

CAPITULO I
INTRODUCCIÓN

1.1 INTRODUCCIÓN

Intravascular Ultrasound (IVUS) es una técnica en imagen medica basada en señales ultrasonoras que permite examinar la morfología y la composición de los tejidos que constituyen las arterias al fin de evaluar el estado clínico del paciente y facilitar su diagnostico. La aplicación mas frecuente del IVUS es sobre las arterias coronarias.

El procedimiento consiste en insertar dentro de los vasos sanguíneos un catéter especial que contiene un emisor de ultrasonido en miniatura, encontrándose posicionado el emisor en un punto en particular es deslizado hacia atrás capturando una secuencia de imágenes de las paredes internas, produciendo una secuencia de imágenes IVUS llamada “pullback”.

El IVUS permite estudiar, determinar y cuantificar información sobre la composición de la placa aterosclerótica, una de las principales causas de insuficiencia cardíaca repentina en pacientes sin historial de enfermedades del corazón, en base a esta información es capaz de dar soporte para el diagnostico y la intervención clínica a pacientes que posean secuencias IVUS (pullbacks) de similares características.

El presente trabajo desarrolla una técnica para determinar similitudes entre pacientes basándose en señales temporales generadas a partir de pullbacks. Durante su desenvolvimiento se estudian, utilizan y prueban técnicas para encontrar correspondencias entre dos o más secuencias, su base es la codificación de los algoritmos para utilizar estas técnicas y las pruebas en pullbacks de pacientes donde se conoce con exactitud cuales son similares.

Este trabajo complementa la tesis doctoral desarrollada por Marina Alberti del Departamento de Matemática Aplicada y Análisis de la Universidad de Barcelona para la detección automática de bifurcaciones en las arterias [1]. El entorno de trabajo elegido es la plataforma MATLAB.

I.1.1 PROBLEMA CLINICO

La aterosclerosis es una condición inflamatoria que afecta a las paredes de las arterias donde las placas ateroscleróticas crecen hasta reducir el flujo sanguíneo, partes específicas como las bifurcaciones son sitios críticos para el crecimiento de esta placa. Los pullbacks generados a través de las secuencias de imágenes IVUS dan a conocer la localización de las bifurcaciones existentes dentro de las arterias, permitiendo utilizar esta información para el diagnostico en pacientes con una morfología similar. Como se muestra en la Figura 1 izquierda, una imagen IVUS estándar es una vista tomográfica cross-seccional de 360 grados de las paredes internas de los vasos (definida como *short-axis view*), a partir de un conjunto continuo de estas vistas puede generarse una *longitudinal view* de un pullback considerando los valores de nivel de gris alrededor del diámetro en un angulo fijo (Figura 1 derecha).

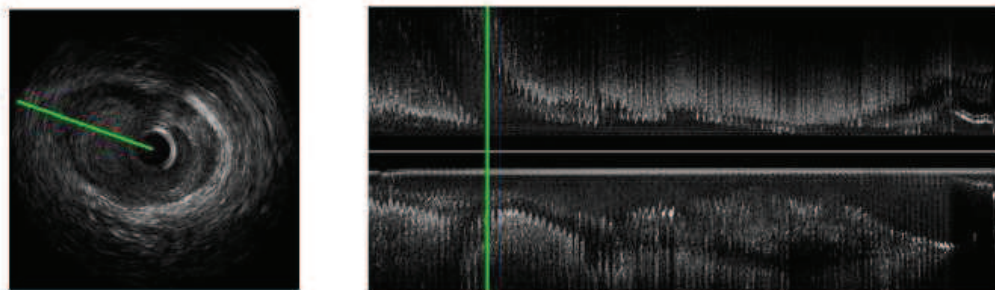


Figura 1: Short axis view de una arteria coronaria (izquierda) y su correspondiente longitudinal view según un angulo fijo (derecha).

Desde esta vista puede identificarse las bifurcaciones existentes como también sus respectivas posiciones y plasmarse en un mapa (Figura 2 izquierda), en base a este se calcula la suma de las bifurcaciones detectas por cada frame correspondiente a una imagen IVUS que compone el pullback:

$$\sum_{\text{ángulo}=1}^{360} \text{frame}(\text{ángulo}) \quad (1)$$

Obteniéndose una representación numérica de una sola dimensión (Figura 2 derecha), para mantener uniformidad en estas representaciones resultantes para este trabajo serán normalizadas a un intervalo de 0 a 1.

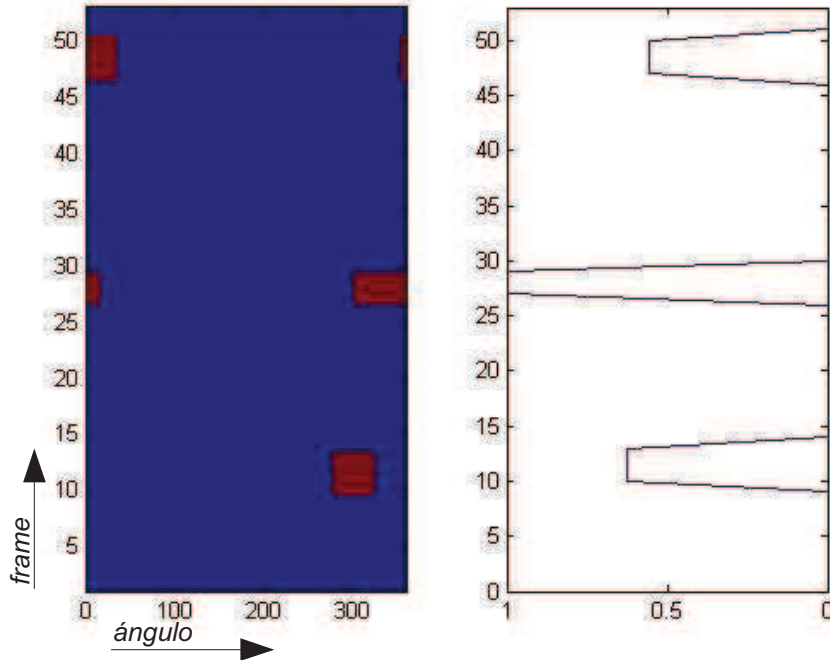


Figura 2: Mapa de bifurcaciones obtenido de forma manual a partir de una longitudinal view de un pullback (izquierda) con su respectiva representación numérica (derecha).

Con esta representación es posible determinar la similitud de morfología entre pacientes utilizando técnicas matemáticas y de programación para comparar señales temporales o secuencias numéricas.

I.2. DEFINICIÓN DE OBJETIVOS

I.2.1 OBJETIVO GENERAL

Desarrollar un algoritmo que permita determinar similitudes entre pacientes basándose en la comparación de señales temporales obtenidas a partir de sus secuencias IVUS.

I.2.2 OBJETIVOS ESPECIFICOS

- Implementar diferentes métodos de comparación de señales temporales.
- Determinar los factores considerables para la comparación de pullbacks.
- Comprobar que los resultados numéricos obtenidos concuerden con los resultados observables.

I.3. ALCANCES

El trabajo permite la comparación entre pullbacks representados de forma numérica en una sola dimensión. Las comparaciones se realizan sobre los pullbacks pre y post tratamiento de tres pacientes, dando una muestra total de seis donde se conoce la similitud.

Se prueban técnicas para determinación de similitud de señales temporales como el Dynamic Time Warping, Derivative DTW, Mutidimensional DTW y el Minimal Variance Matching para determinar cual determina con mayor exactitud la correspondencia entre los pullbacks de la muestra.

I.4 LIMITACIONES

No se presenta una interfaz de usuario para ingresar datos o mostrar resultados y el algoritmo resultante no puede utilizarse, sin previa modificación, para comparar otro tipo de secuencias o señales temporales diferentes a las secuencias IVUS.

CAPITULO II

DESARROLLO TÉCNICO Y RESULTADOS EXPERIMENTALES

II.1 PRIMERA ETAPA

Existiendo varias formas matemáticas para alinear y determinar similitud entre señales temporales o secuencias numéricas utilizando como criterio diferentes factores como la amplitud de sus valores o la posición de una respecto de otra, en esta etapa se investigan y estudian técnicas, métodos y métricas para determinar la similitud entre secuencias.

II.1.1 ALINEACIÓN DE SECUENCIAS

Dentro la comparación de secuencias la alineación entre ellas puede resultar un factor determinante, una buena alineación puede evitar que los términos de una secuencia sean incorrectamente comparados y lograr que el grado de similitud sea mas exacto.

Cross Correlation

La cross correlation (correlación cruzada) es una medida de similitud entre dos secuencias o señales en función de un retardo que pueda tener una respecto a la otra. Es la forma más simple para alinear dos secuencias x e y , dada una función de correlación r determinada por la formula (2)

$$r(d) = \frac{\sum_i [(x(i) - mx) * (y(i - d) - my)]}{\sqrt{\sum_i (x(i) - mx)^2} \sqrt{\sum_i (y(i - d) - my)^2}} \quad (2)$$

Donde mx y my son las medias de los valores en ambas secuencias, el punto d donde se encuentre el máximo valor en esta función representa el retraso entre las secuencias comparadas (Figura 3).

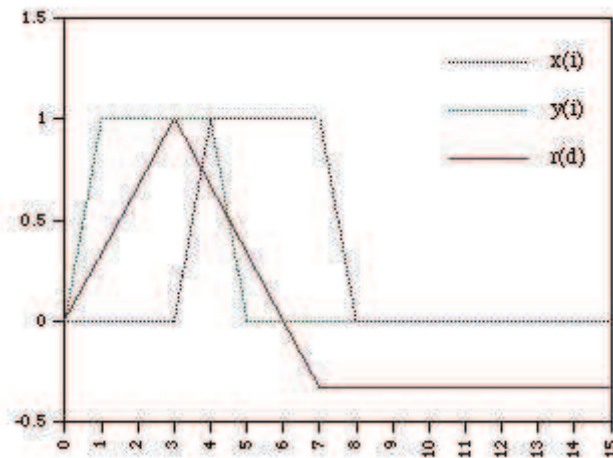


Figura 3: La posición del máximo valor en la función de correlación determina el retraso entre las secuencias comparadas.

II.1.2 DETERMINACIÓN DE SIMILITUD

Las diferentes técnicas y métodos para determinar similitud llegan a encontrar, en muchos casos, la correspondencia óptima entre dos secuencias. Muchas de estas técnicas y métodos poseen un sencillo y rápido procedimiento.

