

Descriptores basados en combinaciones lineales de polinomios de Jacobi aplicados en la caracterización de melanoma, comparados estadísticamente con los momentos de Hu

Damián A. Sánchez-Trasgallo, Martín Carpio, R. Montero, Luis E. Mancilla Espinoza, Miguel A. Casillas Araiza

División de Estudios de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico de León, León, Guanajuato, México

damian.trasgallo@gmail.com, jmcarpio61@hotmail.com, raul.santiago@itleon.edu.mx, lmancilla01@hotmail.com, mcasillasa@prodigy.net.mx

Resumen. El presente trabajo describe una metodología encaminada a la caracterización de las lesiones cutáneas según su contorno, mediante combinaciones lineales de polinomios de base radial. Esta metodología es contrastada con los Momentos de Hu mediante un proceso de clasificación donde se emplean los clasificadores Distancia Mínima, KNN, Naive Bayes y CAP. Posteriormente estos porcentajes de clasificación son comparados mediante la prueba estadística no paramétrica de suma de rangos con signo de Wilcoxon.

Palabras clave: Metodología de caracterización, polinomios de base radial, melanomas, clasificación, momentos de Hu, prueba estadística no paramétrica de suma de rangos con signo de Wilcoxon.

1. Introducción

Es importante detectar lesiones cutáneas del tipo melanoma en una etapa temprana, ya que son una clase de tumor maligno cancerígeno altamente letal en fases avanzadas que produce metástasis y son muy resistentes a la quimioterapia. Los melanomas suelen ser confundidos con verrugas, hongos, hematomas, entre otros, lo cual dificulta su correcto diagnóstico y son altamente curables en fases tempranas. Existe la metodología no invasiva ABCDE (A = Asimetría, B = Borde irregular, C = Coloración irregular, D = Diámetro mayor a 6 mm. y Evolución) para la detección de melanomas. Aunque por estas características se sospecha que el melanoma es maligno, ninguna de ellas, ni la combinación de ellas, puede fortalecer la sospecha de que el melanoma es maligno y es necesario hacer una revisión del tejido cutáneo extirpado en el laboratorio [1].

Para diagnosticar un melanoma de entre una serie de lesiones cutáneas, se representa cada una de las muestras como un *vector de características* [5] como se muestra en la expresión 1 :

$$(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \quad (1)$$

Donde cada característica del vector es obtenida por un descriptor. Éstos patrones posteriormente son clasificados y asignados a una clase.

las **características** son todos los atributos que describen un objeto y un **descriptor** es una medida que nos permite cuantificar ciertas características de los objetos. Un **patrón** es un conjunto de entidades que comparten características que las diferencian de otras, se agrupan en **clases** y es representado por un **vector de características**. Un **clasificador** es un subsistema que utiliza un vector de características de la entidad cuantificable y posteriormente lo agrupa en una de las clases [4]. En el caso de una lesión cutánea la circularidad y compacidad son ejemplos de descriptores [3] [5].

Existen descriptores basados en los momentos invariantes de Hu [26], momentos de Zernike [2], momentos de chebyshev [2] [27], entre otros. Estos descriptores mencionados se calculan empleando la **región de interés** que ocupa una lesión cutánea en una imagen digital, esto en un espacio discreto. Mientras que la metodología propuesta trabaja con el contorno de la región y posteriormente se trabaja en un espacio continuo. Esta elección del espacio continuo, busca caracterizar el contorno de cada muestra cutánea.

Las formaciones cutáneas a clasificar son representadas mediante polinomios de base radial, entre los que se incluyen los de Zernike, Jacobi, Chebyshev [6]. Esta representación es posible utilizando el método de Gram-Schmidt dual [7]. A partir de esta idea, es posible generar descripciones de las muestras cutáneas y posteriormente realizar el proceso de clasificación.

La importancia de ésta representación radica en los siguientes puntos: **(a)** Los polinomios de base radial son de naturaleza ortogonal. **(b)** La ortogonalidad proporciona una combinación lineal de polinomios no redundantes, ya que su construcción no es dependiente de otros términos calculados [2].

Las aportaciones de la metodología propuesta son: **(a)** Caracterizar contornos mediante Combinaciones Polinomiales de Base Radial empleando la metodología de Gram-Schmidt dual de los cuales es posible extraer características tales como área, perímetro, compacidad, combinación polinomial y grado polinomial de ajuste. **(b)** La metodología aquí expuesta no solo es aplicable en la caracterización de melanomas, es aplicable en la caracterización de contornos cerrados. **(c)** Presentar un análisis estadístico de la metodología propuesta evaluándola contra los momentos de Hu empleando la prueba estadística no paramétrica de suma de rangos con signo de Wilcoxon.

