



**UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO  
FACULTAD DE INGENIERÍA  
CARRERA DE ELECTRÓNICA Y TELECOMUNICACIONES**

**DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO  
PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARSCOV-2  
(COVID 19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES.  
CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL  
DOCENTE DE RIOBAMBA**

**Trabajo de Titulación para optar al título de:  
Ingeniera en Electrónica y Telecomunicaciones**

**Autor:**

**Tixi Cali, Gabriela Natalia**

**Tutor:**

**Mgs. José Luis Jínez Tapia.**

**Riobamba, Ecuador. 2022**

## DERECHOS DE AUTORÍA

Yo, Tixi Cali Gabriela Natalia con cédula de ciudadanía 060406556-5, autora del trabajo de investigación titulado: DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARSCOV-2 (COVID-19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES. CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL DOCENTE DE RIOBAMBA, certifico que la producción, ideas, opiniones, criterios, contenidos y conclusiones expuestas son de mí exclusiva responsabilidad.

Asimismo, cedo a la Universidad Nacional de Chimborazo, en forma no exclusiva, los derechos para su uso, comunicación pública, distribución, divulgación y/o reproducción total o parcial, por medio físico o digital; en esta cesión se entiende que el cesionario no podrá obtener beneficios económicos. La posible reclamación de terceros respecto de los derechos de autor (a) de la obra referida, será de mi entera responsabilidad; librando a la Universidad Nacional de Chimborazo de posibles obligaciones.

En Riobamba, 30 de noviembre del 2022.

A handwritten signature in black ink, enclosed within a hand-drawn oval. The signature reads "Gabriela Tixi Cali".

---

Gabriela Natalia Tixi Cali

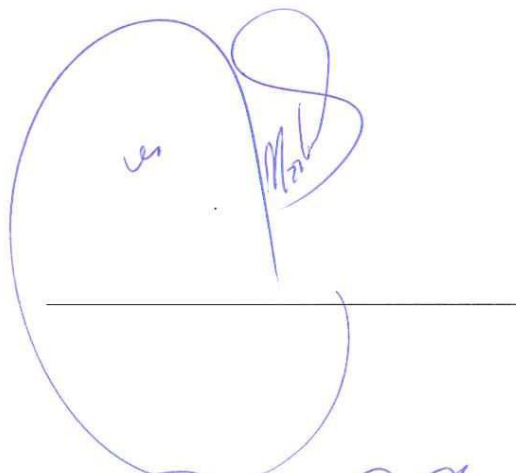
C.I: 060406556-5

**DICTAMEN FAVORABLE DEL TUTOR Y MIEMBROS DE TRIBUNAL;**

Quienes suscribimos, catedráticos designados Tutor y Miembros del Tribunal de Grado para la evaluación del trabajo de investigación **DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARSCOV-2 (COVID-19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES. CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL DOCENTE DE RIOBAMBA**, presentado por **Gabriela Natalia Tixi Cali**, con cédula de identidad número **060406556-5**, certificamos que recomendamos la **APROBACIÓN** de este con fines de titulación. Previamente se ha asesorado durante el desarrollo, revisado y evaluado el trabajo de investigación escrito y escuchada la sustentación por parte de su autor; no teniendo más nada que observar.

De conformidad a la normativa aplicable firmamos, en Riobamba 30 de Noviembre del 2022.

Dr. Marlon Basantes  
**PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE GRADO**



Mgs. Giovanni Cuzco  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO**



Dr. Klever Torres  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO**



Mgs. Jose Luis Jínez Tapia  
**TUTOR**

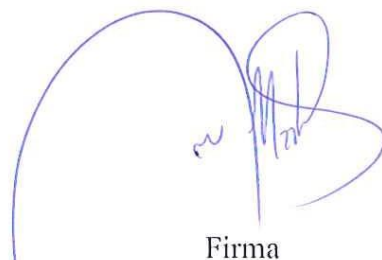


## CERTIFICADO DE LOS MIEMBROS DEL TRIBUNAL

Quienes suscribimos, catedráticos designados Miembros del Tribunal de Grado para la evaluación del trabajo de investigación **DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARSCOV-2 (COVID-19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES. CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL DOCENTE DE RIOBAMBA** por Gabriela Natalia Tixi Cali, con cédula de identidad número 060406556-5, bajo la tutoría de Mg. José Luis Jínez Tapia; certificamos que recomendamos la **APROBACIÓN** de este con fines de titulación. Previamente se ha evaluado el trabajo de investigación y escuchada la sustentación por parte de su autor; no teniendo más nada que observar.

De conformidad a la normativa aplicable firmamos, en Riobamba 30 de Noviembre del 2022

Presidente del Tribunal de Grado  
Dr. Marlon Basantes



Firma

Miembro del Tribunal de Grado  
Mgs. Giovanny Cuzco



Firma

Miembro del Tribunal de Grado  
Dr. Klever Torres

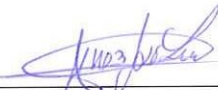


Firma

# CERTIFICACIÓN

Que, **Tixi Cali Gabriela Natalia** con CC: **060406556-5**, estudiante de la Carrera de **Electrónica y Telecomunicaciones NO VIGENTE**, Facultad de **Ingeniería**; ha trabajado bajo mi tutoría el trabajo de investigación titulado " **DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARSCOV-2 (COVID-19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES. CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL DOCENTE DE RIOBAMBA.**", cumple con el 2 %, de acuerdo al reporte del sistema Anti plagio **URKUND**, porcentaje aceptado de acuerdo a la reglamentación institucional, por consiguiente, autorizo continuar con el proceso.

Riobamba, 24 de noviembre del 2022



---

Mgs. José Luis Jínez

**TUTOR(A) TRABAJO DE INVESTIGACIÓN**

## **DEDICATORIA**

Dedico este proyecto principalmente a Dios, por haberme dado la vida y permitirme el haber llegado hasta este momento tan importante de mi formación profesional.

A mi amado hijo Emiliano, por ser el pilar más importante en mi vida y por su amor incondicional.

En memoria de mi abuela Amelia y mi madre Narcisa que sé que desde algún lugar del cielo me bendecirán siempre para salir adelante, sé que este momento hubiera sido especial para ustedes como lo es para mí.

A mi tía Elizabeth, a quien quiero como una madre, por compartir momentos significativos conmigo y por siempre estar dispuesta a escucharme y ayudarme en cualquier momento.

A mis tíos Felipe y Blanca que han sido como unos verdaderos padres para mí y en ningún momento dejarme sola en este trayecto de mi vida y por último a mi querido sobrino Francisco quien es como un hijo para mí.

Sin todos ustedes no hubiese logrado esta meta.

Gabriela Natalia

## **AGRADECIMIENTO**

Aunque pase por el valle de sombra de muerte, no temeré mal alguno, porque sé que tú estás a mi lado; tu vara y tu cayado me infunden aliento. Salm. 23:4.

Agradezco a Dios, a mi madre que desde el cielo siempre me está guiando, a mi familia por brindarme su amor y confianza incondicional en todo momento, por su apoyo en los momentos difíciles. Pues son un reflejo vivo de valentía y amor familiar

De igual manera agradezco a mi tutor por su apoyo y guía en el desarrollo de mi trabajo de titulación, a los miembros del tribunal y colaboradores del Hospital Docente de Riobamba por estar siempre dispuestos a colaborar con este Proyecto

A mis amigos por su amistad y apoyo en especial Javier y Angelito con quienes compartí experiencias únicas en el ámbito estudiantil y también actualmente compartiendo en la vida cotidiana

Gabriela

# ÍNDICE GENERAL

ÍNDICE DE TABLAS .....	10
ÍNDICE DE FIGURAS .....	11
RESUMEN .....	13
CAPITULO I. INTRODUCCIÓN.....	15
1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA .....	16
1.2. Ubicación del Problema en un Contexto .....	17
1.3. Situación Conflicto Nudos Críticos .....	18
1.4. Formulación del problema .....	18
1.5. Evaluación del problema .....	18
1.6. Delimitación.....	18
1.7. Justificación .....	18
1.8. OBJETIVOS .....	19
1.8.1. OBJETIVO GENERAL .....	19
1.8.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	19
CAPÍTULO II. MARCO TEÓRICO.....	20
2.1. ESTADO DEL ARTE .....	20
2.2. FUNDAMENTACIÓN TEORICA .....	25
2.2.1. Tecnología COVID-19 .....	25
2.2.2. Técnicas de Ensamble .....	25
2.2.3. Modelos de Segmentación Pulmonar .....	26
CAPÍTULO III. METODOLOGÍA.....	29
3.1. DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN .....	29
3.2. POBLACIÓN Y MUESTRA.....	30
3.2.1. Población .....	30



3.3.	PROCEDIMIENTO.....	31
3.4.	OPERACIONALIZACIÓN DE LAS VARIABLES .....	32
3.5.	PROCEDIMIENTO Y ANÁLISIS.....	33
3.5.1.	Segmentación Umbral Global .....	34
3.5.2.	Arquitectura de Implementación .....	36
3.5.3.	Diseño Interfaz Gráfica .....	51
CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....		53
4.1.	Resultados obtenidos con la aplicación del pre- procesado.....	53
4.2.	Resultados obtenidos con la ejecución de los modelos de segmentación seleccionados .....	55
CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES .....		62
5.1.	Conclusiones.....	62
5.2.	Recomendaciones .....	63
BIBLIOGRAFÍA.....		64
ANEXOS.....		67
ANEXO 1. CRONOGRAMA DEL TRABAJO INVESTIGATIVO DANDO CUMPLIMIENTO A LAS 400 HORAS ESTABLECIDAS POR EL REGLAMENTO DE RÉGIMEN ACADÉMICO DEL CES.....		67
ANEXO 2. FINANCIAMIENTO DEL PROYECTO .....		67
ANEXO 3. PROCEDIMIENTOS PARA LA REALIZACIÓN DEL PROGRAMA EN MATLAB, CÓDIGOS, IMÁGENES. ....		68
ANEXO 4. CERTIFICADO DE VIABILIDAD DEL SISTEMA .....		85

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Ventajas y desventajas de las diferentes pruebas de diagnósticas del Covid-19..	21
<b>Tabla 2.</b> Operaciones binarias .....	26
<b>Tabla 3.</b> Valores utilizados para el cálculo del tamaño de la muestra .....	30
<b>Tabla 4.</b> Operacionalización de las variables .....	32
<b>Tabla 5.</b> Valores establecidos para los modelos de segmentación probados en la técnica media ponderada.....	48
<b>Tabla 6.</b> Diseño interfaz gráfica .....	51
<b>Tabla 7.</b> Métricas obtenidas en los modelos de segmentación: lung-segmentation, xray y lungVae que se utilizan en nuestro sistema utilizando el dataset de Montgomery. ....	56
<b>Tabla 8.</b> Métricas obtenidas en el modelo de referencia y con la aplicación de las cuatro técnicas de ensamble implementadas en nuestro sistema utilizando el dataset de Montgomery .....	58
<b>Tabla 9.</b> Métricas de indicaciones de tipo de test según la fase, situación clínica y factores de riesgo social. ....	60
<b>Tabla 10.</b> Protocolo de interpretación de resultados combinando PCR y detección de anticuerpos, junto con imágenes: .....	61

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Ejemplo de una imagen en el conjunto de datos y su información asociada. ....	35
<b>Figura 2.</b> Flujo de datos de la arquitectura .....	36
<b>Figura 3.</b> Arquitectura implementada en el patrón por etapas.....	37
<b>Figura 4.</b> Diagrama de secuencial de la visualización etapa de Segmentación sobre la etapa de Preprocesado. ....	38
<b>Figura 5.</b> Histograma de tomografía que no se encuentra en el rango de valores 0-255, sin normalizar. Eje x son los valores de los píxeles y el eje y distribución de valores en imagen. ....	39
<b>Figura 6.</b> Histograma de tomografía en el rango de valores 0-255, normalizada. Eje x son los valores de los píxeles y el eje y distribución de valores en imagen.....	40
<i>Figura 7. Tomografía normalizada y no (a, b) colores invertidos. ....</i>	40
<i>Figura 8. Tomografías e histograma. ....</i>	41
<i>Figura 9. Tomografías y su nivel de contraste. ....</i>	42
<i>Figura 10. Histograma para aplicar la técnica de ecualización de una imagen. ....</i>	43
<i>Figura 11. Comparativa de las tomografías en la etapa de preprocesado. ....</i>	44
<i>Figura 12. Diagrama de secuencia en el que se visualiza la etapa de ensamble realiza una petición a la segmentación, mediante está a la de preprocesado. ....</i>	45
<i>Figura 13. Máscaras de segmentación resultado de la ejecución de la etapa de segmentación. ....</i>	46
<i>Figura 14. Diagrama secuencial visualizando la etapa de presentación con una petición a la etapa de ensamble, así como esta genera una petición de segmentación. ....</i>	47
<i>Figura 15. Comparativa de las tomografías en la etapa de ensamble a presentación y viceversa. ....</i>	49
<i>Figura 16. Diagrama de flujo secuencial de la visualización del usuario cuando realiza petición de la etapa de presentación además está realiza petición en la etapa de ensamble. ....</i>	50
<i>Figura 17. En la pantalla principal se muestra la información de ejecución. ....</i>	52
<i>Figura 18. Ejemplo de inversión de colores cuando una tomografía cumple con la condición de distribución de información en el histograma. ....</i>	54
<i>Figura 19. Ejemplo de inversión de colores cuando una tomografía cumple con la condición de distribución de información en el histograma. ....</i>	54
<i>Figura 20. Ejemplo de capas obtenidas al ejecutar los modelos. ....</i>	55

<b>Figura 21.</b> Resultados de las métricas obtenidas en los modelos de segmentación utilizados en el sistema con dataset de Montgomery. ....	57
<b>Figura 22.</b> Resultados obtenidos del modelo de referencia con técnicas de ensamble usadas sistema con el dataset de Montgomery.....	59

## RESUMEN

En los últimos años el mundo ha sido golpeado por diferentes enfermedades de fácil propagación entre ellas el COVID-19, que se hizo pandemia, han causado muertes alrededor de todo el mundo. Los síntomas tan diversos afectan de varias maneras a la persona que la padece, existiendo personas asintomáticas y otras que presentan cuadros médicos más graves incluso llegando neumonía bilateral, shock y finalmente la muerte. Dentro de los casos sospechosos en los que el sistema respiratorio daña de forma parcial o total al paciente, es habitual solicitar como primera prueba de imagen, la tomografía de tórax.

En este contexto son muchos los avances en la medicina, los cuales han permitido que esta tecnología se encuentre implementada con mayor presencia en los hospitales, centros médicos, de investigación entre otros, siendo de gran ayuda a los especialistas de la salud. Una de las líneas de trabajo está enfocada a la aplicación de segmentación umbral en las tomografías, ámbito que se encarga del reconocimiento de imágenes además de la segmentación de objetos.

De esta manera, la aplicación más directa es la segmentación de tomografías pulmonares, de distintos modelos dedicados a segmentar tomografías de pulmón, unos con mejores resultados que otros. Los problemas de mayor calado en la investigación dentro de la segmentación pulmonar son la poca cantidad de dataset's públicos, con información de tomografías pulmonares además de sus respectivas máscaras segmentadas otorgadas por un radiólogo experto. Por todo esto la aplicación de diversas técnicas para la implementación del modelo de segmentación pulmonar empleado previamente son un gran apoyo. Las técnicas de ensamble se aplican sobre el modelo con el objetivo de mejorar las detecciones de manera individual. Finalmente, en este trabajo se pretende diseñar e implementar un sistema con distintas técnicas de ensamble, teniendo como objetivo obtener los modelos de segmentación individuales, mediante una interfaz gráfica acorde a la experiencia de usuario, de tal forma que los especialistas sean capaces de interactuar con el sistema y visualizar resultados en forma sencilla, rápida e intuitiva.

**Palabras Clave:** segmentación umbral global, matlab, tomografías.

## ABSTRACT

In recent years, the world has been hit by different easily spread diseases, including COVID-19, which became a pandemic, causing deaths worldwide. Such diverse symptoms affect the person who suffers from it in various ways. Some asymptomatic people and others present more serious medical conditions, even reaching bilateral pneumonia, shock, and finally, death. In suspected cases where the respiratory system partially or totally damages the patient, it is common to request a chest tomography as the first imaging test.

In this context, many advances in medicine have allowed the implementation of this technology with a greater presence in hospitals, medical centers, and research centers, among others, being of great help to health specialists. One of the lines of work focuses on applying threshold segmentation in tomography, a field that deals with image recognition and object segmentation.

In this way, the most direct application is the segmentation of lung tomography, of different models dedicated to the segmentation of lung tomography, some with better results than others. The most important problems in research within lung segmentation are the small number of public data sets, with information from lung CT scans and their respective segmented masks provided by an expert radiologist. For all this, the application of various techniques for implementing the previously used lung segmentation model is a great support. Assembly techniques are applied to the model to improve detections individually. Finally, this work aims to design and implement a system with different assembly techniques, to obtain individual segmentation models through a graphic interface according to the user experience so that specialists can interact with the system and visualize results in a simple, fast and intuitive way.

**Keywords:** global threshold segmentation, matlab, tomographies.



DARIO JAVIER  
CUTIOPALA  
LEON

Reviewed by:

Lic. Dario Javier Cutiopala Leon

**ENGLISH PROFESSOR**

c.c. 0604581066

---

## CAPITULO I. INTRODUCCIÓN

En noviembre de 2019, un patógeno desconocido se informó por primera vez en Wuhan, China, posteriormente se identificó como un nuevo coronavirus y se denominó SARS-COV-2 (COVID-19) o síndrome respiratorio agudo severo. La identificación del patógeno y el patrón de transmisión llevaron a la implementación de medidas preventivas y de control de alto nivel por parte del gobierno chino y la Organización Mundial de la Salud (OMS), quienes en consecuencia declararon al SARS-COV-2 (COVID-19) como una emergencia de salud pública de preocupación internacional. En el Ecuador a fines de febrero del 2020, el Ministerio de Salud Pública dio a conocer oficialmente el primer caso del virus y alertó que se debía tomar medidas emergentes porque la pandemia podría expandirse a gran velocidad, a partir del mes de marzo y a pesar del confinamiento obligatorio declarado por el COE Nacional, el COVID-19 ha cobrado miles de vidas, especialmente en grupos vulnerables de personas con antecedentes de enfermedades crónicas y adultos mayores (Silvett & Delrieux, 2022).

El método de diagnóstico de primera línea del COVID-19 es la PCR-RT la que tiene especificidad cercana al 95% (es decir un resultado positivo confirma ser portador del virus aunque no presente síntomas), pero a su vez la prueba tiene una sensibilidad del 85% con altas tasas de falsos negativos (por lo cual una prueba negativa no descarta la enfermedad), además los diagnósticos demoran aproximadamente 7 días, otro método es la prueba rápida de antígenos en sangre IGG E IGM-AC son inmediatas pero con una sensibilidad del 83% y una especificidad del 63% y por ultimo las Tomografías Computarizadas de Tórax (TCT) con una especificidad y sensibilidad del 96% ,el diagnóstico tarda entre 3 a 5 días. (Jiménez & P., 2020).

Los descubrimientos en TCT juegan un rol importante en detectar anormalidades en los pulmones facilitando la identificación temprana de una enfermedad. Una de las razones más importantes de realizar la Tomografía de Tórax como herramienta frente a COVID-19 es que el hisopado (PCR-RT) no proporciona información sobre la gravedad de la enfermedad mientras que los hallazgos tomográficos ayudan a diferenciar a pacientes que podrían necesitar hospitalización y pacientes que se los puede tratar ambulatoriamente. (SEIMC, 2020)

Bajo la premisa de la conservación de la salud y la vida durante la emergencia sanitaria se diseñará e implementará un sistema de apoyo para la detección de casos de COVID-19, mediante técnicas de procesamiento de imágenes utilizando TCT donde se puede identificar las lesiones pulmonares ya que se aplicará la técnica de la segmentación para localizar las regiones afectadas por el virus independientemente de los demás síntomas que presenten los pacientes (Ridao, Sánchez, & José, 2020).