Dynamic Time Warping (DTW)

DTW (Dynamic Time Warping) es una técnica de programación dinámica para determinar la similitud entre dos secuencias que varían en tiempo o velocidad, buscando una correspondencia óptima denominada “warping path”, fue propuesto por primera vez en 1978 por Sakoe-Chiba [2]. El DTW es utilizado para reconocimiento de audio, video y gráficos, de hecho cualquier información que pueda representarse de forma lineal puede ser analizada.

Funcionamiento general del DTW:

Dado dos secuencias X e Y de tamaños n y m respectivamente en donde:

$$X = [x_1, x_2, x_3, \dots, x_i, \dots, x_n]$$

$$Y = [y_1, y_2, y_3, \dots, y_j, \dots, y_m]$$

Para alinear estas secuencias usando DTW se construye una matriz de n filas por m columnas donde $d(i, j)$ es la distancia entre cada elemento x_i e y_j . En el calculo de distancias pueden utilizarse diferentes métricas, generalmente se utiliza la distancia Euclidiana entonces:

$$d(i, j) = (x_i - y_j) \quad (3)$$

A partir de esta matriz de distancias se forma la matriz de costo acumulado D donde se realiza el mapeo entre las dos secuencias, se trata de encontrar para cada termino el mínimo valor en un kernel que comprende a los vecinos mas cercanos, en la Figura 4 se muestra la forma estándar para este kernel.

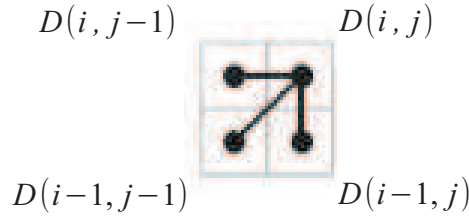


Figura 4: Forma estándar de un kernel

La formula para determinar la matriz en base a este kernel es la siguiente:

$$D(i, j) = d(i, j) + \min[D(i-1, j-1), D(i-1, j), D(i, j-1)] \quad (4)$$

El termino $D(n, m)$ representa el grado de similitud entre las dos secuencias

denominado “coste optimo”, a menor valor del coste optimo mayor similitud existe entre ambas secuencias. El warping path puede encontrarse realizando un retroceso desde este termino hasta el primero $D(1,1)$ tomando en cuenta el mismo kernel utilizado. Para asegurar que la alineación es optima el warping path debe cumplir las siguientes restricciones:

<1> Boundary condition (Condición de Limites): El warping path comienza en el extremo inferior $D(1,1)$ izquierdo y termina en el superior derecho $D(n,m)$.

<2> Monotonic condition (Condición Monotónica): El warping path no debe dar retroceso, el recorrido tanto en i como en j debe mantenerse o incrementarse.

<3> Continuity condition (Condición de Continuidad): El incremento máximo debe ser de un paso tanto en i como en j .

En la Figura 5 se muestran ejemplos de warping paths que no cumplen las restricciones.

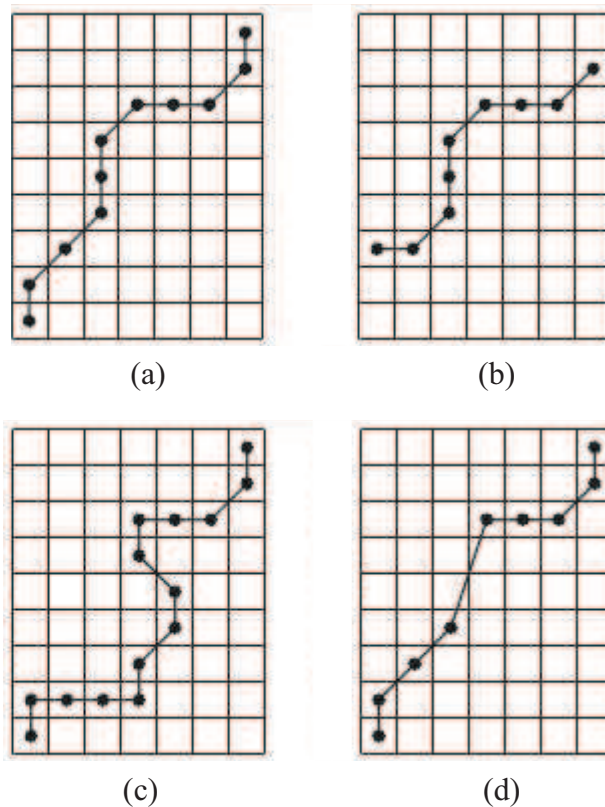


Figura 5: (a) Un warping path admisible cumple con las tres restricciones, (b) la Condición de Límites <1> no es cumplida, (c) la Condición Monotonía <2> no es cumplida, (d) la Condición de Continuidad <3> no es cumplida.

Como es poco probable que un warping path que determine una buena alineación se encuentre lejos de la diagonal en la matriz de costo acumulado D puede introducirse una restricción de posición [3], donde solo se consideran los términos comprendidos dentro de un cierto rango de tamaño r . Para controlar esta restricción puede utilizarse la banda de Sakoe-Chiba (Figura 6 izquierda) o el paralelogramo de Itakura (Figura 6 derecha) los cuales disminuyen el tiempo y calculo requeridos para el DTW.

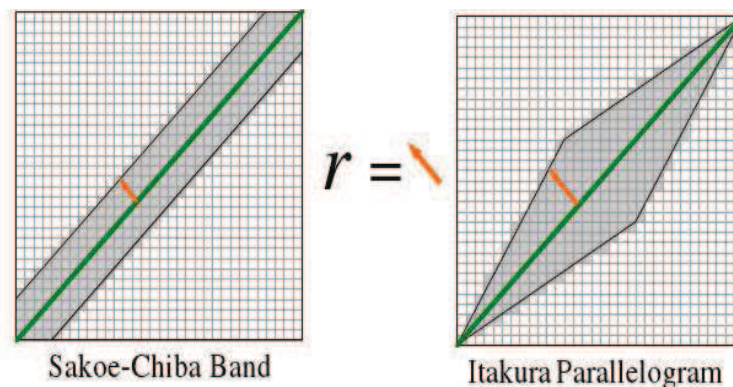


Figura 6: La banda de Sakoe-Chiba y el paralelogramo de Itakura restringen los términos a tomar en cuenta para la determinación del warping path

El kernel utilizado para determinar el warping puede variarse como alternativa a una restricción de longitud evitando que ciertos puntos no sean comprimidos (pérdida de correspondencia) o estrechados demasiado (múltiples correspondencias), los posibles variaciones de kernels especificadas por Sakoe y Chiba se muestran en la Figura 7.

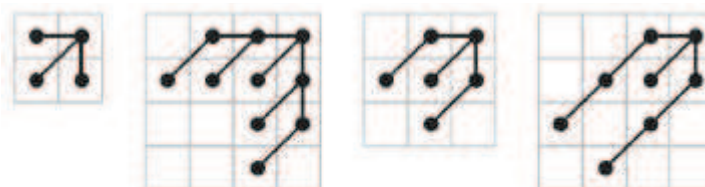


Figura 7: Diferentes formas de kernel propuestas por Sakoe y Chiba [1]

El DTW, como cualquier otro algoritmo que ya ha sido utilizado ampliamente, ha sido extendido de muchas formas por diferentes autores para aumentar su desempeño.

Ventajas: Puede utilizarse para comparar cualquier información representada en una función lineal.

Desventajas: Posible falta de exactitud al comparar secuencias similares de diferentes tamaños o, en ciertos casos, secuencias que varían ligeramente entre sí.

Derivative Dynamic Time Warping (DDTW)

El Derivative Dynamic Time Warping (DDTW) es una variación del DTW propuesta por Keogh y Pazzani [4] para resolver el problema que surge en ciertas ocasiones al encontrar similitudes obvias entre secuencias que poseen características que varían ligeramente como se aprecia en la Figura 8.

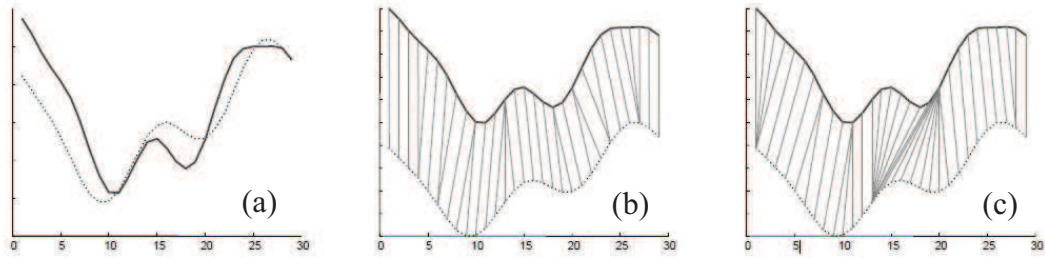


Figura 8: Dos secuencias similares (a) con una correspondencia obvia (b) pueden no ser correctamente emparejadas por el DTW clásico (c).

Tomando en cuenta la derivada estimada para cada punto en una secuencia X de longitud n .

$$((x_i - x_{i-1}) + ((x_{i+1} - x_{i-1})/2))/2 \quad 1 < i < n$$

Esta estimación es simplemente el promedio entre la pendiente de un punto x_i en cuestión y su predecesor x_{i-1} y la pendiente del sucesor x_{i+1} de dicho punto con el predecesor x_{i-1} . Keogh y Pazzani plantean que para encontrar una mejor correspondencia debe tomarse en cuenta la diferencia de estas derivadas estimadas en lugar de la distancia euclidiana entre sus valores, quedando la siguiente fórmula para el cálculo de la matriz de distancias:

$$d = ((x_i - x_{i-1}) + ((x_{i+1} - x_{i-1})/2))/2 - ((y_i - y_{i-1}) + ((y_{i+1} - y_{i-1})/2))/2 \quad (5)$$

A la vez Keogh y Pazzani indican que empíricamente esta estimación es más robusta para los valores distintos, es decir aquellos que presentan mayor variación, que

considerar solamente dos puntos en el DTW clásico.

Ventajas: Mayor exactitud en las correspondencias encontradas para secuencias que poseen mayor variación entre sus términos.

Desventajas: En el calculo de la formula no son tomados en cuenta los puntos de inicio y final de ambas secuencias.

Multidimensional Dynamic Time Warping (MDTW)

Esta técnica se considera como una expansión del DTW a múltiples dimensiones [5] permitiendo basar la comparación en mas de dos secuencias o señales temporales.

