

85  
24



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE QUIMICA

" RECONOCEDOR Y CLASIFICADOR DE  
PATRONES APLICADO A IMAGENES  
DIGITALES DE GENETICA "

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE

INGENIERO QUIMICO

P R E S E N T A

CLAUDIA ELIZABETH RODRIGUEZ CARRANZA

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

1989



## **UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso**

### **DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

# INDICE

I.	INTRODUCCION	1
I.1	Antecedentes Generales	1
I.2	Procesamiento Digital de Imágenes	2
I.2.1	Antecedentes	2
I.2.2	Equipo	4
I.3	Reconocimiento de Patrones	7
I.4	Segmentación	11
I.5	Geometría	15
I.5.1	Conectividad y Adyacencia	15
I.5.2	Tamaño	17
I.6	Elección de Parámetros y Clasificación	20
II.	PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA Y PROPOSITO DEL ESTUDIO	23
III.	DESARROLLO	26
III.1	Etapas de Entrada y Salida de Información	26
III.2	Reconocedor de Cuerpos Conexas	32
III.2.1	Antecedentes	32
III.2.2	Algoritmo de Reconocimiento	37
III.3	Clasificador	46
III.3.1	Algoritmo de Clasificación	46
III.3.1.1	Generación de los Parámetros de Clasificación	46
III.3.1.2	Clasificación de los Cuerpos y Despliegue	49
IV.	LECTURA DE UNA IMAGEN REAL Y OTROS EJEMPLOS	50
V.	CONCLUSIONES	57
VI.	REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS	59
VII.	APENDICE	60

## I. INTRODUCCION

### I.1 ANTECEDENTES GENERALES

En la década de los años 40's y 50's surgieron los sistemas computacionales de propósito general, con lo cual el concepto de procesamiento de datos se amplió para cubrir operaciones no sólo sobre datos numéricos sino también sobre información simbólica, pictórica y de otro tipo.

El interés inicial para el desarrollo del procesamiento de información pictórica surgió en diversos campos ante la necesidad de mejorar el mecanismo de alimentación de grandes volúmenes de información. Este problema llevó a desarrollar sistemas ópticos de reconocimiento de caracteres y, en consecuencia, surgieron las áreas de investigación en reconocimiento de patrones y análisis de imágenes digitales.

Estas herramientas fueron aplicadas en diversas áreas, además del reconocimiento óptico de caracteres. Entre ellas se pueden mencionar: (1) la tomografía computarizada, que consiste en el reconocimiento de imágenes en proyecciones de rayos X o ultrasónicas; (2) el conteo diferencial de células rojas; (3) la identificación de huellas dactilares; (4) el análisis de imágenes de metalurgia; (5) el análisis de fotografías aéreas, para la detección de objetivos o cambios en el espacio; (6) el procesamiento de imágenes en percepción remota de recursos terrestres; y (7) la retroalimentación visual y control para robots empleados en la industria [1].

Además, en forma paralela a estas aplicaciones, se fueron desarrollando los conceptos teóricos que generalizan los resultados particulares, y que proveen la base para otras aplicaciones.

En esta introducción, y por su relación directa con el tema de tesis, se describirán los conceptos y fundamentos más significativos del procesamiento digital de imágenes.

## I.2 PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES

### I.2.1 ANTECEDENTES

El procesamiento de imágenes por computadora es el campo del análisis y la modificación de imágenes. Abarca una gran variedad de técnicas y herramientas matemáticas y la mayoría de ellas fueron desarrolladas para resolver tres problemas principales (7):

#### 1) Digitalización y codificación de imágenes.

Para que una imagen pictórica pueda ser procesada por una computadora es necesario digitalizarla; es decir, obtener una imagen discreta a partir de una continua. La imagen discreta obtenida representa una gran cantidad de información, por lo que se debe recurrir a un proceso de compresión de resultados para conservar el espacio de almacenamiento.

#### 2) Realce y restauración de imágenes.

En el proceso de digitalización se puede presentar algún tipo de interferencia externa o del equipo (lentes de la cámara mal enfocados, turbulencia atmosférica, etc) que provoque que las imágenes obtenidas resulten borrosas o poco nítidas. Por tanto, es necesario recurrir a procesos que mejoren las imágenes degradadas.

#### 3) Segmentación y descripción de imágenes.

Se refiere a que en una imagen digital puede realizarse la identificación de diversas secciones de ella. Asimismo, a que es posible medir y analizar propiedades de la imagen completa y/o de cada una de sus secciones y realizar su clasificación. Finalmente, a que se puede dar una descripción de la imagen en términos de sus partes y propiedades (ver secciones I.5 y I.6)

Para una mejor comprensión de las ideas anteriores, es necesario precisar lo que es una imagen; es decir, el objeto de trabajo. Se dice que una imagen es un objeto plano cuya brillantez varía en cada

punto. También se define como una función real de dos variables espaciales,  $f(x,y)$ , con la que se describe la variación de la brillantez de la imagen como función de la posición espacial. El valor de esta función en un punto se denomina el *nivel de gris* o *brillantez* de la imagen en ese punto. Se considera que las funciones que describen una imagen se componen de valores no negativos y acotados, como  $0 \leq f(x,y) \leq M$  para todo  $(x,y)$ . En el caso de imágenes a color se manejan tres planos (uno para el rojo, uno para el verde y otro para el azul) y se cuantifica para cada plano la brillantez recibida en esa banda. La combinación de los tres planos genera los distintos colores<sup>1</sup>.

Para que una imagen como la descrita anteriormente pueda ser procesada por una computadora digital es necesario que sea digitalizada. El proceso de *digitalización* (digitación o digitización) consiste en muestrear el nivel de gris de la imagen sobre un arreglo de  $M \times N$  puntos; es decir, se extrae un conjunto de números reales o muestras. Dichos números representan los promedios de los valores de una pequeña vecindad de puntos alrededor de cada uno de los puntos de un conjunto. El nivel de gris de los puntos puede tomar cualquier valor en un rango continuo, por lo que es necesario cuantizar el nivel de gris antes de realizar el procesamiento digital. La *cuantización* se refiere a que el rango de niveles de gris es dividido en  $K$  intervalos, y se exige que todos los valores que correspondan a un intervalo sean representados por un solo nivel. Para que la reproducción de la imagen a partir de la original sea aceptable, es necesario que el muestreo y la cuantización sean finos; es decir, que los números  $M$ ,  $N$  y  $K$  sean grandes (se requieren de 100 o más niveles de cuantización). Sin embargo, el incremento de dichos

<sup>1</sup> Como las imágenes analizadas en esta tesis son monocromáticas, las explicaciones se reducirán sólo a este caso.

parámetros es inútil si se sobrepasa la capacidad de resolución espacial y de nivel de gris del receptor.

El arreglo rectangular obtenido después de la digitalización constituye una imagen digitalizada o imagen digital, y los elementos que las constituyen se denominan elementos de la imagen o píxeles (*picture elements*). Si cada muestra cuantizada es transformada en palabras binarias y  $K = 2^b$ , entonces cada muestra es representada por una palabra binaria de  $b$  bits. Por tanto, el número total de bits necesarios para representar a la imagen es de  $M = N \times b$ . Por ejemplo, una imagen monocromática representada por una arreglo de  $256 \times 256$  píxeles ( $M = 256$ ,  $N = 256$ ) con 64 tonos de gris por píxel ( $K = 64 = 2^6$ ) implica que cada píxel debe ser de al menos 6 bits.

### I.2.2 EQUIPO

En forma general, un sistema de procesamiento de imágenes debe tener como mínimo el siguiente equipo: un dispositivo para la adquisición de imágenes, un dispositivo para almacenar las imágenes (memoria), una computadora que tenga acceso a la memoria y un dispositivo que pueda desplegar el contenido de la memoria. En este sistema, el *dispositivo de adquisición de imágenes* coloca una imagen en el dispositivo de almacenamiento. La unidad de procesamiento central (CPU) de la computadora tiene acceso al dispositivo de almacenamiento para escribir o leer, y el dispositivo de despliegue tiene acceso a dicha sección para leer. La adquisición involucra generalmente la digitalización de la imagen.

Un digitalizador está constituido por los siguientes elementos básicos [2]:

- Dispositivo de muestreo*: que permite el acceso individual a los elementos de la imagen original.
- Mecanismo de barrido*: que permite el movimiento guiado del

dispositivo de muestreo para localizar secciones específicas en la imagen original.

-Sensor: que mide la brillantez de la imagen en cada sección a través del dispositivo de muestreo. En este caso hay una transformación de energía luminosa a energía eléctrica.

-Cuantizador: que convierte la señal de salida continua del sensor a un valor entero. Se produce un número proporcional al voltaje o corriente de entrada.

-Medio de salida: en el cual los valores de nivel de gris producidos por el cuantizador son almacenados en un formato apropiado para el proceso posterior.

Otra sección del sistema es el *dispositivo de despliegue*, que convierte nuevamente los pixels procesados en intensidades espacialmente organizadas. Este elemento consiste en un convertidor digital/analógico (D/A) que termina en un monitor monocromático o de color, una impresora u otros dispositivos.

Para desplegar una imagen a color se debe emplear un monitor de color. Estos monitores cuentan con un dispositivo de hardware llamado tablas lectoras de color (*look-up tables*, LUT) que determinan el color del pixel que se desea desplegar en función del valor del pixel. En forma más específica, la LUT consiste en una memoria que cuenta con un espacio de almacenamiento para cada posible valor de los pixels. El valor de un pixel de entrada se emplea como dirección para acceder esa memoria, y la salida es el valor en esa localidad de memoria. El número total de colores que puede desplegar un monitor depende del número de bits disponible para representar los valores de la memoria, y el número de colores que puede desplegar simultáneamente depende del tamaño de la memoria. En cada palabra de esa memoria se pueden identificar tres segmentos iguales de bits; cada segmento se emplea

para representar un valor para los canales rojo, verde y azul (en ese orden) del monitor. Así, el valor de la localidad en memoria es el número que representan los tres segmentos de bits (figura 1.2.1). Por ejemplo, se dispone de una memoria con 16 localidades y cada palabra de esa memoria es de seis bits. Ello indica que se tienen dos bits para cada color primario y, por tanto, los posibles valores para cada uno son 0,1,2 o 3. El número total de colores que se pueden desplegar es de 64 ( $2^6$ ), pero únicamente 16 colores a la vez. El valor 64 corresponde a todos los bits de la palabra prendidos o, en forma análoga, a cada color primario con un valor de tres.

TABLA LECTORA DE COLOR

	R	G	B
0	0	0	0
1	1	1	1
2	2	2	2
3	3	3	3
4	1	2	1
5	3	2	1
6	1	1	3
7	2	1	3

REPRESENTACIÓN DECIMAL

	R	G	B
0	00	00	00
1	01	01	01
2	10	10	10
3	11	11	11
4	01	10	01
5	11	10	01
6	01	01	11
7	10	01	11

REPRESENTACIÓN BINARIA

Figura 1.2.1

Hay monitores en los que la LUT es fija y otros en los que es modificable. Cuando la LUT es fija, los valores en cada localidad de la memoria se generaron con una función arbitraria de una o más variables, con un dominio y rango limitados por los posibles valores de los píxeles. En los monitores con LUT modificable, el usuario puede especificar el valor en la memoria para una dirección deseada.

Para cada imagen de entrada y haciendo un uso adecuado de todas las posibilidades de color disponibles, es posible lograr combinaciones de colores de utilidad en procesos posteriores.

