



UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS
DE GRAN CANARIA

UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS DE GRAN CANARIA

ESCUELA DE INGENIERÍA DE TELECOMUNICACIÓN Y ELECTRÓNICA



PROPUESTA DE TRABAJO DE FIN DE GRADO

EVALUACIÓN DE TÉCNICAS DE REDUCCIÓN DIMENSIONAL EN LA CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES HIPERESPECTRALES DE TUMORES CEREBRALES

TITULACIÓN: Grado en Ingeniería en Tecnologías de la
Telecomunicación

MENCIÓN: Sistemas electrónicos

AUTOR: Beatriz Martínez Vega

TUTOR: Gustavo Marrero Callicó

COTUTOR: Samuel Ortega Sarmiento

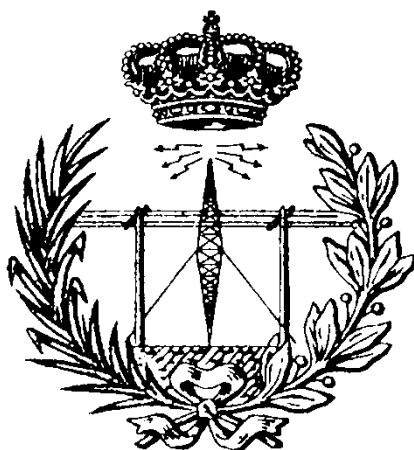
FECHA: Julio 2018



UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS
DE GRAN CANARIA

UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS DE GRAN CANARIA

ESCUELA DE INGENIERÍA DE TELECOMUNICACIÓN Y ELECTRÓNICA



PROPUESTA DE TRABAJO DE FIN DE GRADO

EVALUACIÓN DE TÉCNICAS DE REDUCCIÓN DIMENSIONAL EN LA CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES HIPERESPECTRALES DE TUMORES CEREBRALES

Calificación: _____

Presidente

Fdo.:

Vocal

Secretario/a

Fdo.:

Fdo.:

Fecha: Julio 2018

Agradecimientos

Este apartado está dedicado a todas las personas que, de una manera u otra, me han ayudado a desarrollar este Trabajo Fin de Grado. Quisiera agradecer a mis tutores, a mis amigos y a mi familia.

Gracias a mis tutores, Gustavo y Samuel, por su tiempo, paciencia y trabajo. Gracias a mi familia, por todo el apoyo incondicional que me han dado durante toda esta etapa. Gracias a mis amigos, tanto fuera como de la carrera, por todo el apoyo moral y por darme fuerzas en momentos difíciles.

Índice

Parte I: Memoria

1. Introducción	21
1.1. Prólogo.....	21
1.2. Contexto.....	22
1.3. Objetivos	24
1.4. Metodología	24
1.5. Descripción de la memoria.....	25
2. Estado del arte.....	27
2.1. Introducción.....	27
2.2. Imágenes hiperespectrales	27
2.3. Aplicaciones	29
2.3.1. Aplicaciones no médicas	29
2.3.2. Aplicaciones médicas	37
2.4. Clasificadores.....	42
2.4.1. Machine learning	42
2.4.2. Aprendizaje supervisado	43
2.4.3. SVM.....	43
2.4.4. ANN	44
2.5. Técnicas de reducción dimensional	45
2.5.1. Técnicas convexas	47
2.5.2. Técnicas no convexas	54
2.6. Resumen.....	58
3. Procedimiento de la generación de base de datos de tejidos cerebrales hiperespectrales	59
3.1. Introducción.....	59

3.2. Cámara hiperespectral utilizada en la captura de imágenes hiperespectrales.....	59
3.3. Procedimiento de captura de imágenes hiperespectrales durante la cirugía	61
3.3.1. Capturas de imágenes hiperespectrales.....	62
3.3.2. Resección de tejido.....	64
3.3.3. Evaluación de expertos.....	65
3.3.4. Muestras etiquetadas.....	65
3.4. Resumen.....	67
4. Resultados de las evaluaciones de las técnicas de reducción dimensional...	69
4.1. Introducción.....	69
4.2. Metodología.....	69
4.3. Métricas de evaluación	72
4.3.1. Cross-validation	72
4.3.2. Accuracy	74
4.3.3. Matriz de confusión.....	74
4.3.4. Separabilidad de las clases	75
4.3.5. Mapa de clasificación.....	77
4.4. Resultados	77
4.4.1. Técnicas de reducción dimensional individuales	78
4.4.2. Unión con todas las técnicas de reducción dimensional.....	132
4.4.3. Unión de las técnicas PCA, MDS y Factor Analysis	139
4.4.4. Base de datos etiquetados	147
4.5. Resumen.....	160
5. Conclusiones y trabajo futuro.....	161
5.1. Conclusiones.....	161
5.2. Trabajo futuro	162

Parte II: Bibliografía

Bibliografía.....	167
-------------------	-----

Parte III: Presupuesto

P1. Recursos humanos.....	175
---------------------------	-----

P2. Recursos hardware.....	176
----------------------------	-----

P3. Recursos software.....	177
----------------------------	-----

P4. Redacción del proyecto.....	177
---------------------------------	-----

P5. Derechos del visado del COITT.....	178
--	-----

P6. Presupuesto total.....	179
----------------------------	-----

Parte IV: Pliego de condiciones

Pl.1 Introducción	183
-------------------------	-----

Pl.2 Recursos hardware.....	183
-----------------------------	-----

Pl.3 Recursos software.....	183
-----------------------------	-----

Parte V: Anexos

Anexo I. Especificaciones técnicas Hyperspec VNIR.....	187
--	-----

Anexo I. Especificaciones técnicas Hyperspec NIR.....	188
---	-----

Figuras

Figura 2-1. Estructura de un hipercono y firmas espectrales de diferentes objetos (tierra, agua y vegetación).....	28
Figura 2-2. Imagen hiperespectral monocromática de un manuscrito por medio de luz infrarroja con paso de banda a 940 nm.	31
Figura 2-3. Ilustración de una pintura con indicación de la región de análisis y el resultado de la clasificación de los colores blanco / crema.	32
Figura 2-4. Micrografías obtenidas con microscopio óptico de superficies limpias de grafito rojo tras 1 escaneo (izquierda) y grafito plateado tras 3 escaneos (derecha)	33
Figura 2-5. Visualización de las propiedades de textura de las semillas de maíz afectadas por diferentes tiempos de almacenamiento. (a) Dureza, (b) elasticidad, y (c) resiliencia.	35
Figura 2-6. Visualización de mapas de distribución de diferentes niveles de gelatina en algunas muestras probadas.	36
Figura 2-7. Resultados de la clasificación de imágenes utilizando el método SDR de gran amplitud. a) Imagen colposcópica cervical de un cuello uterino anormal después de la aplicación de ácido acético. b) Compuesto de mapa de pseudo color por tres imágenes hiperespectrales. C) Resultados de clasificación según el método SDR de gran amplitud combinado con algoritmo de segmentación.	38
Figura 2-8. Cambios espectrales subyacentes a la visualización de lesiones de RF basadas en HSI. Comparación lado a lado: superficie auricular endocárdica con tres lesiones bajo luz ambiente (izquierda) y HSI del mismo tejido (derecha)	39
Figura 2-9. Imágenes hiperespectrales de banda 12, (a) en el día 2, (b) en el día 4 y (c) en el día 6.....	40
Figura 2-10. Clasificación no supervisada (a) antes y (b) después del pre-procesado. Imagen RGB del cubo HS con tejido canceroso marcado con una línea negra (izquierda), resultados de clasificación no supervisados con el grupo / clústeres correspondientes a un área cancerosa marcada en color (centro) y superposición del grupo / clústeres correspondientes al área cancerosa y la imagen RGB (derecha).	41
Figura 2-11. Hiperplano lineal SVM.	44

Figura 2-12. Estructura general de una red neuronal con dos capas ocultas.....	45
Figura 3-1. Plataforma de adquisición de demostradores HELICoiD. (a, b) cámaras VNIR y NIR HS montadas en la plataforma de exploración; (c-e) Fuente de luz QTH conectada al sistema de fibra óptica para la transmisión de luz para obtener una emisión de luz en la plataforma de exploración; (f, g) motor paso a paso acoplado al eje y conectado al controlador de motor paso a paso para realizar el movimiento lineal de las cámaras; (h) Posicionamiento de la cámara utilizada para identificar la posición del campo de visión de las cámaras (FOV); (i) El sistema Up & Down utilizado para enfocar las cámaras HS; (j) y (k) Sistemas de panorámica e inclinación manual utilizados para orientar correctamente la plataforma de exploración.....	61
Figura 3-2. Captura de datos y proceso de etiquetado.....	62
Figura 3-3. Estructura de las meninges.....	63
Figura 3-4. Puntero del sistema IGS sobre el marcador tumoral HELICoiD ubicado en la superficie expuesta del cerebro.	64
Figura 3-5. Muestras etiquetadas del tercer paciente.....	66
Figura 3-6. Muestras etiquetadas del cuarto paciente.....	66
Figura 3-7. Muestras etiquetadas del segundo paciente.	66
Figura 3-8. Muestras etiquetadas del primer paciente.....	66
Figura 3-9. Muestras etiquetadas del quinto paciente.	67
Figura 4-1. Diagrama general del procedimiento empleado.....	69
Figura 4-2. Diagrama detallado sobre el procedimiento empleado en el desarrollo del software.	72
Figura 4-3. Funcionamiento del método holdout.	73
Figura 4-4. Funcionamiento del método k-fold.	74
Figura 4-5. Ejemplo de una matriz de confusión 3x3 para las clases A-C (izquierda) y la matriz de confusión binaria correspondiente para la clase A (derecha).....	75
Figura 4-6. Mapa de clasificación del primer paciente sin reducción dimensional.	83
Figura 4-7. Mapa de clasificación del segundo paciente sin reducción dimensional.	84
Figura 4-8. Mapa de clasificación del tercer paciente sin reducción dimensional..	84
Figura 4-9. Mapa de clasificación del cuarto paciente sin reducción dimensional.	85

Figura 4-10. Mapa de clasificación del quinto paciente sin reducción dimensional.	85
Figura 4-11. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica PCA.	86
Figura 4-12. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica PCA.	87
Figura 4-13. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica PCA.	88
Figura 4-14. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente. con técnica PCA	88
Figura 4-15. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica PCA.	89
Figura 4-16. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica PCA. ...	94
Figura 4-17. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica PCA.	94
Figura 4-18. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica PCA. ...	95
Figura 4-19. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica PCA. ...	95
Figura 4-20. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA. ...	96
Figura 4-21. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente	97
Figura 4-22. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente. .	97
Figura 4-23. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente.	98
Figura 4-24. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica MDS.	99
Figura 4-25. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica MDS.	99
Figura 4-26. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica MDS.	100
Figura 4-27. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica MDS.	101
Figura 4-28. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica MDS.	101
Figura 4-29. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica MDS.	106
Figura 4-30. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica MDS.	106
Figura 4-31. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica MDS. .	107

Figura 4-32.Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica MDS.	107
Figura 4-33.Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA.	108
Figura 4-34. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente	109
Figura 4-35. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente.	109
Figura 4-36. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente. .	110
Figura 4-37.Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica LDA.	111
Figura 4-38.Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica LDA.	111
Figura 4-39.Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica LDA.	112
Figura 4-40.Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica LDA.	113
Figura 4-41.Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica LDA.	114
Figura 4-42.Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica LDA. .	119
Figura 4-43.Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica LDA.	119
Figura 4-44.Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica LDA. .	120
Figura 4-45.Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica LDA. .	120
Figura 4-46.Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica LDA. .	121
Figura 4-47.Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica Factor Analysis.	122
Figura 4-48.Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica Factor Analysis.	123
Figura 4-49.Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica Factor Analysis.	124
Figura 4-50.Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica Factor Analysis.	124
Figura 4-51.Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica Factor Analysis.	125
Figura 4-52.Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica Factor Analysis.	129

Figura 4-53.Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica Factor Analysis.....	130
Figura 4-54.Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica Factor Analysis.....	130
Figura 4-55.Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica Factor Analysis.....	131
Figura 4-56.Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica Factor Analysis.....	131
Figura 4-57. Diagrama de la estructura seguida para unir todas técnicas de reducción dimensional.....	133
Figura 4-58.Mapa de clasificación del primer paciente con todas las técnicas de reducción.....	137
Figura 4-59.Mapa de clasificación del segundo paciente con todas las técnicas de reducción.....	138
Figura 4-60.Mapa de clasificación del tercer paciente con todas las técnicas de reducción.....	138
Figura 4-61.Mapa de clasificación del cuarto paciente con todas las técnicas de reducción.....	139
Figura 4-62.Mapa de clasificación del quinto paciente con todas las técnicas de reducción.....	139
Figura 4-63. . Diagrama de la estructura seguida para unir varias técnicas de reducción dimensional.....	141
Figura 4-64.Mapa de clasificación del primer paciente con varias técnicas de reducción.....	144
Figura 4-65.Mapa de clasificación del segundo paciente con varias técnicas de reducción.....	145
Figura 4-66.Mapa de clasificación del tercer paciente con varias técnicas de reducción.....	145
Figura 4-67.Mapa de clasificación del cuarto paciente con varias técnicas de reducción.....	146
Figura 4-68.Mapa de clasificación del quinto paciente con varias técnicas de reducción.....	146
Figura 4-69.Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.	148

Figura 4-70. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.	149
Figura 4-71. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.	150
Figura 4-72. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.	151
Figura 4-73. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.	152
Figura 4-74. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.	156
Figura 4-75. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.	156
Figura 4-76. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.	157
Figura 4-77. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.	157
Figura 4-78. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.	158
Figura 4-79. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente	158
Figura 4-80. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente.	159
Figura 4-81. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente. ...	159

Tablas

Tabla 3-1. Base de datos de las capturas hiperespectrales del cerebro humano.	67
Tabla 4-1. Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes sin ninguna técnica de reducción dimensional.	79
Tabla 4-2. Matriz de confusión del primer paciente sin reducción dimensional....	80
Tabla 4-3. Matriz de confusión del segundo paciente sin reducción dimensional	80
Tabla 4-4. Matriz de confusión del tercer paciente sin reducción dimensional....	81
Tabla 4-5. Matriz de confusión del cuarto paciente sin reducción dimensional....	81
Tabla 4-6. Matriz de confusión del quinto paciente sin reducción dimensional. ...	82
Tabla 4-7. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas. .	83
Tabla 4-8. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional PCA.....	90
Tabla 4-9.. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional PCA.....	90
Tabla 4-10. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional PCA.....	91
Tabla 4-11. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional PCA.....	91
Tabla 4-12. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional PCA.....	92
Tabla 4-13. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica PCA	93
Tabla 4-14. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional MDS.	102
Tabla 4-15. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional MDS.	103
Tabla 4-16. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional MDS.	103
Tabla 4-17. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional MDS.	104
Tabla 4-18. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional MDS.	104

Tabla 4-19.Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica MDS.....	105
Tabla 4-20.Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional LDA.	115
Tabla 4-21.Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional LDA.	115
Tabla 4-22.Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional LDA.	116
Tabla 4-23.Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional LDA.	116
Tabla 4-24.Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional LDA.	117
Tabla 4-25.Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica LDA.....	118
Tabla 4-26.Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional Factor Analysis.	126
Tabla 4-27.Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional Factor Analysis.	126
Tabla 4-28.Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional Factor Analysis.	127
Tabla 4-29.Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional Factor Analysis.	127
Tabla 4-30.Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional Factor Analysis.	128
Tabla 4-31.Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica Factor Analysis.	128
Tabla 4-32.Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes con todas las técnicas de reducción dimensional.....	134
Tabla 4-33. Matriz de confusión del primer paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.....	134
Tabla 4-34.Matriz de confusión del segundo paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.....	135
Tabla 4-35.Matriz de confusión del tercer paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.....	135

Tabla 4-36. Matriz de confusión del cuarto paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.....	136
Tabla 4-37. Matriz de confusión del quinto paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.....	136
Tabla 4-38. Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes con varias técnicas de reducción dimensional.....	141
Tabla 4-39. Matriz de confusión del primer paciente con varias técnicas de reducción dimensional.....	142
Tabla 4-40. Matriz de confusión del segundo paciente con varias técnicas de reducción dimensional.....	142
Tabla 4-41. Matriz de confusión del tercer paciente con varias técnicas de reducción dimensional.....	143
Tabla 4-42. Matriz de confusión del cuarto paciente con varias técnicas de reducción dimensional.....	143
Tabla 4-43. Matriz de confusión del quinto paciente con varias técnicas de reducción dimensional.....	144
Tabla 4-44. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.....	153
Tabla 4-45. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.....	153
Tabla 4-46. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.....	154
Tabla 4-47. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.....	154
Tabla 4-48. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.....	155
Tabla 4-49. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.....	155
Tabla 5-1. Resultados de la tasa de precisión de todos los pacientes con todos los tipos de técnicas evaluadas.....	162

Parte I: Memoria

Resumen

Este Trabajo Fin de Grado (TFG) se ha desarrollado dentro de las líneas de investigación para el procesamiento de imágenes hiperespectrales que se realiza actualmente en la División de Sistemas Integrados (DSI) del Instituto Universitario de Microelectrónica Aplicada (IUMA) de la Universidad de Las Palmas de Gran Canaria, concretamente en el campo del diagnóstico médico. Concretamente, en este TFG se trabajará con imágenes hiperespectrales de tumores cerebrales, adquiridas en el marco del proyecto europeo HELICoiD.

El objetivo principal de este TFG ha sido evaluar diferentes técnicas de reducción dimensional de los datos hiperespectrales para evaluar si alguna de las técnicas propuestas permite mejorar los resultados de la clasificación de estas imágenes, permitiendo delinear los límites exactos de los tumores.

La base de datos que se ha utilizado en este TFG está compuesta por imágenes hiperespectrales de cinco pacientes diferentes. En cada imagen se han etiquetado una serie de muestras para poder determinar qué tipo de clases conforman las imágenes. Consideramos cuatro tipos de clases: tejido sano, tejido canceroso, vasos sanguíneos y *background*. Para realizar el proceso de etiquetado, se han recortado manualmente los píxeles que están dentro de los marcadores por medio del programa Matlab, utilizando la información proporcionada por los patólogos.

En primer lugar, se han clasificado las muestras usando a su entrada los datos espectrales mediante un clasificador supervisado del tipo *Support Vector Machine*. Estos resultados servirán como referencia para evaluar el comportamiento de cada técnica de reducción dimensional (RD). Seguidamente se han aplicado diversas técnicas de RD que serán analizadas mediante cuatro métricas de evaluación: *Accuracy*, matriz de confusión, separabilidad y mapa de clasificación.

El software diseñado en Matlab permite observar mejor las diferencias entre los tejidos presentes en las imágenes hiperespectrales. Algunas técnicas de reducción dimensional mejoran la precisión de la localización y la forma del tumor, reduciendo de forma considerable el número de componentes principales requerido.

Aunque los resultados obtenidos en este TFG son prometedores, este TFG posee muchas líneas de trabajo futuras, tales como el análisis de diferentes técnicas de reducción dimensional, cambiar el clasificador y utilizar las mismas técnicas de reducción dimensional y optimización de los parámetros del clasificador que se ha usado para el desarrollo de este TFG.

Abstract

This Bachelor Thesis (TFG) has been developed in accordance with the research lines of hyperspectral image processing that are currently carried out in the Division of Integrated Systems (DSI) of the Research Institute for Applied Microelectronics (IUMA) of the University of Las Palmas de Gran Canaria, specifically in the field of medical diagnosis. Specifically, this TFG will work with hyperspectral images of brain tumors, acquired in the framework of the European project HELICoiD.

The main objective of this TFG was to evaluate different dimensionality reduction techniques for hyperspectral data to evaluate if any of the proposed techniques would allow improving the classification results of such images, at the same time improving the delineation of the precise limits of the tumors.

The database that has been used in this TFG is composed by hyperspectral images belonging to five different patients. For each image, several pixels have been labeled to determine the classes belonging to each image. There are four types of classes: healthy tissue, cancerous tissue, blood vessels and background. To carry out the labeling process, the pixels that are inside de markers have been manually marked using the Matlab tool, using the information provided by the pathologists.

Firstly, the data have been classified using for that purpose the spectral data as inputs for a Support Vector Machine supervised classifier. These results serve as a reference to evaluate the behavior of each dimensionality reduction (DR) technique. Next, several DR techniques have been applied and have been analyzed by using four different evaluation metrics: Accuracy, confusion matrix, separability and classification map.

Finally, the software developed in Matlab allows visualizing the differences of the tissues present in the hyperspectral images. Some dimensional reduction techniques improve the accuracy of the location and shape of the tumor and considerably reduce the number of main components required.

Although the results achieved in this TFG are promising, the results implies many future lines of work, such as the analysis of additional dimensional reduction techniques, to perform changes in the classifier, and the use of the same reduction techniques and optimizations of the parameters of the classifier used in this TFG.

1 Introducción

1.1 Prólogo

Sólo en España, se detectan al año alrededor de 3.500 nuevos casos de cáncer cerebral (datos de Sociedad Española de Neurología) [1], enfermedad que afecta a 7.5 personas de cada 100 mil habitantes, lo que supone el 2% de los cánceres en adulto y cerca de un 15% en menores de 15 años. El término de tumor cerebral abarca un amplio número de procesos neoplásicos¹ [2][3]. La incidencia de los tumores cerebrales en la edad pediátrica es de aproximadamente entre 30 a 45 casos nuevos por cada millón de habitantes al año. La supervivencia de estos tumores es de aproximadamente el 66%. Los gliomas son los tumores cerebrales primarios más frecuentes y actualmente son incurables. La investigación ha demostrado que la esperanza de vida aumenta con una resección extensa de estos tumores. Esta extracción no es sencilla puesto que los gliomas se infiltran en el tejido circundante y sus bordes son indistintos y difíciles de identificar [4].

Por su parte, la imagen hiperespectral, también llamada espectroscopía de imágenes, es una tecnología emergente que puede ayudar a detectar al crecimiento tumoral en tiempo real [4]. Es una técnica de detección sin contacto, no ionizante y mínimamente invasiva. Mientras que una cámara convencional captura imágenes en tres canales de color (rojo, azul y verde), una cámara hiperespectral captura datos en un gran número de bandas espectrales contiguas y estrechas. En los últimos años el uso de esta tecnología ha tenido un gran auge en el campo de la biomedicina, dada su eficacia para detectar enfermedades y por su carácter no invasivo [5][6].

En este Trabajo Fin de Grado (TFG) se busca evaluar técnicas de reducción dimensional en la clasificación de imágenes hiperespectrales de tumores cerebrales con el objetivo principal de delinear los límites exactos de los tumores

¹ Tumor producido por la multiplicación incontrolada de células. Según el grado de proliferación de sus células y a su capacidad invasiva y metastásica se dividen en benignos y malignos.

cerebrales, permitiendo realizar una resección de forma completa las células malignas sin tener que extraer tejido sano de más.

1.2 Contexto

Este TFG está desarrollado dentro de las líneas de investigación de adquisición y procesamiento de imágenes hiperespectrales que realiza actualmente la División de Sistemas Integrados (DSI) del Instituto Universitario de Microelectrónica Aplicada (IUMA) de la Universidad de Las Palmas de Gran Canaria (ULPGC), concretamente en el campo del diagnóstico médico.

Además, el IUMA ha estado involucrado en proyectos financiados tanto por entidades públicas como privadas, en el ámbito del procesado y aplicación de imágenes hiperespectrales. Entre estos proyectos se encuentran los proyectos financiados por la Comisión Europea:

- **HELICoiD – HypErspectraL Imaging Cancer Detection (FP7-618080):** El objetivo principal del proyecto HELICoiD fue el de aplicar técnicas de imágenes hiperespectrales para la diferenciación entre tejido sano y tumoral durante procedimientos quirúrgicos. El proyecto HELICoiD desarrolló una configuración intraoperatoria experimental basada en cámaras hiperespectrales no invasivas conectadas a una plataforma que ejecuta un conjunto de algoritmos capaces de discriminar entre tejidos sanos y patológicos.
- **ENABLE-S3 – European Initiative to Enable Validation for Highly Automated Safe and Secure Systems:** Los sistemas físicos cibernéticos automatizados facilitan la existencia de nuevos modelos de negocio y nuevas oportunidades comerciales para las empresas europeas de alta tecnología. Sin embargo, se requiere un mayor esfuerzo para asegurar la seguridad y robustez (fiabilidad). ENABLE-S3 ayudará a la industria europea a ganar liderazgo en el campo estratégico de sistemas autónomos debido a un desarrollo y prueba más rápidos de nuevos productos.

En el ámbito de los proyectos del Plan Nacional:

- **REBBECA – Sistemas electrónicos empotrados confiables para control de ciudades bajo situaciones atípicas (TEC2014-58036-C4-4-R):** REBBECA está orientado al paradigma Smart City. Este tema plantea desafíos importantes en diferentes áreas desarrolladas con el desarrollo sostenible de ciudades y la prestación de servicios a los ciudadanos. Se centra en la seguridad urbana para grandes espacios públicos.
- **DREAMS – Dynamically Reconfigurable Embedded Platforms for Networked Context-Aware Multimedia Systems (TEC2011-28666-C04-04):** El principal objetivo de DREAMS es proponer nuevos métodos y herramientas para el diseño de sistemas embebidos en red, para la obtención de aspectos clave en el diseño de sistemas embebidos (reconfigurabilidad, validación, especificaciones, análisis de rendimiento, plataformas HW/SW y arquitecturas de núcleos) para hacer frente a aplicaciones complejas como multimedia contextual, con características de adaptabilidad.
- **Sistema de adquisición de imágenes hiperespectrales de alta definición espacial y espectral (UNLP13-3E-2211):** Este proyecto ha financiado la adquisición de varios equipos hiperespectrales, siendo los más relevantes una cámara VNIR operando en el rango de 400 a 1000 nm y otra cámara SWIR operando en el rango de 900 a 2500 nm. El sistema de adquisición de imágenes hiperespectrales permite obtener las firmas espectrales de diferentes materiales, logrando clasificaciones mucho más precisas que las obtenidas con cámaras convencionales.

Además, el proyecto industrial de la European Space Agency (ESA) en el programa Technology Research Project (TRP):

- **CCSDS IP cores for space applications (ESA ITT AO/1-8032/14/NL/AK):** El objetivo principal de este proyecto es implementar dos núcleos IP independientes correspondientes a las normas CCSDS 123 y CCSDS 121, respectivamente. El primero corresponde a una arquitectura sin pérdida de compresión de imágenes multiespectrales e hiperespectrales, mientras que el segundo es un compresor de datos sin pérdidas. Ambos sistemas son integrados en FPGAs habilitadas para el espacio (de Microsemi y Xilinx) y

también en células estándar endurecidas por radiación (180 nm ATMEL ATC18RHA).

1.3 Objetivos

El objetivo principal de este trabajo es la evaluación de técnicas de reducción dimensional en la clasificación de imágenes hiperespectrales de tumores cerebrales. Durante el desarrollo, se deben alcanzar objetivos adicionales para tener una mejor comprensión del objetivo final. Por lo tanto, los requisitos intermedios para cumplir con el objetivo principal serán:

- Estudiar diferentes técnicas de reducción dimensional en imágenes hiperespectrales. Estudiar las métricas para la evaluación de este tipo de técnicas.
- Evaluar cómo afecta cada técnica de reducción dimensional al resultado final de la clasificación. Esta evaluación se realizará tanto empleando medidas de separabilidad entre clases como analizando los resultados de clasificación tras haber aplicado técnicas de reducción dimensional.
- Determinar la técnica de reducción dimensional que mejor relación ofrece entre la precisión de los resultados y el coste computacional.

1.4 Metodología

La metodología que se lleva a cabo en este proyecto para lograr los objetivos previamente nombrados consta de los siguientes pasos:

1. Investigación detallada relacionada con los conceptos básicos sobre imágenes hiperespectrales y todas sus posibles aplicaciones para poder comprender el funcionamiento de estas imágenes hiperespectrales y lo que representan.
2. Investigación sobre las diferentes técnicas de reducción dimensional. Se analizarán un gran número de técnicas de reducción dimensional, para seleccionar la más adecuada para este Trabajo Fin de Grado.
3. Investigación de las distintas métricas de evaluación a utilizar. Existen muchos tipos de métricas de evaluación, por lo que, tras un estudio

exhaustivo, se seleccionan algunas de ellas que serán usadas en las técnicas de reducción dimensional.

4. Desarrollo de un software personalizado. Tras un largo estudio de las imágenes hiperespectrales, las técnicas de reducción dimensional y las métricas de evaluación, se desarrolla el software que nos permitirá desarrollar nuestro TFG.
5. Validación del software desarrollado.

1.5 Descripción de la memoria

La memoria de este TFG se ha organizado en los siguientes capítulos:

- *Capítulo 1- Introducción:* Se exponen los objetivos de este TFG, así como una introducción general sobre el Trabajo de Fin de Grado a realizar.
- *Capítulo 2 – Estado del arte:* Explica los conocimientos necesarios para desarrollar este TFG, realiza un estudio de los trabajos previos realizados en los que se emplean imágenes hiperespectrales, el estudio de los diferentes tipos de clasificadores supervisados y de las diferentes técnicas de reducción dimensional.
- *Capítulo 3 – Procedimiento de la generación de base de datos de tejidos cerebrales hiperespectrales:* Muestra el proceso de capturas de imágenes hiperespectrales.
- *Capítulo 4 – Resultados de las evaluaciones de las técnicas de reducción dimensional:* Describe las métricas que se han seleccionado para evaluar las diferentes técnicas de reducción dimensional y muestra la funcionalidad de las diferentes técnicas seleccionadas por medio de las métricas de evaluación.
- *Capítulo 5 – Conclusiones y tareas futuras:* En este último capítulo se exponen las conclusiones que se han sacado tras analizar con profundidad los resultados obtenidos. Tras analizar y comprender los resultados, nos planteamos cuáles son los siguientes procedimientos a realizar.

2 Estado del arte

2.1 Introducción

En este capítulo se describen los conocimientos necesarios a adquirir para el desarrollo de este TFG, realizando un análisis detallado de las imágenes hiperespectrales y de los diversos campos de aplicación que se pueden desarrollar, y el estudio de los diferentes tipos de clasificadores y de técnicas de reducción dimensional para el procesamiento de la imagen.

2.2 Imágenes hiperespectrales

La imagen hiperespectral, o espectroscopia de imágenes, combina la capacidad de las imágenes digitales y la espectroscopia. Para cada píxel en una imagen, una cámara hiperespectral adquiere la intensidad de la luz para un gran número de bandas espectrales contiguas. Cada píxel en la imagen contiene el espectro casi continuo (en radiancia o reflectancia) y se puede utilizar para caracterizar los objetos presentes en una escena con gran precisión y detalle. Los sensores de imágenes hiperespectrales miden la radiancia de los materiales dentro de cada área de píxeles en un número muy grande de bandas de longitud de onda espectral contigua explotando el hecho de que todos los materiales reflejan, absorben o emiten energía electromagnética, en longitudes de ondas específicas, en patrones distintivos relacionados con su composición molecular [7].

Las imágenes hiperespectrales proporcionan información mucho más detallada sobre la escena que las imágenes de una cámara convencional, la cual solo puede adquirir tres canales espectrales diferentes que corresponden a los colores primarios (rojo, verde y azul). En consecuencia, cada píxel en una imagen hiperespectral contiene el espectro de esa posición específica. El espectro resultante actúa como una huella digital (firma espectral) que se puede usar para caracterizar la composición de ese píxel en particular [8].

Como resultado del muestreo espacial y espectral, los sensores de imágenes hiperespectrales (HSI) producen una estructura de datos tridimensional (3D) con

componentes espectrales espaciales, denominado hipercubo. En la Figura 2-1 se puede observar que las firmas varían cuando se analizan diferentes objetos, por ejemplo, si se extraen todos los píxeles en la misma ubicación espacial y representamos sus valores espectrales en función de la longitud de onda, el resultado es el espectro promedio de todos los materiales en la celda de resolución, en este caso se pueden observar las firmas espectrales de la tierra, el agua y la vegetación.

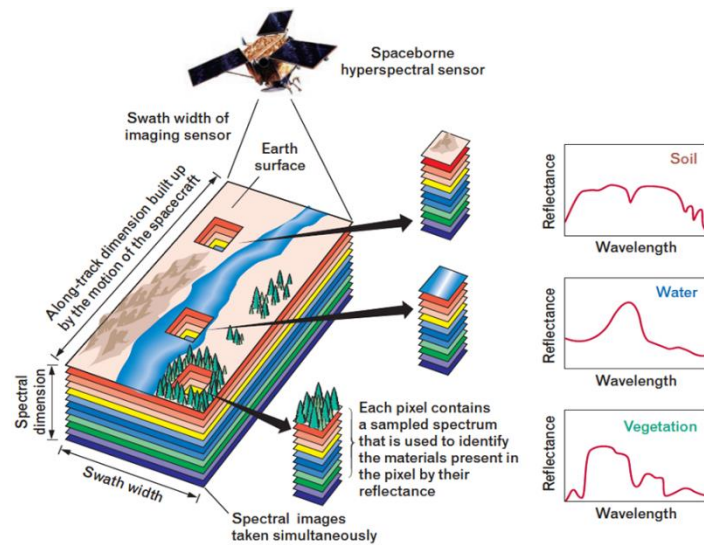


Figura 2-1. Estructura de un hipercubo y firmas espectrales de diferentes objetos (tierra, agua y vegetación).

Las imágenes hiperespectrales son producidas por instrumentos llamados espectrómetros de imágenes. El desarrollo de estos sensores complejos ha implicado la convergencia de dos tecnologías relacionadas pero distintas: la espectroscopia y la imagen digital [9].

La espectroscopia es el estudio de la luz emitida o reflejada por los materiales y su variación en la energía con la longitud de onda. Los instrumentos llamados espectrómetros (o espectrorradiómetros) se utilizan para realizar mediciones de la luz reflejada por un material determinado. Un elemento de dispersión óptica estrecha, tal como una rejilla o prisma en el espectrómetro, divide esta luz en muchas bandas de longitud de onda adyacentes y la energía en cada banda se mide mediante un detector por separado.

Aunque los métodos de análisis de imágenes hiperespectrales han sido intensamente investigados en el área de teledetección, su desarrollo y aplicación se han extendido a otros campos. Por ejemplo, en los últimos años, las imágenes hiperespectrales han ganado un amplio reconocimiento como un método de evaluación y análisis de calidad y seguridad no destructivo y rápido para una amplia gama de productos alimenticios[10][11]. Por otro lado, la proyección de imagen hiperespectral es una tecnología emergente para el diagnóstico clínico. Algunos estudios han demostrado que la interacción entre la radiación electromagnética y el tejido proporciona información útil para las asistencias al diagnóstico [7].

2.3 Aplicaciones

Desde hace unos años, la utilización de imágenes hiperespectrales ha aumentado de forma notable en diferentes tipos aplicaciones muy diferentes entre ellas. Las aplicaciones principales con este tipo de imágenes son de teledetección. Sin embargo, también se pueden encontrar en aplicaciones militares, arqueológicas, agrónomas, médicas y de conservación de patrimonio artístico entre otras.

En esta sección, se presentarán en detalle algunas de las aplicaciones más relevantes de las imágenes hiperespectrales. Por la temática de este TFG, se prestará especial atención a las aplicaciones médicas.

2.3.1 Aplicaciones no médicas

Las imágenes hiperespectrales han sido empleadas tradicionalmente en *Remote Sensing* para labores de teledetección, incluyendo diversas aplicaciones como podrían ser la agricultura de precisión, la mineralogía o los estudios medioambientales [12][13]. La potencialidad de esta tecnología para diferenciar entre distintos tipos de materiales, ha hecho que se emplee en otros campos muy diversos. Por ejemplo, para poder mejorar y estudiar importantes manuscritos [14], restauración de obras de arte para identificar si dichas obras son auténticas y facilitar una correcta restauración [15]. También se pueden usar las imágenes hiperespectrales como técnica no destructiva para controlar la limpieza con láser

de los grafitis de las paredes [16], para detectar los defectos y la determinación de la pureza del producto alimenticio [17] y la detección de adulteración de gelatina en las gambas [18].

2.3.1.1 *Análisis de la conservación de patrimonio*

La aplicación de las tecnologías de las imágenes hiperespectrales en la conservación todavía está en una etapa temprana. Sin embargo, su potencial ya se ha visto a través de estudios en los que se han atribuido e interpretado pinturas, pigmentos y tintas diferenciadas e identificadas, y se han revelado, mejorado y estudiado importantes manuscritos ilegibles. El color de obras de arte también se ha reproducido con precisión. En este tipo de aplicación se analizará el estudio de materiales arqueológicos, culturales y de valor histórico.

El estudio de materiales arqueológicos, culturales y de valor histórico requieren un análisis científico para mejorar la legibilidad del contenido y los tratamientos de conservación necesario, centrándose en la visualización de las capas inferiores de pintura o tintas que se pueden encontrar principalmente en obras de arte o manuscritos, como se puede observar en la Figura 2-2. El acceso al contenido de la información de estos objetos históricos está limitado de muchas maneras, debido a que muchos de ellos se han degradado debido al envejecimiento y también a otras interacciones ambientales [14]. La legibilidad se ve perturbada principalmente por la tinta. Este factor incluye la mezcla de pintura o tinta, sobreescritura, escritura multidireccional, etc. La separación de tinta y los estudios relacionados son muy activos en diferentes campos de aplicaciones, especialmente en la ciencia forense y la digitalización de documentos. Esta digitalización permite una mayor flexibilidad en el procesamiento y la oportunidad de utilizar diferentes algoritmos basados en las características de color e imagen. Las imágenes hiperespectrales son las herramientas que permiten una mejor visualización de los diferentes tipos de pigmentos por medio de dos tipos de técnicas: mapa de ángulo espectral (SAM), método que compara directamente el espectro de la imagen en cada punto de la imagen espectral con un espectro de referencia y divergencia de información espectral (SID), métrica espectral teórica de la información, que considera cada píxel como una variable aleatoria y compara la similitud entre dos correspondientes firmas espectrales [14].



Figura 2-2. Imagen hiperespectral monocromática de un manuscrito por medio de luz infrarroja con paso de banda a 940 nm.

Con esta idea, también se está planteando el uso de imágenes hiperespectrales combinadas con técnicas de clasificación de datos para autenticar obras de arte puesto que actualmente, para poder “autenticar” estos objetos sólo pueden hacerlo expertos en la materia. Sin embargo, un especialista experimentado sólo puede evaluar la cantidad limitada de la obra de arte y, cuando no está respaldada por pruebas científicas adicionales, esa evaluación es subjetiva y, como tal, no es infalible. En consecuencia, existe la necesidad de métodos no destructivos, eficaces, portátiles y rentables de análisis de arte para servir a una gama más amplia del mercado. En algunos casos, debido al alto valor y naturaleza única de los objetos, el muestreo de pintura requerido por ciertos tipos de exámenes también puede estar restringido. Las pruebas no destructivas brindan la posibilidad de utilizar técnicas complementarias y obtener más información de la misma muestra. Por lo que, se está desarrollando el uso de las imágenes hiperespectrales combinadas con algoritmos para la clasificación y el mapeo de pinturas y pigmentos. El objetivo es que estas herramientas sirvan como una ayuda para la evaluación de obras de arte e identificación de falsificadores [15].

El análisis de pigmentación proporcionado por los sistemas HSI junto con algoritmos de clasificación dedicados permite la identificación de “zonas

restauradas” en la pintura y las diferencias de las áreas significativas de la pintura original que el sistema sugiere luego para el análisis de pigmentación. El uso de las imágenes hiperespectrales en el rango espectral infrarrojo también ha ayudado a revelar las características de las técnicas de los artistas, como su dibujo preparatorio. Debido al amplio rango de longitudes de onda disponibles para que los sistemas hiperespectrales, la respuesta de transmisión y reflectancia de diferentes capas de pinturas y dibujos se observa con frecuencia durante el análisis de datos. Cuando el material que es transparente en un rango de longitud de onda específico cubre material que es reflectivo dentro del rango espectral específico, el material subyacente puede ser detectado por el sistema HSI y, por lo tanto, se revela en los datos adquiridos. La Figura 2-3 muestra una pintura donde el recuadro verde describe la región elegida para el análisis junto con un aumento de la representación de color del resultado de la clasificación.

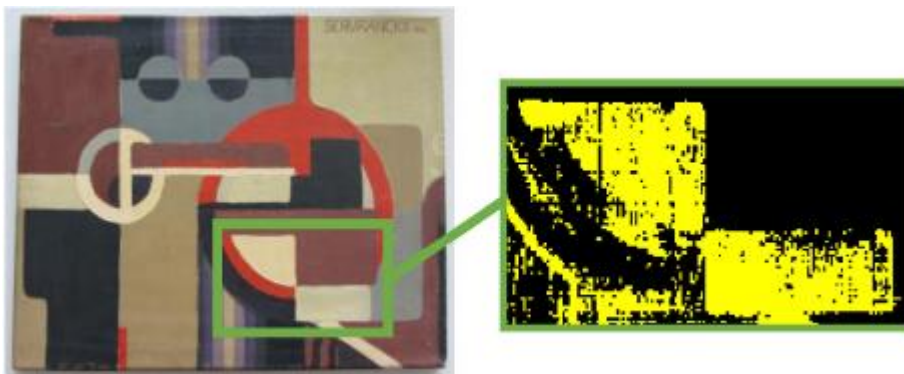


Figura 2-3. Ilustración de una pintura con indicación de la región de análisis y el resultado de la clasificación de los colores blanco / crema.

Otra aplicación que se está desarrollando actualmente es usar las imágenes hiperespectrales como técnica no destructiva para controlar la limpieza con láser de los grafitis de las paredes, puesto que los grafitis en edificios históricos son una amenaza para la conservación del Patrimonio en todo el mundo. Por lo tanto, se requieren técnicas efectivas y seguras para eliminar el grafiti, así como para monitorizar el progreso de la limpieza.

Ya se han aplicado técnicas de imagen multispectral e hiperespectral para evaluar la efectividad de la limpieza con láser. La recolección de luz reflejada desde la superficie en imágenes hiperespectrales da como resultado imágenes de alta resolución espectral y espacial que permiten distinguir e identificar los materiales en un área de muestra relativamente grande. Además, se pueden

encontrar diversos métodos matemáticos para extraer información de los espectros, siendo el análisis de mezcla espectral lineal (LSMA) el más utilizado en este campo [16].

Con respecto a la limpieza del grafiti, se usaron imágenes hiperespectrales para evaluar la efectividad de los diferentes métodos de limpieza de grafiti, los más efectivos fueron los métodos de limpieza mecánica, química y láser. Por lo que, en este caso, para este tipo de aplicación se usan las imágenes hiperespectrales como una técnica de evaluación posterior a la limpieza, analizando qué tipo de técnica de limpieza es menos nociva para los materiales. También se centra en demostrar el progreso de la limpieza del grafiti, puesto que, dependiendo del material de la pared, se puede variar el número de usos de las diferentes técnicas que logran una limpieza satisfactoria sin dañar el sustrato [16]. En la Figura 2-4 se puede observar una notable eliminación de pintura después de cada escaneo láser, en el caso del grafiti rojo, después del primer escaneo la superficie todavía está cubierta de abundantes restos de pintura. En el caso de la pintura de plata, después del tercer escaneo se observa claramente la eliminación del grafiti.

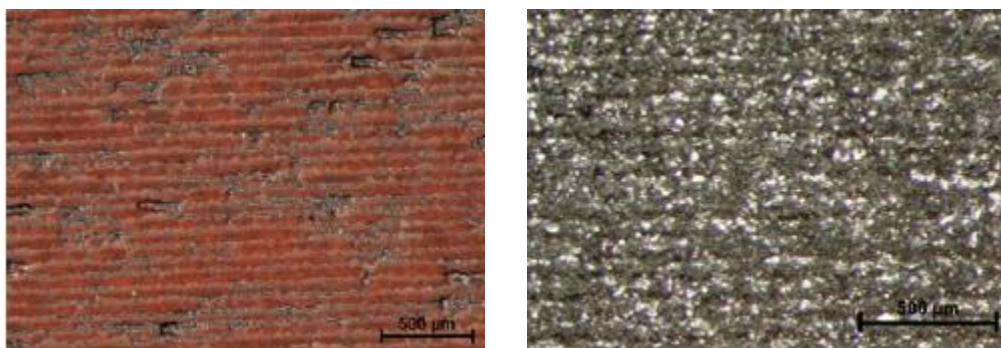


Figura 2-4. Micrografías obtenidas con microscopio óptico de superficies limpias de grafiti rojo tras 1 escaneo (izquierda) y grafiti plateado tras 3 escaneos (derecha)

2.3.1.2 Análisis de calidad alimentaria

Otro tipo de aplicación que se está desarrollando desde hace unos años es la detección de los defectos y la determinación de la pureza del producto alimenticio. La información cuantitativa, incluida la variación en los constituyentes químicos y los niveles de contaminación en alimentos y muestras agrícolas, se puede extraer utilizando técnicas de regresión categórica. En combinación con el procesamiento previo de espectros apropiado y la técnica quimiométrica, las imágenes hiperespectrales se destacan como un sistema de evaluación de calidad

avanzada para alimentos y productos de la industria alimentaria. Este tipo de aplicación es tan extenso, que se comentará un caso concreto en el cual se aplicaron imágenes hiperespectrales en un rango específico (400-1,000nm) para predecir los cambios de textura de las semillas de maíz por diferentes tiempos de almacenamiento, principalmente incluyendo dureza, elasticidad y resiliencia [19].