Tomando de ejemplo el reconocimiento de voz ademas de considerar solo la amplitud del sonido emitido podría considerarse también como factor de reconocimiento la forma de movimiento de los labios, para este caso resultaría necesaria la comparación conjunta de estos dos factores con otros dos factores de referencia para determinar el individuo al que pertenece la voz.

Dados tres modalidades de comparación:

- Early Fusion: Donde todas las secuencias deben considerarse de manera conjunta, esto implica que deben modificarse para poseer el mismo tamaño convirtiéndose en una desventaja.
- Late Fusion: Cada secuencia es tomada en cuenta por separado sin modificación alguna, pero el hecho de evaluarlas por separado disminuye la exactitud del reconocimiento.
- Hybrid Fusion: Un intento por combinar las ventajas de las dos anteriores, siendo tan flexibles como en Late Fusion y considerando todas las

secuencias de forma conjunta como en Early Fusion.

El MDTW esta contemplado dentro de esta ultima combinando en una sola secuencia en forma de matriz un grupo de secuencias de referencia

$$R = \begin{bmatrix} r_1(1), r_1(2), r_1(3), \dots, r_1(I) \\ r_2(1), r_2(2), r_2(3), \dots, r_2(I) \end{bmatrix}$$

considerando de forma separada otro grupo de secuencias

$$X = [x(1), x(2), x(3), \dots, x(J)]$$

$$Y = [y(1), y(2), y(3), \dots, y(K)]$$

Modificando las formulas originales del MDTW especificadas en [5] a secuencias de una sola dimensión la matriz de distancias, de tamaño $I \times J \times K$, puede calcularse con la siguiente formula:

$$d(i, j, k) = (r_1(i) - x(j))^2 + g * (r_2(i) - y(j))^2 \quad (6)$$

donde g es un factor para dar o quitar peso a la segunda entrada, dependiendo del caso de estudio. En el caso mas básico de un MDTW el calculo de la matriz de costo acumulado D se realiza tomando en cuenta tres dimensiones y modificando las formulas del DTW clásico a un espacio tridimensional.

Definida la condición inicial:

$$D(1, 1, 1) = 3d(1, 1, 1) \quad (7)$$

los valores para los términos en los ejes i, j, k son:

$$\begin{aligned} D(i, 1, 1) &= D(i-1, 1, 1) + d(i, 1, 1) \\ D(1, j, 1) &= D(1, j-1, 1) + d(1, j, 1) \\ D(1, 1, k) &= D(1, 1, k-1) + d(1, 1, k) \end{aligned} \quad (8)$$

en los planos $i-k$, $i-j$ y $j-k$ tres celdas son evaluadas (similar a utilizar un kernel estándar en el DTW clásico):

$$D(i, j, 1) = \min \begin{cases} D(i-1, j, 1) & + & d(i, j, 1) \\ D(i, j-1, 1) & + & d(i, j, 1) \\ D(i-1, j-1, 1) & + & 2d(i, j, 1) \end{cases} \quad (9)$$

$$D(i, 1, k) = \min \begin{cases} D(i-1, 1, k) & + & d(i, 1, k) \\ D(i, 1, k-1) & + & d(i, 1, k) \\ D(i-1, 1, k-1) & + & 2d(i, 1, k) \end{cases} \quad (10)$$

$$D(1, j, k) = \min \begin{cases} D(1, j-1, k) & + & d(1, j, k) \\ D(1, j, k-1) & + & d(1, j, k) \\ D(1, j-1, k-1) & + & 2d(1, j, k) \end{cases} \quad (11)$$

finalmente el resto de la matriz es calculado con:

$$D(i, j, k) = \min \left\{ \begin{array}{ll} D(i-1, j, k) & + d(i, j, k) \\ D(i, j-1, k) & + d(i, j, k) \\ D(i, j, k-1) & + d(i, j, k) \\ D(i-1, j-1, k) & + 2d(i, j, k) \\ D(i-1, j, k-1) & + 2d(i, j, k) \\ D(i, j-1, k-1) & + 2d(i, j, k) \\ D(i-1, j-1, k-1) & + 3d(i, j, k) \end{array} \right. \quad (12)$$

$$(i \geq 2, j \geq 2, k \geq 2)$$

De acuerdo a estas formulas para cada termino a sus vecinos que se encuentre en diagonal en dos planos se debe aumentar el peso a la distancia doblándola y para los vecinos que se encuentran en diagonal en los tres planos triplicandola.

Al final el coste optimo es hallado en $D(I, J, K)$ y debido a las diferentes dimensiones que puede tener la secuencia de referencias R al coste optimo debe aplicarse una normalización:

$$\text{Coste optimo} = D(I, J, K) / I \quad (13)$$

quedando este valor como final.

Ventaja: Basa las comparaciones en mas de una característica.

Desventaja: El tiempo y coste computacional es mayor.

Minimal Variance Matching (MVM)

Una alternativa al DTW planteada para solucionar la inexactitud que puede existir al comparar dos secuencias de distinto tamaño [6], como se encuentra basada en el “elastic matching” [7] su criterio consiste en que no necesariamente una

secuencia o señal debe tener correspondencia con toda la secuencia con la que es comparada, mas específicamente implica que una secuencia X puede ser correspondida solamente a una subsecuencia de Y .

Tomando en cuentas estas secuencias

$$X = [x_1, x_2, x_3, \dots, x_i, \dots, x_n]$$

$$Y = [y_1, y_2, y_3, \dots, y_j, \dots, y_m]$$

de tamaños n y m respectivamente donde $n < m$ el MVM busca encontrar una correspondencia f tal que X se refleje en $Y_{f(i)}$. Al igual que en el DTW se necesita calcular la distancia entre los elementos de ambas secuencias

$$d(i, j) = (y_j - x_i) ; i = 1, \dots, n, j = 1, \dots, m \quad (14)$$

formada esta matriz de distancias se determina la correspondencia

$$f(i) = \min(|d_{i1}|, |d_{i2}|, \dots, |d_{im}|) \quad (15)$$

donde si un termino d_{ij} es determinado como correspondencia el siguiente termino d_{kl} podrá ser determinado como correspondencia igualmente solo si $k-i=1$ y $j < l$ esto significa que el trazado de correspondencia f debe ser continuo en la filas de la matriz de distancias pero puedo saltar unas cuantas columnas.

Determinada esta correspondencia la distancia optima para determinar el grado de similitud se calcula con la siguiente formula:

$$d(X, Y, f) = \sum_{i=1}^n (y_{f(i)} - x_i)^2 \quad (16)$$

Ventajas: Encuentra una correspondencia exacta.

Desventajas: No toma en cuenta si las correspondencias determinadas se encuentran muy distantes entre si.

II.1.3 MÉTRICA DE COMPARACION RESPECTO A LA POSICION

La búsqueda de similitud puede realizarse tomando en cuenta la amplitud de las secuencias comparadas, solo con esta consideración ya podría determinarse una buena comparación aunque también pueden tomarse en cuenta otros factores como la posición de determinadas amplitudes y la alineación.

Coste Espacial

Este coste espacial fue propuesto en este trabajo como un valor para indicar el grado de similitud entre dos secuencias requiriendo que dichas secuencias se encuentren lo mejor alineadas posible. El calculo de este coste espacial es simple, se trata de la diferencia absoluta entre las posiciones de las correspondencias obtenidas.

Dado el caso de dos secuencias muy similares cada punto en una sera correspondido a un punto de la otra en la misma u otra posición cercana, utilizando de ejemplo dos secuencias binarias:

$$X = \begin{matrix} & x_1 & x_2 & x_3 & x_4 & x_5 & x_6 \\ \begin{matrix} 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{matrix} \end{matrix}$$

$$Y = \begin{matrix} & y_1 & y_2 & y_3 & y_4 & y_5 & y_6 \\ \begin{matrix} 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{matrix} \end{matrix}$$

Donde los indices de los términos determinados como iguales y su diferencia absoluta son los siguientes:

X	Y	Diferencia
1	1	0
2	2	0
3	4	1
4	5	1
5	6	1
		$\Sigma = 3$

Dando un coste espacial con valor 3, suponiendo que estos índices en X se consideren como una secuencia a y los índices en Y como una secuencia b para el calculo del coste espacial se obtiene la formula:

$$\sum_{k=1}^n (a_k - b_k) \quad (17)$$

Considerando n la cantidad de índices de los términos determinados como iguales en ambas secuencias.

Este coste espacial sera inferior mientras las secuencias sean similares no solo en sus valores sino también en la posición de estos. En conclusión a menor coste espacial mayor grado de similitud entre las secuencias.

Coste Espacial vs Coste optimo (por DTW)

Ante el hecho que el coste optimo se basa en la distancia entre las amplitudes de ambas secuencias el coste espacial podría resultar mas eficiente y exacto cuando la posición de los términos determinados como similares es un factor importante en la comparación.

En secuencias que posean la misma amplitud pero que presentan un desplazamiento una respecto la otra el coste optimo tendrá un valor nulo, de cero, pero en cambio el

coste espacial tendrá un mayor valor dependiendo de cuan desplazadas se encuentren las secuencias.

II.2 SEGUNDA ETAPA

En esta etapa se realizan la implementación y pruebas de las técnicas y métodos estudiados utilizando para dichas pruebas secuencias sinusoidales, de tipo aleatorio y una muestra de tres parejas de secuencias pullbacks, pertenecientes a tres pacientes por lo tanto la similitud entre ellas ya es conocida:

Pullbacks 1-2 y recíprocamente 2-1

Pullbacks 3-4 y recíprocamente 4-3

Pullbacks 5-6 y recíprocamente 6-5

Fase 1: Implementación del algoritmo para DTW

La codificación fue hecha a partir de la representación general del DTW [8] y su implementación en Matlab [9].

Primeramente se calcula la matriz de costo acumulado obviando el calculo previo de la matriz de distancias realizándolo de forma paralela, formulas (4) y (3) respectivamente, y el kernel estándar; para cambiarlo solamente debe variarse la formula de selección. Construida esta matriz de costo acumulado se procede al rastreo del warping path, haciendo un retroceso desde el ultimo termino hasta el primero utilizando el mismo kernel, con esto se consigue determinar todas las correspondencias entre los elementos de ambas secuencias un warping path resultante con el algoritmo implementado se muestra en la Figura 9.

