

Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales  
Departamento de computación

# **Reconocimiento y clasificación de hongos dermatofitos usando Máquinas de Soporte Vectorial (SVM)**

Directora : Dra. Ana Silvia Haedo  
Codirector: Dr. Marcelo Soria  
Alumna : Natalia Debandi . LU: 462/01

Quiero agradecer a Ana Haedo por su su incondicional apoyo  
y perseverancia conmigo  
asi como a todo el equipo "dermatofitos": Marcelo Soria, Marcela Riccilo y muy  
especialmente al Instituto Malbran.

Y también claro, a la paciencia de mi familia y amigos.

# Tabla de contenidos

Tabla de contenidos .....	3
Indice de tablas .....	4
Indice de figuras .....	5
Resumen.....	6
Abstract .....	6
Introducción .....	7
Dermatofitos y reconocimiento .....	9
Características .....	10
Reconocimiento automático de hongos.....	13
Dermatofitos vs. Rostros.....	14
Descripción del conjunto de prueba .....	16
Máquinas de soporte vectorial .....	17
Clasificador lineal y datos linealmente separables .....	19
Clasificador lineal y datos no linealmente separables.....	22
Clasificador no lineal y datos no separables linealmente .....	23
Entrenamiento de una máquina.....	24
LIBSVM e ImageJ.....	25
LIBSVM.....	25
Uso de LIBSVM.....	25
ImageJ .....	28
Opciones del ImageJ usadas .....	28
Selección del Kernel .....	31
Clasificación multiclase.....	34
Tamaño y escalamiento .....	38
Preprocesamiento de las imágenes.....	40
Pruebas de preprocesamiento B y K .....	43
B: grupos 1 y 2.....	43
K: grupo 3 y 4 .....	50
Comparación de resultados .....	52
Estabilidad del modelo .....	54
Reconocimiento entre muestras .....	61
Conclusiones y futuros trabajos .....	65
Anexos.....	68
Anexo 1: clasificación multiclase .....	68
Uno-vs-uno .....	68
Clasificación uno-vs-todos.....	72
Anexo 2: tamaño y escalamiento .....	74
Resultados re-escalamiento de los datos.....	77
Anexo 3: preprocesamiento de las imágenes.....	80
Anexo 4: estabilidad del modelo .....	85
Pruebas aplicando cross-validation.....	85
Cantidad de imágenes de entrenamiento .....	85
Pruebas de la estabilidad de cada clase .....	86
Anexo 7: reconocimiento entre muestras .....	92
Entrenamiento con muestra 1 .....	92
Entrenamiento con muestra 2 .....	92
Entrenamiento mixto.....	93
Comparación técnicas multiclase con $F_0^*$ .....	96
Referencias .....	99

# Índice de tablas

Tabla 1 : comparación de problemas de clasificación a partir de imágenes.....	15
Table 2 : etiquetas de cada especie para las pruebas .....	16
Tabla 3: Hiperplanos en R.....	19
Tabla 4: kernels .....	23
Table 5: histograma de un dermatofito.....	29
Table 6: Ecuilización del histograma .....	29
Table 7: Normalización del histograma .....	30
Table 8: resultados pruebas de kernel .....	32
Table 9: Resultados de la prueba de grilla, aplicando un cross-vaiddation de 4 .....	33
Table 10: diseño de pruebas uno vs uno.....	34
Table 11: resultados pruebas uno-vs-uno.....	35
Tabla 12: votos en la clasificación uno-vs-uno .....	35
Tabla 13: diseño de pruebas uno-vs-todos .....	36
Table 14: pruebas de proporciones .....	36
Tabla 15: resultados pruebas uno-vs-todos .....	37
Tabla 16 : comparación de métodos multiclase.....	37
Tabla 17: variación de tamaño de las imágenes.....	38
Tabla 18: resultados variando el tamaño de las imágenes.....	38
Tabla 19: resultados pruebas de escalamiento de los datos.....	39
Tabla 20 : imágenes originales en escala de grises.....	40
Tabla 21: diferencia entre imágenes de distintas muestras para la especie <i>Tonsurans</i> .....	41
Table 22: Histogramas grupales de cada una de las clases.....	41
Tabla 23: comparación de histogramas del grupo 2.....	42
Tabla 24 : procesamientos probados .....	42
Table 25: resultados pre-procesamiento grupo B .....	43
Table 26: resultados pre-procesamientos grupo K.....	50
Tabla 27: resultados pruebas de preprocesamiento B y K .....	52
Tabla 28: resultados preprocesamiento.....	53
Table 29: pruebas estabilidad del modelo-CV .....	54
Tabla 30: Detalle de imágenes de <i>Floccosum</i> no reconocidas .....	57
Tabla 31: Imágenes no reconocidas de <i>M. Canis</i> .....	58
Table 32: imagenes no reconocidas <i>M. Gypseum</i> .....	59
Tabla 33: Imágenes no reconocidas de <i>T. Mentagrophytes</i> .....	60
Table 34: calidad de cada muestra.....	62
Tabla 35: resultados pruebas Q-V entrenando con muestra 1 .....	64

# Índice de figuras

Figura 1: especies de dermatofitos a estudiar .....	10
Figura 2: Microconidias .....	10
Figura 3: Macroconidias .....	11
Figura 4: Hifas .....	11
Figure 5 : Datos linealmente separables. Los vectores soporte (support vectors) están señalados con un círculo .....	20
Figure 6 : comportamiento de los kernels frente a la grilla de parámetros.....	33
Figure 7 : estabilidad del modelo. Cross-validation .....	55
Figure 8: Cantidad de imágenes de entrenamiento.....	55
Figure 9 :Estabilidad del modelo en el entrenamiento con 6 imágenes.....	56
Figure 10 : Porcentajes de reconocimiento entrenando con distintas muestras .....	61
Figure 11 : resultados desagregados de clasificación entre muestras distintas .....	62
Figure 12 : entrenamiento con dos muestras.....	63
Figure 13: comparacion uno-vs-uno y uno-vs-todos entre muestras .....	63
Figure 14 : comparación de clasificación multiclase $F_0^*$ con las otras técnicas.....	64

## Resumen

Los dermatofitos son hongos que afectan la epidermis ocasionando diversos cuadros clínicos conocidos como dermatofitosis. Su reconocimiento, como ocurre con la mayoría de los hongos, es una labor difícil y costosa en tiempo y recursos humanos, y de ella dependen muchos diagnósticos médicos. A diferencia de otros campos, como la bacteriología, seguridad o medicina, en micología prácticamente no existen herramientas que permitan la identificación automática de especies.

La utilización de imágenes para identificación y clasificación de objetos en general está muy difundido existiendo dos estrategias principales, la primera basada en la extracción de características (forma, tamaño, etc.) y la segunda, más en boga en el último tiempo, busca el reconocimiento de patrones dentro de la imagen.

Para este último paradigma, existen ejemplos que han demostrado buenos resultados, desde las "eigenfaces" propuestas por Turk, pasando por redes neuronales, hasta las más novedosas máquinas de soporte vectorial (SVM). Sin embargo, muchas de estas aplicaciones se focalizan en el reconocimiento de rostros humanos a partir de imágenes, mientras que el reconocimiento y clasificación de hongos plantea una serie de desafíos distintos, y a veces más complejos. En este trabajo, se presenta un método para reconocimiento de dermatofitos a partir de imágenes microscópicas aplicando SVM para su clasificación

## Abstract

Dermatophytes are fungi that affect the epidermis causing diverse clinical manifestations known as dermatophytosis. The identification of the dermatophytes, as it usually happens with other fungi, is a difficult and costly task, both in time and human resources, and many medical diagnostics depends on them. In contrast with other fields, like bacteriology, security or medicine, there are very few tools available that allow the automatic classification of species.

The use of images for identification and classification of objects is quite widespread. There are two main approaches. The first based on the extraction of features, such as shape, size; and the second approach, which is more extended lately, that searches for patterns to recognize within the image.

There are several reports showing good results, from the eigenfaces proposed by Turk, through neural networks, to the newer support vector machines (SVM). However, many of these applications focus on the recognition of human face in images, while the recognition and classification of fungi imply a series of distinct, and sometimes more complex, challenges. In this work, a method is introduced for the recognition of dermatophytes in microscopic images using SVM for its classification.

# Introducción

Los dermatofitos son una familia de hongos filamentosos que afectan la epidermis ocasionando diversas lesiones conocidas bajo el nombre de dermatofitosis. La mayoría de las especies de esta familia son muy comunes en Latinoamérica y en particular en Argentina. Su identificación es necesaria para poder brindar un diagnóstico acertado frente a un cuadro clínico. En Argentina laboratorios como el Instituto Malbran<sup>1</sup> son los encargados de reconocer e identificar las distintas especies llevando a cabo la labor mediante mecanismos manuales y bastante engorrosos. [MAL/04].

Se pretende facilitar el trabajo de los micólogos obteniendo técnicas que permitan la clasificación e identificación automática de hongos. A diferencia de otras áreas, incluso algunas cercanas como la bacteriología, no se cuenta en micología con herramientas automáticas ni semi-automáticas que permitan la clasificación de hongos. Salvo algunas excepciones [GRA/01] [DOR/00], tampoco se conocen trabajos que aborden este tema.

En nuestro caso buscamos, dada la imagen microscópica de un dermatofito, poder identificar a cual de las especies de esta familia pertenece. Más específicamente nos concentramos en las seis especies más comunes en casos clínicos. En el análisis a partir de imágenes se suelen presentar dos paradigmas que abordan el tema de forma distinta aun cuando en muchas ocasiones se conjugan exitosamente. El primero consiste en el análisis de imágenes a partir de la extracción de características, como la forma, tamaño, posición, etc. Estas características son seleccionadas como variables que serán luego ingresadas en algún clasificador (análisis discriminante, SVM, kmedias) que asignará finalmente la clase de pertenencia. En esta estrategia el trabajo más difícil se encuentra en obtener exitosamente las características "distinguibiles" de los elementos. Los clasificadores suelen trabajar con información sencilla y relativamente chica.

El segundo paradigma, consiste en trabajar en menor grado con la imagen y asignarle la responsabilidad de encontrar lo distinguible al clasificador, es decir, la búsqueda de patrones dentro de una imagen, estudiando directamente los píxeles que la conforman.

Uno de los temas más abordados en el último tiempo dentro de este último paradigma ha sido la identificación o reconocimiento de personas a partir de imágenes de rostros. Encontramos una infinidad de aplicaciones y técnicas que abordan este problema [OSU/97] [TUR/91] [GUO/00] [YON/04]. De los primeros en abordarlo fueron Turk y Pentland con su propuesta de las *eigenfaces* [TUR/91], posteriormente encontramos aplicaciones con redes neuronales [SAL/02] y otras más recientes utilizando máquinas de soporte vectorial o SVM

Si bien las SVM (máquinas de soporte vectorial, por sus siglas en inglés) surgen a fines de los setenta a partir de los conceptos propuestos por Vapnik [VAP/98], su auge inicia hace

---

<sup>1</sup> Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud. "Dr. Carlos G. Malbrán"-Argentina.

relativamente poco a partir de las implementaciones exitosas y de la incorporación de nuevos y mejores kernels. Su concepto base es elevar la dimensión del espacio vectorial del problema eliminando las no linealidades y así poder trabajar con funciones “simples” en ese nuevo espacio.

Las SVM han sido exitosas y muy utilizadas en el trabajo con imágenes. En particular se encuentran buenas experiencias para el reconocimiento de personas [HEI/03] [GUP/02] o de texto manuscrito [DAT/01]. Sin embargo no existen estudios para el reconocimiento o clasificación de hongos mediante esta técnicas, incluso en disciplinas más trabajadas, como medicina, aun su uso no ha sido muy difundido.

El reconocimiento y clasificación de imágenes de hongos obtenidas con el microscopio plantea una serie de desafíos distintos, y a veces más complejos. Encontramos importantes diferencias respecto a los temas clásicamente abordados (reconocimiento de rostros, texto, bacterias). Algunas de las principales características que los diferencian son:

- La imagen microscópica de un hongo presenta características necesarias para el reconocimiento en toda ella. A diferencia del caso de las personas que podemos “recortar” la parte importante o de las bacterias en cuyo caso cada objeto encontrado en la imagen representará potencialmente un tipo de individuo [LIU/01]
- Los elementos que conforman el hongo (hifas, microconidias y macroconidias) se encuentran en cualquier ubicación, mientras que las caras se encuentran siempre centradas o podemos “alinearas”.
- La calidad de las imágenes puede ser muy baja y la variabilidad entre muestras de distintos laboratorios muy alta.
- La disponibilidad de imágenes no es mucha, es decir, resulta fácil fotografiar 100 personas pero no tanto obtener 100 muestras distintas de dermatofitos.

En este trabajo se presentará primero una descripción completa sobre los dermatofitos y sobre la metodología actual para su reconocimiento, luego se repasará detalladamente el método de las SVM y la implementación a utilizar. A partir de ahí se realizarán distintas pruebas de preprocesamiento de las imágenes a fin de obtener una normalización y finalmente se realizarán las pruebas y ajustes del método para el reconocimiento de estos hongos.

En los anexos se puede consultar información adicional de las pruebas y las tablas de referencia de las imágenes utilizadas.



## Dermatofitos y reconocimiento

El reino de los hongos constituye uno de los universos más vastos. Se conocen hasta el momento alrededor de 70.000 especies distintas, pero se estima que pueda existir una cantidad similar aun sin ser conocida. José Luis Herrera, [JLH/01] explica en "*El asombroso reino de los hongos*" como su taxonomía y clasificación han sufrido cambios continuos, desde considerarlos parte del reino vegetal a principios del siglo XX, hasta hoy en día, que son considerados un reino aparte dentro de los eucarióticos (con células nucleadas, como las plantas y los animales). En este mismo trabajo se los define como "los colonizadores más eficientes" y "los destructores más implacables de materia orgánica que existen en la naturaleza.", está claro que están "por todas partes" y que su estudio resulta de vital importancia para muchos campos.

En particular los dermatofitos son hongos "filamentosos", que afectan la epidermis invadiendo las capas superficiales como piel, pelos y uñas. Pueden ocasionar manifestaciones clínicas muy variadas, desde síntomas leves, hasta lesiones supuradas e inflamatorias intensas, que reciben el nombre genérico de dermatofitosis o tiña. Son afecciones muy frecuentes y si bien este tipo de lesiones fueron siempre consideradas leves y relacionadas con condiciones de vida precarias, actualmente se gastan millones en el mundo para su tratamiento. Por otro lado, la proliferación de enfermedades crónicas virales como el SIDA y los tratamientos con antibióticos o drogas inmunosupresoras, han impulsado un incremento de las micosis en poblaciones hasta el momento exentas, ya que a su vez estas afecciones son de alto contagio intrahospitalario [JLH/01]. Hoy los grandes laboratorios se preocupan por buscar antimicóticos de mayor eficacia y menores costos.

El reconocimiento de un hongo es una tarea concedida a especialistas que deben realizar la labor siguiendo manuales taxonómicos muy estrictos, no siempre actualizados, y que requieren años de experiencia en el grupo de hongos de estudio. La dedicación a este tipo de labores no encuentra demasiados adeptos y resulta costosa para los centros de investigación y de salud. En Argentina, frente al aumento de las micosis, se requiere que todos los laboratorios de diagnóstico microbiológico sean capaces de diagnosticar estas patologías. [MAL/04].

Los dermatofitos pueden ser identificados por sus características macro y microscópicas sobre medios de cultivo predeterminados, pero esta tarea puede ser difícil si el profesional cuenta con poca experiencia [MAL/04]. Si bien la observación macroscópica de las colonias brinda buena información a los investigadores, por lo general ante casos de dificultad se debe recurrir a una revisión microscópica del preparado.

Se conocen alrededor de 40 especies de dermatofitos y se los divide en tres géneros: *Microsporum*, *Epidermophyton* y *Trichopyton*. Por otra parte, según la adaptación de cada una de las especies o variedades de estos hongos a diferentes animales u otros reservorios ecológicos se dividen, clásicamente, en especies geofílicas, zoofílicas y antropofílicas. Los dermatofitos antropofílicos causan micosis sólo en el hombre, mientras que los zoofílicos y antropofílicos causan en los animales y en el suelo pero pueden, mediante ese medio, contagiar igualmente al hombre.

En este trabajo se estudiarán 6 especies de dermatofitos, las de mayor difusión en Argentina. En el diagrama 1 se muestran las especies que serán estudiadas de cada género.

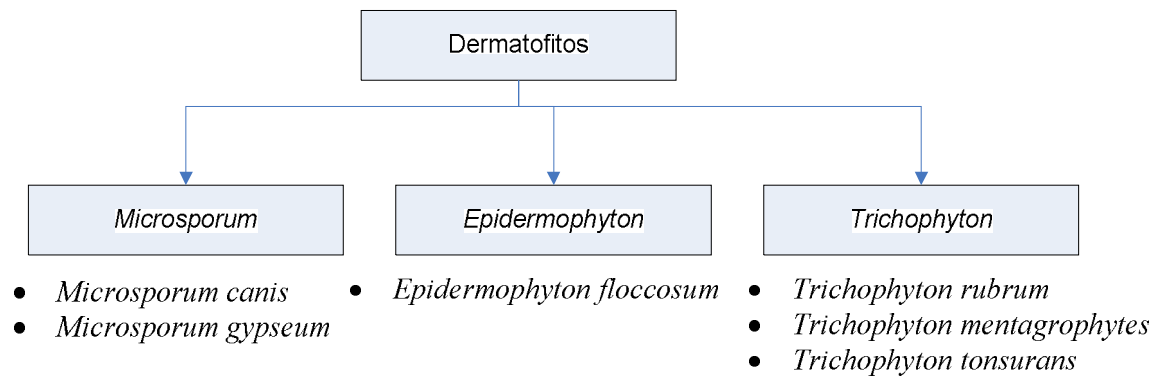


Figura 1: especies de dermatofitos a estudiar

## Características

Para clasificar correctamente un dermatofito, se recomienda estudiar primero la apariencia de la colonia luego de un crecimiento de dos semanas a 25 °C en agar Saubouraud con glucosa (ASG) y luego realizar un análisis microscópico. La observación de las microestructuras permite diferenciar cada especie de dermatofito [MAL/04].

Las estructuras que encontramos en las imágenes y según las cuales se realiza el reconocimiento son los conidios y las hifas. El conidio es una espora asexual no móvil, que suele formarse en el ápice o en el lado de una célula esporógena. Los macro y microconidios sólo se distinguen en las especies que producen dos tipos de conidios, y se los diferencia por el tamaño, los macroconidios son más grandes que los microconidios. Hay especies de hongos que producen un solo tipo, en ese caso, entonces, no tiene sentido distinguir entre ellos. El micelio es el cuerpo vegetativo del hongo. Cada uno de los filamentos que se encuentran en las imágenes y que en muchos casos son tomados como parte del fondo, son hifas. El conjunto de todas las hifas, es el micelio.

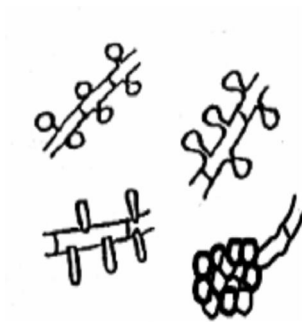


Figura 2: Microconidias



Figura 3: Macroconidias.

Hifas pectinadas



Hifas en espiral



Clamidosporos



Hifas en raqueta



Candelabros fúngicos



Cuerpos nodulares



Figura 4: Hifas.

Para reconocer una especie de dermatofito se deben observar detalladamente las estructuras microscópicas y seguir el clasificador taxonómico. A continuación se resumen las características de cada una de las especies a estudiar.

***Microsporium canis***



Macroconidias: abundantes, grandes (40-150  $\mu\text{m}$  x 8-20  $\mu\text{m}$ ), fusiformes con un ápice prominente y curvado, de 6 a 15 células, de paredes gruesas y verrugosas (aparecen después de 7 días en ASG).

Microconidias: ausentes o escasas, piriformes, claviformes o truncadas, son sésiles y están dispuestas a lo largo de las hifas. Su tamaño es muy pequeño. Se pueden ver hifas en raqueta, hifas pectinadas y cuerpos nodulares.

Clamidosporas : características del tipo disgónico que se asemeja a *M. ferrugineum*



***Microsporium gypseum***



Macroconidias: abundantes, elipsoides a fusiformes con extremos redondeados (no en punta como *M. canis*) de 25-69  $\mu\text{m}$  x 8-15  $\mu\text{m}$ ; con 4 a 6 células, paredes moderadamente gruesas (de 1,2  $\mu\text{m}$ ) equinuladas.

Microconidias: escasas, claviformes, unicelulares, usualmente sésiles o sobre cortos pedículos a los lados de las hifas, pequeñas, de 1,7 - 3,3 x 3,3 a 8,4  $\mu\text{m}$ .

Pueden observarse también hifas en raqueta, hifas pectinadas, cuerpos nodulares y clamido-conidias. Raramente se observan hifas espirales.



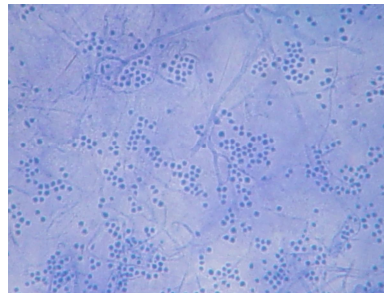
***Trichopyton mentagrophytes***



Macroconidias: muy escasas o ausentes en ASG. Existen otras variantes de mentagrophytes con abundantes.

Microconidias: abundantes, subesféricas y nacen en racimos sobre conidióforos o aisladas a los lados de

las hifas.

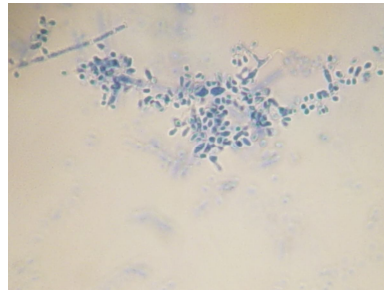


***Trichopyton tonsurans***



Macroconidias: escasas, de pared delgada lisa, claviformes, de 12 x 30  $\mu\text{m}$  de 3 -9 células

Microconidias: abundantes, laterales, habitualmente claviformes, pero pueden ser de tamaños y formas variables. A veces presentan clamidoconidias e hifas en espiral.



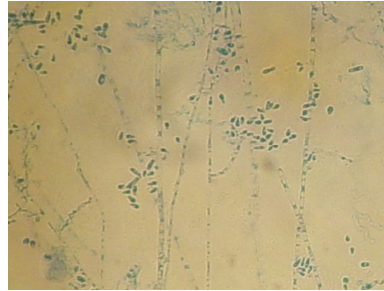
### *Trichophyton rubrum*



En el tipo veloso las macroconidias están ausentes y las micro-conidias son escasas, delgadas, claviformes, de  $3-5 \mu\text{m} \times 2-3 \mu\text{m}$  y se disponen lateralmente a los largo de las hifas.

En el tipo granular las macroconidias son abundantes, cilíndricas, largas y estrechas, con ápices redondeados, paredes delgadas y lisas, con 2 a 7 tabiques (3 a 8 células). Las micro-conidias varían desde escasas a numerosas.

En agar Lactrimel se observan microconidias claviformes dispuestas en racimos ramificados en ángulo recto, de tamaño pequeño a medianos. Las macroconidias son raras, sólo el 3 % de los aislamientos producen abundantes macroconidias.



### *Epidermophyton floccosum*

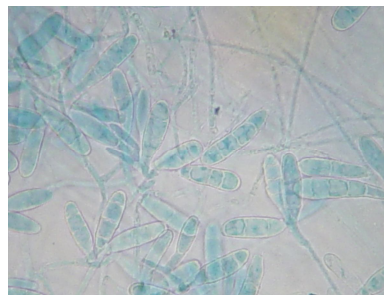


Macroconidias: abundantes, claviformes de paredes lisas, base ancha y roma y extremo distal redondeado, con 1 a 4 células, que pueden nacer aisladas o en racimos, al principio sin tabiques y en forma de dedos, y cuando maduran alcanzan un tamaño de  $8-15 \mu\text{m} \times 6-8$

$\mu\text{m}$ .

No forma microconidias y las hifas en espiral son muy raras.

En los cultivos viejos pueden encontrarse numerosas clamidosporas e hifas en raqueta.



## Reconocimiento automático de hongos

Ante la dificultad en el reconocimiento y la diversidad de especies, resulta de sumo interés para la micología encontrar herramientas que faciliten y agilicen la correcta identificación y clasificación de hongos.

La clasificación automática o semiautomática mediante imágenes es una técnica cada vez más utilizada en aplicaciones biológicas así como en otros campos, como la medicina, seguridad, etc, como se mencionó en la introducción. Existen dos paradigmas principales que abordan el tema: extracción de características de la imagen y reconocimiento de patrones.

El primero es más intuitivo ya que nos resulta sencillo explicar los objetos mediante la descripción de sus formas: dos líneas, tres círculos, un óvalo... etc. Encontramos numerosos trabajos con muy buenos resultados aplicando estos métodos. Respecto a aplicaciones biológicas encontramos como buen ejemplo, el software CMEIAS [LIU/01] que utiliza esta técnica para el reconocimiento de bacterias. En este caso, la imagen que se analiza contiene diversos tipos de bacterias las cuales son clasificadas por su forma, tamaño y disposición.

La segunda metodología, el reconocimiento de patrones, en auge actualmente, está más relacionada con data mining y busca extraer conocimiento a partir del análisis de la relación de

valores de los píxeles que conforman la imagen. También encontramos numerosas aplicaciones y estudios aplicando este criterio, aunque las áreas de avance aun son menores.

Encontramos un buen ejemplo aplicado al campo biológico en el trabajo de Widmer, Oshima y Pillai [KEN/02], en el cual utilizan imágenes de *cryptosporidium parvum* de 36x36 píxeles como entrada de una red neuronal que identificará en qué casos la imagen contiene al parásito y en cuales no. Sin embargo la mayoría de los estudios dentro de este campo aplica la metodología de extracción de características para luego aplicar algún método de clasificación (Análisis discriminante, K-Medias, SVM, redes neuronales). En [VER/98] se realiza el reconocimiento de bacilos de tuberculosis mediante redes neuronales usando como entrada descriptores de fourier de las imágenes.

De las aplicaciones más conocidas y que forman parte de los primeros trabajos en este paradigma, esta el método definido por Turk y Pentland [TUR/91] [PEN/91] para el reconocimiento de personas a partir de imágenes, conocido como las *eigenfaces* y que es una variante del Análisis de Componentes Principales (PCA).

En la literatura actual encontramos infinidad de trabajos y herramientas que abordan el tema del reconocimiento de personas, aun en mayor auge a partir de las restricciones de seguridad impuestas por varios países después de los acontecimientos del 2001 [PEN/91] [TUR/91] [OSU/97] [GUO/00] [YON/04] [HEI/03]. En la mayoría de estos trabajos, el análisis parte de imágenes de rostros medianamente estándares, normalizadas en cuanto a brillo y contraste y donde las caras se ubican en la misma posición.

En este trabajo se toman como punto de partida los estudios y avances alcanzados para el reconocimiento de rostros, buscando la optimización y aplicación para el caso de los dermatofitos.

## **Dermatofitos vs. Rostros**

Como se mencionó antes, en el campo de la micología los avances son casi inexistentes en materia de reconocimiento automático y se conocen algunos pocos avances utilizando técnicas semi automáticas. En [DOR/00] se presenta, por ejemplo, un método para el reconocimiento de *Penicillium* basado en el análisis de las imágenes de las colonias. Su propuesta consiste en tomar, a partir del análisis de imágenes de colonias de distintas especies de penicilina, algunas características como el color, la textura y profundidad, para luego aplicar PCA y finalmente alguna técnica de clasificación, como análisis canónico, discriminante y CART.

Si comparamos las características del problema de reconocimiento de rostros, mediante cualquiera de las técnicas de reconocimiento de patrones mencionadas, con nuestro problema de clasificación de dermatofitos nos topamos con que nuestro tema presenta características muy distintas. La principal consiste en la diferencia, a pesar de lo obvio del caso, entre un hongo y una persona. En las imágenes de rostros los elementos que participan del reconocimiento (ojos, boca, rostro en sí) se encuentran ubicados en las mismas posiciones dentro de la imagen. En nuestro caso, las estructuras de los dermatofitos se pueden encontrar en cualquier parte de la imagen.

En los trabajos de identificación de personas [PEN/91] [TUR/91] [GUO/00], es decir, reconocer a una persona de un conjunto dado, se trabaja con imágenes bastante normalizadas ya que las fotos son tomadas bajo condiciones similares de luz y fondo. En estas aplicaciones cada sujeto

es fotografiado bajo distintas poses, como se muestra en la tabla 1. En otros trabajos, [OSU/97] [HE1/03] se busca distinguir un rostro de "cualquier otra cosa", en estos casos observamos que se trabaja con imágenes más reales y los rostros pueden ubicarse en cualquier parte de la imagen.