El maíz es uno de los principales ingredientes en dietas humanas, que desempeña un papel importante dentro de los cereales básicos debido a su alto valor nutricional y sabor característico. Las propiedades de textura son algunos de los atributos más importantes de la calidad del maíz. Las propiedades de textura de las semillas de maíz generalmente incluyen dureza, elasticidad y resiliencia, y estas propiedades de textura tienen una fuerte relación con la densidad aparente y la susceptibilidad a la rotura. Los métodos tradicionales para determinar las propiedades textuales del maíz generalmente incluyen el índice de tamaño de partícula o el análisis del tamaño de partícula, densidad, dispositivo de des-hullición abrasivo tangencial, analizador visual rápido y probador de dureza. Sin embargo, estos métodos tradicionales son normalmente destructivos y requieren mucho tiempo, lo que puede involucrar errores humanos [17].

Por lo tanto, el desarrollo de un método rápido, no destructivo, preciso y objetivo para predecir las propiedades de textura es beneficioso para la industria agroalimentaria. En este caso, las imágenes hiperespectrales pueden proporcionar abundante información espacial, técnica que se puede utilizar para clasificar y predecir las propiedades de textura del maíz, sin embargo, este análisis se basa principalmente en la información de superficie.

Esta técnica se ha aplicado en tres grupos de muestras, el primer grupo consiste en semillas de maíz fresco que no se almacenaron a 4°C. El segundo y tercer grupo se sometieron a 4°C durante 3 y 7 días respectivamente. Primero se escanearon las imágenes de cada grupo mediante un sistema de imágenes hiperespectrales. El valor de referencia final de las propiedades de textura (dureza, elasticidad y resiliencia) de cada semilla de maíz fue el promedio de tres mediciones.

Los resultados mostraron que las imágenes hiperespectrales son una técnica rápida y no destructiva capaz de predecir y evaluar las propiedades de textura, tal y como se puede observar en la Figura 2-5. Se demostró que las longitudes de onda óptimas y el pretratamiento espectral son útiles para el desarrollo de sistemas de imágenes hiperespectrales en sistemas de imágenes multiespectrales en línea [17].

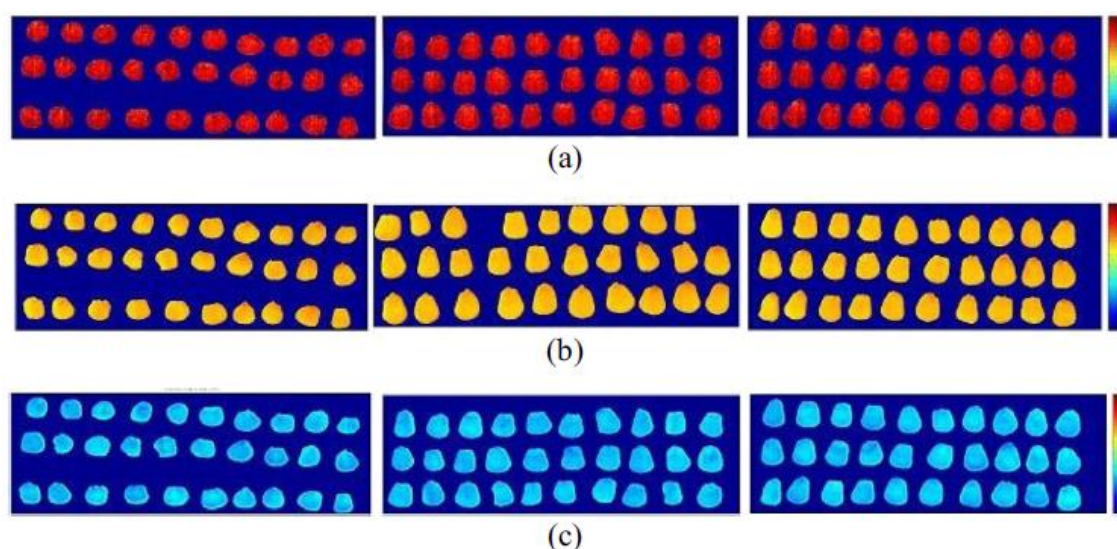


Figura 2-5. Visualización de las propiedades de textura de las semillas de maíz afectadas por diferentes tiempos de almacenamiento. (a) Dureza, (b) elasticidad, y (c) resiliencia.

Con la idea de utilizar imágenes hiperespectrales en los alimentos, se está utilizando este tipo de aplicaciones en detectar de forma rápida y no invasiva la adulteración de gelatina en las gambas. La gamba y el camarón son productos acuáticos importantes en el mundo. Sin embargo, algunos fenómenos fraudulentos han aumentado en los últimos años. Se han notificado muchos incidentes en los que se les inyecta a las gambas y camarones químicos similares a la gelatina para aumentar el peso en los mercados. La gelatina es inyectada en la cabeza y el vientre de las gambas para que pesen más. La ingesta prolongada de gelatina podría causar problemas en la salud y el problema podría empeorar si se inyectan sustancias de uso industrial.

Recientemente, se han publicado estudios sobre el uso de imágenes hiperespectrales sobre la evaluación rápida y no invasiva de la distribución de calidad de productos alimenticios como se observó en el caso anterior. El objetivo ha sido evaluar el potencial del uso de la técnica de imagen hiperespectral en la región espectral visible e infrarroja para detectar la gelatina en las gambas.

La visualización de la distribución de la gelatina en las gambas es importante para localizar las posiciones adulteradas en la gamba. Para analizar la imagen hiperespectral se ha utilizado el clasificador SVM para poder generar el mapa de distribución de adulterantes de gelatina. Sobre la base de las longitudes de onda óptimas que se han seleccionado, los nuevos hipercubos solo tenían el 2.8% de los datos del hipercubo original, agilizando el proceso de visualización y facilitando el establecimiento de un sistema de imágenes multiespectrales. La concentración de gelatina prevista de cada píxel se mapeó con una escala de color (de rojo a azul) para representar diferentes concentraciones de gelatina. La siguiente figura, Figura 2-6, muestra los ejemplos de mapas de distribución de algunas muestras probadas con diferentes niveles de gelatina inyectada. Las gambas inyectadas con más gelatina tienen más píxeles que se predice que contienen concentraciones de gelatina más altas y se muestran en rojo y naranja, mientras que los píxeles que se muestran en verde y azul son los que tienen concentraciones de gelatina inferiores previstas y se encontraron principalmente en gambas inyectadas con menos gelatina [18].

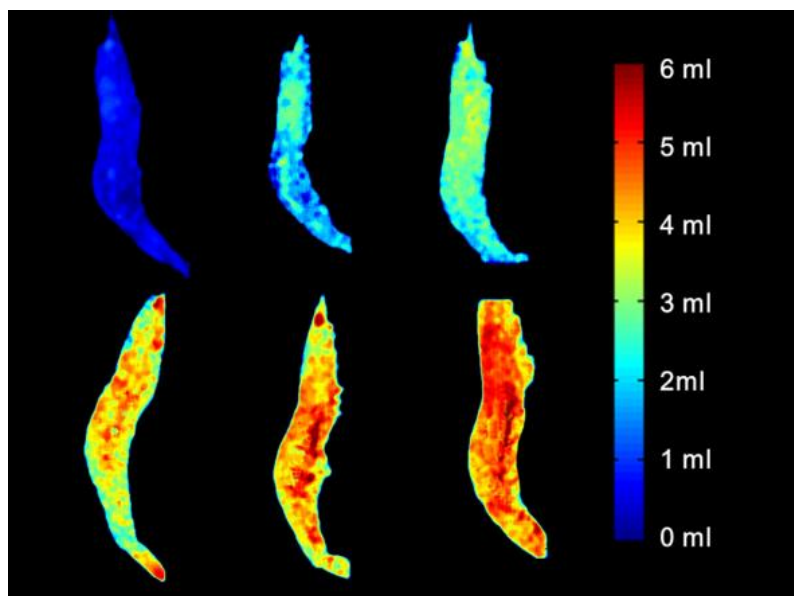


Figura 2-6. Visualización de mapas de distribución de diferentes niveles de gelatina en algunas muestras probadas.

2.3.2 Aplicaciones médicas

En el campo de la medicina, las imágenes hiperespectrales también han despertado el interés de la comunidad científica en los últimos años. Esto se debe a que se ha demostrado que la interacción entre la radiación electromagnética y los tejidos proporciona información útil para el diagnóstico. En los últimos años el uso de esta tecnología ha tenido un gran auge en el campo de la biomedicina, dada su eficacia para detectar enfermedades y a su carácter no invasivo. Por ejemplo, se ha utilizado para la detección neoplasias cervicales a múltiples escalas tanto a nivel celular como de tejidos[20], detección de lesiones de la ablación auricular [21], mapeo de oxigenación de la sangre [22] y para la detección del cáncer de laringe [23].

En el primer estudio que se analiza en detalle en el campo de la medicina, el tipo de cáncer que trata es el segundo más común entre las mujeres, cáncer de cuello uterino y a menudo es causado por la infección de un virus llamado papiloma humano (VPH). Este estudio [20] tiene como propósito usar las imágenes hiperespectrales para averiguar la viabilidad y efectividad de estas a múltiples escalas en las neoplasias que detectan el cuello uterino de manera no invasiva tanto a nivel celular como de tejido. En este caso las imágenes hiperespectrales se utilizan para adquirir imágenes de reflectancia de todo el cuello uterino bajo la iluminación de lámparas de Xenón.

El examen patológico para la neoplasia cervical se puede llevar a cabo convencionalmente tomando muestras de biopsia cervical y tiñéndolas para identificar células con morfología anormal de células normales. Sin embargo, la detección de células anormales en muestras teñidas con un microscopio es una tarea agotadora y lenta en patología. Para eliminar estas limitaciones, aplicaron la técnica de imagen hiperespectral a nivel microscópico para el diagnóstico citológico. El generador de imágenes hiperespectrales se combinó con un microscopio para recoger las imágenes de transmitancia del portaobjeto patológico. Puesto que la técnica de imagen hiperespectral propuesta a multi-escala tiene muchas aplicaciones potenciales con un impacto clínico significativo sobre los métodos de colposcopia convencionales: (1) los resultados de diagnóstico son objetivos y potencialmente cuantitativos para determinar el

margen de lesión a nivel celular y de tejido; (2) el procedimiento de detección basado en la técnica puede realizarse de forma no invasiva, en comparación con la biopsia de tejido; (3) este sistema de imagen puede detectar tejido neoplásico en un área más grande del cuello uterino con una resolución espacial superior, mientras que las muestras de biopsia se pueden tomar solamente en unas pocas localizaciones de muestreo [20]. En la siguiente figura, Figura 2-7, se muestra varias imágenes de un cuello uterino anormal utilizando el método SDR (segundo análisis de reflectancia derivada).

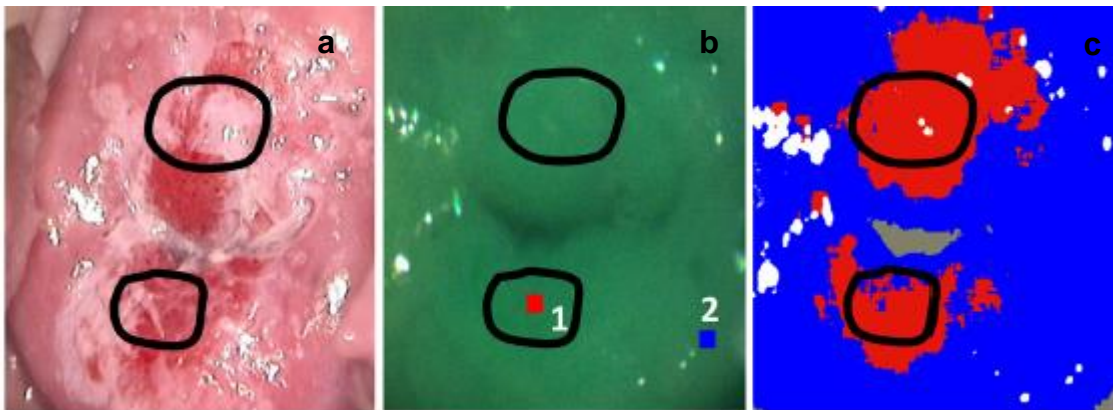


Figura 2-7. Resultados de la clasificación de imágenes utilizando el método SDR de gran amplitud. a) Imagen colposcópica² cervical de un cuello uterino anormal después de la aplicación de ácido acético. b) Compuesto de mapa de pseudo color por tres imágenes hiperespectrales. C) Resultados de clasificación según el método SDR de gran amplitud combinado con algoritmo de segmentación.

Otra aplicación interesante es usar las imágenes hiperespectrales para la detección de lesiones de la ablación auricular tiene como objetivo desarrollar catéteres de visualización que puedan revelar el daño muscular auricular irreversible causado por la ablación e identificar las brechas de viabilidad entre las lesiones.

El procedimiento presentado en [21] consistió en colocar lesiones por radiofrecuencia en las superficies endocárdicas³ de las aurículas y los ventrículos humanos extirpados. Se iluminó el tejido con luz de 365 nm y se adquirieron una serie de imágenes de bandas espectrales individuales dentro del rango 420-720

² Examen de la vagina y del cuello uterino mediante un espéculo vaginal (colposcopio).

³ Cubierta endotelial que tapiza las cavidades del corazón.

nm. Al extraer los perfiles espectrales de los píxeles individuales y la separación espectral, se muestra la contribución relativa de los espectros eliminados y no relacionados a cada píxel.

La desmezcla espectral de conjuntos de datos hiperespectrales permitió una alta resolución espacial y la delineación in situ de los límites de lesión de radiofrecuencia sin la necesidad de marcadores exógenos. Las dimensiones de la lesión derivadas del enfoque de imágenes hiperespectrales se correlacionan fuertemente con los resultados histológicos. Se comprobó que la presencia de sangre dentro del miocardio disminuyó la amplitud de los espectros de autofluorescencia a la vez que tuvo un efecto mínimo en sus formas generales. Como resultado, la capacidad de las imágenes hiperespectrales para delinear las lesiones de ablación in vivo no se vio afectada [21].

Aunque los cambios introducidos por radiofrecuencia (RF) en el perfil de autofluorescencia de los tejidos pueden ser demasiado sutiles para la vista, HSI se basa en adquirir una colección de imágenes de diferentes bandas espectrales, tal y como se puede observar en la Figura 2-8, la cual muestra un ejemplo de una apariencia típica de la aurícula izquierda y el resultado de la visualización de la lesión basada en HSI.

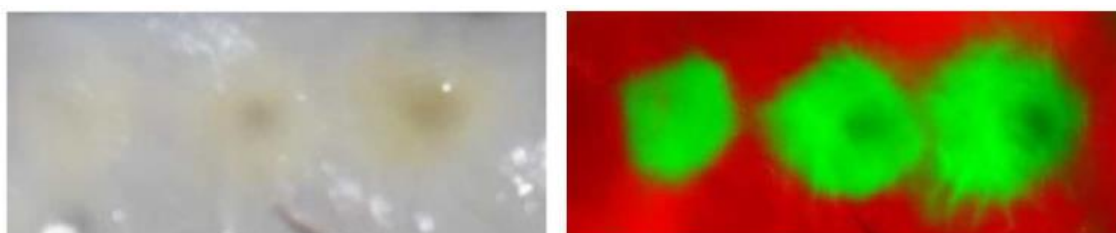


Figura 2-8. Cambios espectrales subyacentes a la visualización de lesiones de RF basadas en HSI. Comparación lado a lado: superficie auricular endocárdica con tres lesiones bajo luz ambiente (izquierda) y HSI del mismo tejido (derecha)

Otro tipo de aplicación del uso de las imágenes hiperespectrales que se está desarrollando es crear un método de registro de imagen del vaso hiperespectral para el mapeo de la oxigenación de la sangre in vivo.

El experimento implica la preparación de la cámara de ventana del pliegue dorsal de la piel y adquisición de imágenes a tiempo real que se realizó mediante un sistema HSI. Para obtener la información espacial y espectral precisa de los objetivos, se propone un esquema de registro automático. Un método de detección

de características adaptativas que combina el método de umbral local y el filtro de conjunto de niveles se presenta para extraer recipientes objetivo. Un algoritmo de coincidencia de características confiable con la información correlativa inherente a las imágenes hiperespectrales se utiliza para expulsar los valores atípicos. Luego, las imágenes de registro se utilizan para el mapeo de oxigenación de la sangre. En la Figura 2-9 se muestran tres imágenes del mapeo de oxigenación de la sangre en días diferentes.

Los resultados de la evaluación de registro muestran que la mayoría de las coincidencias falsas se eliminan y se obtienen los espectros lisos y concentrados. Esta detección de características invariantes de intensidad con la eliminación de características de eliminación de *outliers* (valores atípicos), demuestra ser efectiva en el registro de imágenes de vasos hiperespectrales. Por lo tanto, el sistema de imagen hiperespectral in vivo mediante la asistencia del esquema de registro propuesto proporciona una técnica para la investigación de la oxigenación de la sangre [22].

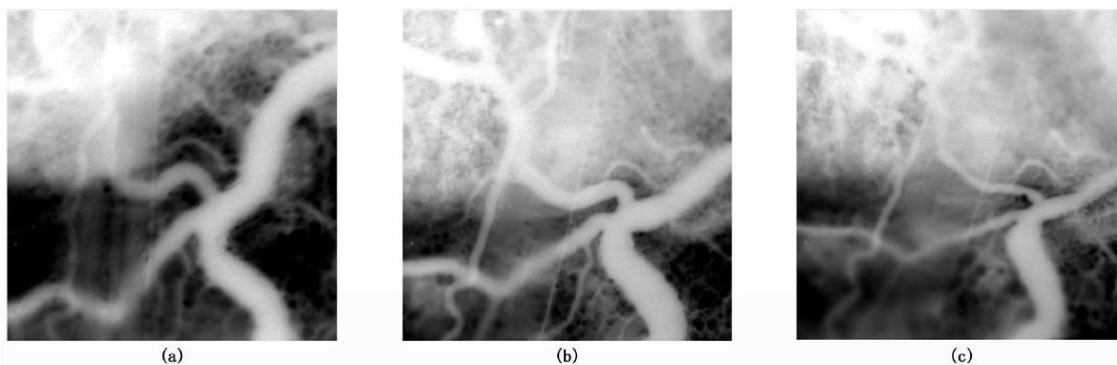


Figura 2-9. Imágenes hiperespectrales de banda 12, (a) en el día 2, (b) en el día 4 y (c) en el día 6.

Hay otro tipo de aplicación médica que usa imágenes hiperespectrales para la detección del cáncer de laringe. Hasta ahora, las HSI se han usado junto a endoscopias rígidas para detectar el cáncer in vivo. Sin embargo, se quiere juntar estas imágenes con una endoscopia flexible, mejorando el acceso a áreas difíciles de alcanzar. En este estudio, se ha desarrollado un sistema que utiliza una endoscopia flexible para registrar los cubos hiperespectrales de la laringe y se ha diseñado una técnica de filtración especial para eliminar el patrón tipo panal con una pérdida mínima de información. Puesto que las alteraciones relacionadas con la enfermedad en la fisiología y morfología de los tejidos afectan las propiedades

de reflectancia del tejido, es posible identificar y clasificar diferentes tejidos biológicos a través de sus firmas hiperespectrales. Se confirmó su viabilidad al ser comparadas con técnicas de filtrado convencionales, filtrado del dominio espacial (SD) y filtrado de dominio de Fourier (FD), utilizando una métrica objetiva y mediante la aplicación de clasificaciones supervisadas en cubos hiperespectrales en bruto y pre-tratados.

Este estudio de viabilidad se realizó con el objetivo principal de crear una distinción espectral entre tejido canceroso y no canceroso en los datos de HS al utilizar las ventajas del endoscopio flexible. La principal desventaja de este sistema, sin embargo, es que aparecen patrones tipo panal y degradan la calidad de las imágenes hiperespectrales. Esto se puede atribuir a los cables de fibra óptica, que hacen que el endoscopio sea flexible, pero previene la clasificación exitosa sin una corrección de la degradación de las imágenes. Por lo tanto, se desarrolla un método específico para el sistema con el fin de superar este inconveniente, en el que el dominio espectral se filtra mediante una ventana selectiva que se ajusta automáticamente al tamaño del ruido periódico. Este método muestra mejores resultados en términos de suavizado de patrones y preservación de detalles en comparación con otros métodos. El uso de los datos de HS pre-tratados como una entrada para una clasificación supervisada y no supervisada en lugar de los cubos de HS sin procesar mejora el rendimiento de la

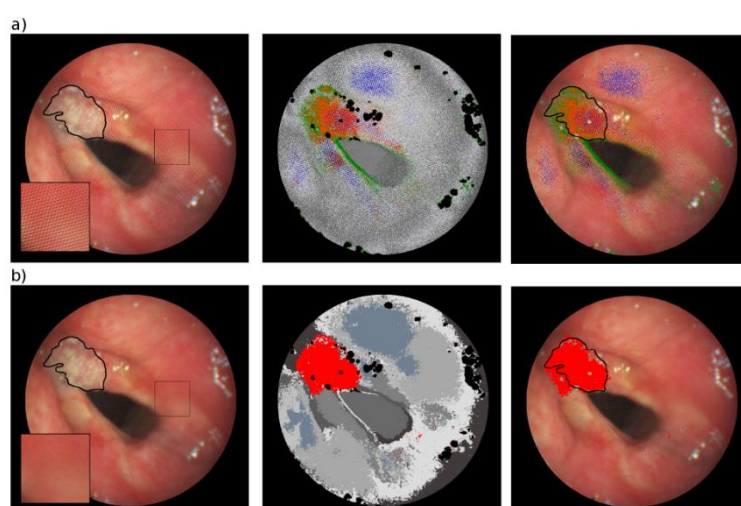


Figura 2-10. Clasificación no supervisada (a) antes y (b) después del pre-procesado. Imagen RGB del cubo HS con tejido canceroso marcado con una línea negra (izquierda), resultados de clasificación no supervisados con el grupo / clústeres correspondientes a un área cancerosa marcada en color (centro) y superposición del grupo / clústeres correspondientes al área cancerosa y la imagen RGB (derecha).

clasificación y la capacidad de localizar el tejido canceroso [23] como se puede observar en la Figura 2-10.

2.4 Clasificadores

La clasificación de imágenes hiperespectrales ha sido un área candente de investigación en los últimos años. Dado un conjunto de observaciones, es decir, vectores de píxeles en una imagen hiperespectral, los enfoques de clasificación intentan asignar una etiqueta única a cada vector de píxeles. Sin embargo, la clasificación de imágenes hiperespectrales es una tarea desafiante por varias razones, como la presencia de características redundantes, el desequilibrio entre el número limitado de muestras disponibles y la alta dimensionalidad de los datos. Como es habitual en el aprendizaje automático, la mayoría de los algoritmos de clasificación hiperespectral pueden ser divididos en clasificaciones supervisadas o no supervisadas.

2.4.1 *Machine learning*

Machine Learning es un método de análisis de datos que automatiza la construcción de modelos analíticos. Es una disciplina de la inteligencia artificial (AI) basada en la idea de que los sistemas pueden aprender de los datos, identificar patrones y tomar decisiones con la mínima intervención humana.

El aprendizaje automático (*Machine Learning*) facilita el avance continuo de la informática mediante la exposición a nuevos escenarios, pruebas y adaptaciones, al tiempo que emplea la detección de patrones y tendencias para mejorar las decisiones en situaciones posteriores (aunque no idénticas) [24].

Machine Learning se usa en diferentes dominios. A continuación, se nombran algunos ejemplos:

- Modelos de seguridad que indican patrones de ataque para proteger puertos o redes entre otros.
- Análisis de imágenes para identificar formas, como análisis médicos o reconocimiento de rostros y huellas dactilares.

- *Deep learning* para generar reglas para el análisis de datos y la entrega de *big data*, como en promociones de marketing y ventas.
- Reconocimiento de objetos y predicciones de flujos de video combinados y fusión multisensor para la conducción autónoma.

La idea general detrás de la mayoría del aprendizaje automático es que un ordenador (o sistema de ordenadores y controladores distribuidos o empotrados) luego realiza la misma tarea con datos que no han sido observados antes [25].

2.4.2 Aprendizaje supervisado

El aprendizaje supervisado es una técnica para deducir una función a partir de datos de entrenamiento. Los datos de entrenamiento consisten en pares de objetos (normalmente vectores): una componente del par son los datos de entrada y el otro, los resultados deseados. La salida de la función puede ser un valor numérico o una etiqueta de clase. El objetivo es el de crear una función capaz de predecir el valor correspondiente a cualquier objeto de entrada válida después de haber visto una serie de ejemplos, los datos de entrenamiento. Para ello, tiene que generalizar a partir de los datos presentados a las situaciones no vistas previamente [26].

Por lo general, las muestras de entrenamiento se recopilan mediante el etiquetado manual de una pequeña cantidad de píxeles en una imagen o según algunas mediciones de campo [27]. Conceptualmente, la clasificación supervisada se puede formalizar como un problema de optimización. Deje $X \in \mathbb{R}^n$ ser el dominio de los atributos y $G = \{G_1, G_2, \dots, G_k\}$ ser el conjunto de etiquetas de grupo. El objetivo principal de esta clasificación es el establecimiento de un mapa $h(\cdot): X \rightarrow G$, conocido como clasificador o regla de clasificación, que optimiza una medida adecuada de la capacidad de predicción cuando se aplica a entidades con datos de grupo desconocida [26].

2.4.3 SVM

Support Vector Machines es un algoritmo de clasificación binaria, basado en la idea de minimización del riesgo estructural (SRM). El objetivo principal de este algoritmo es encontrar un hiperplano que separe los datos de acuerdo con sus

características con un margen máximo [28]. Pertenecen a la familia de clasificadores lineales puesto que inducen separadores lineales o hiperplanos en espacios de características de muy alta dimensionalidad (funciones de Kernel) [27].

Se parte de un conjunto de datos x_i ($x_i \in \mathbb{R}^d$) y etiquetas asociadas a estos datos ($y_i \in \mathbb{R}$). Cada etiqueta proporciona información sobre los datos x_i , si $y_i = 1$ la clase es positiva y si $y_i = -1$, la clase es negativa. De acuerdo con los datos de entrada x_i , podemos escribir la siguiente ecuación:

$$\hat{y} = x_i \cdot w + b \quad (\text{Eq. 2-1})$$

Donde \hat{y} es la clase pronosticada para la instancia x_i , y los parámetros w y b definen el hiperplano de margen máximo ($w \in \mathbb{R}^d$ and $b \in \mathbb{R}$). Estos parámetros, w y b , se aprenden de un conjunto de entrenamiento que consiste en una secuencia ordenada de datos y etiquetas (x_i, y_i) . En la Figura 2-11 se presenta un ejemplo de un hiperplano encontrado por SVM [29].

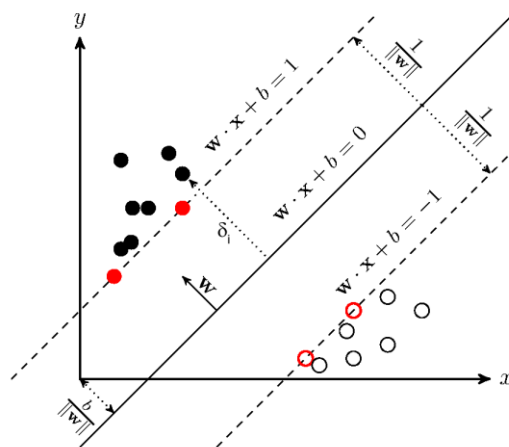


Figura 2-11. Hiperplano lineal SVM.

2.4.4 ANN

Una Red Neuronal Artificial (ANN, *Artificial Neural Networks*) es una representación matemática de la arquitectura neuronal humana que refleja sus capacidades de “aprendizaje” y “generalización”. Por esta razón, las ANN pertenecen al campo de la inteligencia artificial. Las ANN se aplican en la investigación porque pueden modelar sistemas altamente no lineales en los que la relación entre las variables es desconocida o muy compleja [30].

Su estructura consiste en un conjunto de elementos de procesamiento, también conocidos como neuronas o nodos, que se encuentran interconectados. Se puede describir como un grafo dirigido en el que cada nodo realiza una función de transferencia de la siguiente forma

$$y_i = \left(\sum_{j=1}^n w_{ij} x_j - \theta_i \right) \quad (\text{Eq. 2-2})$$

donde y_i es la salida del nodo i , x_j es la j -ésima entrada a el nodo, y w_{ij} es el peso de conexión entre los nodos i y j . θ_i es el umbral (o sesgo) del nodo [31]. La estructura de una red neuronal está formada por una capa de “entrada”, una o más capas “ocultas” y la capa de “salida”. La cantidad de neuronas en una capa y el número de capas depende en gran medida de la complejidad del sistema estudiado. En la siguiente figura (Figura 2-12), se observa el esquema general de una típica arquitectura ANN de tres capas [30].

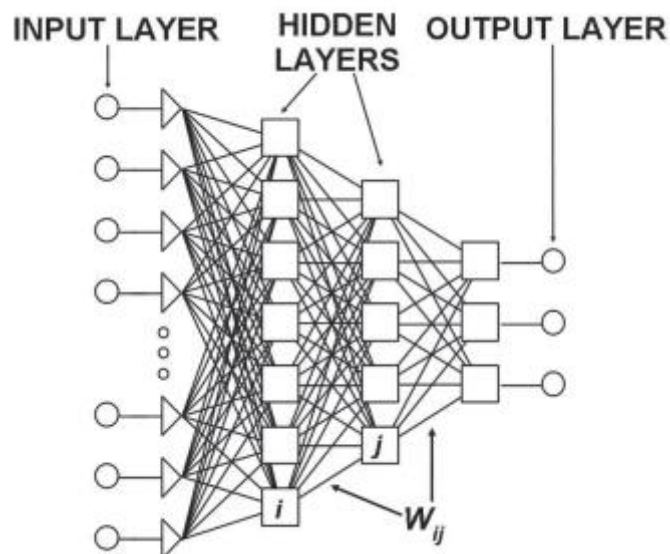


Figura 2-12. Estructura general de una red neuronal con dos capas ocultas.

2.5 Técnicas de reducción dimensional

Los datos del mundo real, como las señales de voz, las fotografías digitales o las imágenes fMRI (imagen por resonancia magnética funcional), generalmente tienen una alta dimensionalidad. Para manejar estos datos del mundo real,

muchas veces se requiere reducir su dimensionalidad. La reducción de dimensionalidad es la transformación de datos de alta dimensión en una representación significativa de dimensionalidad reducida. Idealmente, la representación reducida debería tener una dimensionalidad que corresponda a la dimensionalidad intrínseca de los datos. La dimensionalidad intrínseca de los datos es el número mínimo de parámetros necesarios para representarlos sin pérdida significativa de información. La reducción de dimensionalidad es importante en muchos dominios, ya que mitiga propiedades no deseadas de la dimensionalidad y de los espacios de alta dimensión.

En la última década, se ha propuesto un gran número de técnicas no lineales para la reducción de la dimensionalidad. En contraste con las técnicas lineales tradicionales, las técnicas no lineales tienen la capacidad de tratar datos no lineales. En particular para los datos del mundo real, las técnicas de reducción de la dimensionalidad no lineal pueden ofrecer una ventaja, porque es probable que los datos del mundo real formen una variedad altamente no lineal. Estudios previos han demostrado que las técnicas no lineales superan a las lineales en tareas artificiales complejas.

Por otro lado, el problema de la reducción de la dimensionalidad (no lineal) se puede definir de la siguiente manera. Supongamos que tenemos un conjunto de datos representado en una matriz $n \times D$, la cual consiste en n vectores de datos x_i ($i \in \{1, 2, \dots, n\}$) con dimensionalidad D . Supongamos, además, que este conjunto de datos tiene una dimensionalidad intrínseca d (donde $d < D$, y a menudo $d \ll D$). Las técnicas de reducción de dimensionalidad transforman el conjunto de datos X con la dimensionalidad D en un nuevo conjunto de datos Y con dimensionalidad d , mientras conservan la geometría de los datos tanto como sea posible. En general, ni la geometría ni la dimensionalidad intrínseca del conjunto de los datos X son conocidos, por lo que, la dimensionalidad es un problema mal planteado que solo puede resolverse asumiendo ciertas propiedades de los datos.

Las técnicas de reducción dimensional se dividen en técnicas convexas y no convexas. Las técnicas convexas optimizan una función objetivo que no contiene ningún óptimo local, mientras que las técnicas no convexas optimizan la función objetivo que sí contienen óptimos locales [32].

2.5.1 Técnicas convexas

Este tipo de técnica optimiza una función objetivo cuyo espacio de solución es convexo. Las técnicas convexas se pueden subdividir en técnicas espectrales completas y técnicas espectrales dispersas, es decir, las que realizan una descomposición propia de una matriz completa y aquellas que realizan una descomposición propia de una matriz dispersa.

Las técnicas espectrales completas realizan una descomposición propia de una matriz completa que captura las covarianzas entre las dimensiones o las similitudes por pares entre los puntos de datos. Se pueden encontrar varias técnicas principales de este tipo: PCA (análisis de componentes principales) / escalado clásico, Isomap, PCA Kernel, despliegue máximo de varianza, mapas de difusión y *Factor Analysis*.

Por otro lado, la técnica espectral dispersa se centra en resolver los problemas generalizados. Las técnicas espectrales dispersas se centran en conservar la estructura local de los datos. Se pueden encontrar diferentes tipos principales de técnicas: LLE (componentes de inserción lineal local), Eigenmaps Laplaciano, Hessian LLE y LTSA (análisis de espacio tangente local).

2.5.1.1 PCA/escalado clásico

PCA (*Principal Component Analysis*) es una técnica lineal para la reducción de la dimensionalidad, lo que significa que reduce el tamaño de los datos a un sub-espacio lineal de baja dimensionalidad. Aunque hay varias técnicas para hacerlo, la PCA es, la técnica lineal más popular (no supervisada).

PCA construye una representación de baja dimensión de los datos que describe la mayor variabilidad posible en los datos. Esto se hace al encontrar una base lineal de dimensionalidad reducida para los datos, en la cual la cantidad de varianza en los datos es máxima.

En términos matemáticos, PCA intenta encontrar un mapeo lineal que maximiza el rastro de la función de costo ($M^T \text{cov}(X)M$), donde $\text{cov}(X)$ es la matriz de covarianza de muestra de los datos X . Se puede demostrar que este mapeo

lineal está formado por los vectores propios principales de la matriz de covarianza de muestra de los datos de media cero. Por lo tanto, PCA resuelve el problema propio

$$\text{cov}(X)M = \lambda M. \quad (\text{Eq. 2-3})$$

El problema propio se resuelve para los autovalores principales λ de d . Las representaciones de datos de baja dimensión y_i de los puntos de datos x_i se calculan trazándolos sobre la base lineal M , es decir, $Y = XM$. PCA es idéntica a la técnica tradicional de escalamiento multidimensional llamada escalamiento clásico. La entrada en la escala clásica es, como la entrada en la mayoría de las otras técnicas de escalamiento multidimensional.

2.5.1.2 Isomap

El escalado clásico ha demostrado ser exitoso en muchas aplicaciones, pero adolece del hecho de que apunta principalmente a retener las distancias euclidianas por pares, y no tiene en cuenta la distribución de los puntos datos vecinos. Si los datos de gran dimensión se encuentran sobre o cerca de un colector curvo, el escalamiento clásico podría considerar dos puntos de datos como puntos cercanos, mientras que su distancia sobre el colector es mucho mayor que la distancia típica del punto intermedio. Isomap es una técnica que resuelve este problema al intentar conservar las distancias geodésicas (o curvilíneas) por pares entre los puntos de datos. La distancia geodésica es la distancia entre dos puntos medidos sobre el colector. En Isomap, las distancias geodésicas entre los puntos de datos x_i ($i=1, 2, \dots, n$) se calculan construyendo un grafo de vecindad G , en el que cada punto de datos x_i está conectado con sus k vecinos más cercanos x_{ij} ($j = 1, 2, \dots, k$) en el conjunto de los datos X . La ruta más corta entre dos puntos en el grafo forma una estimación de la distancia geodésica entre estos dos puntos, y puede calcularse fácilmente usando el algoritmo de ruta más corta de Dijkstra. Las distancias geodésicas entre todos los puntos de datos en X se calculan, formando así una matriz de distancia geodésica por pares. Las representaciones y_i de baja dimensión se calculan aplicando escalas clásicas en la matriz de distancia geodésica emparejada resultante.

Una debilidad importante del algoritmo de Isomap es su inestabilidad topológica. Isomap puede construir conexiones erróneas en el gráfico vecinal G.

2.5.1.3 Kernel PCA

Kernel PCA (KPCA) es la reformulación de PCA lineal tradicional en un espacio de alta dimensión que se construye utilizando una función kernel. En los últimos años, la reformulación de las técnicas lineales utilizando el ‘kernel trick’ ha llevado a la propuesta de técnicas exitosas tal como *Support Vector Machines*. KPCA calcula los vectores propios principales de la matriz del kernel, en lugar de los de la matriz de covarianza. La reformulación de PCA en el espacio kernel es sencilla, ya que una matriz kernel es similar al subproducto de los puntos de datos en el espacio de alta dimensión que se construye usando la función kernel. La aplicación de PCA en el espacio kernel proporciona a KPCA la propiedad de construir mapeos no lineales.

KPCA calcula la matriz K del kernel de los puntos de datos x_i . Las entradas en la matriz del núcleo están definidas por $k_{ij} = K(x_i, x_j)$, donde k es una función de kernel, que puede ser cualquier función que da lugar a un kernel positivo semidefinido K.

Para obtener la representación de datos de baja dimensión, los datos se proyectan sobre los vectores propios de la matriz de covarianza a_i . El resultado de la proyección, es decir, la representación de datos de baja dimensión (Y) está dado por

$$y_i = \left\{ \sum_{j=1}^n a_1^{(j)} K(x_j, x_i), \dots, \sum_{j=1}^n a_d^{(j)} K(x_j, x_i) \right\} \quad (\text{Eq. 2-4})$$

Donde $a_1^{(j)}$ indica el valor de j en el vector a_1 y K es la función del núcleo que también se usó en el cálculo de la matriz del kernel. Se puede observar que cuando se emplea el kernel lineal, la matriz K del kernel es igual a la matriz Gram, y el procedimiento descrito anteriormente es idéntico al escalado clásico.

2.5.1.4 MVU

Como se describió anteriormente, KPCA permite realizar PCA en el espacio de características definido por la función kernel K . Desafortunadamente, no está claro cómo debe seleccionarse la función K . *Maximum Variance Unfolding* (MVU) es una técnica que intenta resolver este problema aprendiendo de la matriz de kernel. MVU aprende de la matriz del núcleo definiendo un gráfico de vecindad en los datos (Isomap) y conservando las distancias por pares en el gráfico resultante. MVU es diferente de Isomap en que explícitamente intenta “desplegar” la variedad de los datos. Lo hace maximizando las distancias euclidianas entre los puntos de datos, bajo la restricción de que las distancias en el gráfico de vecindad no se modifican, es decir, bajo la restricción de que la geometría local del colector de datos no está distorsionada. El problema de optimización resultante se puede resolver usando programación semidefinida.

2.5.1.5 Mapas de difusión

El marco de mapas de difusión (DM) se origina en el campo de los sistemas dinámicos. Los mapas de difusión se basan en la definición de una *Markov random walk* en el gráfico de datos. Al realizar la caminata aleatoria varias veces, se obtiene una medida para la proximidad de los puntos de datos. Usando esta medida, se define la llamada distancia de difusión. En la representación de baja dimensión de los datos, las distancias de difusión por pares se mantienen lo mejor posible. La idea clave detrás de la distancia de difusión es que se basa en la integración de todas las rutas a través del gráfico. En el marco de los mapas de difusión, primero se construye un gráfico de los datos.

En la representación de baja dimensión de los datos Y , los mapas de difusión intentan retener las distancias de difusión. Usando la teoría espectral en la caminata aleatoria, se ha demostrado que la representación de baja dimensión Y que conserva las distancias de difusión $D^{(t)}(x_i, x_j)$ lo mejor posible, está formado por los vectores propios principales no triviales del problema propio $P^{(t)}v = \lambda v$.

La representación de baja dimensión, los autovectores están normalizados por sus valores propios correspondientes. Por lo tanto, la representación de datos de baja dimensión está dada por $Y = \{\lambda_2 v_2, \lambda_3 v_3, \dots, \lambda_{d+1} v_{d+1}\}$.

2.5.1.6 LLE

La incrustación lineal local (LLE) es una técnica similar a Isomap y MVU, en el cual construye una representación gráfica de los puntos de datos. A diferencia de Isomap y MVU, esta técnica intenta preservar únicamente las propiedades locales de los datos. Como resultado, LLE es menos sensible a los cortocircuitos ya que solo un pequeño número de propiedades locales se ven afectadas si se produce un cortocircuito. Las propiedades locales de la variedad de datos se construyen escribiendo los puntos de datos de alta dimensión como una combinación lineal de sus vecinos más cercanos. En la representación de baja dimensión de los datos, LLE intenta retener los pesos de reconstrucción en las combinaciones lineales lo mejor posible.

LLE describe las propiedades locales de la variedad en torno a un punto de datos x_i escribiendo el punto de datos como una combinación lineal w_i , llamado pesos de reconstrucción, de sus K vecinos más cercanos x_{ij} . Por lo tanto, LLE ajusta un hiperplano a través del punto de datos x_i y sus vecinos más cercanos, suponiendo que el colector es localmente lineal. En otras palabras, si la representación de datos de baja dimensión preserva la geometría local de la variedad, los pesos de reconstrucción w_i que reconstruyen el punto de datos x_i de sus vecinos en la representación de datos de alta dimensión también reconstruyen el punto de datos y_i de sus vecinos en los datos de baja dimensión representación. Como consecuencia, encontrar la representación Y de datos dimensionales d equivale a minimizar la función de coste donde $y^{(k)}$ representa la columna k de la solución matriz Y .

$$\phi(Y) = \sum_i \|y_i - \sum_{j=1}^k w_{ij} y_{ij}\|^2 \text{ sujeto a } \|y^{(k)}\|^2 = 1 \text{ para } \forall k. \quad (\text{Eq. 2-5})$$

2.5.1.7 Eigenmaps Laplaciano

De forma similar a LLE, los *Eigenmaps* laplacianos encuentran una representación de datos de baja dimensión al preservar las propiedades locales de la variedad. En *Eigenmaps* laplaciano, las propiedades locales se basan en las

distancias pares entre vecinos cercanos. Esta técnica calcula una representación de baja dimensión de los datos en los que se minimizan las distancias entre un punto de datos y sus k vecinos más cercanos. Esto se realiza de una manera ponderada, es decir, la distancia en la representación de datos de baja dimensión entre un punto de datos y su primer vecino más cercano contribuye más la función de costo que la distancia entre el punto de datos y su segundo vecino más cercano. Usando la teoría de grafos espectrales, la minimización de la función de costo se define como un problema propio.

Este algoritmo primero construye un gráfico de vecindad G en el que cada punto de datos x_i está conectado a sus k vecinos más cercanos. Para todos los puntos x_i y x_j en el gráfico G que están conectados por un borde, el peso del borde se calcula utilizando la función del núcleo gaussiano, lo que conduce a una matriz de adyacencia escasa W . En el cálculo de baja dimensional, la función de costo viene dada por

$$\phi(Y) = \sum_{ij} \|y_i - y_j\|^2 w_{ij} = 2Y^T L Y \quad (\text{Eq. 2-6})$$

Por lo tanto, minimizar $\phi(Y)$ es proporcional a minimizar $Y^T L Y$ sujeto a $Y^T M Y = I_n$, una restricción de covarianza que es similar a la de LLE. La representación de datos de baja dimensión Y se puede encontrar resolviendo el problema de autovalores generalizados $L v = \lambda M v$.

2.5.1.8 Hessian LLE

Hessian LLE (HLLE) es una variante de LLE que minimiza la “curvatura” de la variedad de alta dimensión cuando la incorpora a un espacio de baja dimensión, bajo la restricción de que la representación de datos de baja dimensión es localmente isométrica. Esto se hace mediante un análisis propio de una matriz H que describe la agilidad de la variedad alrededor de los puntos de datos. La agilidad de la variedad se mide por medio del Hessian local en cada punto de datos. El Hessian local se representa en el espacio de la tangente local en el punto de datos, con el fin de obtener una representación del Hessian local que sea invariable a las diferencias en las posiciones de los puntos de datos.

Hessian LLE comienza identificando los k vecinos más cercanos para cada punto de datos x_i usando la distancia euclidiana. En el vecindario, se asume la linealidad local de la variedad. Por lo tanto, se puede encontrar una base para el espacio de la tangente local en el punto x_i aplicando PCA en sus k vecinos más cercanos x_{ij} . En otras palabras, para cada punto de datos x_i , se determina una base para el espacio tangente local en el punto x_i calculando los vectores propios principales de d $M = \{m_1, m_2, \dots, m_d\}$ de la matriz de covarianza $cov(x_i)$. Posteriormente, se calcula un estimador para la hessiana de la variedad en el punto x_i en las coordenadas del espacio tangente local. Para hacer esto, se forma una matriz Z_i que contiene (en las columnas) todos los productos cruzados de M hasta el orden d (incluyendo una columna con unos).

$$H_{im} = \sum_i \sum_j ((H_i)_{jl} \times (H_i)_{jm}) \quad (\text{Eq. 2-7})$$

2.5.1.9 LTSA

De forma similar al Hessian LLE, el análisis de espacio tangente local (LTSA, *Local Tangent Space Analysis*) es una técnica que describe las propiedades locales de los datos de alta dimensión utilizando el espacio tangente local de cada punto de datos. LTSA se basa en la observación de que, si se supone linealidad local de la variedad, existe una asignación lineal desde un punto de datos de alta dimensión a su espacio de tangente local, y existe una asignación lineal desde el punto de datos de baja dimensión correspondiente al mismo espacio tangente local. LTSA intenta alinear estos mapeos lineales de tal manera que construyen el espacio tangente local del colector desde la representación de baja dimensión. En otras palabras, LTSA busca simultáneamente las coordenadas de las representaciones de datos de baja dimensión, y para las asignaciones lineales de los puntos de datos de baja dimensión al espacio tangente local de los datos de alta dimensión.