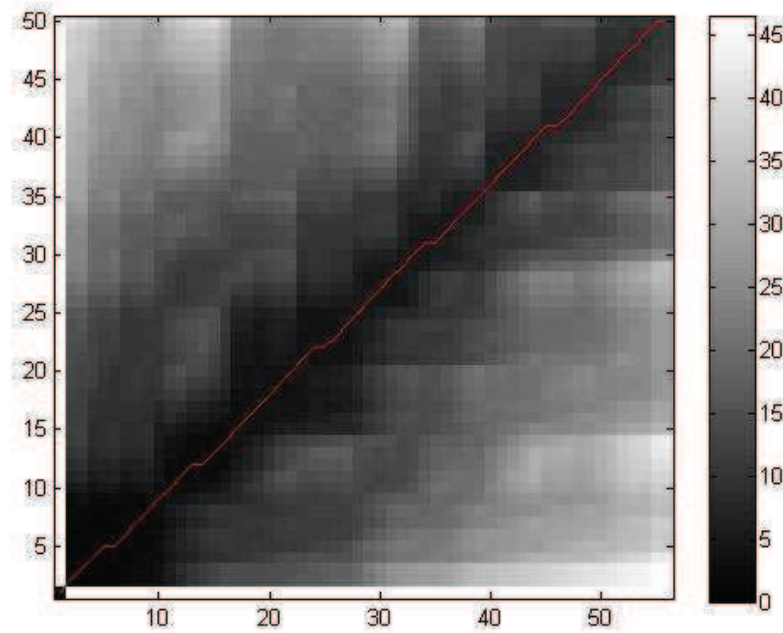


Figura 9: El warping path resultante cumple con las restricciones del DTW formando un camino desde el ultimo termino (esquina superior derecha) hasta el primero (esquina inferior izquierda) a través de los términos con valores mas pequeños.

En las pruebas con señales sinusoidales los resultados fueron óptimos mostrando una correspondencia exacta entre ambas secuencias, Figura 10.

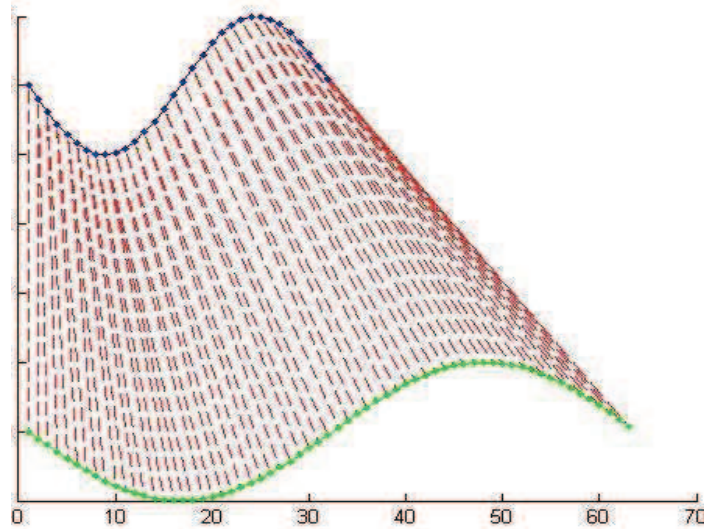


Figura 10: Correspondencia hallada por el DTW en señales sinusoidales

(**Fichero:** Sinusoidal_DTW.m)

En pruebas con secuencias aleatorias las correspondencias encontradas, Figura 11, también cumplen con los resultados esperados.

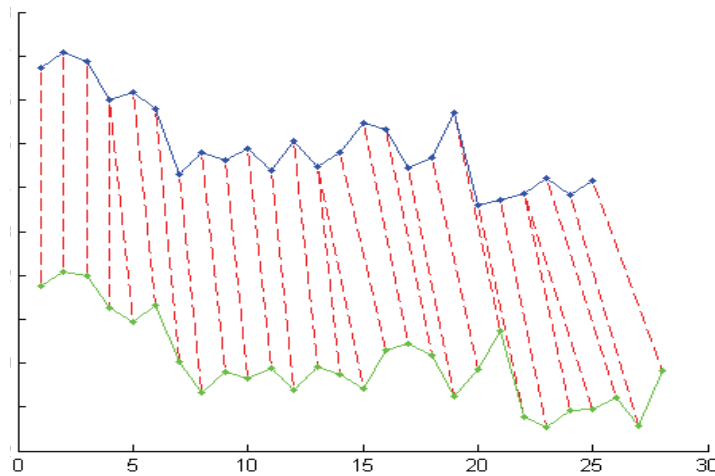


Figura 11: Correspondencia hallada por el DTW en secuencias aleatorias

(**Fichero:** RandomSignals_DTW.m)

Realizando las pruebas con las secuencias pullbacks de la muestra el DTW encuentra

una buena correspondencia, Figura 12.

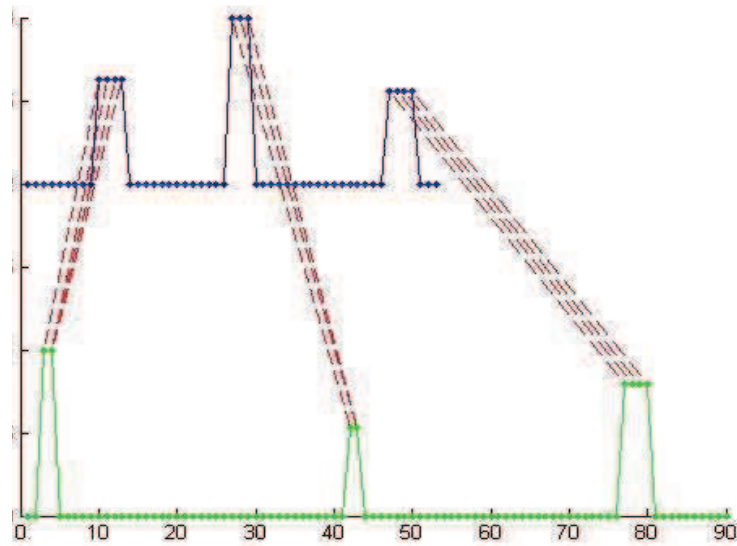


Figura 12: Correspondencia hallada por el DTW en las secuencias pullbacks de la muestra

Para estas secuencias se obvio de dibujar la correspondencia en valores de cero para no saturar la imagen final.

Aplicando el DTW entre cada secuencia pullback de la muestra los costos óptimos resultan:

	1	2	3	4	5	6
1	0	3,0694	3,2961	3,181	2,371	0,3594
2	3,0694	0	3,9753	2,0381	2,6037	2,1709
3	3,2961	3,9753	0	3,8417	3,8153	2,5773
4	3,181	2,0381	3,8417	0	1,4521	2,8216
5	2,371	2,6037	3,8153	1,4521	0	1,8319
6	0,3594	2,1709	2,5773	2,8216	1,8319	0

(**Fichero:** Labels_DTW.m)

Entre la secuencia pullback 1 y 6, por ejemplo, se ve un costo optimo de 3,0782 siendo el valor mas pequeño de toda la fila por lo tanto existe mayor similitud entre

ambas secuencias, los valores de la diagonal principal son cero por tratarse de comparaciones entre las mismas secuencias.

Los resultados obtenidos no concuerdan con las similitudes reales entre las secuencias pullbacks y por otra parte se denota que las similitudes encontradas no son reciprocas entre si, según la tabla la secuencia pullback 2 es similar a la 5 pero la secuencia 5 solo es similar a 6 produciéndose una incoherencia en los resultados.

Fase 2: Introducción de la restricción de posición en el algoritmo y pruebas con diferentes kernels

Para aumentar el control de la restricción de posición del DTW se utilizo la banda de Sakoe-Chiba con un rango de tamaño r equivalente a la diferencia de las longitudes de ambas secuencias, este sera el mínimo valor posible para r si se utilizara un valor mas bajo no se cumpliría la Condición de Limites para el warping path; la matriz de distancias se calcula de acuerdo a las siguientes condiciones:

$$d(i, j) = \begin{cases} (x_i - y_j) & j+r \leq i \leq j+r \\ \infty & i < j+r, i > j+r \end{cases} \quad (18)$$

Si los coeficientes i y j se encuentran dentro de los limites de la banda de Sakoe-Chiba la distancia se calcula con la distancia Euclidiana caso contrario el valor de la distancia sera infinito, descartándose al momento de la determinación del warping path.

Como se aprecia en las Figuras 13 y 14 los resultados utilizando las secuencias pullbacks no varían considerablemente y ante el riesgo de posible perdida de correspondencia entre las secuencias esta técnica se dejo de lado como una posible mejora en implementaciones posteriores.

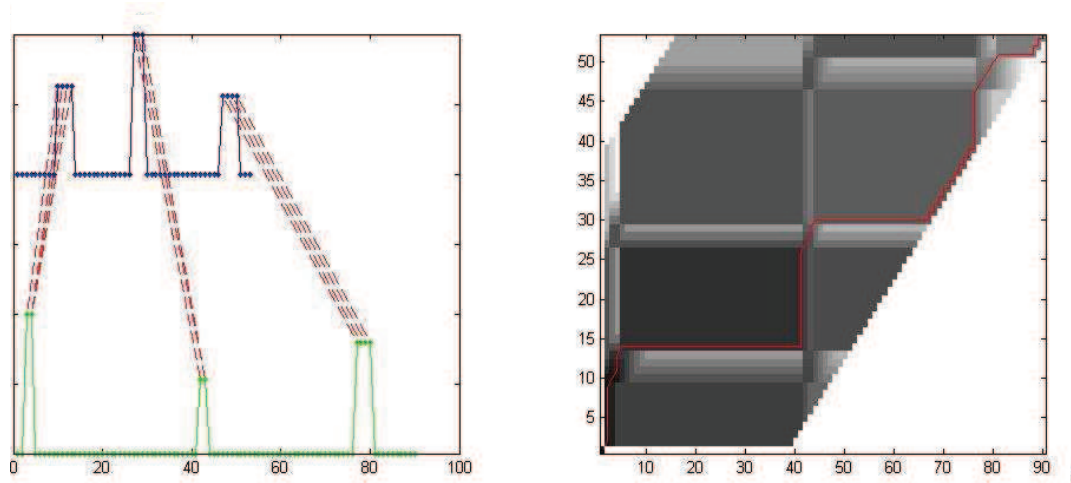


Figura 13: Correspondencias encontradas por el DTW aplicando la banda de Sakoe-Chiba con el mínimo valor posible para r .