Los alcances y limitaciones del presente trabajo son: **(a)** Se busca caracterizar una lesión cutánea mediante su contorno y obtener una descripción de B = Borde irregular del ABCDE en el diagnóstico de un melanoma. **(b)** No se consideran en este trabajo las descripciones de A = Asimetría, C = Coloración, D = Diámetro y E = evolución. **(c)** El proceso de clasificación evalúa los descriptores obtenidos mediante los momentos de Hu y la metodología propuesta solamente en el caso biclase, donde se clasifica cada patrón en dos posibles clases: melanoma ó lesión cutánea.

El presente texto está organizado de la siguiente manera: En la sección 2 se habla de la metodología propuesta para obtener los descriptores, en la sección 3 se mencionan los momentos invariantes de Hu, en la sección 4 se comenta sobre la etapa de clasificación y sobre los parámetros necesarios para cada clasificador, en la sección 5 se muestran los experimentos y resultados obtenidos y en la sección 6 se muestran las conclusiones del escrito.

1.1. Estado del arte

Por el lado de los descriptores de forma básicos, son conocidos los de área perímetro, circularidad y compacidad [3][5], los cuales son extraídos de las regiones de interés en imágenes digitales previamente procesadas. Otro tipo de descripciones empleadas para la extracción de características son los códigos de cadenas, mediante los cuales es común implementar los descriptores de Fourier de manera más eficiente que una representación matricial extraída de una imagen digital [8]. Otras técnicas ampliamente conocidas son las basadas en Momentos, de los cuales algunos de ellos son los Momentos Invariantes de Hu, Momentos de Zernike y Momentos de Chebyshev [27], y en [2] se muestran las fortalezas e implicaciones de los 3 tipos de Momentos mencionados. También en [9] se muestran un análisis sobre la invariancia de los Momentos de Zernike aplicado como descriptores de forma. En los trabajos donde se aborda el reconocimiento de melanomas se encuentra [10] donde aborda el tema de la segmentación de imágenes y muestra un comparativo de clasificaciones. En [11] se hace uso de redes neuronales y usando descriptores para el índice de irregularidad, asimetría y color. En [17] se presenta El uso de momentos de Zernike de orden 32 para caracterizar y clasificar mamografías.

2. Metodología

La metodología propuesta para el cálculo de los descriptores se muestra en la figura 1, la descripción de los procesos generales se mencionan a continuación.

2.1. Imágenes

Es la base de datos que consta de imágenes de lesiones cutáneas. La metodología requiere que cada *muestra* de lesiones cutáneas sea previamente binarizada, simplificando las regiones de interés en color negro sobre un fondo blanco. Cada muestra será sometida a la metodología que se describe en esta sección

2.2. Extracción del contorno

De cada muestra binaria se extrae el contorno de la región de interés representada por píxeles negros. Este Proceso es realizado bajo la métrica de conectividad 4 [19]. En la figura 2 se muestra en (a) la región binaria de una lesión cutánea, y posteriormente en (b) se muestra el contorno extraído de la región.

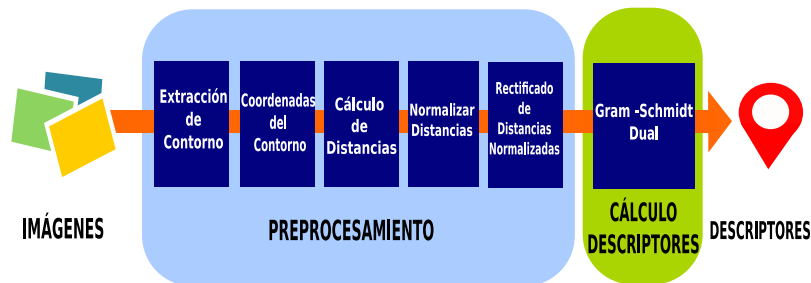


Fig. 1. Fases para obtener los Descriptores según la metodología propuesta.

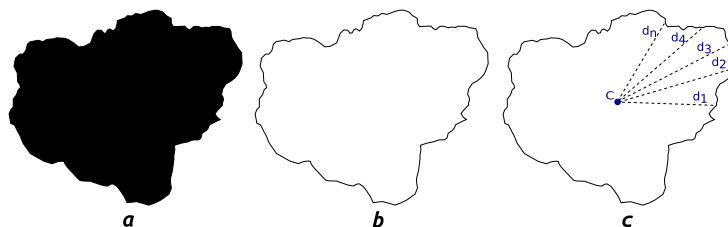


Fig. 2. Proceso de obtención del contorno de una imagen digital binarizada. (a) Región de lesión cutánea. (b) Contorno de Lesión cutánea. (c) Cálculo de distancias del centroide a cada píxel que conforma el contorno.

