

Selección de Píxel Semilla mediante Wavelets para Crecimiento por Regiones Difuso

Damián Valdés Santiago
d.valdes@lab.matcom.uh.cu

Universidad de La Habana

Daniel Mesejo León
dmesejo@matcom.uh.cu

Universidad de La Habana

Ángela León Mecías
angela@matcom.uh.cu

Universidad de La Habana

RESUMEN

El análisis de masas y tumores en mamografía es un problema difícil porque los signos del cáncer pueden ser mínimos o estar superpuestos en el tejido. Las técnicas de procesamiento de imágenes pueden mejorar el diagnóstico reduciendo los costos. La detección de masas es un reto debido al bajo contraste y la pobre definición de los bordes. Una solución al problema es representar una masa mediante conjuntos difusos. En este trabajo se estudia la propuesta de Guliato et al. que plantean dos métodos de segmentación difusos. El primero determina el borde de una masa por crecimiento por regiones clásico, luego de un preprocessamiento difuso de la región de interés. El segundo es un método de crecimiento por regiones difuso. Estos métodos necesitan un píxel semilla y un umbral. En este trabajo se propone una selección automática del píxel semilla mediante la selección de píxeles muy correlacionados según la transformada wavelet de la imagen. Como medida de evaluación en la segmentación, se emplea la medida de ambigüedad definida por los autores citados. Con la selección de semilla propuesta se obtienen mejores resultados en la segmentación, respecto al uso de una semilla aleatoria.

PALABRAS CLAVE : Crecimiento por Regiones, Crecimiento por Regiones Difuso, Píxel Semilla, Wavelets, Correlación Local, Medida de Ambigüedad, Segmentación de Tumores en Mamografía, Segmentación mediante Conjuntos Difusos.

ABSTRACT

The analysis of masses and tumors in mammography is difficult because developing signs of cancer may be minimal or masked by superimposed tissues. Image analysis techniques have the potential to improve the diagnostic accuracy of mammography, and reduce health-care costs. Detection of breast masses is a challenging problem due to low contrast and poor definition of their boundaries. An alternative to address this problem is to represent tumor or mass regions by fuzzy sets. In this paper, two methods of fuzzy segmentation proposed by Guliato et al. are studied. The first method determines the boundary of a mass by classic region growing after a fuzzy preprocessing step. The second method is a fuzzy region-growing method. This methods needs a seed pixel and a threshold. In this paper, we proposed an automatic selection of seed pixel based in high correlated pixels according to the wavelet transform of the image. We use measure of

fuzziness as evaluation measure defined by cited authors. The results of own approach are better than using random seed pixel.

INTRODUCCIÓN

La mamografía es una técnica comúnmente utilizada en programas de tamizaje mamario. Sin embargo, el análisis de masas y tumores en mamogramas es difícil porque los signos de desarrollo del cáncer pueden ser mínimos o estar enmascarados por superposición de tejidos. Cuando el mamograma original no permite un buen diagnóstico se recomiendan procedimientos adicionales [de diagnóstico].

Las técnicas de procesamiento de imágenes tienen potencial para mejorar la eficacia del diagnóstico, evitar la aplicación de otros procedimientos, reducir la morbilidad y los costos. Estas técnicas facilitan el mejoramiento, detección, caracterización y cuantificación de las anomalías, crecimiento de tumores en un tejido circundante y la distorsión causada por las densidades.

La detección de masas es un reto que requiere técnicas sofisticadas debido al bajo contraste y la pobre definición de los bordes. Entre estas técnicas se encuentran: la umbralización y crecimiento por regiones multitolerante para la detección de regiones potenciales de calcificación y extracción de sus contornos (Shen et al., 1993); análisis escala-espacio para detectar tumores (Karssemeijer, 1995; Laine et al., 1996; y Miller y Ramsey, 1996); detección automática de lesiones espiculadas basada en patrones de textura en la mamografía (Zhang et al., 1996); técnicas de umbralización adaptativa para detectar masas (Matsubara et al., 1996); índice radial del gradiente, que combina la información de la intensidad del píxel, y restricciones geométricas en un marco probabilístico (Kupinski y Giger, 1998). A pesar de estas propuestas, la definición precisa del borde de las masas sigue siendo complicada. Esto se debe a que la mayoría de los tumores poseen bordes difusos con una transición lenta y larga de la región densa fundamental al tejido circundante.