De forma similar a HLLLE, LTSA comienza con bases de cálculo para los espacios tangentes locales en los puntos de datos x_i . Una propiedad del espacio tangente local Θ_i es que existe un mapeo lineal L_i desde las coordenadas locales del espacio tangente Θ_{ij} a las representaciones de baja dimensión y_{ij} . Usando esta

propiedad del espacio tangente local, LTSA realiza la siguiente minimización donde J_k es la matriz de centrado de tamaño k .

$$\min_{Y_i L_i} \sum_i \|Y_i J_k - L_i \theta_i\|^2 \quad (\text{Eq. 2-8})$$

2.5.1.10 Factor Analysis

El análisis de factores (FA) es otro tipo de técnica estadística íntimamente relacionada con PCA y la reducción de dimensionalidad. Es un modelo generativo que se ha producido a partir de un conjunto de variables latentes, no observadas (llamadas factores) a través de la ecuación $X = W_x + n$ (si no hay ruido, este modelo es el mismo que en PCA, aunque PCA no es un modelo generativo en su concepción).

En esta técnica, todas las variaciones de los factores se absorben en W tal que la covarianza de x es la matriz de identidad. Se supone que los factores siguen una distribución normal multivariada y no están correlacionadas con el ruido. Bajo estas condiciones, la covarianza de la variable observada es $C_x = WW^t + C_n$ donde C_n es la matriz de covarianza del ruido y debe estimarse a partir de los datos. La matriz W se resuelve mediante la factorización de la matriz $WW^t = C_x - C_n$. Esta factorización no es única ya que cualquier rotación ortogonal de W resulta en la misma descomposición de $C_x - C_n$. Este hecho, más que un inconveniente, se explota para producir hechos simples de la misma manera que el PCA [33].

2.5.2 Técnicas no convexas

Estas técnicas optimizan una función objetivo no convexa. Se pueden analizar varias técnicas de este tipo: mapeo de Sammon para el escalamiento multidimensional que forman una alternativa a escala clásica, codificadores automáticos multicapa de redes neuronales, LLC (coordinación localmente lineal), el trazado múltiple, la cual permite una alineación global de modelos lineales, MDS (*multidimensional scalation*) y LDA (*linear discriminial analysis*).

2.5.2.1 Mapeo de Sammon

El mapeo de Sammon adapta la función de costo de escalado clásica ponderando la contribución de cada par (i,j) a la función de costo por el inverso de su distancia por pares en el espacio de alta dimensión d_{ij} . De esta forma, la función de costo asigna aproximadamente el mismo peso a la retención de cada una de las distancias pares, y por lo tanto conserva la estructura local de los datos mejor que la escala clásica. La minimización de la función de costo de Sammon se realiza generalmente utilizando un método pseudo-Newton. El mapeo de Sammon se usa principalmente para fines de visualización.

$$\phi(Y) = \frac{1}{\sum_{ij} d_{ij}} \sum_{i \neq j} \frac{(d_{ij} - \|y_i - y_j\|)^2}{d_{ij}} \quad (\text{Eq. 2-9})$$

2.5.2.2 Codificadores automáticos

Los codificadores automáticos multicapa son redes neuronales prealimentados con un número impar de capas ocultas y pesos compartidos entre las capas superior e inferior (aunque también pueden emplearse estructuras de red asimétricas). La capa oculta media tiene nodos d , y la entrada de salida tienen nodos D . La red está entrenada para minimizar el error cuadrático medio entre la entrada y salida de la red. El entrenamiento de la red neuronal en los puntos de datos x_i conduce a una red en la que la capa oculta media da una representación d -dimensional de los puntos de datos X . Las representaciones de baja dimensión y_i pueden obtenerse extrayendo los valores de nodo en la capa oculta intermedia, cuando el punto de datos x_i se usa como entrada. Para permitir que el codificador automático aprenda un mapeo no lineal entre la representación de datos de alta y baja dimensión, generalmente se usan las funciones de activación sigmoidea, excepto en la capa intermedia, donde generalmente se emplea una función de activación lineal.

2.5.2.3 LLC

La coordinación local lineal (LLC) calcula una serie de modelos lineales locales y posteriormente realiza una alineación global de los modelos lineales. Este proceso consta de dos pasos: calcular una mezcla de modelos lineales locales en los datos por medio de un algoritmo EM y alinear los modelos lineales locales para obtener la representación de datos de baja dimensión utilizando una variante de LLE.

LLC primero construye una mezcla de analizadores de factor m usando el algoritmo EM (MoFA). Alternativamente, podría emplearse una mezcla de modelo probabilístico de PCA (MoPPCA). LLC alinea los modelos locales resolviendo el problema propio generalizado para los valores propios de d mínimos distintos de cero.

$$Av = \lambda Bv \quad (\text{Eq. 2-10})$$

2.5.2.4 Trazado múltiple

De forma similar a LLC, el trazado múltiple construye una representación de datos de baja dimensión alineando un MoFA o un modelo MoPPCA. A diferencia del LLC, el trazado múltiple no minimiza una función de costo que corresponde a otra técnica de reducción de dimensionalidad. El trazado múltiple minimiza una función de costo convexo que mide la cantidad de desacuerdo entre los modelos lineales en las coordenadas globales de los puntos de datos. La minimización de esta función de costo se puede realizar resolviendo un problema propio generalizado.

El trazado múltiple realiza primero el algoritmo EM para aprender una mezcla de analizadores de factores, para obtener m representaciones de datos de baja dimensión z_j y responsabilidades correspondientes r_{ij} (donde $j \in \{1, \dots, m\}$) para todos los puntos de datos x_i . El trazado múltiple encuentra un mapeo lineal M desde las representaciones de datos z_j hasta las coordenadas globales y_i que minimiza la función de costo.

$$\phi(Y) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m r_{ij} \|y_i - y_j\|^2 \quad (\text{Eq. 2-11})$$

La intuición detrás de la función de costo es que cada vez que hay dos modelos lineales en los que un punto de datos tiene una gran responsabilidad, estos modelos lineales deben acordar la coordenada final del punto de datos.

2.5.2.5 MDS

El escalamiento multidimensional (MDS) es una técnica de visualización para datos de proximidad, es decir, datos en forma de matrices $N \times N$. MDS construye mapas en \mathbb{R}^k , interpretando las diferencias como distancias. Las dos fuentes frecuentes son los datos y gráficos de gran dimensión. Cuando las diferencias son distancias entre objetos de alta dimensión, MDS actúa como una técnica de reducción. MDS sirve como un medio de visualizar el nivel de similitud de casos individuales de un conjunto de datos. Se refiere a un conjunto de técnicas de ordenación relacionadas utilizadas en la visualización de la información, en particular para mostrar información contenida en una matriz de distancia. Es una forma de reducción de dimensionalidad no lineal. Un algoritmo MDS tiene como objetivo colocar cada objeto en N -dimensiones de tal manera que las distancias entre objetos se conservan, así como sea posible. A cada objeto se le asignan coordenadas en cada uno de las N -dimensiones [34][35][36].

2.5.2.6 LDA

El análisis discriminante lineal (LDA) busca los vectores en el espacio subyacente que mejor discriminan entre las clases (en lugar de aquellos que mejor describen los datos). Más formalmente, LDA produce una combinación lineal de las clases deseadas. Matemáticamente hablando, para todas las muestras de todas las clases, definimos dos medidas: 1) una es la matriz de dispersión dentro de la clase, como se da en

$$S_w = \sum_{j=1}^c \sum_{i=1}^{N_j} (x_i^j - \mu_j)(x_i^j - \mu_j)^T \quad (\text{Eq. 2-12})$$

Donde x_i^j es la i -ésima muestra de clase j , μ_j es la media de la clase j , c es el número de clases, y N_j es el número de muestras en la clase j ; y 2) matriz de dispersión entre clases

$$S_b = \sum_{j=1}^c (\mu_j - \mu) (\mu_j - \mu)^T \quad (\text{Eq. 2-13})$$

Donde μ representa la media de todas las clases. El objetivo es maximizar la medida entre clases mientras se minimiza la medida dentro de la clase. Una forma de hacerlo es maximizar la relación $\frac{\det|S_b|}{\det|S_w|}$. La ventaja de usar esta relación se ha demostrado que si S_w es una matriz no singular, esta relación se maximiza cuando los vectores de columna de la matriz de proyección, W , son los vectores propios de $S_w^{-1}S_b$. Debe tenerse en cuenta: 1) hay $c - 1$ vectores propios generalizados no nulos y, por lo tanto, al límite superior en f es $c - 1$, y 2) se requieren al menos muestras de $t + c$ para garantizar que no se vuelvan singulares [37].

2.6 Resumen

En este capítulo, se ha presentado un Estado del Arte donde se estudia la finalidad y aspectos básicos de las imágenes hiperespectrales, introduciendo las diversas aplicaciones en las que actualmente se han utilizado con el objetivo de comprender sus aportaciones. Por otra parte, se han presentado diferentes tipos de clasificadores, así como los conceptos fundamentales relativos a los mismos. Dichos clasificadores, se emplearán en este TFG para procesar las imágenes con la finalidad de clasificar el contenido de una imagen hiperespectral. En cuanto al análisis de las técnicas de reducción dimensional, se introducen varias propuestas, para una posterior selección de algunas de ellas que permitirá convertir la imagen para seleccionar el mínimo número de componentes principales con la mínima pérdida de información.

3 Procedimiento de la generación de base de datos de tejidos cerebrales hiperespectrales

3.1 Introducción

Esta sección describirá la base de datos de tejido cerebral hiperespectral in vivo empelada para realizar los experimentos para evaluar las técnicas de reducción dimensional en la clasificación de las imágenes hiperespectrales. Además, se proporcionará una descripción general del procedimiento llevado a cabo en el proyecto HELICoiD para obtener dichas imágenes.

El proyecto HELICoiD es un proyecto de colaboración europeo financiado por la Agencia Ejecutiva de Investigación (REA), a través del programa de Tecnologías Futuras y Emergentes (FET-Open), en el marco del 7º Programa Marco de la Unión Europea.

HELICoiD tiene como objetivo generar un demostrador capaz de diferenciar entre tejido sano y tejido tumoral en tiempo real durante intervenciones de neurocirugía usando imágenes hiperespectrales. Dado que el cáncer implica un cambio en la fisiología celular, éste es detectado como un cambio en la firma hiperespectral del tejido. Durante el desarrollo del proyecto HELICoiD, se ha fabricado un sistema experimental intraoperatorio, el cual permite a los neurocirujanos confirmar en tiempo real la resección completa del tejido tumoral, evitando la resección excesiva del tejido sano adyacente.

3.2 Cámara hiperespectral utilizada en la captura de imágenes hiperespectrales

Las cámaras hiperespectrales se clasifican en diferentes tipos según el método utilizado para obtener el cubo hiperespectral, estas cámaras pueden ser de barrido de punto (barrido puntual), de barrido lineal (escaneo de línea), basadas en escaneo espectral (escaneo de área o plano) y de captura instantánea (disparo único). Las cámaras que han sido seleccionadas para la adquisición de las imágenes son la *Hyperspec® VNIR Serie A*, (Figura 3-1a), y la *Hyperspec® NIR 100/U* (Figura 3-1b) fabricadas por *Headwall Photonics Inc.* (Fitchburg, MA,

EE.UU.), estas cámaras se basan en una técnica de escaneo de líneas. El sensor de la cámara es una matriz de detectores bidimensional en la que unas de las dimensiones espaciales y la dimensión espectral completa de la escena se capturan en una sola toma (*frame*). Estas cámaras ofrecen el mejor compromiso entre la resolución espectral y espacial y el tiempo de adquisición. El rango espectral cubierto por ambas cámaras está entre 400 y 1700nm (VNIR y NIR). Este rango ha sido seleccionado con el objetivo de encontrar las regiones espectrales más relevantes para la detección de tumores cerebrales. Las características más importantes a destacar de las cámaras seleccionadas son las siguientes:

- El modelo *Hyperspec® Serie A* cubre el rango espectral que va desde 400 a 1000 nm. Tiene una dispersión de 0.74 nm y una resolución espectral de 2-3 nm (con una rendija de 25 μm), y es capaz de capturar 826 bandas espectrales y 1004 píxeles espaciales.
- El modelo *Hyperspec® NIR 100/U* cubre el rango espectral de 900 a 1700 nm. Tiene una dispersión por píxel de 4.8 nm y una resolución de 5 nm (con una rendija de 25 μm), 172 canales espectrales y 320 píxeles espaciales.

La figura que se muestra a continuación, Figura 3-1, contiene toda la plataforma que se desarrolló para la correcta adquisición de las imágenes hiperespectrales durante intervenciones quirúrgicas.

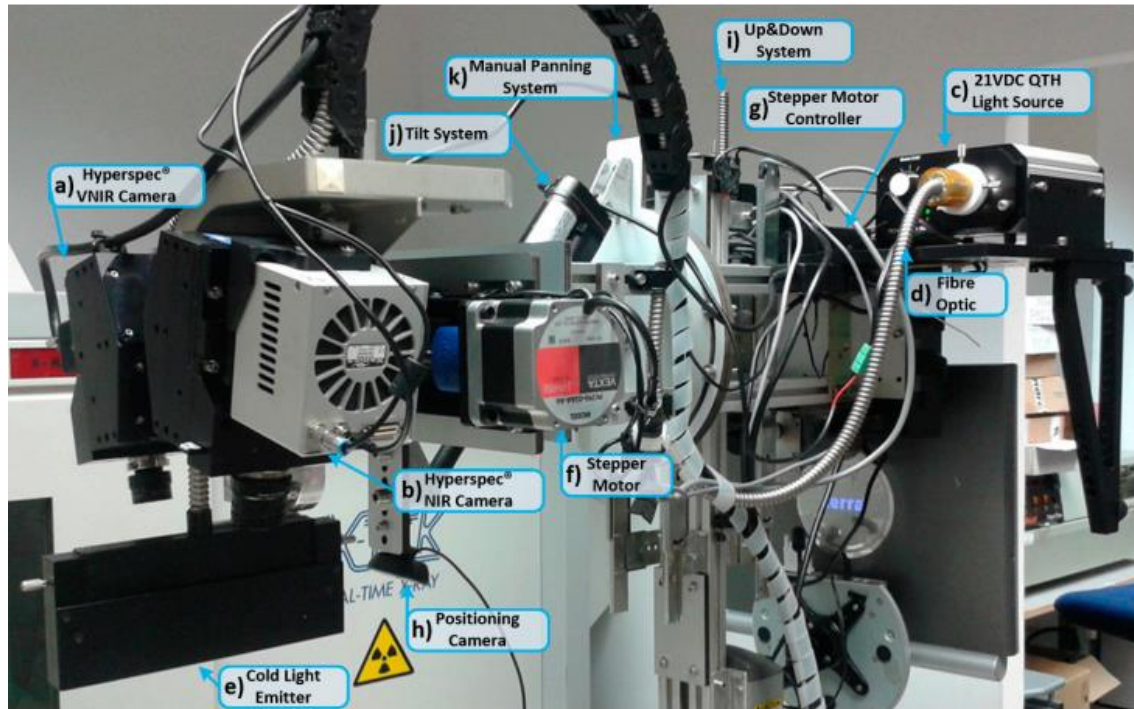


Figura 3-1. Plataforma de adquisición de demostradores HELICoiD. (a, b) cámaras VNIR y NIR HS montadas en la plataforma de exploración; (c-e) Fuente de luz QTH conectada al sistema de fibra óptica para la transmisión de luz para obtener una emisión de luz en la plataforma de exploración; (f, g) motor paso a paso acoplado al eje y conectado al controlador de motor paso a paso para realizar el movimiento lineal de las cámaras; (h) Posicionamiento de la cámara utilizada para identificar la posición del campo de visión de las cámaras (FOV); (i) El sistema Up & Down utilizado para enfocar las cámaras HS; (j) y (k) Sistemas de panorámica e inclinación manual utilizados para orientar correctamente la plataforma de exploración.

El sistema de iluminación utilizado (Figura 3-1c), se basa en una lámpara de tungsteno de cuarzo (QTH) de 150 W con una emisión de banda ancha entre 400 y 2200 nm. Este tipo de lámpara es adecuada para aplicaciones hiperespectrales debido a la alta homogeneidad de su espectro en todo el rango espectral[38].

3.3 Procedimiento de captura de imágenes hiperespectrales durante la cirugía

Antes de la operación, el paciente tiene una guía de imagen estereotáctica⁴ (IGS, *Image Guide Stereotactic*), tomas compatibles de Tomografía Computarizada (CT, *Computed Tomography*) y Resonancia Magnética (MRI, *Magnetic Resonance Imaging*) que se cargan en el sistema IGS. El paciente se somete a anestesia general y se expone el cráneo antes de perforarlo con un

⁴ Tipo de intervención quirúrgica mínimamente invasiva que utiliza un sistema de coordenadas tridimensional para localizar pequeñas estructuras dentro del cuerpo y para realizar biopsias, radiocirugía, implantación de dispositivos, etc.

taladro de alta velocidad. Luego se inserta un craneótomo⁵ en el orificio y se corta un segmento óseo (craneotomía) con un craneótomo. La duramadre⁶ se corta con un cuchillo (durotomía⁷) para exponer la superficie del cerebro.

Usando el demostrador del proyecto HELICoiD, se ha creado una base de datos de imágenes hiperespectrales del cerebro humano in vivo. Los cubos hiperespectrales se han obtenido de 22 pacientes diferentes en el Hospital Universitario Doctor Negrín hasta ahora. El tipo de tumores capturados durante este estudio involucra tanto tumores cerebrales primarios como secundarios (metástasis).

Para obtener las muestras correctamente etiquetadas, se siguió el diagrama de flujo de cuatro pasos presentado en la Figura 3-2[7].

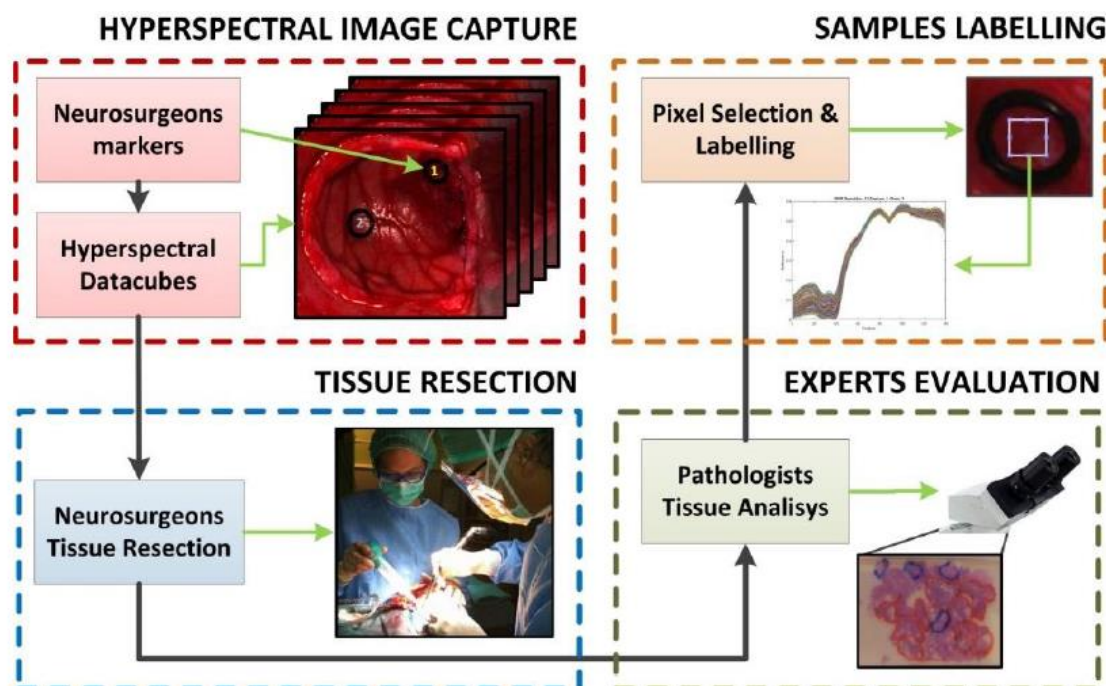


Figura 3-2. Captura de datos y proceso de etiquetado.

3.3.1 Capturas de imágenes hiperespectrales

Inicialmente, las imágenes se capturan después de la durotomía y antes de que las aracnoides⁸ y la piamadre⁹ se hayan roto. Si el tumor se puede observar

⁵ Instrumento quirúrgico utilizado para realizar craneotomías.

⁶ Cubierta fibrosa y consistente del sistema nervioso central.

⁷ Apertura de la duramadre.

⁸ Cubierta del sistema nervioso central, que recubre por dentro a la duramadre.

⁹ Cubierta del sistema nervioso central más interna. Es muy fina y está adherida a la corteza.

en la superficie, se colocan dos marcadores de anillo de goma esterilizados para identificar la posición del tumor y la del cerebro normal según lo juzgue el cirujano donde puede estar bastante seguro de que el tejido cerebral es normal. Si es posible, la ubicación exacta de los marcadores se observa utilizando el puntero del sistema IGS para identificar la ubicación de los marcadores sobre el cerebro. Este puntero permite conocer la posición de los marcadores del anillo de goma con respecto a una MRI o CT realizada previamente al paciente para el procesamiento quirúrgico. Las siguientes Figura 3-3 y Figura 3-4 muestran la estructura de la meninge y el uso del punto del sistema IGS para identificar la posición de los marcadores en una MRI.

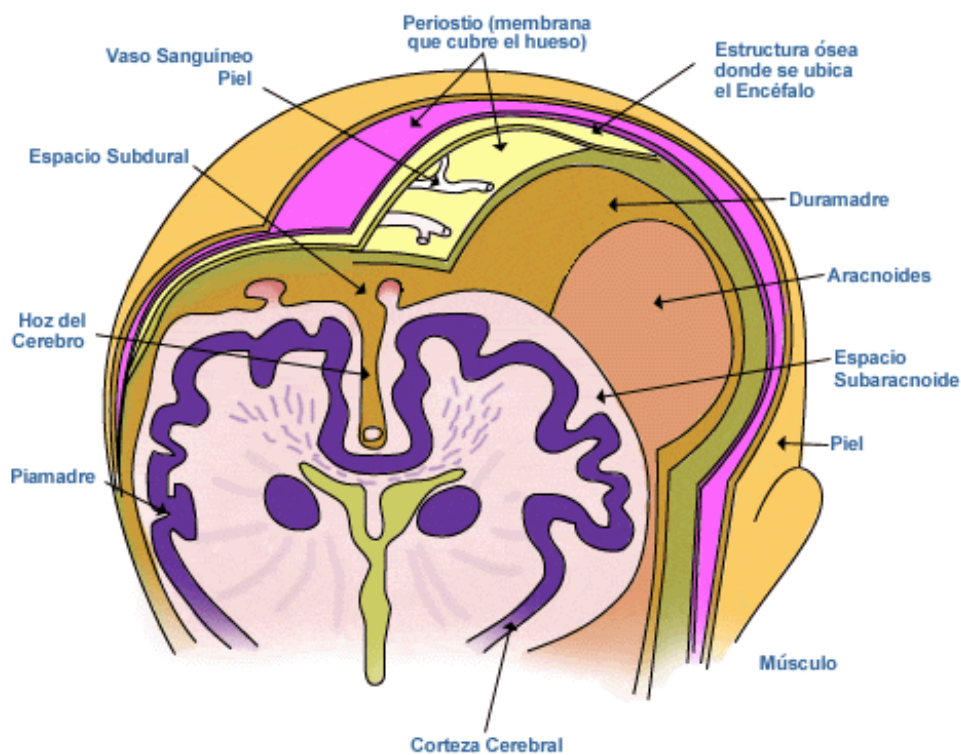


Figura 3-3. Estructura de las meninges.

Seguidamente, el operador del demostrador HELICoiD captura la imagen hiperespectral de la superficie expuesta del cerebro con y sin marcadores. Los marcadores ofrecen un área de la imagen donde los píxeles pueden etiquetarse con la evaluación previa se contrasta con los resultados de la patología, ya que el interior de los marcadores del anillo de goma se enviará a la patología [39].

3.3.2 Resección de tejido

Después de la captura de la primera imagen hiperespectral, el demostrador HELICoiD se retira de la zona quirúrgica y los neurocirujanos comienzan la resección del tumor. Toman una muestra del tejido que está dentro del marcador tumoral. La muestra se almacena en un contenedor con la etiqueta HELICoiD y se le asigna un número correspondiente con el marcador. Estas muestras se enviarán a patología y el resultado se usará como la referencia de verdad del terreno para el desarrollo del algoritmo. Los números asignados ayudarán en el proceso de etiquetado.

El segundo conjunto de imágenes se captura mientras el tumor se reseca gradualmente. En un momento en que el cerebro y el tumor normales están expuestos y el cirujano considera que es seguro detener la cirugía, el cirujano

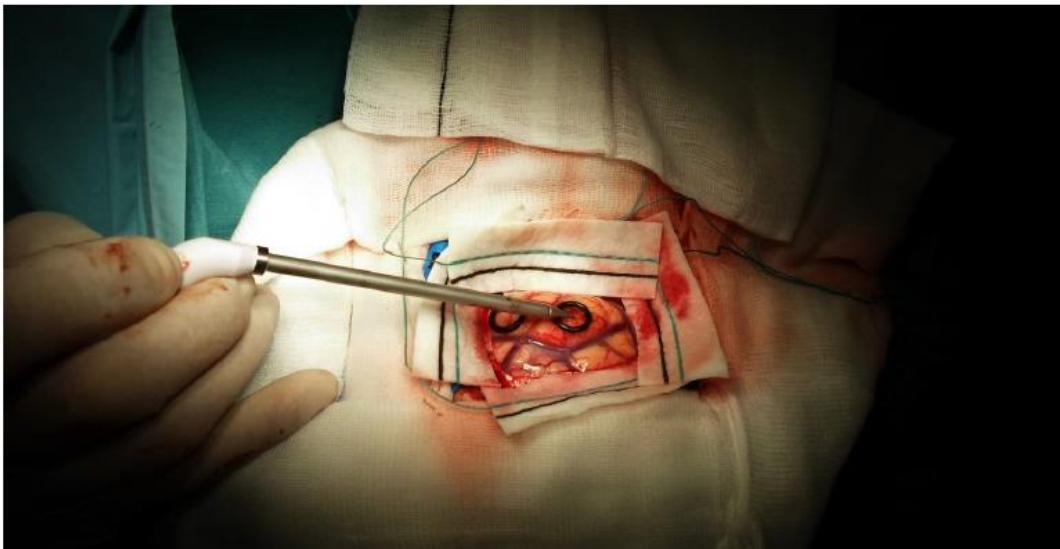


Figura 3-4. Puntero del sistema IGS sobre el marcador tumoral HELICoiD ubicado en la superficie expuesta del cerebro.

asegura una hemostasia perfecta y luego lava el campo cuidadosamente con solución salina tibia para eliminar cualquier resto de sangre sin modificar la temperatura (y el cambio de flujo resultante). Después de esto, el campo se succiona mediante la aplicación de un algodón al parénquima y se aplica succión a esto. El cirujano que opera luego identifica la ubicación más adecuada para capturar las imágenes. Los marcadores se colocan nuevamente en el tumor y en otra área que el cirujano considera como cerebro normal. Las imágenes hiperespectrales se obtienen de nuevo con y sin marcadores in situ, tal y como se

observa en la Figura 3-4. De nuevo, las muestras de tejido se obtienen a partir de la posición de los marcadores y se envían al laboratorio de patología para el diagnóstico del tejido.

3.3.3 Evaluación de expertos

Todo el tejido resecado se envía al laboratorio de anatomía patológica donde se fija con formalina y se somete a tinción H&E (hematoxilina-eosina) estándar y cualquier tinción adicional requerida para establecer un diagnóstico histopatológico definitivo. Los neuropatólogos son los únicos que pueden determinar si un tejido dentro del marcador es o no un tumor mediante el uso de técnicas histopatológicas. Las muestras se clasifican como tumor o cerebro y, para muestras tumorales, se subdividen en tipo y grado tumoral, mientras que las muestras cerebrales normales se clasifican como sustancia blanca o gris [39].

3.3.4 Muestras etiquetadas

En el último paso, al usar la información proporcionada por los patólogos, los ingenieros que han recortado manualmente los píxeles que están dentro de los marcadores en la imagen hiperespectral (utilizando el programa MATLAB) evitando los píxeles que podrían tener reflejos producidos por la no uniformidad de la superficie del cerebro. Estos píxeles seleccionados se etiquetan y almacenan con la información proporcionada por los patólogos para construir la verdad del terreno. Los píxeles que se han etiquetados se dividen en cuatro clases: la clase 1 es tejido sano, la clase 2 es el tejido tumoral, la clase 3 son los vasos sanguíneos y la clase 4 es el *background*. Las siguientes figuras (Figura 3-8, Figura 3-5, Figura 3-6, Figura 3- y Figura 3-9) muestran las capturas de las muestras en RGB (imagen de la izquierda) y los píxeles que han sido etiquetadas (imagen de la derecha) de los cinco pacientes que se van a utilizar en este Trabajo Fin de Grado.

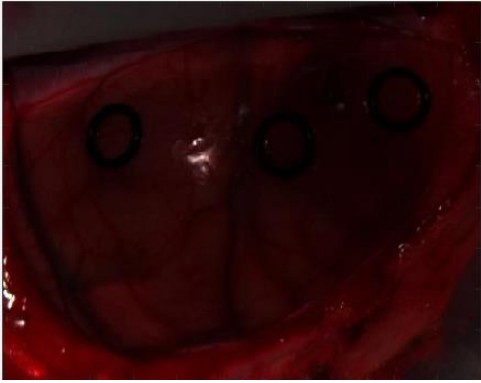


Figura 3-5. Muestras etiquetadas del primer paciente.

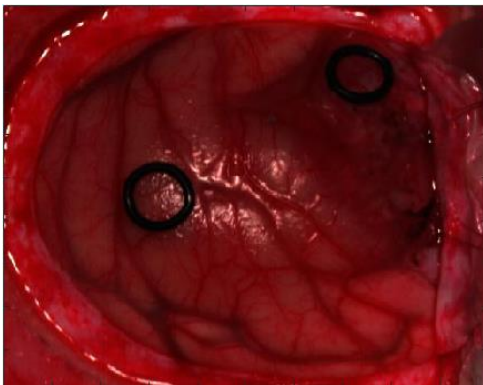
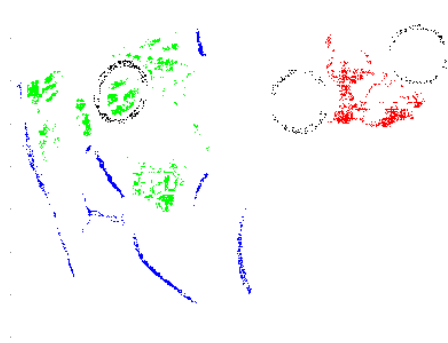


Figura 3-6. Muestras etiquetadas del segundo paciente.

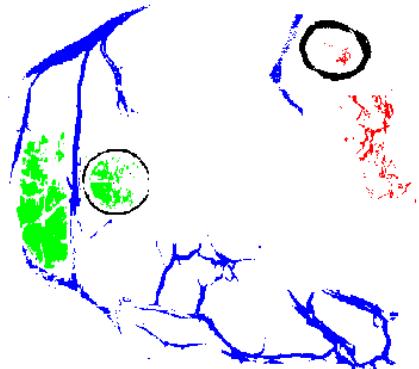


Figura 3-7. Muestras etiquetadas del tercer paciente.

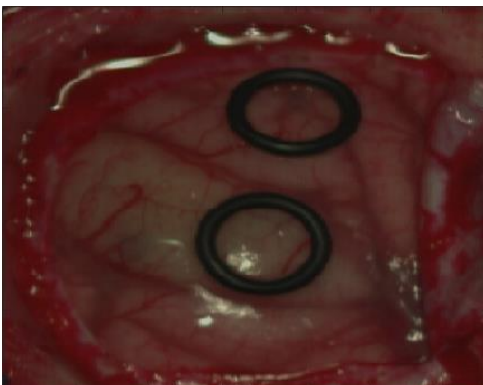
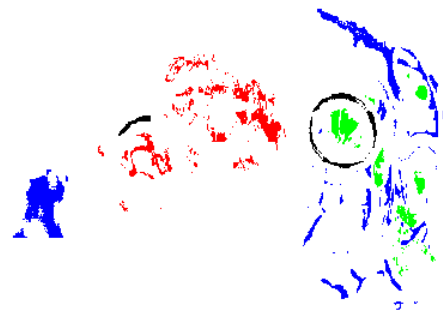
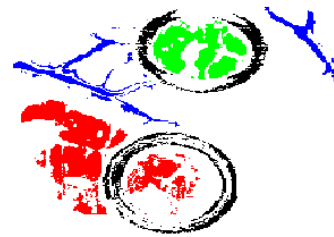


Figura 3-8. Muestras etiquetadas del cuarto paciente.



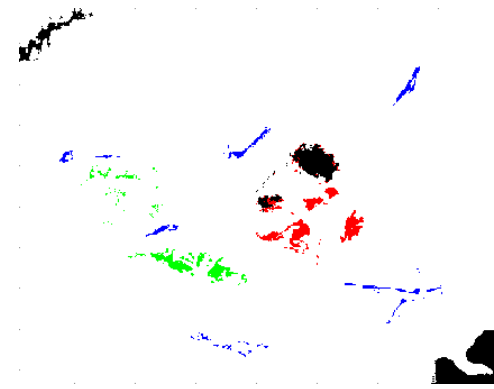
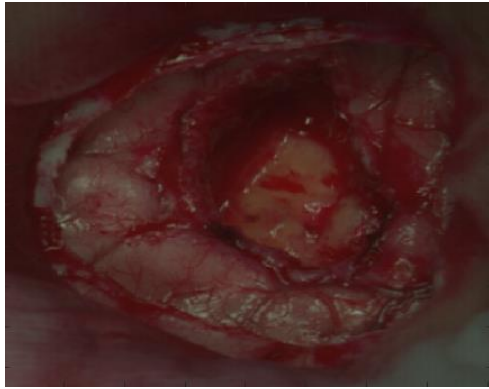


Figura 3-9. Muestras etiquetadas del quinto paciente.

Las firmas espectrales de estos píxeles etiquetados se utilizarán como entradas en un esquema de algoritmo de clasificación supervisado para generar el modelo y determinar su bondad utilizando medidas cuantitativas. En la siguiente tabla, Tabla 3-1, se muestran el número de píxeles que se han etiquetado en cada uno de los pacientes.

Tabla 3-1. Base de datos de las capturas hiperespectrales del cerebro humano.

Pacientes	Tejido sano	Tumor	Vasos sanguíneos	Background
1	2.295	1.221	1.331	630
2	4.516	855	8.697	1.685
3	1.251	2.046	4.089	696
4	1.842	3.655	1.513	2.625
5	977	1.282	907	3.687

3.4 Resumen

En este capítulo se ha presentado el procedimiento de las capturas de imágenes hiperespectrales de los tejidos cerebrales que forman la base de datos que se empleará en este TFG. Se observa que, para la obtención de dichas imágenes, se sigue un procedimiento estricto, el cual tiene que ser realizado por un cirujano habilitado puesto que, para poder obtener las imágenes es necesario realizar una craneotomía y extraer algunos tejidos (cubiertas fibrosas) para llegar al tejido cerebral. Una vez realizado, los neurocirujanos indican por medio de marcadores, que tejido es sano y cual es tumor, para que, tras capturar las

imágenes, poder etiquetar las muestras. Finalmente, se ha hecho una breve descripción de la base de datos espectral que se usará en este TFG.

4 Resultados de las evaluaciones de las técnicas de reducción dimensional

4.1 Introducción

En este apartado, se analizan las métricas de evaluación que se van a utilizar para comprobar la efectividad de las técnicas de reducción dimensional usadas, seguidamente, se explica de forma detallada la metodología que se ha elegido para el desarrollo del Trabajo Fin de Grado y se van a analizar los diferentes resultados que se han obtenido utilizando diferentes métricas de evaluación para cada técnica de reducción dimensional utilizada. Posteriormente, se desglosarán los diferentes resultados en una tabla comparativa, donde se podrá valorar qué técnica son las más beneficiosas. Finalmente, se comentará el tiempo de cómputo requerido para cada caso, puesto que muchas técnicas de reducción dimensional no se han podido aplicar debido al excesivo tiempo que es necesario para su ejecución.

4.2 Metodología

En esta sección se va a explicar paso por paso la metodología que se ha seguido a lo largo del proyecto para el procesamiento de las imágenes hiperespectrales. En la Figura 4-1 se muestra el diagrama con la estructura empleada.

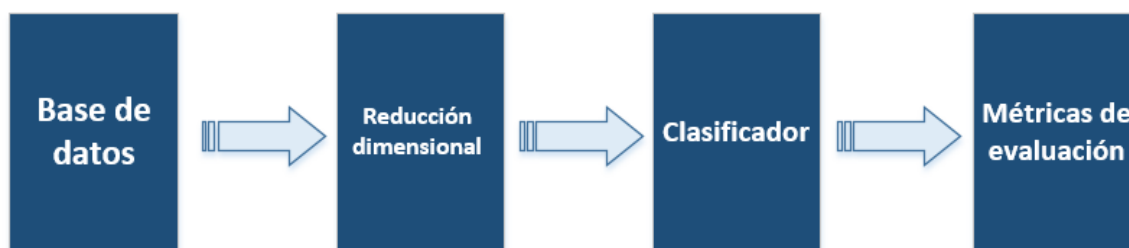


Figura 4-1. Diagrama general del procedimiento empleado.

Para comenzar, lo primero que se ha hecho es tener a disposición una base de datos de imágenes hiperespectrales de cinco pacientes, capturadas con las cámaras *Hyperspec® Serie A* y *Hyperspec® NIR 100/U* que se encuentra en el

Hospital Universitario Doctor Negrín, situado en Las Palmas de Gran Canaria (Tabla 3-1). Una vez obtenida la base de datos, el procedimiento a seguir ha sido seleccionar un clasificador y una técnica de reducción dimensional para poder ser evaluadas a través de las métricas de evaluación escogidas.

Una vez que se ha decidido qué métricas se usarán, el procedimiento será el siguiente: los datos de las imágenes hiperespectrales son transformadas por la técnica de reducción dimensional seleccionada, estos nuevos datos son clasificados y estudiados por las métricas de evaluación.

El clasificador escogido para todo el desarrollo del Trabajo Fin de Grado, ha sido el clasificador supervisado SVM (*Support Vector Machines*). No se han utilizado otros clasificadores puesto que, como los tiempos de ejecución han sido muy elevados, ha sido prácticamente imposible replicar la metodología usando otro clasificador. El motivo por el que se ha escogido el clasificador SVM (*Support Vector Machines*) es debido a que es un clasificador muy extendido en el procesado de imágenes hiperespectrales [40]. El clasificador tiene como objetivo encontrar un hiperplano que divida separe las clases de acuerdo con sus características. En este TFG se ha empleado la librería pública LIBSVM [41] para la clasificación de los datos.

En la metodología propuesta se emplearán varias técnicas de reducción dimensional sobre la base de datos espectrales de forma previa a una clasificación supervisada. A continuación, antes de describir qué técnicas de reducción dimensional se van a utilizar, primero se clasifican los datos sin aplicar ninguna técnica de reducción dimensional. Se sigue esta metodología debido a que se quiere tener estos resultados como referencia respecto a las técnicas de reducción dimensional, para poder evaluar si hay mejoras en la precisión de detección del tumor. Las métricas de evaluación seleccionadas se van a describir en el apartado siguiente, 4.33. Métricas de evaluación. Estas son la tasa de precisión (***Accuracy***), la **matriz de confusión**, la **separabilidad** que hay entre las diferentes clases (tejido tumoral, tejido sano, vasos sanguíneos y *background*) y el **mapa de clasificación**.

Una vez obtenido los resultados sin reducción dimensional (RD), se seleccionan las técnicas de reducción dimensional que se van a emplear en este TFG. Para ello se ha usado la librería pública *drtoolbox* [42]. Este punto ha llevado mucho tiempo de realización puesto que, algunas técnicas no eran capaces de trabajar con datos muy grandes, como por ejemplo *Probabilistic PCA*, *Sammon*, *Isomap*, *SNE* y *Diffusion Maps*, o a la hora de ejecutarlas, tardaban un tiempo excesivo, como sucedió en el caso de *LLE*, *LTSA*, *Kernel PCA*, *Laplacian* y *MVU*. Por este motivo, muchas técnicas de RD inicialmente propuestas se tuvieron que descartar por el momento.

El proceso de selección de las técnicas de reducción dimensional consistió en escoger la imagen más grande de nuestra base de datos, puesto que será la que más trabajo computacional presentará, y aplicar la reducción dimensional sobre dicha imagen para así poder calcular el tiempo de ejecución de la técnica. Asumimos que el tiempo más alto de procesamiento se dará para la imagen de mayores dimensiones. De esta forma se ha comprobado si las técnicas podían soportar datos muy grandes y se ha medido el tiempo de ejecución de cada técnica de reducción.

La ventaja de utilizar estas técnicas es reducir el tamaño de los datos sin perder información ni precisión, en otras palabras, reducir las dimensiones es conseguir el menor número de componentes manteniendo la mayor cantidad de información posible. En el siguiente diagrama, Figura 4-2, se muestra de forma más detallada el procedimiento que se sigue. Se observa que el paso inicial que se realiza es convertir el cubo de datos (imagen hiperespectral) en un vector, el tamaño de estos datos vectorizados es reducido por medio de una técnica de reducción específica y este proceso se repite variando el número de dimensiones, desde la primera dimensión, hasta la última. Cada uno de los datos resultantes, debido a la variación de número de dimensiones, son procesados por el clasificador SVM y analizado por las métricas de evaluación. Las técnicas que finalmente han sido seleccionadas son las siguientes: *PCA (Principal Component Analysis)*, *MDS (Multidimensional Scalar)*, *LDA (Linear Discriminant Analysis)* y *Factor Analysis*.

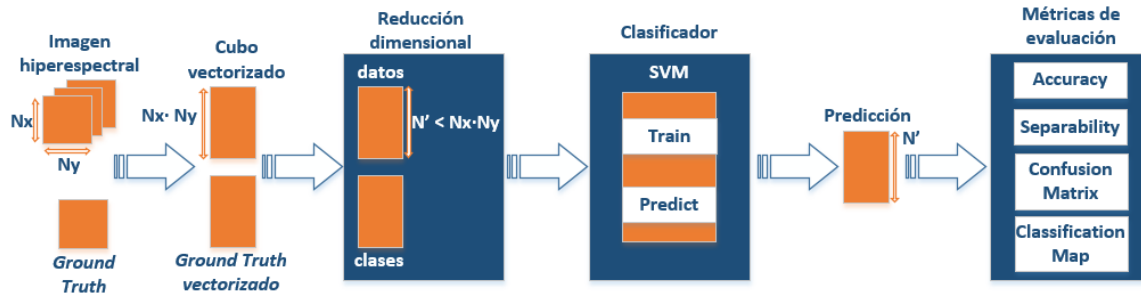


Figura 4-2. Diagrama detallado sobre el procedimiento empleado en el desarrollo del software.

A partir de ese momento, se desarrollan y se ejecutan los diferentes códigos en el programa Matlab 2015. Primero se generó el código sin ninguna técnica de reducción dimensional, luego se añadieron las técnicas de reducción dimensional PCA (dos veces, una con todos los datos del cubo, y otra sólo con los datos que estaban etiquetados), MDS, LDA, Factor Analysis. También se han evaluado los componentes principales de cada una de las técnicas de reducción dimensional que han dado los mejores resultados, concadenándolas para así poder ser procesadas por el clasificador.

4.3 Métricas de evaluación

Las técnicas de evaluación son herramientas para evaluar la calidad de las técnicas de procesamiento utilizadas. Muchas métricas son sensibles y pueden producir resultados engañosos, por lo tanto, siempre es conveniente evaluarlos con diferentes métodos. A continuación, se muestran las diferentes métricas de evaluación utilizadas en el desarrollo del proyecto: **Accuracy**, **matriz de confusión**, **separabilidad** y **mapa de clasificación**. Las métricas de evaluación *Accuracy* y matriz de confusión siguen la metodología *cross-validation*, por lo que se explicará a continuación de forma breve.

4.3.1 Cross-validation

El *cross-validation* [43] (o validación cruzada), es una técnica utilizada para evaluar los resultados de un análisis estadístico y garantizar que son independientes de la partición entre datos de entrenamiento y prueba. Existen dos tipos de métodos, el *holdout* y el *k-fold*. El *accuracy* (tasa de precisión) se calcula

realizando una media de los resultados en la partición entre los datos de entrenamiento y de prueba.

El método *holdout* reserva una cierta cantidad de datos para las pruebas y utiliza el resto para el entrenamiento. En términos prácticos, de forma general se dividen los datos a la mitad para probar y se usa el medio restante para el entrenamiento. En la siguiente figura, Figura 4-3, se muestra la fragmentación de datos de este método. Cada clase debe representarse en la proporción correcta en los conjuntos de entrenamiento y prueba, puesto que, si se omite todos los ejemplos de una determinada clase en la parte de entrenamiento, difícilmente se podría esperar que un clasificador, a partir de esos datos, tenga un buen rendimiento en ejemplos de esa clase. En su lugar, debe asegurarse de que el muestreo aleatorio se realice de una manera que garantice que cada clase esté representada adecuadamente tanto en el entrenamiento como en los conjuntos de prueba.

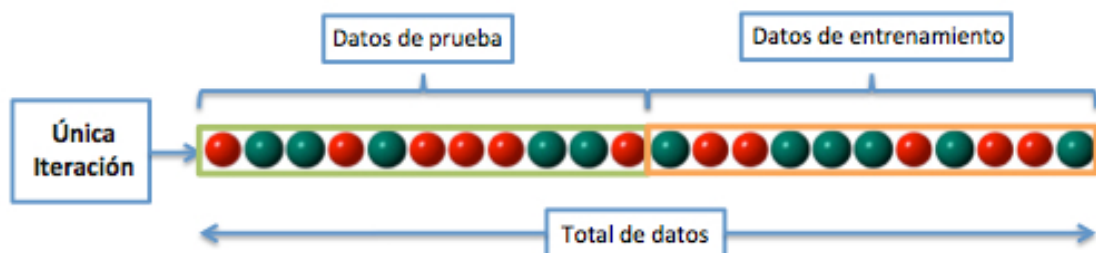


Figura 4-3. Funcionamiento del método holdout.

