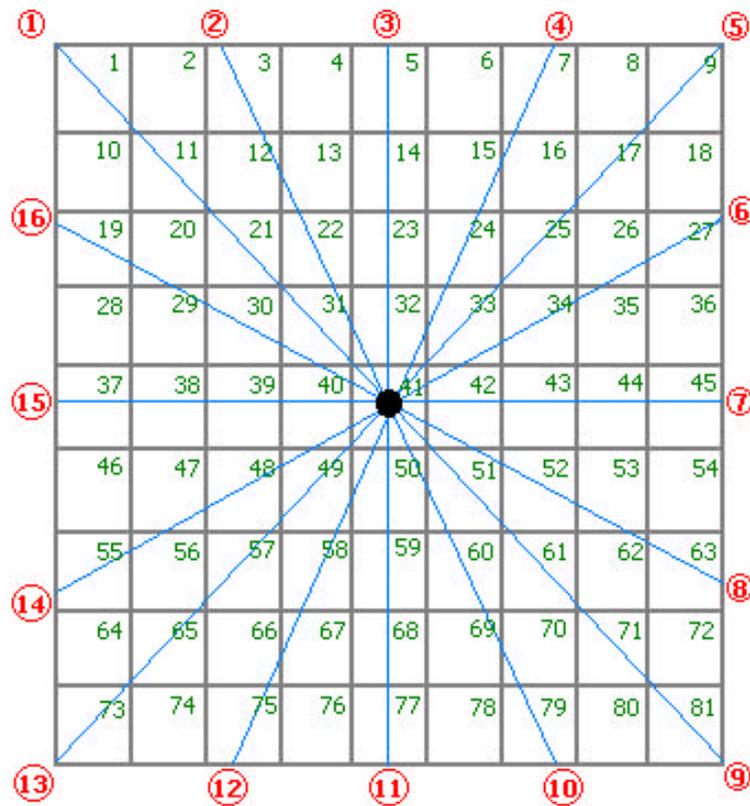


Figura 3.43: Las 16 líneas radiales en las que se realiza la búsqueda del contorno

Esta figura es sólo una referencia de píxeles para las distintas direcciones con $N=4$, pero en realidad el algoritmo calcula automáticamente, a partir del valor de N introducido, cuales son los píxeles que mejor se ajustan en cada caso a las direcciones requeridas



- Dirección 1: píxeles 1,11,21,31
- Dirección 2: píxeles 3,13,22,32
- Dirección 3: píxeles 5,14,23,32
- Dirección 4: píxeles 7,15,24,32
- Dirección 5: píxeles 9,17,25,33
- Dirección 6: píxeles 27,35,34,42
- Dirección 7: píxeles 45,44,43,42
- Dirección 8: píxeles 63,53,52,41
- Dirección 9: píxeles 81,71,61,51
- Dirección 10: píxeles 79,69,60,50
- Dirección 11: píxeles 77,68,59,50
- Dirección 12: píxeles 75,67,58,50
- Dirección 13: píxeles 73,65,57,49
- Dirección 14: píxeles 55,47,48,40
- Dirección 15: píxeles 37,38,39,40
- Dirección 16: píxeles 19,29,30,40

Figura 3.44: Referencia de píxeles correspondientes a las direcciones radiales

Debido al relativamente bajo valor de N (en realidad es excesivamente elevado, puesto que un diámetro de 8 píxeles es demasiado para un microaneurisma en el rango de tamaños de imágenes que se han estado utilizando, y si lo hubiera posiblemente se habría eliminado con el filtrado Top-Hat), habrá píxeles que se validen varias veces, debido al solapamiento de las direcciones angulares. Es por esto por lo que, en regiones tan pequeñas, no es necesaria una complicación adicional del método de segmentación para rellenar los huecos, ya que no existirán. Además, y como elemento ilustrativo de la bondad del método, mencionar que en las líneas de N píxeles que parten del píxel semilla, rara vez el píxel seleccionado es el último de la línea, y que, además, los resultados son prácticamente idénticos si se incrementa ligeramente N (por ejemplo, $N=5$), aunque debe tenerse cuidado porque aumentar mucho N haría que entrásemos, con toda probabilidad, en otras regiones, lo que falsearía la segmentación, y además crearía huecos dentro de la región segmentada que habría que rellenar.

Antes de terminar este apartado, resulta interesante incidir en el porqué del nombre del algoritmo (subida de pendiente o *Hill-Climbing*): si observamos los

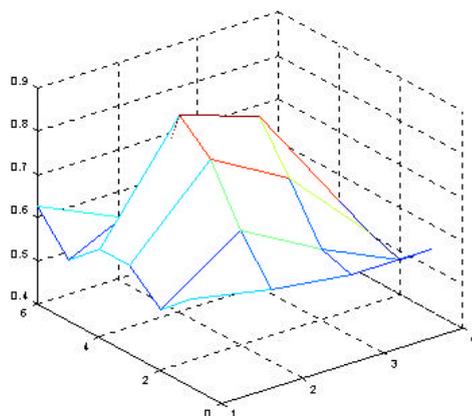


Figura 3.45: Representación tridimensional de un microaneurisma

microaneurismas en una representación tridimensional (Figura 3.45), podemos ver que se asemejan a una montaña, cuya cima es el máximo local previamente validado como semilla. Así, desde cualquier dirección que abordemos el microaneurisma estaremos **subiendo una pendiente**, cosa que, por otra parte, ya era conocida, puesto que se ha reiterado en las páginas precedentes el modelado de los microaneurismas como gaussianas bidimensionales.

El resultado de la segmentación de las regiones de la imagen preprocesada utilizando como semillas las obtenidas de los bloques anteriores se observa en la Figura 3.46, superpuesto a la imagen original. Esta **imagen segmentada** será la que utilicemos en la siguiente etapa del método de detección, ya que, como se indicó más arriba, **este algoritmo de segmentación es el que utilizaremos por defecto**, al proporcionar los mejores resultados en un tiempo de procesamiento generalmente menor a los demás.

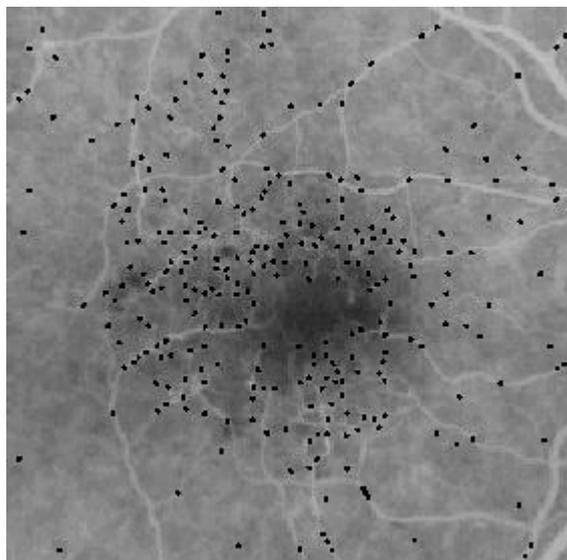


Figura 3.46: Imagen segmentada por el método Hill-Climbing

☑ **Comparación de los métodos de segmentación propuestos**

En los apartados anteriores se han expuesto los tres métodos de segmentación de regiones que se encuentran disponibles en el algoritmo de detección, ya que podrá configurarse cual de ellos desea utilizarse dentro del interfaz **IRIS**. Los tres, como ya se dijo, proporcionan resultados parecidos y, en todos los casos, **perfectamente válidos y muy adecuados a nuestros fines**. Sin embargo, por defecto el algoritmo utiliza el de *Hill-Climbing*, ya que proporciona unos muy buenos resultados con un coste computacional reducido o, cuanto menos, muy aceptable.

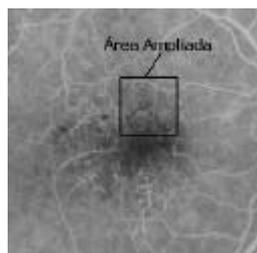
El primer método de segmentación, el de **crecimiento de regiones por adición de píxeles con condiciones de parada**, es muy adecuado si se seleccionan los parámetros de forma correcta, pero, como ya se indicó en su

momento, esto es extremadamente complicado, debido a las diferentes características de distintas imágenes. Además, el hacerlo para una misma imagen de forma totalmente satisfactoria podría conllevar numerosos ensayos, ya que, recordemos, es un proceso manual (que lleva a cabo el usuario). Por otra parte, computacionalmente es bastante efectivo, pero si los parámetros manuales no están bien ajustados puede producirse un crecimiento inesperado de regiones bastante extensas, incrementándose sustancialmente el tiempo de proceso. En resumen, obtiene unos **buenos resultados en tiempos adecuados**, pero su utilización implica necesariamente la **selección manual de parámetros** por parte del usuario, lo que, además de ser poco deseable, puede estropear todas las características positivas del método si no se hace de forma correcta.

En cuanto al segundo algoritmo, el de **crecimiento de regiones por multitolerancia**, subsana esta dependencia de parámetros manuales, así como de estimadores estadísticos locales o globales. Sin embargo, conlleva la realización de múltiples segmentaciones para cada estructura de la imagen, y la computación de características durante cada segmentación. Todo esto redundará en un coste computacional muy elevado, que implica que el tiempo de segmentación de una imagen con este algoritmo es sustancialmente más elevado que en los dos anteriores. Pese a esto, sus resultados son muy buenos, siendo especialmente adecuados para regiones con muchos entrantes y salientes (esto es, poco compactas), aunque no serán precisamente este tipo de áreas las que nos encontremos en estas imágenes. Así, obtenemos unos **resultados muy precisos** en cuanto a salientes y entrantes, pero a costa de un **tiempo de procesamiento excesivamente alto**. Su aplicación es especialmente adecuada cuando se quiere segmentar alguna imagen ampliada donde los microaneurismas ocupen una cantidad elevada de píxeles, ya que en estas circunstancias es conveniente tener mucha precisión, aún a costa de un mayor tiempo de procesamiento.

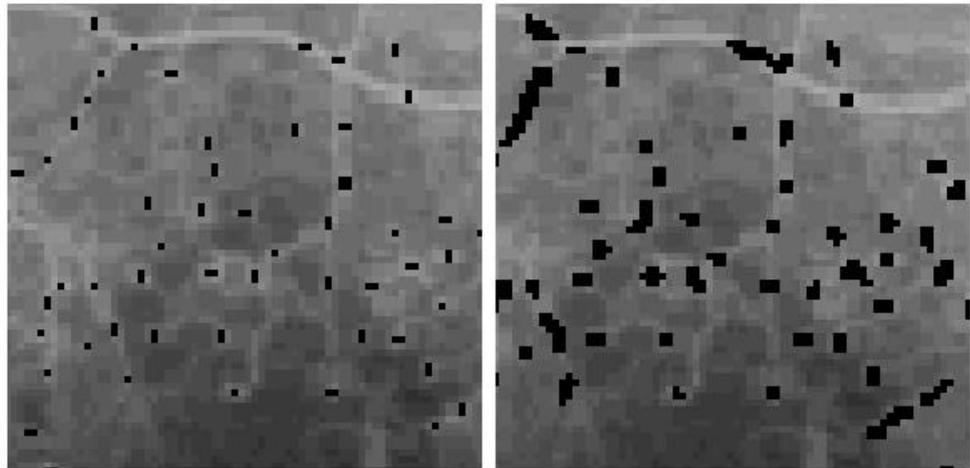
En tercer lugar aparece el elegido: el de **crecimiento de regiones por subida de pendiente** o *Hill-Climbing*. Ya se ha explicado su funcionamiento, y se puede deducir de él que es un **método bastante rápido**, ya que existe una cantidad de píxeles que se validan directamente por estar contenidos entre el máximo local y el píxel contorno, aunque existen píxeles que se validan varias veces. Sin embargo, en regiones pequeñas como son los microaneurismas en los angiogramas (aún cuando sólo nos centremos en la región macular), **los resultados que se obtienen son muy precisos y adecuados**, siendo, como se ha dicho, un algoritmo rápido. Es por ello por lo que es el utilizado en la detección de microaneurismas en nuestro método, salvo que el usuario del programa (en su interfaz gráfico **IRIS**) lo determine de otra forma. La única circunstancia en que se desaconseja este algoritmo es en regiones de tamaño considerable, ya que tras las modificaciones que se han añadido para adaptarlo a los microaneurismas y aumentar su velocidad no se contempla el relleno de la región, y en una región grande quedarán, con casi total probabilidad, huecos debidos a las direcciones radiales, que no cubrirían toda la superficie.

Área ampliada
en la Figura 3.47



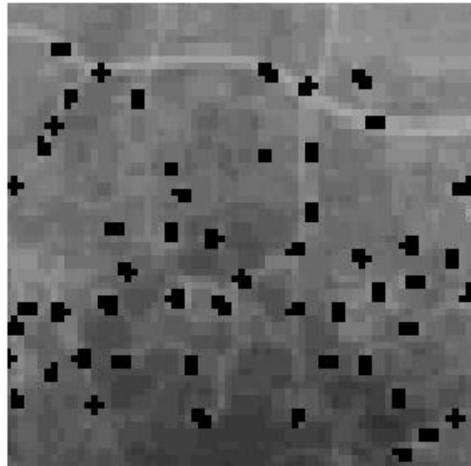
Por último, y para acabar con el bloque de crecimiento de regiones, se incluyen en la Figura 3.47 ampliaciones del resultado de segmentar con cada uno de los tres métodos expuestos (no se ha segmentado sobre las ampliaciones, sino que

se ha ampliado la segmentación). Pueden observarse las diferencias en cada caso, pese a lo cual se obtienen resultados muy parecidos, y es por ello por lo que, en general, cualquiera de los tres será válido, siendo el preferido, no obstante, el de



Ampliación de la segmentación con condiciones de parada

Ampliación de la segmentación por multitolerancia



Ampliación de la segmentación por Hill-Climbing

Figura 3.47: Ampliaciones de zona central de las imágenes segmentadas por los tres métodos

Hill-Climbing, cuya salida, que aparecía en la Figura 3.46 superpuesta a la imagen original (recuérdese que el resultado real de esta etapa es un conjunto de puntos agrupados en regiones, no una imagen), será una de las entradas de la siguiente etapa.

➤ Validación de microaneurismas

Este bloque constituye el paso final: determina si cada región es o no un microaneurisma

Tras un largo camino, el bloque anterior finalmente proporcionó una serie de regiones segmentadas candidatas a ser microaneurismas. Todas estas regiones tienen una forma aproximadamente circular vista en planta, al provenir de la imagen preprocesada, pero poseen distintas características de intensidad y contraste.

Así, en este bloque de validación se lleva a cabo la parte principal de todo el algoritmo de detección: la **toma de decisión acerca de si una región candidata es o no un microaneurisma**. Para ello utilizaremos ciertos **criterios de**

validación, que utilizarán la información de la que disponemos para cada una de estas regiones. Esta información se encuentra en tres imágenes de características muy distintas entre si: la **imagen original**, la **imagen normalizada** y la **imagen preprocesada**.

En concreto, se utilizarán tres criterios de validación: **criterio de intensidad**, **criterio de contraste** y **criterio de forma**. A continuación se detallará cada uno de ellos, pero puede adelantarse el hecho de que los dos primeros son criterios comunes (aunque posiblemente no con los estimadores ni los umbrales diseñados), mientras que el tercero es un criterio completamente novedoso en el área de la detección de microaneurismas, diseñado *ex profeso* para el método que aquí se presenta, lo que constituye un avance en esta materia, al ser el que proporciona una mejor discriminación entre microaneurismas y otras estructuras retinianas candidatas a serlo.

Cada criterio evalúa un aspecto muy concreto, ninguno de ellos determina globalmente la validación de una región. Esta separación de objetivos los hace bastante independientes entre si

Antes de detallar cada uno de los criterios y su utilización final (ya que se les otorgará, como veremos, una cierta ponderación), conviene centrar un poco el problema. Puesto que el objetivo es decidir si una región dada se considera o no microaneurisma, parece lógico utilizar las características de los mismos enunciadas en el apartado correspondiente en este mismo capítulo. De esta forma, deberemos ajustar los criterios de validación para que, de forma directa o indirecta, evalúen si cada región candidata cumple o no los requisitos. Dejando aparte el tamaño, que ya se ha considerado tanto en los filtrados morfológicos como en el crecimiento de regiones, deben buscarse características tales como la **hiperfluorescencia** y la **forma gaussiana**. La primera la evalúan los criterios de intensidad y contraste, como se verá, mientras que la segunda es medida por el criterio de forma, que se basa en un banco de correladores bidimensionales.

☑ **Criterio de intensidad**

Este primer criterio tiene el objetivo de **verificar si una región dada presenta hiperfluorescencia** respecto al resto de la imagen, o, más concretamente, respecto a su entorno. De este modo, para cada región se calculará un valor de este parámetro, que denotaremos **parámetro de intensidad**, y que se basa en la diferencia entre las intensidades medias de una región y de su entorno (del que habrá que definir su anchura). Sin embargo, la experiencia demuestra que esta simple diferencia no proporciona un grado satisfactorio de discriminación entre microaneurismas y otras regiones, así que se consideró la inclusión de un **factor de ponderación g** que incluye información tanto de la imagen normalizada como de la imagen original (cuando no se indica a qué imagen pertenece el promedio, se considera que es a la **normalizada**).

Así, el parámetro de intensidad, X_i , sigue la expresión:

$$X_i = g \cdot [(intensidad\ promedio\ región) - (intensidad\ promedio\ contorno)]$$

donde

$$g = \left(\frac{\text{intensidad promedio región}}{\text{int. prom. región en im. original}} \right) \cdot \left(\frac{\text{int. prom. contorno en im. original}}{\text{intensidad promedio contorno}} \right)$$

Debido al carácter circular de los microaneurismas frente al lineal de los vasos, g será mayor en el caso de los primeros, lo que ayuda a que el parámetro de intensidad sea selectivo

El umbral elegido se adapta a cambios en las características de la imagen y se adapta muy bien al parámetro de intensidad

El sombreado oscuro es la primera línea del contorno, mientras que el sombreado claro constituye la segunda

Previamente a la adopción definitiva de la fórmula precedente como parámetro de intensidad se experimentó con distintas y muy variadas expresiones que reflejaran la intensidad tal y como quería medirse. Concretamente, se realizaron grandes esfuerzos en la determinación del factor de ponderación g sin que ninguno de los intentos previos al expresado resultara totalmente satisfactorio. Finalmente, los resultados obtenidos con la expresión anterior resultaron convincentes en todas las imágenes utilizadas como prueba, lo que supuso su elección. Como puede observarse, dicho factor de ponderación lleva a cabo un cociente de intensidades "normalizadas", esto es, relaciona la intensidad promedio de la región en la imagen normalizada con la intensidad promedio del contorno en la misma imagen, estando ambas cantidades, a su vez, divididas por los mismos promedios pero esta vez calculados sobre la imagen original.

Como se ha dicho, para cada una de las regiones candidatas se calcula este parámetro de intensidad, que a continuación se comparará con un umbral que se obtiene **de forma automática** por parte del algoritmo. Este umbral es global, esto es, es el mismo para todas las regiones candidatas, y, para hacerlo lo más versátil posible ante diferencias en las distintas imágenes, está basado en la determinación de algunas características genéricas de la imagen, como son, por ejemplo, la media (m), la desviación típica (s) y el rango dinámico (RD). Así, la expresión de este **umbral para el criterio de intensidad** es la que sigue:

$$Umbral = RD - (m - s) = RD - m + s$$

donde todos los valores están referidos a la **imagen normalizada**.

Sobre esta fórmula pueden hacerse consideraciones idénticas a las que se realizaron respecto al parámetro de intensidad, esto es, la búsqueda en el proceso de diseño de diversos umbrales que se ajustaran a los distintos parámetros de intensidad que fueron probados. Así, por complejas o poco intuitivas que parezcan las expresiones del parámetro o del umbral de intensidad, son el resultado de un arduo proceso de búsqueda, y son unas expresiones que permiten un buen funcionamiento y una discriminación adecuada, además de interrelacionarse perfectamente, es decir, el umbral se adapta a los rangos que, para cada imagen, proporciona el parámetro de intensidad.

Este criterio presenta las complejidades habituales de la existencia de parámetros subjetivos, como en este caso son el ancho del entorno que se considera para hacer los promedios y la propia existencia de un umbral. En cuanto al **ancho del entorno**, se ha optado por elegir un valor de **dos filas de píxeles**, como se ilustra en la Figura 3.48, donde los píxeles blancos centrales constituyen (de forma esquemática) una región segmentada, y los píxeles sombreados constituyen su entorno. Por otra parte, la subjetividad del umbral es inherente al proceso, por cuanto no se ha encontrado ningún parámetro de intensidad tal que proporcionara el ansiado histograma bimodal en los valores de dicho parámetro y que, por

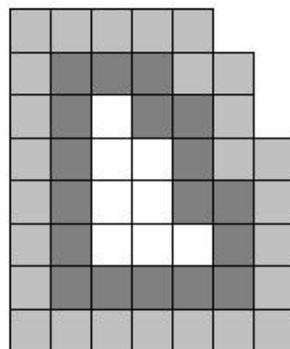


Figura 3.48: Entorno de ancho $N=2$ de una región

ende, permitiese una umbralización óptima, pero hay que incidir en que, pese a esto, se ha diseñado el proceso de forma que esta validación sea eficaz.

Por último, indicar que, como se aclarará más adelante dentro del apartado de utilización de los criterios, **el hecho de que una región incumpla este criterio no le imposibilita el ser validada como microaneurisma**, debido a la ponderación de los criterios que se explicará. En cualquier caso, conviene indicar que la práctica totalidad de los microaneurismas que se validan cumplen este criterio, lo que da idea de su bondad, pero también se dan por válidas algunas regiones que no son microaneurismas, como por ejemplo los restos del árbol vascular, lo cual es lógico y esperado, ya que el criterio de intensidad sólo evalúa la hiperfluorescencia, que también se observa en estos casos. Además, si bien se calcula el umbral automáticamente, dentro de las **opciones avanzadas del interfaz IRIS** se da la posibilidad al usuario de que modifique a su gusto este umbral de forma previa a la detección.

Como ejemplo, en la Figura 3.49 se muestran las regiones que cumplen el criterio de intensidad según el método anterior, partiendo de las regiones segmentadas y candidatas a ser microaneurismas que se observaban en la Figura 3.46. Además, en la Figura 3.50 se encuentra el histograma de los valores del parámetro de intensidad dentro de las regiones candidatas, acompañada de una ampliación de los niveles más bajos a la que se le ha incluido, en rojo, el umbral que calcula automáticamente el método, validándose las regiones cuyo parámetro de intensidad queda a la derecha del mismo.

La comparación con la Figura 3.46 permite ver que no todas las regiones segmentadas cumplen este criterio

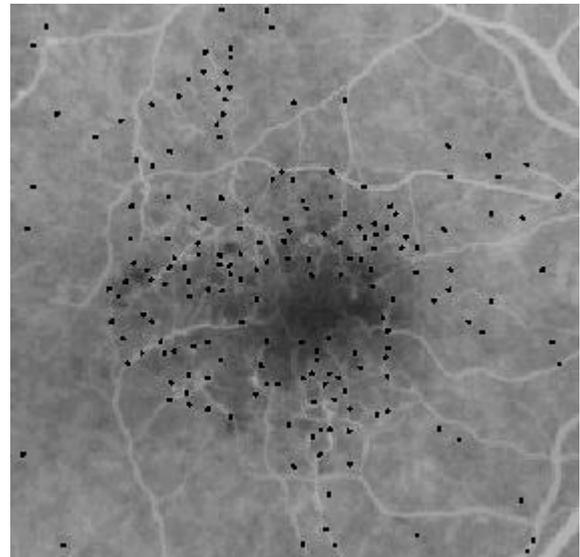


Figura 3.49: Regiones que cumplen el criterio de intensidad

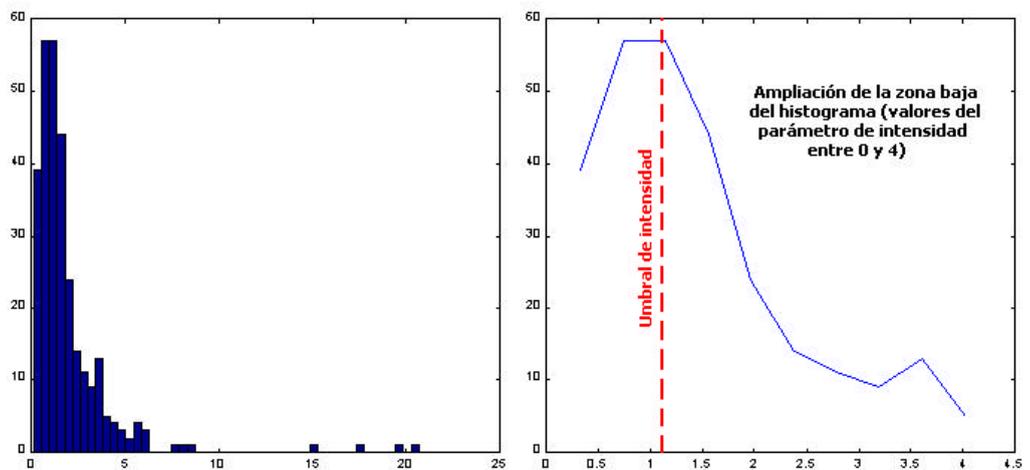


Figura 3.50: Histograma de los valores del parámetro de intensidad y ampliación de la zona baja del mismo

☑ **Criterio de contraste**

En segundo lugar encontramos este criterio, el cual pretende **evaluar el contraste entre una región dada y su área circundante o entorno**. Con este fin se calcula un parámetro, que llamaremos **parámetro de contraste** (X_c), y que responde a la expresión que sigue:

$$X_c = \sum_{\substack{\forall (f,c) \\ \in \text{región vecindad}}} \sum_{\forall (j,k) \in \text{vecindad}} \sqrt{\left| \frac{\text{imagen}(f,c)}{\text{int.promedio región}} - \frac{\text{imagen}(j,k)}{\text{int.promedio contorno}} \right|}$$

donde los píxeles (f,d) son del borde de la región y los (j,k) son sus vecinos (con conectividad-8) del exterior.

Esta expresión se entiende como sigue: utilizando siempre la **imagen preprocesada**, en primer lugar se calcula para cada región el promedio de intensidad de la misma y el promedio de intensidad de su área circundante (o entorno de anchura 1 píxel). Estos promedios nos servirán para llevar a cabo una posterior normalización basada en valores locales, como se observa en la expresión anterior. Así, para cada **píxel del contorno de la región candidata** (esto es, del borde interior de la región, o lo que es lo mismo, los píxeles (f,d) de la expresión del parámetro de contraste) se evalúa esta diferencia normalizada con cada uno de sus **píxeles vecinos** (que son los (j,k) de la fórmula anterior, entendida en este caso la vecindad basada en conectividad-8). Este procedimiento se ilustra en la Figura 3.51, donde se toma como ejemplo un píxel contorno de la región y aparecen marcados en rojo aquellos píxeles vecinos con los que se evalúa la expresión anterior. Sumando los resultados para todos los píxeles del contorno (interior) de la región y promediando, se obtiene el valor del parámetro de contraste para esta región.

En la evaluación del contraste sólo se tiene en cuenta un contorno exterior de anchura 1

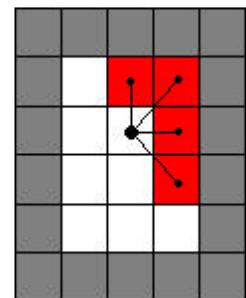


Figura 3.51: Píxeles vecinos evaluados

Al igual que sucedía en el criterio anterior, cada región tiene un valor del parámetro de contraste que se compara con un **umbral que es calculado de forma automática** por parte del algoritmo. De nuevo este parámetro es global al ser el mismo para todas las regiones, y se obtiene a partir de características genéricas dependientes de la imagen, de forma que puedan adaptarse a cambios entre imágenes y compensar deficiencias de iluminación globales. Concretamente, la expresión de este umbral, obtenida empíricamente a partir de numerosas pruebas sobre diversas imágenes, es la que sigue:

$$Umbral = RD - (m + s) = RD - m - s$$

donde aparecen las citadas características globales de la imagen, que en este caso son el rango dinámico RD , la media m y la desviación típica s y hacen referencia a la **imagen preprocesada**, que es la que se utiliza.

Nuevamente conviene reseñar que en el camino hasta la adopción final se probaron numerosas expresiones tanto del parámetro de contraste como del

umbral, puesto que además de ofrecer una discriminación razonable entre regiones semejantes a microaneurismas y otras estructuras, deben **interfuncionar de manera adecuada**, esto es, que el umbral se adapte a los valores que el parámetro de contraste proporciona. Este hecho se consigue con las expresiones finalmente adoptadas, que, por artificiales o poco intuitivas que a priori puedan parecer, cumplen sobradamente estos requisitos proporcionando la validación a efectos de contraste de las regiones que son efectivamente microaneurismas.

Evidentemente, los valores del parámetro de contraste no proporcionan, en general, un histograma bimodal, a pesar de que este es el objetivo que se persiguió con numerosas pruebas. Por tanto, la umbralización ideal no se produce (desgraciadamente), lo que motiva que se validen en cuanto al criterio de contraste más regiones de las que son realmente microaneurismas, y que se queden fuera regiones que sí son microaneurismas. Estas regiones que no debieron ser excluidas quedarán, con total seguridad, muy cerca del umbral, lo que permitiría su recuperación con un ajuste del umbral, lo que, por otra parte, conllevaría la validación en contraste de más regiones que no deberían hacerlo.

Para subsanar este hecho, por defecto el umbral no se ajusta, ya que, como se explicará al definir la utilización de los criterios, **el incumplimiento de este criterio no implica que una región deje de ser un microaneurisma**. No obstante, dentro del interfaz gráfico **IRIS** sí se permitirá el ajuste manual del umbral, al igual que ocurría en el criterio de intensidad. Este ajuste servirá en situaciones muy concretas y debe realizarlo el usuario de forma previa a la detección cuando desee extraer alguna información concreta, aunque la recomendación general es utilizar el umbral que se proporciona de forma automática.

Para ilustrar todo lo referente a este criterio, en la Figura 3.52 pueden apreciarse aquellas regiones de todo el conjunto de candidatas (las reflejadas en la Figura 3.46) que verifican el criterio de contraste, esto es, cuyo parámetro de contraste es superior al umbral automáticamente fijado. Esto se aprecia mejor en la Figura 3.53 (página siguiente), que refleja el histograma de valores de los parámetros de contraste de las regiones candidatas. Igualmente, en la figura aparece, en rojo, el umbral que ha fijado el algoritmo y que determina qué regiones se validan en cuanto a contraste (las que tienen parámetros de contraste que quedan a la derecha del umbral) y cuales no.