Una alternativa al problema anterior es representar una anomalía mediante conjuntos difusos. El algoritmo más popular en este enfoque es C-means difuso (Cannon et al., 1986). Este usa optimización iterativa de una función objetivo basada en ponderar medidas de similitud entre los píxeles de la imagen y cada centroide de cluster. Otro método de segmentación usa C-means difuso como paso previo a un aprendizaje bayesiano mediante un algoritmo expectación-maximización, para detectar bordes y segmentar anomalías de la mama (Chen y Lee, 1997). Sin embargo, su resultado final se basa en segmentación clásica para producir bordes exactos.

Sameti y Ward proponen un algoritmo de segmentación de lesiones usando conjuntos difusos para particionar un mamograma dado. Su método divide el mamograma en dos regiones exactas de acuerdo a la función de membresía y se realiza una optimización iterativa para minimizar una función objetivo (Sameti y Ward, 1996).

Guliatto et al. plantean dos métodos de segmentación que incorporan conjuntos difusos. El primero determina el borde de una anomalía por crecimiento por regiones clásico, luego de un preprocesamiento basado en conjuntos difusos, con el objetivo de mejorar la región de interés (ROI). El segundo algoritmo es un método de crecimiento por regiones difuso que tiene en cuenta la mala definición del borde de las masas (Guliatto et al., 2003a).

A continuación se exponen los métodos propuestos en (Guliato et al., 2003a), se propone un criterio basado en transformada wavelet para elegir el píxel semilla para los mismos, se realiza la experimentación con imágenes de la base de datos MIAS (Suckling et al., 1994), eligiendo de forma empírica el píxel semilla y con el criterio basado en wavelet, tomando como parámetro de calidad la medida de ambigüedad (*measure of fuzziness*) dada por (Guliato et al., 2003a), y se realiza la discusión de los resultados.

PREPROCESAMIENTO BASADO EN CONJUNTOS DIFUSOS

Una anomalía en la mama es, en general, una región relativamente densa que puede caracterizarse mediante densidad local, gradiente, textura, entre otras propiedades. Un conjunto de propiedades locales puede usarse como un vector de características de la masa en la ROI y/o un píxel de la ROI. Dado un vector de características de la masa en la ROI, a un píxel cuyas propiedades sean similares a este, puede incrementársele la intensidad, de lo contrario se le disminuye. Al final del proceso, los píxeles alrededor de la ROI se muestran de acuerdo al grado de similaridad respecto a las características de la masa en la ROI.

Un conjunto difuso puede definirse asignando a cada elemento de cierto conjunto Ω , un valor representando el grado de pertenencia en el conjunto difuso. El valor corresponde al grado de similaridad o compatibilidad respecto al concepto que representa el conjunto difuso. Sea $\Gamma: \Omega \rightarrow [0,1]$ una función de membresía. En el caso de un conjunto exacto (*crisp set*) o booleano la función de membresía es $\Gamma: \Omega \rightarrow \{0,1\}$.

El mejoramiento y posterior detección de una ROI puede realizarse definiendo una función de membresía apropiada que evalúe la similitud entre las propiedades de un píxel cualquiera y los que están dentro de la ROI, mediante sus vectores de características. En este método, la imagen original se representa con un conjunto difuso según una función de membresía que:

- asigna grado de pertenencia 1 a los píxeles con iguales propiedades que los de la masa en la ROI,
- represente el grado de similitud entre las características de la ROI y el resto de los píxeles,
- sea simétrica respecto a la diferencia entre los píxeles de la ROI y el resto; y
- sea monótona decreciente desde 1 hasta 0.

Guliato et al. consideran la intensidad promedio de la región semilla, identificada por el usuario, como la característica de la ROI. Una función de membresía con estas cualidades se muestra en la Figura 1a y está dada por:

$$\Gamma(p) = \frac{1}{1 + \beta|A - B|} \quad (1)$$

donde p es el píxel analizado, A es el vector característico de la masa (nivel de gris), B es el vector de características de p y β es un factor de apertura. A mayor β la función es más estricta, de lo contrario, es más permisiva. El grado de pertenencia puede usarse como factor de escala para los niveles de grises de la imagen (Guliato et al., 2003a).

