

XV REUNION DE NEUROIMAGENES
CIMAT, GUANAJUATO, NOVIEMBRE DE 2013

RESUMENES

Influencia de la referencia de EEG al análisis de interacciones espacio-temporales

Wady Ríos, Alejandra Rosales, María Corsi Cabrera, Markus Müller¹

¹Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

wadyarh@hotmail.com

RESUMEN

El punto de referencia de un electroencefalograma (EEG) puede influir significativamente en los resultados del análisis de EEG. Realizamos un estudio cuantitativo sobre algunos puntos de referencia recurrentes en la literatura como por ejemplo el promedio global, Hjorth, A1-A2 entre otros y proponemos además un nuevo esquema de referencia. Como una herramienta de análisis se considera la matriz de correlación mutua y una matriz cuyos elementos reflejan la coherencia de fase entre los canales. Investigamos posibles distorsiones de interrelaciones espaciales provocados por los diferentes puntos de referencia usando EEGs artificiales, derivados a través de modelos teóricos. Finalmente probamos los diferentes puntos de referencia con un EEG real de un paciente de epilepsia. Se observa que todos los puntos de referencia considerados en este estudio inducen interrelaciones espurias y/o desvanecen interrelaciones existentes. El mejor desempeño muestra el nuevo esquema de referenciar propuesto en este trabajo.

Palabras clave: electroencefalograma (EEG), punto de referencia, matriz de correlación y sincronización de fase.

CORRELATOS NEURONALES DE LA EMPATÍA EN CONTEXTOS DE JUSTICIA E INJUSTICIA

Reyes-Aguilar, A.^a, Barrios Álvarez, A. F.^a, González-Santos, L.^a Pasaye Alcaraz E.^a

^a *Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México*

Resumen

La empatía es la habilidad para compartir estados afectivos con otras personas que nos permite predecir y entender los sentimientos, motivaciones y acciones de los demás (Bernhardt y Singer, 2012). El objetivo del presente trabajo es analizar los correlatos neuronales de la empatía para situaciones negativas (sufrimiento) y para situaciones positivas (placer) en contextos de cooperación. Los (11) participantes leían situaciones positivas y negativas que le ocurrían a personas que habían sido cooperadoras o no-cooperadoras en un experimento previo al estudio de IRMf. Los resultados (preliminares) muestran que ante situaciones positivas se activa la unión parieto-temporal, región asociada en la atribución de intenciones y creencias a los otros, para los cooperadores y la corteza prefrontal medial anterior, área involucrada con el procesamiento del desbalance cognitivo, injusticia, estímulos aversivos, para el No-Cooperador. Para situaciones negativas se registra actividad en la corteza prefrontal medial y precuña, región implicada en la atribución de emociones e intenciones a los otros y distinguir entre el yo y el otro, tanto para el Cooperador como para el No-Cooperador, además del giro frontal izquierdo, región asociada a inferencia de estados mentales en juicios morales, para el Cooperador y unión parietotemporal bilateral y giro fusiforme, región cerebral de procesamiento visual de los rostros, para el No-Cooperador. Estos resultados indican un papel diferencial de regiones neuronales para el procesamiento de situaciones positivas y negativas en diferentes interacciones sociales.

Aumento de la sincronía interhemisférica frontal durante el sueño MOR tras la privación selectiva de sueño MOR en el hombre.

Sifuentes-Ortega R⁽¹⁾, del Río-Portilla Y^(1,2), Rosales-Lagarde A^(1,3), Rojas-Ramos OA^(1,2), Corsi-Cabrera M⁽¹⁾

⁽¹⁾Facultad de Psicología, Laboratorio de Sueño, UNAM, México, D.F.

⁽²⁾Facultad de Psicología, Departamento de Psicofisiología, UNAM, México, D.F.

⁽³⁾Universidad Autónoma del Estado de Morelos, México, Morelos

Correspondencia: María Corsi-Cabrera, Facultad de Psicología, Posgrado, Laboratorio de Sueño, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 3004, D.F., 04510, México. E-mail: corsi@unam.mx

Palabras clave: Sincronía, privación de sueño, EEG

Se ha postulado que la actividad rápida gama está involucrada en el procesamiento e integración de la información. Evidencia proveniente de estudios de neuroimagen y electroencefalografía (EEG) muestra que la sincronía o acoplamiento temporal de la actividad cerebral cambia durante el sueño de movimientos oculares rápidos (sMOR) comparado con la vigilia y el sueño no MOR (nMOR), aumentando entre ambos hemisferios y disminuyendo entre áreas frontales y posteriores de asociación. Se sabe que la privación total de sueño provoca respuestas homeostáticas durante el sueño de recuperación; sin embargo, ésta suprime el sueño MOR y nMOR y la respuesta homeostática de la sincronía cortical del sMOR tras la privación selectiva de éste aún no ha sido estudiada. El objetivo del presente estudio fue explorar los efectos de la privación selectiva de sMOR sobre el acoplamiento temporal de la actividad gama cortical durante el sMOR de recuperación utilizando registros EEG (19 derivaciones, frecuencia de muestreo: 1024). Se obtuvieron correlaciones EEG inter e intrahemisféricas (31-50 Hz) para los 3 primeros episodios de MOR, incluyendo eventos fásicos, y para segmentos sin movimientos oculares sMOR tónico, de las noches de línea base y recuperación. Diecinueve sujetos sanos fueron asignados aleatoriamente a un grupo de privación de sMOR donde se les despertó al inicio de cada episodio de MOR, o a un grupo de interrupciones de sueño nMOR como control para efectos inespecíficos. Los sujetos durmieron cuatro noches consecutivas en el laboratorio: habituación, línea base, manipulación del sueño y recuperación. El acoplamiento temporal interhemisférico mostró un rebote homeostático significativo: la sincronía entre hemisferios aumentó en el sueño de recuperación. Este rebote en el incremento del acoplamiento interhemisférico tras la privación de sMOR sugiere que el acoplamiento/desacoplamiento de la actividad cortical del sMOR podría tener consecuencias funcionales. En conclusión, estos resultados apoyan la hipótesis de que la actividad sincrónica del sMOR podría tener un papel importante para la integración y procesamiento de información.

Dinámica del patrón de correlación espacial alrededor de un sistema estacionario en diferentes etapas del sueño.

La actividad eléctrica cerebral es altamente no estacionaria, porque el cerebro reacciona en constantes cambios a estímulos externos y continuamente monitorea circuitos internos. Considerando que la dinámica de cada una de las neuronas es compleja, la evolución espacio-temporal de la red total del sistema nerviosa es extremadamente complicada: este cuenta con muchos grados de libertad (un espacio fase de alta dimensión), es contaminada con ruido interno (y cualquier medición también con ruido externo), en los modelos más simples para la descripción de la dinámica neuronal se utilizan ecuaciones diferenciales acopladas no-lineales. Sin embargo la dinámica cerebral muestra aspectos constantes, al calcular el promedio de la matriz de correlación a lo largo del registro del electroencefalograma (EEG), resulta una estructura de correlación muy pronunciado. Este patrón, se puede interpretar como una onda estacionaria, que representa un estado dinámico basal. Por lo que la dinámica cerebral constituye en una deformación continua de esta onda estacionaria. Presentamos algunas técnicas para el estudio de este patrón estacionario y desviaciones de este patrón, que reflejan cualitativamente nuevos aspectos de la dinámica cerebral. Comprobando el buen desempeño de las medidas propuestas en un modelo multivariante lineal se aplicará posteriormente estas técnicas a datos electroencefalográficos de sujetos clínicamente sanos en sueño. Se obtuvo un patrón de correlaciones promedio similar entre las fase de sueño y entre sujetos. La caracterización de estas medidas ayudarán a caracterizar la dinámica del cerebro entre las fases de sueño.

Acute effect of callosotomy on cortical synchrony in humans: intraoperative electrocorticographic recording.

Rojas-Ramos OA⁽¹⁾, Ondarza R⁽²⁾, Ramos-Loyo J⁽³⁾, del Río-Portilla Y⁽¹⁾, Trejo-Martínez D⁽⁴⁾, Guevara MA⁽³⁾, Müller M, Corsi-Cabrera M⁽¹⁾

⁽¹⁾Facultad de Psicología, Laboratorio de Sueño, Universidad Nacional Autónoma de México, México DF, México City

⁽²⁾Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía MVS, México, DF, México

⁽³⁾Instituto de Neurociencias, Universidad de Guadalajara, Jalisco, México

⁽⁴⁾Hospital General de México Dr. Eduardo Liceaga, Mexico City, México

Correspondence: María Corsi-Cabrera, Facultad de Psicología Posgrado, Laboratorio de Sueño, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 3004, DF 04510, México. e-mail: corsi@unam.mx

Keywords: coherent brain activity, intraoperative ECoG, synchrony, corpus callosum.

Synchronization of neural activity between cortical regions is a basic mechanism for integrating information. The use of intraoperative electrocorticography (ECoG) during surgery in patients undergoing callosotomy due to intractable epilepsy offers a unique opportunity to investigate –with greater spatial resolution but no additional surgical intervention– the role of the corpus callosum in cortical synchrony/temporal coupling while avoiding long-term functional reorganization effects.

To investigate the acute role of the corpus callosum on inter and intrahemispheric coherent activity ECoG was recorded during surgery in three patients, in accordance with the Helsinki Declaration, immediately before and after anterior two-thirds callosal transection.

Bilateral electrode grids were placed over frontal cortex and ECoG was recorded and digitized at a sampling rate of 512 Hz, inspected for artifacts and analyzed offline. Spectral power and cross-correlation between inter- and intrahemispheric electrode pairs were obtained for 1 Hz bins and broad bands for each patient immediately before and after callosotomy. Four different methods were used for calculation: common reference, average reference, median reference and near zero reference.

Intrahemispheric temporal coupling decreased significantly in almost all electrode pairs after callosal transaction in the three patients, whereas interhemispheric correlations values were generally very low and did not show significant differences.

In conclusion, interrupting the influence of the corpus callosum acutely affects activity of the contralateral hemisphere by decreasing intrahemispheric temporal coupling. The present results indicate that intrahemispheric temporal coupling does not depend exclusively on ipsilateral cortico-cortical pathways or on subcortical influences, but also on callosal pathways, and suggest that callosal connections play a role in local activity within each hemisphere.

This work constitutes part of an academic thesis of the Psychology PhD program at UNAM.

“Correlatos neurales de la observación natural de un video”

Nanni-Zepeda M^a, Martinez- Soto J^a, Barrios-Alvarez F^a, Pasaye-Alcaraz E^a, Gonzalez-Santos L^a

Dependencia: ^aInstituto de Neurobiología UNAM

Estudio de resonancia magnetica funcional en la modalidad de “vision natural” (visualizacion de un video) de contenido emocional, con predominancia de escenas aversivas.

Conocer los correlatos neurales subyacentes a procesos emocionales dentro de una tarea no controlada (video), haciendo un analisis por redes y por estructuras. De esta manera dilucidar redes funcionales en relacion a espectos emocionales, principalmente negativos.

Fueron incluidos en el estudio 24 sujetos masculinos sanos, con una edad promedio de 36.42, una DS de 12.14 y un mínimo de 12 años de estudios, a cada uno se les paso un video con una duracion de 4.54 minutos. Todas la imágenes cerebrales se adquirieron en un resonador de 3.0 Teslas y las imágenes funcionales se adquirieron con una secuencia de pulsos Eco Planar (EPI) para imágenes pesadas a T2*, GE-EPI de TR/TE = 2000/40 ms.

En el analisis de imagen por estructuras, se puede observar claramente areas relacionadas con el procesamiento de emociones en los eventos mas impactantes...

El analisis por conectividad nos muestra las ya citadas redes de procesos cognitivos y sensoriales que se han replicado exsitosamente (atencionales, visuales, auditivas, etc). Sin embargo no se muestran tan claramente en lo que se refiere a procesos emocionales, esto pudiendo deberse a la variabilidad mayor entre sujetos en cuanto al procesamiento de emociones.

Paradigma experimental de restauración psicológica ambiental con resonancia magnética funcional

Martínez-Soto, J.^{a1}, Gonzales-Santos, L.^b. y Barrios, F. A.^b.

^a Universidad de Guanajuato, División de Ciencias de la Salud, Campus León

^b Instituto de Neurobiología, UNAM, Campus Juriquilla

El sistema nervioso central desempeña un rol muy importante en el procesamiento emotivo, cognitivo y de las respuestas conductuales hacia el medio ambiente. Por lo que resulta de relevancia las evaluaciones neurocientíficas sobre la influencia del medio ambiente en el bienestar humano. La Restauración Psicológica Ambiental-RPA es una experiencia de recuperación de un déficit antecedente (e.g. estrés) que proveniente de la exposición a ambientes restauradores (Kaplan & Talbot, 1983). Actualmente poco se conoce de las estructuras neurales (no así de la actividad de ondas cerebrales) del sistema nervioso central que den cuenta de los correlatos neurales provenientes de la exposición a ambientes restauradores. Hoy en día técnicas no invasivas de neuroimagen como la resonancia magnética funcional-RMf, plantean la posibilidad de hacer evaluaciones directas de la estructura y función cerebral participes en algunos de los procesos específicos involucrados en la RPA. El objetivo de la presente investigación consistió en documentar los correlatos neurales de la exposición a ambientes restauradores empleando un paradigma experimental de RPA en un ambiente de RMf. Participaron 22 varones adultos (edad media 36.18 años, DE 12.46) clínicamente sanos voluntarios, residentes de comunidades urbanas del estado de Querétaro quienes acudieron a la unidad de resonancia magnética del Instituto de Neurobiología, UNAM para hacer una serie de evaluaciones que consistieron en: evaluación de aspectos emotivos y fisiológicos (de respuesta a un estresor) y de actividad cerebral antes, durante y después de la exposición a ambientes con distinto potencial restaurador (alto vs. bajo). En la presentación de las categorías de estímulos restauradores se realizó un paradigma de activación por bloques. Doce participantes fueron asignados a la condición experimental de alto potencial restaurador y 10 al de bajo potencial. La adquisición de imágenes se realizó a través del sistema de resonancia magnética de 3.0T GE MR750 (General Electric, Waukesha, WI) y fueron transferidas a una estación de análisis fuera de línea y procesadas con FSL (FSL V4.1.9, FMRI Oxford University, Smith *et al.* 2004). Activación del giro frontal medio, giro temporal medio e inferior, ínsula, lóbulo parietal inferior y cuneus fue dominante durante la exposición a ambientes con alto potencial restaurador, mientras que la

#

activación del giro frontal superior, precuneus, giro parahipocampal y cíngulo posterior lo fue para los ambientes con bajo potencial restaurador.