### I.3 RECONOCIMIENTO DE PATRONES

Una imagen digitalizada puede ser analizada para determinar su contenido. Una forma de realizar esto es mediante el reconocimiento de patrones aplicado a imágenes digitales, implementado con técnicas de procesamiento digital de imágenes. Esto implica localizar los objetos en una imagen y realizar su identificación o clasificación, empleando técnicas de decisión estadística teórica.

En la referencia [4] se define el reconocimiento de patrones como la categorización en clases identificables de la información que se alimenta, a través de la extracción de características significativas o atributos de la información.

La palabra *patrón* se refiere a la descripción cuantitativa o estructural de un objeto o alguna otra entidad de interés; una *clase de patrones* es un conjunto de patrones que comparten propiedades comunes.

El *reconocimiento* se considera como un atributo básico de los seres humanos y otros organismos vivos. De acuerdo a la naturaleza de los patrones a ser reconocidos, es posible dividir el acto de reconocimiento en dos grandes tipos: el reconocimiento de objetos concretos y el reconocimiento de objetos abstractos. El reconocimiento sensorial (visual y aurál) se emplea al reconocer pinturas, música, caracteres, etc. El reconocimiento de objetos abstractos se emplea al reconocer un argumento viejo o una solución a un problema sin requerir de estímulos externos; es decir, al reconocer un concepto. Las explicaciones siguientes se referirán únicamente al reconocimiento de objetos concretos.

El estudio de problemas de reconocimiento de patrones se reduce a dos categorías:

(1) El estudio de las capacidades de reconocimiento de patrones del

ser humano y otros organismos.

(2) El desarrollo de la teoría subyacente y de la tecnología práctica para la implantación en máquinas de una tarea de reconocimiento dada.

En este trabajo se hace referencia a conocimientos relacionados con la segunda categoría.

La principal función de un sistema de reconocimiento de patrones es la de llegar a decisiones concernientes a la pertenencia de un patrón a cierta clase. Se llevan a cabo muchos procesos de traducción de información entre el momento en que un patrón es alimentado y el momento en que el sistema toma una decisión. Dichos procesos extraen de los datos de entrada la información descriptiva requerida para realizar la clasificación. El diseñador del sistema especifica la forma general de estas operaciones; sin embargo, en la mayoría de los casos cada operación particular es caracterizada por parámetros variables que deben ser adaptados a cada problema de reconocimiento de patrones. El ajuste de estos parámetros generalmente se lleva a cabo con el empleo de patrones muestra en lo que se llama proceso de aprendizaje o entrenamiento.

En forma específica, dada una imagen digitalizada, el proceso de reconocimiento de patrones consiste en tres fases principales [2]:

1) el aislamiento de objetos, en la que cada objeto debe ser localizado e identificado; 2) la extracción de las propiedades medibles; y, 3) la clasificación de objetos. El resultado del proceso es una decisión referente a la clase a la que pertenece el objeto. Cada uno de los objetos es asignado a uno de varios grupos preestablecidos o clases, que representan los posibles tipos de objetos que se espera encontrar (figura 1.3.1).



figura 1.3.1

El diseño de un sistema de reconocimiento de patrones requiere de cinco etapas:

- 1) Diseño del localizador de objetos: en caso necesario, se debe escoger el algoritmo de segmentación (ver sección 1.4) que aislará individualmente a los objetos en la imagen.
- 2) Elección de parámetros: se refiere a que se deben elegir las propiedades de los objetos que mejor los distinguen en sus clases respectivas y a la forma de medir dichas propiedades.
- 3) Diseño del clasificador: es necesario establecer las bases matemáticas del algoritmo de clasificación.
- 4) El entrenamiento del clasificador: se refiere a que es necesario ajustar y fijar los parámetros de decisión en el clasificador para que los objetos que están siendo clasificados se adecúen a su clase.
- 5) Evaluación de los resultados: es necesario estimar la frecuencia de los posibles errores de una clasificación errónea.

El entrenamiento del clasificador es un proceso de aprendizaje y puede realizarse de dos formas [4] : a) supervisado y, b) no

supervisado.

En el primer caso, los parámetros del sistema son estimados por algoritmos que emplean patrones muestra de entrenamiento, cuya membresía es especificada externamente por el diseñador del sistema. De esta forma, los parámetros desconocidos son ajustados a cumplir cierta situación donde las clases de los patrones son especificadas y caracterizadas por muestras representativas. El éxito de esta propuesta está determinado por la calidad del conjunto muestra usado para entrenar al sistema de reconocimiento de patrones.

El caso de un entrenamiento no supervisado se emplea cuando se tiene poco o ningún conocimiento *a-priori* acerca de las clases de los patrones para un problema dado. Esta proposición pretende extraer las clases de patrones presentes en un conjunto de datos para el que la clasificación de los patrones muestra disponibles no es totalmente conocida.

#### 1.4 SEGMENTACION

Una de las áreas más importantes del procesamiento de imágenes es el análisis de la imagen o el análisis de la escena. Ello consiste en alimentar una imagen a la computadora, y obtener como resultado una descripción de la imagen.

Algunos ejemplos que han sido ampliamente estudiados y que representan un problema de análisis de imágenes son:

(1) La alimentación es un texto y se desea leer dicho texto; en este caso, la descripción de la alimentación consiste de una secuencia de caracteres.

(2) La alimentación es una imagen de una cámara nuclear tipo burbuja, y se desea detectar y localizar cierto tipo de eventos, como colisión de partículas; la descripción consiste en un conjunto de coordenadas.

(3) La alimentación es una fotomicrografía de una célula mitótica: la salida deseada es una cariotipo, que muestra a los cromosomas acomodados en un cierto orden. Aquí la salida es pictórica, pero para su elaboración se requiere de la localización e identificación de los cromosomas.

(4) La alimentación es una fotografía de un terreno; la salida deseada es un mapa que muestre tipos específicos de características del terreno (bosques, áreas urbanas, cuerpos de agua, carreteras, etc).

(5) La alimentación es una imagen de televisión de una pila de bloques; la salida deseada es un plan de acciones que puedan ser usadas por un robot para construir una torre a partir de los bloques. Esto requiere de identificación y localización de bloques individuales en la escena.

En todos los ejemplos anteriores, la descripción se refiere a partes específicas (regiones u objetos) en la imagen o escena; para

generar esa descripción es necesario segmentar la imagen en esas partes. Así, para formar un cariotipo, los cromosomas deben ser "recortados" de la escena, etc.

Algunas operaciones de segmentación pueden ser aplicadas directamente a cualquier imagen; otras pueden ser aplicadas únicamente a imágenes que han sido parcialmente segmentadas en forma previa, ya que dependen de la geometría de las partes que han sido extraídas de la imagen. Es necesario enfatizar que existen diversos caminos para realizar una segmentación. Esto es, de una imagen se pueden elegir diversos y muy diferentes segmentos para realizar las descripciones, y hay muchas formas de realizar la extracción de las partes de la imagen. Por lo tanto, el éxito al emplear una u otra técnica será función de la utilidad de la descripción que se obtenga a partir de los objetos extraídos.

Para "extraer" un objeto de una imagen en forma explícita, es necesario identificar de alguna manera los puntos que pertenezcan al objeto. Se puede pensar en tener una imagen binaria, con los puntos pertenecientes al objeto con un valor de 1, y cualquier otro punto con un valor de 0. Pero no siempre se puede realizar esto, ya que generalmente los objetos no están claramente definidos.

La forma más común de extraer objetos de una imagen es aplicar un umbral (*threshold*) a la imagen. Si la imagen,  $f$ , presenta un rango de niveles de gris  $[z_1, z_k]$ , y  $t$  es cualquier número entre  $z_1$  y  $z_k$ , el resultado de aplicar un umbral a  $f$  en  $t$ , es la imagen binaria  $f_t$  definida por:

$$f_t(x,y) = \begin{cases} 1 & \text{si } f(x,y) \geq t \\ 0 & \text{si } f(x,y) < t \end{cases}$$

También se pueden considerar operaciones de aplicación de umbral que mapeen otros rangos de niveles de gris a uno, y los niveles de gris fuera de este rango a 0. En forma general, sea  $Z$  un conjunto cualquiera de niveles de gris,  $Z \subseteq [z_1, z_k]$ , se define una operación general de aplicación de umbral como el mapeo de los niveles de gris en  $Z$  a 1 y el mapeo de los no pertenecientes a  $Z$  a 0:

$$f_t(x,y) = \begin{cases} 1 & \text{si } f(x,y) \in Z \\ 0 & \text{otra situación} \end{cases}$$

Esta forma de aplicar un umbral es efectiva para extraer objetos cuando los objetos tienen un rango característico de niveles de gris.

#### Elección del umbral

Como puede apreciarse, la elección del umbral es un punto crítico. Si se escoge un umbral muy alto, muchos puntos pertenecientes a los objetos serán clasificados como parte del fondo; si se escoge un umbral muy bajo, muchos puntos del fondo serán clasificados como de los objetos.

A continuación, se mencionan dos métodos de elección de umbral: el *método de bloque (p-tila)* y el *método de la moda*. Ambos métodos hacen uso del histograma de niveles de gris de la imagen,  $p_f(z)$ , para seleccionar el umbral [8].

El *método p-tila* se refiere a que dada una propiedad conocida de la imagen  $f_t$ , se prueban varias  $f$ 's hasta obtener una  $f_t$  que satisfaga esa propiedad. Por ejemplo, el caso de una imagen de una hoja de papel con caracteres impresos, que ocupan un área específica,  $\theta$ , del papel. Conociendo esto, se escoge un umbral  $t$  tal que solo la fracción  $\theta$  de los puntos de la imagen tengan niveles de gris mayores o iguales a  $t$ .

El histograma de una imagen  $f$  con grandes objetos oscuros sobre un fondo claro debe presentar un pico correspondiente a los niveles de gris de los objetos, y otro pico correspondiente a los niveles del fondo. Es decir,  $p_f$  es bimodal. Además, si los niveles de gris intermedios entre los objetos y el fondo tienen una frecuencia de aparición pequeña en  $f$ , entonces  $p_f$  presenta un valle entre los dos picos. Por ello, para separar los objetos se escoge un umbral con el valor del nivel de gris correspondiente al fondo del valle. La elección del umbral como el mínimo entre los picos minimiza la posibilidad de una clasificación errónea de un punto del objeto como si fuera del fondo. Además, los resultados finales son relativamente insensibles a la elección exacta del valor del fondo del valle, ya que dichos niveles son relativamente poco poblados.

Una forma de determinar que  $p_f$  sea bimodal (o que contenga picos significativos) y localizar los picos y valles es:

- (1) Localizar en  $p_f$  los dos máximos locales que estén separados por lo menos por una distancia mínima. Sean  $z_i$  y  $z_j$  el valor del nivel de gris de los puntos de localización de los máximos.
- (2) Encontrar el punto más bajo de  $p_f$  entre  $z_i$  y  $z_j$ ; es decir, el punto  $z_k$  tal que  $p_f(z_k) \leq p_f(z)$  para toda  $z_i \leq z \leq z_j$ .
- (3) Se mide el aplanamiento del histograma, por ejemplo, con  $p_f(z_k) / \min(p_f(z_i), p_f(z_j))$ . Si el valor es pequeño, el histograma debe ser fuertemente bimodal, dado que los picos son mucho más altos que el valle; por tanto,  $z_k$  puede ser un umbral útil para segmentar  $f$  en porciones significativas.