El Procesamiento de Imágenes mediante el estándar de métodos, algoritmos y técnicas se ha convertido en un tema de interés, debido a los múltiples beneficios en la medicina, ya que se puede visualizar en detalle las imágenes obtenidas, como: bordes, límites, regiones, anomalías etc., que aportan a la toma de decisiones en un diagnóstico. El método para implementarse para la detección de lesiones causadas por la nueva enfermedad de coronavirus será la técnica de segmentación umbral global, pues es capaz de segmentar la lesión y brindar información al profesional médico sobre el estado del paciente en cualquiera de los casos establecidos (caso leve, moderado y grave), además de brindar automáticamente un porcentaje de afectación, que resulta importante para identificar la gravedad del caso. Se considera que la aplicación sería de gran utilidad para el profesional de la salud, pues ayudará a consolidar el diagnóstico que se le brinda al paciente, y, podrá ser adquirida por cualquiera que lo desee, pues es gratuita, lo que elimina el inconveniente de los costos de las herramientas con las que se pueden trabajar en esta pandemia. La aplicación de esta modalidad de detección no descarta que se encuentren en el camino con otras técnicas que pudieran ser implementadas o sirvan de complemento con óptimos resultados pues hay que tomar en cuenta que se aspira obtener un alto grado de sensibilidad y especificidad lo que redundaría en un nivel óptimo de confiabilidad de los resultados y un diagnóstico muy preciso (La Serna Palomino & Norberto Román Concha , 2018)

## **1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA**

En los últimos años la población a nivel mundial se ha visto afectada por enfermedades de carácter pandémico en especial la llamada COVID-19, provocada por un virus denominado SARs-CoV-2, lo cual motivo a tomar las respectivas precauciones en la sociedad. La rápida propagación ha provocado consecuencias que no han sido valoradas del todo, ya que sus efectos continúan. Esto se relaciona como una crisis de carácter sanitario, consecuencias



propias de la crisis las cuales se extienden a aspectos económico además de sociales, incluso político en varios países. (Pattnaik, Mohanty, & Satarupa, sf).

De esta manera, la evolución de la pandemia, así como el número de contagiados como el de fallecidos, se convirtieron en problemas diarios, debido a esto para recabar la información necesaria, que complementa el análisis de los efectos derivados de la sobrepoblación de los sistemas hospitalarios, sobre todo, las estimaciones sobre el impacto económico además de social en distintos plazos. Resultado de una navegación rápida en la internet la denominación COVID19 una cantidad de Cerca de 10.350.000.000 resultados (0,51 segundos) (búsqueda efectuada el 25 de septiembre de 2021 (Clinica Asunción klinica, 2020)

En una cantidad extremadamente grande de situaciones con poca credibilidad por el habitante promedio, donde se unen los datos con opiniones no contrastadas, recopiladas con un rigor poco confiables así como, alteraciones de la realidad, de pronta propagación sin control por la población se daba en tiempos reducidos; denotando un paradigma que la Organización Mundial de la Salud (OMS) llama infodemia, de la que compromete la calidad de fuentes de datos posibles para un correcto análisis en la determinación de muestras, que identifiquen de manera rápida este tipo de enfermedades.

## **1.2.Ubicación del Problema en un Contexto**

El diagnóstico eficiente y rápido de COVID-19, es un aspecto muy importante para quien presenta sintomatología o haya estado en contacto con personas contagiadas, pues este virus afecta no solo la parte física sino también la parte psicoemocional por el riesgo de transmisión que presenta. Según la Organización Mundial de la salud (OMS), del 60% al 90% de personas a partir de los 25 años pueden contagiarse y presentar síntomas visibles del virus, convirtiéndose así en foco de infección de su entorno cercano, sin descartar a niños y jóvenes. El distanciamiento físico, llevar mascarilla, ventilar bien las habitaciones, evitar las aglomeraciones, lavarse las manos continuamente, son elementos que se tomaron en cuenta para evitar la propagación de este virus. Como un aporte durante la emergencia sanitaria se diseñará e implementará un sistema de ayuda al personal médico para la detección oportuna de este virus en TCT, mediante técnicas de procesamiento de imágenes, que permiten establecer diagnósticos rápidos, oportunos y eficientes, contribuyendo así a evitar consecuencias fatales de una persona afectada por COVID-19 (Cellina & O, 2020)

### **1.3.Situación Conflicto Nudos Críticos**

Durante la emergencia sanitaria se puede constatar la carencia de un diagnóstico oportuno y eficiente de las personas que se realizan la prueba de detección del COVID-19, pruebas como la PCR – RT (hisopado) y la prueba rápida de antígenos (IGG E IGM-AC), no presentan un nivel adecuado de especificidad y sensibilidad, por lo que se busca continuamente nuevas alternativas de detección especialmente para personas vulnerables, pruebas que especifiquen el grado de afectación, y promuevan tratamientos viables de acuerdo a cada caso en particular.

### **1.4.Formulación del problema**

¿Existe un sistema que utilice técnicas de procesamiento de imágenes, que facilite la obtención de un diagnóstico rápido, eficiente y oportuno para de la detección del COVID-19?

### **1.5.Evaluación del problema**

Para este estudio se consideran las técnicas de segmentación u otras técnicas que complementarían en el procesamiento de imágenes para lograr un diagnóstico de COVID-19 con un alto grado de especificidad y sensibilidad.

### **1.6.Delimitación**

Este estudio se realizará en el Hospital Provincial General Docente de Riobamba, uno de los centros hospitalarios más grandes de la ciudad al que acude la mayoría de la población que no posee seguro médico, ya que cuenta con especialidades y servicio de hospitalización, unidad de COVID-19 y servicio UCI (Unidad de cuidados intensivos).

### **1.7.Justificación**

La razón fundamental de este estudio es que los Especialistas del Hospital Provincial General Docente de Riobamba, proporcionen diagnósticos mucho más oportunos eficientes y rápidos, conociendo y aplicando este sistema a implementarse. El uso, será un auxiliar importante para los especialistas del área de imagenología, ayudando a determinar con mayor exactitud el grado de afectación causada por este virus. También se abre la posibilidad de contribuir para el mejoramiento del sistema en futuros proyectos y darle nuevos usos en el campo de la medicina.

## **1.8.OBJETIVOS**

### **1.8.1. OBJETIVO GENERAL**

- Diseñar e implementar un sistema de apoyo mediante procesamiento de imágenes para la detección oportuna de posibles casos de SARS-CoV-2 (COVID-19). Caso de Estudio: Hospital General Docente de Riobamba.

### **1.8.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Ensayar la técnica de segmentación umbral global para el procesamiento de imágenes.
- Demostrar la eficiencia del sistema de procesamiento de imágenes con la técnica de segmentación umbral global en los pacientes que se realicen la tomografía en el Hospital General Docente de Riobamba.
- Incluir técnicas complementarias de estudio como un apoyo para mejorar la toma de decisiones en el reconocimiento de los datos.

## **CAPÍTULO II. MARCO TEÓRICO**

### **2.1. ESTADO DEL ARTE**

Las pruebas de diagnóstico para COVID-19 se hacen para saber si actualmente un individuo está infectado con SARS-CoV-2, el virus que causa la enfermedad del coronavirus 2019 (COVID-19). La Administración de Alimentos y Medicamentos de los Estados Unidos (FDA) aprobó estos tipos de pruebas para diagnosticar una infección con la COVID-19:

Prueba de la PCR. también conocida como la prueba molecular, detecta el material genético del virus que causa la COVID-19 usando una técnica de laboratorio llamada reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Para recolectar una muestra de fluido se inserta un hisopo nasal largo (exudado nasofaríngeo) en un orificio de la nariz y se obtiene fluido de la parte de atrás de la nariz, o se puede usar un hisopo nasal más corto (exudado de turbinado medio) para obtener la muestra. En algunos casos se inserta un hisopo largo en la parte de atrás de la garganta (exudado orofaríngeo), o puedes salivar en un tubo para producir una muestra de saliva. Los resultados pueden estar listos en minutos si se analizan de forma interna, o en unos días si se envían a un laboratorio externo o quizás más tiempo en lugares donde haya demoras en el procesamiento de los análisis. La prueba PCR es muy exacta cuando la realiza de manera adecuada un profesional de atención médica.

Prueba de antígeno. Esta prueba para la COVID-19 detecta ciertas proteínas en el virus. Se usa un hisopo largo para tomar una muestra del fluido de la nariz, y las pruebas de antígeno pueden dar resultados en minutos. Se pueden enviar otras muestras a un laboratorio para su análisis. El resultado positivo de una prueba de antígeno se considera exacto cuando las instrucciones se siguen cuidadosamente, pero hay más posibilidad de tener un resultado falso negativo lo que significa que es posible estar infectado con el virus, pero tener un resultado negativo. Según la situación, el médico podría recomendar una prueba PCR para confirmar un resultado negativo de la prueba de antígeno (Guan, y otros, 2020)

La Tomografía Computarizada de Tórax (CTC) se aplica por su eficacia con información epidemiológica, clínica y de laboratorio, los hallazgos típicos de la tomografía computarizada del tórax son útiles para hacer un diagnóstico. La CTC es útil también como herramienta debido a que los hallazgos radiológicos de COVID-19 también puede ayudar a determinar el grado de afectación pulmonar, el curso de la enfermedad y la evolución de las

lesiones pulmonares inducidas por COVID-19 además de ser fundamental en el proceso de diagnóstico dada su alta sensibilidad. (Huang, Zhao, Li, & Chen, 2020)

No obstante, en la Tabla 1, la baja sensibilidad de ciertos métodos implica que un "gran número de pacientes con COVID-19 no serán identificados rápidamente y pueden no recibir el tratamiento adecuado. El PCR en tiempo real es el Gold estándar y método más empleado, sin embargo, tiene algunas desventajas es costoso, necesita personal experto en Microbiología molecular y medidas de bioseguridad, equipos y personal específico, además tiene un porcentaje relativo de falsos negativos. En comparación con la PCR, la tomografía computarizada de tórax puede ser un método más fiable, práctico y rápido para diagnosticar y evaluar el COVID-19, especialmente en el área de la epidemia"; Según un estudio con 1.000 pacientes que se ha publicado en la revista 'Radiology' la tomografía computarizada de tórax es mejor que las pruebas de laboratorio para el diagnóstico de coronavirus o COVID19, demostró tener una sensibilidad del 88% (en 1014 pacientes) y en otro 98% en caso de COVID-19 sospechosos aumentando al 97% en casos asociados a PCR positiva. Actualmente, el ácido nucleico del virus por PCR a tiempo real, la tomografía computarizada y algunos parámetros hematológicos son las herramientas principales para el diagnóstico clínico de la infección cada una de ellas tiene su valor para el diagnóstico (V C & B, 2020)

**Tabla 1.** Ventajas y desventajas de las diferentes pruebas de diagnósticas del COVID-19

<b>PRUEBAS</b>	<b>TC DE TÓRAX</b>	<b>IGG E IGM-AC</b>	<b>RT-PCR</b>
Ventajas	<ul style="list-style-type: none"> <li>-Método de diagnóstico estándar para Covid-19 según OMS y CDC.</li> <li>-Permite estudiar un gran número de pacientes por la posible automatización de los procedimientos.</li> <li>-Detecta y amplifica secuencias de ADN o</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>-La sensibilidad, especificidad y precisión de la TC de tórax para determinar la infección por COVID-19 es de 97% y 98%</li> <li>-Resultados rápidos.</li> <li>-Evalúa progresión de la enfermedad.</li> <li>-Manejo ciertas complicaciones</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>-Sensibilidad del 88,66%, especificidad del 90,63%.</li> <li>-Resultado rápido en 15 minutos.</li> <li>-No requiere un equipo específico ni complejo, simple de realizar y solo requería un</li> </ul>

	<p>la presencia del virus en muestras nasofaríngeas desde los primeros momentos de la infección.</p> <p>-Más sensible y específica que los otros métodos hasta ahora disponibles</p> <p>-Según el Instituto Charité de Virología posee especificidad del 95%</p>	<p>causas por Covid-19 TEP.</p> <p>-Accesible, menor costo.</p> <p>-No invasiva</p>	<p>entrenamiento mínimo.</p> <p>-Complementan a los estudios de RT-PCR</p> <p>-Uso a gran escala</p>
DESVENTAJAS	<p>- Tiempos de respuesta largos (1-7 días)</p> <p>-Funcionamiento es complicado, con personal experto en biología molecular.</p> <p>-Requieren laboratorios certificados e infraestructura adecuada.</p> <p>-Equipo costoso y técnicos capacitados para realizarlos</p> <p>-Hay un porcentaje considerable de falsos</p>	<p>Subjetivo de acuerdo con los criterios del especialista</p>	<p>-Tiempos de respuesta después la primera semana.</p> <p>-IgG e IgM contra el SARS-CoV-2 será una indicación de infección (que no discrimina si es activa o pasada), reactividad cruzada con otros coronavirus y con el virus de la gripe</p> <p>errores diagnósticos -</p> <p>- Insuficiente sensibilidad y especificidad</p> <p>-El resultado negativo de IgM y de</p>

	<p>negativos para el COVID-19 30% a 60% en la presentación inicial muestras respiratorias (nariz y faringe) y el líquido de lavado broncoalveolar.</p> <p>exhibió la tasa positiva más alta (del 100%) por lo que se debe repetir la prueba</p> <p>-Escasez de suministros</p>	<p>IgG no excluya que el paciente esté infectado por SARS-CoV-2.</p> <p>-Aunque se puede tomar muestras a gran escala, difícil procesar muchas muestras en un corto periodo de tiempo.</p> <p>-Deben ser validados, podrían tener un muy importante porcentaje de falsos negativos y positivos, y no garantizan inmunidad.</p> <p>-Económico</p>
--	--	--

**Fuente:** Procesamiento de imágenes en MATLAB mediante tomografías (SEIMC, 2020).

La tarea de procesar las imágenes médicas y visualizar estructuras anatómicas a partir de ellas, se ve afectada en un principio por la presencia de elementos electromagnéticos que se usan en ese instante o por movimientos involuntarios del paciente, esto entre otras circunstancias que pueden presentarse afectan la calidad de estas imágenes, la presencia de detalles anatómicos y funcionales que a simple vista son difíciles de ver, y la dificultad en la tarea de segmentar estructuras tan complejas como los tejidos duros y blandos del ser humano (MATLAB, 2015)

El procesamiento de las imágenes se lleva a cabo procesando los valores de niveles de gris contenido en la matriz que representa la imagen. También se detallan, las funcionalidades desarrolladas e implementadas en esta herramienta, guiados por los principales pasos implicados en el procesamiento de imágenes médicas tales como son: (W. & M. C., 2015)

-La adquisición y lectura de las imágenes médicas:

-El pre- procesado y normalizado para mejora de imágenes.

-Visualización

-Segmentación

Algunas de las técnicas de segmentación se han utilizado en estudios como la acumulación de aire (neumotórax) que utiliza la técnica basada en la segmentación de la transformada de Sobel con el fin de determinar problemas del exceso de aire en los pulmones, en el cual se utilizó criterios específicos, considerados como parte fundamental en la segmentación, para esto se utilizó tomografías. También se aplicó para detectar algunos tipos de cáncer como por ejemplo el Cáncer de mama para la extracción de características se utilizó un método de segmentación basado en técnicas estadísticas denominadas Grey Level Co-ocurrence Matriz (GLCM), el cual genera características basadas en matrices, diseñadas para medir las relaciones espaciales entre los píxeles. ( Romero , Castellanos , Gutiérrez , & Cancino , 2020)

También esta técnica se viene usando en extracción de partes segmentadas del daño causado por una enfermedad pulmonar obstructiva crónica se utilizó imágenes tomográficas panorámicas, empleando como técnica de segmentación la transformada de wavelet, cuyo objetivo fue el de extraer las partes dañadas, para posteriormente clasificarlas y obtener información útil de ellas, tales como la forma del área segmentada y el grado de afectación. Cabe recalcar que cada imagen fue segmentada, aplicando el algoritmo clustering fuzzy c-means (FCM) de agrupación de datos, denominado también método de clúster suave. Un sistema de diagnóstico para el colapso pulmonar (atelectasia) mediante la detección, segmentación y clasificación de los tejidos. La detección de bordes fue basada en el gradiente, que consiste en tres pasos: estimación del gradiente, supresión con máxima y umbral de histéresis; para la segmentación de regiones, se utilizó el algoritmo de Mean Shift, y técnicas de detección de bordes para extracción de características en tomografías. Se realizó una comparación de dos técnicas para la detección de bordes: Sobel y operadores de Prewitt, utilizando un conjunto de tomografías y estimar calidad de detección de cada uno ( Romero , Castellanos , Gutiérrez , & Cancino , 2020)



## **2.2. FUNDAMENTACIÓN TEORICA**

### **2.2.1. Tecnología COVID-19**

El coronavirus viene de una familia de virus de origen no identificado su nombre se da por la forma en las extensiones del núcleo, porque se parecen a una corona. Los virus pueden afectar a los mamíferos además de aves, para así generar enfermedades respiratorias con resultados letales, otra de las afectaciones puede ser en los humanos derivando distintas enfermedades como gripes comunes hasta enfermedades mucho más peligrosas [15].

SARS-Cov: Detectado en noviembre de 2019 en China. Afectó en total a 26 países y el número de casos se extiende entre el 31 de diciembre de 2019 y el 4 de febrero de 2020, se notificaron un total de 20,630 confirmados. El porcentaje de letalidad fue del 10 % en la población general y alcanzaba 50 % en personas mayores de 65 años [15] [16].

### **2.2.2. Técnicas de Ensamble**

Las técnicas de ensamble son técnicas aplicadas a varios modelos para mejorar sus predicciones. Los tipos de técnicas generalmente se dividen en grupos de capacidad básica y avanzada. [17]

#### **Técnicas básicas**

##### **Votación máxima**

Este método se basa en ejecutar cada modelo por partes para así votar en función del resultado devuelto por cada modelo para que la salida con más interacciones se considere la solución, toda colección de estos datos será devuelta. [17] [18]

##### **Media ponderada**

Este tipo de técnica es parecida a la del promedio ponderado, lo cual implica ejecutar cada modelo por separado y calcular un promedio ponderado de los resultados devueltos, junto con ponderaciones apropiadas que indiquen la importancia de cada modelo para los resultados al final, de modo que el resultado se considere decisión del grupo que regresa. [18]

Así tenemos un ejemplo, digamos una tarea donde necesitamos determinar la probabilidad de ocurrencia de un triángulo en una imagen y para esto hemos entrenado modelos diferentes de forma que primero ponemos los pesos importantes que tendrán los modelos, ingresamos como ingrese en cada modelo una imagen con triángulos, además de posibles resultados que devuelve los modelos en futuras interacciones. [18]

## Técnicas avanzadas

Entre las técnicas avanzadas, la más empleada es:

### Bitwise

Este se basa en ejecutar cada uno de los modelos separados y realice una manipulación de bits en los valores determinados en cada píxel de la fotografía. Todas las operaciones lógicas pueden realizar bit a bit así tenemos a las operaciones: AND, OR, NOT Y XOR, los resultados se pueden verificar en la Tabla 2. [18] [19]

**Tabla 2.** Operaciones binarias

A	B	AN D	O R	NO T	XOR
0	0	0	0	1	0
0	1	0	1	1	1
1	0	0	1	1	1
1	1	1	1	0	0

**Fuente:** Elaboración propia

### 2.2.3. Modelos de Segmentación Pulmonar

#### Técnicas de Procesamiento de Imágenes mediante Segmentación

##### Modelo basado en LungVae

La remisión fue motivada por el hecho de la afectación pulmonar en la mayoría de los casos dificulta la segmentación de la tomografía realizada de forma manual. Esto debido a muchas enfermedades respiratorias, incluso el COVID-19. [23]

Se usaron varios conjuntos de imágenes para el entrenamiento, incluido el conjunto de datos de Montgomery, donde se obtuvieron las tomografías computarizadas de personas consideradas sanas, de forma distinta las tomografías computarizadas se consiguieron con la

fusión del conjunto de datos de Cohen et al., 2020. [23] [24] Dado que las últimas muestras no contenían mascarillas, los conocedores en la materia segmentaron de forma manual, para detectar el desempeño del modelo. La arquitectura que se muestra en la Figura 2, cuyo modelo se basa en la arquitectura UNet, también agrega un componente Variable Autoencoder (VAE) para manipular los datos con pérdida de información esto mirado alrededor de los parámetros de entrada (E,V) y salida(D) del modelo los cuales son matrices para el ingreso, salida en el cambio de estados, es decir, partes de la TC que tienen fusión pulmonar. El codificador automático de transformación es una técnica no supervisada, que tiene como objetivo identificar los patrones y estructuras de información, para que se puedan construir datos considerados nuevos con dichas representaciones. [24] En el codificador automático de transformación está entrenado para entender la representación de los pulmones en la tomografía para que se pueda crear una fusión de la tomografía donde se ubicarán los pulmones. El rendimiento del modelo se calculó mediante el coeficiente DICE siendo relativamente alto. [2] [25]

## **Modelo LungSegmentation**

Los algoritmos para extracción de información acerca de las estructuras presentes en una imagen son conocidos como algoritmos de segmentación y juegan un papel importante en numerosas aplicaciones biomédicas donde las imágenes son la principal fuente de información. La utilización del modelo LungsSegmentation es un proceso fundamental en el área de la medicina, aunque se han planteado muchas alternativas para resolver el problema de segmentar adecuadamente los objetos que componen una escena, aún no existe una que pueda cubrir todos los requerimientos que se plantean en este tipo de aplicaciones. Mediante el presente trabajo se propone un método para segmentar, en forma automática, los pulmones obtenidos en imágenes de tomografía computarizada, mediante crecimiento de regiones. El punto de partida para la segmentación, es obtenido a partir de la ubicación de ciertos marcadores anatómicos generados mediante un proceso de detección implementado con Máquinas de Soporte Vectorial de mínimos cuadrados (LS-SVM) y la interpolación de estos mediante spline cúbicos a fin de encontrar un centroide de los contorno y bordes obtenido. [24]

## **Modelo Xray**

Estos algoritmos son capaces de reconstruir una vista tridimensional del objeto, permitiéndonos recuperar información importante sobre el interior del objeto a estudiar, tiene como objetivo explorar las tecnologías de la radiografía 2D y tomografías 3D. Además, el modelo, desarrolla una implementación original de la transformada inversa de Radon para realizar reconstrucciones tomográficas de los datos recopilados con la máquina de rayos X [25]

## **Modelo ChestXray**

Este método emplea técnicas de mejora de contraste como parte de una etapa de pre-procesamiento. Luego se realiza la segmentación automática del pulmón utilizando umbrales múltiples y operadores morfológicos. Posteriormente, se extraen características del pulmón como lo son la entropía, el valor promedio de intensidad, la desviación estándar y la correlación entre el pulmón derecho y el izquierdo, con el objetivo de cuantificar información sobre la opacidad y la textura de los pulmones. Por último, se emplean las características mencionadas como entrada para un clasificador K-means de tal manera que se pueda obtener un agrupamiento correcto de la población de pacientes sanos y pacientes enfermos. [26]

## **Modelo MultiResUnet**

En los últimos años, Deep Learning ha supuesto un gran avance en la segmentación de imágenes médicas. En este sentido, U-Net ha sido la arquitectura más popular en la comunidad de desempeño general en la segmentación de imágenes médicas multimodales, a través de una amplia experimentación en algunos conjuntos de datos desafiantes, demostramos que la arquitectura clásica de U-Net parece faltar en ciertos aspectos. Por lo tanto, proponemos algunas modificaciones para mejorar la modelo U-Net ya de última generación. Tras estas modificaciones, se encuentra un modelo novedoso, MultiResUNet, como el sucesor potencial del modelo U-Net. Hemos probado y comparado MultiResUNet con la clásica U-Net en un amplio repertorio de imágenes médicas multimodales. A pesar de que solo se notan ligeras mejoras en los casos de imágenes ideales, ganancias notables en el rendimiento han sido alcanzados por los desafiantes. [27]

## CAPÍTULO III. METODOLOGÍA

### 3.1. DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN

El diseño e implementación de un sistema de apoyo para la detección de posibles casos de SARS- COV-2 (COVID-19), mediante procesamiento de imágenes, es un estudio de tipo investigativo, aplicativo, experimental y cuantitativo por lo que se realizarán pruebas para verificar la eficacia del sistema.