2.3. Creación de coordenadas a partir del contorno

Por cada muestra se interpreta cada píxel $pix(x, y)$ como una coordenada (x, y) . Una imagen se representa como una matriz de píxeles discretos con posición (x, y) cuyos valores x y y son enteros positivos. Para esta fase se procedió de la siguiente manera:

1. Se localiza aproximadamente el píxel central de la imagen digital.
2. Se busca el primer píxel $pix_1(x, y)$ del contorno que se encuentra a la derecha del píxel central previamente encontrado y se crea la coordenada (x, y) correspondiente.
3. Se identifican sucesivamente todos los píxeles $pix_n(x, y)$ en sentido antihorario a partir del primer píxel identificado del contorno y se genera para cada píxel la coordenada (x, y) correspondiente. Dos posibles alternativas para lograr esta fase, pueden ser el algoritmo de Papert [15] o alguna técnica de búsqueda Heurística [16].

Al final de este proceso se tiene una serie de coordenadas (x, y) que representan el contorno de la lesión cutánea.

2.4. Cálculo de distancias

Por muestra se calcula el **centroide** $C(c_x, c_y)$ de las coordenadas del contorno como se observa en las fórmulas descritas en 2:

$$c_x = \sum_{i=1}^N \frac{x_i}{N} \quad c_y = \sum_{i=1}^N \frac{y_i}{N} \quad (2)$$

Donde x_i y y_i son respectivamente los valores x y y de las coordenadas del contorno, y N el número de coordenadas (x, y) . En la figura 2 en (c), se ilustra cómo se calcula la distancia del centroide a cada píxel del contorno. Posteriormente se calcula la Distancia euclidiana desde el centroide $C(c_x, c_y)$ a cada coordenada $P(p_x, p_y)$ duplicando la primera coordenada al final de las mismas, para que las coordenadas representen un contorno cerrado. La fórmula 3 corresponde a la distancia euclidiana d .

$$d(C_{x,y}, P_{x,y}) = \sqrt{(c_x - p_x)^2 + (c_y - p_y)^2} \quad (3)$$

La representación final de estas distancias d son el contorno observado desde un plano x, y . Esta representación es conocida como **signatura ó perfil centroidal** [12], y es equivalente a cortar, en sentido figurado, el borde de la lesión cutánea y extenderlo en el plano x, y pero conservando sus irregularidades. Esta idea puede apreciarse en la figura 3 donde en (a) se muestran graficadas las alturas de las distancias d obtenidas y se aprecia la forma de la representación de perfil centroidal.

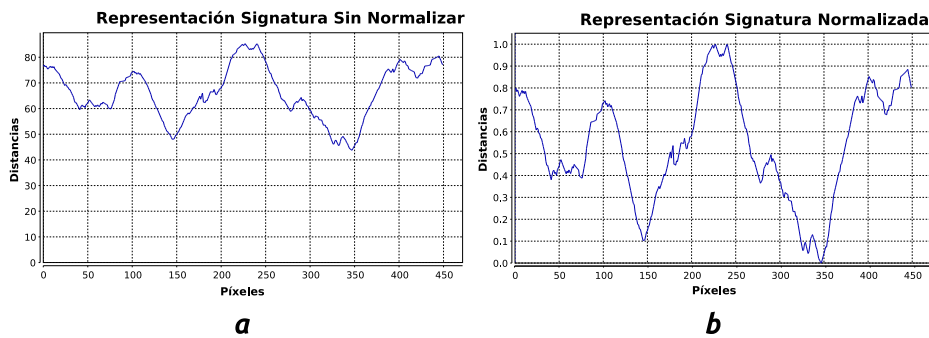


Fig. 3. Representación de *perfil centroidal* ó *signatura* de una lesión cutánea. (a) Representación sin normalizar alturas. (b) Representación con alturas normalizadas en el rango $[0, 1]$.

2.5. Normalización de distancias

Es necesario normalizar las alturas d de cada muestra en el rango $[0, 1]$ para obtener la invariancia de escala entre las muestras de lesiones cutáneas a realizar. El cálculo para esta normalización está en la fórmula 4.

$$d = \frac{d_i - d_{min}}{d_{max} - d_{min}} \quad (4)$$

Donde d es la distancia normalizada, d_i es la distancia a normalizar, d_{max} y d_{min} son respectivamente las distancias máxima y mínima de la serie de distancias d analizadas. En la figura 3 se muestra en (b) las distancias de la representación signatura normalizadas.