## I.5 GEOMETRIA

En la sección I.4 se describió el proceso de segmentación de la imagen para distinguir secciones de ella, como fondo y objetos. Dichas secciones pueden describirse a partir de sus propiedades geométricas, esto es, propiedades que sólo dependen de a qué subconjunto corresponden los puntos, y no de los valores de gris de los puntos<sup>1</sup>. La conectividad, la adyacencia, el área y la elongación son ejemplos de propiedades de este tipo.

### I.5.1 CONECTIVIDAD Y ADYACENCIA

En esta parte se explicarán las propiedades topológicas de las secciones de una imagen con base en la adyacencia y la conectividad [7]. El concepto de topología se refiere a la propiedad que no se altera cuando se aplica una distorsión arbitraria tipo ondulante (*rubber-sheet*) a la imagen. El área, la elongación y la convexidad no son topológicas.

Para comprender el significado de conectividad y adyacencia es necesario proporcionar algunas definiciones. Sea  $(i,j)$  un punto en una imagen dada. Este punto tiene cuatro vecinos horizontales y verticales, denominados *vecinos-4*:

$$\begin{array}{cccc} (i-1,j), & (i,j-1), & (i,j+1), & (i+1,j) \\ & 1 & 1 & 1 \\ & 1 & 1 & 1 \\ & 1 & 1 & 1 \end{array}$$

Se dice que estos puntos son *adyacentes-4* al punto  $(i,j)$ . Además, el punto  $(i,j)$  tiene cuatro *vecinos diagonales*:

$$\begin{array}{cccc} (i-1,j-1), & (i-1,j+1), & (i+1,j-1), & (i+1,j+1) \\ & 1 & 1 & 1 \\ & 1 & 1 & 1 \\ & 1 & 1 & 1 \end{array}$$

<sup>1</sup>Las propiedades que dependen de los niveles de gris, como la textura, no serán discutidas en este trabajo.

Este conjunto y los vecinos-4 forman los vecinos-8 del punto  $(i,j)$ :

```

1 1 1
1 1 1
1 1 1

```

En forma general, si  $S$  y  $T$  son subconjuntos de la imagen, se dice que  $S$  es adyacente-4 u adyacente-8 a  $T$  si algún punto de  $S$  es adyacente-4 o adyacente-8 a algún punto de  $T$ . Se deduce que si el punto se encuentra en la frontera de la imagen, algunos de los vecinos no existirán por encontrarse fuera de la imagen.

Una vía desde  $(i,j)$  hasta  $(h,k)$  es una secuencia de puntos distintos

$$(i_0, j_0), (i_1, j_1), \dots, (i_n, j_n) = (h, k)$$

tal que  $(i_m, j_m)$  es adyacente a  $(i_{m-1}, j_{m-1})$ ,  $1 \leq m \leq n$  ( $n$  denota la longitud de la vía). Esta definición tiene dos versiones, dependiendo del enfoque de adyacencia, ya que puede referirse a adyacencia-4 u adyacencia-8. Por ejemplo,

```

1 1          1 1
1 1 1      1

```

si se denotan los puntos de una vía como 1's, la primera figura es una vía-4, y la segunda una vía-8.

Si  $p = (i,j)$  y  $q = (h,k)$  son puntos de un subconjunto  $S$  de una imagen, se dice que  $p$  es conexo a  $q$  (en  $S$ ) si existe una vía de  $p$  a  $q$  que consista únicamente en puntos pertenecientes a  $S$ . Para un punto  $(i,j)$  de  $S$ , el conjunto de puntos de  $S$  que están conectados a  $(i,j)$  se denomina *componente conexo* de  $S$ . Si  $S$  tiene solo un componente, se le llama "conexo". Por ejemplo,  $i^4$  es conexo-8 pero no conexo-4.

Sea  $\bar{S}$  el complemento de  $S$ , es decir, es el conjunto de puntos que no están en  $S$ . Dado que los puntos fuera de la imagen no están en  $S$ , entonces todos los puntos de  $\bar{S}$  que son conexos (en  $\bar{S}$ ) a puntos en la

frontera de la imagen pertenecen al mismo componente de  $S$ . Este componente se denomina *fondo* de  $S$ . Todos los demás componentes de  $S$ , si existen, se denominan *hoyos* en  $S$ . Si  $S$  es conexa y no tiene hoyos, se le llama *conexa simple*. Para aplicar estos conceptos es necesario decidir si se emplea conectividad-4 o conectividad-8, tanto para  $S$  como para  $\bar{S}$ . En el siguiente patrón:

$$\begin{array}{c} 1 \\ 1 \quad 1 \\ 1 \end{array}$$

Si se emplea la conectividad-4 para  $S$  y  $\bar{S}$ , se tienen 4 componentes para  $S$  y un hoyo. Si se emplea conectividad-8, se tiene un componente de  $S$  y ningún hoyo. Generalmente existen ventajas al emplear conectividades opuestas para  $S$  y  $\bar{S}$ .

### 1.5.2 TAMARO

En esta sección se explicarán algunas propiedades basadas en el tamaño de los objetos [7].

El área de un subconjunto  $S$  de una imagen digital es simplemente el número de puntos en  $S$ . Si los puntos en  $S$  se encuentran fácilmente reconocibles (1's en los puntos de  $S$  y 0's en cualquier otro lado) se calcula el área de  $S$  al examinar la imagen y contar dichos puntos. En forma más general, dada una partición  $(S_1, \dots, S_k)^2$  de la imagen, se pueden contar el número de puntos en cada una de las partes con una sola revisión de la imagen. Únicamente se crean  $k$  contadores, uno para cada conjunto de la partición: cada punto es examinado e identificado como miembro de  $S_i$ , y el contador  $i$ -ésimo es incrementado en 1.

De la misma forma se puede computar el área de cada uno de los componentes conexos de un subconjunto  $S$  dado, realizando únicamente

<sup>2</sup> El conjunto de secciones de la imagen  $(S_1, \dots, S_k)$  es una partición de la imagen si la unión de los  $S_i$ 's da lugar a la imagen completa y cualesquiera dos  $S_i$ 's son disjuntos.

una sola revisión. Esto se realiza de la siguiente forma: en la primera línea, se cuentan el número de 1's en cada corrida de 1's, se guarda cada uno de estos valores en un contador, y se crea un apuntador al contador para cada corrida. Para cada una de las líneas siguientes:

- 1) Si una corrida  $p$  es adyacente a ninguna corrida en el renglón anterior, crear un apuntador de  $p$  a un nuevo contador, y guardar la longitud de  $p$  en ese apuntador.
- 2) Si  $p$  es adyacente a una corrida  $\sigma$  del renglón anterior, añade la longitud de  $p$  al contador de  $\sigma$ , y transfiere el apuntador de  $\sigma$  a cada uno de tales  $p$ .
- 3) Si  $p$  es adyacente a uno o más corridas  $\sigma_1, \dots, \sigma_n$  en el renglón anterior, añade el contenido de los contadores  $\sigma_2, \dots, \sigma_n$  al contador de  $\sigma_1$ , añade la longitud de  $p$  a él, y transfiere el apuntador de  $\sigma_1$  hacia  $p$ .

El *perímetro* de un subconjunto  $S$  de una imagen digital es otra propiedad relacionada con el tamaño. Existen varias definiciones de esta propiedad, pero aquí se mencionará solo la siguiente: es el número de pares de puntos adyacentes  $(p, q)$ , tal que  $p$  es elemento de  $S$  y  $q$  de  $S$ , o simplemente, es el número de pasos requeridos para seguir la frontera del objeto. De acuerdo con esta definición, se dan los perímetros resultantes de los siguientes tres  $S$ 's:

1 1	1 1 1 1	1
1 1		1
		1
<b>Perímetro</b> 8	10	12

Es claro que éstas propiedades dependen de la fineza con la que la imagen haya sido muestreada cuando fue digitalizada.

Otra propiedad medible es la forma del objeto. Existen varios parámetros de forma, y varios de ellos se basan en las medidas de

tamaño del objeto. A continuación se mencionan algunas de las medidas más sencillas:

\* **rectangularidad**: mide la relación entre el área del objeto y el área del MER<sup>3</sup>:

$$R = A_o / A_r$$

Para rectángulos la medida de la rectangularidad es 1 y para círculos es  $\pi/4$ ; para objetos curvos y delgados el valor es pequeño. La rectangularidad oscila en el rango de  $0 \leq R \leq 1$ .

\* **cociente de aspecto (aspect ratio)**: es el cociente de la anchura y la longitud del MER. Sirve para distinguir objetos delgados de objetos cuadrados o circulares.

$$A = W / L$$

\* **compacidad**: es el cociente del área y el cuadrado del perímetro del objeto:

$$C = A_o / P^2$$

En geometría continua, la compacidad toma un valor máximo para los círculos:

$$C = A / P^2 = (\pi * D^2 / 4) / (\pi^2 * D^2) = 1 / (4 * \pi)$$

Para el caso digital, ello no es tan cierto. Para formas más complejas toma valores menores.

\* **altura y anchura**: la altura de S es la diferencia, en coordenadas y, entre el punto más alto y más bajo en S. La anchura es la diferencia entre el punto más a la izquierda y el punto más a la derecha en S.

<sup>3</sup> **MER**: rectángulo mínimo interno (minimum enclosing rectangle)

## I.6 ELECCION DE PARAMETROS Y CLASIFICACION

La clasificación de elementos consiste en distinguir y distribuir los objetos de un contexto en diversas clases, de acuerdo a características o parámetros comunes a ellos pero que los diferencien.

El proceso de clasificación nace de la elección de los parámetros particulares a partir de los cuales se desea realizar la distinción de los objetos. La selección de los parámetros es una decisión de suma importancia, y se realiza de manera intuitiva o por medios analíticos.

Los rasgos particulares que se elijan deben ser discriminantes; es decir, los parámetros deben tener valores con diferencias significativas entre los objetos pertenecientes a distintas clases; asimismo deben ser confiables; es decir, los valores de un parámetro deben ser similares para objetos de una misma clase. Además, los parámetros deben ser independientes unos de otros y deben ser elegidos en un número pequeño, ya que la complejidad de un sistema de reconocimiento de patrones se incrementa exponencialmente con el número de características distintivas (2).

La mayor parte de las decisiones para realizar una clasificación se reducen a una regla de umbral: si el valor del parámetro cae dentro de cierto rango, el objeto es asignado a cierto grupo o clase. Por lo tanto, es importante determinar los valores del umbral de cada parámetro que permitan clasificar a los objetos. Para ello, se eligen imágenes representativas de entrenamiento en las que deben estar presentes todos los posibles objetos que se encuentran en ese tipo de problema, ya sea que su frecuencia de aparición sea alta o baja (ver aprendizaje guiado, sección I.3) La imagen es sujeta a clasificación por el método que se desea probar y por otro cuya precisión ya haya sido comprobada. Como medida de comparación se considera la minimización del número total de errores de clasificación. Si algunos

errores de clasificación son menos deseables que otros, se establece una función de costo que pondere los errores apropiadamente.

Dos de los parámetros de clasificación empleados son el tamaño y la forma de los objetos. Ambos fueron explicados en la sección I.5.

#### Elección de parámetros

En el reconocimiento de patrones es muy importante elegir los parámetros adecuados que se van alimentar al clasificador. El objetivo del proceso de elección de parámetros es escoger un conjunto de N características de entre un conjunto total de M características, tal que ese conjunto sea manejable y que optimice el funcionamiento del clasificador. Para formar los diversos conjuntos se eliminan las características menos significativas y se combinan otras (2).