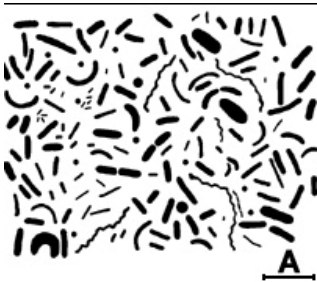


Analizando nuestro caso, tenemos mayor similitud al primer problema planteado ya que nuestro objetivo será identificar el tipo de dermatofito dentro de una gama de posibilidades. Es decir, no se pretende que nuestra máquina sepa diferenciar un dermatofito de un gato, sino que sepa identificar a cual de las 6 familias de análisis corresponde. Sin embargo no contamos con las "ventajas" de éste en cuanto a ubicación y normalización de cada imagen.

En cuanto a la disponibilidad de imágenes, claramente es más sencillo obtener imágenes de rostros que muestras distintas de dermatofitos. La calidad de una muestra también es un factor difícil ya que los preparados de entrenamiento pueden estar viejos o ser muy "jóvenes" variando notablemente la cantidad de estructuras que presentan y con ello el reconocimiento.

Dentro de las técnicas de extracción de patrones más utilizadas en la actualidad para el reconocimiento de personas, encontramos las SVM (máquinas de soporte vectorial), y que en muchas ocasiones han mostrado tener gran desempeño, más que las máquinas de aprendizaje tradicional, como las redes neuronales introduciéndose como herramientas poderosas para resolver problemas de clasificación. [YON/04] [GUP/02]

Utilizaremos este método para abordar el problema de la clasificación automática de dermatofitos mediante el reconocimiento de patrones en las imágenes microscópicas de estos.

**Tabla 1 : comparación de problemas de clasificación a partir de imágenes**

		
<p>Imagen que contiene múltiples bacterias, cada una de ellas corresponde con una forma dentro de la imagen.</p>	<p>La técnica de eigenfaces [TUR/91] utiliza conjuntos de imágenes como estas para identificar personas.</p>	<p>Imagen microscópica de un dermatofito floccosum.</p>
<p>Imagen de bacterias. Tomada de CMEIAS [LIU/01]</p>	<p>Base de rostros Cambridge Olivetti Research Lab (ORL)</p>	<p>Muestras brindadas por el Instituto Malbran</p>

## Descripción del conjunto de prueba

Tal como se describió anteriormente estudiamos 6 especies distintas: *Microsporium canis*, *Microsporium gypseum*, *Epidermophyton floccosum*, *Trichopyton tonsurans*, *Trichopyton mentagrophytes* y *Trichopyton rubrum*. A fin de simplificar la notación en las pruebas y referencias se utilizará la siguiente tabla de equivalencias:

**Table 2 : etiquetas de cada especie para las pruebas**

ID	Grupo
1	<i>E. floccosum</i>
2	<i>M. canis</i>
3	<i>M. gypseum</i>
4	<i>T. tonsurans</i>
5	<i>T. mentagrophytes</i>
6	<i>T. rubrum</i>

Para cada una de las especies se tienen tres muestras, y la cantidad de imágenes varía entre 30 y 60 para cada especie entre todas las muestras. Las imágenes se tomaron con una cámara digital montada sobre un microscopio de 400 aumentos. Las imágenes originales son RGB de 1600x1200 píxeles.

Las muestras corresponden a preparados distintos, y de fechas distintas. La muestra 3 fue tomada sobre preparados "viejos" y la calidad de las imágenes es notablemente menor. En todos los casos las muestras y las clasificaciones originales de las especies fueron provistas por el laboratorio de micología del Malbran.

Cada imagen se nombró de la forma: *especie\_muestra\_#.jpg*. Durante las pruebas las imágenes se referenciarán a su vez por un número, que corresponde al orden de la imagen dentro de la prueba. Es importante tener en cuenta que ese número no es fijo para las imágenes, sino que dependerá de la prueba y de las imágenes que participen en ella.

Dentro del presente trabajo hacemos referencia, en algunas ocasiones, a imágenes de "buena calidad" vs imágenes de "mala calidad". Las imágenes de mala calidad son aquellas que a simple vista resultan borrosas o que contienen manchas, mientras que de buena calidad serán todas aquellas que no contengan este tipo de fallas.



Imagen con mancha que al ser más oscura que el resto puede confundir al método.

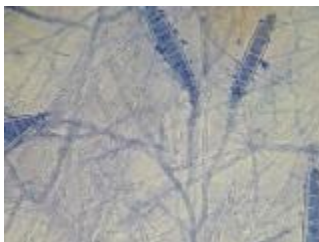


Imagen borrosa comparada con el resto de las imágenes tomadas.



# Máquinas de soporte vectorial

Originalmente el concepto de Aprendizaje de máquina (Machine learning) se separaba del campo estadístico adjudicándosele un componente netamente computacional, hoy en día conceptos como Aprendizaje Estadístico (Statistical Learning) y Reconocimiento de patrones (Pattern Recognition), originalmente parte de Machine Learning, son tomados como sinónimos para definir técnicas de extracción de características o reconocimiento de patrones.

V. Vapnik incorpora el concepto de Statistical Learning [VAP/98] para la resolución de problemas por inferencia, es decir, la obtención de conocimiento, construcción de modelos, realizar predicciones o tomar decisiones basado en un conjunto de datos, que, se asume presenta características de naturaleza estadística como la independencia de los datos [BOU/04].

En nuestro problema de reconocimiento de hongos a partir de imágenes, interesan aquellos métodos estadísticos orientados a resolver el problema de la clasificación. Es decir, siguiendo el modelo de aprendizaje estadístico citado [BOU/04]:

- Observar el fenómeno
- Construir un modelo
- Realizar predicciones a partir de ese modelo.

Según Burges [BUR/98], la mejor performance de aprendizaje de una máquina va a ser el equilibrio entre la exactitud lograda sobre el conjunto de entrenamiento y la “capacidad” de la máquina, es decir, la habilidad de la máquina de aprender de cualquier conjunto de entrenamiento sin error. El ejemplo que plantea clarifica este concepto: una máquina con *mucha capacidad* es como un botánico con memoria fotográfica que determina que un nuevo árbol no es un árbol porque tiene diferente cantidad de hojas y una máquina con *poca capacidad* determinará que si es verde, es un árbol.

El método de las máquinas de soporte vectorial o SVM (Support Vector Machines) está basado en los conceptos de aprendizaje estadístico propuestos por Vapnik y en la dimensión Vapnik-Chervonenkis (VC). Si bien los fundamentos datan de fines de los setenta el interés sobre este método ha crecido en los últimos años y hoy se encuentran varias buenas implementaciones y numerosos trabajos de investigación. Se ha resaltado la utilización de este método en volúmenes de datos muy grandes y particularmente en el análisis de imágenes, sobretodo para el reconocimiento de texto manuscrito [DAT/01].

La idea es lograr la separación lineal de los datos de aprendizaje elevando la dimensión del espacio vectorial y así eliminar las no linealidades originales del problema. Son similares a las redes neuronales salvo que utilizan el concepto de Kernel (núcleo o función) que se define según el tipo de problema. De hecho una SVM con un Kernel *sigmoideo* es equivalente a una red neuronal de dos capas con back-propagation.

El método incorpora el principio de minimización del riesgo estructural (Structural Risk Minimisation - SRM) definido por Vapnik [VAP/95] que a diferencia del principio del Minimización del Riesgo empírico (ERM), usado por las redes neuronales, minimiza el riesgo esperado en lugar de minimizar el error del conjunto de entrenamiento o hipótesis.

Si tenemos un conjunto de observaciones  $\ell$  cada una de las cuales consiste en un par  $(x_i, y_i)$  donde  $x_i \in \mathfrak{R}^n, i = 1.. \ell$  y donde cada  $y_i$  toma un valor del conjunto  $\{-1, 1\}$ . Asumimos que el conjunto de datos es independiente y distribuido uniformemente con una probabilidad desconocida  $P(x, y)$ .

Nuestra SVM debe aprender a relacionar  $x_i \rightarrow y_i$ , es decir cada vector de entrada con su etiqueta. Tenemos un conjunto de posibles relaciones  $x \rightarrow f(x, \alpha)$ , donde  $f(x, \alpha)$  es una función de relación con un conjunto de parámetros  $\alpha$ .

La máquina debe ser determinística por lo que para un determinado valor  $x$  y un  $\alpha$  el resultado será siempre el mismo. Una máquina entrenada significará un valor  $\alpha$  fijado. El objetivo es entonces, encontrar la función  $f$  que minimice el *riesgo esperado* ( $R$ ), que es la medida de qué tan buena es la función prediciendo correctamente la etiqueta  $y$  para el punto  $x$ :

$$R(\alpha) = \int \frac{1}{2} |y - f(x, \alpha)| dP(x, y) \quad \text{Ec. 1}$$

Como  $P(x, y)$  es desconocida no es posible calcular el riesgo esperado y se debe trabajar entonces con el llamado *riesgo empírico*, el cual calcula el error para el conjunto de datos de entrenamiento y que por la ley de los grandes números converge al riesgo esperado cuando  $\ell \rightarrow \infty$ :

$$R_{emp}(\alpha) = \frac{1}{2\ell} \sum_{i=1}^{\ell} |y_i - f(x_i, \alpha)| \quad \text{Ec. 2}$$

Se busca reducir el riesgo esperado e intuitivamente observamos que si el riesgo empírico converge al riesgo esperado, la minimización de este convergerá también en un riesgo esperado mínimo (*Principio de Minimización del Riesgo Empírico*). Es necesaria la demostración de esta convergencia para poder realizar inferencias utilizando el riesgo empírico.

Vapnik y Chervonenskis introducen, para demostrar esta convergencia, el concepto de dimensión VC (Vapnik and Chervonenskis dimension), que viene a ser una medida de la complejidad del conjunto de hipótesis (funciones  $f$ ) y que para asegurar la convergencia deberá ser natural, positivo y finito. De esta manera, el límite superior del riesgo esperado con respecto al riesgo empírico, estará definido, para una probabilidad de  $1 - \eta$ , por la siguiente fórmula:

$$R(\alpha) \leq R_{emp}(\alpha) + \sqrt{\frac{h \cdot (\ln \frac{2\ell}{h} + 1) - \ln \frac{\eta}{4}}{\ell}} \quad \text{Ec. 3}$$

Donde  $h$  es el valor de la dimensión VC para  $f(x, \alpha)$  y en muchos casos es proporcional al número de parámetros libres del clasificador  $f(x, \alpha)$ . Gráficamente se puede entender más claramente el concepto de dimensión VC, si pensamos en el conjunto de funciones como líneas en  $R^2$  que separan puntos en el plano en dos grupos. Si colocamos tres puntos en el plano (no lineales) siempre existirá una línea que pueda separarlos, en cambio si colocamos cuatro, esta certeza no se cumple:

Tabla 3: Hiperplanos en R

3 puntos separables			Ejemplo de 4 puntos no separables

Generalizando podemos decir que la dimensión VC para un conjunto de hiperplanos en  $R^n$  será de  $n+1$ .

Supongamos que en la Ec. 3 tomamos valores de  $\eta = 0.05$  y  $\ell = 10,000$ . Lo que queda es una función monótona creciente de  $h$ . Y si eligiéramos funciones con riesgo empírico cero, el problema se limitaría a encontrar cual de estas funciones tiene el mínimo valor de VC, lo cual resultará en el mejor límite superior del riesgo esperado. El criterio se mantiene aun cuando el riesgo empírico no sea cero, en cuyo caso lo que se busca es minimizar todo el lado derecho de la ecuación. [BUR/98]

La implementación de este principio no es fácil, Osuna, Freund y Girosi explican algunos motivos por los cuales este cálculo resulta complejo [OSU/97]. El éxito de SVM es que resuelve esta implementación.

La resolución de esta minimización se expresa en términos de *programación cuadrática*. Estudiaremos tres casos:

- Clasificador lineal y datos linealmente separables
- Clasificador lineal y datos no separables linealmente
- Clasificador no lineal y datos no separables linealmente

## Clasificador lineal y datos linealmente separables

Si bien este es el caso menos aplicable a los problemas reales, resulta ilustrativo ya que el método de resolución de los otros es una generalización de este.

Si tenemos el siguiente conjunto de entrenamiento:

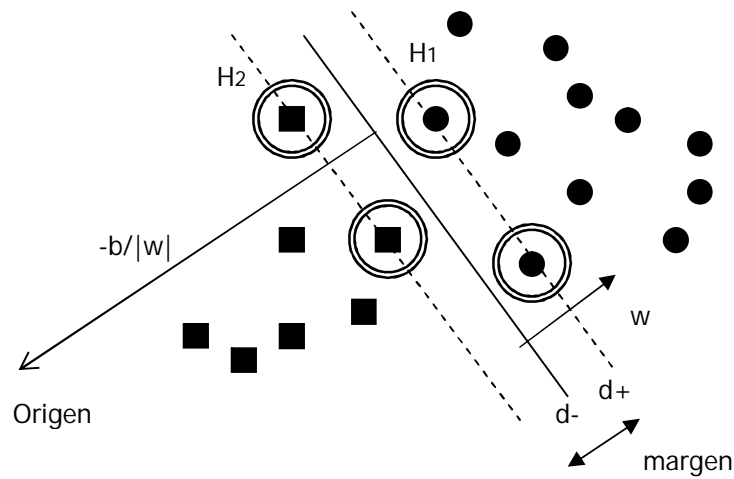
$\{x_i, y_i\}, i = 1..J, y_i \in \{-1, 1\}, x_i \in R^d$  y nuestros datos son linealmente separables, significa que podemos encontrar un par  $(\mathbf{w}, b)$ , tal que:

$$\begin{aligned}
 w \cdot x_i + b &\geq 1 & \forall x_i \in \text{Clase1} \\
 w \cdot x_i + b &\leq -1 & \forall x_i \in \text{Clase2}
 \end{aligned}
 \tag{Ec. 4}$$

Colocando ambas ecuaciones en una sola tenemos que:

$$y_i(w \cdot x_i + b) + 1 \geq 0 \quad \forall i \tag{Ec. 5}$$

Es decir, un hiperplano que separe en dos los datos, en el cual, el punto  $x$  que esté sobre él, cumplirá que  $w \cdot x + b = 0$ , donde  $w$  es la normal con el hiperplano y  $|b|/\|w\|$  es la distancia perpendicular desde el plano hasta el origen.



**Figure 5 : Datos linealmente separables. Los vectores soporte (support vectors) están señalados con un círculo**

En la figura se observan los hiperplanos paralelos H1 y H2 que pasan sobre los primeros puntos de cada uno de los grupos, siendo  $d_+, d_-$  las distancias entre estos hiperplanos y el hiperplano H.

Si escaláramos  $w$  y  $b$  por el mismo valor, el espacio de solución no se modificaría, para evitar esta redundancia de soluciones se impone la restricción sobre la Ec. 5 de que existan puntos tales que cumplan con la igualdad de la Ec. 4 (para cada clase), es decir que existan puntos en el conjunto de entrenamiento que se encuentren sobre los hiperplanos H1 y H2. En el gráfico estos son los puntos señalados con un círculo, llamados *vectores soporte* y sin los cuales el espacio de soluciones encontrado sería distinto. Los hiperplanos que cumplen esta igualdad son llamados hiperplanos canónicos y cualquier solución lineal puede ser representada por un conjunto de hiperplanos canónicos (H1 y H2 en el gráfico).

Más formalmente, tenemos que los puntos sobre el hiperplano H1 cumplirán:  $x_i \cdot w + b = 1$  con normal  $w$  y distancia al origen  $\frac{|1-b|}{\|w\|}$ , lo mismo ocurrirá con H2. Las distancias con H,  $d_+$  y  $d_-$ , serán de  $\frac{1}{\|w\|}$  cada una, por lo que el margen entre ambos hiperplanos será  $\frac{2}{\|w\|}$ . Queremos encontrar los hiperplanos que den el máximo margen minimizando  $\|w\|^2$  sujeto a las condiciones de la Ec. 5.

La resolución del problema se realiza usando multiplicadores de Lagrange, Burges [BUR/98] explica las razones: las condiciones impuestas sobre nuestra función son reemplazadas por las condiciones propias de los multiplicadores de Lagrange, lo cual será más fácil de manejar. En el replanteamiento del problema, los datos de entrenamiento aparecerán solo en forma de productos escalares, lo cual no solo facilita los cálculos sino que permite la generalización para los casos no lineales.

El problema se formula de la siguiente manera:

$$\begin{array}{ll} \text{Minimizar} & \Phi(w) = \frac{1}{2} \|w\|^2 \\ w, b & \\ \text{sujeto a} & y_i (w \cdot x_i + b) \geq 1 \quad i = 1 \dots \ell \end{array} \quad \text{Ec. 6}$$

Que en términos de multiplicadores de Lagrange se transforma en:

$$L(w, b, \lambda) = \frac{1}{2} \|w\|^2 - \sum_{i=1}^{\ell} \lambda_i y_i (w \cdot x_i + b) + \sum_{i=1}^{\ell} \lambda_i \quad \text{Ec. 7}$$

Para la solución debemos minimizar  $w$  y  $b$  mientras maximizamos con respecto a  $\lambda \geq 0$ . Calculando las derivadas con respecto a  $w$  y  $b$  e igualando a cero las ecuaciones [OSU/97], obtenemos:

$$w^* = \sum_{i=1}^{\ell} \lambda_i^* y_i x_i \quad \lambda^* \text{ denota el mejor valor de la función de costos} \quad \text{Ec. 8}$$

Se observa que la solución óptima es una combinación lineal de los datos de entrenamiento, en los cuales solo aquellos datos con  $\lambda_i \geq 0$  contribuirán y son los llamados vectores soporte. El cálculo de  $b$  queda entonces dado por la fórmula:

$$b^* = y_i - w^* \cdot x_i \quad \text{Ec. 9}$$

Para cualquier vector soporte  $x_i$ .

Finalmente, por linealidad del producto escalar la función de decisión queda planteada de la siguiente manera:

$$f(x) = \text{sign}\left(\sum_{i=1}^{\ell} y_i \lambda_i^* (x \cdot x_i) + b^*\right) \quad \text{Ec. 10}$$

Es importante destacar que en este método los vectores soporte, o los puntos por los cuales pasan los hiperplanos son elementos críticos del conjunto de entrenamiento, si todos los demás elementos fueran removidos el mismo resultado se obtendría, en cambio de ser removido alguno de ellos, la solución se modifica.

Una vez hallada esta función nuestra máquina estará entrenada, para utilizarla basta con aplicar al nuevo valor  $x$  la fórmula  $\text{sign}(w \cdot x + b)$ .

## Clasificador lineal y datos no linealmente separables

En este caso todavía buscamos una función lineal pero nuestros datos no son separables por un hiperplano como en el caso anterior. Para tratar esto, se introducen un conjunto de nuevas variables que medirán la dimensión de la violación a las restricciones impuestas en el caso anterior. De esta manera el margen se calcula pagando una penalidad proporcional a la violación de la restricción [OSU/97].

Estas nuevas variables se definen como  $\{\varepsilon_i\}_{i=1}^{\ell}$ , y el problema a resolver queda de la forma:

$$\begin{array}{ll} \text{Minimizar} & \Phi(w, \Xi) = \frac{1}{2} \|w\|^2 + C \left( \sum_{i=1}^{\ell} \varepsilon_i \right)^k \\ w, b, \Xi & \\ \text{sujeto a} & y_i (w \cdot x_i + b) \geq 1 - \varepsilon_i \quad i = 1 \dots \ell \\ & \varepsilon_i \geq 0 \end{array} \quad \text{Ec. 11}$$

Donde  $C$  y  $K$  deben ser determinados previamente y definen el costo a la violación de las restricciones. Un  $C$  grande significará una mayor penalidad para el error y el valor de  $k$  deberá ser un entero positivo. Por lo general se utiliza  $k=1$ , lo cual ha dado empíricamente buenos resultados [BUR/97].

La resolución a la ecuación 11 es similar al método planteado para el caso lineal, salvo porque el cálculo de  $b^*$  estará supeditado a los vectores soporte que fueron correctamente clasificados, es decir que para  $x_i$   $0 < \lambda_i < C$ . [BUR/98][OSU/97].

## Clasificador no lineal y datos no separables linealmente

Este es el caso más utilizado ya que por lo general los conjuntos de datos no son simples y no pueden ser separados linealmente. El concepto que se utiliza para la resolución del problema es transformar la variable de entrada  $x$  a un espacio de mayor dimensión, llamado *espacio de características* (feature space) y en el cual se podrá trabajar de forma lineal:

$$x \rightarrow \phi(x) = (a_1\phi_1(x), a_2\phi_2(x), a_3\phi_3(x), \dots, a_n\phi_n(x), \dots) \quad \text{Ec. 12}$$

Si aplicamos los mismos pasos que en los casos anteriores, obtenemos:

$$f(x) = \text{sign}(\phi(x) \cdot w^* + b^*) \Rightarrow \text{sign}\left(\sum_{i=1}^{\ell} y_i \lambda_i \phi(x) \cdot \phi(x_i) + b^*\right) \quad \text{Ec. 13}$$

Que es similar a la ecuación 10. Aquí es donde se puede observar una de las ventajas del SVM, ya que todos los cálculos que realiza son productos escalares de la forma  $\phi(x) \cdot \phi(y)$ . Así se introduce el concepto de "kernel" (núcleo en español pero se mantendrá en el trabajo el nombre kernel), que se define como:

$$K(x, y) \equiv \phi(x) \cdot \phi(y) = \sum_{n=1}^{\infty} a_n^2 \phi_n(x) \cdot \phi_n(y) \quad \text{Ec. 14}$$

De esta manera la función de clasificación se transforma en:

$$f(x) = \text{sign}\left(\sum_{i=1}^{\ell} y_i \lambda_i^* K(x, x_i) + b^*\right) \quad \text{Ec. 15}$$

Lo interesante del concepto de Kernel introducido es que no necesitamos  $w$ . En la fórmula no aparece y cuando tenemos que utilizar la función de clasificación para un nuevo punto, se utiliza directamente el cálculo del producto vectorial.

A partir de esto, el problema se transforma en encontrar un *Kernel* que satisfaga correctamente la clasificación. Existen algunas otras condiciones matemáticas impuestas sobre los kernels y la investigación acerca de posibles kernels es un trabajo aun en desarrollo. Los kernels más utilizados se presentan en la siguiente tabla:

**Tabla 4: kernels**

<b>Función Kernel</b>	<b>Tipo de clasificador</b>
$K(x, y) = x \cdot y$	Lineal
$K(x, y) = \exp(-1\ x - y\ ^2)$	RBF Gaussiano
$K(x, y) = (1 + x \cdot y)^d$	Polinomio de grado $d$
$K(x, y) = \tanh(x \cdot y - \theta)$ (Solo para algunos $\theta$ )	Función sigmoidea ó Perceptron Multicapa

## Entrenamiento de una máquina

La ecuación 15 (y las similares previas) pueden ser presentadas en forma cuadrática:

$$\begin{array}{ll} \text{Maximizar} & F(\Lambda) = \Lambda \cdot 1 - \frac{1}{2} \Lambda \cdot D\Lambda \\ \text{sujeto a} & \Lambda \cdot y = 0 \\ & \Lambda \leq C1 \\ & \Lambda \geq 0 \end{array} \quad \text{Ec. 16}$$

La resolución de este problema es lo que se define como “entrenar la máquina”. Hay distintas variantes de cómo resolverlo [BUR/98] [OSU/97]. La correcta y eficiente resolución de esto determina el éxito de las herramientas SVM.



## LIBSVM e ImageJ

Hoy en día se encuentran numerosas implementaciones de SVM en distintos lenguajes y plataformas. Las dos más conocidas y probadas son Light SVM [JOA/99] y LIBSVM [CHI/07], ambas de código abierto, uso libre y muy utilizadas en estudios e investigación. Sin embargo, el uso de SVM se está extendiendo más allá del mundo académico y científico y hoy se pueden encontrar implementaciones bajo licencia como la de Oracle [MIL/05] o DTREG (<http://www.dtreg.com/>) que resultan también sencillas de usar para usuarios no especializados. En nuestro caso se hicieron pruebas con LightSVM en su versión Windows y en su implementación desde Matlab, se realizaron algunas pruebas con la versión reducida y gratuita de TREG y finalmente con LIBSVM.

Como nuestro problema involucra además trabajo previo con las imágenes, se utilizó el ImageJ [RAS/06] (<http://rsb.info.nih.gov/ij/>), como herramienta de procesamiento de imágenes. Este software es muy utilizado en aplicaciones biológicas y médicas, es de código abierto y contempla las principales técnicas para el procesamiento de imágenes. Por otro lado, al ser de código abierto, pudimos trabajar modificando en algunos casos parámetros y utilizando sus librerías y funciones para este trabajo.

Como esta herramienta está en JAVA, se buscó una implementación de SVM también en Java que permitiera integrar ambas de forma sencilla. Tanto LIBSVM como Light SVM tienen sus versiones en Java. Finalmente se decidió el uso de LIBSVM ya que la versión en java resultó más sencilla de integrar.

### LIBSVM

LIBSVM es una implementación de SVM desarrollada en C y con implementaciones en Java y otros lenguajes. Su uso está ampliamente difundido en medios académicos. La herramienta brinda varios tipos de entrenamientos, utilizaremos su opción más común de clasificación llamada C-SVC.

LIBSVM utiliza para la resolución del problema cuadrático, es decir el entrenamiento de la máquina, una variante del método de descomposición SMO (Sequential Minimal Optimization), en el cual se trabaja por iteraciones, tomando en cada una de ellas parte del problema. En su máxima expresión se restringe al problema con dos variables. En [CHI/07] se brinda mayor detalle de la implementación y en [OSU/97] encontramos una explicación detallada del SMO.

### Uso de LIBSVM

Las dos funciones principales de LIBSVM son *svm-train* y *svm-predict*, la primera realiza el entrenamiento y genera un modelo que luego será utilizado por la segunda. Para la predicción de resultados.

El formato de entrada para ambas funciones es idéntico:

```
<etiqueta de la clase> <índice1>:<valor1> <índice2>:<valor2>...  
...  
...
```

Donde la etiqueta de la clase debe ser numérica, en un SVM binario tendrá los valores  $\{-1,1\}$ . En nuestro caso, las etiquetas se enumeran del 1 al 6 y corresponden a cada especie de dermatofito, según la tabla presentada en la descripción del conjunto de prueba (tabla 2).

Para transformar las imágenes en este formato se prepararon rutinas especiales utilizando librerías del ImageJ para la manipulación de imágenes.

## **Entrenamiento**

Para entrenar la máquina se debe usar la siguiente llamada:

```
svm-train [opciones] archivo_datos_entrenamiento [nombre_archivo_modelo]
```

Las opciones que se pueden utilizar son las siguientes:

-s : tipo de SVM. En nuestro caso solo se utiliza C-SVC

- 0 -- C-SVC
- 1 -- nu-SVC
- 2 -- one-class SVM
- 3 -- epsilon-SVR
- 4 -- nu-SVR

-t: kernel. El tipo de kernel con el que se quiere realizar la clasificación. [ver selección del kernel]

- 0 -- lineal:  $u \cdot v$
- 1 -- polinómico:  $(\gamma u \cdot v + \text{coef0})^{\text{grado}}$
- 2 -- función radial RBF:  $\exp(-\gamma |u-v|^2)$
- 3 -- función sigmoidea:  $\tanh(\gamma u \cdot v + \text{coef0})$
- 4 -- kernel definido por el usuario

Existen otros parámetros que se pueden utilizar. En nuestro caso, salvo para las pruebas de kernel, se utilizaron en su mayoría los parámetros por defecto ya que estos brindaban la mejor performance. Algunos otros parámetros utilizados son:

-d: grado para el kernel polinómico.

-g: valor gamma de los kernels. El valor por defecto  $1/k$ , donde k es la cantidad de atributos.

-r: valor del coeficiente, coef0 del kernel. Valor por defecto 0.

-c: costo o penalidad. Indica el valor de tolerancia a los outliers, a mayor valor menor tolerancia. Valor por defecto 1.

-v: configura el modo de n cross-validation que consiste en dividir el conjunto de entrenamiento en n subconjuntos de modo tal que en cada iteración se toma un de los subconjuntos para prueba y los restantes n-1 de entrenamiento. Finalmente luego de todas las iteraciones se promedian los porcentajes de reconocimiento alcanzado. Esta opción se usa para probar los parámetros, una vez seleccionados estos, se realiza el entrenamiento sin usar esta opción.

Es importante tener en cuenta que los parámetros de configuración de la máquina son gamma y C para todos los kernels y se agrega d para el caso del kernel polinómico. A estos parámetros haremos referencia en las pruebas.

