

Un modelo de Detección Automática de Bordes en Imágenes Dermatoscópicas

José I. Peláez

E.T.S.I. Informática
Universidad de Málaga.
España Investigador
Proyecto Prometeo
Universidad de Guayaquil
Guayaquil, Ecuador
jipelaez@uma.es

Eustaquio A. Martínez

Facultad Politécnica
Universidad Nacional del
Este Ciudad del Este,
Paraguay
amartinez@fpune.edu.py

Gustavo Vaccaro

Universidad de Guayaquil
Guayaquil, Ecuador,
gustavo.vaccarow@fcmf.ug.edu.ec

A. H. Yanez

Facultad de Matemáticas y
Ciencias Físicas
Universidad de Guayaquil
Guayaquil, Ecuador
alcibar.yaneze@ug.edu.ec

RESUMEN

Este trabajo propone un modelo para detectar en forma automática el borde de una región pigmentada en una imagen dermatoscópica, primer paso necesario para la construcción de una herramienta capaz de diagnosticar melanomas utilizando imágenes dermatoscópicas. El modelo propuesto, utilizando una base de 205 imágenes, presenta errores menores cuando es comparado con el método de K-means y utilizando como referencia el método de Otsu, y como medida la métrica del XOR.

Palabras Claves: Melanoma, Mean Shift, Perceptrón Multicapas, Dermatoscopia

1. INTRODUCCIÓN

El melanoma es una manifestación que presenta un importante crecimiento en los últimos años, en especial entre la población de test blanca [29], [17], [6], [3], [10], [22], [15], [7], [20], [21], [12]. Básicamente consiste en el crecimiento descontrolado de células conocidas como melanocitos, que producen una proteína llamada melanina cuya función es proteger al cuerpo humano de las radiaciones ultravioleta provenientes del sol.

Recientemente y debido al aumento de casos, existe gran interés por utilizar herramientas tecnológicas para la detección temprana de la enfermedad, puesto que la misma plantea mayor posibilidad de control [2], [4], [6], [7] [23]. Para ello se han desarrollado diferentes técnicas de diagnóstico, como el de análisis de patrones, método ABCD de Stolz, de los 7 puntos de Argenciano, la de Menzies, etc., [29]. La mayoría de las técnicas se basan en el análisis de imágenes digitales obtenidas por un proceso denominado dermatoscopia digital [1], [2], [10], [13], [12], que básicamente consiste en la toma de una fotografía digital, utilizando luz y lentes especiales que eliminan algunos "ruidos" debido a problemas de iluminación, reflexión y refracción de la piel humana. Los métodos como ABCD y de los 7 puntos, básicamente son técnicas de valoración de las diferentes características que puede presentar una lesión o nevus, a tal punto de poder identificar su malignidad a partir de la asignación de valores numéricos a cada una de ellas y por un proceso de ponderación o corrección, determinar un valor numérico cuya pertenencia o no a un intervalo específico, determina si la lesión en estudio es o no maligna (melanoma).

A pesar de los avances de las técnicas, la precisión del

diagnóstico clínico por parte de los dermatólogos se encuentra entre un 75 y 80%, lo que implica la existencia de un margen importante de incertidumbre que impide la detección temprana de la dolencia [29]. Disponer de sistemas automáticos para el diagnóstico sería un avance importante para los tratamientos y por tanto para aumentar los índices de supervivencia. Pero para llevar a cabo este proceso, hay que resolver diferentes problemas, siendo la delimitación de bordes, el primero de ellos.

Este trabajo presenta un modelo para la delimitación de bordes mediante redes neuronales. Para ello, el trabajo ha sido organizado como sigue: en la segunda sección se presenta el modelo; en la tercera sección el modelo se aplica sobre una BBDD de 205 imágenes dermatoscópicas reales; y finalmente, en la cuarta sección, se presentan las conclusiones, así como una breve referencia a trabajos futuros.

2. PROCESO DE DETECCIÓN AUTOMÁTICA DE BORDES

En este trabajo se propone un método para determinar de forma automática el borde de un área pigmentada en una imagen dermatoscópica, con miras a utilizarlo como parte de un sistema de apoyo al diagnóstico de melanomas.