La forma estándar de predecir la tasa de error de una técnica de aprendizaje dada la única muestra fija de datos es usar el *cross-validation* por k (k -fold). Los datos se dividen generalmente de manera aleatoria en 10 partes (10-fold), en las que cada clase se representa en aproximadamente las mismas proporciones que en el conjunto de datos completo. Cada parte se evalúa por turnos y el plan de aprendizaje se entrena en las nueve décimas restantes; entonces su tasa de error se calcula en el conjunto de retención, tal y como se observa en la Figura 4-4. Por lo tanto, el procedimiento de aprendizaje se ejecuta un total de 10 veces en diferentes conjuntos de entrenamiento. Finalmente, las 10 estimaciones se promedian para producir una estimación global. Se hacen 10 particiones debido

que, tras varios estudios, se ha demostrado que 10 es una cantidad adecuada de iteraciones para obtener la mejor estimación [44].

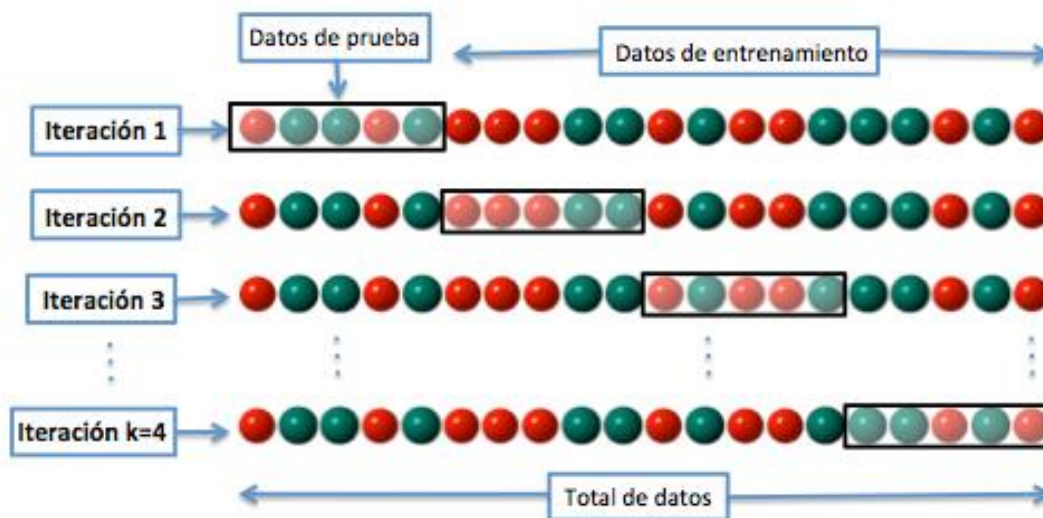


Figura 4-4. Funcionamiento del método *k-fold*.

4.3.2 Accuracy

A la hora de evaluar una serie de datos, se dispone de un conjunto discreto de muestras. Si utilizamos ese conjunto de muestras en su totalidad para entrenar el clasificador y posteriormente llevamos a cabo las pruebas con ese mismo conjunto de datos, tendremos una buena tasa de acierto (*Accuracy*) ya que estamos probando con los mismos datos con los que se ha entrenado el clasificador. El principal problema es que se habrá obtenido un modelo que no sea capaz de distinguir entre datos nuevos y otros que no se hayan empleado en el entrenamiento, por lo que se divide la totalidad de los datos en dos particiones, entrenamiento y prueba. Concretamente, se utiliza el método *k-fold* para que, a la hora de realizar las pruebas, el conjunto de datos no sea el mismo.

Esta métrica realiza la media de cada una de las tasas de acierto que se han realizado en cada una de las particiones.

4.3.3 Matriz de confusión

La matriz de confusión se usa típicamente en el aprendizaje automático para evaluar o visualizar el comportamiento de los modelos en contextos de clasificación supervisados. Es una matriz cuadrada en la que las filas representan

la clase real de las instancias y las columnas su clase predicha. Si estamos manejando una tarea de clasificación binaria, entonces la matriz de confusión es una matriz 2x2 que informa el número de verdaderos positivos (*TP*), negativos verdaderos (*TN*), falsos positivos (*FP*) y falsos negativos (*FN*) como se muestra en el siguiente ejemplo Figura 4-5. Una matriz de confusión $k \times k$ siempre se puede representar como un conjunto de k matrices de confusión binaria, una para cada clase real. En la práctica, la transformación explícita en matrices de confusión binaria no es necesaria, pero ayuda a demostrar cómo se calculan los diferentes indicadores de rendimiento de clasificación a partir de una matriz de confusión multiclase [45][46].

Esta matriz contiene toda la información bruta sobre las predicciones realizadas por un modelo de clasificación en un conjunto de datos determinado. Para evaluar la precisión de generalización de un modelo, es común utilizar un conjunto de datos de prueba que no se ha utilizado durante el proceso de aprendizaje de dicho modelo [47].

		inferred class		
		A	B	C
true class	A	a	b	c
	B	d	e	f
	C	g	h	i

		inferred class	
		A	not-A
true class	A	a (TP)	b+c (FN)
	not-A	d+g (FP)	e+f+h+i (TN)

Figura 4-5. Ejemplo de una matriz de confusión 3x3 para las clases A-C (izquierda) y la matriz de confusión binaria correspondiente para la clase A (derecha).

4.3.4 Separabilidad de las clases

Esta métrica permite averiguar si las muestras son separables entre ellas con la finalidad de poder identificar cada uno de los elementos que conforman dicha imagen. En este caso, los elementos de interés son el tejido sano del cerebro, el tejido canceroso, los vasos sanguíneos y *background*. Para poder

realizar dicha métrica, es necesario tener algunas muestras previamente etiquetadas. Es decir, a partir de ellas, se realizan todas las funciones necesarias para poder asignar el resto de píxeles que no han sido previamente etiquetados de la imagen a una de esas clases. Existen varias metodologías para calcular la separabilidad que hay entre las diferentes clases, que analizan cada una de las componentes principales que conforman las imágenes hiperespectrales, llegándose a ejecutar la función 129 veces, hay dos formas para poder calcular la separabilidad (Divergencia transformada y JM).

4.3.4.1 Divergencia transformada

La divergencia transformada da un crecimiento exponencial ponderado con el incremento de las distancias entre clases. Como regla general, si el resultado es mayor que 1.9, se pueden separar las clases. Si las clases se encuentran entre 1.7 y 1.9, la separación es moderadamente buena. Sin embargo, por debajo de 1.7 la separación es mala. A continuación, se muestra la fórmula de la divergencia transformada

$$TD_{ij} = 200 \left(1 - e^{-\frac{D_{ij}}{8}} \right) \quad (\text{Eq. 4-1})$$

donde i, j son las dos clases comparadas, D_{ij} es la divergencia de las clases y T , la cual es la función traspuesta. La función de la divergencia nos indica la matriz de covarianza de la clase i (C_i), el vector de las medias de dicha clase (μ_i), la matriz de traza (tr) y la función traspuesta (T) [48].

$$D_{ij} = \frac{1}{2} tr \left((C_i - C_j)(C_i^{-1} - C_j^{-1}) \right) + \frac{1}{2} tr \left((C_i^{-1} - C_j^{-1})(\mu_i - \mu_j)(\mu_i - \mu_j)^T \right) \quad (\text{Eq. 4-2})$$

4.3.4.2 Jeffries-Matusita (JM)

JM mide la separación entre dos clases en una escala de 0 a 2. La distancia JM tiene un comportamiento de saturación hacia el valor 2 a medida que aumenta la separación de clases. Para poder definirla matemáticamente debemos conocer primero la distancia de Bhattacharyya, que principalmente, mide la similitud de dos variables de dos distribuciones de probabilidad

$$B = \frac{1}{8}(\mu_i - \mu_j)^T \left(\frac{C_i + C_j}{2} \right)^{-1} (\mu_i - \mu_j) + \frac{1}{2} \ln \left(\frac{\frac{|C_i + C_j|}{2}}{\sqrt{|C_i| |C_j|}} \right) \quad (\text{Eq. 4-3})$$

donde i, j son las dos clases comparadas, C_i es la matriz de covarianza de la clase i , μ_i el cual es el vector de las medias de dicha clase y $|C_i|$ es el determinante de la matriz de covarianza. Ahora, partiendo de la distancia anterior definimos el índice de JM como

$$JM_{ij} = \sqrt{2(1 - e^{-B})} \quad (\text{Eq. 4-4})$$

4.3.5 Mapa de clasificación

Esta métrica de evaluación permite identificar de forma visual dónde se encuentran cada una de las diferentes clases. Por medio de una serie de conversiones, se transforman las muestras que tienen asignado una clase concreta y se convierte en un color previamente definido. En otras palabras, se le asigna por medio de una serie de funciones un color a cada clase. Para este TFG se le asignó el color verde a la primera clase (tejido sano), el color rojo a la segunda clase (tejido canceroso), el color azul a la cuarta clase (vasos sanguíneos) y el color negro a la quinta clase (*background*).

Este proceso permite visualizar al conjunto de muestras ya etiquetadas y predecir el tipo de clase que son las muestras que no han sido previamente etiquetadas.

4.4 Resultados

En esta sección se van a presentar los resultados de cada una de las técnicas de reducción dimensional empleadas, los cuales se van a dividir en experimentos con base de datos completa, experimentos con datos solamente etiquetados y unión de todas las técnicas de reducción dimensional. Dentro de cada técnica se

observan los resultados de las métricas de evaluación: *Accuracy*, matriz de confusión, separabilidad y mapa de clasificación.

La primera métrica de evaluación, (**accuracy**), como se ha comentado en el capítulo anterior, analiza los resultados en la partición entre los datos de entrenamiento y de prueba, calculando una media de los resultados (tasa de precisión).

La métrica **matriz de confusión**, permite la visualización de la separabilidad entre las diferentes clases. El proceso es el siguiente: cada columna de la matriz representa el número de predicciones de cada clase, mientras que cada fila representa a las instancias en la clase real, es decir, el objetivo principal es comprobar cuanta información es confundida.

En cuanto a la **separabilidad**, indica la diferencia máxima que hay entre cada clase (tejido tumoral, tejido sano, venas y *background*). Se ha utilizado el método JM (Jeffrey-Matsurita), el cual te indica que, si hay una separabilidad de 2, significa que la separabilidad es máxima (óptima), es decir, no se confunden las clases, en caso contrario, la separabilidad es mala si se encuentra a 1 o menos. La separabilidad será medianamente buena si se encuentra entre 1 y 2. Cada clase ha sido comparada con cada una de ellas entre sí, en otras palabras, se ha comparado la clase 1 con la clase 2, luego la clase 1 con la clase 3 y así sucesivamente hasta haber realizado las seis combinaciones posibles.

Por último, el **mapa de clasificación** muestra de manera visual la imagen RGB convertida en cuatro colores que están asociados a las 4 etiquetas o clases. El color verde es la clase 1 e indica el tejido sano, el color rojo es la clase 2 y muestra el tejido canceroso, el color azul es la clase 3 y señala los vasos sanguíneos y el último color, el negro es la clase 4 e identifica el *background*.

4.4.1 Técnicas de reducción dimensional individuales

A continuación, se van a presentar los resultados obtenidos por las diferentes técnicas de reducción seleccionadas y sin ninguna reducción dimensional con todos los datos del cubo en los cinco pacientes.

4.4.1.1 Sin reducción dimensional

- Accuracy

En este caso, se analizan los 129 componentes principales a la vez, por lo que, en vez de tener una gráfica que dependa de cada una de dichos componentes, tenemos sólo un valor que nos indica la tasa de precisión con todos los componentes juntos. Estos resultados se muestran en la Tabla 4-1. Se puede observar que la tasa de precisión es muy elevada, llegando al 99.65% de precisión en el tercer paciente.

Tabla 4-1. Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes sin ninguna técnica de reducción dimensional.

	Accuracy (%)
Paciente 1	99.0321
Paciente 2	98.8954
Paciente 3	99.6535
Paciente 4	97.8310
Paciente 5	93.7548

- Matriz de confusión

Con esta métrica, se observa que se confunden algunas clases entre sí. En el primer paciente (Tabla 4-2) y en el tercero (Tabla 4-4) sólo dos tipos de clase con las que se confunden, sin embargo, en el segundo (Tabla 4-3), cuarto (Tabla 4-5) y quinto (Tabla 4-6) se llegan a confundir todas o casi todas las clases entre sí, por lo que la precisión es menor. Se observa que hay cierto paralelismo con los resultados de la tasa de precisión, puesto cuanto más definida está la separabilidad entre clases, mayor es la tasa de precisión.

Paciente 1:

Tabla 4-2. Matriz de confusión del primer paciente sin reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1214	46	0
Clase 3	0	7	1285	0
Clase 4	0	0	0	630

Se puede observar que la clase 1 (tejido sano) y la clase 4 (*background*) no se confunden en ningún momento, sin embargo, la clase 2 y la clase 3 se confunden entre sí en ocasiones. Si se comparan con las muestras acertadas, el número de muestras erróneas es bajo.

Paciente 2:

Tabla 4-3. Matriz de confusión del segundo paciente sin reducción dimensional

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4492	72	2	28
Clase 2	0	745	4	6
Clase 3	24	38	8691	0
Clase 4	0	0	0	1651

Respecto al segundo paciente, todas las clases son confundidas en algún momento entre sí. La clase que más se confunde es la segunda (tejido tumoral). Al compararlas con las muestras acertadas, el número de muestras erróneas es más elevado.

Paciente 3:

Tabla 4-4. Matriz de confusión del tercer paciente sin reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1250	0	2	0
Clase 2	1	2046	0	25
Clase 3	0	0	4087	0
Clase 4	0	0	0	671

En cuanto al tercer paciente, la matriz de confusión es prácticamente perfecta a excepción de 25 muestras que son confundidas entre las clases 2 y 4 (tumor y *background*).

Paciente 4:

Tabla 4-5. Matriz de confusión del cuarto paciente sin reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1810	0	177	0
Clase 2	1	3655	0	0
Clase 3	31	0	1336	0
Clase 4	0	0	0	2625

El cuarto paciente, muestra un número moderado de errores entre las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos), siendo las únicas clases que se confunden, a excepción de una muestra entre la clase 1 y 2 (tejido sano y tejido tumoral).

Paciente 5:

Tabla 4-6. Matriz de confusión del quinto paciente sin reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	111	0
Clase 2	0	1191	0	157
Clase 3	0	0	727	0
Clase 4	0	91	69	3530

En el caso de este paciente, se puede observar que se confunden un gran número de muestras entre las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos) y la clase 2 y 4 (tumor y *background*). Luego hay un menor número de muestras que son confundidas entre la clase 3 y 4 (vasos sanguíneos y *background*).

Todos los resultados obtenidos en las tablas, corroboran la tasa de precisión dada, puesto que el primer y tercer paciente son los que mayor tasa de precisión poseen, llegando al 99%, y también los que han obtenido una matriz de confusión casi perfecta. El resto de pacientes tienen una menor precisión, que concuerda con sus matrices de confusión, las cuales poseen más muestras erróneas.

- **Separabilidad**

Se muestra en la siguiente tabla, Tabla 4-7, como en todos los pacientes, a excepción del cuarto paciente, la posible separabilidad entre las clases es máxima. Sin embargo, en el cuarto paciente a la hora de calcular la separabilidad entre las dos primeras clases, no dio ningún resultado entre los valores 0 y 2.

Tabla 4-7. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas.

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	2	2	2	2	2	2
Paciente 2	2	2	2	2	2	2
Paciente 3	2	2	2	2	2	2
Paciente 4	NaN	1,9995	2	2	2	2
Paciente 5	2	2	2	2	2	2

- **Mapa de clasificación**

A continuación, se van a mostrar en las siguientes figuras, las imágenes de los pacientes con las muestras que ya se encontraban clasificadas (imagen de la izquierda) para poder compararlas con el mapa de clasificación resultante de cada paciente tras todo el procesamiento y clasificación de las imágenes (imagen de la derecha). Las figuras Figura 4-6, Figura 4-7, Figura 4-8, Figura 4-9 y Figura 4-10 corresponden a los pacientes 1, 2, 3, 4 y 5 respectivamente. La mayoría de estos mapas muestran de manera precisa la localización del tumor cerebral, su tamaño y los límites de éstos.

Paciente 1:

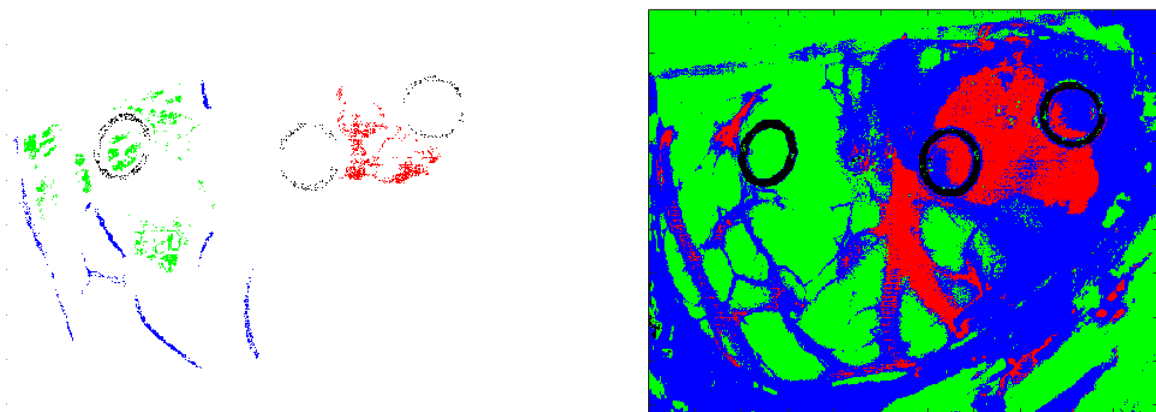


Figura 4-6. Mapa de clasificación del primer paciente sin reducción dimensional.

El mapa de clasificación te muestra de forma precisa la localización y la forma del tumor. También se puede observar que hay pequeñas zonas en la que se aprecia que puede empezar a desarrollarse nuevas zonas tumorales, sin embargo, en la matriz de confusión (Tabla 4-2) se indica que la clase 2 es

confundida con la clase 3, por lo que, esas pequeñas zonas pueden ser erróneas y ser sanas.

Paciente 2:

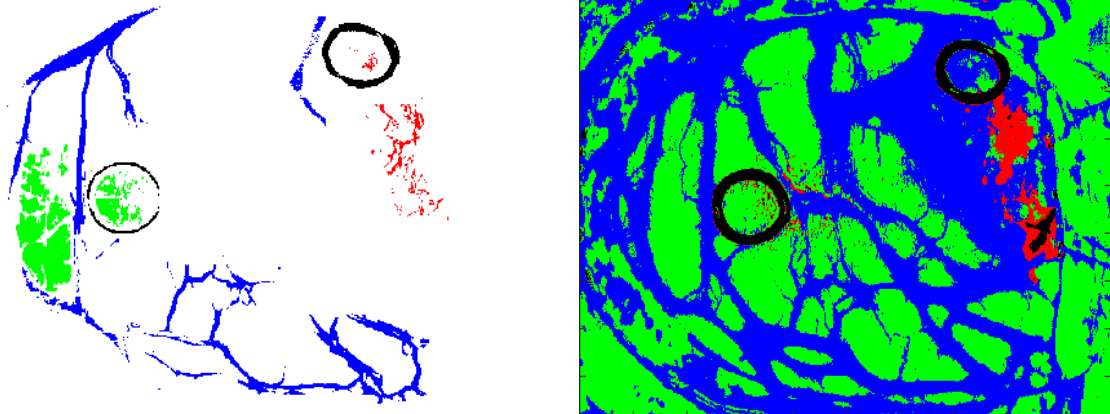


Figura 4-7. Mapa de clasificación del segundo paciente sin reducción dimensional.

En cuanto al segundo paciente, el mapa de clasificación identifica dónde se encuentra el tejido tumoral y su forma. Por otro lado, también muestra una pequeña zona dónde parece que se está desarrollando un tumor, sin embargo, si nos fijamos en su matriz de confusión, Tabla 4-3, las dos primeras clases se confunden, por lo que esa zona podría ser sana.

Paciente 3:

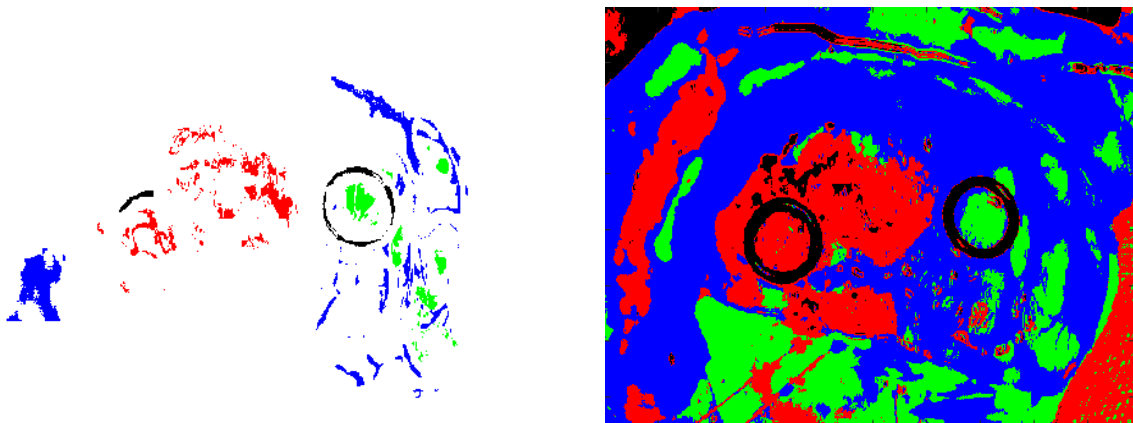


Figura 4-8. Mapa de clasificación del tercer paciente sin reducción dimensional.

Respecto al mapa de clasificación del tercer paciente, hay muchas zonas que se clasifican como tejido tumoral cuando realmente, en la imagen RGB, Figura 3-6, se aprecia que son objetos externos o tejidos que cubren la zona cerebral.

Paciente 4:

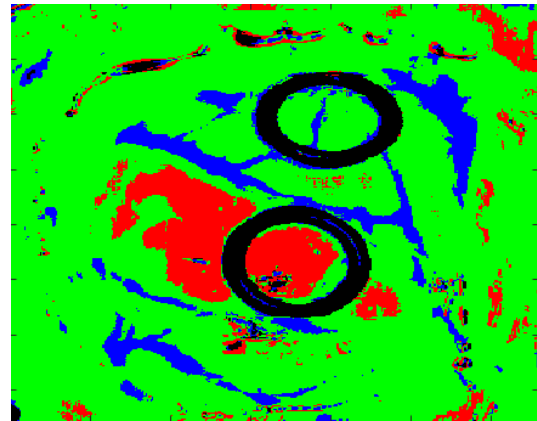
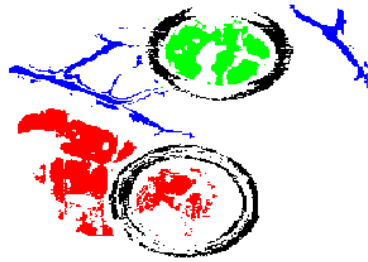


Figura 4-9. Mapa de clasificación del cuarto paciente sin reducción dimensional.

El mapa de clasificación del cuarto paciente, muestra de manera clara la localización del tejido tumoral, sin embargo, también hay muestras del tejido tumoral expandidas en la imagen que es posible que realmente no sean tumor.

Paciente 5:

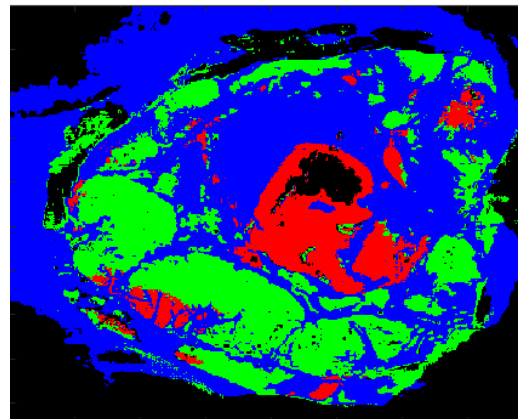
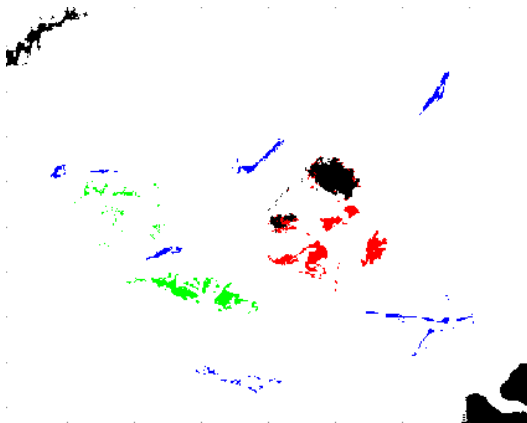


Figura 4-10. Mapa de clasificación del quinto paciente sin reducción dimensional.

En este caso, el quinto paciente, en el mapa de clasificación se observa la localización y la forma del tumor cerebral. Hay muestras clasificadas como tejido tumoral, cuando en realidad es probable que sea otro tipo de clase. Esas muestras erróneas se indican en su matriz de confusión, Tabla 4-6.

Se puede observar que, sin necesidad de usar ninguna técnica de reducción dimensional, se identifica de forma precisa donde se encuentra el tumor cerebral.

4.4.1.2 PCA

- Accuracy

A continuación, se muestran varias gráficas de los cinco pacientes (Figura 4-11, Figura 4-12, Figura 4-13, Figura 4-14 y Figura 4-15). Estas gráficas tienen como finalidad indicar con qué número de componentes principales se obtiene una tasa de precisión máxima, no obstante, como en el caso del primer y segundo paciente, Figura 4-11 y Figura 4-12, a partir de una dimensionalidad determinada, la tasa de precisión no cambia. En este caso, se escoge como valor óptimo la mayor dimensionalidad en la que la precisión es máxima. Esto es debido a que, a la hora de utilizar la métrica mapa de clasificación, el último componente principal posee más precisión a la hora de indicar donde se encuentra la localización, tamaño y forma que tiene el tumor, esto se visualiza en las siguientes figuras: Figura 4-21, Figura 4-22 y Figura 4-23.

En el mapa de clasificación se observa la evolución de la precisión de las muestras al utilizar los diferentes componentes principales con la misma tasa de precisión.

Paciente 1:

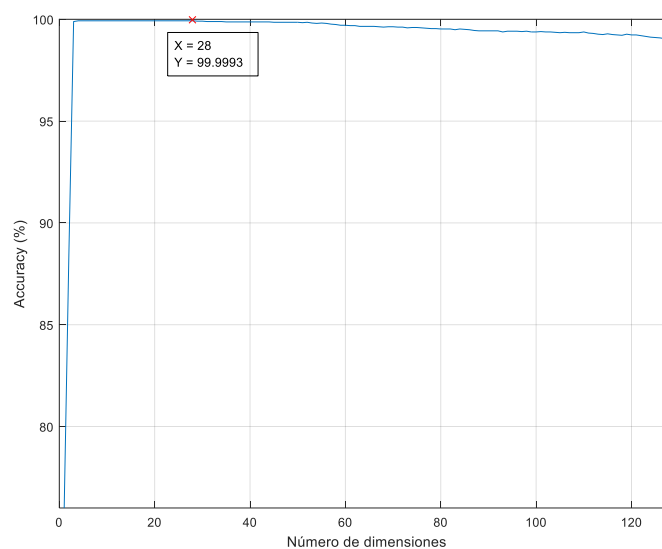


Figura 4-11. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica PCA.

En la gráfica se indica que la tasa de acierto es del 99.9993%, rozando la precisión máxima. Se puede observar que, esa precisión se alcanza con un

número menor de componentes, sin embargo, se escoge un mayor número de componentes, 28, porque en el mapa de clasificación resultante se visualiza de manera más detallada la correcta localización de las clases.

Paciente 2:

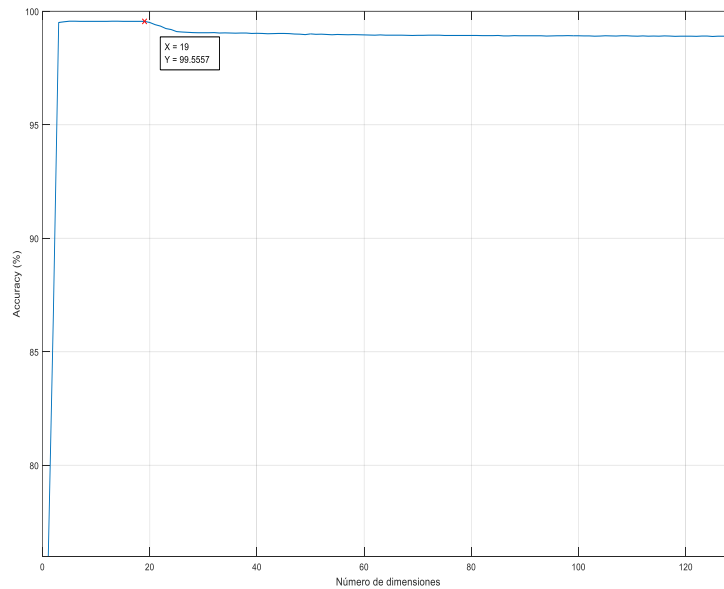


Figura 4-12. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica PCA.

En cuanto al segundo paciente, se sigue el mismo planteamiento utilizado con el primer paciente. Cabe destacar que sólo se utilizan 19 componentes principales y da una tasa de acierto del 99.5557%, de los 129 que posee la imagen.

Paciente 3:

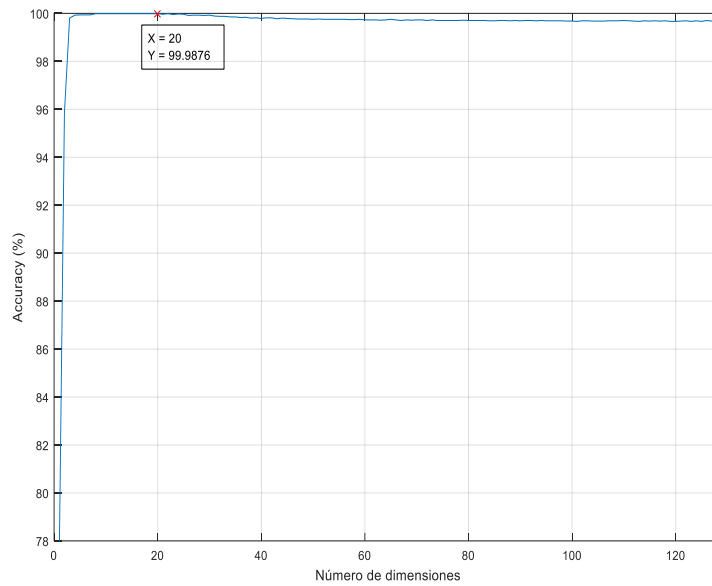


Figura 4-13. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica PCA.

Respecto al tercer paciente, la tasa de precisión también es muy elevada, concretamente un 99.9876%, rozando el 100% con sólo 20 componentes principales, como en el caso de los dos primeros pacientes, se escoge el último componente principal con la misma tasa de precisión puesto que aporta más información a la hora de generar el mapa de clasificación.

Paciente 4:

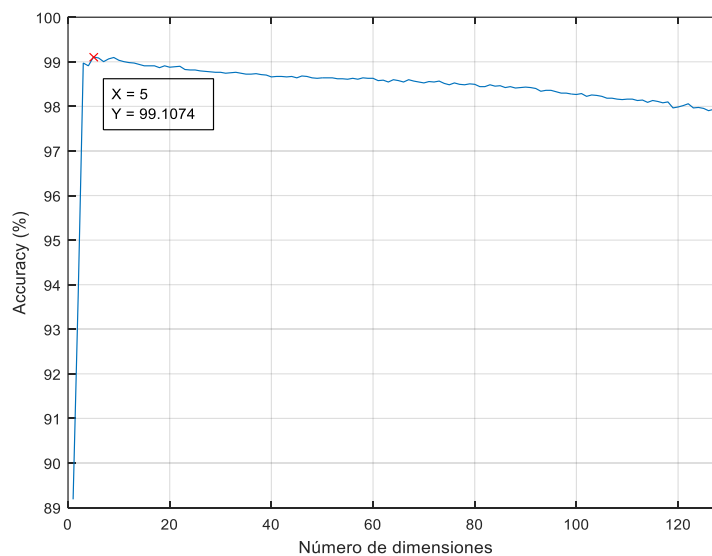


Figura 4-14. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica PCA

En esta gráfica, se observa que el punto más alto es en la banda 5 con una tasa de acierto alrededor del 99%. Es una precisión muy alta para utilizar tan pocos componentes.

Paciente 5

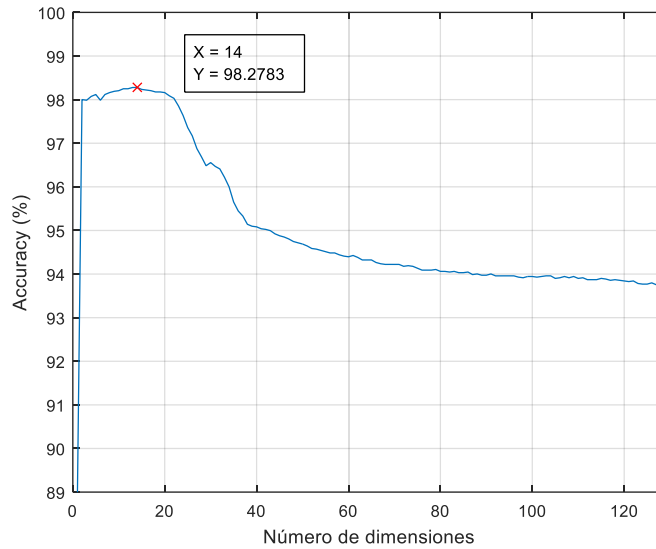


Figura 4-15. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica PCA.

Por último, el quinto paciente, llega a un nivel máximo de precisión del 98%, siendo la precisión más baja en comparación con los resultados de los otros pacientes. No obstante, sigue siendo una tasa de acierto muy buena.

- **Matriz de confusión**

A continuación, se muestran los resultados de la métrica de evaluación **matriz de confusión** de todos los pacientes (Tabla 4-8, Tabla 4-9, Tabla 4-10, Tabla 4-11 y Tabla 4-12). Dichas tablas muestran qué clases son las que se confunden y dentro de esas clases, la cantidad de información que es confundida. Como se puede observar, los componentes principales que se analizan aquí, son los mismos que se muestran las gráficas anteriores.

Paciente 1: (Componente principal 28)

Tabla 4-8. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional PCA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1217	0	0
Clase 3	0	4	1331	0
Clase 4	0	0	0	630

En el caso del primer paciente, solamente son confundidas cuatro muestras entre la clase 2 y 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos), estas cuatro muestras erróneas son prácticamente despreciables en comparación con el resto de muestras aceptadas.

Paciente 2: (Componente principal 19)

Tabla 4-9.. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional PCA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4498	0	2	10
Clase 2	0	820	1	3
Clase 3	18	35	8694	1
Clase 4	0	0	0	1671

En cuanto al segundo paciente, son confundidas más muestras en todas las clases. No obstante, el número de muestras erróneas no es elevado. La clases que se confunden son: las clases 1 (tejido sano) y 3 (vasos sanguíneos), la clase 1 (tejido sano) y la 4 (*background*), la clase 2 (tejido tumoral) con la 3 (vasos sanguíneos) y por último, la clase 3 (vasos sanguíneos) con la 4 (*background*).

Paciente 3: (Componente principal 20)

Tabla 4-10. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional PCA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1251	0	0	0
Clase 2	0	2046	0	1
Clase 3	0	0	4089	0
Clase 4	0	0	0	695

Respecto al paciente 3, la matriz es casi perfecta a excepción de una muestra de la clase 2 (tejido tumoral) que ha sido confundida por la clase 4 (*background*). Por lo que se puede despreciar esa muestra.

Paciente 4: (Componente principal 5)

Tabla 4-11. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional PCA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1791	0	35	0
Clase 2	0	3655	0	0
Clase 3	51	0	1478	0
Clase 4	0	0	0	2625

En el caso del cuarto paciente, solamente se confunden las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos), el número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son pocas, pero algo elevadas en comparación con los otros pacientes, por lo que se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

Paciente 5: (Componente principal 14)

Tabla 4-12. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional PCA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	0	0
Clase 2	0	1171	0	7
Clase 3	0	0	907	0
Clase 4	0	111	0	3680

Por último, el quinto paciente es el que más muestras erróneas ha obtenido. Estas muestras son confundidas por la clase 2 y 4 (tejido tumoso y vasos sanguíneos). El número de muestras erróneas es algo elevado para solamente confundirse en dos clases, por lo que, como en el paciente anterior, se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

Se puede observar que, si no son idénticas, son muy similares a los resultados que se analizaron sin reducción dimensional. La diferencia es que los resultados en vez de darse tras calcular las 129 componentes principales, en este caso con utilizar 28 componentes principales sería suficiente para obtener prácticamente la misma información.

- **Separabilidad**

A continuación, se muestra la siguiente tabla, Tabla 4-13, donde se recogen todos los pacientes y la separabilidad que hay entre las diferentes clases, La Tabla 4-13 recoge los componentes principales que se han analizado en las métricas de evaluación anteriores. Se eligen esos componentes puesto que son los que mejor se identifican entre ellos, es decir, poseen mayor separabilidad.

Tabla 4-13. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica PCA

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	2	2	2	1.9926	2	2
Paciente 2	2	2	2	2	2	2
Paciente 3	2	2	2	2	2	2
Paciente 4	1.9990	1.8530	2	2	2	2
Paciente 5	2	2	2	2	1.9974	2

- **Mapa de clasificación**

A continuación, se van a mostrar las imágenes de las muestras etiquetadas (imágenes situadas a la izquierda), para después poder compararlas con el mapa de clasificación que se obtiene de los componentes principales que se han evaluado con las otras métricas de evaluación (imágenes situadas a la derecha) tras usar la reducción dimensional PCA.

Respecto al primer, segundo y tercer paciente, las figuras (Figura 4-21, Figura 4-22 y Figura 4-23) muestran una pequeña evolución de los mapas de clasificación con la misma tasa de acierto con diferentes componentes principales. Esto se hace para demostrar por qué se escoge el componente principal mayor cuando varios componentes principales anteriores tenían exactamente la misma tasa de acierto. Demostrando la ventaja de usar el último componente principal, que el primero, con el mismo *accuracy*.

Estas figuras se muestran a todos los pacientes (Figura 4-16, Figura 4-17, Figura 4-18, Figura 4-19 y Figura 4-20). Como se observa, los mapas de clasificación son muy parecidos a los que se mostraron sin reducción dimensional. La diferencia a destacar es que los componentes principales se han reducido de manera considerable.

El primer, segundo y tercer paciente, Figura 4-16, Figura 4-17 y Figura 4-18 también muestran una pequeña evolución de los mapas de clasificación con la misma tasa de acierto, pero mayor uso de componentes principales. Demostrando

la ventaja de usar el último componente principal, que el primero con el mismo *accuracy*.

Paciente 1:

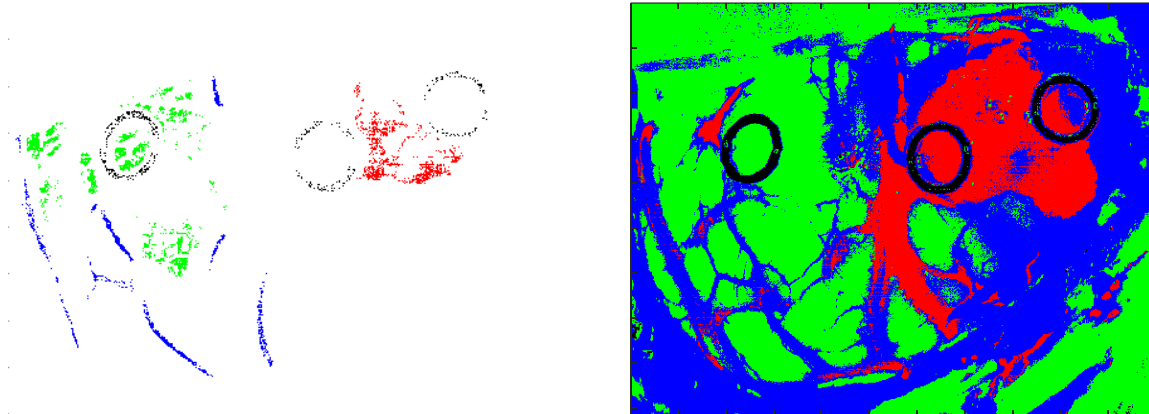


Figura 4-16. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica PCA.

El mapa de clasificación del primer paciente te localiza de manera precisa el tejido tumoral, sin embargo, como en el caso sin técnica de reducción dimensional, hay algunas muestras que indican una clase que realmente no son, en este caso las clases que se confunden son la 2 y la 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos).

Paciente 2:

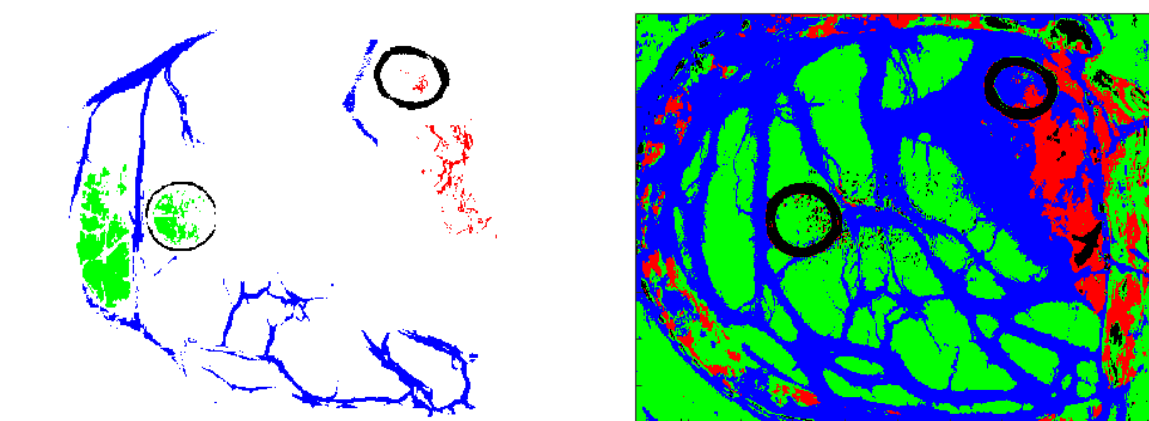


Figura 4-17. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica PCA.

Respecto al mapa de clasificación del segundo paciente, se visualiza dónde se encuentra el tumor, sin embargo, también hay más muestras erróneas que indican que alrededor del cerebro hay tejido tumoral generándose, cuando realmente, es parte del cráneo (Figura 3-5).

Paciente 3:

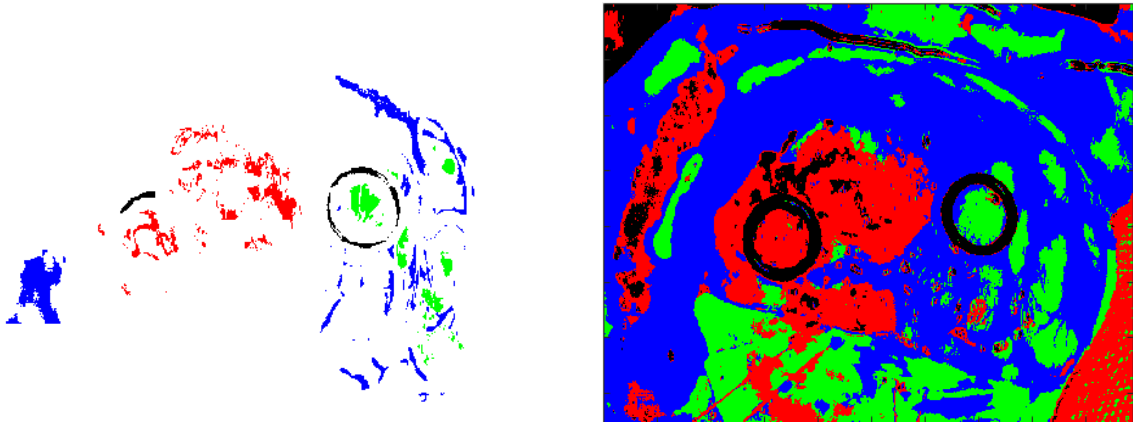


Figura 4-18. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica PCA.

En cuanto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose.

Paciente 4:

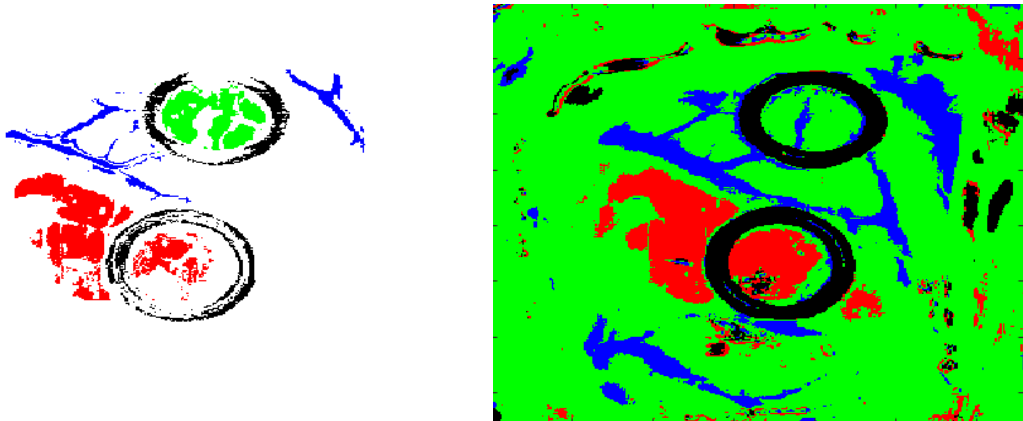


Figura 4-19. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica PCA.