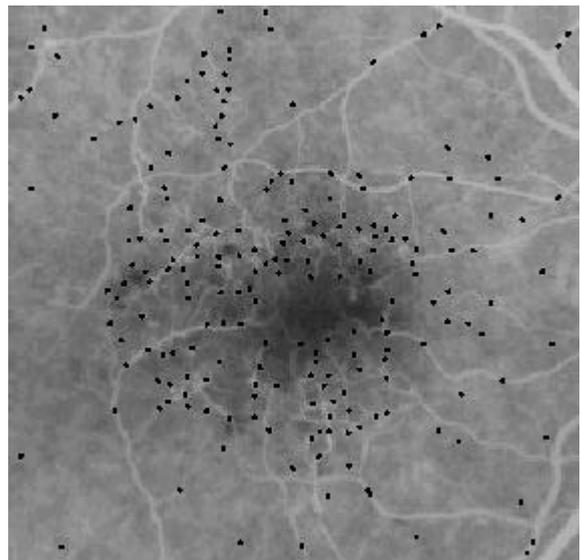


Figura 3.52: Regiones que cumplen el criterio de contraste

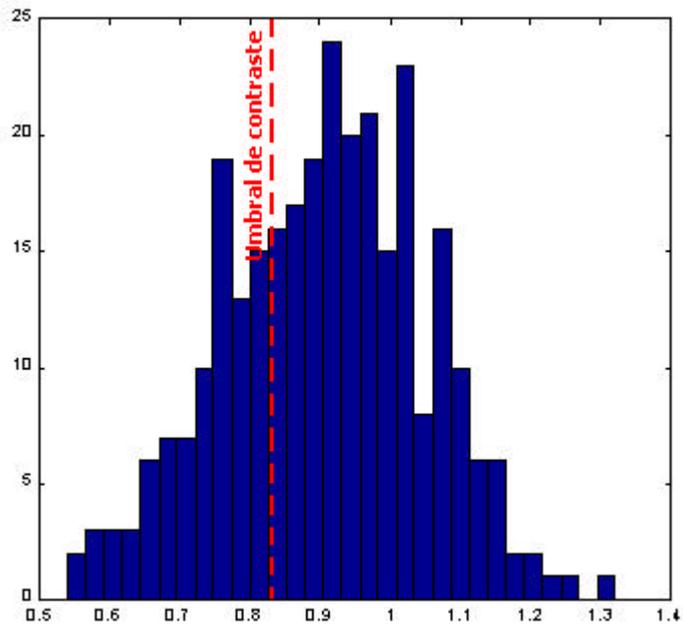


Figura 3.53: Histograma de los valores del parámetro de contraste

☑ **Criterio de forma**

Este tercer y último criterio es uno de **los elementos más novedosos del método de detección** que presentamos, por ser, hasta donde se conoce del estado del arte, una herramienta totalmente nueva y nunca empleada para estos fines.

Como se ha reiterado en varias ocasiones a lo largo de la presente memoria, la forma de un microaneurisma puede modelarse mediante una gaussiana bidimensional. Así, una herramienta muy útil para determinar si una región candidata es o no un microaneurisma será la **correlación bidimensional** de esta región con unas *formas tipo* de regiones. Bajo esta premisa, conocidos los píxeles que constituyen cada una de las regiones candidatas, se extraerá cada región a partir de la **imagen normalizada**, puesto que es la que presenta formas más claras y adecuadas para la correlación por presentar una intensidad de fondo a menudo nula, lo que evita interferencias que puedan alterar las correlaciones bidimensionales. Extraída una región candidata, se generan dinámicamente **nueve elementos** del mismo tamaño que la región candidata bajo estudio, a los que llamaremos en adelante **elementos de correlación**, que se crean siempre en el mismo orden y se ilustran en la Figura 3.54 (página siguiente). A continuación se llevan a cabo correlaciones bidimensionales de la región candidata (extraída de la imagen normalizada) con cada uno de los nueve elementos de correlación, esto es, se implementa un **banco de nueve correladores bidimensionales en paralelo**, tal y como se representa esquemáticamente en la Figura 3.55, obteniéndose a la salida un vector de nueve elementos, cada uno de los cuales es el resultado de la correlación de la región candidata con un elemento de correlación determinado, el que se genera en la posición de dicho resultado dentro del vector. Este resultado de cada correlación puede estar entre 0 y 1, y será mayor cuanto más parecida sea la forma de la región candidata a la del elemento de correlación con el que se esté evaluando.

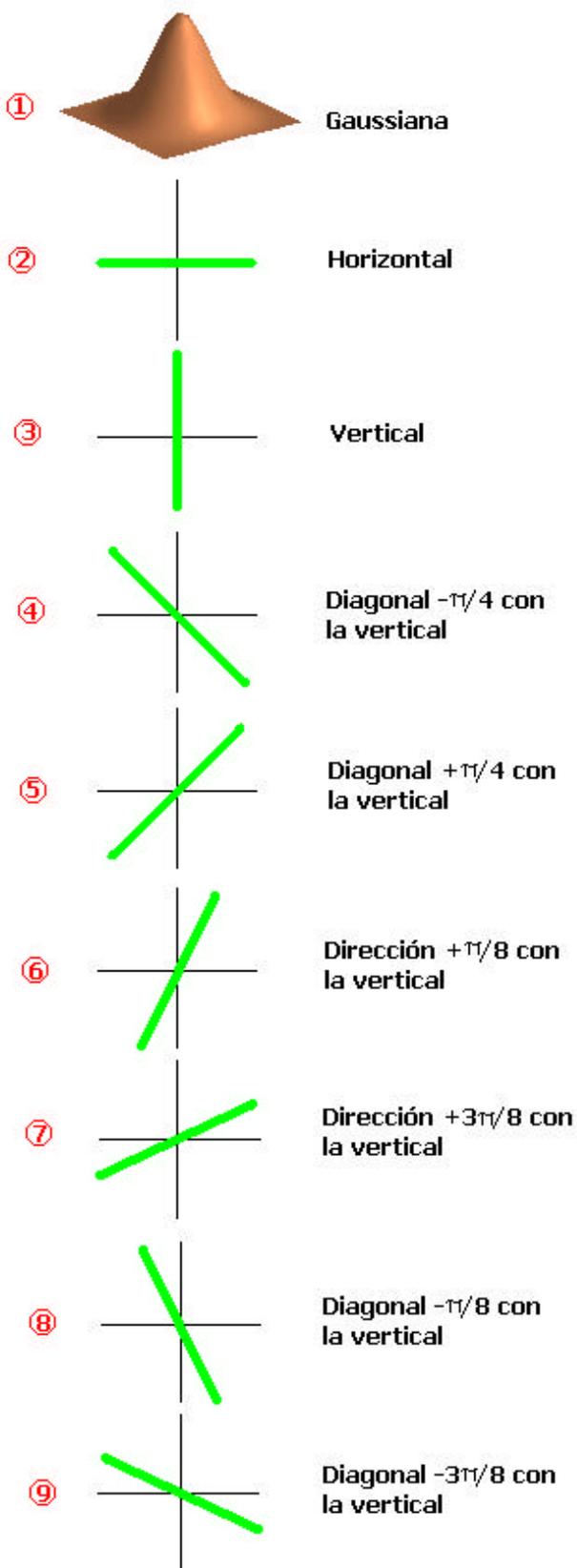


Figura 3.54: Elementos de correlación

Obtenido este vector, **se considera que la región candidata tiene la forma de aquel elemento con cuya correlación se diese un resultado más alto**, esto es, el máximo del vector de nueve elementos. Para dar más relevancia a este hecho es conveniente poner de manifiesto una característica de la correlación bidimensional: los valores de amplitud absoluta son irrelevantes en el resultado, esto es, dos formas idénticas que tengan distinto nivel de intensidad darán el máximo posible de correlación, es decir, 1. Así, observando la Figura 3.54, que nos indica el orden de estos elementos y, por tanto, de los resultados en el vector, resulta evidente que para que una región candidata sea considerada microaneurisma de acuerdo con el criterio de forma el máximo del vector de correlaciones debe encontrarse en la primera posición, es decir, debe obtenerse un máximo en la correlación con la gaussiana bidimensional.

Respecto a los elementos de correlación es interesante hacer un inciso: si se observa la citada Figura 3.54 puede concluirse que en realidad no se pretende clasificar entre nueve posibles formas, sino que tan sólo se distinguen dos: **microaneurisma** o **segmento lineal** (posiblemente parte del árbol vascular). Lo que ocurre es que el microaneurisma (gaussiana bidimensional) presenta simetría circular, cosa que, evidentemente, no ocurre con un segmento de recta, por lo que se estudian ocho posibles orientaciones del mismo. Además, no pretende clasificarse cada región de acuerdo a patrones, sino tan sólo validar si su forma corresponde posiblemente a la de un microaneurisma o se parece más a algún segmento lineal.

Evidentemente, como ya se indicó en los dos criterios anteriores, aquí sólo se pretende validar si una región presenta unas características de forma que la hagan parecida a un microaneurisma o no, y en ningún caso la aplicación de este criterio de manera aislada permite la validación de microaneurismas con la certeza deseada, ya que una región puede tener una forma muy adecuada pero no cumplir las demás características, lo que claramente imposibilita su validación como microaneurisma.

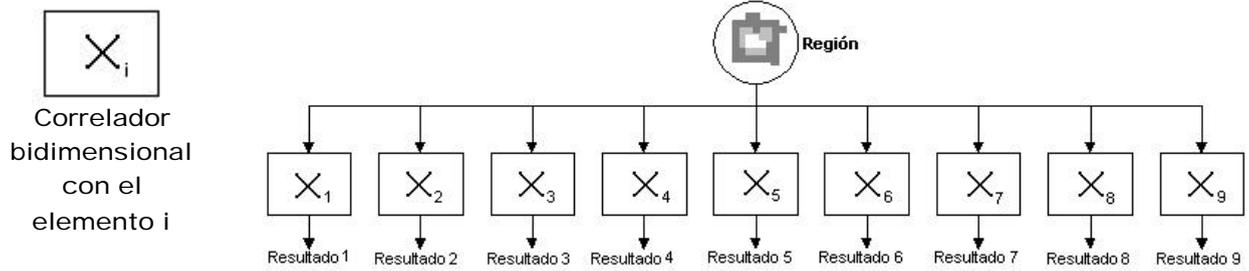


Figura 3.55: Banco de correladores

En este criterio no se compara con ningún umbral: se decide que la forma de la región es la correspondiente a la máxima correlación, valga lo que valga

Sin embargo, sí es de reseñar la **fiabilidad y tremenda utilidad de este criterio**. Para empezar, resulta especialmente atractiva para un buen diseño automático la **inexistencia de un umbral**: este hecho permite que sus resultados se vean como especialmente relevantes al no depender en ningún caso del usuario, que no puede intervenir en ningún parámetro de este criterio. Por otra parte, el simple parecido con una gaussiana bidimensional implica una distribución de niveles de intensidad que posiblemente (en la mayoría de los casos) conduzca al cumplimiento de los otros dos criterios. De este modo, si por requisitos del sistema fuese imprescindible la elección de uno sólo de los criterios enunciados, se elegiría este criterio de forma, por, en cierta manera, implicar un buen comportamiento frente a los otros dos criterios, y por su independencia de parámetros externos más o menos subjetivos. De hecho, como se verá a continuación, este criterio presenta en su utilización una ponderación superior a la de los otros dos criterios.

Para acabar con este apartado, se incluyen a continuación dos figuras: en primer lugar (Figura 3.56) tenemos, superpuestas a la imagen original, aquellas regiones que han sido validadas de acuerdo con el criterio de forma (lo que no implica que sean microaneurismas), mientras que a su lado (Figura 3.57) aparecen las regiones candidatas que no cumplen este criterio. Puede observarse como en esta segunda imagen se encuentran numerosas regiones que, efectivamente, forman parte del árbol vascular, con lo cual evitaremos su hipotética validación, que puede ocurrir en ocasiones por presentar características de intensidad y contraste parecidas a las de los microaneurismas.

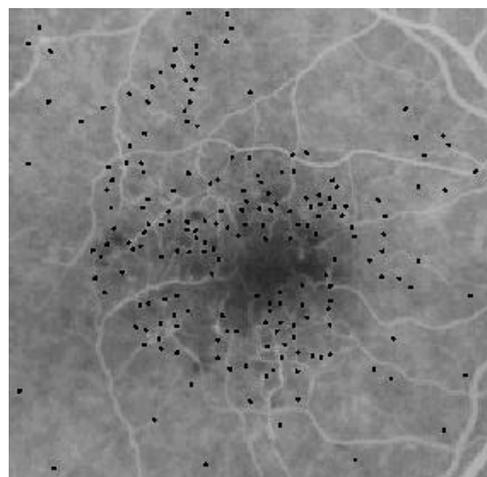


Figura 3.56: Regiones que cumplen el criterio de forma

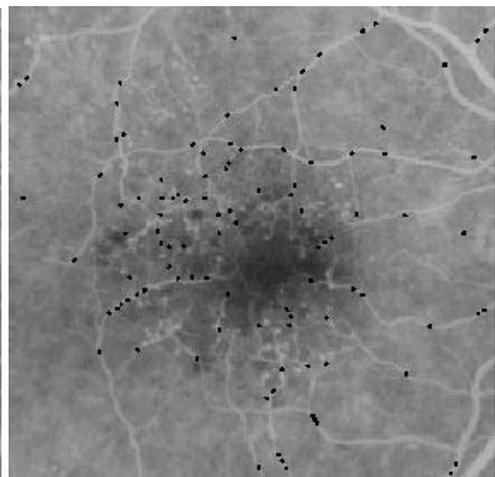


Figura 3.57: Regiones que no cumplen el criterio

☑ **Utilización de los criterios de validación**

Tras el paso de cada una de las regiones candidatas a ser microaneurismas por los tres criterios de validación, tendremos, para cada región, tres valores, que indican si verifican, siempre en el mismo orden, los criterios de intensidad, contraste y forma. Podemos modelar esto, para facilitar su comprensión, como un **vector de tres elementos** (Figura 3.58), donde el primero hace referencia al criterio de intensidad, el segundo al de contraste y el tercero al de forma, y que pueden valer 0 ó 1: si alguno de estos elementos vale 0 indica que no verifica el criterio en cuestión, cosa que sí hace si el elemento vale 1. Nos referiremos más adelante a este vector como **vector de cumplimiento de criterios**.

Los elementos de este vector sólo pueden valer 0 (si no cumplen el criterio correspondiente) ó 1 (en caso de que lo cumplan)

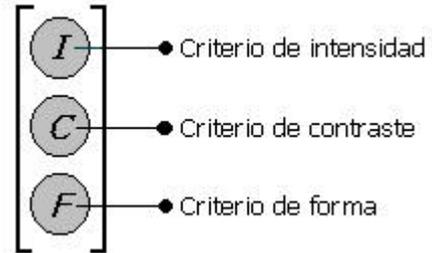


Figura 3.58: Vector de cumplimiento de criterios

Hecho esto debemos definir qué condiciones son exigibles para que una región sea validada como microaneurisma. Al principio de esta sección dedicada al bloque de validación se indicó que el objetivo de los criterios debía ser identificar, por separado, cada una de las características de los microaneurismas, que, a estos fines, se limitan a la hiperfluorescencia y a tener una forma gaussiana bidimensional. Así, para cada región la hiperfluorescencia es evaluada por los criterios de intensidad y contraste, mientras que la forma se interpreta, obviamente, a partir del criterio del mismo nombre.

También se ha indicado ya la gran utilidad, robustez e independencia ante parámetros y umbrales más o menos subjetivos del criterio de forma, y que, debido a la distribución de intensidades que implica la forma gaussiana, el cumplimiento del criterio de forma implica un buen comportamiento (que posiblemente supone la validación) respecto a los otros dos criterios.

Por todo esto, y por ser el criterio más objetivo de los tres, se ha diseñado el **procedimiento de validación** de tal forma que ninguna región puede considerarse como microaneurisma si no cumple el criterio de forma. Por otra parte, como las otras dos condiciones son, en cierta forma, reflejo de características similares, aunque con enfoques distintos, sólo se exigirá que la región cumpla una de las dos (aunque, evidentemente, también se validará la región si cumple las dos).

El cumplimiento del criterio de forma es imprescindible para la validación como microaneurisma

La forma matemática de expresar esto es la siguiente: se otorga una **ponderación doble al criterio de forma** que a los otros dos, y, para que una región sea validada como microaneurisma, se exige el cumplimiento de la siguiente condición:

$$I + C + 2 \cdot F \geq 3$$

donde I , C y F son los valores del vector de cumplimiento de criterios que se introdujo al principio de este apartado, esto es, hacen referencia, respectivamente, a los criterios de intensidad, contraste y forma, y pueden valer 1 si se satisface el criterio en cuestión ó 0 si no se cumple.

Puede verse, pues, que las condiciones de intensidad y contraste no son imprescindibles simultáneamente, ya que una región puede incumplir alguna de ellas, mientras que la condición de forma se establece como **necesaria pero no suficiente**: si una región se valida como microaneurisma es seguro que cumple el criterio de forma, pero el cumplimiento de dicho criterio de forma aislada no supone de forma inmediata la validación de dicha región como microaneurisma.

Este método de ponderación y utilización de los criterios es otro de los **elementos totalmente novedosos** del algoritmo de detección propuesto, y es el resultado de numerosos ensayos con imágenes de muy diversas características, observándose que proporciona unos resultados altamente positivos y superiores a lo esperado en los estadios iniciales del desarrollo. Estos resultados pueden apreciarse en la Figura 3.59, donde se muestran, finalmente, los microaneurismas detectados por el algoritmo diseñado, superpuestos a la imagen original. Este es el **resultado principal de todo el algoritmo**, el objetivo que se ha ido persiguiendo. Pueden observarse cómo, efectivamente, en la imagen original podían vislumbrarse, en algunos casos, estas regiones antes del procesado, pero en muchos casos si no se hubiera llevado a cabo el procedimiento es posible que se hubieran pasado por alto microaneurismas. También, por supuesto, se han producido errores en forma de microaneurismas que no han sido detectados y de falsos positivos (esto es, regiones validadas como microaneurismas y que en realidad no lo son), pero, como se comentará en el *capítulo 4*, el porcentaje de error es muy bajo y, entre estos errores, casi todos corresponden al primer caso.

En el capítulo 4 se expondrán casos prácticos y se profundizará en los resultados

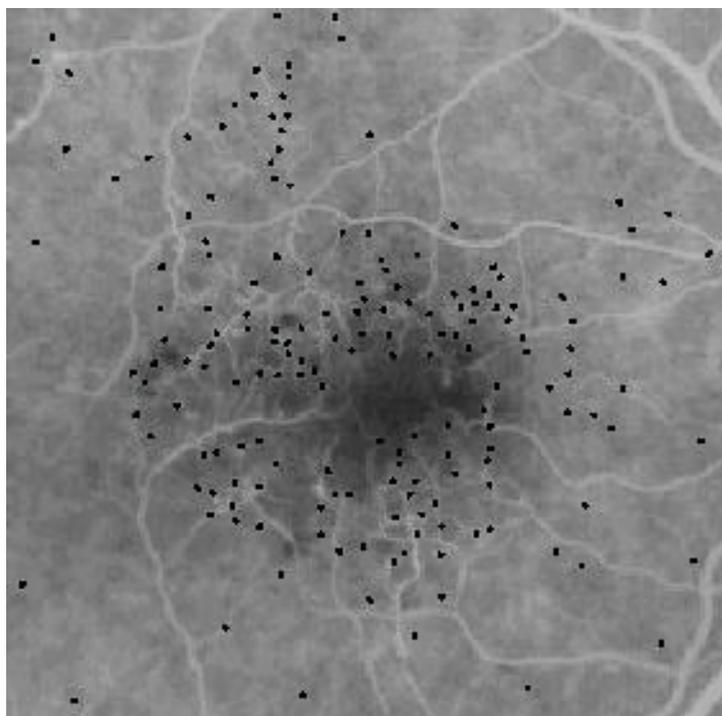


Figura 3.59: Microaneurismas detectados superpuestos a la imagen original

Para terminar con este bloque, indicar otro de las **innovaciones** que se presentan en el método diseñado, concretamente en el interfaz gráfico **IRIS**: el **análisis de certeza o fiabilidad** de los microaneurismas validados. Es decir, dentro de la detección de microaneurismas realizada, el método indica cuales son

con **total certeza** microaneurismas, cuáles lo son con una **probabilidad muy alta**, y por tanto se han validado como tales, y cuáles no se han validado pero existe una **cierta probabilidad** de que sean microaneurismas. Estos análisis se articulan, precisamente, en la existencia de distintos caminos de validación, al no exigirse el cumplimiento de todas las condiciones. De este modo, si se cumple que

$$I + C + 2 \cdot F = 4$$

se considera que el microaneurisma se ha validado con una **certeza total**, puesto que cumple todos los criterios.

Por contra, si estamos en la situación

$$I + C + 2 \cdot F = 3$$

puede ser bien porque se incumpla el criterio de intensidad o el de contraste, pero en cualquier caso la región se ha validado como microaneurisma. Es en este caso en el que consideraremos que el microaneurisma tiene una **probabilidad muy alta** de serlo, y por eso se valida como tal.

Sin embargo, si nos encontramos con que

$$I + C + 2 \cdot F = 2$$

puede deberse a dos causas: el incumplimiento solamente del criterio de forma o el incumplimiento simultáneo de los criterios de intensidad y contraste. En estas dos situaciones la región candidata **no se valida** como microaneurisma, pero si se realiza un análisis de certeza se le puede proporcionar al usuario información sobre regiones que tienen una **cierta probabilidad** de ser microaneurismas, ya que se encuentran en una **situación especial**:

Respecto a la primera situación, nótese que es el único caso en el que cumpliendo dos de tres criterios no se valida la región

➤o bien cumplen dos de los tres criterios requeridos, aunque no el principal (el de forma)

➤o bien cumplen sólo el criterio más importante, que conlleva una predisposición implícita para cumplir los otros dos que sin embargo aquí no se hace efectiva.

Es decir, son casos especiales, que se consideran **posibles microaneurismas**, y esta herramienta, por tanto, **añade información que elimina posibles errores** por detecciones no realizadas, además de **complementar** al proceso estándar de detección. Resaltar sin embargo que estos "*posibles microaneurismas*" no se han validado como tales en su momento a sabiendas de que su situación era ésta, es decir, no se indican como "*posibles errores del método*", ya que el método los deja fuera de forma consciente, sino que se presenta al médico una información particular por si quiere decidir si estas regiones, que están en casos muy especiales, son o no microaneurismas (recordemos que el objetivo de todo el algoritmo es ofrecer al médico la mejor ayuda para permitirle dar un diagnóstico, nunca llevar a cabo dicho diagnóstico).

Cualquier otra situación posible respecto a los criterios de validación indica que existe una total certeza de que la región en cuestión no sea un microaneurisma.

A continuación se incluye un ejemplo de este análisis de certeza, que está disponible en el interfaz gráfico **IRIS** como se verá en su momento. Así, en la Figura 3.60 aparecen los microaneurismas detectados, que se desglosan en los detectados con certeza absoluta (Figura 3.61, con los microaneurismas en **rojo**), y los detectados con alta probabilidad (Figura 3.62, con los microaneurismas en **verde**). Para complementar esta información, puede habilitarse el estudio de posibles microaneurismas no detectados, cuyo resultado se muestra en la Figura 3.63, donde estos hipotéticos microaneurismas aparecen en **amarillo**.

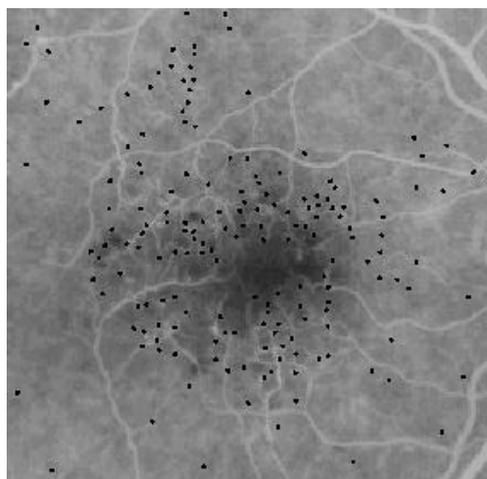


Figura 3.60: Microaneurismas detectados

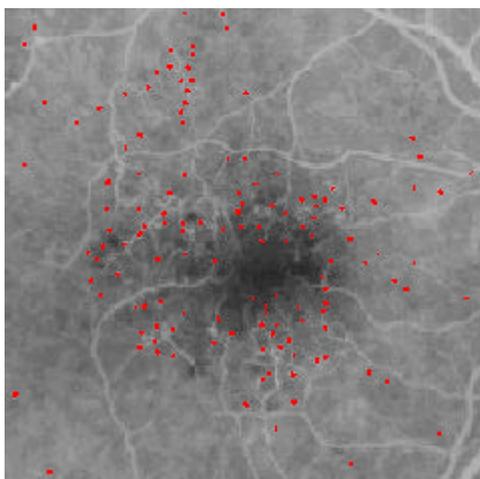


Figura 3.61: Microaneurismas con total certeza

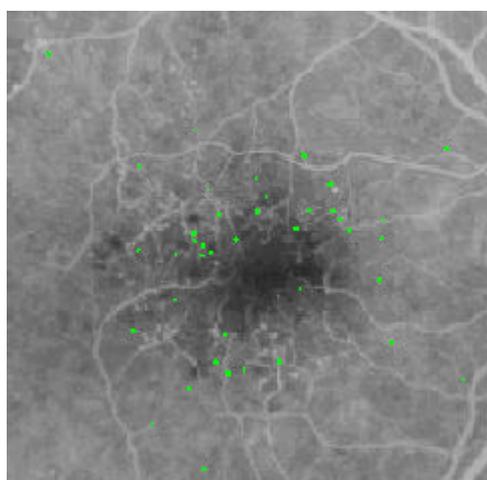


Figura 3.62: Microaneurismas con alta probabilidad

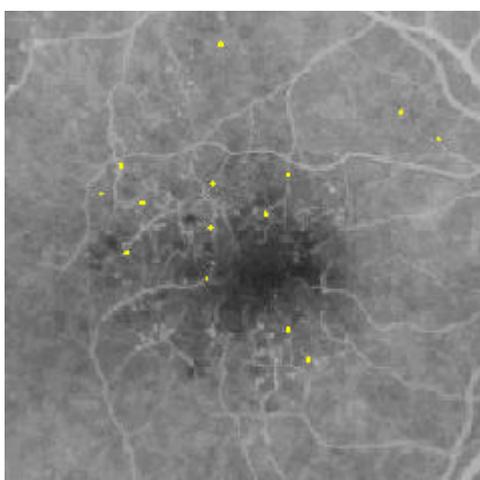


Figura 3.63: Posibles microaneurismas no validados

➤ Recuento de microaneurismas

Una vez realizada la detección, el último paso es el **recuento automático de los microaneurismas que han sido detectados**. Este dato puede proporcionar al oftalmólogo información valiosa acerca de la gravedad de la retinopatía diabética y, en caso de que se realice un estudio continuado de un

mismo paciente, analizar su evolución en cuanto al número de microaneurismas detectados.

Su implementación es, en principio, sencilla, puesto que el modelo de datos utilizado para almacenar los píxeles que constituyen las regiones validadas como microaneurismas es especialmente adecuado, al constituirse como una tabla. La dificultad de esta etapa reside en un hecho muy particular: algunos segmentos resultantes del crecimiento de regiones y la validación de microaneurismas **pueden solaparse**, como se muestra en la Figura 3.64. Este hecho supone que, por separado, ambas regiones se han validado, pero al compartir algunos píxeles no queda claro cuantas regiones son. Cuando ocurre esto, deberá decidirse si a efectos de recuento se considerarán uno o dos microaneurismas.

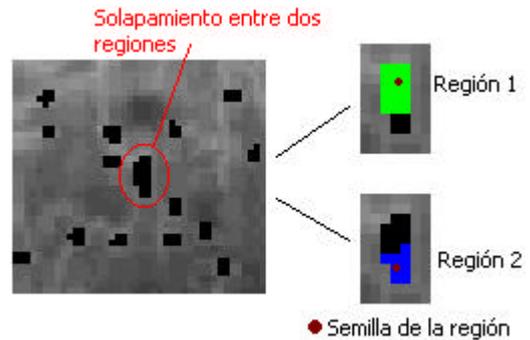


Figura 3.64: Solapamiento de regiones

Lo habitual es que, pese a este hipotético solapamiento, no suela producirse este hecho, especialmente entre regiones validadas, pero podría darse el caso y pretendemos hacer el algoritmo **robusto frente a esta posibilidad**.

Aunque existe solapamiento, este es muy pequeño y resulta evidente que nos encontramos ante dos microaneurismas distintos



Figura 3.65: Solapamiento parcial

Se da además la circunstancia de que, en general, cuando se produce solapamiento se distingue perfectamente que son dos regiones distintas, como puede apreciarse en el esquema de la Figura 3.65. Por tanto, habitualmente se considerarán dos regiones.

La forma que se ha elegido para caracterizar y evaluar este hecho es la **distancia entre las semillas de las regiones**: es un parámetro fácil de calcular y que se interpretará como la distancia euclídea entre estas semillas. Así, sólo resta la definición de un umbral con el que comparar la distancia calculada. Dicho umbral se expresará en función del **máximo radio esperado para un microaneurisma** (R), y tiene la siguiente expresión:

$$Umbral = \left\lceil \left(1 + \frac{1}{4}\right) \cdot R \right\rceil = \left\lceil \frac{5}{4} \cdot R \right\rceil$$

que, evidentemente, es mayor a dicho radio porque si la distancia es igual al radio el solapamiento es total o casi total, mientras que debe ser menor al doble del máximo radio esperado puesto que dicha distancia entre semillas imposibilita el solapamiento. Así, se ha optado por un **mayor acercamiento al solapamiento total**, puesto que el umbral se define con el objetivo de que si la distancia entre semillas es mayor a dicho umbral, entonces se considera que existen dos microaneurismas.

Este procedimiento se ilustra en la Figura 3.66, con algunos ejemplos teóricos. Por último, conviene añadir que el proceso no se limita a dos regiones: si se produce solapamiento común entre varias regiones, se prueba con todas ellas, y se determina el **número final de microaneurismas**. De todas formas, este caso de más de dos regiones no se ha producido en ninguna de las imágenes probadas.

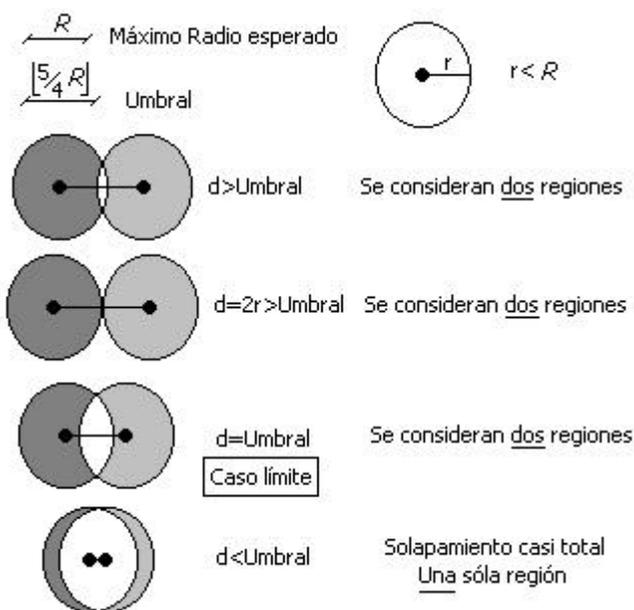


Figura 3.66: Ejemplos teóricos de aplicación del umbral

Resultados

Una vez estudiado en detalle el algoritmo que permite al sistema llevar a cabo la detección eficaz de microaneurismas y comprendidos todos los pasos del procesado que realiza, es el momento de presentar los resultados que se han obtenido con el método diseñado. Para ello, en las páginas que siguen se presentarán **tres casos prácticos**, cada uno de los cuales tiene unas características particulares o, al menos, distintas al resto de ellos, de forma que pueda observarse el comportamiento del algoritmo en diferentes situaciones. Cada uno de los casos prácticos se ilustrará con las imágenes de los pasos más relevantes y se incluirán datos referentes a número de microaneurismas detectados, regiones validadas o desestimadas, etc...