La detección automática de bordes en una imagen dermatoscópica es una tarea desafiante, debido a varias razones [23]: bajo contraste entre la piel pigmentada y la piel circundante, bordes irregulares y difusos, artefactos como textura de la piel, vello y gran variedad de colores dentro de la lesión. Alternativas a la propuesta de este trabajo existen varias, sin embargo, comprenden complejos procesos cuya implementación no están muy bien detalladas en la literatura, aunque se puede identificar claramente que los esfuerzos, en su mayoría, se centran en la segmentación. En ese sentido se han identificado algunos muy interesantes [16], [28], [14], [5] y una comparación no menos interesante entre ellos se puede encontrar en [27].

Para lograr el objetivo de este trabajo, se propone un modelo en dos fases: la primera fase, consiste en un proceso de preprocesamiento y segmentación de la imagen y extracción de las características de las zonas segmentadas; y una segunda fase de perfilado de las bordes, a través de la unión de partes de la imagen que no fueron añadidas en el primer segmentado mediante el uso de redes neuronales. Esto es, sean R_i , $i =$

1, ..., n las regiones clasificadas como parte de la región pigmentada, entonces la región de interés estará dada por:

$$Rp = \bigcup_{i=1}^n Ri \quad (1)$$

Ambas fases y sus partes pueden observarse en el esquema de la figura 1.

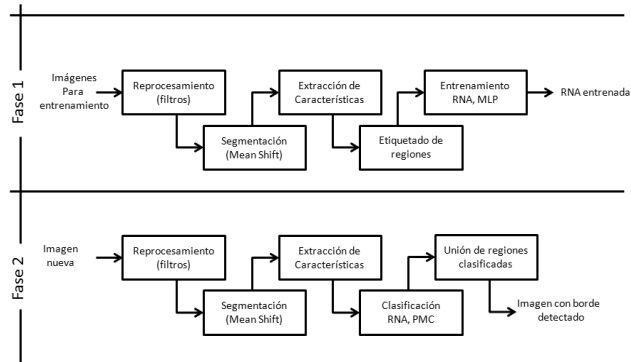


Fig. 1. Esquema del proceso desarrollado.

A diferencia de las propuestas existentes [14], [15], [16], [19], [24], [27], [30], [31], [5], [28], la propuesta que se presenta en este trabajo, además de ser más sencilla y fácil de llevar cabo, presenta como novedad el mecanismo de determinación de los parámetros hs , hr y m utilizados por el segmentador Mean Shift. El algoritmo se basa en la combinación de diferentes valores de los mencionados parámetros, tomándose una medida estadística de los valores encontrados. Esto permite que los mismos sean ajustados a cada nuevo grupo de imágenes a ser sometidas al proceso. El algoritmo correspondiente se detalla en el algoritmo 1, que se muestra más adelante. A continuación, se muestran las diferentes etapas del modelo.

Preprocesamiento: En esta fase la primera acción es el filtrado de las imágenes para mejorarlas en ciertos aspectos, aplicando varios filtros a modo de prueba, tales como el de la Media, Gauss, Mediana y el Ma-Owa [18]. Así también se realizan recortes para eliminar regiones oscuras generadas por la lente del dermatoscopio. Como se ha verificado una incidencia no muy significativa en resultado del proceso, los filtros y recortes fueron descartados.

Segmentación: En la segmentación se utiliza el algoritmo de Mean Shift. El primer paso a realizar es la determinación de los parámetros, tanto bandwidth o ancho de banda como tamaño de ventana, parámetros que consiguen agrupar todas las regiones pigmentadas de cualquier imagen. Cuando ya se tiene la tupla de parámetros óptimos se procede a la segmentación de las imágenes. Los referidos parámetros son: bandwidth espacial (ancho de banda espacial) h_s , rango del bandwidth (rango del ancho de banda) h_r y la región del área mínima m . Una vez elegida la imagen, es convertida en una matriz intensidad y , juntamente con los parámetros, es procesada por el algoritmo de segmentación Mean Shift, que devuelve la matriz de regiones o clústeres resultantes. El proceso que determina los parámetros del segmentador se puede apreciar en el algoritmo 1.

Extracción de características: Al finalizar el proceso anterior, con la matriz de regiones resultantes, se realiza un cálculo de 78 características a cada una de las regiones,

habiéndose normalizado previamente la imagen original y convertida en su correspondiente espacio de color $L*u*v^*$. Estas características son las expresadas en la tabla 1.

Cada * implica tres características, correspondientes a cada uno de los planos, ya sean R, G o B, o bien L, u o v. Luego de este proceso es obtenida una matriz de $78 \times N$, siendo N el número de regiones por imagen en la etapa de segmentación.