¹ Dirigir correspondencia a División de Ciencias de la Salud, Universidad de Guanajuato, Campus León, Blvd. Puente del Milenio #1001, Fracc. del Predio San Carlos, CP. 37670, León, Gto. México. Tel. 267 49 00 ext. 3635. e mail: jmartinezsoto@ugto.mx

UTILIDAD DE LA VOLUMETRÍA HIPOCAMPAL EN RESONANCIA MAGNÉTICA PARA EL DIAGNÓSTICO OPORTUNO DE LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER Y EL TRASTORNO COGNITIVO AMNÉSICO LEVE

Mondragón J.D., Barragán-Campos H.M., Unidad de Resonancia Magnética, Instituto de Neurobiología, UNAM Campus Juriquilla

Introducción: La enfermedad de Alzheimer (EA) es la demencia más común en la actualidad. El trastorno cognitivo amnésico leve (TCaL) es un estado transicional entre el envejecimiento normal (EN) y la demencia leve. El uso de la volumetría hipocampal por resonancia magnética está considerada como un biomarcador no invasivo confiable para diagnosticar la EA y el TCaL. No existen los parámetros normalizados ni los puntos de corte de los volúmenes hipocampales en la población mexicana para la EA, el TCaL y el envejecimiento normal. La enfermedad de Alzheimer es una enfermedad de alto costo económico y social por lo cual existe la necesidad de diagnosticarla en su fase prodrómica de forma oportuna.

Objetivo: El objetivo general es evaluar la asociación entre la atrofia hipocampal y la enfermedad de Alzheimer, el trastorno cognitivo amnésico leve y el envejecimiento normal en la población mexicana. El objetivo específico es establecer los parámetros volumétricos hipocampales y puntos de corte aceptables, en la población mexicana, para la enfermedad de Alzheimer, el trastorno cognitivo amnésico leve y el envejecimiento normal.

Métodos: Se estudiaron 25 pacientes de febrero a Julio del 2013: 9 con EA, 7 con TCaL y 9 con EN. Se clasificaron de acuerdo a los criterios diagnósticos del National Institute of Aging-Alzheimer's Association (NIA-AA) y con los exámenes psicométricos Mini-mental estate exam (MMSE) y la valoración cognitiva de Montreal (MoCA) que forman parte de la valoración integral del paciente. Se realizó una resonancia magnética en resonador de 3.0 Teslas incorporando una secuencia 3DSPGR para realizar la volumetría hipocampal con el programa AW Volumeshare 2.0.

Resultados: 6 Hombres, 19 Mujeres, edad promedio de pacientes con EA 80.11 años (67-88), edad promedio de pacientes con TCaL 76.43 años (70-93), edad promedio de grupo testigo 76.56 años (68-86). Volumen hipocampal promedio: $2.349 \text{ cm}^3 \pm 0.305$ en EA; $2.819 \text{ cm}^3 \pm 0.484$ en TCaL; $3.609 \text{ cm}^3 \pm 0.576$ en EN. Volumen hipocampal derecho: $2.365 \text{ cm}^3 \pm 0.490$ en EA; $2.787 \text{ cm}^3 \pm 0.585$ en TCaL; $3.728 \text{ cm}^3 \pm 0.662$ en EN. Volumen hipocampal izquierdo: $2.332 \text{ cm}^3 \pm 0.673$ en EA; $2.880 \text{ cm}^3 \pm 0.474$ en TCaL; $3.485 \text{ cm}^3 \pm 0.527$ en EN.

Conclusiones: Los volúmenes hipocampales promedio en nuestra población, aunque son mayores que los reportados en la literatura sajona (2.349 cm^3 vs. 1.95 cm^3 en EA, 2.819 cm^3 vs. 2.30 cm^3 en TCaL, 3.609 cm^3 vs. 2.86 cm^3 en EN), mantienen el mismo patrón lineal entre el deterioro cognitivo y atrofia hipocampal. Los puntos de corte aceptables en nuestra población pueden establecerse en: $\leq 2.499 \text{ cm}^3$ para la EA; $2.500 \text{ cm}^3 - 2.999 \text{ cm}^3$ para el TCaL; y $\geq 3.000 \text{ cm}^3$ para el EN; siempre y cuando complementen el diagnóstico clínico.

A novel approach to create a biometric template from human retinal vascular network using a logarithmic spiral grid

Fabiola M. Villalobos-Castaldi¹, Ernesto Suaste-Gómez²,
Edgardo M. Felipe-Riverón³

^{1,2} Center of Research and Advanced Studies of the National Polytechnic Institute, Department of Electrical Engineering, Bioelectronics section; Av. IPN # 2508 Col. Sn. Pedro Zacatenco, Del. Gustavo A. Madero, Mexico City, Federal District, C.P. 07360, Phone: (52)- 55 5747 3800/6211

³ Center of Research in Computing of the National Polytechnic Institute, Av. Juan de Dios Bátiz, Esq. Miguel Othón de Mendizábal, Col. Nueva Industrial Vallejo, Del. Gustavo A. Madero, Mexico City, Federal District, C.P. 07738, Phone: (52)-57296000/56505

¹mvillalobos(at)cinvestav.mx, ²esuaste(at)cinvestav.mx, ³edgardo(at)cic.ipn.mx

Abstract: *The retinal vascular network has many desirable characteristics to be used as a basis for personal authentication, including uniqueness, stability, and permanence. In this paper a new approach for retinal image structural features extraction from the vascular network and template coding is proposed. The use of a logarithmic spiral grid for scanning and tracking the vascular network and the SAX representation of the time series technology conform the key to make this new approach simple, flexible and reliable. Experiments show that with this approach we can achieve the reduction of the data dimensionality and the time required to obtain a valid biometric code from the vascular network of retinal images for authentication purposes.*

Keywords: Logarithmic spiral, spiral scan, spiral sampling, feature extraction, biometry, retinal images, time series.

1 Introduction

Biometric representation (template) is a machine readable and understandable form of a biometric trait. It influences the accuracy and the design of the biometric system. The digital representation of a biometric trait is critical to the success of a matching algorithm. In a practical authentication system the database can contain the records of millions of people. Choosing an appropriate representation of the features in order to make the database smaller in size having a rapid response is a vital task.

A relatively high number of personal authentication methods based on the blood vessel network of the retina have been recently developed as biometric [1-16]. These

methods are based on determining a given number of appropriate features that represent uniquely the retina (bifurcations, ending points, etc.). But the final representation of the features has never been studied carefully. Biometric representation (template) is a machine readable and understandable form of a biometric trait. It influences the system's accuracy and the design of the rest of the system. The digital representation of a biometric trait is critical to the success of the matching algorithm. In a practical authentication system, the database can contain records of millions of people. Choosing an appropriate representation of the features in order to make the database smaller in size, having a rapid response search and while retaining high accuracy in the verification, is a vital task.

From previous studies, the retina's features used for authentication can be classified into three main categories: structural, statistical and algebraic features. Some typical structural features include main lines (centerlines), branching points, crossing points, termination points, positions, angles, diameters, etc. Some statistical features are the texture moments and the random values. Likewise, the algebraic features, such as band-tree based radial partition, the ring method, etc.

The main contribution of this paper is the implementation of a new biometric representation method based on the scanning and tracking of retinal blood vessel segments by using a logarithmic spiral. Data obtained from the sampling of the vascular network constitute local features that are conformed in a time series representations. The time series have been studied extensively in data mining, bioinformatics and pattern recognition in biometrics [1].

1.1 Disadvantages of the actual sampling and coding methods

There are several disadvantages that the actual sampling methods have when they are applied to retinal images. [1]-[16]. These are:

- The retina has an average of 400 minutiae points, thus the point to point comparison for all the retinal images contained in a database is impractical and computationally expensive.
- To encode a minutia, it is necessary to perform an image preprocessing step, within which is included retinal network thinning, which presents a problem because most existing thinning methods, if not all, create false positives when converting an intersection in a double crossing point and breaking segments; this problem generates a greater number of ending points than those that actually exist in the original image [28-32].
- In order to reinforce the method, it is necessary to extract additional information from the detected minutia which increases the required processing time [33].
- The minutiae-based encoding method does not use the retinal vascular network structure properties that are essentially the most robust and stable of all characteristics [34-35].

2 Logarithmic Sprial

A spiral is a curve that winds itself around a certain point. While not being a circle, the radius will vary along the angle [20], [21]. The logarithmic spiral is the spiral for which the radius grows exponentially with the angle. The logarithmic relation between radius and angle leads to the name of **logarithmic spiral**. In this curve the distances where a radius from the origin meets the curve increases in geometric progression. In polar coordinates (r, θ) , the logarithmic curve can be written as:

$$r = ae^{b\theta} \quad (\text{Eq. 1})$$

where r is the distance from the origin, θ is the angle from the x -axis, and a and b are arbitrary constants. With e being the base of natural logarithms, and a and b being arbitrary positive real constants. The constant a is the rate of increase of the spiral. The sign of a determines the direction of rotation of the spiral. The logarithmic spiral is also known as the growth spiral, equiangular spiral, and spiral mirabilis. The logarithmic spiral is remarkable because of its unique self-similarity (Fig.1); it is invariant after a similarity transform.

After any scaling (uniformly increasing or decreasing the size), logarithmic spirals can be rotated such that they match the original figure.

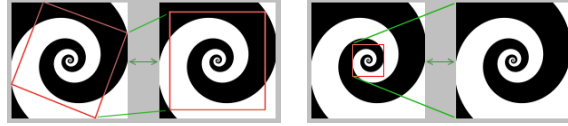


Fig. 1. Self-similarity characteristic of the logarithmic spiral

2.1 The relation between the fractal pattern analysis and the retinal vasculature

Fractal analysis provides a method for the quantitative study of changes to the retinal vascular network [39]. It has been suggested that fractal models have an appeal in that they are simple to encode genetically because the same branching mechanism is used repeatedly. All fractals have scale and rotational invariances, and any fractal formed from a process that has a non-zero rotational component will include logarithmic spiral forms [41]. The retinal circulation of the normal human retinal vasculature is statistically self-similar, fractal and the Murray optimization principle is valid. Studies from several groups present strong evidence that the fractal dimension of the blood vessels in the normal human retina is approximately 1.7. This is the same fractal dimension found for a diffusion-limited growth process, and this is consistent with the hypothesis that the development of human retinal vessels involves a diffusion process [40].

2.2 Advantages of the logarithmic spiral

As a sampling pattern method applied to the retinal image, the logarithmic spiral grid offers the following advantages:

1. The data dimensionality is reduced because the retinal vascular network is represented by a real valued data sequence [35].
2. The discontinuities are eliminated in the data caused by sampling, which occurs when concentric flattened circles or other sampling methods are used. [38].
3. Only the points of the vascular network detected by the spiral are encoded and not the entire region which includes both the blood vessels and the background; the features are extracted only along the spiral path. For every point P in the spiral certain structural information at P is used as the feature descriptor [37].
4. A single sample for each point and a single sequence for each kind of coded data are provided [37].
5. Travels and distributes in the same way as the vascular network does: in geometric progression. The most problematic area is located within the optical disc which was removed previously.
6. The most robust and stable structure of the image is coded, that is, the vessel segments of the vascular network and not to the branches, crossings and ending points. Bifurcations and crossings are eliminated in order to avoid coding errors [28-32].
7. It is not necessary to specify whether a given vessel is a vein or an artery, because the midpoint of every detected vessel segment is used as the feature descriptor.
8. The amount of coded information is increased because it is possible to extract some other features from the detected vessels along the spiral path [37].
9. The required size of the spiral or the number of turns is determined by the number of the necessary points that ensure the subject's individuality [36]. This provides invariance to small changes in the scale.

3 The proposed image preprocessing scheme

The proposed image preprocessing methodology is composed of 13 main stages. In the next section it will be discuss each stage in detail. In this paper the images contained in the publicly available DRIVE database were used [17], to implement the proposed method and to assess its performance.

- 1) Green-color band selection.
- 2) Optic disk detection (translation and rotation invariant point, P1).
- 3) Macula detection (rotation invariant point, P2).
- 4) The point P1 is linked with the point P2 in order to get a line L1.
- 5) Image enhancement for vessel network detection.
- 6) Vessel segmentation by the second entropy thresholding technique.
- 7) Blood vessel masking in the vicinity of the optic disc.
- 8) Morphological thinning of the network.
- 9) Landmarks detection for their elimination.
- 10) Create the logarithmic spiral grid in polar coordinates (Eq. #).

- 11) Spreading the logarithmic spiral grid on the thinned retinal network.
- 12) Code the thinned retinal network parameters represented as a time series.
- 13) Store the obtained time series into a table to further data visualization, analyzing and matching.

3.1 Green-color band selection

A gray-level image is obtained by extracting the green layer from the original RGB image. The green component has the blood vessels on a highly contrasted background (dark blood vessels on a relatively bright background). Hence, the green channel of image is preferred for the retinal vasculature detection [2] [16].

3.2 Optic Disc Detection (Translation and rotation invariant point, P1)

The optic disk is the brightest area in images that have not large areas of exudates and it is a slightly oval disk. It is the entrance region of vessels and its detection is very important since it works as a landmark for the other features in the retinal image. Hence, by targeting common structures such as the optic disc and the retinal vascular branches, a consistent source of readily identifiable, yet contrasting structures are available for digital imaging and processing. The entrance point of the optic nerve itself is taken as a point of reference. The distances and directions of the vein forks from this reference point provide coordinates which can be hooked together in a serial number for classified filing and quick comparison.