CRECIMIENTO POR REGIONES CLÁSICO CON PREPROCESAMIENTO DIFUSO

El crecimiento por regiones es una técnica de segmentación que agrupa píxeles o subregiones en regiones mayores de acuerdo a un criterio de similaridad. El éxito de la segmentación está asociado directamente con la elección del criterio de similitud y el umbral. En particular, la media y la desviación estándar son usadas como parámetros de control del crecimiento por regiones, sin embargo, estas medidas se afectan con valores extremos de los píxeles. Como consecuencia, el crecimiento depende de la estrategia usada para recorrer la imagen. Más aún, el algoritmo puede comportarse de forma inestable; por ejemplo, píxeles distintos con igual valor que son rechazados en los primeros momentos, pueden ser aceptados luego. Es también posible que el criterio de parada no se alcance cuando la intensidad decrezca suavemente en la misma dirección de la estrategia de recorrido de la imagen (Rangayyan, 2005). Dado que las técnicas tradicionales de crecimiento por regiones representan la ROI como un conjunto booleano, se pierde información de transición del borde, empeorando la segmentación.

Por tales razones Guliato et al. presentan dos métodos de segmentación: crecimiento por regiones clásico con preprocesamiento difuso, y crecimiento por regiones difuso usando medidas estadísticas y criterio de homogeneidad (Guliato et al., 2003a).

Se utiliza la función de membresía $\Gamma(p)$ de la sección anterior. Para lograr la detección de contorno, un algoritmo de crecimiento por regiones necesita un umbral y un píxel o región semilla dentro de la ROI. El crecimiento comienza por la región semilla. Los cuatro píxeles vecinos mayores que el umbral se etiquetan con 0, los vecinos de estos píxeles se procesan de manera recursiva. Si un píxel vecino es menor que el umbral, se etiqueta con 1 indicando que es del contorno y sus vecinos no se procesan. El proceso recursivo continúa hasta que todos los píxeles conectados fallen la prueba de inclusión en la región. Un postprocesamiento se realiza para remover píxeles aislados y regiones en los extremos del contorno, e.g. eliminar componentes conexas de una área menor que un número deseado.

La elección del píxel semilla y el umbral son difíciles, aunque este último puede derivarse como función de la media y la desviación estándar (Guliato et al., 2003a).

CRECIMIENTO POR REGIONES DIFUSO

Guliato et al. además proponen un algoritmo de crecimiento por regiones difuso para obtener masas en mamogramas. Se usan como criterios de similitud la media y la desviación estándar de los píxeles en la región en crecimiento. La región se representa como un conjunto difuso para preservar la información de transición sobre el borde de la región (Guliato et al., 2003a).

El algoritmo comienza con una región semilla dentro de la ROI y se expande agregando píxeles en la 8-vecindad con propiedades similares. La homogeneidad de la región se evalúa calculando la media (μ), la desviación estándar (σ) y el coeficiente de variación $CV = \frac{\sigma}{\mu}$. Sean $\Delta\mu_{max}$, ΔCV_{max} y β los parámetros de control del crecimiento por regiones. $\Delta\mu_{max}$ especifica la diferencia máxima permitida entre el valor del píxel analizado y la media de la subregión que crecerá. ΔCV_{max} indica el grado de homogeneidad deseado entre dos

subregiones y β es la apertura de la función de membresía. Sea p el píxel a analizar e $I(p)$ el valor de intensidad de p .

El algoritmo de segmentación se realiza en dos pasos:

- 1) $|I(p) - \mu| \leq \Delta\mu_{\max}$. Si esta condición no se satisface, el píxel es etiquetado como “rechazado”.
- 2) $\left|\frac{\sigma - \sigma_{\text{new}}}{\mu - \mu_{\text{new}}}\right| \leq \Delta CV_{\max}$. Si la condición se satisface, p se agrega a la subregión y se etiqueta como “aceptado”, y μ y σ se actualizan. Si la condición no se satisface, p se agrega a la subregión con la etiqueta “aceptado con restricción” y μ y σ no se cambian.

El segundo paso del algoritmo dado analiza la distorsión que el píxel p puede producir al agregarse a la subregión. Al iniciarse el proceso, la región incluye todos los píxeles en la región semilla, y la desviación estándar es colocada en 0. Mientras la desviación estándar sea 0, se utiliza la condición del segundo paso por $\left|\frac{\sigma - \sigma_{\text{new}}}{\mu - \mu_{\text{new}}}\right| \leq 2\Delta CV_{\max}$ es un filtro que evita

la posibilidad de que la media y la desviación estándar se modifiquen incorrectamente en el proceso. Este algoritmo es estable (Guliato et al., 2003a).