Algoritmo 1 Determinación de parámetros hs , hr y m

```

leer número de imágenes a procesar Nimag
leer intervalo de parámetros [hs1, hs2], [hr1, hr2], [m1, m2]
leer incremento Δhs, Δhr, Δm
imag = 1
seg = 1
mientras imag ≤ Nimag hacer
  leer imagen
  hs = hs1
  hr = hr1
  m = m1
  para i = hs1 hasta hs2 hacer
    Segmentar con Mean Shift (hs, hr, m)
    hs = hs + Δhs
    Guardar imagen segmentada
    hs(seg) = hs
    hr(seg) = hr
    m(seg) = m
    seg = seg + 1
  fin para
  hs = hs1
  hr = hr1
  m = m1
  para i = hr1 hasta hr2 hacer
    Segmentar con Mean Shift (hs, hr, m)
    hr = hr + Δhr
    Guardar imagen segmentada
    hs(seg) = hs
    hr(seg) = hr
    m(seg) = m
    seg = seg + 1
  fin para
  hs = hs1
  hr = hr1
  m = m1
  para i = m1 hasta m2 hacer
    Segmentar con Mean Shift (hs, hr, m); m = m + Δm
    Guardar imagen segmentada
    hs(seg)=hs; hr(seg) = hr; m(seg) = m; seg = seg+1
  fin para
  imag = imag + 1
  seg = seg + 1
fin mientras
hs = moda(hs)
hr = moda(hr)
m = moda(m)
    
```

Etiquetado de regiones: Se ha diseñado un algoritmo para el etiquetado de las regiones, éste permite visualizar cada región de la matriz devuelta por el segmentador, de manera individual, y asignarle su correspondiente etiqueta: piel sana, piel pigmentada, sombra o ruido, esta última corresponde a las regiones negras en los ángulos de la imagen que genera el dermatoscopio o algún otro tipo de artefacto que

no es de interés específico.

Como los datos de entrada, constituyen 78 características de cada región, y estas características solo pueden representar a una sola clase pero tienen 3 posibilidades, el diseño que presentó los mejores resultados corresponde a un Perceptrón Multicapas (MLP) de 78 neuronas en la capa de entrada, 20 neuronas en la capa oculta y 3 neuronas en la capa de salida.

Tabla I. Características calculadas sobre cada región obtenida luego de la segmentación de una imagen.

Espacio de color	L*u*v	RGB	Hist.	RGB Norm.	Hist.Norm.
Media	*			*	
Varianza	*		*	*	*
Picos Max(4c/u)		*		*	
Oblicuidad			*		*
Entropía		*		*	
Energía		*		*	
Anal. wavelet (3c/u)		*		*	
Total	6	12	21	18	21

Entrenamiento de la RNA (MLP): Las 78 características extraídas luego de la segmentación son utilizadas en esta etapa de manera a ser presentadas al clasificador, en este caso una red neuronal artificial MLP, como “datos de entrada” para las neuronas de entrada, y el vector de etiquetas, como “salida deseada” de la RNA, como indica la figura 2.

Característica N°	1	2	3	77	78		
cada fila corresponde a una región	83,68007	0,232711	3,131481	...	15,33345	12,93023	etiquetas de cada región
	77,39707	7,438421	16,85713	...	13,27971	10,3408	
	72,08763	12,6382	27,18891	...	39,30433	29,17782	
	78,73634	5,391458	14,71301	...	14,13579	4,415948	
	74,79947	9,211023	20,0814	...	7,245266	10,00105	
	83,83553	0,571718	1,005989	...	19,46594	13,24588	
	
	
	
	
74,02206	20,41458	15,61208	...	34,27596	24,37547	1	
72,34526	23,41336	19,65716	...	25,94166	11,10206	1	

Fig. 2. Matriz de entrada para la RNA. Las etiquetas corresponden a las salidas deseadas (targets).

3. RESULTADOS EXPERIMENTALES

Para verificar la viabilidad de la propuesta se utilizaron 2 bases de imágenes dermatoscópicas, la primera de 75 imágenes obtenidas junto al departamento de dermatología del hospital público de Antequera, España; y la segunda un conjunto de

130 imágenes obtenidas a través de investigadores. Para efectos de identificación se denominó al primer conjunto Grupo A y al segundo Grupo B. Todas las imágenes en formato JPG.

