

Proyecto Fin de Grado

Grado en Ingeniería de las Tecnologías de
Telecomunicación (GITT)

Detección y segmentación de Eritema en lesiones de
la piel basado en imágenes dermatoscópicas

Autor: Candela Navlet Rivero

Tutor: María del Carmen Serrano Gotarredona y Begoña Acha Piñero.

Dpto. Teoría de la Señal y Comunicaciones
Escuela Técnica Superior de Ingeniería
Universidad de Sevilla

Sevilla, 2020



Proyecto Fin de Grado
Grado en Ingeniería de las Tecnologías de Telecomunicación

Detección y segmentación de Eritema en lesiones de la piel basado en imágenes dermatoscópicas

Autor:

Candela Navlet Rivero

Tutor:

María del Carmen Serrano Gotarredona

Catedrática de Universidad

Begoña Acha Piñero

Catedrática de Universidad

Dpto. de Teoría de la Señal y Comunicaciones

Escuela Técnica Superior de Ingeniería

Universidad de Sevilla

Sevilla, 2020

Proyecto Fin de Carrera: Detección y segmentación de Eritema en lesiones de la piel basado en imágenes dermatoscópicas

Autor: Candela Navlet Rivero

Tutor: María del Carmen Serrano Gotarredona y
Begoña Acha Piñero

El tribunal nombrado para juzgar el Proyecto arriba indicado, compuesto por los siguientes miembros:

Presidente:

Vocales:

Secretario:

Acuerdan otorgarle la calificación de:

Sevilla, 2020

El Secretario del Tribunal

*A todos los que contribuyeron en
hacer de mi la persona que soy.*

Agradecimientos

Me gustaría empezar dando las gracias a una persona que me inspira por todo lo que ha vivido y por lo que podría haber hecho si hubiera nacido más tarde. Mi abuela nació demasiado pronto, en una cultura en la que las mujeres no podían construir puentes o pilotar aviones. Espero con esto poder ser lo que ella no tuvo oportunidad de ser.

A mis padres por estar ahí siempre apoyandome en cada fase de mi vida y ofreciéndome todas las oportunidades posibles. Se que esta etapa de mi vida les ha dado dolores de cabeza, pero también se que creen en mi y en todo lo que puedo lograr. Gracias por enseñarme a ser quien soy. También quiero darle las gracias a mi hermana, te esperé muchos años, pero fuiste un gran regalo. Tienes un corazón infinito y tienes la capacidad de sacarnos una sonrisa en cualquier momento. Gracias por esas charlas “transcendentales” en el baño mientras nos desmaquillamos. Os quiero mucho a los tres y gracias por todo el cariño que me dais día a día. Sois mi familia y me siento muy orgullosa de pertenecer a ella.

A mis tías y tíos que no tuvieron tantas oportunidades como nuestra generación. Se que para ellos es un orgullo que finalice esta etapa de mi vida. Gracias por todas las reuniones familiares, las risas, el jaleo y la comida.

A mis amigas porque se que soy muy despegada, pero estamos ahí cuando nos necesitamos. Han estado en los buenos y en los malos momentos, siendo sinceras, aunque doliera y no quisiera escúchalo. Pero se que todo lo hacen porque se preocupan por mi. Se que siempre estarán ahí.

A Joaquín, por soltarme las verdades como puños, reñirme cuando no estudio y aguantarme cuando estoy insoportable. Gracias por hacerme ver que yo puedo, por consolarme cuando me derrumbo y sacarme una sonrisa cuando estoy triste. Gracias por quererme y demostrármelo incluso a distancia. Siempre estas conmigo.

Por último, a mis tutoras Carmen y Begoña. Durante el paso por esta escuela he aprendido de muchos profesores, sin embargo, ellas fueron las primeras en hacerme ver el lado más humano de esta carrera. Me han hecho ver que con estos conocimientos adquiridos pueden ser aplicados para ayudar a los demás. Quiero darles las gracias por la paciencia que han tenido conmigo en la elaboración de este trabajo y por ayudarme en cualquier duda que me ha surgido durante este camino.

Candela Navlet Rivero

Sevilla, 2020

El eritema es un tipo de lesión cutánea que se presenta como un enrojecimiento de la piel y suele estar asociado a una inflamación de la piel. La presencia de Eritema en otro tipo de lesiones o enfermedades es muy frecuente. Cuantificar el eritema permite al dermatólogo dar un correcto diagnóstico, ya que en ocasiones el eritema es el primer y único síntoma de algunas enfermedades infecciosas cutáneas.

En este proyecto, empleando imágenes dermatoscópicas de lesiones de la piel, trataremos de clasificar las áreas de la lesión en Eritema, Piel Pigmentada y Piel Normal. Para ello, nos basaremos en los primeros pasos del algoritmo descrito por Kharazmi et al. [1] para la segmentación de estructuras vasculares. Primero aplicamos un proceso de descomposición del color de la piel, para ello se utiliza el Análisis de Componentes Principales, el Análisis de Componentes Independientes e información del canal a^* del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. Con esto obtendremos las componentes de melanina y hemoglobina. A continuación, utilizamos un clasificador basado en la distancia de Mahalanobis sobre la componente de hemoglobina para clasificar los píxeles de la imagen en 3 clasificadores: Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema. Como resultado obtendremos la segmentación de las tres áreas de interés.

Erythema is a type of skin lesion that appears as a skin redness and it is usually associated with skin inflammation. The presence of Erythema in other types of lesions or diseases is very frequent. Quantifying erythema allows the dermatologist to make a correct diagnosis, since erythema in some cases is the first and only symptom of some infectious skin diseases.

In this project, using dermoscopic images of skin lesions, we will try to classify the areas of the lesion into Erythema, Pigmented Skin, and Normal Skin. For this, we will base on the first steps of the algorithm described by Kharazmi et al. [1] for the segmentation of vascular structures. First, we apply a skin color decomposition process, using the Principal Component Analysis, the Independent Component Analysis and information from the a^* channel of the CIE $L^* a^* b^*$ color space. With this we will obtain the components of melanin and hemoglobin. Next, we use a classifier based on the Mahalanobis distance on the hemoglobin component to classify the pixels of the image into 3 classifiers: Normal Skin, Pigmented Skin and Erythema. As a result we will have the segmentation of the three areas of interest.

Agradecimientos	ix
Resumen	xi
Abstract	xiii
Índice	xv
Índice de Tablas	xvii
Índice de Figuras	xix
1 Introducción	1
1.1. <i>Estado del arte</i>	1
1.2. <i>Dermatoscopia</i>	2
1.3. <i>Estructuras Dermatoscópicas</i>	4
1.1.1 <i>Pigmentación y el color</i>	5
1.1.2 <i>Estructuras vasculares</i>	6
1.4. <i>Eritema</i>	6
2 Metodología	9
2.1. <i>Reducción de la dimensionalidad de la imagen</i>	11
2.1.1 <i>Fundamentos matematicos de Análisis de Componentes Principales PCA</i>	12
2.2. <i>Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina</i>	14
2.1.2 <i>Fundamentos matematicos de Análisis de Componentes Independientes ICA</i>	14
2.3. <i>Detección del canal de Hemoglobina</i>	16
2.4. <i>Clasificación y Segmentación del Eritema</i>	17
3 Resultados	21
3.1. <i>Material utilizado</i>	21
3.2. <i>Métodos de Evaluación</i>	21
3.3. <i>Resultados de la segmentación</i>	23
4 Conclusiones	31
Referencias	33
Anexo I	37
Anexo II	77

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1-1 Colores de la piel y el pigmento que lo genera	6
Tabla 2-1 Valores de referencia de las tres clases Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema obtenidos por Kharazmi et al. [1]	18
Tabla 3-1 Resultados totales del algoritmo para la segmentación de Eritema, Piel Pigmentada y Piel normal	24
Tabla 3-2 Resultado de cada imagen para la segmentación de Eritema	28
Tabla 3-3 Resultado de cada imagen para la segmentación de Piel Pigmentada	29
Tabla 3-4 Resultado de cada imagen para la segmentación de Piel Normal	29

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1-1 Dermatoscopio de Bolsillo DermLite DL100 de Tecnomed 2000	3
Figura 1-2 Incidencia de la luz.	4
Figura 1-3 Estructura de la piel	4
Figura 1-4 Eritema	6
Figura 2-1 Esquema del Algoritmo de Kharazmi et al. [1]	10
Figura 2-2 Acl263.jpeg - Imagen dermatoscópica RGB	10
Figura 2-3 Acl263.jpeg - Descomposición imagen RGB.	11
Figura 2-4 Ilustración de PCA.	12
Figura 2-5 Acl263.jpeg – Reducción de la dimensionalidad de la imagen.	14
Figura 2-6 Mexcla y Separación de señales independientes utilizando ICA	15
Figura 2-7 Acl263.jpeg – Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina.	16
Figura 2-8 Espacio de color CIE L*a*b*	16
Figura 2-9 Acl263.jpeg – Detección de la Componente de Hemoglobina.	17
Figura 2-10 Acl263.jpeg – Imágenes de segmentación con las tres clases.	19
Figura 2-11 Acl263.jpeg – Eritema.	19
Figura 2-12 Acl263.jpeg – Piel Pigmentada.	19
Figura 2-13 Acl263.jpeg – Piel Normal..	20
Figura 3-1 Representación gráfica de las variables: TP, TN, FP, FN	22
Figura 3-2 Resultados obtenidos para la imagen Aal020.jpeg	25
Figura 3-3 Resultados obtenidos para la imagen ISIC_0000127.jpeg	26
Figura 3-4 Resultados obtenidos para la imagen Nel087.jpeg	27

1 INTRODUCCIÓN

El Eritema es un tipo de lesión de la piel relacionada con un aumento del riego sanguíneo. La presencia de Eritema en otro tipo de lesiones o enfermedades es muy frecuente. Por ello es tan interesante su estudio, detección y clasificación, ya que en algunos casos puede ser el primer y único síntoma, como ocurre con algunas enfermedades infecciosas.

En este trabajo realizaremos un análisis del algoritmo desarrollado por Kharazmi et al. [1]. Aunque este algoritmo describe un proceso para la detección y segmentación de estructuras vasculares, en los primeros pasos se realiza una segmentación del Eritema. Nosotros analizaremos estos pasos para la segmentación del Eritema.

Existen actualmente otros algoritmos para la segmentación de Eritema, sin embargo, la novedad que introduce el algoritmo de Kharazmi et al. [1] es que a diferencia de otros algoritmos, éste se basa en imágenes dermatoscópicas de la lesión. Por ello, resulta interesante analizar la precisión del algoritmo para segmentar el Eritema.

1.1. Estado del arte

A continuación, veremos estudios anteriores relacionados con la detección de Eritema. En algunos artículos la detección del Eritema es un paso en la detección de otro tipo de enfermedades como la psoriasis, la queratosis actínica o el acné.

Shang et al. [2] utilizan un cambio al espacio de color HSV para la segmentación del Eritema. Representaron el canal H frente al S y determinaron que utilizando una función discriminante podían separar la piel sana de la lesión.

Springle et al. [3] utilizan métodos de fusión de múltiples imágenes para realzar el eritema, consiguiendo los mejores resultados utilizando dos o tres filtros. A continuación, utilizan valores de contraste de Weber y clasificación para seleccionar el eritema.

Lu et al. [4] desarrollaron un algoritmo para la detección de Eritema. En el primer paso utilizan un clasificador bayesiano basado en histograma para detectar una región de la piel. A continuación, utilizan ICA para descomponer la piel en sus componentes de melanina y hemoglobina. Por último, una máquina de vectores de soporte (SVM) con la capacidad de detectar las áreas de Eritema.

Choi et al. [5] a partir de fotos clínicas utilizaron la componente a^* del espacio CIE $L^*a^*b^*$ y análisis estadístico para detectar el Eritema facial.

Xu et al. [6] utilizaron imágenes VISIA RED para la detección de Eritema. Y determinaron que la intensidad relativa de los valores de rojo se correlaciona positivamente con la gravedad del eritema.

Cho et al. [7] también se basaron en fotografías clínicas para su sistema de evaluación del Eritema. Emplean mezcla del canal Verde del espacio de color RGB y el canal a^* del espacio de color $L^*a^*b^*$. El canal verde les permite diferenciar la piel sana de la lesión y el canal a^* les permite diferenciar el eritema de la pigmentación.

Roullot et al. [8] propusieron un método para la segmentación de Eritema en las pruebas diagnósticas de Alergia. Para ello utilizan un algoritmo de crecimiento de regiones a partir de una semilla que coloca el médico en la lesión. En cada iteración va creciendo en función de dos criterios: adyacencia y similitud colorimétrica.

Sáez et al. [9] se basaron en imágenes en RGB para la detección del Eritema en el diagnóstico de la psoriasis. La diferencia entre el canal verde y el azul les permite diferenciar la piel sana de la lesión. Y a continuación, calculan características de la lesión y utilizan una red neuronal Fuzzy-ARTMAP que clasifica la lesión en 5 grados de eritema.

Cuk et al. [10] analizaron el uso de diferentes algoritmos de detección de bordes y clasificación aplicados al reconocimiento del Eritema migratorio presente en las fases primeras de la enfermedad de Lyme. Los resultados obtenidos con el algoritmo de detección de bordes GrowCut eran los mejores. A continuación, utilizaron varios algoritmos de clasificación para clasificar el Eritema en una elipse ya que suele ser la forma más común que

tiene el Eritema migratorio.

Ning et al. [11] también proponen un método para la evaluación de la psoriasis basado en la detección de eritema. En su metodología, primero aplican luz polarizada eliminar la reflexión, y a continuación realizan un cambio al espacio de color $L^*a^*b^*$. Posteriormente, utilizan ventanas deslizantes para obtener las funciones de textura y de color que nos permitirán diferenciar el eritema de las desmacaciones.

Lu et al. [12] proponen identificar el eritema en lesiones de psoriasis utilizando descomposición de la piel en melanina y hemoglobina, y posteriormente una maquina de vectores de soporte (SVM) diseñada para identificar cada pixel del Eritema.

Hames et al. [13] propusieron un algoritmo para la detección de queratosis actínica en fotografías clínicas. Entre los pasos propuso una transformación del espacio de color y operadores morfológicos para encontrar el Eritema.

Vasef et al. [14] crearon una aplicación para móviles orientada a la clasificación de lesiones de acné. El algoritmo, basado en fotografías, emplea operadores morfológicos y la componente de color a^* del espacio de color a CIE $L^*a^*b^*$ junto con una umbralización de Otsu en dos niveles para seleccionar el borde del eritema.

Como podemos observar, ninguno de los algoritmos descritos se basa en imágenes dermatoscópicas, por ello resulta interesante analizar la capacidad del algoritmo descrito por Kharazmi et al. [1] para detectar el Eritema.

1.2. Dermatoscopia

A la hora de analizar una lesión de la piel existen varios parámetros que se pueden identificar a simple vista, como el color, la forma y el tamaño. Sin embargo, existen multitud de parámetros que se escapan al ojo humano [15]. Por ello para el análisis de lesiones es muy utilizada una técnica conocida como dermatoscopia.

La dermatoscopia es una técnica diagnóstica no invasiva para la evaluación de lesiones de cutáneas in vivo [15]. Esta técnica permite visualizar patrones y estructuras cutáneas profundas, llamadas Estructuras Dermatoscópicas, las cuales no son visibles a simple vista. Algunas de estas estructuras son Parámetros Histológicos en los que se basan los dermatólogos para hacer diagnósticos [16].

La dermatoscopia se basa en los principios ópticos de reflexión, refracción, dispersión y absorción [16]. Cuando la luz incide en la piel, debido a que el índice de refracción del estrato corneo de la piel es mayor que el del aire, gran parte de la luz incidente es reflejada por la superficie de la piel. Esta luz reflejada por la superficie cutánea satura la retina, dejando oculta la luz reflejada en las capas más profundas de la piel [15]. Debido a esto, podemos apreciar las estructuras superficiales, pero no aquellas que se hayan más profundas en la epidermis y la dermis. Otro factor que influye en la cantidad de luz reflejada es el estado de la piel, la piel seca refleja más luz que la piel hidratada y grasa, la cual permite que la mayoría de la luz atraviese, llegando hasta la dermis profunda [16].

Para realizar análisis de las lesiones basados en la dermatoscopia se utiliza una herramienta llamada Dermoscopio. Este aparato se basa en la transiluminación de la lesión cutánea y la amplificación mediante lentes [16]. Está compuesto por un sistema de lentes de magnificación que permite un aumento 10x – 40x, una fuente de iluminación especializada y una fuente de alimentación.

El cristal del dermatoscopio tiene un índice de refracción cercano al de la piel, lo que permite que, con la ayuda de la fuente de iluminación, el estrato corneo se vuelva translucido, disminuyendo la reflexión y lo que permite que la luz llegue hasta las capas más profundas y nos permita visualizar las estructuras dermatoscópicas [17].



Figura 1-1 Dermoscopio de Bolsillo DermLite DL100 de Tecnomed 2000 [47]

Existen dos tecnologías distintas de dermatoscopios: Dermoscopio de Inmersión o Contacto y Dermoscopio de Luz Polarizada. Cada uno de ellos tiene ventajas frente al otro.

- **Dermoscopio de Inmersión o Contacto:** Para utilizar este tipo de dermatoscopio es necesario poner en contacto la superficie de dermatoscopio con la de la piel. Para reducir el índice de refracción se coloca entre ellos un líquido de inmersión con un índice de refracción cercano al de la piel, lo que hará que se refleje menos luz, consiguiendo que el estrato corneo se vuelva más translucido y permita ver las estructuras más profundas [15]. Este tipo de dermatoscopio permite visualizar mejor las estructuras más superficiales, estructuras epidérmicas, tonos marrones y azules de la melanina situados en la epidermis y capas profundas y las estructuras azul-blanquecinas [16].
- **Dermoscopio de Luz Polarizada:** Este tipo de dermatoscopio no requiere situarlo en contacto directo con la piel, por lo que no es necesario el uso de un medio líquido de contacto [15]. Utiliza filtros de luz polarizada para conseguir una polarización cruzada de la luz. La luz atraviesa la piel en un único plano, lo que disminuye la reflexión y la refracción, permitiéndole llegar a las capas más profundas de la piel [16]. Esta tecnología es mejor para visualización de las capas más profundas, permitiendo visualizar nítidamente estructuras dermatoscópicas como las Estructuras Vasculares ya que, al no necesitar contacto con la superficie de la piel, no se comprimen las venas [17].

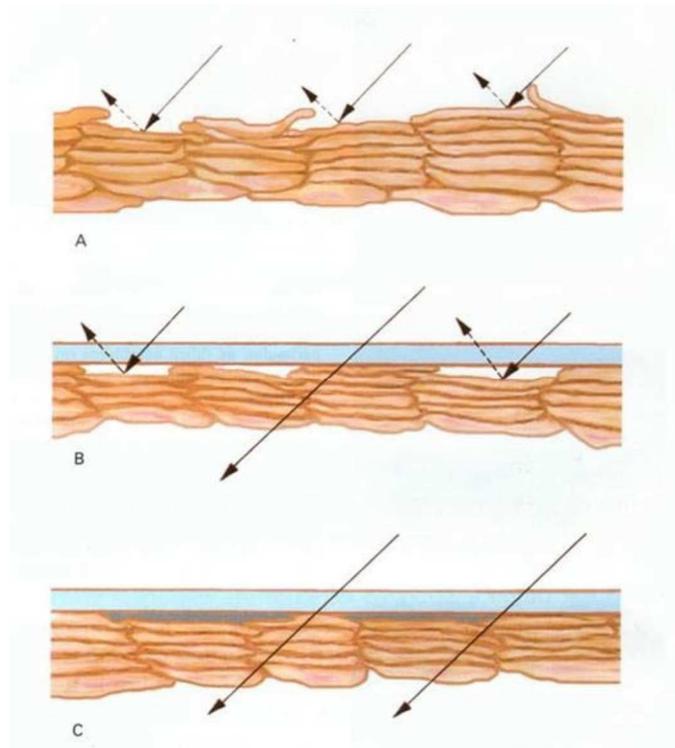


Figura 1-2 Incidencia de la luz. A. Refracción total incidencia de la luz directamente sobre el estrato córneo. B. Penetración parcial de la luz a través del medio vidrio - estrato córneo. C. Penetración total de la luz a través del medio vidrio - líquido de inmersión - estrato córneo [18].

La dermatoscopia permite mejorar el diagnóstico diferencial y el diagnóstico precoz de lesiones potencialmente malignas y reduce el número de lesiones benignas biopsiadas o extirpadas [16].

1.3. Estructuras Dermatoscópicas

La piel es un órgano complejo, responsable de numerosas funciones fisiológicas e inmunológicas como: protección frente a traumatismos, regulación de la temperatura corporal, sensación de estímulos dolorosos y agradables [19].

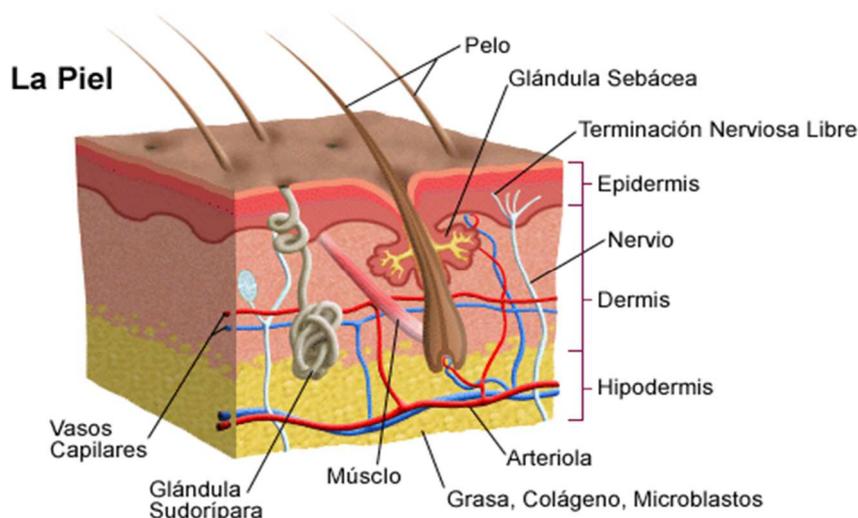


Figura 1-3 Estructura de la piel [20]

Las tres capas principales de la piel son [19]:

- **Epidermis:** es la capa mas superficial, es fina y resistente. Está constituida principalmente por queratinocitos, células basales y melanocitos. Los queratinocitos son células generadas por las células basales que ascienden a la superficie de la piel para sustituir a los queratinocitos que se van desprendido de forma gradual. Los melanocitos también se hayan en la capa basal y se encargan de producir la melanina, el pigmento que da color a la piel y cuya función principal es filtrar la radiación ultravioleta del sol. También, contiene células de Langerhans, las cuales forman parte del sistema inmunitario de la piel.
- **Dermis:** se encuentra debajo de la epidermis. Está formada por tejido conectivo, sustancia fundamental y células. En ella se encuentran los folículos pilosos, glándulas sudoríparas y sebáceas, vasos sanguíneos y nervios.
- **Tejido subcutáneo:** es la capa mas profunda. Está compuesta de células de grasa (adipocitos) y su función es aislar el cuerpo del frío y el calor, proteger los órganos internos y almacenar energía.

En los últimos años los dermatólogos han tratado de estudiar en profundidad las lesiones de la piel para poder encontrar parámetros que les permita clasificarlas y así poder detectarlas a tiempo.

Se han desarrollado múltiples algoritmos diagnósticos de clasificación de lesiones a partir de las Estructuras Dermatoscópicas presentes en ellas [21]. Normalmente estos métodos tienen en cuenta unos criterios dermatoscópicos concretos, la presencia de algunos de ellos puntuará más que la de otros. Al final si la puntuación total de la lesión es superior a un valor, la lesión se considera maligna.

Las principales estructuras dermatoscópicas evaluadas por estos métodos son las siguientes [22]:

- Pigmentación y color
- Retículo pigmentado
- Proyecciones radiales y pseudópodos
- Puntos y glóbulos
- Velo azul – blanquecino
- Estructuras vasculares

Nosotros nos centraremos en la “Pigmentación y el color” y en las “Estructuras vasculares”, ya que forman parte de las bases del algoritmo descrito por Kharazmi et al. [1].

1.1.1 Pigmentación y el color

Como ya hemos visto antes, la piel está formada por una estructura multicapas, en ellas podemos encontrar distintos pigmentos. El color de la piel dependerá del tipo de pigmento, su cantidad y su localización. Los tres pigmentos principales que dan lugar al color de la piel son la melanina, la hemoglobina y la queratina [22].

El número tipo y distribución de los colores en la lesión puede ayudar a diferenciar si la lesión es benigna o maligna. La presencia de tres o más colores distintos en la lesión suele ser signo de malignidad [22].

En la siguiente tabla se muestran los distintos colores que podemos observar en la piel [17]:

Tabla 1-1 Colores de la piel y el pigmento que lo genera

Color	Fuente
Negro, Gris y Azul-Grisáceo	Melanina en el estrato corneo y la epidermis superficial
Marrón (claro y oscuro)	Melanina en la unión dermoepidérmica
Gris y Azul-Grisáceo	Melanina en la dermis papilar y media
Azul acero	Pigmentación a mayor profundidad, dermis reticular
Rojo	Este color se debe a la presencia hemoglobina en los vasos sanguíneos y su grado de oxidación. Está asociado a un incremento del número o la dilatación de vasos sanguíneos por inflamación, traumatismo o neovascularización. Además, la presencia de más de un tono de rojo/rosa en la lesión puede ser un signo de melanoma
Blanco	Se debe a regresión, cicatrización o ambas
Amarillo	Presencia de material sebáceo o zonas con hiperqueratosis

1.1.2 Estructuras vasculares

Las estructuras vasculares se observan como vasos lineales o puntos, que no se deben confundir con estructuras de regresión. Para el estudio de las estructuras vasculares ha sido fundamental la aparición del dermatoscopio polarizado, ya que no necesitar estar en contacto con la piel, haciendo más visible la morfología de los vasos sanguíneos al no comprimirlos [15].

La proliferación de vasculatura cutánea se presentan frecuentemente en las lesiones de la piel. Pueden aparecer tanto en lesiones benignas como malignas, aunque su presencia suele ser signo de malignidad.

En muchos métodos diagnósticos la presencia de estructuras vasculares en la lesión se pondera con más importancia que la presencia de otras estructuras dermatoscópicas. El poder detectar y cuantificar las estructuras vasculares podría ser la única clave diagnóstica, como por ejemplo en el caso del melanoma amelanótico [21]

1.4. Eritema

El eritema es un tipo de lesión cutánea que se presenta como un enrojecimiento de la piel y suele estar asociado a una inflamación de la piel. Aparece debido a una vasodilatación (que da lugar a un aumento del riego sanguíneo, lo que le da el color rojo a la piel) o a un filtrado celular perivascular [23]. La vasodilatación puede ser el resultado de un estímulo externo, una reacción inmunológica o una infección viral. El eritema puede ser localizado o difuso, permanente o temporal, puede formar patrones de red o reticulado y su color varía del rosa claro al rojo oscuro. A diferencia de la púrpura, el eritema desaparece con la vito presión [23].



Figura 1-4 Eritema [24]

Existen múltiples estímulos externos que dan lugar a la aparición de eritema [25]:

- Exposición a ciertas bandas de ondas electromagnéticas.
- Presión física
- Ulceración de la piel
- Aplicación de agentes tópicos cosméticos o médicos
- Estimulación eléctrica
- Quemaduras
- Radioterapia

El eritema es un signo de enfermedades infecciosas y enfermedades de la piel como la psoriasis o el acné. El eritema puede ser un aviso superficial de la existencia de una inflamación de origen infecciosa o tumoral que se encuentre dentro de una estructura anatómica subyacente. Existen también varias enfermedades que implican una disfunción inmune y que se manifiestan como lesiones eritematosas que aparecen repentinamente y van acompañadas de fiebre, y que desaparecen en poco tiempo [23].

Cuantificar el eritema permite al dermatólogo dar un correcto diagnóstico, ya que en ocasiones el eritema es el primer y único síntoma de algunas enfermedades infecciosas cutáneas.