2.6. Rectificación de las distancias d de la representación del perfil centroidal

Si las distancias normalizadas de cada muestra son operadas con la metodología de Gram-Schmidt dual, se presentara el fenómeno de Gibbs ocasionando que los grados de ajuste obtenidos con la metodología sean elevados y costosos de calcular computacionalmente. Para evitar este problema se propone la rectificación de la representación del perfil centroidal.

Para hacer equitativa esta rectificación en todas las muestras, se aplica el rectificado determinando una ventana de filtrado, donde el tamaño de esta ventana es proporcional al número de distancias d que representan el contorno de una lesión cutánea, esta proporción ésta expresada en 5.

$$p = \frac{r}{h} \quad (5)$$

Donde p es el **tamaño de clase** y representa la cantidad de datos que componen el tamaño de la ventana de filtrado. r es el intervalo de variación de las distancias d que componen un *perfil centroidal* y lo llamaremos **rango**, donde $r = (d_{max} - d_{min})$. h es el **número de clase** y hace referencia a la cantidad de segmentos en que puede ser dividido el total de las distancias d del contorno. Esta forma de nombrar a las variables de la expresión 5 tienen sentido en un contexto estadístico, donde empleando la regla de Scott [14] es posible determinar el tamaño de ventana buscado. Esto queda formulado en la expresión 6.

$$p = \text{valor entero} \left[\frac{d_{max} - d_{min}}{3,5 s} \right] \sqrt[3]{n} \quad (6)$$

Donde d_{max} y d_{min} son respectivamente el valor máximo y mínimo de los datos a analizar, y estas dos variables representan el rango de las distancias d . S es la desviación estándar de las distancias d y n es la cantidad de distancias d que modela un contorno.

La expresión 6 proporciona el número de distancias d a operar en cada *perfil centroidal*. Se cuida que el tamaño de ventana sea impar para poder calcular la

mediana entre los números que se encuentran en la ventana previamente fija y sustituir el valor central por la *mediana*. Éste paso se aplica a todos los datos desde el primero hasta el último. Estas operaciones se realizan en un espacio Toroidal, para garantizar la rectificación a todos los datos.

2.7. Cálculo de descriptores mediante Gram-Schmidt dual

Cada conjunto de distancias rectificadas que representan el perfil centrolidal de cada muestra, son ingresados uno por uno en la metodología propuesta para obtener los descriptores empleados en este escrito. La metodología del Gram Schmidt dual funciona a grandes rasgos, como una técnica basada en ajustes de datos [20]. Esta metodología trabaja mediante el proceso de ortogonalización de Gram-Schmidt, el cual es empleado para crear una base ortogonal sobre los perfiles centroidales ingresados a la metodología y después desde esa base creada, intenta regresar y ajustarse a los datos ingresados inicialmente. Esta técnica es capaz de operar polinomios ortogonales, tales como Jacobi, Zernike, Chebyshev, entre otros. Durante el proceso de esta técnica, se va proponiendo una combinación polinomial de grado n que se ajuste a los datos ingresados al cálculo, esto de maneja iterativa. Durante cada iteración, el grado polinomial propuesto inicia en $g = 0$, el grado propuesto va incrementándose durante cada iteración y se detiene hasta que cumple un error de paro. El instrumento para determinar el paro es el error cuadrático medio (ECM) y se muestra en la expresión 7. El valor sugerido mediante experimentos preliminares para el error de paro fue seleccionado como $error = 0,00999$. en [20] se muestra la metodología y el modelado formal de la técnica de Gram-Schmidt dual.

$$ECM(g) = \sqrt{\frac{\sum_{i=0}^n w(d_i)[f(d_i) - f'(d_i)]^2}{n - g}} \quad (7)$$

Donde $w(d_i)$ es el peso w calculado para cada distancia, a estos pesos pueden asignarseles el valor de 1 para una evaluación donde se desprecia el peso w . $f(d_i)$ es la combinación polinomial de ajuste propuesto por la metodología en cada grado, $f'(d_i)$ son las distancias que representan un contorno y se buscan ajustar mediante la combinación polinomial propuesta por $f(d_i)$ en cada grado, n es el número distancias que componen el contorno a ajustar y g es el grado polinomial $g = 0, 1, 2, \dots, grado$.