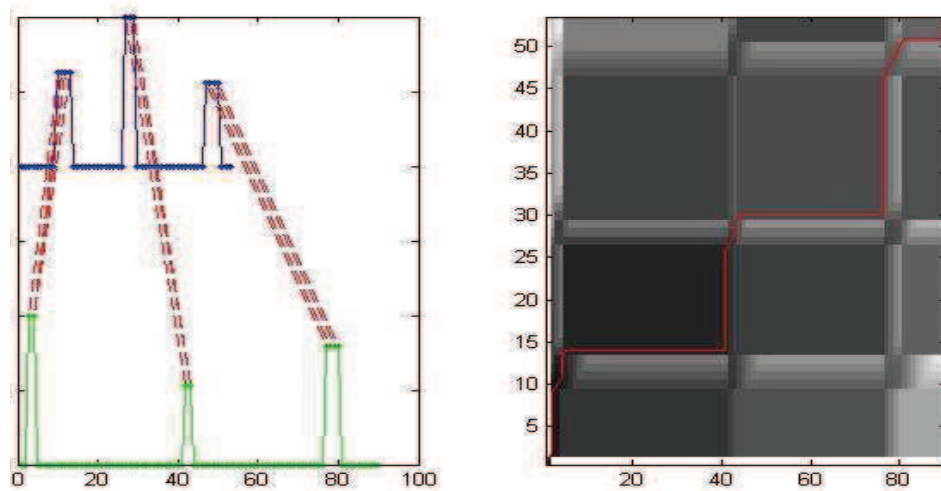


Figura 14: Correspondencias encontradas por el DTW sin aplicar la banda de Sakoe-Chiba

(Fichero: Labels_Warping_Window_DTW.m)

En estas figuras se aprecia que el warping path posee muchos “escalones” eso es

debido a que entre los “picos” de las secuencias pullbacks se encuentran segmentos uniformes de valor cero y ante este hecho, como se muestra en la Figura 15, el DTW asigna todos los puntos de un segmento uniforme al primero donde encuentra la similitud (múltiples correspondencias).

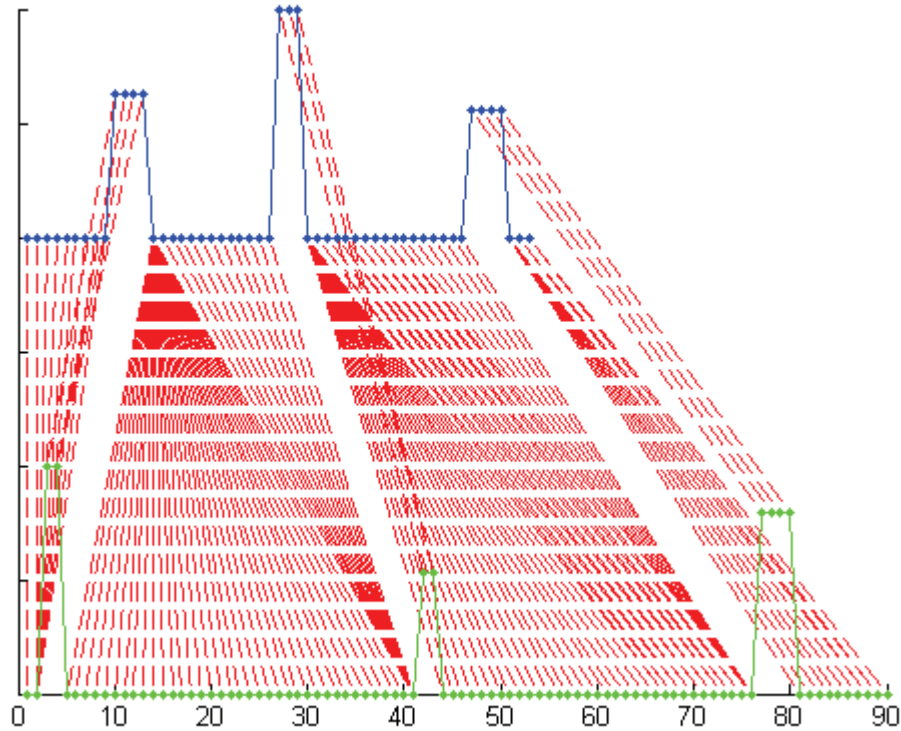


Figura 15: Múltiples correspondencias encontradas en segmentos uniformes

Por otra parte realizando pruebas con las distintas formas de kernels se perdió mucha correspondencia quedando solamente los puntos con un alto grado de similitud, Figura 16.

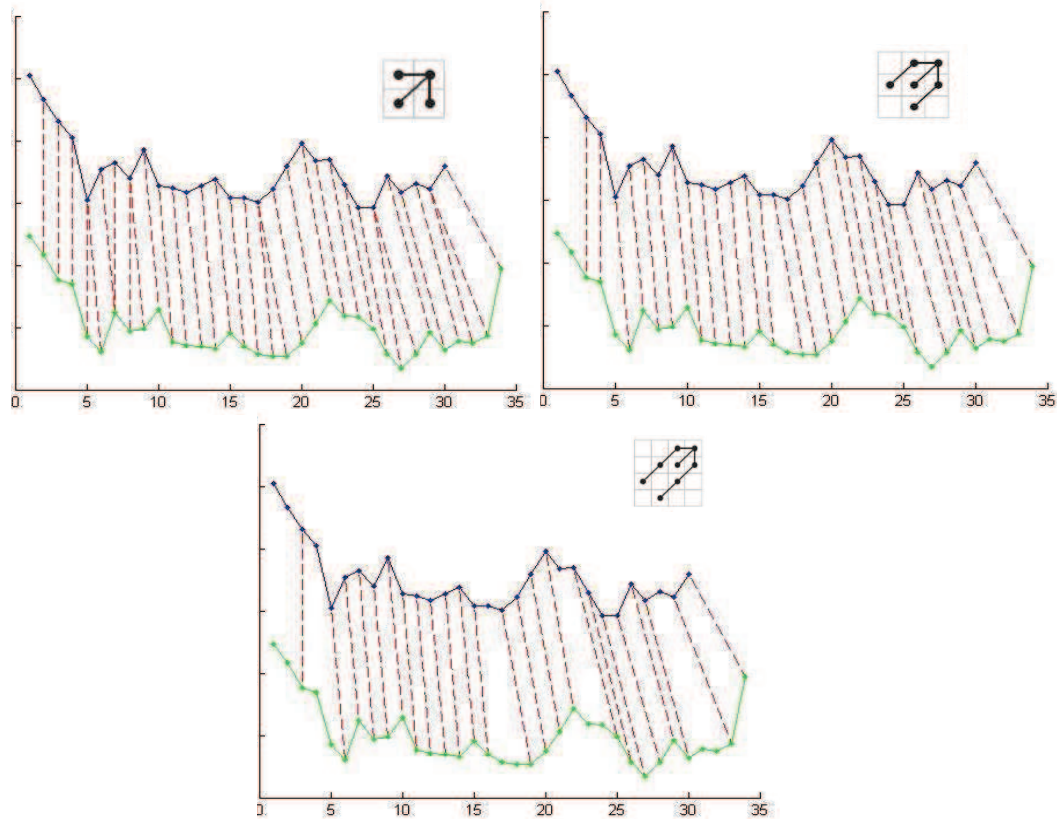


Figura 16: Correspondencias encontradas con diferentes formas de kernel.

(Fichero: RandomSignals_VariableKernel_DTW.m)

Debido a esta pérdida de correspondencia se continuara utilizando el kernel estándar.

Fase 3: Pruebas con simulación de desplazamiento

Para comprobar si el algoritmo implementado tiene complicaciones con el desplazamiento de señales se lo probo con un pullback simulada, su copia desplazada y una copia con los valores reducidos.

Los resultados de comparar el pullback con sus dos copias, visibles en la Figura 17, demostraron que el algoritmo codificado para el DTW determina un grado de similitud mayor en la copia desplazada que en la copia con valores reducidos debido

a que el DTW busca la correspondencia basándose solamente en la diferencia entre las amplitudes de cada componente en las secuencias, es decir la distancia Euclidiana

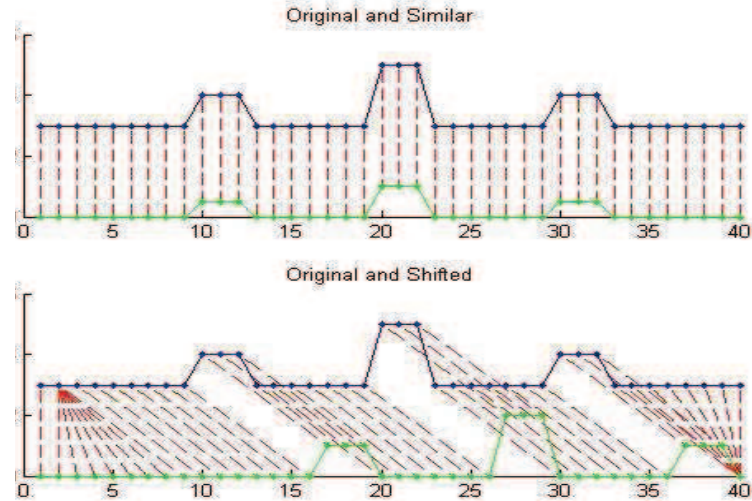


Figura 17: Correspondencias determinadas entre la secuencia pullback simulada y sus copias desplazada (abajo) y reducida (arriba)

(Fichero: pullbacks_delay.m)

El coste optimo $D(n,m)$ entre el pullback y su copia desplazada es de cero determinando una correspondencia exacta.

Fase 4: Calculo de coste espacial

Ante el hecho que el DTW no es afectado por el desplazamiento de las secuencias y en vista de tratarse de un factor relevante para diferenciarlas se re introdujo restricciones de posición al algoritmo mediante la banda de Sakoe-Chiba.

Para las pruebas se comparo la misma secuencia pullback simulada con dos copias desplazadas de la fase anterior de forma que el grado de similitud sea notorio a simple vista (Figura 18), los resultados mostrados en la Figura 19 concordaron con los esperados pero debido a la inexactitud de como determinar un tamaño optimo r para

el rango se descartó la utilización de la banda de Sakoe-Chiba.