Las dos Estructuras Dermatoscópicas descritas en apartado anterior (Pigmentación y Color, y Estructuras Vasculares) serán clave a la hora de detectar y segmentar el eritema en la metodología que más adelante describiremos.

2 METODOLOGÍA

En este apartado veremos el desarrollo de la metodología para la segmentación de Eritema, basándonos en el algoritmo descrito por Kharazmi et al. [1]. Primero describiremos los fundamentos teóricos en los que se basaron para desarrollar el algoritmo, y posteriormente iremos viendo cada uno de los pasos del algoritmo en detalle.

Kharazmi et al. [1] proponen un algoritmo basado en la descomposición de la piel. Para ello tomaron de partida el artículo de Tsumura et al. [26] en el cual proponen un modelo de color de la piel y el uso del Análisis de Componentes Independientes para obtener los pigmentos que componen el color de la piel.

Como hemos visto en el capítulo anterior, la piel está formada por una estructura multicapas, en las cuales predominan dos pigmentos. La melanina se encuentra en la epidermis y proporciona a la piel su característico color marrón. Y la hemoglobina que se localiza en la dermis, es la responsable del color rojo de la sangre y del color rojo de la piel debido a la circulación de la sangre por los vasos sanguíneos.

Tsumura et al. [26] analizando el color de la piel hace unas suposiciones:

- Ambos pigmentos absorben la luz en el espectro visible
- Al ser los pigmentos predominantes en la piel, podemos considerar que las variaciones de color de la piel son causadas por variaciones en estos dos pigmentos.
- Las cantidades de melanina y hemoglobina en la piel son mutuamente independientes entre sí.

Basándose en estos supuestos determinan que es posible descomponer el color de la piel en los pigmentos que lo componen, utilizando Análisis de Componentes Independientes. Este sería el primer paso que aplican Kharazmi et al. [1] en su metodología. Partiendo de una imagen dermatoscópica en RGB de la lesión, aplican ICA para obtener las componentes de melanina y hemoglobina de la lesión.

Una vez se ha obtenido las componentes de melanina y hemoglobina, hay que determinar qué canal corresponde a cada uno de los pigmentos. Para ello Kharazmi et al. [1] se ayudan del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. Y una vez se conoce cuál es la componente de hemoglobina, aplican una clasificación para determinar el área que corresponde con eritema en la lesión.

Nosotros nos quedaremos en este paso ya que nos interesa analizar la eficiencia de este algoritmo para segmentar las áreas de eritema. Sin embargo, Kharazmi et al. [1] continúan analizando el Eritema segmentado para poder finalmente segmentar las estructuras vasculares, para ello utilizan información de forma.

En el siguiente diagrama podemos ver los pasos del algoritmo definido por Kharazmi et al. [1]. En este trabajo analizaremos los señalados por el cuadro azul.

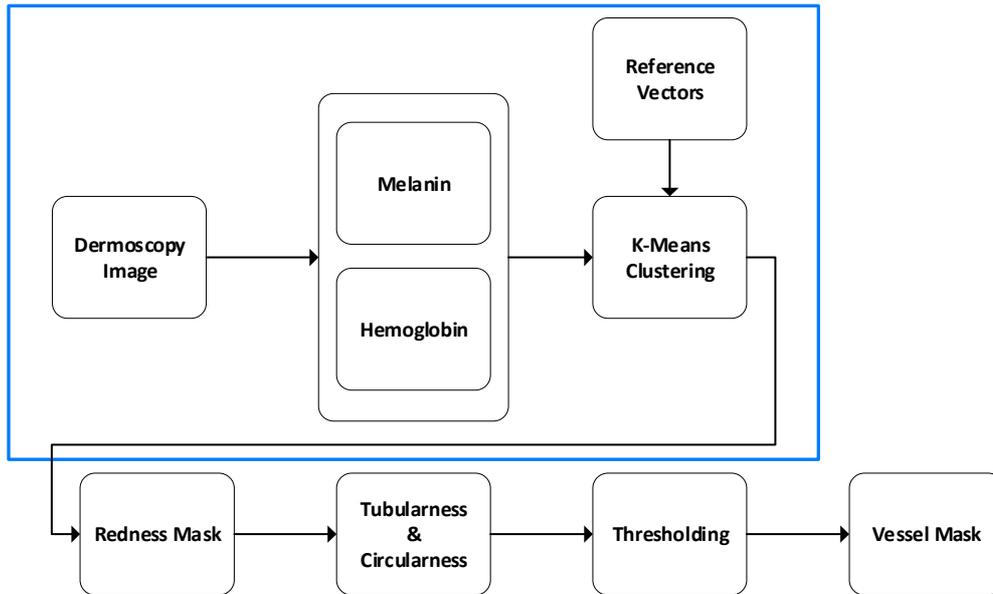


Figura 2-1 Esquema del Algoritmo de Kharazmi et al. [1]

A continuación, analizaremos paso a paso las distintas fases del algoritmo hasta conseguir segmentar el eritema. Los pasos que veremos en detalle serán los siguientes:

- Reducción de la dimensionalidad de la imagen.
- Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina
- Detección del canal de Hemoglobina
- Clasificación y Segmentación del Eritema.

Para cada paso, serán descritos los fundamentos matemáticos y la aplicación a la segmentación del Eritema. También veremos los resultados obtenidos, con cada paso, al aplicarlo a una de las imágenes seleccionadas.

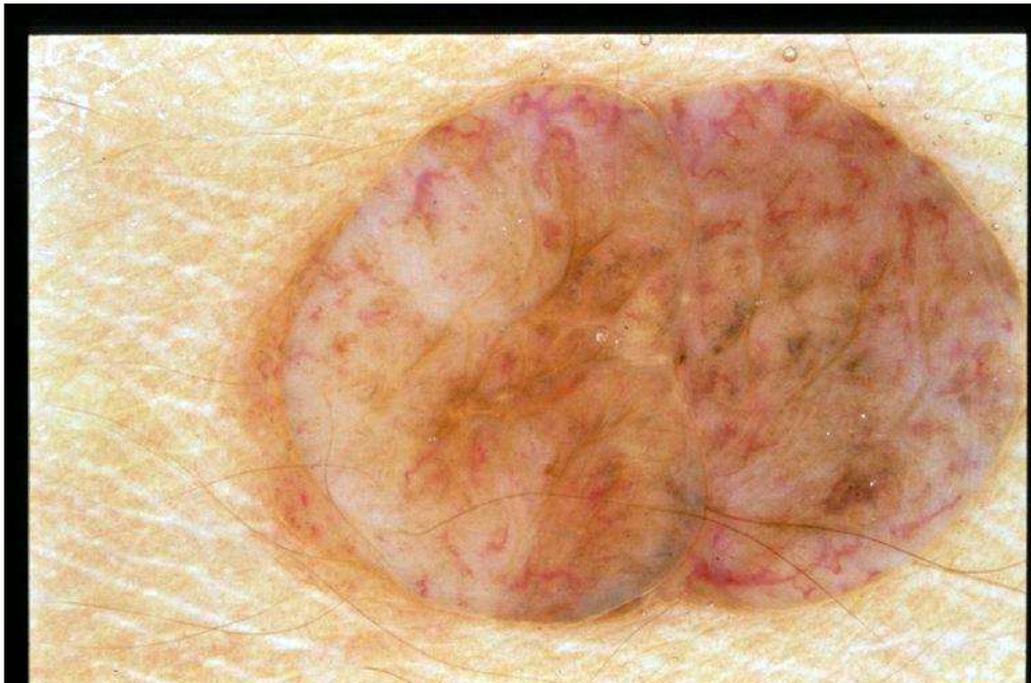


Figura 2-2 Acl263.jpeg - Imagen dermatoscópica RGB

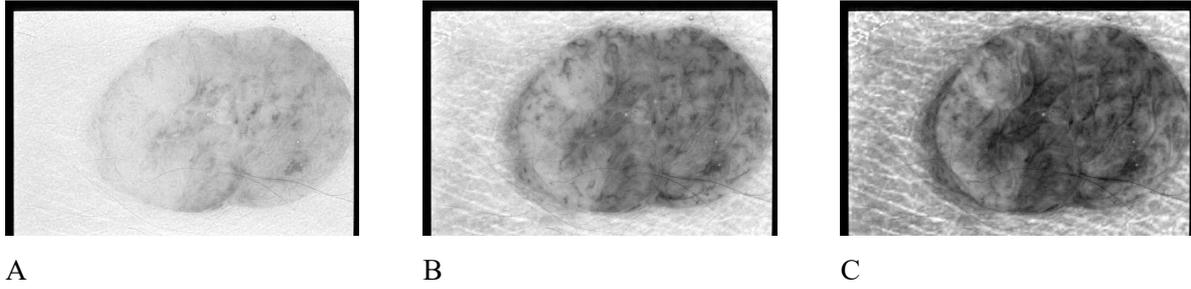


Figura 2-3 Acl263.jpeg - Descomposición imagen RGB. A. Canal R-Rojo. B. Canal G-Verde. C. Canal B-Azul

2.1. Reducción de la dimensionalidad de la imagen

Uno de los supuestos de Tsumura et al. [26] es que tanto la hemoglobina como la melanina absorben la luz en el espectro visible. Este será el punto de partida de este primer paso.

Basándonos en la Ley modificada de Lambert-Beer, en el dominio de la densidad óptica, la luz absorbida se puede expresar como una combinación lineal de las densidades de las sustancias subyacentes.

Por lo tanto, partiendo del vector de densidad de color en el dominio de la densidad óptica $I_{x,y}$, definido por sus componentes de color normalizados en el espacio de color RGB como:

$$I_{x,y} = [-\log r_{x,y}, -\log g_{x,y}, -\log b_{x,y}] \quad (2.1)$$

Podremos modelar la densidad de color de la piel, $I_{x,y}$, como una combinación lineal de las cantidades de melanina y hemoglobina.

$$I_{x,y} = c^m q_{x,y}^m + c^h q_{x,y}^h \quad (2.2)$$

Donde c^m y c^h son vectores color puro por unidad de densidad de melanina y hemoglobina, respectivamente. Y $q_{x,y}^m$ y $q_{x,y}^h$ son escalares que representan las cantidades relativas de melanina y hemoglobina en cada pixel (x, y) .

Aplicando Análisis de Componentes Principales a la imagen dermatoscópicas, podemos obtener el vector densidad de color de la piel, $I_{x,y}$, como una combinación lineal de las cantidades de melanina y hemoglobina (2.2). Y seleccionando los dos componentes principales logramos conservar la mayoría de la varianza de los datos originales que será el color aportado por las componentes de melanina y hemoglobina. Estos serán los datos de entrada del siguiente paso.

A continuación, veremos los fundamentos matemáticos del Análisis de Componentes Principales.

2.1.1 Fundamentos matemáticos de Análisis de Componentes Principales PCA

El Análisis de Componentes Principales es una técnica de análisis multivariante muy utilizada para reducir la dimensionalidad de un conjunto de datos. Mediante combinaciones lineales, PCA nos permite transformar un conjunto de variables correlacionadas en un nuevo conjunto de variables, las cuales serán independientes y ortogonales entre sí. Las variables resultantes se denominan componentes principales, y se ordenan de forma jerárquica, de manera que el primer componente explica la mayor varianza de los datos originales y el último la menor. Por lo que, conservando solo unos pocos de los primeros componentes principales podemos conservar la mayoría de la información de los datos originales [27].

Para que sea más sencillo comprender la transformación geométrica que se produce al aplicar análisis de componentes principales, consideraremos el caso de una imagen con tres bandas espectrales. Podemos representar en un espacio tridimensional los valores de los píxeles de la imagen Figura 2-4.

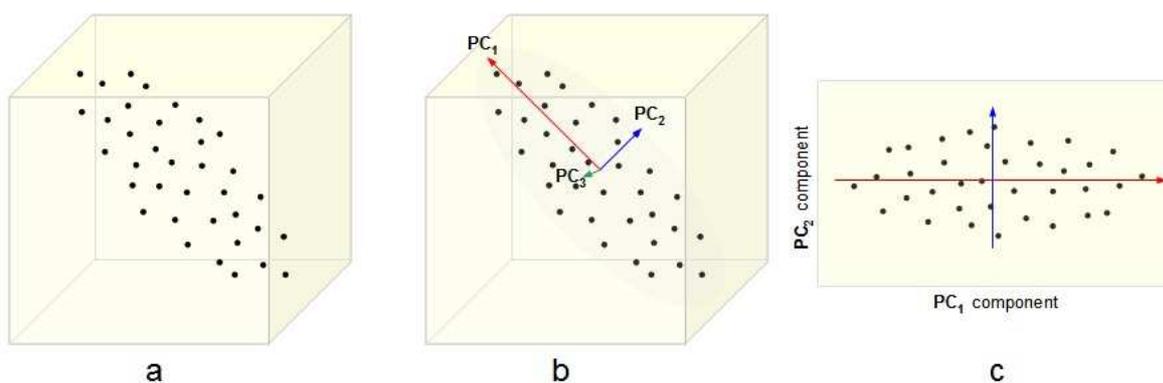


Figura 2-4 Ilustración de PCA. (a) Representación tridimensional de los datos originales. (b) Componentes Principales de los datos (PC_i). (c) Proyección de los datos originales sobre las componentes que almacenan la mayor varianza, PC_1 y PC_2 [28]

En esta figura podemos ver cómo, el diagrama de dispersión que representa los valores de los píxeles, forma una nube de puntos alargada. Cuanto mayor sea la correlación entre las bandas, más alargada será la nube de puntos y mayor será la covarianza entre las bandas [29].

Las componentes principales forman un nuevo sistema de coordenadas obtenido mediante la rotación ortogonal a través del origen de los ejes del sistema de coordenadas de las variables originales. Las variables originales estaban correlacionadas, sin embargo, las componentes principales serán independientes y ortogonales entre sí. Los componentes principales se ordenan de manera decreciente en función de la cantidad de variabilidad que explican.

Los datos originales se proyectan en este nuevo sistema de coordenadas, cuyos ejes se asocian con las direcciones de máxima varianza de los datos. Podemos descartar las componentes de menos varianza para reducir la dimensionalidad manteniendo la mayoría de la información original.

A continuación, veremos cómo se realiza el Análisis de Componentes Principales [30]. Inicialmente tendremos una imagen RGB de la lesión que queremos analizar. Esa imagen es una imagen compuesta por los tres canales superpuestos: canal rojo (R), canal verde (G) y canal azul (B). Sin embargo, realizaremos un desarrollo genérico, considerando que tenemos una imagen multispectral compuesta por n canales superpuestos. Por lo tanto, para cada par coordenado (i, j) tendremos un píxel de dimensión n .

El primer paso será reordenar los píxeles de la imagen para obtener una matriz \vec{x} , cuyas columnas estarán compuestas por los píxeles de cada una de las bandas espectrales de la imagen original. Por lo tanto, si las imágenes están compuestas por $K = M \times N$ píxeles, y tenemos n bandas, esta matriz tendrá dimensión $K \times n$.

$$\vec{x} = \begin{bmatrix} x_{1\ 1} & \cdots & x_{1\ n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{K\ 1} & \cdots & x_{K\ n} \end{bmatrix} \quad (2.3)$$

El siguiente paso será calcular la matriz de covarianza C_x de la matriz \vec{x} , pero para ello primero tendremos que calcular el vector de medias de \vec{x} , cuyo cálculo se puede aproximar por el de la media muestral:

$$\vec{\mu}_x = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \vec{x}_k \quad (2.4)$$

La matriz de covarianza C_x se define de la siguiente forma:

$$C_x = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K (\vec{x}_k - \vec{\mu}_x)(\vec{x}_k - \vec{\mu}_x)^T \quad (2.5)$$

El tercer paso será, aplicar una descomposición en valores singulares a la matriz de covarianza, para obtener sus autovalores, λ_j con $j = 1 \dots n$, y autovectores. Como C_x es real y simétrica, tendremos un conjunto de n autovectores ortonormales.

Una vez tengamos los autovectores de la matriz de covarianza, podremos obtener la matriz de transformación de componentes principales, A . Las filas de esta matriz estarán compuestas por los autovectores normalizados de C_x . Los autovectores

Por último, aplicando la matriz de transformación obtendremos la matriz \vec{y} de componentes principales:

$$\vec{y} = A[\vec{x} - \vec{m}_x] \quad (2.6)$$

Los elementos de esta matriz son no correlacionados, por lo que su matriz de covarianza C_y será una matriz diagonal. Esta matriz estará compuesta por los autovalores de C_x , λ_j , los cuales estarán ordenados de mayor a menor, al igual que los componentes principales. La utilidad de PCA reside en que seleccionando unos pocos de los primeros componentes principales podemos conservar la mayoría de la varianza de los datos originales.

En la siguiente Figura 2-5 se muestran las Componentes Principales de la imagen que estamos analizando:

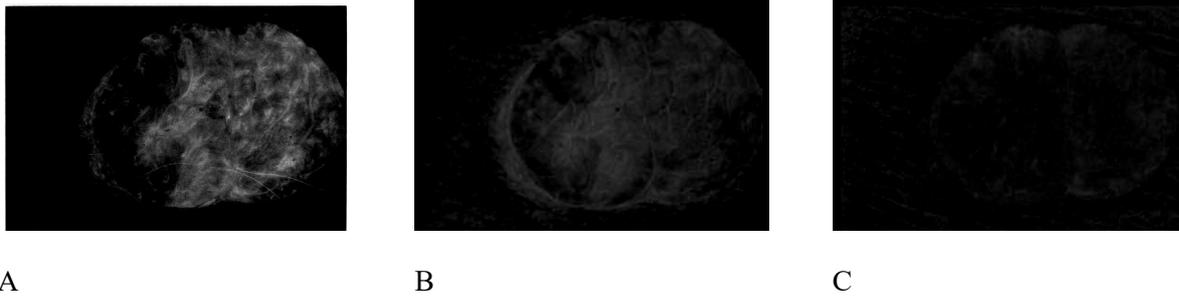


Figura 2-5 Acl263.jpeg – Reducción de la dimensionalidad de la imagen. A. Componente Principal 1. B. Componente Principal 2. C. Componente Principal 3

2.2. Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina

Una vez hemos conseguido reducir la dimensionalidad de los datos, obteniendo como resultado el vector densidad de color de la piel, $I_{x,y}$. El siguiente paso será obtener las componentes de melanina y hemoglobina de la imagen. Para ello haremos uso del Análisis de Componentes Independientes aplicado al vector de densidad de color de la piel, $I_{x,y}$, obtenido en el paso anterior.

ICA nos permite obtener las variables originales que se mezclaron para dar lugar a los datos observados vistos en la ecuación (2.2). En nuestro caso, consideraremos el vector densidad de color de la piel, $I_{x,y}$, como las señales observadas. c^m y c^h representaran la señal mezcla, es decir, representan el proceso de mezcla que sufrieron las señales originales para dar lugar a las señales observadas. Y $q_{x,y}^m$ y $q_{x,y}^h$ representarán las señales originales.

A continuación, veremos los fundamentos matemáticos del Análisis de Componentes Independientes.

2.1.2 Fundamentos matemáticos de Análisis de Componentes Independientes ICA

El Análisis de Componentes Independientes, ICA, es un método estadístico de análisis de datos multivariante. Su objetivo principal es encontrar componentes o proyecciones lineales (no tienen por qué ser ortogonales) que sean estadísticamente independientes y no gaussianas a partir de unos datos de entrada [31].

EL modelo estadístico de “variables latentes” nos permite definir ICA. Supongamos que tenemos n variables independientes latentes (es decir, no observables) que se combinan linealmente para dar lugar a otras n variables mezcla, las cuales serán las que nosotros observamos. ICA, a partir de las variables mezcla observables, nos permite determinar las variables latentes que las formaron y el proceso de mezcla que dio lugar a las variables observables. Las componentes independientes serán consideradas las variables latentes [32].

Para garantizar la validez del modelo las variables latentes deben ser independientes entre sí y además como máximo, solo una de ellas podrá tener distribución de tipo gaussiana.

Consideraremos, a partir de ahora, que tanto el número de variables observables como el número de componentes independientes que queremos obtener, son el mismo. Si hay más variables observables que componentes independientes, previamente se suele aplicar análisis de componentes principales para reducir la dimensionalidad.

El Análisis de Componentes Independientes ha sido aplicado a varios problemas como: el procesamiento de matrices, el procesamiento de señales médicas o de la voz.

En la siguiente Ecuación (2.7) podemos ver el modelo matemático del Análisis de Componentes Independientes [32], representado de forma matricial.

$$\mathbf{x} = \mathbf{A}\mathbf{s} \Rightarrow \begin{bmatrix} x_1 \\ \dots \\ x_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{11} & \dots & a_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & \dots & a_{nn} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ \dots \\ s_n \end{bmatrix} \quad (2.7)$$

Donde definiremos el vector $\mathbf{x} = [x_1, \dots, x_n]'$ como el vector mezcla, cuyos elementos son las variables observables. De igual manera, definiremos el vector $\mathbf{s} = [s_1, \dots, s_n]'$ como el vector que representa a las componentes independientes. Sin pérdida de generalidad, podemos suponer que tanto las variables observables \mathbf{x} como las componentes independientes \mathbf{s} , tienen media 0. Si no fuera así, bastaría con restarle a las variables mezcla \mathbf{x} su media para centrarlas [32].

ICA es un modelo generativo, lo que significa que la matriz \mathbf{A} describe el proceso de mezcla de las variables latentes \mathbf{s} , que da lugar a las variables observadas \mathbf{x} . Tanto la matriz \mathbf{A} como el vector de componentes independientes \mathbf{s} son desconocidos a priori. Aplicando un proceso de estimación podemos obtener la matriz \mathbf{A} cuadrada e invertible. Una vez conozcamos la matriz \mathbf{A} podremos obtener la matriz de separación $\mathbf{W} = \mathbf{A}^{-1}$, que nos permitirá obtener el vector de componentes independientes como se muestra en la ecuación (2.8) [32].

$$\mathbf{s} = \mathbf{W}\mathbf{x} \quad (2.8)$$

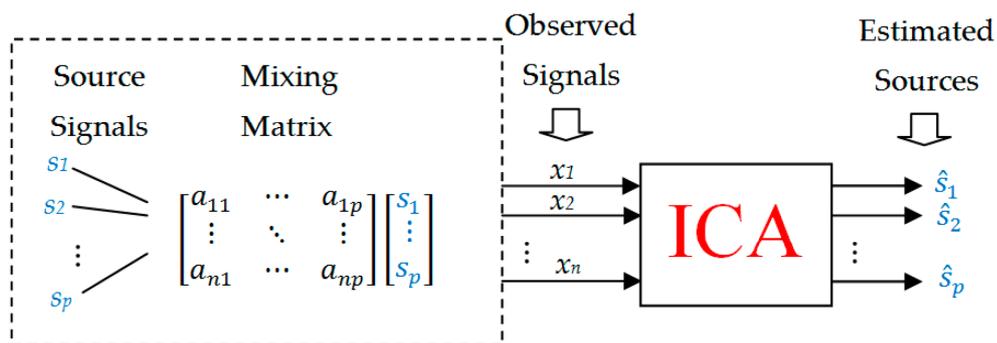


Figura 2-6 Mezcla y Separación de señales independientes utilizando ICA [33]

A continuación, veremos que existen ciertas ambigüedades que el modelo de ICA no es capaz de resolver [32].

1. No podemos determinar las varianzas (energía) de los componentes independientes.
Por lo que se asume que las componentes independientes tienen varianza de valor unidad $E\{s_i^2\} = 1$ para $i = 1, \dots, n$. La matriz \mathbf{A} será adaptada para que cumpla esta restricción.
2. No podemos determinar el orden en el que se generan los componentes independientes.
Al ser desconocidas tanto las componentes independientes \mathbf{s} como el proceso de mezcla \mathbf{A} , es posible que se produzca un cambio de orden en los productos de la ecuación (2.7), lo que permite nombrar como la componente primera a cualquiera de las dos componentes.

En la siguiente **¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.** se muestran las Componentes Principales de la imagen que se corresponderán con las Componentes de Melanina y Hemoglobina una vez determinemos cual es cual:

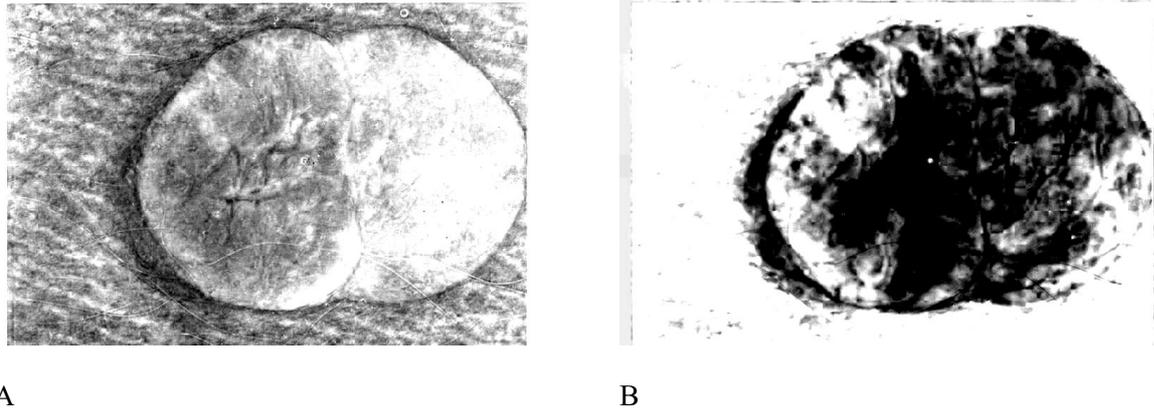


Figura 2-7 Acl263.jpeg – Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina. A. Componente Independiente 1. B. Componente Independiente 2

2.3. Detección del canal de Hemoglobina

El siguiente paso del algoritmo es detectar la componente de hemoglobina. Este paso es necesario debido a la incapacidad de ICA para determinar el pigmento al que corresponde cada componente, por lo que será necesario buscar otra forma de establecer cual será la componente de melanina y cual la de hemoglobina.

Como la hemoglobina es la causante del color rojo de los eritemas y la rojez de la piel, Kharazmi et al. [1] proponen determinar cuál de los dos canales está más correlacionado con la componente de color rojo de la imagen. Para ello recurren al espacio de color CIE $L^*a^*b^*$.

El espacio de color $L^*a^*b^*$ es un espacio de color independiente del dispositivo que intenta reproducir la respuesta logarítmica del ojo humano al color, para ello realiza una transformación no lineal [34]. Este espacio de color está compuesto por las siguientes tres componentes [35]:

- La componente de intensidad, L^* : representa los niveles de intensidad de la imagen
- La componente de cromaticidad, a^* : representa lo roja o verde que es la imagen. Tomará valores cercanos a -128 en las zonas más verdes de la imagen y valores cercano a 127 en las zonas más rojas.
- La componente de cromaticidad, b^* : representa lo azul o amarilla que es la imagen. Tomará valores cercanos a -128 en las zonas más amarillas de la imagen y valores cercano a 127 en las zonas más azules.

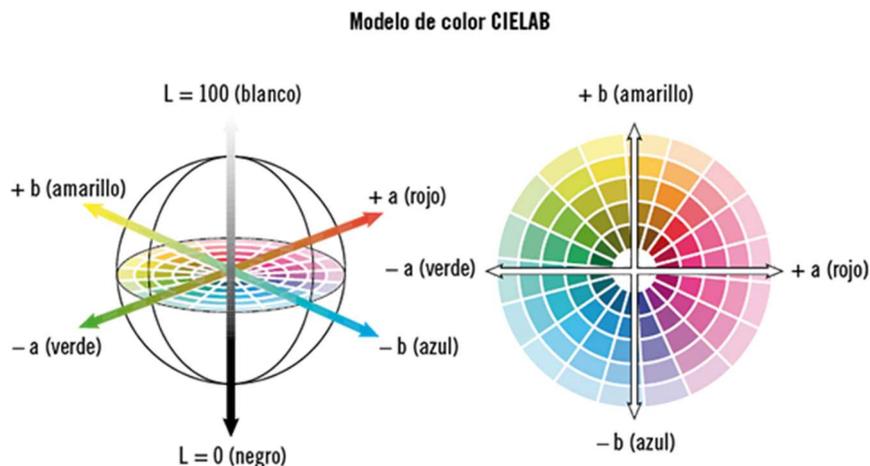


Figura 2-8 Espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ [36]

Como podemos ver el canal a^* muestra el enrojecimiento de la imagen, cuanto mayor sea esta componente mayor enrojecimiento tendremos en la imagen. Por ello utilizaremos este canal para hallar la componente de

hemoglobina obtenida al aplicar ICA en el paso anterior. El canal de hemoglobina será de los dos, el que tenga mayor correlación con el canal a^* de CIE $L^*a^*b^*$.