Grupo A: 75 imágenes con un promedio de 4 MB de tamaño, todas ellas con 4000x3000 píxeles, resolución horizontal y vertical iguales a 180 dpi (dots per inch o puntos por pulgada) y 24 bits asignados a cada píxel en la imagen (bit depth). De estas 75 imágenes, es sabido que 10 de ellas son melanomas, 11 nevus displásicos y 54 nevus atípicos.

Grupo B: Este grupo tiene un mayor número de imágenes respecto al anterior, totalizando 130 con un promedio de 150 KB de tamaño, todas ellas con 768x576 píxeles, 150 dpi y 25 bit depth. Ambos grupos de imágenes se encuentran en la composición de colores RGB.

Para determinar los parámetros de segmentación h_s , h_r y m se implementó el algoritmo 1 con diferentes intervalos. Estos intervalos fueron establecidos experimentalmente en función a varias pruebas de segmentación con imágenes complejas y ruidosas. Las imágenes fueron capturadas automáticamente para su posterior análisis. Para el ancho de banda espacial h_s , se estableció un rango o intervalo entre 50 y 300, con un incremento o salto de 50. En la figura 3 se puede observar que alterando h_s , se pueden obtener distintos resultados, por ejemplo, el número de regiones para $h_s = 50$ fue 42 (imagen superior izquierda), pero para $h_s = 200$ el número de regiones fue igual a 9 (imagen inferior derecha). En este ejemplo, los demás parámetros permanecieron inalterados.

Para h_r se estableció un rango entre 5 y 10, con un incremento o salto de 1. Como se observa en la figura 4, la variación del parámetro h_r no es determinante para el número de regiones resultantes de la segmentación, sin embargo, tiene influencia en la forma que las regiones podrían tomar, los demás parámetros, como el caso anterior, permanecieron fijos. Para analizar el comportamiento de la segmentación al variar el parámetro m , se estableció un rango entre 500 y 1000, con un incremento o salto de 100. Se pudo observar que con ese intervalo, no es posible notar diferencias, tanto en el número de regiones, como en la forma de las regiones (figura 5). Sin embargo, a medida que m iba aumentando, aumentaba también el tiempo de proceso y el uso de recursos computacionales.

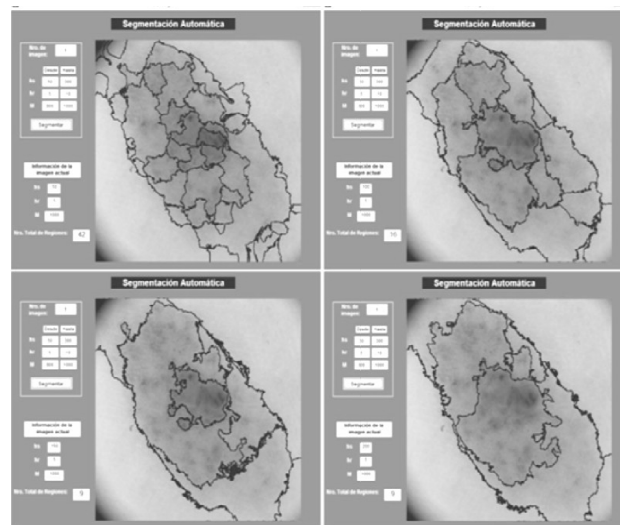


Fig. 3. Segmentaciones de una imagen ejemplo variando el parámetro h_s , con un incremento de 50.

Para h_r se estableció un rango entre 5 y 10, con un incremento o salto de 1. Como se observa en la figura 4, la variación del parámetro h_r no es determinante para el número de regiones resultantes de la segmentación, sin embargo, tiene influencia en la forma que las regiones podrían tomar, los demás parámetros, como el caso anterior, permanecieron fijos. Para analizar el comportamiento de la segmentación al variar el parámetro m , se estableció un rango entre 500 y 1000, con un incremento o salto de 100. Se pudo observar que con ese intervalo, no es posible notar diferencias, tanto en el número de regiones, como en la forma de las regiones (figura 5). Sin embargo, a medida que m iba aumentando, aumentaba también el tiempo de proceso y el uso de recursos computacionales.