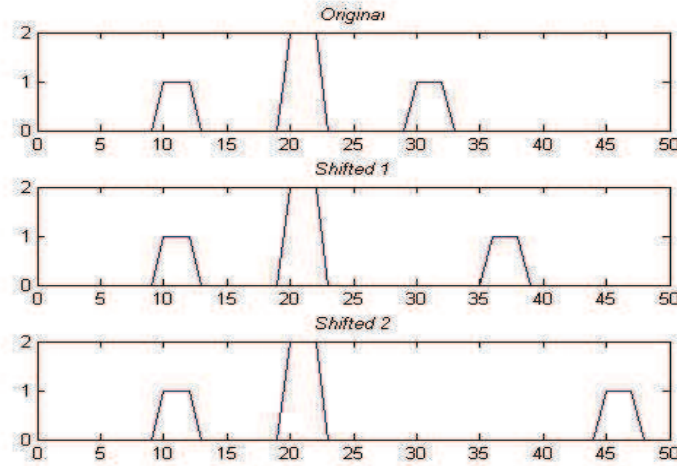


Figura 18: Secuencia pullback simulada con dos copias visiblemente desplazadas.

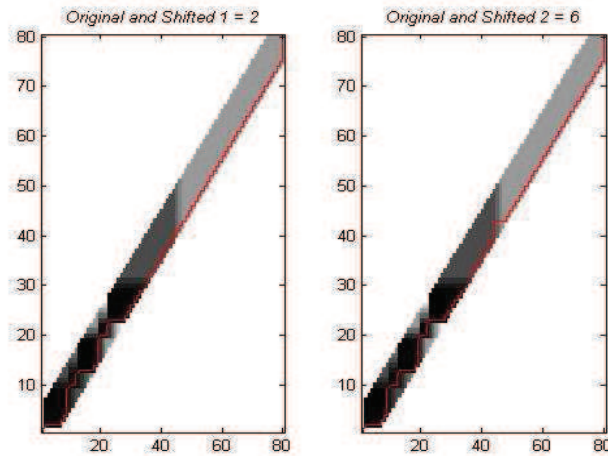


Figura 19: Warping path resultantes de aplicar el DTW con la banda de Sakoe-Chiba.

Para resolver este problema se introdujo la métrica del coste espacial el cual es la diferencia entre los coeficientes i y j para cada termino $D(i,j)$ que pertenezca al warping path. En caso de determinarse una correspondencia exacta el coste espacial

tendrá valor cero. Los costes espaciales de los warping path obtenidos en la Figura 20 fueron:

Coste espacial entre Pullback y Copia desplazada 1 = 2450

Coste espacial entre Pullback y Copia desplazada 2 = 2612

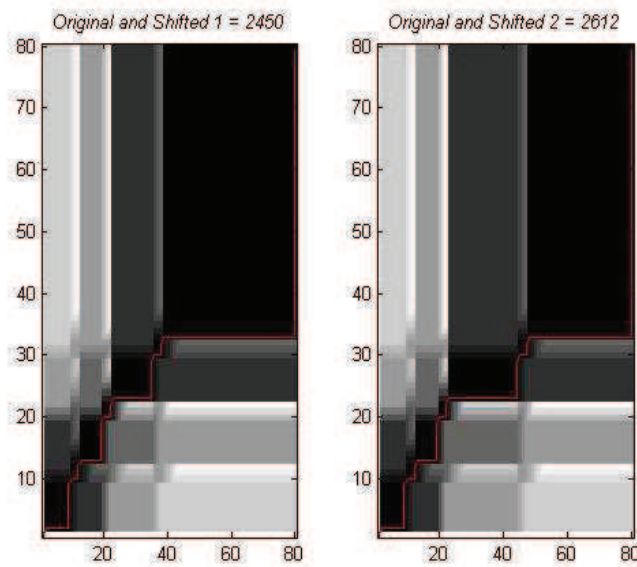


Figura 20: Warping path obtenidos entre le pullback simulado y sus copias desplazadas.

Igualmente el calculo del coste espacial determina que la copia con menor desplazamiento posee mayor similitud, quedando este coste espacial establecido como la métrica de comparación en el algoritmo.

(Fichero: spacial_cost_test.m)

Fase 5: Implementación del Derivative Dynamic Time Warping

Un problema en el calculo del coste espacial fue que el algoritmo

implementado para el DTW, como se especifico en una fase anterior, determinaba múltiples correspondencias incorrectas en los puntos iniciales de segmentos con valor uniforme (Figura 21 arriba).

Se implemento el DDTW con la intención de cambiarlo por el DTW clásico para eliminar este problema pero nuevamente al tratarse de segmentos con el mismo valor, es decir con derivadas estimadas similares, no se aprecia mejoras (Figura 21 abajo).

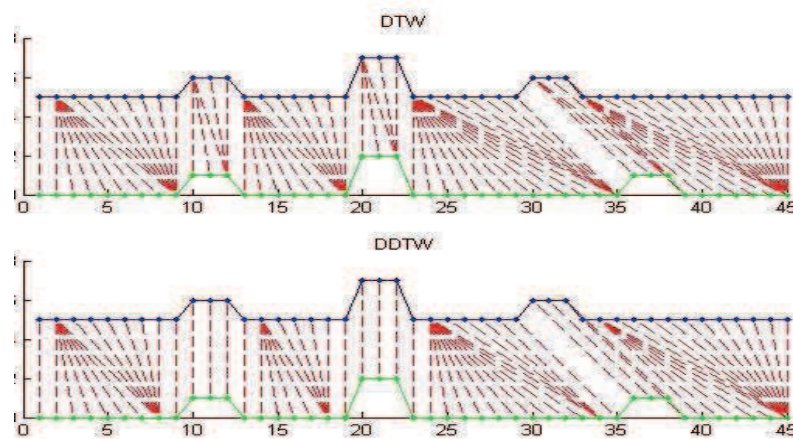


Figura 21: Correspondencias determinadas con el DTW clásico (arriba) y el DDTW (abajo).

La resolución a este problema se encontró modificando el algoritmo del DTW para que al momento de elegir el vecino mas pequeño en el kernel utilizado de prioridad al termino que se encuentra en diagonal (una fila y columna antes) en la matriz de costo acumulado, dando como resultado una mejor correspondencia entre los puntos de ambas señales, las múltiples correspondencias solo se aprecian en segmentos que presentan un desplazamiento.

Con esta modificación el calculo del coste espacial presenta resultados mucho mejores (Figura 22), comparando nuevamente con el DDTW, con esta mejora incluida, los resultados siguen sin variar notablemente.

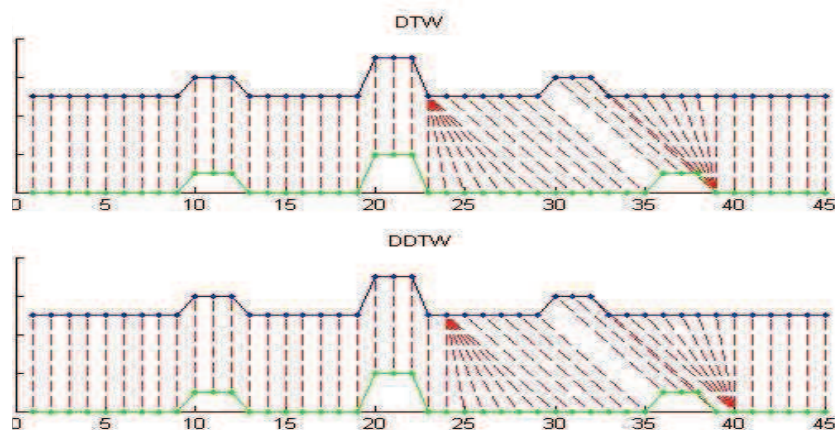


Figura 22: Resultados sin múltiples correspondencias incorrectas.

(Fichero: test_ddtw.m)

No habiendo diferencia entre los cálculos del DDTW y el DTW clásico debido a que las secuencias pullbacks presentan segmentos uniformes donde las derivadas poseen el mismo valor, la implantación del DDTW en este trabajo ha sido descartada.

Fase 6: Optimización del coste espacial

Ante la múltiple correspondencia en ciertos puntos de las secuencias debido al desplazamiento se busco optimizar el calculo del coste espacial eliminando las correspondencias repetidas en un mismo punto, pero al existir la posibilidad de perder correspondencias que pueden ser relevantes para determinar la similitud se opto por utilizar un umbral para descartar las correspondencias entre puntos con valores inferiores a este. Utilizando las mismas señales de prueba que en la fase anterior los resultados obtenidos demuestran que utilizando un umbral los costes espaciales son mas pequeños y aparentemente mas exactos.

Los resultados utilizando un umbral del 20% fueron los siguientes:

Señal original entre	Coste Optimo Eliminando Repeticiones	Coste Optimo Utilizando un umbral
Copia desplazada 1	60	18
Copia desplazada 2	150	45

Probando con otro conjunto de secuencias (Figura 23) :

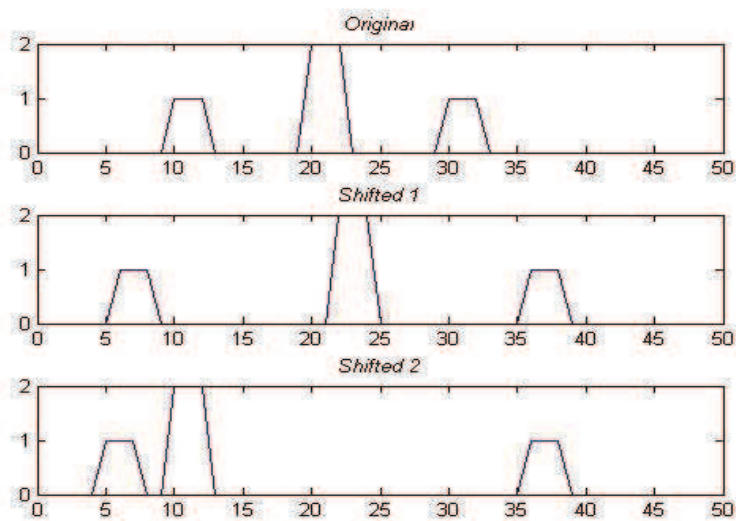


Figura 23: Secuencias que difieren solamente en la posición de sus módulos.

Señal original entre	Coste Optimo Eliminando Repeticiones	Coste Optimo Utilizando un umbral
Copia desplazada 1	108	36
Copia desplazada 2	140	63

Los resultados concuerdan con los esperados, adoptándose la técnica del umbral para optimizar el coste espacial.