Kharazmi et al. [1] lo modelan de la siguiente forma:

$$\text{corr}(q^i, a^*) = \frac{\text{Cov}(q^i, a^*)}{\sqrt{\text{Var}(q^i)\text{Var}(a^*)}} \quad (2.9)$$

$$q^h = \arg \max_i \{\text{corr}(q^i, a^*)\} \quad i \in m, h \quad (2.10)$$

Una vez determinado cual es el canal de hemoglobina podremos continuar analizándolo en el siguiente paso. En la siguiente **¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.** se muestra para la imagen que estamos analizando el canal a^* del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ y cual de las componentes es la Melanina y cual la Hemoglobina.

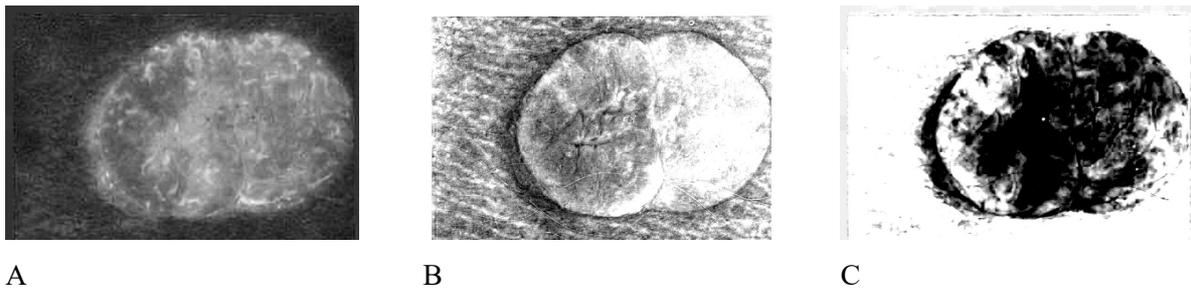


Figura 2-9 Acl263.jpeg – Detección de la Componente de Hemoglobina. A. Canal a^* del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. B. Componente de Hemoglobina. C. Componente de Melanina

2.4. Clasificación y Segmentación del Eritema

Una vez determinado cual es la componente de hemoglobina, el siguiente y último paso será extraer el eritema del área de la lesión. Para ello, Kharazmi et al. [1] proponen utilizar una clasificación basada en la técnica de agrupamiento K-Means o K-Medias, empleando la distancia de Mahalanobis.

Primero realizaremos un paso previo para reducir el volumen de datos a procesar. Debido a que tenemos la componente de hemoglobina, tenemos información de las áreas de la imagen en las que la hemoglobina ha tenido mas o menos influencia a la hora de generar el color. Aplicando la componente de Hemoglobina como una máscara a la imagen original de la lesión en RGB lograremos eliminar zonas cuya componente de hemoglobina sea baja. Esta nueva imagen, será la componente de hemoglobina en RGB, será la que utilizemos para obtener la segmentación de la imagen en las distintas clases.

Kharazmi et al. [1] propusieron tres grupos en los que clasificar las zonas de la lesión de la imagen: Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema. Los píxeles pertenecientes a una clase o grupo concreto tendrán unas características comunes que nos permitirán determinar a qué clase pertenecen [34]. Para cada clase tendremos un prototipo, un vector de valores de referencia de la clase, y cada clase se encontrará distribuida en torno al prototipo de la clase. Para nuestro clasificador tendremos 3 vectores de referencia uno por cada clase: Piel Normal (\bar{I}_n), Piel Pigmentada (\bar{I}_p) y Eritema (\bar{I}_e). En su estudio Kharazmi et al. [1] obtuvieron los vectores de valores de referencia para cada clase con ayuda de un experto. El experto, seleccionó manualmente de varias imágenes píxeles pertenecientes a las áreas a deseadas: Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema. Y Kharazmi et al. [1] con

los valores de esos píxeles obtuvieron para cada clase los valores medios y las desviaciones estándar de los canales R, G y B de la componente de hemoglobina en RGB (la imagen original en RGB a la que se le ha aplicado la componente de hemoglobina como máscara). En este trabajo utilizaremos los valores de referencia que obtuvieron Kharazmi et al. [1] y que podemos ver en Tabla 2-1 .

Tabla 2-1 Valores de referencia de las tres clases Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema obtenidos por Kharazmi et al. [1]

	Piel Normal		Piel Pigmentada		Eritema	
	μ	σ	μ	σ	μ	σ
Red	0.8625	0.0917	0.5250	0.1385	0.7948	0.1109
Green	0.8433	0.0869	0.3244	0.1250	0.4756	0.1108
Blue	0.7951	0.0943	0.2390	0.0981	0.5178	0.1109

Una vez hayamos determinado los prototipos de cada clase, tendremos que clasificar los píxeles de la componente de hemoglobina en RGB en la clase con la que comparta mayor similitud. Para ello Kharazmi et al. [1] proponen el uso de un clasificador basado en distancia mínima. Este tipo de clasificadores toman como medida de la similitud la distancia [37].

Kharazmi et al. [1], proponen utilizar la distancia de Mahalanobis. Esta es un tipo de distancia ponderada la cual, a diferencia de la distancia Euclídea, da mayor relevancia a algunos atributos de la muestra frente a otros a la hora de medir la similitud. La distancia de Mahalanobis introduce la correlación entre los datos mediante el uso de la matriz de covarianza del conjunto de datos [37].

Para el clasificador de distancia mínima, dadas las clases C_i , sus prototipos \bar{I}_i y un píxel (x, y) a clasificar de la imagen de componente de hemoglobina de la piel, calcularemos la distancia de Mahalanobis, $E_{x,y}^i$, de este píxel al prototipo de cada clase [1]:

$$E_{x,y}^i = \sqrt{\frac{(r_{x,y} - r_i)^2}{\sigma_{r_i}} + \frac{(g_{x,y} - g_i)^2}{\sigma_{g_i}} + \frac{(b_{x,y} - b_i)^2}{\sigma_{b_i}}} \quad i \in n, p, e \quad (2.11)$$

$E_{x,y}^n$, $E_{x,y}^p$ y $E_{x,y}^e$ son las distancias de Mahalanobis entre el píxel (x, y) y la Piel Normal C_n , Piel Pigmentada C_p y Eritema C_e , respectivamente. $(r_i, g_i$ y $b_i)$ corresponden a los valores medios RGB del prototipo \bar{I}_i de la clase C_i y $(\sigma_{r_i}, \sigma_{g_i}$ y $\sigma_{b_i})$ a las desviaciones estándar del mismo. $r_{x,y}$, $g_{x,y}$ y $b_{x,y}$ son los valores RGB de píxel (x, y) .

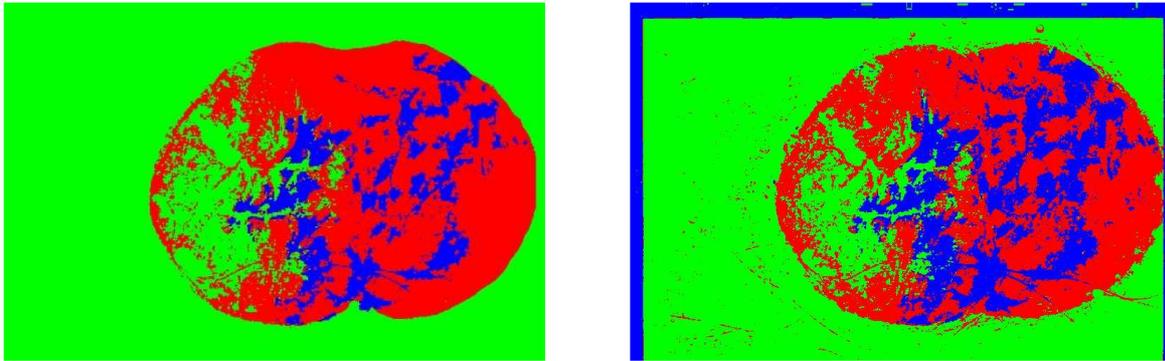
Clasificaremos el píxel (x, y) en la clase C_k , cuyo prototipo sea el más cercano:

$$k = \arg \min_i \{E_{x,y}^i\} \quad i \in n, p, e \quad (2.12)$$

Una vez hayamos clasificado todos los píxeles en su clase, podremos obtener una imagen máscara para cada clase: Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema [1]. Aplicando estas máscaras a la imagen original RGB de la lesión podremos obtener las áreas de Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema de la lesión. Es necesario tener en cuenta que debido a que esta clasificación la hemos realizado sobre la imagen de componente de hemoglobina en RGB, es posible que en zonas donde la hemoglobina es baja, pero haya melanina, estos píxeles hayan quedado

excluidos de los datos a analizar, clasificándolos erróneamente.

En las siguientes imágenes podemos ver los resultados obtenidos para la imagen que estamos analizando.



A

B

Figura 2-10 Acl263.jpeg – Imágenes de segmentación con las tres clases. Rojo el Eritema, Azul la Piel Pigmentada, Verde la Piel Normal. A. Verdad de Referencia. B. Segmentación resultante de aplicar el algoritmo

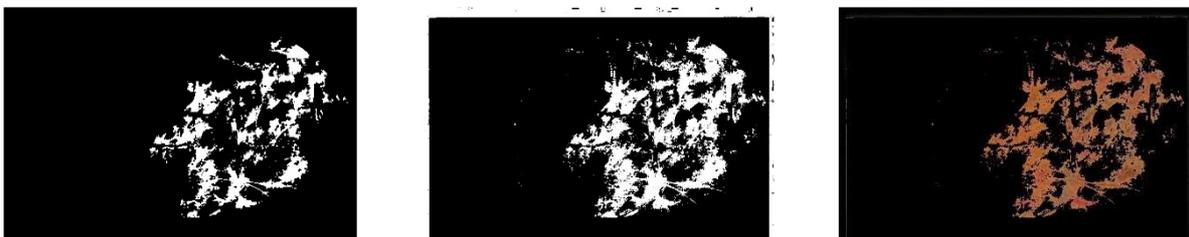


A

B

C

Figura 2-11 Acl263.jpeg – Eritema. A. Verdad de referencia del Eritema. B. Máscara de Eritema obtenida al aplicar el algoritmo. C. Segmentación de Eritema obtenida al aplicar el algoritmo.



A

B

C

Figura 2-12 Acl263.jpeg – Piel Pigmentada. A. Verdad de referencia de la Piel Pigmentada. B. Máscara de Piel Pigmentada obtenida al aplicar el algoritmo. C. Segmentación de Piel Pigmentada obtenida al aplicar el algoritmo.

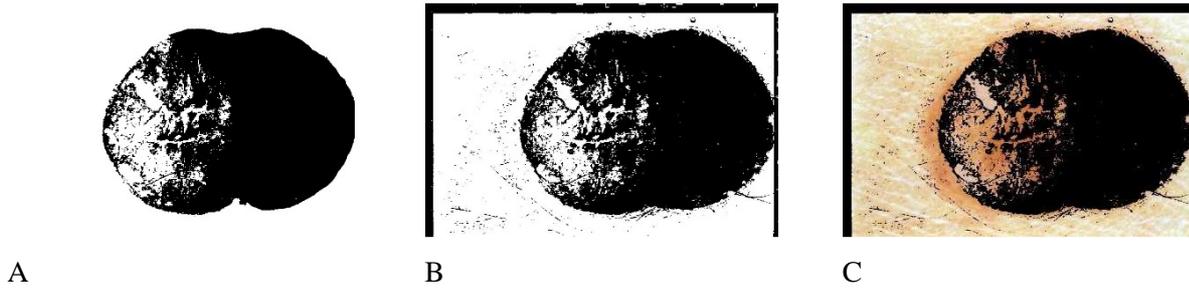


Figura 2-13 Acl263.jpeg – Piel Normal. A. Verdad de referencia de la Piel Normal. B. Máscara de Piel Normal obtenida al aplicar el algoritmo. C. Segmentación de Piel Normal obtenida al aplicar el algoritmo.

Con esto finalizamos la parte relacionada con la metodología. En el siguiente apartado veremos los resultados al aplicar esta metodología para la segmentación del Eritema.

3 RESULTADOS

En este capítulo veremos primero las fuentes de donde hemos obtenido las 20 imágenes a las que hemos aplicado el algoritmo. Después, describiremos las medidas que utilizaremos para evaluar los resultados obtenidos tras aplicar el algoritmo a las imágenes seleccionadas. Y finalmente, analizaremos los resultados obtenidos por el algoritmo.

3.1. Material utilizado

Con el objetivo de poder analizar el funcionamiento de el algoritmo descrito en este trabajo, se han seleccionado 20 imágenes de dos fuentes distintas.

Las imágenes cuyo nombre sigue el siguiente esquema ISIC_<imagen_id>.jpeg proceden del desafío propuesto por ISIC en 2019 “Skin Lesion Analysis Towards Melanoma Detection” [38] [39] [40]. ISIC es una asociación académica y de la industria que trata de proveer de imágenes de la piel a profesionales para lograr desarrollos y mejoras en la reducción de la mortalidad por melanoma y biopsias innecesarias. Cada año ISIC propone un desafío para los profesionales que quieran participar. Proporcionándoles imágenes de lesiones de la piel y los requisitos que se quieren para este desafío. Los participantes con mejores resultados obtienen una recompensa.

El resto de imágenes proceden del Interactive Atlas of Dermoscopy [41]. Los autores de este atlas son expertos en dermatoscopia con dilatada experiencia docente que han realizado numerosos estudios clínicos. De este atlas seleccionamos imágenes de tres tipos: con ausencia de vasculatura, con vasculatura típica y con vasculatura atípica.

Finalmente, gracias a la ayuda de un dermatólogo del Hospital Virgen Macarena de Sevilla obtuvimos las verdades de referencia correspondientes para las 20 imágenes seleccionadas. Para cada imagen, determinó el área perteneciente a: Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema.

3.2. Métodos de Evaluación

Para poder validar el algoritmo un dermatólogo segmentó manualmente las imágenes, clasificando las tres áreas deseadas: Piel normal, Piel Pigmentada y Eritema. El resultado de esta segmentación por el especialista es lo que consideraremos la Verdad de Referencia (Ground-truth), la cual nos permitirá evaluar la precisión del algoritmo para segmentar las distintas áreas.

Tanto en la verdad de referencia como en la segmentación del algoritmo, se clasifican los píxeles en dos categorías:

- **Positivo (1, blanco):** son aquellos píxeles pertenecientes al área a segmentar.
- **Negativo (0, negro):** son aquellos píxeles no pertenecientes al área a segmentar.

Comparando las imágenes de verdad de referencia proporcionadas por el especialista con los resultados obtenidos por el algoritmo analizado en este trabajo, podremos determinar el grado de precisión del algoritmo. Las medidas utilizadas para determinar el grado de precisión serán las siguientes:

- Sensibilidad
- Especificidad
- PPV – Valor Predictivo Positivo
- Coeficiente Jaccard
- Coeficiente Dice

Para obtener estos parámetros será necesario calcular las siguientes variables:

- **TP, Verdaderos Positivos:** Son aquellos píxeles que el algoritmo clasificó como positivos y en la verdad de referencia también lo eran.
- **TN, Verdaderos Negativos:** Son aquellos píxeles que el algoritmo clasificó como negativos y en la verdad de referencia también lo eran.
- **FP, Falsos Positivos:** Son aquellos píxeles que el algoritmo clasificó como positivos y en la verdad de referencia eran negativos.
- **FN, Falso Negativo:** Son aquellos píxeles que el algoritmo clasificó como negativos y en la verdad de referencia eran positivos.

En la siguiente Figura 3-1 podemos observar una representación gráfica de estas variables:

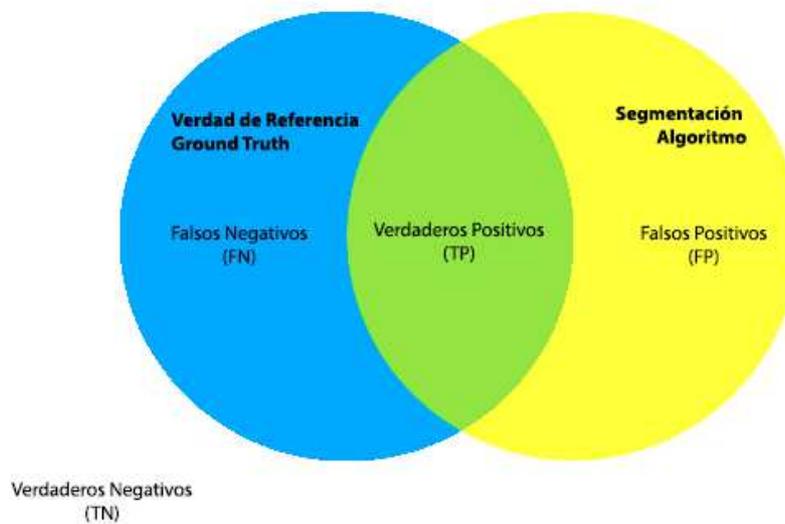


Figura 3-1 Representación gráfica de las variables: TP, TN, FP, FN

Sensibilidad [42]: Determina la probabilidad de que el algoritmo de segmentación clasifique correctamente los píxeles pertenecientes al área a segmentar. Tomará su valor máximo ($Sen = 1$) cuando el algoritmo clasifique correctamente todos los píxeles (no existen Falsos Negativos). Y tomará valores cercanos al mínimo ($Sen=0$), cuando el algoritmo clasifique píxeles como no pertenecientes al área a segmentar cuando en la verdad de referencia si pertenecen a ella (existen numerosos Falsos Negativos). Si este valor es bajo habrá subsegmentación.

$$sensibilidad = \frac{TP}{TP + FN} \quad 0 \leq Sen \leq 1 \quad (3.1)$$

Especificidad [43]: Determina la probabilidad de que el algoritmo de segmentación clasifique correctamente los píxeles no pertenecientes al área a segmentar. Tomará su valor máximo ($Spec = 1$) cuando el algoritmo clasifique correctamente todos los píxeles (no existen Falsos Positivos). Y tomará valores cercanos al mínimo ($Spec=0$), cuando el algoritmo clasifique píxeles como pertenecientes al área a segmentar cuando en la verdad de referencia no pertenecen a ella (existen numerosos Falsos Positivos).

$$\text{especificidad} = \frac{TN}{TN + FP} \quad 0 \leq \text{Spec} \leq 1 \quad (3.2)$$

PPV, Valor Predictivo Positivo [43]: Determina la probabilidad de que el algoritmo clasifique los pixeles como pertenecientes al área a segmentar si en la verdad de referencia también lo son. Tomará valores cercanos a 0 cuando existan más áreas de falsos positivos que de verdaderos positivos. Y tomará su valor máximo (PPV = 1) cuando no existan áreas de falsos positivos. Si este valor es bajo habrá sobresegmentación.

$$PPV = \frac{TP}{TP + FP} \quad 0 \leq PPV \leq 1 \quad (3.3)$$

Coefficiente Jaccard [44]: Permite comparar la similitud entre la verdad de referencia y los resultados proporcionados por el algoritmo de segmentación. Tomará valor máximo (Jaccard = 1) cuando la región de intersección y la región de unión entre lo segmentado por el algoritmo y lo segmentado por la verdad de referencia sea la misma, es decir, cuando el algoritmo segmente correctamente. Tomará su valor mínimo (Jaccard = 0) cuando las áreas segmentadas no coincidan, es decir, cuando la segmentación sea errónea.

$$Jaccard = \frac{TP}{TP + FP + FN} \quad 0 \leq Jaccard \leq 1 \quad (3.4)$$

Coefficiente Dice [45]: Este parámetro al igual que el Coeficiente Jaccard permite comparar la similitud entre la verdad de referencia y el resultado de la segmentación del algoritmo. Tomará su valor máximo (Dice = 1) cuando dos veces la región de intersección entre lo segmentado por el algoritmo y lo segmentado por la verdad de referencia es igual a la suma de cada región por separado. Tomará valor mínimo (Dice = 0) cuando las áreas segmentadas no coincidan.

$$Dice = \frac{2TP}{2TP + FP + FN} \quad 0 \leq Dice \leq 1 \quad (3.5)$$

3.3. Resultados de la segmentación

A continuación, procederemos a analizar los resultados obtenidos tras aplicar el algoritmo a las 20 imágenes seleccionadas.

En la siguiente Tabla 3-1 podemos observar los resultados totales teniendo en cuenta los pixeles de todas las imágenes analizadas para la segmentación del Eritema, la Piel Pigmentada y la Piel Normal.

Tabla 3-1 Resultados totales del algoritmo para la segmentación de Eritema, Piel Pigmentada y Piel normal

Área Segmentada	TP	TN	FP	FN	Sen	Spec	PPV	Jaccard	Dice
Eritema	3647789	20944241	19105200	384812	0,90457474	0,52295963	0,16032131	0,15765496	0,27236951
Piel Pigmentada	1477458	39651061	1223603	1729920	0,46064355	0,97006451	0,54699172	0,33343813	0,50011788
Piel Normal	23544308	5393529	1504780	13639425	0,63318839	0,78186248	0,93992676	0,60856069	0,75665244

Resultados de la Segmentación del Eritema: Como podemos observar el algoritmo tiene una Sensibilidad aproximada del 90% lo que implica que la capacidad de clasificar correctamente los pixeles pertenecientes a la lesión, es alta. Sin embargo, no tiene unos resultados tan buenos en términos de Especificidad que es aproximadamente un 52%. Por lo que el algoritmo está sobresegmentando el área de Eritema, es decir, está seleccionando más pixeles como pertenecientes al Eritema de los que realmente pertenecen a él.

Resultados de la Segmentación de la Piel Pigmentada: Al contrario que los resultados obtenidos para la Segmentación del Eritema, a la hora de Segmentar la Piel Pigmentada el algoritmo obtiene mejores resultados en términos de Especificidad (aproximadamente un 97%) que en términos de Sensibilidad (aproximadamente un 46%). Es decir, el algoritmo está subsegmentando el área de Piel Pigmentada, no consigue identificar todos los pixeles que pertenecen a la Piel Pigmentada.

Resultados de la Segmentación de la Piel Normal: Para la segmentación de la Piel Normal se ha obtenido una Sensibilidad del 63% aproximadamente y una Especificidad del 78%. La probabilidad de que el algoritmo clasifique correctamente los pixeles pertenecientes a la Piel Normal si en la verdad de referencia pertenecen es alta. Para la Segmentación de la Piel Normal es para la que obtendremos mejores resultados en términos de similitud entre la imagen segmentada por el algoritmo y la verdad de referencia. Esto se debe a que a proporción de pixeles clasificados correctamente es mayor a la de pixeles mal clasificados, tanto para el área a segmentar como para el área no perteneciente al área a segmentar.

A continuación, podemos observar varias imágenes procesadas por el algoritmo y los resultados obtenidos para las mismas.

En la Figura 3-2 podemos observar que el algoritmo obtiene malos resultados cuando la diferencia de color entre la Piel Normal, Piel Pigmentada y Eritema. Además, podemos observar que esta imagen tiene un marco, el cual es clasificado como Piel Pigmentada.

En la Figura 3-3 podemos observar como el algoritmo diferencia bien las áreas de piel pigmentada oscura de las zonas de eritema. Sin embargo, también podemos observar como la iluminación de la imagen no es homogénea y la zona del contorno está mas oscurecida lo que hace que el algoritmo clasifique esa zona de Piel Normal como Piel Pigmentada o Eritema.

En la última Figura 3-4 podemos observar que el algoritmo confunde zonas de Piel Pigmentada clara con Eritema. Además, podemos observar que clasifica como Piel Pigmentada una maya que utilizan los dermatólogos para tener una referencia del tamaño de la lesión.

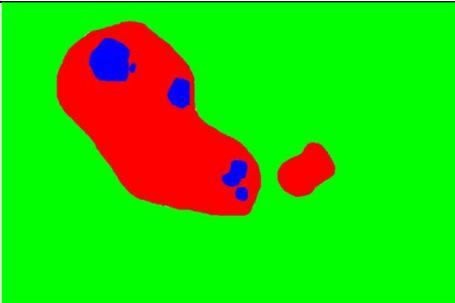
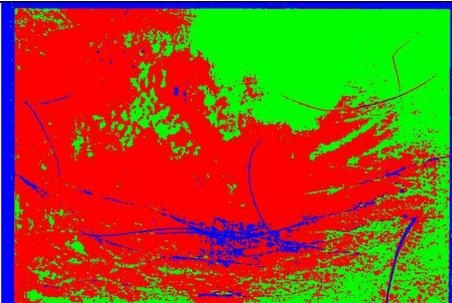
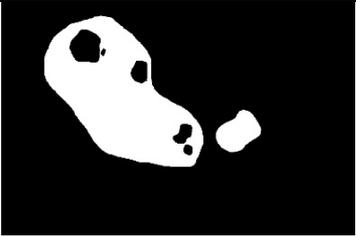
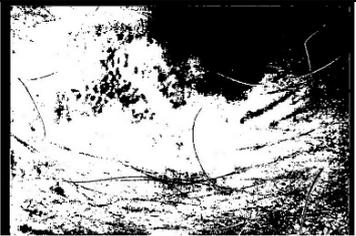
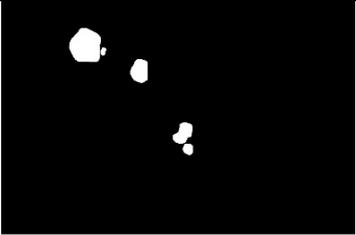
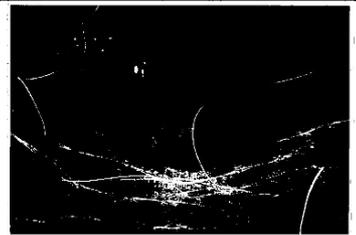
Aal020.jpeg		
IMAGEN ORIGINAL RGB		
		
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)	SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)	
		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Figura 3-2 Resultados obtenidos para la imagen Aal020.jpeg

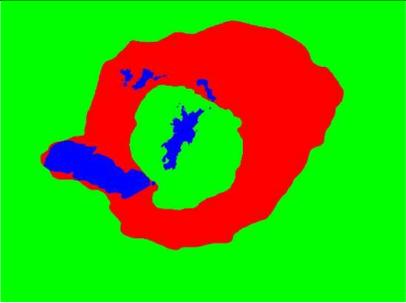
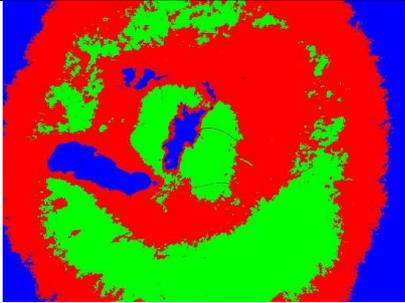
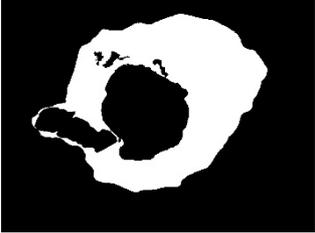
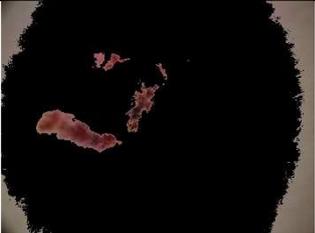
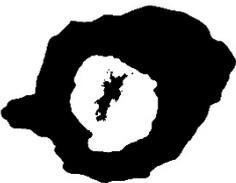
ISIC_0000127.jpeg		
IMAGEN ORIGINAL RGB		
		
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)	SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)	
		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Figura 3-3 Resultados obtenidos para la imagen ISIC_0000127.jpeg

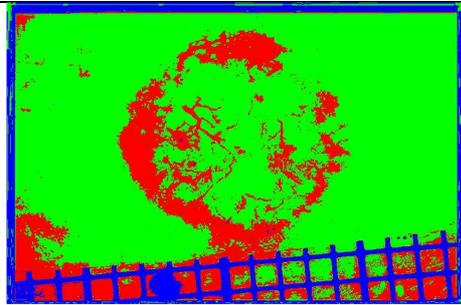
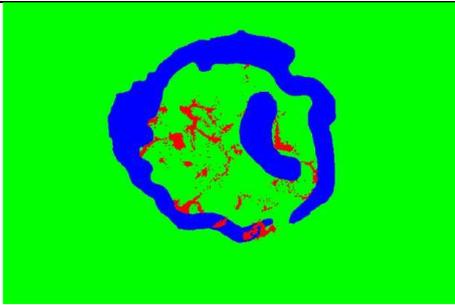
Nel087.jpeg

IMAGEN ORIGINAL RGB



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

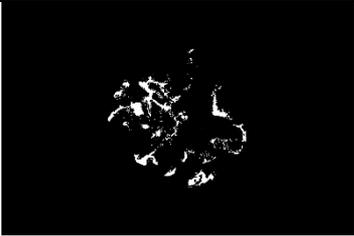
SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)



VERDAD DE REFERENCIA PE

MÁSCARA PE

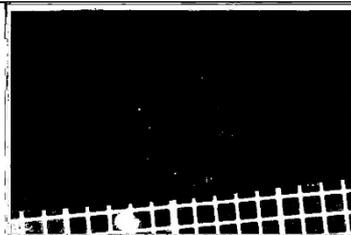
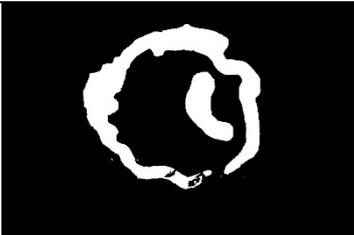
SEGMENTACIÓN PE



VERDAD DE REFERENCIA PP

MÁSCARA PP

SEGMENTACIÓN PP



VERDAD DE REFERENCIA PN

MÁSCARA PN

SEGMENTACIÓN PN

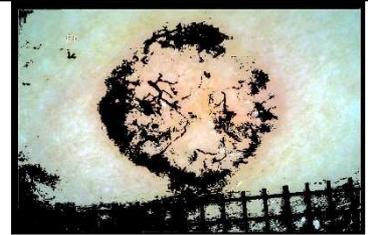
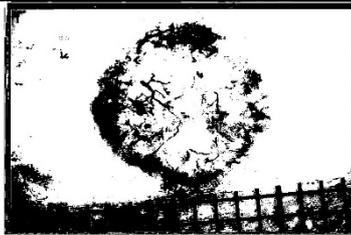
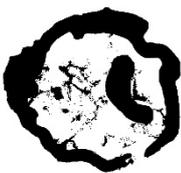


Figura 3-4 Resultados obtenidos para la imagen Nel087.jpeg

En las siguientes tablas podemos observar para cada una de las 20 imágenes seleccionadas los resultados obtenidos para la segmentación de Eritema (Tabla 3-2), Piel Pigmentada (Tabla 3-3) y Piel Normal (

Tabla 3-4).