## **Modelo**

El resultado que se obtiene al ejecutar el entrenamiento es el modelo grabado en un archivo, salvo en el caso del cross-validation en que el modelo de cada iteración no se graba y el

software devuelve el porcentaje de reconocimiento promedio al aplicar cross-validation. Supongamos una prueba con un cross-validation de 4 se obtiene el siguiente resultado:

```
optimization finished, #iter = 25
nu = 4.743307322562454E-7
obj = -1.0675194905514142E-7, rho = 7.792124827059067
nSV = 12, nBSV = 0
Total nSV = 12
```

```
optimization finished, #iter = 37
nu = 6.810131353117625E-7
obj = -1.532243335606068E-7, rho = 1.0818505533069998
nSV = 16, nBSV = 0
Total nSV = 16
```

```
optimization finished, #iter = 52
nu = 6.996992465191006E-7
obj = -1.574670985835901E-7, rho = 0.05414494462513987
nSV = 17, nBSV = 0
Total nSV = 17
```

```
optimization finished, #iter = 46
nu = 7.881716737777967E-7
obj = -1.7734127154744886E-7, rho = 1.0175905561520908
.*..*.*.*nSV = 15, nBSV = 0
Total nSV = 15
Cross Validation Accuracy = 91.66666666666667%
```

Cada uno de los casos corresponde al modelo obtenido para cada uno de los grupos y finalmente se obtiene el valor de reconocimiento promedio del 91.66%.

Cuando se realiza el entrenamiento de los datos, se obtiene un archivo con el modelo. En este se informa el tipo de kernel utilizado, los valores obtenidos de **Rho** (b de la función de clasificación), la cantidad de vectores soporte obtenidos y finalmente los vectores soporte. En el archivo del modelo encontramos los valores de rho obtenidos en cada iteración de la resolución del problema cuadrático.

```
svm_type c_svc
kernel_type polynomial
degree 2
gamma 5.2086046148236886E-5
coef0 0.0
nr_class 6
total_sv 35
rho -2.0949873227813547 -1.2811823709959311 -4.139281318662338 -0.7475026545737409 -
3.205633728044024 0.32786050270877864 -1.5409112779388414 0.9319429736358358 -
0.3957533714888084 -1.8520420252560568 0.6613253072697324 -0.9399761562122052
3.4835229191248955 1.3084213777883045 -2.685584838547757
label 1 2 3 4 5 6
nr_sv 6 6 6 5 6 6
SV
6.984285493004261E-9 6.238560103834864 .... 0:113.0 1:91.0 2:63.
9.249227965179047E-9 8.531258910312818 .... 0:52.0 1:52.0 2:54.0 3:57
1.5054479042365608E-8 1.00192030007504 ....
..
```

## **Predicción**

Para realizar la predicción se utiliza la función `svm-predict` la cual utilizará el modelo creado y los datos de prueba bajo el mismo formato antes mencionado.

`svm-predict [opciones] archivo_datos_test nombre_archivo_modelo archivo_resultado`

Por un lado el software mostrará en pantalla el porcentaje de reconocimiento obtenido y creará un archivo de salida con la predicción de cada uno de los elementos. Este formato de salida fue modificado para este trabajo para poder mostrar los nombres de las imágenes en cada caso y en las pruebas multiclase ver información adicional que era requerida.

## **ImageJ**

Para todas las manipulaciones de las imágenes se usó esta herramienta que resultó muy fácil de integrar y muy robusta. En algunos casos se utilizó la aplicación Windows directamente aunque en la mayoría de las ocasiones se implementaron rutinas en java que aplicaban los procedimientos de transformación de las imágenes de forma batch. La documentación del ImageJ, se puede encontrar en: <http://rsb.info.nih.gov/ij/docs/index.html>.

## **Opciones del ImageJ usadas**

Para este trabajo se utilizar por un lado, las librerías de manipulación de archivos e imágenes que permiten abrir, leer y grabar imágenes y por otro las librerías de procesamiento de imágenes. El ImageJ contempla una gran variedad de herramientas adicionales que no fueron utilizadas. Las opciones más utilizadas fueron las siguientes:

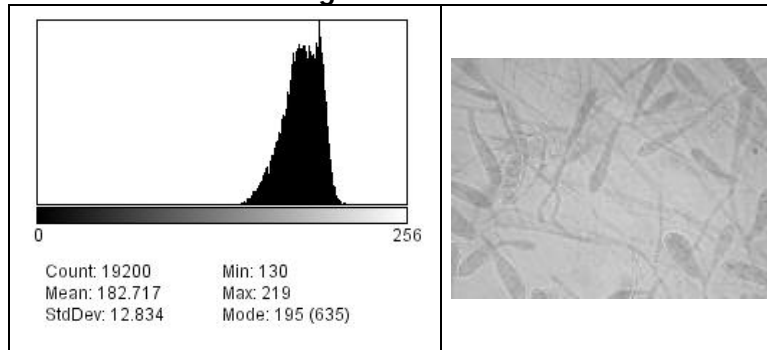
### **Conversión a grises**

Las imágenes originales eran RGB, para su conversión a escala de grises se utilizó la opción del ImageJ que aplica la siguiente fórmula:  $gris = (red + green + blue) / 3$ .

### **Ajuste del histograma**

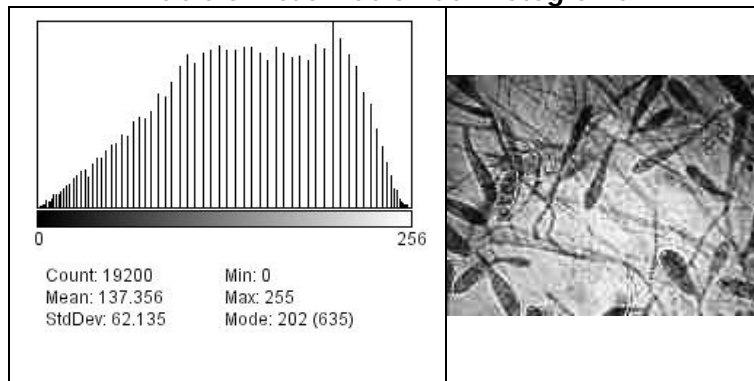
El histograma de una imagen es una función discreta que representa el número de píxeles en la imagen en función de los niveles de intensidad [PAJ/02]. Presenta ciertas propiedades estadísticas y es de gran utilidad para mejorar la calidad de una imagen o enfatizar características de interés.

**Table 5: histograma de un dermatofito**



Hay una gran variedad de opciones para trabajar con el histograma. En este trabajo llamamos a modo de simplificación, “ajuste del histograma” a la opción que brinda ImageJ en: Process→Enhance contrast→ equalize histogram. Esta opción aplica un algoritmo de ajuste automático del histograma donde el objetivo es distribuir los niveles de grises de una manera uniforme a lo largo del histograma sin cambiar el número de píxeles por niveles de gris existentes [PAJ/02]. ImageJ aplica una función de raíz cuadrada a los valores para la eualización.

**Table 6: Ecuación del histograma**

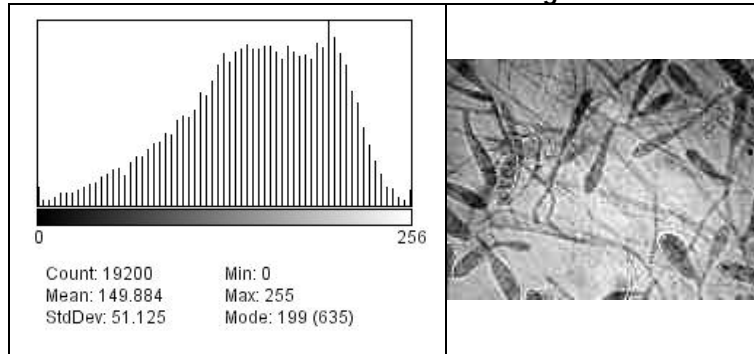


Una opción alternativa en el ajuste del histograma es la aplicación del ajuste usando el histograma del conjunto de imágenes. En este caso el software aplica la misma función de ajuste pero realiza el cálculo promediando el conjunto de imágenes y después se aplica esta función promedio a todas las imágenes. En este trabajo llamamos a esta técnica “Ecuación del histograma grupal”

### **Normalización**

Dentro de las opciones del imageJ: Process→Enhance contrast, encontramos una segunda opción distinta a la eualización llamada normalización. Esta función trabaja del mismo modo que la anterior sobre el histograma pero sin aplicar la función de eualización, es decir realizando una expansión del histograma más leve [PAJ/02].

**Table 7: Normalización del histograma**



### **Binarización (Threshold)**



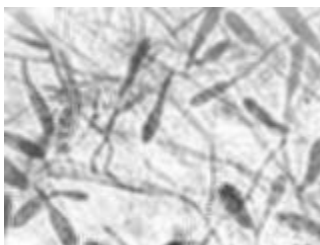
Es la opción que se utiliza para transformar una imagen de escala de grises a binaria (es decir donde cada píxel toma valor blanco o negro). El imageJ toma el histograma de la imagen y transforma todos los píxeles menores a un umbral en blanco y el resto en negro. En nuestro caso, tomamos el umbral automático que brinda la herramienta, sin embargo existen diversas teorías de cómo obtener el mejor umbral [PAJ/02]

### **Sustracción del fondo**

Consiste en remover "ruido" de la imagen tratando de distinguir entre los elementos "nítidos" y el fondo. ImageJ utiliza el algoritmo de *rolling ball* de Stanley Sternberg, en el cual se define un radio que deber ser menor al objeto de menor tamaño que no sea parte del fondo a sustraer. De esta manera el algoritmo tomará todas las secuencias menores a este valor como ruido y las pasará a blanco.



### **Suavizado de bordes**

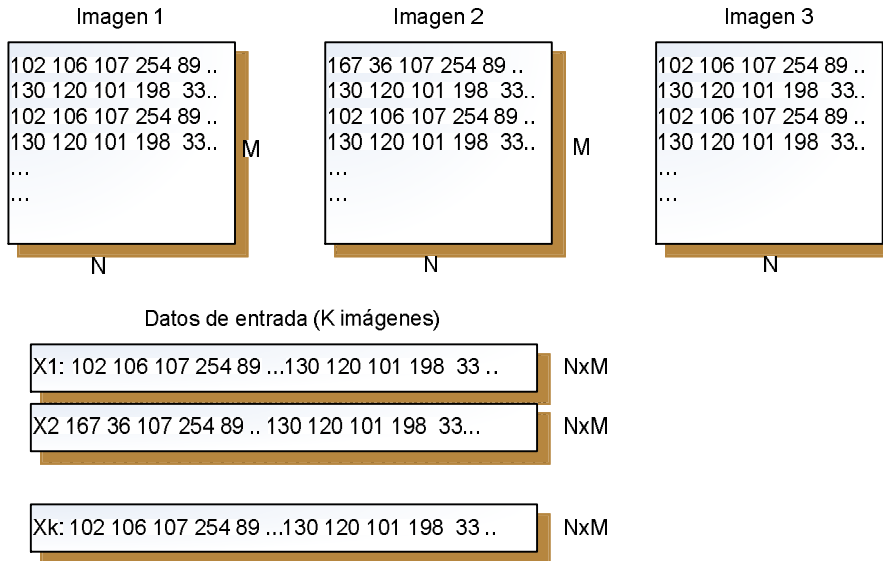


El suavizado de bordes es uno de los filtros más básicos, consiste en agregar "ruido" a la imagen, generando en los bordes un suavizado. La técnica del ImageJ es reemplazar cada píxel por un promedio de los 3x3 vecinos. Después de aplicar alguna técnica que trabaja sobre cierto umbral, como la sustracción de fondo, el suavizado muestra una imagen más suave.

## Selección del Kernel

Para el uso de las SVM, una de las decisiones más importantes con las que nos enfrentamos y sobre la cual no se encuentra mucha información, es la decisión de cual kernel debemos utilizar para nuestro problema. En el trabajo de Chinh-Wei\_Hsu [CHI/03], recomiendan probar inicialmente con un Kernel RBF, el cual elevará el conjunto de prueba a un espacio de dimensión mayor (el kernel lineal no lo haría), sin requerir de cálculos tan complejos como los de la función polinómica.

Sin embargo esta decisión depende directamente del tipo de datos con los que se cuenta. En nuestro caso analizaremos imágenes completas, es decir cada  $x_i$  de entrada será un punto de la forma:  $x_i = (a_1, a_2, a_3, \dots, a_{n \cdot m})$ , donde cada  $a_i$  es un píxel de la imagen y  $N \times M$  corresponde al alto y largo de imagen en píxeles. Es decir, nuestra máquina será entrenada con  $K$  entradas, cada una de ellas conteniendo  $n \cdot m$  características o variables:



En [OSU/97] se muestra una aplicación práctica de SVM para el reconocimiento de rostros, en la cual toman por un lado un conjunto de imágenes de rostros y por el otro un conjunto de imágenes que no contengan rostros (llamado el grupo negativo). Realizan el entrenamiento con un kernel polinómico de grado 2 y alcanzan un 97% de efectividad en la clasificación.

Este problema consiste en la distinción de una persona de "otra cosa". Otro objetivo, muy trabajado en las llamadas *eigenfaces*, es reconocer a una persona entre un conjunto de otras, es decir la identificación de un sujeto. Tal y como se comentó antes este último problema se asemeja más a nuestro caso.

Como primera prueba para ver el funcionamiento general de cada kernel, se tomaron distintos conjuntos de prueba sencillos y se entrenó SVM con cada uno de los kernels utilizando los valores por defecto que brinda LIBSVM [CHI/07]. En estas pruebas se obtuvo que el kernel polinómico y el lineal brindaron idéntico rendimiento, como se puede ver en la tabla 8.

**Table 8: resultados pruebas de kernel**

#	Datos	Kernel			
		Lineal	RBF	Polinómico	Sigmoidea
1	ORL-faces. 3 clases Entrenamiento con 5 imágenes	100%	--	100%	--
2	M. floccosum, M. canis y T. mentagrophytes Entrenamiento con 12 imágenes	77%	38%	77%	--
3	Todos los dermatofitos. Entrenamiento con 5 imágenes.	65.6%	39%	65.6	--

El primer conjunto de prueba corresponde a las caras ORL, de las cuales se seleccionaron tres personas y se utilizaron 5 para el entrenamiento y 5 de test. Para el segundo, se seleccionaron tres dermatofitos: *E. floccosum*, *M. canis* y *T. mentagrophytes*, que resultan más “visiblemente distintos” presumiendo que la máquina podrá distinguirlas más fácilmente. Se realizó el entrenamiento con 12 imágenes tomadas al azar de la muestra 1 y 10 imágenes de test también seleccionadas aleatoriamente entre la muestra 1 y la 2. Para la última prueba se seleccionaron 5 imágenes de entrenamiento de cada uno de los dermatofitos y 10 imágenes de prueba.

Para ajustar los parámetros libres de cada kernel, se aplicó la técnica de grilla para la selección de parámetros. Este método consiste en ir probando valores para C, gamma y d (dependiendo del Kernel, ver capítulo sobre LIBSVM) y aplicando cross-validation simultáneamente a fin de verificar cual combinación de valores brinda mejor performance. En [CHI/03] sugieren comenzar con valores del estilo:  $C = 2^{-15}, 2^{-3}, \dots, 2^{15}$ ,  $gamma = 2^{-15}, 2^{-13}, \dots, 2^3$ . Después de probar cada par de la grilla aplicando cross-validation se elige el conjunto de valores que brindó un mejor reconocimiento y se entrena todo el conjunto con estos parámetros.

Para encontrar los parámetros adecuados en nuestro caso se utilizó la siguiente grilla, adicionalmente para el kernel polinómico se probaron grados de 2,3 y 4:

C	0.25	0.5	1	2	8	64
gamma	0.0001	0.001	0.01	0.5	0.25	1

En el caso del Kernel RBF se utilizó una herramienta (grid.py) de LIBSVM que permite la selección de parámetros. Obteniendo los valores : C: 0.03125 y gamma: 0.000122 como mejores parámetros, similares a los valores mínimos de nuestra grilla.

En la figura 6 y en la tabla 9 muestran los resultados de aplicar los valores de la grilla junto con un cross-validation de 4. El kernel lineal y el polinómico se comportan de modo similar y mucho mejor que el resto. En el caso del RBF, con los valores obtenidos mediante la herramienta se logra mejorar el performance alcanzando valores cercanos al kernel lineal.

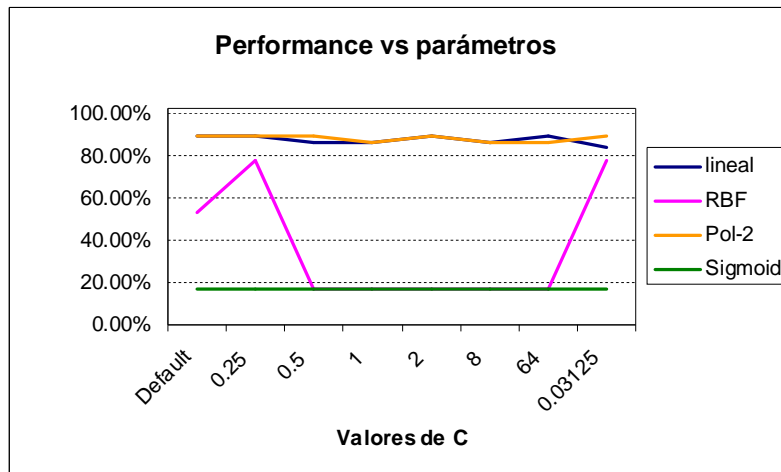
Sobre el kernel polinómico se pueden observar, en la tabla 9, los valores obtenidos con los distintos grados probados, no habiendo superado en ningún caso el performance del segundo. De esta manera y como las pruebas realizadas ajustando los parámetros sobre el conjunto de test no obtuvieron una mejora relevante sobre los valores por defecto que sugiere LIBSVM, salvo para el caso de RBF, y teniendo en cuenta que la herramienta LIBSVM [CHI/07] no contempla una implementación particularmente eficiente para el uso de un kernel lineal, se utilizará en este trabajo el kernel polinómico de grado 2.



**Table 9: Resultados de la prueba de grilla, aplicando un cross-vaiddation de 4**

	Ajuste de parámetros de los kernels							
<b>Lineal</b>	88.88%	88.88%	86.11%	86.11%	88.88%	86.11%	88.88%	83.33%
<b>RBF</b>	52.77%	77.77%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	77.77%
<b>Pol-2</b>	88.88%	88.88%	88.88%	86.11%	88.88%	86.11%	86.11%	88.88%
<b>Pol-3</b>	77.77%	80.55%	83.33%	83.33%	83.33%	83.33%	83.33%	80.55%
<b>Pol-4</b>	86.11%	86.11%	80.55%	86.11%	83.33%	83.33%	83.33%	77.77%
<b>Sigmoideal</b>	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%	16.66%
<b>C</b>	<i>Default</i>	<b>0.25</b>	<b>0.5</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>8</b>	<b>64</b>	<b>0.03125</b>
<b>gamma</b>	<i>Default</i>	<b>0.0001</b>	<b>0.001</b>	<b>0.01</b>	<b>0.25</b>	<b>0.5</b>	<b>1</b>	<b>0.000122</b>

Se muestran en azul los mejores valores obtenidos y en rojo los valores sugeridos por la herramienta grid.py



**Figure 6 : comportamiento de los kernels frente a la grilla de parámetros**

## Clasificación multiclase

El método SVM descrito está planteado para clasificación binaria, es decir, entre dos clases  $\{-1, 1\}$ . Hay numerosos estudios y discusiones acerca de cómo resolver la clasificación entre más de dos clases [PED/06] [LEE/01] [RIF/04]. Las dos técnicas principales que se utilizan son: *uno-vs-uno* y *uno-vs-todos*.

La clasificación *uno-vs-uno* consiste en un entrenamiento de a pares de clases, obteniendo  $\frac{k(k-1)}{2}$  funciones de clasificación, cada  $f_{i,j}$  se entrena usando los elementos de la clase  $i$  como positivos y de la clase  $j$  como negativos. Para seleccionar el valor final de la clasificación se suele utilizar un sistema de votos, asignando la clase que obtuvo mayor cantidad de votos. En el caso de un empate, la técnica varía, LIBSVM [CHI/07] asigna la clase de menor índice.

La segunda técnica, *uno-vs-todos* consiste en obtener una función  $f_i$  por cada clase  $i$ , colocando como grupo positivo los elementos esta clase y como negativo elementos de las clases restantes. Finalmente para asignar la clase final a la que corresponde un elemento, se tomará el máximo valor obtenido al aplicar todas las funciones, es decir, como si se aplicaran las funciones de forma ascendente:

$$f(x) = \max_{j \in \{1..k\}} f_j(x)$$

Hay partidarios de cada una de ellas, en [RIF/04] se puede encontrar una gran argumentación para el uso de *uno-vs-todos*, sobretodo por la simplicidad de su implementación, sin embargo muchas de las herramientas y estudios utilizan la técnica de *uno-vs-uno* con muy buenos resultados.

Para analizar el comportamiento de nuestros datos frente a la estrategia *uno-vs-uno* y poder observar cómo se distinguen entre si las especies, se diseñó el conjunto de pruebas que se muestra la tabla 10. A fin de facilitar las pruebas que se realizan se etiquetó cada una de ellas con una letra. La prueba A corresponde a la clasificación multigrupo de las 6 especies utilizando la técnica de *uno-vs-uno* que brinda LIBSVM [CHI/07] y el resto son las 15 pruebas para cubrir la clasificación binaria entre todas. En cada una de las pruebas se utilizan 6 imágenes de cada clase para el entrenamiento y 10 imágenes de test. Para el entrenamiento se tomaron exclusivamente de la muestra 1 mientras que para test se incluyeron algunas de la muestra 2 de cada especie. Claramente se mantienen los mismos conjuntos en todas las pruebas a fin de poder comparar los resultados. Se utilizó el kernel polinómico de grado 2 con los valores por defecto para  $C$  y  $\gamma$ .

**Table 10: diseño de pruebas uno vs uno**

#		2	3	4	5	6
	Todos	Canis	Gypseum	Tonsurans	Mentagrophytes	Rubrum
	Todos	A				
1	Floccosum	B	C	D	E	F
2	canis		G	H	I	J
3	gypseum			K	L	M
4	tonsurans				N	O
5	Mentagrophytes					P

Al realizar la clasificación multiclase uno-vs-uno (prueba A) obtenemos un 65% de reconocimiento, sin embargo cuando observamos los resultados de clasificación de las pruebas binarias (Tabla 11), estos son mucho mejores. Es decir, hay grupos que se distinguen más entre ellos que otros. Los resultados obtenidos en general fueron muy buenos.

**Table 11: resultados pruebas uno-vs-uno**

#			2	3	4	5	6
		Todos	Canis	Gypseum	Tonsurans	Mentagrophytes	Rubrum
	Todos	65%					
1	Floccosum		85%	100%	75%	70%	100%
2	canis			100%	85%	85%	85%
3	gypseum				85%	100%	75%
4	tonsurans					80%	85%
5	Mentagrophytes						95%

Al aplicar la técnica de uno-vs-uno, cuando clasificamos un elemento con una de las funciones binarias este es obligado a pertenecer a una de las dos clases, si los valores de cada clase son independientes y distintos, la probabilidad de que varias funciones binarias asignen un elemento al mismo grupo incorrecto es baja, sin embargo cuando las clases son similares esta probabilidad aumenta [PED/06]. Según este criterio, si tomáramos las imágenes mal clasificadas y le aplicáramos solo las funciones que incluyen al grupo el resultado sería mucho mejor, esto se debe a que en la clasificación general están participando "clasificadores incompetentes", que no contienen ninguna información de la clase y sin embargo asignan un voto.

Para entender mejor esta observación, analicemos la tabla con los votos obtenidos para cada imagen de la clase 1 (tabla 12) al aplicar el método uno-vs-uno. Se puede observar que las imágenes 1 y 3 obtuvieron ambas 5 votos para la clase 2 y 4 para la clase 1. Si aplicáramos solo las funciones en las que el primer grupo está presente como parte del entrenamiento (ver anexo 1) el resultado sería de 4/5 votos y quedarían correctamente clasificadas. Lo mismo ocurre con la imagen 6 (E\_floccosum\_1\_22.jpg). Podemos observar que es muy distinta la situación con la imagen 8 que obtiene apenas 2 votos para la clase 1 y 5 para la 6, en este caso la imagen presenta problemas y no es reconocida como del primer grupo en casi ninguna ocasión.

**Tabla 12: votos en la clasificación uno-vs-uno**

#	imagen	Grupo	Votos						A
			1	2	3	4	5	6	
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	4	5	3	0	2	1	2
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	5	1	4	0	3	2	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	4	5	3	0	2	1	2
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	5	0	2	2	2	4	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	5	4	2	0	2	2	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	4	3	5	0	2	1	3
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	5	0	3	2	1	4	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	2	0	1	4	3	5	6
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	5	0	3	1	3	3	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	5	4	1	0	3	2	1

Siguiendo el criterio de las pruebas anteriores se diseñan las pruebas de la tabla 13 para verificar el comportamiento frente a la técnica de uno-vs-todos. Llamamos en estas pruebas, grupo positivo a la clase que se está intentando identificar y grupo negativo al conformado por el resto de las imágenes, es decir, para la prueba Q, el grupo positivo tendrá la etiqueta 1 (Floccosum) y el grupo negativo será el conformado por todas las otras especies excepto la Floccosum y tendrá como etiqueta el 0.

**Tabla 13: diseño de pruebas uno-vs-todos**

#	Especie	uno-vs-todos
1	<i>E. floccosum</i>	Q
2	<i>M. canis</i>	R
3	<i>M. gypseum</i>	S
4	<i>T. tonsurans</i>	T
5	<i>T. metagrophytes</i>	U
6	<i>T. rubrum</i>	V
	Todos	W

Como en este tipo de entrenamiento existe un desbalance entre la cantidad de imágenes usadas en el grupo positivo y la cantidad del grupo negativo, se realizaron pruebas adicionales para verificar que esta desproporción no causara un sobre entrenamiento negativo. En la tabla 14 se pueden observar los resultado obtenidos.

Para cada una de los conjuntos de entrenamiento (de Q a V) se hicieron cuatro pruebas. En cada una se fue disminuyendo la diferencia entre la cantidad de imágenes del grupo positivo y las del grupo negativo. Se marcan las proporciones mediante (X:Y), donde X es la cantidad de imágenes del grupo positivo y Y las del grupo negativo. Observamos que tanto la primera proporción como la segunda presentan buenos resultados y vemos que no hay casos de mejora en la performance después de la segunda proporción, lo que si ocurre entre la primera y segunda en dos casos. Se utilizaran en esta sección la proporción 6:15.

**Table 14: pruebas de proporciones**

Prueba	Proporciones entrenamiento			
	6:30	6:15	6:10	6:6
<b>Q</b>	88.33%	91.66%	91.66%	86.66%
<b>R</b>	86.60%	85%	86.60%	81.66%
<b>S</b>	93.33%	90%	88.33%	86.66%
<b>T</b>	88.33%	90%	90.00%	90.00%
<b>U</b>	95.00%	93%	93.00%	93.00%
<b>V</b>	91.60%	91.60%	88.33%	88.33%

La tabla 15 resume los resultados obtenidos en cada una de las pruebas. Mediante estas pruebas (Q-V) estamos obteniendo en cada caso el clasificador  $f_i$ , donde i es el grupo que se quiere clasificar. Las primeras 3 filas corresponden a cantidad de imágenes, para el caso de las pruebas de la Q-V no se obtienen valores para no clasificadas mientras que para la prueba final uno-vs-todos (W) los valores de no clasificadas son aquellos que no quedaron asignadas a ningún grupo (etiqueta cero). Los falsos positivos se cuentan tanto cuando se les asigna cero a una imagen del grupo perteneciente al grupo a clasificar o cuando se asigna una imagen de otro grupo a este. El porcentaje que figura en la fila de Total, es el correspondiente a la proporción de reconocidas sobre todas las imágenes, es decir incluyendo las no reconocidas,

mientras que los porcentajes que llamamos aciertos, son calculados sobre la suma entre clasificadas más falsos positivos.

**Tabla 15: resultados pruebas uno-vs-todos**

		W	Q (f1)	R(f2)	S(f3)	T(f4)	U(f5)	V(f6)
Clasificadas OK	C	39	55	53	55	55	56	55
No clasificadas (0)	N	11						
Falsos positivos	FP	10	5	7	6	6	4	5
	Total	65.5%						
Aciertos	C/C+FP	79.59%	91.66%	85%	90%	90%	93%	91.60%

Al realizar la clasificación uno-vs-todos obtenemos un 65% de reconocimiento, igual que el valor obtenido en la prueba uno-vs-uno, sin embargo, si separamos los falsos positivos de los elementos que el modelo no pudo reconocer y fueron “no clasificados”, obtenemos que sobre los elementos clasificados se logró un 80%, lo cual es un resultado que puede brindar “mejor información” que el anterior, ya que para un investigador será preferible que le asigne un no reconocido que una información incorrecta, al menos en la mayoría de los casos.

El algoritmo de selección de este método toma el máximo grupo al cual fue asignado por las funciones binarias, esto equivale a realizar secuencialmente la clasificación con las funciones binarias ordenadas en forma ascendente. Sin embargo según hemos observado existen grupos que son más fácilmente separables que otros, podríamos pensar entonces que al clasificar según el orden en que los grupos son “mas separables”, esto es, según el orden ascendente del resultado obtenido por los clasificadores binarios  $f_i$  en las pruebas Q-V, el reconocimiento mejoraría.