**Investigativo:** porque comprende el análisis de artículos referentes al procesamiento de imágenes aplicadas a pacientes en diversas patologías, en donde se evidencia que el uso de esta técnica es un apoyo fundamental para diagnósticos oportunos, por lo que es ampliamente recomendado y por lo tanto se estima que sería un auxiliar durante la emergencia sanitaria para la detección del COVID-19.

**Aplicativo:** este tipo de investigación es aplicativo porque está centrado en encontrar rutas que permitan lograr el objetivo principal, como el diagnóstico eficiente y oportuno del COVID-19; por consiguiente, el tipo de muestra al que se aplica es muy específico y bien delimitado, ya que no se tratará de explicar una amplia variedad de situaciones, sino que más bien se intentará específicamente abordar este problema de diagnóstico eficiente y oportuno en los pacientes del Hospital Provincial General Docente de Riobamba

**Experimental:** Esta investigación se basa en la manipulación de variables independientes como: procesamiento de imágenes, tomografías y como variable dependiente el diagnóstico lo que hará posible el diseño e implementación de un sistema de apoyo para la detección de COVID-19 en posibles pacientes; el estudio se llevará a cabo en condiciones rigurosamente controladas con el fin de describir el modo de un empleo eficiente de este sistema de detección.

**Cuantitativa:** El tipo de estudio de esta investigación es cuantitativo ya que permite obtener datos precisos, dimensiones cantidades que surgen de acuerdo con el proceso de implementación del sistema de procesamiento de imágenes con la técnica de segmentación umbral global aplicado al diagnóstico de los posibles pacientes de COVID-19 del Hospital Provincial General Docente de Riobamba

## 3.2. POBLACIÓN Y MUESTRA

### 3.2.1. Población

La población de estudio que será utilizada para el entrenamiento del sistema, serán los pacientes que ingresan a la unidad de Imagenología para proceder a realizarse la prueba del COVID-19 mediante tomografías en el Hospital Provincial General Docente de Riobamba, los diagnósticos serán almacenados en una base de datos que será realimentada simultáneamente.

$$N = 1 \text{ tomografía por hora} * 24 \text{ horas} * 7 \text{ días}$$

$$N = 24 * 7$$

$$N = 168 \text{ tomografías}$$

### 3.2.2. Muestra

En el presente proyecto se utilizará el muestreo finito, que serán recopilados de los exámenes realizados a los pacientes del Hospital Provincial General Docente de Riobamba, indicado en la Tabla 3. A continuación, se detalla la formula a ser utilizada:

$$n = \frac{N * Z^2 * p * q}{d^2 * (N - 1) + Z^2 * p * q}$$

#### Significado de cada parámetro:

**n**= Tamaño de la muestra.

**N**= Representa la población finita.

**Z** =Nivel de confianza (90% Puntuación Z = 1.645, 95% Puntuación Z = 1.96, 99%Puntuación Z = 2.576) en el experimento se usará el 95%.

**p**= Probabilidad de que ocurra el evento estudiado, se utilizará el 50%.

**q**= Probabilidad que no ocurra el evento estudiado, se utilizará el 50%.

**d**= Error de estimación máximo aceptado puede ser entre el 5% y el 10%, utilizaremos el5%.

**Tabla 3.** Valores utilizados para el cálculo del tamaño de la muestra

Parámetro	Valor
-----------	-------

<b>N</b>	168
<b>Z</b>	1,960
<b>P</b>	50%
<b>Q</b>	50%
<b>D</b>	5%

**Fuente:** Elaboración propia

$$n = \frac{168 * 1.96^2 * 0.5 * (1 - 0.5)}{0.05^2 * (168 - 1) + 1.96^2 * 0.5 * (1 - 0.5)}$$

$$n = 117,0964 \quad n=117$$

### 3.3. PROCEDIMIENTO

**Primera fase:** Estudio de las diferentes técnicas de segmentación del procesamiento de imágenes para seleccionar la más adecuada para los casos de COVID-19.

**Segunda fase:** Implementación de la técnica de segmentación umbral global en el procesamiento de imágenes del sistema.

**Tercera fase:** Evaluación de la capacidad, eficacia y el rendimiento del sistema. El proceso de entrenamiento del sistema se efectuará en un horario de 8 horas diarias en el departamento de imagenología.

**Cuarta fase:** En base a los resultados obtenidos en el diagnóstico del COVID-19 y de acuerdo con las recomendaciones de los especialistas se procederá a la implementación de este sistema en el área de imagenología del Hospital Provincial General Docente de Riobamba.

### 3.4. OPERACIONALIZACIÓN DE LAS VARIABLES

Tabla 4. Operacionalización de las variables

	<b>VARIABLES</b>	<b>CONCEPTO</b>	<b>INDICADORES</b>	<b>INSTRUMENTOS</b>
<b>VARIABLE INDEPENDIENTE</b>	Lesión bilateral, periférica de opacidades en vidrio esmerilado	La distribución bilateral de opacidades en vidrio esmerilado (GGO) con o sin consolidación en la parte posterior y periférica de los pulmones fue el sello distintivo fundamental de la COVID-19	Técnicas para la detección de estas lesiones por medio del sistema.	Imágenes Tomográficas
	Patrón en empedrado	El patrón en empedrado se caracteriza por un engrosamiento de los septos inter e intralobulillares superpuesto a las OVD, simulando un suelo de adoquines, hallazgo que también se identifica con mucha mayor facilidad al hallazgo más	Técnicas para la detección de estas lesiones por medio de este sistema	Imágenes Tomográficas



		frecuente de la infección pulmonar por COVID-19 que puede pasar desapercibido, se ha postulado como el motivo del alta con respecto a la TCT en el diagnóstico inicial de esta infección		
<b>VARIABLE DEPENDIENTE</b>	-Diagnóstico	Proceso de reconocimiento, análisis y evaluación de un objeto o situación para determinar sus tendencias o solucionar un problema.	Número de casos detectados de pacientes con COVID-19.	Base de datos de almacenamiento.

**Fuente:** Elaboración propia

### 3.5. PROCEDIMIENTO Y ANÁLISIS

Teniendo en cuenta la importancia de detectar los posibles daños causados por los efectos del COVID- 19 a los pulmones de pacientes, con el uso de tomografías computarizadas, en esta investigación se propone el uso de programación de segmentación umbral global, con la cual se desarrolla un programa en un software de cálculo finito para realizar una detección estimada de manera automática. Este software se encarga de determinar las características necesarias para que se realice una segmentación de imágenes competitiva, determinando de esta manera la posible área afectada por el virus.

La segmentación umbral global ofrece la posibilidad de generar cálculos mediante la representación de espacios basados en propiedades básicas de la detección de los valores del nivel de gris, esto da paso a la implementación de nuevas funciones de acuerdo con el problema a resolver.

En este trabajo, las funciones desarrolladas son operaciones de procesamiento de imágenes previamente mostradas en las siguientes secciones. La solución final indica un conjunto de funciones utilizadas en los algoritmos junto con el orden en que fueron aplicadas para llegar a la imagen que detecta los parámetros. Los algoritmos utilizados en la creación de funciones para implementar el procesamiento de imágenes determinan la información contenida en las mismas, de esta forma, los valores numéricos ubicados en las matrices se pueden variar, demostrando que la percepción visual de la información de las imágenes cambie, indicando una característica en la superficie específica en la imagen.

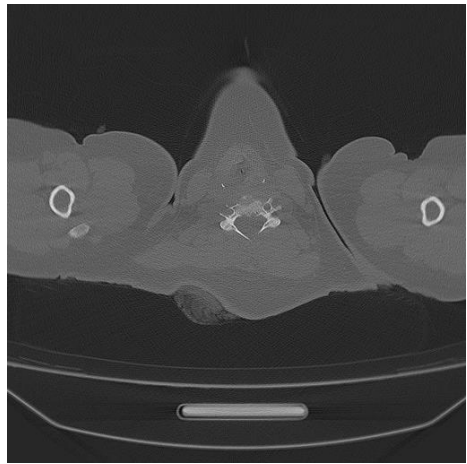
### 3.5.1. Segmentación Umbral Global

El algoritmo ha sido creado desde la segmentación por (Otsu,1979), pasando por Sacur en 2004 y Sotoca en 2017, como algoritmos computacionales; siendo aplicados por (Hinojosa,2020), como nuevos métodos de detección tratados en está diseñado como una herramienta para realizar la construcción de características y con ellas poder realizar una segmentación a un conjunto de imágenes, para utilizar esta herramienta es necesario tener la imagen original y la imagen a la cual se requiere llegar. Esta imagen objetivo es una imagen binaria en donde se muestra el área segmentada por el experto, Cabe mencionar que no es necesario que las imágenes tengan una dimensión en específico, además, si el conjunto de imágenes es a color, estas se convierten a imágenes en escala de grises, pues la propuesta trabaja en esta escala de color.

Para la realización del proyecto de investigación se han utilizado **dataset** diferentes del Hospital General Docente de Riobamba-COVID19, estos han sido recopilados de los archivos de la casa de salud; los dataset (DICOM-S001/...), está formado por conjuntos de datos, compuestos de imágenes y anotaciones clínicas anonimizadas, proporcionados por el banco de imágenes médicas del hospital.

En la Figura 1. , se muestra un ejemplo de la información que se recopila en el dataset, dónde se puede observar la tomografía del paciente, un informe de radiología dónde se incluyen hallazgos radiológicos, diagnóstico diferencial y ubicaciones, ejemplo de los

metadatos de la imagen obtenidos de los campos DICOM y las pruebas diagnósticas realizadas.

		<p><b>Report:</b> manchas de aspecto bilateral predominadas en ambos lóbulos, con sospechas de COVID-19, senos nasales sin obstrucción.</p> <p><b>Labels:</b> COVID19, interstitial patern, pneumonia</p> <p><b>Locations:</b> lobar, bilateral,lowe lobe</p>																					
		<table border="1"> <thead> <tr> <th>DICOM</th> <th>FIELDS</th> <th>Date</th> <th>Test</th> <th>Result</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Study date</td> <td>13.07.2022</td> <td>13.07.2022</td> <td>PCR</td> <td>NEGATIVE</td> </tr> <tr> <td>Patient's Sex</td> <td>M</td> <td>13.07.2022</td> <td>IGG</td> <td>POSITIVE</td> </tr> <tr> <td>Modality</td> <td>CR</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table>		DICOM	FIELDS	Date	Test	Result	Study date	13.07.2022	13.07.2022	PCR	NEGATIVE	Patient's Sex	M	13.07.2022	IGG	POSITIVE	Modality	CR			
DICOM	FIELDS	Date	Test	Result																			
Study date	13.07.2022	13.07.2022	PCR	NEGATIVE																			
Patient's Sex	M	13.07.2022	IGG	POSITIVE																			
Modality	CR																						

**Figura 1.** Ejemplo de una imagen en el conjunto de datos y su información asociada.

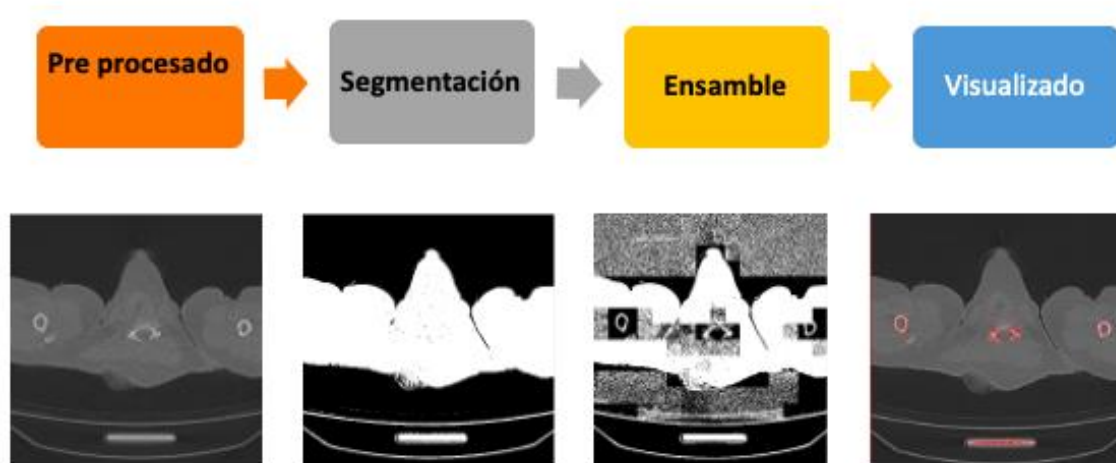
**Fuente:** Elaboración propia

La estructura de la información del dataset DICOM-COVID sigue el estándar MIDS (Medical Imaging Data Structure). El cual está implementado por el equipo del hospital docente, es una forma de organizar la información e imágenes médicas en carpetas cuyo objetivo principal es definir un estándar dentro del ámbito de la inteligencia artificial y facilitar así el intercambio de datos entre investigadores; establece los formatos, .dcm (2D) o .jpeg (2D) para las imágenes, .xlsx para datos fenotípicos y, por último .csv para la creación de diccionarios de valor del resto de metadatos.

### 3.5.2. Arquitectura de Implementación

El objetivo principal de esta investigación, como se explicó anteriormente, es la creación de un sistema en Matlab que lleve a cabo la segmentación de tomografías pulmonares utilizando técnicas de ensamble con los modelos de segmentación umbral global, descritos anteriormente.

La funcionalidad del sistema deberá recibir como entrada una tomografía de tórax y devolver la máscara de la segmentación de esta, para llevar a cabo esta función, hay que tener en cuenta que se deben seguir una serie de pasos intermedios: el preprocesado de la imagen, la segmentación individual de los cinco modelos distintos, la aplicación de las técnicas de ensamble y por último la visualización de los resultados. Por lo tanto, como podemos observar en la Figura 2, el diagrama de flujo de datos de nuestro sistema será el siguiente:



*Figura 2. Flujo de datos de la arquitectura*

**Fuente:** Elaboración propia

Partiendo del diagrama de flujo de datos, podemos diferenciar la existencia de cuatro módulos diferentes en los que se llevan a cabo subtarefas para completar el objetivo principal. Además, cada módulo recibe como entrada la salida de un módulo ejecutado anteriormente. Por ejemplo, el módulo ensamble necesita recibir las cinco segmentaciones que ha realizado el módulo Segmentación, por esto, la arquitectura de software implementado en este sistema es una arquitectura por etapas entendido como un software que comprende la división del sistema en etapas, las mismas que están compuestas de módulos con un conjunto de

funcionalidades y servicios, de tal forma que se pueden mantener libremente. Sin embargo, este patrón no especifica la reproductibilidad de las etapas a aplicar, las relaciones entre etapas deben ser secuenciales, esto significa, que la etapa inferior puede funcionar a partir de la anterior.

En este sistema se implementan cuatro etapas, indicadas en la

Figura 3. que recogerán únicamente la información que necesitan para poder llevar a cabo su función, por ejemplo, la capa de ensamble únicamente se preocupará de ejecutar las diferentes técnicas implementadas. Además, cada etapa solo utilizará la anterior ya que necesita que previamente se ejecute las segmentaciones.



*Figura 3. Arquitectura implementada en el patrón por etapas*

**Fuente:** Elaboración propia

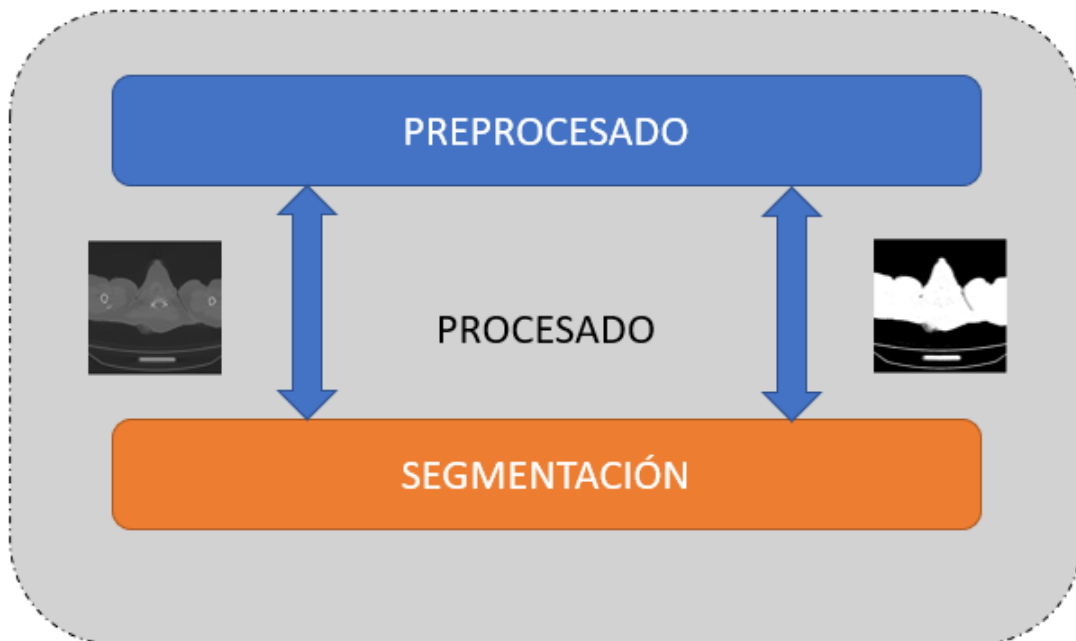
En este sistema, se establece que el principal componente corresponde a S001, un sistema implementado en Matlab para la segmentación de tomografías pulmonares en las que se utilizan técnicas de ensamble con los modelos seleccionados. Corresponde con el sistema que se va a implementar en esta investigación, se detalla en profundidad en las próximas secciones. El enlace al código del proyecto se puede encontrar en: <https://drive.google.com/drive/folders/1PpHFIsWGY9TGw4fxsXoZLtP9eZpCmT48?usp=sharing>

Los principales usuarios de la arquitectura son los interesados en la segmentación pulmonar, en la aplicación de técnicas de ensamble o simplemente personas que estén interesadas en utilizar el sistema.