RESULTADOS

- Caso práctico 1

- Caso práctico 2

- Caso práctico 3: Ojo sano

- Resumen

Llegados a este punto conviene hacer un comentario: para conocer la utilidad de un método es necesario el contraste de la información que proporciona con otra información previamente conocida y que sabemos cierta. Esto es lo que se ha pretendido hacer con el método presentado, de tal forma que oftalmólogos verificaran su comportamiento y certificasen si la detección realizada es o no correcta. Sin embargo, numerosos intentos en este sentido fueron infructuosos ante la reticencia de dichos especialistas, por lo que la capacidad de validación se ha visto reducida a imágenes de las que se proporcionaba una detección verificada. Así, son las imágenes correspondientes a estos casos las que se han introducido en nuestro algoritmo, proporcionando los resultados que se presentarán a continuación.

CASO PRÁCTICO 1

Este primer caso es conocido: se analizará la imagen que ha servido como ejemplo para ilustrar cada uno de los bloques del algoritmo en el capítulo anterior. Sin embargo, si allí se realizó un análisis eminentemente cualitativo, en este apartado se incidirá en cuestiones cuantitativas y en los aspectos interesantes de las imágenes intermedias. Así, se presentarán los **resultados parciales** más relevantes del algoritmo, tales como la imagen normalizada en intensidad o el resultado del filtrado Top-Hat.

Así, nos encontramos con una imagen en escala de 256 grises que se muestra en la Figura 4.1 (página siguiente). Esta imagen tiene un **tamaño original de 287x291 píxeles**, y, tal y como se ilustra en el histograma de la Figura 4.2, inicialmente sólo presenta ocurrencias en 20 de los 256 posibles niveles de gris.

Esto se debe a la relativamente poca calidad de las imágenes en las que se dispone de una validación.

Como el objetivo de este capítulo es, precisamente, ver los resultados obtenidos, se mostrarán las imágenes a gran tamaño

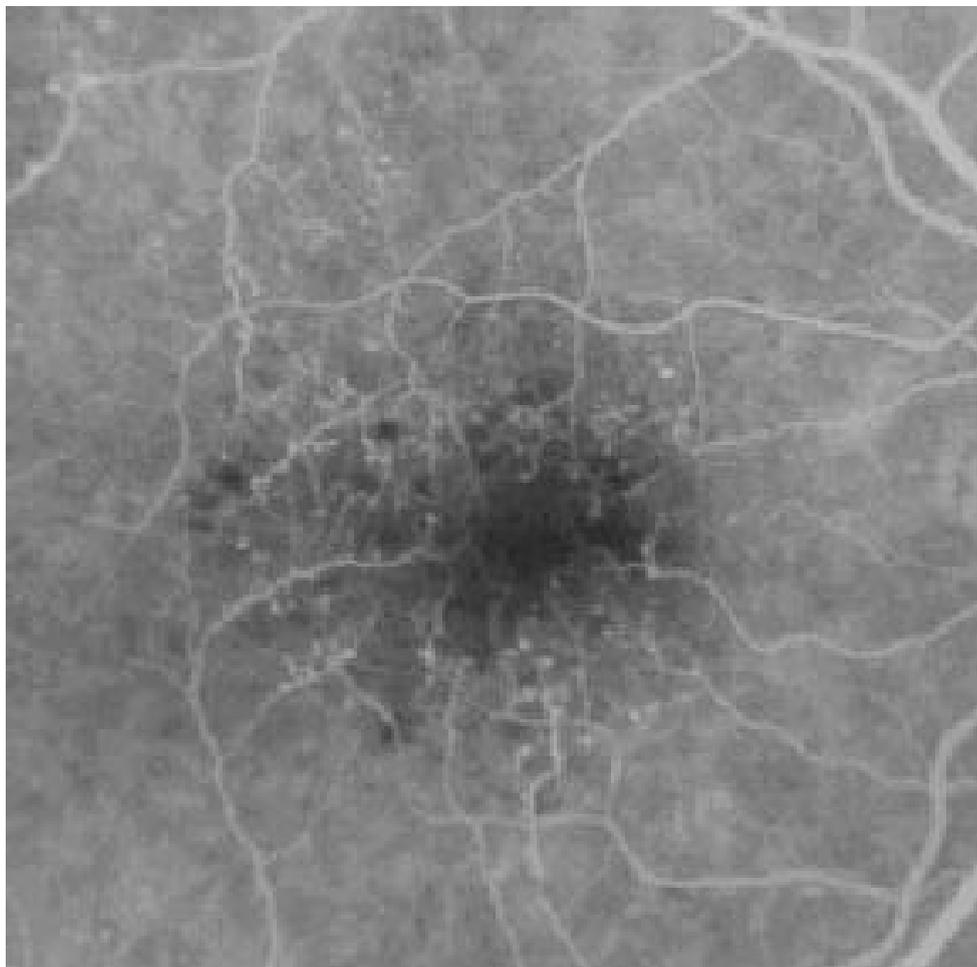


Figura 4.1: Imagen original del caso práctico 1

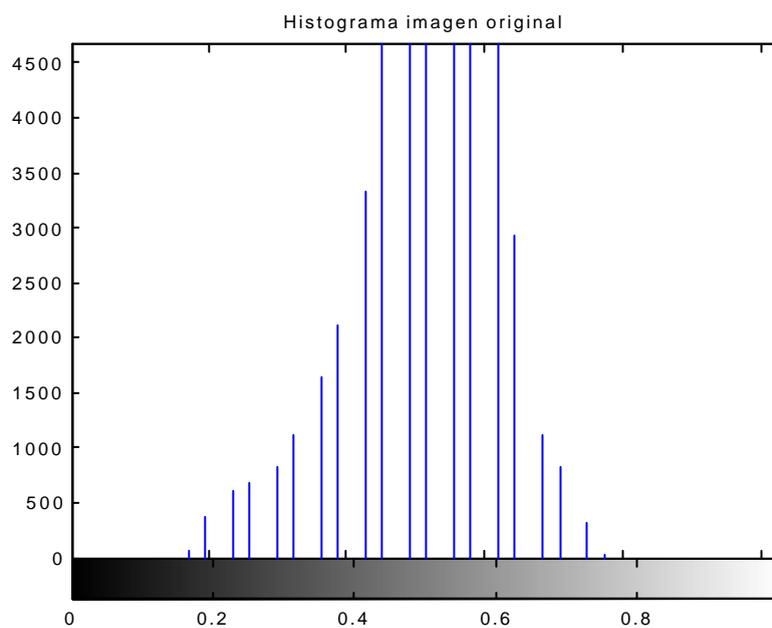


Figura 4.2: Histograma de la imagen de la Figura 4.1

En todos los casos que se verán siempre se utilizan las opciones por defecto explicadas en el capítulo 3

Entrando en la etapa de **preprocesado**, encontramos como primer resultado importante, por su posterior utilización en la validación de microaneurismas, la **imagen normalizada**, que se ilustra en la Figura 4.3. Puede observarse cómo el contraste ha aumentado hasta una *cuasibinarización* (al menos visual) de la imagen, aunque, como puede verse en el histograma de esta imagen (Figura 4.4), existen ocurrencias de casi todos los niveles de gris y el histograma se ha expandido mucho (indicar que se ha utilizado reducción de cola residual con $C=3$ y $P=5\%$, esto es, la opción por defecto).

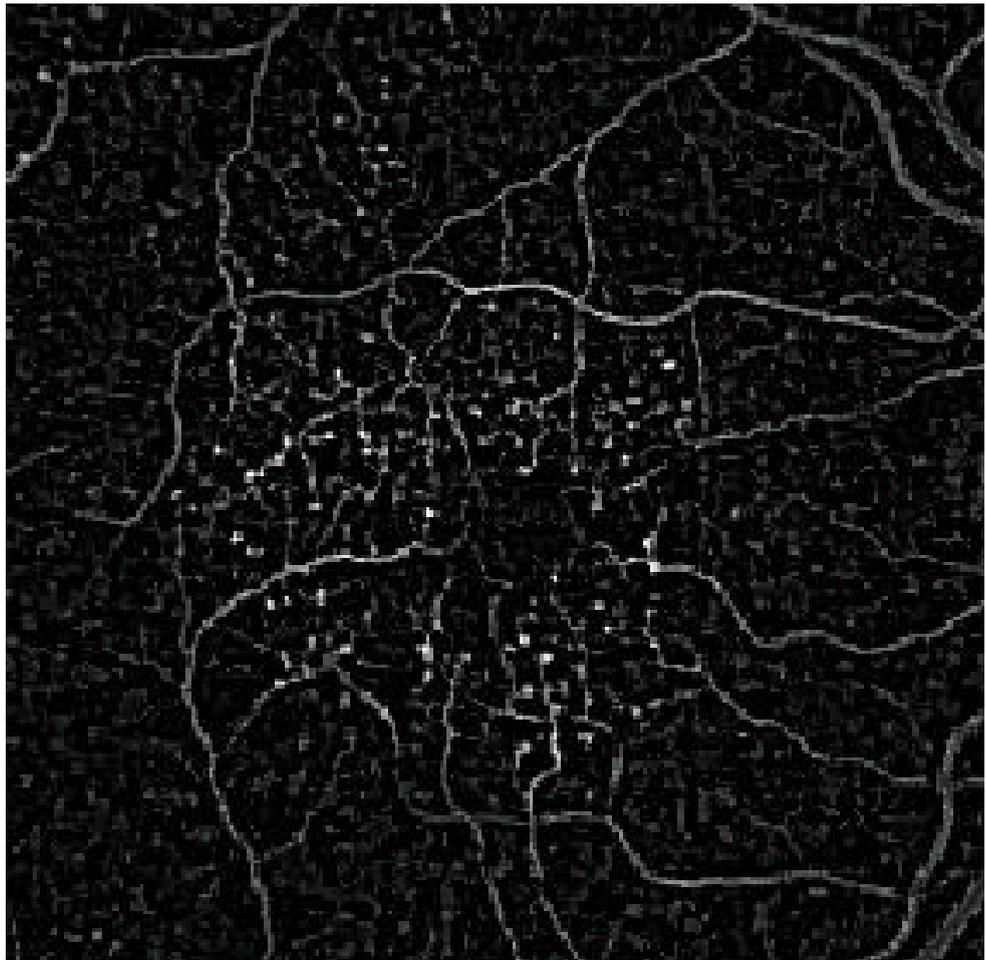


Figura 4.3: Imagen normalizada

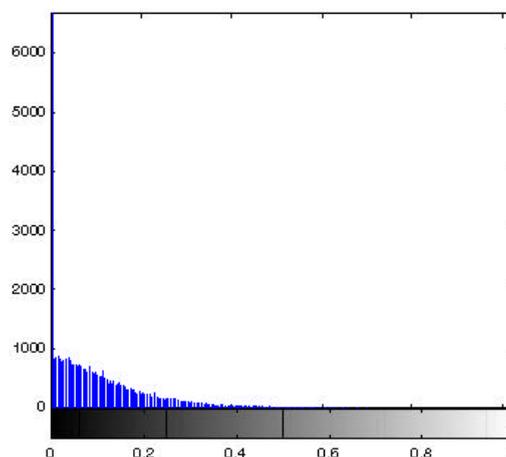


Figura 4.4: Histograma de la imagen de la Figura 4.3

El siguiente punto de referencia lo constituye la **salida del filtrado Top-Hat**. Dicha salida se muestra en la Figura 4.5, y es el resultado de filtrar en las cuatro direcciones del filtrado por defecto (recuérdese que es posible realizar un filtrado extendido). Análogamente, al término de esta etapa de preprocesado aparece la imagen que se encuentra en la Figura 4.6, esto es, la **imagen preprocesada**. Como ya se indicó en su momento, puede verse como un filtrado paso de baja a la imagen salida de la Top-Hat, aunque este filtrado conlleva otras consecuencias como el realce de microaneurismas (al ser un filtro adaptado a la forma de éstos).

Figura 4.5:
Imagen salida del
filtrado Top-Hat

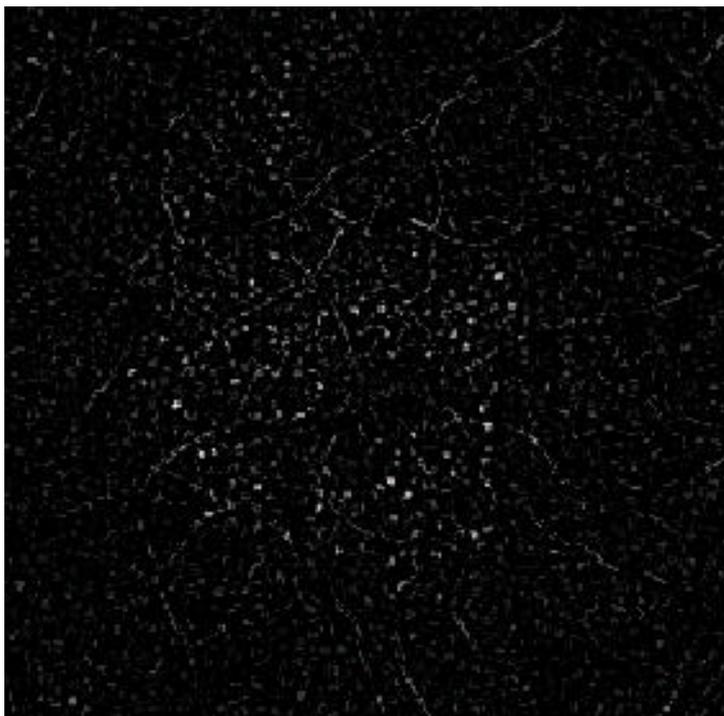
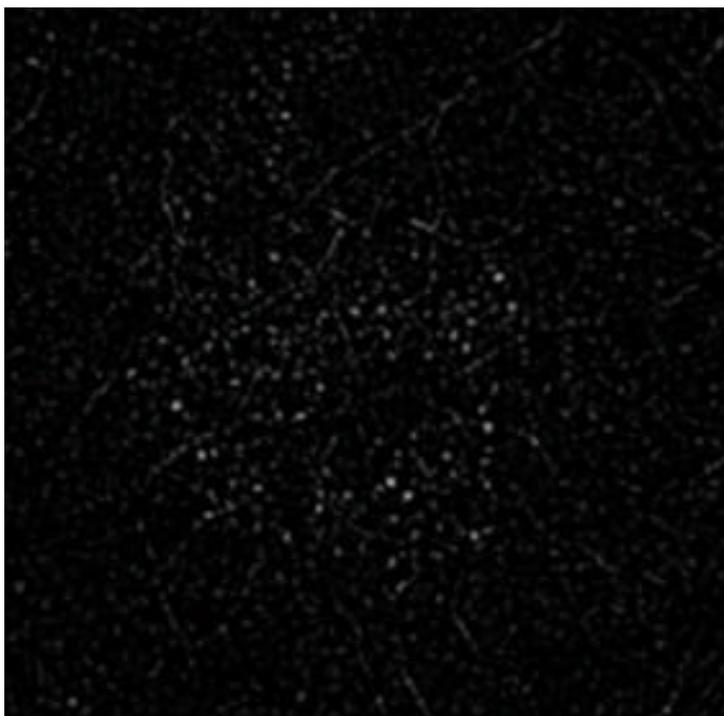


Figura 4.6:
Imagen
preprocesada



Algunos datos estadísticos...

Una vez terminado el preprocesado, se presenta a la entrada de la etapa de detección una imagen con las características deseadas a fin de que extraigamos la información que nos interesa, esto, es, la presencia o no de microaneurismas. Para ello, se lleva a cabo todo el procedimiento descrito en el *capítulo 3*. Así, en el caso que nos ocupa, se han detectado **2662 máximos locales** sobre un total de $287 \cdot 291 = 83517$ píxeles, es decir, el 3.19% de los píxeles de la imagen. De estos máximos locales, utilizando el umbral automáticamente calculado y dependiente de la imagen, se han validado como **semillas para el crecimiento de regiones tan sólo 296 píxeles** (lo que equivale al 11.12% de los máximos locales y al 0.35% de los píxeles de la imagen).

De este modo, aparecen 296 regiones candidatas a ser microaneurismas, que, en primer lugar, habrá que definir utilizando la segmentación mediante el método de *Hill-Climbing*. El resultado de esta operación se denomina **imagen segmentada** y se muestra en la Figura 4.7, donde se han representado las regiones segmentadas sobre la imagen original para una mayor claridad y comprensión del método.

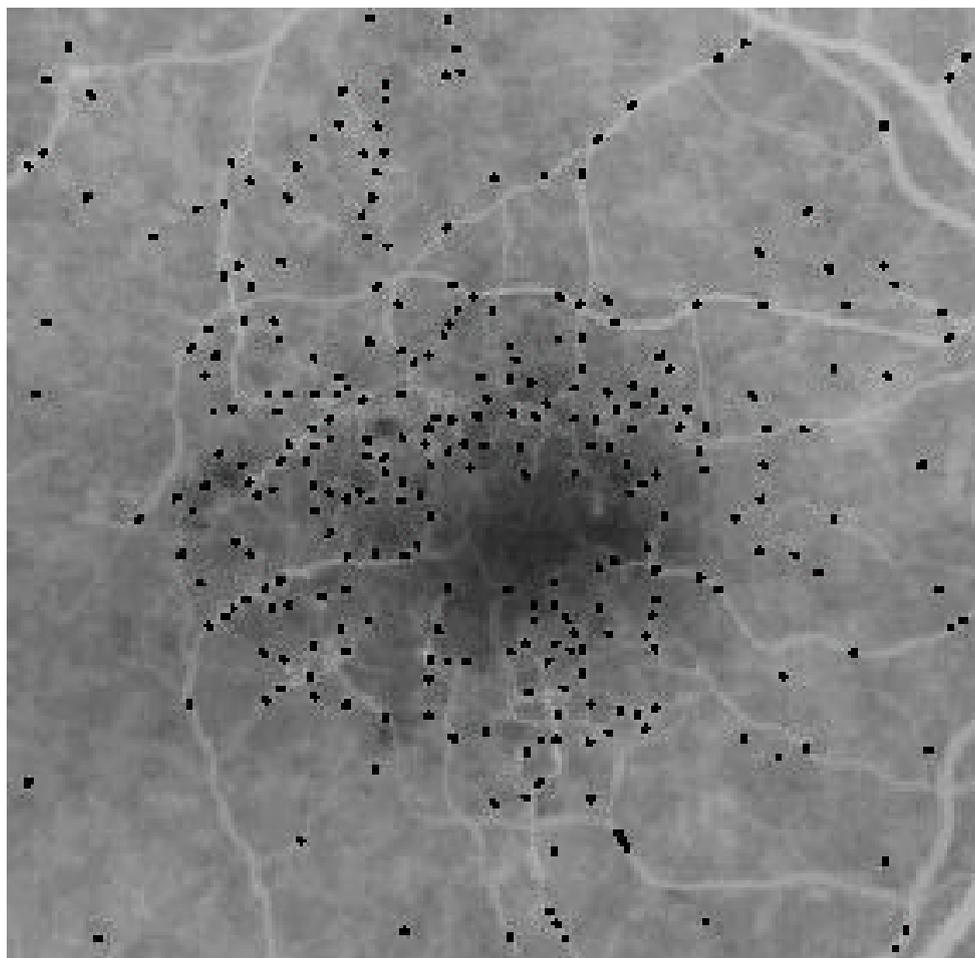


Figura 4.7: Regiones segmentadas superpuestas a la imagen original

A continuación se procede a la decisión acerca de si cada región es o no un microaneurisma, es decir, a la validación. Para ello se procede a la aplicación de los **criterios de intensidad, contraste y forma**, cuyos resultados se muestran,

respectivamente, en las Figuras 4.8, 4.9 y 4.10, donde se han superpuesto a la imagen original las regiones que verifican el criterio en cuestión:

En cada caso, las regiones marcadas son aquellas que verifican el criterio del que se trate

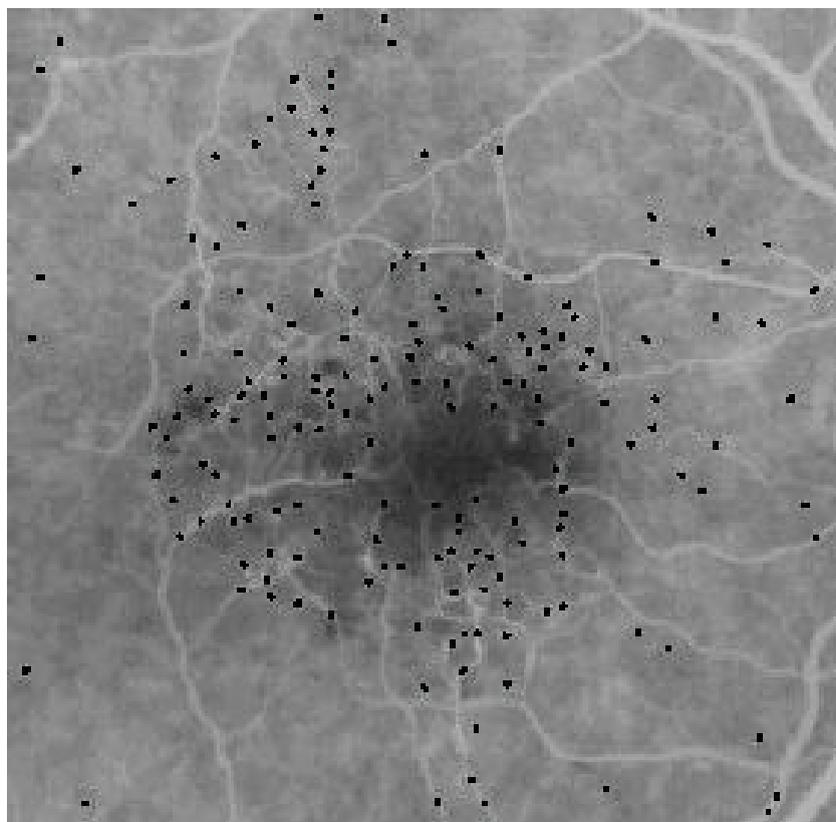


Figura 4.8: Regiones que verifican el criterio de intensidad

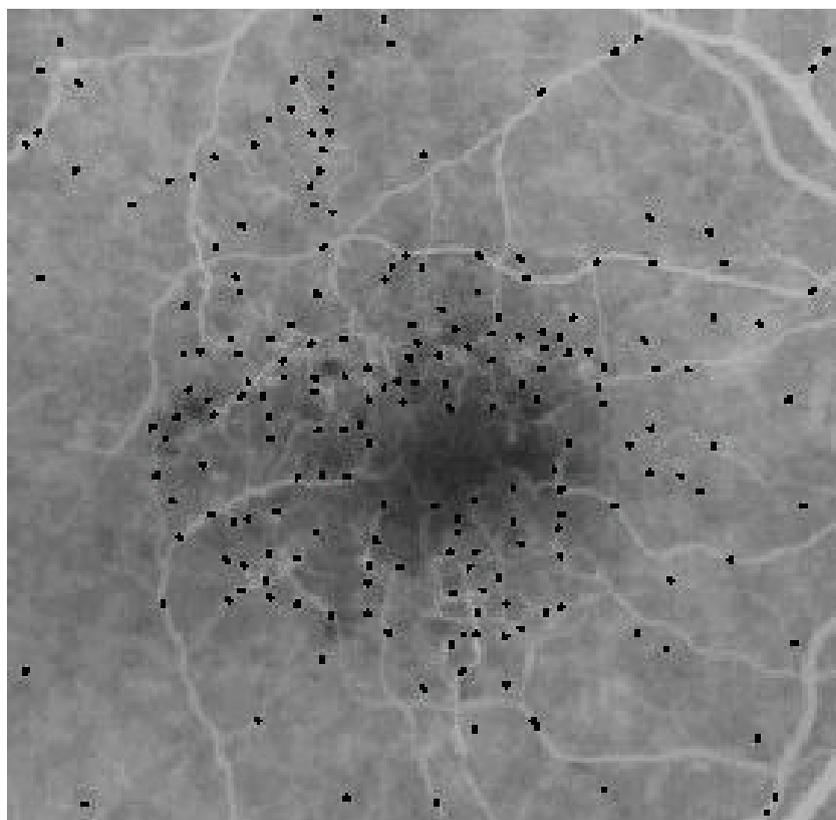


Figura 4.9: Regiones que verifican el criterio de contraste

Se observa como no se valida prácticamente ninguna de las regiones candidatas que quedan como restos de la eliminación del árbol vascular

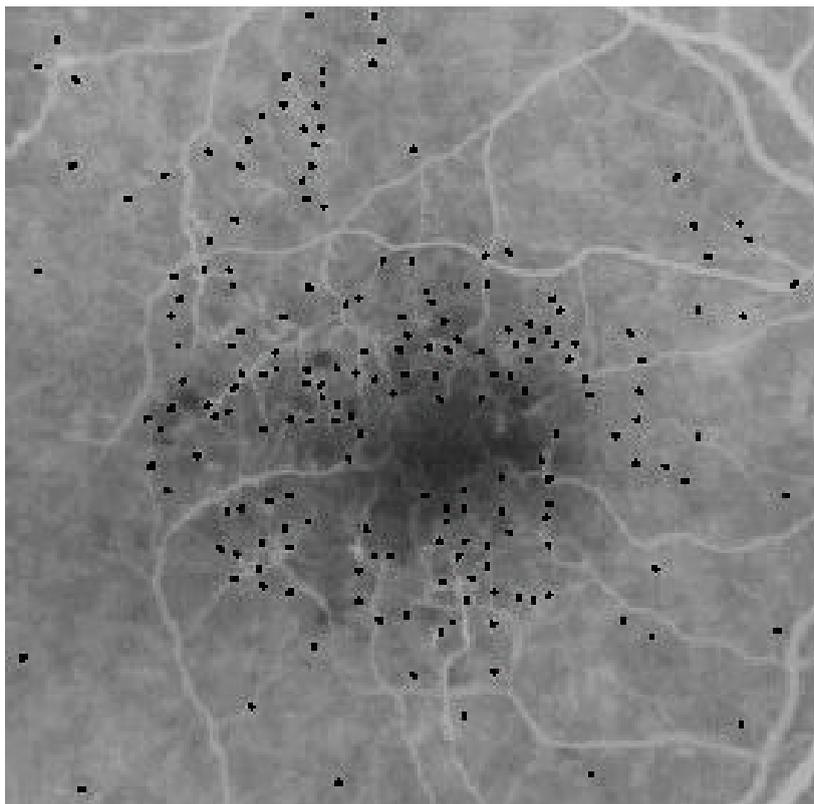


Figura 4.10: Regiones que cumplen el criterio de forma

Por último, atendiendo al cumplimiento o no de los criterios y de acuerdo con las reglas de utilización de dichos criterios que se expusieron profusamente en el capítulo 3, el algoritmo determina que las **regiones que son microaneurismas** son las que se muestran a continuación en la Figura 4.11:

Resultado de la detección, donde aparecen los microaneurismas que verifican que $I+C+2 \cdot F \geq 3$

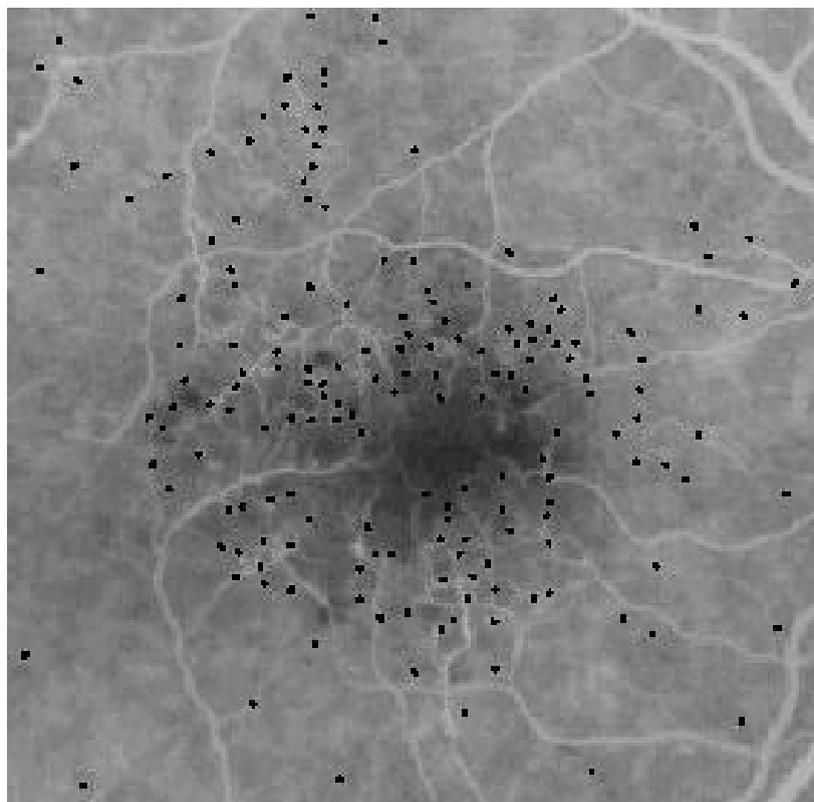


Figura 4.11: Microaneurismas detectados

Así, finalmente se han detectado **173 microaneurismas**, esto es, el 58.45% de las regiones candidatas a serlo, y no se ha producido ningún caso de solapamiento de microaneurismas. Además de la observación de las figuras anteriores correspondientes a cada uno de los criterios de validación, puede resultar muy ilustrativa la siguiente tabla, que indica cuantas regiones han cumplido cada uno de los criterios:

	C. Intensidad	C. Contraste	C. Forma	TOTAL
Validadas	185	208	193	173
No validadas	111	88	103	123
Porcentaje de validación	62.5%	70.27%	65.2%	58.45%

Tabla 4.1: Datos de validación de criterios en el caso 1

Aunque se considerarán totalmente ciertas, las validaciones de las que se dispone no son infalibles, como no lo son los oftalmólogos

En la imagen validada de la que se dispone se han validado sólo 159 de estos 173, lo que supone la detección de casi todos los microaneurismas existentes así como la existencia de falsos positivos que podrían no ser tales, puesto que son difícilmente perceptibles sobre la imagen original. En cualquier caso, el método de detección obtiene un **91.9% de aciertos** en este primer caso, reduciéndose los errores al 8.1%, lo cual es muy aceptable en imágenes de la calidad de la que disponemos. Evidentemente, la validación con la que se ha contrastado se realizó sobre un angiograma original, esto es, con una calidad muy alta, y posiblemente si se hubiese dispuesto de esta imagen en un tamaño más adecuado (esto es, 1024x1024), los resultados serían aún mejores.

CASO PRÁCTICO 2

Este segundo caso presenta una **imagen poco nítida y con grandes diferencias de luminosidad** entre distintas zonas, pero a la que nuestro método puede extraerle la información de interés, esto es, los microaneurismas. La imagen original se muestra en la Figura 4.12, que se encuentra en la página siguiente, siendo una imagen de **tamaño 202x240** en escala de 256 grises.