Por otro lado, encontramos en el trabajo de Pedrajas [PED/06] la propuesta de un algoritmo (A&O) que combina el método uno-vs-uno y uno-vs-todos para eliminar los clasificadores incompetentes. Se implementó este algoritmo a fin de comparar los 4 métodos propuestos. En la tabla 16 se observan los resultados. Con la técnica propuesta, a la que llamamos Of\* (por orden de las funciones), obtenemos una mejora de dos puntos porcentuales tanto en el reconocimiento relativo a todo el conjunto (67%) como en el porcentaje sobre clasificadas (82%).

**Tabla 16 : comparación de métodos multiclase**

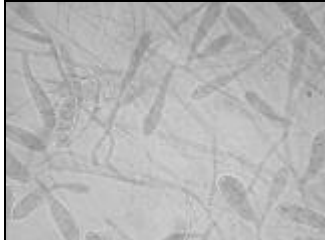


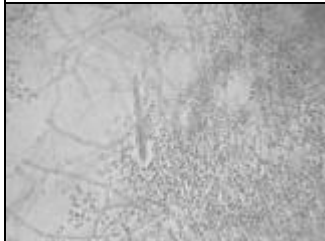


		uno-vs-todos	uno-vs-uno	A&O	Of*
Clasificadas correctas	C	39	39	36	40
Mal clasificadas	M	10	20	13	11
No clasificadas	N	11	0	11	9
	Total	65%	65.5%	60%	67%
Aciertos	C/C+M	79.59%	68.00%	73.47%	81.63%

En las próximas secciones abordaremos el tema de cómo mejorar la separación entre grupos y muestras y posteriormente se retomará el punto de la clasificación entre más de dos clases.

## Tamaño y escalamiento

Una de las variables con las que nos topamos al momento de iniciar las pruebas es qué tamaño de imágenes debemos utilizar, es decir, hasta qué punto puede afectar el tamaño de la imagen en el resultado. Nos imaginamos que la imagen debe ser lo suficientemente grande como para conservar los detalles de forma necesarios para poder reconocerla visualmente. Observando las siguientes imágenes podemos ver que las más pequeñas parecen perder la definición necesaria, sin embargo aun contienen 1200 píxeles, es decir, 1200 características o variables que participan de los cálculos.

**Tabla 17: variación de tamaño de las imágenes**

Floccosum 160x120	Floccosum 80x60	Floccosum 40x30
		
Mentagrophytes 160x120	Mentagrophytes 80x60	Mentagrophytes 40x30
		

A fin de verificar el comportamiento del software se realizaron pruebas variando el tamaño de las imágenes. Las imágenes originales son 1600x1200 píxeles, sin embargo el software no logra efectuar los cálculos con imágenes de este tamaño, tampoco con imágenes de 800x600. Pensemos que en este caso se trataría de 800x600 píxeles= 480000 características o variables.

**Tabla 18: resultados variando el tamaño de las imágenes**

Prueba	Tamaño imágenes				
	400x300	240x180	160x120	80x60	40x30
<b>Floccosum y Mentagrophytes Entrenamiento con 12 imágenes</b>	80%	80%	80%	80%	85%
<b>Floccosum, Canis y Mentagrophytes Entrenamiento con 12 imágenes</b>	76.66%	76.66%	80%	76.66%	80%
<b>Todos los dermatofitos. Entrenamiento con 5 imágenes.</b>	65%	65%	65%	63%	62%

Se puede observar en la tabla 18, como el performance de la máquina no varía demasiado aun cuando la imagen se achica a menos del 1% del tamaño original y en las cuales, como se puede ver en la tabla 17 las formas son casi imperceptibles. Sin embargo se utilizará en este trabajo imágenes de 160x120 que resultan buenas en cuanto al performance del software y que permiten observar aun claramente los elementos en ellas.

Por otro lado, encontramos que en la documentación de LIBSVM y en algunos estudios, recomiendan transformar los valores originales a una escala [-1,1] o [0,1][CHI/03], sin embargo en nuestro caso el rango de valores es fijo para cada una de las variables, es decir cada píxel podrá toma valores entre [0,256]. No vamos a encontrar como en otro tipo de problemas variables con rangos muy distintos entre si, de algún modo nuestros valores ya están estandarizados.

Para verificar esto se realizó de forma experimental pruebas de escalamiento de los datos, utilizando los mismos sets de entrenamiento y test que los en las pruebas anteriores. El re-escalamiento de los datos se hizo mediante una herramienta automática que provee LIBSVM para esto. Se puede observar en la tabla 19 los resultados obtenidos en las pruebas y en el anexo 2 el detalle de las mismas.

Como era de esperar el re-escalamiento no brinda en nuestro caso ninguna mejora sino más bien obtenemos peores resultados. Por lo que las imágenes se trabajarán con sus valores originales en la escala de grises y en un tamaño de 160x120 píxeles.

**Tabla 19: resultados pruebas de escalamiento de los datos**

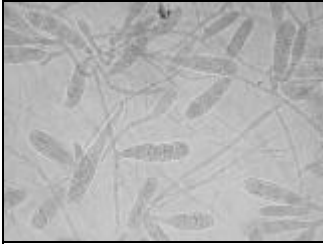

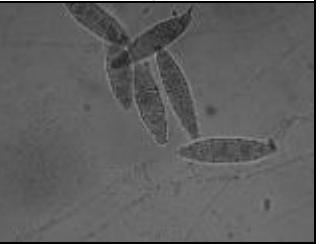


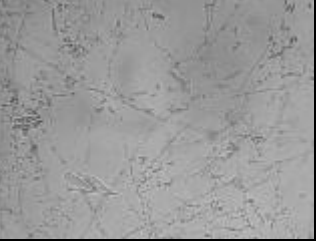
<b>Prueba</b>	<b>Sin escalar</b>	<b>Escala:[-1,1]</b>	<b>Escala:[0,1]</b>
<b>E. Floccosum y T. Mentagrophytes Entrenamiento con 12 imágenes</b>	80%	70%	75%
<b>E. Floccosum, M. Canis y T. Mentagrophytes Entrenamiento con 12 imágenes</b>	77%	53%	63%
<b>Todos los dermatofitos. Entrenamiento con 5 imágenes.</b>	65%	57%	57%

## Preprocesamiento de las imágenes

Hasta ahora hemos abordado los ajustes y decisiones que tienen que ver con las SVM sin alterar ni observar las imágenes en si y de esta forma hemos obtenido un porcentaje de clasificación aceptable de un 65%. En esta sección nos enfocamos en las características de nuestras imágenes y de la manera en que podemos normalizarlas para lograr una clasificación uniforme.

Si observamos las imágenes de cada una de las especies, resultan a simple vista distintas y podríamos pensar que las primeras tres especies contienen formas claras y deberían ser sencillas de reconocer para la máquina, sin embargo en las pruebas multiclase realizadas, encontramos varios casos de imágenes del grupo 5 que fueron interpretadas como del grupo 1 o 2 (ver anexo 1 para el detalle de los resultados). Por otro lado, en estas mismas pruebas el grupo 3 obtuvo un reconocimiento del 100% de todas sus imágenes, al observarlas (tabla 20 notamos que a simple son mucho más oscuras que el resto, lo que implicaría que todos los píxeles de la imagen son de valores más altos y este criterio ya definirá un mecanismo de clasificación. Sin embargo este criterio puede ser incorrecto ya que depende de la muestra y no de las características de la especie en si.

**Tabla 20 : imágenes originales en escala de grises**

1- <i>E. Floccosum</i>	2 - <i>M. Canis</i>	3- <i>M. Gypseum</i>
		
4- <i>T. Tonsurans</i>	5- <i>T. Mentagrophytes</i>	6- <i>T. Rubrum</i>
		

Siguiendo con los resultados obtenidos en las pruebas multiclase uno-vs-uno, para el grupo 4 encontramos que en todos los casos las imágenes pertenecientes a la segunda muestra (marcadas en rojo en el anexo 1) fueron clasificadas incorrectamente mientras que la clasificación para las de la misma muestra fue siempre correcta. Al comparar las imágenes de ambas muestras para este grupo, notamos que las imágenes de la segunda muestra son mucho más oscuras que las de la primera, como se observa en la tabla 21. De este modo el clasificador la interpreta en cada una de las pruebas binarias como una imagen de otra clase.

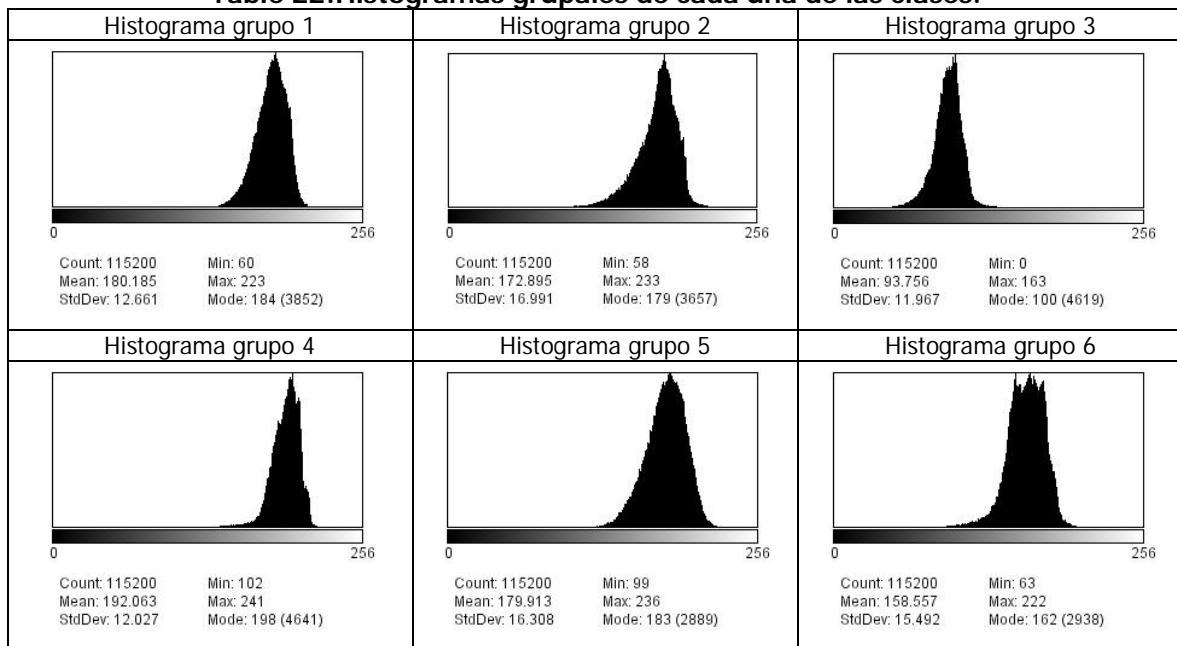


**Tabla 21: diferencia entre imágenes de distintas muestras para la especie Tonsurans**



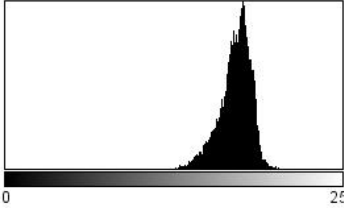
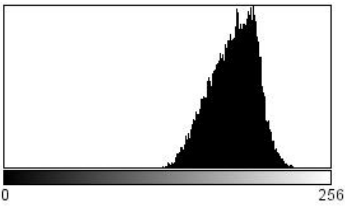
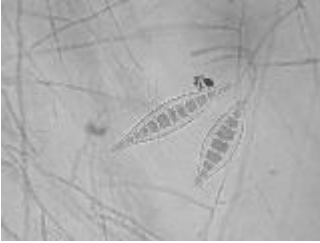

La idea es lograr un mecanismo de normalización de las imágenes que permita obtener resultados generales para cualquier muestra e incluso para las variantes de luminosidad entre una misma muestra.

**Table 22: Histogramas grupales de cada una de las clases.**



Los histogramas de cada uno de los grupos (Tabla 22) resultan bastante similares entre sí, exceptuando el del grupo 3 que está corrido hacia la izquierda reflejando lo que se mencionó acerca de las imágenes oscuras de este grupo. Si comparamos los histogramas de dos imágenes del grupo 2, una correctamente clasificada (imagen #14 -M\_canis\_1\_27.jpg) y una asignada incorrectamente al grupo 4 (imagen #15-M\_canis\_1\_30.jpg), con los histogramas grupales (tabla 23), podemos observar que la inclinación más "exponencial" del histograma de la imagen#14 se parece más, efectivamente, al histograma del grupo 2 que el de la imagen#15, el cual resulta más "logarítmico" y parecido al del grupo 4. De todas formas las diferencias que se observan resultan muy leves.

**Tabla 23: comparación de histogramas del grupo 2**

imagen #14 Bien clasificada	imagen #15. Mal clasificada
 <p>Count: 19200      Min: 46 Mean: 173.981      Max: 224 StdDev: 12.740      Mode: 180 (796)</p>	 <p>Count: 19200      Min: 97 Mean: 179.117      Max: 241 StdDev: 18.195      Mode: 195 (438)</p>
	

A partir de este análisis inicial se aplicaron distintas técnicas de preprocesamiento para obtener imágenes "normalizadas", es decir, imágenes lo más estándares posibles a fin de que el clasificador interprete de cada grupo los elementos distintivos y no tome como característica de un grupo, un patrón presente solo circunstancialmente como ser la luminosidad. Primero se realizaron pruebas sobre algunos grupos binarios, analizando en cada caso los problemas o mejoras obtenidas, posteriormente se generalizaron algunos procesamientos a todos los grupos. Los procesamientos de imágenes probados se resumen en la tabla 24.

**Tabla 24 : procesamientos probados**

ID	Descripción procesamiento
Proc. 1	Ajuste histograma grupal
Proc. 2	Proc.1 + Binarización
Proc. 3	Binarización sobre imagen original
Proc. 4	Sustracción del fondo
Proc. 5	Detección de puentes (Edge detection)
Proc. 6	Proc.1+ Sustracción de fondo
Proc. 7	Proc.6+binarización
Proc.8	Ajuste histograma de cada imagen
Proc. 9	Proc.8 + binarización
Proc.10	Normalización de contraste (c/imagen)
Proc.11	Proc.10 + suavizado de bordes
Proc.12	Proc.8 + suavizado de bordes
Proc.13	Proc.12 + binarización
Proc.14*	Proc 12 + Sustracción de fondo
Proc.15*	Proc. 14 + binarización
Proc.16*	Proc. 11 + sustracción de fondo

## Pruebas de preprocesamiento B y K

Se tomaron dos de los conjuntos de prueba diseñados para las pruebas multiclase uno-vs-uno (B y K) y se les aplicó cada uno de los procesamientos señalados en la tabla. Para los mejores resultados estas pruebas se replicaron en cada uno de los conjuntos de prueba (A-Q)

A continuación se repasará en detalle cada uno de los test realizados para la prueba B (*E. Floccosum* y *M. Canis*) y la K (*M. Gypseum* y *T. Tonsurans*)

### B: grupos 1 y 2

Los histogramas del grupo 1 y 2 resultan similares, y en las pruebas multiclase encontramos algunas ocasiones en las que algunas de las imágenes de estos grupos eran confundidas entre sí. Analizaremos la separación entre estos grupos aplicando cada una de las técnicas de procesamiento mencionadas en la tabla 24.

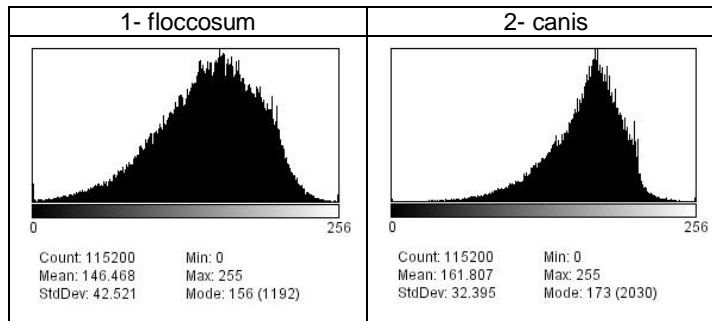
La siguiente tabla muestra el detalle de la aplicación de cada uno de los procesamientos a la prueba B. En rojo se marcan los falsos positivos obtenidos. Las imágenes corresponden a las mismas imágenes listadas como test en las pruebas multiclase uno-vs-uno. En la primera columna están los valores de la prueba B sin procesamiento.

**Table 25: resultados pre-procesamiento grupo B**

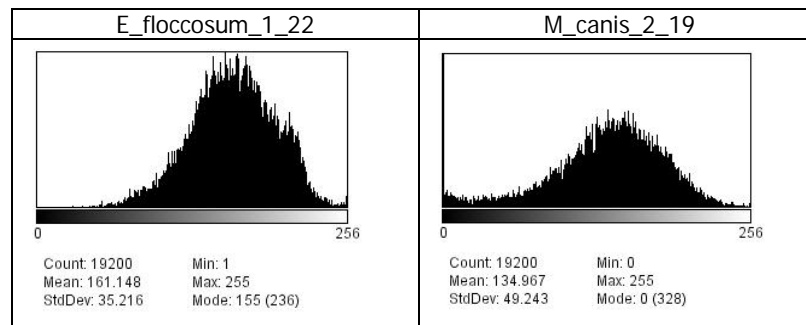
#	Grp	B	B-1	B-2	B-3	B-4	B-5	B-6	B-7	B-8	B-9	B-10	B-11	B-12	B-13	B-14	B-15	B-16
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1
2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1
4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
6	1	1	2	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
8	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2
9	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
10	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
11	2	2	1	1	1	2	1	2	2	1	1	2	2	1	1	2	2	2
12	2	2	2	2	2	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2
13	2	2	2	2	2	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1
14	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
15	2	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1
16	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
17	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
18	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
19	2	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
20	2	2	1	1	1	2	1	1	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1
		85%	75%	75%	80%	80%	65%	70%	60%	75%	75%	80%	80%	75%	75%	70%	70%	70%

## Proc. 1: Ajuste histograma grupal

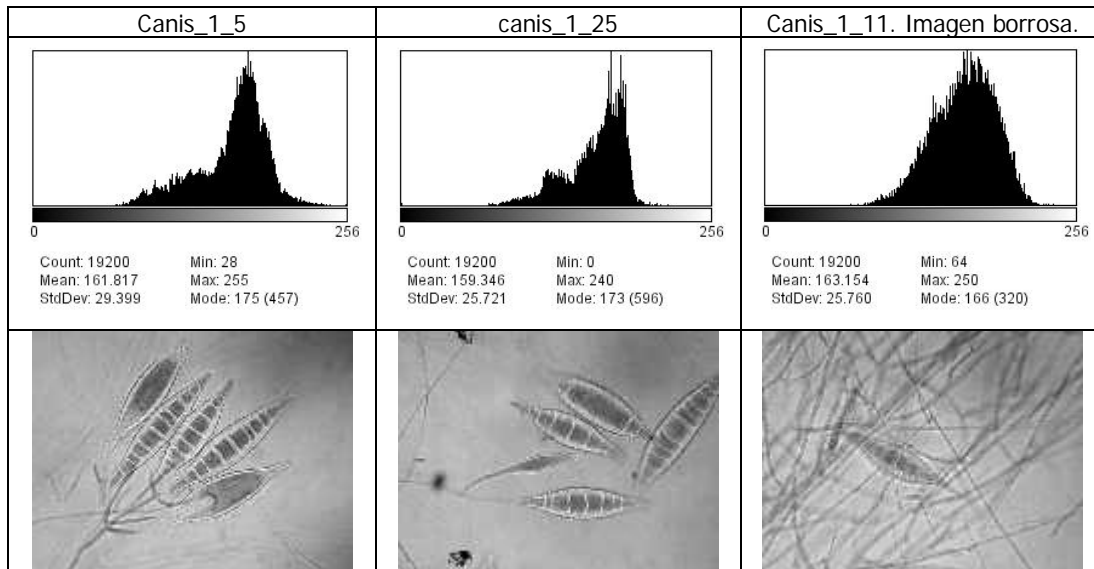
A simple vista se observan imágenes de mayor contraste y más claras, sin embargo el reconocimiento empeora: 75.0% (15/20). Si observamos los histogramas de cada grupo de entrenamiento, los histogramas se modificaron notablemente con relación a los originales, distinguiéndose más entre ellos que antes.



Al analizar los histogramas de algunas de las imágenes no reconocidas, encontramos histogramas muy distintos a los del modelo, sin embargo podemos observar que en el primer caso (E\_floccosum\_1\_22 ) la pendiente "exponencial" se podría parecer mas a la del 2 y en la segunda imagen (M\_canis\_2\_19) la forma de montaña al 1.



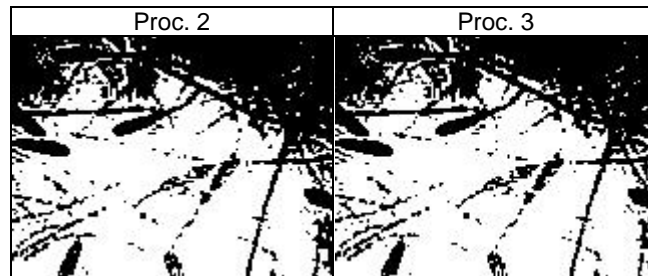
Por otro lado al recorrer las imágenes utilizadas para el entrenamiento, se encuentran en algunos casos imágenes "malas", observamos en el grupo 2 la imagen Canis\_1\_11, es muy borrosa. Comparando su histograma con el de otras dos imágenes del modelo, observamos que los primeros dos son muy similares mientras que este es notablemente distinto.



Al realizar una prueba adicional sustituyendo esta imagen en el modelo por otra, el reconocimiento mejora.

### **Proc. 2 y Proc. 3: Binarización**

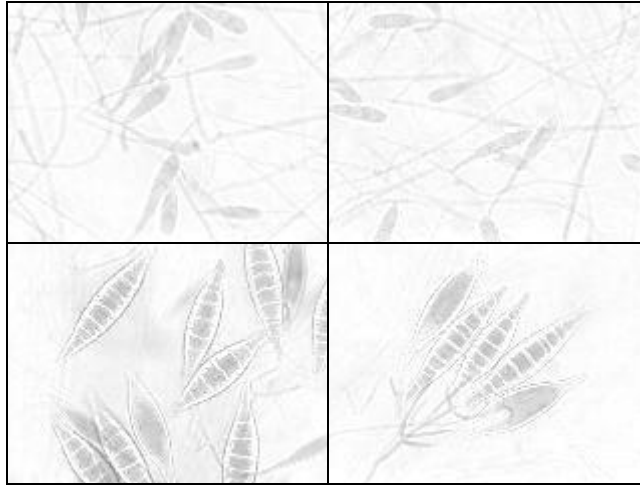
En ambas pruebas el resultado es similar. Las formas no se distinguen claramente y aparecen borrones muy grandes en los lugares "sucios" del fondo.



La calidad de la binarización no resulta muy buena cuando se realiza sobre las imágenes originales ya que el nivel de ruido es muy alto y no se observa mayor diferencia al aplicar la binarización después del ajuste del histograma.

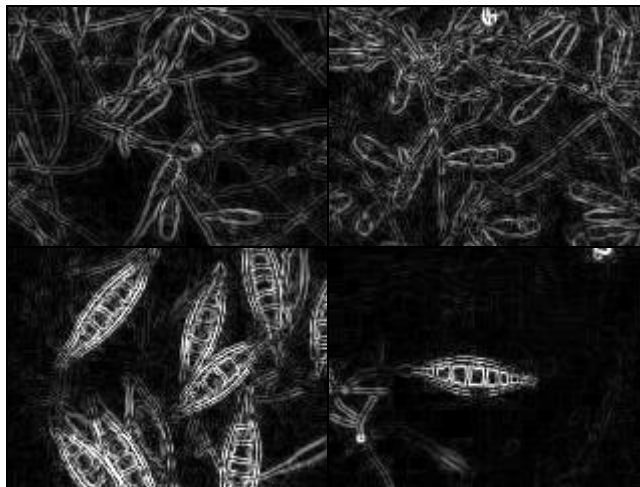
#### **Proc. 4: Sustracción del fondo**

Tomando las imágenes originales se le aplico un método de sustracción del fondo. La formas quedan a simple vistas más distinguibles, aunque las imágenes resultan muy claras. El resultado obtenido fue de 80%, similar al obtenido al binarizar las imágenes originales.



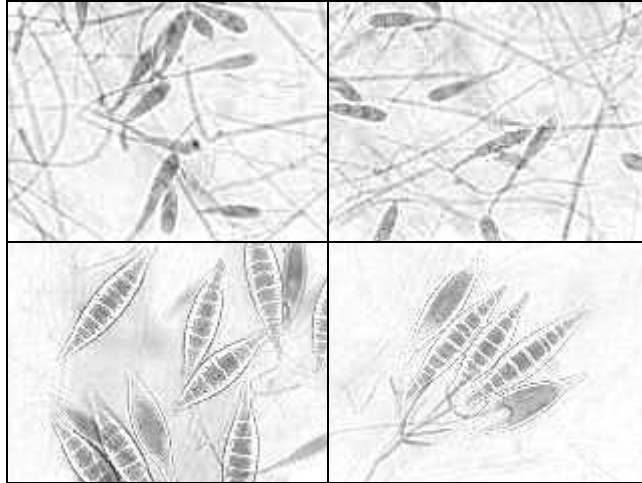
#### **Proc. 5: detección de puentes**

Las formas quedan sumamente claras utilizando esta herramienta, sin embargo fue uno de los peores resultados obtenidos, tomando casi todas las imágenes como del grupo 1.



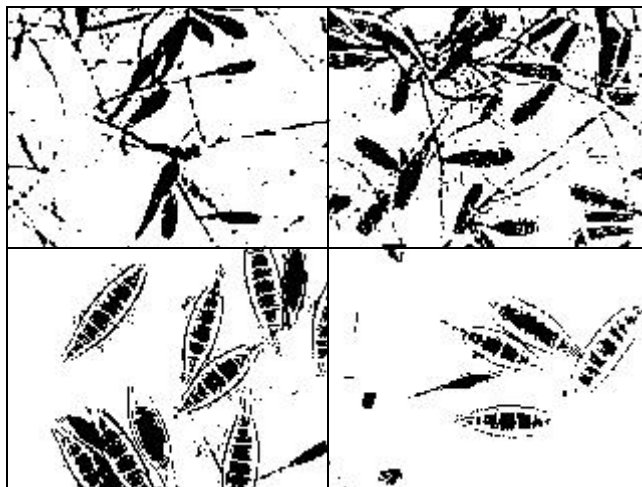
**Proc. 6: Ajuste del histograma grupal más sustracción de fondo.**

Al observar las imágenes obtenidas en la sustracción del fondo, pareciera que las formas se distinguen mucho mejor, sin embargo son muy claras, al aplicar primero la calibración del histograma y después la sustracción del fondo, se obtienen imágenes más nítidas. Sin embargo el reconocimiento continuó siendo bajo (70%).



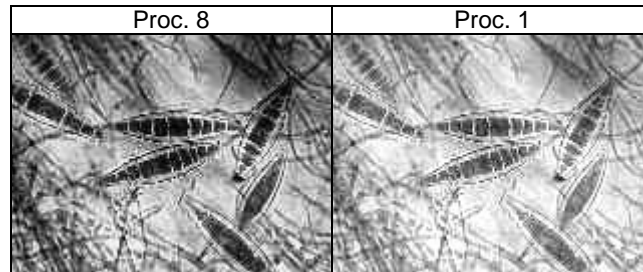
**Proc. 7 : Binarización sobre la sustracción del fondo.**

Al procedimiento anterior se le aplicó binarización. El resultado empeoró aun cuando las imágenes binarizadas obtenidas resultan mucho más claras que las obtenidas en las binarizaciones anteriores.



### **Proc. 8: Ajuste histograma de cada imagen**

A diferencia que en el proc. 1 se utiliza el ajuste de contraste o ecuilización del histograma de forma independiente para cada imagen. En estos grupos el cambio no es tan notable, pero se puede observar como las imágenes tienen un contraste más parejo en toda la imagen y no solo en algunos sectores.



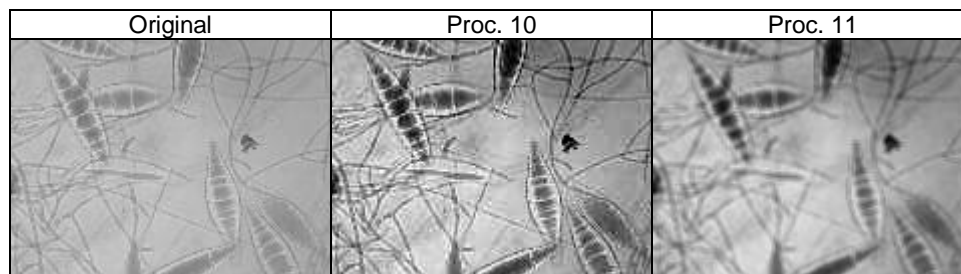
Se obtuvo el mismo resultado que en el proc. 1 aunque cambió los falsos positivos resultaron otros.

### **Proc. 9: Binarización sobre ajuste histograma de cada imagen**

El resultado fue idéntico que el proc. 8 y las imágenes obtenidas muy similares a las logradas en el proc. 2.