A continuación, se detalla cada etapa del diseño del sistema implementado.

### Capa Preprocesado

Esta etapa será la encargada de establecer el preprocesado de las tomografías. Corresponde con la capa inferior a la capa de Segmentación, de tal manera que, cómo podemos ver en la Figura 4, recibirá peticiones de esta.



*Figura 4. Diagrama de secuencial de la visualización etapa de Segmentación sobre la etapa de Preprocesado.*

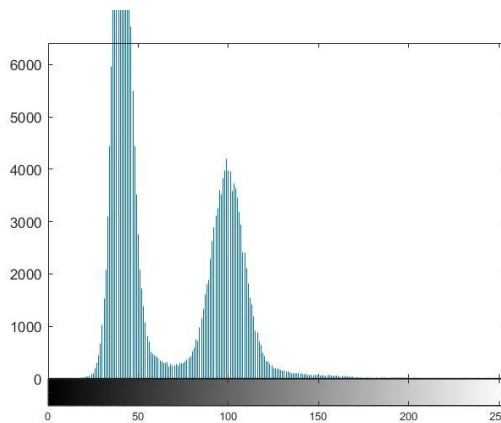
**Fuente:** Elaboración propia

De los principales problemas encontrados en el dataset es que las imágenes no están preparadas para los modelos de segmentación, es decir, el tipo y el tamaño no es el apropiado, algunas no tienen la exposición adecuada, incluso algunas que tienen invertidos los colores invertidos, por lo que es necesario implementar un módulo que se encargue de manejar las imágenes antes de que pasen a la etapa de segmentación.

La imagen digital es como se representa la misma para que se trabaje en un computador, éstas se forman por un conjunto finito de elementos llamados píxeles, siendo éste la unidad

mínima de información del color, saturación además de brillo, estos contienen valores entre 0 a 255, entendiéndose como la máxima capacidad que se puede almacenar en un byte, así el color negro se representa con valor 0 y el color blanco de 255.

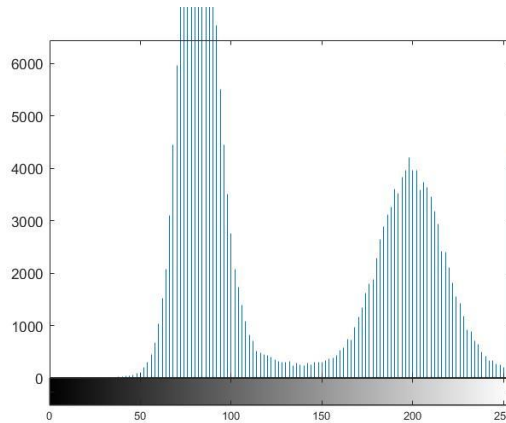
Debido a esto el histograma sacado de una imagen como la forma de representar los píxeles según su distribución de intensidad, se puede verificar la distribución de valores en los píxeles sobre la imagen además se suele dividir entre una zona de colores oscuros ( $0 \leq x \leq 127$ ) y otra zona de colores claros ( $127 < x \leq 255$ ), del histograma de las tomografías sacadas del dataset, se realizó una evaluación para determinar las condiciones, si una tomografía tiene que ser procesada o no, en la Figura 5.



**Figura 5.** Histograma de tomografía que no se encuentra en el rango de valores 0-255, sin normalizar. Eje x son los valores de los píxeles y el eje y distribución de valores en imagen.

**Fuente:** Elaboración propia

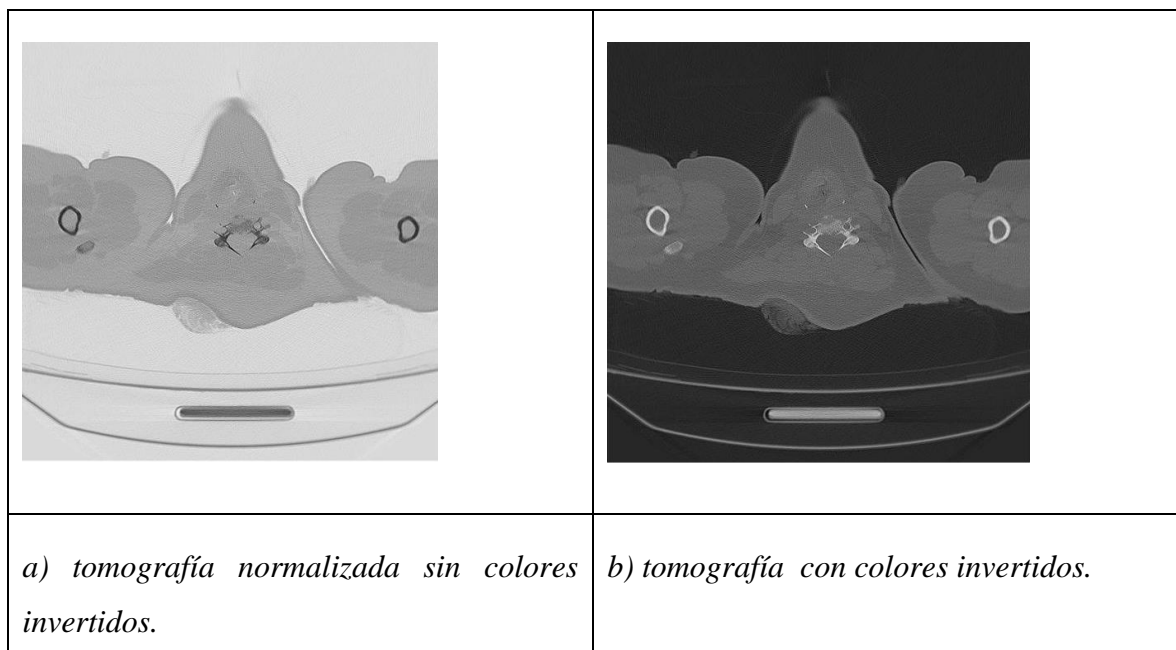
Al iniciar se comprobó la distribución de los valores en los píxeles de las tomografías. Mostrado en la Figura 5, estas imágenes no están normalizadas, esto muestra que los valores de los píxeles no están entre 0-255. Ya que los valores de píxeles no están en el rango, así se normaliza las tomografías, de esta manera, se muestra en la Figura 6, que el histograma cambió su distribución y está dentro del rango de 0-255.



**Figura 6.** Histograma de tomografía en el rango de valores 0-255, normalizada. Eje x son los valores de los píxeles y el eje y distribución de valores en imagen.

**Fuente:** Elaboración propia

Debido a la normalización en las tomografías, se muestra en la Figura 7,a) que las imágenes quedaban totalmente válidas para la etapa de segmentación, sin embargo, se encontró un problema ya que tienen los colores invertidos cómo se indica en la Figura 7,b).



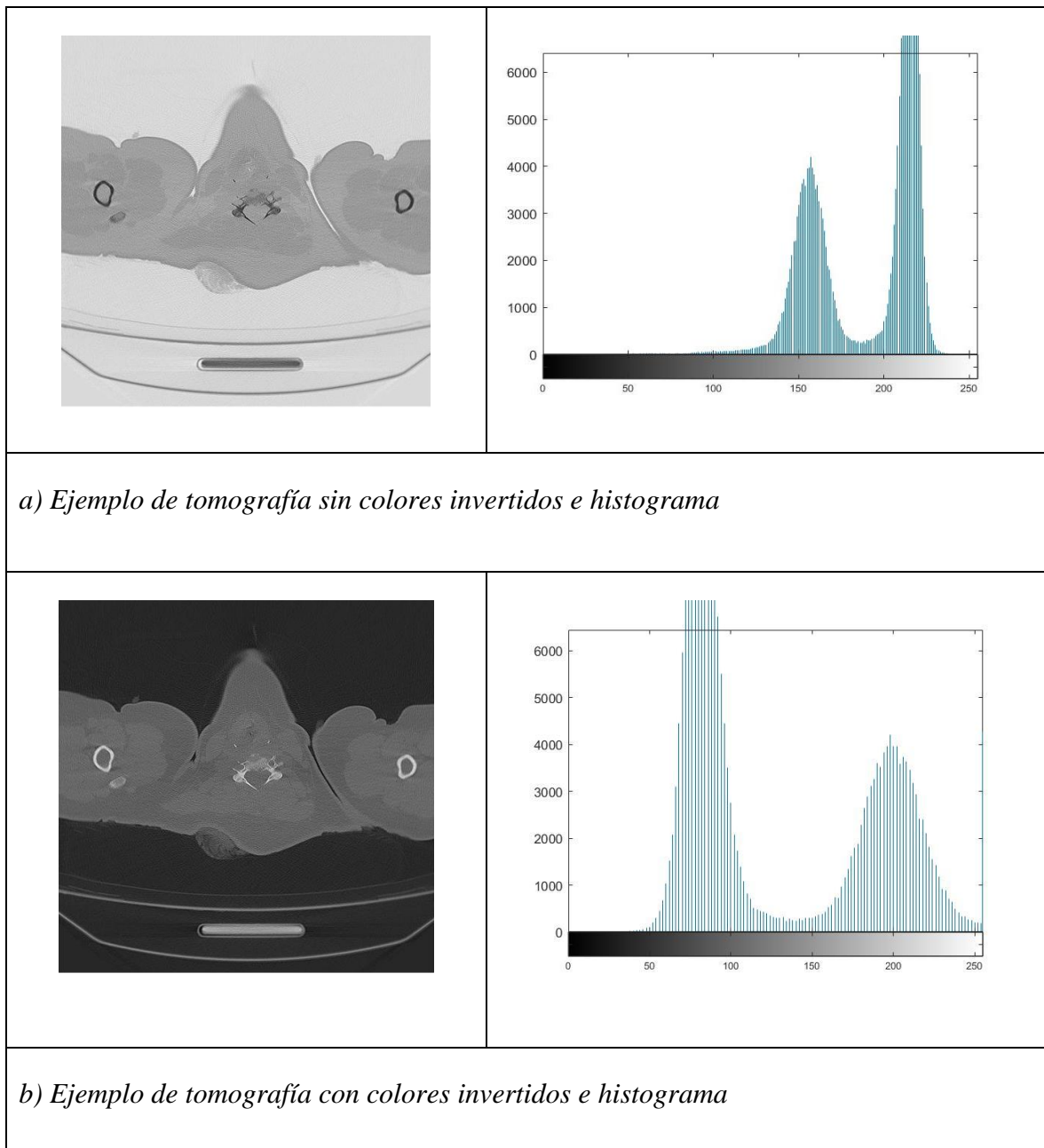
**Figura 7.** Tomografía normalizada y no (a, b) colores invertidos.

**Fuente:** Elaboración propia

Las imágenes con colores invertidos se corresponden a aquellas en donde las distribuciones de píxeles en el histograma se concentran más siendo la segunda mitad de este, denotando



la predominación del color blanco. Al observar la Figura 8(a, b) se determina que es una regla que no cumplida.



**Figura 8.** Tomografías e histograma.

**Fuente:** Elaboración propia

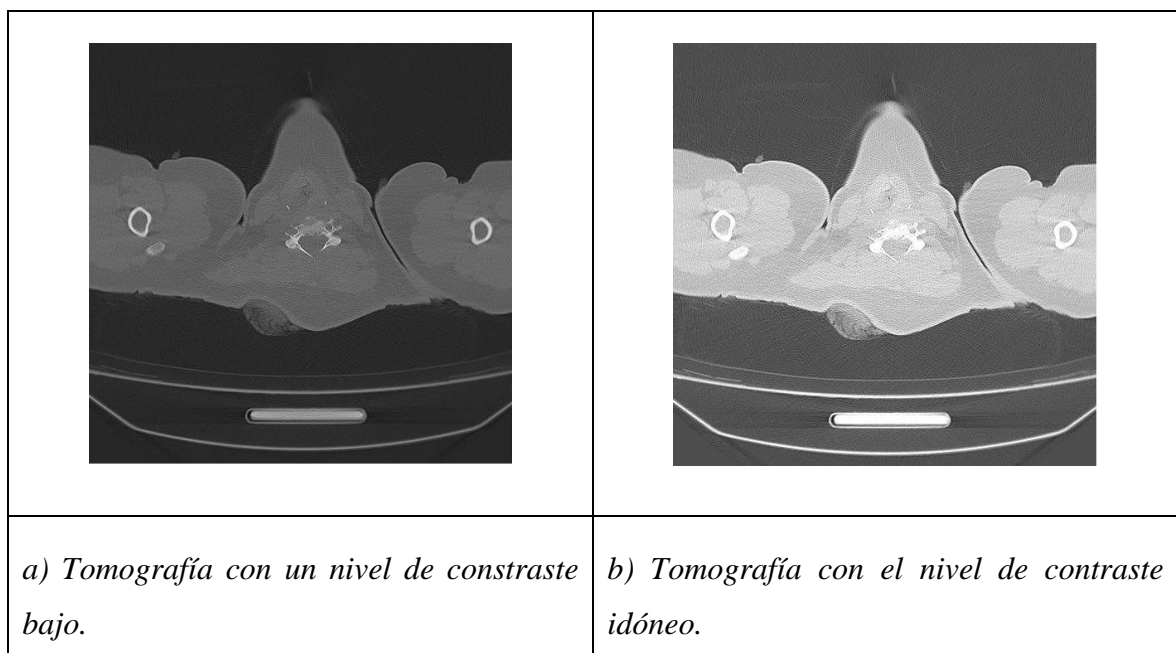
Al analizar los distintos histogramas se han determinado condiciones que indican si una tomografía tiene colores invertidos estas son:

La intensidad con mayor representación está dentro del rango ( $x > 127$ ), además hay más píxeles en rango ( $127 < x \leq 255$ ) que en ( $0 \leq x \leq 127$ ), teniendo como resultado de la división entre la cantidad de píxeles en color blanco ( $x = 255$ ), negro ( $x = 0$ ) un valor mayor a 10.

La intensidad con mayor representación en píxeles es mayor a 20000 antes del proceso de normalización de la imagen, mientras que la intensidad con menor representación en píxeles es mayor a 1000 antes de la normalización de la imagen.

El número de píxeles en el color negro ( $x = 0$ ) es mayor a los píxeles en el color blanco ( $x = 255$ ) y los píxeles en la intensidad ( $x = 1$ ), es (0,0).

Si se determina que la imagen debe ser invertida o no, existen tomografías con poco contraste, por esto lo que se tiene en cuenta es la ejecución del algoritmo de ecualización del histograma, mostrado en la Figura 9.

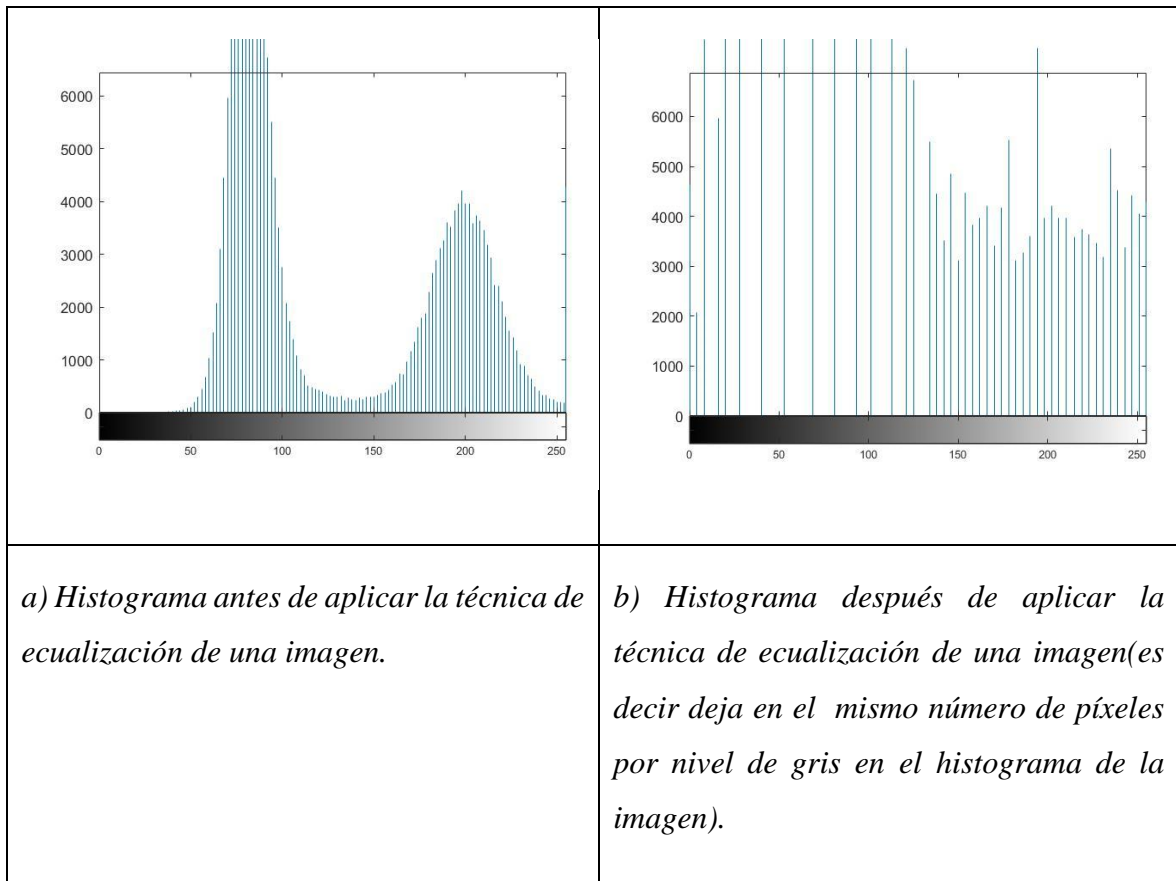


**Figura 9.** Tomografías y su nivel de contraste.

**Fuente:** Elaboración propia

Para la ecualización del histograma se debe ajustar el contraste de la imagen cambiando la distribución, lo que tiene el objetivo de encontrar un histograma con distribución acumulativa lineal o uniforme. Los histogramas de tomografías del dataset se presentan en

una concentración de píxeles en rangos muy acotados, mediante la aplicación de técnicas que pretenden obtener píxeles de imágenes distribuidas en la mayor parte del rango de 0-255. Se puede visualizar en la Figura 10,a) la mayor cantidad de píxeles concentrados en el rango 127-255, al aplicar esta técnica se obtiene el histograma mostrado en la Figura 10,b); siendo la distribución de píxeles lineal a lo largo del rango 0-255.



**Figura 10.** Histograma para aplicar la técnica de ecualización de una imagen.

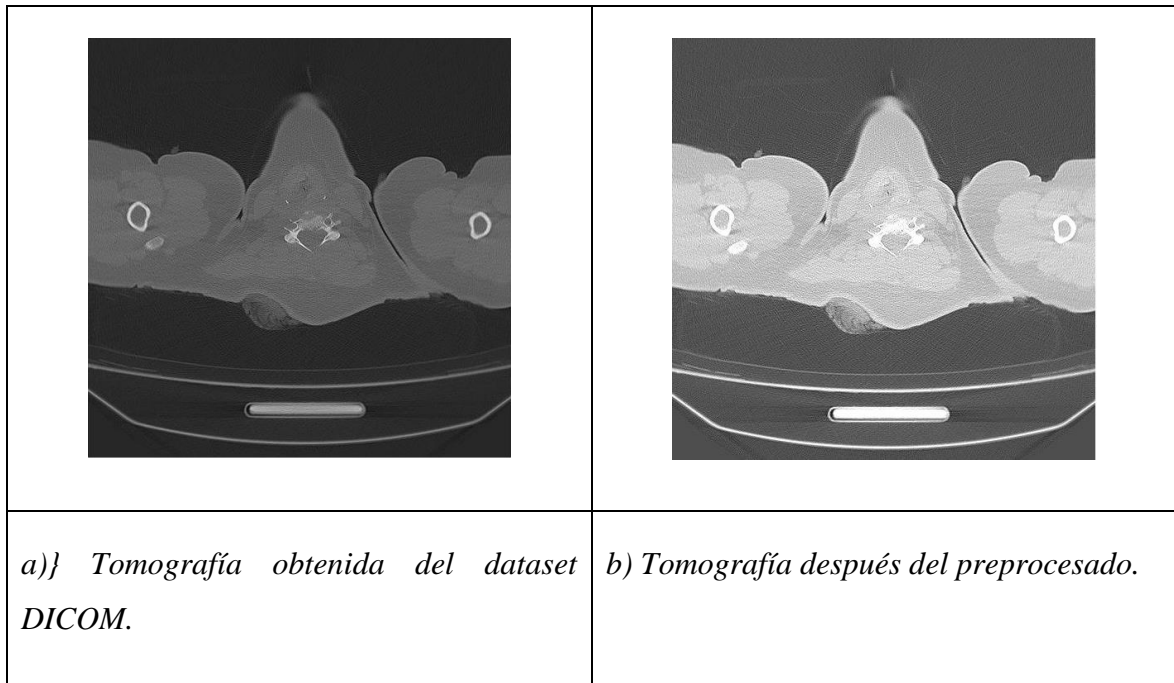
**Fuente:** Elaboración propia

Una vez analizado el proceso se estableció los pasos para seguir con la etapa de Pre-Procesado son:

1. Normalizado de tomografías.
2. Las imágenes se invierten cuando se cumpla alguna condición mencionada con anterioridad.
3. Ecualizar histogramas.