In the preprocessing technique used to detect the optic disc, the blood vessels are “erased” from the original retinal fundus image through the successive application of two morphological operations with a disk-like structuring element with N pixels radius. [16]. Detecting this point the method is invariant against image translations because no matter where the retinal fundus images appears in the screen, the spiral grid starts always at the same point.

3.3 Macula detection (Rotation invariant point, P2)

The macula is an oval-shaped highly pigmented yellow spot near to the center of the retina. It has a diameter of around 1.5 mm. Near its center is the fovea, a small pit that contains the largest concentration of cone cells in the eye and is responsible for central, high resolution vision [43]. The center of the macula is taken as a rotation invariant point because linking it with the center of the optic disc it is possible to enforce the proposed method against rotation differences due the image acquisition procedure.

3.4 Link the point P1 with the point P2

The point P1 is linked with the point P2 in order to get a line L1; the orientation of this line is first adapted to the horizontal axis. This step is necessary to counteract the rotation variations of the input retinal fundus images. By doing this, we ensure that no matter which direction the input retinal fundus image have, it is allways rotated to align it to the horizontal axis. This makes the method invariant to rotation tranformations.

3.5 Image enhancement

To characterize the searched retinal features, it is necessary a good image preprocessing stage. Therefore, the proposed method detects vessels using the knowledge of their known gray level profile and the concept of the matched filter detection, which is used to detect piecewise linear segments of blood vessels in retinal images [42].

Image denoising and contrast enhancement are needed before applying the vessel segmentation algorithm for landmark extraction. Uneven illumination (also called shading) is present in retinal images and must be suppressed in order to achieve more accurate segmentation of the blood vessels. In order to characterize the retinal features of interest, we use a Gaussian matched filter (GMF) to detect piecewise linear segments of blood vessels in retinal images [18]. A matched filter is constructed for the detection of the vessel edge segments searching in all possible directions [19]. A Bell-Shaped Gaussian matched filter (BSGMF) was developed to cover all 12 orientations where designed kernel is given by Eq. 2.

$$K(x, y) = \pm \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right) \quad (\text{Eq. 2})$$

The application of this method enhances individual vessels segments in the image. A proper thresholding scheme must be used to distinguish between the enhanced vessel segments and the background.

3.6 Second-entropy thresholding segmentation method

The proposed thresholding-based segmentation method exploits the entropy of the distribution of the gray levels in the image [42]. The maximization of the entropy (Eq. 3) of the thresholded image is interpreted as indicative of maximum information transfer [22], [23], [24]. In Figure 5 some examples of the segmented blood vessels, using the 2nd local entropy thresholding method are presented.

$$t_{LRE} = \arg \left\{ \max_{t \in G = \{0,1,\dots,L-1\}} J_{LRE}(t) \right\} \quad (\text{Eq. 3})$$

3.7 Blood vessel masking in the vicinity of the optic disc

Eventually, the edge of the optic disc could be misinterpreted by the segmentation method as a blood vessel, therefore, it is necessary to delete or hide this area to reduce the errors that its structure may cause. In order to remove the blood vessels within the region of the optic disc, a disc-shaped binary mask with a radius r_1 10% greater than the radius of the optic disc centered at the optic disc location was superimposed. It is possible to do because all images are of the same size.

In Fig. 3 the experiment results of the processing step of the proposed algorithm are illustrated. Fig. 3 a) shows the original image used to illustrate the accurate detection of the optic disc location. Fig. 3 b) illustrates the origin of the detected location of the optic disc indicated by a blue asterisk surrounded by a circle of the same color.

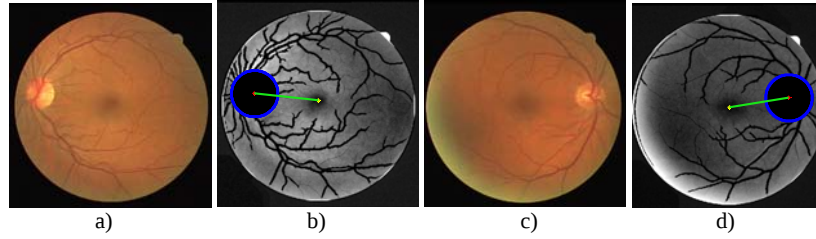


Fig. 2. Experimental results of the first 7 processing steps. a) and c) Original images, b) and d) processed images

3.8 Morphological thinning

Vessels in the vicinity of the optic disc have different diameter size. To overcome this, retinal vessel thinning (through a skeletonizing method) is usually implemented using a morphological operator that reduces the width of vessels to a single pixel width line segments while preserving the extent and connectivity of the original shape. The thinned representation is typically easier to process in later stages producing savings in both time and storage complexity [25].

3.9 Minutiae extraction for their elimination

The bifurcation points in the thinned vessel tree are detected using the crossing number method [26] and then erased, thus only the vascular structure of the vessel segments is retained.

3.10 Creation of the logarithmic spiral grid

The logarithmic spiral grid was created starting from the center of the optic disc (P1) by using the Eq. 1.

3.11 Spread the logarithmic spiral grid on the thinned retinal network

The thinned retinal network is mapped along the spiral grid; this step transform the rectangular retinal region into sequential data. Thus, only this region is sampled with the logarithmic spiral, starting from the external edge of the masked optic disc towards the periphery of the vascular network.

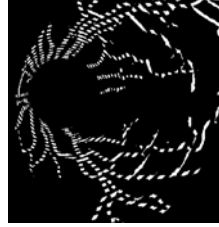


Fig. 3. The logarithmic spiral grid is spreaded on the retinal vascular network

3.12 Code the thinned retinal network parameters

For each point on the spiral, the distance from the origin of the optic disc and the angle from the x-axis of the midpoint of the thinned blood vessel segments are encoded and a time series is created for each feature. In Fig. 4 are depicted the outcome time series from the extracted features of a typical retinal image using as spiral roll the value 0.01.

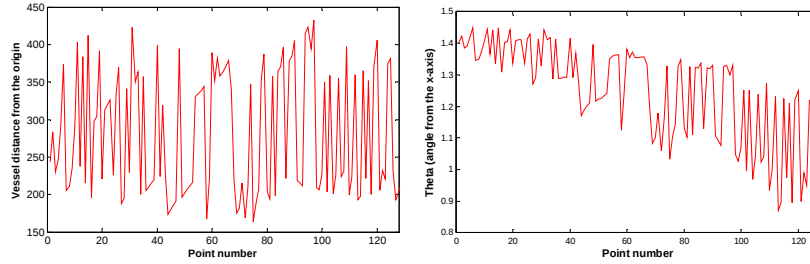


Fig. 4. Time series from the coded features of a typical retinal image; a) Distance from the origin and b) angle from the x-axis.

3.13 Store the obtained time series into a table to further data visualization, analyzing and matching

All of the obtained retinal vessel features were stored into tables of Matlab to further data comparisons, analysis and visualization.

4 Identification stage

The proposed time series based identification method was used to evaluate the discriminatory potential and the inter-individual differences based on the time series biometric representation using the following algorithm:

Objectives: Identify a person based on a time series representation of the retinal vascular network; obtain a FAR, FRR and EER metrics as lower as possible.

Input: Claimed user ID; Retinal fundus image of the query subject, and time series representation of the retinal fundus image of the claimed person previously enrolled in the database.

Output: Accept / reject the subject.

4.1 Verification algorithm

In the verification phase, the presented biometric is compared with the feature vector associated with the claimed ID stored previously in the database. Here, the user has to present a token (e.g., an ID, a name, etc.), and with this, the biometric feature “template” associated with the user will be retrieved from the database. Then, the extracted feature vector from the input sample, whose identity has to be verified, will be compared with the template retrieved from the database. The output of the comparison is an accept/reject decision. The verification is positive if the Euclidean distance between the claimed and the stored feature vector is less than a threshold value.

Step 1: Retinal fundus image of the claimed subject is read from the database.

Step 2: The fundus image is preprocessed and segmented.

Step 3: The logarithmic spiral grid is created and speeded on the pre-processed retinal network.

Step 4: The retinal network is mapped and represented using the logarithmic spiral grid.

Step 4: The time series templates are generated and stored.

Step 5: The feature vector of the query fundus image is matched with the feature vector stored in the database associated with the claimed identity.

Step 6: The verification is positive if the Euclidean distance between the claimed and the stored feature vector is less than a threshold value, otherwise is considered as a non-matched vector.

5 Experimental results

In this section the experimental results on the performance of the proposed blood vessel segmentation and feature extraction scheme and the recognition system are presented. The blood vessel segmentation and feature extraction approach introduced in the last stages will be evaluated to verify the suitability of such proposal. The first stage of the evaluation is the blood vessel segmentation method. The second part of the experiment will be focused on testing the feature point's extraction step and the accuracy of the verification scheme.

5.1 Blood vessel segmentation performance

The proposed segmentation method was applied to all 20 images of the training set of the DRIVE database, and the TPR (true positive rate) and the FPR (false positive rate) metrics were computed using the mask images provided by the database. A

pixel-by-pixel comparison between the outcome images and the ground truth was made. The algorithm in the presented form yielded a TPR for these 20 images of 0.95356726 with a FPR of 0.00352145. The experimental results showed that the proposed method performs well in extracting vessels. There are several parameters of the algorithm that have effects in the performance of the vessel segmentation method. The most significant parameter is the thresholding value. Since the proposed segmentation method obtains automatically this value for each image, it is not necessary to establish a range of thresholding values, and also, the interaction of the user to adjust this value depending on the image case is not necessary.

5.2 Evaluation of the verification system

The performance of the verification phase depends on how good is the representation of the biometric triat and how good is the matching scheme. As was mentioned previously, the time series templates were stored in the database along with the user ID. The distance measure is the score that quantifies the response of the matching scheme. Based on the matching scores and on a predefined threshold value, it is possible to estimate the accuracy of the biometric verification system.

In order to adjust the spiral parameters and to evaluate the methodology of using as the biometric coding path a logarithmic spiral grid, the sequence of steps presented above was implemented using several roll values for the spiral grid creation. From the obtained results it was possible to observe the inverse relationship between the logarithmic spiral roll and the amount of the encoded points, i.e., when the spiral roll is small, the resulting grid travels very gently, and the number of detected points are great, but the required time to obtain the time series increases; conversely, if the spiral roll increases, the number of detected points greatly reduces.

From these results it could be selected the best roll value that ensures that the number of the detected vessel points are adequate to establish the individuality of the subject. The selected spiral roll value was 0.01.

To show that our method is robust against rotation and translation variations, we increased the test data to 100 images by rotating randomly each image 5 times. Based on the 100 enrolled subjects in the database, the total amount of the performed comparisons were $((100*199)/2) = 9950$. The performed experiments demonstrated that the proposed verification system has an average accuracy of 99.0 %.

6 Conclusions

A novel approach for the retinal image biometric coding based on a logarithmic spiral scan and tracking and on the time series technologies was proposed. The main contribution of this proposal is the implementation of a logarithmic spiral grid as the scan and tracking path method. These methodologies have the next advantages: first, logarithmic spiral share the fractal and geometrical characteristics that retinal network has, it is simple to implement and the overall computational complexity is very low compared to previous works; second, it is very flexible as the spiral parameters, the coded local features and the spiral grid parameters can be adjusted according to

different system requirements; third, the time series representation makes it very convenient for the implementation of multi-biometrics using feature fusion; fourth, logarithmic spiral scan and sampling representation reduce the data dimensionality of the original retinal image to a real sequential data; fifth, reduce the computational time required for the template representation and the matching step.

References

- [1] Keogh, E., Chakrabarti, K., Pazzani, M. & Mehrotra, S. (2001). Locally Adaptive Dimensionality Reduction for Indexing Large Time Series Databases. In proceedings of ACM SIGMOD Conference on Management of Data. Santa Barbara, CA, May 21-24. pp 151-162.
- [2] Jung E. and Hong K., (2006). Automatic Retinal Vasculature Structure Tracing and Vascular Landmark Extraction from Human Eye Image, Proceedings of the International Conference on Hybrid Information Technology, IEEE Computer Society.
- [3] Hill R. B., (1992). Retina Identification, Portland, OR, USA.
- [4] Hill R.B., (1978). Apparatus and method for identifying individuals through their retinal vasculature patterns, U.S. Patent No. 4109237.
- [5] Simon C., and Goldstein I., (1935). A new scientific method of identification. New York State. J. Medicine, 35(18):901-906.
- [6] Tower P., (1955). The fundus oculi in monozygotic twins: Report of six pairs of identical twins. Arch. Ophthalmol., 54:225-239.
- [7] Marshall J. and Usher D., (2006). Method for generating a unique and consistent signal pattern for identification of an individual, U.S. patent No. 6993161.
- [8] Derakhshani R. and Ross A., (2007). A Texture-Based Neural Network Classifier for Biometric Identification using Ocular Surface Vasculature, Appeared in Proc. Of International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN), Orlando, USA.
- [9] Golden B. L., Rollin B. E., Switzer JR. R. V., (2004). Apparatus and method for creating a record using biometric information, U.S. Patent No. 028343.
- [10] Ortega M., Gonzalez M.F., (2009). Automatic system for personal authentication using the retinal vessel tree as biometric pattern, PhD. Thesis, Department of Computer Science of the Faculty of Informatics of the University of Coruña downloaded from: <http://www.varpa.es/>. (Revised on June 10, 2012.)
- [11] http://www.absoluteastronomy.com/topics/Retinal_scan. (Revised on June 10, 2012.)
- [12] Bevilacqua V., Cambó S., Cariello L., Mastronardi G., (2007), Retinal Fundus Hybrid Analysis Based on Soft Computing Algorithms, Communications To Simai Congress, ISSN 1827-9015, Vol. 2.
- [13] Usher D., Tosa Y. and Friedman M., (2007). Ocular Biometrics: Simultaneous Capture and Analysis of the Retina and Iris, Advances in Biometrics Sensors, Algorithms and Systems, pp. 133-155.
- [14] Usher D.B., (2003). Image analysis for the screening of diabetic retinopathy, PhD thesis, University of London.
- [15] Keisuke Fukuta; Toshiaki Nakagawa; Yoshinori Hayashi; Yuji Hatanaka; Takeshi Hara; Hiroshi Fujita, ((2008), Personal identification based on blood vessels of retinal fundus images (Proceedings Paper), Medical Imaging, Image Processing, Proceedings Vol. 6914.
- [16] Lee S. S., Rajeswari M., Ramachandram D., Shaharuddin B., (2006). Screening of Diabetic Retinopathy - Automatic Segmentation of Optic Disc in Colour Fundus Images, Proc 2nd International Conference on Distributed Frameworks for Multimedia Applications, pp. 1-7.
- [17] <http://www.isu.uu.nl/Research/Databases>. (Revised on September 20, 2012)