En el Anexo I podemos observar para cada imagen los resultados obtenidos en cada paso del algoritmo.

Tabla 3-2 Resultado de cada imagen para la segmentación de Eritema

Imagen	TP	TN	FP	FN	Sen	Spec	PPV	Jaccard	Dice
Aal020.jpeg	62945	121744	204159	4368	0,93510912	0,373559004	0,235657272	0,231865533	0,376446173
Aal038.jpeg	3854	350119	36893	2350	0,62121212	0,90467221	0,09458365	0,08942618	0,16417116
Acl263.jpeg	106736	224820	46653	15007	0,87673213	0,82814866	0,69585172	0,63383928	0,77588939
ISIC_0000127.jpeg	735379	1303080	1045170	62099	0,92213077	0,55491536	0,41300689	0,39908816	0,57049752
ISIC_0000179.jpeg	5256	613505	945783	2042	0,72019731	0,39345201	0,00552659	0,00551475	0,010969
ISIC_0000246.jpeg	205993	192235	311225	76979	0,72796248	0,38182775	0,39827114	0,34667459	0,51486022
ISIC_0000387.jpeg	458046	2279991	4337199	2652	0,99424352	0,34455577	0,09552088	0,09546808	0,17429641
ISIC_0009951.jpeg	70745	262003	453649	35	0,99950551	0,36610392	0,1349081	0,1348991	0,2377288
ISIC_0010000.jpeg	20450	268099	457607	40276	0,33675855	0,36943197	0,04277733	0,0394534	0,07591182
ISIC_0010457.jpeg	67405	207965	491611	19451	0,77605462	0,29727292	0,12057794	0,1165235	0,20872557
ISIC_0012672.jpeg	365207	4835044	811717	4032	0,98908024	0,85625087	0,31030636	0,30924692	0,47240427
ISIC_0012878.jpeg	713398	5818183	3479413	25230	0,96584207	0,62577283	0,1701479	0,16913017	0,2893265
ISIC_0013146.jpeg	560040	1868852	3547124	39984	0,93336267	0,34506283	0,13635686	0,1350422	0,23795098
ISIC_0013793.jpeg	183429	748499	2584676	22340	0,89143165	0,22456037	0,06626519	0,06573468	0,1233603
Nal004.jpeg	0	362399	30817	0	0	0,92162832	0	0	0
Nal005.jpeg	0	318077	75139	0	0	0,80891164	0	0	0
Nal049.jpeg	35432	324056	24971	8757	0,80182851	0,92845539	0,58659338	0,51231926	0,67752792
Nbl004.jpeg	193	342429	49160	1434	0,11862323	0,87446021	0,0039106	0,00380019	0,0075716
Nel087.jpeg	7808	276396	107124	1888	0,80528053	0,7206821	0,06793582	0,06683787	0,1253009
Nil068.jpeg	45473	226745	65110	55888	0,44862422	0,77690977	0,41121149	0,27315869	0,42910391

Tabla 3-3 Resultado de cada imagen para la segmentación de Piel Pigmentada

Imagen	TP	TN	FP	FN	Sen	Spec	PPV	Jaccard	Dice
Aal020.jpeg	965	330102	55097	7052	0,12036922	0,85696484	0,01721309	0,01528979	0,03011907
Aal038.jpeg	232	334376	25085	33523	0,00687306	0,93021496	0,0091638	0,0039429	0,00785482
Acl263.jpeg	34215	285172	72631	1198	0,96617062	0,79700841	0,32022724	0,31667654	0,48102405
ISIC_0000127.jpeg	112202	2614876	404084	14566	0,88509719	0,86615126	0,21732528	0,21136211	0,34896603
ISIC_0000179.jpeg	190280	959067	2319	414920	0,31440846	0,99758786	0,98795944	0,31320831	0,47701238
ISIC_0000246.jpeg	10804	683171	56752	35705	0,23229912	0,92330013	0,15992658	0,10462808	0,18943585
ISIC_0000387.jpeg	173408	6593009	145168	166303	0,51045742	0,97845589	0,54432223	0,35763149	0,52684619
ISIC_0009951.jpeg	18798	725074	424	42136	0,30849772	0,99941557	0,97794194	0,30636592	0,46903538
ISIC_0010000.jpeg	141163	442009	3796	199464	0,41442105	0,99148507	0,97381329	0,40985358	0,58141297
ISIC_0010457.jpeg	8783	519169	255	258225	0,03289415	0,99950907	0,97178579	0,03286276	0,06363432
ISIC_0012672.jpeg	27457	5960846	27386	311	0,98880006	0,9954267	0,5006473	0,49782427	0,66472988
ISIC_0012878.jpeg	3263	9942047	89604	1310	0,71353597	0,99106787	0,03513627	0,03464753	0,06697455
ISIC_0013146.jpeg	99737	5671372	41925	202966	0,32948798	0,99266186	0,70404907	0,28940481	0,44889674
ISIC_0013793.jpeg	63559	3392073	20633	62679	0,50348548	0,99395406	0,75492921	0,43275391	0,60408687
Nal004.jpeg	155598	110084	56120	71414	0,68541751	0,66234266	0,73493043	0,54955992	0,70931097
Nal005.jpeg	243495	51618	37670	60433	0,80116014	0,5781068	0,86602173	0,71281155	0,83232922
Nal049.jpeg	80585	261617	50063	951	0,98833644	0,83937693	0,61681005	0,61235268	0,75957659
Nbl004.jpeg	94807	220617	44575	33217	0,74054084	0,83191424	0,68019543	0,54929055	0,70908656
Nel087.jpeg	181	284181	62172	46682	0,00386232	0,82049528	0,00290283	0,00166002	0,00331453
Nil068.jpeg	17926	270581	27844	76865	0,18911078	0,90669682	0,39165392	0,1461736	0,25506364

Tabla 3-4 Resultado de cada imagen para la segmentación de Piel Normal

Imagen	TP	TN	FP	FN	Sen	Spec	PPV	Jaccard	Dice
Aal020.jpeg	163380	57054	15092	157690	0,508861	0,79081307	0,91543772	0,48601567	0,654119173
Aal038.jpeg	333874	16057	21161	22124	0,93785358	0,43143103	0,94039743	0,88523408	0,93912378
Acl263.jpeg	213670	120938	20056	38552	0,84715053	0,85775281	0,91419012	0,78474941	0,8793945
ISIC_0000127.jpeg	969737	800910	93130	1281951	0,43067112	0,8958324	0,9123785	0,413566	0,58513858
ISIC_0000179.jpeg	606748	388458	217910	353470	0,63188568	0,64063077	0,73575713	0,51501025	0,67987692
ISIC_0000246.jpeg	349215	159719	65316	212182	0,62204643	0,70975182	0,84243398	0,55721678	0,7156573
ISIC_0000387.jpeg	2664176	766045	7038	3640629	0,42256279	0,99089619	0,99736524	0,42209161	0,59362085
ISIC_0009951.jpeg	323279	128903	120	334130	0,49174715	0,99906993	0,99962894	0,4916574	0,65920955
ISIC_0010000.jpeg	155301	230484	165010	235637	0,39725225	0,58277496	0,48484442	0,27934447	0,43669938
ISIC_0010457.jpeg	258000	291752	48739	187941	0,57855187	0,85685672	0,84110596	0,52154928	0,6855503
ISIC_0012672.jpeg	5189561	383339	1832	441268	0,92163356	0,99524367	0,99964711	0,92133381	0,95905647
ISIC_0012878.jpeg	7126715	615974	100867	2192668	0,76471962	0,85928958	0,98604416	0,75653141	0,86139241
ISIC_0013146.jpeg	2422177	531860	330291	2731672	0,46997438	0,6168989	0,88000187	0,44166943	0,61271942
ISIC_0013793.jpeg	1628740	246607	79841	1583756	0,50700141	0,75542506	0,95327058	0,49470634	0,66194453
Nal004.jpeg	122732	122738	99923	47823	0,71960365	0,55123259	0,5512205	0,45375964	0,62425676
Nal005.jpeg	66093	245926	48307	32890	0,66772072	0,83582059	0,57773601	0,448727	0,61947765
Nal049.jpeg	253916	97707	13645	27948	0,9008458	0,87746067	0,94900228	0,85924963	0,92429722
Nbl004.jpeg	236480	80140	46857	29739	0,88829122	0,63103853	0,83462449	0,75534375	0,86062203
Nel087.jpeg	274970	20291	29704	68251	0,80114562	0,40586059	0,90250563	0,73733324	0,84881038
Nil068.jpeg	185544	88627	99941	19104	0,90664947	0,47000021	0,64992557	0,60916185	0,75711695

4 CONCLUSIONES

El Eritema es un tipo de lesión cutánea que puede aparecer sola o como una característica de múltiples lesiones de la piel, y puede ser debido a múltiples factores, como quemaduras solares, enfermedades infecciosas o tumores. En algunas ocasiones el Eritema puede ser la única clave diagnóstica. Por ello parece relevante intentar desarrollar un algoritmo capaz de detectar y segmentar esta área.

El objetivo de este Trabajo de Fin de Grado es dar unos primeros pasos hacia el desarrollo de un algoritmo centrado en la segmentación del Eritema ya que, aunque existen múltiples estudios que buscan la segmentación del Eritema para el estudio de otras enfermedades, muy pocos están centrados en el Eritema en sí. Además, a diferencia de otros métodos, este Trabajo se basa en imágenes dermatoscópicas para el análisis del Eritema en lesiones cutáneas.

Después de haber analizado los resultados en la segmentación de Eritema, la Piel Pigmentada y la Piel Normal obtenemos las siguientes conclusiones:

- El algoritmo obtiene buenos resultados a la hora de diferenciar el Eritema de la Piel Pigmentada cuando la Piel Pigmentada es más oscura, sin embargo, cuando la Pigmentación es clara el algoritmo la confunde con Eritema. También tiene unos resultados pobres cuando hay poca diferencia entre la Piel Normal, la Piel Pigmentada y el Eritema.
- En las imágenes dermatoscópicas en las que la iluminación no es homogénea en toda la imagen (el centro de la imagen está más iluminado que el contorno), el algoritmo clasifica las partes más externas de la imagen como Eritema o Piel Pigmentada, cuando realmente se corresponde con Piel Normal.
- Tampoco es homogénea la iluminación entre imágenes, por lo que al utilizar los valores de referencia del trabajo obtenidos por Kharazmi et al. [1], puede producir error en la segmentación.
- Algunas de las imágenes tienen marcos negros, marcas en la piel realizadas por el dermatólogo, burbujas debidas al uso de dermatoscopios no polarizados y otros artefactos, los cuales producen una mala clasificación de esos píxeles, ya que los clasifica como Eritema o Piel Pigmentada.

Para finalizar, veremos posibles líneas futuras de mejora del algoritmo para intentar reducir las limitaciones observadas:

- Con la utilización de dermatoscopios polarizados no sólo mejoraríamos la visualización de la vasculatura de Eritema, sino que eliminaríamos la aparición de burbujas en la imagen ya que no requiere el uso de un líquido de contacto.
- Una vez capturada la imagen, aplicando un preprocesamiento podríamos corregir los problemas debidos a la iluminación no uniforme y normalizar los colores entre las distintas imágenes.
- Un paso que se podría implementar para la mejora del algoritmo sería realizar una segmentación de la lesión como primer paso del algoritmo. Después continuaríamos aplicando el algoritmo únicamente al área de la lesión. Con esto logramos eliminar del análisis la mayor parte de la Piel Normal y posibles artefactos que actualmente el algoritmo los clasificaría como Eritema o Piel Pigmentada y que realmente no lo son.
- Por último, se podría estudiar el uso de la componente de Melanina para intentar mejorar la segmentación de la Piel Pigmentada.

REFERENCIAS

- [1] P. Kharazmi, M. I. Aljasser, H. Lui, Z. J. Wang y T. K. Lee, «Automated Detection and Segmentation of Vascular Structures of Skin Lesions Seen in Dermoscopy, with an Application to Basal Cell Carcinoma Classification,» *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, vol. 21, n° 6, pp. 1675-1684, 2017.
- [2] K. Shang, L. Ying, N. Hai-jing y L. Yu-fu, «Method of Reducing Dimensions of Segmentation Feature parameter Applied to Skin Erythema Image Segmentation,» de *Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society.*, Shanghai, 2005.
- [3] S. Sprigle, L. Zhang y M. Duckworth, «Detection of Skin Erythema in Darkly Pigmented Skin Using Multispectral Images,» *Advances in skin & wound care*, vol. 22, n° 172-179, p. 4, 2009.
- [4] J. Lu, J. Manton, E. Kazmierczak y R. Sinclair, «Erythema detection in digital skin images,» de *IEEE 17th International Conference on Image Processing*, Hong Kong, 2010.
- [5] J. Choi, B. Kim, H. Lee y S. W. Youn, «Characteristics of subjective recognition and computer-aided image analysis of facial erythematous skin diseases: A cornerstone of automated diagnosis,» *British Journal of Dermatology*, vol. 171, n° 2, 2013.
- [6] D.-t. Xu, J.-N. Yan, Y. Cui y W. Liu, «Quantifying Facial Skin Erythema More Precisely by Analyzing Colour Channels of The VISIA Red Images,» *Journal of Cosmetic and Laser Therapy*, vol. 18, n° 1-16, p. 5, 2016.
- [7] M. Cho, D.-H. Lee, E. Doh, Y. Kim, J. Chung, H. Kim y S. Kim, «Development and Clinical Validation of a Novel Photography-based Skin Erythema Evaluation System: A Comparison with the Calculated Consensus of Dermatologists,» *International journal of cosmetic science*, vol. 39, n° 4, 2017.
- [8] E. Roullot, J.-E. Autegarden, P. Devriendt y F. Leynadier, «Segmentation of Erythema from Skin Photographs for Assisted Diagnosis in Allergology,» *Pattern Recognit Image Anal, Pt 2, Proc*, vol. 3687, pp. 754-763, 2005.
- [9] A. Sáez, B. Acha y C. Serrano, «Segmentation and classification of dermatological lesions,» *Proceedings of SPIE - The International Society for Optical Engineering*, 2010.
- [10] E. Čuk, M. Gams, M. Možek, F. Strle, V. Maraspin y J. Tasic, «Supervised Visual System for Recognition of Erythema Migrans, an Early Skin Manifestation of Lyme Borreliosis,» *Strojnicki Vestnik*, vol. 60, n° 2, pp. 115-123, 2014.
- [11] Y. Ning, C. Shi, L. Wang y C. Shu, «Automatic segmentation of psoriasis lesions,» 2014.
- [12] J. Lu, E. Kazmierczak, J. Manton y R. Sinclair, «Chapter 7: Machine Learning Methods for Segmenting Psoriatic Lesions from 2D Images,» de *Frontiers of Medical Imaging*, World Scientific, 2014, pp. 121-149.
- [13] S. Hames, S. Sinnya, J.-M. Tan, C. Morze, A. Sahebian, P. Soyer y T. Prow, «Automated Detection of Actinic Keratoses in Clinical Photographs,» vol. 10, n° 1, 2015.

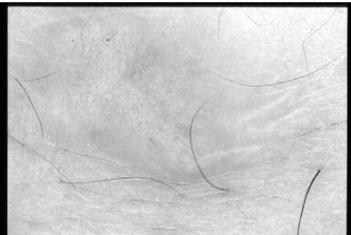
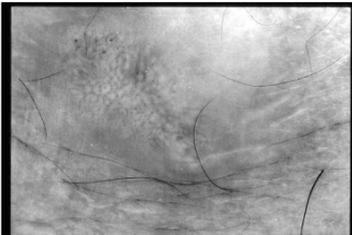
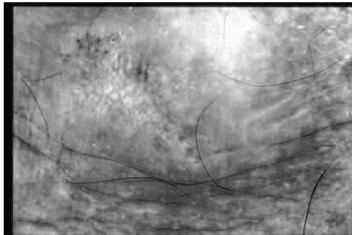
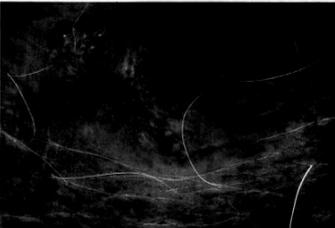
- [14] F. Vasefi, T. Horita, K. Shi, M. Alhashim y N. MacKinnon, «Vanishing Point - A Smartphone Application that Classifies Acne lesions and Estimates Prognosis,» de *Proc. SPIE 9711, Imaging, Manipulation, and Analysis of Biomolecules, Cells, and Tissues IX*, San Francisco, 2016.
- [15] A. A. Marghood, J. Malvehy y R. P. Braun, *Atlas of Dermoscopy*, London: Taylor & Francis Group, 2012.
- [16] D. Palacios-Martínez y R. A. Díaz-Alonso, «Dermatoscopia para principiantes (I): características generales,» *Semergen*, vol. 43, n° 3, pp. 216-221, 2017.
- [17] R. Rodríguez-Cabral, G. Montoya-Sosa, R. Roldán-Marín y B. Carlos-Ortega, «Principios básicos de dermatoscopia,» *Dermatol Rev Mex*, vol. 58, pp. 300-304, 2014.
- [18] A. M. Perusquía Ortiz, *ATLAS DE DERMATOSCOPIA*, México, ETM Editores de Textos Mexicanos, 2006.
- [19] J. Benedetti, «Estructura y funcionamiento de la piel,» *MANUAL MSD - Versión para público general*, 2019. [En línea]. Available: <https://www.msmanuals.com/es-es/hogar/trastornos-de-la-piel/biología-de-la-piel/estructura-y-funcionamiento-de-la-piel>. [Último acceso: 09 05 2020].
- [20] «Stanford Children's Health - Anatomía de la piel,» [En línea]. Available: <https://www.stanfordchildrens.org/content-public/topic/images/66/126266.gif>. [Último acceso: 24 05 2020].
- [21] P. Zaballo, C. Carrera, S. Puig y J. Malvehy, «Criterios dermatoscópicos para el diagnóstico del melanoma,» *Medicina Cutánea Ibero-Latino-Americana*, vol. 32, n° 1, pp. 3-17, 2004.
- [22] D. Palacios-Martínez y R. Díaz-Alonso, «Dermatoscopia para principiantes (II): estructuras dermatoscópicas y métodos diagnósticos,» *SEMERGEN*, vol. 43, n° 4, pp. 312-317, 2017.
- [23] D. Lipsker, *Clinical Examination and Differential Diagnosis of Skin Lesions*, London: Springer Paris, 2013.
- [24] «AsoColDerma - Asociación Colombiana de Dermatología y Cirugía Dermatológica,» [En línea]. Available: <https://revistasocolderma.org/multimedia/galerias/eritema>. [Último acceso: 24 05 2020].
- [25] R. Abdlaty y Q. Fang, «Skin Erythema Assessment Techniques: Review Article,» 2018.
- [26] N. Tsumura, H. Haneishi y Y. Miyake, «Independent Component Analysis of Skin Color Image,» *Journal of the Optical Society of America. A, Optics, image science, and vision*, vol. 16, n° 9, pp. 2169-2176, 1999.
- [27] M. C. Ximénez y R. San Martín, *Fundamentos de las técnicas multivariantes*, UNED - Universidad Nacional de Educación a Distancia, 2013.
- [28] K. Pu, «Figure 1. Intelligent Systems, CSCI 5740U. 2010 [imagen digital],» [En línea]. Available: <https://cnx.org/resources/269e78e2506cdbc7f45ca17bb7d83491ce0c644/pca.jpg>. [Último acceso: 24 05 2020].
- [29] L. Á. Ruiz Fernandez, *Análisis de componentes principales. Aplicaciones en Teledetección*, Universitat Politècnica de València. ETSI, Geodésica, Cartográfica y Topográfica.
- [30] B. Acha y C. Serrano, *Fundamentos de Procesamiento de Imagen Práctica 1: Transformadas DFT, DCT,*

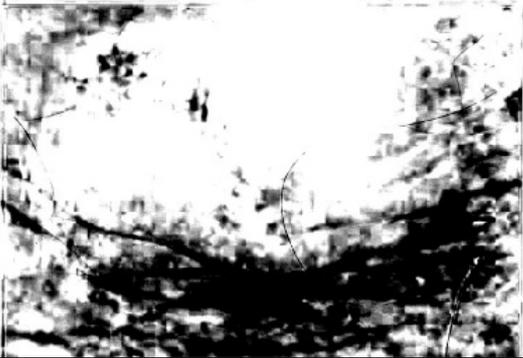
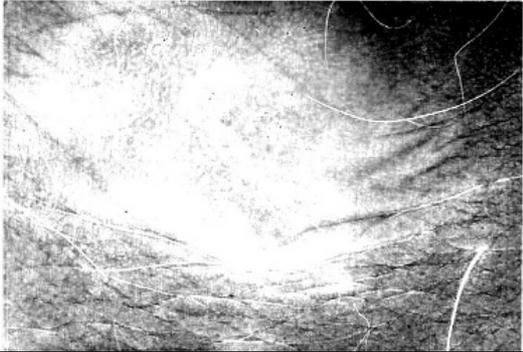
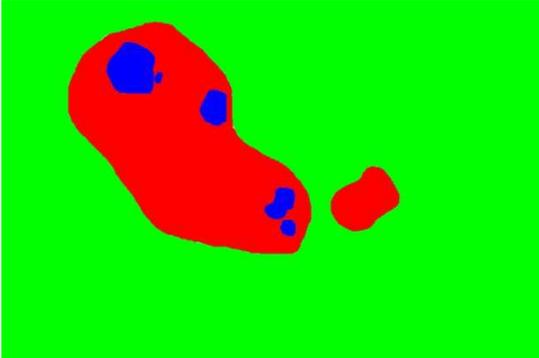
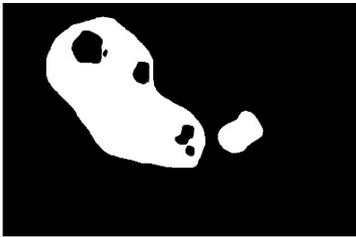
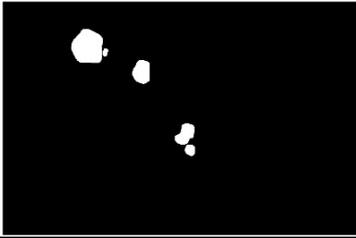
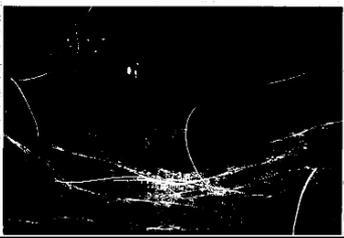
- y PCT, Universidad de Sevilla. Escuela Técnica Superior de Ingenieros., 2017/2018.
- [31] J. Muñoz, J. Rivera y E. Duque, «Análisis de componentes principales e independientes aplicados a reducción de ruido en señales electrocardiográficas.,» *Scientia et Technica*, vol. 2, nº 39, pp. 83-88, 2008.
- [32] A. Hyvärinen y E. Oja, «Independent Component Analysis: Algorithms and Applications,» *Neural networks*, vol. 13, nº 4-5, pp. 411-430, 2000.
- [33] D. Mika, G. Budzik y J. Józwiak, «Single Channel Source Separation with ICA-Based Time-Frequency Decomposition,» *Sensors*, vol. 20, nº 7, p. 2019, 2020.
- [34] R. M. Rangayyan, B. Acha y C. Serrano, *Color Image Processing With Biomedical Applications*, Bellingham, Washington: SPIE Press, 2011.
- [35] Adobe, «Modo de color Lab,» Adobe, [En línea]. Available: https://helpx.adobe.com/es/photoshop/using/color-modes.html#lab_color_mode. [Último acceso: 15 02 2020].
- [36] «Retoque digital de imágenes,» [En línea]. Available: <http://reader.digitalbooks.pro/content/preview/books/38703/book/OEBPS/Text/c1.html>. [Último acceso: 24 05 2020].
- [37] C. Felipe Álvarez, *Evolución de distancias para clasificadores basados en prototipos*, Madrid: Universidad Carlos III de Madrid, Escuela Politécnica Superior, 2010.
- [38] P. Tschandl, C. Rosendahl y H. Kittler, «The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions,» *Sci. Data* 5, 180161 doi.10.1038/sdata.2018.161, 2018.
- [39] N. C. F. Codella, D. Gutman, M. E. Celebi, B. Helba, M. A. Marchetti, S. W. Dusza, A. Kalloo, K. Liopyris, N. Mishra, H. Kittler y A. Halpern, «Skin Lesion Analysis Toward Melanoma Detection: A Challenge at the 2017 International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), Hosted by the International Skin Imaging Collaboration (ISIC),» arXiv:1710.05006, 2017.
- [40] M. Combalia, N. C. F. Codella, V. Rotemberg, B. Helba, V. Vilaplana, O. Reiter, A. C. Halpern, S. Puig y J. Malvehy, «BCN20000: Dermoscopic Lesions in the Wild,» arXiv:1908.02288, 2019.
- [41] G. Argenziano, H. P. Soyer, V. De Giorgo, D. Piccolo, P. Carli, M. Delfino, A. Ferrari, R. Hofmann-Wellenhof, D. Massi, G. Mazzocchetti, M. Scalvenzi y I. H. Wolf, *Interactive Atlas of Dermoscopy*, Milán, Italia: Edra Medical Publishing and New Media, 2000.
- [42] H. H. Chang, A. H. Zhuang, D. J. Valentino y W. C. Chu, «Performance measure characterization for evaluating neuroimage segmentation algorithms,» *NeuroImage*, vol. 47, nº 1, pp. 122-135, 2009.
- [43] R. Álvarez Cáceres, *El Método Científico en las Ciencias de la Salud*, Madrid: Ediciones Díaz de Santos, 1996.
- [44] P. Jaccard, «Étude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et du Jura,» *Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, vol. 37, pp. 547-579, 1901.
- [45] C. Suárez Mejías, «Segmentación de tejidos con contornos difusos en imágenes radiológicas,» Departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones-Universidad de Sevilla, Sevilla, 2017.