A diferencia del caso anterior, nos encontramos ante una imagen correspondiente a un **fondo de ojo completo**, en contraposición al hecho de centrar nuestro estudio en la región macular (donde se produce la máxima concentración de microaneurismas) como ocurría en el caso previamente estudiado. Así, aparecen novedades para el método de detección, tales como la **brusca diferencia de iluminación** que se aprecia a la derecha de la imagen y la **presencia de las esquinas negras** que no forman parte del angiograma y que pueden interferir en la detección.

En este caso encontramos un histograma con **ocurrencias en los 256 niveles**, como se muestra en la Figura 4.13. Esto se debe, posiblemente, a que la digitalización del angiograma ha sido mejor que en el primer caso.

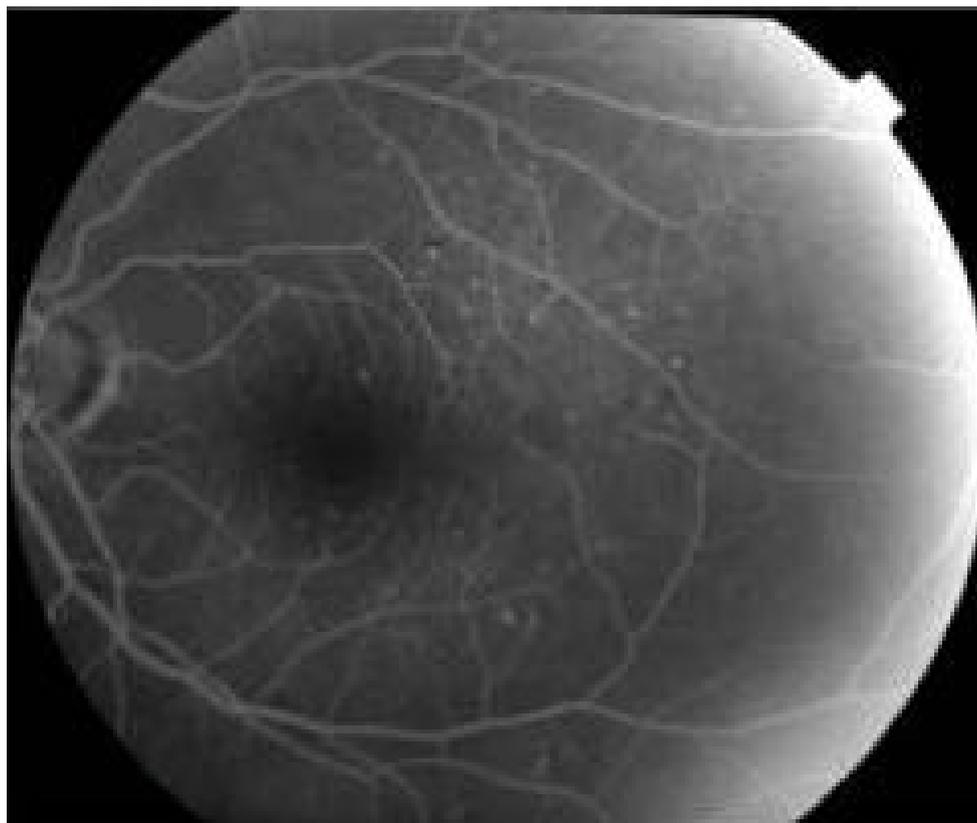


Figura 4.12: Imagen original del caso práctico 2

En este caso el histograma presenta un amplio rango de valores, posiblemente por las grandes variaciones de luminosidad entre zonas

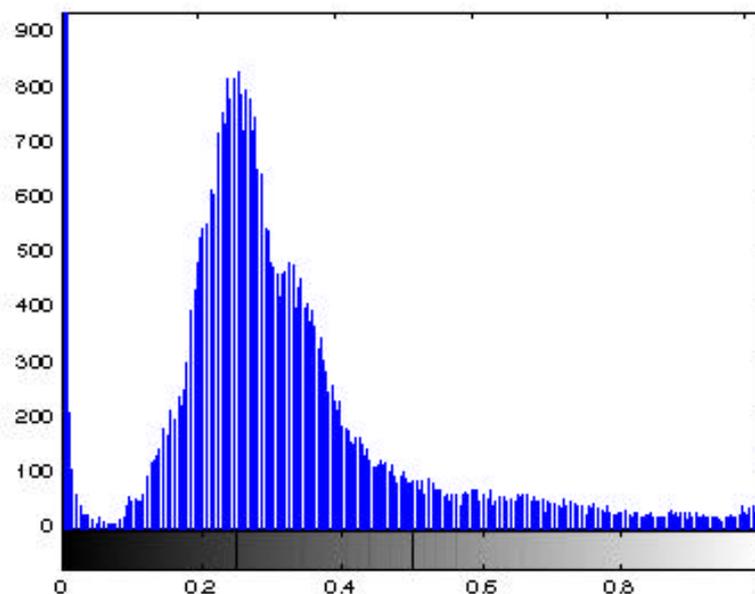


Figura 4.13: Histograma de la imagen de la Figura 4.12

A partir de esta imagen, entrando en el preprocesado, encontramos en primer lugar la **imagen normalizada**, que se ilustra en la Figura 4.14 (página siguiente) y se complementa con su histograma (Figura 4.15). Resulta interesante observar como, a causa de las diferencias locales de luminosidad entre distintas zonas, el árbol vascular y los microaneurismas no se han resaltado todo lo esperado, lo que redundará en una **mayor dificultad** para el algoritmo.

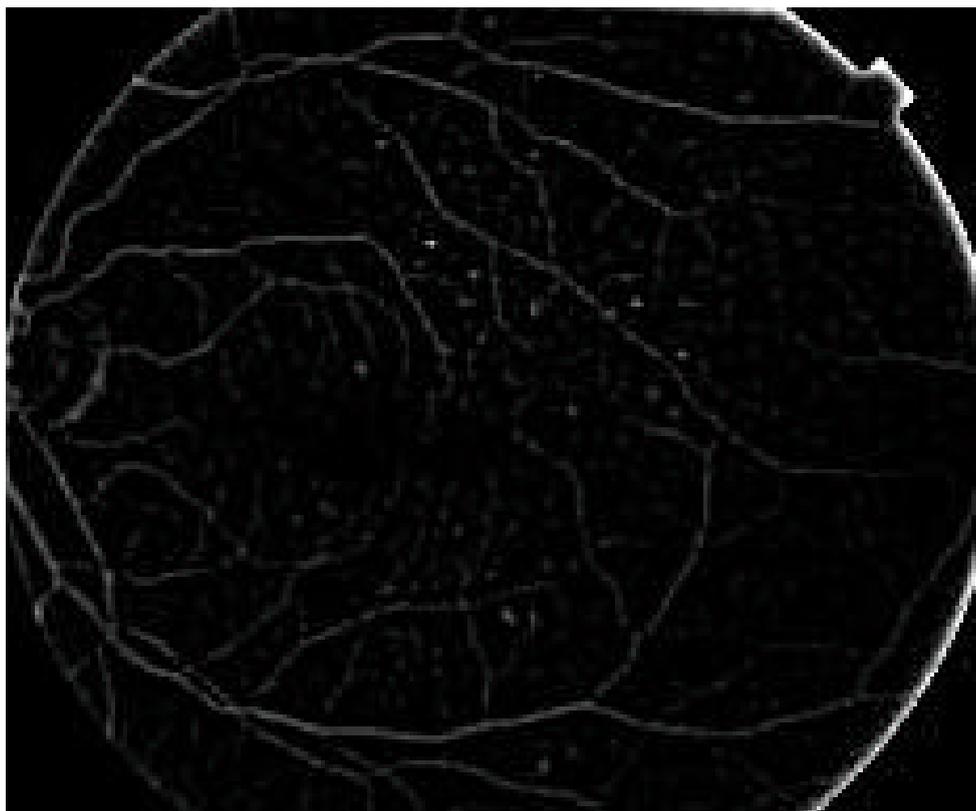


Figura 4.14: Imagen normalizada

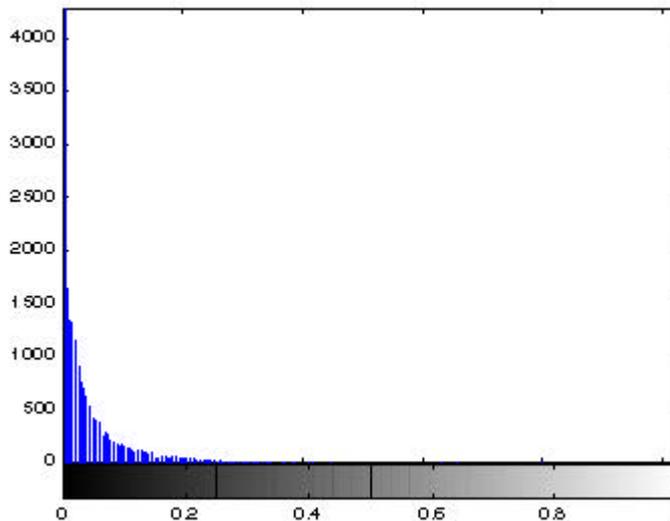


Figura 4.15: Histograma de la imagen normalizada de la Figura 4.14

Resulta interesante apreciar cómo el objetivo de, en cierta forma, **uniformizar las imágenes de entrada** respecto a diferencias de iluminación o contraste se cumple, no sólo visualmente sino a efectos del histograma, como se puede observar comparando la Figura 4.15 con la 4.4, que contiene el histograma de la imagen normalizada en el primer caso y que, inicialmente, presentaba unas características radicalmente distintas a las de la imagen que en este caso nos ocupa.

Siguiendo con el proceso de detección, encontramos a continuación la **imagen salida del filtrado Top-Hat** y la **imagen preprocesada**, que se

muestran, respectivamente, en las Figuras 4.16 y 4.17. En este caso el filtrado Top-Hat, además de la práctica totalidad del árbol vascular, elimina en buena parte el área más luminosa de la derecha (que no es más que una distorsión de la imagen debida a una obtención inadecuada de la misma).

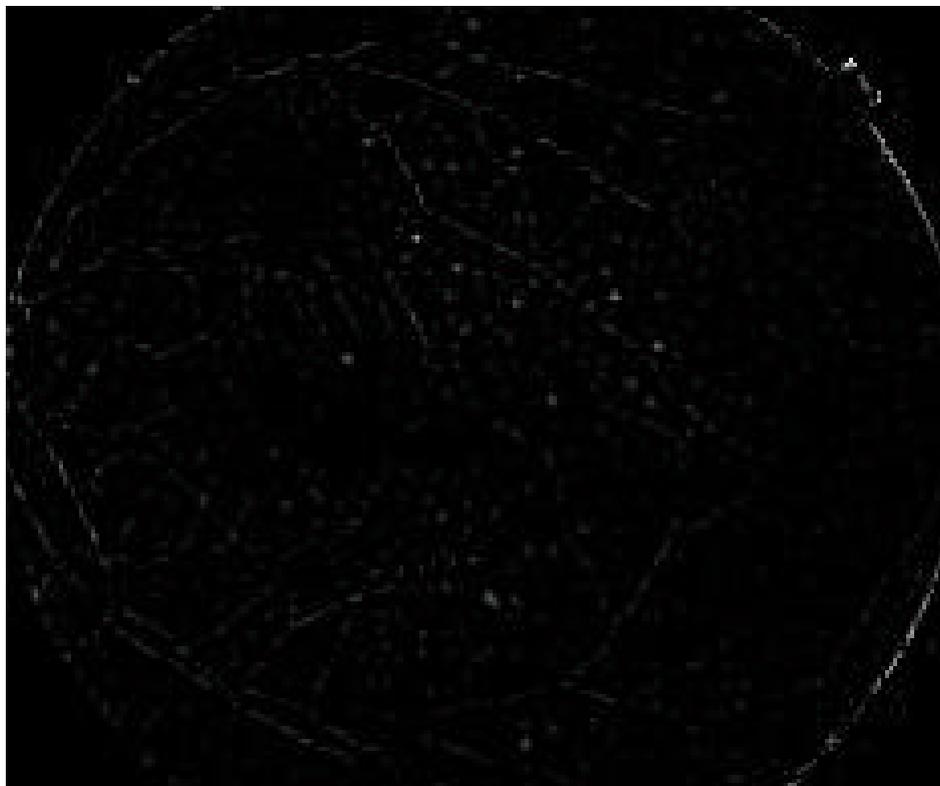


Figura 4.16: Imagen salida del filtrado morfológico Top-Hat

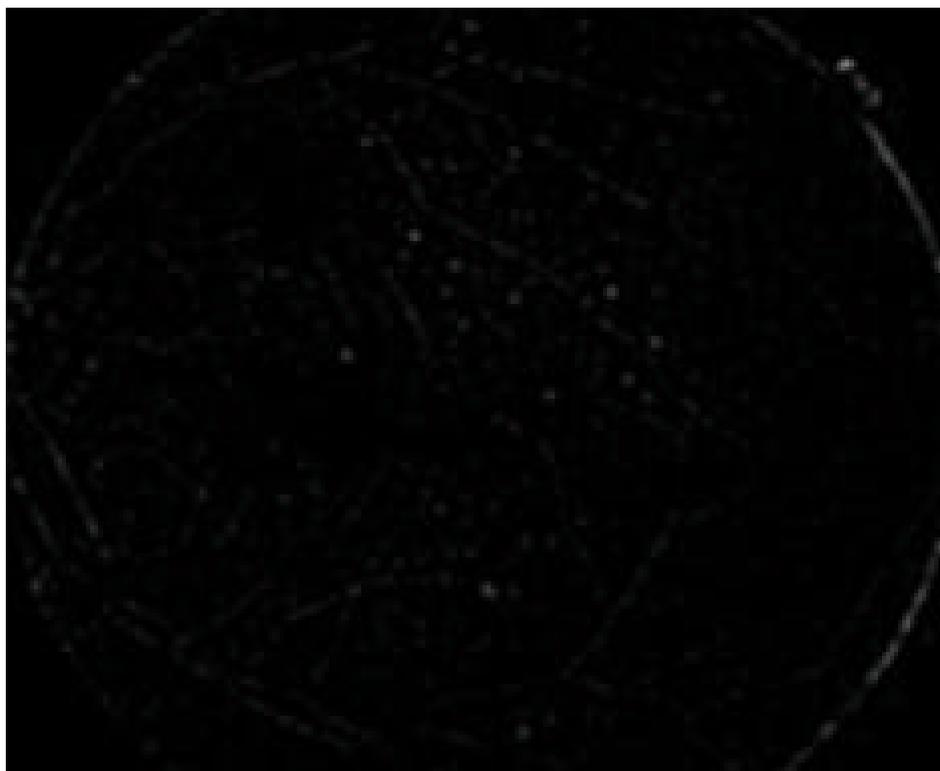


Figura 4.17: Imagen preprocesada

Tras el preprocesado se reanuda la detección con la obtención de los máximos locales. Se detectaron **1411 píxeles máximos locales**, lo que equivale, al tener la imagen un total de $202 \cdot 240 = 48480$ píxeles, al 2.91% de los píxeles de la imagen. De esta cantidad sólo superaron el proceso de umbralización **127 máximos locales** (el 0.26% de los píxeles de la imagen y el 9% de los máximos locales detectados), lo que conlleva la misma cantidad de regiones candidatas a ser microaneurismas.

Partiendo de estas semillas se procede a la segmentación de las regiones, cuyo resultado se muestra en la Figura 4.18 (**imagen segmentada**). Resulta interesante la cantidad de regiones candidatas que existen en la zona de máxima iluminación a la derecha de la imagen, y que, en principio, no parece contener ningún microaneurisma sino simplemente los valores más altos de intensidad de la imagen.

Debido a los altos valores de intensidad de la parte derecha, se han agrupado allí muchas regiones que no son microaneurismas y el método deberá descartar

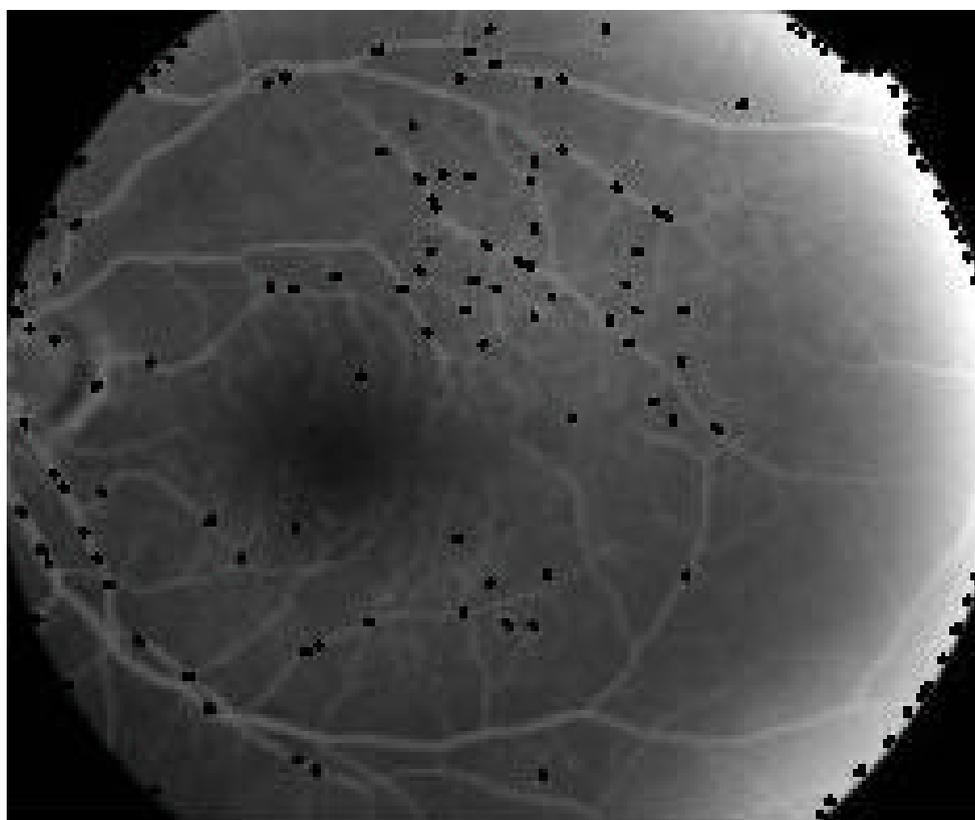


Figura 4.18: Regiones segmentadas superpuestas a la imagen original

El siguiente paso del algoritmo consiste en comprobar el **cumplimiento de los tres criterios de validación** de los que disponemos, esto es, intensidad, contraste y forma. Para ilustrar esto, en las Figuras 4.19, 4.20 y 4.21 se muestran las regiones que cumplen cada uno de estos criterios. Es especialmente ilustrativo el observar cómo las regiones de la derecha, que no parecían ser microaneurismas sino consecuencia de una mayor luminosidad, no cumplen el criterio de forma por razones obvias, y, por tanto, no se validarán, como se verá más adelante.

Cabe destacar también el **efecto de las diferencias de iluminación** sobre estos criterios, especialmente sobre el criterio de intensidad. Es fácil apreciar cómo

se han validado muy pocas regiones debido a la existencia de zonas muy iluminadas y otras muy poco. No obstante, estas dificultades se subsanan en parte con las caracterizaciones de los parámetros y los umbrales diseñados, que pretenden compensar ante estos cambios y, como se verá, permiten que, pese a las deficiencias en la imagen la detección sea satisfactoria.

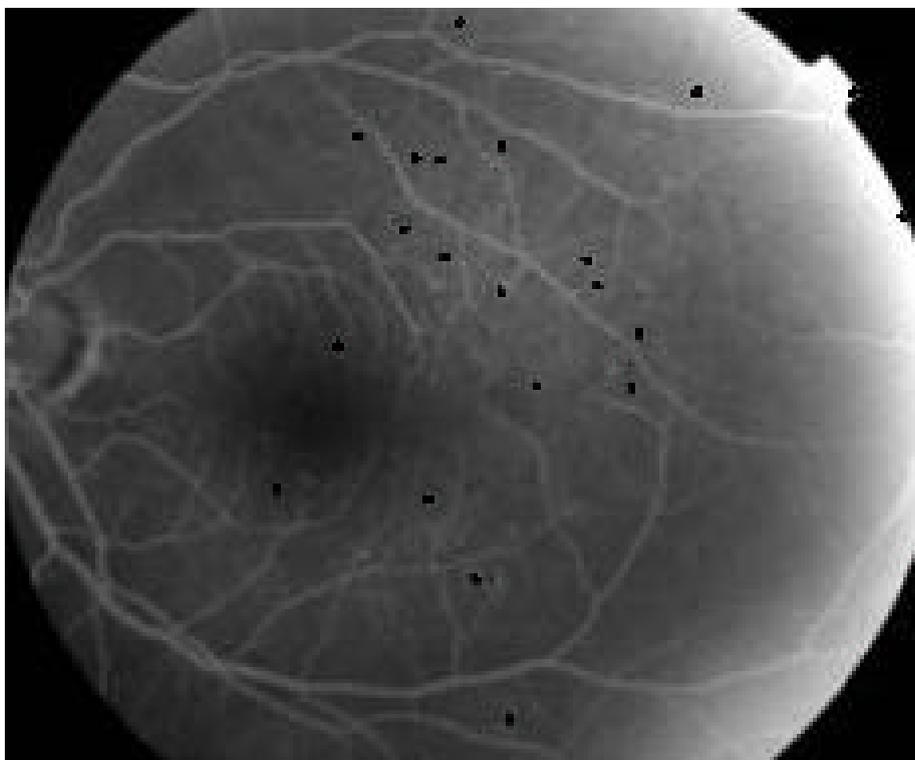


Figura 4.19: Regiones que cumplen el criterio de intensidad

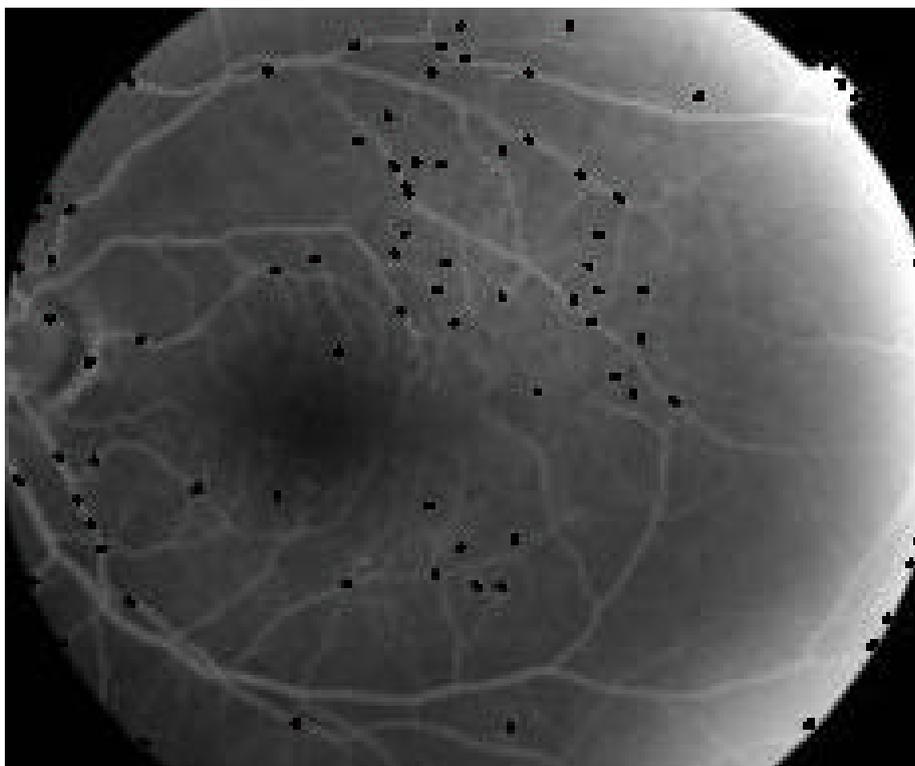


Figura 4.20: Regiones que cumplen el criterio de contraste

El criterio de forma elimina totalmente todas las regiones del área de máxima luminosidad de la derecha, permitiendo el descarte de dichas regiones

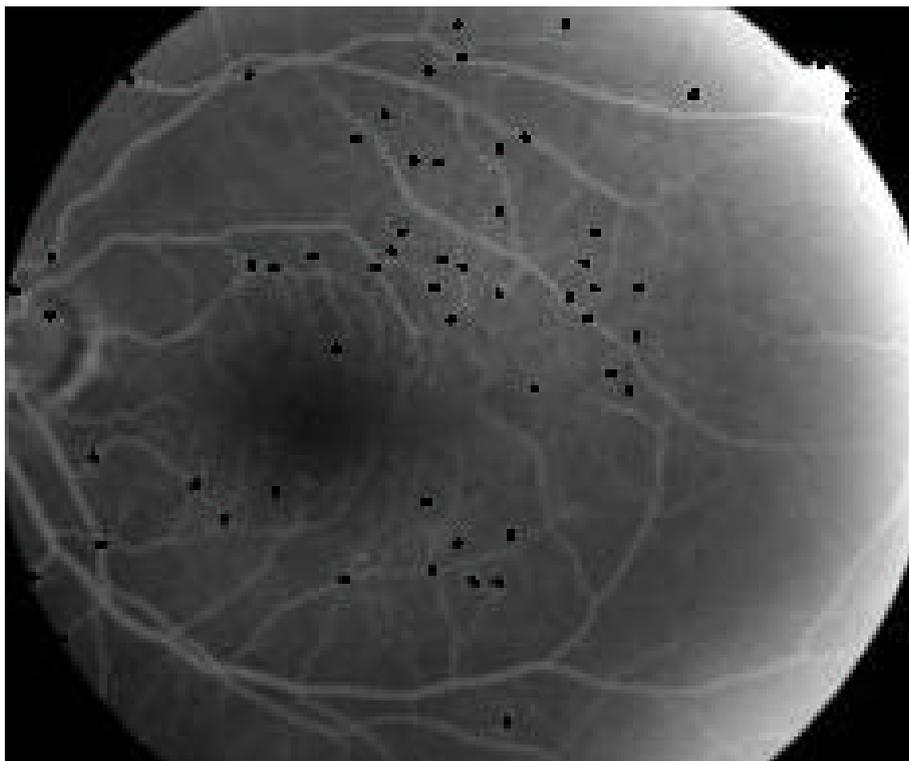


Figura 4.21: Regiones que cumplen el criterio de forma

Con todo esto, el algoritmo determina que las **regiones que son microaneurismas** son las que se muestran en la Figura 4.22, en color amarillo (para una mejor observación) y superpuestas a la imagen original :

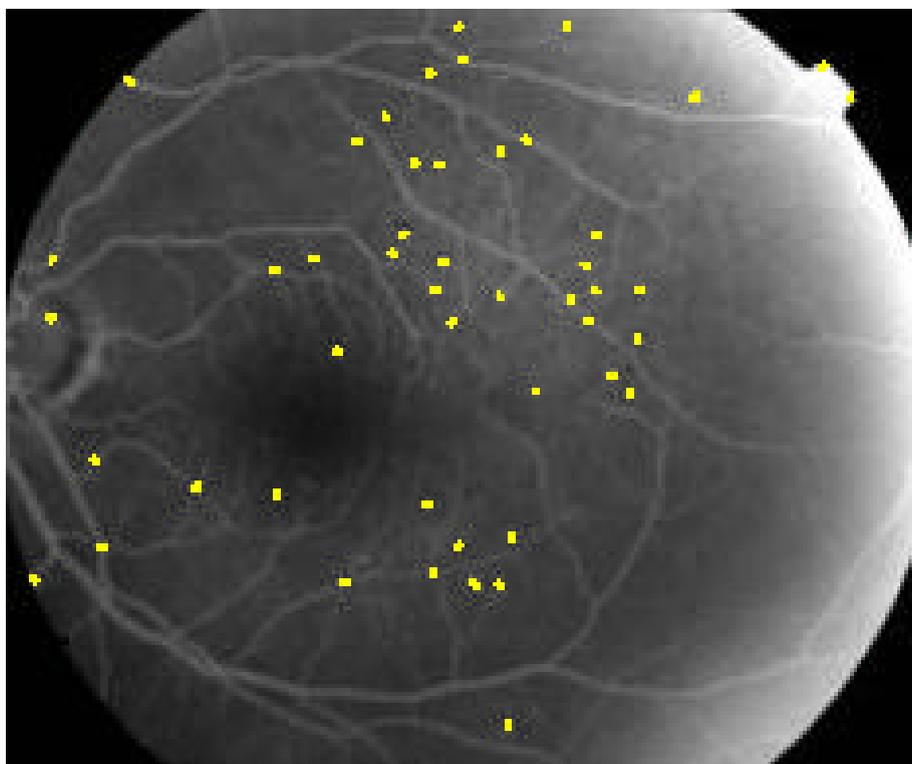


Figura 4.22: Microaneurismas detectados marcados en amarillo sobre la imagen original

En resumen, se ha llevado a cabo la detección de **49 microaneurismas**, lo que supone el 38.6% de las regiones candidatas a serlo. A estos efectos, indicar que no se producido ningún solapamiento entre regiones validadas, y que, al igual que se indicó en el primer caso, las regiones que verifican cada uno de los criterios se muestran en la tabla siguiente:

	C. Intensidad	C. Contraste	C. Forma	TOTAL
Validadas	21	80	56	49
No validadas	106	47	71	78
Porcentaje de validación	16.53%	63%	44.09%	38.58%

Tabla 4.2: Datos de validación de criterios en el caso 2

Este caso práctico pretende ilustrar las dificultades principales que encuentra el método para un funcionamiento correcto

Contrastando estos resultados con la información validada de la que se dispone, se comprueba que en la imagen original, de tamaño 1300x1024, se ha observado la presencia de **71 microaneurismas**, de los que nuestra detección ha encontrado 44, produciéndose **5 falsos positivos**. Así, el porcentaje de detección es, en este caso, del **62%**.

Sin embargo, el verdadero interés de este caso práctico radica en que es uno de los que **peores condiciones de detección** ofrecen al algoritmo, lo que redundará en uno de las peores detecciones que este realiza (y que, no obstante, es superior al 60%). Así, podemos profundizar algo más en los resultados obtenidos para ver cómo se comporta el método ante ciertas características de la imagen:

➤ En primer lugar, aparece el **problema de la iluminación no uniforme**. Este hecho, que se manifiesta claramente en la imagen que nos ocupa, es parcialmente **compensado de forma automática** por parte del método, de forma que es sustancialmente reducido en cada uno de los pasos para, finalmente, desecharse todas las regiones de esta zona merced al criterio de forma, con la consecuencia de que ninguna región de esta parte de la imagen se valida como microaneurisma, que es precisamente lo que debía pasar.

➤ Sin embargo, el verdadero **factor limitante para la detección** en esta imagen es el **tamaño de la misma**. Así, si bien la imagen original era de tamaño 1300x1024, evidentemente no se ha dispuesto de esta imagen, sino de una **versión reducida 202x240 para todo el fondo de ojo**. De esta forma, resulta evidente que se produce una **gran pérdida de resolución** (y, consecuentemente, de información) en la imagen que el método analiza. Así, si bien en la imagen con los microaneurismas validados que se usa para contrastar la detección aparece que en cierta posición hay un microaneurisma, el estudio de esa zona ampliada en la imagen de la que disponemos no revela que allí exista ningún microaneurisma ni ningún indicio de región hiperfluorescente. Evidentemente, estos microaneurismas debían ser de diámetro reducido, y se han perdido al reducir o digitalizar la imagen. Esto sucede en 21 casos, por lo que en realidad **sólo son detectables 50 de los 71**

microaneurismas, lo que supondría una **tasa de detección del 90%**. Además, la reducción de la imagen implica una drástica pérdida de información, por lo que no puede realizarse un estudio adecuado de ciertas características como, por ejemplo, la forma de una región.