- [18] Choe T.E., Cohen I., Lee M. and Medioni G., (2006). Optimal Global Mosaic Generation from Retinal Images, the 18th International Conference on Pattern Recognition.
- [19] Chaudhuri S., Chatterjee S., Katz N., Nelson N. and Goldbaum M., (1989). Detection of Blood Vessels in Retinal Images Using Two-Dimensional Matched Filters, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 8(3):263–269.
- [20] <http://mathworld.wolfram.com/LogarithmicSpiral.html>. (Revised on September 20, 2012)
- [21] <http://www.2dcurves.com/spiral/spirallo.html>. (Revised on September 20, 2012).
- [22] Zhang Y. F. and Zhang Y., (2006). Another Method of Building 2D Entropy to Realize Automatic Segmentation, *International Symposium on Instrumentation Science and Technology; Journal of Physics: Conference Series* 48, 303–307.
- [23] Kullback, S., (1977). Information theory and statistics, *Communications and Information Theory*, Vol. 1, Issue 4, pp. 417 – 528.
- [24] Pal N.R. and Pal S.K., (1989). Entropic thresholding, *Signal Process*, 16, 97-10.
- [25] Bevilacqua V., Cambo S., Cariello L. and Mastronardi G., (2007). Retinal Fundus Hybrid Analysis Based on Soft Computing Algorithms, *Communications To Simai Congress*, ISSN 1827-9015, Vol. 2.
- [26] Wu C., (2007). Advanced Feature Extraction Algorithms for Automatic Fingerprint Recognition Systems, a Dissertation submitted to the Faculty of the Graduate School of State University of New York at Buffalo in Particular fulfillment of the requirements for the degree of Doctor of Philosophy.
- [27] J. Lin, E. Keogh, S. Lonardi, B. Chiu, (2003). A Symbolic Representation of Time Series, with Implications for Streaming Algorithms., *Proceedings of the 8th ACM SIGMOD Workshop on Research Issues in Data Mining and Knowledge Discovery*, San Diego, CA. pp. 2 -11.
- [28] Zana F., Klein J.C., (1977), Robust Segmentation of Vessels from Retinal Angiography, *International Conference on Digital Signal Processing*, pages 1087–1091, Santorini, Greece.
- [29] Zhoue L., Rzeszotarski M., Singerman L., Cokreff J., (1994), The detection and quantification of retinopathy using digital angiograms, *IEEE Transaction on Medical Imaging*: 13-4, 619-626.
- [30] Matsopoulos G. K., Mouravliansky N. A., Delibasis K. K., Nikita K .S., (1999), Automatic retinal image registration Scheme using global optimization techniques, *IEEE Trans. Information technology in biomedicine*: 3.
- [31] Wang L., Bhalerao A., (2003), Model Based Segmentation for Retinal Fundus Images, *Proc. of Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA)*.
- [32] H. Farzin, H. Abrishami-Moghaddam, M. Moin, (2008), A Novel Retinal Identification System", *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing*, Article ID 280635, 10 pages, doi:10.1155/2008/280635.
- [33] A. Arakala, J. S. Culpepper, J. Jeffers, A. Turpin, S. Boztas, K. J. Horadam, and A. M. McKendrick, (2009), Entropy of the Retina Template, *ICB '09 Proceedings of the Third International Conference on Advances in Biometrics*, Pages 1250–1259, ISBN: 978-3-642-01792-6.
- [34] T. Fuhrmann, J. Hammerle-Uhl, and A. Uhl, (2009), Usefulness of Retina Codes in Biometrics, *Advances in image and video technology, Lecture Notes in Computer Science*, Volume 5414/2009, 624-632, DOI: 10.1007/978-3-540-92957-4_54.
- [35] M. Z. Che Azemin, Dinesh K. Kumar and Hong Ren Wu, (2009), Shape Signature for Retinal Biometrics, 2009 *Digital Image Computing: Techniques and Applications, DICTA'09*, pgs. 382-386.
- [36] http://www.biometricnewsportal.com/retina_biometrics.asp.
- [37] Jiansheng Chen, Yiu-Sang Moon, Ming-Fai Wong, Guangda Su, (2010), Palmprint authentication using a symbolic representation of images, *Image and Vision Computing* 28 (2010) 343–351.

- [38] http://en.wikipedia.org/wiki/Connected_space#Path_connectedness.
- [39] T. J. MacGillivray, N. Patton, F. N. Doubal, C. Graham and J. M. Wardlaw, (2007), Fractal analysis of the retinal vascular network in fundus images, Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE EMBS, Cité Internationale, Lyon, France.
- [40] Barry R. (2004), Fractal analysis of the vascular tree in the human retina, Masters, Annu. Rev. Biomed. Eng. 2004. 6:427–52, doi: 10.1146/annurev.bioeng.6.040803.140100.
- [41] Richard P. Taylor, (2008), Chaos, Fractals, Nature: a New look at Jackson Pollock" (Fractals Research, Eugene OR.
- [42] Villalobos F., and Felipe. E., (2010), A Fast Efficient and Automated Method to Extract Vessels from Fundus Images, Journal of Visualization, J Vis (2010); ISSN: 1343-8875; 13:263-270, DOI 10.1007/s12650-010-0037-y.
- [43] http://en.wikipedia.org/wiki/Macula_of_retina, (last accessed, June 2013).

Unsupervised Clustering using Fractal Dimension and Spectral Clustering

Daniel Alejandro Valdés-Amaro

Facultad de Ciencias de la Computacion
Benemerita Universidad Autonoma de Puebla
Puebla, Mexico, C.P. 72570
daniel.valdes@cs.buap.mx

Abstract. Data derived from the research in the variability of nature describes the characteristics and depicts the properties of such objects. Fractal geometries and measures have been applied extensively in different problems such as image processing, analysis, vision and pattern recognition. Application of this geometry is strongly to the estimation of the fractal features. Here, we present a method that uses the Fractal Dimension as the shape descriptor in a proposed method to perform unsupervised shape clustering. The method extracts the intrinsic parameters of the shape classes based on learning the global structure of the shape manifolds using Diffusion Maps. Results are presented over sets of shapes that present or not fractal characteristics.

Keywords: Fractals, Fractal Dimension, Shape Descriptors, Spectral Clustering, Diffusion Maps, Brain Contours.

1 Introduction

Since Mandelbrot in his work *The Fractal Geometry of Nature* [1] prove that fractional dimensions where useful in the characterization of natural phenomena, many studies have apply the framework of the fractal geometry. It is easy to find approximate fractals in nature, so these objects present self-similar structure. Hence, fractals can be considered, to a certain extent to be descriptors of the geometry of nature. Nevertheless, it is important to emphasise that fractals should not be considered as the only approximation to nature's geometry [1–3].

Fractal Analysis has been applied to the classification problem, for example, in [4] the authors present a clustering algorithm based in the fractal properties of the data sets. The main idea behind this work is to group points in a cluster so that none of the points in the cluster changes the cluster's fractal dimension in a radical way. Similarly, in [5] a an algorithm called MultiFractal-based Cluster Hierarchy (MFCHO) is proposed. Such technique is based on multifractal theory and integrates the cluster similarity with cluster shape and cluster distribution to construct the cluster hierarchy tree from the disjoint initial clusters. Nonetheless none of this algorithms works with fractal analysis for shape characterisation.

In this paper, we present a method to perform unsupervised shape clustering that unlike the proposals mentioned above utilizes the Fractal Dimension as shape descriptor. Then, in order to extract the intrinsic parameters of the multiple shape classes, Diffusion

Maps are used to learn the global structure of the shape manifolds. We present results on different sets of fractal and non-fractal objects to assess the veracity of the method.

2 Method

A diagram of our method is shown in figure 1. Elsewhere, the proposed method has been described [6, 7]. The first step is the obtention of the contour of the outer boundary by means of edge detection, so we have each shape described by coordinates of the boundary: $c_i = \{x_1, y_1, \dots, x_k, y_k\}$. The next step is the extraction of shape features (see section 3.1 for details), therefore we introduce in this methodology the use of the Box counting (figure 1-(b)) as shape descriptor [8]. Here the main idea is to use the Fractal Dimension to drive the clustering method to classify shapes that fill the space in a better way. Then we use this measurements to build a Markov matrix described below, establishing in this way a shape similarity measure with the help of a Gaussian kernel. Finally, the low-dimensional embeddings of all the shape images are computed using eigenvectors and eigenvalues of the Markov matrix. The reason this works, is that under the assumption that similar shapes that belong to a particular class lie on a sub-manifold in a high dimensional Euclidean space $\mathbb{R}^N$, the problem of extracting intrinsic parameters reduces to finding a low-dimensional embedding of the sub-manifold [6]. To this end, Diffusion Maps [9] were used to find the embedding and k-means clustering to identify the different clusters of shapes (section 3.2).

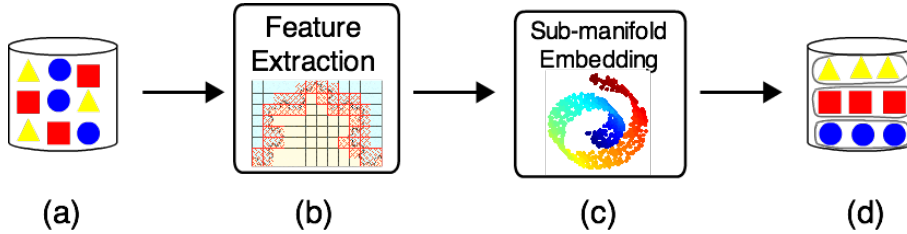


Fig. 1. Process for our proposed clustering method model: (a) The source images are processed so the contours can be drawn out of them. (b) Feature extraction using box counting dimension as shape descriptor (c) Diffusion Maps are used for global learning of the shape manifolds (d) Clustering results.

3 Contour localisation and Diffusion Maps method for shape clustering

3.1 Fractal Dimension for Shape Description

A *fractal* can be defined [10] as an object or quantity that unfolds self-similarity on all scales. Although the object does not necessarily exhibit exactly the same structure at

all scales, the same 'type' of structures must be viewed on all scales. In general, fractal analysis can quantify the irregularity of a fractal object, using the *fractal dimension* as an index or descriptor of shape complexity. The *Hausdorff-Besicovitch* dimension is an important concept that can be applied to perform fractal analysis, where the closer the dimension is to 2, the more the curve fills the plane into to which it belongs. Therefore, this dimension can be used as a curve complexity measure [11, 8].

For a planar curve, it can be calculated by the number, $N(\delta)$, of area elements, δ , needed to cover the curve. The estimate, then, of the length of the curve is $N(\delta)\delta$. The Hausdorff-Besicovitch dimension D of a curve is defined as some measure $M_d(\delta)$ for which $N(\delta)\delta^d$ abruptly changes from zero to infinity [12]. Since D is often finite, it can be shown that for sufficiently small δ

$$D = -\frac{\log N(\delta)}{\log(\delta)}. \quad (1)$$

For practical purposes, to obtain the *Box Counting dimension* of a plane set $\mathbf{F}$ we can consider drawing a mesh or a set of boxes of side length δ and then count the number $N_\delta(\mathbf{F})$ that overlap the set for various sizes of δ (hence the name 'box counting'). Thus, we may determine the fractal dimension by finding the slope of $\log N_\delta(\mathbf{F})$ plotted as a function of $-\log \delta$ [12].

A desirable representation of shape should be robust to any translation, scale and rotation transformations [13, 14]. This is important since to learn the structure of the shape manifolds of different classes in an unsupervised way, such representation should employ features related to the shape that are associated with the main shape characteristics. Hence, we have performed an experiment where it is demonstrated that to a great extent the Fractal Dimension is a robust shape descriptor. In figure 2, we have performed the box counting calculation for the original shape in (a) and under different transformations of it: (b) Translation, (c) Rotation, (d) Scale, (e) Shear and (f) Noise. From the results is easy to conclude that even under shear and noise the Fractal Dimension is robust enough for our purposes.

3.2 Shape manifolds and Diffusion Maps

Like most manifold learning methods, the first step of Diffusion Maps is to define the feature vectors using the Fractal Dimension calculation for each shape of the set, hence $\Omega = \{\mathbf{FD}_1, \mathbf{FD}_2, \dots, \mathbf{FD}_n\}$ (where n denotes the total of shapes). Then as Ω regards these shape descriptors as the nodes of the adjacency graph G such that $G = (\Omega, W)$, where W , the similarity matrix between $\mathbf{f}_i$ and $\mathbf{f}_j$ can be computed using the Gaussian kernel of width ε :

$$w(\mathbf{f}_i, \mathbf{f}_j) = e^{\frac{(-||\mathbf{f}_i - \mathbf{f}_j||^2)}{2\varepsilon}} \quad (2)$$

The graph G with weights W represents our knowledge of the local geometry of the set. Next, we define the Markov random walk on this graph, so to this end we introduce the degree of node $d(\mathbf{f}_i)$ of node $\mathbf{f}_i$ as:

$$d(\mathbf{f}_i) = \sum_{z \in \Omega} w(\mathbf{f}_i, z) \quad (3)$$

Now, if P is defined as an $n \times n$ matrix whose entries are given by:

$$p_{ij} = \frac{w(\mathbf{f}_i, \mathbf{f}_j)}{d(\mathbf{f}_i)} \quad (4)$$

then $p(x, y)$ can be viewed as the transition kernel of a Markov chain on V .