(Fichero: spacial_cost_test2.m)

Fase 7: Determinación alternativa del warping path con el algoritmo de Cohen y Kimmel

Una alternativa considerada para la determinación del warping path fue el algoritmo de Cohen y Kimmel el cual busca el camino más corto entre dos puntos en una imagen encaminándose a través de los valores intermedios más pequeños [10].

Dado que el warping path optimo se considera como una linea recta desde el primer hasta el ultimo termino de la matriz de costo acumulado, se esperaba que este algoritmo indique una mejor aproximación para el coste espacial. Pero comparando el warping path determinado en la forma tradicional del DTW con el obtenido mediante el algoritmo de Cohen y Kimmel (Figura 24) se observo un posible riesgo de un calculo erróneo del coste espacial debido a que este ultimo no refleja de forma optima las correspondencias encontradas entre las secuencias quedando descartada su implantación en este trabajo.

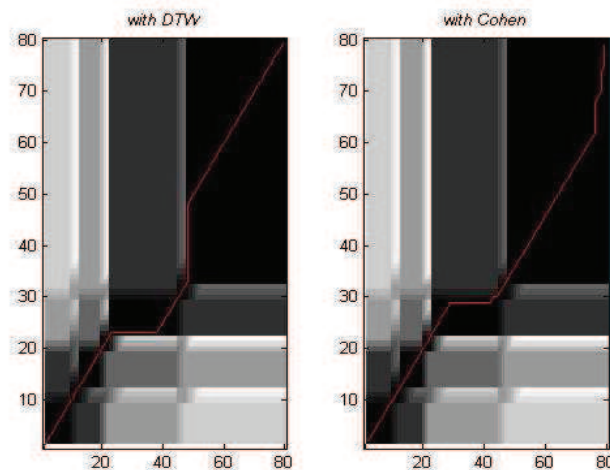


Figura 24: Comparativa entre el calculo del coste espacial con un umbral (izquierda) y con el algoritmo de Cohen y Kimmel (derecha).

(Fichero: DTW_vs_Cohen.m)

Fase 8: Alineación de las secuencias pullbacks

Para aumentar el grado de exactitud en el calculo del coste espacial se determino alinear las secuencias pullback con el método de Cross-Correlation (Figura 25) pero al tratarse de un método que alinea las secuencias basándose en las amplitudes sin tomar en cuenta su posición las alineaciones conseguidas variaban erróneamente el valor del coste espacial.

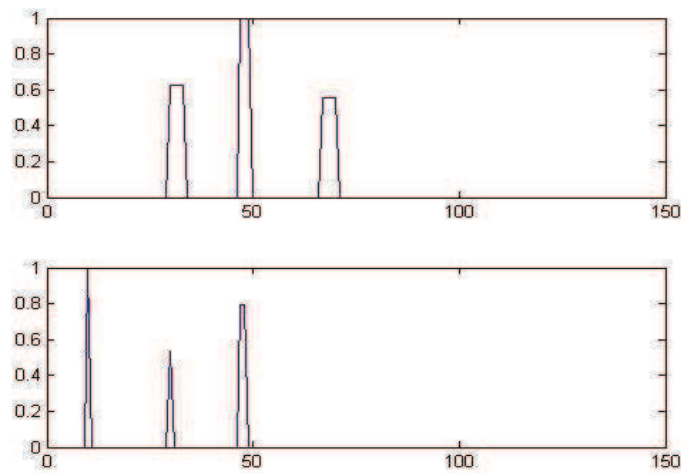


Figura 25: Secuencias pullbacks alineadas de forma incorrecta con Cross-Correlation.

Para evitar este problema se opto por alinear las secuencias pullbacks adelantando la primera lo equivalente a la mitad de su longitud y desplazando la segunda secuencia pullback de forma iterativa aplicando el DTW hasta conseguir el mínimo valor posible para el coste espacial, para desplazar los pullbacks se aumenta valores de cero al principio, utilizando la técnica del umbral estos valores no afectan al resultado final. La alineación resultante se muestra en la Figura 26.

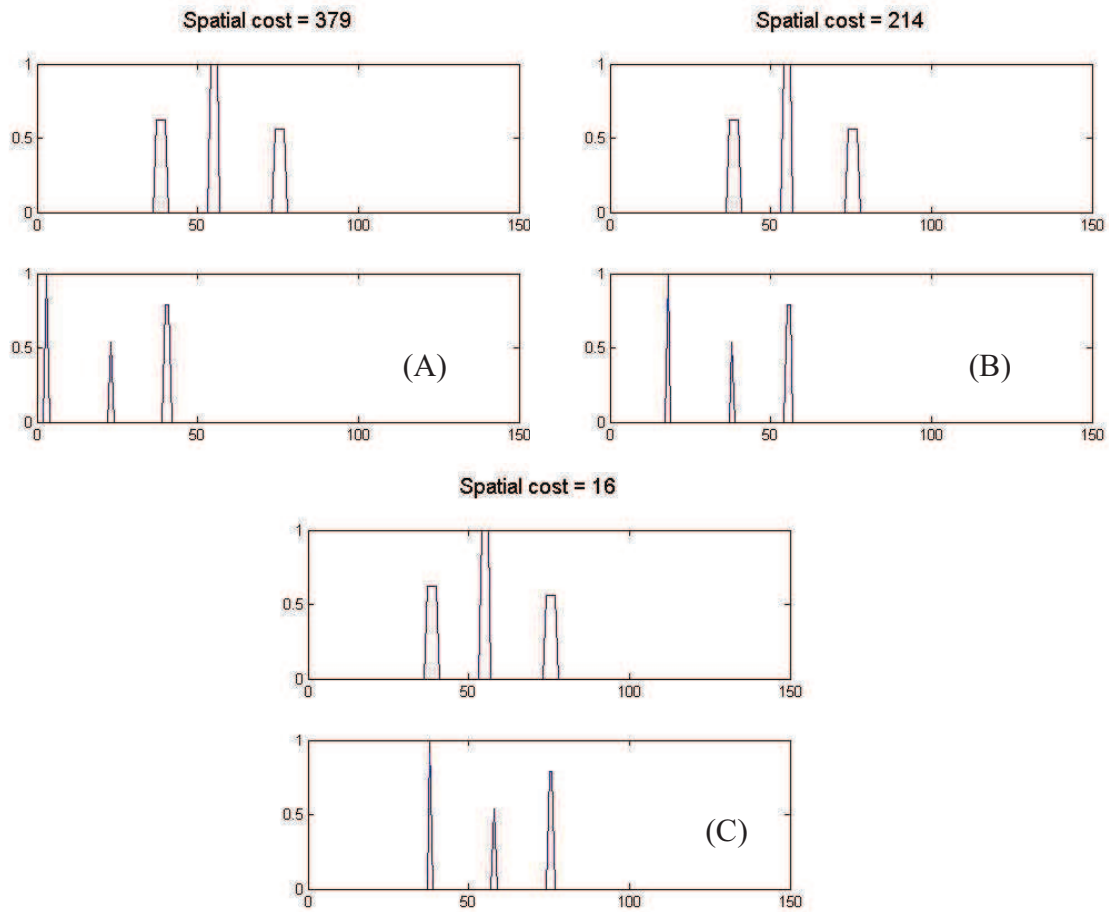


Figura 26: La primera secuencia pullback se adelanta (A), la segunda se va desplazando iterativamente (B) calculándose cada vez el coste espacial hasta conseguir el mínimo valor posible, la alineación obtenida es la optima(C).

(Fichero: pullbacks_minsearch.m)

Realizadas las pruebas con las diferentes secuencias pullbacks se aprecia que las alineaciones resultantes eran mas coherentes que con la Cross-Correlation, pero al tratarse de un calculo iterativo el tiempo necesario es mucho mayor. Aplicando esta ultima técnica entre todas las secuencias pullbacks de la muestra se obtiene la matriz de correspondencia de la Figura 27.

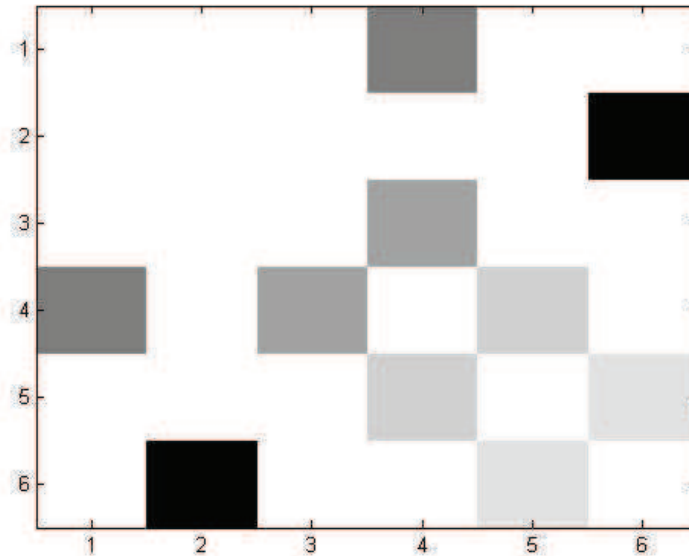


Figura 27: Matriz de correspondencia entre las seis secuencias pullbacks de la muestra utilizando alineación

(**Fichero:** Labels_Correspondance_minsearch.m)

Como la matriz resultante es una matriz espejo ya no es necesario calcular los términos por debajo de la diagonal principal para que el tiempo de ejecución sea menor.

Analizando los resultados obtenidos se noto que a parte de identificar algunas correspondencias ya conocidas se detectan otras que igualmente presentan un buen grado de similitud

Fase 9: Implementación del Minimance Variance Matching

Dado que el MVM (Minimal Variance Matching) encuentra una correspondencia mucho mas exacta y su tiempo de ejecucion es mucho menor que los algoritmos probados hasta ahora, se lo implementó en busca de una mejor aproximación para determinar el grado de similitud entre secuencias pullbacks.

Primeramente se realizo las pruebas del MVM con las secuencias de ejemplo expuestas en [6], utilizando dos secuencias simples $A=[1\ 2\ 8\ 6\ 8]$; $B=[1\ 2\ 9\ 3\ 3\ 5\ 9]$, los resultados obtenidos (Figura 28) concuerdan con los esperados dado que la secuencia a es muy similar a la secuencia b sin tomar en cuenta los valores de tres situados al medio.