### **Proc. 10 y Proc 11: Normalización de contraste de cada imagen**

En estas pruebas se trató de aplicar la normalización en lugar del ajuste del histograma. Las imágenes que se obtienen resultan un poco más claras pero con menor contraste con el fondo que en el proc. 1. Sin embargo si comparamos con la imagen original, vemos que se perdió la suavidad de las formas, al aplicar la opción de suavizado la imagen resulta más clara.



El resultado fue de un 80% de reconocimiento. Los falsos positivos se redistribuyeron de forma distinta que en el análisis original.

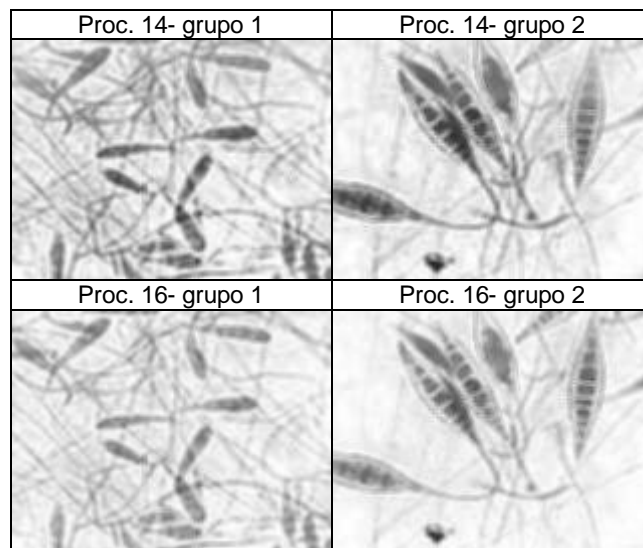


**Proc 12 y 13: Ajuste histograma de cada imagen, normalización y suavizado de bordes.**

No se obtuvo en este caso una mejora del resultado. En el proc. 13 se aplicó una binarización previa al suavizado de bordes. Los resultados fueron peores que en la binarización sobre una normalización.

**Proc 14 y proc 16: Ajuste del histograma o normalización, sustracción de fondo y suavizado de bordes.**

Como se obtuvieron buenos resultados con el proceso de normalización y de ajuste del histograma (proc 11 y 12). Se puede pensar que la sustracción del fondo será más exitosa si se aplica posterior al ajuste del contraste. Si observamos las imágenes obtenidas, son similares a las del proc. 6 aunque un poco menos nítidas debido al suavizado. El resultado obtenido en ambos casos fue del 70%. Se puede observar una sutil diferencia entre el resultado del normalizado y del ajuste del histograma. Este último genera un contraste mayor, obteniéndose algunos valores más oscuros que con la normalización.



**Proc. 15 y 17: Ajuste del histograma o normalización, sustracción de fondo y binarización.**

El resultado obtenido al binarizar en las condiciones de la prueba anterior fueron inferiores a los obtenidos en las otras pruebas de binarización y las imágenes resultan similares al proc. 7.

## K: grupo 3 y 4

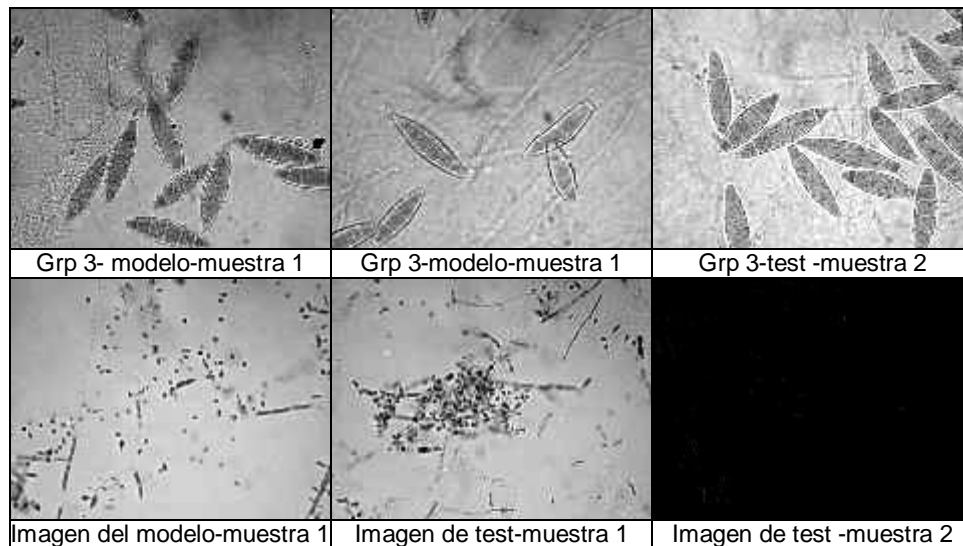
Se realizaron las mismas pruebas que en el grupo B, obteniendo resultados similares. Un resultado particular fue el obtenido en el proc. 2 al binarizar y obtener un 95% de reconocimiento.

**Table 26: resultados pre-procesamientos grupo K**

#	Grp	K	K-1	k-2	K-3	K-4	k-5	K-6	K-8	k-9	k-10	K-11	K-12	K-13	K-14	K-15	K-16
21	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
22	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
23	3	3	3	3	3	4	4	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3
24	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
25	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	4	3	3	3	3	3
26	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
27	3	3	4	3	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	3
28	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
29	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
30	3	3	4	3	3	4	4	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3
31	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
32	4	4	3	4	3	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
33	4	4	4	4	3	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
34	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
35	4	4	4	4	4	3	3	3	4	4	4	4	4	4	3	4	3
36	4	4	3	4	3	3	3	3	4	4	4	4	4	4	3	4	3
37	4	4	4	4	4	3	3	3	4	4	4	4	4	4	3	4	3
38	4	3	3	4	3	3	3	4	3	3	4	4	3	3	4	3	4
39	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
40	4	3	3	4	3	3	3	4	3	3	4	4	3	3	3	3	3
		<b>85%</b>	<b>55%</b>	<b>95%</b>	<b>70%</b>	<b>60%</b>	<b>40%</b>	<b>65%</b>	<b>75%</b>	<b>75%</b>	<b>85%</b>	<b>85%</b>	<b>80%</b>	<b>80%</b>	<b>75%</b>	<b>80%</b>	<b>75%</b>

### Ajuste histograma grupal vs Ajuste histograma de cada imagen

Cuando se realizó el ajuste del histograma, el resultado empeoró mucho, bajando a un 55% de reconocimiento. Al observar las imágenes pre-procesadas, se observa que varias de las imágenes del grupo 4 perdieron totalmente las formas al usar un histograma común a todas.

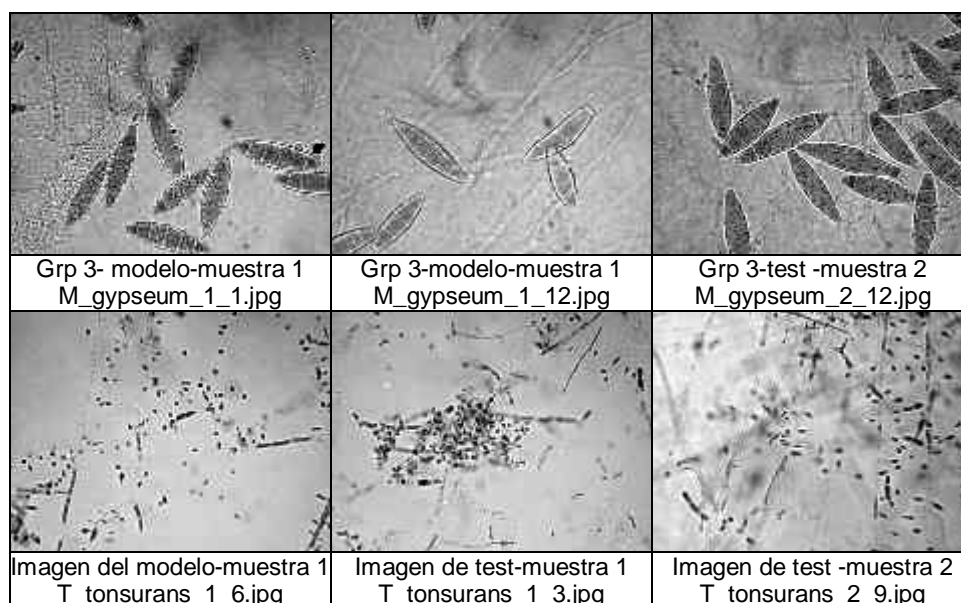


Al realizar el ajuste del histograma de forma independiente para cada imagen, se mejora notablemente la visualización de las imágenes, obteniendo contrastes similares en ambas muestras. Si analizamos las mismas imágenes que en el caso anterior notamos como la imagen de la muestra 2 se muestra muy similar a las otras en este caso.



### **Proc. 10**

Al aplicar la normalización del contraste en lugar del ajuste del histograma, las imágenes quedan más suaves, sin tanta luminosidad en algunas partes y más claras. El resultado obtenido fue el mejor de todos los pre-procesamientos, llegando al 85% de reconocimiento. Los falsos positivos se redistribuyeron mejor que en la prueba original con respecto a las imágenes de la segunda muestra.



## Comparación de resultados

Si comparamos los resultados obtenidos en las pruebas binarias B y K (ver Tabla 27), se observa que a medida que los procedimientos eliminan información de la imagen los resultados empeoran. Se hubiera esperado que en las pruebas de sustracción de fondo (proc. 7 o 12), en las que a simple vista las imágenes resultan claras y las formas se distinguían mejorara el reconocimiento, sin embargo el resultado fue opuesto. Lo mismo obtuvimos al aplicar binarización sobre las imágenes.

Finalmente hubo una sutil diferencia entre el ajuste de contraste del conjunto de imágenes usando un histograma grupal sobre el cual todas debían ajustarse (proc. 1), que utilizando un ajuste de contraste independiente para cada imagen (proc. 10).

**Tabla 27: resultados pruebas de preprocesamiento B y K**

	Orig.	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14	P15	P16
<b>B</b>	85%	75%	75%	80%	80%	65%	70%	60%	75%	75%	80%	80%	75%	75%	70%	70%	70%
<b>K</b>	85%	55%	95%	70%	60%	40%	65%	65%	75%	75%	85%	85%	80%	80%	75%	80%	75%

A partir de estas pruebas binarias, observamos que el mejor preprocesamiento corresponde a la normalización del contraste más el suavizado de bordes (proc. 11), aun cuando en ambos casos el resultado es inferior al obtenido con las imágenes originales. Sin embargo si observamos el detalle de los resultados de clasificación para cada imagen (anexo 3) se observa que la clasificación utilizando esta normalización genera una mejor distribución del error entre muestras, es decir, en las pruebas con las imágenes originales se clasificaban muy bien las de la misma muestra pero las de otras muestra no eran reconocidas. Al aplicar la normalización la mayoría de las imágenes de la segunda muestra son reconocidas.

Finalmente se aplicaron algunos procesamientos a todos los grupos de prueba para corroborar que los resultados obtenidos en las pruebas B y K son extensible al resto de los grupos, el resumen de los resultados se muestra en la tabla 28 y en el anexo 3 se puede observar el detalle.

**Tabla 28: resultados preprocesamiento**

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
<b>Originales</b>	65%	85%	100%	75%	70%	100%	100%	85%	85%	85%	85%	100%	75%	80%	85%	95%
<b>Proc. 10</b>	63%	80%	75%	90%	95%	95%	85%	70%	85%	90%	85%	75%	90%	95%	85%	100%
<b>Proc. 11</b>	68%	80%	85%	90%	90%	95%	85%	70%	80%	90%	85%	90%	90%	90%	85%	100%
<b>Proc. 12</b>	63%	75%	75%	60%	90%	75%	80%	65%	75%	80%	80%	95%	80%	80%	75%	100%

Como era de esperar, con la normalización (proc. 11) casi todas las pruebas binarias obtuvieron el mismo resultado o mejor que con las imágenes originales, llegando a un 68% de reconocimiento general y lo que es más importante, con una mejor distribución del error entre muestras.

Más adelante se abordará al tema del reconocimiento entre muestras con mayor detalle. Sin embargo hasta este punto podemos concluir que la normalización más el suavizado de bordes (que llamamos proc. 11), permite una estandarización de las imágenes en cuanto a contraste y luminosidad mejorando el performance final de la máquina.

## Estabilidad del modelo

En las pruebas realizadas hasta el momento hemos utilizado siempre los mismos conjuntos de imágenes tanto para el test como para el de entrenamiento. En la prueba B de preprocesamiento se observó como al eliminar una de las imágenes del entrenamiento que a simple vista parecía “mala” el reconocimiento mejoraba levemente, esto pareciera indicar que la selección de imágenes tiene un peso en el modelo, o lo que es lo mismo, que nuestro modelo puede alterarse dependiendo de las imágenes que se incluyan. Pensando en esto nos hacemos dos preguntas: ¿Con cuántas imágenes debemos entrenar para obtener un modelo estable? y ¿Cuanto me influyen las imágenes de entrenamiento en el desempeño general? Estas dos cuestiones están íntimamente relacionadas ya que con una cantidad de imágenes que establezca el modelo, este no se afectará por incluir una imagen incorrecta.

Una técnica para abordar estos problemas es realizar, del mismo modo que en el estudio del kernel, cross-validation. Si repetimos el aprendizaje con cross-validation reiteradas veces podemos obtener distintos valores, ya que dependerá de qué imágenes toma el sistema en cada caso (selección de la semilla). La variabilidad de estos valores nos puede brindar una noción de cuán estable es el modelo.

En la tabla 29 se resumen las pruebas realizadas. En el primer caso 15 imágenes de cada especie y se realizaron 6 entrenamientos aplicando un 10-cross-validation, esto es, separando el grupo de entrenamiento en 10 sub-grupos y realizar entrenamientos sucesivos usando 1 grupo de test y n-1 (9 en este caso) grupos para el entrenamiento. De manera similar se diseñaron las otras pruebas. Todas las pruebas se realizaron sobre la muestra 1, en las primeras 3 se aplicó el procesamiento 11 (normalización más suavizado de bordes) y en la última prueba se utilizaron las imágenes originales sin ningún preprocesamiento.

**Table 29: pruebas estabilidad del modelo-CV**

ID	Descripción de la prueba
C1	10-cross validation. 15 imágenes c/clase. Proc. 11
C2	10-cross validation. 5 imágenes c/clase. Proc. 11
C3	4-cross validation. 5 imágenes c/clase. Proc. 11
C4	4-cross validation. 15 imágenes c/clase. Sin proc.
C5	4-cross validation. 15 imágenes c/clase. Sin proc.

Graficando el resultado de estas pruebas, como se ve en la figura 7 podemos ver que en las primeras tres pruebas C1, C2 y C3 el modelo resultó muy estable, mientras que en las dos últimas, realizadas con las imágenes sin preprocesar, el modelo se mostró mucho más variable. Esto nos brinda aun mayor certeza acerca del beneficio de la aplicación del preprocesamiento.

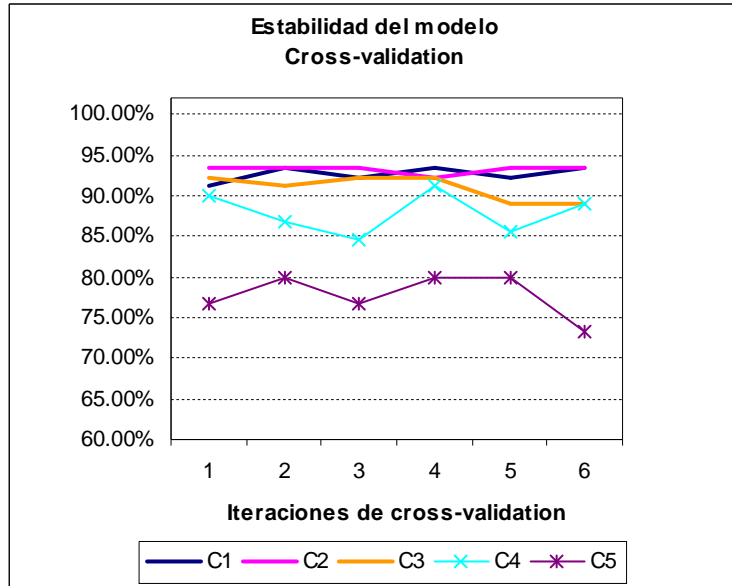


Figure 7 : estabilidad del modelo. Cross-validation

Si embargo con esta técnica no podemos observar cuales imágenes se incluyen en cada iteración y cuales no, ni analizar si algunas clases modifican más su comportamiento que otras. Para poder tener un panorama más claro se diseñaron pruebas entrenando con 4, 6 y 8 imágenes y variando entre 6 u 8 veces el conjunto de entrenamiento.

Graficando el resultado de las pruebas (figura 8), podemos observar como a medida que se disminuye la cantidad de imágenes de entrenamiento el modelo es más "inestable". El modelo más estable corresponde al entrenamiento con 8 imágenes, sin embargo el entrenamiento con 6 imágenes no resulta de mucho menor rendimiento y se debe tener en cuenta que la cantidad de imágenes disponibles puede ser muy poca.

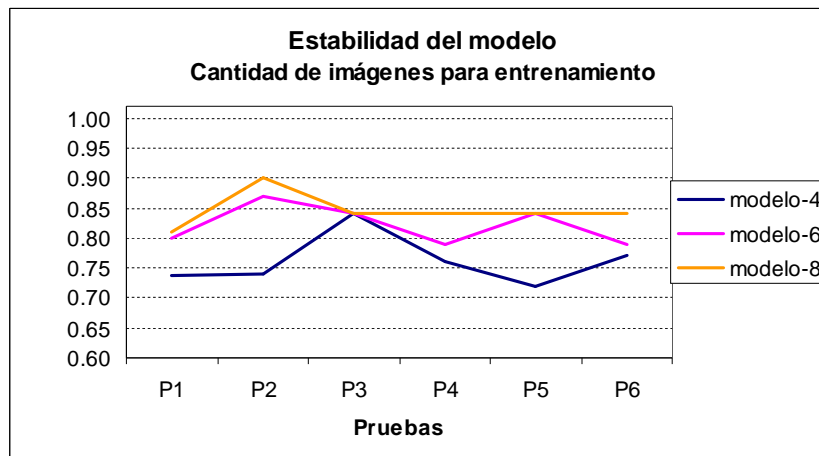


Figure 8: Cantidad de imágenes de entrenamiento

Ahora bien, estudiando con mayor detalle las pruebas anteriores nos interesa saber cómo se comporta cada uno de los grupos de dermatofito frente a la variabilidad de imágenes de entrenamiento, es decir si hay algún grupo que “se altera” más a lo largo de estas pruebas. Para esto tomemos, por ejemplo el caso de el entrenamiento con 6 imágenes y observemos (figura 9) como cada grupo se va comportando al cambiar el conjunto de entrenamiento. Podemos ver como el grupo 1 y 5 (línea azul y violeta respectivamente) varían más que los otros con los cambios de las imágenes. Esto se repite en las pruebas de entrenamiento con 8 y 4 (ver anexo 4)

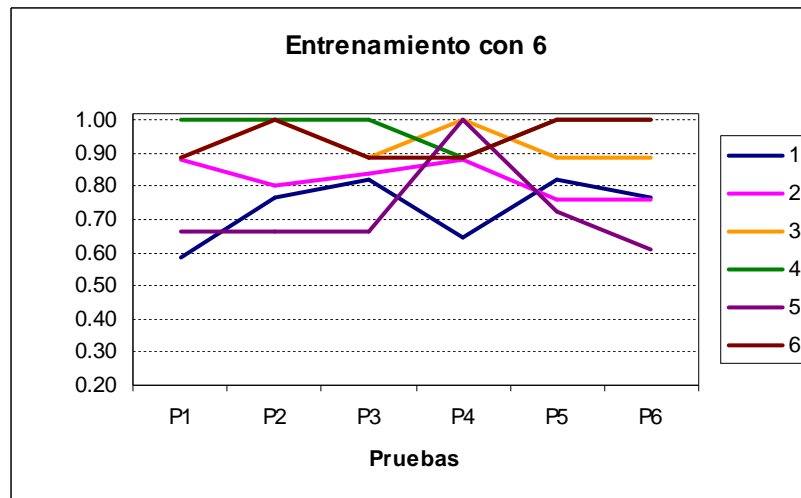


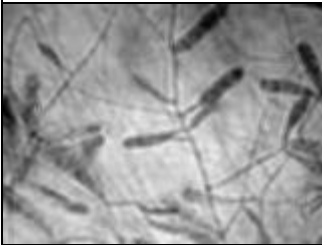
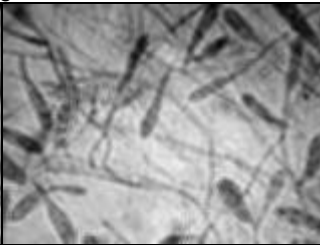
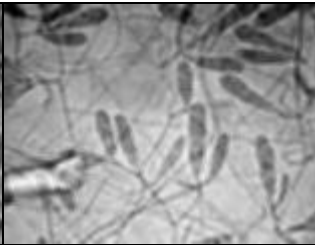
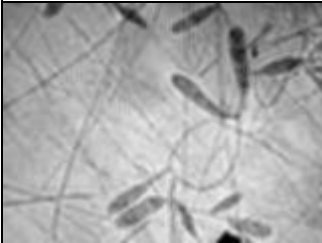
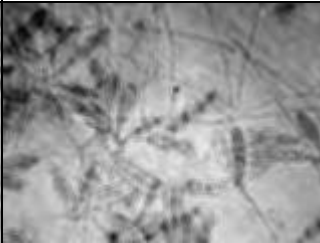
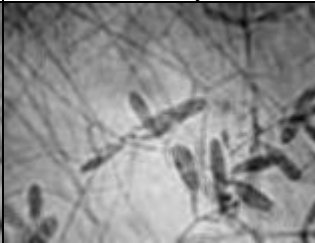
Figure 9 :Estabilidad del modelo en el entrenamiento con 6 imágenes.

Por otro lado, observando el detalle de las prueba, por ejemplo en el entrenamiento con 6 imágenes (ver anexo 4). Encontramos que algunas de las imágenes no pudieron ser reconocidas en ninguna ocasión (marcadas en rojo). Analizando algunos de los casos encontramos particularidades en estas imágenes por las que el sistema no las reconoce, estas particularidades pueden transformarse en recomendaciones a realizarle al investigador para la selección de las muestras.








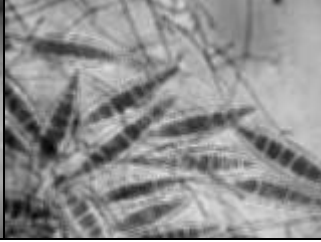
En el caso del grupo 1 *E. floccosum*, encontramos que hubo varias imágenes no reconocidas, comparando estas con las imágenes reconocidas o las del modelo, encontramos que estas presentan poca densidad de macroconidias y en algunos casos se encuentran borrosas (ver tabla 30)

**Tabla 30: Detalle de imágenes de *E. floccosum* no reconocidas**

Imágenes del modelo de <i>E. floccosum</i>		
		
Poca densidad de macroconidias	Imagen borrosa	Poca densidad de macroconidias y borrosa
		



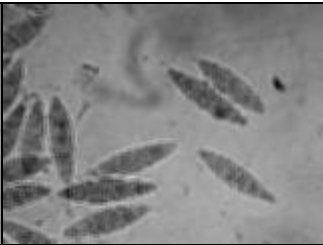



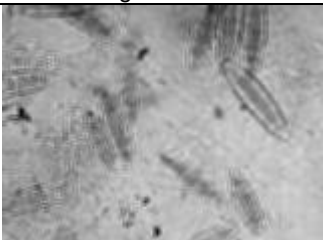
En el caso de *Microsporium canis* hay tres imágenes que no fueron reconocidas en ninguna de las pruebas, en la tabla 31 se muestra cada caso. En la tercera imagen se puede observar como los macroconidios están muy superpuestos, cuando en todas las imágenes de entrenamiento así como en las restantes de prueba esto no se observa.

**Tabla 31: Imágenes no reconocidas de *M. canis***

Imágenes del modelo de <i>M. canis</i>		
		
Las macroconidias están borrosas	No se muestra ninguna macroconidia completa	Superposición de macroconidias.
		





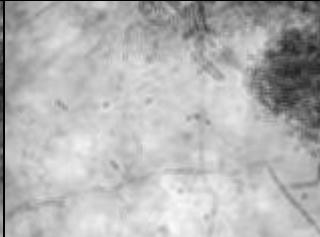
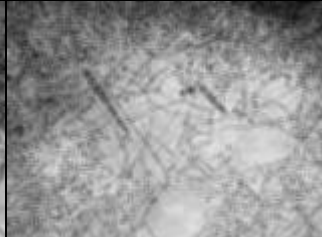
Para la clase 3 encontramos un solo caso que se muestra en la tabla 32, en el cual la imagen es muy borrosa y en el grupo 4 no se dan ocurrencias de este tipo.

**Table 32: imágenes no reconocidas *M. gypseum***

Imágenes del modelo de <i>gypseum</i>		
		
		
Imagen borrosa		
		

Al analizar el grupo 5 de los Mentagrophytes, resulta más difícil encontrar los problemas dentro de las imágenes ya que las formas son menos distinguibles a simple vista. En el tercer caso que se muestra en la tabla 33 la imagen presenta una macroconidia muy nítida y poca proporción de microconidias, cuando en las imágenes del modelo no observamos estos casos. Finalmente en el grupo 6 nos topamos con un solo caso que resulta muy difícil de determinar.

**Tabla 33: Imágenes no reconocidas de *T. mentagrophytes***

Imágenes del modelo de <i>T. mentagrophytes</i>		
		
Imagen borrosa	Muy clara, sin la presencia de microconidias	Macroconidias muy marcadas y pocas microconidias
		

En todos los casos descritos anteriormente se puede observar (ver anexo 4 para el detalle) que cuando estas imágenes “malas” forman parte del modelo el performance no empeora, por lo que no están alterando el aprendizaje y podemos pensar que el modelo se mantiene estable.

Si bien puede resultar muy sensible el modelo frente a las imágenes malas, debemos pensar que la diferencia que hay entre estos hongos es realmente muy escasa en algunos casos y que en eso radica la dificultad del reconocimiento para los investigadores. Una imagen con poca proporción de macroconidias o borrosa puede prestarse a confusión con otra especie. Preferiremos una máquina sensible a la calidad de las imágenes pero que tenga una capacidad mayor de reconocimiento.

## Reconocimiento entre muestras

En las pruebas multigrupo que se realizaron se encontró que la mayor parte de los casos de falsos positivos estaban dados por las imágenes de la segunda muestra. Luego en la sección sobre preprocesamiento se mejoró este resultado aplicando normalización y suavizado de bordes (proc. 11) para la mejor detección entre muestras. Por último en el capítulo anterior se observó como ciertas variantes dentro de las imágenes podían alterar el reconocimiento por parte de la máquina. En este capítulo abordaremos nuevamente el problema del reconocimiento entre muestras. Para ello contamos con tres muestras distintas, la primera y más utilizada corresponde a preparados “de buena calidad”, al igual que la segunda, mientras que la tercera corresponde a una muestra tomada sobre preparados de menor calidad, tal como se explicó en la descripción del conjunto de prueba.

El siguiente gráfico (figura 10) resume el comportamiento de la máquina entrenada con imágenes de la muestra 1, de la muestra 2 y con ambas (ver anexo 7) y realizando a su vez predicciones sobre un conjunto de test conformado por imágenes de las tres muestras. Se repitieron ciertas pruebas de preprocesamiento para corroborar los resultados obtenidos, y nuevamente el mejor performance neto de la máquina se obtuvo al aplicar la normalización y el suavizado de bordes (proc. 11).