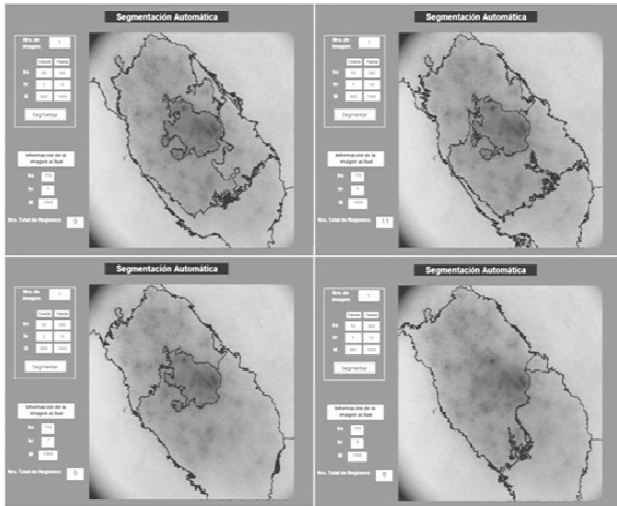


Fig.4. Resultados de segmentaciones para una imagen ejemplo variando h_r .

Como se pudo observar, y como explica la teoría de la elección del bandwidth o ancho de banda (h_s y h_r) y el tamaño de ventana (m) [8], los valores que se le asignen a éstos repercuten de manera importante en el resultado de la segmentación. Luego de realizar todas las combinaciones de parámetros posibles con los rangos mencionados, se obtuvieron 180 segmentaciones distintas de la primera imagen del grupo seleccionado para entrenamiento, lo que permitió descartar los parámetros que devolvían resultados iguales a otros y aquellos que no obtenían una segmentación considerada eficiente para este trabajo. Se han considerado solo las tuplas que devolvían las mejores segmentaciones, es decir, las que detectaban toda el área pigmentada de la piel, con la menor cantidad de regiones posibles. De esta forma las combinaciones de parámetros se redujeron a 10 y fueron probadas para 7 imágenes adicionales del grupo de entrenamiento, obteniéndose resultados aceptables. Para seleccionar los mejores parámetros se realizó una comparación de todos los resultados, seleccionando la mejor segmentación de cada una de las imágenes, lo que llevó a seleccionar la moda de cada uno de los parámetros, lo que resultó en: $h_r=300$, $h_s=100$ y $m=1000$, tupla también utilizada para segmentar las restantes imágenes del grupo de entrenamiento.

Preprocesamiento: Como mencionado, la influencia del preprocesamiento de las imágenes no fue muy significativa, sin embargo en algunos casos considerados necesarios, se realizaron filtrados para mejorar la calidad de las imágenes.

Segmentación: El proceso de segmentación se realiza con los parámetros $h_r=300$, $h_s=100$ y $m=1000$, teniendo en cuenta que los mejores resultados de segmentación, en términos de cantidad de regiones y la inclusión de las regiones pigmentadas de las imágenes.

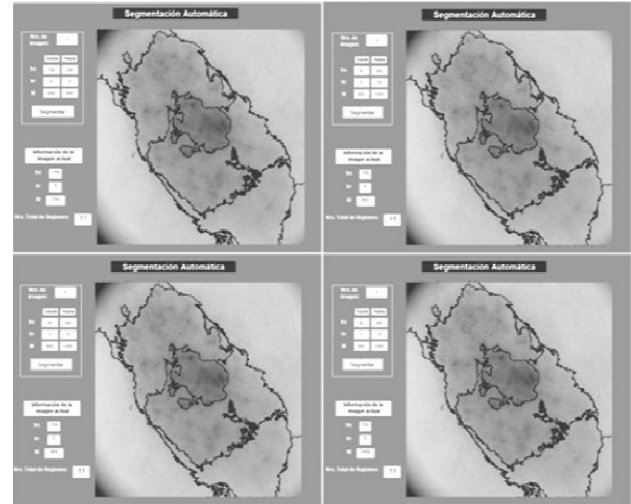


Fig. 5. Resultados de segmentaciones alterando el valor de m con incremento de 100.

Extracción de características: Al finalizar el proceso de segmentación, inmediatamente se procedió al cálculo de las características de cada región, obteniéndose números pequeños para la varianza de la imagen RGB normalizada, un promedio de 6×10^{-5} , y números bastante grandes para la energía, el histograma, el RGB y el RGB normalizado, un promedio de 1×10^9 . Para la mayoría de las características restantes los resultados oscilaban entre 0 y 9, y para una minoría entre 10 y 100. En regiones muy oscuras, como sombras o lesiones muy pigmentadas (casi de color negro), el cálculo de la varianza y la media del RGB normalizado, en sus tres planos (R,G y B), devuelve NaN (Not A Number o No es un número), indicando que es un valor imposible de calcular. En este caso, los campos fueron igualados a 0 para evitar problemas al entrenar la RNA.