2.8. Descriptores obtenidos del proceso

Para obtener los descriptores mediante la metodología de Gram-Schmidt dual es necesario asignar valores a los parámetros α , β en los polinomios de Jacobi [6]. En el presente trabajo se emplearon los siguientes: $\alpha = -0,5$, $\beta = -0,5$, $error\ de\ paro = 0,00999$. Los parámetros se emplean en la expresión 8.

$$f(d) = \sum_{j=0}^g a_j P_j^{(\alpha, \beta)}(d), \quad \alpha, \beta > -1 \quad (8)$$

En la expresión 8 se muestra la combinación polinomial de los coeficientes a_j y los polinomios de Jacobi $P_j^{(\alpha, \beta)}(d)$, donde $j = 0$ hasta $g = \text{grado del ajuste}$.

Los descriptores obtenidos para cada muestra de lesiones cutáneas mediante Gram-Schmidt dual son los siguientes:

1. **Combinación polinomial.** Están descritas por la expresión 8 que se desarrolla hasta el número del mejor grado de ajuste. El número de términos de un ajuste de grado g sera de $g + 1$, esto porque el grado 0 también se toma en cuenta.
2. **Grado polinomial.** Es el grado que alcanza el ajuste mediante la metodología.
3. **Área.** Es obtenido mediante la integración de las combinaciones lineales polinomiales obtenidas de la expresión 8. En la expresión 9 se muestra la fórmula A a integrar. Esto puede realizarse de manera numérica con métodos de integración como los son el método compuesto ó Romberg [21].
4. **Perímetro.** Se calcula con la integral de línea donde la función a integrar es la combinación polinomial obtenida con el método. En la expresión 9 se muestra la fórmula de la integral de línea P [31].
5. **Compacidad clásica.** Se encuentra en [3] y es calculada conociendo los valores de área y perímetro. Esta descrita como C en la expresión 9.

$$A = \int_a^b f(d) dd, \quad P = \int_a^b \sqrt{1 + f'(d)^2} dd, \quad C = P^2/A \quad (9)$$

3. Comparativa entre descripción propuesta y momentos de Hu

La metodología propuesta para caracterizar los contornos de una lesión cutánea, es comparada con los momentos de Hu, esto porque ambas técnicas son similares en cuanto a la invariancia de traslación y escala.

3.1. Momentos de Hu

Los momentos de Hu [19] se emplean para contrastar la metodología desarrollada. Estos momentos son calculados directamente de la región de píxeles que es el área de interés. Para poder calcular estos momentos es necesario primeramente calcular los momentos invariantes [25], posteriormente calcular los momentos centrales [19] o trasladar la región de interés al origen, que es equivalente al cálculo de los momentos centrales. Después se calculan los momentos centrales normalizados [30]. Tras haber obtenido estos cálculos, con los momentos de orden 2 y 3 son calculados los siete momentos invariantes a traslación, rotación y escala propuestos por Hu [26].

4. Etapa de clasificación

En esta fase, se emplean los clasificadores supervisados de Distancia Mínima [22], KNN [22], Naive Bayes [23] y CAP [24] para poder evaluar el índice de aciertos obtenidos. Los clasificadores supervisados pueden conceptualizarse en dos etapas:

1. **Entrenamiento.** Se seleccionan aleatoriamente un número proporcional de patrones por clase para el entrenamiento de cada clasificador. Para la generación aleatoria de los números se emplea la técnica descrita en [29].
2. **Clasificación.** Cada patrón no seleccionado para el entrenamiento es sometido a evaluación y se determina la clase de pertenencia. Los aciertos o fallos de la clasificación se contabilizan mediante la matriz de error [13].

Sobre los clasificadores empleados se hacen las siguientes observaciones:

1. En el caso de los clasificadores Distancia mínima y CAP, son de naturaleza binaria donde se evalúan dos clases.
2. En el caso de KNN y Naive Bayes, son clasificadores multiclase, es decir, admiten en sus evaluaciones más de dos clases.
3. El clasificador Naive Bayes es de naturaleza probabilística ya que evalúa la probabilidad de pertenencia de un patrón a clasificar a una clase.
4. El clasificador KNN se evalúa asignando un valor a k entero, mayor a cero e impar. KNN agrupará un patrón entrante a una clase cuando se contabilicen los k vecinos más cercanos a una clase y se emplea con los valores $k = 1, 3, 5$.

5. Experimentos y resultados

En esta sección se presentan los experimentos y resultados obtenidos, así como el análisis estadístico de la metodología propuesta y los momentos de Hu.

5.1. Base de datos empleada

La base de Datos consta de 30 muestras de tipo Lesión Cutánea y 40 muestras diagnosticadas como melanoma, y fue tomada de [18] donde las imágenes ya se encontraban segmentadas y binarizadas aplicando los siguientes filtros: filtro Gaussiano, conversión a escala de grises y segmentación por algoritmo Otsu.