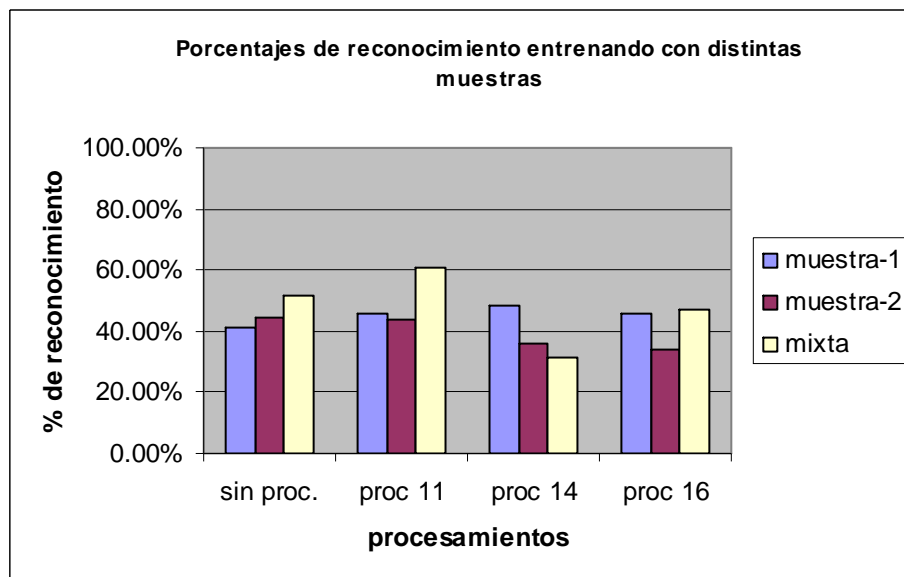


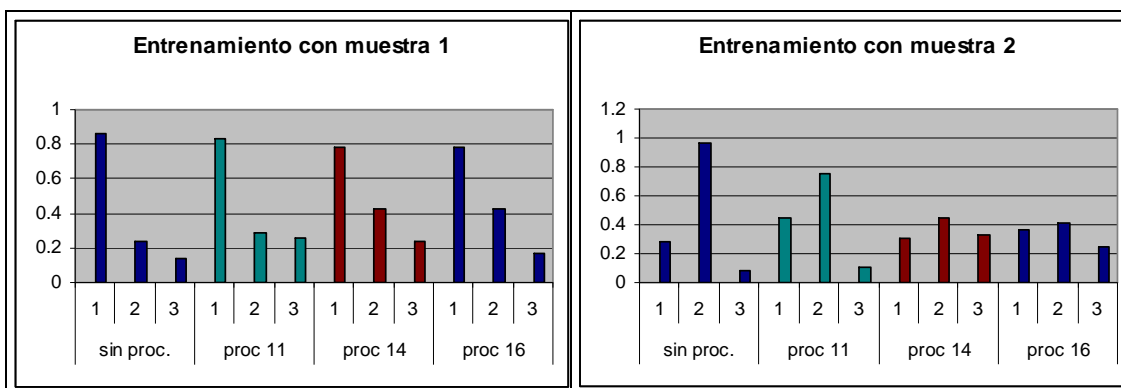
Figure 10 : Porcentajes de reconocimiento entrenando con distintas muestras

Cuando realizamos cross-validation sobre la totalidad de las imágenes de cada una de las muestras obtenemos un performance general de la muestra que podríamos llamar “calidad”. Este valor nos está diciendo la capacidad que tiene esa muestra de separar sus especies. En la muestra 1 y 2 al aplicar esto obtenemos valores muy buenos, de alrededor del 90%, mientras que con la muestra 3 alcanzamos apenas un 50% (Ver tabla 34 ). Es de esperar entonces que el reconocimiento a partir de esta muestra resulte muy difícil.

**Table 34: calidad de cada muestra**

4-cross-validation		
	Sin proc.	Proc. 11
Muestra 1	91.33%	92.91%
Muestra 2	92%	80.80%
Muestra 3	55%	50%

En el caso del reconocimiento de imágenes de la muestra 2 o 1 desde los modelos entrenados con imágenes de la muestra contraria, el comportamiento es similar en ambas, obteniéndose, como era de esperar, valores más bajos al predecir imágenes de la otra muestra y muy buenos en la clasificación de las imágenes propias. Si tomamos la muestra 1 para entrenamiento observamos que el reconocimiento de las otras muestras es levemente mejor al aplicar el proc. 14 (sustracción del fondo) que el proc. 11, sin embargo esto no se generaliza ya que al entrenar con segunda esto no ocurre.



**Figure 11 : resultados desagregados de clasificación entre muestras distintas**

Los gráficos de la figura 11 y 12 muestran los resultados desagregados que se presentaron en la figura 10, es decir, cada uno de los gráficos hace referencia a la prueba entrenando con la muestra que se menciona, y las barras muestran el valor de reconocimiento al clasificar las imágenes de cada muestra utilizando el procesamiento indicado.

Finalmente al entrenar utilizando un conjunto mixto perteneciente a las muestras 1 y 2, el resultado mejora notablemente (figura 12). Lo más importante en este sentido es que el reconocimiento de las imágenes del propio grupo no empeora al agregar en el aprendizaje más información de otras muestras. Se podría pensar de esta manera que obteniendo un conjunto de imágenes mayor, proveniente de diversas muestras y de buena calidad se podrá lograr entrenar una máquina mucho más robusta frente a nuevas muestras.

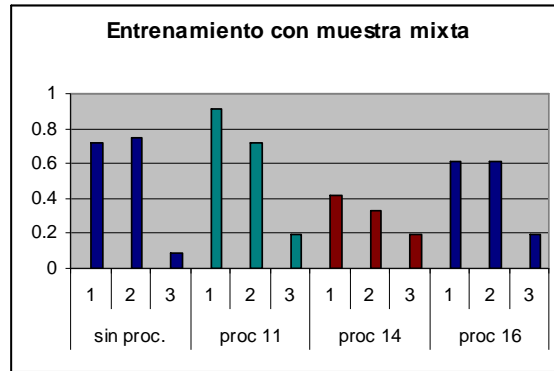


Figure 12 : entrenamiento con dos muestras

Sin embargo pensando en un escenario más real, no tendrá sentido entrenar con la muestra que se quiere evaluar por lo que resulta de mayor interés analizar el comportamiento del modelo frente al problema del reconocimiento de una muestra distinta a la usada para el entrenamiento. Usamos en este sentido la muestra 1 de entrenamiento y la segunda como test, dejando a un lado la tercera que ya fue analizada.

Retomando el concepto que se planteo en la sección de multiclases acerca de la conveniencia de un "bajo reconocimiento" que brinde mejor información a un "alto reconocimiento" con alto margen de error, regresamos el análisis del problema de la clasificación multiclase. Al comparar las dos estrategias, *uno-vs-uno* y *uno-vs-todos* sobre el reconocimiento entre muestras (figura 13) podemos ver que ambas estrategias se mantienen muy estables en el rendimiento al clasificar otra muestra y que si calculamos los desempeños descontando las imágenes no clasificadas la estrategia *uno-vs-todos* resulta mejor en la clasificación para las tres muestras.

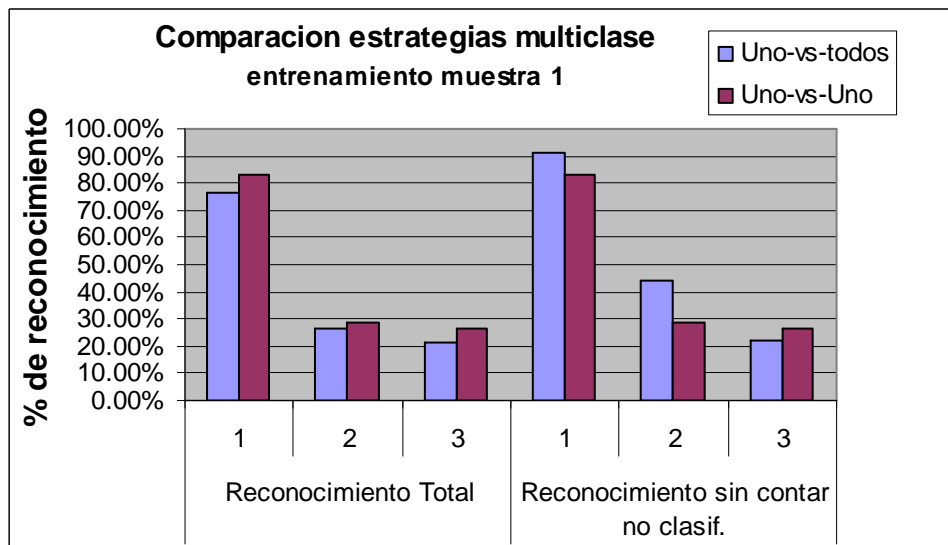


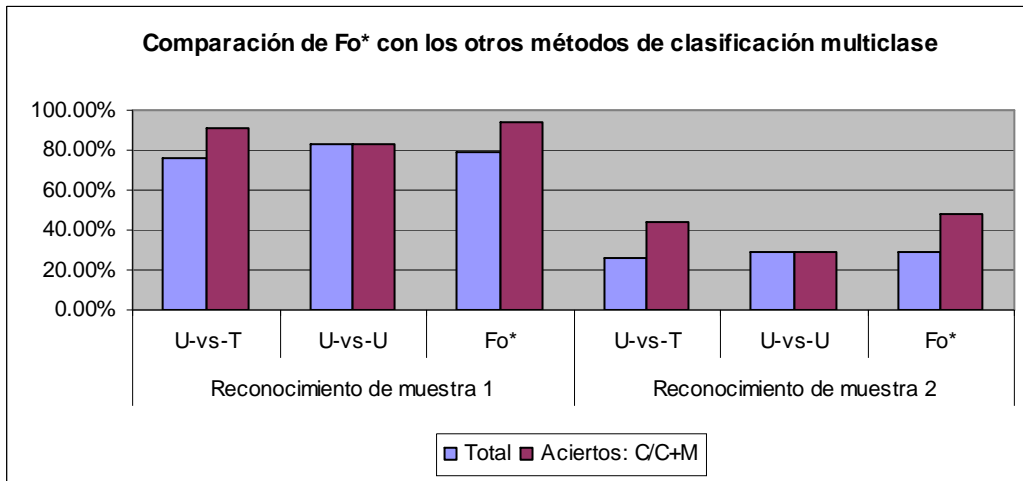
Figure 13: comparacion uno-vs-uno y uno-vs-todos entre muestras

Finalmente, siguiendo la propuesta planteada en la sección de clasificación multiclase, si aplicamos la técnica  $Of^*$  como variante de la *uno-vs-todos*, ordenando las funciones de

clasificación (tabla 35) según el orden creciente de reconocimiento que se obtuvo al clasificar las imágenes pertenecientes a la misma muestra con la que se realizó el entrenamiento, en nuestro caso la muestra 1, se obtiene nuevamente mejor resultado que en las restantes técnicas, como se puede observar en la siguiente figura 14.

**Tabla 35: resultados pruebas Q-V entrenando con muestra 1**

Q	R	S	T	U	V
90.48%	97.62%	97.62%	90.48%	97.62%	95.24%



**Figure 14 : comparación de clasificación multiclase Fo\* con las otras técnicas**



## Conclusiones y futuros trabajos

A partir del estudio de las características de las imágenes de dermatofitos y de las especies seleccionadas para el trabajo, hemos observado que estas presentan particularidades que las distinguen de otras aplicaciones como el reconocimiento de rostros o bacterias y que deben ser tenidas en cuenta, tanto al momento de la recolección de imágenes o muestras como en el entrenamiento de la máquina.

Por un lado tenemos que las características de cada especie están diseminadas por toda la imagen mediante patrones constantes de las macro o microconidias y que permiten el reconocimiento de cada una de las especies. En los casos de imágenes donde las estructuras no están presentes claramente o se encuentran borrosas, la máquina no logra obtener buenos resultados de clasificación. Es decir, como primer punto requerimos de un conjunto de imágenes de buena calidad y que presenten claramente las estructuras que definen a cada especie. Este requerimiento no resulta excesivo ya que se aplica del mismo modo para el trabajo común en un laboratorio, a menor calidad de imagen menor posibilidad de reconocimiento.

Sin embargo las imágenes aun cuando presenten estructuras definidas pueden ser muy distintas en cuando a luminosidad, contraste y proporción de hifas en el fondo. Esto sucede aun entre imágenes de una misma muestra pero se potencia cuando se trata de muestras distintas. Para abordar este problema se estudiaron distintos tipos de procesamiento, encontrando que aquellos que resultan más leves en la modificación de la imagen logran mejores resultados. En particular nos quedamos con la normalización de las imágenes más la aplicación de un suavizado de bordes, aun cuando en las últimas secciones se obtuvieron algunos buenos resultados con la sustracción de fondo.

Por la complejidad de las imágenes y la variabilidad entre las muestras consideramos que el estudio de otras técnicas de procesamiento de imágenes puede resultar un interesante campo de avance para el reconocimiento de hongos.

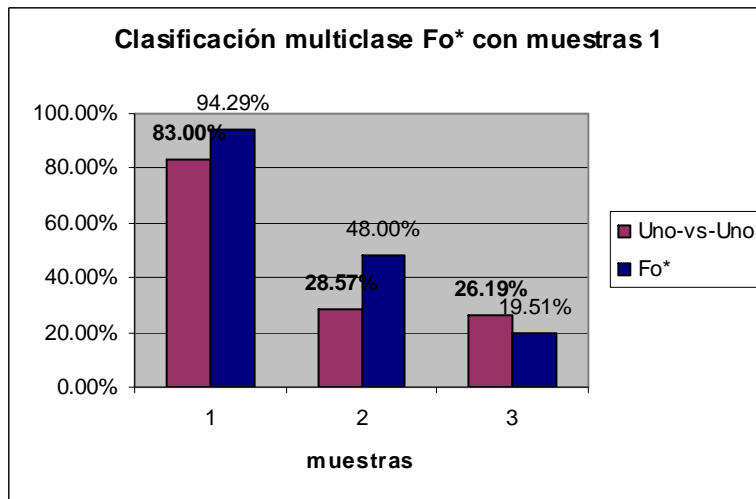
Con respecto a la distinción entre cada especie de dermatofitos, encontramos desde las primeras pruebas binarias (uno-vs-uno) como, algunas especies presentan mayor similitud entre si que otras, así encontramos algunos casos donde la separación alcanzó un 100% mientras que en otros el resultado fue bastante menor. Si bien los preprocesamientos ayudan a corregir algunos casos de reconocimiento incorrecto, lo más difícil es tratar de reconocer imágenes provenientes de otras muestras.

En las pruebas de clasificación uno-vs-todos, se pudo ver que el mayor problema de reconocimiento no está, como en otro tipo de problemas, en que varios grupos se disputan la pertenencia de un elemento y que debemos elegir entre ellos, como es la propuesta de Pedrajas [PED/06], sino que, frente a una imagen de mala calidad o de poca definición de micro o macroconidias, el elemento no es reconocido por ningún clasificador. Esto resulta una ventaja ya que nos permite obtener "mejor" información, en detrimento de disminuir la cantidad de imágenes clasificadas. Sin embargo asumimos que para un investigador será más conveniente tener menor información más certera que mayor pero pobre.

Otro resultado positivo es la estabilidad del modelo tanto en relación al entrenamiento que incluya imágenes “malas” como al sobre-entrenamiento con distintas muestras sin perjuicio de una disminución del aprendizaje respecto a la propia muestra. También se mostró mucha estabilidad frente a la variación en la cantidad de imágenes usadas para entrenar y en la proporción entre grupos positivos y negativos en la clasificación multiclase uno-vs-todos.

Finalmente por las características del problema se demostró que el mejor método para la clasificación multiclase entre especies de dermatofitos es la aplicación de lo que llamamos Fo\* o uno-vs-todos re-ordenado. Este método consiste en ordenar las funciones de clasificación unos-vs-todos según el valor de performance obtenido al entrenar la máquina y realizar una prueba con imágenes de la misma muestra.

Este orden nos brinda el criterio de mayor separabilidad entre las especies de una muestra, por lo que al ir aplicando las funciones en este orden, se van clasificando aquellos grupos que son más fácilmente separables entre si. Con este método se logra una mejora de la clasificación de la segunda muestra de un 28.57% neto al 48% relativo, es decir, este último calculado sin tener en cuenta los “no clasificados”.



A lo largo del trabajo también se observó cómo la máquina resulta sensible frente a las imágenes con escasez de estructuras. Esta sensibilidad se puede ajustar incorporando en el aprendizaje una diversidad de casos o muestras que permita a la máquina manejar mayores rangos, sin embargo se debe tener en cuenta que las especies pueden resultar realmente muy similares y que este ajuste no termine en un sobre-entrenamiento mediante el cual la máquina disminuya su capacidad confundiendo más los distintos tipos.

Finalmente podemos decir que las SVM resultan una herramienta muy robusta para el trabajo con imágenes y que el método planteado logra cubrir mediante un buen performance el problema del reconocimiento automático de hongos. Sin embargo aun el problema de la normalización de las imágenes para mejor reconocimiento entre muestras puede ser abordado y mejorado mediante técnicas más avanzadas de procesamiento de imágenes.

Por otro lado el uso de las SVM se está acelerando y con él la incorporación de nuevas estrategias y mejoras para el tratamiento de outliers, el desbalance de datos o la selección de vectores soporte, que podrían resultar beneficiosas en problemas como el que abordamos. Otro punto de interés dentro de las SVM es el diseño y prueba de nuevos kernels, como el kernel-pca que podría resultar interesante en nuestro caso, remitiéndonos a la eigenfaces originales.

# Anexos

## Anexo 1: clasificación multiclase

### Uno-vs-uno

Resultado de las  $K(K-1)/2$  pruebas binarias (B-P) más la clasificación uno-vs-uno automática del LIBSVM (A). Se utilizó el kernel polinómico de grado 2 con los valores por defecto para C y gamma.

#	Grupo	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	1	1	1	1	1	1	1										
2	1	1	1	1	1	1	1										
3	1	1	1	1	1	1	1										
4	1	1	1	1	1	1	1										
5	1	1	1	1	1	1	1										
6	1	1	1	1	1	1	1										
7	1	1	1	1	1	1	1										
8	1	4	1	1	4	1	1										
9	1	1	1	1	1	1	1										
10	1	4	1	1	4	1	1										
11	2	6	2					2	2	2	6						
12	2	2	2					2	2	2	2						
13	2	2	2					2	2	2	2						
14	2	2	2					2	2	2	2						
15	2	1	1					2	2	2	2						
16	2	2	2					2	2	2	2						
17	2	2	2					2	2	2	2						
18	2	6	1					2	2	2	6						
19	2	1	1					2	2	2	2						
20	2	6	2					2	2	2	6						
21	3	3		3				3				3	3	3			
22	3	3		3				3				3	3	3			
23	3	3		3				3				3	3	3			
24	3	3		3				3				3	3	3			
25	3	3		3				3				3	3	3			
26	3	3		3				3				3	3	3			
27	3	3		3				3				3	3	3			
28	3	3		3				3				3	3	3			
29	3	3		3				3				3	3	3			
30	3	3		3				3				3	3	3			
31	4	4			4				4			4			4	4	
32	4	4			4				4			4			4	4	
33	4	4			4				4			4			4	4	
34	4	4			4				4			4			4	4	

35	4	4			4				4			4			4	4	
36	4	4			4				4			4			4	4	
37	4	4			4				4			4			4	4	
38	4	3			1				2			3			5	6	
39	4	6			1				2			3			5	6	
40	4	3			1				2			3			5	6	
41	5	5				5				5			5		5		5
42	5	5				5				5			5		5		5
43	5	4				1				5			5		4		5
44	5	1				1				2			5		5		5
45	5	5				5				5			5		5		5
46	5	5				5				5			5		5		5
47	5	1				1				5			5		5		5
48	5	6				1				5			5		5		6
49	5	2				1				2			5		5		5
50	5	2				1				2			5		5		5
51	6	6					6				6			6		6	6
52	6	6					6				6			6		6	6
53	6	6					6				6			6		6	6
54	6	6					6				6			6		6	6
55	6	6					6				6			6		6	6
56	6	3					6				6			3		6	6
57	6	3					6				6			3		6	6
58	6	3					6				6			3		6	6
59	6	3					6				6			3		6	6
60	6	3					6				6			3		6	6
		65%	85%	100%	75%	70%	100%	100%	85%	85%	85%	85%	100%	75%	80%	85%	95%

### Imágenes de entrenamiento

grupo	#	Imagen
1	1	E_floccosum_1_1.jpg
1	2	E_floccosum_1_11.jpg
1	3	E_floccosum_1_16.jpg
1	4	E_floccosum_1_3.jpg
1	5	E_floccosum_1_5.jpg
1	6	E_floccosum_1_9.jpg
2	7	M_canis_1_11.jpg
2	8	M_canis_1_15.jpg
2	9	M_canis_1_2.jpg
2	10	M_canis_1_20.jpg
2	11	M_canis_1_25.jpg
2	12	M_canis_1_5.jpg
3	13	M_gypseum_1_1.jpg
3	14	M_gypseum_1_10.jpg
3	15	M_gypseum_1_12.jpg

3	16	M_gypseum_1_15.jpg
3	17	M_gypseum_1_3.jpg
3	18	M_gypseum_1_5.jpg
4	19	T_tonsurans_1_10.jpg
4	20	T_tonsurans_1_12.jpg
4	21	T_tonsurans_1_13.jpg
4	22	T_tonsurans_1_16.jpg
4	23	T_tonsurans_1_4.jpg
4	24	T_tonsurans_1_6.jpg
5	25	T_mentagrophytes_1_1.jpg
5	26	T_mentagrophytes_1_14.jpg
5	27	T_mentagrophytes_1_2.jpg
5	28	T_mentagrophytes_1_22.jpg
5	29	T_mentagrophytes_1_6.jpg
5	30	T_mentagrophytes_1_9.jpg
6	31	T_rubrum_1_1.jpg
6	32	T_rubrum_1_11.jpg
6	33	T_rubrum_1_13.jpg
6	34	T_rubrum_1_2.jpg
6	35	T_rubrum_1_6.jpg
6	36	T_rubrum_1_9.jpg

Imágenes utilizadas para test:

grupo	#	Imagen
1	1	E_floccosum_1_10.jpg
1	2	E_floccosum_1_15.jpg
1	3	E_floccosum_1_17.jpg
1	4	E_floccosum_1_18.jpg
1	5	E_floccosum_1_2.jpg
1	6	E_floccosum_1_22.jpg
1	7	E_floccosum_1_7.jpg
1	8	E_floccosum_2_21.jpg
1	9	E_floccosum_2_4.jpg
1	10	E_floccosum_2_7.jpg
2	11	M_canis_1_1.jpg
2	12	M_canis_1_12.jpg
2	13	M_canis_1_14.jpg
2	14	M_canis_1_27.jpg
2	15	M_canis_1_30.jpg
2	16	M_canis_1_4.jpg
2	17	M_canis_1_8.jpg
2	18	M_canis_2_19.jpg
2	19	M_canis_2_2.jpg
2	20	M_canis_2_22.jpg
3	21	M_gypseum_1_11.jpg

3	22	M_gypseum_1_14.jpg
3	23	M_gypseum_1_2.jpg
3	24	M_gypseum_1_6.jpg
3	25	M_gypseum_1_7.jpg
3	26	M_gypseum_1_9.jpg
3	27	M_gypseum_2_1.jpg
3	28	M_gypseum_2_10.jpg
3	29	M_gypseum_2_12.jpg
3	30	M_gypseum_2_16.jpg
4	31	T_tonsurans_1_14.jpg
4	32	T_tonsurans_1_17.jpg
4	33	T_tonsurans_1_18.jpg
4	34	T_tonsurans_1_2.jpg
4	35	T_tonsurans_1_3.jpg
4	36	T_tonsurans_1_7.jpg
4	37	T_tonsurans_1_9.jpg
4	38	T_tonsurans_2_11.jpg
4	39	T_tonsurans_2_3.jpg
4	40	T_tonsurans_2_9.jpg
5	41	T_mentagrophytes_1_10.jpg
5	42	T_mentagrophytes_1_16.jpg
5	43	T_mentagrophytes_1_19.jpg
5	44	T_mentagrophytes_1_23.jpg
5	45	T_mentagrophytes_1_3.jpg
5	46	T_mentagrophytes_1_5.jpg
5	47	T_mentagrophytes_1_8.jpg
5	48	T_mentagrophytes_2_3.jpg
5	49	T_mentagrophytes_2_4.jpg
5	50	T_mentagrophytes_2_8.jpg
6	51	T_rubrum_1_10.jpg
6	52	T_rubrum_1_12.jpg
6	53	T_rubrum_1_14.jpg
6	54	T_rubrum_1_4.jpg
6	55	T_rubrum_1_7.jpg
6	56	T_rubrum_2_1.jpg
6	57	T_rubrum_2_12.jpg
6	58	T_rubrum_2_3.jpg
6	59	T_rubrum_2_5.jpg
6	60	T_rubrum_2_9.jpg

## Clasificación uno-vs-todos

#	Grupo	imagen	W	Q	R	S	T	U	V
1	1	E_floccosum_1_10.jpg	0	0	0	0	0	0	0
2	1	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	0	0	0	0	0
3	1	E_floccosum_1_17.jpg	2	1	2	0	0	0	0
4	1	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	0	0	0	0	0
5	1	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	0	0	0	0	0
6	1	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	0	0	0	0	0
7	1	E_floccosum_1_7.jpg	3	1	0	3	0	0	0
8	1	E_floccosum_2_21.jpg	0	0	0	0	0	0	0
9	1	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	0	0	0	0	0
10	1	E_floccosum_2_7.jpg	0	0	0	0	0	0	0
11	2	M_canis_1_1.jpg	2	0	2	0	0	0	0
12	2	M_canis_1_12.jpg	2	0	2	0	0	0	0
13	2	M_canis_1_14.jpg	2	0	2	0	0	0	0
14	2	M_canis_1_27.jpg	2	0	2	0	0	0	0
15	2	M_canis_1_30.jpg	0	0	0	0	0	0	0
16	2	M_canis_1_4.jpg	4	0	2	0	4	0	0
17	2	M_canis_1_8.jpg	2	0	2	0	0	0	0
18	2	M_canis_2_19.jpg	0	0	0	0	0	0	0
19	2	M_canis_2_2.jpg	4	1	0	0	4	0	0
20	2	M_canis_2_22.jpg	2	0	2	0	0	0	0
21	3	M_gypseum_1_11.jpg	3	0	0	3	0	0	0
22	3	M_gypseum_1_14.jpg	3	0	0	3	0	0	0
23	3	M_gypseum_1_2.jpg	3	0	0	3	0	0	0
24	3	M_gypseum_1_6.jpg	3	0	0	3	0	0	0
25	3	M_gypseum_1_7.jpg	6	0	0	0	0	0	6
26	3	M_gypseum_1_9.jpg	3	0	0	3	0	0	0
27	3	M_gypseum_2_1.jpg	0	0	0	0	0	0	0
28	3	M_gypseum_2_10.jpg	3	1	0	3	0	0	0
29	3	M_gypseum_2_12.jpg	5	0	2	3	0	5	0
30	3	M_gypseum_2_16.jpg	0	0	0	0	0	0	0
31	4	T_tonsurans_1_14.jpg	4	0	0	0	4	0	0
32	4	T_tonsurans_1_17.jpg	6	0	0	0	4	0	6
33	4	T_tonsurans_1_18.jpg	4	0	0	0	4	0	0
34	4	T_tonsurans_1_2.jpg	4	0	0	0	4	0	0
35	4	T_tonsurans_1_3.jpg	4	0	0	0	4	0	0
36	4	T_tonsurans_1_7.jpg	4	0	0	0	4	0	0
37	4	T_tonsurans_1_9.jpg	4	0	0	0	4	0	0
38	4	T_tonsurans_2_11.jpg	2	0	2	0	0	0	0
39	4	T_tonsurans_2_3.jpg	5	0	0	0	0	5	0
40	4	T_tonsurans_2_9.jpg	4	0	2	0	4	0	0



41	5	T_mentagrophytes_1_10.jpg	5	0	0	0	0	5	0
42	5	T_mentagrophytes_1_16.jpg	5	0	0	0	0	5	0
43	5	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	0	0	0	0	5	0
44	5	T_mentagrophytes_1_23.jpg	0	0	0	0	0	0	0
45	5	T_mentagrophytes_1_3.jpg	5	0	0	3	0	5	0
46	5	T_mentagrophytes_1_5.jpg	5	0	0	0	0	5	0
47	5	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	0	0	0	0	5	0
48	5	T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	0	0	0	0	5	0
49	5	T_mentagrophytes_2_4.jpg	5	0	2	0	0	5	0
50	5	T_mentagrophytes_2_8.jpg	2	0	2	0	0	0	0
51	6	T_rubrum_1_10.jpg	6	0	0	0	0	0	6
52	6	T_rubrum_1_12.jpg	6	0	0	0	0	0	6
53	6	T_rubrum_1_14.jpg	6	0	0	3	0	0	6
54	6	T_rubrum_1_4.jpg	6	0	0	0	4	0	6
55	6	T_rubrum_1_7.jpg	6	0	0	0	0	0	6
56	6	T_rubrum_2_1.jpg	0	0	0	0	0	0	0
57	6	T_rubrum_2_12.jpg	6	0	0	0	0	0	6
58	6	T_rubrum_2_3.jpg	0	0	0	0	0	0	0
59	6	T_rubrum_2_5.jpg	6	0	0	0	4	0	6
60	6	T_rubrum_2_9.jpg	0	0	0	0	0	0	0
			65%	91.66%	85%	90%	90%	93%	91.60%

## Anexo 2: tamaño y escalamiento

Prueba #1: Floccosum y Mentagrophytes

Entrenamiento con 12 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	400x300	240x180	160x120	80x60	40x30
			16/20	16/20	16/20	16/20	17/20
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1	1	1
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	2	2	2	2	1
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	1	1	1	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	1	1	1	1	1
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1	1	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	1	1	1	1	1
11	M_canis_1_1.jpg	2	2	2	2	2	2
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	2	2	2	2
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	2	2	2	2
14	M_canis_1_27.jpg	2	2	2	2	2	2
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	2	2	2	2
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	2	2	2
18	M_canis_2_19.jpg	2	1	1	1	1	1
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	2	2	2	2	2
			80%	80%	80%	80%	85%

Prueba #2: Floccosum, Canis y Mentagrophytes

Entrenamiento con 12 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	400x300	240x180	160x120	80x60	40x30
			23/30	23/30	24/30	23/30	24/30
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1	1	1
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	2	2	2	2	1
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	1	1	1	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	1	1	1	1	1
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1	1	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	5	5	1	5	1

11	M_canis_1_1.jpg	2	2	2	2	2	2
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	2	2	2	2
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	2	2	2	2
14	M_canis_1_27.jpg	2	2	2	2	2	2
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	2	2	2	2
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	2	2	2
18	M_canis_2_19.jpg	2	1	1	1	1	1
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	2	2	2	2	2
21	T_mentagrophytes_1_10.jpg	5	5	5	5	5	5
22	T_mentagrophytes_1_16.jpg	5	5	5	5	5	5
23	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	5	5	5	5	5
24	T_mentagrophytes_1_23.jpg	5	1	1	1	1	1
25	T_mentagrophytes_1_3.jpg	5	5	5	5	5	5
26	T_mentagrophytes_1_5.jpg	5	5	5	5	5	5
27	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	5	5	5	5	5
28	T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	5	5	5	5	5
29	T_mentagrophytes_2_4.jpg	5	5	5	5	5	2
30	T_mentagrophytes_2_8.jpg	5	2	2	2	2	2
			76.66%	76.66%	80%	76.66%	80%

Prueba #3: las 6 clases de dermatofitos.