El mapa de clasificación del cuarto paciente indica la localización y el tamaño de forma precisa del tejido tumoral, sin embargo, puede haber un par de muestras erróneas en la imagen, pero pueden ser despreciables.

Paciente 5:

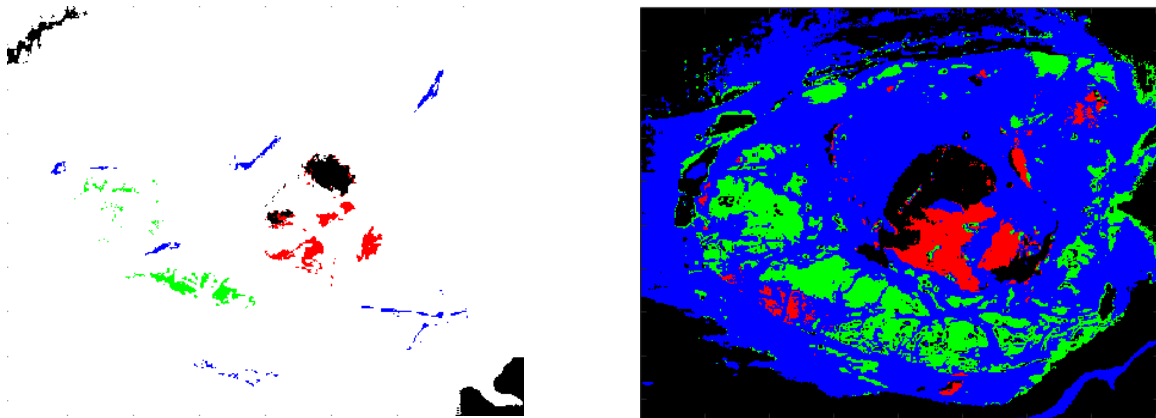


Figura 4-20. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA.

En cuanto al quinto paciente, se puede observar donde se encuentra el tumor cerebral, sin embargo, cabe destacar que la clase 2 y 4 (tejido tumoral y *background*) se confunden mucho como se aprecia en su matriz de confusión, por lo que, la parte negra puede ser en realidad tumor.

A continuación, se muestran la evolución de los mapas de clasificación de los tres primeros pacientes. La primera fila mostrará los mapas de varios componentes principales con la misma tasa de precisión y en la segunda fila, se mostrará la comparación entre el mapa de clasificación del componente principal de referencia, en este caso es el 28 respecto al primer paciente, 19 en el segundo paciente y 20 en el tercer paciente, con otros componentes con la misma precisión. Tras realizar la comparación de los mapas, la imagen que se visualiza es el mapa resultante en blanco y negro (binario), donde las muestras blancas indican que hay diferencia entre los mapas, y el negro que las muestras coinciden.

Evolución del primer paciente:

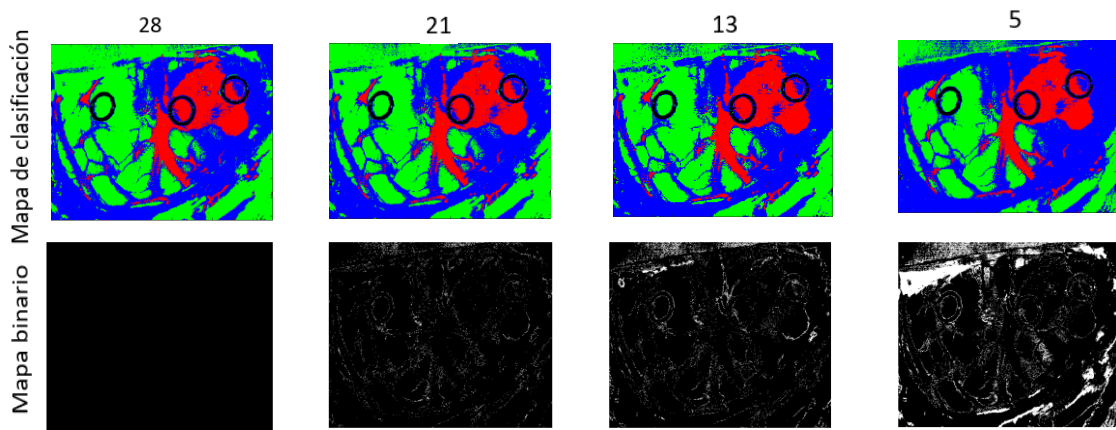


Figura 4-21. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente

Se puede observar que, hay mas muestras diferentes a la hora de comparar el mayor componente principal con el menor. Esto demuestra que los componentes escogidos poseen más información que los menores.

Evolución del segundo paciente:

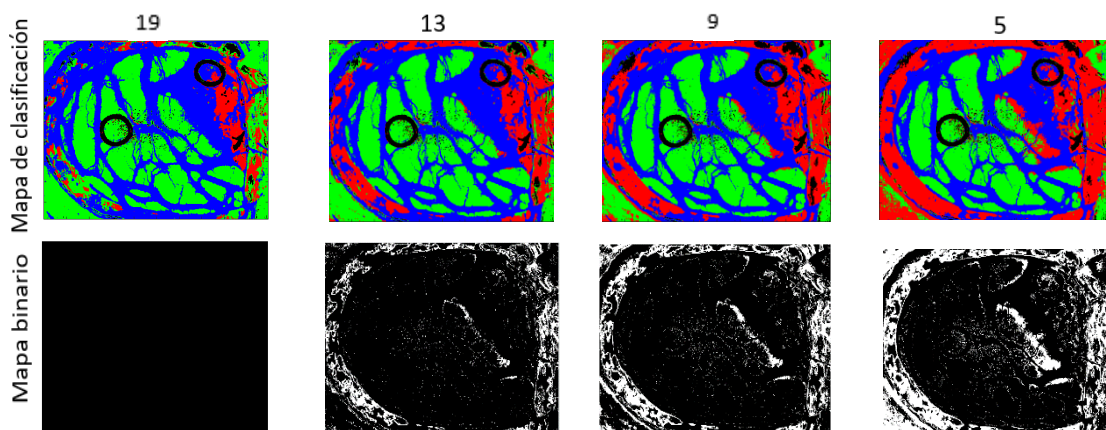


Figura 4-22. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente.

En este caso, se observa mucho más la diferencias de muestras entre varias componentes principales con una misma tasa de presición. Escogiendo el último componente principal, el número de errores disminuye notablemente en comparación con el resto.

Evolución del tercer paciente:

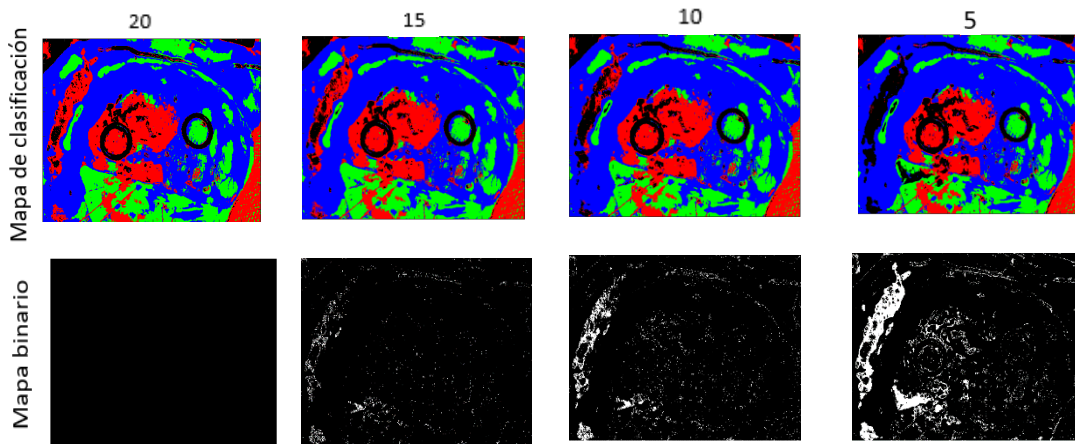


Figura 4-23. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente.

En este caso, se observa que el número de muestras diferentes al principio es alta, sin embargo entre el componente principal 15 y 20, el número de muestras es mucho menor y en el mapa de clasificación no se observa mucha diferencia.

Se puede observar que en todos los pacientes la localización del tumor. El primer (Figura 4-16), cuarto (Figura 4-19) y quinto (Figura 4-20) paciente muestran con gran precisión donde se encuentra situado el tumor y su forma, sin embargo, en el segundo paciente (Figura 4-17), aunque se identifica de manera precisa el tejido tumoral, se confunde la parte donde se encuentra el cráneo con tejido tumoral.

4.4.1.3 MDS

- **Accuracy**

A continuación, se muestran los resultados de la técnica MDS de los cinco pacientes (Figura 4-24, Figura 4-25, Figura 4-26, Figura 4-27 y Figura 4-28). Se sigue con la misma metodología que en las métricas de evaluación anteriores. Se puede observar que las gráficas obtenidas son muy parecidas a la técnica de reducción dimensional PCA, variando algunas décimas la tasa de precisión o el uso de algún componente principal siendo un componente principal menor que en caso de la técnica de reducción anterior.

Paciente 1:

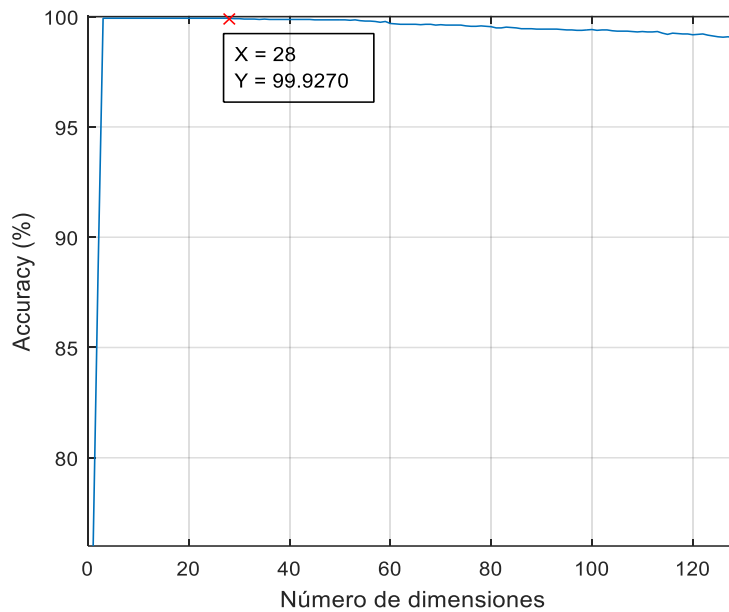


Figura 4-24. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica MDS.

En esta gráfica se indica que la tasa de acierto es del 99.9270%, cerca de la precisión máxima. Se puede observar que, esa precisión se alcanza con un número menor de componentes, sin embargo, se escoge el mayor número de componentes, 28, porque en el mapa de clasificación resultante se visualiza de manera más detallada la correcta localización de las clases.

Paciente 2:

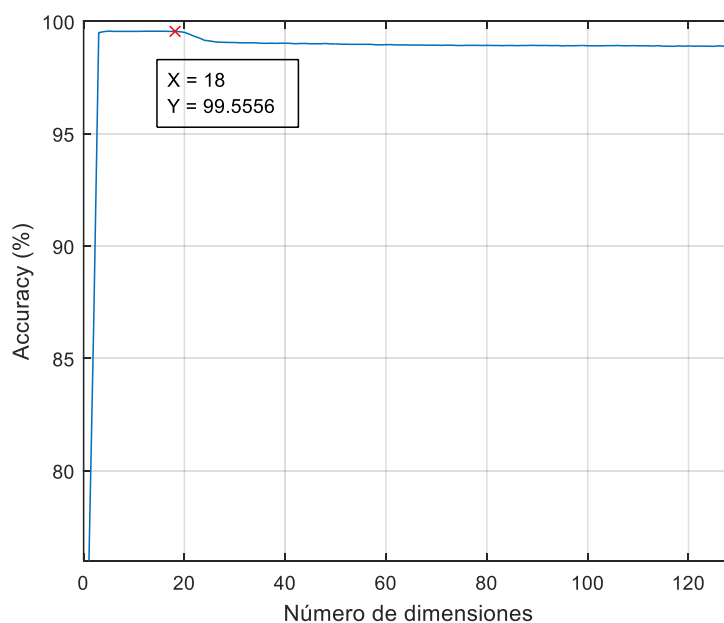


Figura 4-25. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica MDS.

El segundo paciente, sigue el mismo planteamiento utilizado con el primer paciente. Cabe destacar que sólo se utilizan 18 componentes principales y da una tasa de acierto del 99.5556%, de los 129 que posee la imagen.

Paciente 3:

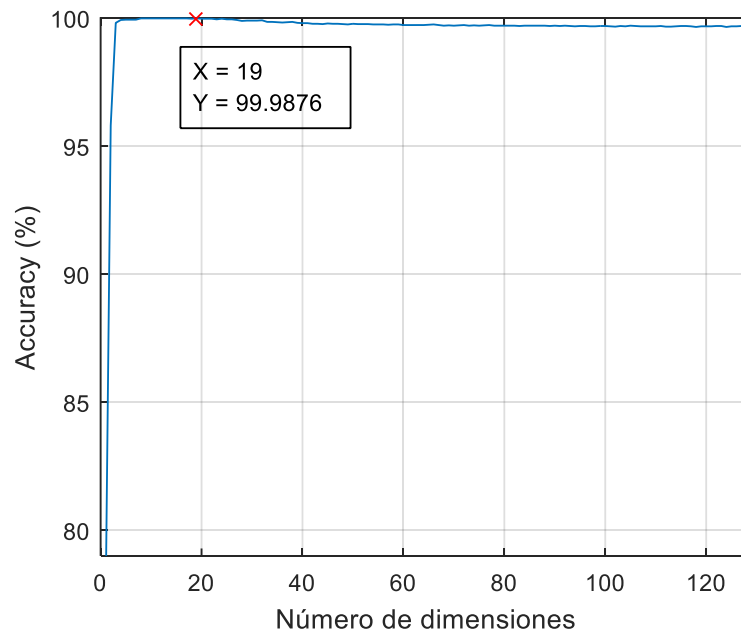


Figura 4-26. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica MDS.

Respecto al tercer paciente, la tasa de precisión también es muy elevada, concretamente un 99.9876%, rozando la tasa de acierto máxima, con sólo 19 componentes principales, como en el caso de los dos primeros pacientes, se escoge el último componente principal con la misma tasa de precisión puesto que aporta más información a la hora de generar el mapa de clasificación.

Paciente 4:

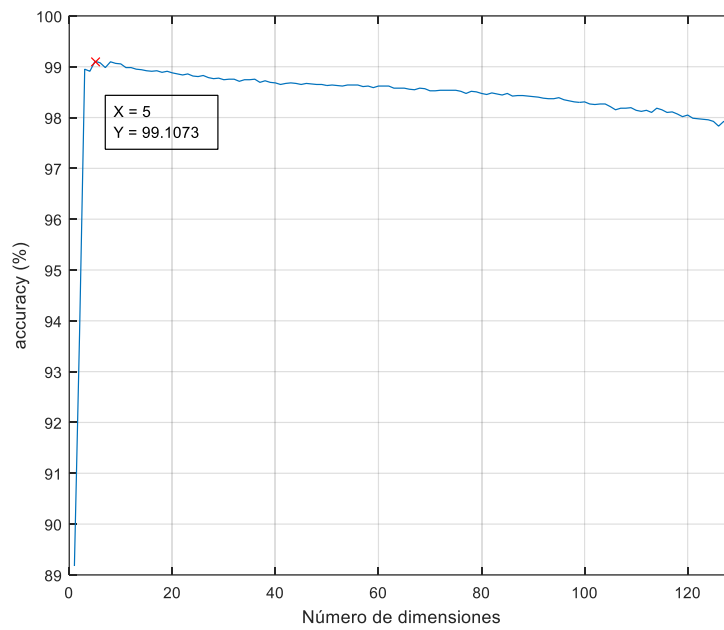


Figura 4-27. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica MDS.

En esta gráfica, se observa que el punto más alto es en la banda 5 con una tasa de acierto alrededor del 99%. Es una precisión muy alta para utilizar tan pocos componentes. Sin embargo, no hay varios componentes principales seguidos con la misma tasa de acierto.

Paciente 5:

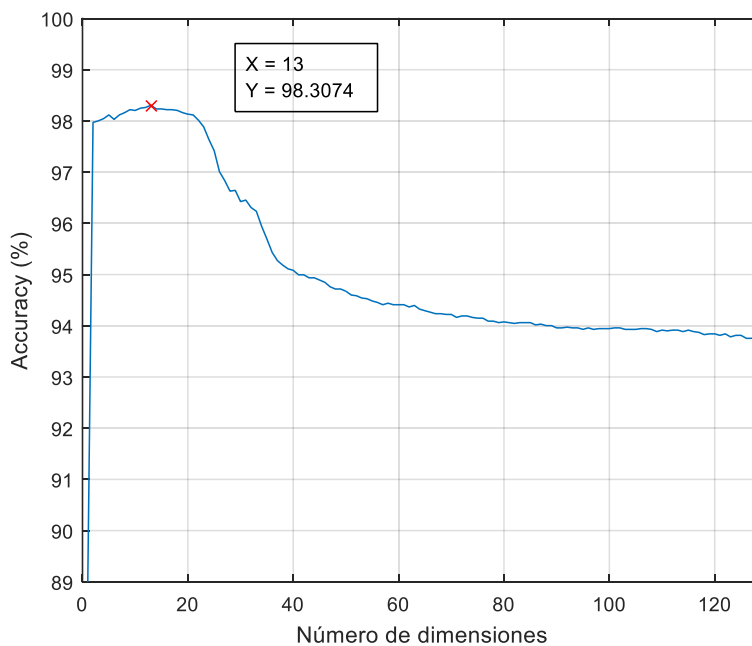


Figura 4-28. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica MDS.

Por último, el quinto paciente, llega a un nivel máximo de precisión del 98%, siendo la precisión más baja en comparación con los resultados de los otros pacientes. No obstante, sigue siendo una tasa de acierto muy alta.

- **Matriz de confusión**

A continuación, se muestran los resultados de la matriz de confusión de la técnica MDS de los cinco pacientes (Tabla 4-14, Tabla 4-15, Tabla 4-16, Tabla 4-17 y Tabla 4-18), siendo prácticamente los mismos resultados que con la técnica PCA y sin ninguna técnica de reducción. Algunos de los componentes principales varían una componente principal superior o inferior.

Paciente 1: (Componente principal 28)

Tabla 4-14. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional MDS.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1217	0	0
Clase 3	0	4	1331	0
Clase 4	0	0	0	630

En el caso del primer paciente, solamente son confundidas cuatro muestras entre la clase 2 y 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos), estas cuatro muestras erróneas son prácticamente despreciables en comparación con el resto de muestras aceptadas. Este resultado también se observa cuando se utiliza la técnica PCA, Tabla 4-8.

Paciente 2: (Componente principal 18)

Tabla 4-15. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional MDS.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4498	0	2	10
Clase 2	0	820	1	3
Clase 3	18	35	8694	1
Clase 4	0	0	0	1671

En cuanto al segundo paciente, son confundidas más muestras en todas las clases. No obstante, el número de muestras erróneas no es elevado. Las clases que se confunden son: las clases 1 (tejido sano) y 3 (vasos sanguíneos), la clase 1 (tejido sano) y la 4 (*background*), la clase 2 (tejido tumoral) con la 3 (vasos sanguíneos) y por último, la clase 3 (vasos sanguíneos) con la 4 (*background*).

Paciente 3: (Componente principal 19)

Tabla 4-16. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional MDS.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1251	0	0	0
Clase 2	0	2046	0	1
Clase 3	0	0	4089	0
Clase 4	0	0	0	695

Respecto al paciente 3, la matriz es casi perfecta a excepción de una muestra de la clase 2 (tejido tumoral) que ha sido confundida por la clase 4 (*background*). Por lo que se puede despreciar esa muestra.

Paciente 4: (Componente principal 5)

Tabla 4-17. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional MDS.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1791	0	35	0
Clase 2	0	3655	0	0
Clase 3	51	0	1478	0
Clase 4	0	0	0	2625

En el caso del cuarto paciente, solamente se confunden las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos), el número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son pocas, pero algo elevadas en comparación con los otros pacientes, por lo que se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

Paciente 5: (Componente principal 13)

Tabla 4-18. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional MDS.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	0	0
Clase 2	0	1170	0	4
Clase 3	0	0	907	0
Clase 4	0	112	0	3683

Por último, el quinto paciente es el que más muestras erróneas ha obtenido, estas muestras son confundidas por la clase 2 y 4 (tejido tumoral y vasos sanguíneos). El número de muestras erróneas es algo elevado para solamente confundirse en dos clases, por lo que, como en el paciente anterior, se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

- **Separabilidad**

Como en la técnica de reducción anterior, se muestra la Tabla 4-19, donde se recogen todos los pacientes y la separabilidad de las diferentes clases que hay entre ellas, se indicará en la tabla a partir de qué componente principal la separabilidad es la máxima. En este caso, como en los anteriores, las componentes principales son las mismas que de los apartados anteriores. La separabilidad entre las clases es muy alta, llegando a ser máximas en muchas de ellas.

Tabla 4-19. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica MDS.

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	2	2	2	1.9926	2	2
Paciente 2	2	2	2	2	2	2
Paciente 3	2	2	2	2	2	2
Paciente 4	1.9990	1.8530	2	2	2	2
Paciente 5	2	2	2	2	1.9967	2

- **Mapa de clasificación**

A continuación, se van a mostrar las imágenes en RGB, para después poder compararlas con el mapa de clasificación tras usar la reducción dimensional MDS. Las siguientes figuras: Figura 4-29, Figura 4-30, Figura 4-31, Figura 4-32 y Figura 4-33 muestran las componentes principales utilizadas en las métricas anteriores de todos los pacientes. Como en la técnica anterior, donde se puede observar menos precisión es en el segundo y tercer paciente (Figura 4-30 y Figura 4-31).

Paciente 1:

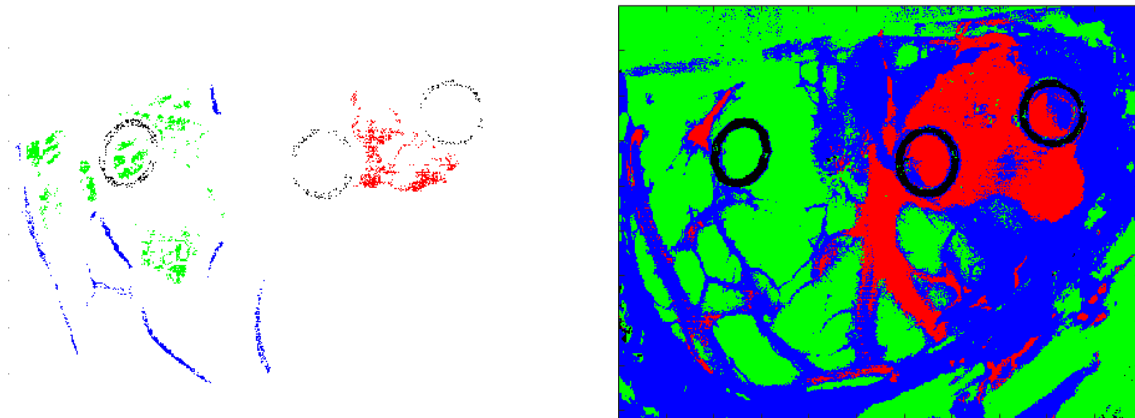


Figura 4-29. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica MDS.

El mapa de clasificación del primer paciente localiza de manera precisa el tejido tumoral, sin embargo, como en el caso sin técnica de reducción dimensional, hay algunas muestras que indican una clase que realmente no son, en este caso las clases que se confunden son la 2 y la 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos).

Paciente 2:

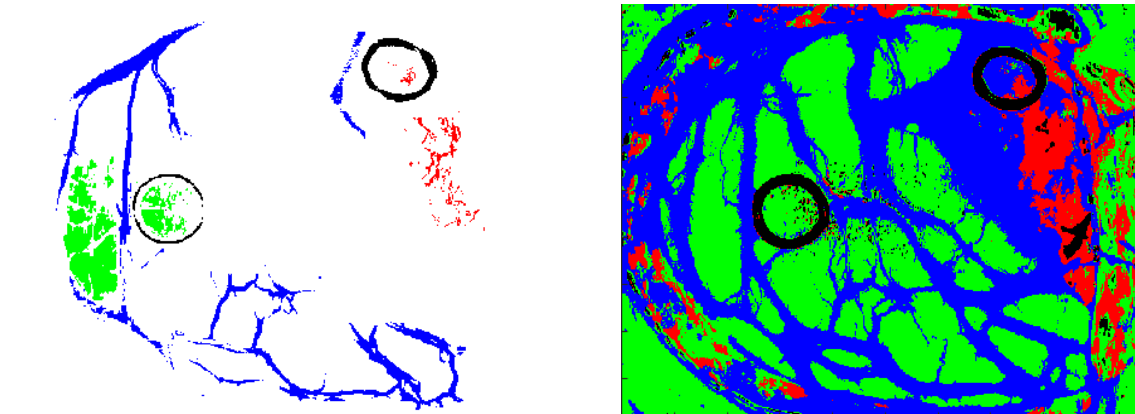


Figura 4-30. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica MDS.

Respecto al mapa de clasificación del segundo paciente, se visualiza dónde se encuentra el tumor, sin embargo, también hay más muestras erróneas que apuntan que alrededor del cerebro hay tejido tumoral generándose, cuando realmente, es parte del cráneo (Figura 3-5).

Paciente 3:

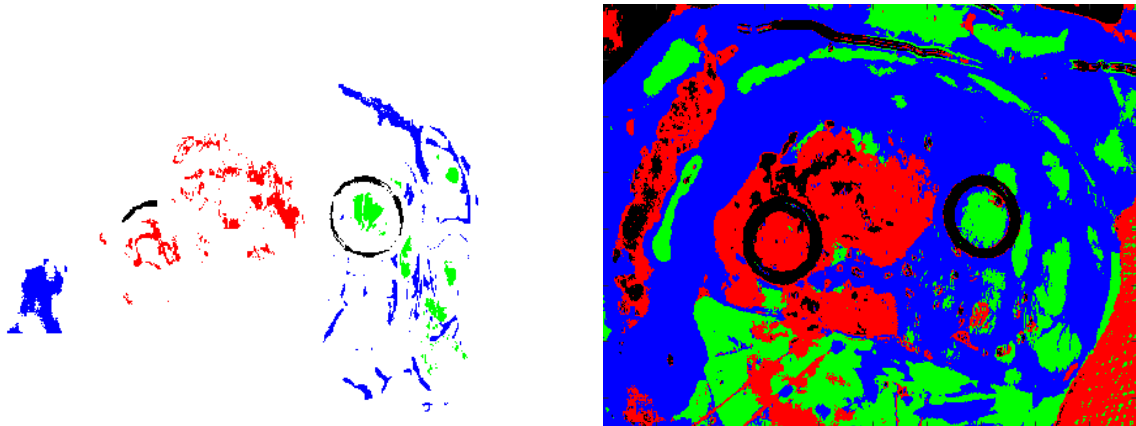


Figura 4-31. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica MDS.

En cuanto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose.

Paciente 4:

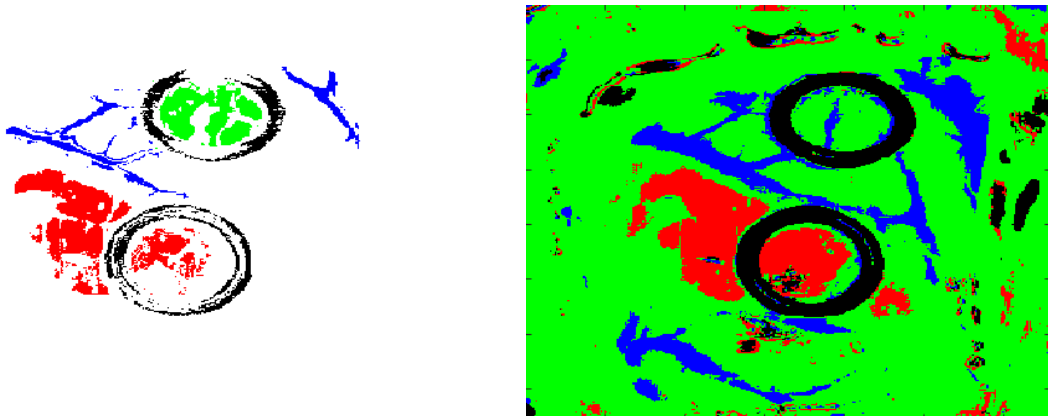


Figura 4-32. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica MDS.

El mapa de clasificación del cuarto paciente indica la localización y el tamaño de forma precisa del tejido tumoral, sin embargo, puede haber un par de muestras erróneas en la imagen, pero pueden ser despreciables.

Paciente 5:

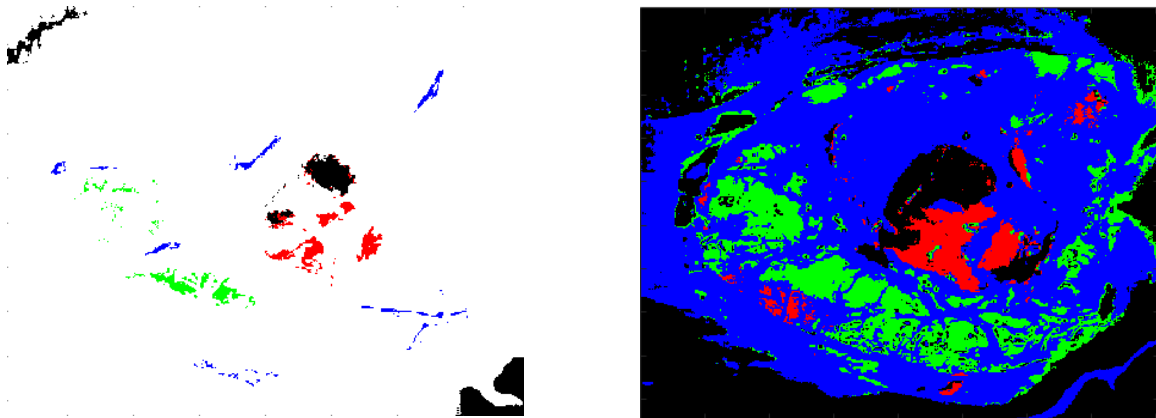


Figura 4-33. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA.

En cuanto al quinto paciente, se puede observar dónde se encuentra el tumor cerebral, sin embargo, cabe destacar que la clase 2 y 4 (tejido tumoral y *background*) se confunden mucho como se aprecia en su matriz de confusión, por lo que, la parte negra puede ser en realidad tumor.

A continuación, se muestra la evolución de los mapas de clasificación de los tres primeros pacientes. La primera fila mostrará los mapas de varios componentes principales con la misma tasa de precisión y en la segunda fila, se mostrará la comparación entre el mapa de clasificación del componente principal de referencia, en este caso es el 28 respecto al primer paciente, 19 en el segundo paciente y 20 en el tercer paciente, con otros componentes con la misma precisión. Tras realizar la comparación de los mapas, la imagen que se visualiza es el mapa resultante en blanco y negro (binario), donde las muestras blancas indican que hay diferencia entre los mapas, y el negro que las muestras coinciden.

Evolución del primer paciente:

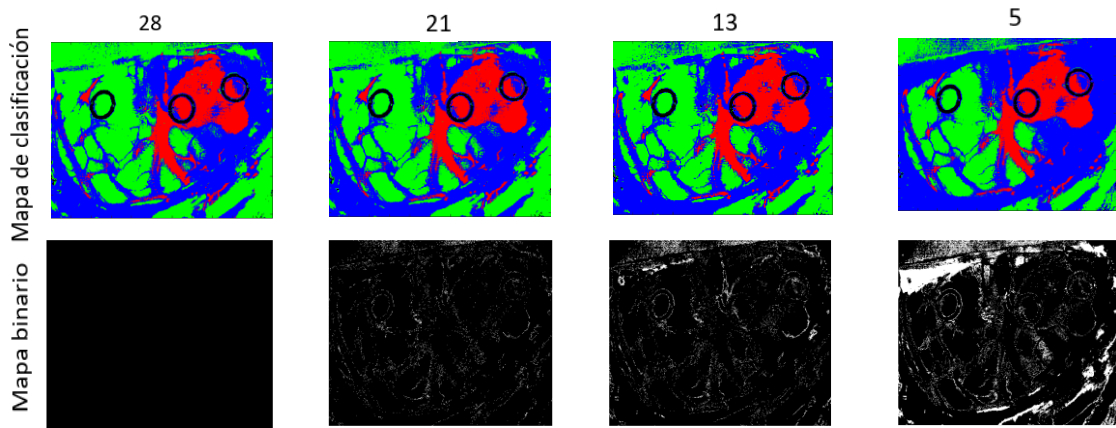


Figura 4-34. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente

Se puede observar que hay más muestras diferentes cuando se comparan el mayor componente principal con el menor. Esto demuestra que los componentes escogidos a analizar poseen más información que los menores.

Evolución del segundo paciente:

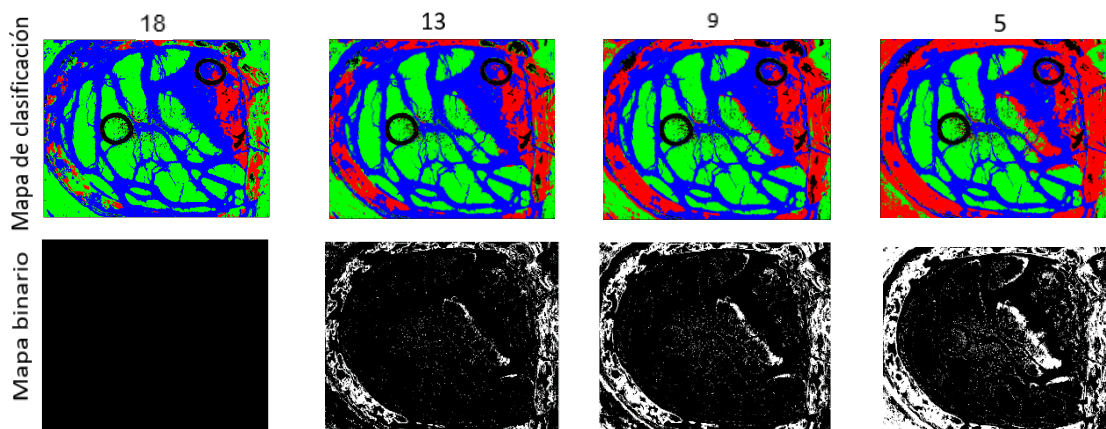


Figura 4-35. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente.

En este caso, se observa mucho más la diferencias de muestras entre varias componentes principales con una misma tasa de precisión. Escogiendo el último componente principal, el número de errores disminuye notablemente en comparación con el resto.

Evolución del tercer paciente:

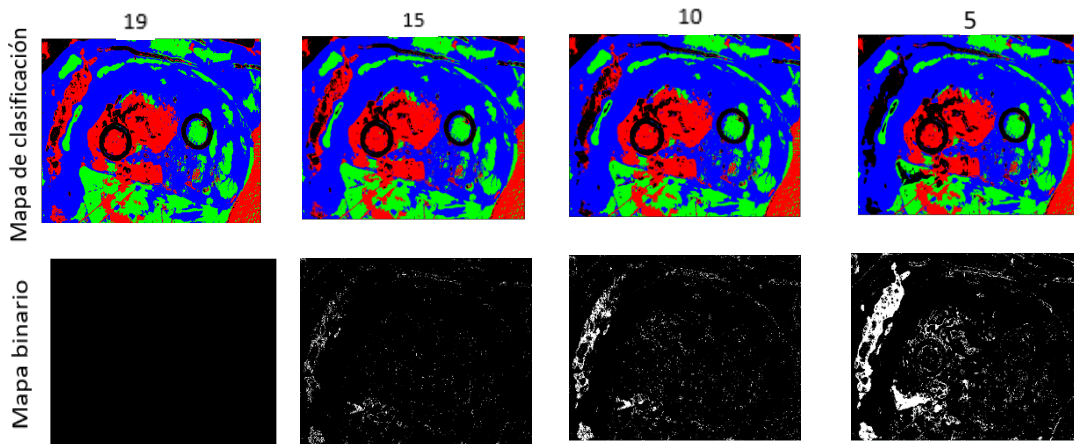


Figura 4-36. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente.

En este caso, se observa que el número de muestras diferentes al principio es alta, sin embargo entre el componente principal 15 y 20, el número de muestras es mucho menor y en el mapa de clasificación no se observa mucha diferencia.

4.4.1.4 LDA

- **Accuracy**

En este caso se puede observar, que la tasa de precisión es mucho menor en comparación con las otras dos técnicas analizadas (PCA y MDS). Las siguientes gráficas muestran la tasa de precisión de los pacientes (Figura 4-37, Figura 4-38, Figura 4-39, Figura 4-40 y Figura 4-41). Consiguiendo llegar en un solo paciente al 94% cuando en las otras técnicas analizadas se llegaban a tasas de acierto del hasta 99%.

Paciente 1:

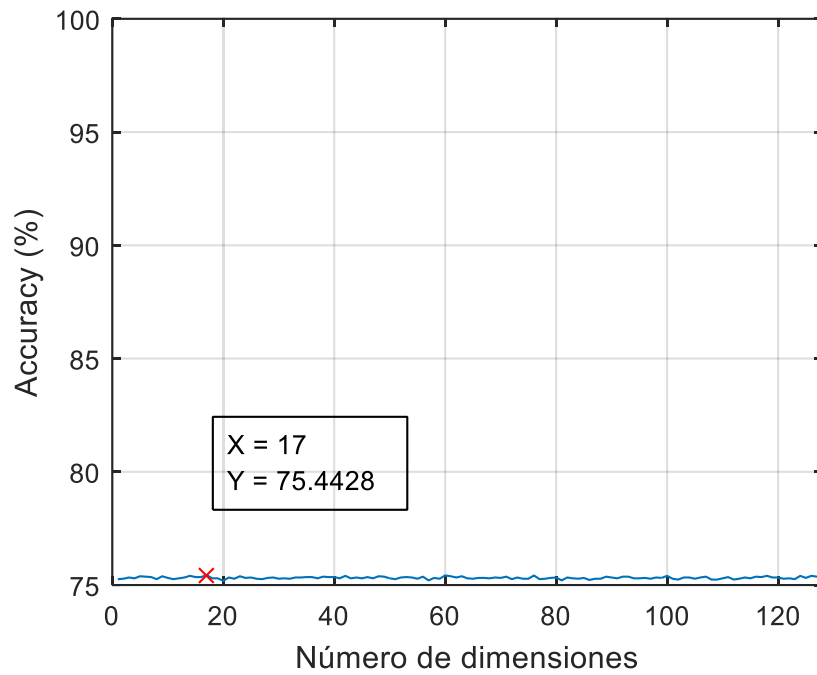


Figura 4-37. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica LDA.

En esta gráfica se muestra que la tasa de precisión empeora de forma considerable respecto a las otras técnicas de reducción. Llegando con el PCA y MDS a más del 98% y con esta técnica apenas se llega al 76%.

Paciente 2:

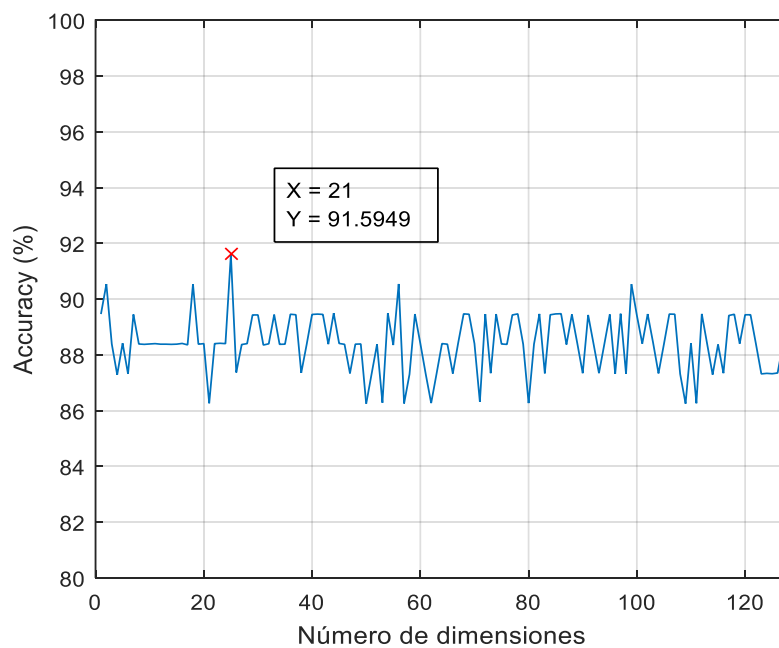


Figura 4-38. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica LDA.

Respecto al segundo paciente, la tasa de precisión llega hasta el 91%. Aunque mejora la precisión con respecto al anterior paciente, su tasa de acierto es baja en comparación con las otras técnicas evaluadas.

Paciente 3:

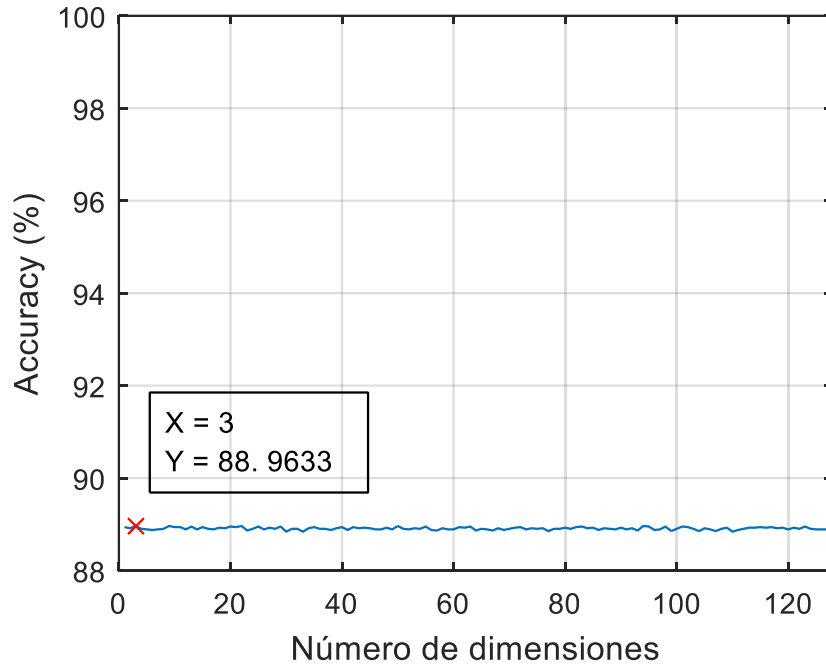


Figura 4-39. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica LDA.

En cuanto al tercer paciente, la tasa de precisión vuelve a disminuir. Esto indica que hay un gran número de muestras que son confundidas en comparación con las otras dos técnicas de reducción.

Paciente 4:

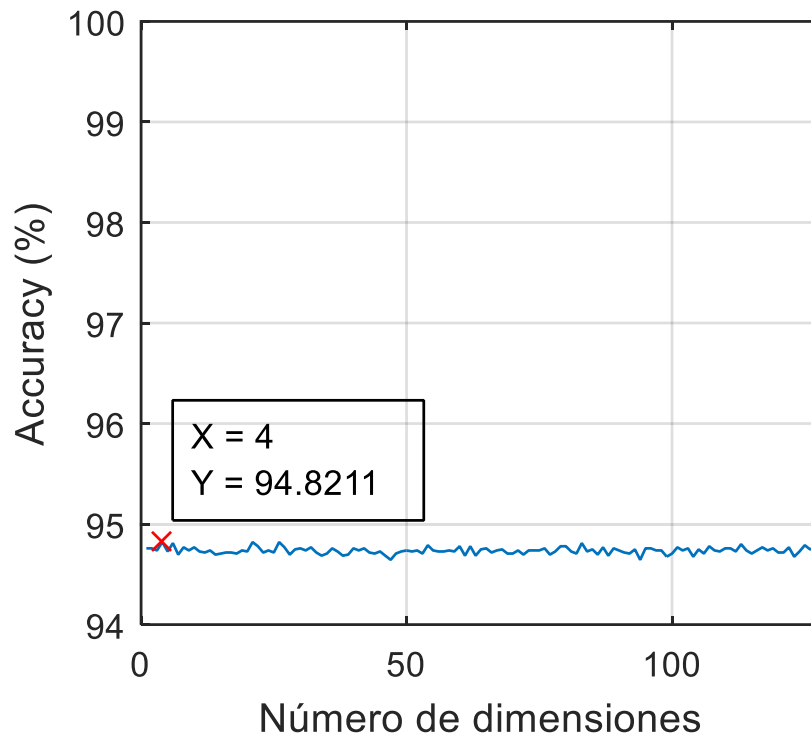


Figura 4-40. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica LDA.

La tasa de precisión de este paciente, es el más elevado de los cinco pacientes, llegando a más del 94%, sin embargo, comparando los resultados de las otras técnicas, es una tasa de precisión baja.