Una forma sencilla de realizar la elección es que cada conjunto de N características posible sea analizado por el clasificador; la cuantificación de la clasificación realizada se determina al tabular índices de clasificación errónea de varios grupos. Se genera un índice general de funcionamiento que es función de las razones de error. Sin embargo, este método ya no es empleado dado la gran cantidad de trabajo que implica.

El método que se explica a continuación se aplica a un ejemplo en el que se reduce un conjunto de dos parámetros a un conjunto de un parámetro. Se dispone de una imagen de prueba con objetos de M clases diferentes. Sea  $N_j$  el número de objetos de la clase  $j$ ; los dos parámetros obtenidos cuando el  $i$ -ésimo objeto de la clase  $j$  es medido son  $X_{ij}$  y  $Y_{ij}$ . El valor promedio de cada parámetro para cada clase se estima como el cociente de la sumatoria del valor de cada parámetro ( $X, Y$ ) para todos los objetos de la clase  $j$  y el total de la clase  $j$ :

$$\mu_{Xj} = \frac{\sum_{i=1}^{N_j} X_{ij}}{N_j}$$

$$\mu_{Yj} = \frac{\sum_{i=1}^{N_j} Y_{ij}}{N_j}$$

Asimismo, se determina la varianza de cada parámetro dentro de la clase. Es deseable que el valor de la varianza sea pequeño o tienda a cero; sin embargo, la varianza nunca toma el valor de cero, ya que la probabilidad de que un parámetro tome el mismo valor para cada objeto de una misma clase es cero.

$$\sigma_{xj}^2 = \sum_{i=1}^{N_j} (X_{ij} - \mu_{xj})^2 / N_j \qquad \sigma_{yj}^2 = \sum_{i=1}^{N_j} (Y_{ij} - \mu_{yj})^2 / N_j$$

Para determinar si entre los parámetros seleccionados existe alguna relación, se calcula la covarianza:

$$\sigma_{xyj} = \sum_{i=1}^{N_j} (X_{ij} - \mu_{xj}) * (Y_{ij} - \mu_{yj}) / N_j / (\sigma_{xj} * \sigma_{yj})$$

$$-1 < \sigma_{xyj} < 1$$

Un valor de cero de la covarianza indica que los parámetros X y Y no están correlacionados. Un valor cercano a +1 indica una correlación significativa; si el valor es -1, indica que cada variable es proporcional al negativo de la otra. Si la magnitud de la covarianza es grande, los dos parámetros se pueden combinar en uno o se puede descartar uno de ellos.

Una aspecto interesante es la habilidad de un parámetro para distinguir entre dos clases. Esto se puede cuantificar con la distancia de la varianza normalizada entre clases. Para el parámetro X y la comparación de las clases j y k:

$$D_{xjk} = | \mu_{xj} - \mu_{xk} | / (\sigma_{xj}^2 + \sigma_{xk}^2)^{\frac{1}{2}}$$

El parámetro más adecuado será el que produzca la separación de clases de mayor magnitud.

## II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA Y PROPOSITO DEL ESTUDIO

En el campo de la investigación médica, específicamente en la biología celular, se llevan a cabo estudios sobre las distintas fases del ciclo celular. En esencia éste se refiere al proceso de división celular, el cual consta de dos pasos subsecuentes: la división nuclear, denominada mitosis, y la división citoplásmica, llamada citocinesis. La mitosis (gr. *mitos* filamento), o fase M del ciclo de división de las células eucarióticas, es un proceso muy complejo en el cual se pueden distinguir seis etapas características que se identifican por los cambios morfológicos que ocurren a nivel de los cromosomas [6]. La identificación y cuantificación de estos cambios se hacen a través de la lectura directa, acción que requiere, además de entrenamiento, de un tiempo considerable.

Por otro lado, el estudio del ciclo celular es indispensable para el análisis de los efectos de las sustancias químicas capaces de alterarlo. De ellas, destacan aquellos productos que producen alteraciones genéticas y los que se utilizan para inhibir o impedir la reproducción celular anormal (cáncer) y que se utilizan en la clínica como anticancerosos [3].

El interés en este trabajo surgió del conocimiento del trabajo realizado en el Laboratorio de Toxicología Celular del Instituto de Investigaciones Biomédicas de la UNAM. Dicho laboratorio tiene a su cargo parte de un proyecto de investigación interdisciplinario dirigido al desarrollo de nuevos antineoplásicos, realizando las pruebas para identificar el efecto citostático *in vitro* de los productos que son sintetizados en la Facultad de Química. Como parte del proyecto, la Facultad de Medicina realiza el estudio del efecto antineoplásico en modelos experimentales *in vivo* y las pruebas toxicológicas de las sustancias activas. El efecto citostático

estudiado *in vitro* se refiere a la acción de un agente externo (fármacos, en este caso) sobre la reproducción celular. Entre los sistemas de prueba empleados para estudiar dicho efecto se encuentra el cultivo de linfocitos. Estos elementos celulares son un tipo de leucocitos, constituyentes de la sangre al igual que los eritrocitos, las plaquetas y el plasma. En dicho sistema, se procesan muestras de sangre humana para la preparación de los cultivos, que serán expuestos al efecto de los fármacos en estudio. Posteriormente, se colocan pequeñas muestras de cultivo en laminillas para ser estudiadas al microscopio. Lo que se observa en las laminillas son núcleos celulares, que se aprecian como cuerpos aproximadamente esféricos de varios tamaños; núcleos en proceso de división o mitosis, formados por cromosomas y que se observan como conjuntos de cuerpos pequeños en forma de barra, de cruz o de V; y cuerpos pequeños de forma irregular que constituyen artefactos del cultivo (elementos celulares o externos que no forman parte natural del cultivo). Uno de los factores que se deben analizar es la cuantificación del número de núcleos en división (mitosis). Para el análisis del efecto de un fármaco, se deben contar 2000 células por laminilla, y el índice mitótico es la fracción de mitosis encontradas respecto al total de células analizadas. Si se considera que deben evaluarse varias dosis y validar la experimentación con la repetición de la observación, el número de células por contar se incrementa fácilmente a 20,000. El proyecto citado cuenta actualmente con 150 sustancias químicas para ser estudiadas y si se continúa realizando la evaluación en forma visual, el análisis exhaustivo y preciso del total de las drogas requerirá de mucho tiempo y personal, factores que pueden limitar seriamente su desarrollo. Es por ello que surgió la idea de crear un sistema para automatizar el proceso de conteo.

Este trabajo fue desarrollado con el propósito de disponer de un conjunto de programas de computación que permitan el reconocimiento de patrones en imágenes digitales y, mediante parámetros adecuados, su clasificación (sección 1.6). Específicamente, se buscó su aplicación en el análisis del efecto citostático de los fármacos antineoplásicos (anticancerosos). Para cumplir este propósito se empleó el procesamiento digital de imágenes como herramienta para la resolución del problema planteado.

### III. DESARROLLO

Las imágenes estudiadas en este trabajo fueron obtenidas por medio de un equipo constituido por un microscopio óptico acoplado a una cámara de T.V en interfase con la computadora. La imagen de la cámara pasó a través de un digitalizador que generó una imagen de 256\*256 pixels y 128 tonos de gris por pixel. Esta información fue almacenada en disco para su procesamiento posterior.

#### III.1 ETAPA DE ENTRADA Y SALIDA DE INFORMACION

Para el proceso de entrada y salida de la información [5], se empleó una microcomputadora IBM PC AT y un "Professional Graphics Display" (PGD). Este equipo consiste en una tarjeta controladora y un monitor de alta resolución que se conectan a la PC. En la tarjeta está incluido un procesador gráfico que se encarga de traducir comandos de alto nivel en instrucciones para el procesador de dibujo. Este procesador dibuja los gráficos primitivos (puntos, líneas, arcos, círculos, elipses y polígonos) directamente en la memoria (buffer) de despliegue de video. Este buffer provee la información de salida que pasa a través de una tabla lectora de color o LUT. El usuario puede cargar la LUT con cualesquiera de 256 colores de una paleta de 4096, permitiendo cambios de colores en el monitor sin alterar el buffer de despliegue. Esto es una ventaja muy importante, ya que permite observar las imágenes con diferentes colores sin necesidad de realizar un despliegue por cada cambio de color.

La tarjeta tiene la capacidad de dibujar en espacios de trabajo virtuales de dos o tres dimensiones. En ambos casos se puede definir la ventana y el campo visual. El campo visual es el área física de la pantalla donde se hace la graficación; la ventana es la sección del campo visual que puede ser modificada. Se puede modificar todo el espacio virtual de trabajo, aunque sólo los pixels que corresponden a

puntos en la ventana son afectados por los comandos gráficos. Los efectos de los comandos de dibujo en áreas dentro del espacio virtual de trabajo pero, fuera de la ventana, no aparecerán en pantalla.

Existen dos formas de comunicarse con la PGD: el modo ASCII y el modo hexadecimal. En el modo ASCII, los comandos se pasan como cuerdas de caracteres ASCII. La cuerda de comando consiste en una palabra clave que identifica al comando, parámetros (si son requeridos) y caracteres delimitantes.

```
clears 23
```

```
cls 23
```

Las palabras claves para la mayoría de los comandos tienen una forma larga y una corta. Los parámetros son cadenas de texto entre paréntesis o números decimales. Algunos ejemplos de caracteres delimitantes son: el carácter espacio, el carácter tabulador, la coma, etc. El modo de operación es muy sencillo, ya que las palabras clave son mnemónicos y los parámetros son valores decimales. Una desventaja de este modo de comunicación es que ocupa mucho espacio. En el modo hexadecimal, los comandos son pares de bytes. Consisten en un byte que representa el código de operación, seguido de parámetros binarios.

OF 17

Una desventaja es que no tiene el carácter mnemónico del modo ASCII, pero ocupa poco espacio y es enviado a la PGD en menos tiempo. En el programa desarrollado se empleó un manejador y dos bibliotecas con funciones, que son llamadas desde el programa. El manejador traduce las instrucciones escritas en un lenguaje de alto nivel (Pascal, en este caso) a instrucciones comprensibles para la PGD. De esta forma, se emplearon comandos de fácil comprensión, pero con la ventaja de la rapidez del modo hexadecimal, implícito en las funciones

de las bibliotecas.

La máxima resolución de una imagen desplegada por la PGD es de 640\*480 pixels. El espacio coordenado de 2D emplea coordenadas cartesianas con el origen en el centro y las coordenadas van de -32768 a 32768 en cada eje. El usuario emplea los comandos *window* y *viewport* para mapear una sección rectangular de este espacio coordenado en el despliegue. El comando *window* tiene el siguiente formato:

*window*  $x_1$   $x_2$   $y_1$   $y_2$

donde los parámetros  $(x_1, y_1)$  y  $(x_2, y_2)$  forman pares coordenados, que representan esquinas opuestas de una sección rectangular del espacio de coordenadas de 2D. Dicha sección rectangular se refiere a una ventana y cualquier imagen dibujada en  $\Delta 1$  es mapeada en el campo visual vigente. Si el usuario no especifica una ventana, la PGD tiene como valor por omisión una de 640\*480 con su centro en el origen del espacio de coordenadas. El comando *viewport* define un puerto de vista y tiene el siguiente formato:

*viewport*  $x_1$   $x_2$   $y_1$   $y_2$

donde los pares coordenados  $(x_1, y_1)$  y  $(x_2, y_2)$  especifican esquinas opuestas de una sección rectangular. En este caso, las coordenadas deben ser dadas en coordenadas de pantalla. El espacio coordenado de la pantalla tiene su origen en la esquina inferior izquierda, con 640 (0 - 639) puntos en el eje x y 480 (0 - 479) en el eje y. Si el usuario no especifica un campo visual, la PGD tiene como valor por omisión un campo visual que incluye toda la pantalla.