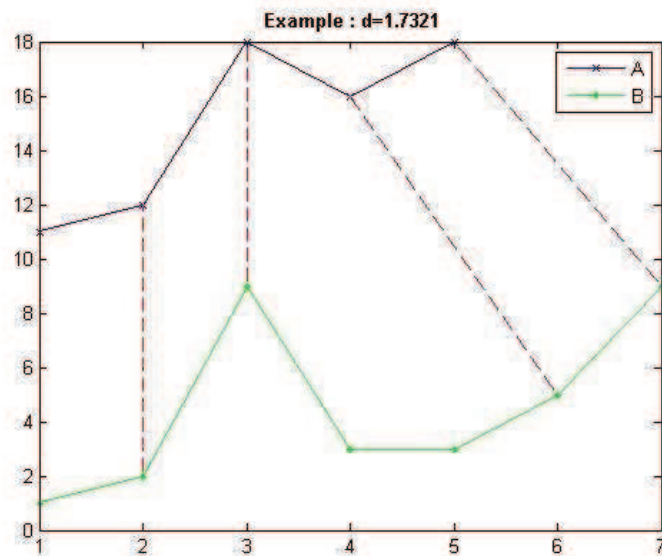


Figura 28: Correspondencias encontradas por el MVM donde no todos los elementos de la secuencia B tienen correspondencia en A

Utilizando la formula de la distancia optima entra ambas secuencias tiene un valor de 1,7321, mientras mas pequeño sea este valor indicara una mayor similitud.

Utilizando secuencias mas complejas para las pruebas nuevamente las correspondencias encontradas (Figura 29) concuerdan con los resultados esperados.

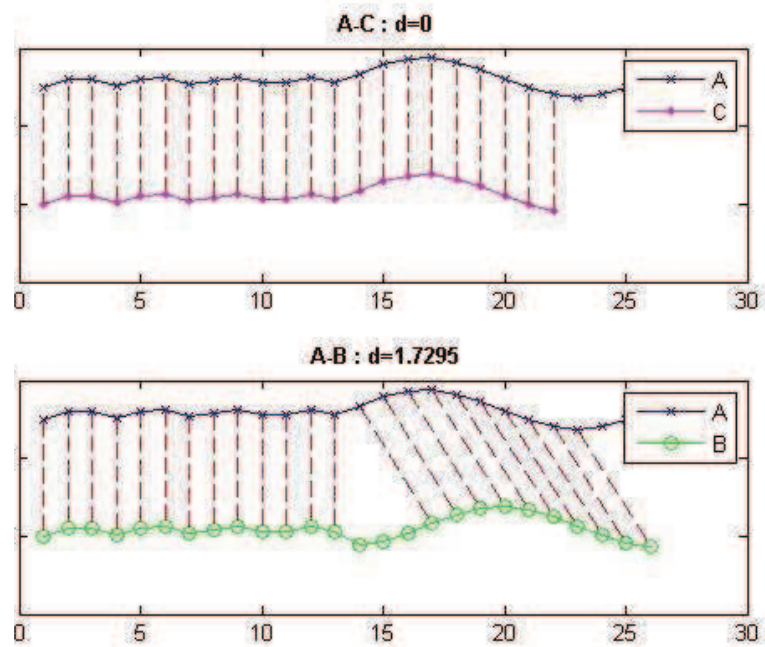


Figura 29: Correspondencias encontradas por MVM en secuencias mas complejas donde se nota claramente que la secuencia C posee mayor similitud con A que la secuencia B

(Fichero: main_mvm.m)

Al igual que en la prueba anterior el algoritmo encuentra las correspondencias exactas descartando los términos que no existan o no se encuentre un termino parecido (que cumpla las restricciones del MVM) en la otra secuencia. Esta característica asegura una correspondencia optima y casi exacta pero aplicada a las secuencias pullbacks, Figura 30.

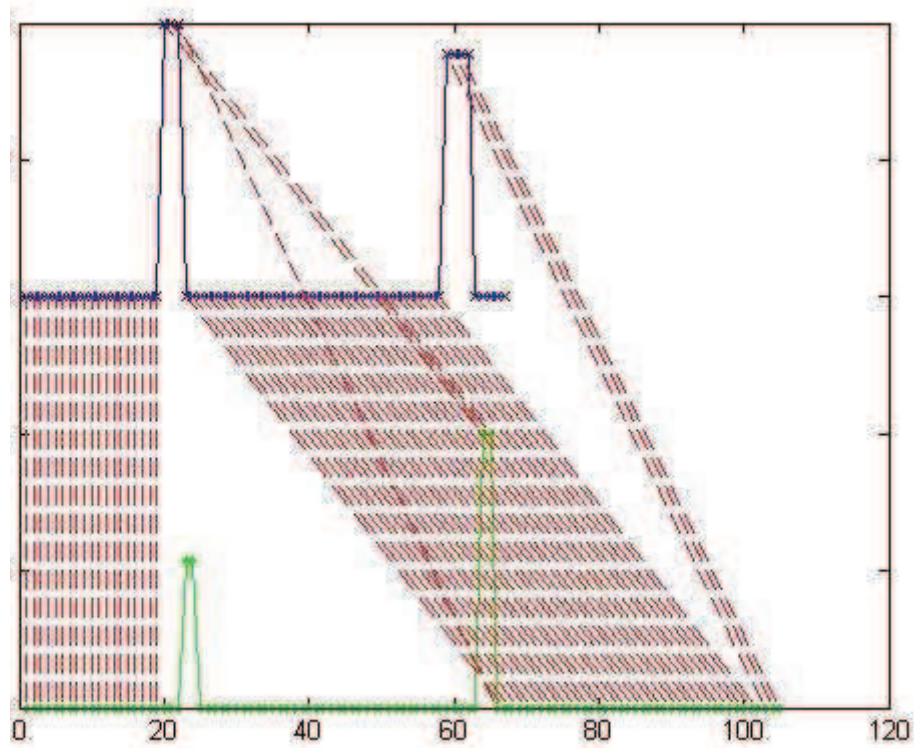


Figura 30: Correspondencias encontradas por el MVM para secuencias pullbacks

Se aprecia que existen segmentos que no son tomados en cuenta ya que la posición en que se encuentran es indistinta para el MVM, por esta razón el MVM no puede ser utilizado para la comparación de las secuencias pullbacks.

CAPITULO III

CONCORDANCIA DE RESULTADOS Y CONCLUSIONES

III.1 CONCORDANCIA DE RESULTADOS Y OBJETIVOS

El algoritmo implementado presenta un grado de similitud considerable para poder encontrar pacientes que posean similitudes basándose en sus secuencias IVUS quedando la técnica del DTW como la mas aplicable en respuesta al objetivo general de este trabajo.

Se ha determinado que la posición es un factor importante en la comparación de secuencias pullbacks mucho mas que la diferencia de amplitudes por este motivo la incorporación del coste espacial como métrica del grado de similitud brinda mejores resultados, la representación numérica de la matriz obtenida es la siguiente:

	1	2	3	4	5	6
1	0	167	32	22	88	63
2	167	0	208	83	48	44
3	32	208	0	16	76	162
4	22	83	16	0	8	48
5	88	48	76	8	0	5
6	63	44	162	48	5	0

Para cuantificar estos resultados se tomo en cuenta que solo la comparación entre la misma secuencia puede resultar exacta, significa que tiene un grado de similitud del 100%, y para cada fila, las secuencias que muestran mayor valor se les designa un grado de similitud del 0%, quedando los grados de similitud de la siguiente forma:

	1	2	3	4	5	6
1		0,00	80,84	86,83	47,31	62,28
2	19,71		0,00	60,10	76,92	78,85
3	84,62	0,00		92,31	63,46	22,12
4	73,49	0,00	80,72		90,36	42,17
5	0,00	45,45	13,64	90,91		94,32
6	61,11	72,84	0,00	70,37	96,91	

De esta manera se verifica que los resultados obtenidos con el algoritmo concuerdan con los resultados observables (ver Anexo 1).

Pero dado que para las secuencias pullbacks utilizadas en este trabajo ya se habían identificado las similitudes existentes, debido a que cada par pertenece a un mismo paciente:

Pullbacks 1-2 y recíprocamente 2-1

Pullbacks 3-4 y recíprocamente 4-3

Pullbacks 5-6 y recíprocamente 6-5

Es necesario determinar un grado de precisión en base a la información suministrada previamente a la realización del trabajo y los resultados obtenidos en base a la formula para el calculo de precisión:

$$Precisión = \frac{Verdaderos\ Positivos}{Verdaderos\ Positivos + Falsos\ Positivos}$$

Por lo tanto según la matriz de grados de similitud obtenida:

Verdaderos Positivos = 3 y *Falsos Positivos* = 3

$$\text{Precisión} = \frac{3}{3+3} = 0,5 \rightarrow 50\%$$

En conclusión el algoritmo posee una precisión del 50% para determinar similitudes entre secuencias pullbacks. Un valor aparentemente bajo pero ante el análisis de las correspondencias detectadas (Ver Anexo 2), las secuencias identificadas anteriormente al desarrollo de este trabajo como similares pueden no presentar un correcto grado de similitud entre si.

III.2 CONCLUSIONES Y TRABAJOS FUTUROS

Se ha probado algoritmos e implementado técnicas para determinar similitudes en secuencias numéricas, utilizando en las pruebas secuencias donde se conocía con certidumbre la similitud exacta incluyendo un material de tres parejas de secuencias pullbacks.

Como factor considerable para la comparación de secuencias pulbacks se destaca la posición de los puntos determinados como similares, quedando el coste espacial, presentado en este trabajo, como la métrica idónea para determinar el grado de similitud.

De todas las técnicas y métodos basados en diferentes criterios de similitud estudiados y probados en este trabajo se destaca que el DTW en su forma clásica es mucho mas robusto para determinar similitudes entre secuencias pullbacks, a la vez que puede ser aplicado con exito en varios campos como el reconocimiento de imágenes, gestos y sonido.

Como puntos pendientes para trabajos futuros quedan las pruebas con secuencias

pullbacks determinadas de forma automática en [1], un factor normalización tanto en el coste óptimo como el coste espacial de acuerdo al tamaño de las secuencias comparadas, un mejor método para conseguir la alineación óptima de las secuencias debido a que el método propuesto anteriormente posee un alto tiempo de ejecución y por último la prueba e implantación del MDTW que no pudo realizarse debido al tamaño reducido de la muestra de pullbacks.