-
- [46] B. Moore, «PCA and ICA Package,» MATLAB Central File Exchange, 2020. [En línea]. Available: <https://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/38300-pca-and-ica-package>. [Último acceso: 04 06 2020].
- [47] «Tecnomed 2000 electromedicina - Dermoscopio de Bolsillo DermLite DL100,» [En línea]. Available: <https://tecnomed2000.com/producto/dermatoscopio-bolsillo-dermlite-dl100/>. [Último acceso: 24 05 2020].

Anexo I

Este anexo contiene los resultados obtenidos en cada fase del algoritmo para cada una de las imágenes analizadas.

Aal020.jpeg		
IMAGEN ORIGINAL RGB		
		
CANAL R	CANAL G	CANAL B
		
COMPONENTES PRINCIPALES PC1	COMPONENTES PRINCIPALES PC2	COMPONENTES PRINCIPALES PC3
		

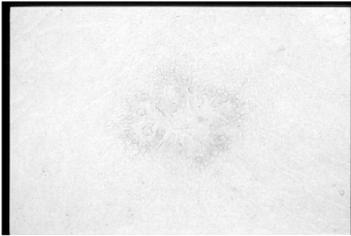
COMPONENTE MELANINA		COMPONENTE HEMOGLOBINA	
			
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)		SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)	
			
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE	
			
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP	
			
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN	
			

Aa1038.jpeg

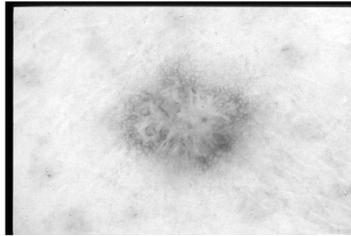
IMAGEN ORIGINAL RGB



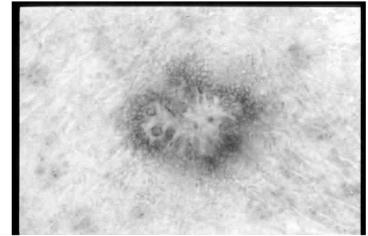
CANAL R



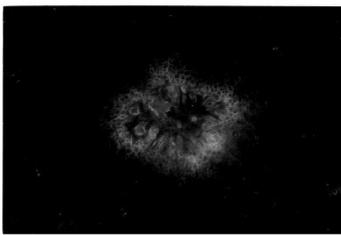
CANAL G



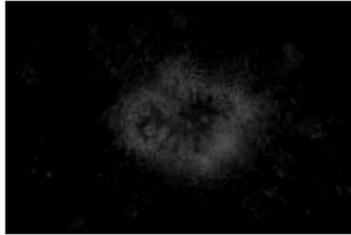
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1



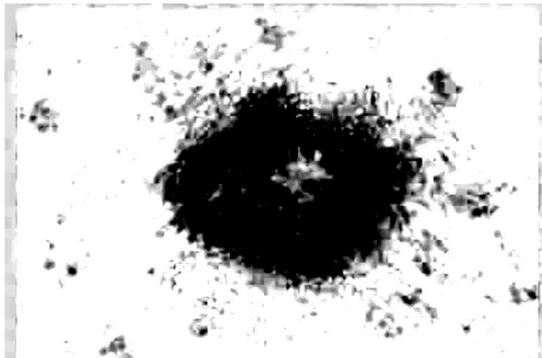
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2



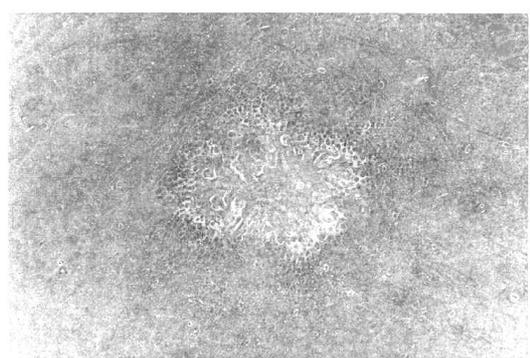
COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

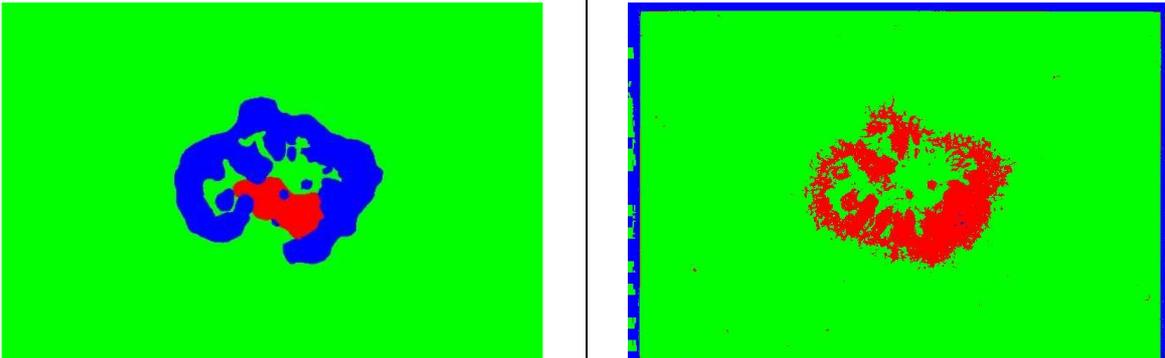
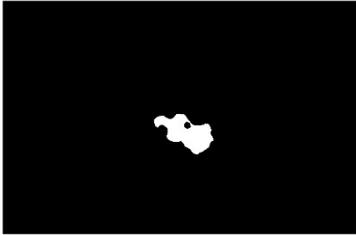
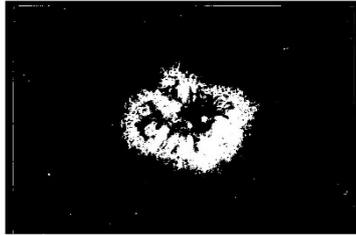
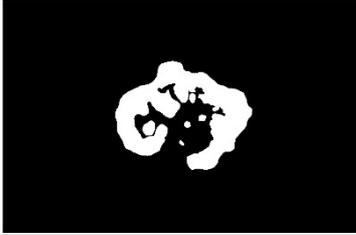
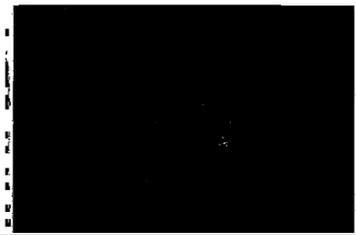
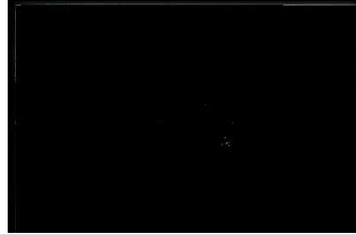
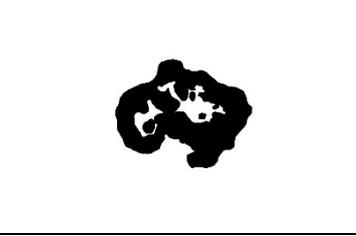
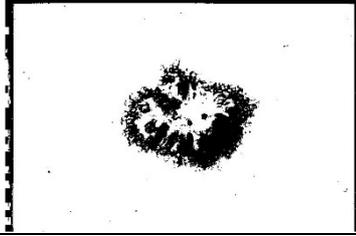
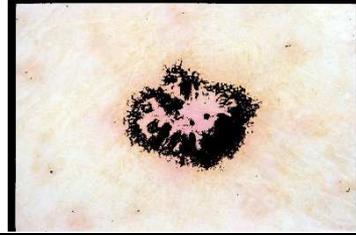


COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Acl263.jpeg

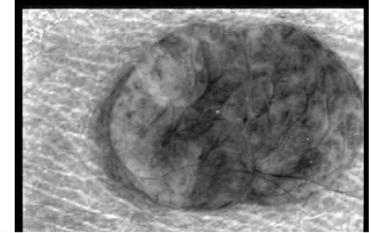
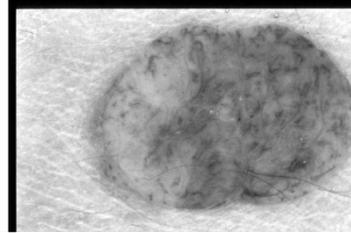
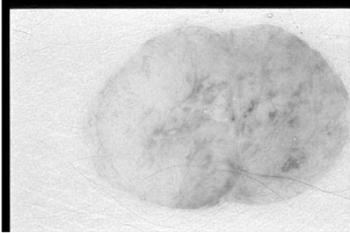
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

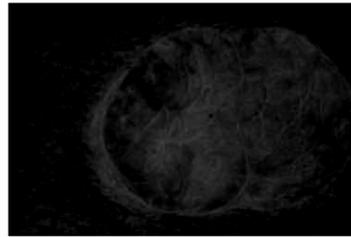
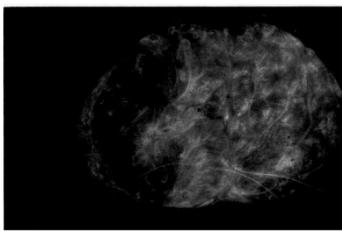
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

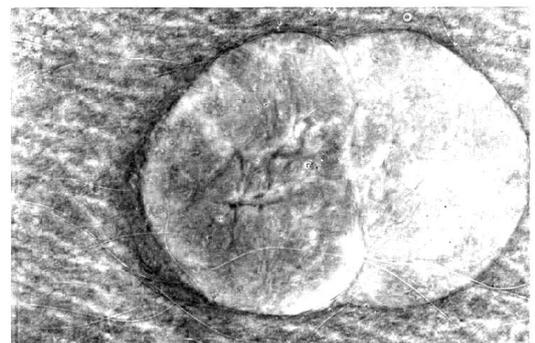
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



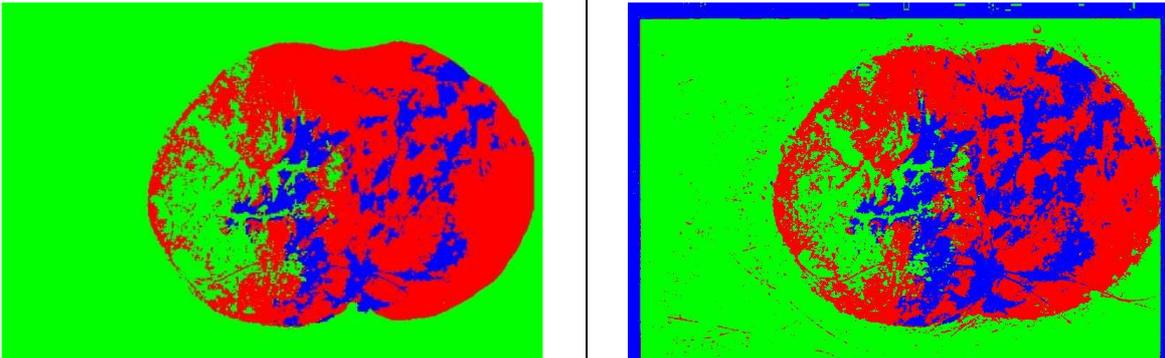
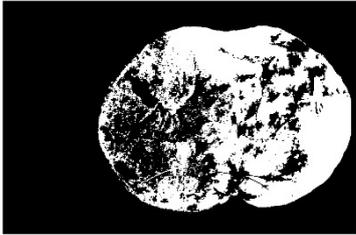
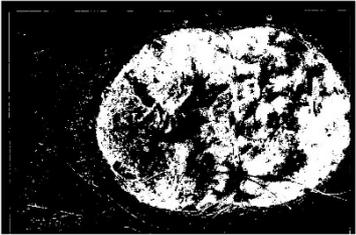
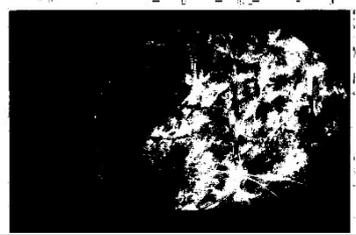
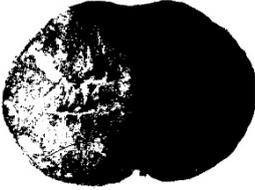
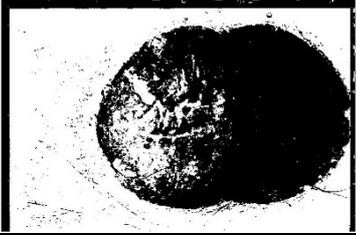
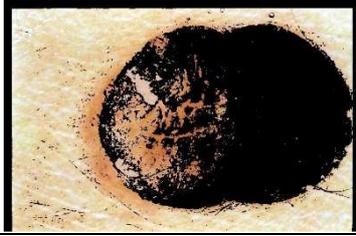
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0000127.jpeg

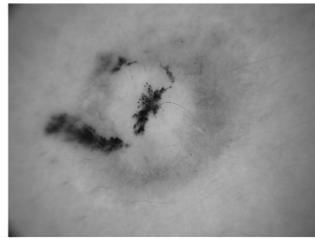
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

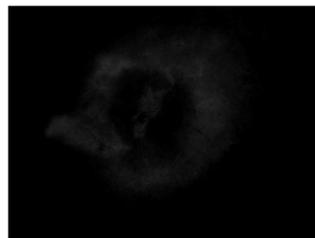
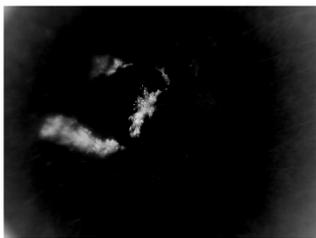
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

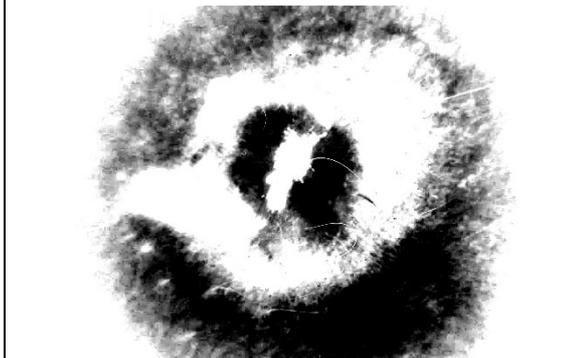
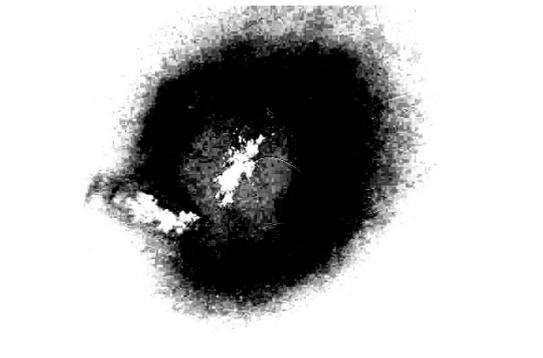
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN

ISIC_0000179.jpeg

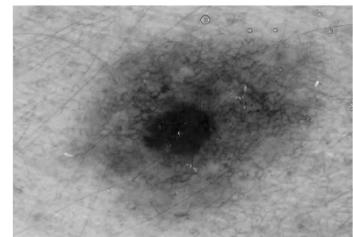
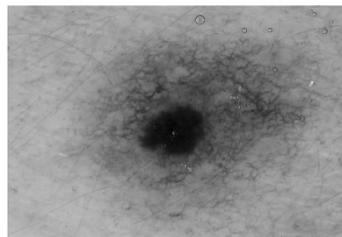
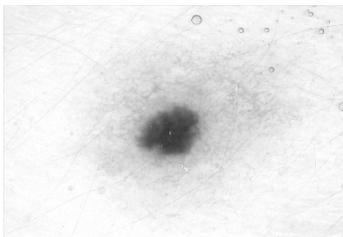
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

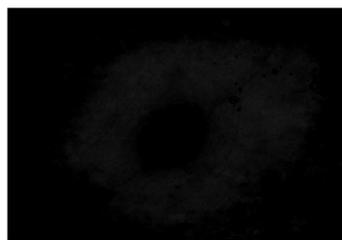
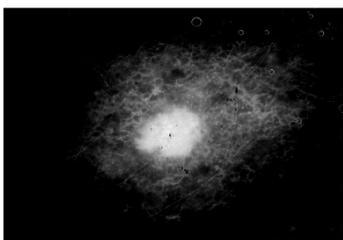
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

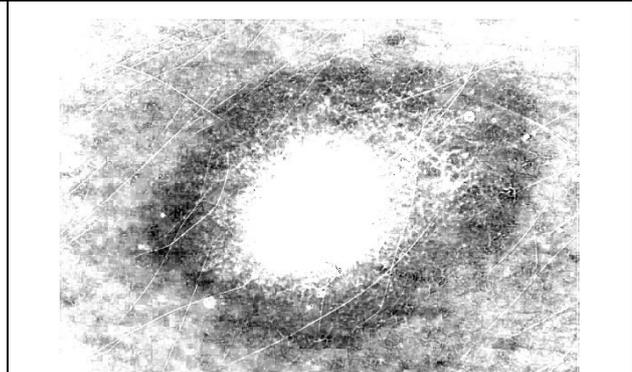
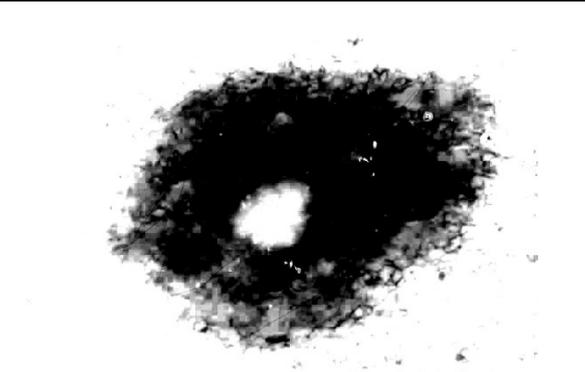
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



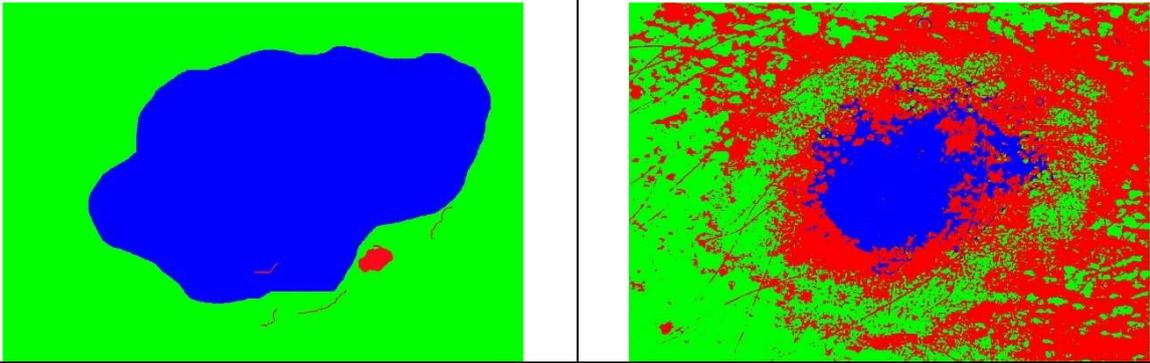
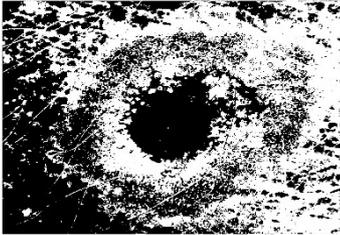
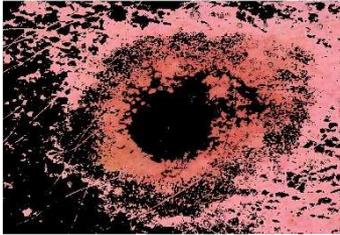
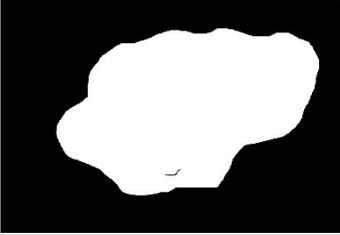
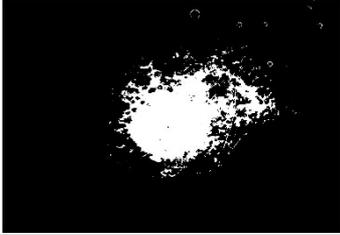
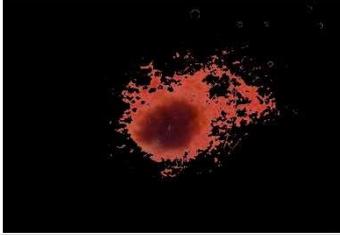
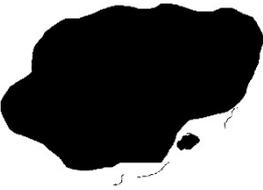
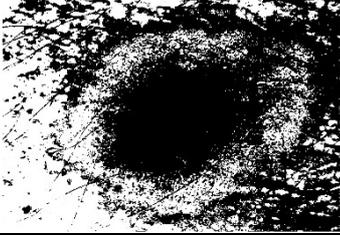
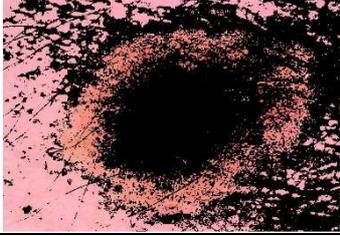
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0000246.jpeg

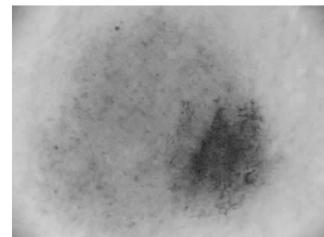
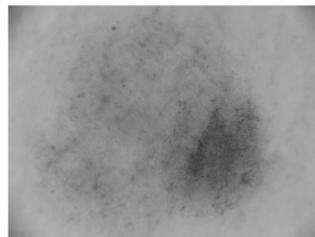
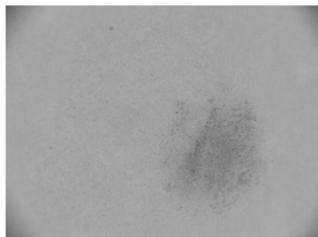
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

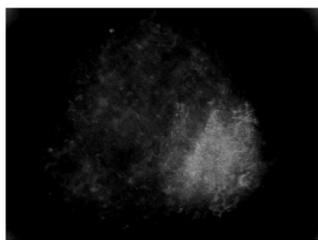
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

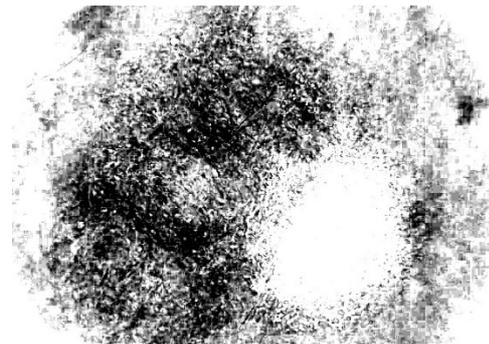
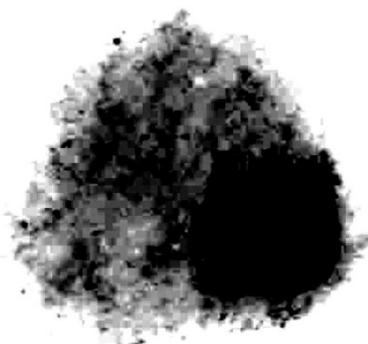
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



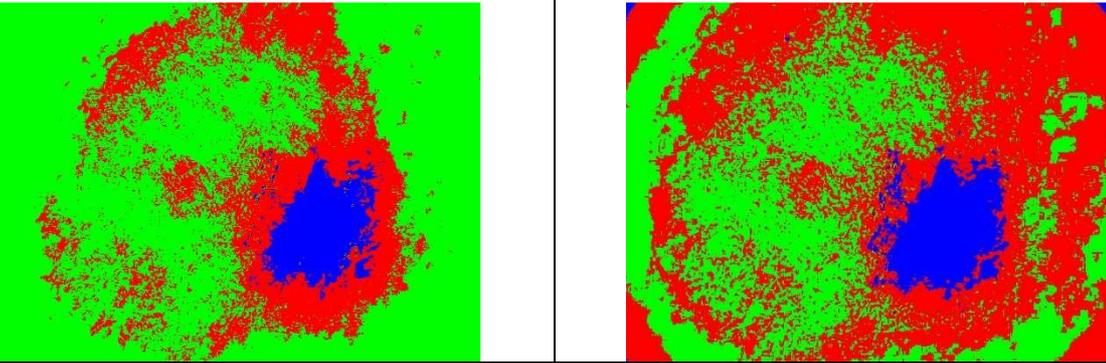
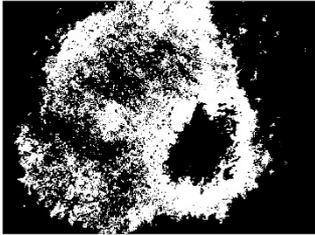
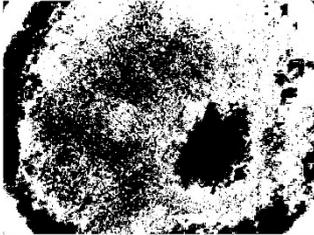
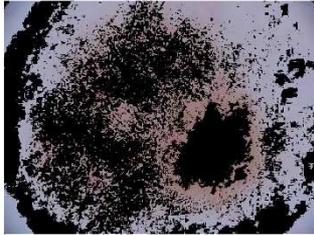
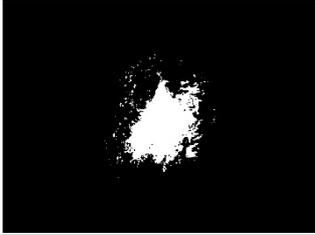
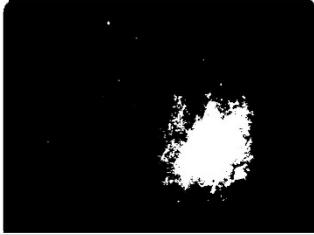
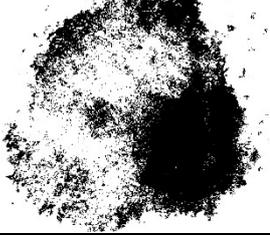
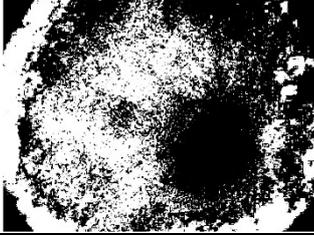
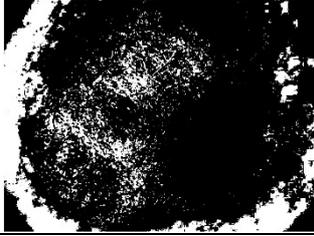
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0000387.jpeg

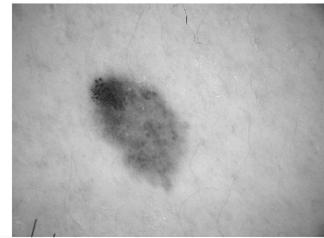
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