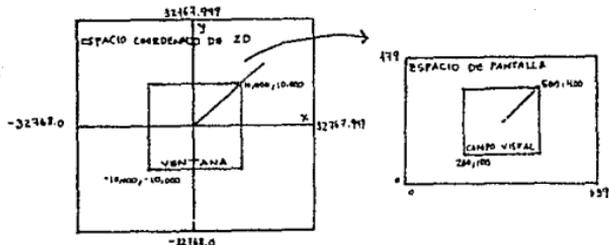


Figura 3.2.1 Ambiente de dibujo en ZD

Cuando la PGD ha realizado las transformaciones descritas, dibuja la imagen resultante en la pantalla al cargar valores de 8 bits, llamados índices de color, en las localidades de los pixels en el buffer de despliegue. El buffer de despliegue es un arreglo de 640\*480 de localidades de pixels que se mapea en la pantalla a través de la LUT, que determina de que color se despliegan los diferentes índices de colores. Se selecciona el índice a emplear al usar el comando *color*:

*color indice*

donde el parámetro *indice* va de 0 a 255. El índice de color no es un color en sí mismo, sino la dirección de la localidad en la LUT de un color. Se tienen 16 valores de intensidad para cada uno de los colores primarios (R,G,B), y el color que aparece en pantalla depende de cómo se combinen éstos valores. Los comandos *lut* y *lutint* permiten cargar varios colores en la LUT. El comando *lut* permite escribir valores en una localidad de la tabla y su formato es

*lut indice r g b*

donde *indice* es el índice de una localidad en LUT; *r,g,b* pueden tener

valores de 0 a 15, especificando la intensidad del color rojo, verde y azul de esa localidad. El comando *lutint* cuyo formato es

*lutint set*

permite elegir de entre una serie de conjuntos de valores de tablas LUT. Se empleó el conjunto por omisión.

La PGD cuenta con una serie de comandos que permiten trabajar directamente en el buffer de despliegue. En el programa se empleó el comando *imagen*, que permite transferir líneas o fragmentos de líneas, compuestas por pixels, entre la memoria del sistema y el buffer de despliegue. El comando *imagen* tiene el siguiente formato:

*imagen línea x1 x2 datos*

dónde *línea* es una coordenada y que indica una línea horizontal de pixels en el espacio coordenado de la pantalla; *x1*, es una coordenada *x* que indica el punto de inicio de la línea y *x2* es una coordenada *x* que indica el punto final de la línea. El formato de la información depende del modo en que se encuentra la PGD: ASCII o hexadecimal. En el modo hexadecimal, que fue el empleado en el programa, se espera que la entrada se presente en un formato codificado. En dicho formato, el usuario manda pares de bytes o un índice y una cuerda de bytes. Cuando el bit alto del primer byte está apagado, se espera un par de bytes: el primer byte representa la cuenta menos uno y el segundo byte, el valor del pixel a repetir cuenta veces. Si el bit alto está prendido, entonces el primer byte es la longitud menos uno de la cuerda de bytes que le sigue. Dado que el bit significativo del byte inicial se usa para diferenciar entre dos tipos de código, sólo quedan siete bits para dar el número de pixels en la serie (la longitud o la cuenta), limitando el número de pixels en cada serie a 128; es decir, 127 es el número máximo que se puede representar con siete bits, pero como el número representa la longitud de la cuerda menos uno, entonces

la cantidad real de pixels que se puede representar es 128. A continuación se presenta un ejemplo del uso del formato codificado:

```
línea de pixels      1 1 1 1 2 3 4 5 5 5 5 6 7
código              03 01 130 02 03 04 03 05 129 06 07
```

```
código              04 01 135 05 06 06 05 05 06 07 07
línea de pixels      1 1 1 1 1 5 6 6 5 5 6 7 7
```

En el programa, el despliegue de la imagen leída de disco se realiza con el comando *imagen*, lo que indica que el archivo en disco contiene a la imagen en forma codificada o empaçada. Se determinó que la imagen tuviera ese formato, ya que de esa forma el despliegue es mucho más rápido que si se realizara pixel por pixel.

En los párrafos precedentes se describieron con cierto detalle algunas de las funciones empleadas. A continuación se describen en forma breve otros comandos utilizados para el despliegue de las imágenes:

- \* *areabc(indice)*: colorea de un color *indice* todos los pixels de un área cerrada.
- \* *move(x,y)*: posiciona el cursor gráfico en el punto  $(x,y)$  de la pantalla.
- \* *dot(x,y,c)*: posiciona el cursor gráfico en el punto  $(x,y)$  y lo pinta de color *c*.
- \* *rectangle(x<sub>1</sub>,y<sub>1</sub>,x<sub>2</sub>,y<sub>2</sub>,c)*: traza un rectángulo de color *c* y cuyas esquinas opuestas son  $(x_1,y_1,x_2,y_2)$ .

Es necesario mencionar que el algoritmo de reconocimiento es independiente del despliegue de la imagen. Sin embargo, el algoritmo requiere que cada línea de la imagen tenga los pixels desempacados, por lo que ya sea que la imagen se despliegue o no, es necesario decodificar las líneas para realizar el proceso de reconocimiento.



hasta que se localice un pixel correspondiente al fondo o el fin de línea y, en ambos casos, también se memorizan las coordenadas del pixel. Las coordenadas de este *fragmento pivote* se comparan con las coordenadas de otros fragmentos o cuerpos encontrados previamente y que conforman una lista. La comparación tiene como fundamento las condiciones de adyacencia-4 y conectividad-4 (fig. 3.3.2). Si el fragmento no es conexo-4 con ninguno de los cuerpos en la lista, entonces se da de alta como un cuerpo nuevo; en caso contrario, si se presenta una conectividad con algún cuerpo, entonces ambos cuerpos se fusionan en uno solo, modificándose las propiedades del cuerpo formado, o se crea una relación entre ambos. Este proceso se realiza para todas las líneas; al final de la imagen, el algoritmo proporciona una lista de cuerpos encontrados en la imagen.

```

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

```

Figura 3.3.2 Imagen con dos objetos

#### Declaración de cuerpos

Como ya se mencionó, los cuerpos nuevos que se van encontrando a lo largo de la imagen se dan de alta como miembros de una lista. Esta lista se implantó como un arreglo de números enteros. El primer campo del arreglo corresponde a un índice que especifica el número de cuerpo (identidad); los campos siguientes se emplean para almacenar propiedades del objeto. Estas propiedades corresponden a las condiciones de localización, geometría, carácter y familia de cada cuerpo analizado. El número de propiedades puede variarse según las necesidades del programa.

#### a) Identidad de un cuerpo

El primer campo del arreglo contiene un número que distingue a cada cuerpo en la lista. La dimensión del primer campo del arreglo se implantó como 40, lo que indica que como máximo se tendrán 40 cuerpos analizados simultáneamente por línea. Este valor es una generalización que surgió de las corridas de prueba de las imágenes, en donde se observó que la cantidad de cuerpos analizados simultáneamente por línea siempre es inferior a 40 en un margen amplio. La dimensión del segundo campo del arreglo se estableció en 18, que implica las diferentes propiedades del cuerpo.

#### b) Localización de un cuerpo (diez campos)

Se refiere a parámetros con los que se puede identificar un cuerpo en la imagen. Se emplearon diez parámetros:

1,2) *x inicial (final) actual* : es la coordenada *x* en pantalla del punto de aparición (desaparición) del objeto en la línea presente.

3,4) *x inicial (final) pretérito*: es la coordenada *x* en pantalla del punto de aparición (desaparición) del objeto en la línea inmediata anterior. Son las coordenadas que se emplean en el algoritmo de comparación, es decir, donde se determina la conectividad-4.

5) *y máxima* : es la coordenada *y* en pantalla del punto en donde por primera vez se localiza el cuerpo.

6) *y mínima* : es la coordenada *y* en pantalla del punto en donde por última vez se localiza el cuerpo.

7,8) *x izquierda (derecha) mínima* : es la coordenada *x* en pantalla del extremo izquierdo (derecho) del fragmento que corresponde al ancho mínimo del cuerpo.

9,10) *x izquierda (derecha) máxima* : es la coordenada *x* en pantalla

del extremo izquierdo (derecho) del fragmento que corresponde al ancho máximo del cuerpo.

Al final de cada línea, las coordenadas pretóritas desaparecen y las actuales se transforman en pretóritas.

c) Geometría de un cuerpo (cinco campos)

Los parámetros empleados para definir la geometría de un cuerpo son el área y el perímetro, el ancho mínimo y máximo y la altura. A continuación se describe cada uno de ellos de acuerdo a su implantación en el algoritmo.

El Área corresponde al número total de pixels que constituyen el cuerpo.

El perímetro corresponde a la longitud de la frontera del cuerpo. Se consideró que cada pixel es un cuadrado que mide una unidad por lado.

El ancho mínimo y máximo corresponde al número de pixels que constituyen el eje horizontal mínimo y máximo del cuerpo; el primer parámetro se calcula con la diferencia entre la *x* izquierda y derecha mínima (parámetros séptimo y octavo de localización), y el segundo con la diferencia entre la *x* izquierda y derecha máxima (parámetros noveno y décimo de localización).

La altura corresponde al número de pixels que constituyen el eje vertical máximo del cuerpo; se calcula con la diferencia entre la *y* máxima y mínima (parámetros quinto y sexto de localización).

d) Carácter de un cuerpo (un campo)

En el transcurso del reconocimiento, cada línea analizada genera un "crecimiento" en los cuerpos correspondientes a esas líneas. Y cuando un objeto ya no sea conexo con ningún fragmento a una línea analizada, habrá dejado de "crecer". Al comienzo del análisis de cada línea, todos los cuerpos en la lista se

inicializan con un estado de "no crecimiento", que puede transformarse hacia el final de la línea a un estado de "crecimiento". Entonces, el carácter de un cuerpo se define como alguno de los siguientes dos posibles estados:

1) estado 0: indica que el cuerpo está en "no crecimiento".

2) estado 1: indica que el cuerpo está en "crecimiento"

e) Familia de un cuerpo (dos campos)

Un cuerpo puede tener ascendencia (padre) y/o descendencia (hijos). En el arreglo que caracteriza al cuerpo esto se declara con los elementos *padre*, que indica la identidad del elemento correspondiente al cuerpo padre, e *hijos*, que indica la cantidad de hijos del cuerpo, sin importar su localización. Un hijo de un cuerpo se define como el fragmento que pertenece a un cuerpo de la lista en estado de "crecimiento", es decir, un cuerpo cuyos parámetros ya fueron incrementados en esa misma línea.

El cuerpo de la lista con el índice 40 se asignó como un cuerpo particular, y corresponde al cuerpo *pivote*. Cuando se analiza una línea y se encuentra un fragmento, el cuerpo *pivote* "nace" y recibe la información correspondiente a ese fragmento, es decir, coordenadas, área y perímetro. Las coordenadas del cuerpo *pivote* se comparan contra las de los cuerpos existentes en la lista para determinar la existencia de conectividad-4 y realizar las asignaciones necesarias (ver algoritmo de reconocimiento).