Entrenamiento con 5 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	400x300	240x180	160x120	80x60	40x30
			39/60	39/60	39/60	38/60	37/60
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1	1	1
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	2	2	1	1	1
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	1	1	1	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	4	4	4	4	4
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1	1	4
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	4	4	4	4	4
11	M_canis_1_1.jpg	2	6	6	6	6	6
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	2	2	2	2
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	2	2	2	2
14	M_canis_1_27.jpg	2	2	2	2	2	1
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	2	2	2	2
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	2	2	2
18	M_canis_2_19.jpg	2	6	6	6	6	6
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	2	2	6	6	6

21	M_gypseum_1_11.jpg	3	3	3	3	3	3
22	M_gypseum_1_14.jpg	3	3	3	3	3	3
23	M_gypseum_1_2.jpg	3	3	3	3	3	3
24	M_gypseum_1_6.jpg	3	3	3	3	3	3
25	M_gypseum_1_7.jpg	3	3	3	3	3	3
26	M_gypseum_1_9.jpg	3	3	3	3	3	3
27	M_gypseum_2_1.jpg	3	3	3	3	3	3
28	M_gypseum_2_10.jpg	3	3	3	3	3	3
29	M_gypseum_2_12.jpg	3	3	3	3	3	3
30	M_gypseum_2_16.jpg	3	3	3	3	3	3
31	T_tonsurans_1_14.jpg	4	4	4	4	4	4
32	T_tonsurans_1_17.jpg	4	4	4	4	4	4
33	T_tonsurans_1_18.jpg	4	4	4	4	4	4
34	T_tonsurans_1_2.jpg	4	4	4	4	4	4
35	T_tonsurans_1_3.jpg	4	4	4	4	4	4
36	T_tonsurans_1_7.jpg	4	4	4	4	4	4
37	T_tonsurans_1_9.jpg	4	4	4	4	4	4
38	T_tonsurans_2_11.jpg	4	3	3	3	3	3
39	T_tonsurans_2_3.jpg	4	6	6	6	6	6
40	T_tonsurans_2_9.jpg	4	3	3	3	3	3
41	T_mentagrophytes_1_10.jpg	5	5	5	5	1	5
42	T_mentagrophytes_1_16.jpg	5	5	5	5	5	5
43	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	4	4	4	1	4
44	T_mentagrophytes_1_23.jpg	5	1	1	1	1	1
45	T_mentagrophytes_1_3.jpg	5	5	5	5	5	5
46	T_mentagrophytes_1_5.jpg	5	5	5	5	5	5
47	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	1	1	1	1	1
48	T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	6	6	6	6	6
49	T_mentagrophytes_2_4.jpg	5	2	2	2	2	2
50	T_mentagrophytes_2_8.jpg	5	2	2	2	2	2
51	T_rubrum_1_10.jpg	6	6	6	6	6	6
52	T_rubrum_1_12.jpg	6	6	6	6	6	6
53	T_rubrum_1_14.jpg	6	6	6	6	6	6
54	T_rubrum_1_4.jpg	6	6	6	6	6	6
55	T_rubrum_1_7.jpg	6	6	6	6	6	6
56	T_rubrum_2_1.jpg	6	3	3	3	3	3
57	T_rubrum_2_12.jpg	6	3	3	3	3	3
58	T_rubrum_2_3.jpg	6	3	3	3	3	3
59	T_rubrum_2_5.jpg	6	3	3	3	3	3
60	T_rubrum_2_9.jpg	6	3	3	3	3	3
			65%	65%	65%	63%	62%

## Resultados re-escalamiento de los datos

Para escalar los datos se utilizó una función en C: svmscale.exe que permite realizar el re-escalamiento de los datos. Esta función no se encuentra implementada en la versión java por lo que se utilizó directamente la versión para Windows. La forma de uso es:

```
svm-scale -l -1 -u 1 -s range train > train.scale  
svm-scale -r range test > test.scale
```

Donde los primeros parámetros definen la escala, en este caso [-1,1]. Los factores utilizados en el escalamiento del conjunto de entrenamiento son guardados en un archivo y son utilizados para escalar los datos de prueba (range).

Prueba #1 : Floccosum y Mentagrophytes

Entrenamiento con 12 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	Predicción	escala: [-1,1]	escala: 0,1]
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	2	2	2
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	2	2
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	1	1	1
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	1	1	1
11	M_canis_1_1.jpg	2	2	2	2
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	2	2
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	2	2
14	M_canis_1_27.jpg	2	2	2	2
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	1	1
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	2
18	M_canis_2_19.jpg	2	1	2	2
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	2	1	2
			80.00%	70.00%	75.00%

Prueba #2 : Floccosum, Canis y Mentagrophytes

Entrenamiento con 12 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	Preedición	escala: [-1,1]	escala: 0,1]
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1

2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	2	1	2
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	1	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	1	1	1
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	1	1	1
11	M_canis_1_1.jpg	2	2	2	2
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	2	2
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	2	2
14	M_canis_1_27.jpg	2	2	1	2
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	1	1
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	2
18	M_canis_2_19.jpg	2	1	2	2
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	2	1	2
21	T_mentagrophytes_1_10.jpg	5	5	1	1
22	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	5	1	1
23	T_mentagrophytes_1_23.jpg	5	1	1	2
24	T_mentagrophytes_1_3.jpg	5	5	1	5
25	T_mentagrophytes_1_5.jpg	5	5	5	5
26	T_mentagrophytes_1_7.jpg	5	1	1	1
27	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	5	1	1
28	T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	5	1	2
29	T_mentagrophytes_2_4.jpg	5	5	2	5
30	T_mentagrophytes_2_8.jpg	5	2	2	2
			76.60%	53%	63%

Prueba #3: las 6 clases de dermatofitos.

Entrenamiento con 5 imágenes

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

#	imagen	Grupo	Predicción	escala:[-1,1]	escala:0,1]
1	E_floccosum_1_10.jpg	1	1	1	1
2	E_floccosum_1_15.jpg	1	1	1	1
3	E_floccosum_1_17.jpg	1	1	1	1
4	E_floccosum_1_18.jpg	1	1	1	1
5	E_floccosum_1_2.jpg	1	1	1	1
6	E_floccosum_1_22.jpg	1	1	1	1
7	E_floccosum_1_7.jpg	1	1	6	1
8	E_floccosum_2_21.jpg	1	4	1	1
9	E_floccosum_2_4.jpg	1	1	1	1
10	E_floccosum_2_7.jpg	1	4	4	4
11	M_canis_1_1.jpg	2	6	6	6
12	M_canis_1_12.jpg	2	2	6	6
13	M_canis_1_14.jpg	2	2	6	2

14	M_canis_1_27.jpg	2	2	2	1
15	M_canis_1_30.jpg	2	1	1	1
16	M_canis_1_4.jpg	2	2	1	1
17	M_canis_1_8.jpg	2	2	2	1
18	M_canis_2_19.jpg	2	6	6	6
19	M_canis_2_2.jpg	2	1	1	1
20	M_canis_2_22.jpg	2	6	6	6
21	M_gypseum_1_11.jpg	3	3	3	3
22	M_gypseum_1_14.jpg	3	3	3	3
23	M_gypseum_1_2.jpg	3	3	3	3
24	M_gypseum_1_6.jpg	3	3	3	3
25	M_gypseum_1_7.jpg	3	3	3	3
26	M_gypseum_1_9.jpg	3	3	3	3
27	M_gypseum_2_1.jpg	3	3	6	3
28	M_gypseum_2_10.jpg	3	3	5	3
29	M_gypseum_2_12.jpg	3	3	6	3
30	M_gypseum_2_16.jpg	3	3	6	3
31	T_tonsurans_1_14.jpg	4	4	4	4
32	T_tonsurans_1_17.jpg	4	4	4	4
33	T_tonsurans_1_18.jpg	4	4	4	4
34	T_tonsurans_1_2.jpg	4	4	4	4
35	T_tonsurans_1_3.jpg	4	4	4	4
36	T_tonsurans_1_7.jpg	4	4	4	4
37	T_tonsurans_1_9.jpg	4	4	4	4
38	T_tonsurans_2_11.jpg	4	3	6	3
39	T_tonsurans_2_3.jpg	4	6	6	6
40	T_tonsurans_2_9.jpg	4	3	6	3
41	T_mentagrophytes_1_10.jpg	5	5	1	1
42	T_mentagrophytes_1_16.jpg	5	5	6	6
43	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	4	1	1
44	T_mentagrophytes_1_23.jpg	5	1	6	1
45	T_mentagrophytes_1_3.jpg	5	5	1	5
46	T_mentagrophytes_1_5.jpg	5	5	5	5
47	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	1	1	1
48	T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	6	6	6
49	T_mentagrophytes_2_4.jpg	5	2	1	1
50	T_mentagrophytes_2_8.jpg	5	2	2	2
51	T_rubrum_1_10.jpg	6	6	6	6
52	T_rubrum_1_12.jpg	6	6	6	6
53	T_rubrum_1_14.jpg	6	6	6	6
54	T_rubrum_1_4.jpg	6	6	6	6
55	T_rubrum_1_7.jpg	6	6	6	6
56	T_rubrum_2_1.jpg	6	3	6	3
57	T_rubrum_2_12.jpg	6	3	6	3
58	T_rubrum_2_3.jpg	6	3	6	3
59	T_rubrum_2_5.jpg	6	3	6	3
60	T_rubrum_2_9.jpg	6	3	6	3
			65%	57.00%	56.66

## Anexo 3: preprocesamiento de las imágenes

### Proc. 10

#	Grupo	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	1	2	2	3	1	1	1										
2	1	1	1	1	1	1	1										
3	1	2	2	1	1	1	1										
4	1	1	1	1	1	1	1										
5	1	1	1	1	1	1	1										
6	1	3	1	3	1	1	1										
7	1	1	1	1	1	1	1										
8	1	6	1	1	4	1	6										
9	1	1	1	1	1	1	1										
10	1	1	1	1	1	1	1										
11	2	2	2					2	2	2	2						
12	2	2	2					2	2	2	2						
13	2	2	2					2	2	2	2						
14	2	2	2					2	2	2	2						
15	2	3	2					3	2	2	2						
16	2	4	2					2	4	2	2						
17	2	2	2					2	2	2	2						
18	2	6	1					3	4	5	6						
19	2	4	1					2	4	2	6						
20	2	2	2					2	2	2	2						
21	3	3		3				3				3	3	3			
22	3	3		3				3				3	3	3			
23	3	3		3				3				3	3	3			
24	3	3		3				3				3	3	3			
25	3	6		1				3				4	3	6			
26	3	3		3				3				3	3	3			
27	3	4		1				2				4	3	6			
28	3	3		3				3				3	3	3			
29	3	3		3				3				3	3	3			
30	3	1		1				3				3	3	3			
31	4	4			4				4			4			4	4	
32	4	4			4				4			4			4	4	
33	4	4			4				4			4			4	4	
34	4	4			4				4			4			4	4	
35	4	4			4				4			4			4	4	
36	4	4			4				4			4			4	4	
37	4	4			4				4			4			4	4	
38	4	2			4				2			4			4	4	



39	4	3			1				2			3			5	6		
40	4	2			4				2			4			4	4		
41	5	3				5				5			3		5		5	
42	5	5				5				5			5		5		5	
43	5	5				5				5			5		5		5	
44	5	1				1				5			3		5		5	
45	5	3				5				5			3		5		5	
46	5	5				5				5			5		5		5	
47	5	5				5				5			5		5		5	
48	5	3				5				5			3		5		5	
49	5	2				5				2			5		5		5	
50	5	2				5				2			3		5		5	
51	6	6					6				6			6		6	6	
52	6	6					6				6			6		6	6	
53	6	6					6				6			6		6	6	
54	6	4					6				6			6		4	6	
55	6	6					6				6			6		6	6	
56	6	6					6				6			6		6	6	
57	6	6					6				6			6		6	6	
58	6	6					6				6			6		6	6	
59	6	4					6				6			6		4	6	
60	6	6					6				6			6		6	6	
			<b>63%</b>	<b>80%</b>	<b>75%</b>	<b>90%</b>	<b>95%</b>	<b>95%</b>	<b>85%</b>	<b>70%</b>	<b>85%</b>	<b>90%</b>	<b>85%</b>	<b>75%</b>	<b>90%</b>	<b>95%</b>	<b>85%</b>	<b>100%</b>

### Proc. 11

Las imágenes de test y de entrenamiento son las mismas que en el anexo 1, pruebas multiclase uno-vs-uno.

#	Grp	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	1	2	2	1	1	1	1										
2	1	1	1	1	1	1	1										
3	1	2	2	1	1	1	1										
4	1	1	1	1	1	1	1										
5	1	1	1	1	1	1	1										
6	1	3	1	3	1	1	1										
7	1	1	1	1	1	1	1										
8	1	6	1	1	4	5	6										
9	1	1	1	1	1	1	1										
10	1	1	1	1	1	1	1										
11	2	2	1					2	2	2	2						
12	2	2	2					2	2	2	2						
13	2	2	2					2	2	2	2						
14	2	2	2					2	2	2	2						
15	2	3	1					3	2	2	2						
16	2	4	2					2	4	2	2						
17	2	2	2					2	2	2	2						

18	2	6	1					3	4	5	6						
19	2	4	1					2	4	5	6						
20	2	2	2					2	2	2	2						
21	3	3		3				3				3	3	3			
22	3	3		3				3				3	3	3			
23	3	3		3				3				3	3	3			
24	3	3		3				3				3	3	3			
25	3	6		3				3				4	3	6			
26	3	3		3				3				3	3	3			
27	3	4		1				2				4	3	6			
28	3	3		3				3				3	3	3			
29	3	3		3				3				3	3	3			
30	3	1		1				3				3	3	3			
31	4	4			4				4			4			4	4	
32	4	4			4				4			4			4	4	
33	4	4			4				4			4			4	4	
34	4	4			4				4			4			4	4	
35	4	4			4				4			4			4	4	
36	4	4			4				4			4			4	4	
37	4	4			4				4			4			4	4	
38	4	2			4				2			4			5	4	
39	4	5			1				2			3			5	6	
40	4	2			4				2			4			4	4	
41	5	5				5				5			5		5		5
42	5	5				5				5			5		5		5
43	5	5				5				5			5		5		5
44	5	1				1				5			3		5		5
45	5	5				5				5			5		5		5
46	5	5				5				5			5		5		5
47	5	5				5				5			5		5		5
48	5	5				5				5			5		5		5
49	5	2				5				2			5		5		5
50	5	2				5				2			3		5		5
51	6	6					6				6			6		6	6
52	6	6					6				6			6		6	6
53	6	6					6				6			6		6	6
54	6	4					6				6			6		4	6
55	6	6					6				6			6		6	6
56	6	6					6				6			6		6	6
57	6	6					6				6			6		6	6
58	6	6					6				6			6		6	6
59	6	4					6				6			6		4	6
60	6	6					6				6			6		6	6
		68%	80%	85%	90%	90%	95%	85%	70%	80%	90%	85%	90%	90%	90%	85%	100%

**Proc. 12**

Grupo	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	1	1	1	1	1	1										
1	1	1	1	1	1	1										
1	2	2	1	1	1	1										
1	1	1	1	1	1	1										
1	1	1	1	1	1	1										
1	1	1	1	1	1	1										
1	3	1	3	1	1	1										
1	6	1	3	4	1	6										
1	4	1	1	4	1	1										
1	1	1	1	1	1	1										
2	1	1					2	2	2	2						
2	2	2					2	2	2	2						
2	2	2					2	2	2	2						
2	2	2					2	2	2	2						
2	3	1					3	4	5	6						
2	2	2					2	2	2	2						
2	2	2					2	2	2	2						
2	3	1					3	4	5	6						
2	4	1					3	4	5	2						
2	2	2					2	2	2	2						
3	3		3				3				3	3	3			
3	3		3				3				3	3	3			
3	3		3				3				3	3	3			
3	3		3				3				3	3	3			
3	3		3				3				3	3	3			
3	3		3				3				3	3	3			
3	1		1				3				4	3	3			
3	1		1				3				3	3	3			
3	5		1				2				3	5	3			
3	3		3				3				3	3	3			
4	4			4				4			4			4	4	
4	6			4				4			4			4	6	
4	4			4				4			4			4	4	
4	4			4				4			4			4	4	
4	4			1				2			4			4	4	
4	4			1				4			4			4	4	
4	4			1				4			4			4	4	
4	2			1				2			3			5	4	
4	5			1				2			3			5	4	
4	2			1				2			3			5	4	
5	5				5				5			5		5		5
5	5				5				5			5		5		5

5	5				5				5			5		5		5
5	1				1				5			5		4		5
5	5				5				5			5		5		5
5	5				5				5			5		5		5
5	5				5				5			5		5		5
5	5				5				5			5		5		5
5	2				5				2			5		5		5
5	2				1				2			5		5		5
6	6				6				6			6		6		6
6	6				6				6			6		6		6
6	6				6				6			6		6		6
6	6				6				6			6		6		6
6	6				6				6			6		6		6
6	1				1				2			3		4		6
6	6				6				6			6		6		6
6	3				1				6			3		4		6
6	4				1				6			3		4		6
6	3				1				2			3		4		6
	<b>63%</b>	<b>75%</b>	<b>75%</b>	<b>60%</b>	<b>90%</b>	<b>75%</b>	<b>80%</b>	<b>65%</b>	<b>75%</b>	<b>80%</b>	<b>80%</b>	<b>95%</b>	<b>80%</b>	<b>80%</b>	<b>75%</b>	<b>100%</b>

## Anexo 4: estabilidad del modelo

### Pruebas aplicando cross-validation

ID	Descripción de la prueba
C1	10-cross validation. 15 imágenes c/clase. Proc. 11
C2	10-cross validation. 5 imágenes c/clase. Proc. 11
C3	4-cross validation. 5 imágenes c/clase. Proc. 11
C4	4-cross validation. 15 imágenes c/clase. Sin proc.
C5	4-cross validation. 15 imágenes c/clase. Sin proc.

ID	Cross-validation					
	1	2	3	4	5	6
C1	91.11%	93.33%	92.22%	93.33%	92.22%	93.33%
C2	93.33%	93.33%	93.33%	92.22%	93.33%	93.33%
C3	92.22%	91.11%	92.22%	92.22%	88.88%	88.88%
C4	90.00%	86.66%	84.44%	91.11%	85.55%	88.88%
C5	76.66%	80.00%	76.66%	80.00%	80.00%	73.33%
	iteraciones					

\* Esta prueba se hizo con las imágenes originales sin preprocesamiento.

### Cantidad de imágenes de entrenamiento

Resultado de las pruebas variando las imágenes de entrenamiento y realizando el mismo con 4,6 y 8 imágenes.

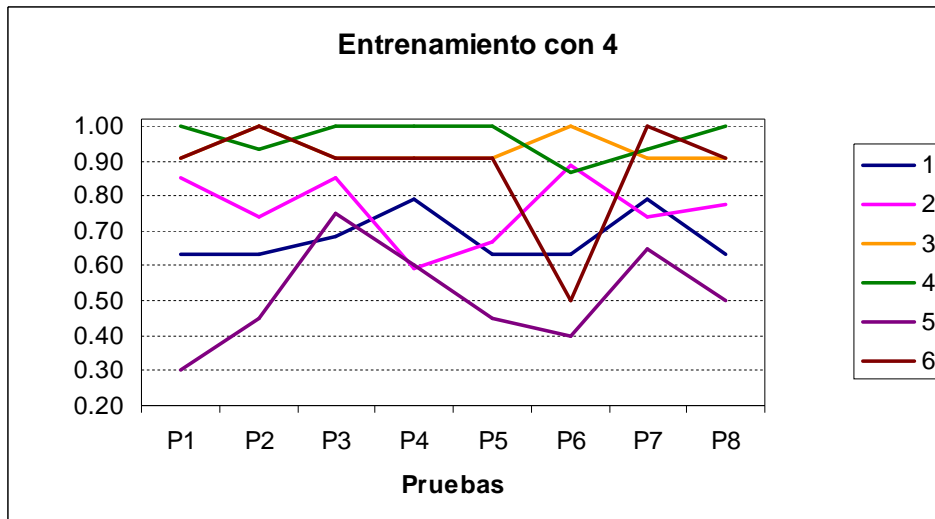
Cant. de entrenam.	Pruebas variando las imágenes de entrenamiento					
	P1	P2	P3	P4	P5	P6
<b>modelo-4</b>	0.74	0.74	0.84	0.76	0.72	0.77
<b>modelo-6</b>	0.80	0.87	0.84	0.79	0.84	0.79
<b>modelo-8</b>	0.81	0.90	0.84	0.84	0.84	0.84

## Pruebas de la estabilidad de cada clase

Nota : en estas pruebas no se quiere observar el performance real de la máquina sino la variación de cada clase a lo largo de las pruebas, ya que cada una de las clases contiene una cantidad de imágenes distintas para prueba y se quiso ver el resultado de todas dentro de las pruebas.

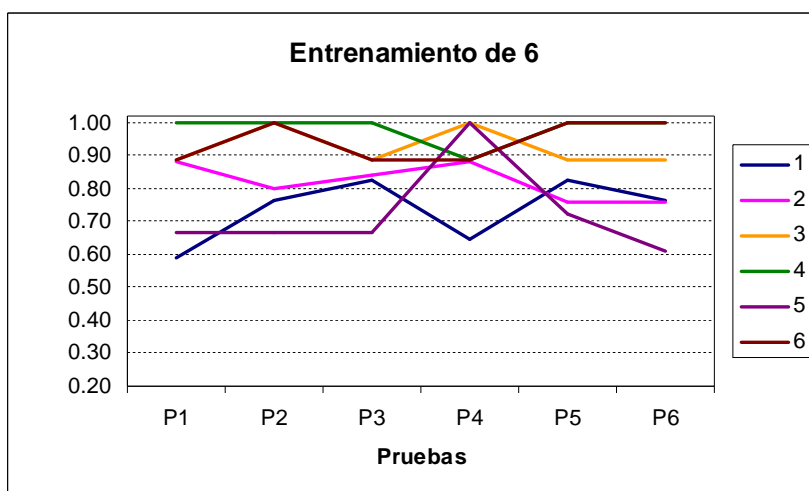
### Entrenamiento con 4

ENTRENAMIENTO CON 4								
Grupo	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8
1	0.63	0.63	0.68	0.79	0.63	0.63	0.79	0.63
2	0.85	0.74	0.85	0.59	0.67	0.89	0.74	0.78
3	0.91	1.00	0.91	0.91	0.91	1.00	0.91	0.91
4	1.00	0.93	1.00	1.00	1.00	0.87	0.93	1.00
5	0.30	0.45	0.75	0.60	0.45	0.40	0.65	0.50
6	0.91	1.00	0.91	0.91	0.91	0.50	1.00	0.91
total	0.74	0.74	0.84	0.76	0.72	0.77	0.81	0.76



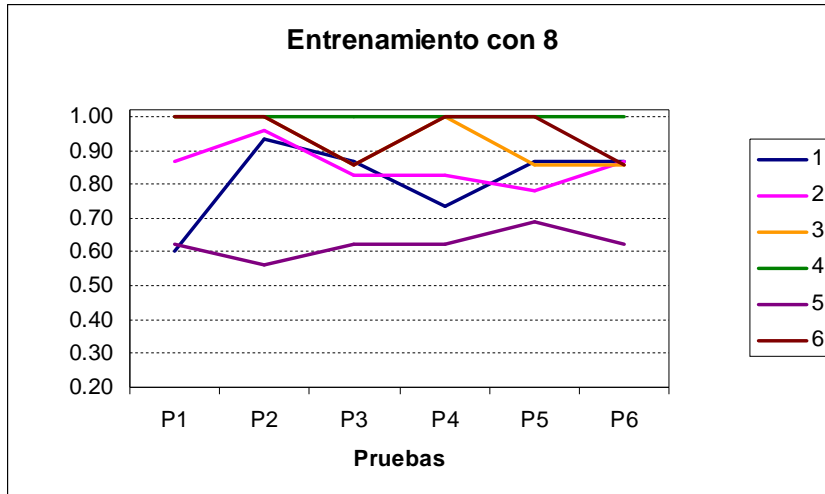
### Entrenamiento con 6

ENTRENAMIENTO CON 6						
Grupo	P1	P2	P3	P4	P5	P6
1	0.59	0.76	0.82	0.65	0.82	0.76
2	0.88	0.80	0.84	0.88	0.76	0.76
3	0.89	1.00	0.89	1.00	0.89	0.89
4	1.00	1.00	1.00	0.89	1.00	1.00
5	0.67	0.67	0.67	1.00	0.72	0.61
6	0.89	1.00	0.89	0.89	1.00	1.00
	0.80	0.87	0.84	0.79	0.84	0.79



### Entrenamiento con 8

ENTRENAMIENTO CON 8						
Grupo	P1	P2	P3	P4	P5	P6
1	0.60	0.93	0.87	0.73	0.87	0.87
2	0.87	0.96	0.83	0.83	0.78	0.87
3	1.00	1.00	0.86	1.00	0.86	0.86
4	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
5	0.63	0.56	0.63	0.63	0.69	0.63
6	1.00	1.00	0.86	1.00	1.00	0.86
	0.81	0.90	0.84	0.84	0.84	0.84



### Detalle de la clasificación con 6

La siguiente tabla presenta la configuración y el resultado detallado de las pruebas realizadas con 6 imágenes de entrenamiento. En la tabla figuran todas las imágenes con las que se cuenta de la muestra 1. Las marcadas con X fueron utilizadas en el entrenamiento en cada caso y las restantes como test. De esta manera se puede observar el comportamiento de todas las imágenes. Las imágenes marcadas en rojo presentaron problemas en todas o casi todas las pruebas.