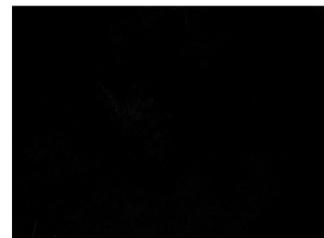
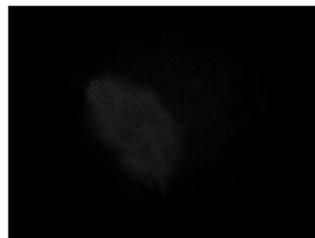
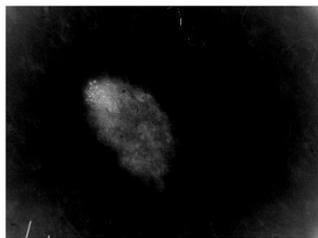
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

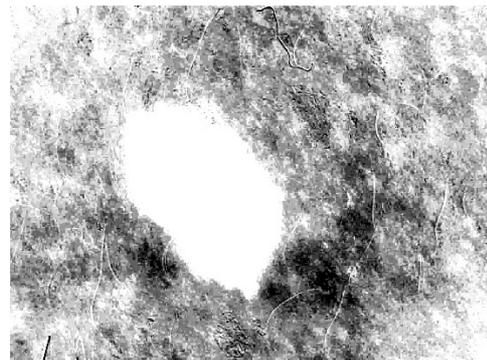
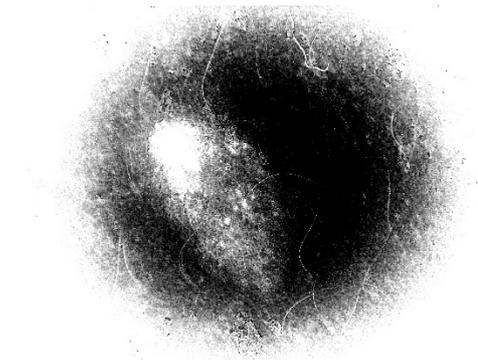
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



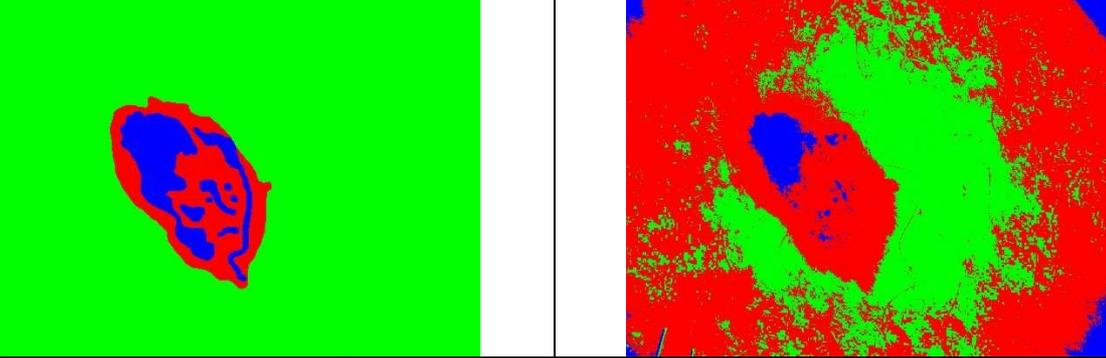
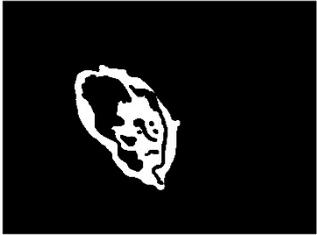
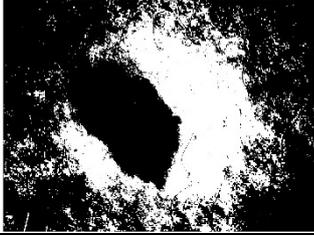
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0009951.jpeg

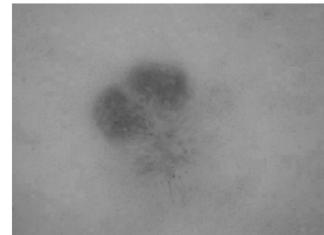
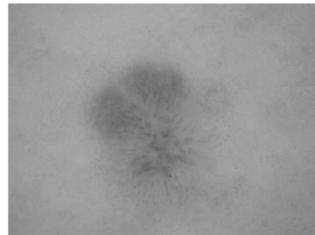
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

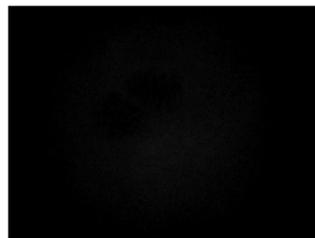
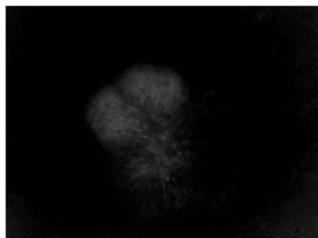
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

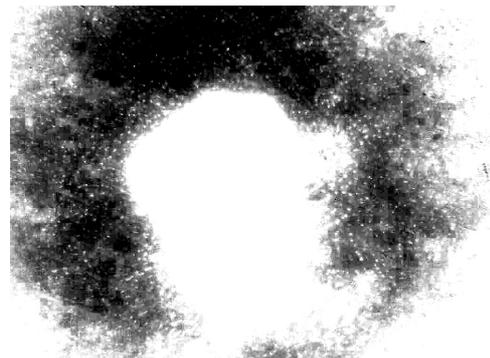
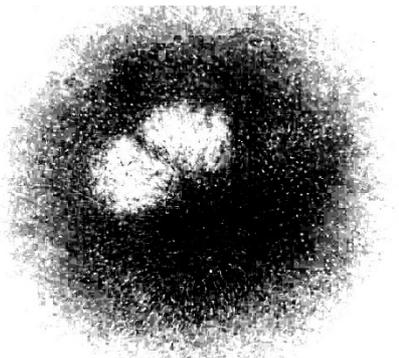
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



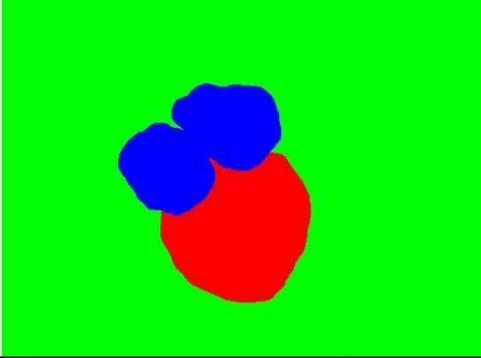
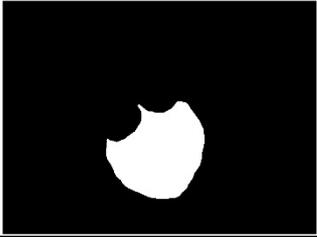
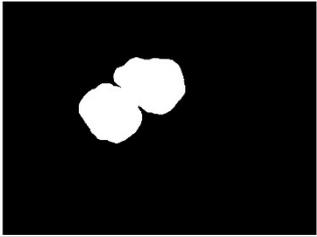
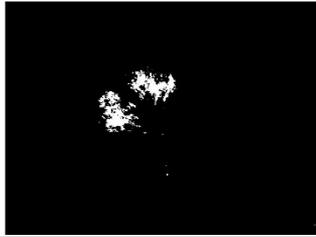
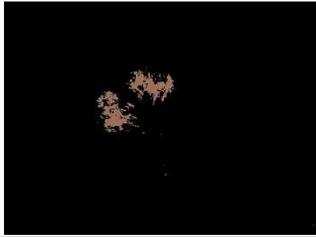
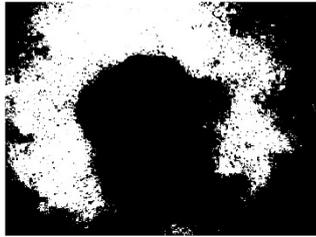
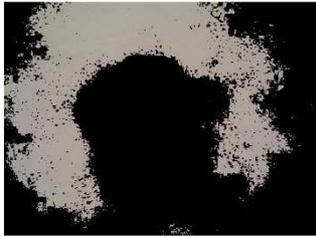
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_001000.jpeg

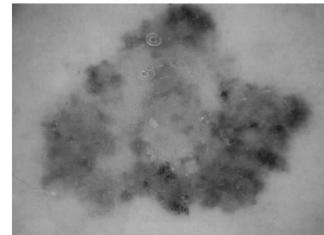
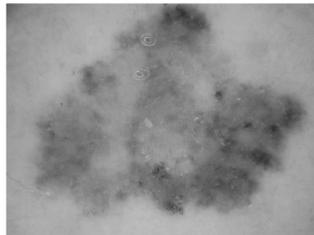
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

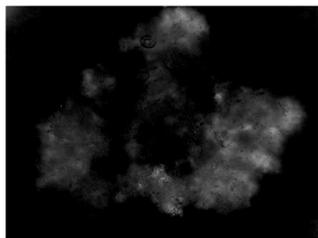
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

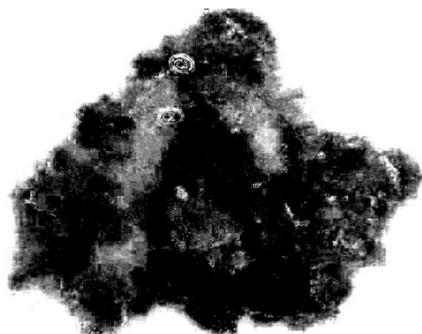
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



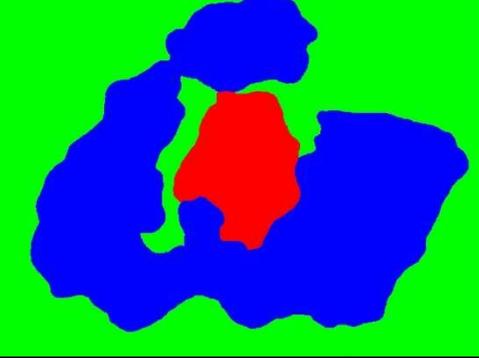
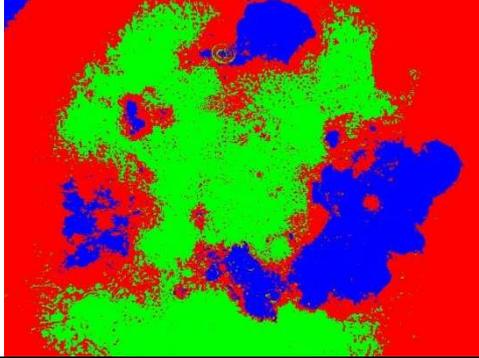
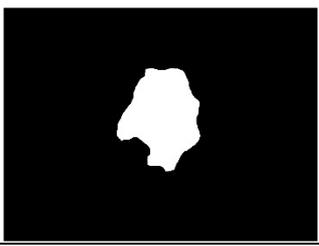
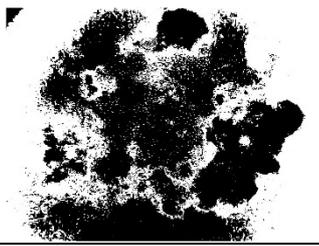
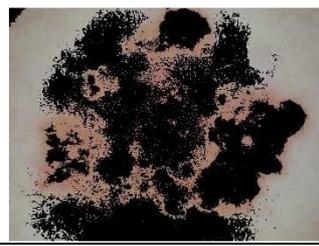
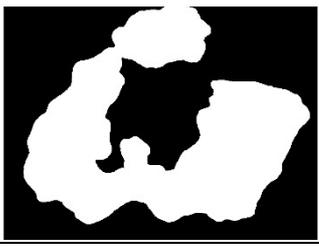
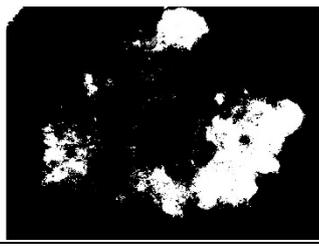
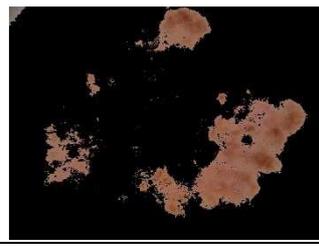
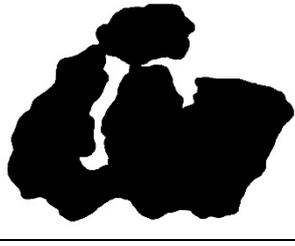
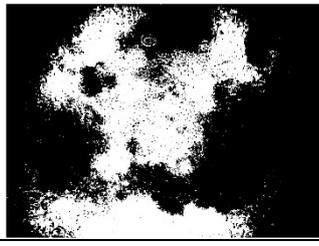
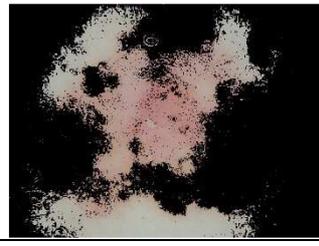
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



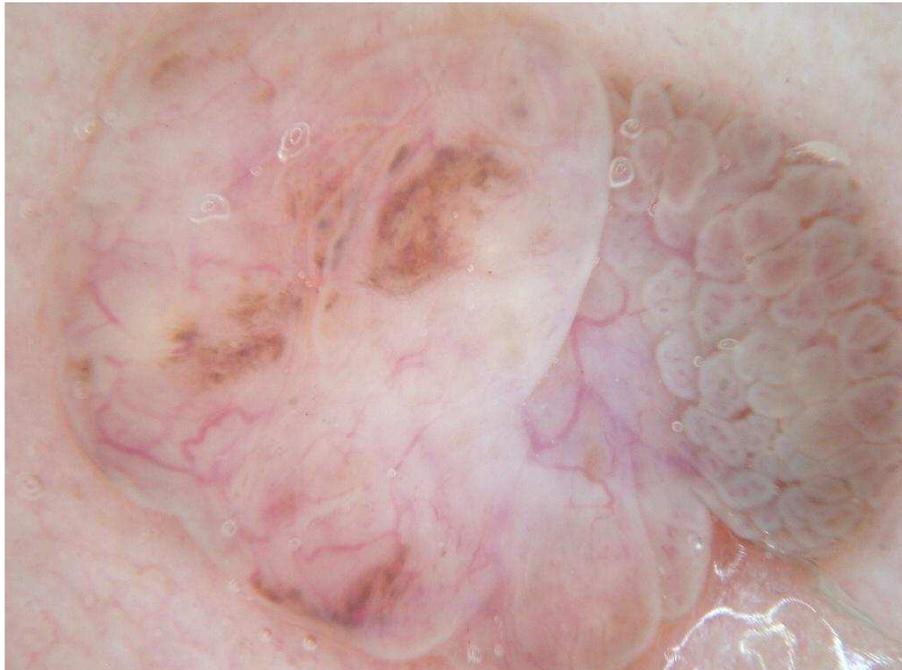
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0010457.jpeg

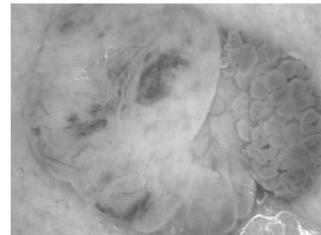
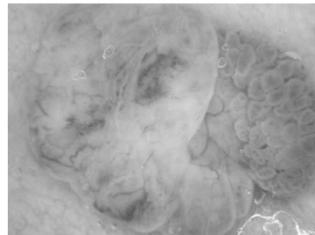
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

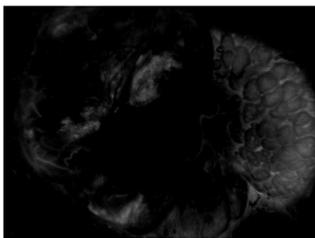
CANAL B



COMPONENTES
PRINCIPALES PC1

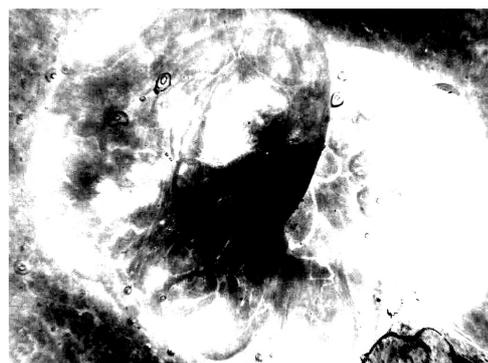
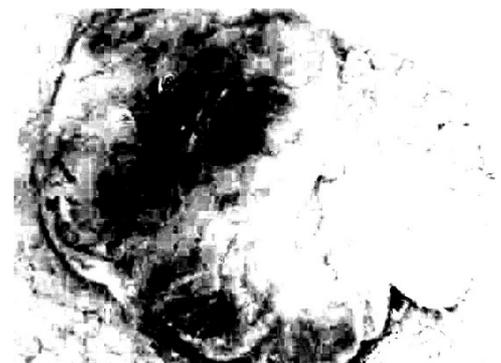
COMPONENTES
PRINCIPALES PC2

COMPONENTES
PRINCIPALES PC3



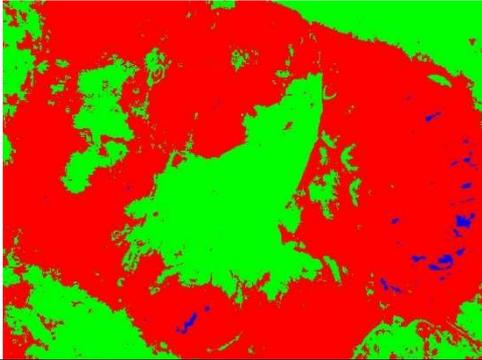
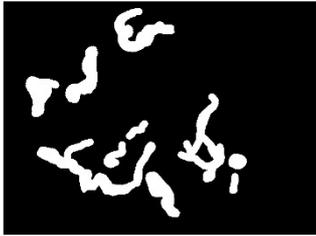
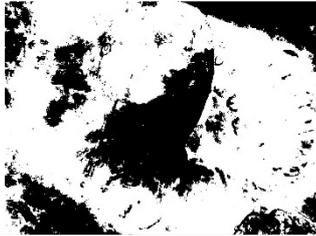
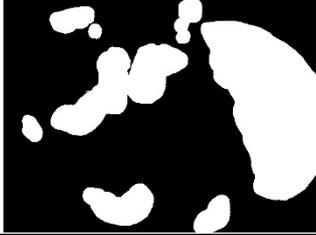
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



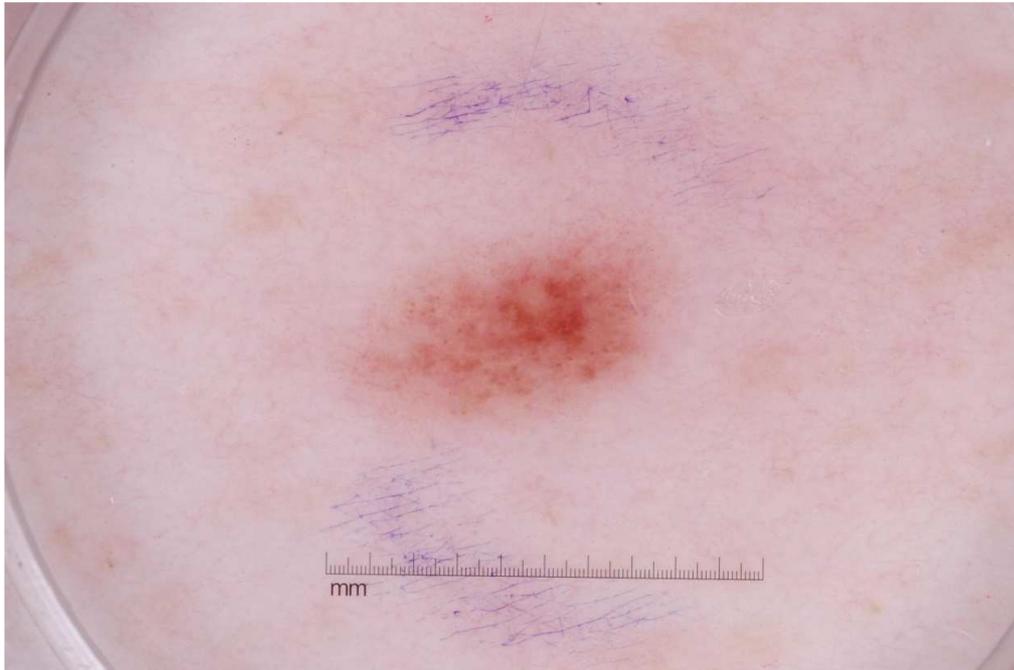
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B,

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

PN=G)		
		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0012672.jpeg

IMAGEN ORIGINAL RGB



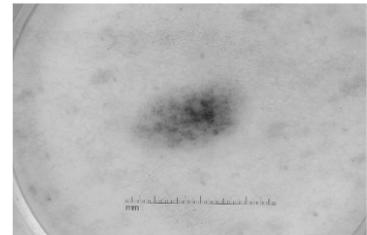
CANAL R



CANAL G



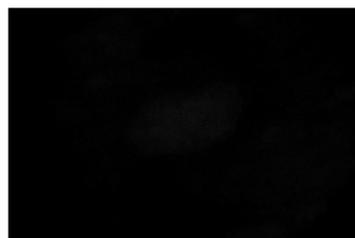
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1



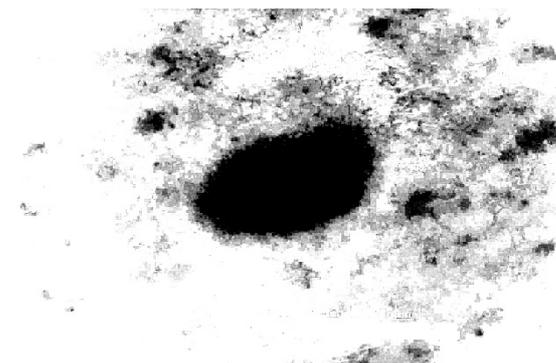
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2



COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

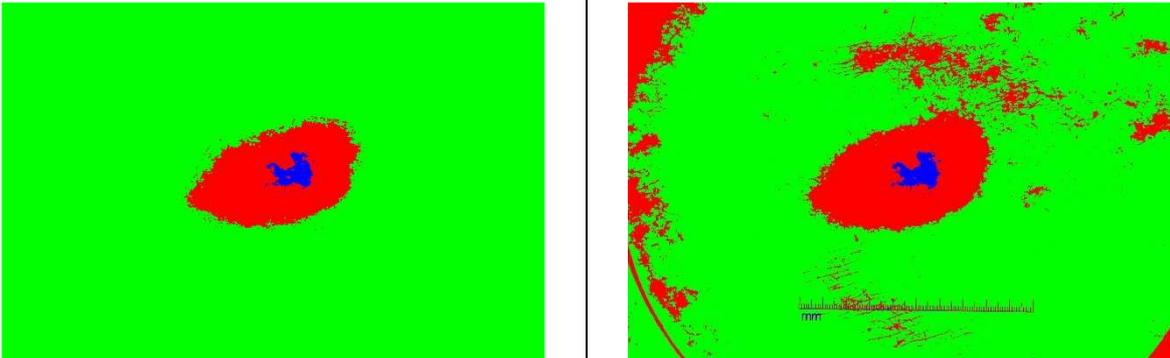
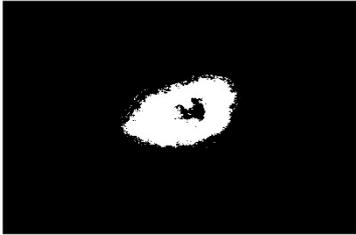
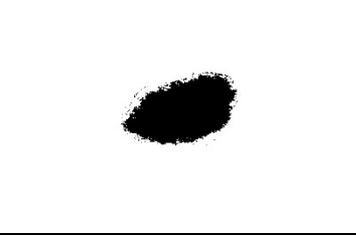
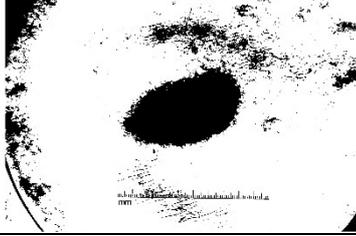


COMPONENTE HEMOGLOBINA



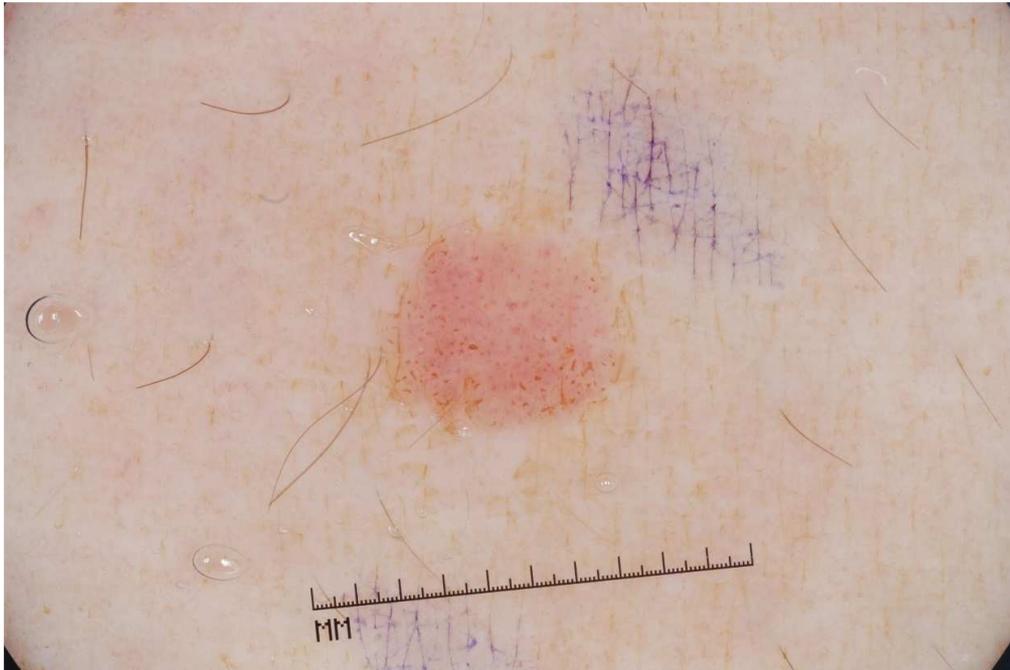
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0012878.jpeg

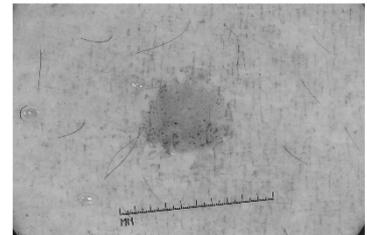
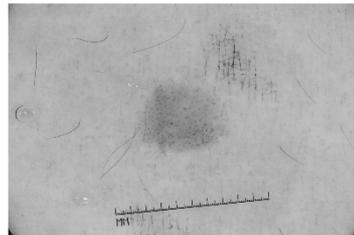
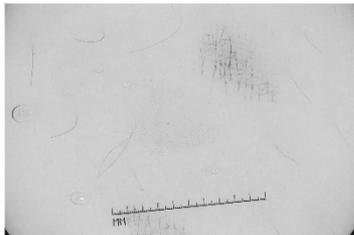
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

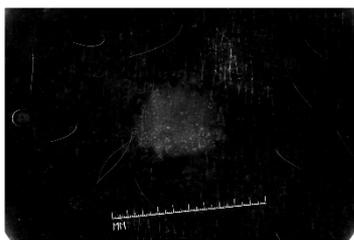
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