Paciente 5:

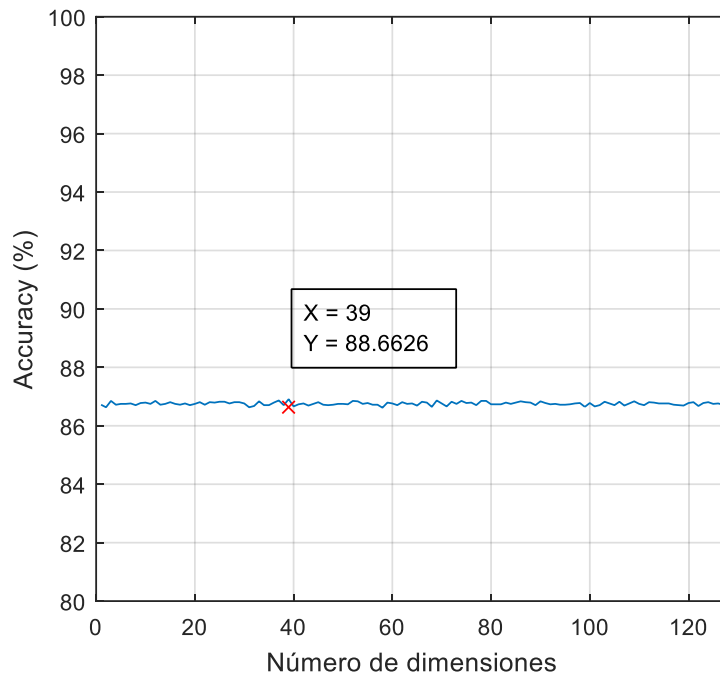


Figura 4-41. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica LDA.

La gráfica del quinto paciente te muestra una tasa de precisión baja, 88% y un elevado número de componentes principales necesarios a utilizar.

Con estos resultados, se puede llegar a la conclusión de que el resto de métricas también obtendrán resultados de este estilo.

- **Matriz de confusión:**

A continuación, se muestran las matrices de confusión de todos los pacientes (Tabla 4-20, Tabla 4-21, Tabla 4-22, Tabla 4-23 y Tabla 4-24) que han dado una mejor separabilidad entre las clases (mínimo número de fallos entre las diferentes clases). Se muestra que en esta técnica hay más píxeles que son confundidos, esto tiene sentido si se compara con los resultados dados en la tasa de acierto.

Se observa que se confunden más clases entre ellas que en las otras técnicas analizadas y que el número de píxeles confundidos también es mayor que en los otros casos. Por lo que tiene sentido que la tasa de precisión también sea menor.

Paciente 1: (Componente principal 17)

Tabla 4-20. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional LDA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2049	0	9	0
Clase 2	246	1221	460	630
Clase 3	0	0	862	0
Clase 4	0	0	0	0

Respecto al primer paciente, hay una gran cantidad de muestras erróneas, tantas que se llegan a confundir toda la clase 4 (*background*) con la clase 2 (tejido tumoral), aparte de un gran número de muestras con otras clases. Este resultado plantea probar otro tipo de estructura para averiguar si se puede conseguir mejorar los resultados.

Paciente 2: (Componente principal 25)

Tabla 4-21. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional LDA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4231	0	20	0
Clase 2	0	680	0	4
Clase 3	285	175	8677	844
Clase 4	0	0	0	841

En el caso del segundo paciente, también se muestran una gran cantidad de muestras erróneas entre todas las clases. Por lo que este resultado vuelve a plantear probar otro tipo de estructura para estudiar si se puede conseguir mejorar los resultados con este tipo de técnica.

Paciente 3: (Componente principal 3)

Tabla 4-22. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional LDA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1176	0	4	0
Clase 2	51	2046	117	696
Clase 3	24	0	3968	0
Clase 4	0	0	0	0

El tercer paciente, posee una matriz de confusión parecida a la del primer paciente, donde mayor número de muestras hay es en la clase 4 (*background*). En cuanto al resto de las clases, hay muestras erróneas, pero no un número tan elevado como en los otros pacientes.

Paciente 4: (Componente principal 4)

Tabla 4-23. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional LDA

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1528	0	47	0
Clase 2	2	3528	0	0
Clase 3	1	0	1455	0
Clase 4	311	127	11	2625

La tabla del cuarto paciente confunde todas las clases. La clase 1 (tejido sano) y la clase 4 (*background*) son confundidos con el resto de las clases. El resto de clases no se confunden entre sí. El número de muestras erróneas es elevado, llegando a 311 muestras solamente entre la clase 1 y la 4.

Paciente 5: (Componente principal 39)

Tabla 4-24. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional LDA.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	943	0	0	0
Clase 2	0	1165	0	66
Clase 3	0	0	227	0
Clase 4	34	117	680	3621

En cuanto al quinto paciente, solamente la clase 4 (*background*) es confundida por cada una de las clases restantes. Se observa que el mayor número de muestras erróneas, concretamente 680, es entre la clase 3 (vasos sanguíneos) y la clase 4.

Separabilidad

A continuación, se muestra la siguiente tabla, Tabla 4-25, dónde se recogen todos los pacientes y la separabilidad de las diferentes clases, se indicará en la tabla a partir de qué componente principal la separabilidad es la máxima, en este caso como en los anteriores las componentes principales son las mismas que en los apartados anteriores. En este caso, se observa que la separabilidad entre algunas clases es muy baja, concretamente entre 0 y 1 (se observa en el tercer paciente, a la hora de analizar la clase 1 con la 2), también hay separabilidad buena, entre 1 y 2 (en la mayoría de los casos, por ejemplo, en el primer paciente, en las clases 1 y 3), e incluso se llega a una separabilidad óptima, 2 (en el caso del segundo paciente en la clase 1 y 4).

Tabla 4-25. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica LDA.

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	1.9961	1.7103	2	1.6704	1.9998	2
Paciente 2	1.7490	1.9228	2	1.6448	2	2
Paciente 3	0.5297	1.3195	1.9897	1.2230	1.9788	1.9769
Paciente 4	0.5297	0.5012	1.9993	1.0594	1.9998	1.9992
Paciente 5	1.9376	1.9998	1.9942	1.9996	1.9964	1.9642

Mapa de clasificación

A continuación, se van a mostrar por medio de las siguientes figuras la imagen del número de muestras que han sido previamente etiquetadas, para después poder compararlas con el mapa de clasificación tras usar la reducción dimensional LDA. Se puede observar que, en estos mapas de clasificación, no se visualiza la misma precisión que con las otras técnicas de reducción dimensional (Figura 4-42, Figura 4-43, Figura 4-44, Figura 4-45 y Figura 4-46). Esto tiene sentido tras analizar las otras métricas de evaluación y ver que la precisión disminuía. Por ejemplo, se observa que, en caso del primer paciente(Figura 4-42), en los anteriores casos se distinguía con mayor precisión la forma y el tamaño del tumor cerebral, además de que no se confundían tanto píxeles entre ellos. Lo mismo pasa en el paciente 3 (Figura 4-44), donde se confunden los marcadores con el tejido tumoral. En el resto de pacientes hay diferencias respecto a las otras técnicas, sin embargo, no son tan llamativas.

Paciente 1:

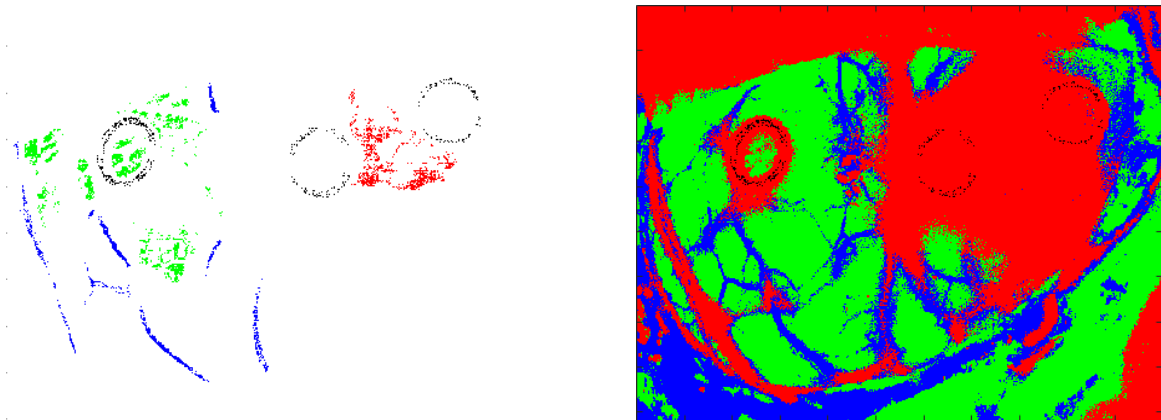


Figura 4-42. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica LDA.

El mapa de clasificación del primer paciente muestra que gran parte de la imagen es tejido tumoral. Esta imagen no muestra con precisión la forma ni el tamaño, incluso parte de los marcadores que previamente estaba etiquetados tras la conversión han desaparecido.

Paciente 2:

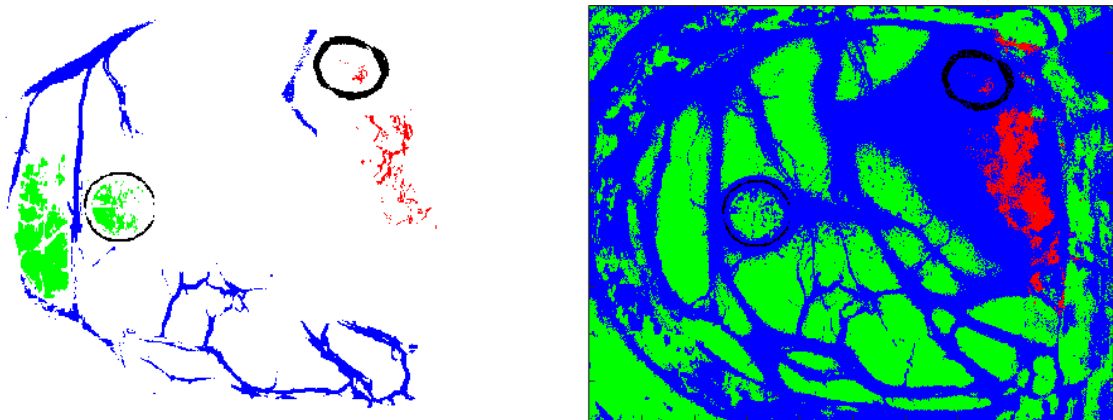


Figura 4-43. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica LDA.

En cuanto a la figura del segundo paciente, se muestra de manera detallada la forma y el tamaño. En este caso, comparando con las técnicas anteriores, el mapa de clasificación no muestra el comienzo de evolución del tumor en la zona del centro, cerca del marcador. Teniendo en cuenta su tasa de acierto, su matriz de confusión y su separabilidad, esa zona puede ser confundida.

Paciente 3:

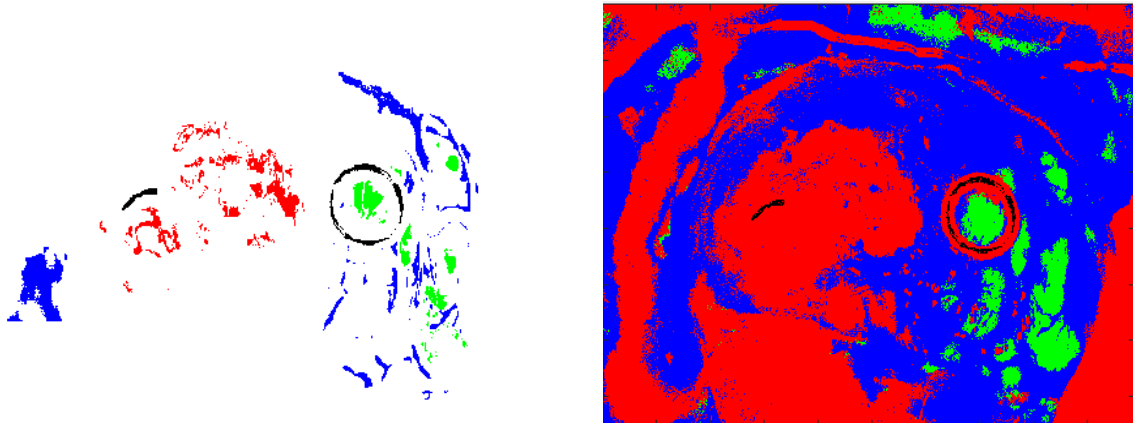


Figura 4-44. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica LDA.

Respecto al tercer paciente, el mapa de clasificación muestra que todo el tejido cerebral es prácticamente tumor. Teniendo en cuenta el resto de resultados de las métricas de evaluación, hay muchas muestras que se han confundido.

Paciente 4:

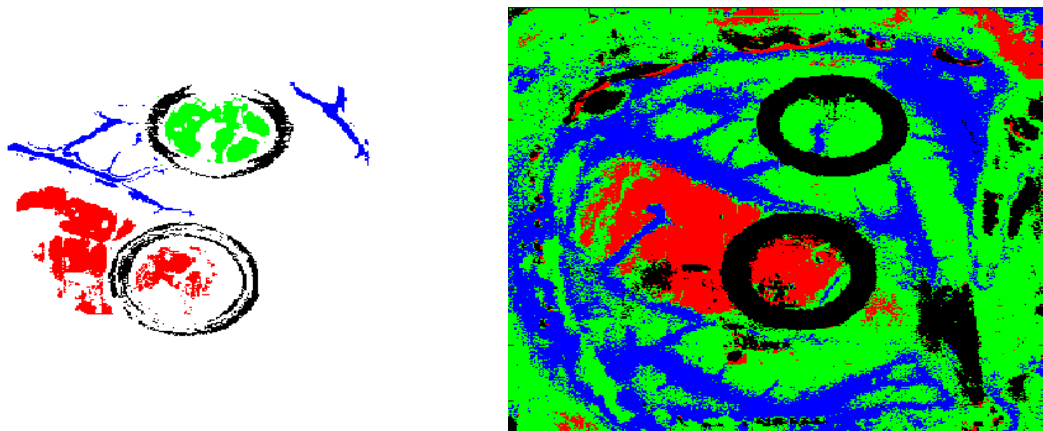


Figura 4-45. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica LDA.

El mapa de clasificación muestra la forma y el tamaño del tumor cerebral de manera precisa, sin embargo, también se puede observar que hay zonas que son confundidas.

Paciente 5:

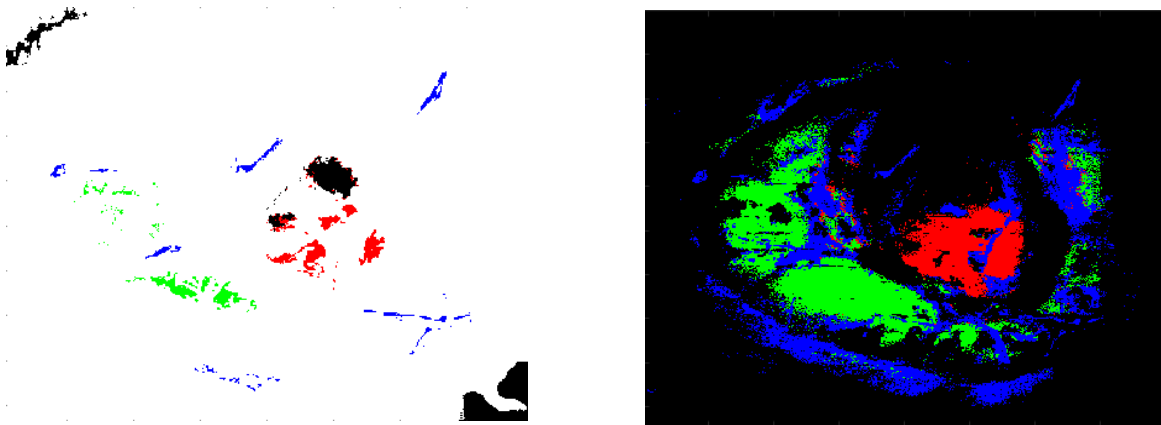


Figura 4-46. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica LDA.

Lo mismo ocurre en el mapa de clasificación del quinto paciente, la mayoría de lo que se visualiza es *background* y no se puede observar de manera precisa y nítida la forma del tejido tumoral.

4.4.1.5 Factor Analysis

- **Accuracy**

Esta técnica, posee una tasa de precisión superior a la técnica LDA y ligeramente inferior a las técnicas PCA y MDS, sin embargo, el número de componentes principales que utiliza son menores que en las otras técnicas. En las gráficas se observa la tasa de precisión de los diferentes pacientes (Figura 4-47, Figura 4-48, Figura 4-49, Figura 4-50 y Figura 4-51). Sin embargo, a más uso de componentes, la precisión disminuye en la mayoría de los pacientes.

Paciente 1:

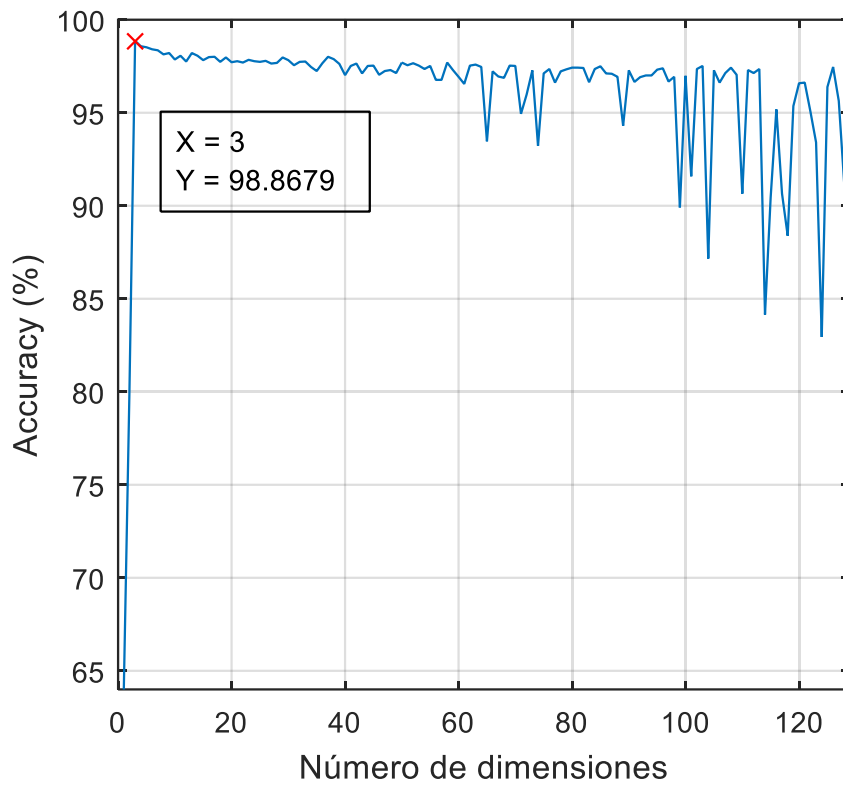


Figura 4-47. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica Factor Analysis.

La gráfica del primer paciente muestra que, utilizando solamente 3 componentes principales, la tasa de precisión es del 98%. Para tan poco uso de componentes, posee una tasa de acierto bastante alta.

Paciente 2:

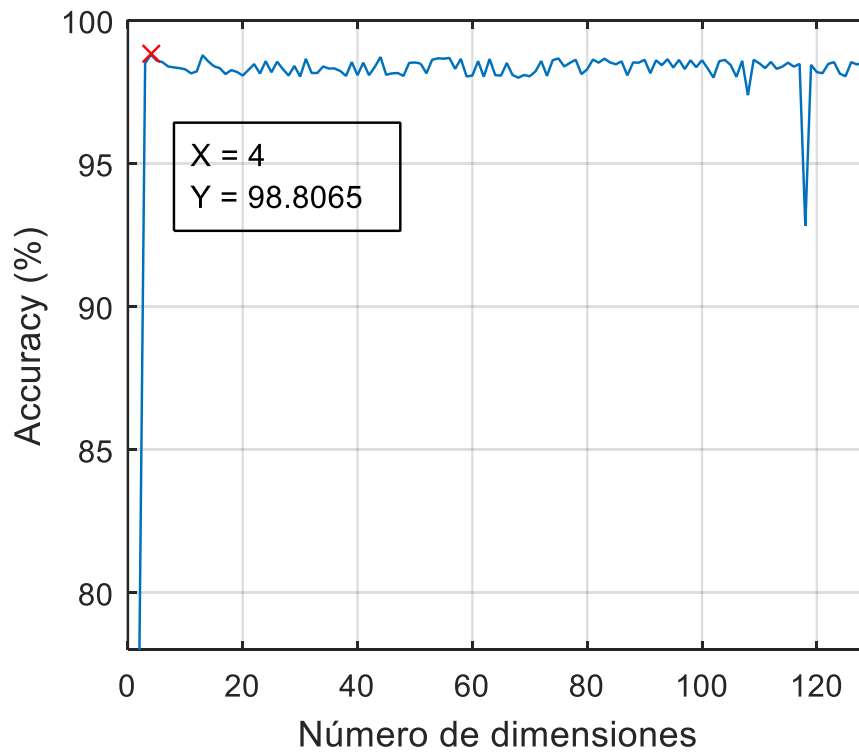


Figura 4-48. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica Factor Analysis.

En cuanto al segundo paciente, el resultado de su tasa de precisión es muy parecido al del primer paciente, siendo también del 98% tan solo utilizando 4 componentes.

Paciente 3:

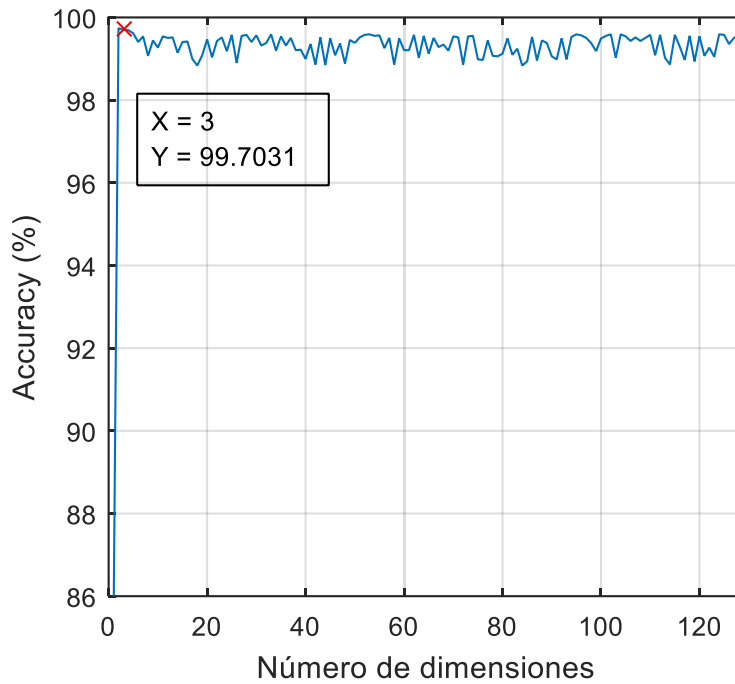


Figura 4-49. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica Factor Analysis.

Respecto al tercer paciente, la tasa de precisión roza el 100% utilizando solamente 3 componentes principales.

Paciente 4:

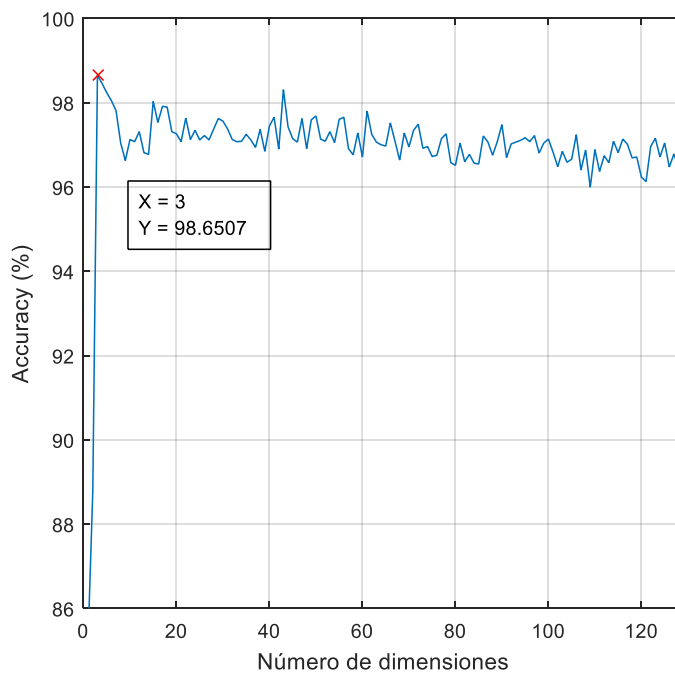


Figura 4-50. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica Factor Analysis.

El resultado que se muestra en la gráfica del cuarto paciente es muy parecido al del primer y segundo paciente, siendo también del 98% tan solo utilizando 3 componentes.

Paciente 5:

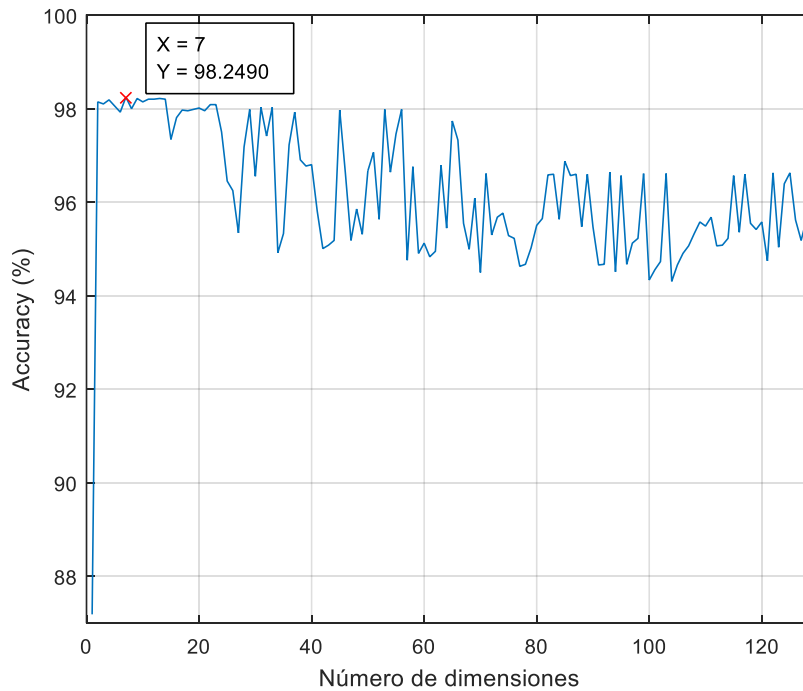


Figura 4-51. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica Factor Analysis.

Por último, la gráfica del quinto paciente muestra una tasa de precisión elevada, del 98%, utilizando en este caso solamente 7 componentes principales, siendo el único paciente que utiliza más componentes principales.

- **Matriz de confusión**

De forma paralela, al subir la tasa de precisión, los resultados de las matrices de confusión también mejorarán. Solamente se confunden un poco dos tipos de clase en los pacientes 1 (Tabla 4-26), 3 (Tabla 4-28) y 5 (Tabla 4-30). El resto de pacientes, 2 (Tabla 4-27) y 4 (Tabla 4-29) se confunden con más clases, no obstante, no se confunden tantos píxeles como en la técnica de reducción LDA.

Paciente 1: (Componente principal 3)

Tabla 4-26. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional Factor Analysis.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1210	51	0
Clase 3	0	11	1280	0
Clase 4	0	0	0	630

En el caso del primer paciente, solamente se confunden las clases 2 y 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos), el número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son pocas.

Paciente 2: (Componente principal 4)

Tabla 4-27. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional Factor Analysis.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4466	0	2	15
Clase 2	18	779	25	17
Clase 3	32	76	8670	3
Clase 4	0	0	0	1650

Respecto al segundo paciente, todas las clases se confunden entre ellas, sin embargo, el número de muestras erróneas, en comparación con el número de muestras acertadas, no son muy elevadas, sin embargo, por lo que se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

Paciente 3: (Componente principal 3)

Tabla 4-28. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional Factor Analysis.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1244	4	1	0
Clase 2	6	2040	0	10
Clase 3	1	0	4088	0
Clase 4	0	2	0	686

La matriz de confusión del tercer paciente se confunden algunas clases entre ellas, como la clase 1 (tejido sano) con la 4 (*background*), sin embargo, el número de muestras erróneas son muy pequeños, por lo que se podrían obviar.

Paciente 4: (Componente principal 3)

Tabla 4-29. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional Factor Analysis.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1758	1	45	0
Clase 2	4	3654	0	0
Clase 3	80	0	1468	0
Clase 4	0	0	0	2625

En cuanto al cuarto paciente, son confundidas más muestras en un par de clases. No obstante, el número de muestras erróneas no es muy elevado. La clases que se confunden son: las clases 1 (tejido sano) y la clase 2 (tejido tumoral), la clase 1 (tejido sano) y la 3 (vasos sanguíneos).

Paciente 5: (Componente principal 7)

Tabla 4-30. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional Factor Analysis.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	0	0
Clase 2	0	1164	0	2
Clase 3	0	0	907	0
Clase 4	0	118	0	3685

Por último, en el caso del quinto paciente, sólo se confunden la clase 2 con la 4 (tejido tumoral y *background*). El número de muestras erróneas es bajo en comparación con el número de muestras acertadas.

- Separabilidad

A continuación, se muestra la Tabla 4-31, donde se recogen todos los pacientes y la separabilidad que hay entre las diferentes clases. se muestra en la tabla a partir de qué componente principal la separabilidad es la máxima, en este caso, como en los anteriores, las componentes principales son las mismas que de los apartados anteriores. Se puede observar que, para tan pocos componentes principales, las separabilidades entre todas las clases son muy altas, llegando en algunos casos a la separabilidad máxima. El peor caso es del tercer paciente, a la hora de diferenciar entre tejido tumoral y *background* (1,6421).

Tabla 4-31. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica Factor Analysis.

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	2	1.9987	2	1.8146	2	2
Paciente 2	1.9833	1.9994	1.9994	1.9567	1.9998	2
Paciente 3	1.9679	1.9955	1.9998	1.9999	1.6421	1.9999
Paciente 4	1.9236	1.6660	2	1.9998	2	2
Paciente 5	2	1.9991	2	2	1.9746	1.9991

- **Mapa de clasificación**

A continuación, se van a mostrar las imágenes con las muestras que se han etiquetado anteriormente, para después poder compararlas con el mapa de clasificación tras usar la reducción dimensional LDA. Utilizando solamente de 3 a 7 componentes principales, la precisión es muy notable tal y como se puede visualizar en las siguientes figuras de todos los pacientes: Figura 4-52, Figura 4-53, Figura 4-54, Figura 4-55 y Figura 4-56, a excepción el segundo paciente (Figura 4-53) donde se confunden el tejido tumoral con lo que tendría que ser el cráneo o parte venosa puesto que está manchado de sangre.

Paciente 1:

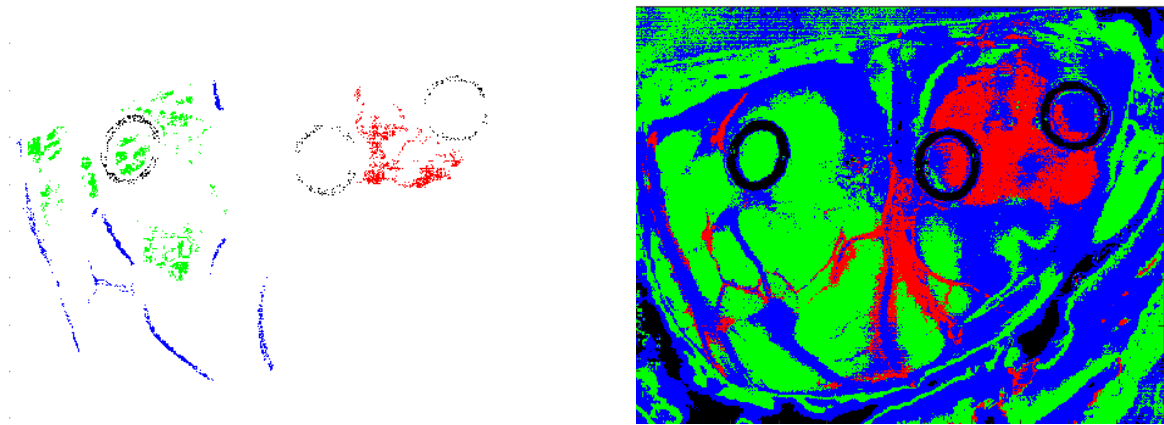


Figura 4-52. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica Factor Analysis.

El mapa de clasificación del primer paciente localiza de manera precisa el tejido tumoral, sin embargo, como en el caso de otras técnicas anteriores, hay algunas muestras que indican una clase que realmente no son, en este caso las clases que se confunden son la 2 y la 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos).

Paciente 2:

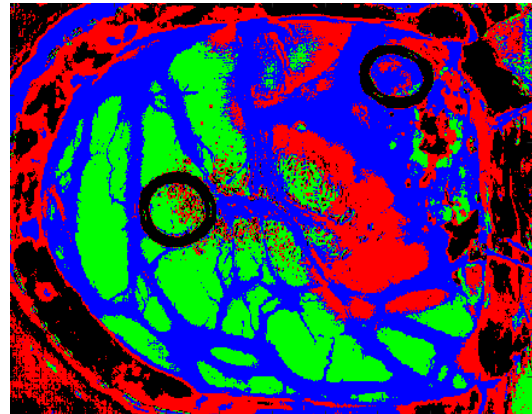
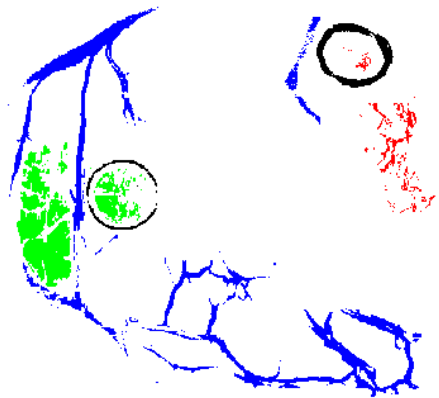


Figura 4-53. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica Factor Analysis.

En el caso del segundo paciente, hay muchas zonas donde son confundidas las diferentes clases, aun así, se visualiza la localización y la forma el tumor.

Paciente 3:

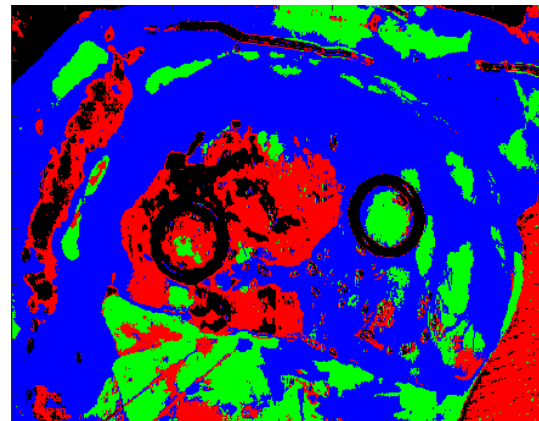
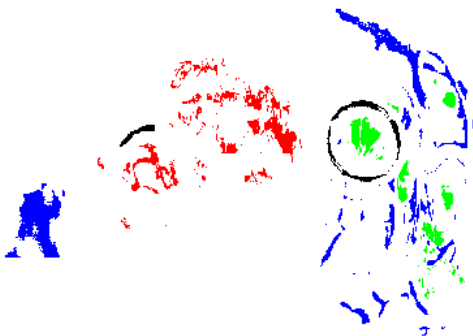


Figura 4-54. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica Factor Analysis.

En cuanto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose.

Paciente 4:

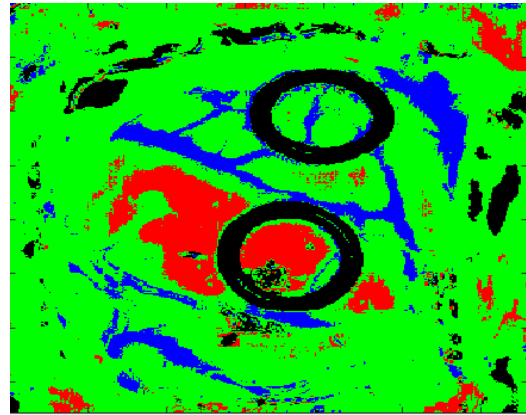
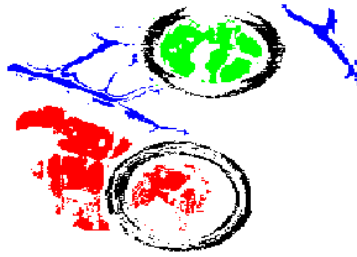


Figura 4-55. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica Factor Analysis.

El mapa de clasificación del cuarto paciente, muestra de manera clara la localización del tejido tumoral, sin embargo, también hay muestras del tejido tumoral expandidas en la imagen que es posible que realmente no sea tumor.

Paciente 5:

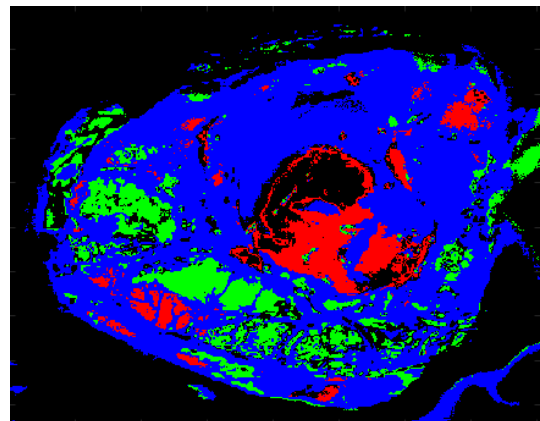
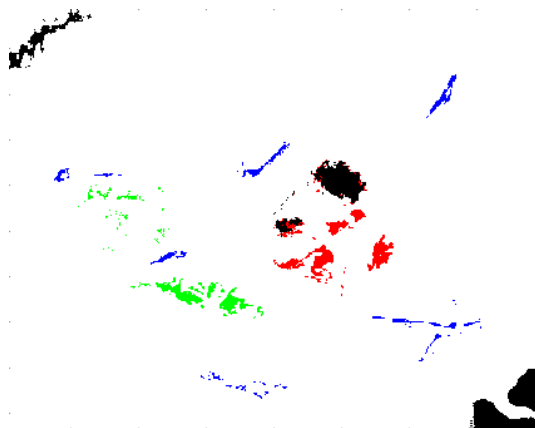


Figura 4-56. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica Factor Analysis.

En este caso, el quinto paciente, en el mapa de clasificación se observa la localización y la forma del tumor cerebral. Hay muestras clasificadas como tejido tumoral, cuando hay una alta posibilidad tras los resultados de la matriz de confusión que en realidad sea otro tipo de clase.

4.4.2 Unión con todas las técnicas de reducción dimensional

En este punto, se entrena el clasificador usando como datos de entrada la fusión de los datos proporcionados por todas las técnicas de reducción dimensional utilizadas. En la Figura 4-57 se observa que se seleccionan de cada una de dichas técnicas los componentes principales óptimos que se han utilizado, es decir, de la técnica de reducción PCA, se seleccionan las primeras 28 componentes principales, del MDS también se seleccionan las primeras 28 componentes principales, de la técnica LDA se seleccionan las 39 primeras componentes principales y de la técnica Factor Analysis las primeras 7. Esto es así debido a que estos fueron los componentes principales más grandes que se usaron en cada técnica de reducción.

Tras seleccionar los componentes de cada una de las técnicas, se concatenan una detrás de otra, creando un vector de 102 componentes. Una vez creado, se procesa por el clasificador SVM y se analiza los resultados de todas las métricas de evaluación a excepción de la métrica de separabilidad, debido que a la hora de calcular algunas de sus operaciones daban valores negativos y no era capaz de generar una matriz con valores negativos.

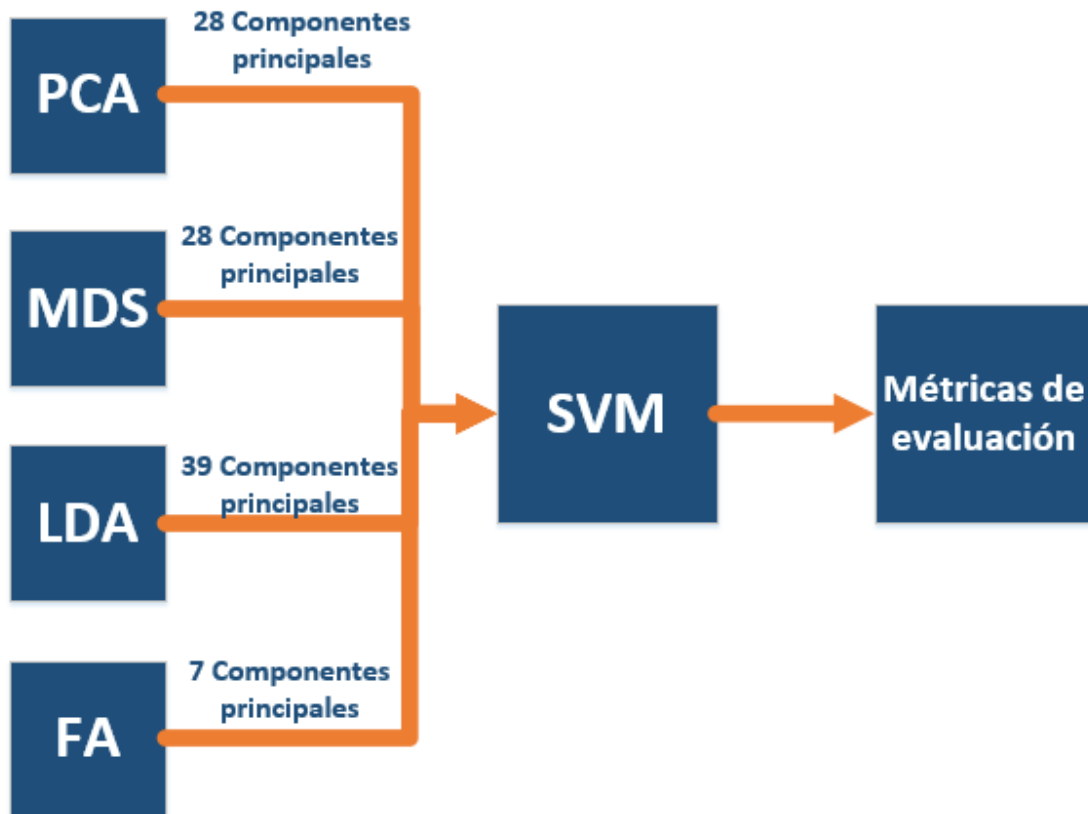


Figura 4-57. Diagrama de la estructura seguida para unir todas técnicas de reducción dimensional.

Esta unión de técnicas se plantea para comprobar si al usar los componentes principales más relevantes de cada una de dichas técnicas de reducción dimensional juntos con el clasificador da mejor resultado que al usar cada una de las técnicas de reducción por separado.

En la siguiente tabla, Tabla 4-32, se observa la tasa de precisión de todos los pacientes. Se observa que las tasas de precisión de los pacientes son bastante altas, en algunos casos, como en la técnica LDA, la tasa de precisión es más elevada que en su caso individual. Al contrario, en el caso del PCA o del MDS, cuyas tasas de precisiones son ligeramente superiores.

Tabla 4-32. Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes con todas las técnicas de reducción dimensional.

	Accuracy (%)
Paciente 1	94.6683
Paciente 2	97.4926
Paciente 3	97.2657
Paciente 4	98.1733
Paciente 5	97.7236

En cuanto a las matrices de confusión se vuelve a dar el mismo caso que en la tasa de precisión, respecto a la técnica LDA, las clases que se confunden entre sí se reducen en comparación al utilizar la técnica de manera individual. Por el lado contrario, las técnicas PCA y MDS al unirlas las clases que se confunden entre sí aumentan en comparación al utilizar las técnicas de manera individual. A continuación, se muestran las matrices de confusión de todos los pacientes (Tabla 4-33, Tabla 4-34, Tabla 4-35, Tabla 4-36 y Tabla 4-37).

Paciente 1:

Tabla 4-33. Matriz de confusión del primer paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2266	0	45	0
Clase 2	17	1125	111	0
Clase 3	11	4	1164	0
Clase 4	1	92	11	630

La matriz de confusión muestra que al unir todas las técnicas de reducción dimensional hay más muestras erróneas que en caso de utilizar sólo una técnica de reducción dimensional, como en el caso del PCA, MDS y Factor Analysis. Todas las clases se confunden entre ellas y el número de muestras erróneas es algo elevado en comparación con el resto de los resultados.

Paciente 2:

Tabla 4-34. Matriz de confusión del segundo paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4395	15	82	2
Clase 2	1	755	0	0
Clase 3	92	64	8525	0
Clase 4	28	21	90	1683

Lo mismo ocurre con el segundo paciente, al unir todas las técnicas de reducción dimensional hay más muestras erróneas que en caso de utilizar sólo una técnica de reducción dimensional. Todas las clases se confunden entre ellas y el número de muestras erróneas es más elevado que en el caso del primer paciente.

Paciente 3.

Tabla 4-35. Matriz de confusión del tercer paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1231	0	32	0
Clase 2	4	1894	3	1
Clase 3	16	1	4041	0
Clase 4	0	151	13	695

Respecto al tercer paciente, el número de muestras erróneas es elevado, ya que, sólo entre las clases 2 y 4 (tejido tumoral y *background*) hay 151 muestras erróneas. Este resultado vuelve a plantear probar otro tipo de estructura para estudiar si se puede conseguir mejorar los resultados con este tipo de técnica.

Paciente 4:

Tabla 4-36. Matriz de confusión del cuarto paciente con todas las técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1722	15	40	0
Clase 2	7	3639	0	0
Clase 3	54	0	1473	0
Clase 4	59	1	0	2625

En cuanto al cuarto paciente, al unir todas las técnicas de reducción dimensional hay más muestras erróneas que en caso de utilizar sólo una técnica de reducción dimensional. Todas las clases se llegan a confundir entre ellas y el número de muestras erróneas es elevado, sobretodo en la clase 1 (tejido sano).