	Imagen	P1		P2		P3		P4		P5		P6	
		M	Test	M	Test	M	Test	M	Test	M	Test	M	Test
1	E_floccosum_1_1.jpg	X		X			1		1		1		1
1	E_floccosum_1_10.jpg		2		1	X		X			5		1
1	E_floccosum_1_11.jpg	X		X			1		1		1		1
1	E_floccosum_1_12.jpg		1		1		1		1	X			1
1	E_floccosum_1_13.jpg		1		1		1		1	X			6
1	E_floccosum_1_14.jpg		4		4		4		4	X			4
1	E_floccosum_1_15.jpg		1		1	X		X			1		1
1	E_floccosum_1_16.jpg	X		X			1		1		1		1
1	E_floccosum_1_17.jpg		2		2		1		2		1	X	
1	E_floccosum_1_18.jpg		1		1	X		X			1		1
1	E_floccosum_1_19.jpg		5		5		1		5		1	X	
1	E_floccosum_1_2.jpg		1		1		1		1		1		1
1	E_floccosum_1_20.jpg		3	X			3		3	X			3
1	E_floccosum_1_21.jpg		1		1		1	X			5	X	
1	E_floccosum_1_22.jpg		3		2		5	X			5	X	
1	E_floccosum_1_23.jpg		1	X			1		1	X			1
1	E_floccosum_1_3.jpg	X			1	X			1		1		1
1	E_floccosum_1_4.jpg		1		1		1		1		1		1



1	E_floccosum_1_5.jpg	X			1	X			1		1		1
1	E_floccosum_1_6.jpg		2		1		1	X			1	X	
1	E_floccosum_1_7.jpg		1	X			1		6	X			6
1	E_floccosum_1_8.jpg		1		1		1		6		1	X	
1	E_floccosum_1_9.jpg	X			1	X			1		1		1
2	M_canis_1_1.jpg		2		2	X			2	X			1
2	M_canis_1_10.jpg		2		2		2	X			2	X	
2	M_canis_1_11.jpg	X		X			2		2		2		2
2	M_canis_1_12.jpg		2		2	X			2	X			2
2	M_canis_1_13.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_14.jpg		2		2		2	X			2	X	
2	M_canis_1_15.jpg	X		X			2		2		2		2
2	M_canis_1_16.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_17.jpg		2		2	X			2	X			2
2	M_canis_1_18.jpg		2		2		2		2		1		1
2	M_canis_1_19.jpg		2		2		2	X			2	X	
2	M_canis_1_2.jpg	X		X			5		2		5		2
2	M_canis_1_20.jpg	X			2	X			2		2		2
2	M_canis_1_21.jpg		2		2		2		2		3		3
2	M_canis_1_22.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_23.jpg		2	X			2	X			2		2
2	M_canis_1_24.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_25.jpg	X			2	X			2		2		2
2	M_canis_1_26.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_27.jpg		2	X			2	X			2		2
2	M_canis_1_28.jpg		2		2		2		2		2		3
2	M_canis_1_29.jpg		2		2		2		2		2	X	
2	M_canis_1_3.jpg		2		2		2	X			2		2
2	M_canis_1_30.jpg		3	X			3		3		3		3
2	M_canis_1_31.jpg		5		3		3		3	X			3
2	M_canis_1_4.jpg		4		4		4		4		4	X	
2	M_canis_1_5.jpg	X				X			2		2		2
2	M_canis_1_6.jpg		2		2		2		2		2		2
2	M_canis_1_7.jpg		2		2		2		2	X			2
2	M_canis_1_8.jpg		2		2		2		2		1	X	
2	M_canis_1_9.jpg		2		2		2		2	X			2
3	M_gypseum_1_1.jpg	X		X			3	X			3		3
3	M_gypseum_1_10.jpg	X		X			3		3		3	X	
3	M_gypseum_1_11.jpg		3		3	X			3	X			3
3	M_gypseum_1_12.jpg	X		X			3		3		3	X	
3	M_gypseum_1_13.jpg		3		3	X			3	X			3
3	M_gypseum_1_14.jpg		3		3	X			3	X			3
3	M_gypseum_1_15.jpg	X			3	X			3		3		3
3	M_gypseum_1_2.jpg		3	X			3	X			3	X	
3	M_gypseum_1_3.jpg	X			3	X			3	X			3
3	M_gypseum_1_4.jpg		3		3		3		3		3		3

3	M_gypseum_1_5.jpg	X			3	X			3		3	X	
3	M_gypseum_1_6.jpg		3	X			3	X			3	X	
3	M_gypseum_1_7.jpg		6	X			6	X			6		6
3	M_gypseum_1_8.jpg		3		3		3	X		X			3
3	M_gypseum_1_9.jpg		3		3		3	X		X		X	
4	T_tonsurans_1_1.jpg		4		4		4		4	X		X	
4	T_tonsurans_1_10.jpg	X		X			4		4		4		4
4	T_tonsurans_1_11.jpg		4		4	X		X			4		4
4	T_tonsurans_1_12.jpg	X		X			4		4		4		4
4	T_tonsurans_1_13.jpg	X		X			4		4		4	X	
4	T_tonsurans_1_14.jpg		4		4	X		X			4		4
4	T_tonsurans_1_15.jpg		4		4	X		X			4		4
4	T_tonsurans_1_16.jpg	X			4	X			4		4		4
4	T_tonsurans_1_17.jpg		4	X			4		6	X			4
4	T_tonsurans_1_18.jpg		4				4		4		4		4
4	T_tonsurans_1_19.jpg		4	X			4		4	X	4		4
4	T_tonsurans_1_2.jpg		4		4		4		4		4		4
4	T_tonsurans_1_3.jpg	X			4	X			4	X			4
4	T_tonsurans_1_4.jpg		4		4		4	X			4	X	
4	T_tonsurans_1_5.jpg		4		4		4	X			4	X	
4	T_tonsurans_1_6.jpg	X			4	X			4		4		4
4	T_tonsurans_1_7.jpg		4		4		4		4	X		X	
4	T_tonsurans_1_8.jpg		4	X			4		4	X			4
4	T_tonsurans_1_9.jpg		4		4		4	X			4	X	
5	T_mentagrophytes_1_1.jpg	X		X			5		3		3		5
5	T_mentagrophytes_1_10.jpg		5		2	X			5	X			5
5	T_mentagrophytes_1_11.jpg		5		5		5		5		5	X	
5	T_mentagrophytes_1_12.jpg		2		1	X			2	X			2
5	T_mentagrophytes_1_13.jpg		4		4		4		4		4	X	
5	T_mentagrophytes_1_14.jpg	X		X			4		4		5		5
5	T_mentagrophytes_1_15.jpg		5		5		6	X			1		6
5	T_mentagrophytes_1_16.jpg		5		5		5		5		5	X	
5	T_mentagrophytes_1_17.jpg		2		2	X			2	X			2
5	T_mentagrophytes_1_18.jpg		5		5		5	X			5		5
5	T_mentagrophytes_1_19.jpg		5		5		5		5		5	X	
5	T_mentagrophytes_1_2.jpg	X		X			5		5		5		5
5	T_mentagrophytes_1_20.jpg		5		5		5	X			5		5
5	T_mentagrophytes_1_21.jpg		2		2		5		5	X			2
5	T_mentagrophytes_1_22.jpg	X			5	X			5		5		5
5	T_mentagrophytes_1_23.jpg		1	X			1	X			5		1
5	T_mentagrophytes_1_24.jpg		5		5		5		5	X			5
5	T_mentagrophytes_1_3.jpg		5		5		3		3		3	X	
5	T_mentagrophytes_1_4.jpg		1	X			1	X			1		1
5	T_mentagrophytes_1_5.jpg		5		5		5		5		5	X	
5	T_mentagrophytes_1_6.jpg	X			5	X			5		5		5
5	T_mentagrophytes_1_7.jpg		5		5		5		6	X			3

5	T_mentagrophytes_1_8.jpg		5	X			5	X			5		5
5	T_mentagrophytes_1_9.jpg	X			3	X			3		5		5
6	T_rubrum_1_1.jpg	X		X			6		6		6		6
6	T_rubrum_1_10.jpg		6		6	X		X			6		6
6	T_rubrum_1_11.jpg	X		X			6		6		6	X	
6	T_rubrum_1_12.jpg		6		6	X		X			6		6
6	T_rubrum_1_13.jpg	X		X			6		6		6		6
6	T_rubrum_1_14.jpg		6		6	X		X			6	X	
6	T_rubrum_1_15.jpg		6	X			6		6	X			6
6	T_rubrum_1_2.jpg	X			6	X			6		6	X	
6	T_rubrum_1_3.jpg		6		6		6	X		X			6
6	T_rubrum_1_4.jpg		4	X			4		4	X			4
6	T_rubrum_1_5.jpg		6		6		6	X		X			6
6	T_rubrum_1_6.jpg	X			6	X			6		6	X	
6	T_rubrum_1_7.jpg		6		6		6	X		X			6
6	T_rubrum_1_8.jpg		6	X			6		6	X		X	
6	T_rubrum_1_9.jpg	X			6	X			6		6	X	
			80%		87%		84%		79%		84%		79%

## Anexo 5: reconocimiento entre muestras

### Entrenamiento con muestra 1

Para esta prueba se tomaron 8 imágenes de la muestra 1 para el entrenamiento y 7 de cada muestra para el test. (Las 7 imágenes de test de la muestra 1 son distintas a las usadas para el entrenamiento). Se aplicaron la mayoría de los procesamientos mencionados en el anexo 5 a fin de verificar nuevamente el comportamiento entre muestras. Se detallan aquí los procesamientos que brindaron mejores resultados.

ENTRENAMIENTO CON 8 DE LA MUESTRA 1												
Proc	Sin proc.			proc 11			proc 14			proc 16		
Muestra	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Grupo												
1	0.86	0.00	0.00	0.86	0.43	0.00	0.71	0.14	0.14	0.71	0.14	0.00
2	0.86	0.14	0.29	0.71	0.00	0.00	0.43	0.00	0.43	0.43	0.00	0.29
3	1.00	1.00	0.43	0.86	0.71	0.00	0.86	0.57	0.14	0.86	0.57	0.14
4	1.00	0.00	0.00	1.00	0.00	0.75	0.71	0.14	0.00	0.71	0.14	0.14
5	0.43	0.14	0.00	0.71	0.00	1.00	1.00	1.00	0.57	1.00	1.00	0.29
6	1.00	0.00	0.14	0.71	0.57	0.17	1.00	0.71	0.14	1.00	0.71	0.00
	85.70%	23.80%	14.28%	83.00%	28.57%	26.19%	78.57%	42.85%	23.80%	78.57%	42.85%	16.66%

### Entrenamiento con muestra 2

Del mismo modo que la prueba anterior, solo que se tomaron en este caso 6 imágenes de la muestra 2 de entrenamiento y 6 de test de cada muestra ya que la cantidad de imágenes de la segunda muestra es menor.

ENTRENAMIENTO CON 6 DE LA MUESTRA 2												
Se utilizan 6 imágenes para el test de cada grupo												
Proc	Sin proc.			proc 11			proc 14			proc 16		
Muestra	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Grupo												
1	0.67	1.00	0.00	0.17	1.00	0.00	0.00	0.33	0.33	0.00	0.33	0.17
2	0/6	1.00	0.00	0.17	0.17	0.00	0.17	0.33	0.00	0.17	0.00	0.00
3	1.00	1.00	0.33	1.00	0.67	0.00	0.17	0.17	0.00	0.33	0.17	0.17
4	0/6	1.00	0.00	0.00	0.83	0.17	0.00	0.00	0.17	0.00	0.33	0.00
5	0.00	0.83	0.00	0.00	0.67	0.00	0.17	0.67	0.83	0.67	0.67	0.50
6	0.00	1.00	0.17	1.00	1.00	0.50	1.00	1.00	0.67	1.00	1.00	0.67
	27.70%	97.00%	8.33%	44.44%	75.00%	11.11%	30.55%	44.44%	33.33%	36.11%	41.66%	25.00%

## Entrenamiento mixto

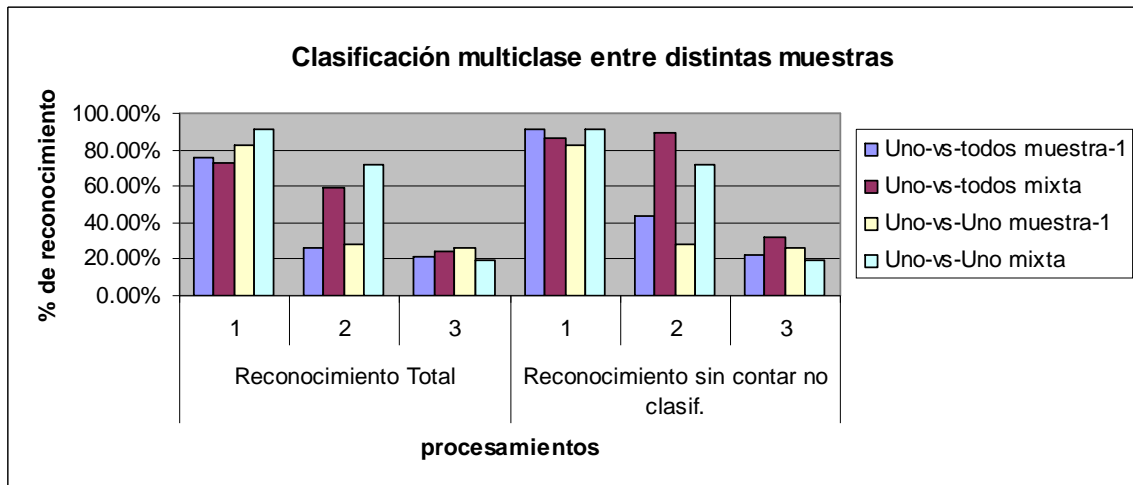
Para esta prueba se tomaron 6 imágenes de la muestra 1 y 6 imágenes de la muestra 2 y se entrenó la máquina con este conjunto, probando sobre el mismo set anterior de 6 imágenes de cada una de las muestras.

### ENTRENAMIENTO CON 6 DE LA MUESTRA 1 Y 6 DE LA MUESTRA 2

Para test se utilizaron 6 imágenes de cada muestra

Proc	Sin proc.			proc 11			proc 14			proc 16		
Muestra	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Grupo												
1	0.83	1.00	0.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.33	0.67	0.17
2	0.67	0.17	0.00	0.83	0.17	0.00	0.83	0.50	0.00	0.33	0.67	0.00
3	1.00	1.00	0.33	1.00	0.50	0.00	0.17	0.33	0.00	0.50	0.00	0.00
4	0.83	1.00	0.00	1.00	0.67	0.50	0.33	0	0.17	0.50	0.50	0.17
5	0.17	0.67	0.00	0.67	1.00	0.50	1.00	0.83	0.50	1.00	0.83	0.50
6	1.00	0.67	0.17	1.00	1.00	0.17	0.00	0.17	0.33	1.00	1.00	0.33
	72.00%	75.00%	8.33%	91.60%	72.00%	19.44%	41.66%	33.33%	19.44%	61.11%	61.11%	19.44%

## Comparación estrategias multiclase frente a distintas muestras



		Reconocimiento Total			Reconocimiento sin contar no clasif.		
		1	2	3	1	2	3
Uno-vs-todos	muestra-1	76.19%	26.19%	21.42%	91.43%	44.00%	21.95%
	mixta	73.00%	59.52%	23.80%	86.11%	89.29%	32.35%
Uno-vs-Uno	muestra-1	83.00%	28.57%	26.19%	83.00%	28.57%	26.19%
	mixta	91.60%	72.00%	19.44%	91.60%	72.00%	19.44%

## Entrenamiento con muestra 1

### TEST MUESTRA 1

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8*5 negativos								
		W	Q	R	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	32	38	41	41	38	41	40
No clasificadas (0)	N	7						
Falsos positivos	FP	3	4	1	1	4	1	2
	Total	76%						
Aciertos	C/C+FP	<b>91.43%</b>	90.48%	97.62%	97.62%	90.48%	97.62%	95.24%

### TEST MUESTRA 2

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8\*5 negativos

		W	Q	R	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	11	35	30	34	35	32	35
No clasificadas (0)	N	17						
Falsos positivos	FP	14	7	12	8	7	10	7
	Total	26%						
Aciertos	C/C+FP	<b>44.00%</b>	83.33%	71.43%	80.95%	83.33%	76.19%	83.33%

### TEST MUESTRA 3

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8\*5 negativos

		W	Q	R	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	9	35	32	34	33	11	37
No clasificadas (0)	N	1						
Falsos positivos	FP	32	7	10	8	9	31	5
	Total	21%						
Aciertos	C/C+FP	<b>21.95%</b>	83.33%	76.19%	80.95%	78.57%	26.19%	88.10%

## Entrenamiento con muestra mixta

### TEST MUESTRA 1

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8*5 negativos								
		W	Q_m1	R_m1	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	31	39	41	38	40	39	40
No clasificadas (0)	N	6						
Falsos positivos	FP	5	3	1	4	2	3	2
	Total	73%						
Aciertos	C/C+FP	<b>86.11%</b>	92.86%	97.62%	90.48%	95.24%	92.86%	95.24%

### TEST MUESTRA 2

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8\*5 negativos

		W	Q_m1	R_m1	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	25	38	35	40	40	37	42
No clasificadas (0)	N	14						
Falsos positivos	FP	3	4	7	2	2	5	0
	Total	60%						
Aciertos	C/C+FP	<b>89.29%</b>	90.48%	83.33%	95.24%	95.24%	88.10%	100.00%

### TEST MUESTRA 3

Entrenamiento:muestra 1, 8 positivos y 8\*5 negativos

		W	Q_m1	R_m1	S	T	U	V
Clasificadas OK	C	11	35	34	35	28	22	37
No clasificadas (0)	N	8						
Falsos positivos	FP	23	7	8	7	14	20	5
	Total	24%						
Aciertos	C/C+FP	<b>32.35%</b>	83.33%	80.95%	83.33%	66.67%	52.38%	88.10%

## Comparación técnicas multiclase con Of\*

Entrenamiento con muestra 1 solamente						
	Reconocimiento de muestra 1			Reconocimiento de muestra 2		
	U-vs-T	U-vs-U	Of *	U-vs-T	U-vs-U	Of *
Total	76.19%	83.00%	78.57%	26.19%	28.57%	28.57%
Aciertos: C/C+M	<b>91.43%</b>	83.00%	94.29%	44.00%	28.57%	48.00%

Entrenamiento con muestra 1						
	Reconocimiento Total			Reconocimiento sin contar no clasif.		
	1	2	3	1	2	3
Uno-vs-todos	76.19%	26.19%	21.42%	91.43%	44.00%	21.95%
Uno-vs-Uno	83.00%	28.57%	26.19%	83.00%	28.57%	26.19%
Fo*	78.57%	28.57%	19.00%	94.29%	48.00%	19.51%

### Detalle de la clasificación de la muestra 1

Imágenes procesadas con normalizado y suavizado de bordes.

Entrenamiento: 8 imágenes de la muestra 1

Test: 7 imágenes de cada clase

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

	clase	Q	R	S	T	U	V	U-vs-T	U-vs-U	Of*
1E_floccosum_1_11.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
2E_floccosum_1_14.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
3E_floccosum_1_19.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
4E_floccosum_1_2.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
5E_floccosum_1_23.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
6E_floccosum_1_7.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
7E_floccosum_1_8.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
8M_canis_1_10.jpg	2	1	2	0	0	0	0	2	1	2
9M_canis_1_15.jpg	2	0	2	0	0	0	0	2	2	2
10M_canis_1_21.jpg	2	0	2	0	0	0	0	2	2	2
11M_canis_1_24.jpg	2	0	2	0	0	0	0	2	2	2
12M_canis_1_28.jpg	2	0	2	0	0	0	0	2	2	2
13M_canis_1_30.jpg	2	0	0	0	0	0	0	0	3	0
14M_canis_1_4.jpg	2	0	2	0	4	0	0	4	2	2
15M_gypseum_1_1.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
16M_gypseum_1_10.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
17M_gypseum_1_12.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
18M_gypseum_1_6.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
19M_gypseum_1_7.jpg	3	0	0	0	0	0	6	6	6	6
20M_gypseum_1_8.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3



21	M_gypseum_1_9.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
22	T_tonsurans_1_10.jpg	4	0	0	0	0	0	0	0	4	0
23	T_tonsurans_1_12.jpg	4	0	0	0	4	0	0	4	4	4
24	T_tonsurans_1_17.jpg	4	0	0	0	4	0	6	6	4	6
25	T_tonsurans_1_2.jpg	4	0	0	0	4	0	0	4	4	4
26	T_tonsurans_1_4.jpg	4	0	0	0	0	0	0	0	4	0
27	T_tonsurans_1_5.jpg	4	0	0	0	4	0	0	4	4	4
28	T_tonsurans_1_9.jpg	4	0	0	0	4	0	0	4	4	4
29	T_mentagrophytes_1_1.jpg	5	0	0	3	0	5	0	5	3	5
30	T_mentagrophytes_1_11.jpg	5	0	0	0	0	5	0	5	5	5
31	T_mentagrophytes_1_15.jpg	5	0	0	0	0	0	0	0	1	0
32	T_mentagrophytes_1_19.jpg	5	0	0	0	0	5	0	5	5	5
33	T_mentagrophytes_1_2.jpg	5	0	0	0	0	5	0	5	5	5
34	T_mentagrophytes_1_20.jpg	5	0	0	0	0	5	0	5	4	5
35	T_mentagrophytes_1_8.jpg	5	0	0	0	0	5	0	5	5	5
36	T_rubrum_1_1.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6
37	T_rubrum_1_11.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6
38	T_rubrum_1_13.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6
39	T_rubrum_1_3.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6
40	T_rubrum_1_4.jpg	6	0	0	0	4	0	6	6	6	6
41	T_rubrum_1_7.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6
42	T_rubrum_1_8.jpg	6	0	0	0	0	0	6	6	6	6

## **Detalle de la clasificación de la muestra 2**

Imágenes procesadas con normalizado y suavizado de bordes.

Entrenamiento: 8 imágenes de la muestra 1

Test: 7 imágenes de cada clase

Kernel polinómico de grado 2. Valores C y gamma por defecto

	clase	Q	R	S	T	U	V	U-vs-T	U-vs-U	Of*
E_floccosum_2_11.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	3	0
E_floccosum_2_14.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
E_floccosum_2_17.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	4	0
E_floccosum_2_19.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
E_floccosum_2_21.jpg	1	0	0	0	0	0	0	0	6	0
E_floccosum_2_3.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	4	1
E_floccosum_2_8.jpg	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1
M_canis_2_1.jpg	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0
M_canis_2_12.jpg	2	0	0	0	4	0	0	4	4	4
M_canis_2_14.jpg	2	0	0	0	0	0	0	0	6	0
M_canis_2_18.jpg	2	1	0	0	0	0	0	1	6	1
M_canis_2_21.jpg	2	0	2	3	0	0	0	3	3	2
M_canis_2_6.jpg	2	0	0	0	0	0	0	0	6	0
M_canis_2_9.jpg	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0
M_gypseum_2_10.jpg	3	1	0	3	0	0	0	3	3	3
M_gypseum_2_13.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3

M_gypseum_2_16.jpg	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0
M_gypseum_2_18.jpg	3	1	0	3	0	0	0	3	3	3
M_gypseum_2_3.jpg	3	0	0	3	0	0	0	3	3	3
M_gypseum_2_6.jpg	3	0	0	0	0	0	0	0	4	0
M_gypseum_2_9.jpg	3	0	0	0	0	0	0	0	6	0
T_tonsurans_2_10.jpg	4	0	0	0	0	5	0	5	2	5
T_tonsurans_2_11.jpg	4	0	0	0	0	5	0	5	2	5
T_tonsurans_2_12.jpg	4	0	0	0	4	5	0	5	2	5
T_tonsurans_2_2.jpg	4	0	0	0	0	5	0	5	5	5
T_tonsurans_2_4.jpg	4	0	0	3	0	5	0	5	3	5
T_tonsurans_2_7.jpg	4	0	2	0	0	5	0	5	2	5
T_tonsurans_2_8.jpg	4	0	0	0	0	5	0	5	2	5
T_mentagrophytes_2_10.jpg	5	0	2	0	0	0	0	2	2	2
T_mentagrophytes_2_2.jpg	5	0	2	0	0	0	0	2	2	2
T_mentagrophytes_2_3.jpg	5	0	0	3	0	5	0	5	5	5
T_mentagrophytes_2_5.jpg	5	0	0	3	0	5	0	5	5	5
T_mentagrophytes_2_7.jpg	5	0	2	0	0	0	0	2	2	2
T_mentagrophytes_2_8.jpg	5	0	2	3	0	5	0	5	2	5
T_mentagrophytes_2_9.jpg	5	0	0	3	0	5	0	5	2	5
T_rubrum_2_11.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	6	0
T_rubrum_2_2.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	6	0
T_rubrum_2_4.jpg	6	0	2	0	0	0	0	2	6	2
T_rubrum_2_5.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	4	0
T_rubrum_2_7.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	4	0
T_rubrum_2_8.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	4	0
T_rubrum_2_9.jpg	6	0	0	0	0	0	0	0	6	0

## Referencias

- [BUR/98] Christopher J.C. Burges, A tutorial on Support Vector Machines for Pattern Recognition, *Data Mining and Knowledge Discovery*, 2, 121-167, 1998.
- [CAR/03] Carl Staelin, Parameter selection for support vector machines, HPL-2002-354, 2003.
- [CHE/05] Chen, P. -H., C. -J. Lin and B. Schölkopf, A tutorial on v-support vector machines, *Applied Stochastic Models in Business and Industry* 21(2), 111-136, 2005.
- [CHI/03] Chih-Wei Hsu, Chih-Chung Chang y Chih-Jen Lin, A Practical Guide to Support Vector Classification, Department of Computer Science and Information Engineering National Taiwan University Taipei 106, Taiwan, 2003.
- [CHI/07] Chih-Chung Chang and Chih-Jen Lin, LIBSVM: a Library for Support Vector Machines, <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm/index.html> , 2007.
- [DAT/01] Datong Chen; Boutilard, H. Thiran, J.-P., Text identification in complex background using SVM, *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2001.
- [DOR/00] Thorsten Dorge, Jens Michael Carstensen, Jens Christian Frisvad. Direct identification of pure *Penicillium* species using image analysis, Department of Mathematical Modelling, building 321 and Department of Biotechnology, building 221, 2000.
- [GRA/01] Iaian M. Inglis, Alison J. Gray, An Evaluation of Semiautomatic Approaches to Contour Segmentation Applied to Fungal Hyphae, *Biometrics* 57,232-239, 2001.
- [GUO/00] G. Guo, S. Li, and K. Chan, Face recognition by support vector machines, *Proc. of the International Conferences on Automatic Face and Gesture Recognition*, 196-201, 2000.
- [GUP/02] Gupta, H. Agrawal, A.K. Pruthi, T. Shekhar, C. Chellappa, R., An experimental evaluation of linear and kernel-based methods for face recognition *Applications of Computer Vision*, 2002. (WACV 2002). Proceedings. Sixth IEEE Workshop on, 2002.
- [HEI/03] Bernd Heisele, Thomas Serre, Sam Prentice, Tomaso Poggio, Hierarchical classification and feature reduction for fast face detection with support vector machines, *Center for Biological and Computational Learning*, 2003.
- [JLH/01] RUÍZ HERRERA, José, El asombroso reino de los hongos, *Unidad Irapuato del Cinvestav, Avance y perspectiva*, Vol. 20, 2001.
- [JOA/99] T. Joachims, Making large-Scale SVM Learning Practical. *Advances in Kernel Methods-Support Vector Learning*, B. Schölkopf and C. Burges and A. Smola (ed.), MIT-Press, 1999.
- [KEN/02] Kenneth W. Widmer, Kevin H. Oshima, Suresh D. Pillai, Identification of *Cryptosporidium parvum* Oocysts by an Artificial Neural Network Approach, *American Society for Microbiology*, 2002.
- [LEE/01] Y. Lee, Y. Lin, and G. Wahba. Multicategory support vector machines, In *Proceedings of the 33rd Symposium on the Interface*, 2001.

- [LIU/01] J. Liu, F.B. Dazzo, O. Glagoleva, B. Yu, A.K. Jain, CMEIAS: A Computer-Aided System for the Image Analysis of Bacterial Morphotypes in Microbial Communities. *Microb Ecol* (2001) 41:173–194. DOI: 10.1007/s002480000004 - Springer-Verlag New York Inc, 2001.
- [MAL/04] Instituto Nacional de enfermedades Infecciosas “Dr. Carlos G. Malbran”, El diagnóstico de las micosis superficiales, 2004.
- [MIL/05] B. L. Milenova, J. S. Yarmus, and M. M. Campos, SVM in Oracle database 10g: removing the barriers to widespread adoption of support vector machines. In Proceedings of the 31st international Conference on Very Large Data Bases, pp1152-1163, ISBN 1-59593-154-6, 2005.
- [OSU/97] Edgar E. Osuna, Robert Freund, Federico Girosi, Support Vector Machines: Training and Applications. A.I. Memo No. 1602. C.B.C.L. Paper No. 144, Marzo, 1997.
- [PAJ/02] G. Pajares Martizans, Jesús M. de la Cruz García, Visión por computador: imágenes digitales y aplicaciones, 2002.
- [PED/06] Nicolás García-Pedrajas, Domingo Ortiz-Boyer, Improving Multiclass Pattern Recognition by the Combination of Two Strategies, *Ieee Transactions On Pattern Analysis And Machine Intelligence*, Vol. 28, No. 6, June 2006.
- [PEN/91] M. Turk and A. Pentland, "Eigenfaces for recognition", *Journal of Cognitive Neuroscience* 3 (1): 71–86. 1991.
- [RAS/06] Rasband, W.S., ImageJ, U. S. National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA, <http://rsb.info.nih.gov/ij/>, 1997-2006.
- [RIF/04] R. Rifkin and A. Klautau, "In Defense of One-vs-All Classification," *J. Machine Learning Research*, vol. 5, pp. 101-141, 2004.
- [SAL/02] Renato Salinas, Red Neuronal de arquitectura paramétrica en reconocimiento de rostros. *Electronic Spreading of Science Knowledge – Chile*, 2002
- [SAT/03] S. Sathiya Keerthi. Chih-Jen Lin, Asymptotic Behaviors of Support Vector Machines with Gaussian Kernel, *Neural Computation*. 2003.
- [TUR/91] M. Turk and A. Pentland "[Face recognition using eigenfaces](#)", *Proc. IEEE -Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 586–591, 1991.
- [VAP/95] V. Vapnik. *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer, N.Y., 1995.
- [VER/98] K. Verpoulos C. Campbell, G. Learmonth B. Knight, J. Simpson, The automated Identification of Tubercle Bacilli using Image Processing and Neural Computing Techniques, *Proceeding of the 8<sup>th</sup> International Conference on Artificial Neural Networks*, vol 2, pp 797-802, 1998.
- [YON/04] Yongmin Lia, Shaogang Gongb, Jamie Sherrahc, Heather Liddell, Support vector machine based multi-view face detection and recognition, *Image and Vision Computing* 22 413–427, 2004.