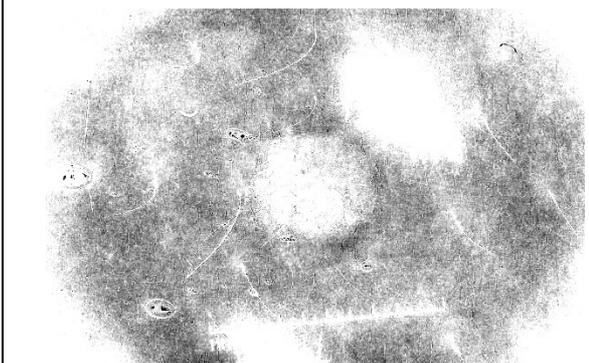
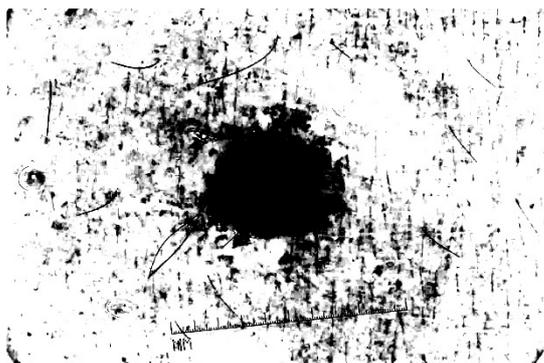
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



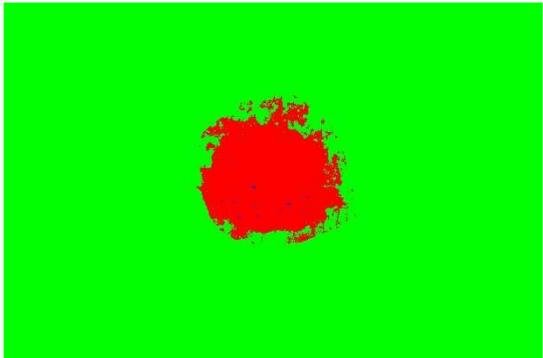
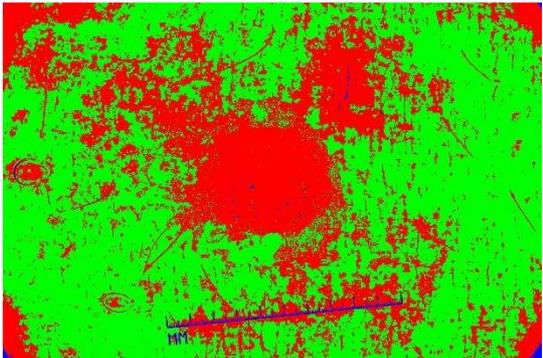
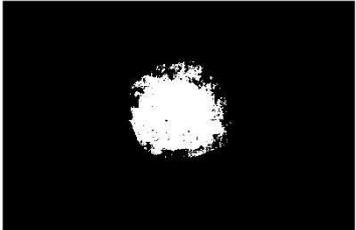
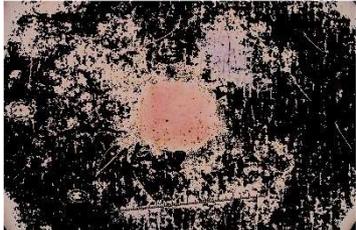
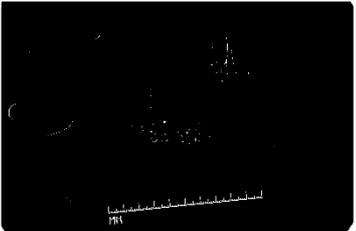
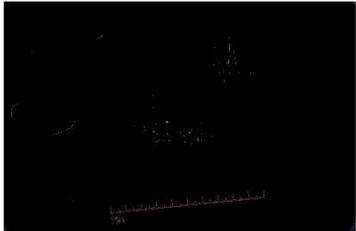
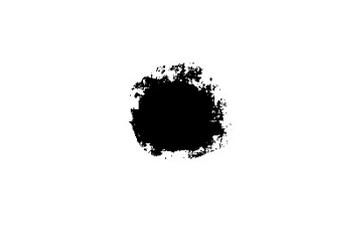
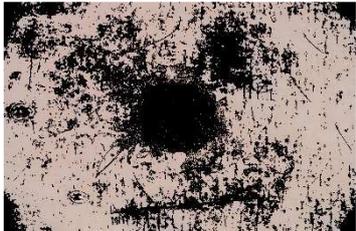
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



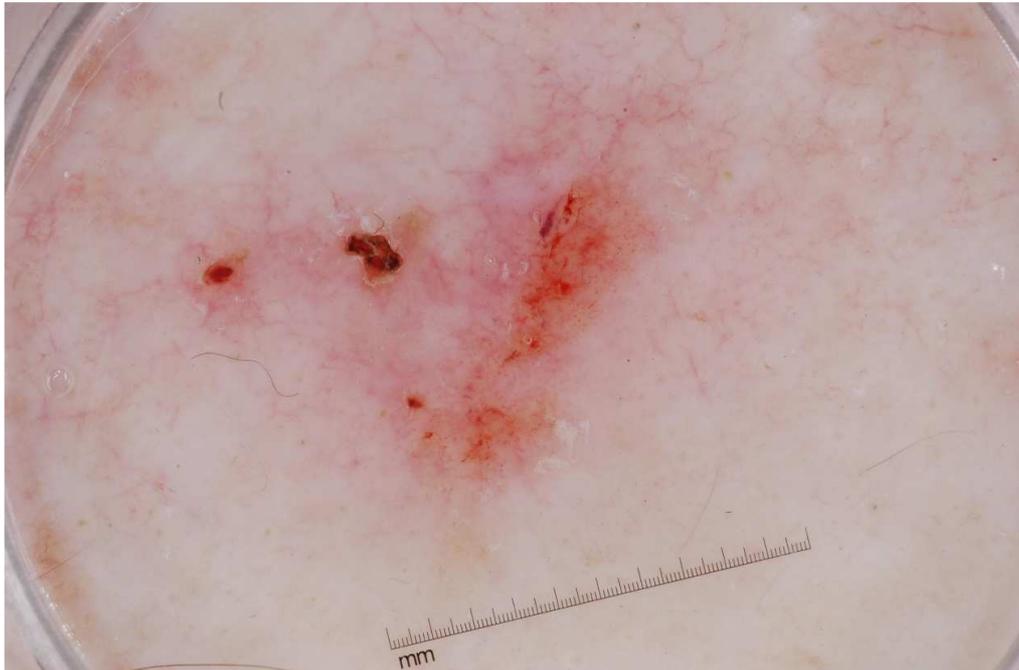
VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0013146.jpeg

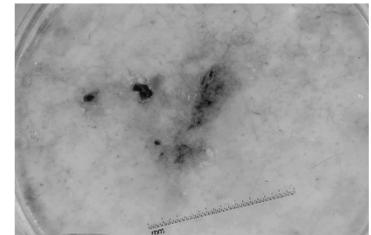
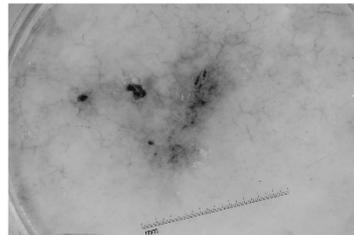
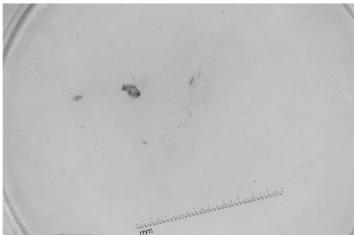
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

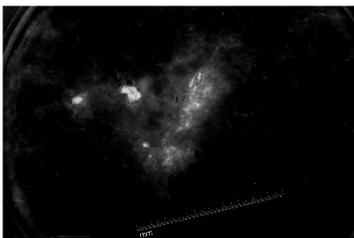
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

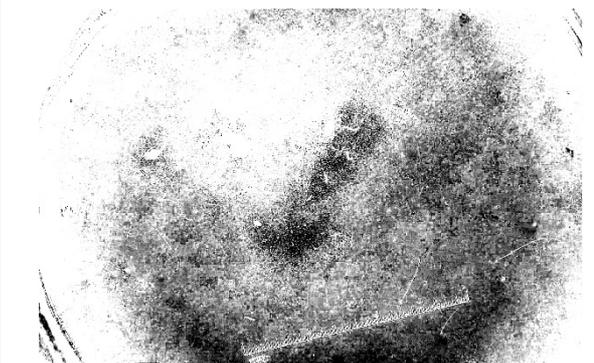
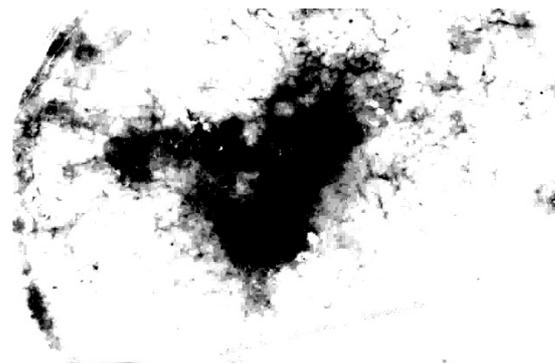
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



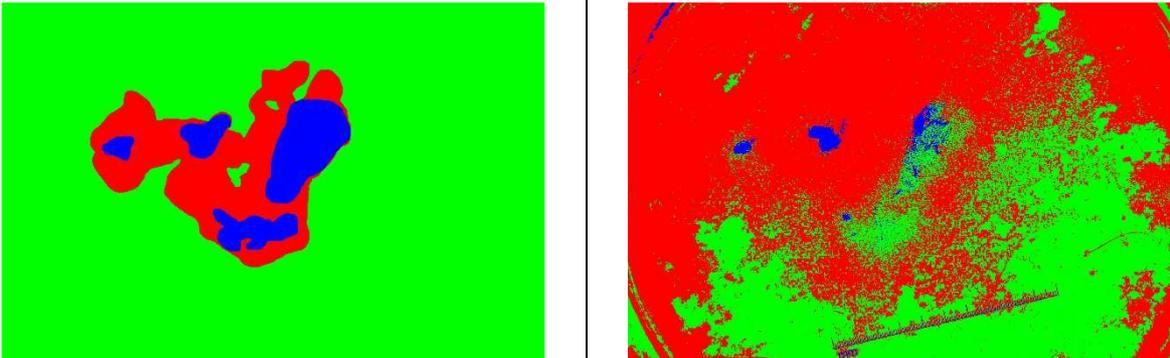
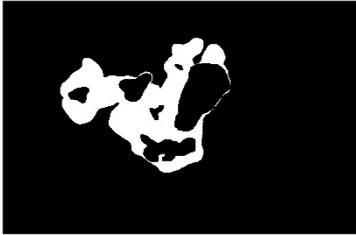
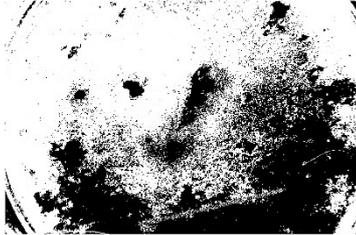
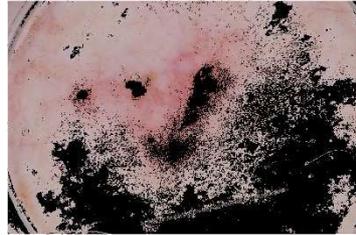
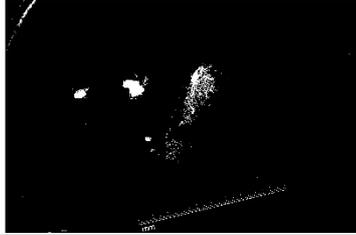
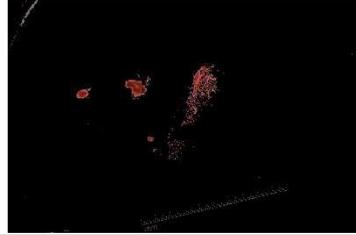
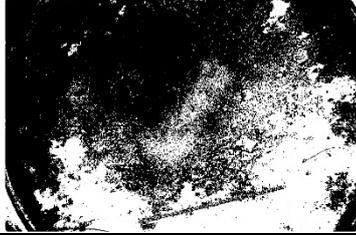
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

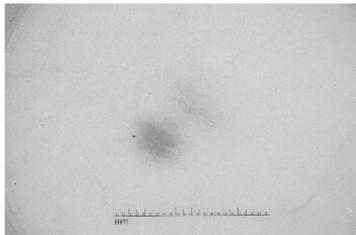
		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

ISIC_0013793.jpeg

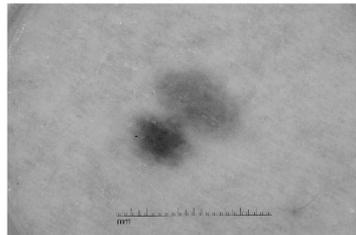
IMAGEN ORIGINAL RGB



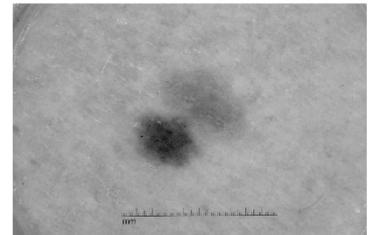
CANAL R



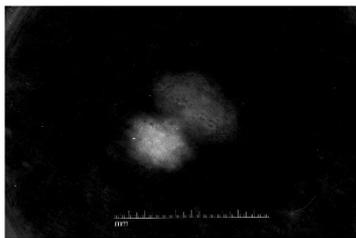
CANAL G



CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1



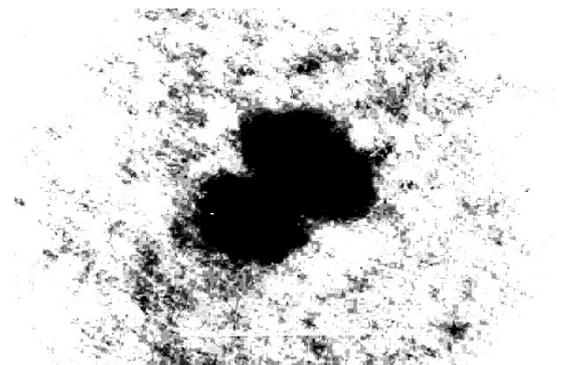
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2



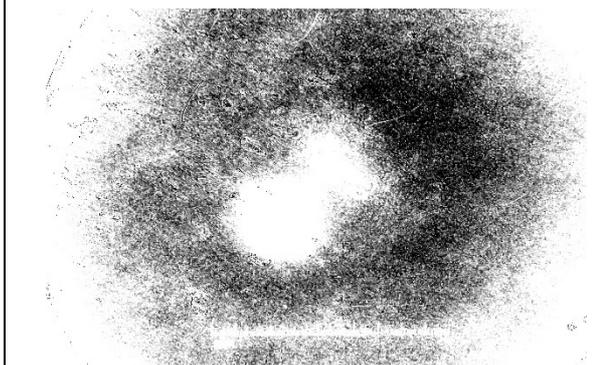
COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

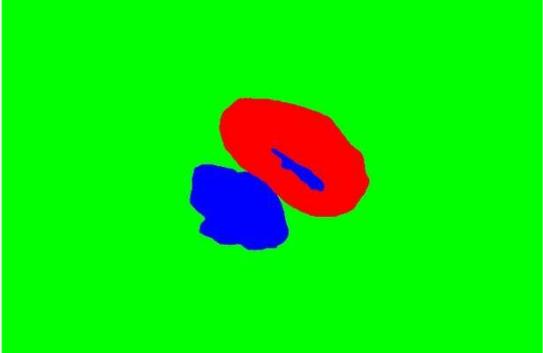
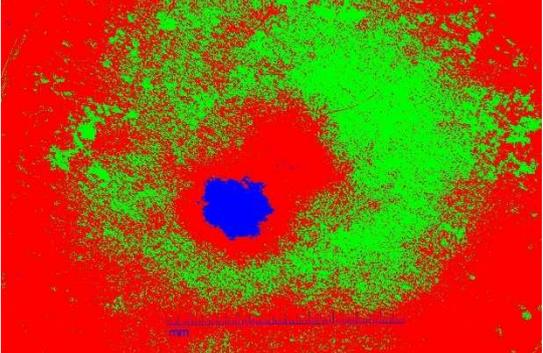
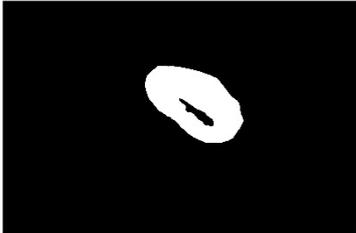
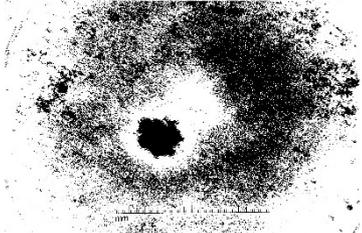
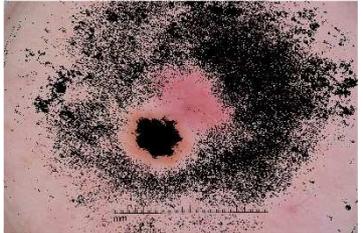
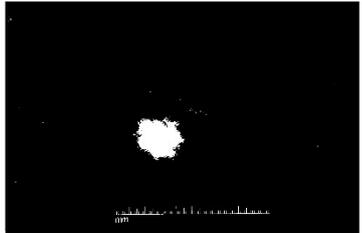
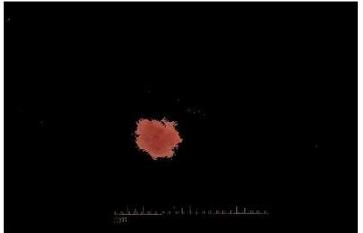
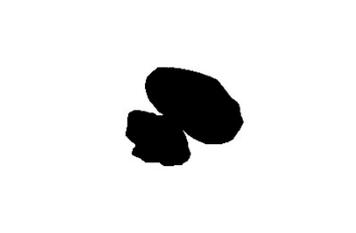
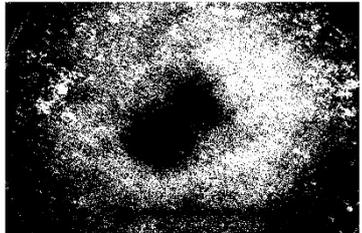
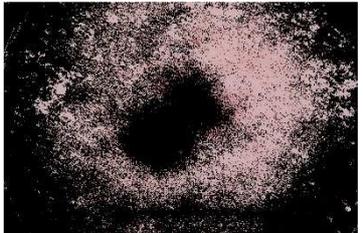


COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Nal004.jpeg

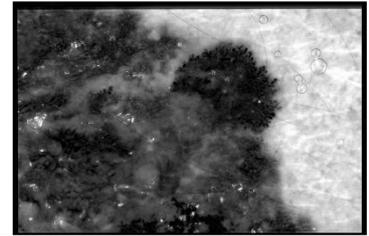
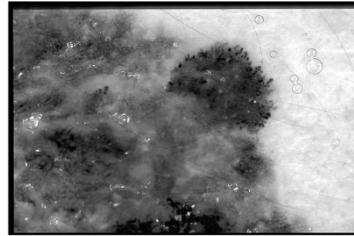
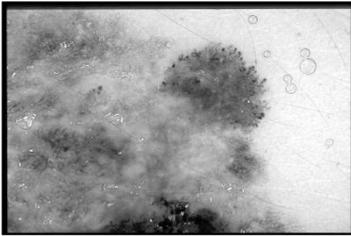
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

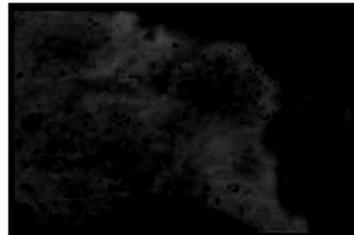
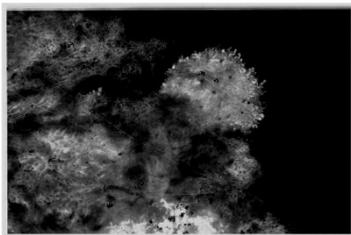
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN

Nal005.jpeg

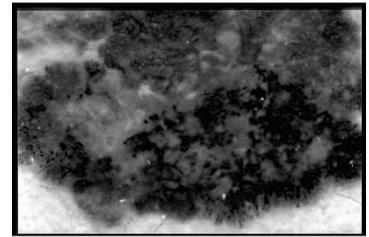
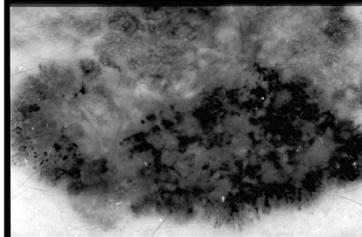
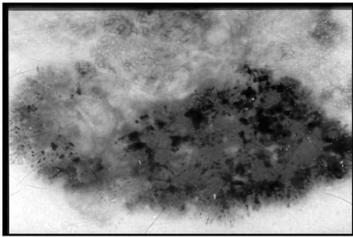
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

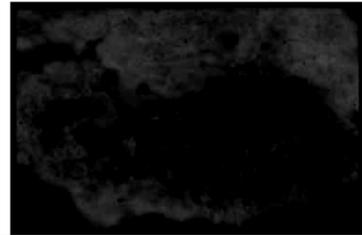
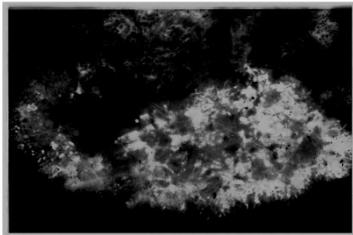
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

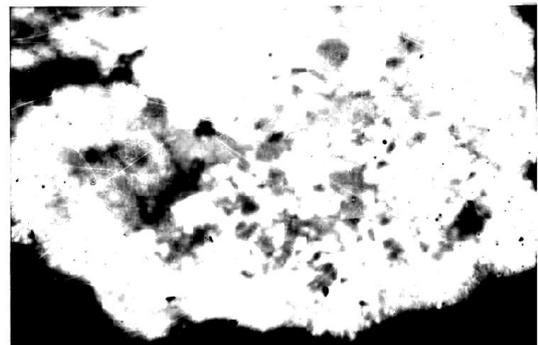
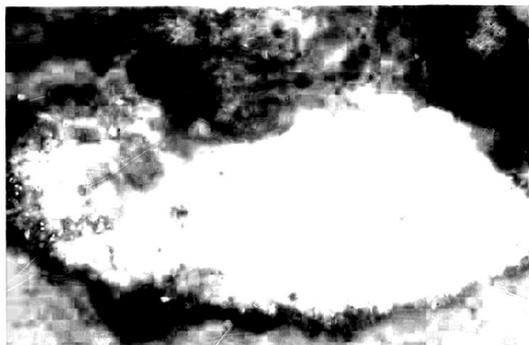
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

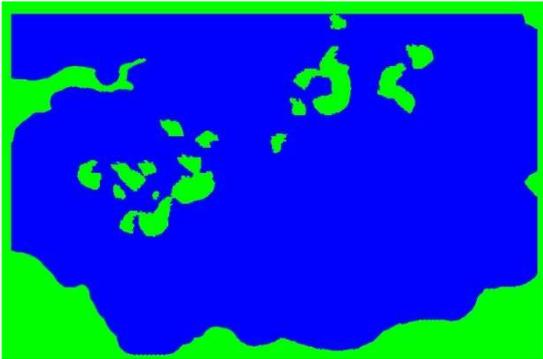
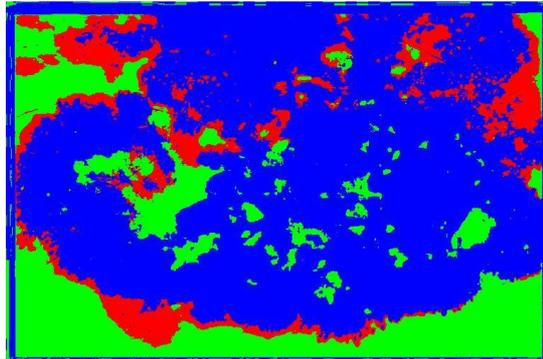
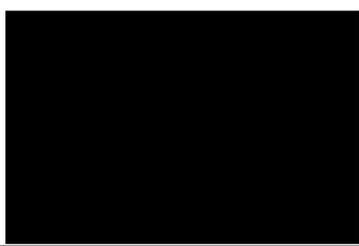
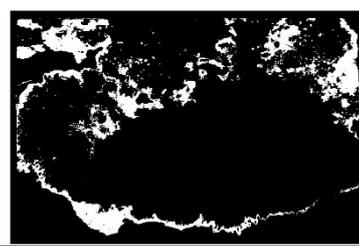
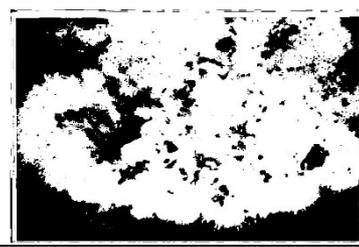
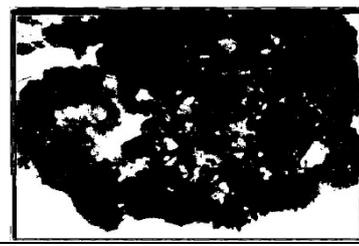
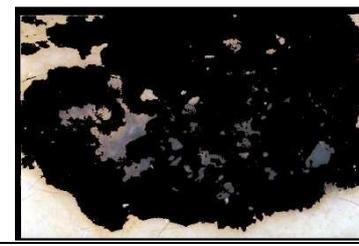
COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



COMPONENTE MELANINA

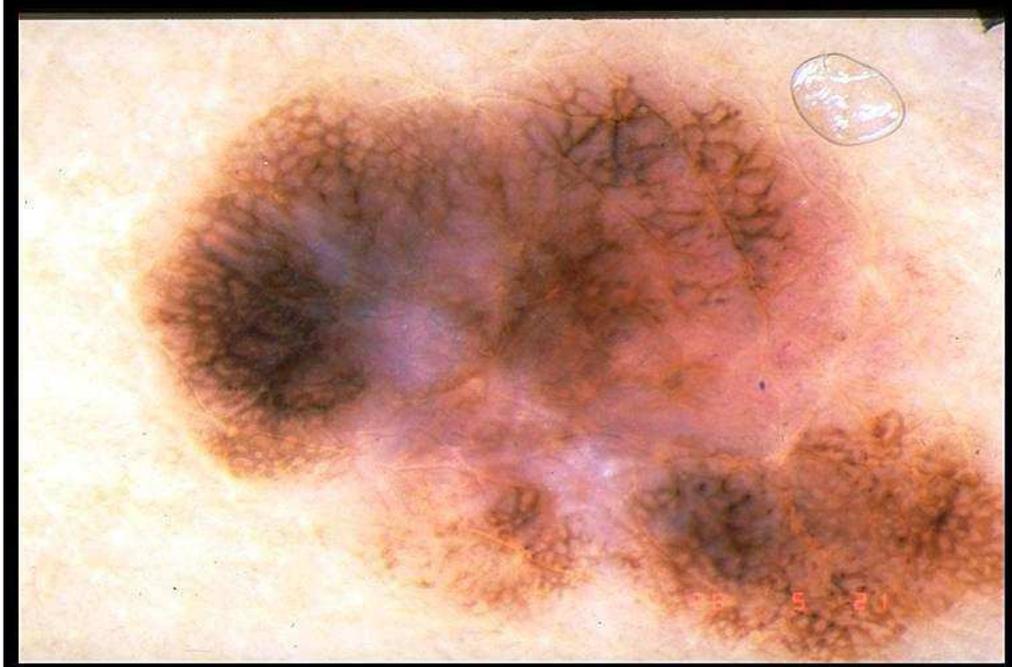
COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)		SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)	
			
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE	
			
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP	
			
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN	
			

Nal049.jpeg

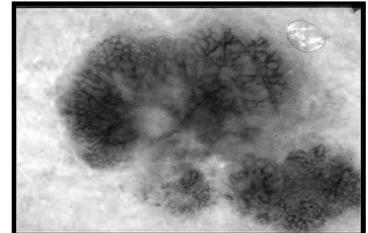
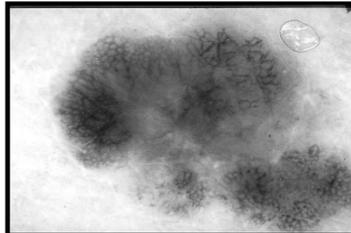
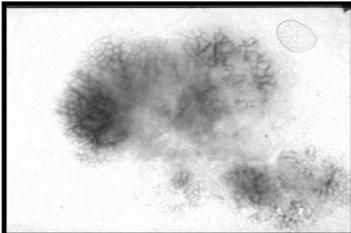
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