As P contains geometric information about the data set, the transitions that it defines directly reflect the local geometry defined by the immediate neighbours of each node in the graph of the data. In other words, $p(x, y)$ represents the probability of transition from node x to node y in one time step [9].

Running the Markov chain forward is equivalent to computing powers of the operator P . For this computation, in theory, the eigenvalues and eigenvectors of P can be used, but instead, these objects can be directly employed in order to characterise the geometry of the data set [15].

Hence, its possible to define the family of diffusion maps $\{\Psi_t\}_{t \in \mathbb{N}}$ given by:

$$\Psi_t(x) \triangleq \begin{pmatrix} \lambda_1^t \psi_1(x) \\ \lambda_2^t \psi_2(x) \\ \vdots \\ \lambda_{s(\delta, t)}^t \psi_{s(\delta, t)}(x) \end{pmatrix}. \quad (5)$$

Each component of $\Psi_t(x)$ is termed *diffusion coordinate*. The mapping $\Psi_t : V \rightarrow \mathbb{R}^{s(\delta, t)}$ embeds the data set into a euclidean space of $s(\delta, t)$ dimensions.

The connection between diffusion maps and diffusion distances can be summarised as follows. The diffusion map Ψ_t embeds the data into the Euclidean space $\mathbb{R}^{s(\delta, t)}$ so that in this space, the euclidean distance is equal to the diffusion distance (up to relative accuracy δ), or equivalently:

$$\|\Psi_t(x) - \Psi_t(y)\| = D_t(x, y). \quad (6)$$

4 Experimental Results

Our first experiment to evaluate the clustering performance was using 3 different classes from the Kimia database of silhouettes [16]. These classes are: Rat, Horse and Fish with 20, 20 and 32 members for a total of 72 samples. Figure 3 shows the diffusion coordinates plot after the Diffusion Maps, and the resulting classes in (b)-(d).

The second experiment, now involved some fractal alike shapes, brain white matter contours, that have proven to posses fractal properties [7], leaf contours and Horses from the Kimia database (6, 97 and 20 shapes each). Now in figure 4 we can find the results for this new dataset, in (a) the diffusion coordinates plot, and the resulting classes in (b)-(d).

Finally, the last experiment was using fractal shapes, Koch snowflakes, Mandelbrot sets and again brain white matter contours (4, 9 and 6 shapes respectively). In figure 5 it is possible to observe the results for the fractal data set, in (a) the diffusion coordinates plot, and the resulting classes in (b)-(d).

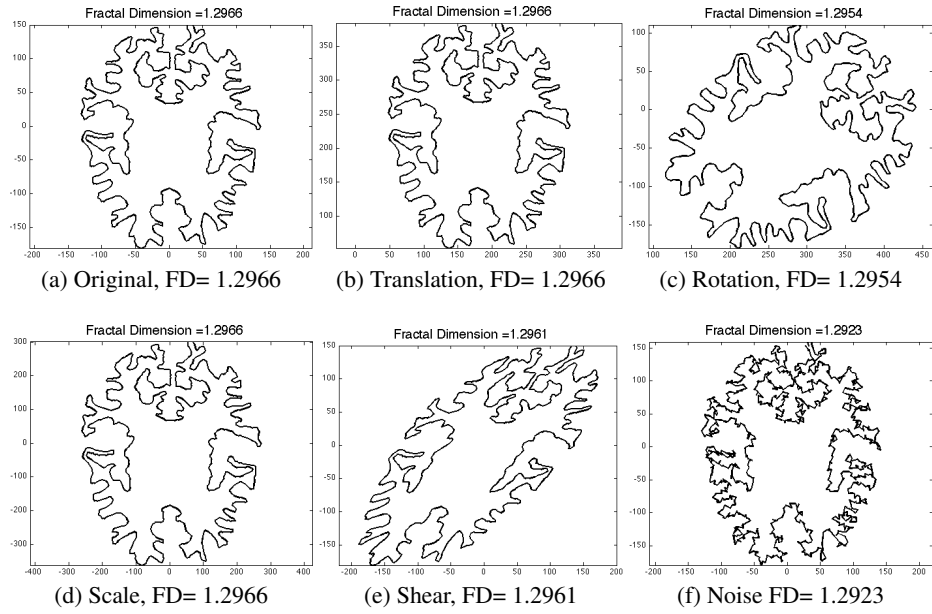


Fig. 2. Example results of the Fractal dimension using the Box Counting method for a brain white matter contour: (a) Original shape, (b) Translation, (c) Rotation, (d) Scale, (e) Shear and (f) Noise.

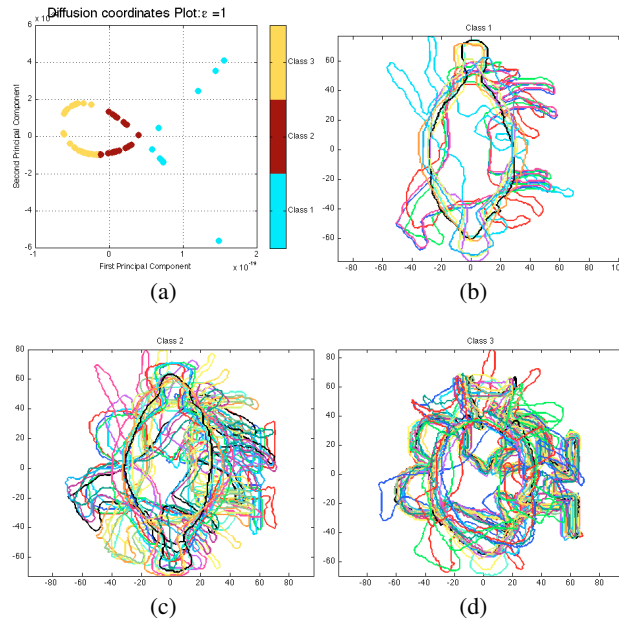


Fig. 3. First experiment using the Kimia database, the selected classes are: Rat, Horse and Fish. (a) Diffusion coordinates plot, Resulting Classes from the clustering: (b) - (d).

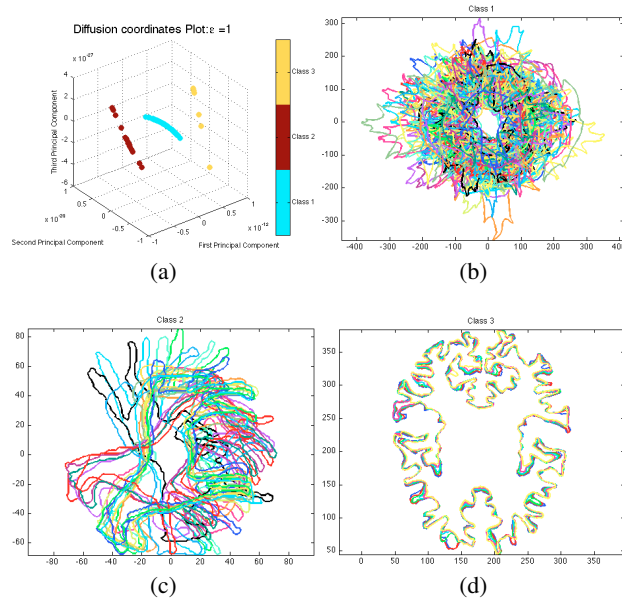


Fig. 4. Second experiment using different shape sets: leaf contours, horses and brain white matter. (a) Diffusion coordinates plot, Resulting Classes from the clustering: (b) - (d).

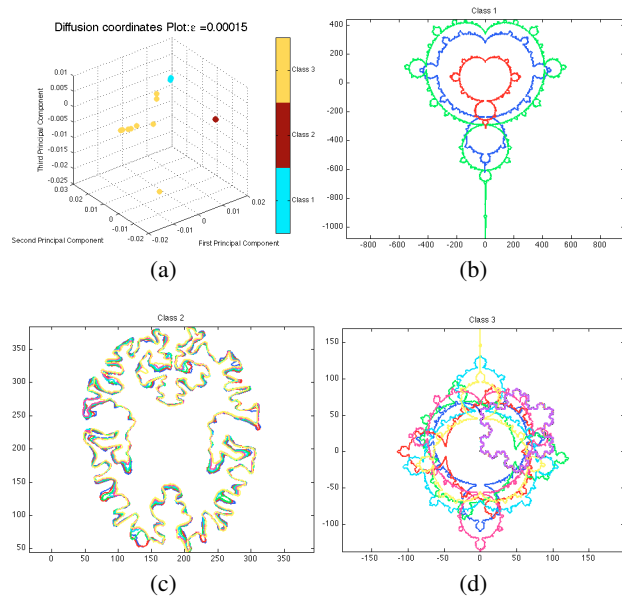


Fig. 5. Last experiment using three different fractal shape sets: Koch snowflakes, Mandelbrot sets and brain white matter contours. (a) Diffusion coordinates plot, Resulting Classes from the clustering: (b) - (d).

5 Evaluation and Discussion

From figure 3 it is clear that the Fractal Dimension as shape descriptor works poorly in shapes that do not present a fractal pattern. The second experiment reveals that when using a mixture of fractal and non-fractal shapes it is possible to improve the quality of the clustering, but having in mind that such shapes have a well defined Fractal Dimension. Using only fractal shapes like in experiment three (figure 5), exhibits that the fractal dimension descriptor is again not enough to perform well, but that is because some shapes have a very similar Fractal Dimension.

From above we can conclude that it is possible to improve the clustering by modifying the shape descriptor. That can be done by adding to the descriptor more information, probably topological, or use another Fractal Dimension measurement like Fractional Brownian motion (fBm) or Multifractal analysis [17]. Another alternative is to try another signature based on fractal measurements like [18].

To the knowledge of the authors this is the first attempt to use the Fractal Dimension as shape descriptor, moreover, it is as well the first attempt to apply it in the context of shape clustering. Important to note as well that we are as well using actual fractal contours for our experiments.

References

1. Mandelbrot, B.B.: The fractal geometry of nature. Freeman, Oxford (1982)
2. Mandelbrot, B.B., Pfeifer, P., Biham, O., Malcai, O., Lidar, D.A., Avnir, D.: Is nature fractal? *Science* **279**(5352) (1998) 783–786
3. Avnir, D., Biham, O., Lidar, D., Malcai, O.: Is the geometry of nature fractal? *Science* **279**(5347) (1998) 39–40
4. Barbará, D., Chen, P.: Using the fractal dimension to cluster datasets. In: Proceedings of the sixth ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery and data mining. KDD '00, New York, NY, USA, ACM (2000) 260–264
5. Yan, G., Liu, L., Du, L., Yang, X., Ma, Z., Zhang, X.M.: Multifractal based cluster hierarchy optimisation algorithm. *Int. J. Bus. Intell. Data Min.* **3** (January 2008) 353–374
6. Rajpoot, N., Arif, M.: Unsupervised shape clustering using diffusion maps. *Annals of the BMVA* **2008**(5) (2008) 1–15
7. Valdes-Amaro, D.: Statistical Shape Analysis for bio-structures: Local Shape Modelling, Techniques and Applications. PhD thesis, Department of Computer Science, University of Warwick (October 2009)
8. da Fontoura Costa, L., Cesar, R.M.: Shape Analysis and Classification: Theory and Practice. CRC Press (December 2000)
9. Lafon, S., Lee, A.B.: Diffusion maps and coarse-graining: A unified framework for dimensionality reduction, graph partitioning, and data set parameterization. *IEEE Transactions Pattern Analysis and Machine Intelligence* **28**(9) (September 2006) 1393–1403
10. Weisstein, E.W.: Fractal - from mathworld—a wolfram web resource, url: <http://mathworld.wolfram.com/fractal.html> (2009)
11. Kindratenko, V.: Development and Application of Image Analysis Techniques for Identification and Classification of Microscopic Particles. PhD thesis, University of Antwerp (1997)
12. Feder, J.: Fractals. Plenum Press, New York (1988)
13. F.L.Bookstein: Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. *Statistical Science* **1**(2) (May 1986) 181–242

14. Kendall, D.G.: Shape manifolds, procrustean metrics, and complex projective spaces. *Bulletin of the London Mathematical Society* **16**(2) (1984) 81–121
15. Coifman, R., Lafon, S.: Diffusion maps. *Applied and Computational Harmonic Analysis* **21** (2006) 5–30
16. Sharvit, D., Chan, J., Tek, H., Kimia, B.B.: Symmetry-based indexing of image databases. *Journal of Visual Communication and Image Representation* **9** (1998) 366–380
17. Lopes, R., Betrouni, N.: Fractal and multifractal analysis: A review. *Medical Image Analysis* **13**(4) (2009) 634 – 649
18. Taylor, R., Lewis, P.: 2d shape signature based on fractal measurements. *IEE Proceedings Vision, Image and Signal Processing* **141** (December 1994) 422 – 430

Análisis de Gráficas de Conectividad Funcional Cerebral derivadas del EEG

Javier Alducin-Castillo

Oscar Yáñez-Suárez

LINI Universidad Autónoma Metropolitana - Iztapalapa México

5 de octubre de 2013

1. Introducción

El interés primordial para caracterizar la conectividad funcional del cerebro en condiciones normales o patológicas es que la mayoría de las funciones del cerebro están basadas en interacciones entre grupos de neuronas localizados en diferentes áreas del cerebro, es decir, diferentes patrones de conectividad son generados en respuesta a tareas cognitivas o a la evolución de padecimientos.

Un elevado nivel de conectividad entre la actividad cerebral generada en diferentes regiones, indica una posible relación funcional en dichas áreas, por lo tanto se pueden estimar las distribuciones topográficas de las conexiones cerebrales, relacionando áreas especializadas o con alteraciones de la integración de la información. Sin embargo, surgen dificultades para la identificación de dichas relaciones [1]:

- Elección del método de adquisición de datos electrofisiológicos. MEG, fMRI y EEG no brindan una medida directa de la conectividad entre distintas regiones, dado que a partir de potenciales eléctricos, campos electromagnéticos y señales BOLD se estima la conectividad entre áreas cerebrales bajo diversos modelos supuestos.
- En diversas patologías o durante la ejecución de tareas cognitivas no se tiene una idea clara de la relación entre áreas del cerebro, de los vínculos entre observaciones y mecanismos neuronales de coordinación entre distintas áreas.
- Existe una diversidad de métodos matemáticos para definir y estimar la conectividad funcional.