➤ La cuestión de los **falsos positivos** es uno de las causas de la inclusión de este caso práctico. Como se ha dicho, se han producido **5 detecciones erróneas**, que son las marcadas en rojo en la Figura 4.23. Los falsos positivos en estas imágenes de fondo de ojo completo suelen deberse a dos razones, principalmente:



Papila óptica

① **Presencia de la papila óptica**, que presenta áreas muy semejantes a microaneurismas

② Existencia de las **esquinas redondeadas negras**, que crean **falsos contornos** y **distorsionan la imagen**.

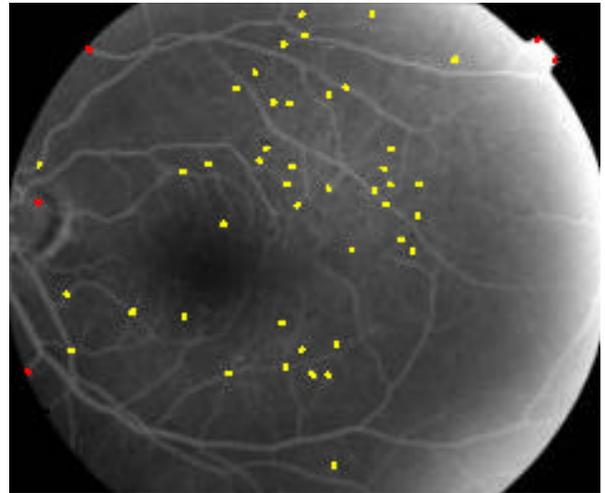
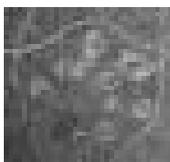


Figura 4.23: Falsos positivos marcados en rojo



Cicatrices debidas al láser

Existe otra causa frecuente de falsos positivos, aunque no aparece en muchos angiogramas: la presencia de cicatrices debidas al tratamiento con láser. En cualquier caso, la solución que se propone para evitar falsos positivos por las dos primeras razones es **centrar el estudio en la región macular**, donde no aparece la papila y no existen estas esquinas. Es en esta situación, que aparecía en el caso práctico 1, donde se **minimiza el riesgo de falsos positivos**. Por otra parte, un mayor tamaño de imagen amplía la información de la que se dispone y disminuye aún más el riesgo de falsos positivos.

CASO PRÁCTICO 3: OJO SANO

En este caso se pretende analizar un **ojo sano**, esto es, sin microaneurismas. Para ello se realizará la detección sobre un angiograma de **fondo de ojo completo**. Debido a esto y a lo expuesto en el apartado anterior, parece lógico esperar algún **falso positivo**, en general debido a los motivos enunciados (papila óptica y existencia de esquinas negras). Sin embargo, el número de microaneurismas detectados, que **idealmente debe ser cero**, habrá de ser muy bajo para un correcto funcionamiento del método, ya que aunque los falsos positivos puedan ser esperados (siempre en zonas que no son de nuestro interés) no pueden ser demasiados.

Así, la imagen del fondo de ojo completo es de 256 grises y tamaño 216x268, y se muestra en la Figura 4.24, acompañada, en la Figura 4.25, por su histograma que, como es habitual, no presenta ocurrencias en todos los valores de gris, sino tan sólo en 15 de los 256 posibles.

Esta es la mejor imagen de ojo sano de que se dispone, sin ser de gran calidad. Si la calidad de la imagen es mala, la detección puede ser totalmente errónea, resultando incluso en 100 falsos positivos. Así, debe procurarse utilizar imágenes adecuadas para la detección (lo ideal es calidad diagnóstica)

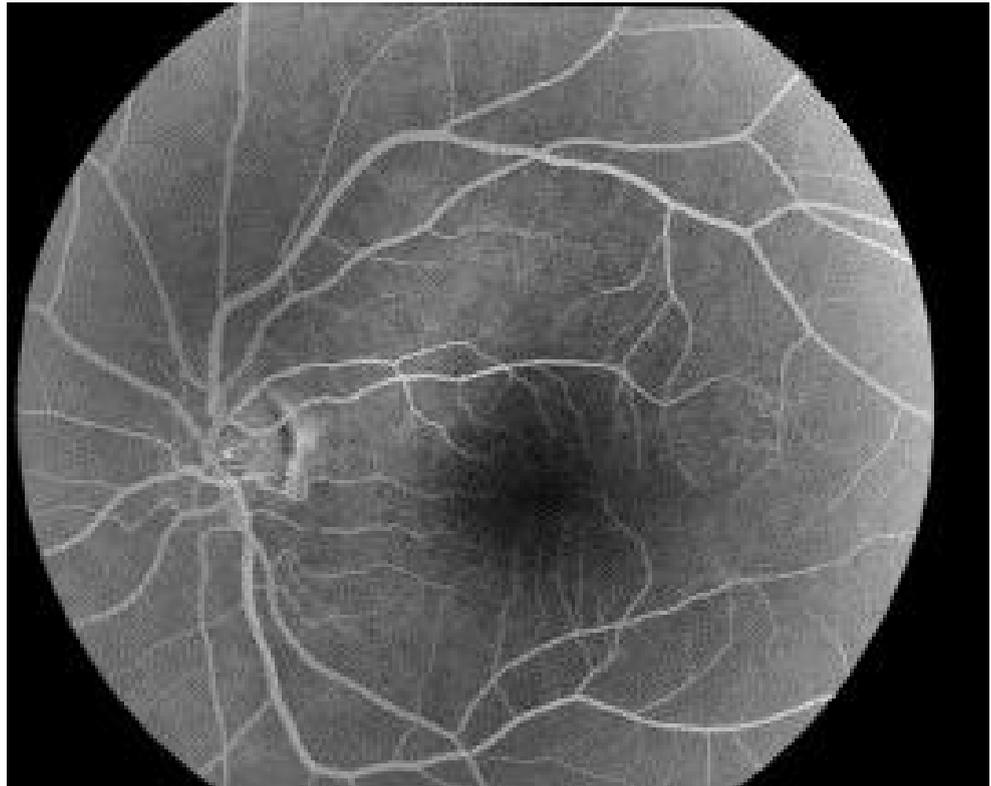


Figura 4.24: Imagen original del caso práctico 3

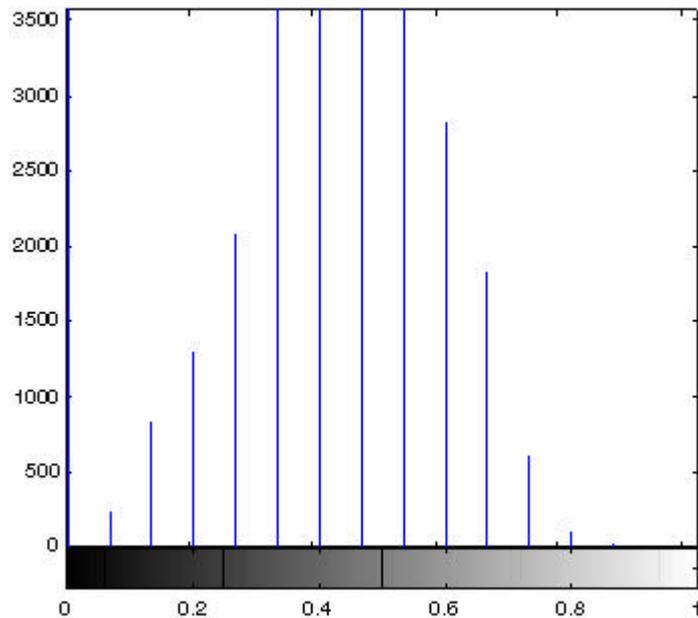


Figura 4.25: Histograma de la imagen de la Figura 4.24

A continuación (en la página siguiente) se muestra, en la Figura 4.26, la imagen normalizada, observándose la presencia de una cierta distorsión en la parte derecha de la imagen debida a la iluminación no uniforme y, principalmente, a la presencia del contorno negro no perteneciente al angiograma. Esta distorsión tiene como efecto el que los píxeles del árbol vascular y los microaneurismas no alcancen el valor máximo de intensidad, sino que se queden en un valor relativamente alto.

Esta expansión del histograma puede apreciarse en la Figura 4.27 que acompaña a la imagen normalizada, y que presenta la forma clásica de estas imágenes.

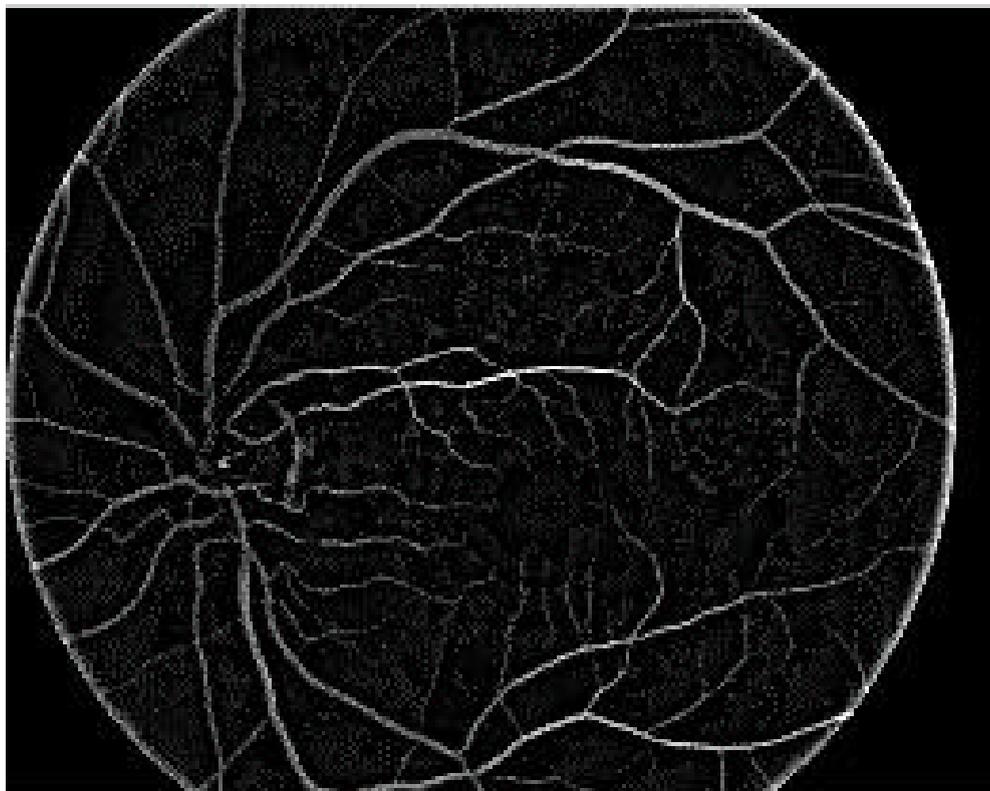


Figura 4.26: Imagen normalizada

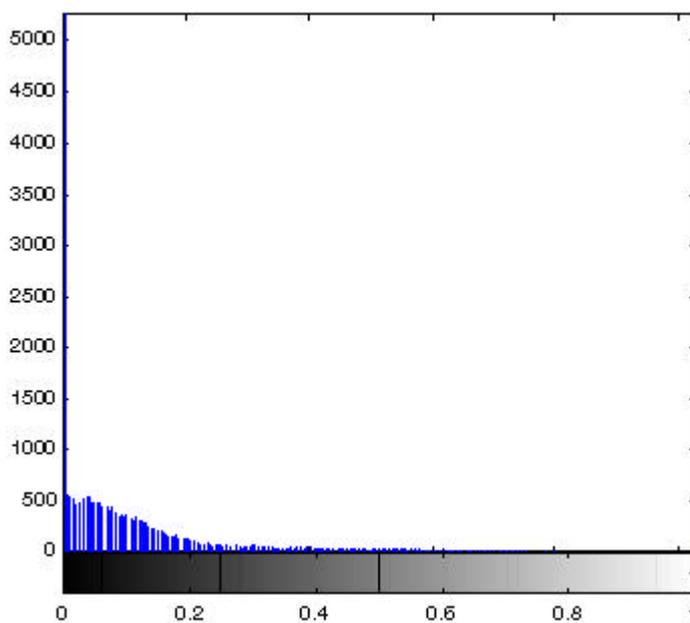


Figura 4.27: Histograma de la imagen normalizada de la Figura 4.26

El paso siguiente del algoritmo nos lleva al filtrado Top-Hat y a la **imagen preprocesada**. En este tercer caso práctico sólo se incluirá la preprocesada (Figura 4.28), puesto que, como se ha visto en los casos previos, ambas son muy parecidas,

y en este caso, que refleja un ojo sano, no se pondrá de manifiesto mucha información referente a microaneurismas, ya que no existirá en la imagen.

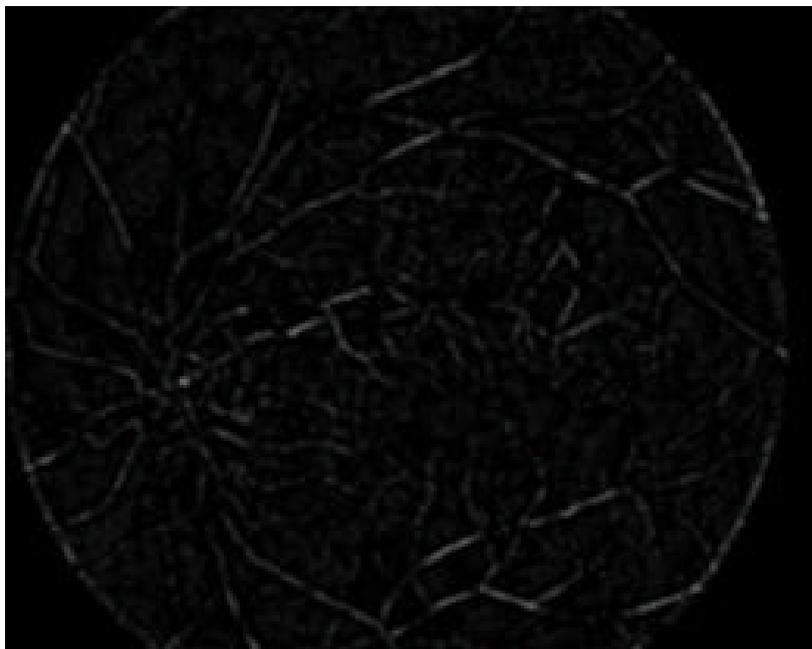


Figura 4.28: Imagen preprocesada

Lo que hace que se validen tantas semillas es que el umbral para esto depende de la imagen a través de los máximos locales

Llegados a este punto, comienza la etapa de detección que, inicialmente, reduciremos a cifras. Así, aunque el ojo esté sano, se obtienen **1728 máximos locales**, que suponen el 2.98% de los 57888 píxeles de la imagen. De estos máximos se validan como **semillas sólo 209** (el 12.1% de los máximos locales y el 0.36% de los píxeles de la imagen). Nótese cómo estas cantidades son del mismo orden que en los casos prácticos anteriores, lo que, en principio, no hace prever que estemos ante un ojo sano, ya que son muchas las regiones que pueden ser microaneurismas. Una vez realizada la segmentación se obtiene la configuración de estas regiones candidatas, que es la que se muestra en la Figura 4.29:

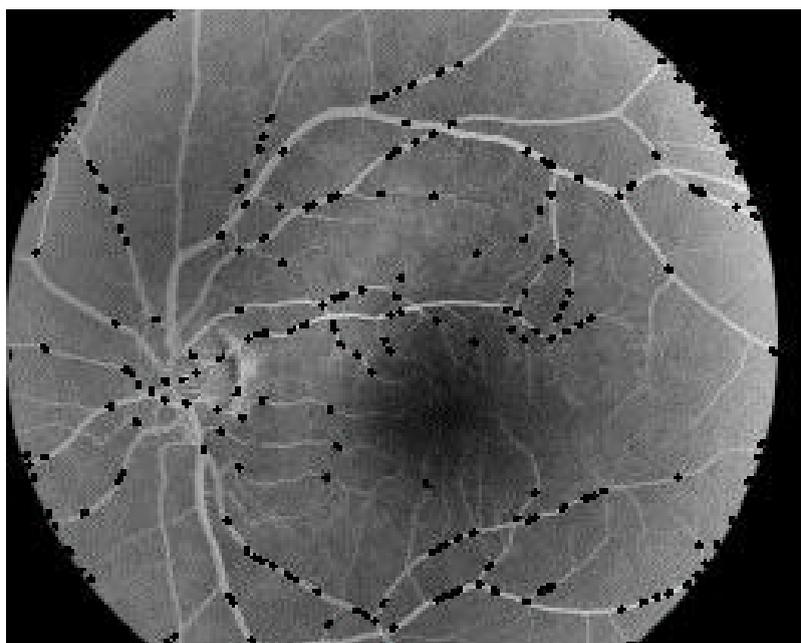


Figura 4.29: Regiones superpuestas a la imagen original

A continuación se aplican los **criterios de validación** de microaneurismas, y es donde debe realizarse el cribado de las regiones candidatas. Evidentemente, si los criterios de validación hacen un trabajo eficaz deben rechazar la práctica totalidad de las regiones. Para ilustrar este proceso, se muestran a continuación las regiones que cumplen cada uno de los criterios:

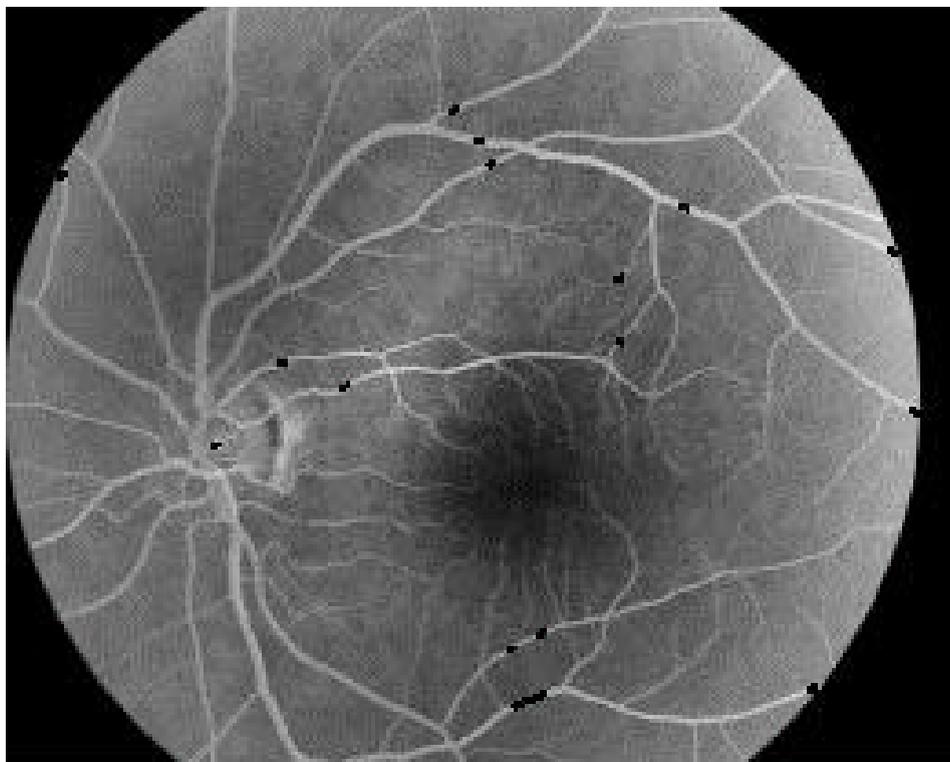


Figura 4.30: Regiones que cumplen el criterio de intensidad

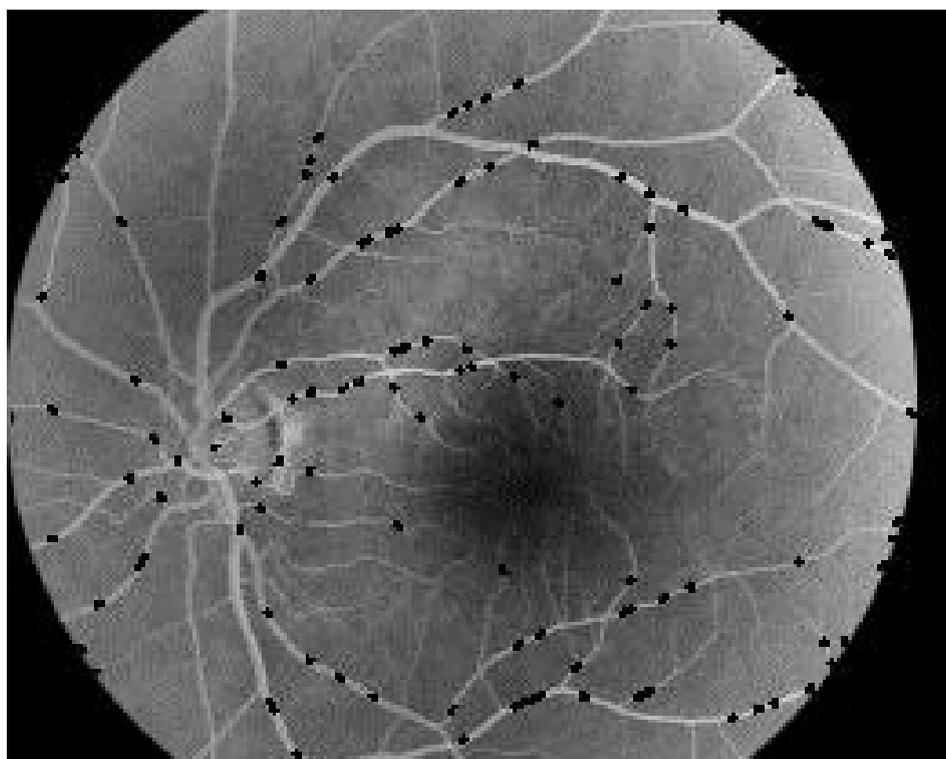


Figura 4.31: Regiones que cumplen el criterio de contraste

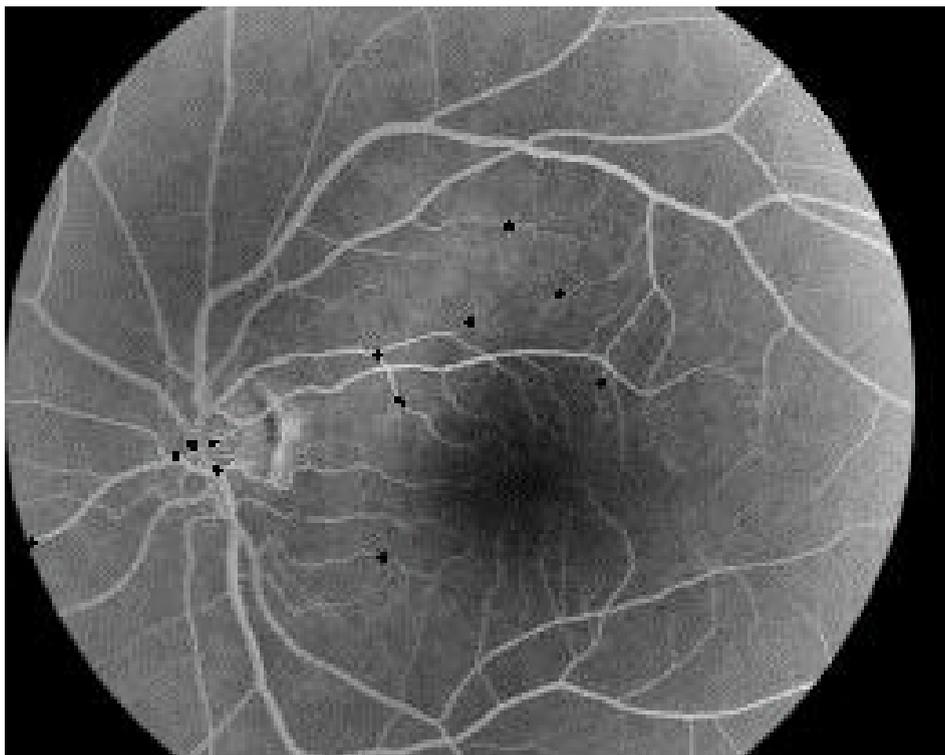


Figura 4.32: Regiones que cumplen el criterio de forma

De este modo, el **resultado final** del algoritmo se muestra en la Figura 4.33, con los microaneurismas detectados en negro:

Las dos
detecciones se
han producido en
la papila óptica,
que presenta
zonas con las
características
de los
microaneurismas

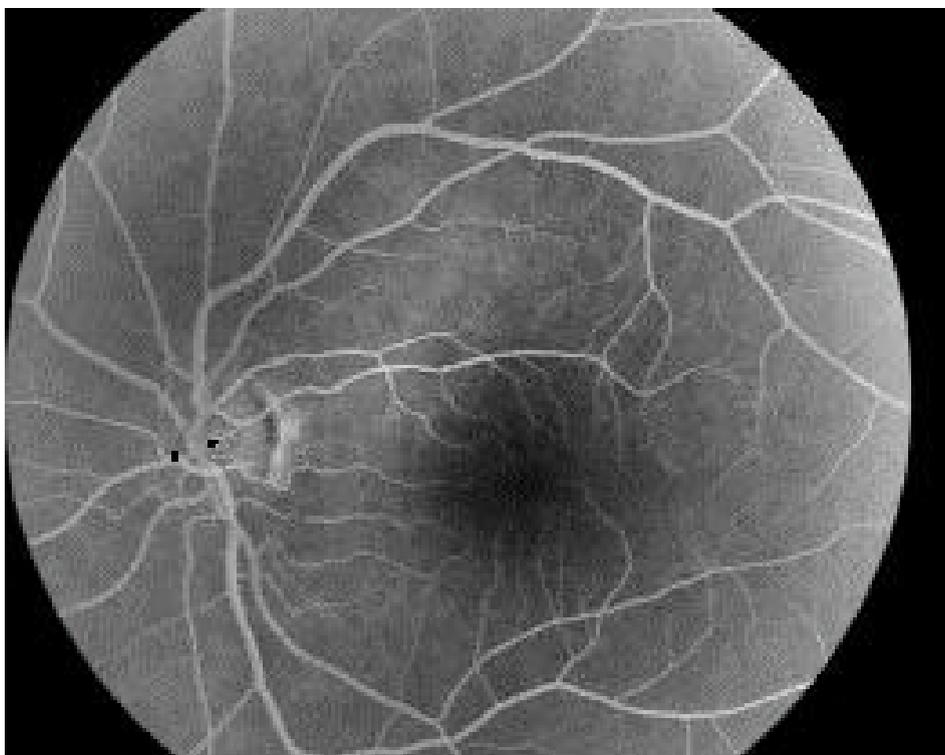


Figura 4.33: Microaneurismas detectados sobre la imagen original

Es decir, se detectan **2 microaneurismas** de los 209 candidatos a serlo que teníamos, lo que indica, como mínimo que **los criterios de validación son**

Es habitual la existencia de falsos positivos, aunque nunca más del 10% (y eso en los peores casos) de los microaneurismas totales de la imagen

realmente útiles y eficaces. Sin embargo, sabemos que nos encontrábamos ante un ojo sano, es decir, **no debía haberse detectado ningún microaneurisma**, o, dicho de otro modo, se han producido **dos falsos positivos**. Sin embargo, y pese al hecho de que estos positivos son errores de detección, la observación de la imagen revela que estas dos regiones detectadas **se encuentran en la papila óptica** que, como se explicó anteriormente, es una de las fuentes habituales de falsos positivos en imágenes del fondo de ojo completo.

Afortunadamente, en este caso el método ha conseguido eliminar los efectos del contorno artificial que producen las esquinas negras, y que a menudo produce positivos erróneos. La solución propuesta para contrarrestar estos efectos es centrar la detección en la zona macular de la imagen, puesto que no se producen estas irregularidades y es allí donde se concentran la mayoría de los microaneurismas.

En cualquier caso, y pese a que lo ideal era haber detectado cero microaneurismas, **el resultado obtenido es muy positivo**, por dos razones:

① **Los falsos negativos han aparecido en el área que se esperaban**, y allí son difícilmente eliminables puesto que la papila presenta estructuras semejantes a microaneurismas. Sólo debe ignorarse este área en el estudio o no considerar las detecciones en ella.

② Pese a que no se ha obtenido el resultado ideal, un método que detecta dos microaneurismas en un ojo sano debe hacer detenerse al médico (que es el usuario del sistema) y verificar si son microaneurismas u otras estructuras similares pero no perjudiciales. Debe incidirse aquí en que **lo importante no es el número exacto de microaneurismas sino el orden o rango aproximado**, y, obviamente, dos supuestos microaneurismas (que el oftalmólogo rápidamente descartará por ser parte de la papila óptica) indican que, si el ojo no está totalmente sano, sí que lo está en un grado muy alto, aún lejano a la terapéutica. Aquí se aprecia no sólo la necesidad sino también la importancia de que **sea el médico quien realice el diagnóstico**, nunca un algoritmo o sistema que sólo debe ser un apoyo.

Para completar la información de este caso práctico y observar la **eficacia de los criterios de validación** implementados, se incluye a continuación una tabla con datos acerca de cada uno de los criterios:

En este caso, la eficacia de los criterios de validación está por encima del 99%

	C. Intensidad	C. Contraste	C. Forma	TOTAL
Validadas	19	114	12	2
No validadas	190	95	197	207
Porcentaje de validación	9.09%	54.54%	5.74%	0.95%

Tabla 4.3: Datos de validación de criterios en el caso 3

RESUMEN

A lo largo de las páginas que componen este cuarto capítulo se han presentado **tres casos prácticos**, radicalmente distintos entre sí, no sólo en características de luminosidad, resolución o similares, sino en los conceptos y facetas del método de detección que cada uno de ellos pretende ilustrar.

Así, el primer caso es el de una **imagen centrada en la región macular** con poca resolución y poca calidad de imagen (poca variedad de valores del histograma, lo que restringe la información disponible), que pretende ilustrar este tipo de imágenes, más adecuadas a nuestro método que las de **fondo de ojo completo**, como era la estudiada en el segundo caso práctico. Esta imagen se incluye como ejemplo de las dificultades que puede encontrar el algoritmo de detección (mala calidad, deficiencias de iluminación...) y para introducir los falsos positivos y sus causas más comunes en las imágenes de fondo de ojo completo. Por último, se ha presentado un caso de un **ojo sin microaneurismas** para ver si el método lo identificaba como tal y, pese a que la detección no fue ideal por la presencia de falsos positivos, se obtuvo un resultado cuyo diagnóstico sería, con casi total probabilidad, de ojo sano.

En estos casos se han obtenido porcentajes de acierto distintos, según la imagen sea o no más adecuada al método, pero hay ciertas cuestiones que merecen destacarse:

❶ Aún en los peores casos, el **porcentaje de detección de microaneurismas** se ha situado por encima del 60%, y en general se ha mantenido en torno al 80-85%. Estos **resultados son muy prometedores**, aunque para una completa seguridad al respecto sería ideal la disponibilidad de imágenes de calidad diagnóstica y de la validación de un oftalmólogo. En cualquier caso, las tasas de detección están al mismo nivel que las de otros métodos, lo que hace esperar que la aplicación sobre imágenes adecuadas **mejorará aún más los resultados**.