5.2. Definición de experimentos

La descripción de la formulación del experimento se muestra a continuación.

1. Son calculados los descriptores para todas las muestras de imágenes de lesiones cutáneas, para la metodología del Gram-Schmidt dual y los momentos de Hu. Los vectores característicos de la metodología contienen cuatro características: grado polinomial, área, perímetro, compacidad clásica. Los vectores de los momentos de Hu contienen siete características.

2. Ya que se tienen los vectores de características para cada imagen como se muestra en la expresión 1, se emplean los vectores en la fase de clasificación donde son evaluados. En la tabla 1 se pueden observar los parámetros empleados en cada clasificador.

Tabla 1. Parámetros para los clasificadores empleados.

Clasificador	% Patrones entrenamiento	Repeticiones	k
D-Min	40 %	100	N/A
KNN	40 %	100	1, 3, 5
Navie Bayes	40 %	100	N/A
CAP	40 %	100	N/A

3. En la tabla 2 se reportan los porcentajes de la precisión total de aciertos de las clasificaciones. Éste cálculo es obtenido de la matriz de confusión [13].
4. Se aplica el análisis estadístico no paramétrico de suma de rangos con signo de Wilcoxon, donde se comparan los porcentajes generales de aciertos para los resultados de las clasificaciones en la metodología propuesta y los momentos de Hu.

5.3. Resultados

Los resultados de evaluar la metodología propuesta y los momentos de Hu se presentan en la tabla 2. Los parámetros empleados para cada clasificador esta descrito en la sección 5.2.

Los resultados aquí mostrados se obtuvieron de la siguiente manera: **(a)** Se calcularon los descriptores y se crearon los vectores de características para los momentos Hu y la metodología propuesta empleando cada una de las 70 muestras de la base de datos de imágenes. **(b)** Por cada clasificador empleado se tomo aleatoriamente el 40 % de los patrones de las dos clases (melanoma y lesión cutánea) para realizar la fase de entrenamiento de cada clasificador. Los patrones de las dos clases que no se usaron en la fase de entrenamiento se emplearon para la fase de clasificación correspondiente a cada clasificador empleado. Este proceso se repitió 100 veces por clasificador para los patrones calculados con los descriptores de los momentos de Hu y la metodología propuesta. **(c)** En cada una de las 100 veces que se operan los clasificadores empleados para los patrones obtenido mediante la metodología propuesta y los momentos de Hu, se reporta el porcentaje total de clasificaciones correctas. Dicho cálculo se obtiene de la matriz de confusión [13], en la cual se reporta por clase los patrones clasificados correctamente ó erróneamente. En la tabla 3 se muestra la estructura para una matriz de confusión donde se evalúan 2 clases, donde: A = verdadero positivo de clase 1, B = falso positivo clase 1, C = verdadero positivo clase 2, D = falso positivo clase 2. El porcentaje total de aciertos (PA) de una matriz de confusión de dos clases se obtiene de la siguiente manera: $PA = \left[\frac{A+D}{(A+B+C+D)} * 100 \right]$. **(d)**

Ya que se obtuvieron los 100 porcentajes de acierto totales por clasificador tanto para los patrones obtenidos de los momentos de Hu y la metodología propuesta, en la tabla 2 se reportan para cada clasificador los siguientes datos: porcentaje máximo, porcentaje mínimo, porcentaje promedio y mediana de porcentajes. (e) Se realiza la prueba estadística de suma de rangos con signos de Wilcoxon empleando los valores de las medianas calculadas para cada clasificador.

Tabla 2. Clasificaciones de la metodología propuesta y momentos de Hu.

Descriptores	Clasificador	% Máximo	% Mínimo	% Promedio	Mediana	σ
Metodología Propuesta	D-Min	69.04	33.33	54.90	54.76	6.94
	1NN	73.80	42.85	59.97	60.71	6.92
	3NN	69.04	35.71	56.30	57.14	6.97
	5NN	69.04	35.71	55.80	57.14	7.26
	Navie Bayes	75.00	39.28	55.60	53.57	9.13
	CAP	69.04	33.33	54.57	54.76	6.81
Momentos HU	D-Min	64.28	42.85	48.97	45.23	5.72
	1NN	78.57	52.38	68.59	69.04	6.47
	3NN	80.95	45.23	68.76	69.04	7.18
	5NN	83.33	47.61	64.16	64.28	7.76
	Navie Bayes	75.00	50.00	61.25	60.71	5.40
	CAP	69.04	42.85	47.85	45.23	5.40