Una gráfica es una representación de una red de objetos, a partir de nodos (vértices) que se vinculan entre sí mediante conexiones (aristas) que pueden o no tener peso o dirección. Desde el punto de vista del electroencefalograma bajo el sistema internacional 10-20, puede asumirse una gráfica que tiene por nodos cada uno de los electrodos del montaje, aristas que conectan a todos los electrodos entre si (una gráfica completa) y con pesos derivados de la medida de conectividad elegida. La teoría de

gráficas no había sido incorporada de manera relevante al estudio de la conectividad funcional cerebral antes de la concepción de un modelo de red de *pequeño-mundo*, desarrollado por Watts y Strogatz para describir el famoso experimento social de Milgram [2, 3]. Esta red tiene dos propiedades características: muchas conexiones de corta distancia (coeficiente de agrupamiento alto) y algunas conexiones a larga distancia (longitud característica baja). Distancia, en el contexto de la red de conectividad del EEG, se refiere a la cuenta de nodos que hay que atravesar para ir de uno cualquiera a otro.

Para representar matemáticamente la conectividad dentro de una gráfica, se utiliza una matriz que contenga el patrón de conexiones: 1's o 0's en el caso de gráficas binarias, para gráficas pesadas el valor de conectividad, dicha matriz se conoce como *matriz de asociación*. A partir de esta matriz se basa el análisis de la teoría de gráficas, para obtener diversas medidas que caractericen el comportamiento de la red.

En este trabajo se propone analizar sistemáticamente la conectividad funcional cerebral a través del desarrollo de medidas y representaciones de las propiedades de sus gráficas pesadas. En particular, se describe su potencial utilización en la comparación de pacientes de enfermedad vascular cerebral (EVC) y un grupo control. Para ello, el grado promedio de nodo, el coeficiente de agrupamiento característico y la distancia mínima característica se exploran utilizando dos medidas alternativas de conectividad, la función de coherencia espectral por banda y la entropía cruzada.

2. Metodología

2.1. Registros de EEG

Los registros de EEG utilizados fueron proporcionados por el Instituto Nacional de Rehabilitación (INR), de tipo monopolar cumpliendo el Sistema Internacional 10-20 [4, 5] en arreglo sagital/parasagital. Durante la adquisición se utilizó filtrado analógico en banda de

0,5 – 40Hz y un filtro notch a 60Hz para eliminar artefactos provocados por la línea de alimentación, colocando el electrodo de referencia sobre el hueso mastoide. Los sujetos se colocaron en posición supina, es decir, acostados en reposo con ojos abiertos y cerrados durante todo el tiempo de adquisición. El protocolo de los registros está orientado a observar la respuesta del Sistema Nervioso Central (SNC) y Sistema Nervioso Autónomo (SNA), teniendo cuatro etapas de estudio:

- Estado basal, con ojos abiertos o cerrados alternadamente durante un periodo de dos minutos.
- Fotoestimulación, mediante la emisión de un haz de luz blanca sobre el paciente con ojos cerrados, 20 repeticiones con 10 estimulaciones cada dos segundos.
- Asociación, pidiéndole al paciente que apriete un botón en respuesta a una fotoestimulación, 20 repeticiones con 10 estimulaciones cada dos segundos.
- Hiperventilación, con frecuencia respiratoria controlada por 10 segundos

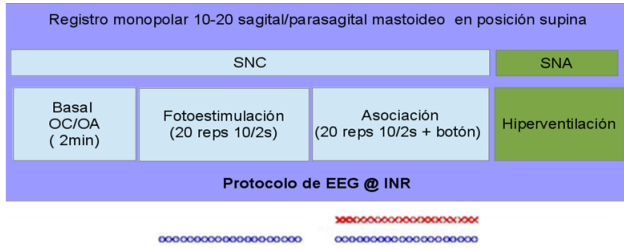


Figura 1: Protocolo de adquisición de registros de EEG del INR

En la figura 1 se puede observar las diferentes etapas del protocolo de adquisición, donde cada fotoestimulación se marca con un círculo azul y durante la etapa de asociación, si el paciente percibe una fotoestimulación al apretar el botón se marca con una cruz roja.

2.2. Procesamiento de señales

Para poder cuantificar la conectividad entre canales es necesario el acondicionamiento de los registros de EEG. En primer lugar se remueven artefactos mediante la separación ciega de fuentes usando análisis de componentes independientes (ICA) [6, 7, 8, 9, 10], en la implementación se usa el algoritmo FastICA [11]. Después se realiza una re-referencia para evitar valores de conectividad alterados debido al uso de un electrodo como referencia común. En [12, 13, 14], se sugiere el uso de *Common Average Reference* (CAR) para evitar valores de conectividad inflados artificialmente debido a la referencia común. El siguiente paso es realizar un filtrado digital en bandas de frecuencias ampliamente estudiadas en el EEG, mediante un banco de filtros FIR de un orden alto.

2.3. Medidas de Conectividad

Para obtener el valor de conectividad entre dos señales de EEG, se divide cada serie de tiempo en segmentos de un segundo, para cada par de segmentos en el tiempo correspondiente se calcula el valor de la conectividad, por lo que se obtienen series de tiempo de conectividad a lo largo de toda la duración del registro. Este procedimiento se realiza para todos los pares de electrodos posibles generando, por cada segmento de tiempo, una matriz cuadrada que contiene los valores de conectividad entre todos los electrodos. Es decir, teniendo 20 electrodos y un registro de 1000 segundos, se obtienen 1000 matrices de asociación de dimensiones 20×20 . Se propone usar dos medidas de conectividad:

- Coherencia. Medida lineal en espectros de potencia sin dirección de flujo de información.
- Entropía cruzada. Medida de la teoría de la información, no lineal y direccional.

2.3.1. Coherencia

La función de coherencia (1) mide la correlación espectral de las señales, cuantificando la “semejanza” lineal entre señales de acuerdo a su espectro de potencia:

$$\gamma_{XY}^2(w) = \frac{|S_{XY}(w)|^2}{S_{XX}(w)S_{YY}(w)} \leq 1 \quad (1)$$

donde $S_{XX}(w)$ y $S_{YY}(w)$ son las densidades de los auto-espectros de las series de tiempo X y Y que representan la información de dos canales de EEG, $S_{XY}(w)$ es la densidad del espectro cruzado entre X y Y . Se usa el método de Welch [15], donde se estima el espectro de potencia de una serie de tiempo estacionaria de segundo orden, mediante la división en segmentos traslapados de la misma longitud, calculando el periodograma a partir del promedio de todos los periodogramas. Este método se extiende de la misma forma para calcular el espectro de potencia cruzado, necesario para calcular la función de coherencia mediante la ecuación 1.

2.3.2. Entropía Cruzada

La entropía de Kullback-Leibler es una medida de diferencia entre dos distribuciones de probabilidad:

$$K(p, q) = \sum_x p(x) \log \left(\frac{p(x)}{q(x)} \right) \quad (2)$$

donde $K(p, q)$ indica que tan parecidas son o no las distribuciones p y q , es decir, $K(p, q) = 0$ si y solo si $p(x) = q(x)$, pero no es simétrica ya que $K(p, q) \neq K(q, p)$. Para calcular ésta entropía, se usó una metodología similar al método de Welch: primero se generan subsegmentos traslapados de la misma longitud, se estimaron las funciones de densidad para estos subsegmentos, después se

calcula la entropía cruzada a partir del promedio de las entropías cruzadas de los segmentos traslapados.

2.4. Obtención y Visualización de parámetros de redes complejas

Los parámetros de red que se determinaron para las gráficas de conectividad fueron [2, 16]:

- *Grado de nodo* (G). Número de conexiones que tiene un nodo con los restantes.
- *Coficiente de agrupamiento característico* (C). Promedio de coeficientes de agrupamiento de los nodos, siendo la probabilidad de que los vecinos de un nodo central estén interconectados.
- *Distancia mínima característica* (L). Promedio de distancias mínimas de los nodos.

Dado que la matriz de *asociación* es pesada (por γ_{XY}^2 o por $K(p, q)$), se requiere obtener una versión binaria que indique la conexión entre nodos con 1's y ausencia de conexión con 0's. Esta matriz de *adyencia* se obtiene mediante la umbralización de la matriz de asociación; usar un único valor de umbral sería erróneo, ya que diferentes patrones de conectividad se pueden generar a diferentes valores de umbral. Ante esta situación, a diferencia de lo usualmente reportado en la literatura (uso de un umbral fijo), se realiza un barrido de 100 umbrales, así para cada valor de umbral se obtiene una gráfica binaria de la cual se calculan los parámetros de redes complejas.

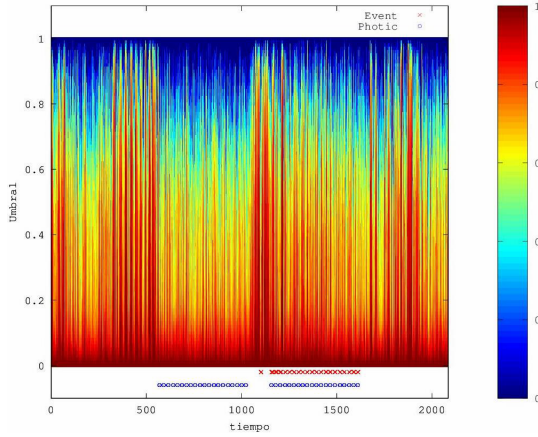


Figura 2: Visualización del coeficiente de agrupamiento en toda la duración del registro.

Como es importante conocer el comportamiento de los parámetros en función del tiempo, para observar la dinámica de los parámetros en las diferentes etapas de estimulación, se desarrolló una representación *tiempo-umbral-conectividad* donde se observa la información del comportamiento de los parámetros, en función del valor umbral (eje y) y del tiempo (eje x), asociando el valor del parámetro a un color de una paleta de colores (figura

2). En la parte inferior se agregan marcas de las etapas de fotoestimulación (círculo azul) y asociación (cruz roja), para diferenciar las diferentes etapas del protocolo.

Otra representación, se desarrolló para G (figura 3), donde se muestra para cada electrodo el valor de su grado (asociado a un color) en función del tiempo, y que brinda información acerca de qué tan conectado está un electrodo con los demás.

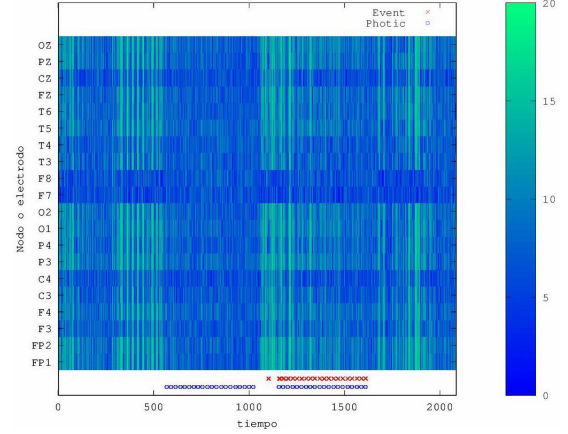


Figura 3: Visualización del grado de los nodos en toda la duración del registro.

3. Resultados

En el grupo control en banda delta y theta se encontró que al usar la coherencia, C mantiene un nivel alto por debajo de un umbral de 0.1, al aumentar el umbral disminuye su valor presentando variaciones aparentemente sin un patrón definido como se puede ver en la figura 4 (arriba). La entropía cruzada no presenta variaciones como la coherencia, es decir por debajo de un umbral de 0.4 se tiene un valor de 1 (máximo) y entre los umbrales 0.4 y 0.6 se visualiza una transición de valores que va de 1 a 0 en la figura 4(abajo).

La coherencia en L presenta una distancia promedio cercana a 1 por debajo de un umbral de 0.4, es decir, prácticamente todos los nodos están interconectados (figura 5, arriba), se presentan variaciones con valores de umbral de 0.6 a 0.8 entre valores de L de 3 a 5 requiriendo más nodos intermedios para la transmisión de la información. La entropía cruzada (figura 5, abajo) mantiene la misma dinámica mostrada en C , por debajo de 0.4 se tiene el valor mínimo de distancia y sólo se tiene entre 0.5 y 0.7 una zona de variación (entre 2 y 3.5 de distancia), por arriba de 0.7 se mantiene también el valor mínimo. En cuanto al grado de los nodos (usando coherencia) se aprecia que los electrodos Pz, T6, F7, P4 y C3, en la mayoría de los sujetos control, mantienen un grado menor en toda la duración del registro en

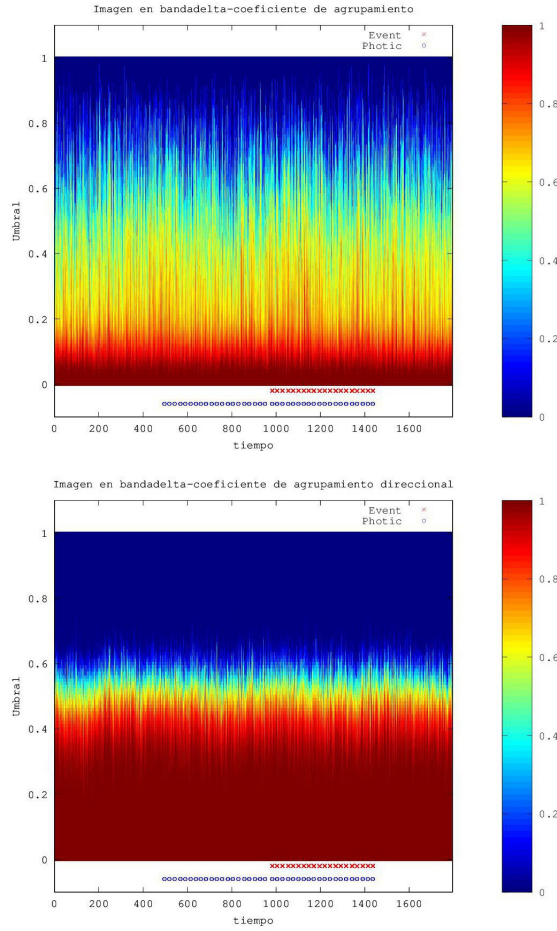


Figura 4: Representación de C en banda delta grupo del control usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

comparación de los electrodos restantes figura 6(arriba). Sin embargo, la entropía cruzada muestra grados de nodos que se pueden considerar uniformes, es decir, no se puede apreciar electrodos con menor o mayor grado que otros figura 6 (abajo).