4. Estandarizar las imágenes a 512x512.

Por último, se establece que el objetivo del módulo para recibir tomografías además de realizar diferentes ajustes de imagen, útiles para obtener la información normalizada; dando paso a modelos de mayor precisión al realizar la segmentación. De la Figura 11, se puede observar el ejemplo de una tomografía del dataset, junto con el resultado después de pasar por la etapa de pre- procesado.

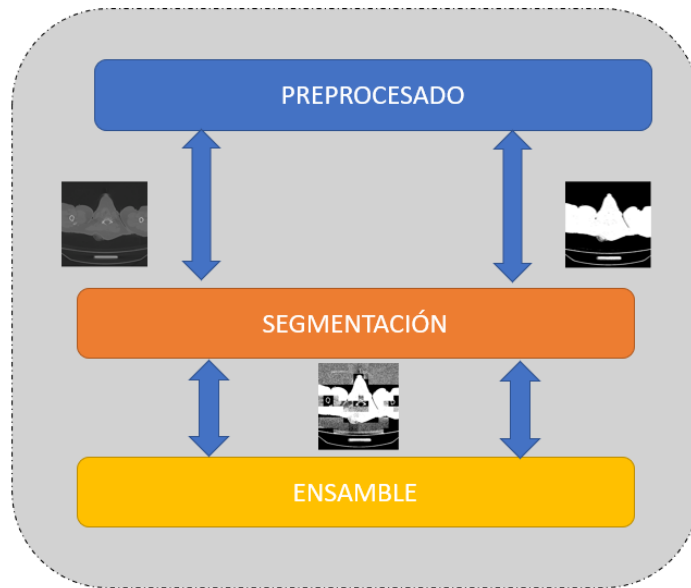


**Figura 11.** Comparativa de las tomografías en la etapa de preprocesado.

**Fuente:** Elaboración propia

### **Capa segmentación**

Esta etapa será la encargada de ejecutar distintos modelos para llegar a las capas de segmentación de la tomografía. Responde a la etapa superior de pre-procesado, en este contexto se realizó peticiones sobre la misma junto con la etapa de ensamble de la que recibió peticiones, mostrado en la Figura 12.



*Figura 12. Diagrama de secuencia en el que se visualiza la etapa de ensamble realiza una petición a la segmentación, mediante está a la de preprocesado.*

**Fuente:** Elaboración propia

Esta etapa recibe una petición desde la sección ensamble, aquí se establece la tomografía a segmentar. Después de recibir la tomografía a segmentar, se envía una petición de procesado a la etapa de preprocesado recibiendo una respuesta visualizada en la Figura 12, de la tomografía procesada.

Este sistema luego ejecuta los modelos para la segmentación pulmonar explicada en la sección de marco teórico como son: lungVae, lung-segmentation, chestX-ray14, xray además de MultiResUnet. Al ejecutar la función, la etapa deberá regresar al ensamble dando como resultado la segmentación de los modelos, se puede observar en la Figura 13.

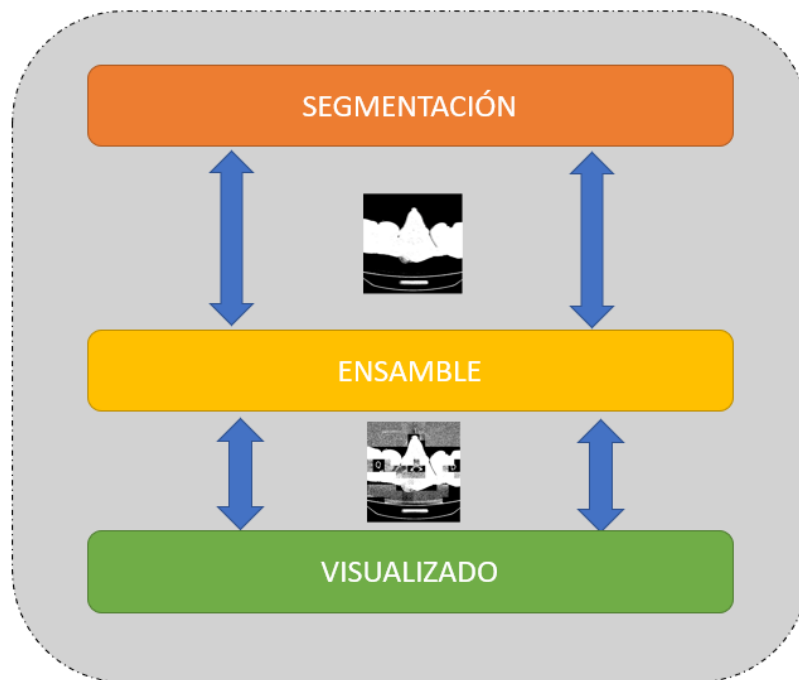


*Figura 13. Máscaras de segmentación resultado de la ejecución de la etapa de segmentación.*

**Fuente:** Elaboración propia

### **Capa ensamble**

Este sistema es el encargado de ejecutar las distintas técnicas de ensamble de éste. Observando en la Figura 14, la etapa ensamble corresponde con la sección superior a la capa de segmentación, de tal manera que realizará peticiones sobre esta, corresponda a la etapa inferior de presentación, de esta manera se recibirá peticiones de esta, indicado en la Figura 14.



*Figura 14. Diagrama secuencial visualizando la etapa de presentación con una petición a la etapa de ensamblaje, así como esta genera una petición de segmentación.*

**Fuente:** Elaboración propia

Esta etapa inicia al recibir un pedido desde la etapa de presentación, estableciendo la técnica de ensamblaje a usar, además de, la tomografía para segmentar. De esta manera, se ha establecido una técnica de ensamblaje para segmentación recibiendo así una respuesta como se muestra en la Figura 14, las capas resultantes de la ejecución en distintos modelos.

Las imágenes son en blanco y negro, apareciendo el área pulmonar en color blanco además el resto tiene color negro, estas no suelen estar regidas en valores cerrados de 0 y 1, por el contrario, los valores oscilan entre 0-1, por tal motivo primero se establece todos los valores en la imagen debajo del umbral 0,5 de color negro para la máscara además de los valores por arriba de color blanco dando como resultado una máscara binaria.

De las máscaras resultantes de la etapa de segmentación junto con la técnica de ensamblaje, el módulo ejecuta una técnica de parámetros determinados para la investigación,

Las técnicas implementadas en el sistema se describen a continuación:

La máxima votación consiste en ejecutar distintos valores en los modelos de forma individual, con una votación funcional a las salidas de cada ejecución, así la salida que se repita con mayor frecuencia, esto será considerado cómo solución.

La media ponderada se encarga de ejecutar en cada modelo para así realizar una ponderada de resultados que se retornan a los valores asociados principales que tendrá cada modelo en el resultado final, así la salida cómo la solución que el ensamble devolverá los valores establecidos mostrados en la Tabla 5.

**Tabla 5.** Valores establecidos para los modelos de segmentación probados en la técnica media ponderada

	<b>lungSegmentation</b>	<b>xray</b>	<b>lungVae</b>	<b>ChestXray</b>	<b>MultiResUnet</b>
Umbral	0.30	0.05	0.10	0.30	0.25

**Fuente:** Elaboración propia

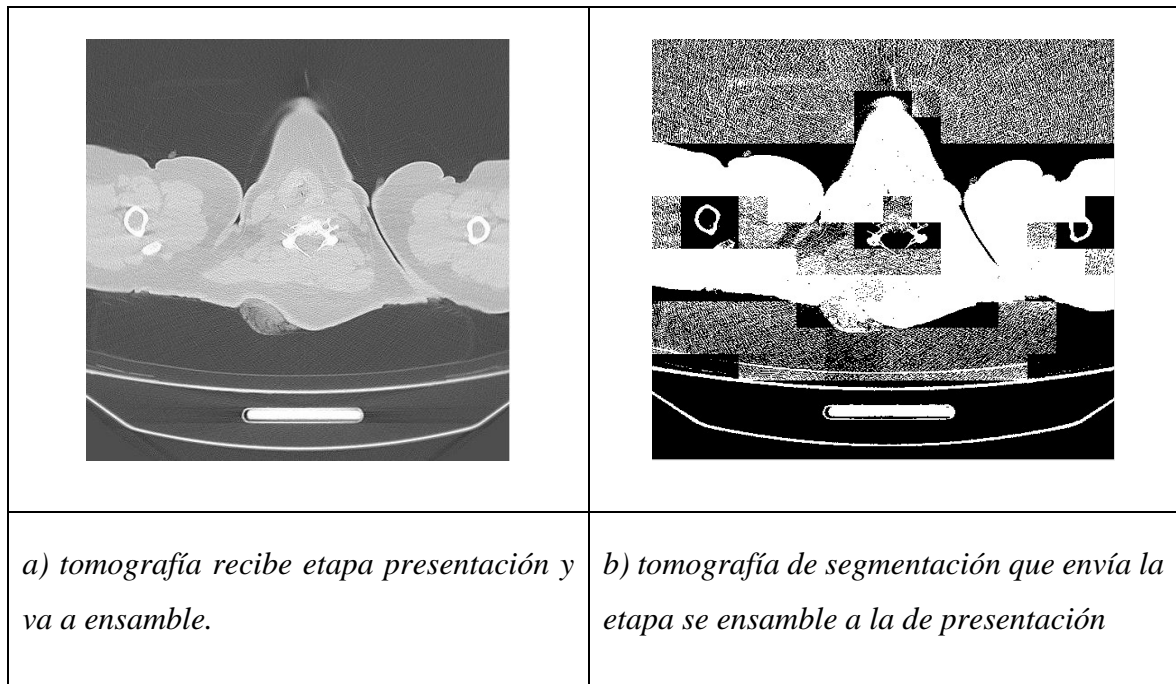
Como una de las primeras aproximaciones además de pruebas, se usa los pesos de cada modelo en función del coeficiente umbral aplicado al modelo original, determinando que, mayor umbral mejora los valores del modelo. Al no tener en el alcance de esta investigación, en los trabajos futuros, se puede implementar un algoritmo genético para pronosticar los valores umbral más adecuados para cada modelo.

El modelo de bitwise AND permitió llevar a cabo la ejecución libre de los modelos por separado para establecer la correspondía del píxel a una determinada región que indica la existencia de pulmón únicamente al tener el valor de 1. En este contexto se suma todos los valores en las capas binarias. Se establece valor por valor el resultado de la suma es 5, la capa de resultado indica que el pulmón está en esa región, al ser menor a 5, el mismo se encuentra en la región exterior del pulmón.

Por otro lado, el modelo de bitwise OR permitió la ejecución libre de los modelos por separado para establecer la correspondencia del píxel a una determinada región que indica la existencia de pulmón si lo predice el umbral. En este contexto se suma todos los valores en las capas binarias. Se establece valor por valor el resultado de la suma es mayor a 1, la capa de resultado indica que el pulmón está en esa región, al ser menor a 1, el mismo se encuentra en la región exterior.



Después de haber ejecutado la función, el sistema retornara a la etapa de presentación del resultado mediante la técnica aplicada. En la Figura 15, se puede observar la etapa de visualización mostrando los datos por la interfaz de pantalla.

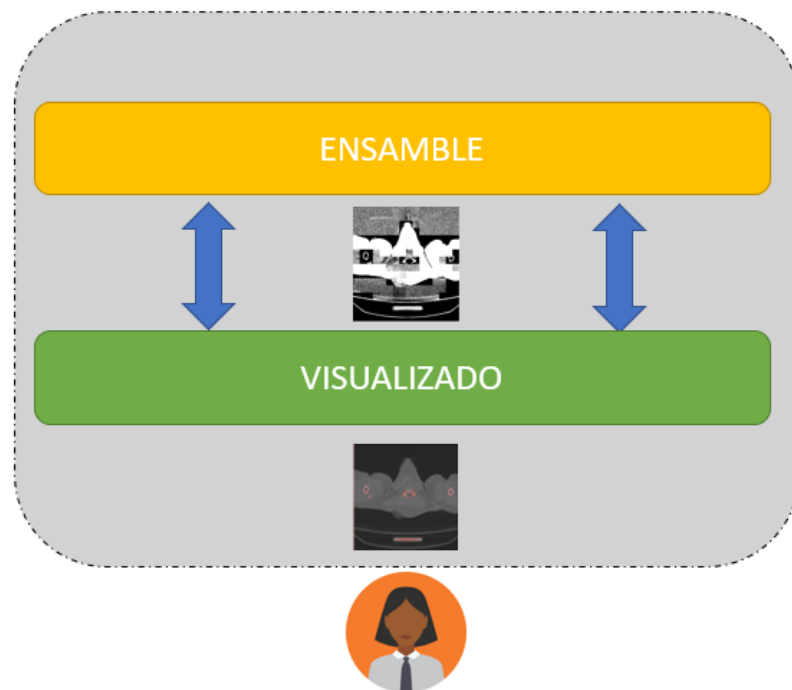


**Figura 15.** Comparativa de las tomografías en la etapa de ensamble a presentación y viceversa.

**Fuente:** Elaboración propia

### Capa presentación

Este módulo será el encargado de ofrecer la interfaz gráfica al usuario de tal manera que recogerá las peticiones de este, así como mostrará los resultados finales por pantalla. Como podemos ver en la Figura 16, la capa Presentación corresponde a la capa superior a la capa de ensamble, de tal manera que realizará peticiones sobre esta. A su vez, corresponde a la capa que recibe las peticiones directamente del usuario.



**Figura 16.** Diagrama de flujo secuencial de la visualización del usuario cuando realiza petición de la etapa de presentación además está realiza petición en la etapa de ensamble.

**Fuente:** Elaboración propia

La etapa de presentación se compone por los siguientes módulos:

1. La interfaz gráfica se encarga de mostrar al usuario las interfaces en pantalla generadas en el sistema.
2. El controlador se encarga de reconocer los eventos además de las peticiones del usuario, para enviarlas por la etapa de ensamble, para así recoger resultados de segmentaciones y visualizarlos en la interfaz. Además, guarda los resultados en el lugar destinado por el usuario.

La interacción de los usuarios con el sistema comienza con el pedido a la etapa de segmentación por el usuario, teniendo en cuenta las siguientes características:

1. La visualización de segmentación en una tomografía mediante varias técnicas de ensamble, esta petición consistía en el monitoreo de la segmentación

pulmonar, en una tomografía al usar diferentes técnicas especificadas para el usuario.

2. La segmentación de tomografía con distintas técnicas de ensamble tiene la posibilidad de ser guardada por el usuario al realizar la segmentación pulmonar.

### 3.5.3. Diseño Interfaz Gráfica

La implementación del sistema se da como una aplicación para escritorio codificada en Matlab. La misma tiene la operatividad de recoger y funcionar con los diagramas secuenciales. Por esto, el funcionamiento es el principal paradigma del flujo de pantallas, con una mayor facilidad, se identifica los eventos implementados en el sistema cómo se muestra en la Tabla 6.

**Tabla 6.** Diseño interfaz gráfica

Número	Botón
1	PREPROCESADO
2	SEGMENTACIÓN
3	ENSAMBLE

**Fuente:** Elaboración propia

La interfaz corresponde a la página principal de la aplicación, dispuesta principalmente por el logo de la universidad, el tema de la investigación y los botones 'PREPROCESADO, SEGMENTACIÓN, ENSAMBLE'. De la Figura 17 podemos visualizar la implementación final.



*Figura 17. En la pantalla principal se muestra la información de ejecución.*

**Fuente:** Elaboración propia

## CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN


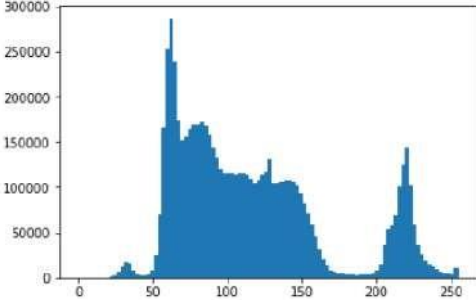

Los resultados que se obtuvieron utilizando el preprocesamiento descrito en las secciones anteriores, la tomografía del conjunto de datos muestra algunas anomalías como: bajo brillo, colores invertidos además de bajo contraste. En la etapa de análisis se encontró que el histograma tomográfico presentaba muchas inconsistencias, mediante su análisis se encontró que algunas de las imágenes tomográficas presentaban colores invertidos; si se encuentra una coincidencia con cualquiera de los requisitos especificados en la sección indicadas con anterioridad.

### 4.1. Resultados obtenidos con la aplicación del pre- procesado

Ejemplo 1:

Las condiciones es que el número de píxeles blancos ( $x = 255$ ) debe ser mayor que el número de píxeles negros ( $x = 0$ ) y además deben ser menores. los píxeles se especifican en el rango ( $127 < x \leq 255$ ) versus dentro ( $0 \leq x \leq 127$ ).

En el ejemplo de la Figura 20, podemos visualizar una tomografía cuyo valor en  $x = 255$  es 300 y en  $x = 0$  es 9.098. Además, la suma ponderada de todos los valores en el rango  $127 < x \leq 255$  es 1.371.864 y en el rango  $0 \leq x \leq 127$  es 3.355.976.

		
<p><i>a) Tomografía de entrada</i></p>	<p><i>b) Histograma de tomografía de entrada el cual muestra la distribución de la información de la</i></p>	<p><i>c) Tomografía de salida</i></p>

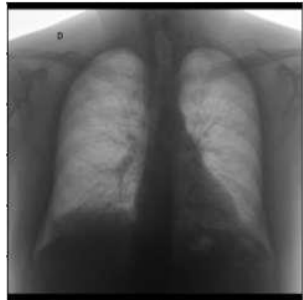
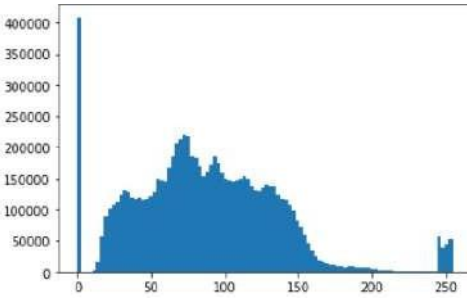

	<i>imagen para posterior ser usado como base de análisis en los algoritmos lógicos de decisión.</i>	
--	---	--

**Figura 18.** Ejemplo de inversión de colores cuando una tomografía cumple con la condición de distribución de información en el histograma.

**Fuente:** Elaboración propia

Ejemplo 2:

Las condiciones es que el número de píxeles negros ( $x=0$ ) sea mayor que el número de píxeles blancos ( $x=255$ ), y el número de píxeles con intensidad  $x=1$  sea 0. Usando este ejemplo, podemos visualizar la tomografía cuyo valor en  $x = 0$  es 519.911 y en  $x = 255$  es 42.487. También  $x = 1$  es 0; se muestra en la Figura 21.

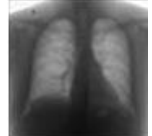
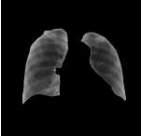
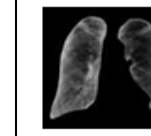
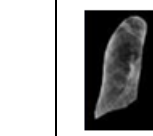
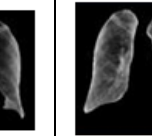
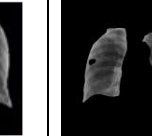

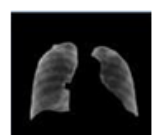
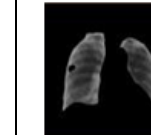
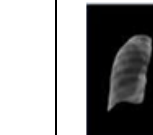
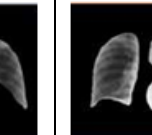
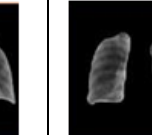


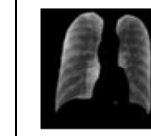

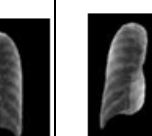

		
<p><i>a) tomografía de entrada</i></p>	<p><i>b) Histograma de tomografía de entrada el cual muestra la distribución de la información de la imagen para posterior ser usado como base de análisis en los algoritmos lógicos de decisión.</i></p>	<p><i>c) tomografía de salida</i></p>

**Figura 19.** Ejemplo de inversión de colores cuando una tomografía cumple con la condición de distribución de información en el histograma.

**Fuente:** Elaboración propia

#### 4.2. Resultados obtenidos con la ejecución de los modelos de segmentación seleccionados

Para este apartado se prueba los resultados resultantes de modelos seleccionados para la segmentación, por esto se usa la tomografía del conjunto de datos descrito en los apartados anteriores, que se muestra en la Figura 22.