Entrenamiento del MLP: Así como fue mencionado, el entrenamiento de la red es realizado con el Algoritmo de entrenamiento gradiente conjugado escalado de retro propagación, o algoritmo de Levenberg-Marquardt, y con 10 neuronas en la capa oculta, con una función de activación sigmooidal en la capa oculta y en la capa de salida, teniendo el error medio cuadrático (mse) como parámetro de rendimiento. Luego de elegir el método, se procede a la carga de datos. Para esto, se concatenaron todas las matrices de características de 134 imágenes segmentadas correspondiente a aproximadamente 65% del total, guardadas en una matriz que conforma la "entrada" de la red, así como la matriz generada en el etiquetado, cuyos elementos constituyeron los "targets" de la RNA.

El 70% de las 135 imágenes fueron usados para el entrenamiento, el 30% para validación y prueba. Con esta configuración se obtuvo un error mayor al 10% en el desempeño de la red, por lo que fue aumentado el número de neuronas de la capa oculta a 20.

A continuación se procedió a la validación del proceso. Para ello se escogieron 71 imágenes para ser procesadas, de manera a verificar la propuesta. Las imágenes utilizadas son algunas del grupo A y otras del grupo B seleccionadas al azar, lo que corresponde a aproximadamente 35% del total

Preprocesamiento: Algunas imágenes utilizadas para las pruebas fueron filtradas para efectos de mejora de calidad.

Segmentación: Las imágenes de prueba fueron segmentadas utilizando el método Mean Shift, con los mismos parámetro h_s , h_r y m utilizados en la fase 1, aquellas determinadas por el proceso iterativo del algoritmo 1.

Extracción de características: Del mismo modo que en la fase 1, las imágenes tuvieron sus características extraídas en función a lo descrito en el tabla 1, totalizando 78, lo que permitió que la el MLP pudiera clasificar las regiones segmentadas candidatas a formar parte de la región pigmentada.

Imagen con borde detectado: Posterior a la clasificación de regiones hecho por el MLP, se procede a unir las diferentes partes, indicadas como pertenecientes a la región pigmentada, obteniéndose así el borde de la región de interés, esto para cada imagen sometida al proceso. Un ejemplo de lo mencionado se puede apreciar en la figura 6.

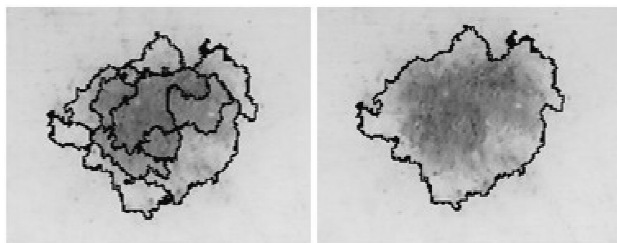


Fig. 6. Ejemplo del proceso de unión de regiones.

Resultados

Para efectos de comparación las imágenes de prueba también fueron sometidas a otros métodos de segmentación mencionados en la literatura como mecanismos viables de obtención de la región pigmentada de una imagen dermatoscópica. Estos métodos son el de K-medias (K-means) y el método de Otsu [22]. En ambos casos se comparan los resultados obtenidos por el método propuesto en este trabajo y los obtenidos por los métodos mencionados, utilizando como métrica de comparación el XOR mencionado en [22], de acuerdo a la Ec. (2). En este caso el método de referencia es el Otsu, dado que aún no se cuenta con la delimitación de la región pigmentada realizado por expertos dermatólogos, deficiencia que se pretende subsanar como continuación de este trabajo.

$$e = \frac{\text{Area}(MA \oplus MO)}{\text{Area}(MO)} \times 100 \quad (2)$$

donde MA corresponde a la salida binaria del método propuesto o el método K-means, MO es el borde delimitado por el método de Otsu (referencia) y \oplus la operación OR exclusivo (XOR), lo que permite desagregar los pixeles que se encuentran dentro de la región de intersección entre los límites determinados por los métodos de comparación.

En la tabla II, se puede visualizar la media y la desviación

estándar de los errores relativos de la métrica XOR. Así también en la figura 7, se puede apreciar algunos ejemplos del proceso finalizado.

Tabla II. Estadísticas del error e del método propuesto comparado con el del k-means (referencia método de otsu).