Paciente 5:

Tabla 4-37. Matriz de confusión del quinto paciente con todas las técnicas de reducción dimensional

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	975	0	1	0
Clase 2	0	1159	1	29
Clase 3	1	2	905	0
Clase 4	1	121	0	3658

Por último, el quinto paciente sigue la misma estructura del tercer paciente. el número de muestras erróneas es elevado, ya que, sólo entre las clases 2 y 4 (tejido tumoral y *background*) hay 121 muestras erróneas. Por lo que sería conveniente plantear probar otro tipo de estructura para estudiar si se puede conseguir mejorar los resultados con este tipo de técnica.

Por último, analizamos los resultados de la métrica del mapa de clasificación. No se analiza la métrica de separabilidad debido a que, a la hora de desarrollar las operaciones, nos da una matriz negativa, impidiendo calcular la separabilidad entre las clases.

Los mapas de clasificación (Figura 4-58, Figura 4-59, Figura 4-60, Figura 4-61 y Figura 4-62) siguen la misma estructura, se representan las muestras que han sido etiquetadas previamente, para después poder compararlas con el mapa de clasificación con todas las técnicas de reducción dimensional

Paciente 1:

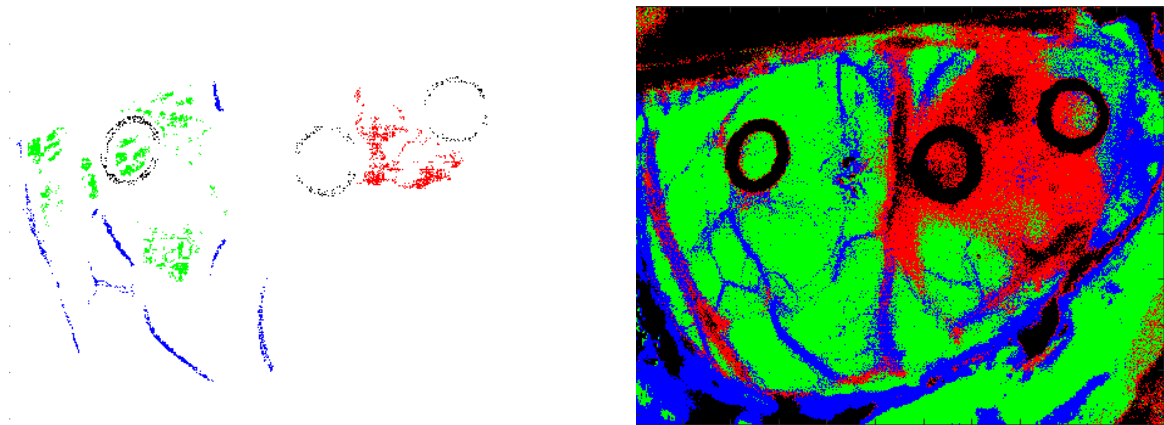


Figura 4-58. Mapa de clasificación del primer paciente con todas las técnicas de reducción.

En el mapa de clasificación del primer paciente, se puede visualizar dónde se encuentra localizado el tejido tumoral, no obstante, en comparación con utilizar las técnicas de forma individual, el tamaño y su forma no está bien definido.

Paciente 2:

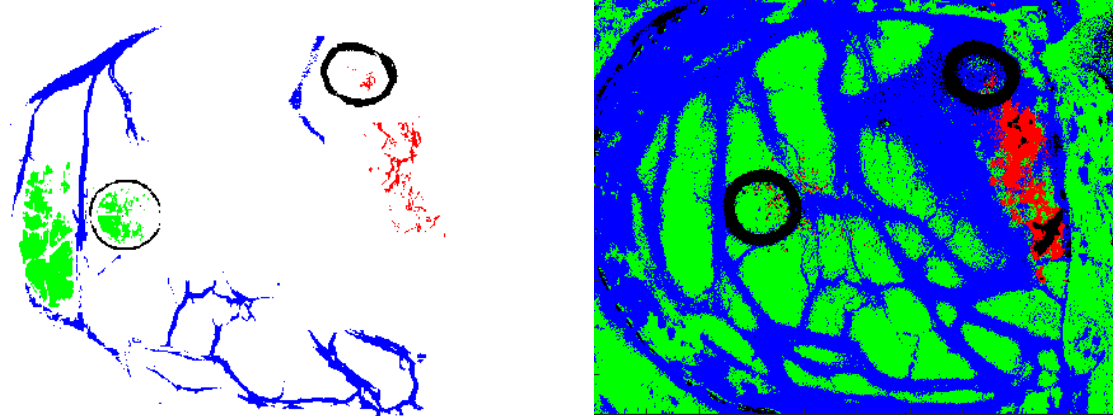


Figura 4-59. Mapa de clasificación del segundo paciente con todas las técnicas de reducción.

Respecto al segundo paciente, se observa de manera muy clara dónde se encuentra situado el tumor cerebral y la forma que tiene. En este caso, no se observan muestras de tejido tumoral en el resto de la imagen, al contrario, cuando se utilizaban las técnicas de manera individual.

Paciente 3:

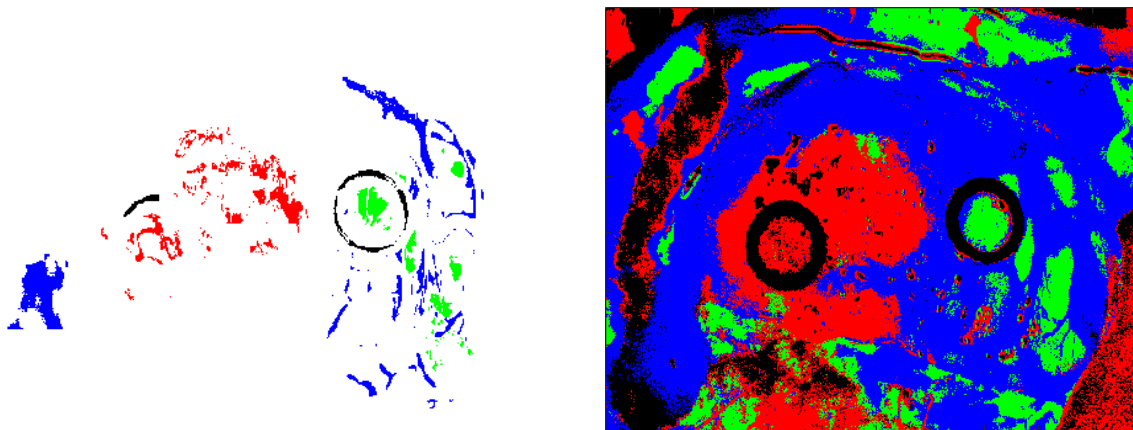


Figura 4-60. Mapa de clasificación del tercer paciente con todas las técnicas de reducción.

En cuanto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose.

Paciente 4:

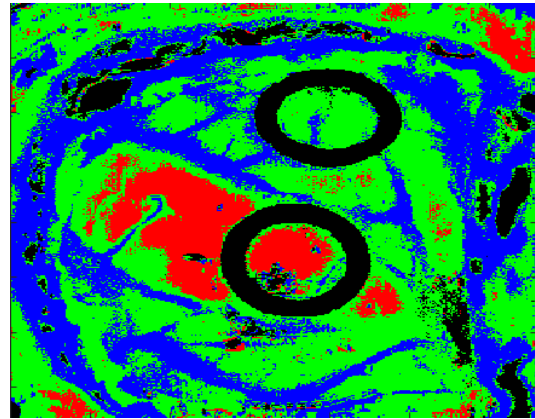
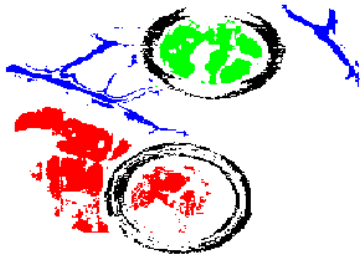


Figura 4-61. Mapa de clasificación del cuarto paciente con todas las técnicas de reducción.

El mapa de clasificación del cuarto paciente, muestra de manera clara la localización del tejido tumoral, sin embargo, también hay muestras del tejido tumoral expandidas en la imagen que es posible que realmente no sea tumor

Paciente 5:

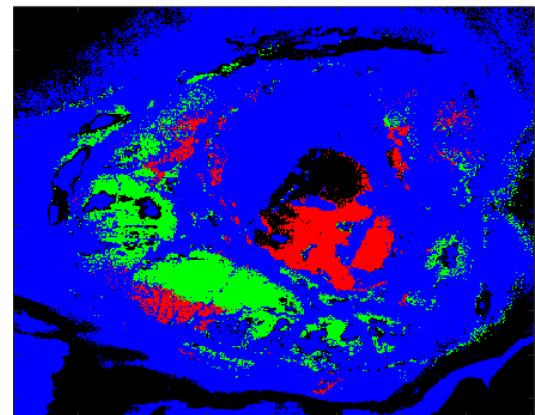
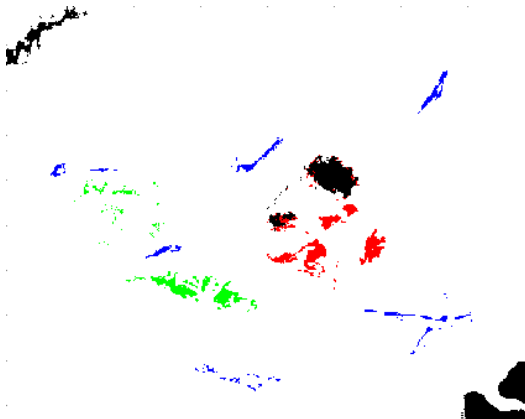


Figura 4-62. Mapa de clasificación del quinto paciente con todas las técnicas de reducción.

En este caso, el quinto paciente, en el mapa de clasificación se observa la localización y la forma del tumor cerebral. Hay muestras clasificadas como tejido tumoral, cuando hay una alta posibilidad tras los resultados de la matriz de confusión que en realidad sea otro tipo de clase.

4.4.3 Unión de las técnicas PCA, MDS y Factor Analysis

En este caso, se ha eliminado a técnica de reducción dimensional LDA debido a que ha obtenido los peores resultados en todas las métricas de

evaluación, además de ser la técnica de reducción que más componentes principales utilizaba. Se espera que los resultados mejoren respecto al caso anterior, en el que se utilizaban los datos procedentes de todas las técnicas de RD.

En la siguiente, Figura 4-63, se observa que se seleccionan de cada una de dichas técnicas los componentes principales máximos que se han utilizado, es decir, de la técnica de reducción PCA, se seleccionan las primeras 28 componentes principales, del MDS también se seleccionan las primeras 28 componentes principales y de la técnica *Factor Analysis* las primeras 7. Esto es así debido a que estos fueron los componentes principales más grandes que se usaron en cada técnica de reducción.

Tras seleccionar los componentes de cada una de las técnicas, se sigue el mismo procedimiento que se observó en el apartado anterior. Lo que, en este caso, en vez de crear un vector de 102 componentes principales, se desarrolla un vector de 63 componentes principales. Se analiza los resultados de todas las métricas de evaluación a excepción de la métrica de separabilidad, debido que a la hora de calcular algunas de sus operaciones daban valores negativos y no era capaz de generar una matriz con valores negativos.

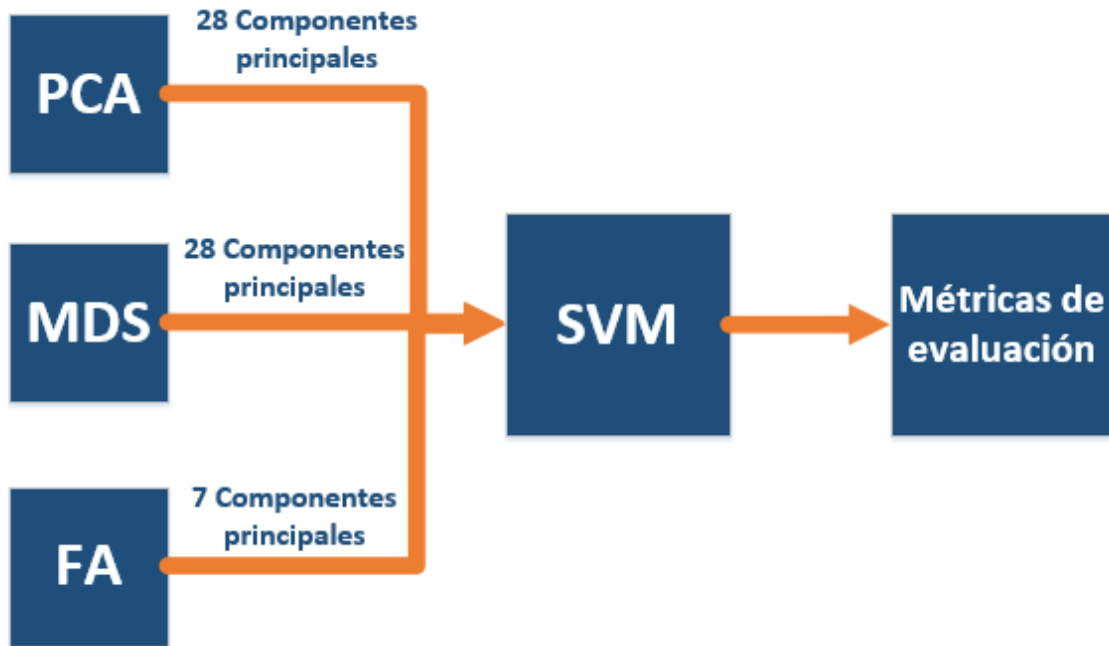


Figura 4-63. . Diagrama de la estructura seguida para unir varias técnicas de reducción dimensional.

Esta unión de técnicas se plantea para comprobar si al usar los componentes principales más relevantes de cada una de dichas técnicas de reducción dimensional juntos con el clasificador da mejor resultado que al usar cada una de las técnicas de reducción por separado.

En la Tabla 4-38, se observa la tasa de precisión de los primeros dos pacientes la tasa de precisión es muy elevado, rozando el 100%. Los tres pacientes restantes también obtienen muy buenos resultados, siendo el peor caso del 97%. Cabe destacar que la tasa de precisión de los cuatro primeros pacientes ha aumentado de forma notable tras eliminar la técnica de reducción LDA.

Tabla 4-38. Valores de la tasa de precisión de los cinco pacientes con varias técnicas de reducción dimensional.

	Accuracy (%)
Paciente 1	99.6165
Paciente 2	99.4604
Paciente 3	98.8268
Paciente 4	98.6508
Paciente 5	97.7236

En cuanto a las matrices de confusión se vuelve a dar el mismo caso que en la tasa de precisión, las técnicas PCA y MDS al unir las clases que se confunden entre sí aumentan en comparación al utilizar las técnicas de manera individual. A continuación, se muestran las matrices de confusión de todos los pacientes (Tabla 4-39, Tabla 4-40, Tabla 4-41, Tabla 4-42 y Tabla 4-43).

Paciente 1:

Tabla 4-39. Matriz de confusión del primer paciente con varias técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1215	15	0
Clase 3	0	6	1316	0
Clase 4	0	0	0	630

En el caso del primer paciente, solamente se confunden las clases 2 y 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos), el número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son pocas.

Paciente 2:

Tabla 4-40. Matriz de confusión del segundo paciente con varias técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4491	0	2	9
Clase 2	3	820	7	7
Clase 3	22	35	8688	0
Clase 4	0	0	0	1669

En cuanto al segundo paciente, son confundidas más muestras en todas las clases. No obstante, el número de muestras erróneas no es elevado. Las clases que se confunden son: las clases 1 (tejido sano) y 3 (vasos sanguíneos), la clase 1 (tejido sano) y la 4 (*background*), la clase 2 (tejido tumoral) con la 3 (vasos sanguíneos) y por último, la clase 3 (vasos sanguíneos) con la 4 (*background*).

Paciente 3:

Tabla 4-41. Matriz de confusión del tercer paciente con varias técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1250	2	1	0
Clase 2	1	2044	0	10
Clase 3	0	0	4088	0
Clase 4	0	0	0	686

En el caso del cuarto paciente, solamente se confunden las clases 1 y 2 (tejido sano y tejido tumoral), y las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos). El número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son muy pocas, por lo que se puede despreciar.

Paciente 4:

Tabla 4-42. Matriz de confusión del cuarto paciente con varias técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1766	0	54	0
Clase 2	0	3655	0	0
Clase 3	76	0	1459	0
Clase 4	0	0	0	2625

El cuarto paciente es confundido muchas más muestras que en los casos de los pacientes anteriores, estas muestras son confundidas por la clase 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos). El número de muestras erróneas es algo elevado para solamente confundirse en dos clases, por lo que, como en el paciente anterior, se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados

Paciente 5:

Tabla 4-43. Matriz de confusión del quinto paciente con varias técnicas de reducción dimensional.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	25	0
Clase 2	0	1153	0	2
Clase 3	0	0	882	0
Clase 4	0	129	0	3685

Por último, analizamos los resultados de la métrica del mapa de clasificación. No se analiza la métrica de separabilidad debido a que, a la hora de desarrollar las operaciones, nos da una matriz negativa, impidiendo calcular la separabilidad entre las clases.

Los mapas de clasificación (Figura 4-64, Figura 4-65, Figura 4-66, Figura 4-67 y Figura 4-68) siguen la misma estructura, se muestran las muestras etiquetadas (imagen de la izquierda) y el resultado del proceso de transformación, mapa de clasificación, utilizando las técnicas de reducción (imagen de la derecha). Si se comparan estos mapas de clasificación con los del capítulo 4.4.2 Unión con todas las técnicas de reducción dimensional, se puede observar que estos mapas de clasificación dan peores resultados.

Paciente 1:

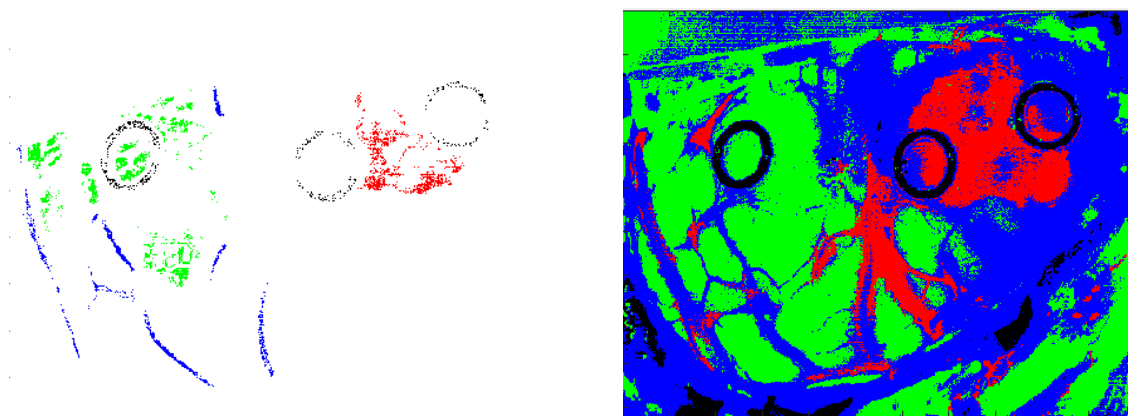


Figura 4-64. Mapa de clasificación del primer paciente con varias técnicas de reducción.

El mapa de clasificación del primer paciente localiza de manera precisa el tejido tumoral, sin embargo, como en el caso de otras técnicas anteriores, hay algunas muestras que indican una clase que realmente no son, en este caso las clases que se confunden son la 2 y la 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos).

Paciente 2:

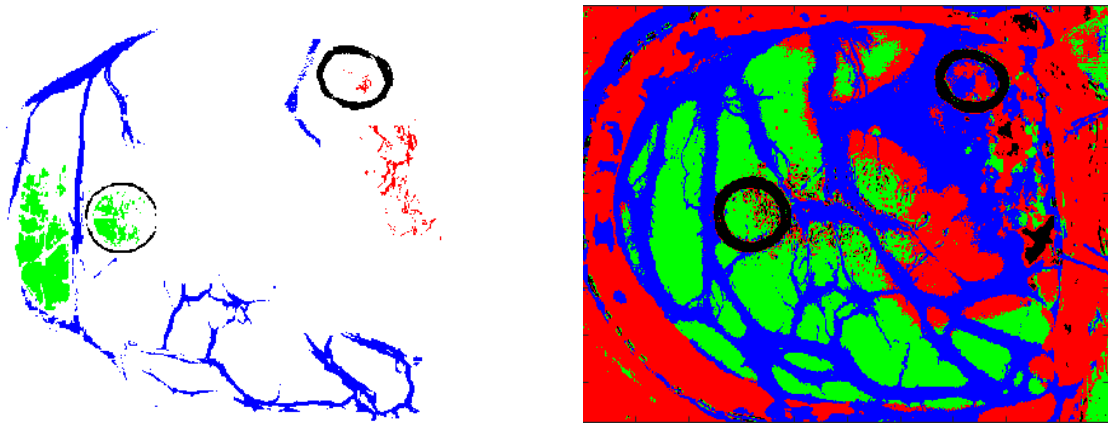


Figura 4-65. Mapa de clasificación del segundo paciente con varias técnicas de reducción.

En cuanto al mapa de clasificación del segundo paciente, se puede observar que una gran parte de la imagen es tejido tumoral, esto es algo extraño puesto que en la tasa de precisión muestra un acierto del 98% y en la matriz de confusión, aunque se confundieran todas las clases, el número de muestras erróneas no era elevado.

Paciente 3:

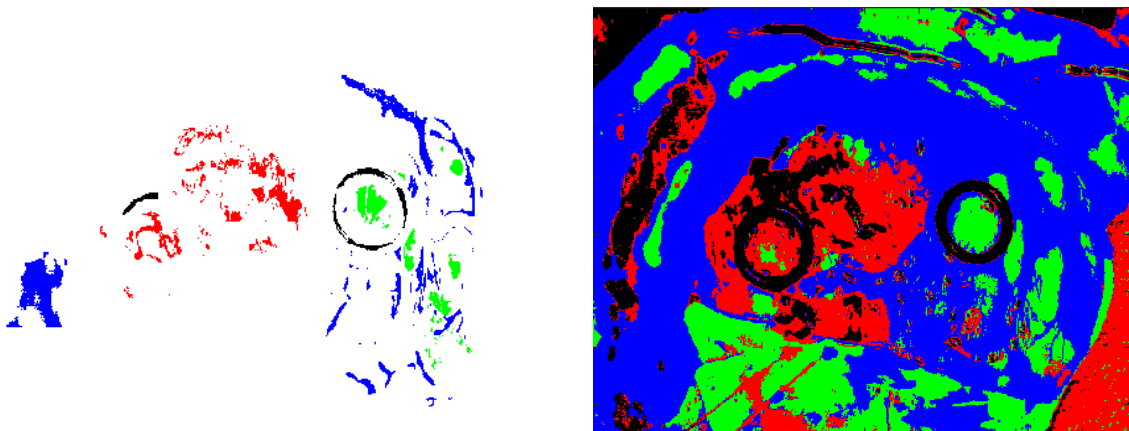


Figura 4-66. Mapa de clasificación del tercer paciente con varias técnicas de reducción.

En cuanto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose

Paciente 4:

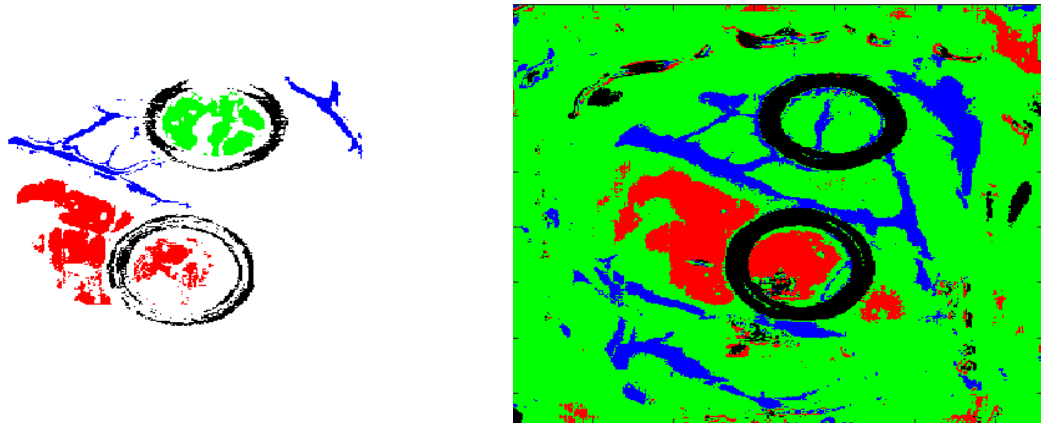


Figura 4-67. Mapa de clasificación del cuarto paciente con varias técnicas de reducción.

El mapa de clasificación te muestra la forma y el tamaño del tumor cerebral de manera precisa, sin embargo, también se puede observar que hay zonas que son confundidas.

Paciente 5:

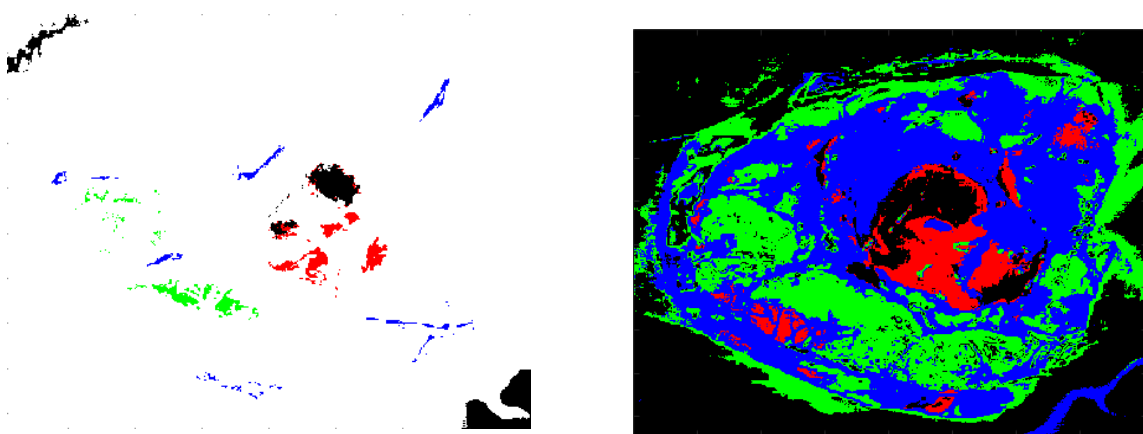


Figura 4-68. Mapa de clasificación del quinto paciente con varias técnicas de reducción.

En este caso, el quinto paciente, en el mapa de clasificación se observa la localización y la forma del tumor cerebral. Hay muestras clasificadas como tejido tumoral, cuando hay una alta posibilidad tras los resultados de la matriz de confusión que en realidad sea otro tipo de clase. Tras la unión de las técnicas,

el mapa de clasificación te indica más zonas dónde hay tejido sano en vez de vasos sanguíneos.

4.4.4 Base de datos etiquetados

A continuación, se muestra solamente la técnica de reducción dimensional PCA. Esto es debido puesto que, a la hora de generar algunas de las métricas de evaluación utilizando solamente los datos etiquetados, nos daban errores a la hora de generar ciertas matrices. PCA fue la excepción, aunque tuvimos que hacer varias modificaciones en el algoritmo, puesto que nos daba error a la hora de generar el mapa de clasificación. Tras hacer las modificaciones necesarias, se consiguió que se generara de forma correcta el código.

Se plantea esta idea puesto que muchas técnicas de reducción dimensional no eran capaces de trabajar con dimensiones tan grandes, pudiendo funcionar si se reducían sus dimensiones.

- Accuracy

A continuación, se muestran varias gráficas de los cinco pacientes. Estas gráficas tienen como finalidad indicar que componente principal posee una tasa de precisión máxima y si hay varios componentes principales con la misma tasa de precisión seguidas, te indica el último componente principal de estos (Figura 4-69, Figura 4-70, Figura 4-71, Figura 4-72 y Figura 4-73). Esto se hace puesto que, en el mapa de clasificación, en el último componente principal posee más precisión que en la primera. Se observa que los resultados son prácticamente idénticos utilizando la misma técnica con toda la base de datos.

Paciente 1:

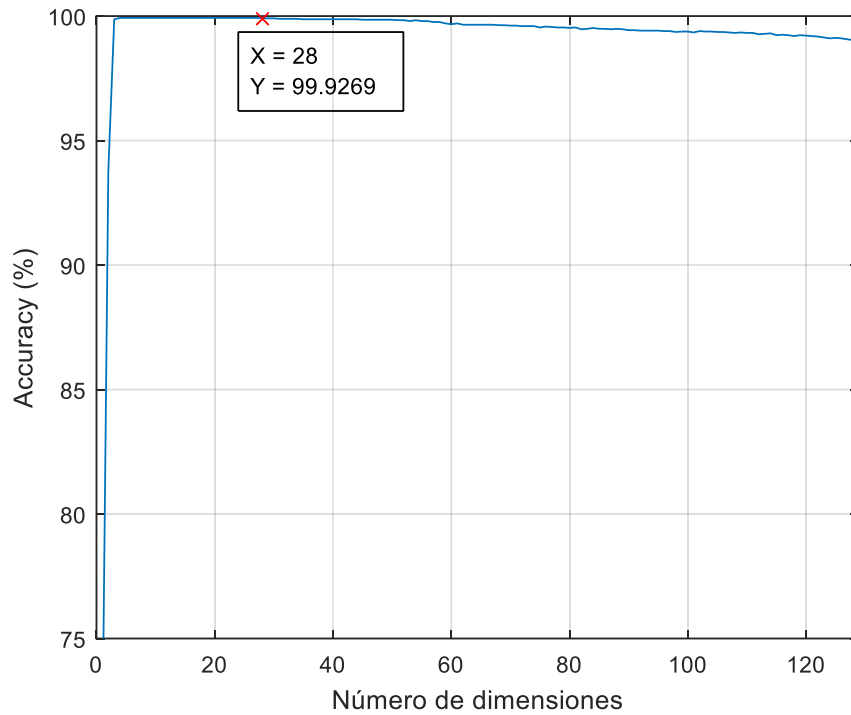


Figura 4-69. Gráfica de la tasa de precisión del primer paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.

En esta gráfica se indica que la tasa de acierto es del 99.9269%, cerca de la precisión máxima. Se puede observar que, esa precisión se alcanza con un número menor de componentes, sin embargo, se escoge el mayor número de componentes, 28, porque en el mapa de clasificación resultante se visualiza de manera más detallada la correcta localización de las clases.

Paciente 2:

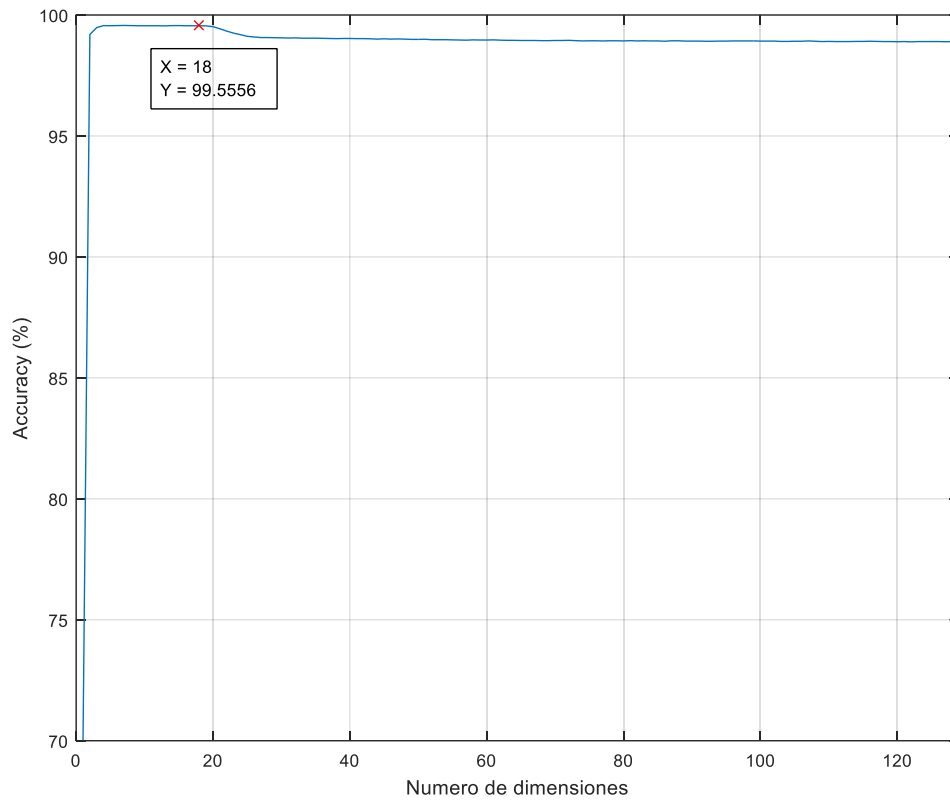


Figura 4-70. Gráfica de la tasa de precisión del segundo paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.

En cuanto al segundo paciente, se sigue el mismo planteamiento utilizado con el primer paciente. Cabe destacar que sólo se utilizan 18 componentes principales y da una tasa de acierto del 99.5556%, de los 129 que posee la imagen.

Paciente 3:

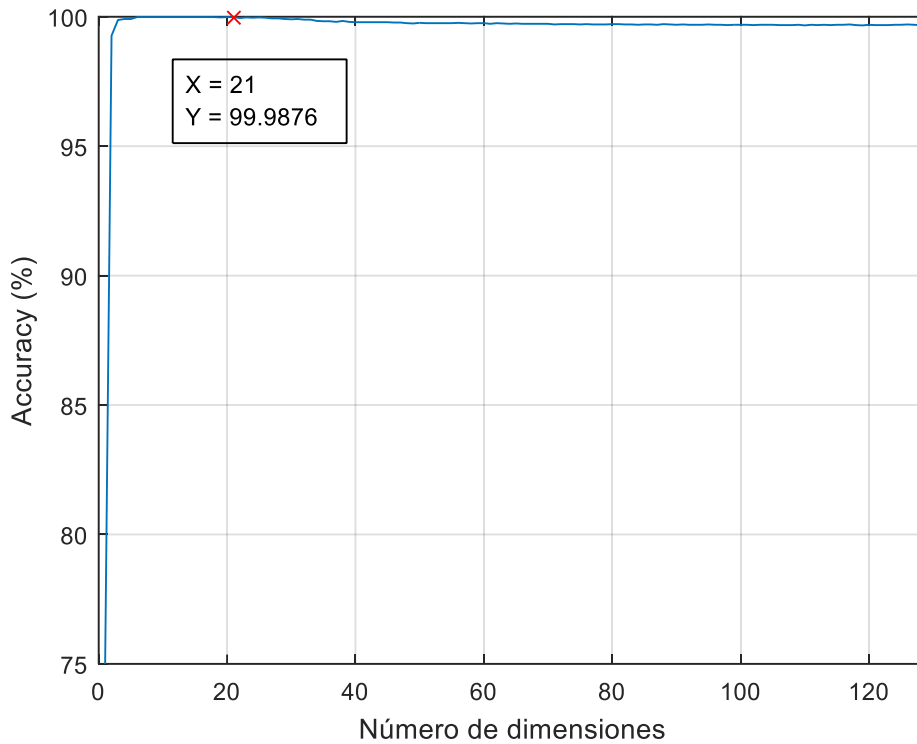


Figura 4-71. Gráfica de la tasa de precisión del tercer paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.

Respecto al tercer paciente, la tasa de precisión también es muy elevada, concretamente un 99.9876%, rozando el 100% con sólo 21 componentes principales, como en el caso de los dos primeros pacientes, se escoge el último componente principal con la misma tasa de precisión puesto que aporta más información a la hora de generar el mapa de clasificación

Paciente 4:

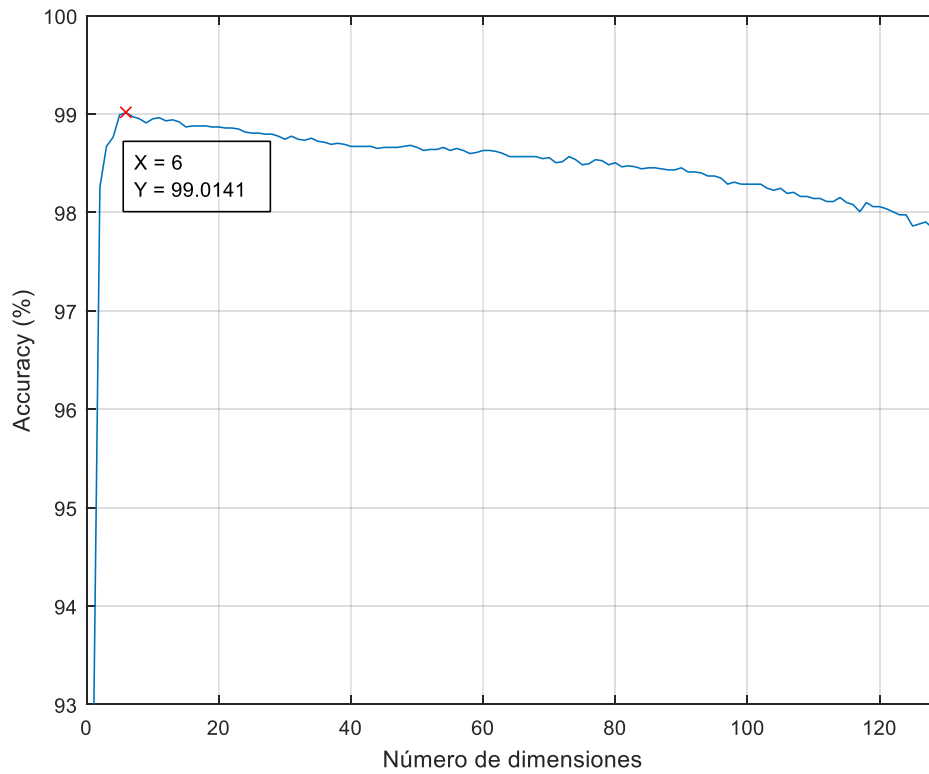


Figura 4-72. Gráfica de la tasa de precisión del cuarto paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.

En esta gráfica, se observa que el punto más alto es en la banda 6 con una tasa de acierto alrededor del 99%. Es una precisión muy alta para utilizar tan pocos componentes. Sin embargo, en este caso no hay varios componentes principales seguidos con la misma tasa de acierto.

Paciente 5:

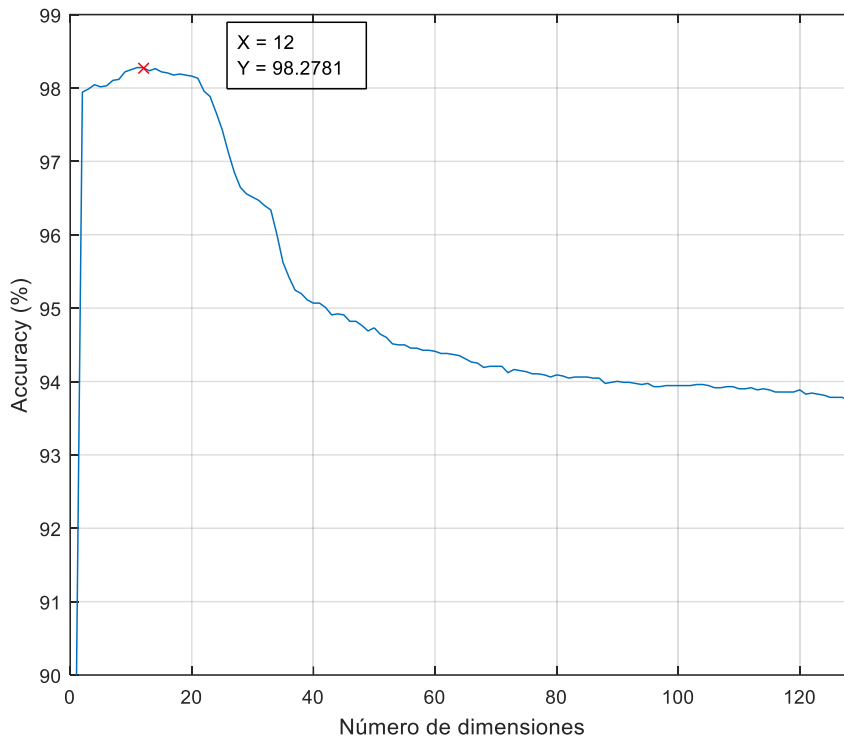


Figura 4-73. Gráfica de la tasa de precisión del quinto paciente con técnica PCA solo con los datos etiquetados.

Por último, el quinto paciente, llega a un nivel máximo de precisión del 98%, siendo la precisión más baja en comparación con los resultados de los otros pacientes. No obstante, sigue siendo una tasa de acierto muy buena.

- **Matriz de confusión**

Siguiendo la misma metodología, se muestran los resultados de la matriz de confusión de la técnica PCA de todos los pacientes (Tabla 4-44, Tabla 4-45, Tabla 4-46, Tabla 4-47 y Tabla 4-48). Son muy parecidos a los resultados de la misma técnica con los datos etiquetados.

Paciente 1: (Componente principal 28)

Tabla 4-44. Matriz de confusión del primer paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	2295	0	0	0
Clase 2	0	1217	0	0
Clase 3	0	4	1331	0
Clase 4	0	0	0	630

En el caso del primer paciente, solamente son confundidas cuatro muestras entre la clase 2 y 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos), estas cuatro muestras erróneas son prácticamente despreciables en comparación con el resto de muestras aceptadas.

Paciente 2: (Componente principal 18)

Tabla 4-45. Matriz de confusión del segundo paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	4498	0	2	11
Clase 2	0	820	1	2
Clase 3	18	35	8694	1
Clase 4	0	0	0	1671

En cuanto al segundo paciente, son confundidas más muestras en todas las clases. No obstante, el número de muestras erróneas no es elevado. Las clases que se confunden son: las clases 1 (tejido sano) y 3 (vasos sanguíneos), la clase 1 (tejido sano) y la 4 (*background*), la clase 2 (tejido tumoral) con la 3 (vasos sanguíneos) y por último, la clase 3 (vasos sanguíneos) con la 4 (*background*).

Pacientes 3: (Componente principal 21)

Tabla 4-46. Matriz de confusión del tercer paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1251	0	0	0
Clase 2	0	2046	0	1
Clase 3	0	0	4089	0
Clase 4	0	0	0	695

En cuanto al tercer paciente, la matriz de confusión es prácticamente perfecta a excepción de 1 muestra se es confundida entre las clases 2 y 4 (tumor y *background*).

Paciente 4: (Componente principal 6)

Tabla 4-47. Matriz de confusión del cuarto paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	1786	0	39	0
Clase 2	0	3655	0	0
Clase 3	56	0	1474	0
Clase 4	0	0	0	2625

En el caso del cuarto paciente, solamente se confunden las clases 1 y 3 (tejido sano y vasos sanguíneos), el número de muestras erróneas en comparación con las muestras acertadas son pocas, pero algo elevadas en comparación con los otros pacientes, por lo que se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

Paciente 5: (Componente principal 12)

Tabla 4-48. Matriz de confusión del quinto paciente con reducción dimensional PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1	Clase 2	Clase 3	Clase 4
Clase 1	977	0	0	0
Clase 2	0	1167	0	3
Clase 3	0	0	907	0
Clase 4	0	115	0	3684

Por último, el quinto paciente es el que más muestras erróneas ha obtenido, estas muestras son confundidas por la clase 2 y 4 (tejido tumoso y *background*). El número de muestras erróneas es algo elevado para solamente confundirse en dos clases, por lo que, como en el paciente anterior, se puede plantear otro tipo de estructura para mejorar los resultados.

- **Separabilidad**

Como en la técnica de reducción anterior, se muestra la siguiente tabla, Tabla 4-49, donde se recogen todos los pacientes y la separabilidad de las diferentes clases, en la tabla se muestra los componentes principales que se han analizado en las métricas anteriores, las cuales son las que poseen la separabilidad máxima posible.

Tabla 4-49. Grado máximo de separabilidad entre todas las clases etiquetadas usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

	Clase 1-2	Clase 1-3	Clase 1-4	Clase 2-3	Clase 2-4	Clase 3-4
Paciente 1	2	2	2	1.9925	2	2
Paciente 2	2	2	2	1.9994	2	2
Paciente 3	2	2	2	2	2	2
Paciente 4	1.9991	1.8488	2	2	2	2
Paciente 5	2	2	2	2	1.9966	2

- **Mapa de clasificación**

A continuación, se van a mostrar las imágenes en RGB, para después poder compararlas con el mapa de clasificación tras usar la reducción dimensional PCA en todos los pacientes (Figura 4-74, Figura 4-75, Figura 4-76, Figura 4-77 y Figura 4-78) y la evolución del mapa de clasificación de los tres primeros pacientes (Figura 4-79, Figura 4-80 y Figura 4-81).

Paciente 1:

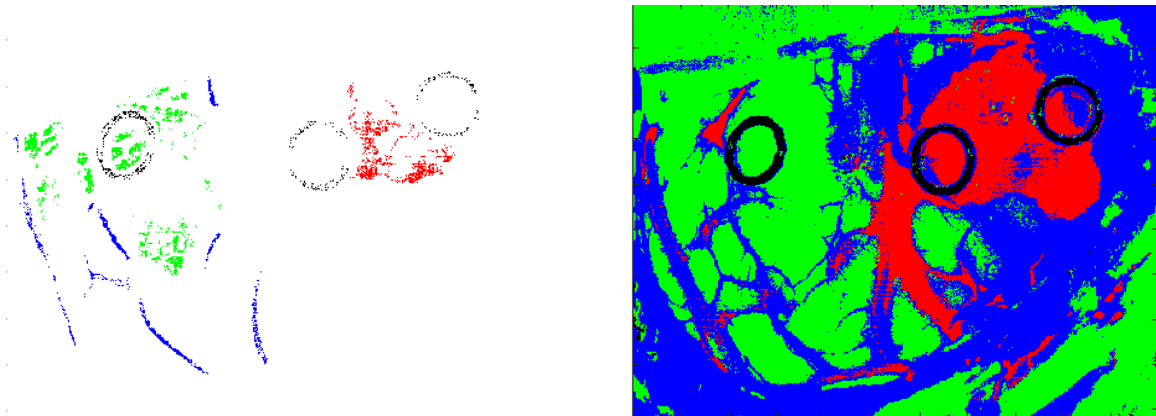


Figura 4-74. Mapa de clasificación del primer paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

El mapa de clasificación del primer paciente te localiza de manera precisa el tejido tumoral, sin embargo, como en el caso sin técnica de reducción dimensional, hay algunas muestras que te indican una clase que realmente no son, en este caso las clases que se confunden son la 2 y la 3 (tejido tumoral y vasos sanguíneos).