❷ Como se ha repetido en las páginas anteriores, una de las mayores limitaciones al desarrollo del método ha sido la **ausencia de imágenes con la calidad o el tamaño adecuados**, y que, además, estuviesen validadas. Esto ha impedido comprobar si los errores de detección se deben al método o al reducido tamaño de las imágenes (lo que implica una desaparición de mucha información en el proceso de eliminación de píxeles). Como ejemplo, sirva mencionar que en una imagen de un tamaño muy reducido transformada de un formato de baja calidad a BMP, la detección fue totalmente incongruente, debido a la naturaleza de la imagen, que presentaba extrañas discontinuidades y cambios de color que producen gran distorsión. Obviamente, este caso no se produciría en una utilización clínica del método, pero sirve para realzar la necesidad de lo explicado.

❸ Los **criterios de validación** implementados, y la forma de utilizar la información que proporcionan, han demostrado ser **realmente eficaces en la inmensa mayoría de los casos**, como se aprecia en la eliminación de regiones

Deben introducirse en el método imágenes BMP de calidad suficiente, preferentemente obtenidas y digitalizadas con el mismo equipo, lo que permite configurar los parámetros del método de forma óptima

candidatas que son parte del árbol vascular y en los resultados obtenidos en el ojo sano.

Es poco habitual que se produzcan falsos positivos por causas distintas a las explicadas anteriormente, lo que facilita al médico su localización

④ El caso práctico del **estudio del ojo sano resulta en una detección prácticamente ideal**, puesto que los falsos positivos detectados, producidos además en una región donde se esperan, no deben empañar el diagnóstico médico: a efectos prácticos, una detección de dos (o incluso de diez o veinte) microaneurismas no se considerará en general un caso de retinopatía diabética, puesto que, en primer lugar, estos resultados entran dentro del margen de error lógico del método, y, por otra parte, **los microaneurismas se cuentan por cientos**, por lo que una detección de tan pocos valores no engañará al médico, que con una ligera inspección de la detección concluirá que son falsos positivos. Por todo ello, y aunque es evidente la posibilidad de **mejorar esta característica**, se considera que los **resultados en el ojo sano son muy positivos**.

El interfaz gráfico IRIS

En los capítulos precedentes se ha detallado en profundidad el método de detección diseñado y se han presentado casos prácticos de aplicación del mismo en situaciones muy distintas. En estos capítulos se ha hecho referencia en múltiples ocasiones al **interfaz gráfico del método**, que se ha denominado **IRIS**, remitiendo a una posterior explicación en profundidad. Así, tras numerosas referencias, finalmente, éste es el capítulo en el que se introduce el interfaz **IRIS**, por el cual viajaremos en las páginas siguientes.

Se ha pretendido en el diseño del interfaz proporcionar una **facilidad de uso** más que un impacto visual con una abrumadora cantidad de opciones y menús, con el fin de llevar a cabo una aplicación eminentemente práctica más que decorativa. No obstante, se han habilitado opciones que permiten introducir variaciones en el método de detección y que ya se mencionaron en el análisis del método que se llevó a cabo en el *capítulo 3*.

MOTIVACIÓN DE UN INTERFAZ GRÁFICO

Se ha desarrollado un método de detección de microaneurismas, lo cual dista mucho de ser una aplicación destinada al público general, ávido de software novedoso. Por contra, resulta evidente que **el destinatario final del método diseñado es el profesional médico**, que es el que tiene interés en una aplicación de **ayuda al diagnóstico**, así como el único que puede interpretar los resultados que el algoritmo proporciona. Sin embargo, a este profesional médico no puede presuponerse un conocimiento de los interfaces en línea de comandos que presentan los lenguajes de programación utilizados habitualmente (y utilizados para implementar el método diseñado), y mucho menos de los lenguajes de programación en sí.

Nos encontramos por tanto con una **situación de conflicto**: las personas a las que les resulta útil el método no sabrán, en general, utilizarlo, y es probable que ni siquiera deseen hacerlo ante su dificultad de uso.

Podemos plantear dos soluciones a este conflicto: por un lado, podría fomentárseles a los profesionales médicos el estudio y aprendizaje de estos lenguajes de programación de alto nivel o, al menos, de los interfaces en línea de comandos; o, por contra, podría facilitárseles un interfaz gráfico, que no requiere ningún aprendizaje previo pero que supone un **desarrollo de software extra**.

EL INTERFAZ GRÁFICO IRIS

- Motivación de un interfaz gráfico
 - La creación del interfaz gráfico de usuario
 - Instalación y activación del interfaz
 - Descripción del interfaz
 - Diseño de base de datos
-

El interfaz diseñado es un prototipo, esto es, su finalidad es ilustrar como acceder al método de detección de forma gráfica

Como parece bastante más lógico facilitarles una herramienta a los oftalmólogos que crearles la obligación de un nuevo y complejo aprendizaje en áreas que no son de su interés, se ha optado por la segunda solución, esto es, el desarrollo de un interfaz gráfico, dentro de la idea que ha presidido todo el proceso de diseño: **ayudar al médico a dar el mejor diagnóstico** con las herramientas más potentes y de uso más sencillo, sin pretender nunca sustituir su papel.

Dicho interfaz gráfico se ha denominado **IRIS** y será presentado en las páginas que siguen, en lo que constituye una suerte de **manual de uso**.

LA CREACIÓN DEL INTERFAZ GRÁFICO DE USUARIO

Como se ha dicho, la solución adoptada para resolver el conflicto planteado es la creación de un **interfaz gráfico de usuario**. Sin embargo, el desarrollo de este tipo de aplicaciones suele ser complejo y costoso, suponiendo una gran cantidad de trabajo para adaptar todo el código desarrollado a un nuevo lenguaje de programación gráfico.

Como el objetivo inicial del proyecto no contemplaba este interfaz, sino que surgió de la necesidad antes descrita, se optó por crear un **prototipo** que permitiera el uso práctico del método pero no supusiera la creación de un programa totalmente nuevo.

Así, se optó por crear este interfaz reutilizando las ya codificadas rutinas que componen el método en su interfaz de línea de comandos en Matlab. Este lenguaje permite la **creación de interfaces gráficos de usuario** aprovechando rutinas preexistentes del interfaz de línea, y lo hace a partir de la utilidad *GUIDE*, que permite añadir objetos, editar o modificar sus propiedades y asociar funcionalidades a los mismos.

El interfaz, por tanto, está creado en Matlab con la premisa de cumplir con las cualidades universales del diseño de interfaces gráficos, a saber:

➤ **Simplicidad:** El interfaz debe ser claro, dar una sensación de unidad y sólo presentar funcionalidades que permitan llegar al fin deseado.

➤ **Consistencia:** El interfaz debe tener un aspecto parecido a otros programas con interfaz gráfico que se utilicen habitualmente, de forma que el usuario tenga una sensación de saber, de forma aproximada, lo que puede hacer.

➤ **Familiaridad:** Si el interfaz puede resultar complejo, debe tener alguna relación, generalmente visual, con la tarea que lleva a cabo, de forma que al usuario le resulte más intuitivo.

Por último, también se ha pretendido, en la medida de lo posible, asociar a las acciones que lleva a cabo el interfaz tres propiedades: **inmediatez**, **continuidad** y **reversibilidad**. En ellas tiene mucha importancia la consideración

de los tiempos de procesamiento, de forma que cuando una acción no es inmediata su activación debe hacerse necesariamente de forma explícita.

INSTALACIÓN Y ACTIVACIÓN DEL INTERFAZ

El interfaz **IRIS** requiere que el equipo donde se ejecute tenga **instalado el paquete Matlab**, o su uso no será posible. Si Matlab se encuentra, efectivamente, instalado, debe ejecutarse, de forma que se encuentre **activo**.



Para instalar el interfaz **IRIS** y todas sus rutinas asociadas deben guardarse los ficheros (que se encuentran en el **CD que acompaña la presente memoria**) del interfaz en un directorio que esté en la ruta de búsqueda de Matlab, o bien en un directorio distinto e incluir el mismo en la ruta de búsqueda de Matlab (preferiblemente al principio de la lista, esto es, con máxima prioridad en caso de sobrecarga de funciones). Para **modificar esta ruta de búsqueda** basta con entrar en los menús del programa Matlab, concretamente en el **menú File** (Archivo), y dentro de este seleccionar la **opción "Set Path..."** (ver Figura 5.1), que abre una nueva ventana donde puede verse la ruta de búsqueda actual ordenada y modificarla si se desea (la que aparece en la página siguiente, en la Figura 5.2).

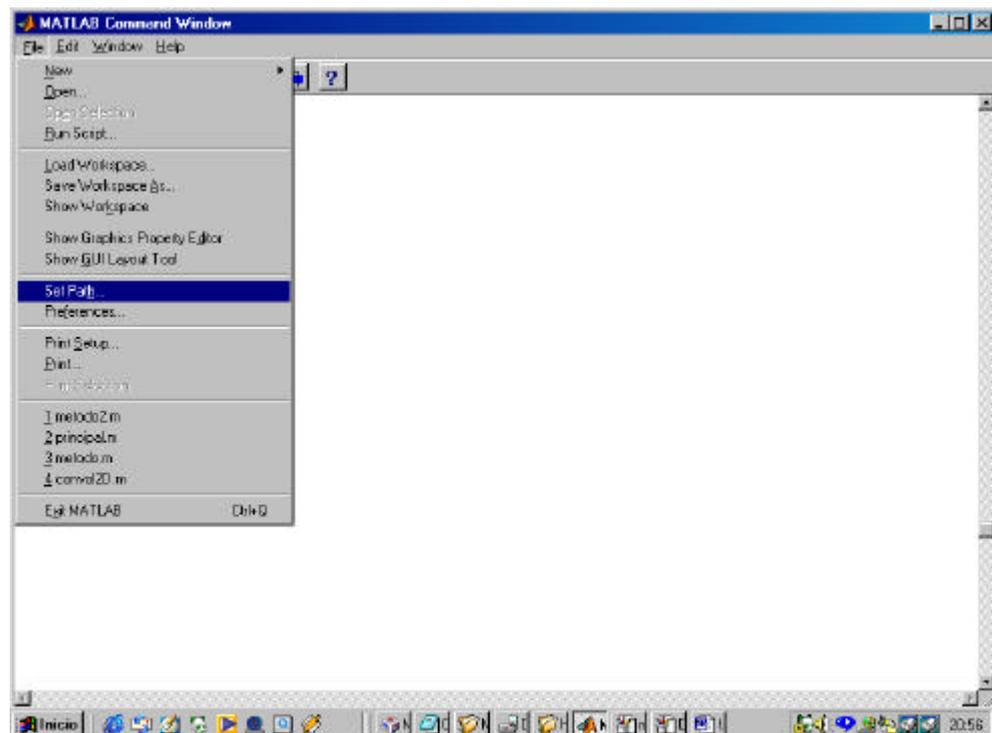


Figura 5.1: Modificación de la ruta de búsqueda de Matlab

Hecho esto **la instalación ha concluido**, y sólo resta su **ejecución**. Para ello, tanto si es la primera ejecución como cualquier otra, hay que entrar en el interfaz en línea de Matlab e introducir **iris** (todo en minúsculas), como se muestra en la Figura 5.3. Este simple proceso abre el interfaz **IRIS**, y es el que debe hacerse cada vez que desee utilizarse: **abrir Matlab y ejecutar iris**.

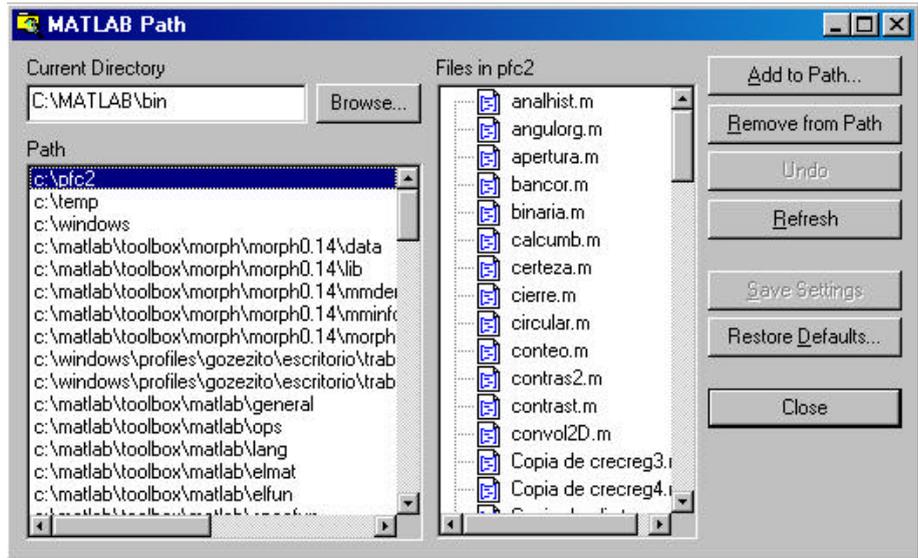


Figura 5.2: Ventana de ruta de búsqueda de Matlab



Figura 5.3: Invocación del interfaz gráfico **IRIS**

DESCRIPCIÓN DEL INTERFAZ

Al invocar al interfaz de la forma explicada, lo primero que carga es la **ventana de presentación**, que permanece en pantalla cinco segundos y se cierra automáticamente para dar paso a la ventana principal. Esta ventana de presentación contiene el logotipo diseñado para identificar al interfaz, y es la que aparece en la Figura 5.4, que se muestra a continuación:



Figura 5.4: Ventana de presentación del interfaz **IRIS**

Una vez cerrada automáticamente la ventana de presentación, aparece en pantalla la ventana principal del interfaz **IRIS**, que se muestra en la Figura 5.5, donde se detalla cada una de las partes de dicha ventana. Las acciones se realizan sobre los distintos controles, mientras que los resultados aparecen en los espacios para imágenes y en el contador. A continuación describiremos cada una de las opciones que presenta esta ventana.

Se puede apreciar como en la ventana inicial existen controles deshabilitados, como se explicará

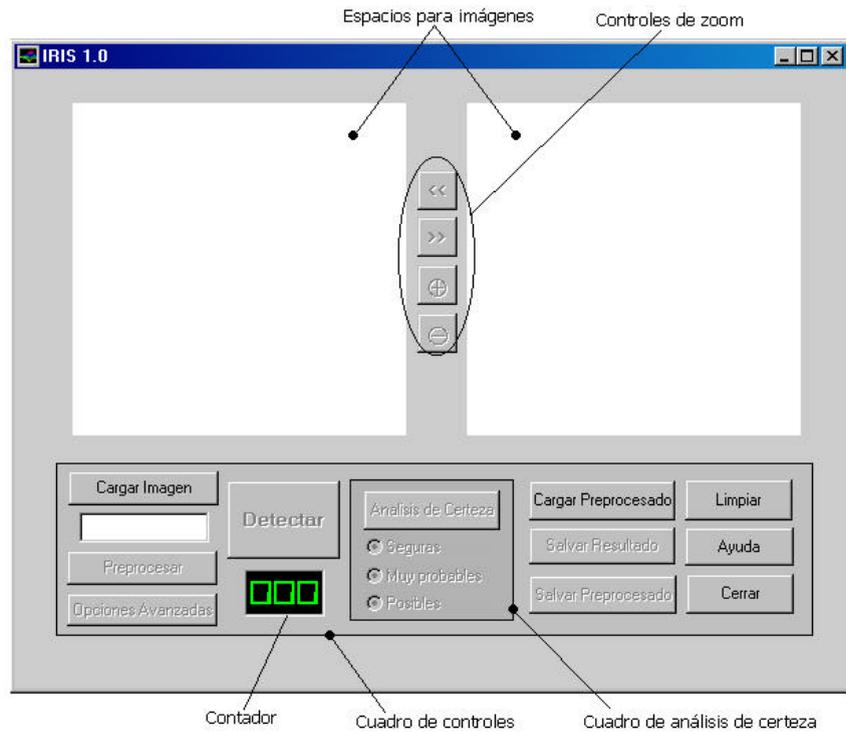


Figura 5.5: Ventana principal del interfaz **IRIS**

➤ Carga de una imagen a analizar

Al arrancar el programa **lo primero que debe hacerse es cargar una imagen** para su posterior análisis. Para hacer esto, hay que escribir el nombre de la imagen en el **cuadro de texto Nombre Imagen** (ver Figura 5.6), y a continuación pulsar el **botón Cargar**. Esto supondrá la aparición de esta imagen deseada en el espacio de la izquierda, como se muestra en la Figura 5.7.



Figura 5.6: Controles para cargar imagen

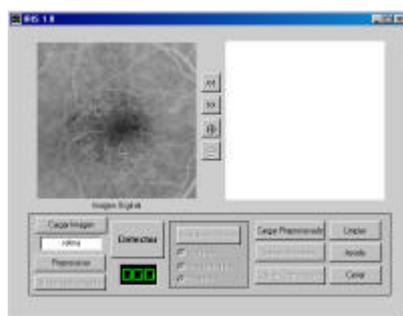


Figura 5.7: Consecuencias de la carga de una imagen

La digitalización de la imagen debe haberse realizado de forma previa, con un equipo similar al que se describió en el *capítulo 1*. Por otra parte, el análisis sólo puede llevarse a cabo con imágenes en **formato BMP**, por lo cual sólo pueden cargarse este tipo de imágenes en el interfaz. Esto hace que en el cuadro no haga falta indicar la extensión de la imagen.

➤ Carga de un espacio preprocesado

Otra posibilidad, en lugar de cargar una imagen original para realizarle el preprocesado y la posterior detección de microaneurismas, es **haber realizado previamente**, bien en otro momento, en otra máquina o en *pseudoparalelo*, esto es, aprovechando los tiempos de inactividad del sistema, **el preprocesado de una imagen original**. Así, si se ha realizado ya este preprocesado y se ha guardado (lo que siempre se hace atendiendo al esquema del espacio de datos normalizado que se explicó en el capítulo 3, y se sintetiza en la Figura 5.8), se puede cargar aprovechando esta opción.

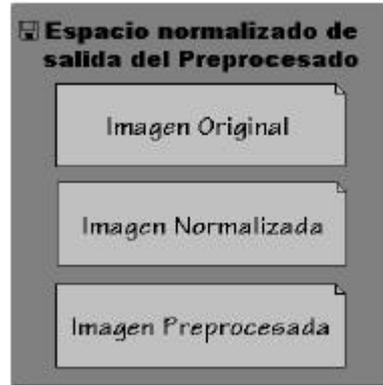
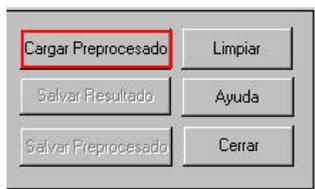


Figura 5.8: Espacio normalizado

Para ello, basta con pulsar el **botón Cargar Preprocesado**, lo que hace aparecer una **nueva ventana** (que se muestra en la Figura 5.9), donde debe introducirse el nombre del espacio de preprocesado previamente salvado. Tras esto, pulsando en el **botón Cargar** se carga el espacio normalizado y se cierra esta última ventana. Si, en cambio, se prefiere cancelar esta carga debe pulsarse el **botón Cancelar**.



Parte derecha del cuadro de controles. En rojo se indica el botón *Cargar Preprocesado*

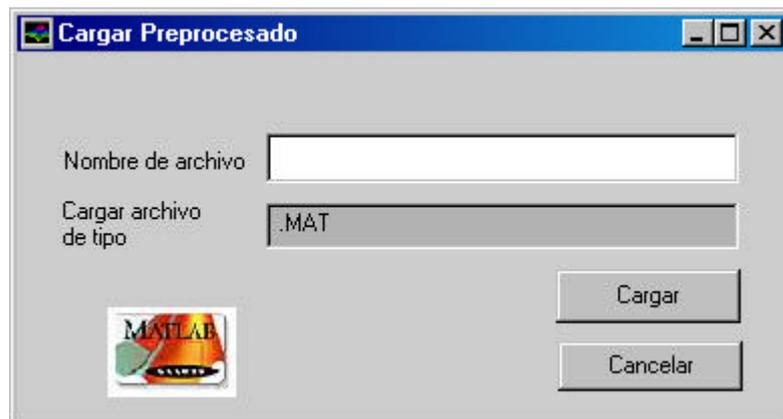


Figura 5.9: Ventana de carga de preprocesado

La carga de un espacio previamente preprocesado y almacenado, aparte de hacer disponibles los datos de los que consta, conlleva la **aparición de la imagen preprocesada** del espacio cargado en el espacio para imágenes de la izquierda de la ventana principal, además de la **habilitación de los botones de detección y de zoom**, que anteriormente estaban deshabilitados (ya que, por ejemplo, no tiene razón de ser habilitar la detección de microaneurismas mientras no se haya realizado o cargado un preprocesado).

➤ Realización del Preprocesado

Esta opción sólo está disponible tras cargar una imagen original, a la que, antes de proceder a su análisis, debe, necesariamente, **realizársele un preprocesado** (que, para acelerar el proceso, podía haberse realizado antes y cargarse, como se describió en el apartado anterior).



Parte izquierda del cuadro de controles. En rojo se indica el botón *Preprocesar*

Para ello, basta con pulsar el **botón Preprocesar** (en la ventana principal de **IRIS**), lo que iniciará este proceso. Cabe destacar que el preprocesado tiene una **duración más o menos elevada**, de algunos minutos (dependiendo la duración exacta, por supuesto, del equipo sobre el que se ejecute la aplicación), de ahí la conveniencia de habilitar la opción de cargar preprocesados previamente realizados, lo que permite dotar al programa de una **mayor eficacia**, puesto que el proceso de detección es bastante más rápido que éste.

Los efectos de esta opción son la realización del preprocesado en forma del antes enunciado **espacio normalizado**, la **aparición de un mensaje** en la parte inferior de la ventana avisando de que el preprocesado se está llevando a cabo (para dar señales de actividad y no hacer pensar al usuario que se ha producido algún error) y, finalmente, la **aparición de la imagen preprocesada**. También supondrá la habilitación del botón de detección y del que permite salvar el preprocesado. El estado final se muestra en la Figura 5.10.

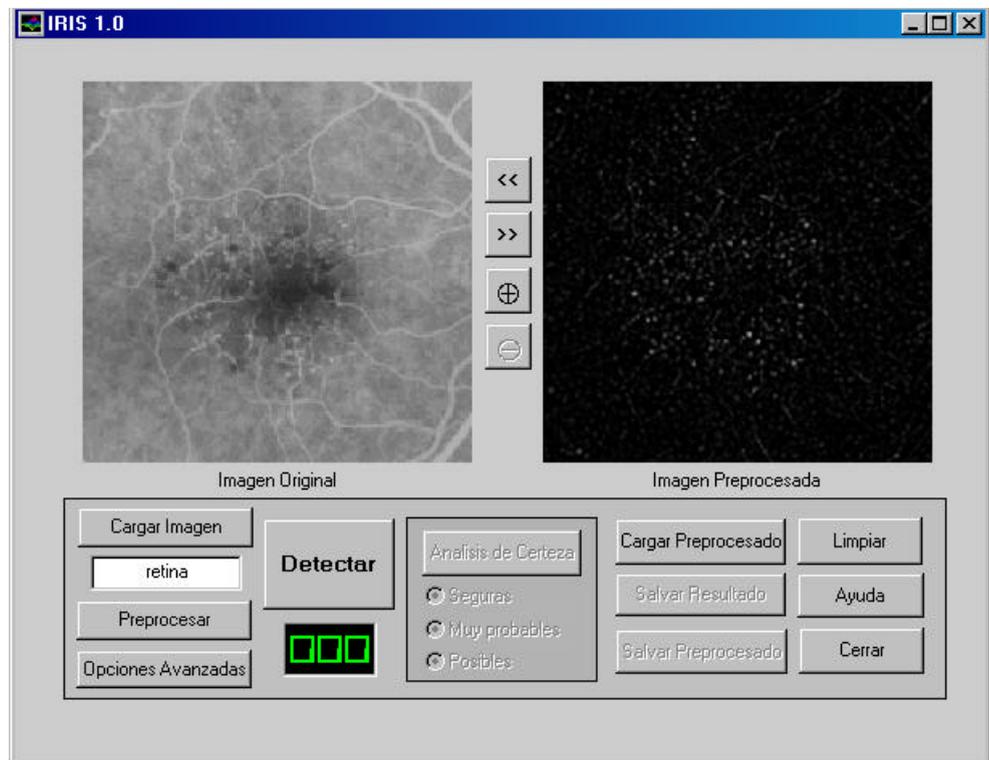


Figura 5.10: Resultado de realizar el preprocesado de la imagen cargada

➤ Salvar el Preprocesado

Tras la realización del preprocesado, descrita en el apartado anterior, el **almacenamiento de los datos no se lleva a cabo de forma automática**, ya que esto supondría guardar unos datos que quizás no se desean, bien porque no se espera volver a utilizarlos, porque los resultados no sean los esperados o por cualquier otra razón.

Así, debe ser el usuario quien, explícitamente, debe guardar, si lo desea, el preprocesado, que se almacena en forma del ya mencionado **espacio normalizado** (Figura 5.8). Para hacer esto, debe pulsarse el **botón Salvar Preprocesado**, que

abrirá una **nueva ventana** que es, como aparece en la Figura 5.11, similar a la de carga de un preprocesado.



Figura 5.11: Ventana para salvar un espacio preprocesado

En esta ventana debe indicarse el nombre con el que queremos guardar el preprocesado, que se almacenará indefectiblemente como un fichero del **tipo .MAT**. Para hacer efectivo el almacenamiento debe pulsarse el **botón Guardar**, mientras que para cerrar esta ventana sin guardar el espacio debe pulsarse **Cancelar**.

➤ Detección

Una vez realizado o cargado un preprocesado, el siguiente paso lógico en la secuencia (aparte de almacenar el preprocesado si se ha llevado a cabo) es el objetivo del programa: **la detección**. Para ello, basta con pulsar el **botón Detectar**, lo que desencadena todo el proceso que se describió en el *capítulo 3*.

Cabe destacar que la ejecución simple de esta función lleva a cabo la detección con todas las **opciones por defecto** que ya se explicaron en cada uno de los bloques del *capítulo 3*, esto es: filtrado Top-Hat en las cuatro direcciones básicas, crecimiento de regiones por subida de pendiente y umbrales automáticos. Para modificarlas, debe hacerse dentro de las **Opciones Avanzadas**, que se describirán más adelante, y **siempre antes de la detección** (o del preprocesado, en su caso) o no tendrán ningún efecto a no ser que se repita ésta.

La detección también es un proceso que lleva un cierto tiempo, **relativamente corto** (y que, como se indicó anteriormente, depende del equipo en el que estemos ejecutando el programa), por lo cual se activa, en la parte inferior de la ventana, un mensaje indicando que la detección está en curso, para informar al usuario de que no se ha producido ningún bloqueo del sistema. Asimismo, el **resultado de la detección se representa en el espacio para imágenes de la derecha**, donde se muestran los microaneurismas detectados superpuestos a la imagen original. Por último, **en el contador aparece la cantidad de microaneurismas** que se han detectado. Todos estos efectos pueden apreciarse en la Figura 5.12 (en la página siguiente), donde se muestra el estado en el que queda el programa tras un ejemplo de detección, destacándose la aparición, por primera vez, del contador.

Hasta ahora, para ilustrar el funcionamiento habitual, se están considerando las opciones por defecto. Para cambiar estas puede accederse a las Opciones Avanzadas, que se analizarán más adelante

El ejemplo que muestra el interfaz corresponde al caso práctico 1 del capítulo 4

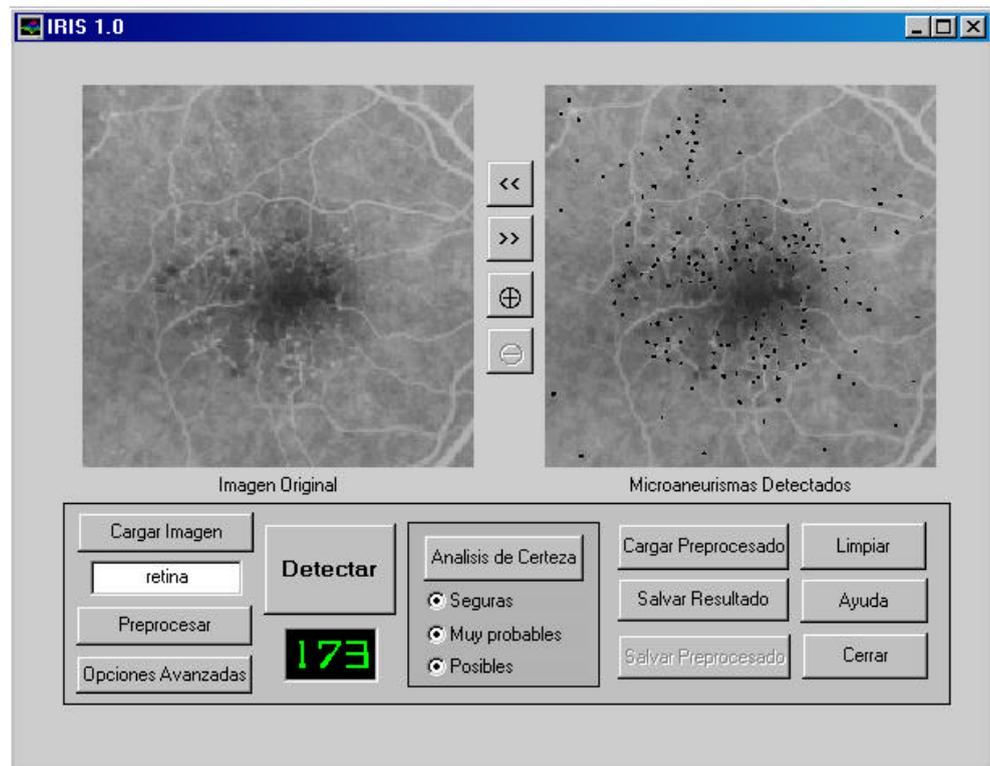


Figura 5.12: Resultado de la detección

➔ Guardar resultado de la detección

Una vez que se ha realizado la detección, puede interesar **guardar la imagen resultado, con los microaneurismas detectados**. Esto permitirá dos cosas: mantener un **archivo permanente**, como el que se describió en el *capítulo 1*, y **habilitar la portabilidad de imágenes**, que permitirá su impresión en papel, su modificación, ampliación o similares, o su envío a través de Internet o de una red privada para permitir aplicaciones de telemedicina.

Así, puede guardarse la imagen con el **botón Salvar Resultado**. Su activación abre una nueva ventana, que se muestra en la Figura 5.13, donde se debe introducir el nombre que se le quiere dar a la imagen y el **tipo de formato de imagen que se desea** que tenga, a elegir entre BMP (el recomendado), JPG, GIF, TIFF o PCX.



Figura 5.13: Ventana para salvar un resultado como imagen

Como siempre en estos casos, para salvar la imagen y cerrar la nueva ventana debe pulsarse **Guardar**, mientras que para cerrarla sin guardar la imagen el botón adecuado es **Cancelar**.