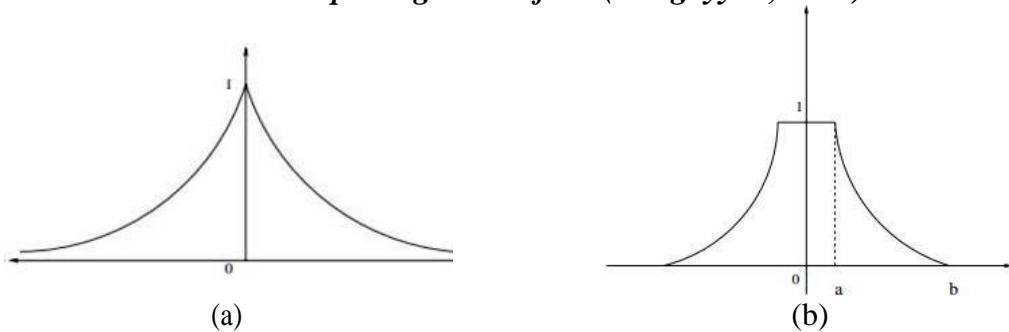
La función de membresía, que representa los valores de píxeles de la región resultante del procedimiento anterior en $[0,1]$, puede basarse en la media de la región. Los píxeles cercanos a la media tienen alto grado de pertenencia, de lo contrario, tienen bajo grado. Las cualidades deseables en la función de membresía son:

- el grado de pertenencia del píxel o región semilla debe ser 1,
- el grado de pertenencia de un píxel “rechazado” debe ser 0,
- la función de membresía debe ser lo más independiente posible del píxel o región semilla,
- el grado de pertenencia debe representar la proximidad entre un píxel “aceptado” o “aceptado con restricción” y la media de la región resultante,
- la función debe ser simétrica respecto a la diferencia entre la media y el valor del píxel, y
- la función debe ser monótona decreciente de 1 a 0.

La función de membresía propuesta por Guliato et al. puede verse en la Figura 1b donde $a = |\text{media de la región semilla} - \mu|$ y $b = \Delta\mu_{\max}$. El valor del píxel p se obtiene de la siguiente forma:

- Si $|I(p) - \mu| \leq a$ entonces $\Gamma(p) = 1$
- Si $|I(p) - \mu| > b$ entonces $\Gamma(p) = 0$
- De lo contrario, $\Gamma(p) = \frac{1}{1 + \beta |I(p) - \mu|}$

Figura 1: Funciones de membresía: (a) para el procesamiento y (b) para crecimiento por regiones difuso (Rangayyan, 2005).



ELECCIÓN DE PÍXEL SEMILLA MEDIANTE WAVELETS

La transformada wavelet discreta permite descomponer la imagen como una suma de detalles y aproximaciones en diferentes escalas. Esto es útil pues las anomalías pueden verse como detalles en las imágenes de mamografía, y gracias a la descomposición es posible aislarlas para mejorar su contraste respecto a la región circundante.

El potencial de las wavelets en el procesamiento de imágenes es importante y está reportado en la literatura especializada. Los métodos más comunes están basados en la aplicación de umbrales (*thresholds*) sobre los coeficientes wavelet. El estimado de los umbrales es la principal diferencia entre los mismos.

La transformada wavelet en el procesamiento de imágenes consta esencialmente de tres etapas. Primero, la imagen se descompone en coeficientes de detalle horizontales (D^h), verticales (D^v) y diagonales (D^d); y los coeficientes de aproximación (A). En esta primera fase hay que determinar el número de niveles de descomposición (S) y la base wavelets que se desea usar. La segunda fase consiste en aplicar un algoritmo de transformación de los coeficientes wavelet con el propósito de mejorar el contraste. Finalmente, la imagen mejorada se reconstruye a partir de los nuevos coeficientes, mediante la transformada wavelet inversa. Existen varios métodos para modificar los coeficientes de detalle, uno de ellos es la Correlación local (Martins et al., 2014) que se describe a continuación.

CORRELACIÓN LOCAL

La idea de este método consiste en que los detalles con valores altos de los coeficientes en niveles consecutivos, tienen alta correlación. El ruido tiene correlación baja. Si la correlación es alta, la probabilidad de que un pixel sea ruidoso es 0, y cuando es baja tiende a 1.