Paciente 2:

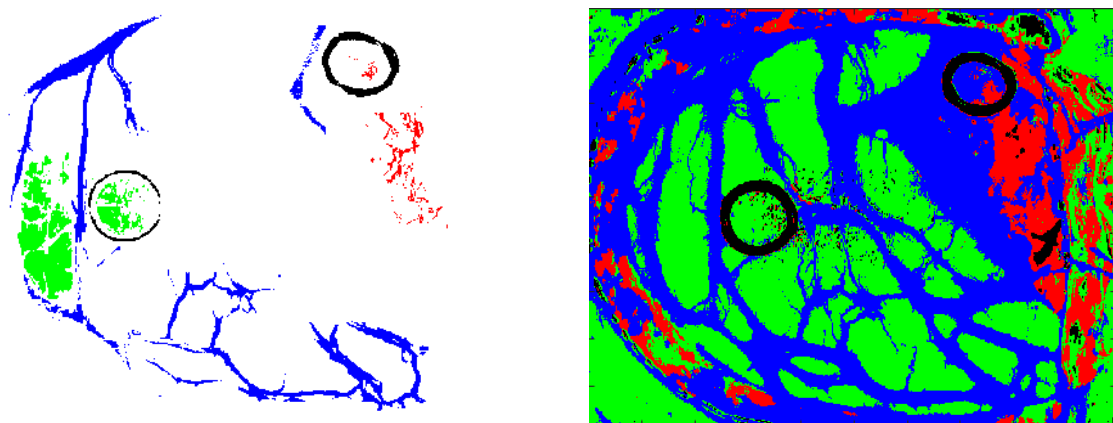


Figura 4-75. Mapa de clasificación del segundo paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

En cuanto al segundo paciente, el mapa de clasificación identifica dónde se encuentra el tejido tumoral y su forma. Por otro lado, también muestra una pequeña zona alrededor del tejido cerebral dónde parece que se está desarrollando un tumor, sin embargo, si nos fijamos en su matriz de confusión, Tabla 4-45, las dos primeras clases se confunden, por lo que esa zona podría ser sana.

Paciente 3:

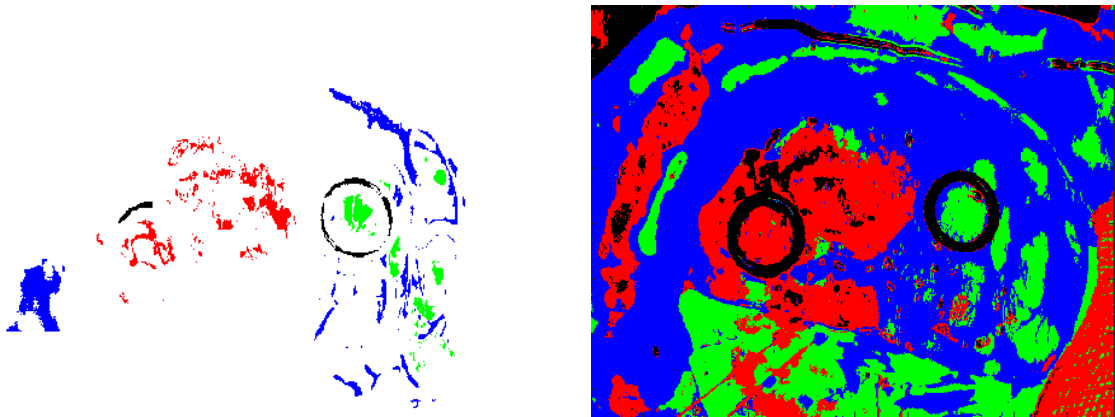


Figura 4-76. Mapa de clasificación del tercer paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

Respecto al tercer paciente, el mapa muestra dos posibles zonas dónde puede haber tejido tumoral, el principal es el que se encuentra en el primer marcador y el segundo una pequeña tira que puede estar desarrollándose

Paciente 4:

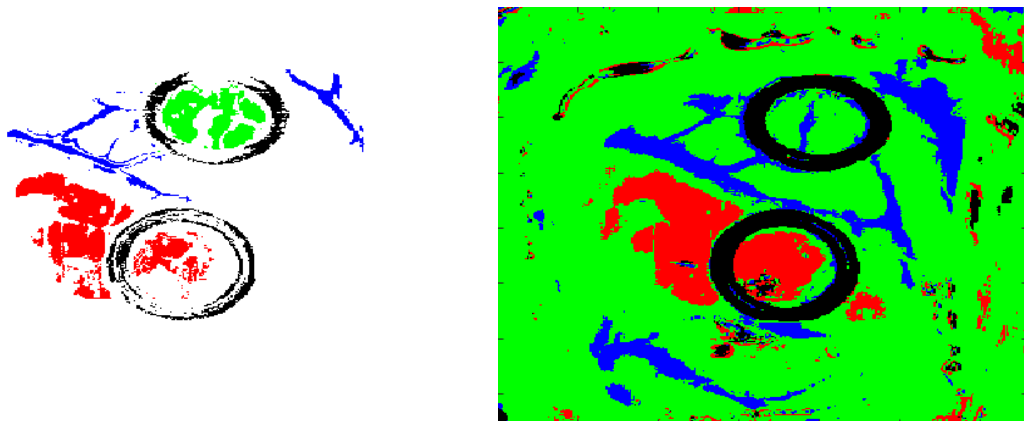


Figura 4-77. Mapa de clasificación del cuarto paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

El mapa de clasificación del cuarto paciente indica la localización y el tamaño de forma precisa del tejido tumoral, sin embargo, puede haber un par de muestras erróneas en la imagen, pero pueden ser despreciables.

Paciente 5:

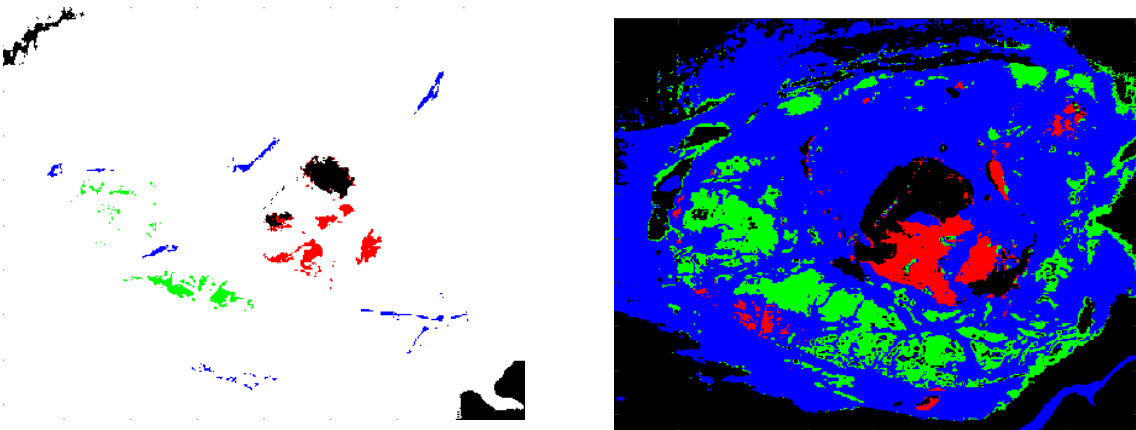


Figura 4-78. Mapa de clasificación del quinto paciente usando la técnica PCA solo con los datos etiquetados.

En cuanto al quinto paciente, se puede observar donde se encuentra el tumor cerebral, sin embargo, cabe destacar que la clase 2 y 4 (tejido tumoral y *background*) se confunden mucho como se aprecia en su matriz de confusión, por lo que, la parte negra puede ser en realidad tumor.

Evolución del primer paciente:

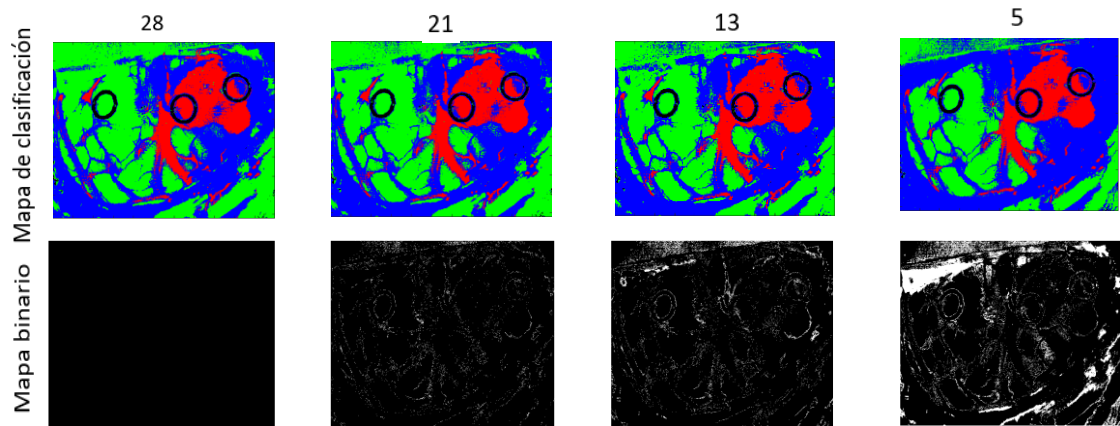


Figura 4-79. Comparativa de los mapas de clasificación del primer paciente

Se puede observar que, hay mas muestras diferentes cuando se comparan el mayor componente principal con el menor. Esto demuestra que los componentes escogidos a analizar poseen más información que los menores.

Evolución del segundo paciente:

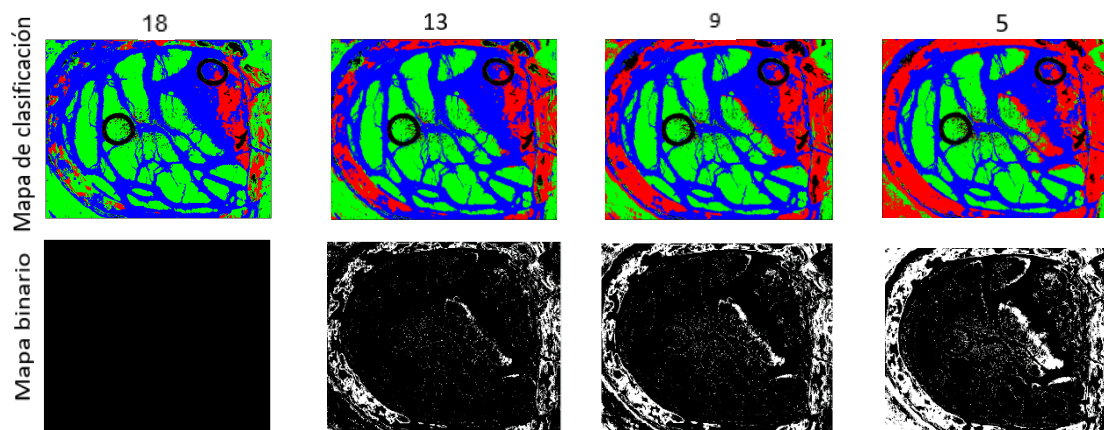


Figura 4-80. Comparativa de los mapas de clasificación del segundo paciente.

En este caso, se observa mucho más la diferencias de muestras entre varias componentes principales con una misma tasa de precisión. Escogiendo el último componente principal, el número de errores disminuye notablemente en comparación con el resto.

Evolución del tercer paciente:

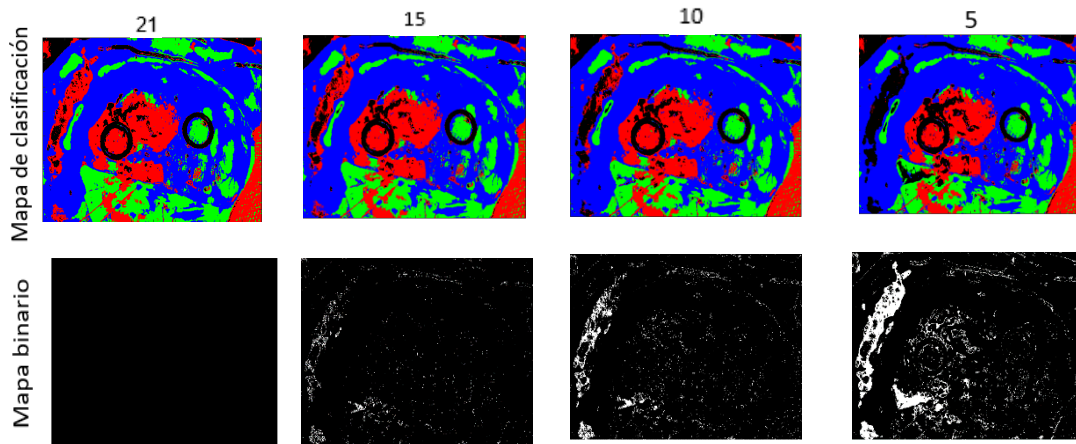


Figura 4-81. . Comparativa de los mapas de clasificación del tercer paciente.

En este caso, se observa que el número de muestras diferentes al principio es alta, sin embargo entre el componente principal 15 y 20, el número de muestras es mucho menor y en el mapa de clasificación no se observa mucha diferencia.

Como se puede observar, el mapa de clasificación es muy parecido cuando se utiliza toda la base de datos. Esto es debido porque la técnica de reducción y base de datos etiquetados utilizadas son las mismas que cuando se analizan con toda la base de datos.

4.5 Resumen

En este capítulo se muestran los resultados a la hora de evaluar las diferentes técnicas de reducción dimensional en la clasificación de imágenes hiperespectrales. La mayoría de las técnicas analizadas han dado muy buenos resultados, llegando a tasas de precisión del 99% y matrices de confusión muy precisas. Por otro lado, también se da el caso de una técnica de reducción que sus resultados obtenidos han sido inferiores en comparación con el resto de técnicas y sin reducción dimensional.

A la hora de unir todas las técnicas, sus predicciones siguen siendo muy positivas, puesto que no bajan del 94%, sin embargo, si se elimina la técnica LDA de dicha unión, los resultados mejoran notablemente, siendo el peor de los casos 97% de acierto, pero sus mapas de clasificación dan peores resultados.

Tras realizar el análisis de las diferentes técnicas de reducción, se puede observar que la técnica LDA en comparación al resto, posee una tasa de acierto muy baja, por lo que realmente no es una buena candidata para ser utilizada. Por otro lado, las técnicas PCA y MDS presentan un rendimiento similar, puesto que los resultados eran prácticamente iguales.

Finalmente, se observa que se ha reducido de manera considerable el mínimo número de componentes principales necesarias sin perder información.

5 Conclusiones y trabajo futuro

5.1 Conclusiones

Acorde con los objetivos planteados para este Trabajo Fin de Grado, se ha evaluado la utilización de diferentes técnicas de reducción dimensional para la detección de tumores cerebrales. Para ello, se han usado las imágenes hiperespectrales descritas en el capítulo 3. Procedimiento de la generación de base de datos de tejidos cerebrales hiperespectrales, comprobando así, si existe diferencia alguna entre los diferentes tejidos en el rango VNIR del espectro electromagnético.

Para la evaluación de dichas técnicas se utiliza el clasificador SVM (*Support Vector Machine*) durante todo el TFG. Las técnicas de reducción dimensional que se han analizado son el PCA, MDS, LDA y *Factor Analysis*. No se han evaluado otras técnicas de reducción puesto que o las técnicas no eran capaces de soportar grandes dimensiones o el tiempo de ejecución eran muy elevados por pacientes para las horas en las que se debía realizar el TFG.

En el capítulo 4 se observó que, la precisión que se obtiene las imágenes hiperespectrales eran elevadas teniendo en cuenta que no se utilizaba ninguna técnica de reducción. Estos resultados sirvieron como comparativa, Tabla 4-1, para estudiar si realmente era ventajoso utilizar técnicas de reducción. Las técnicas PCA, MDS y *Factor Analysis* son las técnicas que obtuvieron una mejor precisión con respecto a los resultados de las imágenes hiperespectrales originales, utilizando solamente un máximo de 28, 28 y 7 componentes principales respectivamente. Por el caso contrario, la técnica LDA aparte de ser la que más dimensiones necesitaba para tener unas tasas de acierto competitivas, era la que peor precisión tuvo, teniendo resultados peores que sin ninguna técnica de reducción.

Finalmente, se ha probado a clasificar las imágenes usando una composición de los resultados de cada reducción dimensional.

Por otro lado, a la hora de unir todas las técnicas de reducción dimensional con los componentes principales más importantes, la precisión baja ligeramente

con respecto a todas las técnicas a excepción de la técnica LDA, además de usar una gran cantidad de dimensiones.

A continuación, se muestra en la Tabla 5-1, todos los resultados de cada paciente de todas las técnicas de reducción para observar de manera visual que técnicas han dado resultados positivos.

Tabla 5-1. Resultados de la tasa de precisión de todos los pacientes con todos los tipos de técnicas evaluadas.

	Sin Reducción	PCA	MDS	LDA	Factor Analysis	Unión todas técnicas	Unión sin LDA
Paciente 1	99.0321	99.9993	99.9270	75.4428	98.8679	94.6683	99.6165
Paciente 2	98.8954	99.5557	99.5556	91.5949	98.8065	97.4926	99.4604
Paciente 3	99.6535	99.9876	99.9876	88.9633	99.7031	97.2657	98.8268
Paciente 4	97.8310	99.1074	99.1073	94.8211	98.6507	98.1733	98.6508
Paciente 5	93.7548	98.2783	98.3074	88.6626	98.2490	97.7236	97.7236

Se observa que, aunque haya un poco más de precisión en algunas técnicas de reducción dimensional, la diferencia no es muy elevada, sin embargo, la gran diferencia a la hora de disminuir la dimensionalidad sin perder ningún tipo de información.

Finalmente, el software desarrollado permite visualizar la diferenciación de los tejidos presentes en las imágenes hiperespectrales. Algunas técnicas de reducción mejoran la precisión de la localización y forma del tumor y reduce de forma considerable el número de componentes principales necesarios a generar.

5.2 Trabajo futuro

El trabajo futuro a este TFG tiene muchas variantes. Por un lado, se pueden analizar más técnicas de reducción dimensional debido a que la dimensionalidad de las imágenes es tan grande que no es posible usar todas las técnicas del *toolbox* que se ha usado, el cual incluye 30 técnicas de reducción, aparte de que

había técnicas que sí funcionaban pero que tardaban demasiado tiempo en ejecutarse. Por lo que se propone el uso de algunos *toolboxes* alternativos, como t-SNE [49], ICA (*Independent Component Analysis*) [50] o BSS (*Blind Source Separation*) [51].

Otra opción a realizar es añadir más pacientes a la base de datos y seguir entrenando y actualizando el software, en otras palabras, se puede aplicar esta metodología a otras imágenes hiperespectrales.

También sería interesante poder evaluar diferentes tipos de clasificadores, como el ANN, utilizando las mismas técnicas de reducción dimensional para poder estudiar si a la hora de cambiar el clasificador, los resultados modifican. Por otro lado, también sería interesante optimizar los parámetros del clasificador SVM realizando más particiones dentro de las muestras de entrenamiento, para poder analizar si mejoran los resultados.

Finalmente, también se plantea realizar una integración de las técnicas de reducción dimensional dentro del mismo clasificador.

Parte II:

Bibliografía

Bibliografía

- [1] “Cada año se detectan en España 3.500 casos nuevos tumores cerebrales,” *El diario*. [Online]. Available: https://www.eldiario.es/canariasahora/sociedad/detectan-Espana-nuevos-tumores-cerebrales_0_13298909.html.
- [2] A. Sanz Cortés and M. E. Olivares Crespo, “Calidad de vida en pacientes con tumores cerebrales: importancia de las variables psicológicas. (Spanish),” *Qual. life patients with gliomas role Psychol. Var.*, vol. 26, no. 1, pp. 23–32, 2015.
- [3] I. M. D and E. a Ngelis, “Brain Tumors,” *Med. Prog. N Engl J Med*, vol. 114, no. 2, pp. 114–123, 2001.
- [4] D. Ravi, H. Fabelo, G. M. Callic, and G. Z. Yang, “Manifold Embedding and Semantic Segmentation for Intraoperative Guidance with Hyperspectral Brain Imaging,” *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 36, no. 9, pp. 1845–1857, 2017.
- [5] S. Cadd, B. Li, P. Beveridge, W. T. O’Hare, A. Campbell, and M. Islam, “The non-contact detection and identification of blood stained fingerprints using visible wavelength reflectance hyperspectral imaging: Part 1,” *Sci. Justice*, vol. 56, no. 3, pp. 181–190, 2016.
- [6] S. Pani *et al.*, “High energy resolution hyperspectral x-ray imaging for low-dose contrast-enhanced digital mammography,” *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 36, no. 9, pp. 1784–1795, 2017.
- [7] A. H. Guedes, “Implementación de algoritmos de clasificación de imágenes hiperespectrales.”
- [8] A. A. Gowen, C. P. O’Donnell, P. J. Cullen, G. Downey, and J. M. Frias, “Hyperspectral imaging - an emerging process analytical tool for food quality and safety control,” *Trends Food Sci. Technol.*, vol. 18, no. 12, pp. 590–598, 2007.
- [9] P. D. Randall B. Smith, “Hyperspectral Imaging,” *Middlet. Res. Tech. Notes*, 2012.

- [10] S. Marshall, T. Kelman, T. Qiao, P. Murray, and J. Zabalza, "Hyperspectral Imaging for Food Applications," *23rd Eur. Signal Process. Conf. HYPER SPECTRAL*, pp. 2854–2858, 2015.
- [11] N.-N. Wang, D.-W. Sun, Y.-C. Yang, H. Pu, and Z. Zhu, "Recent Advances in the Application of Hyperspectral Imaging for Evaluating Fruit Quality," *Food Anal. Methods*, vol. 9, no. 1, pp. 178–191, 2016.
- [12] T. Adão *et al.*, "Hyperspectral imaging: A review on UAV-based sensors, data processing and applications for agriculture and forestry," *Remote Sens.*, vol. 9, no. 11, 2017.
- [13] W. Yin, C. Zhang, H. Zhu, Y. Zhao, and Y. He, "Application of near-infrared hyperspectral imaging to discriminate different geographical origins of Chinese wolfberries," *PLoS One*, vol. 12, no. 7, pp. 1–15, 2017.
- [14] S. George and J. Y. Hardeberg, "Ink classification and visualisation of historical manuscripts: Application of hyperspectral imaging," *Proc. Int. Conf. Doc. Anal. Recognition, ICDAR*, vol. 2015–Novem, pp. 1131–1135, 2015.
- [15] A. Polak *et al.*, "Hyperspectral imaging combined with data classification techniques as an aid for artwork authentication," *J. Cult. Herit.*, vol. 26, pp. 1–11, 2017.
- [16] J. S. Pozo-Antonio, M. P. Fiorucci, A. Ramil, T. Rivas, and A. J. López, "Hyperspectral Imaging as a Non Destructive Technique to Control the Laser Cleaning of Graffiti on Granite," *J. Nondestruct. Eval.*, vol. 35, no. 3, pp. 1–8, 2016.
- [17] L. Wang, H. Pu, D. W. Sun, D. Liu, Q. Wang, and Z. Xiong, "Application of Hyperspectral Imaging for Prediction of Textural Properties of Maize Seeds with Different Storage Periods," *Food Anal. Methods*, vol. 8, no. 6, pp. 1535–1545, 2015.
- [18] D. Wu, H. Shi, Y. He, X. Yu, and Y. Bao, "Potential of hyperspectral imaging and multivariate analysis for rapid and non-invasive detection of gelatin adulteration in prawn," *J. Food Eng.*, vol. 119, no. 3, pp. 680–686, 2013.
- [19] D. Liu, X.-A. Zeng, and D.-W. Sun, "Recent Developments and Applications of

- Hyperspectral Imaging for Quality Evaluation of Agricultural Products: A Review,” *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, vol. 55, no. 12, pp. 1744–1757, 2015.
- [20] C. Wang, W. Zheng, Y. Bu, S. Chang, S. Zhang, and R. X. Xu, “Multi-scale hyperspectral imaging of cervical neoplasia,” *Arch. Gynecol. Obstet.*, vol. 293, no. 6, pp. 1309–1317, 2016.
- [21] N. Muselimyan *et al.*, “Seeing the invisible: Revealing atrial ablation lesions using hyperspectral imaging approach,” *PLoS One*, vol. 11, no. 12, pp. 1–16, 2016.
- [22] Q. Wang, Q. Li, M. Zhou, Z. Sun, H. Liu, and Y. Wang, “A hyperspectral vessel image registration method for blood oxygenation mapping,” *PLoS One*, vol. 12, no. 6, pp. 1–18, 2017.
- [23] B. Regeling *et al.*, “Hyperspectral Imaging Using Flexible Endoscopy for Laryngeal Cancer Detection,” *Sensors*, vol. 16, no. 8, p. 1288, 2016.
- [24] S. Theodoridis, “Introduction,” *Mach. Learn.*, pp. 1–8, 2015.
- [25] P. Louridas and C. Ebert, “Machine Learning,” *IEEE Softw.*, vol. 33, no. 5, pp. 110–115, 2016.
- [26] A. Pedro Duarte Silva, “Optimization approaches to Supervised Classification,” *Eur. J. Oper. Res.*, vol. 261, no. 2, pp. 772–788, 2017.
- [27] P. Ghamisi, J. Plaza, Y. Chen, J. Li, and A. J. Plaza, “Advanced Spectral Classifiers for Hyperspectral Images: A review,” *IEEE Geosci. Remote Sens. Mag.*, vol. 5, no. 1, pp. 8–32, 2017.
- [28] S. Vapnik, V. N., & Kotz, “Estimation of dependences based on empirical data,” *New York Springer-Verlag.*, vol. 40, 1982.
- [29] C. J. Burges, “A tutorial on support vector machines for pattern recognition. Data mining and knowledge discovery.,” vol. 2, pp. 121–167, 1998.
- [30] F. Amato, A. López, E. M. Peña-Méndez, P. Vañhara, A. Hampl, and J. Havel, “Artificial neural networks in medical diagnosis,” *J. Appl. Biomed.*, vol. 11, no. 2, pp.

- 47–58, 2013.
- [31] X. Yao, “Evolving artificial neural networks,” *Proc. IEEE*, vol. 87, no. 9, pp. 1423–1447, 1999.
- [32] L. Van Der Maaten, E. Postma, and J. Van Den Herik, “Dimensionality Reduction : A Comparative Review,” *October*, pp. 1–35, 2009.
- [33] C. O. S. Sorzano, J. Vargas, and a P. Montano, “A survey of dimensionality reduction techniques,” *arXiv Prepr. arXiv1403.2877*, pp. 1–35, 2014.
- [34] S. Papazoglou and K. Mylonas, “An examination of Alternative Multidimensional Scaling Techniques,” *Educ. Psychol. Meas.*, vol. 77, no. 3, pp. 429–448, 2017.
- [35] A. Buja, D. F. Swayne, M. L. Littman, N. Dean, H. Hofmann, and L. Chen, “Data Visualization with Multidimensional Scaling,” *J. Comput. Graph. Stat.*, vol. 06511, pp. 1–30, 2007.
- [36] C. Science and M. Studies, “Mathematical Analysis of PCA , MDS and ISOMAP Techniques in Dimension Reduction,” vol. 7782, no. 1901, pp. 61–67, 2015.
- [37] A. M. Martinez and A. C. Kak, “PCA versus LDA,” *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 23, no. 2, pp. 228–233, 2001.
- [38] H. Fabelo *et al.*, “An intraoperative visualization system using hyperspectral imaging to aid in brain tumor delineation,” *Sensors (Switzerland)*, vol. 18, no. 2, 2018.
- [39] C. B. Alem and G. M. Callic, “INSTRUMENTATION FOR THE ACQUISITION OF HYPERSPECTRAL IMAGING : Instrumentation for the acquisition of hyperspectral imaging : Development of custom software for capture and analysis Instrumentación para la adquisición de imágenes hiperespectrales : Desarr,” 2016.
- [40] G. Colmenares, “Inteligencia Artificial Máquinas de Vectores de Soporte Capítulo IV Gerardo Colmenares,” pp. 1–11.
- [41] C.-C. Chang and C.-J. Lin, “Libsvm. A Library for Support Vector Machines CHIH-

- CHUNG," *ACM Trans. Intell. Syst. Technol.*, vol. 2, no. 3, pp. 1–27, 2011.
- [42] L. J. P. Van Der Maaten and G. E. Hinton, "Visualizing high-dimensional data using t-sne," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 9, pp. 2579–2605, 2008.
- [43] A. Mudry and A. Tjellström, "Historical background of bone conduction hearing devices and bone conduction hearing aids," *Adv. Otorhinolaryngol.*, vol. 71, pp. 1–9, 2011.
- [44] I. H. Witten, E. Frank, M. A. Hall, I. H. Witten, E. Frank, and M. A. Hall, "Chapter 5 – Credibility: Evaluating What's Been Learned," in *Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques*, 2011, pp. 147–187.
- [45] O. Caelen, "A Bayesian interpretation of the confusion matrix," *Ann. Math. Artif. Intell.*, vol. 81, no. 3–4, pp. 429–450, 2017.
- [46] M. Ohsaki, P. Wang, K. Matsuda, S. Katagiri, H. Watanabe, and A. Ralescu, "Confusion-matrix-based kernel logistic regression for imbalanced data classification," *IEEE Trans. Knowl. Data Eng.*, vol. 29, no. 9, pp. 1806–1819, 2017.
- [47] S. Ruuska, W. Hämmäläinen, S. Kajava, M. Mughal, P. Matilainen, and J. Mononen, "Evaluation of the confusion matrix method in the validation of an automated system for measuring feeding behaviour of cattle," *Behav. Processes*, vol. 148, no. January, pp. 56–62, 2018.
- [48] J. C. Viera Santana, "Evaluación de técnicas avanzadas de clasificación para la generación de cartografía de alta resolución en la Reserva Natural de las Dunas de Maspalomas," 2016.
- [49] L. Van Der Maaten, "Accelerating t-SNE using Tree-Based Algorithms," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 15, no. 2014, pp. 1–21, 2014.
- [50] A. Hyvärinen and E. Oja, "Independent Component Analysis: Algorithms and Applications," *Neural Networks*, vol. 13, no. 45, pp. 411–430, 2000.
- [51] L. Parra and P. Sajda, "Blind Source Separation via Generalized Eigenvalue

Decomposition," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 4, no. 7–8, pp. 1261–1269, 2003.

Parte III: Presupuesto

El presupuesto del presente Trabajo Fin de Grado se ha valorado en función de la última lista actualizada de Honorarios Orientativos publicada por el Colegio Oficial de Ingenieros Técnicos de Telecomunicación, denominada Costes Estimados de Trabajos Profesionales correspondiente al año 2008. Así, el presupuesto se ha estructurado en siete secciones:

1. Recursos Humanos
2. Recursos Hardware
3. Recursos Software
4. Redacción del TFG
5. Derechos de visado del COITT
6. Presupuesto total

P1. Recursos humanos

En este apartado se incluyen los honorarios a percibir por el ingeniero en el desarrollo del proyecto en función de las horas de trabajo que se han empleado en su realización. El importe de dichas horas de trabajo se calcula siguiendo las recomendaciones del Colegio Oficial de Ingenieros Técnicos de Telecomunicaciones (COITT) mediante la siguiente ecuación.

$$\text{Honorarios (€)} = H_n \cdot 14.48 + H_e \cdot 20.27 \quad (\text{Eq. P1-1})$$

Siendo H_n las horas realizadas en jornada laboral y H_e las horas realizadas fuera de la jornada normal de trabajo.

Para desarrollar este proyecto se necesitaron 300 horas, todas ellas realizadas dentro del horario normal de la jornada de trabajo. Por tanto, sustituyendo estos datos de ecuación, el coste total asciende a:

$$\text{Honorarios (€)} = 300 \cdot 14.48 + 0 \cdot 20.27 = 4.344,00 \text{ €} \quad (\text{Eq. P1-2})$$

Los honorarios totales por tiempo dedicado, libre de impuestos, suman un total de *cuatro mil trescientos cuarenta y cuatro euros*.

P2. Recursos hardware

El coste de los recursos hardware vendrá determinado por las cámaras hiperespectrales y el equipo informático empleados en la realización del Trabajo Fin de Grado.

- Hyperspec VNIR A-Series
- Hyperspec NIR 100/U
- Ordenador de sobremesa (Lenovo Z580)

Para el cálculo de los costes de los recursos materiales, hardware y software, se utilizará un sistema de amortización lineal o constante, en el que se supone que el inmovilizado material se desprecia de forma constante a lo largo de su vida útil. La cuota de amortización anual se calcula usando la siguiente fórmula.

$$Cuota\ anual = \frac{Valor\ de\ adquisición - Valor\ residual}{Años\ de\ vida\ útil} \quad (Eq.\ P2-1)$$

El valor residual es el valor teórico que tendrá el elemento analizado después de su vida útil.

Tabla P2- 1. . Coste total de recursos hardware.

Concepto	Coste unitario (€)	Valor residual (€)	Coste mensual (€)	Importe (€)
Hyperspec VNIR A-Series	40000.00	20000.00	1666.67	1666.67
Hyperspec NIR 100/U	80000.00	40000.00	3000.00	3000.00
Ordenador Lenovo	799.00	200.00	9.98	29.95
			Coste Total	4696.62

P3. Recursos software

Respecto a los recursos software se utilizan los mismos criterios que en epígrafe anterior. Las herramientas software usadas han sido las siguientes:

- Sistema operativo Microsoft Windows 10 64 bits
- Matlab 2015
- Microsoft Office 2016

En la Tabla (Tabla P3- 1) se recogen los costes asociados a los recursos software libres de impuestos. El coste total asociado a las herramientas software empleadas asciende a 704.51 €.

Tabla P3- 1. Coste total de recursos software.

Concepto	Coste unitario (€)	Valor residual (€)	Coste mensual (€)	Importe (€)
Windows 10	279.00	0.00	23.25	69.75
Matlab	2000.00	0.00	166.67	500.00
Microsoft Office	539.00	0.00	44.92	134.76
			Coste Total	704.51

P4. Redacción del proyecto

De acuerdo a los honorarios orientativos del COIT, el importe de la redacción del presente TFG se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$R = 0.05 \cdot P \cdot C_n \quad (\text{Eq. P4-1})$$

Donde P es el presupuesto y C_n es el coeficiente de ponderación en función del coste de presupuesto.

El valor del presupuesto se calcula como la suma del coste de todas las secciones anteriores, como se puede observar en la Tabla (Tabla P4-1).

Tabla P4-1. Presupuesto de los costes de todas las secciones.

Concepto	Coste(€)
Recursos humanos	4344.00
Recursos Hardware	4696.62
Recursos software	704.51
Total (P)	9745.13

Por otra parte, para este proyecto el coeficiente de ponderación C_n tiene un valor de unidad debido a que el coste total del TFG no supera los 30050.00€. Por lo que:

$$R = 0.05 * 9745.13 = 487.26 \text{ €} \quad (\text{Eq. P4-2})$$

Por lo tanto, el coste de redacción asciende a *cuatrocientos ochenta y siete euros con veintiséis céntimos*.

P5. Derechos de visado del COITT

El COITT establece que, para proyectos técnicos de carácter general, los derechos de visado para 2017 se calculan con la ecuación:

$$V = 0,0035 \cdot P \cdot C \quad (\text{Eq. P5-1})$$

Donde P es el presupuesto del proyecto y C es el coeficiente reductor en función del presupuesto.

El presupuesto acumulado del proyecto (P) se calcula en la Tabla (Tabla P5-1), el coeficiente C es igual a la unidad ya que el coste total del proyecto no superar los 30050.00€.

Tabla P5- 1. Presupuestos totales con redacción del trabajo.

Concepto	Coste
Recursos humanos	4344.00
Recursos hardware	4696.62
Recursos software	704.51
Redacción del trabajo	487.26
Total (P)	10232.39

$$V = 0,0035 \cdot 10232.39 = 35.81\text{€} \quad (\text{Eq. P5-2})$$

Por lo tanto, el coste del visado de COITT es de *treinta y cinco euros con ochenta y un céntimos*.

P6. Presupuesto total

A la actividad económica de este TFG se le debe aplicar el Impuesto General Indirecto Canario (IGIC), el cual graba el presupuesto con un 7%. Por tanto, el presupuesto total del proyecto sería el que se muestra en la Tabla (Tabla P6- 1).

Tabla P6- 1. Presupuesto total del Trabajo Fin de Grado.

Concepto	Coste
Recursos humanos	4344.00
Recursos hardware	4696.62
Recursos software	704.51
Redacción del trabajo	487.26
Costes de visado del COITT	35.81
Subtotal	10268.20
IGIC (7%)	718.78
Total	10986.98

El presupuesto total del trabajo “Evaluación de reducción dimensional en la clasificación de imágenes hiperespectrales de tumores cerebrales” asciende a *diez mil novecientos ochenta y seis euros con noventa y ocho céntimos*.



Firmado: Beatriz Martínez Vega

Parte IV:
Pliego de condiciones

PI. 1 Introducción

En el pliego de condiciones se describen las condiciones que se exigen en este Trabajo Fin de Grado para su correcta reproductividad. A continuación, se describe de forma muy breve el conjunto de los componentes hardware y software empleados durante la realización del proyecto.

PI. 2 Recursos hardware

- Hyperspec VNIR A-Series: cubre el rango espectral que va desde 400 a 1000 nm. Es capaz de capturar 826 bandas espectrales y 1004 píxeles espaciales.
- Hyperspec NIR 100/U: cubre el rango espectral de 900 a 1700 nm., posee 172 canales espectrales y 320 píxeles espaciales.
- Ordenador de sobremesa (Lenovo Z580): con un procesador Intel Core i7, 8GB de memoria RAM.

PI. 3 Recursos software

- Matlab 2015: Herramienta de software matemático que ofrece un entorno de desarrollo integrado con un lenguaje de programación propio que permite el análisis y la visualización de datos.
- Microsoft Office 2016: paquete informático utilizado para la redacción de este TFG.

Parte V: Anexos

Anexo I. Especificaciones técnicas Hyperspec VNIR

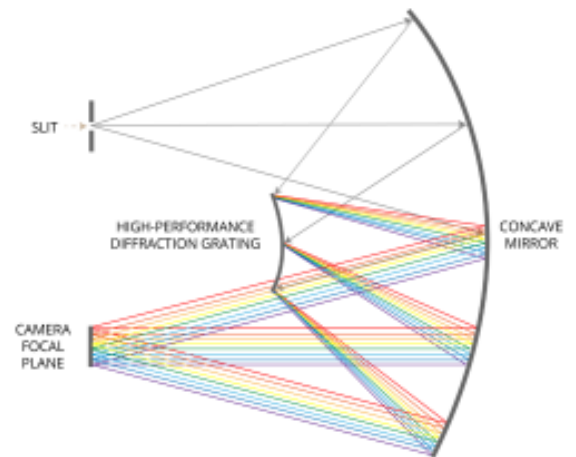
Hyperspec® VNIR Specifications

Hyperspec VNIR	A Series	N Series	E Series
Wavelength Range (nm)	400nm - 1000nm		
Aperture	F/2.0		
Dispersion per pixel	0.74 nm	0.80 nm	0.65 nm
Slit Width (Interchangeable) Optional - 16, 40, 60, 100	25 µm standard		
Slit Length	12 mm		
Spectral Resolution (25µ slit)	2-3 nm		
Spectral Bands	810	750	923
Spatial Bands	1000	1004	1600
Smile - Aberration-corrected	Yes		
Keystone - Aberration-corrected	Yes		
Stray Light	< 0.5%		

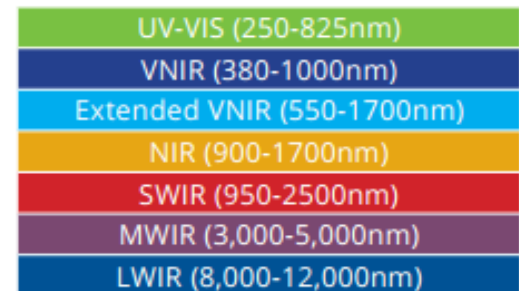
Image Acquisition	A Series	N Series	E Series
Detector	Silicon CCD		S-CMOS
Dynamic Range	60 dB	89 dB	88.6 dB
Frame Rates (fps)	> 90	30	100-400
Pixel Pitch (microns)	7.4	8.0	6.5
Read AD	12 bit	16 bit	16 bit
Binning	Yes		
Region of Interest	Yes		
Camera Control Interface	base Cameralink		full Cameralink

Environmental	A Series	N Series	E Series
Operational Temperature	0° C - 30° C	0° C - 30° C	10° C - 40° C
Storage Temperature	-20° C - 40° C	-25° C - 75° C	-10° C - 60° C
Relative Humidity (Non-Condensing)	< 70%	< 70%	10-80%
Weight	6.8 lbs/ 3.0 kg	7.5 lbs/ 3.4 kg	8 lbs/ 3.6 kg

All-Reflective Concentric Imager



Headwall covers the hyperspectral range!



About Headwall Photonics: Headwall is the leading designer and manufacturer of imaging spectrometers and spectral instrumentation for industrial, commercial, and government markets. Headwall's high performance spectrometers, spectral engines, and holographic diffraction gratings have been selected by OEM and end-user customers around the world for use in critical application environments. As a pioneer in advanced, patented optics technology, Headwall enjoys a market-leading position through the design and manufacture of spectral instrumentation that is customized for application-specific performance.

Information in this document is subject to change without notice. Headwall Photonics, Inc. reserves the right to change or improve its products and specifications and to make changes in content without obligation to notify any person or organization of such changes or improvements. The Hyperspec® name (and all its derivations) is a registered Trademark of Headwall Photonics, Inc.

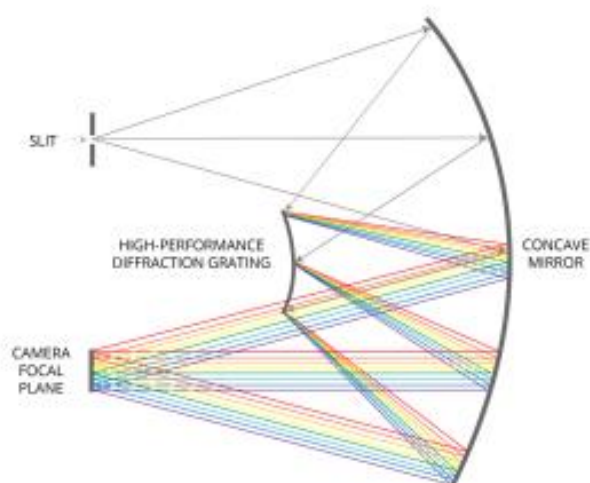
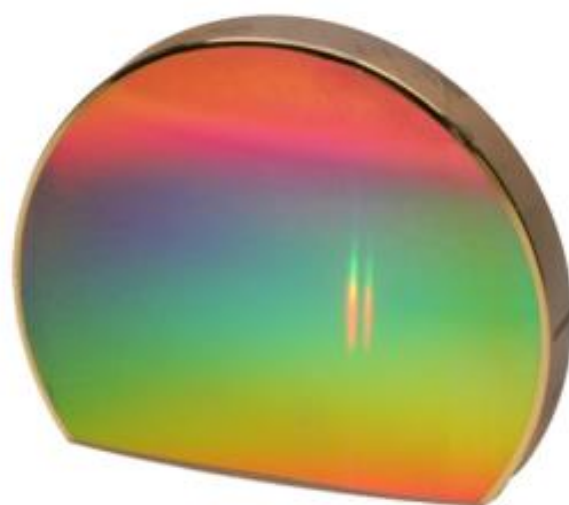


Anexo II. Especificaciones técnicas Hyperspec NIR

Hyperspec® NIR		
	R-Series	X-Series
Wavelength Range (nm)	900-1700	
Aperture	F/2.0	
Entrance Slit Width	25 µm	
Dispersion/Pixel (nm/pixel)	4.8	
FWHM Slit Image	4 nm	
Slit Length	12 mm	
Spectral Bands	166	
Spatial Bands	320	
Smile - Aberration-corrected	Yes	
Keystone - Aberration-corrected	Yes	
FPA Detector	InGaAs	
Camera Control Interface	Base CameraLink	USB
Max. Frame Rate (Hz)	340	100
Weight (lb / kg)	6.4 / 2.9	11.2 / 5.1
Max. Power (W)	13	30

All-Reflective Concentric Imager

Headwall's hyperspectral sensors deliver aberration-corrected imaging characterized by high spatial and spectral resolution, a wide field of view, and very high signal throughput. Headwall's own application-specific diffraction gratings are fundamental to these key specifications, which are crucial for all hyperspectral sensors. Headwall's all-reflective, concentric sensor design is robust and thermally stable.



For more information contact:

analytikLtd (UK and Ireland Distributor)
 2 Cygnus Business Park, Middle Watch, Swavesey, Cambridge, CB24 4AA
 T: +44 (0)870 991 4044 E: info@analytik.co.uk www.analytik.co.uk

Information in this document is subject to change without notice. Headwall Photonics, Inc. reserves the right to change or improve its products and specifications and to make changes in content without obligation to notify any person or organization of such changes or improvements. The Hyperspec® name (and all its derivations) is a registered trademark of Headwall Photonics, Inc. *US and/or EU Export Restrictions may apply to this Dual Use Product.



February 2016 © 2014 Headwall Photonics, Inc. • 601 River Street, Fitchburg, Massachusetts USA 01420

U.S. tel: 978.353.4100 • Europe tel: +44 7825 187866 • e-mail: information@headwallphotonics.com

Códigos

Los códigos relativos a este TFG se encuentran disponibles a través de los tutores.