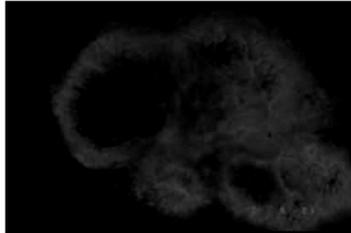
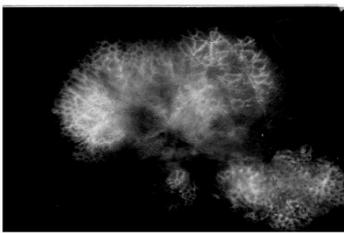
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

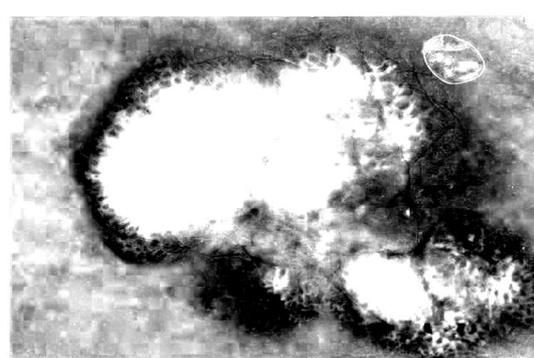
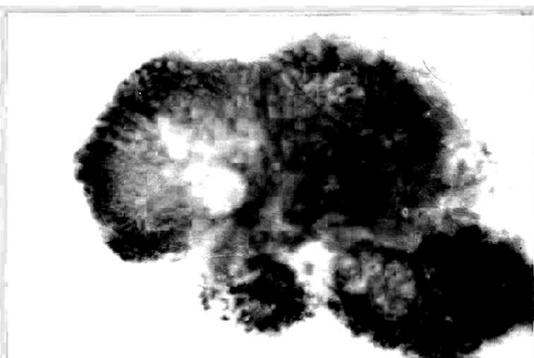
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



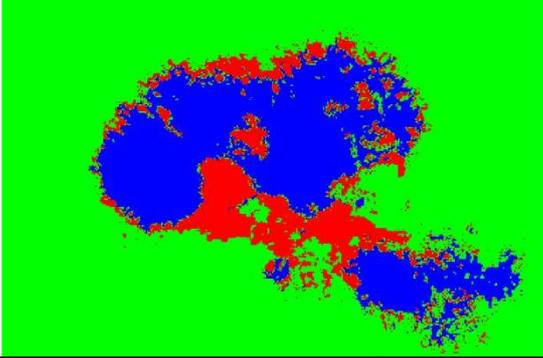
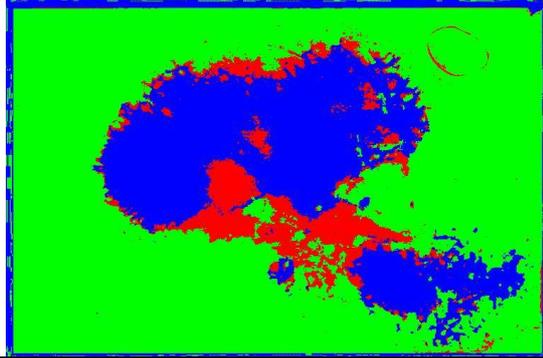
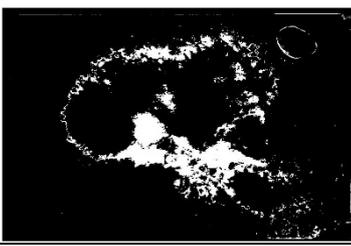
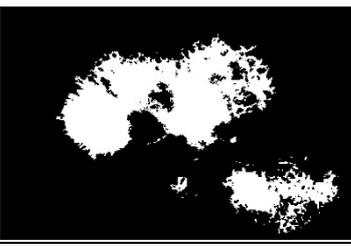
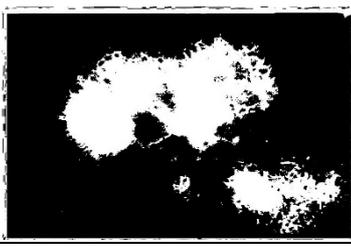
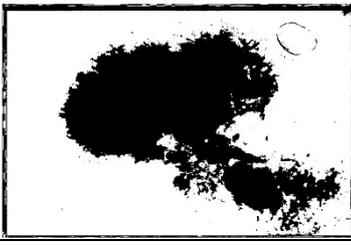
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Nbl004.jpeg

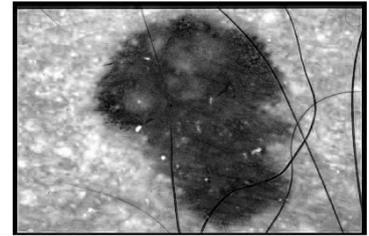
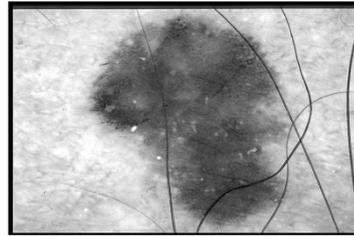
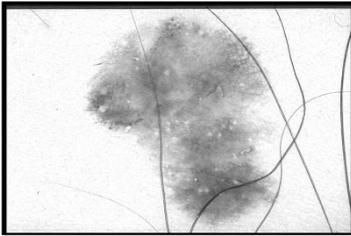
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

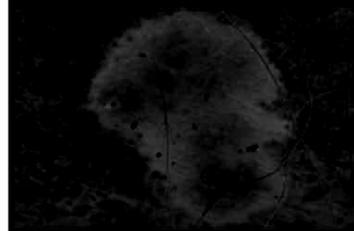
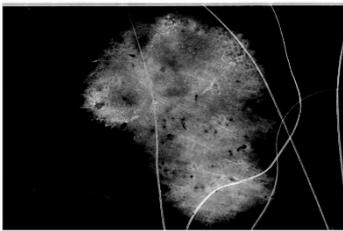
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

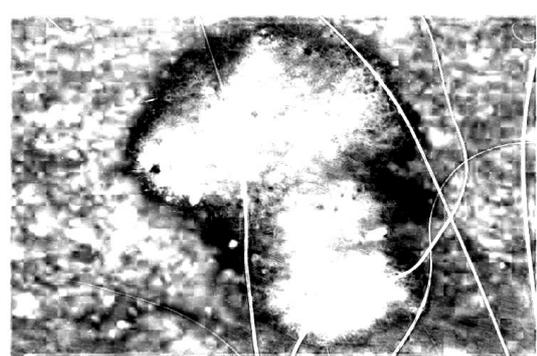
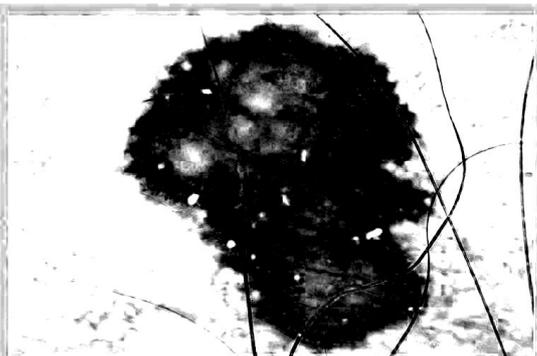
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



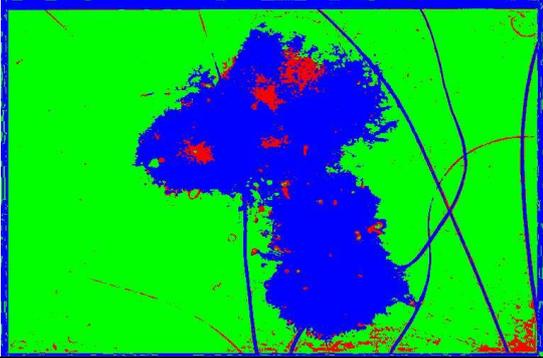
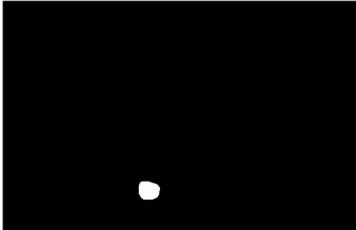
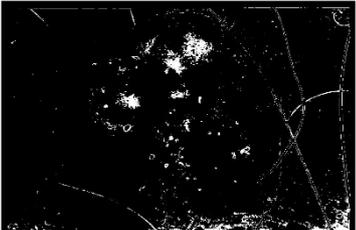
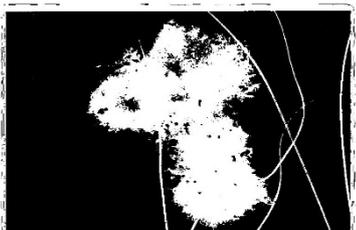
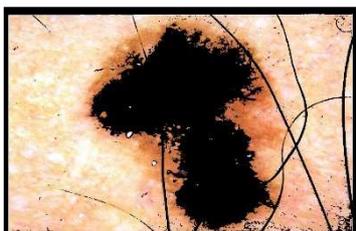
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Nel087.jpeg

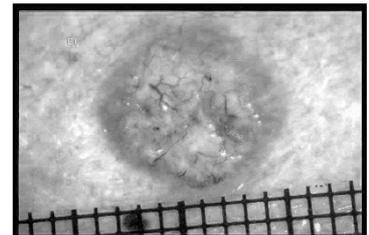
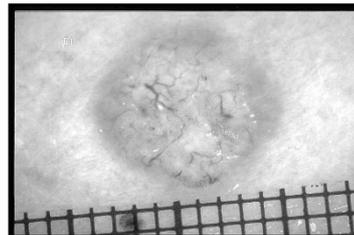
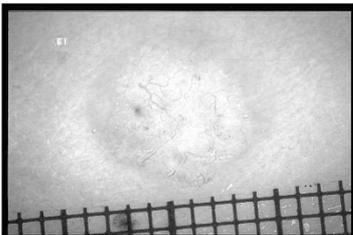
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

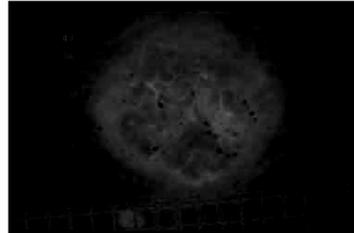
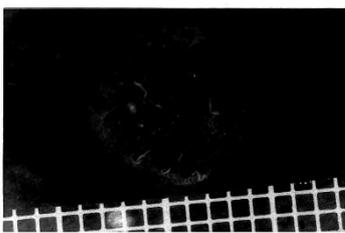
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

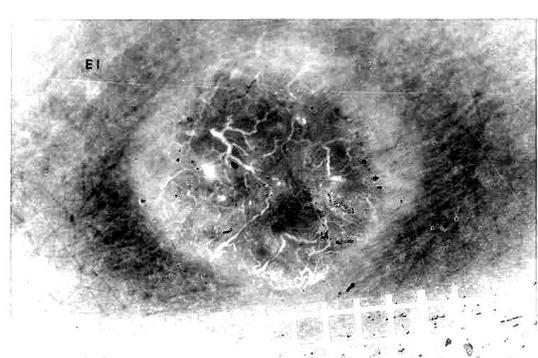
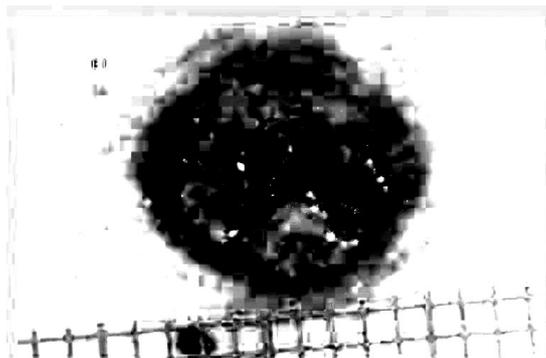
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



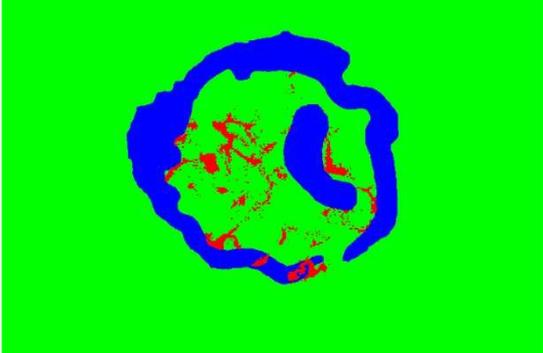
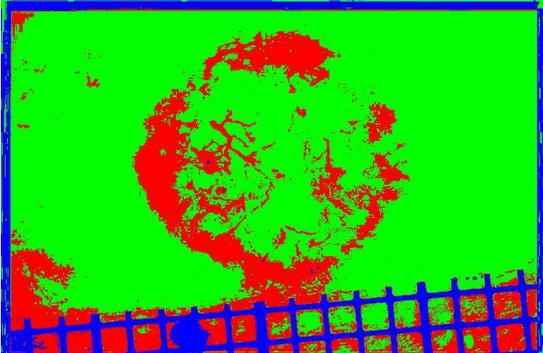
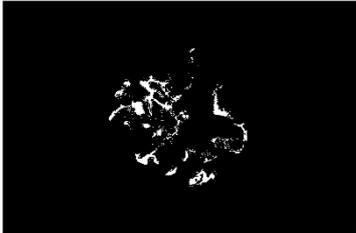
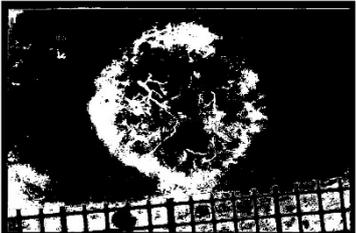
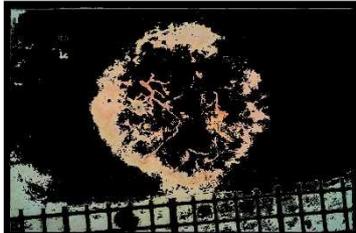
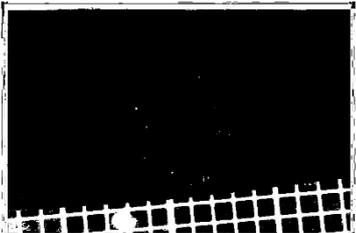
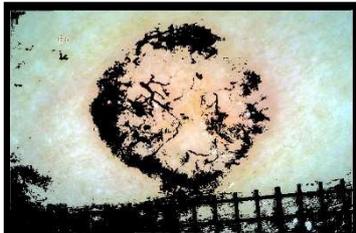
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Nil068.jpeg

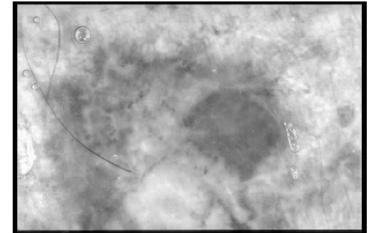
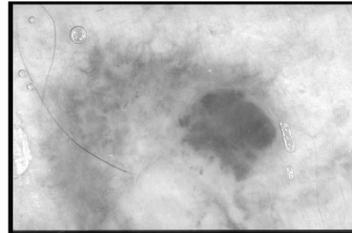
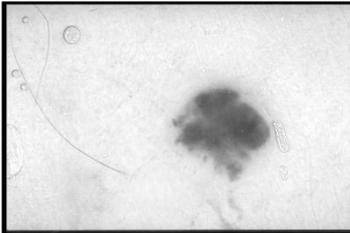
IMAGEN ORIGINAL RGB



CANAL R

CANAL G

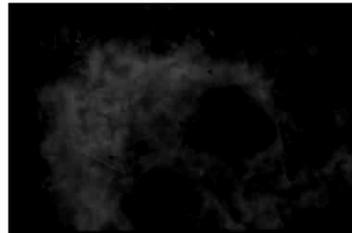
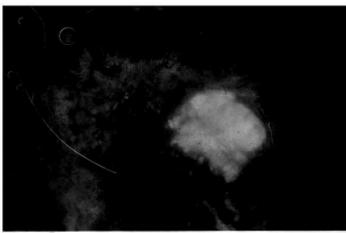
CANAL B



COMPONENTES PRINCIPALES
PC1

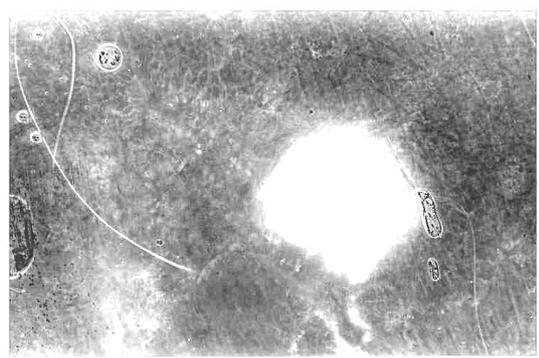
COMPONENTES PRINCIPALES
PC2

COMPONENTES PRINCIPALES
PC3



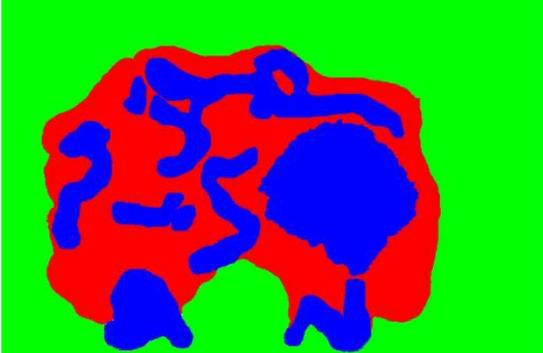
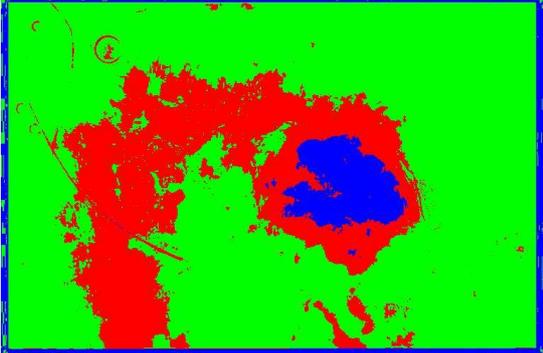
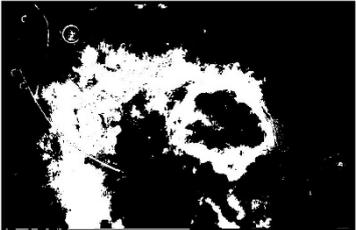
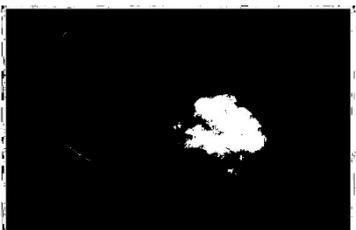
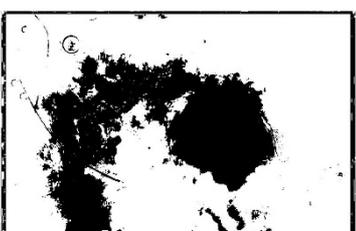
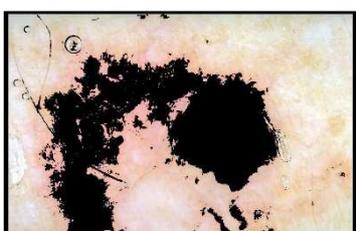
COMPONENTE MELANINA

COMPONENTE HEMOGLOBINA



VERDAD DE REFERENCIA (PE=R, PP=B, PN=G)

SEGMENTACIÓN (PE=R, PP=B, PN=G)

		
VERDAD DE REFERENCIA PE	MÁSCARA PE	SEGMENTACIÓN PE
		
VERDAD DE REFERENCIA PP	MÁSCARA PP	SEGMENTACIÓN PP
		
VERDAD DE REFERENCIA PN	MÁSCARA PN	SEGMENTACIÓN PN
		

Anexo II

A continuación, veremos el código fuente de Matlab para la ejecución del algoritmo. La función kICA que realiza el análisis de componentes independientes pertenece al paquete de Matlab: PCA and ICA Package. [46]

Primero veremos como el código principal, el cual llama a cada una de las funciones que representa cada uno de los pasos del algoritmo. Y después, veremos las distintas funciones.

```
imagenRGB = imread(imagenActual); % Lectura de la Imagen
[M,N,P] = size(imagenRGB); % Dimensión Imagen
```

Reducción de la dimensionalidad de la imagen

```
% Cálculo de las Componentes Principales de la Imagen
imagenPCT = transformadaPCT (imagenRGB, M, N, P);
```

Obtención de las componentes de Melanina y Hemoglobina

```
%Aplicamos Análisis de Componentes Independientes para obtener los canales de
Melanina y Hemoglobina.
imagenHM = obtencionCantidadesHM_ICA(imagenPCT(:, :, 1:2), M, N);
```

Detección del canal de Hemoglobina

```
% Comparamos los dos canales con el canal a* del espacio de color L*a*b* de
la imagen original para detectar el canal de hemoglobina.
[imagenHemoglobina, imagenMelanina] =
deteccionCanalHemoglobina(imagenRGB, imagenHM);
```

Clasificación y Segmentación del Eritema

```
% Segmentación de la imagen en PE=Eritema, PP=Piel Pigmentada, PN=Piel Normal
[MascaraNPE, MascaraPN, MascaraPP, MascaraPE, ...
SegmentacionPN, SegmentacionPP, SegmentacionPE] = ...
extraccionEritema(imagenRGB, imagenHemoglobina, M, N);
```

Función para obtener los componentes principales de la imagen.

```
function imagenHM = transformadaPCT (imagenRBo, M, N, P)

imagenRGB = reshape(imagenRBo, M*N, P);
% Conversion de la imagen a un vector columna de los píxeles
imagenRGB = double(imagenRGB)/255;

%% Media, Covarianza y SVD
% Calculamos la media, la covarianza y descomposicion de la
% matriz columna de la imagen en valores principales

media = mean(imagenRGB);           % Media
covarianza = cov(imagenRGB);      % Matriz de covarianza
[A, diag, A2] = svd(covarianza);
% A = Matriz de autovectores representados como las columnas de una
matriz
% diag = Matriz cuya diagonal son los autovalores en orde
% descendente

%% Transformada PCT
% Aplicamos la transformada PCT

l=length(imagenRGB);
imagenHMtransform=zeros(3,l);
imagenRGBt = imagenRGB';
mediat = media';
At = A';

for i=1:l
    imagenHMtransform(:,i)= A'*(imagenRGBt(:,i)-mediat);
end

imagenHMt=imagenHMtransform';
imagenHM=reshape(imagenHMt,M,N,3);
end
```

Función para obtener las componentes independientes de la imagen, en este caso la melanina y la hemoglobina.

```
function cantidadesHMr = obtencionCantidadesHM_ICA(ImagenesPC, M,N)

ImagenesPCr = reshape(ImagenesPC, M*N, 2); % Conversion de la imagen a
un vector columna de los píxeles

cantidadesHM =kICA(ImagenesPCr',2); % Análisis de componentes
independientes

cantidadesHMr=reshape(cantidadesHM',M,N,2);
cantidadesHMr(:,:,1) = imadjust(cantidadesHMr(:,:,1),[0,1],[1 0]);
cantidadesHMr(:,:,2) = imadjust(cantidadesHMr(:,:,2),[0,1],[1 0]);

end
```

Función para la detección de la componente de Hemoglobina.

```
function [canalHemoglobina , canalMelanina] =
deteccionCanalHemoglobina(imagenRGB,cantidadesHM)

    imagenLAB = rgb2lab(imagenRGB); % Cambio al espacio de color CIE L*a*b*

% Cálculo entre las componentes de melanina y hemoglobina y el canal a* de
CIE L*a*b*
for i=1:2
    correlacionQA(:, :, i) = corr2(cantidadesHM(:, :, i), imagenLAB(:, :, 2));
end

% Detección del canal de Hemoglobina
[Mh, Ih] = max(correlacionQA);
[Mm, Im] = min(correlacionQA);

canalHemoglobina = cantidadesHM(:, :, Ih);
canalMelanina = cantidadesHM(:, :, Im);

end
```

Función para la clasificación y segmentación del Eritema, la Piel Pigmentada y la Piel Normal.

```
function [MascaraNPE, MascaraPN, MascaraPP, MascaraPE, ...
SegmentacionPN, SegmentacionPP, SegmentacionPE] = ...
extraccionEritema(imagenRGB, canalHemoglobina, M, N)

%Ix = Vector de referencia de los clasificadores: piel normal(n), piel
pigmentada(p) y eritema (e).
% Contiene la media y la desviación estandar para dada canal RGB. x=n,p,e.
% Columnal = media,
% columna2 = desviacion estandar, filas R,G,B.
In = [ 0.8625 0.0917;
       0.8433 0.0869;
       0.7951 0.0943];
Ip = [ 0.5250 0.1385;
       0.3244 0.1250
       0.2390 0.0981];

Ie = [ 0.7948 0.1109;
       0.4756 0.1108
       0.5178 0.1109];

% Obtención de la componente de hemoglobina en RGB
HemoglobinaRGB = imagenRGB.*uint8(canalHemoglobina);

% Proceso de clasificación
HemoglobinaRGr = double(reshape(HemoglobinaRGB, M*N, 3))/255;
imagenRGr = reshape(imagenRGB, M*N, 3);
MascaraNPEr = zeros(M*N, 3); % Máscara con las tres áreas
MascaraPNr = zeros(M*N, 1); % Máscara PN = Piel Normal
MascaraPPr = zeros(M*N, 1); % Máscara PP = Piel Pigmentada
MascaraPEr = zeros(M*N, 1); % Máscara PE = Eritema
```

```

for p=1:M*N

    if(HemoglobinaRGr(p,1) == 0 && HemoglobinaRGr(p,2) == 0 &&
HemoglobinaRGr(p,2) == 0)
        clasificadorPx = 0;
    else
        En = sqrt((((HemoglobinaRGr(p,1)-In(1,1))^2)/In(1,2))+
(((HemoglobinaRGr(p,2)-In(2,1))^2)/In(2,2)) +(((HemoglobinaRGr(p,3)-
In(3,1))^2)/In(3,2)));
        Ep = sqrt((((HemoglobinaRGr(p,1)-Ip(1,1))^2)/Ip(1,2))+
(((HemoglobinaRGr(p,2)-Ip(2,1))^2)/Ip(2,2)) +(((HemoglobinaRGr(p,3)-
Ip(3,1))^2)/Ip(3,2)));
        Ee = sqrt((((HemoglobinaRGr(p,1)-Ie(1,1))^2)/Ie(1,2))+
(((HemoglobinaRGr(p,2)-Ie(2,1))^2)/Ie(2,2)) +(((HemoglobinaRGr(p,3)-
Ie(3,1))^2)/Ie(3,2)));

        [valorPx, clasificadorPx] = min([En,Ep,Ee]);
    end

    % 0=Negro, 1=Blanco
    if(clasificadorPx == 1)        % Piel con normal: VERDE

        MascaraPNr(p)=1;

        MascaraNPer(p,1) = 0;
        MascaraNPer(p,2) = 255;
        MascaraNPer(p,3) = 0;

    elseif(clasificadorPx == 2) % Piel con pigmentada: AZUL

        MascaraPPr(p)=1;

        MascaraNPer(p,1) = 0;
        MascaraNPer(p,2) = 0;
        MascaraNPer(p,3) = 255;

    elseif(clasificadorPx == 3) % Piel con eritema: ROJO

        MascaraPER(p)=1;

        MascaraNPer(p,1) = 255;
        MascaraNPer(p,2) = 0;
        MascaraNPer(p,3) = 0;

    else
        MascaraPNr(p)=1;
        MascaraNPer(p,1) = 0;
        MascaraNPer(p,2) = 255;
        MascaraNPer(p,3) = 0;

    end

end

MascaraPN = reshape(MascaraPNr, M,N,1);
MascaraPP = reshape(MascaraPPr, M,N,1);
MascaraPE = reshape(MascaraPER, M,N,1);

MascaraNPE = reshape(MascaraNPer, M,N,3);

```

```
SegmentacionPN = imagenRGB.*uint8(MascaraPN);  
SegmentacionPP = imagenRGB.*uint8(MascaraPP);  
SegmentacionPE = imagenRGB.*uint8(MascaraPE);
```

```
end
```