Primero se computa la correlación entre los píxeles de dos niveles consecutivos:

$$C_s^k(m, n) = \frac{D_s^k(m, n) * D_{s+1}^k(m, n)}{\|D_s^k(m, n)\| \|D_{s+1}^k(m, n)\|}, k \in \{h, v, d\}, s \in \{1, 2, \dots, S - 1\} \quad (2)$$

Luego se normaliza la correlación de la siguiente forma:

$$\bar{k}_s(m, n) = C_s^k(m, n) \frac{\overline{E_{D_s^k}(m, n, L)}}{\overline{C_s^k}} \quad (3)$$

$$E_{C_s^k} = \sum_{n=1}^N \sum_{m=1}^M |C_s^k(m, n)|^2 \quad (4)$$

$$E_{D_s^k}(m, n, L) = \frac{1}{(2L+1)^2} \sum_{i=-L}^L \sum_{j=-L}^L |D_s^k(m+i, n+j)|^2 \quad (5)$$

Después se computa la probabilidad de que un pixel sea ruidoso mediante la expresión:

$$P_s^k(m, n) = \begin{cases} \frac{|D_s^k(m, n)| - |\bar{C}_s^k(m, n)|}{|\bar{C}_s^k(m, n)| - \min(|C_s^k(m, n)|)} & \bar{C}_s^k(m, n) < D_s^k(m, n) \\ 0 & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (6)$$

Para seleccionar el píxel semilla se busca el píxel con mayor valor de P_s^k , lo que indica que el mismo está presente en un gran número de niveles de descomposición por lo que debe formar parte de una anomalía. Para la experimentación se empleó la base wavelet Symlet de tamaño 4 (Soman et al., 2010) y se analizó hasta el máximo nivel de descomposición posible, según (Valdés et al., 2015).

MEDIDA DE AMBIGÜEDAD

Para comparar los resultados obtenidos por la segmentación y los contornos dados por los radiólogos, Gulaito et al. desarrollaron un método para agregar la región segmentada y el contorno referencial. El procedimiento puede agregar no solo dos contornos sino un contorno y una región difusa. El método usa un operador de fusión difuso que generaliza la intersección clásica de conjuntos, produciendo un conjunto difuso que representa el nivel de concordancia entre las dos entradas:

$$f(X) = \frac{\sum_{p \in X} [1 - |\Gamma(p) - 1|]}{|X|} \quad (7)$$

donde X es el resultado de la agregación y $\Gamma(p)$ es la función de membresía del píxel p . $|X|$ es un factor de normalización que pudiera obviarse (Rangayyan, 2005). Si el valor de $f(X)$ es 0 representa concordancia perfecta, si es 1 no existe intersección entre las entradas.

RESULTADOS

Para la experimentación se utilizó una región de interés de una mamografía que se muestra en la Figura 2. Se implementaron los algoritmos previos y la medida de ambigüedad en el lenguaje Python 2.7 (Python Software Foundation, 2014) usando los módulos NumPy 1.7.1, SciPy 0.13.0 (NumPy, 2012), Matplotlib 1.3.1 (John Hunter, 2014), PyWavelets 0.2.2

(PyWt, 2014) y OpenCV 2.4.6.0 (Open Source Computer Vision Library, 2013). Se ejecutaron los métodos de crecimiento por regiones con selección empírica del píxel y con selección del píxel propuesta, manteniendo constantes el resto de los parámetros: $\beta = 0.007$, umbral = 0.82, $\Delta\mu_{\max} = 14$, $\Delta CV_{\max} = 0.01$. Los resultados se muestran en la Figura 3.

Figura 2: (a) Mamograma original, (b) La línea negra representa el contorno dado por los radiólogos para la ROI.