Tabla 3. Ejemplo de una matriz de confusión para dos clases.

	clase 1	clase 2
clase 1	A	B
clase 2	C	D

5.4. Prueba de suma de rangos con signos de Wilcoxon

La prueba de Wilcoxon [28] consta de tener n observaciones aparejadas de la forma (x_i, y_i) y que $D_i = (x_i - y_i)$. Se busca probar la hipótesis (h_0) de que las x y las y tienen la misma distribución, frente la alternativa de que las distribuciones difieren de ubicación (h_a). Se realiza una prueba de 2 colas, donde se busca obtener $W = \min(W^+, W^-)$, donde W^+ es la suma de los rangos de las diferencias positivas y W^- es la suma de los rangos de las diferencias negativas. Esta prueba se empleó para evaluar si existe o no diferencias entre las distribuciones de las n observaciones de los descriptores a evaluar. Se emplean las medianas de las 100 repeticiones por clasificador para ambos descriptores, ver tabla 2. El nivel de significancia empleado fue de 0,05.

Comparando la metodología propuesta y los momentos de Hu, para la prueba Wilcoxon de dos colas, se tiene que $W^+ = 9, W^- = 11$ $W = \min(W^+, W^-) = (9, 11) = 9$. El número de instancias evaluadas es 6 y el valor correspondiente según las tablas de Wilcoxon para $W_0 = 1$, posteriormente se verifica $W \leq W_0$, quedando como $9 \leq 1$. En este caso se acepta la Hipótesis H_0 por lo que se concluye de ésta prueba estadística que: "Las distribuciones de frecuencias coinciden en posición".

5.5. Discusión

El resultado de la prueba de suma de rangos con signos de Wilcoxon, da evidencia estadística de que la metodología propuesta y los momentos de Hu, son similares.

Se destaca que la metodología propuesta sólo es invariante a traslación y escala, y a pesar de esto, logra obtener resultados de clasificación comparables a los obtenidos con los momentos de Hu, que son invariantes a rotación, traslación y escala. La ventaja que posee la metodología propuesta es que solo emplea vectores con cuatro características (grado polinomial, área, perímetro y compacidad clásica) en comparación con los momentos invariantes de Hu, que emplea siete características.

6. Conclusiones y trabajo futuro

De la prueba estadística de Wilcoxon se obtiene que la distribución de frecuencias coinciden en posición, por tanto la prueba no puede hacer distinción entre los valores de las medias obtenidas. En este caso los descriptores propuestos compiten en desempeño con los descriptores de Hu, basándonos en la conclusión estadística.

La metodología propuesta presenta oportunidades de mejora: al realizar la interpretación del *perfil centroidal* de cada imagen, dependiendo de donde se inicie la selección del contorno de una lesión cutánea, se pueden obtener diversos perfiles para una misma figura, y por ende diferentes valores de los coeficientes de ajuste a_j en la ecuación 8, esta se puede subsanar realizando una fase previa para hacer invariante ante rotación a cada muestra. Otra área de oportunidad se encuentra en la sintonización de los coeficientes α, β que se emplean en el cálculo de los polinomios ortogonales. Las mejoras y el trabajo futuro incluyen:

1. Buscar la invariancia de rotación para cada muestra analizada antes de calcular los descriptores mediante la metodología Gram-Schmidt dual.
2. Plantear alguna técnica heurística ó metaheurística para sintonizar los valores α, β necesarios para calcular los descriptores de base radial dentro de la metodología.
3. Complementar los descriptores empleados en la metodología propuesta con descriptores que incluyan la asimetría, coloración irregular, diámetro y evolución con el objetivo de completar la metodología del ABCDE para el diagnostico de melanomas.

4. Realizar un comparativo en la calidad de las clasificaciones de la metodología propuesta variando los porcentajes de patrones para la fase de entrenamiento en los clasificadores.
5. Evaluar la metodología propuesta en un entorno multiclase para poder determinar las fortalezas y debilidades de la misma.

Agradecimientos. Agradecemos al Consejo de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo para realizar la presente investigación y a la Dirección General de Educación Superior Tecnológica (DGEST).

