

**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN**  
FACULTAD DE INGENIERÍA  
DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA ELÉCTRICA  
PROGRAMA DE GRADUADOS



Tesis de Grado  
Magister en Ciencias de la Ingeniería, con mención en Ingeniería Eléctrica.

**Algoritmo de Segmentación Semiautomática de  
Procesos Neuronales en Imágenes de Microscopía  
de Alta Resolución.**

**Juan Eduardo Rodríguez Gatica**

*Pamela Guevara  
Juan Carlos Tapia  
Estaban Pino  
Francisco Nualart*

Concepción, diciembre de 2014

## Resumen

El siguiente documento muestra las etapas realizadas para el diseño, desarrollo e implementación de un algoritmo a ser usado como herramienta de software que pretende resolver a lo menos en parte un problema fundamental de la neurociencia moderna, la clasificación de todas y cada una de las neuronas presentes en el tejido nervioso. Para esto se utilizaron imágenes de alta resolución obtenidas por medio de microscopía electrónica (*EM: Electron Microscopy*), en donde se presentan los procesos neuronales a segmentar. El marco teórico demuestra que aun cuando hay herramientas disponibles para el procesamiento de imágenes de microscopía electrónica, éstas dependen directamente de la interacción con el usuario, y por el momento ninguna de ellas permite el proceso completo de segmentación de procesos neuronales en forma automática. Por esta razón, actualmente la segmentación de este tipo de imágenes es una tarea tediosa, que consume mucho tiempo y es susceptible a errores.

En este trabajo se desarrolló un algoritmo en *MATLAB* que permite la manipulación de las imágenes que son obtenidas por medio de EM, realizando el alineamiento de la secuencia de imágenes, así como todo el pre-procesamiento necesario antes de la segmentación, sin la necesidad de utilizar programas externos. El algoritmo permite seleccionar, en la primera imagen de la secuencia, los procesos neuronales de interés, para luego segmentar las neuronas seleccionadas por el usuario en forma automática. Finalmente el algoritmo etiqueta automáticamente los cuerpos segmentados, reconociendo todas las posibles ramificaciones como parte de un mismo cuerpo. Luego despliega los resultados de la segmentación en un mapa de conexiones 3D, además genera índices con el volumen y la cantidad de ramificaciones para cada uno de los cuerpos segmentados, los cuales son potencialmente útiles para el estudio de patologías, comparando muestras de tejidos.

Se evaluó el buen funcionamiento del algoritmo mediante un set de validación, en donde los cuerpos neuronales han sido segmentados manualmente, el cual es el método más aceptado en la actualidad. La validación arrojó un error medio de un 3%. Se utilizaron 3 set de datos más, todos con diferentes características de resolución, cantidad de imágenes, pigmentación etc., con la finalidad de evaluar la robustez del algoritmo, frente a imágenes con características diferentes. Además, se evaluó una versión del algoritmo en Python, la cual mostró mejores tiempos de segmentación, resaltando la potencialidad del algoritmo. Para mostrar la versatilidad y potencialidad del algoritmo, 5 set de datos obtenidos con técnicas de fluorescencia fueron evaluados, al segmentar correctamente estos datos.