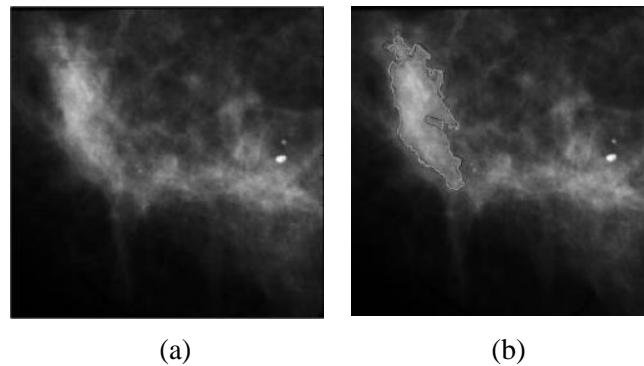
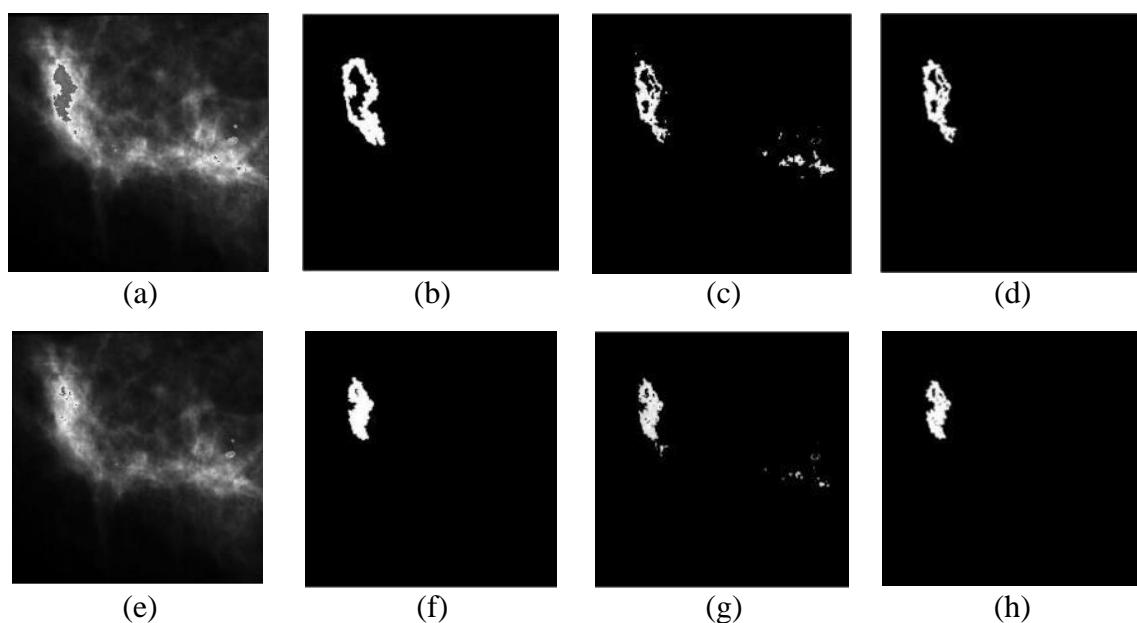


Figura 3: Tomando como píxel semilla (60, 60) se obtiene: (a) Función de membresía, (b) Crecimiento por regiones con preprocessamiento difuso, (c) Función de membresía del crecimiento por regiones difuso, (d) Crecimiento por regiones difuso. Mediante wavelets se toma como píxel semilla (85, 66) obteniendo: (e) Función de membresía, (f) Crecimiento por regiones con preprocessamiento difuso, (g) Función de membresía para el crecimiento por regiones difuso, (h) Crecimiento por regiones difuso.



Al aplicar el preprocessamiento difuso de la mamografía se acentúan, con el color blanco, las zonas que están involucradas en la anomalía, aunque pueden existir falsos positivos como los obtenidos en la parte derecha de las Figuras 3a, 3c, 3e y 3g. Ambos algoritmos de crecimiento por regiones eliminan estos falsos positivos y, cuando se selecciona el píxel semilla de la manera propuesta, se destacan irregularidades propias de los tumores. La

calidad de la segmentación se refleja en la Tabla 1 creada a partir del contorno dado por los radiólogos, mostrado en la Figura 2b.

Tabla 1: Valores de la medida de ambigüedad para las aplicaciones de los métodos explicados.

Método	f
Crecimiento por regiones con preprocesamiento difuso	0.31
Crecimiento por regiones difuso	0.43
Crecimiento por regiones con preprocesamiento difuso y selección de la semilla con wavelet	0.12
Crecimiento por regiones difuso y selección de la semilla con wavelet	0.25

En la Figura 4 se observan los resultados de la segmentación para regiones de interés de mamografías de la base de datos MIAS (Suckling et al., 1994), usando el criterio usual y el basado en wavelets en ambos algoritmos. En la Tabla 2 se muestran los valores de calidad de la segmentación para estas imágenes.