Existe un arreglo *booleano* paralelo al arreglo que define a los cuerpos, y es el que determina la existencia de un cuerpo. Si un cuerpo existe, se realiza la operación precedente en la lista; si no existe, ello implica que se trata de un espacio vacío y que se debe analizar el siguiente cuerpo o bien, que ahí se puede colocar a un cuerpo nuevo. Este arreglo se implantó porque los cuerpos en la lista

aparecen y desaparecen en forma imprevista, con lo que no se tienen a todos los cuerpos en forma continua, sino que hay cuerpos y espacios vacíos en forma alternada.

Se implantaron además dos variables globales auxiliares: *PADRE* e *intersección*. La variable *PADRE* toma el valor del índice del cuerpo en la lista que asimila al cuerpo pivote, ya sea en forma directa o como hijo. La variable *intersección* se emplea para indicar el número de veces que un cuerpo pivote es conexo-4 con los cuerpos en la lista.

Es relevante mencionar una función del programa, denominada *adan(i)*. Esta función determina la existencia e índice del ancestro original del cuerpo *i*. Si el cuerpo *i* es un cuerpo sin padre, el valor regresado por la función es *i*. La utilidad de la función se determina en el algoritmo de reconocimiento.

### III.2.2 ALGORITMO DE RECONOCIMIENTO

Como ya se mencionó en los antecedentes, la imagen es analizada por el reconocedor de cuerpos conexos de arriba a abajo y de izquierda a derecha, pixel por pixel. Cuando se localiza un fragmento, la información obtenida se almacena en el cuerpo pivote. Se compara con los cuerpos existentes en la lista empleando las propiedades de adyacencia-4 y conectividad-4 para determinar si corresponde a alguno de ellos. Las condiciones para determinar la conectividad-4 entre dos cuerpos son<sup>1</sup>:

$$\begin{aligned} & ((x \text{ inicial pretérta de c.l.}) \leq (x \text{ final de c.p.}) \wedge \\ & (x \text{ final de c.p.}) \leq (x \text{ final pretérta de c.l.})) \vee \\ & ((x \text{ inicial pretérta de c.l.}) \leq (x \text{ inicial de c.p.}) \wedge \\ & (x \text{ inicial de c.p.}) \leq (x \text{ final pretérta de c.l.})) \vee \\ & ((x \text{ inicial de c.p.}) \leq (x \text{ inicial pretérta de c.l.}) \wedge \\ & (x \text{ final de c.p.}) \geq (x \text{ final pretérta de c.l.})) \end{aligned}$$

<sup>1</sup> C.P.: cuerpo pivote y C.L.: cuerpo en la lista.

Los casos correspondientes son:

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

Cualquiera de los dos primeros casos implica el siguiente:

0 1 1 1 0  
0 0 1 0 0

Si el cuerpo pivote no es conexo, se da de alta como un cuerpo nuevo; si hay conectividad, existen dos hechos importantes que se deben considerar antes de asignar el cuerpo pivote al cuerpo coincidente:

1) El cuerpo pivote se asigna una sola vez.

Esta hecho surge de la situación de que un fragmento forma parte de sólo un cuerpo. Si resulta que en la lista coincide con dos o más cuerpos, significa que esos cuerpos al final del análisis constituirán uno solo, y la asignación deberá ser hecha una sola vez. Es por ello que cuando el cuerpo pivote es conexo-4 con un cuerpo en la lista, la variable *intersección* se incrementa en una unidad y la variable *PADRE* toma el valor del índice del cuerpo en la lista que asimiló al cuerpo pivote; el estado del cuerpo receptor se marca como "crecimiento". De esta forma, si posteriormente el mismo cuerpo pivote es conexo-4 con otro cuerpo en la lista, la variable *intersección* (cuyo valor es distinto de cero) indicará una asignación preliminar del cuerpo pivote y, por lo tanto, debe existir o generarse una unión entre los dos cuerpos que resultaron conexos-4 con el cuerpo pivote. La relación que se genera es de *padre-hijo*. En la figura 3.3.3<sup>2</sup> se muestra una imagen con la que se ejemplifica este hecho:

<sup>2</sup>Ver apéndice A para la explicación de la notación de las figuras.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	1	0	1	0
3	0	1	0	1	0
4	0	1	1	1	0
5	0	0	0	0	0

Figura 3.3.3

La imagen está formada por un cuerpo y el análisis hasta el renglón 3 ha generado dos cuerpos en la lista:

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	0	b	0
3	0	a	0	b	0
4	0	1	1	1	0
5	0	0	0	0	0

- (a) ca [ 2][ 2], cp [ 2][ 2], [N], area = 2, per = 6, p = 0, h = 0  
 (b) ca [ 4][ 4], cp [ 4][ 4], [N], area = 2, per = 6, p = 0, h = 0

En el renglón 4 se localiza inicialmente el fragmento 4.1; se compara con la lista, y se determina que es conexo-4 con el cuerpo #a. El cuerpo #a asimila al cuerpo pivote y se actualizan los parámetros; el cuerpo #a se marca en "crecimiento", la variable PADRE toma el valor de #a y la variable intersección se incrementa en una unidad.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	0	b	0
3	0	a	0	b	0
4	0	a	a	a	0
5	0	0	0	0	0

- (a) ca [ 2][ 4], cp [ 2][ 2], [C], area = 5, per = 12, p = 0, h = 0  
 (b) ca [ 0][ 0], cp [ 4][ 4], [N], area = 2, per = 6, p = 0, h = 0

Se prosigue comparando el cuerpo pivote con el resto de la lista y se determina que también es conexo-4 con el cuerpo #b. Esto indica que se trata del mismo cuerpo, pero como el valor de intersección es distinto de cero, ya no es posible transferirlo al cuerpo #b. Por lo tanto, es necesario buscar si existe una relación ancestral entre el cuerpo #b y el cuerpo indicado por PADRE (#a); es decir, buscar el *adan*(PADRE) y el *adan*(#b). El *adan*(PADRE) es el mismo PADRE (#a) y el

adan(#b) es el mismo #b; como son distintos, se debe generar una relación entre PADRE y #b: se asigna que #b sea hijo del adan(PADRE), en este caso, #a. Asimismo, el cuerpo #b se marca en estado de "crecimiento".

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	0	b	0
3	0	a	0	b	0
4	0	a	a	a	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 2][ 4], cp [ 2][ 2], [C], area = 5, per = 12, p = 0, h = 1  
 (b) ca [ 0][ 0], cp [ 4][ 4], [C], area = 2, per = 4, p = a, h = 0

Al final del quinto renglón, se encuentra que los cuerpos #a y #b tienen un estado de "no crecimiento". Como existe una relación padre-hijo entre ambos cuerpos, se realiza su fusión para formar un solo cuerpo, con la consiguiente modificación de las propiedades.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	0	a	0
3	0	a	0	a	0
4	0	a	a	a	0
5	0	0	0	0	0

RESULTADO FINAL: un cuerpo

(a) ca [ 0][ 0], cp [ 2][ 4], [N], area = 7, per = 16, p = 0, h = 0

2) Un cuerpo en estado de "crecimiento" no puede asimilar al cuerpo pivote.

En una misma línea puede ocurrir que uno o más fragmentos diferentes localizados en ella se intersecten con un mismo cuerpo en la lista (cuerpo receptor). En este caso, el fragmento que se localizó primero habrá sido asignado al cuerpo receptor, que adquiere el estado 2 o de "crecimiento". Los fragmentos siguientes se dan de alta en la lista como cuerpos nuevos pero con la característica de ser hijos del cuerpo receptor; la variable PADRE toma el valor del índice del cuerpo receptor y la variable intersección se incrementa en una unidad. A su vez el cuerpo receptor se marca como padre de un número

correspondiente de hijos, sin importar en forma particular el número de cuerpo que corresponda a cada hijo. Este hecho se ejemplifica con la siguiente imagen, mostrada en la figura 3.3.4. Considerando que fuera una imagen completa, se observa únicamente un cuerpo.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	1	1	1	0
3	0	1	0	1	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

Figura 3.3.4

El análisis hasta el segundo renglón produce una lista con un cuerpo, el cuerpo #a.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	1	0	1	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 2][ 4], cp [ 0][ 0], [N], area = 3, per = 8, p = 0, h = 0

Al analizar el renglón 3, el reconocedor localiza el fragmento 3.1. El cuerpo pivote "nace" y recibe esta información. Al realizarse la comparación contra los cuerpos en la lista, se encuentra que es conexo-4 con el cuerpo #a. Hasta el momento la variable *intersección* tiene un valor de cero y el cuerpo #a tiene al comienzo del renglón un estado de "no crecimiento", por lo que el cuerpo pivote puede ser asignado al cuerpo #a. El carácter de éste pasa a un estado de "crecimiento"; la variable *intersección* se incrementa en una unidad y *PADRE* toma el valor de #a. Se realiza, además, la modificación de las propiedades. Al final de la comparación del cuerpo pivote contra todos los cuerpos de la lista, *intersección* y *PADRE* toman un valor de cero.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	a	0	1	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 2][ 2], cp [ 2][ 4], [C], area = 4, per = 10, p = 0, h = 0

El análisis en el renglón 3 continúa y se localiza el fragmento 3.2, la información del cual es asimilada por el cuerpo pivote. Se determina que es conexo-4 con el cuerpo #a; la variable *intersección* tiene un valor de cero, pero el cuerpo #a tiene un estado de "crecimiento", por lo que el fragmento 3.2 es colocado en la lista como un cuerpo nuevo e hijo del cuerpo #a.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	a	0	b	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 2][ 2], cp [ 2][ 4], [N], area = 4, per = 10, p = 0, h = 1

(b) ca [ 4][ 4], cp [ 0][ 0], [N], area = 1, per = 2, p = a, h = 0

En el renglón 4, el fragmento 4.1 es conexo-4 con el cuerpo #a, y el fragmento 4.2 es conexo al cuerpo #b.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	a	0	b	0
4	0	a	0	b	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 2][ 2], cp [ 2][ 2], [N], area = 5, per = 12, p = 0, h = 1

(b) ca [ 4][ 4], cp [ 4][ 4], [N], area = 2, per = 4, p = a, h = 0

Al final del quinto renglón, se encuentra que los cuerpos #a y #b tienen un estado de "no crecimiento". Como existe una relación *padre-hijo* entre ambos cuerpos, se realiza su fusión para formar un solo cuerpo, con la consiguiente modificación de las propiedades:

(a) ca [ 2][ 2], cp [ 2][ 2], [N], area = 7, per = 16, p = 0, h = 0

Si no existiera el hecho de un solo crecimiento por línea para

cada cuerpo, no se tomaría en cuenta la variable *intersección* y el fragmento 3.2 se asignaría al cuerpo #a con la consiguiente modificación de las coordenadas actuales del cuerpo receptor.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	a	0	a	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 4][ 4], cp [ 2][ 4], [N], area = 5, per = 12, p = 0, h = 0

Al analizar el renglón 4, se encontraría que el fragmento 4.1 no es conexo-4 con el cuerpo #a de la lista y, por consiguiente, se daría de alta como un cuerpo nuevo en la lista. Hacia el final del renglón 5, se darían de baja a los cuerpos independientes #a y #b, con lo que el análisis resultaría erróneo.