Se ha diseñado una base de datos para permitir un almacenamiento eficaz de las imágenes y dar servicios añadidos al interfaz

Profundizando un poco más, la finalidad de este almacenamiento debe ser la **creación de una base de datos** subyacente al programa y que permita la **consulta por imagen, paciente**, etc... Esta es la que consideramos que debe ser la estructura de la aplicación, y, aunque no se ha implementado físicamente, por requerir de otro lenguaje de programación distinto a Matlab que permita el acceso a bases de datos, sí que se ha diseñado, tanto a nivel lógico como de tablas y consultas. Este diseño de base de datos se presentará en este capítulo, tras estudiar el interfaz gráfico.

➤ **Análisis de certeza**

En el *capítulo 3*, cuando se expusieron los distintos criterios de validación de microaneurismas utilizados (a saber, intensidad, contraste y forma), se introdujo el concepto del **análisis de certeza**, que está disponible solamente en el interfaz **IRIS**, no en el de línea de comandos.

Este análisis de certeza sólo tiene sentido **cuando ya se ha realizado una detección**, y se configura con los controles del cuadro central de la parte inferior de la ventana principal, esto es, los botones radiales que se muestran en la Figura 5.14. Estos botones son **activables independientemente**, esto es, la simple detección sólo muestra (en negro sobre la imagen original) los microaneurismas detectados, que son aquellos que tienen certeza total y mucha probabilidad. Si queremos verlos por separado, en el análisis de certeza deben marcarse solamente unos u otros, y si además quieren verse aquellas regiones no validadas pero con una cierta probabilidad de ser microaneurismas, debe marcarse esta opción en los botones radiales (y si queremos ver estos últimos de forma aislada, debe marcarse sólo este).

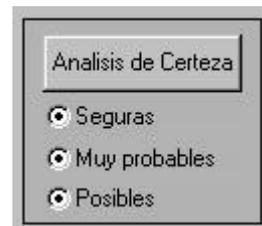


Figura 5.14: Cuadro del análisis de certeza

En cualquier caso, puede elegirse la representación de cualquier combinación de los distintos tipos, pero los colores utilizados son siempre los mismos:

- Microaneurismas con **total certeza**: Rojo
- Microaneurismas con **alta probabilidad**: Verde
- Regiones **no validadas** pero que tienen una **cierta probabilidad** de ser microaneurismas: Amarillo

Así, tras configurar los botones radiales como se desee, para realizar el análisis hay que pulsar el **botón Análisis de Certeza**, que lleva a cabo esta separación de la información, quedando la ventana principal, por ejemplo, como se muestra en la Figura 5.15 (página siguiente).

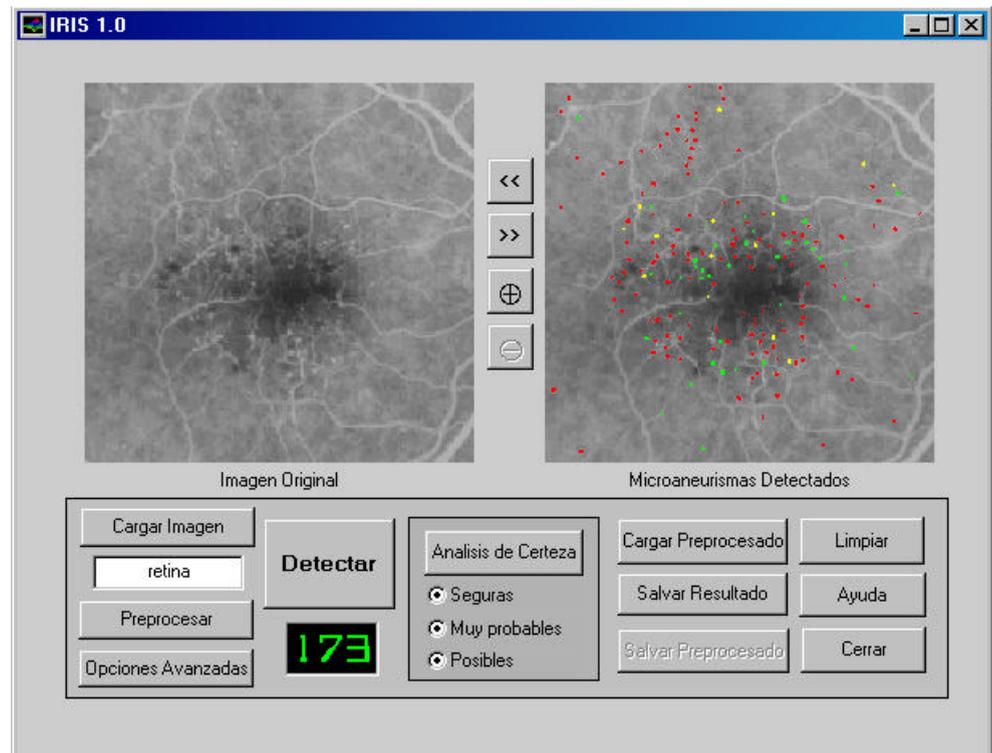


Figura 5.15: Resultado del análisis de certeza con todas las opciones habilitadas

Esta herramienta puede resultar de gran utilidad y, además, es **totalmente novedosa** en el campo de la detección de microaneurismas, lo que constituye uno de los aspectos más visuales e interesantes del interfaz. Además, estas imágenes analizadas en cuanto a certeza también pueden almacenarse como ficheros de imagen utilizando la **opción Salvar Resultado**, descrita en el apartado anterior.

↪ Limpiar la ventana

Esta opción es tan sencilla de comprender como imprescindible: su activación **devuelve el interfaz a su estado inicial**, esto es, el mismo que podemos encontrar tras su invocación. Este aspecto inicial es el que se mostró en la Figura 5.5, y supone la eliminación de las imágenes de los espacios que tienen dedicados (que aparecerán en blanco), la puesta a cero del contador de microaneurismas, la deshabilitación de los controles que no tienen sentido al principio, y, por supuesto, el borrado de las variables utilizadas en la detección anterior, de forma que el espacio de trabajo quede como al principio.

La principal aplicación de esta opción acontece al disponernos a realizar una nueva detección después de haber realizado una previa, para no caer en posibles confusiones con los datos. Para su activación, tan sólo es necesario pulsar el **botón Limpiar**, que se encuentra en la parte derecha del cuadro de controles.

↪ Ayuda del interfaz

En todo momento esta disponible, dentro del propio interfaz, la posibilidad de acceder a una **ventana de ayuda** donde se ofrezca información sobre las distintas posibilidades que se ofrecen y el manejo de las mismas. Dicha

ventana se abre automáticamente al pulsar el botón Ayuda, y es de la forma que se muestra en la Figura 5.16:

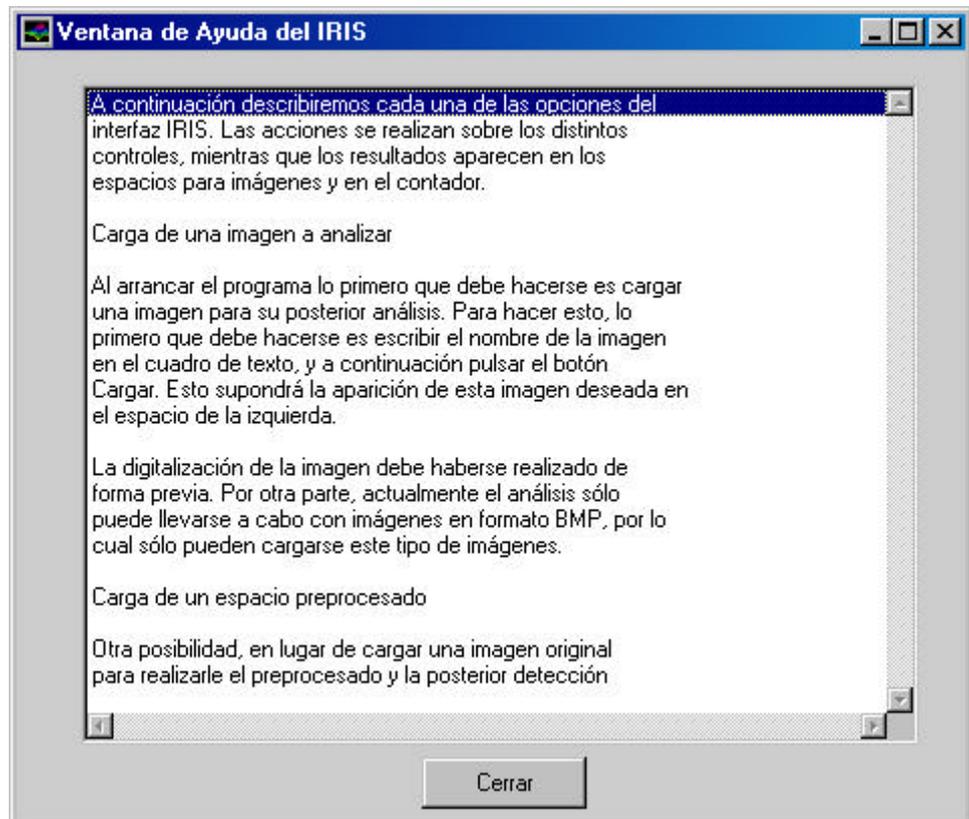


Figura 5.16: Ventana de ayuda

Podemos movernos por el texto con las **barras de desplazamiento** que aparecen a la derecha y abajo en la ventana, y cuando se haya terminado la consulta puede cerrarse la ventana con el **botón Cerrar**. No obstante, esta ventana puede permanecer abierta (en segundo plano) a la vez que la ventana principal, para facilitar la comprensión de las explicaciones que se ofrecen.

⇒ Controles de zoom

Los **controles de zoom** se encuentran en la ventana principal, en la zona que se encuentra entre los dos espacios para imágenes. Su utilidad es ampliar una zona concreta de alguna de las dos imágenes que pueden encontrarse en el interfaz. Para ello, se han dispuesto **cuatro botones**, que son los que se muestran en la Figura 5.17 y cuya funcionalidad se explica a continuación.

Los dos botones superiores de la figura sirven para hacer que el zoom **se refiera a una u otra ventana** del interfaz. Así, si el que se activa es el primero, estaremos actuando sobre la imagen de la izquierda, mientras que si se activa el segundo, el control pasa a estar focalizado sobre la imagen derecha. Es importante indicar que, por defecto y si no se pulsa ningún control, el zoom actúa sobre la imagen de la izquierda (que es el primer espacio que se ocupa).



Figura 5.17: Controles de zoom

Por otra parte, los dos botones inferiores permiten ampliar una zona de la imagen sobre la que estemos actuando o, siempre que se hubiese realizado alguna ampliación previa, volver al estado anterior (es decir, alejar el punto de visión). Como parece lógico, **el botón \oplus permite ampliar una zona** de la imagen activa, que puede elegirse ya que para hacer efectiva la ampliación debe marcarse sobre la imagen en cuestión la zona donde se desea enfocar (esto lo indica, dentro del interfaz, un mensaje que aparece en color rojo en la parte baja de la ventana principal). Por su parte, **el botón \ominus aleja la visión** de la imagen hasta la vista previa a la última ampliación, por lo que esta opción sólo se habilita cuando ya se ha aplicado el zoom.

➤ Opciones Avanzadas

Hasta ahora, todos los casos prácticos y ejemplos se han desarrollado atendiendo a las opciones que presenta el método por defecto, como son, por ejemplo, el filtrado Top-Hat limitado a cuatro direcciones, el crecimiento de regiones por el método de Hill-Climbing o la fijación automática de los umbrales de los criterios de validación. Sin embargo, a lo largo de la descripción del algoritmo que se hizo en el *capítulo 3* se citó, en numerosas ocasiones, la **posibilidad de modificar estas opciones por defecto** por otras seleccionadas directamente por el usuario. Esta promesa de flexibilidad se cumple en el interfaz **IRIS** con las **opciones avanzadas**.

Para acceder a esta posibilidad lo primero que debe hacerse es pulsar el **botón Opciones Avanzadas** que se encuentra en la esquina inferior izquierda del cuadro de controles. La activación de este control hace aparecer de forma automática una nueva ventana, que se muestra en la Figura 5.17:

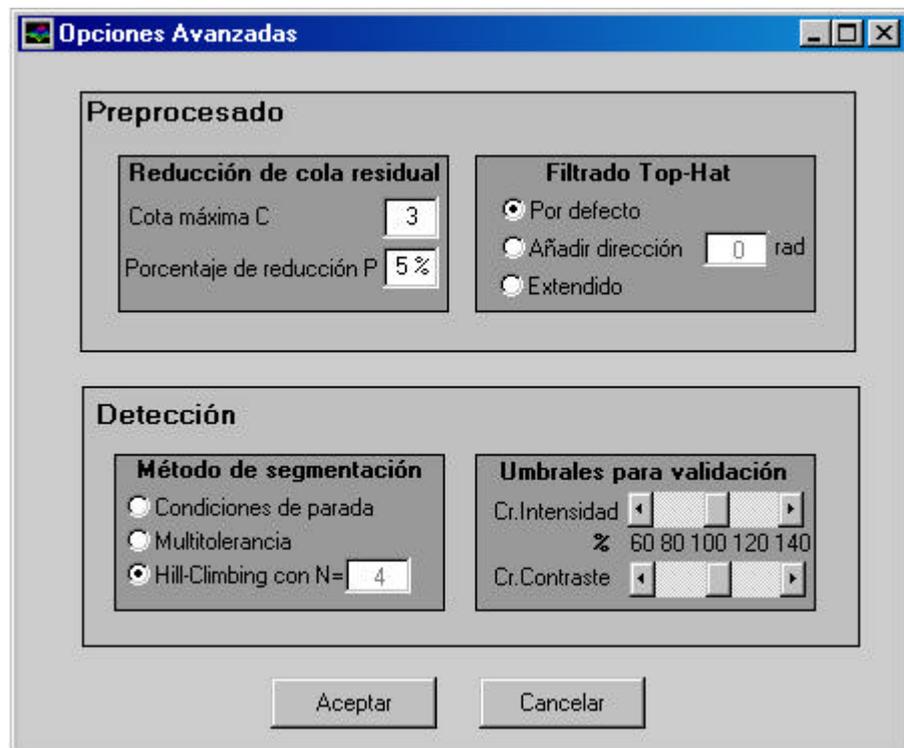


Figura 5.17: Ventana de Opciones Avanzadas

Como puede apreciarse, la ventana se divide en dos áreas: **preprocesado y detección**. A su vez, cada una de estas áreas se subdivide en otras dos regiones, lo que delimita los cuatro aspectos del método que son susceptibles de ser modificados por el usuario, a saber:

- ✓ Reducción de la cola residual
- ✓ Filtrado Top-Hat
- ✓ Método de segmentación utilizado
- ✓ Umbrales para los criterios de validación

A continuación procederemos a explicar con detalle las **posibilidades de configuración** que tiene el usuario en cada uno de estos aspectos. No obstante, conviene incidir en que pueden modificarse simultáneamente cuantos aspectos se deseen, no existiendo limitación en este aspecto.

☑ **Reducción de la cola residual**

Como se explicó en el *capítulo 3*, el bloque de escalado de intensidad utiliza esta reducción de cola para maximizar el contraste en la imagen normalizada. Ya se indicó en aquel apartado que por defecto se consideraría que el máximo porcentaje de píxeles de la imagen que pueden verse afectados por esta reducción se denominaría P y se establecería por defecto en el 5%; asimismo, también se impone una cota C en el máximo número de ocurrencias del histograma para un determinado nivel de intensidad de forma que se permita aplicar la reducción, y cuyo valor por defecto se fija en 3.

Estos dos parámetros son **modificables de forma directa en esta ventana**, introduciendo los valores deseados en las **casillas pertinentes**, que se muestran en la Figura 5.18. Si se desea que el algoritmo no aplique cola residual basta con fijar el valor de cualquiera de los parámetros a cero. Igualmente, debe indicarse que no existe ninguna limitación en los valores introducibles, aunque valores demasiado elevados no serán, probablemente, muy eficaces de cara a la detección de microaneurismas.

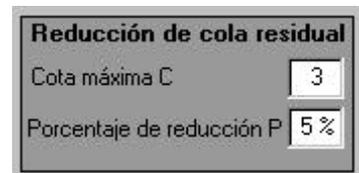


Figura 5.18: Opciones modificables en la reducción de cola

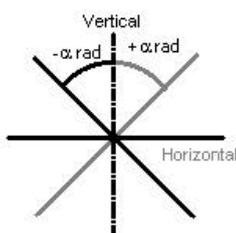
☑ **Filtrado Top-Hat**

A la hora de realizar el filtrado morfológico, por defecto el método implementa filtrados Top-Hat en cuatro direcciones, que aparecen en la Figura 3.23 (horizontal, vertical y diagonales). Sin embargo, como ya se explicó en el apartado correspondiente, estos cuatro filtrados no eliminan totalmente el árbol vascular, aunque sí en gran parte, lo cual suele ser suficiente para una detección eficaz.

Si desean realizarse otros filtrados, pueden elegirse dos posibilidades, ambas dentro del interfaz **IRIS**:

➊ **Añadir una nueva dirección de filtrado**, que debe indicarse en **radianes respecto a la vertical**. Esta opción realiza cinco filtrados Top-Hat, esto es, los cuatro por defecto más esta dirección añadida.

Referencias de signo en la dirección añadida



➊ **Realizar un filtrado Top-Hat extendido**, esto es, ampliar las cuatro direcciones de la opción por defecto a ocho (que son las ocho direcciones equiespaciadas a partir de la vertical que aparecían en la Figura 3.25).

Esto se configura con los **botones radiales** que se muestran en la Figura 5.19. Estos botones **no son independientes**, ya que sólo puede estar activado uno de ellos, siendo el propio interfaz el que se encarga de cumplir esta restricción,



Figura 5.19: Opciones modificables en el filtrado Top-Hat

desactivando los restantes cuando el usuario activa alguno de ellos. Como se observa en la figura, si se activa el **botón de la dirección añadida** se permite el acceso al **cuadro donde puede introducirse la dirección deseada**, en radianes respecto a la vertical y considerando su signo de acuerdo a las referencias señaladas. Como parece lógico, si la opción marcada es alguna de las otras dos, no se permite el acceso al cuadro de texto.

☑ **Método de segmentación utilizado**

Al igual que en los dos casos anteriores, en el *capítulo 3* se explicó la necesidad de segmentar las regiones de interés. Se presentaron **tres métodos distintos**, cada uno con sus características, aunque el que se ha utilizado en todos los ejemplos es, por razones aducidas en su momento, el configurado por defecto, esto es, el de subida de pendiente o *Hill-Climbing*.

Pues bien, es aquí donde se permite el acceso a la utilización, si el usuario lo desea, de un **método de segmentación distinto**. Para ello tenemos los controles que aparecen en la Figura 5.20, y que tienen un comportamiento análogo a los del filtrado Top-Hat, es decir, son **botones radiales de los cuales sólo uno puede estar activado cada vez**. Por tanto, la selección de un método alternativo es tan sencilla como **marcar el botón deseado**, lo que automáticamente desactiva el anterior. La única particularidad la constituye el hecho de que aquí la opción por defecto es la que presenta el cuadro de texto modificable, donde puede introducirse el radio de búsqueda N del algoritmo *Hill-Climbing*.

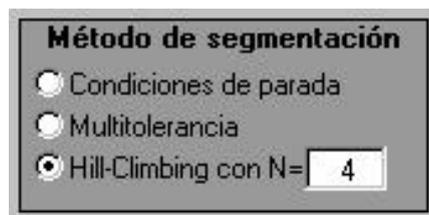


Figura 5.20: Elección del método de segmentación

☑ **Umbral para los criterios de validación**

Los criterios de validación contemplados en este caso son solamente el de **intensidad** y el de **contraste**, pues el de forma no funciona mediante comparación con un umbral.

Como se explicó en su momento, estos dos criterios son cumplidos por una región cuando ciertos parámetros calculados a ésta son superiores a unos **umbrales calculados automáticamente por parte del método**. Así, la forma en que el usuario del interfaz puede actuar sobre estos umbrales no es imponiéndoles

un valor, ya que sería difícil obtener resultados coherentes al desconocerse los valores numéricos de dichos umbrales, sino **aumentando o disminuyendo porcentualmente los umbrales que calcula el algoritmo**. Así, si el umbral automáticamente calculado se considera el 100%, este puede disminuirse, en intervalos del 20%, **hasta el 60%** de su valor inicial, o puede aumentarse (en los mismos intervalos) **hasta el 140%** del valor calculado.

Esto se consigue con la interacción sobre **dos barras de deslizamiento independientes** para ambos criterios que funcionan en los intervalos y con los saltos antes mencionados. Estos controles se muestran en la Figura 5.21, y tienen una sencilla interpretación: aumentar el porcentaje hará que el criterio en cuestión sea cumplido por menos regiones, es decir, posiblemente hará que se validen menos microaneurismas, mientras que disminuir el porcentaje tiene, obviamente, el efecto contrario.

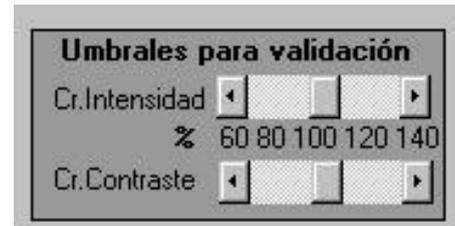


Figura 5.21: Modificación de los umbrales

Consideraciones
generales para
las cuatro
opciones

Una vez establecidas las condiciones deseadas, lo cual debe hacerse siempre antes de llevar a cabo la detección o el preprocesado en cuestión, deben validarse pulsando el **botón Aceptar** que está en la parte inferior de la **ventana de Opciones Avanzadas**. Esta activación hará que las condiciones impuestas sean las vigentes hasta que se cierre el programa, se modifiquen o se active la opción **Limpiar**, que, como se indicó anteriormente, devuelve el interfaz a su estado inicial. Por el contrario, si se ha entrado en la **ventana de Opciones Avanzadas** y no se ha llevado a cabo ninguna modificación o éstas no desean mantenerse, debe pulsarse el **botón Cancelar**.

Por último, en la utilización de estas opciones debe hacerse una puntualización: en general, el **funcionamiento óptimo del método** es el que utiliza las opciones por defecto, causa por la que se han elegido. Así, la variación de esta configuración puede ser muy útil en algunos casos, pero debe realizarse bajo un **profundo conocimiento de las técnicas que utiliza el algoritmo y del funcionamiento del mismo**, además de ser aconsejable una cierta experiencia en la utilización del interfaz con distintos casos. Por tanto, es conveniente tener cautela en este caso, y, desde luego, **relativizar los resultados** que la detección bajo opciones modificadas proporciona.

➤ Cerrar el interfaz

La última opción que nos resta por explorar del interfaz **IRIS** es la última acción que toda sesión de trabajo con el interfaz debe involucrar: el cierre del mismo.

Para esto, en la esquina inferior derecha de la ventana principal se encuentra el **botón Cerrar**. Su activación cierra tanto la ventana principal como cualquier otra ventana del programa que pudiera encontrarse abierta, como la de ayuda, opciones avanzadas o cualquier otra. Además, **elimina todos los datos**

creados durante la ejecución del programa y no almacenados, de forma que no se dejen residuos en memoria al programa Matlab. Asimismo, elimina cualquier trabajo en curso y no salvado: una nueva apertura del interfaz lo encontrará todo en blanco, como después de usar la **opción Limpiar**. Este botón es, por supuesto, parte imprescindible de cualquier programa y, como suele ser habitual, **su activación es irrevocable**: no puede detenerse el cierre del programa. Por último, indicar que es aconsejable abandonar el interfaz mediante esta opción en lugar de, simplemente, cerrar la ventana como tradicionalmente se hace en el sistema Windows, puesto que garantiza la eliminación de variables temporales que pudieran permanecer.

DISEÑO DE BASE DE DATOS

Se ha reiterado en diversas ocasiones a lo largo de la presente memoria la necesidad de un interfaz gráfico para que el método pudiera ser utilizado de forma efectiva, y no quedase en una mera cuestión teórica. Sin embargo, no basta con el interfaz: una aplicación completa debe gestionarse en **distintas capas**, de forma que se produzca una división de tareas eficaz.

En esta estructura de capas, **el interfaz IRIS constituye la parte más alta**, pues es la que interactúa con el usuario final, esto es, el profesional médico. Por debajo deben ir todas las rutinas que llevan a cabo los procedimientos que componen el algoritmo y que fueron ampliamente descritos en el *capítulo 3*, y más abajo aún, el sistema operativo que permite funcionar al equipo de análisis (el ordenador) y, por supuesto, el hardware, tanto informático como puramente médico.

Sin embargo, en paralelo puede considerarse otra estructura que llene el hueco del **almacenamiento de la información analizada**. Por supuesto, esta ordenación debe hacerse, o al menos así se ha diseñado por ser la solución más lógica, en forma de una **base de datos de imágenes analizadas**. Debe resaltarse que esta parte del diseño no se ha implementado físicamente en ninguna máquina por no disponerse del equipo completo necesario para un sistema de análisis de imagen como el descrito en el *capítulo 1*, ni, por consiguiente, se ha implantado ningún sistema gestor de bases de datos concreto, pero esto no es óbice para que se haya realizado el **diseño tanto conceptual** (relaciones entre entidades) **como lógico** (determinación de tablas) de la base de datos que subyace bajo el sistema de detección y le da soporte, permitiendo una localización por paciente, imagen o doctor.

De este modo, se ha diseñado una base de datos cuyo **esquema conceptual** se muestra en la Figura 5.22 (página siguiente), y que atiende al **modelo entidad-interrelación o modelo E/R** (llamado así porque éstos son los elementos que lo componen). Dicho modelo constituye la definición de las entidades que compondrán la base de datos y que queremos relacionar, lo cual se ha conseguido de forma múltiple, como ilustra la figura mencionada. Este hecho proporciona versatilidad y facilidad de acceso a la base de datos, lo que redundará en consultas más rápidas y eficaces a la misma.

Se ha diseñado una base de datos genérica, independiente del sistema gestor de bases de datos (SGBD) y del lenguaje

El atributo que aparece subrayado es la clave o identificador único de cada entidad

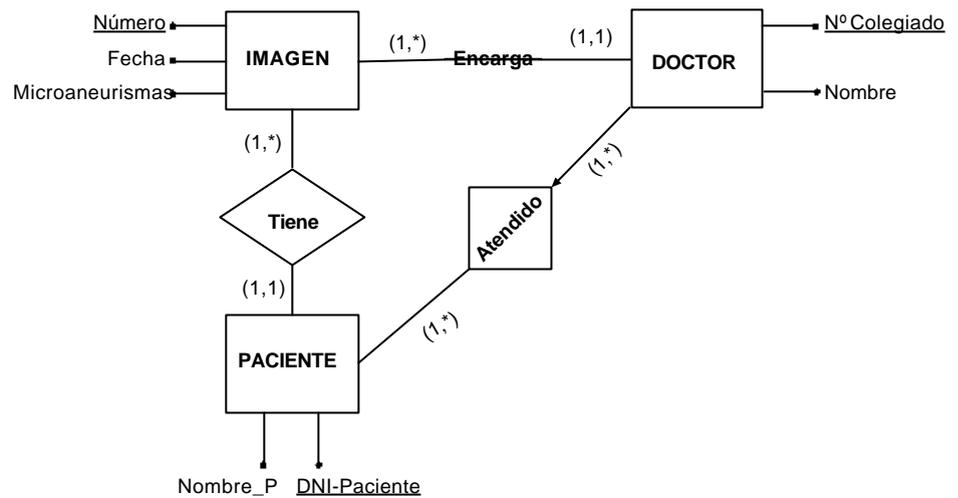


Figura 5.22: Modelo E/R de la base de datos diseñada para regular el almacenamiento de imágenes

El tipo de interrelación lo determinan las cardinalidades (números que aparecen entre paréntesis)

Una vez planteado el esquema, la siguiente etapa es el **diseño lógico**, que consiste en transformar las interrelaciones expuestas en **tablas relacionales** que compondrán la base de datos. De este modo, estudiando cada una de las interrelaciones por separado y posteriormente eliminando las tablas añadidas y superponiendo las que difieren en algún parámetro, queda que la base de datos se compondrá, inicialmente, de cuatro tablas, que son las que siguen:

- IMAGEN (Número, Fecha, Microaneurismas, N°Colegiado, DNI_Paciente)
- DOCTOR (N°Colegiado, Nombre)
- PACIENTE (DNI_Paciente, Nombre_P)
- DOCTOR-PACIENTE (N°Colegiado, DNI_Paciente)

donde la palabra en mayúsculas corresponde al nombre de la tabla y los parámetros en minúsculas son los atributos o columnas de la tabla.

Además, existen tablas con **claves externas** (esto es, atributos que en realidad son claves de otras tablas), siendo este hecho el permite interrelacionar tablas. De esta forma, debe indicarse este hecho así como definir las acciones que se realizan si la clave original se modifica o elimina, lo que se hace a continuación:

⇒ IMAGEN (Número, Fecha, Microaneurismas, N°Colegiado, DNI_Paciente)

Claves externas: N°Colegiado REFERENCIA A N°Colegiado en DOCTOR

DNI_Paciente REFERENCIA A DNI_Paciente en PACIENTE

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE CASCADE

⇒ DOCTOR-PACIENTE (N°Colegiado, DNI_Paciente)

Claves externas: N°Colegiado REFERENCIA A N°Colegiado en DOCTOR

DNI_Paciente REFERENCIA A DNI_Paciente en PACIENTE

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE CASCADE

Esto termina el diseño lógico de la base de datos, y es lo más que puede avanzarse sin imponer un lenguaje de diseño de la misma o un sistema gestor de base de datos concreto. En cualquier caso, se propone utilizar el **lenguaje SQL** (*Structured Query Language*) para la creación de las tablas y para la posterior creación de las consultas a la misma (lo que constituye el **diseño físico** de la base de datos), por su potencia y sencillez de uso.



Conclusión

A lo largo de las páginas anteriores, y durante cinco capítulos, se ha ido desgranando el método de detección de microaneurismas diseñado y que esta memoria pretende documentar. Poco queda por decir o explicar del mismo, más que recapitular y resumir las ideas y conceptos principales que se han obtenido como conclusiones o resultados de nuestro estudio. Es ésta, precisamente, la finalidad de este capítulo, junto con la aportación de ideas para mejorar el método o ampliarlo en futuras líneas de investigación, lo que, afortunadamente, siempre es posible, y más en un problema como la retinopatía diabética, cuya importancia es, por desgracia, mayor de lo deseable.

CONCLUSIÓN

- Resultados obtenidos
 - Posibles aplicaciones
 - Futuras líneas de desarrollo
 - Contenido del CD anexo
 - Agradecimientos
 - Bibliografía
-

RESULTADOS OBTENIDOS

Han sido muchas las conclusiones y resultados que se han ido enunciando a lo largo de los distintos apartados: unos de carácter teórico, otros de carácter práctico y, los más, acerca del rendimiento que ofrece el método. Sin embargo, hay uno que debe resaltarse de manera especial: las prestaciones obtenidas en cuanto a detección son **muy superiores a las esperadas**, y, desde luego, **tremendamente satisfactorias**: atendiendo a los casos validados, se obtiene una **tasa de detección** que siempre se encuentra por encima del 60%, y en general está en torno al 80-85%, alcanzándose más de un 90% en los casos de imágenes de mayor calidad. Además, la **tasa de falsos positivos es muy reducida**, produciéndose estas falsas detecciones, en general, en situaciones muy localizadas y de fácil identificación para el médico, por lo que resulta una herramienta muy útil para el fin con que fue diseñada, esto es, ayudar al diagnóstico de la retinopatía diabética. Actualmente, el método se presenta en una **versión terminada** (aunque, por supuesto, susceptible de mejoras), lo cual lo hace inmediatamente utilizable por el profesional médico, y cuyos porcentajes de eficacia son comparables e incluso superiores a otros métodos similares.