Referencias

1. González, N., Flores, A.: El melanoma en México. *R. Esp. Méd.* 15, 161–164 (2010)
2. Celebi, M.E., Aslandogan, T.A.: A comparative study of three Moment-Based Shape Descriptors. In: IEEE Computer society, Proceeding of the international conference on information technology: Coding and computing (ITCC'05). pp. 788–793. IEEE Press, USA (2005)
3. Montero, R., Bribiesca, R.: State of the Art of Compactness and Circularity Measures. In: International Mathematical Forum, pp.1305–1335. Hikari ltd. Press, USA (2009)
4. Theodoridis, S., Koutroumbas, K.: Pattern Recognition. Academic Press, Canada (2009)
5. Sossa, J.: Rasgos descriptores para el reconocimiento de objetos. Centro de investigación en computación Instituto Politécnico Nacional, México (2006)
6. Abramowitz, M., Stegun, I.: Handbook of Mathematical Functions with Formulas, Graphs, and Mathematical Tables. Dover Publications, USA (1965)
7. Carpio, Valadez, J., M., Malacara, Hernández, D.: Ajuste de datos interferométricos con polinomios de Zernike. Tesis de Maestría del Centro de Investigaciones en Óptica A. C. Tesis Maestría, CIO Press (1987)
8. Nixon, M., Aguado, A.: Feature Extraction And Image Processing. Elsevier, London (2008)
9. Bin, Y., Peng, J., X.: Improvement and invariance analysis of Zernike moments using as a region-based shape descriptor. In: XV Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing. Proceedings. pp.120–127. IEEE Press, Brazil (2002)
10. La Torre, E., Caputo, B, Tommasi, T.: Learning methods for melanoma recognition. *Int. J. Im. Sys. Tech.* 20, 316–322 (2010)
11. Ercal, F., Chawla, A., Stoecker, W.: Neural network diagnosis of malignant melanoma from color images. *IEEE Trans. Bio. Eng.* 41, 837–845 (1994)
12. Davis, E., R.: Computer and machine vision: Theory, algorithms, practicalities. Elsevier Academic Press, USA (2012)
13. Kohavi, R., Provost, F.: On Applied Research in Machine Learning. Machine Learning, Kluwer Academic Publishers (1998)
14. Scott, D., W.: On optimal and data-based histograms. *Bio.* 66, 60–610 (1979)
15. Pitas, L.: Digital Image Processing: Algorithms and applications. Wiley, Canada (2000)
16. Russel, S., Norving, P.: Artificial Intelligence. A modern approach. Prentice Hall, USA (2010)

17. Tahmasbi, A., Saki, F., Shokouhi, S. B.: Clasificación de benign and malignant masses based on Zernike moments. *Comp. Bio. Med.* 41, 726–735 (2011)
18. Barajas Saavedra, L.N., et al.: Reducción del vector de características para la clasificación de vectores mediante imágenes binarias. *CIINDET 2014 (En prensa)*, IEEE Press (2014)
19. Sossa, J.: *Visión Artificial, Rasgos Descriptores para el Reconocimiento de Objetos*. RA-MA. España (2013)
20. Malacara, D., Carpio, J., M., Sánchez, J.: Wavefront fitting with discrete orthogonal polynomials in a unit radius circle. *SPIE Proc. Op. Eng.* 29, 672–675 (1990)
21. Chapra, R., C., Canale, R., P.: *Numerical Methods for engineers*. McGraw Hill, USA (2009)
22. Friedman, M., Kandel, A.: *Introduction to pattern recognition: Statistical, structural, neural and fuzzy logic approaches*. World Cientific Publishing Co., London (1999)
23. Teodoridis, S., Koutroumbas, K.: *Pattern Recognition*. Academic Press, USA (2006)
24. Montero, R.: *Clasificador híbrido de patrones basado en la Lernmatrix de Steinbuch y el línea asociator de Anderson-Kohonen*. Tesis de Maestría del Instituto Politécnico Nacional. Centro de investigación en computación. Tesis Maestria, IPN Press (2003)
25. Pajares, G., De la Cruz, J., M.: *Visión por computador: Imágenes digitales y aplicaciones*. Alfaomega RA-MA, España (2002)
26. Hu, M., K.: Visual Pattern recognition by Moment Invariants. *IEEE Trans. inf. theo.* 8, 179–187 (1962)
27. Xiao, B., Ma, J., F., Cui J., T.: Radial Tchebichef moment invariants for image recognition. *J. Vis. Commun. Imagen R.* 23, 381–386 (2012)
28. Wilcoxon, F.: Individual Comparisons by Ranking Methods. *Bio.* 1, 80–83 (1945)
29. Carpio, M., Soria-Alcaraz J. et al.: Variable length number chains generation without repetitions. *Soft Comp. Rec. Based Bio. Studies Comp. Int.* 312, 349–364 (2010)
30. Nixon, M., Aguado, A.: *Feature Extraction & Image Processing*. Academic Press, Ungaria (2008)
31. Bers, L., Karal, F.: *Cálculo*. Interamericana, México (1978)