Figura 4: En la primera columna se muestran regiones de interés de mdb001, mdb012 y mdb195. En círculos rojos se encierran las anomalías. En la segunda columna se muestra la segmentación con selección empírica de la semilla. En la tercera columna se observa la segmentación con criterio wavelet.

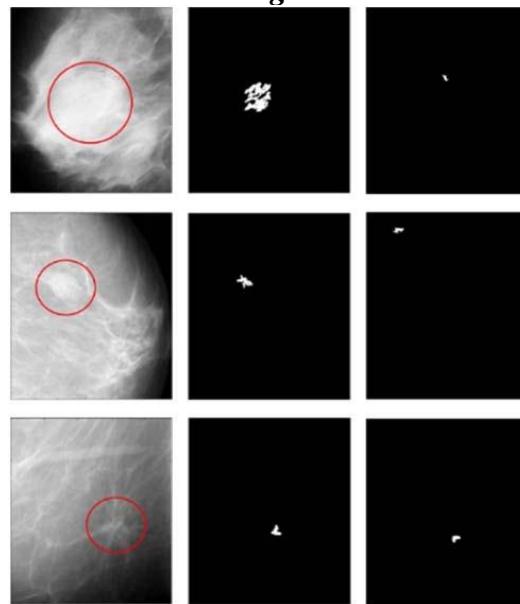


Tabla 2: Valores de la medida de ambigüedad para tres regiones de interés.

Mamografía	f con selección empírica de la semilla	f con selección de la semilla mediante wavelets
mdb001	0.15	0.99
mdb012	0.23	1
mdb195	0.13	0.14

DISCUSIÓN

Los métodos mostrados realizan una buena detección de la anomalía presente, validada por la medida de ambigüedad. Este proceso depende en mayor medida del píxel semilla aunque la selección del umbral también es importante. Cuando la selección del píxel semilla se realiza usando el píxel más correlacionado, según el algoritmo basado en wavelets, los resultados son aún mejores. Sin embargo, el criterio wavelets es igualmente dependiente de la región de interés que se tome y el valor del umbral, pues una mala elección podría elegir un píxel que tuviera alta correlación pero no sea anomalía, debido a las propiedades del tejido mamario (Figura 4 y Tabla 2).

CONCLUSIONES

En este trabajo se estudiaron e implementaron los métodos de segmentación por crecimiento por regiones basados en conjuntos difusos propuestos en (Guliato et al., 2003a). Los algoritmos previos se aplicaron a la segmentación de tumores en mamografía. Dado que estos procedimientos representan una anomalía mediante conjuntos difusos y no booleanos (como sucede en la segmentación clásica), se obtienen buenos resultados visuales que son avalados por la medida de ambigüedad. La dificultad inherente a la segmentación mediante crecimiento por regiones es la selección del píxel semilla, por tal razón se propuso tomar el píxel más correlacionado, según la transformada wavelet discreta de la región de interés analizada. Los resultados obtenidos por este criterio son mejores que los anteriores y pueden automatizar el procedimiento. Sin embargo, este criterio puede seleccionar un píxel de alta correlación que no pertenezca a una anomalía. Además, es crítica la selección de otros parámetros como el umbral.

Para continuar la investigación se sugiere estimar el umbral en función de la media y la desviación estándar de la región semilla (Guliato et al., 2003a) y estimar parámetros en la segmentación de tumores en mamas según (Mudigonda et al., 2001). Se puede seleccionar con el criterio wavelet explicado, en lugar de un píxel semilla, una región semilla. Para estimar el resto de los parámetros se puede realizar un aprendizaje automático. Para mejorar la segmentación se puede emplear un método de fusión de imágenes como el propuesto en (Guliato et al., 2003).

REFERENCIAS

- Cannon, R. L., Dave, J. V. and Bezdek, J. C. (1986). Fuzzy C-Means clustering algorithms. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(2): 248-255.
- Chen, C. H. and Lee, G. G. (1997). On digital mammogram segmentation and microcalcification detection using multiresolution wavelet analysis. *Graphical Models and Image Processing*, 59(5): 349-364.
- Guliato, D., Rangayyan, R. M., Carnielli, W. A., Zuffo, J. A. and Desautels, J. E. L. (2003). Fuzzy fusion operators to combine results of complementary medical image segmentation techniques. *Journal of Electronic Imaging*, 12(3): 379–389.
- Guliato, D., Rangayyan, R. M., Carnielli, W. A., Zuffo, J. A. and Desautels, J. E. L. (2003). Segmentation of breast tumors in mammograms using fuzzy sets. *Journal of Electronic Imaging*, 12(3): 369–378.
- John Hunter (2014)
<http://matplotlib.sourceforge.net/>