Por su parte, las gráficas de los pacientes de EVC presentan dos comportamientos. El primero corresponde a la observación de etapas diferenciadas del protocolo de adquisición de registros mediante ambas medidas de conectividad obtenidos. En la figura 7 se puede observar que durante las etapas de estado basal, asociación e hiperventilación se mantienen variaciones con un alto coeficiente de agrupamiento, para coherencia (figura 7, arriba) se tienen por debajo de un umbral de 0.1 el valor máximo, en la etapa de estimulación se tienen variaciones pero con un menor grado de C . Para entropía cruzada ((figura 7, abajo) por debajo de un umbral de 0.4 se tiene una mayor zona que mantiene un alto C presentando tambien las etapas diferenciadas.

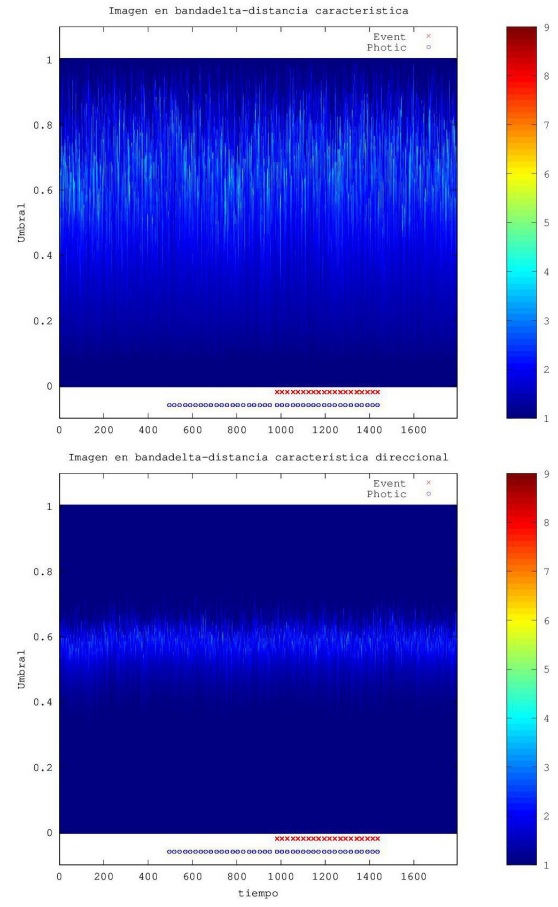


Figura 5: Representación de L en banda delta del grupo control usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

En L al igual que en C , se mantiene el mismo comportamiento para coherencia y entropía (figura 8), para el primer caso por arriba de 0.1 empiezan las variaciones del valor de L manteniendo diferencias durante las etapas en casi todos los valores de umbral.

En la figura 9 (arriba) se muestra el grado de los nodos, obtenidos usando coherencia. Se observa que durante la etapa de fotoestimulación es considerablemente menor el grado que las otras tres etapas, también se observa que los electrodos Cz, F8, F7, C4, C3 y F3 mantienen un grado menor a lo largo de todo el tiempo a comparación de los restantes, principalmente en las etapas de estado basal, asociación e hiperventilación. La gráfica obtenida con entropía cruzada (figura 9, abajo) muestra transiciones mas suaves durante todo el tiempo, a comparación de coherencia, coincide que pueden diferenciarse las cuatro etapas y los electrodos Fz, F8, F7, F4, F3, Fp2, Fp1 disminuyen sus grados a comparación de los demás electrodos en todas las etapas, por lo tanto coherencia y entropía coinciden con el comportamiento de los electrodos F8, F7 y F3.

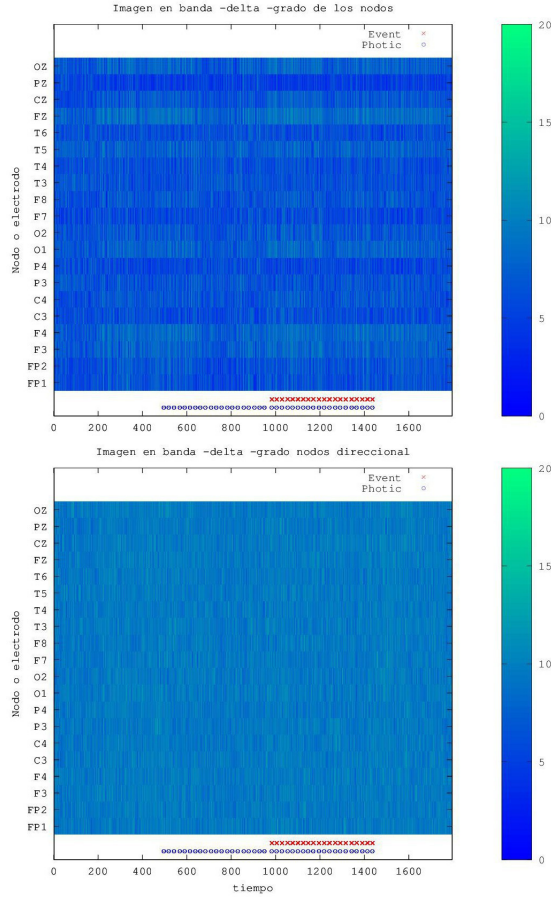


Figura 6: Representación de G en banda delta del grupo control usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

El segundo comportamiento de los pacientes de EVC se relaciona con el primero, en que la entropía cruzada mantiene valores con una tendencia a menores variaciones abruptas a diferencia de la coherencia, sin embargo, no se pueden apreciar las etapas diferenciadas con los parámetros C y L . Sin embargo, sí coinciden los resultados en el grado del nodo en cuanto a la disminución de los grados de los electrodos Fz, F8, F7, F4, F3, Fp2.

4. Conclusión

La aplicación de la teoría de gráficas al análisis de la conectividad funcional en pacientes de EVC plantea dos escenarios: el primero indica una diferencia en la dinámica de los tres parámetros utilizados durante las cuatro etapas del protocolo; en particular, la etapa de estimulación mantiene valores menores de C , L y G mediante coherencia y entropía cruzada. También se pueden establecer dos comportamientos de acuerdo al valor de umbral, el primero mantiene las características de pequeño-mundo por debajo de 0,4 para C y por debajo de 0,5 para L , el segundo va de 0,4 a 0,9 para

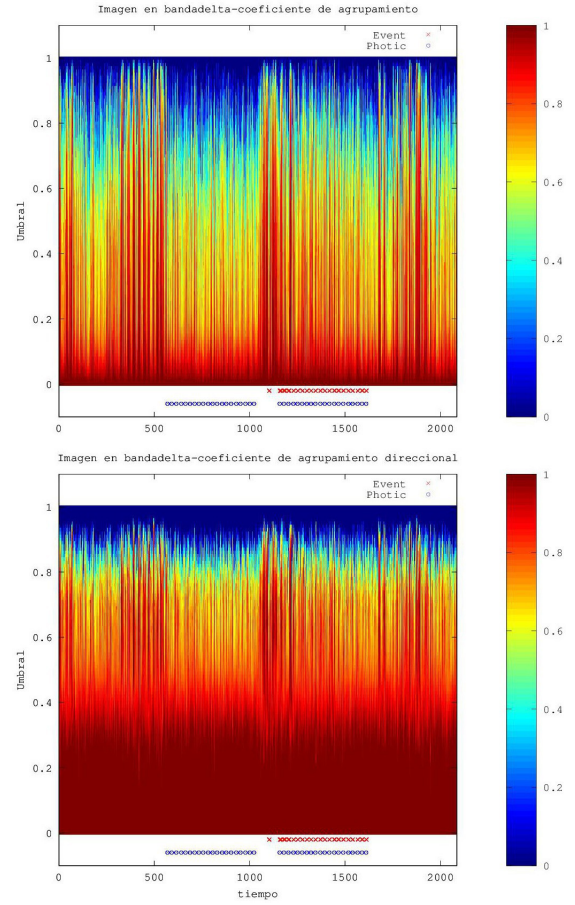


Figura 7: Representación de C en banda delta de paciente de EVC usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

C y 0,6 a 0,9 para L . El segundo escenario no presenta dicha diferenciación de etapas, pero coincide en el comportamiento de G , los electrodos de los lóbulos frontales Fz, F8, F7, F4, F3, Fp2 presentan un menor grado (con ambas medidas de conectividad), indicando que estos lóbulos pierden conexiones en dichos pacientes. Los sujetos del grupo control pierden ligeramente conexiones en Pz, T6, F7, P4 y C3 (con coherencia), la entropía indica que el grado de los nodos no presenta diferencias significativas, mostrando un resultado casi *homogéneo*.

La coherencia, en sujetos control, muestra en C y L variaciones abarcando casi todos los valores de umbral, a diferencia de la entropía cruzada que mantiene una zona de transición corta entre 0.4 y 0.6 de umbral. Esto último da indicio de que para la entropía cruzada los parámetros de red de pequeño-mundo se mantienen por debajo de un umbral de conectividad de 0,4, entre 0,5 y 0,7 esas características varían. Para coherencia no se puede establecer un valor debido a sus variaciones. Adicional a esto no se puede observar ninguna diferenciación de las etapas del protocolo.

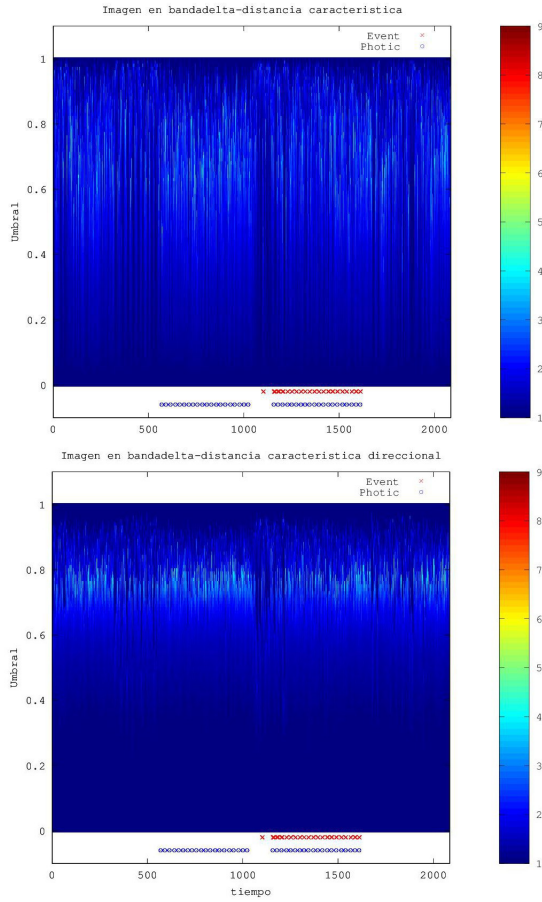


Figura 8: Representación de L en banda delta del grupo control usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

Como se pudo apreciar ambas medidas brindan características de ambos grupos de sujetos, sin embargo, la entropía cruzada presenta un comportamiento que facilita su interpretación, aunque aún no se pueden establecer de manera concreta las ventajas o desventajas de utilizar una medida u otra en este análisis. Aparecen semejanzas en el comportamiento de los parámetros, que deben tenerse en cuenta para valorar la utilidad de las medidas. Debido a que este trabajo es exploratorio, las implicaciones fisiológicas de estos resultados deben ser establecidas con mayor detalle.

Referencias

- [1] Cornelis J Stam. From synchronisation to networks: assessment of functional connectivity in the brain. Springer, 2009.
- [2] Duncan J Watts and Steven H Strogatz. Collective dynamics of ‘small-world’ networks. *nature*, 393(6684):440–442, 1998.

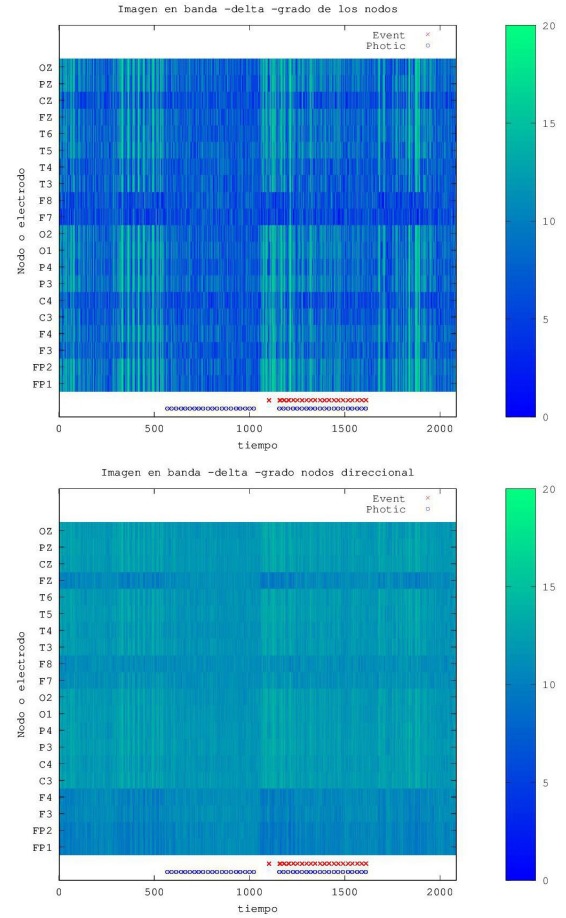


Figura 9: Representación de G en banda delta de paciente de EVC usando: coherencia (arriba) y entropía cruzada (abajo).