Estadística	Mean Shift	K-means
Media (μ)	1,28	8,47
Desviación estándar (σ)	4,12	44,59

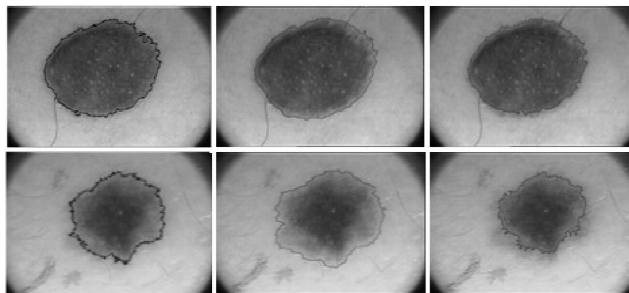


Fig. 7. Resultados ejemplos, Mean Shift (izquierda), K-means (centro), Otsu (derecha).

4. CONCLUSIONES

En este trabajo se ha presentado un método de detección automática de bordes de imágenes dermatoscópicas, utilizando la técnica de segmentación Mean Shift, junto con una red neuronal consistente en un perceptrón multicapas. Para verificar la viabilidad de la propuesta se utilizó un conjunto de 205 imágenes dermatoscópicas. Los resultados obtenidos, utilizando como referencia el método de Otsu y comparados con el método de K-means mostró que la técnica propuesta puede ser interesante, considerando que la media y la desviación estándar del error, utilizando como métrica el de XOR, fueron menores con el método propuesto, sin embargo existen aún una serie de problemas a resolverse, en especial con imágenes con mucho ruido, como los artefactos extraños en la imagen, tales como las sombras y los vellos.

Otro punto importante a definir es la tupla de parámetros del Mean Shift (h_s , h_r y m), puesto que la determinación de los óptimos es aún una cuestión a estudiarse. En esta propuesta se ha utilizado un método iterativo, tomando imágenes ejemplo, escogiendo la moda de aquellos casos con mejores resultados.

5. AGRADECIMIENTOS

Este trabajo está financiado por la SENESCYT en el marco del Proyecto PROMETEO del Gobierno de Ecuador.

6. REFERENCIAS

- [1] A. Blum, et al., "Clinical and Laboratory Investigations. Digital image analysis for diagnosis of cutaneous melanoma. Development of a highly effective computer algorithm based on analysis of 837 melanocytic lesions," British Journal of Dermatology no. 151 vol 5, pp. 029-1038, 2004.
- [2] A. Qaisar, et al., "Lesion border detection in dermoscopy images using dynamic programming," Skin Research and