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	a	0	a	0
4	0	b	0	a	0
5	0	0	0	0	0

(a) ca [ 4][ 4], cp [ 4][ 4], [N], area = 6, per = 14, p = 0, h = 0

(b) ca [ 2][ 2], cp [ 0][ 0], [N], area = 1, per = 4, p = 0, h = 0

Habiendo analizado los dos hechos anteriores, el siguiente algoritmo de reconocimiento se realiza para todas y cada una de las líneas de la imagen:

1) Se localiza un cuerpo en la línea.

El cuerpo pivote "nace" y adquiere las propiedades y coordenadas del fragmento localizado en la línea. Las variables *intersección* y *PADRE* toman un valor de cero.

1.1) Para todo cuerpo  $L_i$  existente en la lista.

1.1.2) El cuerpo pivote es conexo-4 con el cuerpo  $L_i$ .

Existen dos posibilidades:

1.1.2.1) El número de intersecciones es cero.

Esto significa que este cuerpo pivote no ha sido asignado a

ningún cuerpo en la lista con anterioridad. En este caso, hay dos posibilidades:

1.1.2.1.1) El cuerpo  $L_i$  tiene un estado de "no crecimiento". El cuerpo  $L_i$  recibe por primera vez una asignación. El cuerpo pivote se fusiona al cuerpo  $L_i$  y este se marca en "crecimiento". El número de intersecciones se incrementa en una unidad y la variable PADRE toma el valor de  $L_i$ .

1.1.2.1.2) El cuerpo  $L_i$  tiene un estado de "crecimiento". Esto indica que el cuerpo  $L_i$  ya recibió una asignación en esa línea. Entonces, se crea un cuerpo nuevo en la lista,  $L_j$ , y se marca en "crecimiento". Se asigna el cuerpo  $L_i$  como padre del cuerpo  $L_j$ , y el contador hijos del cuerpo  $L_i$  se incrementa en una unidad. La variable global PADRE toma el valor de  $L_i$  y el número de intersecciones se incrementa en una unidad.

1.1.2.2) El número de intersecciones es distinto de cero.

Este caso implica que el cuerpo pivote fue asignado previamente a un cuerpo en la lista, específicamente, al indicado por la variable PADRE. Entonces se busca una relación ancestral entre el cuerpo  $L_i$  y el cuerpo PADRE. Existen dos posibilidades:

1.1.2.2.1) El  $adan(L_i)$  es igual al  $adan(PADRE)$ .

Dado que la relación existe, no se realiza ninguna modificación.

1.1.2.2.2) El  $adan(L_i)$  no es igual al  $adan(PADRE)$ .

Como la relación ancestral no existe, se debe generar. Entonces, se asigna a  $adan(L_i)$  como hijo de  $adan(PADRE)$ ; el parámetro hijos de  $adan(PADRE)$  se incrementa en una unidad y el parámetro padre de  $adan(L_i)$  toma el valor de

adan (PADRE).

1.2) El número de intersecciones es cero.

Si después de la comparación del cuerpo pivote contra toda la lista el número de intersecciones es cero, esto indica que el cuerpo pivote no fue conexo con ninguno de los cuerpos existentes en la lista. Entonces, se da de alta un nuevo cuerpo,  $L_j$ , con las propiedades y coordenadas del cuerpo pivote. El cuerpo  $L_j$  se marca en "crecimiento".

Al final de cada línea se analiza la lista de cuerpos. Los cuerpos existentes tendrán un estado de "crecimiento" o de "no crecimiento". Los cuerpos en estado de "crecimiento" son cuerpos que no han sido analizados totalmente. Los cuerpos en estado de "no crecimiento" son fragmentos o cuerpos cuyo análisis ya fue concluido. Sin embargo, es necesario revisar si dicho fragmento es un cuerpo completo o si tiene hijos o si tiene padre. Si es un cuerpo sin hijos y sin padre, se da de baja, se almacena la información en otro arreglo y se "limpia" el espacio desocupado. Para el caso de tener hijos o padre es necesario recorrer alguna de las siguientes opciones:

1) Fragmento por eliminar (fragmento final) con padre.

Se recorre la lista para localizar al padre del fragmento final. El cuerpo padre recibe la asignación del fragmento final, con la consiguiente modificación de las propiedades de geometría y familia. El parámetro *hijos* del cuerpo padre disminuye en una unidad, y el fragmento final desaparece si es que no tiene hijos. En ese caso, los hijos del fragmento final pasan a ser hijos del padre del fragmento final, por lo que es necesario modificar el parámetro *padre* de los hijos del fragmento final.

2) Fragmento por eliminar (fragmento final) con hijos.

Se recorre la lista para localizar al primer cuerpo que tenga la característica de ser hijo del fragmento final (*hijo\_de\_final*). El fragmento final es asignado a este cuerpo como hijo, modificando las propiedades de geometría y familia. El fragmento final desaparece, por lo que el cuerpo *hijo\_de\_final* ya no tiene padre. En caso de que existan más hijos del fragmento final, el cuerpo *hijo\_de\_final* es asignado como padre de esos cuerpos.

Por último, antes de analizar la siguiente línea de la imagen, se modifica el estado de los cuerpos existentes en la lista a uno de "no crecimiento". Asimismo, las coordenadas actuales pasan a ser las coordenadas pretéritas.

El proceso explicado se ejecuta para todas las líneas de la imagen. Al final de ella, el resultado es un arreglo de enteros con información de localización y geometría para cada uno de los cuerpos localizados. Este arreglo pasa a la sección de clasificación.

### III.3 CLASIFICADOR

#### III.3.1 ALGORITMO DE CLASIFICACION

En el proceso de clasificación, se calculan los parámetros de clasificación para cada cuerpo del arreglo proveniente del algoritmo de reconocimiento. Dichos parámetros se comparan contra valores preestablecidos para determinar la clase del cuerpo correspondiente. Asimismo, se implanta la generación de una imagen compuesta por rombos de colores que indica la localización de los cuerpos leídos por el reconocedor, así como el resultado de la clasificación.

##### III.3.1.1 Generación de los parámetros de clasificación

Los parámetros que se escogieron para el análisis de las imágenes biológicas son perímetro y área (ver sección I.5). Los resultados arrojados por el reconocedor de cuerpos conexos fueron analizados para

poder establecer el rango de validez de dichos parámetros. La elección del rango se ajustó de tal forma que los resultados de la clasificación realizada por el programa coincidieran con la clasificación realizada por un experto.

Como ya se mencionó en el capítulo II, las imágenes estudiadas están compuestas por cuatro tipos de cuerpos: núcleos, mitosis, cromosomas aislados y artefactos. De acuerdo a la geometría, los núcleos son cuerpos celulares de forma parecida a un círculo y de área semejante a la de las mitosis; un cromosoma aislado tiene un área muy inferior a la de un núcleo o una mitosis, pero mayor a la de un artefacto. Respecto al perímetro, una mitosis tiene un perímetro mucho mayor que el de un núcleo, y ambos a su vez mayor que el del resto de los cuerpos. De esta forma, se encontró que los núcleos y las mitosis con cromosomas interconectados tienen un área de por lo menos 3.2 veces el área promedio de los cromosomas; los cuerpos con un área inferior a la décima parte de ese promedio se consideraron artefactos. En el caso del perímetro, para cada cuerpo se calculó el perímetro correspondiente al círculo de área leída por el reconocedor:

$$A_{leída} = \pi * r^2$$

Despejando el radio :

$$r = (A_{leída} / \pi)^{\frac{1}{2}}$$

Sustituyendo:

$$P_{calculado} = 2\pi * r$$

$$P_{calculado} = 2\pi * (A_{leída} / \pi)^{\frac{1}{2}}$$

$$P_{calculado} = 2 * (\pi * A_{leída})^{\frac{1}{2}}$$

El perímetro calculado se comparó con el perímetro leído por el reconocedor, con el propósito de establecer que los cuerpos de mayor perímetro y con menor diferencia entre ambos perímetros fueran núcleos, y los de mayor diferencia, mitosis. Para ello, se estableció

la siguiente medida de comparación entre ambos perímetros:

$$e = \text{abs} \left( \left( \frac{P_{\text{calculado}} - P_{\text{leído}}}{P_{\text{calculado}}} \right) * 100 \right)$$

Dado que los núcleos no son exactamente círculos y, como se mencionó en la sección I.5, un círculo en geometría continua y uno en el caso digital no son exactamente lo mismo, tanto los núcleos como las mitosis van a presentar un porcentaje de error elevado. Se estableció que para los núcleos el error máximo permisible fuera 100% y, para las mitosis, cualquier porcentaje superior.

Tomando en cuenta lo anterior, para el parámetro de clasificación Área se tienen tres casos y para perímetro se tienen dos. Para cada cuerpo en el arreglo final se realiza lo siguiente:

- 1) Cálculo del perímetro del círculo de Área correspondiente al Área leída por el reconocedor.
- 2) Cálculo del error del perímetro calculado en el inciso 1 respecto al perímetro leído por el reconocedor.

### III.3.1.2 Clasificación de los cuerpos y despliegue.

Considerando el Área y el perímetro de cada cuerpo, y el error calculado, se determina la clase de cada cuerpo. Para cada una de ellas, se dibuja en pantalla un rombo de un color específico de cada clase, de eje horizontal correspondiente al ancho máximo del cuerpo y de eje vertical correspondiente a la altura del cuerpo. En el caso de las mitosis, la cuantificación total final de este ente celular queda determinada por la suma del Área de las mitosis y el Área de los cromosomas encontrados, dividida entre el Área máxima de los núcleos. El algoritmo de clasificación es el siguiente:

- 1) El Área es superior al límite #2.

En este caso, el cuerpo corresponde a un núcleo o una mitosis. Por lo tanto, es necesario considerar el perímetro:

1.1) *El perímetro es inferior al error tolerado.*

En tal caso, el cuerpo corresponde a un núcleo. Se pinta en pantalla un rombo de color núcleo y el contador de núcleos se incrementa en una unidad. Asimismo, se determina si el Área del cuerpo leído corresponde a un máximo respecto a las Áreas leídas hasta ese momento.

1.2) *El perímetro es superior o igual al error tolerado.*

Esto significa que el cuerpo leído corresponde a una mitosis. Se pinta en pantalla un rombo correspondiente a color mitosis y se incrementa el contador del Área total de mitosis.

2) *El Área es inferior al límite #2.*

En este caso hay dos posibilidades:

2.1) *El Área es superior al límite #1.*

Ello implica que el cuerpo leído corresponde a un cromosoma. Se pinta en pantalla un rombo de color cromosoma y se añade el Área del cuerpo al contador del Área total de mitosis.

2.2) *El Área es inferior al límite #1.*

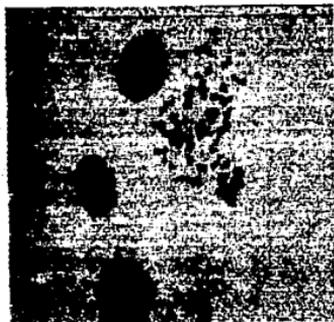
Esto significa que el cuerpo leído corresponde a un artefacto. Para este cuerpo, se pinta un rectángulo color artefacto si el Área se encuentra entre los valores de 1 y límite #1 y, si el Área vale uno, se pinta solo un punto color artefacto.

Esto se realiza para cada cuerpo en el arreglo. Al final del algoritmo de clasificación, se despliega en pantalla el número total de núcleos y mitosis. Este último valor se determina al dividir el Área total de mitosis entre el Área máxima de los núcleos.