Inicial	lungSegmentation	Xray	lungVae	ChestXray	MultiResUnet
					
					
					

*Figura 20. Ejemplo de capas obtenidas al ejecutar los modelos.*

**Fuente:** Elaboración propia

Está es una comparación de tomografías tanto de pacientes con covid y sin covid, para demostrar la fiabilidad y por ende la confiabilidad del sistema de acuerdo con los siguientes ejemplos:

- Ejemplo 1:

El ejemplo 1 de todos los escenarios, este parece ser en el que podemos imaginar modelos de segmentación que devuelvan máscaras con menor distinciones entre sí. Cabe destacar que el modelo MultiResUnet elimina datos sobre los bordes de los pulmones, mientras que ChestXray-14 ingresa datos del pulmón izquierdo en lugares donde está el corazón.

- Ejemplo 2:

Los distintos modelos segmentados agregan datos adicionales del pulmón derecho y Lung Segmentation identifica píxeles de menor tamaño respecto a los pulmones. A pesar de los datos adicionales, parece que todos los modelos funcionan de manera similar.

- Ejemplo 3:

En este caso, se identifica que ejecutar el modelo LungSegmentation dio los mejores resultados porque no parecía mostrar las áreas seleccionadas exteriores a pulmones además del área detectada no contenía información perdida. El modelo ChestXray-14 muestra que enfatiza bien los límites de los pulmones, pero agrega el área del corazón a la máscara de la imagen. En modelos como LungVae y Xray pierden ciertos datos del pulmón derecho y el modelo MultiResUnet los cuales no identifican de manera adecuada los bordes.

#### 4.3. Métricas obtenidas con el dataset MONTGOMERY

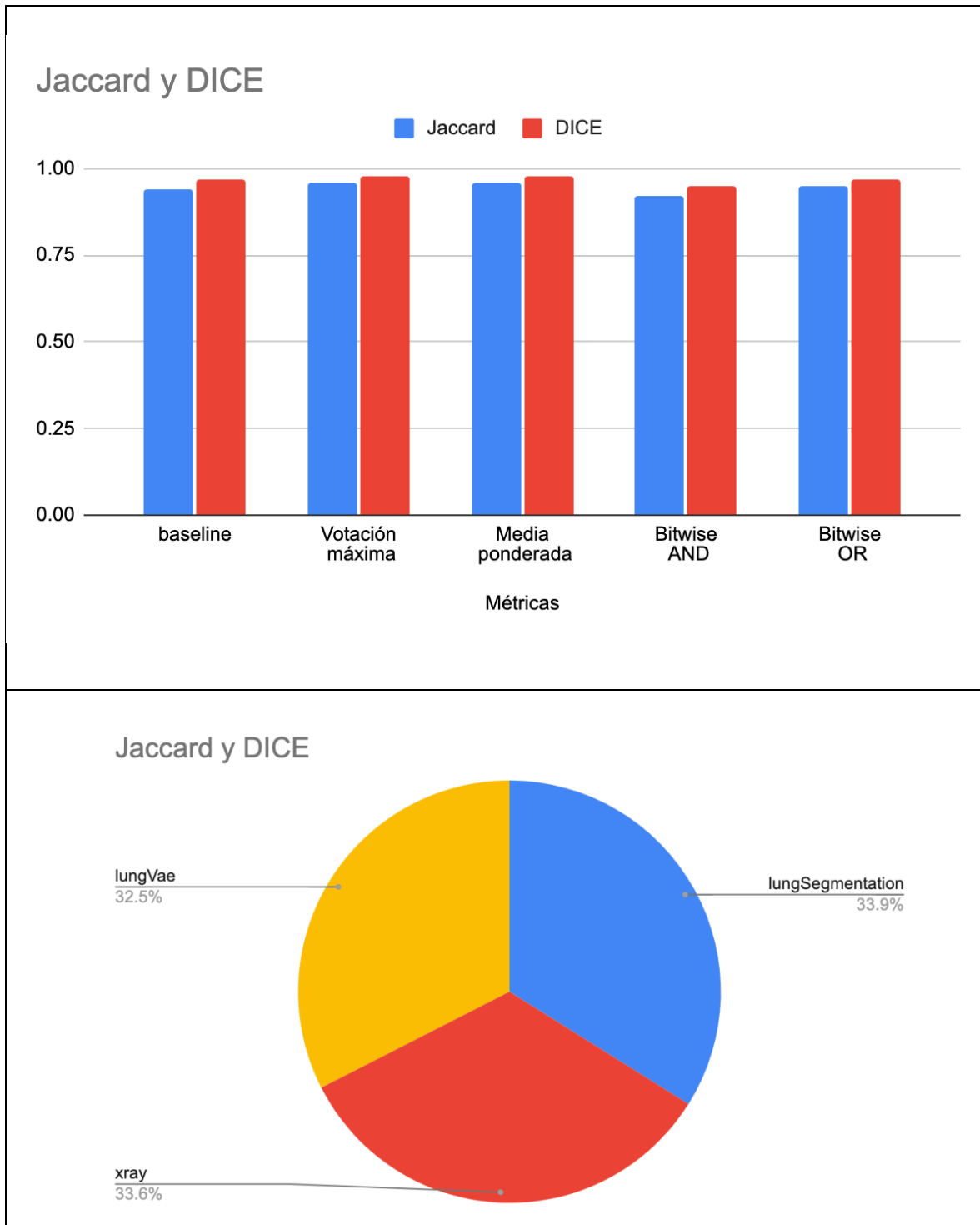
Los métodos de ensamblaje implementados fueron analizados mediante modelos de segmentación pulmonar utilizados en el sistema, obteniendo mejores resultados en las interacciones individuales de anteriores secciones: segmentación de pulmones, radiografías y exámenes pulmonares. La Tabla 7 muestra los resultados de distintos modelos de segmentación por separado usando el conjunto de datos de Montgomery, cuyos resultados se muestran en la Figura 23.

**Tabla 7.** Resultados de las métricas obtenidas en los modelos de segmentación utilizados en el sistema con dataset de Montgomery.

Métricas	lungSegmentation	xray	lungVae
Jaccard	0.96	0.95	0.92
DICE	0.98	0.97	0.95

**Fuente:** Elaboración propia





**Figura 21.** Resultados de las métricas obtenidas en los modelos de segmentación utilizados en el sistema con dataset de Montgomery.

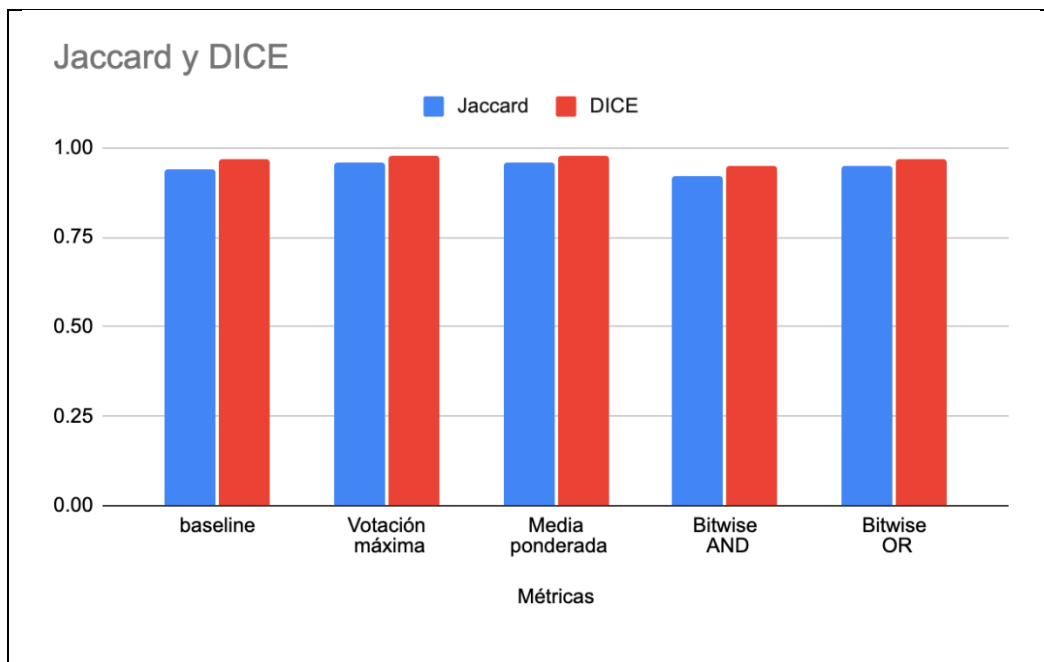
**Fuente:** Elaboración propia

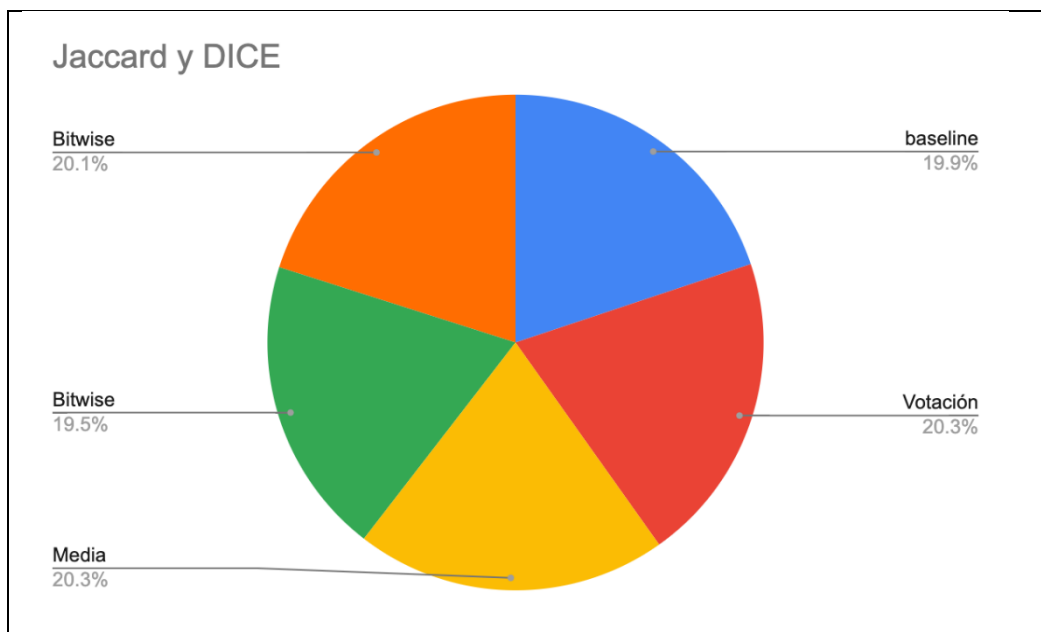
Posteriormente, como se indica en Tabla 8, la referencia alcanza un coeficiente Jaccard igual a 0,94 además 0,97 en el parámetro DICE, datos que son sobrepasados por los métodos de votación media y máxima del grupo del sistema. Para los métodos AND y OR bit a bit, los datos obtenidos fueron mejores de lo esperado, al reducir los modelos particulares que mostraron un mejor rendimiento, las puntuaciones grupales mejoraron. Podemos observar cómo el método OR bit a bit produce resultados similares al modelo de referencia.

**Tabla 8.** Resultados obtenidos del modelo de referencia con técnicas de ensamble usadas sistema con el dataset de Montgomery

Métricas	baseline	Votación máxima	Media ponderada	Bitwise AND	Bitwise OR
<b>Jaccard</b>	0.94	0.96	0.96	0.92	0.95
<b>DICE</b>	0.97	0.98	0.98	0.95	0.97

**Fuente:** Elaboración propia





**Figura 22.** Resultados obtenidos del modelo de referencia con técnicas de ensamble usadas sistema con el dataset de Montgomery

**Fuente:** Elaboración propia

Aun cuando, el método que ofrece la mayor proyección de rendimiento, al usar coeficientes de Jaccard y Dice de 0,96 y 0,98; es el máximo de votos, así también, tenga en cuenta que para este conjunto de datos la implementación de este método de ensamblaje, que consiste en modelos de segmentos, no funcionará. Se debe al modelo de segmentación pulmonar arroja los coeficientes que el método de agregación demostrando tener mayor eficiencia al ejecutar un modelo de mayor cantidad y luego usar el método de suma generando el mismo resultado. Cabe recalcar que es muy probable que, al utilizar diferentes técnicas, la media ponderada pueda tener mejores resultados en el valor del modelo de segmentación pulmonar. Así se determina qué modelo es el más adecuado y la solidez del programa frente a diferentes pruebas para covid.

Entre los métodos de referencia para la identificación de COVID-19, la bibliografía incluye el método PCR. A diferencia de los métodos de detección de antígenos, con anticuerpos, que se utilizan en todo el mundo; Este es un punto discutible ya que es una prueba de diagnóstico con todos los límites de sensibilidad. Una de las últimas consideraciones dadas por la OMS es no utilizar dichos métodos fuera de la investigación.

Pueden ser útiles para detectar si las personas han estado cerca del SARS-CoV-2, sin embargo, esto no deja saber en qué etapa de la enfermedad es más sensible al diagnosticar la enfermedad, por lo que se complementan los hallazgos de imágenes de respaldo. el estudio porque la detección puede mejorarse con distintas técnicas, pero no es un sustituto; ya que, de acuerdo a los métodos de higiene, la detección por etapas del virus, incluye pruebas relacionadas con la presencia del virus en el cuerpo se da por la sangre.

**Tabla 9.** Métricas de indicaciones de tipo de prueba según la fase, situación clínica y factores de riesgo social.

<p><b>Fase precoz</b> (antes de 7-10 días para comenzar los síntomas)</p>	<p><i>Sintomatología leve:</i>  Personal sociosanitario: PCR.  Pacientes sociosanitarios: PCR (riesgo rápido de expansión).  Complemento con detección de imágenes.  <i>Sintomatología moderada a grave:</i>  PCR. Si es negativa, mantiene sospecha, repetir PCR. De utilidad inicial en pacientes hospitalarios.  Complemento con detección de imágenes.</p>
<p><b>Fase media en casos leves</b> (después 7-10 días del comenzar síntomas)</p>	<p>Postsintomática: TDR IgM/IgG.</p>
<p><b>Estudio del estado inmunitario</b> (14 días después)</p>	<p>Para reincorporarse al trabajo, convivientes con inmunodeprimidos, estudios epidemiológicos. Recomiendan TDR antigénico sensible si la sensibilidad es &gt; 80%. Complemento con detección de imágenes.</p>

**Fuente:** Elaboración propia y [23]

**Tabla 10.** Protocolo de interpretación de resultados combinando PCR y detección de anticuerpos, junto con imágenes:

Resultados				Significado clínico
PCR	IgM	IgG	Imagen	
-	-	-	-	Negativo
+	-	-	+	Fase precoz de la infección
+	+	-	+	Fase aguda
+	+	+	+	Fase aguda (más evolucionada que anterior)
+	-	+	+	Fase final de la infección
-	+	-	+	Estadio temprano con falso negativo. PCR de confirmación
-	-	+	+	Infección pasada
-	+	+	+	Enfermedad en evolución. PCR de confirmación

**Fuente:** Elaboración Junta de Castilla y León, 2020 y propia. [27]

## CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

### 5.1. Conclusiones

- Se logró visualizar en los resultados obtenidos, gracias al análisis previo en los histogramas de las tomografías del dataset DICOM- COVID19, que se hizo con el objetivo de implementar la etapa de preprocesado, el sistema es capaz de normalizar además de invertir colores en las tomografías que lo necesiten. También, se comprobó que la implementación de la etapa no influye de forma negativa en la etapa de preprocesado de tomografías sobre pulmones recuperadas de diferentes fuentes.
- Las técnicas de ensamble que fueron implementadas demostraron que la técnica de votación máxima es la técnica con resultados de mayor confiabilidad, sin embargo, en la implementación del algoritmo de prueba de media ponderada, se obtienen valores parecidos. Por esta razón es importante en futuras implementaciones sea un algoritmo genético que complemente esta técnica, para encontrar los valores óptimos y aplicar en distintos modelos con el fin de maximizar los coeficientes en la técnica media ponderada.
- Se concluyó, que las técnicas de bitwise OR y AND muestran los resultados deseados. Sin embargo, la técnica de bitwise AND devuelve resultados de menor calidad debido a las restricciones de la técnica, por otro lado, al implementarla, se aseguró que los píxeles de la tomografía pertenecen a los pulmones. Así también bitwise OR, es una técnica de mayor versatilidad, seleccionando mayor cantidad de píxeles de los que se necesita. Al aplicar esta técnica, se debe tener en cuenta que en un modelo segmentado incorrectamente, los valores resultantes de la misma disminuirán considerablemente, aunque el resto de los modelos sean buenos.

## 5.2. Recomendaciones

- Para obtener mejores resultados con estas técnicas, los modelos deben tener coeficientes altos, se podrá comprobar cuando se utilizan modelos de segmentación, esto permitirá mejorar el rendimiento. Estas técnicas servirán para evaluar el sistema sin embargo los modelos podrían arrojar métricas muy similares, no implica necesariamente que la capa devuelta sea la misma.
- Se recomienda para la mejora del sistema implementado un modelo de referencia en el dataset, de tal manera que, con futuros cambios dentro de la técnica de media ponderada, el sistema pueda superar al modelo de referencia.
- Es recomendable tener una metodología adecuada de recepción y tratamiento de muestras, ya que el dataset tienen mezcladas la imagen de distintos cortes; lo cual dificulta el análisis para la toma de decisiones, sobre modelos viables que pueden detectar distintas condiciones del paciente.

## BIBLIOGRAFÍA

- [1] Romero , A., Castellanos , C., Gutiérrez , A., & Cancino , S. (2020). ALGORITMO PARA LA CARACTERIZACIÓN DE NEUMONÍA EN RADIOGRAFÍA DE TÓRAX. *Encuentro Internacional de Educación en Ingeniería ACOFI 2020*. Obtenido de <https://doi.org/10.26507/ponencia.794>
- [2] ., M. ((2015)). *Image Processing Toolbox. The ITK Software Guide, Second Edition*[https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/99073/Monograph\\_2009\\_Matlab\\_Image%20Proccesing\\_GID.pdf](https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/99073/Monograph_2009_Matlab_Image%20Proccesing_GID.pdf).
- [3] A. F. Romero Gómez, C. A. ((ago. 2020.)). *ALGORITMO PARA LA CARACTERIZACIÓN DE NEUMONÍA EN RADIOGRAFÍA DE TÓRAX*.
- [4] Andrea Silveti, C. D. ((2020)). *PROPAGACIÓN DEL SARS-COV-2 (COVID-19) EN EL ECUADOR*.
- [5] BBC News Mundo. (2020). Dos millones de muertos por coronavirus: el mapa que muestra dónde han fallecido las víctimas de covid-19. *BBC News Mundo*. Obtenido de <https://www.bbc.com/mundo/noticias-51705060>.
- [6] BBC News Mundo, «. ( 2020.). *Dos millones de muertos por coronavirus: el mapa que muestra dónde han fallecido las víctimas de covid-19,*» . BBC News Mundo, 2020.
- [7] Castellanos, D. M. ((01 de 2016.)). *FORMULA PARA CÁLCULO DE LA MUESTRA POBLACIONES FINITAS*. Obtenido de [investigacionpedia.hr.files](http://investigacionpedia.hr.files).
- [8] Cellina, M., & O, M. (2020). Available information on chest Computed Tomography (CT) findings of the 2019 novel. *Japan Radiological Society*, 38(11), 1012–1019.
- [9] Cherry, J. D. (2044). The chronology of the 2002–2003 SARS mini pandemic. *Paediatric Respiratory Reviews* , 262-269. doi:<https://doi.org/10.1016/j.prrv.2004.07.009>.
- [10] Clínica Asunción klinica. (2020). *PCR rápidas y normales, Test de antígenos y Test de Anticuerpos: para qué sirve cada test COVID*. . Obtenido de <https://www.asuncionklinika.com/post/pcr-r-C3A1pidas-resultado-una-hora>.
- [11] Guan, W.-J., Yi Ni , Z., Hu, Y., Hua Liang, W., Quan Ou, C., Xing He, J., . . . Zeng, G. (2020). Características clínicas de la enfermedad por coronavirus 2019 en China. *NEJM.org*, 382(18), 1708-1720.
- [12] Huang, Z., Zhao, S., Li, Z., & Chen, W. (2020). La batalla contra la enfermedad del Coronavirus 2019 (COVID-19): Manejo de Emergencia y Control de Infecciones en un Departamento de Radiología. *American College of Radiology*, 17(7), 710.
- [13] InfoSEV-8 . (2020). *El curso natural de COVID-19: 4 grupos*. *Sociedad española de virología*. Obtenido de <http://sevirologia.es/2020/04/08/infosev-8-el-curso-natural-de-la-enfermedad-covid-19-4-escenarios/index.html>.
- [14] InfoSEV-8, I. ( 2020 / 04 / 08 /> 2020. [En línea]. ). «*El curso natural de COVID-19: 4 grupos*. *Sociedad española de virología*, : Available: <http://sevirologia.es/infosev-8-el-curso-natural-de-la-enfermedad-covid-19-4-escenarios/index.html>..