- Karssemeijer, N. (1995). Detection of stellate distortions in mammograms using scale space operators, in Bizais, Y., Barillot, J. and Di Paola, E. (eds.) *Information Processing in Medical Imaging*. The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 335–346.
- Kupinski, M. A. and Giger, M. L. (1998). Automated seeded lesion segmentation on digital mammograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4): 510–517.
- Laine, A., Huda, W., Chen, D. and Harris, J. (1996). Segmentation of masses using continuous scale representations, in Doi, K., Giger, M. L., Nishikawa, R. M. and Schmidt, R. A. (eds.), *Proceedings of 3rd International Workshop on Digital Mammography*. Chicago: Elsevier Science, Amsterdam, 447–450.
- Martins, N., Pereira, C. and Ferreira, M. (2014). Digital mammograms contrast enhancement using wavelets – A comparative study. *IEEE International Symposium on Medical Measurements and Applications (MeMeA)*, Lisboa, Portugal.
- Matsubara, T., Fujita, H., Endo, T., Horita, K., Ikeda, M., Kido, C. and Ishigaki, T. (1996). Development of mass detection algorithm based on adaptive thresholding technique in digital mammograms, in Doi, K., Giger, M. L., Nishikawa, R. M. and Schmidt, R. A. (eds.), *Proceedings of 3rd International Workshop on Digital Mammography*. Chicago: Elsevier Science, Amsterdam, 391–396.
- Miller, L. and Ramsey, N. (1996). The detection of malignant masses by nonlinear multiscale analysis, in Doi, K., Giger, M. L., Nishikawa, R. M. and Schmidt, R. A. (eds.), *Proceedings of 3rd International Workshop on Digital Mammography*. Chicago: Elsevier Science, Amsterdam, 335–340.
- Mudigonda, N. R., Rangayyan, R. M. and Desautels, J. E. L. (2001). Detection of breast masses in mammograms by density slicing and texture flow-field analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(10): 1032–1043.
- NumPy (2012)
<http://numpy.scipy.org/>
- Open Source Computer Vision Library (2013)
<http://opencv.org>
- Python Software Foundation (2014)
<http://www.python.org/>
- PyWt (2014)
<https://github.com/nigma/pywt>
- Rangayyan, R. M. (2005). *Biomedical Image Analysis*. Boca Raton, Florida: CRC Press.
- Sameti, M. and Ward, R. K. (1996). A fuzzy segmentation algorithm for mammogram partitioning, in Doi, K., Giger, M. L., Nishikawa, R. M. and Schmidt, R. A. (eds.), *Proceedings of 3rd International Workshop on Digital Mammography*. Chicago: Elsevier Science, Amsterdam, 471–474.
- Shen, L., Rangayyan, R. M. and Desautels, J. E. L. (1993). Detection and classification of mammographic calcifications. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 7(6): 1403–1416.
- Soman, K. P., Ramachandran, K. I. and Resmi, N. G. (2010). *Insight into wavelets: From theory to practice*. New Delhi: PHI Learning.
- Suckling, J., Parker, J., Dance, D.R., Astley, S., Hutt, I., Boggis, C.R.M., Ricketts, I., Stamatakis, E., Cernaez, N., Kok, S.L., Taylor, P., Betal, D. and Savage, J. (1994). The Mammographic Image Analysis Society Digital Mammogram Database. *Proceedings of the 2nd International Workshop on Digital Mammography*. York, England, 375-378.
- Valdés-Santiago, D., Mesejo-León, D. y León-Mecías, A. (2015). Mejoramiento del contraste en imágenes de mamografía digital. *Memorias de la II Convención Internacional Cuba Salud 2015*, La Habana.
- Zhang, M., Giger, M. L., Vyborny, C. J. and Doi, K. (1996). Mammographic texture analysis for the detection of spiculated lesions, in Doi, K., Giger, M. L., Nishikawa, R.

M. and Schmidt, R. A. (eds.), Proceedings of 3rd International Workshop on Digital Mammography. Chicago: Elsevier Science, Amsterdam, 347–350.