#### IV. LECTURA DE UNA IMAGEN REAL

Con el propósito de conocer la veracidad y precisión del programa desarrollado, se utilizó una laminilla, preparada como se indica en el capítulo II, con el fin de seleccionar dos campos diferentes de la misma en los que se pudiera apreciar, a través de la observación directa por medio del microscopio, la presencia definida de núcleos y conjuntos de cromosomas. Las imágenes fueron seleccionadas y analizadas por un experto<sup>1</sup>. El reporte del experto indicó que en el primer campo seleccionado se identificaban claramente tres núcleos y una mitosis; asimismo, que el segundo campo estaba constituido por siete núcleos y tres mitosis.

<sup>1</sup> Las imágenes fueron tomadas de un microscopio con 100\*63 X.



A

IMAGEN ORIGINAL



B

IMAGEN GENERADA

MITOSIS=1

NUCLEOS=3

figura 4.1

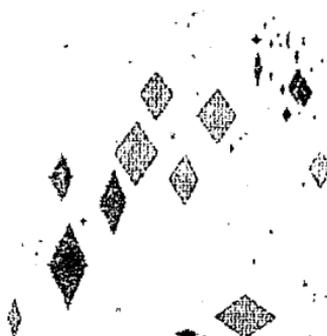
En la figura 4.1 (A) se presenta la imagen original binaria del primer campo, y en la 4.1 (B) la imagen generada por el programa. En la primera imagen se observa claramente la presencia de tres núcleos, que se identifican por una figura oscura, relativamente circular, con cierto alargamiento; el núcleo que se encuentra hacia el ángulo inferior izquierdo está incompleto. Asimismo, se observa la presencia

de una mitosis, que se distingue por la aglomeración de cuerpos pequeños y alargados. Puede apreciarse que la imagen generada corresponde exactamente a esta descripción.



A

IMAGEN ORIGINAL



B

IMAGEN GENERADA

MITOSIS=3

NUCLEOS=7

Figura 4.2

De la misma forma, en la figura 4.2 (A) se presenta la imagen que corresponde al segundo campo, y en la 4.2 (B) la imagen generada por el programa. Se observa la presencia de siete núcleos y tres mitosis. Los núcleos que se localizan hacia el ángulo inferior derecho y en el

Ángulo inferior izquierdo, están incompletos. La mitosis que se encuentra en el ángulo inferior izquierdo resulta de la sobreposición de los cromosomas que la constituyen. La imagen generada por el programa (4.2 B) es una réplica satisfactoria de la imagen original. Como puede apreciarse estas imágenes corresponden exactamente a los resultados de la lectura realizada por el experto a través de la observación directa.



A

IMAGEN ORIGINAL



B

IMAGEN GENERADA

CUERPOS = 1

Figura 4.9

Por otro lado, también se consideró importante probar la capacidad del programa para identificar cuerpos de formas irregulares

y caprichosas. Dichos cuerpos fueron diseñados por medio de un programa de computación creado específicamente para ello. La figura 4.3 (A) muestra la primera imagen, que en conjunto describe una espiral de trazo rectilíneo. También incluye la imagen 4.3 (B) generada por el programa, la cual es un rombo que representa el número de cuerpos identificados por el reconocedor, trazado en función de la altura y anchura máxima de la espiral.



A

IMAGEN ORIGINAL



B

IMAGEN GENERADA

CUERPOS=3

figura 4.4

La figura 4.4 (A) presenta una imagen original constituida por tres líneas de curso muy irregular y mezcladas. El programa generó

una imagen (4.4 B) constituida por tres rombos que corresponden a los tres cuerpos de la imagen original.



A

IMAGEN ORIGINAL



B

IMAGEN GENERADA

CUERPOS = B

figura 4.5

En la figura 4.5 (B) puede apreciarse que el reconocedor identificó correctamente los cuerpos que conforman la imagen original 4.5 (A).

Los resultados de esta comparación preliminar son altamente satisfactorios; sin embargo, se considera absolutamente indispensable llevar a cabo un estudio piloto y paralelo, utilizando un número

elevado de imágenes reales (laminillas), en el que puedan compararse, bajo condiciones experimentales muy estrictas, los resultados de la observación directa y los objetos encontrados por medio del programa motivo de este trabajo de tesis.

Por otro lado, también es necesario realizar un estudio comparativo seleccionando imágenes poco nítidas, que por la presencia de artefactos de diversos tamaños y formas signifiquen dificultades de interpretación y alteraciones de los resultados de las lecturas automatizadas.

Sólo un análisis de esta naturaleza podrá establecer la validez y utilidad del programa desarrollado. Si los resultados son satisfactorios, deberán contemplarse de inmediato sus aplicaciones en otros campos de la investigación científica, particularmente en la biomédica.

## V. CONCLUSIONES

1. Se diseñó y desarrolló un programa para el reconocimiento y clasificación de patrones en imágenes digitales aplicado al campo de la genética; específicamente, que fuera capaz de identificar algunas de las fases más significativas del ciclo celular. Se consideró que un programa de tal naturaleza facilitaría el estudio de los efectos citostáticos de los fármacos anticancerosos que actualmente se desarrollan en la UNAM.

2. El diseño del reconocedor de patrones se fundamentó en el concepto de conectividad-4; el del clasificador, se basó en la distribución de clases de acuerdo a rangos de los parámetros empleados (área y perímetro).

3. Una vez desarrollado, y con el fin de verificar su capacidad de reconocer y clasificar imágenes, se hizo un estudio comparativo entre la lectura directa (experto) y los datos obtenidos a través del programa utilizando un número pequeño de imágenes.

4. Se encontró que el programa fue capaz de identificar y distinguir núcleos, mitosis, cromosomas y artefactos. Los datos generados por el programa fueron equivalentes a los reportados por el experto.

5. Se concluyó que los resultados fueron altamente satisfactorios; sin embargo, se consideró que es indispensable llevar a cabo un estudio piloto y paralelo, utilizando un número elevado de laminillas, en el que puedan compararse, bajo condiciones experimentales muy estrictas, los resultados de la observación directa y los objetos encontrados por medio del programa motivo de este trabajo de tesis.

6. También se consideró necesario realizar un estudio comparativo seleccionando imágenes poco nítidas, que por la presencia de artefactos de diversos tamaños y formas signifiquen dificultades de

interpretación y alteraciones de los resultados de las lecturas automatizadas.

7. Se estima que el análisis de un número elevado de imágenes permitirá el estudio estadístico de las diferentes poblaciones. Tal estudio tendría como propósito principal el conocer la distribución de las diversas propiedades para cada una de las poblaciones. Dicho conocimiento permitirá la selección de diversos parámetros, tales como Área, perímetro, compacidad, altura, anchura, etc. Una de las finalidades de este estudio propuesto sería afinar el proceso de clasificación.

8. Sólo un análisis de esta naturaleza podrá establecer la validez y utilidad del programa desarrollado. Si los resultados son satisfactorios, deberán contemplarse de inmediato sus aplicaciones en otros campos de la investigación científica, particularmente en la biomédica.

9. En el caso de la ingeniería química, también es posible encontrar problemas donde pueda aplicarse el programa desarrollado. Una comunicación con expertos para realizar la exposición del funcionamiento del programa generaría diversas posibilidades. Un área donde es probable que se identifique una aplicación importante es en control de calidad; específicamente, en algún proceso donde se requiera el análisis del tamaño de los elementos de la producción.

10.- Se considera que los elementos antes descritos pueden ser fundamento para el desarrollo de un sistema de reconocimiento de patrones.

## VI. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- 1) J.K Aggarwal, R.O. Duda y A. Rosenfeld (Eds.), "Computer Methods in Image Analysis," IEEE Press, New York, 1977.
- 2) K.R. Castleman, "Digital Image Processing," Prentice-Hall Inc., New Jersey, 1979.
- 3) A.G. Gilman, L.S. Goodman y A. Gilman, "The Pharmacological Basis of Therapeutics," Mac Millan, New York, 6<sup>th</sup> edition, 1980.
- 4) R. González y M. Thomason, "Syntactic Pattern Recognition. An Introduction," Addison Wesley Publishing Co., 1978.
- 5) HPB2960 Graphics Controller, Programmer's Reference Manual, Hewlett Packard, 1986.
- 6) R. López, F. Díaz-Barriga, R. Cano, S. Arias, "Biología Celular. Aspectos Fundamentales," Alhambra Mexicana, México, 1986.
- 7) A. Rosenfeld y A. Kak, "Digital Picture Processing," Academic Press, New York, 1976.
- 8) J.S Weszka, A Survey of Threshold Selection Techniques, *Computer Graphics and Image Processing*, 7: 255-265 (1978).

ESTA TESIS NO DEBE  
SALIR DE LA BIBLIOTECA

## VII. APENDICE A

A continuación se proporciona la explicación de la notación empleada en las figuras de la sección de desarrollo (III).

Las figuras son de la siguiente forma:

	1	2	3	4	5
1	0	0	0	0	0
2	0	a	a	a	0
3	0	1	0	1	0
4	0	1	0	1	0
5	0	0	0	0	0

fragmento 2.1

(a) ca [ 2] [ 4], cp [ 0] [ 0], [ N], area = 3, per = 8, p = 0, h = 2

Al hacer referencia a un fragmento en la imagen se emplea el número del renglón donde se localiza y un número que indica su posición secuencial con respecto a otros fragmentos encontrados en ese renglón. Así, el *fragmento 2.1* se refiere al primer fragmento del segundo renglón.

Los números en letra pequeña (*1,2,3,4,5*) indican el número de renglón o de columna correspondiente, ya sea que se encuentren en forma vertical u horizontal, respectivamente.

Las imágenes son binarias, lo que está indicado por los dos tonos de gris que presentan los pixels : 0's y 1's.

El análisis sobre un renglón y en particular sobre un fragmento, se indica con la transformación de la secuencia de 1's en una secuencia de letras (*a,b,...,z*). Ello también es índice de que el fragmento analizado ha pasado a formar parte de la lista de cuerpos. Dicha lista será indexada en el orden en que fueron localizados los cuerpos; en este caso, en orden alfabético.

La sección inferior de las figuras son una representación de la lista de cuerpos. La letra en negritas hace referencia al cuerpo.

La sección

ca [ 2][ 4], cp [ 0][ 0]

hace referencia a las coordenadas actuales (ca) y a las coordenadas pretéritas (cp) del cuerpo. El primer número entre corchetes para cada par de coordenadas corresponde al parámetro de localización *x inicial*, y el segundo número al parámetro *x final*. Vale la pena recordar que las coordenadas pretéritas son las coordenadas con las que se determina si dos cuerpos son conexos o no.

La letra entre corchetes indica el estado en que se encuentra el cuerpo:

N : no crecimiento

C : crecimiento

La sección  $area = 3$  y  $per = 8$  se refiere al área y al perímetro del cuerpo.

La sección  $p = 0$  hace referencia al campo *padre*. Si su valor es 0, indica que el cuerpo no tiene padre; si su valor es distinto de 0, indica la letra correspondiente al cuerpo padre.

La sección  $h = 0$  hace referencia al campo *hijos*. Si su valor es 0, indica que el cuerpo no tiene hijos. Si es distinto de 0, indica el número de hijos del cuerpo.

Finalmente, es necesario remarcar que al final del recorrido de un renglón, el valor de las coordenadas actuales se transfiere a las coordenadas pretéritas; las actuales quedan con un valor de cero. Asimismo, el estado de todos los cuerpos pasa a ser de no crecimiento.