No obstante, hay que tomar en su medida la afirmación anterior: todo método o sistema debe pasar numerosas pruebas ante de su uso como aplicación real (o, al menos, así debería ser), y desafortunadamente, debido a las **limitaciones padecidas durante el desarrollo**, esto no ha sido posible en nuestro caso. Así, lo ideal hubiera sido poder comprobar la validez del algoritmo con imágenes médicas reales, esto es, de calidad diagnóstica, y haber podido validar los resultados junto con personal oftalmológico cualificado. Como esto ha sido imposible pese a numerosos intentos, se ha probado el sistema con las imágenes disponibles, que no alcanzan, ni de lejos, las características deseadas (ni en tamaño ni en calidad),

mientras que la validación ha podido realizarse en casos muy contados y partiendo de imágenes con los microaneurismas señalados sin demasiada información adicional.

Todo esto puede sintetizarse como sigue: con las pruebas realizadas, los resultados que ofrece el algoritmo son muy positivos, excediendo las expectativas, pero para un uso público y una completa verificación de estos resultados debe probarse en imágenes adecuadas (y en muchas, a ser posible) con validación cualificada.

En otro orden de cosas, en el diseño del método **se han introducido innovaciones** respecto a los demás métodos de detección de microaneurismas conocidos. Esto por sí sólo constituye un motivo de interés, ya que, en un futuro, puede profundizarse en su estudio avanzando hacia un método más eficaz que contribuya a prevenir la retinopatía diabética. Las **principales innovaciones introducidas** son las que siguen:

➤ Creación de un **nuevo criterio de validación de microaneurismas** basado en un banco de correladores bidimensionales, denominado **criterio de forma**.

➤ **Ponderación de los resultados obtenidos en los distintos criterios** que, debido a los pesos otorgados a los mismos, proporciona unas conclusiones muy interesantes que conducen al **análisis de certeza**, lo que supone otra herramienta adicional e indirecta para el médico que utilice el método.

➤ **Adaptación de un método de segmentación** utilizado para microcalcificaciones en mamografías (método de subida de pendiente o *Hill-Climbing*, presentado en el *capítulo 3*) al área de los microaneurismas.

➤ **Diseño de parámetros para los criterios de validación y los umbrales asociados**, de forma que, aparte de poner de manifiesto las características deseadas, se interrelacionen entre sí adecuadamente.

Independientemente de las anteriores, se han presentado **características originales** aunque de *menor trascendencia* en el desarrollo del método, que no han sido tan explicadas como las anteriores. Entre ellas pueden citarse la utilización eficaz de la **morfología matemática** (especialmente del filtrado Top-Hat), la **división del método** en preprocesado y detección (lo que permite aumentar la eficacia del método), la constitución de un **modelo de datos** que permite definir un espacio normalizado de preprocesado, el **criterio de solapamiento** en el recuento de microaneurismas, la **reducción de cola residual** en el escalado de intensidad y la gran **flexibilidad de los parámetros** del método (configurables dentro del interfaz **IRIS**, que se tratará más adelante).

Resumiendo estas ideas, en primer lugar mencionar que, respecto a la **morfología matemática**, se ha programado un **conjunto de funciones** que llevan a cabo todas las operaciones morfológicas en escala de grises enunciadas en el *capítulo 2*. Dicho conjunto de funciones o librería no se encontraba disponible de

Se han llevado a cabo muchas otras ideas originales, de menor calado pero igualmente novedosas

forma gratuita, por lo ha sido necesaria su implementación, relativamente compleja por cuanto se fundamenta en la teoría de conjuntos. Asimismo, se ha dado una **interpretación novedosa e intuitiva a la transformada Top-Hat**, cuya comprensión ha permitido su uso realmente práctico para eliminar de forma eficaz el árbol vascular.

Esta separación permite, virtualmente, acelerar el procesamiento

En segundo lugar, la **división del procesamiento** en dos etapas permite, como ya se explicó en capítulos anteriores, realizarlas en tiempos distintos o en *pseudoparalelo*. Se optó por esta solución debido a que el preprocesado requiere de un tiempo de computación

relativamente largo (de algunos minutos). Así, esta posibilidad permite **realizar previamente los preprocesados** de las imágenes de los pacientes que el médico va a ver en

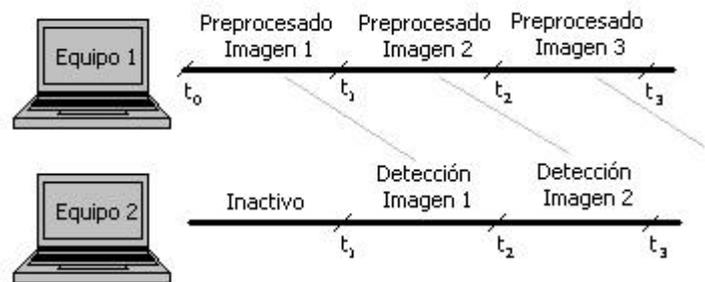


Figura 6.1: Solapamiento máximo de las dos etapas de procesado

un día, o incluso, si se dispone de dos máquinas, solapar las etapas de distintas imágenes, puesto que el tiempo que el médico emplea con un paciente no es sólo el que tarda en realizarse la detección (que es considerablemente más rápida que el preprocesado). Este concepto de solapamiento se ilustra en la Figura 6.1.

En otro nivel de desarrollo, se ha considerado la **normalización de los datos que constituyen el preprocesado**. Este concepto es la base que permite el solapamiento descrito en el párrafo anterior, puesto que la estructuración de los resultados obtenidos siempre de la misma forma permite el almacenamiento y la recuperación en máquinas distintas, incluso de sistemas diferentes, sin ningún problema de conflicto o ambigüedad de variables.

De igual modo, el **criterio de solapamiento** considerado en el bloque de recuento de microaneurismas se ha diseñado completamente para el presente método, si bien su utilización es poco frecuente porque no se producen muchos casos de superposición de microaneurismas validados.

Dentro del método se ha desarrollado una forma de aumentar el contraste en la imagen normalizada, manteniendo el control sobre cuanto distorsión se quiere introducir en la imagen. Esta forma es la **reducción de cola residual**, y se explicó convenientemente en el capítulo 3, aunque conviene incidir en que es deshabilitable sin más que fijar sus parámetros a cero. Sin embargo, proporciona muy buenos resultados, y es una de las claves de la robustez del método ante imágenes con variaciones locales o globales (entre distintas imágenes) de sus características.

La última de estas innovaciones “secundarias” es la **configurabilidad de numerosos parámetros del método** que se ofrece dentro del interfaz gráfico **IRIS**. Esta característica, siempre deseable, permite al usuario un gran control sobre

el proceso de detección, aunque para que los resultados sean eficaces es conveniente tener un conocimiento profundo de cómo funciona internamente el algoritmo.

En otro orden de cosas, uno de los aspectos que más esfuerzo requirió dentro del diseño del algoritmo fue la mencionada **elección de unos parámetros de intensidad y contraste** que llevaran a cabo una discriminación suficiente entre microaneurismas y otras regiones, así como de unos **umbrales que interfundionaran adecuadamente** con estos parámetros. Esto se consiguió tras numerosas pruebas y, por su carácter empírico, es muy probable que no se hayan utilizado previamente en las medidas respectiva de estas características. Es de reseñar la **adaptabilidad** que tiene el método a diferencias de iluminación, enfoque o contraste entre distintas imágenes, como puede verse en los casos prácticos del *capítulo 4*. Esta característica se ha perseguido de forma intencionada en el diseño del método, ya que en la elección de los umbrales (que son los que, necesariamente, determinan los microaneurismas de una imagen) se han considerado **factores globales** de las imágenes, como son la media, desviación típica o rango dinámico.

La eficacia de los criterios de validación se pone de manifiesto en el caso del ojo sano

Existe un aspecto muy importante dentro del método que se ha mencionado en los capítulos anteriores pero aún no se ha reseñado aquí. Este no es otro que la **fiabilidad que ofrece el método ante imágenes de ojos sanos**. Como se comprobó en el tercer caso práctico del *capítulo 4*, se detectaron tan sólo dos **falsos positivos**, y eso utilizando una imagen de poca calidad (lo que dificulta una correcta detección), es decir, prácticamente se obtuvo una **detección ideal**. Esta característica da muchas esperanzas acerca de la utilidad del método diseñado, y, más aún, permite realzar la tremenda **eficacia de los criterios de validación** de microaneurismas que se han implementado, puesto que en el citado ojo sano había más de 200 regiones candidatas, que fueron desechadas en su inmensa mayoría. Esta eficacia se debe tanto a su utilidad para evaluar características como al **equilibrio que existe entre los tres criterios** habilitados y su especial ponderación. Por todo esto, los resultados que da el método, aún en imágenes no validadas, resultan muy fiables porque, además, responden a la información que la simple observación subjetiva de la imagen proporciona (en este caso, incluso para el ojo sin cualificación médica).

El interfaz **IRIS** se presenta de forma detallada en el capítulo 5

Por último, aunque sin duda es una de las piedras angulares del proyecto y la forma más atractiva de comprender el algoritmo, debemos hacer mención al **interfaz IRIS**. Este interfaz permite salvar la distancia que existe entre el método implementado en un lenguaje de programación y el usuario final, que debe ser el médico y que no tiene porque tener conocimientos profundos de programación. Así, de **una forma visual y de manejo sencillo** se consigue que los usuarios puedan acceder al manejo del método **sin ningún conocimiento adicional**, lo que constituye un valor añadido al método diseñado. Además, se permiten múltiples opciones incluyendo el **análisis de certeza**, así como la posibilidad de configurar ciertos aspectos de la detección y que tienen una forma por defecto de realizarse. De forma adicional, se ha presentado un diseño de **base de datos** que gestione el almacenamiento y la recuperación de las imágenes analizadas, que pueden de esta forma clasificarse de forma estructurada.

POSIBLES APLICACIONES

Como se desprende de la mera observación del título de la presente memoria, se ha diseñado e implementado un método muy particular, para una aplicación muy concreta: detectar de forma precoz microaneurismas en angiogramas de retina. Evidentemente, esta aplicación se cumple satisfactoriamente y es el fin natural del algoritmo, por lo que resulta difícil encontrar posibles usos alternativos al mismo, como podría pasar, por ejemplo, con una herramienta teórica o más genérica.

Sin embargo, el método de detección con su interfaz puede utilizarse de muy distintas formas, entre las que se enumerarán algunas a continuación:

↳ **Uso clínico en la consulta:** Debe ser la aplicación natural del algoritmo. Consiste en su empleo como **herramienta de ayuda al diagnóstico** médico, por lo que será este profesional el que lo utilice. En este caso resulta imprescindible disponer de un sistema completo de análisis de imagen como el descrito en el *capítulo 1*, incluyendo un elemento de adquisición de imágenes de uno de los tipos allí descritos. Asimismo, es fundamental para un adecuado sistema de archivo la implementación física de la base de datos propuesta (al final del *capítulo 5*), además de ser muy conveniente la realización previa de los preprocesados necesarios.

↳ **Telemedicina:** Aunque de nuevo su utilización en este caso es con fines diagnósticos, la implementación y dinámica de uso del sistema difiere mucho del caso anterior. De este modo, el sistema de análisis con el método de detección y el

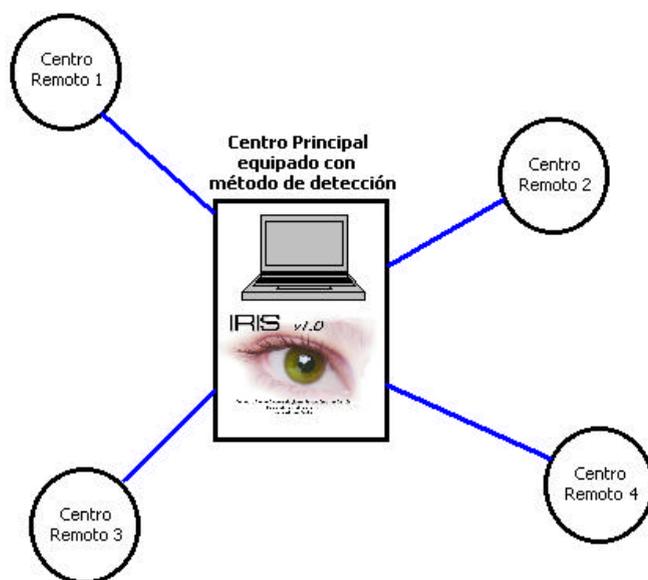


Figura 6.2: Esquema de conexión a un centro principal

determinados, dando un **diagnóstico que se remite** al punto de origen de la imagen. Un esquema de esta opción se muestra en la Figura 6.2.

interfaz **IRIS** instalado **no se encuentra en una consulta**, sino que puede estar situado en un punto determinado a disposición de unos médicos pero no de cara a la consulta con el paciente. Así, desde **puntos remotos**, en casos determinados pueden enviar por el medio que sea una determinada imagen digitalizada, de forma que se analice en el sistema y sea evaluada por los médicos

↳ **Uso pedagógico:** El método de detección en su interfaz gráfico, con todas sus opciones configurables, es **especialmente adecuado para su utilización en entornos académicos**, puesto que puede ayudar a enseñar a los futuros oftalmólogos casos prácticos o especialmente ilustrativos de forma clara, gráfica y rápida. Este uso, además, permitiría familiarizar a los futuros oftalmólogos en una herramienta que posteriormente podrían utilizar. Por supuesto, en este caso no existen requisitos en cuanto a tiempos de preprocesado o detección, puesto que lo más lógico en este ámbito es tener los espacios preprocesados ya preparados.

Independientemente de estos tres usos principales, algunas de las **partes del método** pueden utilizarse en nuevos diseños o aplicaciones, relacionadas o no con la detección de microaneurismas. Ejemplos de esta reutilización de bloques pueden ser el conjunto o librería de funciones morfológicas, el banco de correladores que estructura el criterio de forma o los conceptos y ponderaciones utilizados en el análisis de certeza, aunque en realidad cualquier parte es susceptible de ser empleada en una aplicación distinta.

Análogamente, el propio método de detección en su conjunto podría **integrarse en un paquete mayor** sin perder su autonomía, como, por ejemplo, en un hipotético conjunto de programas que busquen síntomas de diversas afecciones o patologías oculares.

FUTURAS LÍNEAS DE DESARROLLO

Es habitual en un proyecto de este tipo el iniciarse como continuación de un proyecto o desarrollo previo en el mismo área. Sin embargo, en este caso no es así, ya que **este proyecto parte de cero**, sin tener ninguna referencia previa. Es por esto por lo que se ha requerido de un gran **esfuerzo inicial de documentación**, en contraposición a la libertad de la que se ha dispuesto en el diseño.

Además, como ya se ha indicado, los resultados obtenidos son **muy positivos** y superiores a las expectativas iniciales. Sin embargo, todo es susceptible de mejora, y el método diseñado no es una excepción. Así, a continuación se presentarán distintas líneas por las que se podría continuar la investigación en este campo, atendiendo a dos fines: **mejora** del método actual y **ampliaciones** de su funcionalidad, los cuales, a menudo, se solapan.

① **Eliminación de falsos positivos:** la primera forma de mejorar el método de detección es reducir el número de falsos positivos que se producen. Para esto conviene utilizar imágenes de fondo de ojo completo, donde se producen falsos positivos habitualmente, y en general siempre debido a las mismas causas: papila óptica y esquinas redondeadas.

② **Mejora de los criterios de intensidad y contraste:** como se ha indicado repetidamente, estos criterios se basan en unos parámetros definidos a partir de la experimentación, complementándose con unos umbrales adecuados. A pesar de que se han realizado grandes esfuerzos en este sentido, y de que el funcionamiento obtenido es muy bueno, puede seguir avanzándose en esta

dirección hasta conseguir los ansiados histogramas bimodales que permitan la umbralización óptima. En este sentido, se propone el estudio e implementación de un **modelo matemático paramétrico** que se aproxime al histograma de las imágenes, de forma que mediante la determinación de estos parámetros para ajustarse al histograma real de forma óptima en el sentido del mínimo error cuadrático se pueda calcular un **umbral óptimo** de forma automática. Para esto pueden tomarse como base algunos estudios al respecto realizados por *Frederic Zana*.

Las dos imágenes a alinear son la actual y la inmediatamente anterior en la secuencia temporal del paciente

③ **Implementación de un algoritmo de registro:** este algoritmo iría encaminado a determinar la variación entre microaneurismas entre dos exámenes realizados al mismo paciente en momentos distintos. Esto no es tan simple como ver el número de microaneurismas en cada uno de los dos estudios, ya que pueden desaparecer microaneurismas antiguos y aparecer otros

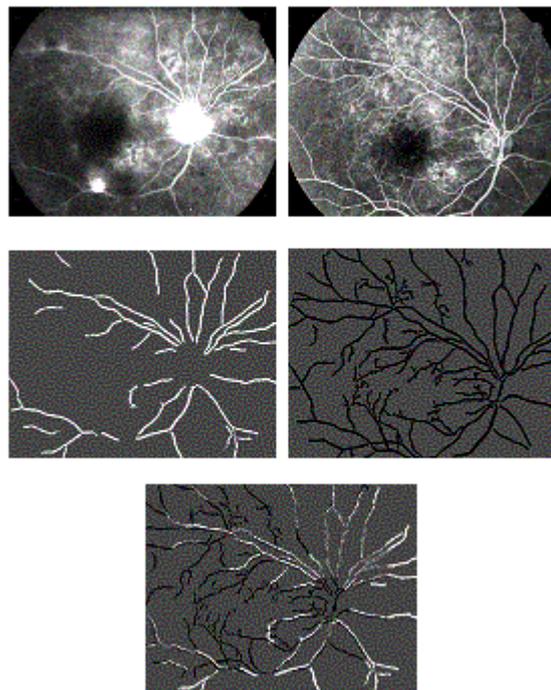


Figura 6.4: Ejemplo de resultados de un algoritmo de registro

nuevos, manteniéndose la misma cantidad. Por tanto, no basta con la simple evolución de la cantidad, aunque es un dato muy ilustrativo. Así, para ampliar el estudio realizado se propone un algoritmo de registro que consistiría en que, una vez detectados los microaneurismas, se eliminan de la imagen, de forma que las distintas imágenes de un mismo paciente (que tendrán distintas orientaciones, ángulos, etc...) puedan alinearse atendiendo a la **correspondencia de puntos**. Estos puntos deben ser los **puntos de bifurcación de los vasos** del árbol vascular, como se muestra en la Figura 6.3. De este modo, para cada una de las dos imágenes a alinear se tiene un conjunto de puntos, que se ajustan entre si mediante la **transformada bayesiana de Hough**, de modo que puede verse superpuesta la variación entre imágenes. Un ejemplo de los resultados de este tipo de algoritmo de registro se muestra en la Figura 6.4, donde se ilustra la extracción y alineamiento del árbol vascular.

④ **Realización de una red neuronal:** Cuando se realiza un sistema de detección o clasificación, a menudo aparece el impulso o el deseo de poder decirle al algoritmo, de algún modo, que está cometiendo un error en una situación determinada, de forma que aprenda y no lo realice de nuevo ni en ese caso ni en otros similares. Esto es precisamente lo que se hace con una **red neuronal:**

La red neuronal parece, intuitivamente, el paso más lógico para avanzar en la detección, y la línea de desarrollo más atractiva

enseñarle al método los errores que ha cometido para que aprenda de ellos y no los vuelva a realizar. Así, el método va creando su propio banco de experiencias de donde surge, como en el cerebro humano, el **aprendizaje**. Para su implantación, que se considera que es una de las líneas de desarrollo futuras más interesantes que tiene el presente proyecto, es **imprescindible aumentar el banco de imágenes** (angiogramas) disponibles, así como contar con la **ayuda de un oftalmólogo** que valide las imágenes, puesto que es necesario un proceso de adiestramiento de la red para que esto sea eficaz.

⑤ **Evolución del interfaz IRIS**: En esta memoria se ha presentado una primera versión del interfaz **IRIS**, que hace las veces de **prototipo**. En ella se partió de cero y no existió ningún tipo de requisito, por cuanto su realización no estaba inicialmente prevista. Así, su utilización por parte de múltiples usuarios encontrará, con total seguridad, sugerencias acerca de nuevas posibilidades a añadir, la introducción de menús desplegables o la dificultad o inutilidad de ciertas opciones actualmente disponibles. De este modo, de la experiencia **deben surgir requisitos** que habrán de satisfacerse en una **nueva versión** del interfaz (la **2.0**) o en una **revisión ligera** de la existente (lo que constituiría la **versión 1.1**).

Aunque no se ha comentado más que en la opción de las redes neuronales, la continuación de la investigación y desarrollo en este área requiere, indefectiblemente, de la **ampliación de las imágenes disponibles** y de la **mejora sustancial de la calidad** de las mismas. Esto se antoja fundamental, estén o no validadas las imágenes, y, además, sería muy aconsejable contar con la **colaboración de un oftalmólogo**, especialmente para estos aspectos de corrección de las detecciones realizadas.

CONTENIDO DEL CD ANEXO

Con la presente memoria se incluye un **CD-ROM** que tiene los contenidos que se muestran en la Figura 6.5.

Estos pueden resumirse de una manera sencilla: en primer lugar se incluye la **versión electrónica** de esta memoria en dos formatos distintos (para *Microsoft Word*® y para *Acrobat Reader*®, el estándar de facto de intercambio de documentos en Internet); a continuación se incluye un segundo directorio que contiene todas las imágenes que aparecen en el presente documento, la gran mayoría de las cuales han sido **realizadas específicamente para esta memoria**; y por último, los otros dos directorios contienen las rutinas Matlab y C necesarias para ejecutar el método tanto desde un interfaz de línea de comandos como en la forma

Se incluye el código fuente de las funciones que implementan el método, lo que permite su posterior modificación y mejora

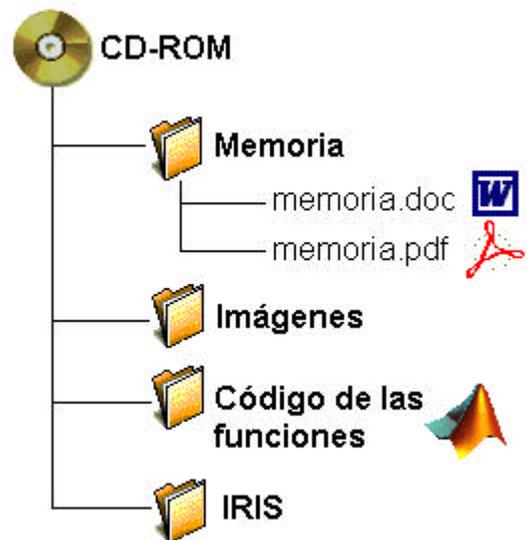


Figura 6.5: Contenidos del CD-ROM

gráfica **IRIS**. Como ya se indicó en el *capítulo 5*, para utilizar correctamente esta interfaz deben almacenarse todos los ficheros contenidos en estos dos directorios dentro de la **ruta de búsqueda** configurada en Matlab.

AGRADECIMIENTOS



Tras numerosas páginas dedicadas a aportar datos, explicar razonamientos y profundizar en los abismos del diseño realizado, no parece demasiado el incluir unas líneas dedicadas a las personas que de alguna forma han colaborado en la realización del proyecto y han permitido llevarlo a buen puerto.

Indudablemente, y mucho más allá de la mera retórica, el primer agradecimiento debe ser para la persona que ha marcado el camino a seguir en el diseño del método, aportando soluciones cada vez que parecía llegarse a un punto sin salida. Esta persona es la tutora del proyecto, la doctora Carmen Serrano Gotarredona, a la que debo agradecer desde la simple adjudicación del mismo hasta el hecho de estar siempre disponible para cualquier consulta, incluso en los agitados días de paro académico, así como el apoyo para llevar el proyecto. El resultado obtenido debe mucho a su guía y a sus ideas.

Por supuesto quiero extender el mismo agradecimiento a la doctora Begoña Acha Piñero: resulta gratificante que se disponga de tiempo para escuchar cualquier duda o problema cuando se está inmerso en el desarrollo de una tesis, y que se esté siempre dispuesto a colaborar. Por todo ello y mucho más, sinceramente, gracias a las dos.

Capítulo aparte merecen las personas que han compartido buenos y malos momentos a lo largo de tantos años. Resulta impensable la posibilidad de llevar a cabo un proyecto de la magnitud del presente sin el apoyo, ánimo y ayuda de los compañeros durante tanto tiempo. Por esto y por todo, y aunque dicen que más vale no dar nombres cuando puede olvidarse alguno, no habría completado esta obra si sus nombres no aparecieran (en riguroso orden alfabético, para evitar problemas): Alberto, Amalia, Ana, Antonios (muchos y variados), Armando, Clara, Esther, Eva, Fátima, Fran, Germán, Israel, Javieres (unos cuantos), José Alfonso, José Luis, Juan, Laura, Lourdes, Manolos (algunos), Marisol, Marta, Miguel, Mónica, Pablo, Rafa, Víctor,.... gracias por todo y por siempre.

Sin embargo, hay una persona que aún no ha sido mencionada y cuya colaboración puede verse en cada una de las páginas que componen esta memoria. No insistiré en citar cada uno de los detalles de esta obra que llevan su sello porque sería necesario un segundo tomo, pero sí hay algo que no puedo dejar de mencionar: gracias por estar siempre ahí, por ser la luz al final del camino, por no dejarme desfallecer y demostrarme hasta donde puedo llegar, por llevarme de la mano, por ser tú. Gracias Elena.

No puede faltar aquí el personal de la biblioteca de la Escuela Superior de Ingenieros y de la Facultad de Medicina de la Universidad de Sevilla, que han colaborado activa e intensamente en la labor de documentación, imprescindible tanto en la fase previa como durante la realización del proyecto. Asimismo, quiero

mencionar a Manuel Aguirre Camacho por la cesión de material utilizado durante el diseño del proyecto.

Sin duda, tengo que agradecer a todos mis amigos su apoyo y ánimo durante los últimos años, y su disponibilidad para ayudar en la medida de sus posibilidades (gracias, Adrián). No podía haber recibido más de lo que me habéis dado, y, por eso, esto también es vuestro.

Por último, y para poner el punto y final a la presente memoria, muchas gracias a mi familia por su paciencia y comprensión (ambas en muy grandes dosis) durante todo el tiempo de desarrollo del proyecto, en lo que ha constituido para mi un apoyo fundamental.

BIBLIOGRAFÍA

➤ **Textos sobre oftalmología**

- CORCÓSTEGUI, Borja. *El fondo del ojo en la medicina práctica*. Espaxs, 1983.
- COTRAN, Ramzi S.; KUMAR, Vinay; COLLINS, Tucker. *Robbins: Patología estructural y funcional*. 6ª Edición. McGraw-Hill, 2000.
- GÓMEZ-ULLA DE IRAZAZÁBAL, Francisco. *Nuevos métodos de exploración retiniana*. Sociedad Española de Oftalmología, 1994.
- GUYOT-ARGENTON, L. *La Retinopatía diabética y su tratamiento*.
- *Management of Diabetic Retinopathy. A guide for general practitioners*. Commonwealth of Australia, 1997.
- MILLER, Stephen J. H. *Enfermedades de los ojos de Parsons*. 18ª Edición. Editorial Interamericana McGraw-Hill, 1993.
- MOORE, Keith L. *Anatomía con orientación clínica*. 3ª Edición. Editorial Médica Panamericana, 1993.
- NOVER, Arno. *El fondo del ojo. Técnica exploratoria e imágenes típicas*. 3ª Edición. Editorial Científico-Médica, 1982.
- PASTOR JIMENO, J. C. y otros. *Guiones de Oftalmología*. Nueva Edición. McGraw-Hill, 1999.
- PAU, Hans. *Diagnóstico diferencial de las enfermedades oculares*. Salvat, 1990.
- SAORNIL ÁLVAREZ, M. A. y otros. *Guiones de Oftalmología*. 9ª Edición. Universidad de Valladolid, Secretariado de Publicaciones, 1991.
- SPALTON, David J.; HITCHINGS, Roger A.; HUNTER, Paul A. *Atlas de oftalmología clínica*. 2ª Edición. Harcourt, 1994.

➤ SUÁREZ DE FIGUEROA, Marta; MURUBE DEL CASTILLO, Juan. *Retinopatía diabética*. CityRoyal, 1992.

➤ **Textos sobre procesamiento digital de imágenes**

➤ BOW, Sing-Tze. *Patter Recognition and Image Preprocessing*. Marcel Dekker, Inc., 1992.

➤ BRACOWEL, Ronald N. *Two-Dimensional Imaging*. Prentice-Hall, 1995.

➤ CASTLEMAN, Kenneth R. *Digital Image Processing*. Prentice-Hall, 1996.

➤ GONZALEZ, Rafael C.; WOODS, Richard E. *Tratamiento digital de Imágenes*. Addison-Wesley, 1993.

➤ JAIN, Anil K. *Fundamentals of digital image processing*. Prentice-Hall, 1989.

➤ KASTUR, Rasgachar; TRIVEDI, Mohan M. *Image Analysis Applications*. Marcel Dekker, Inc., 1990.

➤ KROPATSCH, Walter G.; BISCHOF, Horst. *Digital Image Analisys. Selected Techniques and Applications*. Springer, 2001.

➤ LIM, Jae S. *Two-dimensional signal and image processing*. Prentice-Hall, 1990.

➤ PRATT, William K., *Digital Image Processing* John Wiley & Sons, 1978.

➤ SCHALKOFF, Robert J. *Digital Image Processing and Computer Vision*. John Wiley & Sons, Inc., 1989.

➤ WATT, Alan; FABIO, Policarpo. *The Computer Image*. Addison-Wesley, 1998.

➤ **Textos sobre programación**

➤ *Building GUIs with MATLAB*. The MathWorks, Inc., 1997.

➤ KERNIGHAN, Brian W.; RITCHIE, Dennis M. *El lenguaje de programación C. 2ª Edición*. Prentice-Hall, 1991.

➤ PARKER, J. R. *Practical Computer Vision using C*. John Wiley & Sons, Inc., 1994.

➤ SIERRA URRECHO, Alejandro; ALFONSECA MORENO, Manuel. *Programación en C/C++*. Anaya Multimedia, 1999.

➤ **Artículos**

➤ MENDONÇA, A.M.; CAMPLIHO, A.J.; NUNES, J.M. *Automatic segmentation of microaneurysms in retinal angiograms of diabetic patients*. 10th International Conference on Image Analysis and Processing, IEEE, 1999.

- WALTER, Thomas; KLEIN, Jean-Claude; MASSIN, Pascale; ZANA, Frédéric. *Automatic segmentation and registration of retinal fluorescein angiographies*.
- CREE, M.J.; OLSON, J.A.; McHARDY, K.C; FORRESTER, J.V.; SHARP, P.F. *Automated microaneurysm detection*. Proceedings ICIP'96, IEEE, 1996.
- BANKMAN, Isaac N.; NIZIALEK, Tanya; SIMON, Inpakala; GATEWOOD, Olga B.; WEINBERG, Irving N.; BRODY, William R. *Segmentation algorithms for detecting microcalcifications in mammograms*. IEEE transactions on information technology in biomedicine, vol. 1, nº 2, Junio 1997.