- [15] Jiménez, S., & P., A. (2020). Automatic detection of vessels in color fundus images. *Arch Soc Esp Oftalmol*, 85(3), 9.
- [16] Koichi Yuki, M. F. (2020). COVID-19 pathophysiology: A review. *Clinical Immunology* 215 , 108427. doi:<https://doi.org/10.1016/j.clim.2020.108427>. url: <https://www.sciencedirect.com>
- [17] La Serna Palomino , N., & Norberto Román Concha , U. (2018). Técnicas de Segmentación en Procesamiento Digital de. *Revista De Investigación De Sistemas E Informática*, 6(2), 9-16.
- [18] La Serna Palomino, N. &. ( (2020)). *Técnicas de Segmentación en Procesamiento Digital de Imágenes*. *Revista De Investigación De Sistemas E Informática*, 6(2), 9 - 16. *Revista De Investigación De Sistemas E Informática*, 6(2), 9 - 16., 6(2), 9 - 16.
- [19] MATLAB. (2015). *Image Processing Toolbox*. The ITK Software Guide. Obtenido de [https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/99073/Monograph\\_2009\\_Matlab](https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/99073/Monograph_2009_Matlab)
- [20] Michaela Cellina, M. O. ((2020)). *Japan Radiological Society*. Available information on chest Computed Tomography (CT) findings of the 2019 novel coronavirus disease (COVID-19) is constantly evolving.
- [21] Organización Mundial de la Salud. (2020). *¿Cuáles son los síntomas de la COVID-19?* Obtenido de <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019/advice-for-public/q-a-coronaviruses>
- [22] Organización Mundial de la Salud. (2020). *WHO Coronavirus DiseaseDashboard*. Obtenido de <https://covid19.who.int>.
- [23] Organización Mundial de la Salud, «. 2. (2019/). *¿Cuáles son los síntomas de la COVID-19?*, <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-advice-for-public/q-a-coronaviruses>.
- [24] Pattnaik, P., Mohanty, S., & Satarupa, M. (sf). Smart Healthcare Analytics in IoT Enabled Environment. *Intelligent Systems Reference Library*, 35-61.
- [25] Quirónsalud. (2020). *Tipos de pruebas para la detección del coronavirus SARS-Cov-2 y cuándo está indicada cada una*. . Obtenido de <https://www.teknon.es/blog/es/salud-az/tipos-pruebas-deteccion-coronavirus-sars-cov-2-indicada-cad>.
- [26] Ridao Marín, D. (Febrero. 2020). *Desarrollo de un sistema de ayuda a la decisión para tratamientos odontológicos con imágenes digitales*. . Málaga, España:
- [27] Ridao, M., Sánchez, P., & José, I. (Febrero de 2020). *Desarrollo de un sistema de ayuda a la decisión para tratamientos odontológicos con imágenes digitales*. Málaga, España.
- [28] S. Jiménez, P. A. ((2020). ). *Automatic detection of vessels in color fundus images*, . *Arch Soc Esp Oftalmol*.85n.3 9 pag.
- [29] Salud, O. M. (4 de 7 de 2020)). *Brote del Nuevo Coronavirus (COVID-19)*. Obtenido de who.int: <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus->

- 2019?gclid=EAIaIQobChMI\_t\_bMxt6z6gIViI7ICh3hZw4NEAAYASAAEgIhsPD\_BwE.
- [30] SEIMC. (2020). *Sociedad española de enfermedades infecciosas y microbiología clínica*. Obtenido de [https://seimc.org/contenidos/documentoscientificos/recomendaciones/seimc-rc-2020-Posicionamiento\\_SEIMC\\_diagnostico\\_microbiologico\\_COVID19.pdf](https://seimc.org/contenidos/documentoscientificos/recomendaciones/seimc-rc-2020-Posicionamiento_SEIMC_diagnostico_microbiologico_COVID19.pdf).
- [31] SEIMC. (-2020-P). *Posicionamiento\_SEIMC\_diagnostico\_microbiologico\_COVID19.pdf*. Sociedad española de enfermedades infecciosas y microbiología clínica. Obtenido de [seimc.org](https://seimc.org/contenidos/documentoscientificos/recomendaciones/seimc-rc): <https://seimc.org/contenidos/documentoscientificos/recomendaciones/seimc-rc>.
- [32] Serrano-Cumplido. (1 de junio de 2020). «COVID-19. La historia se repite y seguimos tropezando con la misma piedra». *Medicina de Familia. SEMERGEN*, 46. doi:10.1016/j.semerg.2020.06.008.
- [33] Sheahan, T. P. (2020). Comparative therapeutic efficacy of remdesivir and combination lopinavir, ritonavir, and interferon beta against MERS-CoV. *Nature communications 11.1*, 1-14.
- [34] Silvett, A., & Delrieux, C. (18 de 10 de 2022). Analisis Multifractal Aplicado a Imágenes Medicas. Argentina: SeDiCI. Obtenido de Desarrollo histórico de las comunicaciones: <https://sites.google.com/site/unidososmosmaz/asignaturas-estudio/home/modulo-uno/evolucin-histrica-de-los-sc>
- [35] V C, & B. (2020). Diagnostic properties of the tests used in COVID-19. En Interpretación de pruebas de diagnóstico para SARS-CoV-2. *MEDwave*.
- [36] VC, B. (. (s.f.). *Diagnostic properties of the tests used in COVID-19. En Interpretación de pruebas de diagnóstico para SARS-CoV-2. . España: .* Obtenido de A rapid review of recently published literature.
- [37] W. Sun, M. C. ( (2015)). “*Segmenting and Tracking the Left Ventricle by Learning the Dynamics in. Massachusetts: Institute of Technology, LIDS Technical Report*.”
- [38] W., S., & M. C. (2015). *Segmenting and Tracking the Left Ventricle by Learning the Dynamics n. Massachusetts: Institute of Technology, LIDS Technical Report*.
- [39] Wei-jie Guan, P. Z.-y.-h.-q.-x.-l.-j. ((28 de 02 de 2020). ). Obtenido de *NEJM.org*.: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2002032>.
- [40] Zhang, L. F. ((03 de 2020)). «*Clinical Characteristics of COVID-19-Infected Cancer Patients: A Retrospective Case Study in Three Hospitals within Wuhan, China*». *Annals of Oncology*. Obtenido de 31(7):894-901. doi: 10.1016/j.annonc.
- [41] Zixing Huang, M. S. ((2020).). *La batalla contra la enfermedad del Coronavirus 2019 (COVID-19): Manejo de Emergencia y Control de Infecciones en un Departamento de Radiología*. SA-CME . Copyright <sup>a</sup> American College of Radiology. Obtenido de [jacr.org/](http://jacr.org/).

## ANEXOS

### ANEXO 1. CRONOGRAMA DEL TRABAJO INVESTIGATIVO DANDO CUMPLIMIENTO A LAS 400 HORAS ESTABLECIDAS POR EL REGLAMENTO DE RÉGIMEN ACADÉMICO DEL CES.

Actividades	Meses 1				Meses 2				Meses 3			
	S 1	S 2	S 3	S 4	S 1	S 2	S 3	S 4	S 1	S 2	S 3	S 4
<b>PRIMERA FASE</b>												
<b>SEGUNDA FASE</b>												
<b>TERCERA FASE</b>												
<b>CUARTA FASE</b>												

**Fase 1.** Recolección de información. Análisis y cálculos

**Fase 2.** Elaboración del diseño y simulación para las pruebas

**Fase 3.** Tabulación de resultados y realización del informe

**Fase 4.** Presentación y defensa del proyecto de investigación

### ANEXO 2. FINANCIAMIENTO DEL PROYECTO

Gastos de transporte	180.00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)
Gastos de Material Educativo	60.00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)
Gastos de alimentación	150.00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)
Gastos de software adquirido	27.00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)
Material de Oficina	40,00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)
Monto total del financiamiento de la investigación	457.00 dólares de los Estados Unidos de Norteamérica (USD)

### ANEXO 3. PROCEDIMIENTOS PARA LA REALIZACIÓN DEL PROGRAMA EN MATLAB, CÓDIGOS, IMÁGENES.

Programa tecov.m

```
clc
```

```
clear all
```

```
close all
```

```
delete('* .dcm');
```

```
delete('* .png');
```

```
delete('* .mat');
```

```
%dicom2image('C:\Users\Usuario\Desktop\S0001\D0001.dcm','png')
```

```
infolder='C:\Users\Usuario\Desktop\S0001\'
```

```
projectdir='C:\Users\Usuario\Desktop\S0001\'
```

```
files=dir(strcat(infolder, ' '));
```

```
% Averigua cuantos (N) son
```

```
[N,M]=size(files);
```

```
dinfo = dir( fullfile(infolder, ' '));
```

```
oldnames = {dinfo.name};
```

```
unwanted = cellfun(@isempty, regexp(oldnames, '[A-Z][^_]*' ));
```

```
oldnames(unwanted) = [];
```

```
newnames = regexp(oldnames, '^w+\.(\w+)\.\.\.\(\w)\.\w\.\d{4}\.\(\d{3})\.*$',  
'$1_$2_$3.dcm');
```

```
for K = 1 : length(oldnames)-3
```

```
c2=oldnames{K};
```

```
c2=strcat(infolder,c2)
```

```
d2=newnames{K};
```

```
d2=strcat(infolder,d2,'.dcm')
```

```
copyfile(c2,d2);
```

```
end
```

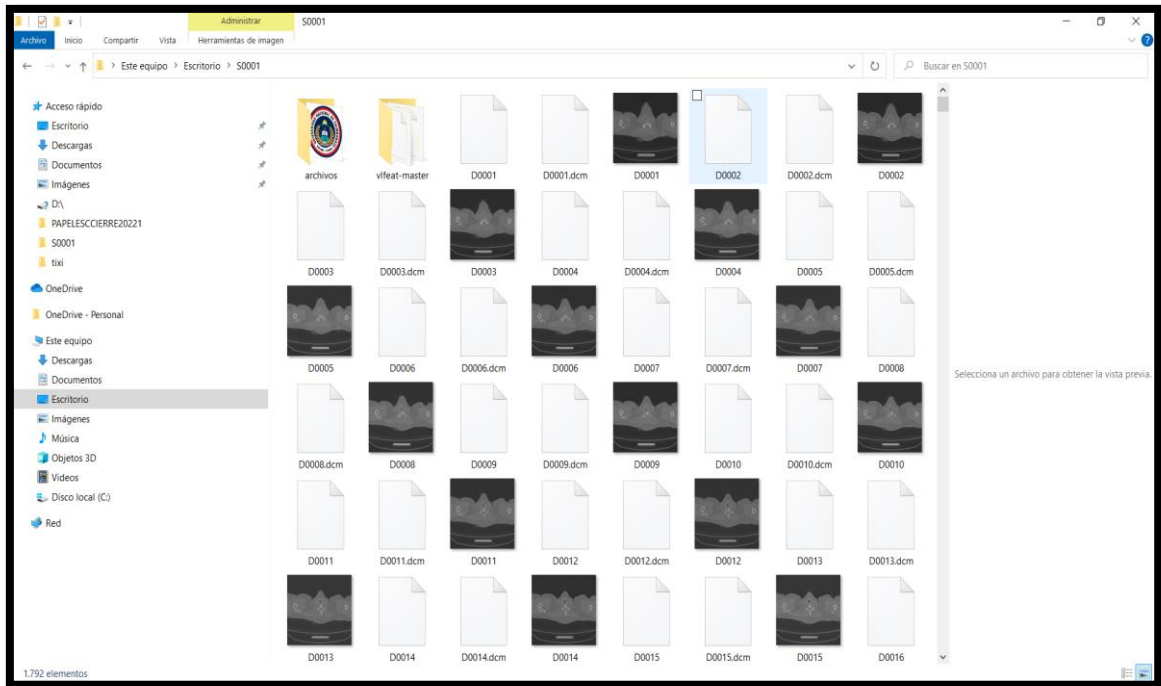
```
delete('* .m.dcm');
```

```

delete('*.*mlapp.dcm');
    for K = 1 : length(newnames)-3
        g2=newnames{K};
        g2=strcat(infolder,g2,'.dcm')
filename=g2
f2=newnames{K};
        f2=strcat(infolder,f2,'.png')
        imagetype='png';
        dcmaima(filename,f2,imagetype)
    end
% for i = 1:(N)
% a='0000';
% b=num2str(i);
% c=strcat(a,b);
% n=length(b);
% newStr = extractAfter(c,n)
% d=strcat('D',newStr)
% end
% K = menu('Choose a color','Red','Blue','Green')
% if K==1
% run('tescodbina.m');
% end

```

Resultado:



Programa function dicom2image.m:

```
function dicom2image(filename, imagetype)
```

```
% Dicom to Image converter
```

```
% AUTHOR: Rance Tino
```

```
% VERSION: 0.1
```

```
%% Input Error Check
```

```
%%%%%%%%%%%%%% % input name
```

```
%%%%%%%%%%%%%% %
```

```
if ~exist('filename','var') % doesn't exist
```

```
    error('You need an input name!');
```

```
end
```

```
%%%%%%%%%%%%%% % image type
```

```
%%%%%%%%%%%%%% %
```

```
if ~exist('imagetype','var') % doesn't exist
```

```
    error('Please specify image type!');
```

```
end
```

```
%% Read and DICOM data
```

```
dcmfile = dicomread(filename);
```

```

%% Show Original DICOM(.dcm) Image
figure ()
imshow(dcmfile,[]);
title('Original DICOM Image');

%% Convert DICOM to image file
dcmImagei = uint8(255 * mat2gray(dcmfile)); %Convert to uint8 format
if(imagetype == 'png')
    imwrite(dcmImagei,'HU_dcmImage.png', imagetype);% Save Image to specified image
type
    display('Finished saving .png image');
elseif(imagetype == 'bmp')
    imwrite(dcmImagei,'HU_dcmImage.bmp', imagetype);
    display('Finished saving .bmp image');
elseif(imagetype == 'jpg')
    imwrite(dcmImagei,'HU_dcmImage.jpg', imagetype);
    display('Finished saving .jpg image');
elseif(imagetype == 'tif')
    imwrite(dcmImagei,'HU_dcmImage.tif', imagetype);
    display('Finished saving .tif image');
elseif(imagetype == 'gif')
    imwrite(dcmImagei,'HU_dcmImage.gif', imagetype);
    display('Finished saving .gif image');
else
    Display('Saving error');
end

end

```

Programa function dcmaima:

```

function dcmaima(filename,f2,imagetype)
dcmfile = dicomread(filename);

```

```
dcmImagei = uint8(255 * mat2gray(dcmfile));  
imwrite(dcmImagei,f2, imagetype);
```

Programa function tescovbina:

```
function tescovbina(newnames, infolder,K)
```

```
delete('*.*.png');
```

```
for K = 1 : length(newnames)-3
```

```
  f2=newnames{K};
```

```
  h2=f2;
```

```
  j2=f2;
```

```
  f2=strcat(infolder,f2, '.png')
```

```
    I = imread(f2);
```

```
    level = graythresh(I);
```

```
    BW = imbinarize(I,level);
```

```
    %imshowpair(I,BW,'montage')
```

```
      imshow(BW);
```

```
      h2=strcat(infolder,h2, '.mat')
```

```
      j2=strcat(infolder,j2, 'p.png')
```

```
      save(h2,'BW');
```

```
      save(j2,'BW');
```

```
end
```

```
end
```

```
%   for K = 1 : length(newnames)-3
```

```
%   g2=newnames{K};
```

```
%   g2=strcat(infolder,g2, '.dcm')
```

```
% filename=g2
```

```
% f2=newnames{K};
```

```
% f2=strcat(infolder,f2, '.png')
```

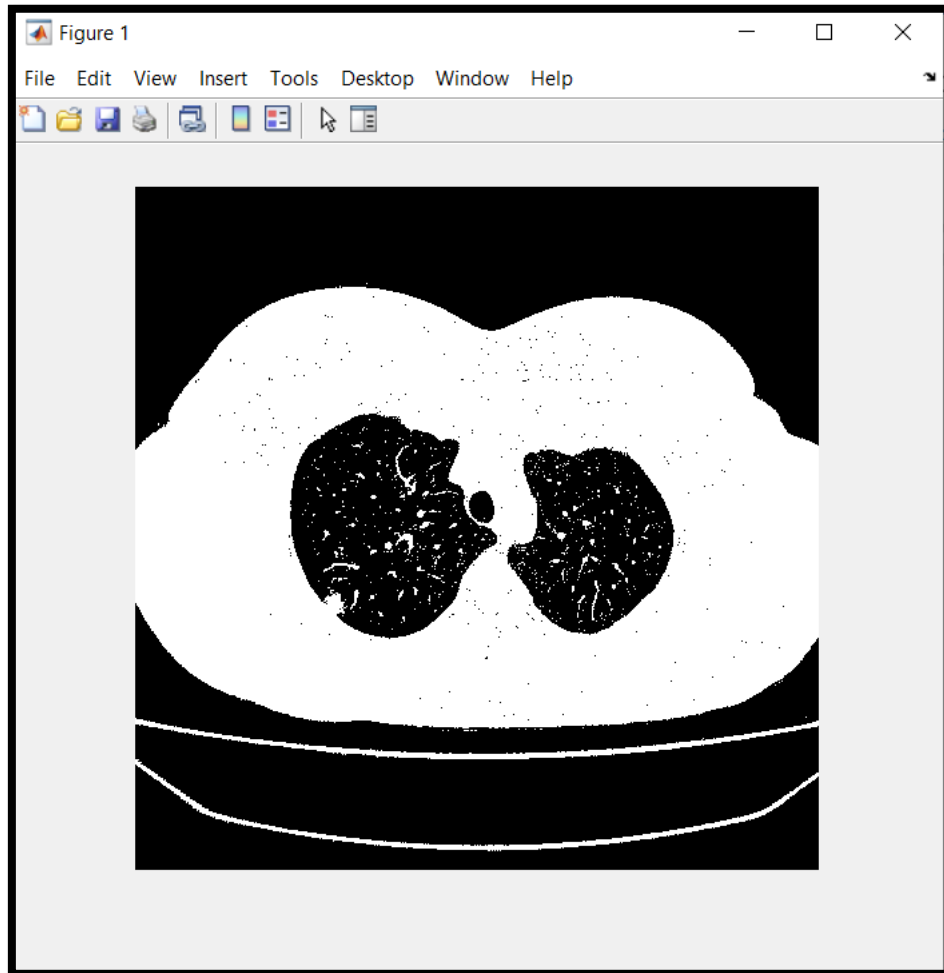


```

% imagetype='png';
% dcmaima(filename,f2,imagetype)
% end

```

Resultado:



Programa seg2.m:

```

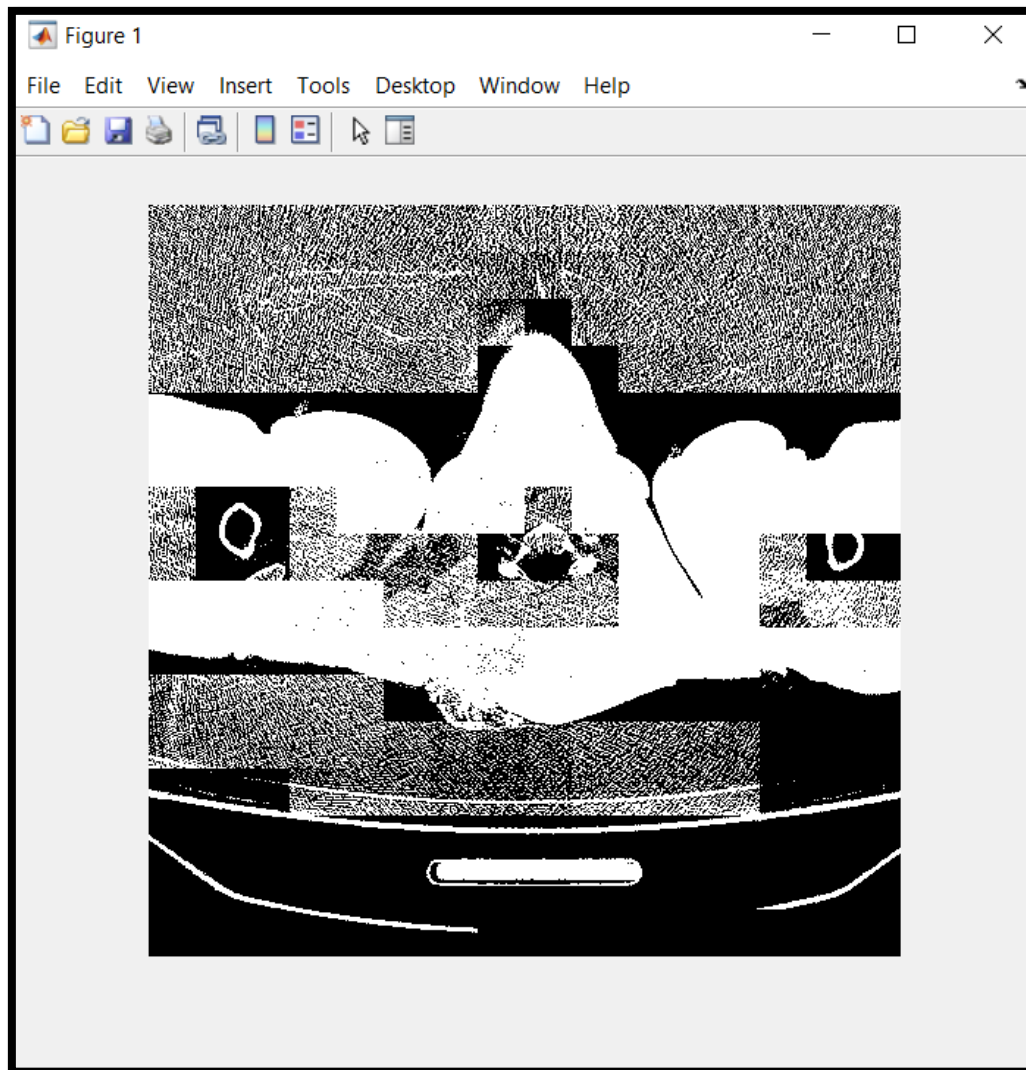
delete('*.*.png');
for K = 1 : length(newnames)-3
f2=newnames{K};
h2=f2;
    f2=strcat(infolder,f2,'.png')
    I = imread(f2);
m = 64;
d = 32;
[N,M] = size(I);
i=1-m+d;

```

```

J = zeros(N,M);
while i<N-d
    j = 1-m+d;
    i1 = max([1 i]);
    i2 = min([N i+m-1]);
    while j<M-d;
        j1 = max([1 j]);
        j2 = min([M j+m-1]);
        K = I(i1:i2,j1:j2);
        t = graythresh(K)*256;
        J(i1:i2,j1:j2) = or(J(i1:i2,j1:j2),K>t);
        imshow(J)
        drawnow
        pause(0)
        j = j+d;
    end
    i = i+d;
end
end
Resultado:

```



Programa seg3d.m:

```
delete('*.*.png');
```

```
for K = 1 : length(newnames)-3
```

```
    f2=newnames{K};
```

```
    h2=f2;
```

```
        f2=strcat(infolder,f2,'.png')
```

```
            X = imread(f2);
```

```
            figure(1)
```

```
            imshow(X,[])
```

```
            figure(2)
```

```
            n = size(X,2);
```

```
T = round(255.0*(ones(20,1)*(1:n))/n);
```

```
I = [X;T];
```

```
e = 0.001; % wait time
```

```
d = 1;
```

```
f = 1;
```

```
for s=1:2
```

```
    k = 0;
```

```
    for t=[0:2:255 254:-2*f:0]
```

```
        k = k + 1;
```

```
        J = I<t;
```

```
        if s==1
```

```
            imshow(J(1:d:end,1:d:end))
```

```
        else
```

```
            E = bwperim(J);
```

```
            Bio_edgeview(I(1:d:end,1:d:end),E(1:d:end,1:d:end))
```

```
        end
```

```
        drawnow
```

```
    end
```

```
    enterpause
```

```
end
```

```
% [fr,sd,J] = Bim_segmsr(X,[5 2500 0.7 0.2 10 2 1]);
```

```
% figure
```

```
% imshow(J>0,[])
```

```
% % figure(1)
```

```
% % imshow(I,[])
```

```
% ra = 59;
```

```
%
```

```
% N = fix(2*ra +1.5);
```

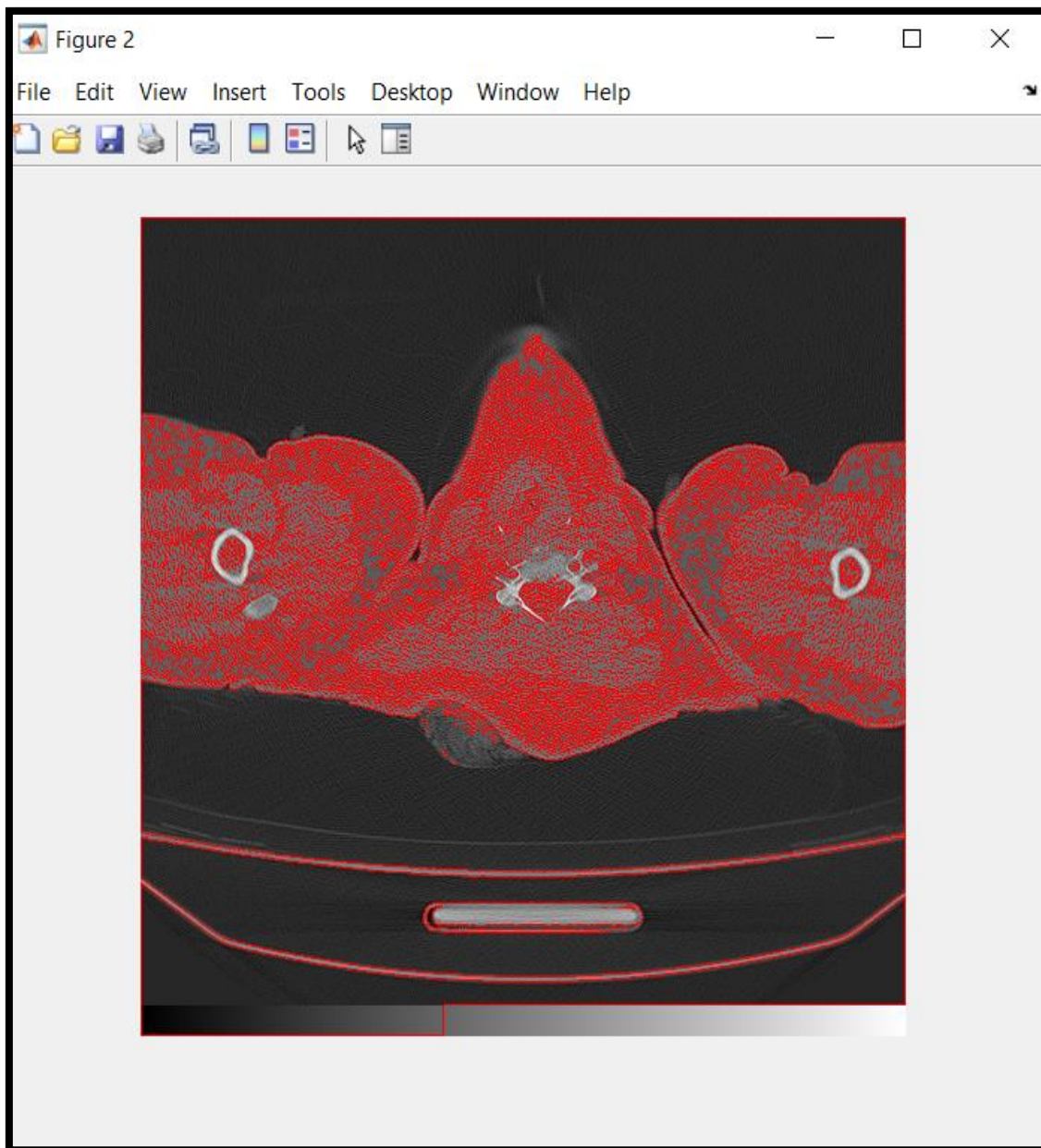
```

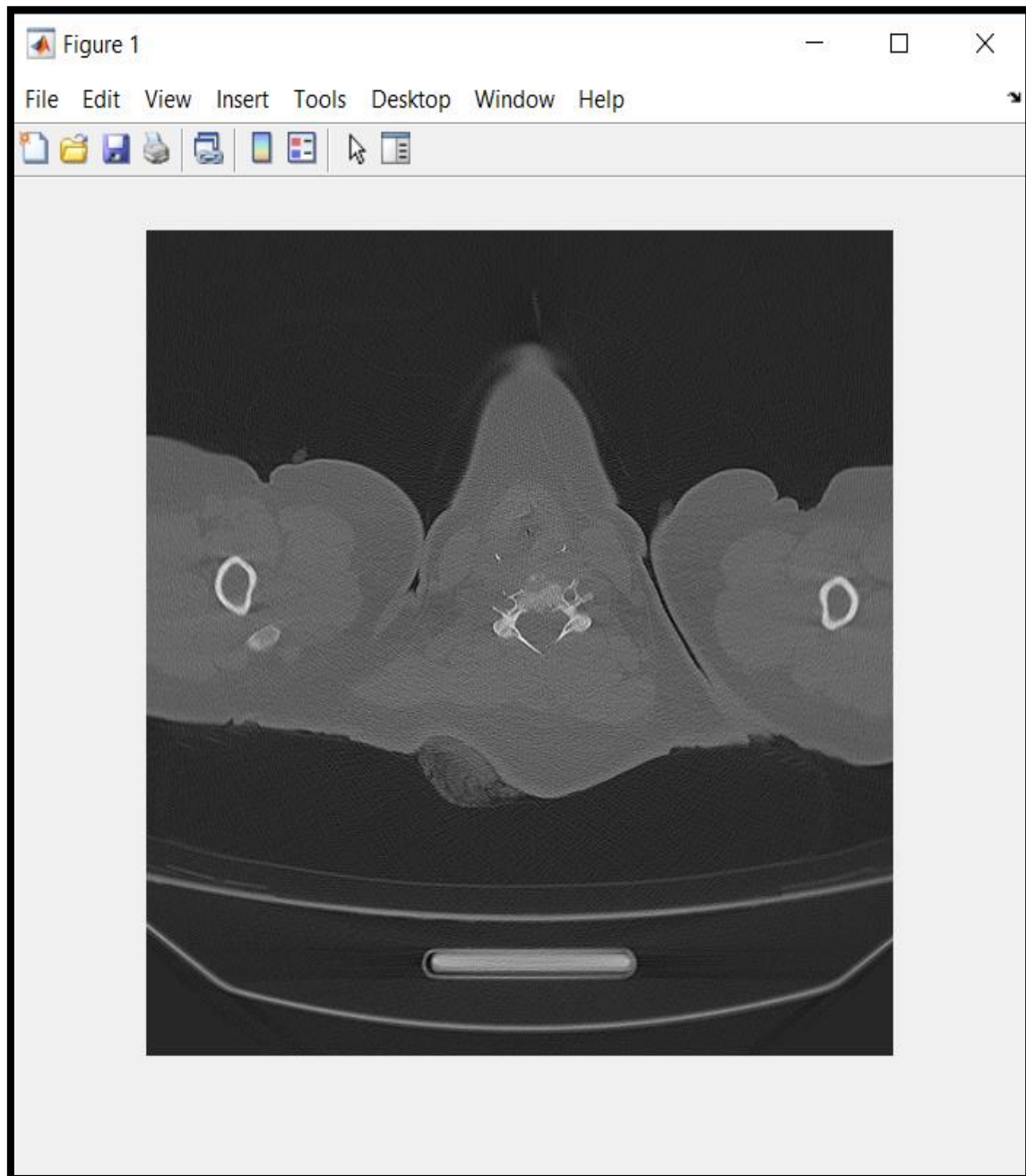
% n = (N-1)/2;
% M = zeros(N,N);
%
% for i=1:N
%   for j=1:N;
%     r = sqrt((i-n)^2+(j-n)^2);
%     if r < ra
%       M(i,j) = 1;
%     end
%   end
% end
% M = M/sum(M(:));
% % figure(2)
% % imshow(M,[])
% J = conv2(I,M,'same');
% % figure(3)
% % imshow(J,[]);
% % figure
% % mesh(J)
% % hold on
% % local maxima
% D1 = Bim_d2(J);
% D2 = abs(D1)>0.5;
% D3 = bwareaopen(D2,8);
% D4 = imclearborder(D3);
% D5 = imopen(bwareaopen(bwfill(D4,'holes'),60),ones(3,3));
% % figure
% % Bio_edgeview(I,D5)
% R = D5;
% [L,n] = bwlabel(R);
% % figure
% % imshow(I,[])
% hold on

```

```
% for i=1:n
%   [ii,jj] = find(L==i);
%   plot(mean(jj),mean(ii),'rx');
%   plot(mean(jj),mean(ii),'ro');
% end
end
```

Resultado:





Programación Matlab AppDesigner:  
`classdef S23 < matlab.apps.AppBase`

```
% Properties that correspond to app components
properties (Access = public)
    UIFigure          matlab.ui.Figure
    Panel              matlab.ui.container.Panel
    AUTORGABRIELATIXILabel  matlab.ui.control.Label
    SELECCINDEDATOSLabel  matlab.ui.control.Label
```

```

ENSAMBLEButton      matlab.ui.control.Button
SEGMENTACINButton   matlab.ui.control.Button
PREPROCESADOButton  matlab.ui.control.Button
Panel_3              matlab.ui.container.Panel
Panel_2              matlab.ui.container.Panel

```

```

SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGLOBA
LLabel matlab.ui.control.Label
    PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label matlab.ui.control.Label
    Image2          matlab.ui.control.Image
    Image           matlab.ui.control.Image
end

```

```

% Callbacks that handle component events
methods (Access = private)

```

```

    % Button pushed function: ENSAMBLEButton, PREPROCESADOButton
    function PREPROCESADOButtonPushed(app, event)
%       run("tescov.m");
%       z=0;
% %       i2=0
% global newnames;
% global infolder;
% global K;
% global BW;
% BW=0;
%       tescovbina(newnames, infolder, K);
%
%       for K = 1 : length(newnames)-3
%           j2=newnames{K};
%           j2=strcat(infolder,j2,'.png')
%           z
% %       imshow(, app.UIAxes)
%           imshow("D0001.png", 'parent', app.UIAxes);
%       end

end
end

```

```

% Component initialization
methods (Access = private)

```



```

% Create UIFigure and components
function createComponents(app)

% Create UIFigure and hide until all components are created
app.UIFigure = uifigure('Visible', 'off');
app.UIFigure.Position = [100 100 640 480];
app.UIFigure.Name = 'MATLAB App';

% Create Panel
app.Panel = uipanel(app.UIFigure);
app.Panel.BackgroundColor = [1 1 1];
app.Panel.Position = [1 1 193 480];

% Create Panel_2
app.Panel_2 = uipanel(app.Panel);
app.Panel_2.BackgroundColor = [1 1 1];
app.Panel_2.Position = [194 -1 446 480];

% Create Image
app.Image = uiimage(app.Panel_2);
app.Image.Position = [-245 366 296 89];
app.Image.ImageSource = 'Imagen1.jpg';

% Create Image2
app.Image2 = uiimage(app.Panel_2);
app.Image2.Position = [38 105 369 260];
app.Image2.ImageSource = 'D0001.png';

% Create PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label
app.PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label = uilabel(app.Panel_2);
app.PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label.FontWeight = 'bold';
app.PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label.Position = [106 27 266 43];
app.PORCENTAJEPOSIBLECASOCOVID923Label.Text = 'PORCENTAJE POSIBLE
CASO COVID: 92,3%';

% Create SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGLOBA
LLabel
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel = uilabel(app.Panel_2);

```

```

app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.HorizontalAlignment = 'center';
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.VerticalAlignment = 'top';
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.WordWrap = 'on';
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.FontSize = 18;
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.FontWeight = 'bold';
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.Position = [27 342 392 104];
app.SISTEMADEAPOYODEDETECCINCOVID19PORSEGMENTACINUMBRALGL
OBALLabel.Text = 'SISTEMA DE APOYO DE DETECCIÓN COVID-19 POR
SEGMENTACIÓN UMBRAL GLOBAL ';

```

### % Create Panel\_3

```

app.Panel_3 = uipanel(app.Panel);
app.Panel_3.BackgroundColor = [1 1 1];
app.Panel_3.Position = [11 104 173 179];

```

### % Create PREPROCESADOButton

```

app.PREPROCESADOButton = uibutton(app.Panel, 'push');
app.PREPROCESADOButton.ButtonPushedFcn = createCallbackFcn(app,
@PREPROCESADOButtonPushed, true);
app.PREPROCESADOButton.Position = [44 241 118 22];
app.PREPROCESADOButton.Text = 'PREPROCESADO';

```

### % Create SEGMENTACINButton

```

app.SEGMENTACINButton = uibutton(app.Panel, 'push');
app.SEGMENTACINButton.Position = [44 181 118 22];
app.SEGMENTACINButton.Text = 'SEGMENTACIÓN';

```

### % Create ENSAMBLEButton

```

app.ENSAMBLEButton = uibutton(app.Panel, 'push');
app.ENSAMBLEButton.ButtonPushedFcn = createCallbackFcn(app,
@PREPROCESADOButtonPushed, true);
app.ENSAMBLEButton.Position = [44 123 118 22];
app.ENSAMBLEButton.Text = 'ENSAMBLE';

```

### % Create SELECCINDEDATOSLabel

```

app.SELECCINDEDATOSLabel = uilabel(app.Panel);
app.SELECCINDEDATOSLabel.FontSize = 16;
app.SELECCINDEDATOSLabel.FontWeight = 'bold';
app.SELECCINDEDATOSLabel.Position = [5 326 184 22];

```

```

app.SELECCINDEDATOSLabel.Text = 'SELECCIÓN DE DATOS';

% Create AUTORGABRIELATIXILabel
app.AUTORGABRIELATIXILabel = uilabel(app.Panel);
app.AUTORGABRIELATIXILabel.FontSize = 10;
app.AUTORGABRIELATIXILabel.FontWeight = 'bold';
app.AUTORGABRIELATIXILabel.Position = [44 26 117 22];
app.AUTORGABRIELATIXILabel.Text = 'AUTOR:GABRIELA TIXI';

% Show the figure after all components are created
app.UIFigure.Visible = 'on';
end
end

% App creation and deletion
methods (Access = public)

% Construct app
function app = S23

% Create UIFigure and components
createComponents(app)

% Register the app with App Designer
registerApp(app, app.UIFigure)

if nargin == 0
clear app
end
end

% Code that executes before app deletion
function delete(app)

% Delete UIFigure when app is deleted
delete(app.UIFigure)
end
end
end

```

Resultado:

MATLAB App



**SELECCIÓN DE DATOS**

PREPROCESADO

SEGMENTACIÓN

ENSAMBLE

AUTOR: GABRIELA TIXI

### SISTEMA DE APOYO DE DETECCIÓN COVID-19 POR SEGMENTACIÓN UMBRAL GLOBAL



PORCENTAJE POSIBLE CASO COVID: 92,3%

## ANEXO 4. CERTIFICADO DE VIABILIDAD DEL SISTEMA



GUILLERMO LASSO  
PRESIDENTE

Riobamba, 22 de noviembre del 2022

Yo, Biof. Francisco Salvador Vera Moreno con C.I. 0604317909, Coordinador del departamento de Imagenología del Hospital Provincial General Docente Riobamba área de Imagenología, a petición verbal de parte de la interesada tengo a bien el siguiente certificado:

### CERTIFICO

A la Srta. estudiante egresada Tixi Cali Gabriela Natalia C.I. 060406556-5 estudiante de la Universidad Nacional de Chimborazo, Facultad de Ingeniería, Carrera de Electrónica y Telecomunicaciones, con el proyecto de investigación titulado **“DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA DE APOYO PARA LA DETECCIÓN DE POSIBLES CASOS DE SARS-COV-2 (COVID-19), MEDIANTE PROCESAMIENTO DE IMÁGENES. CASO DE ESTUDIO: HOSPITAL PROVINCIAL GENERAL DOCENTE DE RIOBAMBA.”**, da cumplimiento con los requisitos exigidos desde el punto de vista médico de la unidad de Rayos X, manifiesto que el prototipo cumple las condiciones necesarias para que contribuya el proceso de detección de SARS-COV-2 (COVID-19), y a su vez el daño causado en los pulmones en pacientes de esta unidad de salud, comprobando así la validez y confiabilidad de este proyecto de investigación

Es todo cuanto puedo certificar autorizando a la interesada hacer uso del presente como a bien tuviere



Francisco Salvador Vera Moreno,  
Biofísico  
Coordinador del área de Imagenología  
0604317909

**Ministerio de Salud Pública**  
**Hospital Provincial General Docente de Riobamba**  
Dirección: Av. Juan Félix Proaño S/N y Chile.  
Riobamba – Ecuador  
Teléfonos: (2) 628075 / 2628071  
Twitter: @HpgdRiobamba Facebook: [HPGD Riobamba](#)