- Technology no. 17 vol. 1, pp. 91-100, 2011.
- [3] A. Qaisar, et al., "Melanoma recognition framework based on expert definition of ABCD for dermoscopic images," *Skin Research and Technology* no. 19 vol. 1, pp. e93-e102, 2013.
- [4] A. Qaisar, M. E. Celebi, I. Fondón, "Hair removal methods: a comparative study for dermoscopy images," *Biomedical Signal Processing and Control* no. 6 vol. 4, pp. 395-404, 2011.
- [5] B. Baral, S. Gonnade, T. Verma, "Lesion segmentation in Dermoscopic Images Using Decision Based Neuro Fuzzy Model," *International Journal of Computer and Information Technologies*, no. 2 vol 5, pp. 2546- 2552, 2014.
- [6] C. Mendoza, C. Serrano, and B. Acha, "Descriptores Invariantes a la Escala en el Análisis de Patrones de Lesiones Melanocíticas," 2009.
- [7] C. Serrano, B. Acha, "Pattern analysis of dermoscopic images based on Markov random fields," *Pattern Recognition* no. 42 vol. 3, pp. 1052-1057, 2009.
- [8] D. Comaniciu, P. Meer, "Mean shift: A robust approach toward feature space analysis," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, no 5 vol. 24, pp. 603-619, 2002.
- [9] Edison (2009) RIU home page [On line]. Disponible:<http://coewww.rutgers.edu/riul/research/code/E-DISON/index.html>.
- [10] F. Ercal, et al., "Neural network diagnosis of malignant melanoma from color images," *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* no. 41 vol. 9, pp. 837-845, 1994.
- [11] G. Harald, et al., "Automated melanoma recognition," *Medical Imaging, IEEE Transactions on* no. 20 vol. 3, pp. 233-239, 2001.
- [12] G. Isasi, A., B. Garca, A. Mndez., "Melanomas non-invasive diagnosis application based on the ABCD rule and pattern recognition image processing algorithms," *Computers in Biology and Medicine* no. 41 vol. 9, pp.742-755, 2011.
- [13] G. Salerni, et al., "Characterization of 1152 lesions excised over 10 years using total-body photography and digital dermatoscopy in the surveillance of patients at high risk for melanoma," *Journal of the American Academy of Dermatology*, 2012.
- [14] H. Zhou, et al., "Gradient vector flow with mean shift for skin lesion segmentation," *Computerized Medical Image and Graphics* no. 35, pp. 121-127, 2001.
- [15] H. Iyatomi, et al., "An improved Internet-based melanoma screening system with dermatologist-like tumor area extraction algorithm," *Computerized Medical Imaging and Graphics* no. 32, pp. 566-579, 2008.
- [16] H. Zhou, et al., "Anisotropic mean shift based fuzzy c-means segmentation of dermoscopy images," *Selected Topics in Signal Processing, IEEE Journal on* 3 vol. 1 pp. 26-34, 2009.
- [17] J. Miedema, et al., "Image and statistical analysis of melanocytic histology," *Histopathology* no. 61 vol. 3, pp. 436-444, 2012.
- [18] J.I. Peláez, et al., "Aplicación y Uso del Operador MA-OWA en el Tratamiento de Imágenes," CAEPIA 2005. ISBN: 84-96474-13-5
- [19] K. Taouil, Z. Chtourou, N. Romdhane, "A robust system for melanoma diagnosis using heterogeneous image databases," *Biomedical Science and Engineering*, no. 3, pp. 576'583, 2010.
- [20] K. Tabatabaie, A Esteki, and P. Toossi, "Extraction of skin lesion texture features based on independent component analysis," *Skin Research and Technology* no. 15 vol. 4, pp. 433-439, 2009.
- [21] L. Xu, et al., "Segmentation of skin cancer images," *Image and Vision Computing* no. 17 vol. 1, pp.65-74, 1999.
- [22] M. E. Celebi, et al. "A methodological approach to the classification of dermoscopy images," *Computerized medical imaging and graphics: the official journal of the Computerized Medical Imaging Society* no. 31 vol. 6 p. 362, 2007.
- [23] M. E. Celebi, et al., "Unsupervised border detection in dermoscopy images," *Skin Research and Technology* no. 13, pp. 454-462, 2007
- [24] M. Celebi, et al., "Robust border detection in dermoscopy images using threshold fusion," in *Image Processing (ICIP), 2010 17th IEEE International Conference on*, pp. 2541-2544.
- [25] M. Gardner, S. Dorling, "Artificial Neural Networks (The Multilayer Preceptron)- A Review of Applications in the Atmospheric Sciences," *Atmospheric Environment* n. 4 vol. 32, pp. 2627-2626, 1998.
- [26] M. Nakama, "Un estudio basado en la técnica Mean Shift para agrupamiento y seguimiento en video," Tesis de Ingeniería, Departamento de Computación, FDEyN, Universidad de Buenos Aires, Argentina, agosto de 2011.
- [27] M. Silveira, et al., "Comparison of segmentation Methods for Melanoma Diagnosis in Dermoscopy Images," *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, no. 1 vol. 3, 2009
- [28] M. Zhen, J. Tavares, "Segmentation of Skin Lesions using Level Set Method," in *Computational Modeling of Objects Presented in Images. Fundamentals, Methods, and Applications*, pp. 228-233. Springer International Publishing, 2014.
- [29] P. Zaballos, et al., "Criterios dermatoscópicos para el diagnóstico del melanoma," *Med Cutan Iber Lat Am* no. 32 vol. 1, pp. 3-17, 2004.
- [30] R. Melli, C. Grana, R. Cucchiara, "Comparison of color clustering algorithms for segmentation of dermatological images," *Medical Imaging. International Society for Optics and Photonics*, pp. 61443S-61443S-9, 2006.
- [31] S. Sapna, A. Tamilarasi, M. Pravin, "Backpropagation learning algorithm based on Levenberg Marquardt algorithm," *Computer Science & Information Technology (CS & IT)*, pp. 393398, 2012.
- [32] T. Tanaka, et al., "A study on the image diagnosis of melanoma," *Engineering in Medicine and Biology Society, 2004. IEMBS'04. 26th Annual International Conference of the IEEE. Vol. 1. IEEE. 2004.*
- [33] Y. Cheng, "Mean Shift, Mode Seeking, and Clustering," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, no. 8 vol. 17,