- [3] Stanley Milgram. The small world problem. *Psychology today*, 2(1):60–67, 1967.
- [4] Richard W Homan, John Herman, and Phillip Purdy. Cerebral location of international 10–20 system electrode placement. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 66(4):376 – 382, 1987.
- [5] H. H. Jasper. The ten twenty electrode system of the international federation. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 10:371–375, 1958.
- [6] Laura Astolfi, Febo Cincotti, Donatella Mattia, F Babiloni, MG Mariani, F De Vico Fallani, M Mattiocco, F Miwakeichi, Y Yamaguchi, P Martinez, et al. Removal of ocular artifacts for high resolution EEG studies: a simulation study. 2006.
- [7] Tzyy-Ping Jung, Scott Makeig, Colin Humphries, Te-Won Lee, Martin J Mckeown, Vicente Iragui, and Terrence J Sejnowski. Removing electroencephalographic artifacts by blind source separation. *Psychophysiology*, 37(2):163–178, 2000.

- [8] Tzyy-Ping Jung, Scott Makeig, Te-Won Lee, Martin J McKeown, Glen Brown, Anthony J Bell, and Terrence J Sejnowski. Independent component analysis of biomedical signals. In *Proc. Int. Workshop on Independent Component Analysis and Signal Separation*, pages 633–644. Citeseer, 2000.
- [9] Tzyy-Ping Jung, Scott Makeig, Marissa Westerfield, Jeanne Townsend, Eric Courchesne, and Terrence J Sejnowski. Removal of eye activity artifacts from visual event-related potentials in normal and clinical subjects. *Clinical Neurophysiology*, 111(10):1745–1758, 2000.
- [10] S Romero, MA Mañanas, and Manel J Barbanoj. Ocular reduction in EEG signals based on adaptive filtering, regression and blind source separation. *Annals of biomedical engineering*, 37(1):176–191, 2009.
- [11] Aapo Hyvärinen and Erkki Oja. Independent component analysis: algorithms and applications. *Neural networks*, 13(4):411–430, 2000.
- [12] Mohammed J Alhaddad. Common average reference (car) improves p300 speller. *International Journal of Engineering and Technology*, 2(3), 2012.
- [13] Joseph Dien. Issues in the application of the average reference: Review, critiques, and recommendations. *Behavior Research Methods, Instruments, & Computers*, 30(1):34–43, 1998.
- [14] Ms M Essl and P Rappelsberger. Eeg coherence and reference signals: experimental results and mathematical explanations. *Medical and Biological Engineering and Computing*, 36(4):399–406, 1998.
- [15] Peter Welch. The use of fast fourier transform for the estimation of power spectra: a method based on time averaging over short, modified periodograms. *Audio and Electroacoustics, IEEE Transactions on*, 15(2):70–73, 1967.
- [16] Ed Bullmore and Olaf Sporns. Complex brain networks: graph theoretical analysis of structural and functional systems. *Nature Reviews Neuroscience*, 10(3):186–198, 2009.

Coincidencias en Epilépsia y Sueño

Arlex Oscar Marín García

UAEM - Facultad de Ciencias

Posgrado en Modelado Computacional y Cómputo Científico

Según investigaciones recientes, en dónde se estudian electroencefalogramas (EEG) de sujetos sanos en diferentes etapas del proceso de soñar, incluídas todas, aunque con especial énfasis en la correspondiente a los movimientos oculares rápidos (MOR), y también tomando en consideración recientes teorías sobre el funcionamiento cerebral, que se enfoca en términos de acoplamiento y desacoplamiento funcional, lo que podemos detectar como comportamiento dinámico con respecto a potenciales eléctricos en el EEG de pacientes con epilepsia; aparecen coincidencias quizá sorprendidas, pero que podrían dar pie a un mejor entendimiento de ambos fenómenos. Nueva información sobre el funcionamiento de los circuitos responsables del MOR se encuentra ahora disponible y si están o no integrados en los que a su vez están incluídos en los responsables de la dinámica epileptogénica de otros circuitos es una pregunta interesante en términos clínicos y útil en términos prácticos.

Para estos fines, hemos decidido usar una herramienta de fundamentos teóricos sencillos y que resulta en una fácil interpretabilidad de las estimaciones numéricas acerca de la interrelación entre el comportamiento bivalente entre las series de tiempo del EEG. En este sentido, existen apreciaciones prácticas a tomar en cuenta; proponemos un conjunto de herramientas computacionales para analizar robustamente estas series de tiempo, al usar criterios de significancia bien definidos y forzar el mínimo posible de consideraciones acerca del origen de los datos y su comportamiento esperado; así también, se incorporan pruebas estadísticas que, a decir de los resultados en sistemas artificiales modelo, interrelaciones de carácter lineal pueden ser suficientemente bien aproximadas por el método que proponemos.

Esta metodología como conjunto, es aplicada a EEG de personas durante etapas del sueño (1,2,3,4 y MOR) y vigilia, en contraste a registros extra- e intra-craneales de personas con diferentes tipos de epilepsia. Se apuntan con interés las coincidencias encontradas y las diferencias esperadas, y también se esbozan futuras investigaciones que toman en cuenta las teorías recientes acerca de la función cerebral como un proceso ondulatorio: el “downscaling” propuesto por Tononi y sus colaboradores; en el cuál existe una coyuntura entre la dinámica de los procesos de sueño, vigilia y el comportamiento patológico en epilepsia y procesos de sueño perturbados.

¿Pueden pensar las máquinas? Estudio del test de Turing mediante resonancia magnética funcional

Cuaya, L. y Concha, L.
Instituto de Neurobiología, UNAM

Alan Turing (1950) propuso el test de Turing como una prueba para evaluar la inteligencia de las máquinas. Para que una máquina pase esta prueba, necesita charlar con un humano sin que éste se percate que es una máquina. Para Turing, el día que una máquina pase este test será el día en que la inteligencia artificial supere a la inteligencia humana. Para acelerar y fomentar el desarrollo de la inteligencia artificial, en 1990 se estableció el Premio Loebner, el cual será otorgado al primer programa informático (chatbot) que en una conversación sea considerado humano (French, 2000). Hasta ahora ningún chatbot ha superado la prueba.

Con el objetivo de identificar las regiones cerebrales involucradas en identificar la identidad del interlocutor en el test de Turing se diseñó el presente experimento. Participaron 12 hombres sanos (rango de edad entre 18 y 40 años). Los participantes leyeron videos de conversaciones; ocho conversaciones humano - humano y ocho humano - chatbot. La tarea de los participantes fue determinar si uno de los conversadores era humano o chatbot. Se les pidió que emitieran su respuesta tan pronto como les fuera posible. El orden de presentación de las conversaciones fue aleatorio. El paradigma se realizó dentro de un resonador magnético mientras se adquirían imágenes funcionales.

Se analizó la actividad cerebral cinco segundos antes de que los participante emitieran su respuesta. Se obtuvieron dos tipos de contrastes: cuando juzgaron que era un humano y cuando juzgaron que era un chatbot. Los resultados mostraron actividad talámica, occipital y frontal al juzgar que era humano. Al juzgar que era chatbot la actividad fue mayor en las áreas mencionadas, además de incluir actividad parietal. Nuestros resultados concuerdan con reportes en los que para percibir o juzgar inteligencia artificial se emplean las mismas estructuras cerebrales utilizadas en juzgar inteligencia biológica, pero dicha actividad es mayor en extensión e intensidad (Ge & Han, 2008). En nuestro conocimiento, es la primera vez que se describen los correlatos cerebrales que subyacen al test de Turing, lo que en última instancia contribuye a entender cómo se procesa lo que consideramos humano (Pinker, 1997).

Referencias

- Turing, A. M. (1950). Computing machinery and intelligence. *Mind*, 59(236), 433-460.
- French, R. M. (2000). The Turing Test: the first 50 years. *Trends in Cognitive Sciences*, 4(3), 115-122.
- Ge, J., & Han, S. (2008). Distinct neurocognitive strategies for comprehensions of human and artificial intelligence. *PloS one*, 3(7).
- Pinker, S. (1997). How the mind works. New York: Norton.

Agradecemos el apoyo de la Unidad de Resonancia Magnética del Instituto de Neurobiología, en especial del Dr. Erick Humberto Pasaye Alcaraz.

Uso de PEVEE para el apoyo en el diagnóstico del TDAH

Itzel Zamorano-Hernández

Oscar Yáñez-Suárez

LINI Universidad Autónoma Metropolitana - Iztapalapa México

5 de octubre de 2013

1. Introducción

El trastorno por déficit de atención e hiperactividad (TDAH), es una *afección* psiquiátrica frecuentemente diagnosticada en niños. Se estima que la prevalencia en México es del 5% en niños de edad escolar [1]. Sin embargo, la validez del método para el diagnóstico en la actualidad es cuestionado [2, 3, 4, 5, 6].

De acuerdo a la Secretaría de Salud (SS) de México el TDAH es un síndrome conductual heterogéneo con una semiología particular como es la inatención, la hiperactividad y la impulsividad. Se caracteriza por la falta de persistencia en actividades que requieren procesos cognitivos y una tendencia a cambiar de una actividad a otra sin terminar ninguna [7].

El diagnóstico se realiza con base en los criterios vigentes establecidos por el Manual Diagnóstico y Estadístico de los Trastornos Mentales Cuarta Edición (DSM-IV) o en la Clasificación Internacional de Enfermedades de la Organización Mundial de la Salud Décima Edición (CIE-10) [8], además de otras herramientas como la escala de Conner, la Entrevista Semiestructurada para Adolescentes (ESA) o listas de verificación del comportamiento (Child Behavior Checklist, CBCL) [7], entre otras. Las variaciones en la clasificación clínica de los criterios de diagnóstico han llevado a la búsqueda de marcadores biológicos basados en la electrofisiología y en las neuroimágenes funcionales, ya que todos los modelos etiológicos coinciden en que existen alteraciones en diferentes áreas funcionales del circuito estriado-talamocortical [2].

En la actualidad no existen estudios de laboratorio o gabinete que sirvan para apoyar el diagnóstico de TDAH en la práctica clínica [9][10], no obstante que se han hecho varios análisis con distintas técnicas. Dentro de las técnicas neurofisiológicas que más se han ocupado para la valoración de niños con TDAH han sido los potenciales evocados cognitivos (PEC) que son respuestas eléctricas del cerebro que se asocian transitoriamente con un estímulo cognitivo [11]. La onda P300 ha sido la más estudiada ya que está asociada con los procesos de atención, memoria y cognición, además de que se engloba en tres dimensiones: probabilidad subjetiva, significado del estímulo y transmisión de la información [12]; aunque algunos estudios [11][13][14]

coinciden en que existe una disminución de la amplitud de la P300 en niños con TDAH pero no de forma generalizada, proponen que debe tomarse en cuenta la edad, el tipo de tarea y la dificultad de ésta, puesto que podrían tener diferente forma de focalizar y dirigir la atención en comparación con niños sin el trastorno.[13]

De modo semejante los potenciales evocados de estado estacionario (PEEE) son la respuesta a un estímulo específico que se ven como pequeñas fluctuaciones de voltaje en el electroencefalograma (EEG) las cuales coinciden con la frecuencia del estímulo [15]; éstos son valiosos para el diagnóstico del sistema nervioso central (SNC) porque reflejan la integridad de una vía anatómica de manera objetiva [12]. Así mismo en estudios atencionales han sido usualmente utilizados en su modalidad visual (PEVEE). Éstos se originan en la corteza visual primaria, y se ha observado un aumento en la amplitud de la respuesta cuando el estímulo ha sido atendido [15], en relación a cuando no se atendió. Estas características los hacen atractivos para aplicación en sujetos que han sido diagnosticados con TDAH.

Este estudio explora una prueba objetiva a partir de Potenciales Evocados Visuales de Estado Estacionario (PEVEE) que pueda ayudar a establecer un diagnóstico objetivo para la clasificación de pacientes que presentan Trastorno por Déficit de Atención e Hiperactividad (TDAH), comparando sus espectros de inatención y atención dirigida.

2. Metodología

2.1. Sujetos

Se estudiaron 18 niños de 6-16 años de edad, sin problemas de visión, no medicados y sin reporte de otras signos de comorbilidad psiquiátrica. El diagnóstico de TDAH se hizo de acuerdo al DSM-IV por especialistas del Instituto Nacional de Rehabilitación (INR). Todos los participantes recibieron una hoja de consentimiento informado que fue firmada por sus padres o el tutor a cargo antes de presentar la prueba.

2.2. Protocolo de estimulación

La fotoestimulación se hizo con LEDs de luz blanca ultra brillantes de 10mm de diámetro, con una intensidad luminosa de 3300-3700 mcd, con un ángulo de ilu-

minación de 40 grados, dispuestos lado a lado, además de dos LEDs amarillos usados como indicadores de la tarea a realizar. El estimulador puede verse en la Fig. 1.



Figura 1: Estimulador.

La secuencia de estimulación fue programada en Arduino de la siguiente manera: inicialmente se encienden los dos leds internos (amarillos) para indicar que la rutina empieza, en seguida se prende uno de los leds internos (amarillos) aleatoriamente para indicar a cual de los dos leds externos (blancos) se ha de poner atención, posteriormente se prenden los dos leds externos (blancos) en forma intermitente a las frecuencias establecidas y por último se apagan todos, este ciclo se repite durante 10 veces, con una duración total de 20s. Es importante mencionar que la secuencia aleatoria es equiprobable, es decir 5/10 repeticiones son de 7Hz y las otras son de 11Hz.

La *rutina de atención* consiste en que el sujeto solamente ponga atención al led externo (blanco) que se haya indicado. La *rutina de memorización o inatención* estriba en que el sujeto ponga atención al led externo (blanco) que se haya indicado además de memorizar la secuencia aleatoria de los leds internos (amarillos).

2.3. Registro de EEG

Cada registro se hizo en un cuarto libre de ruido, se colocó el estimulador a una distancia de 75-100 cm a la altura de los ojos. La señal de EEG fue adquirida en un equipo convencional a una frecuencia de 256Hz, un filtro pasa banda de 2-40Hz, con referencia en ambos lóbulos, tres electrodos de plata colocados en O1, O2 y Oz de acuerdo al sistema 10/20, con tierra en el hueso mastoideo.

2.4. Procesamiento

La señal de EEG fue filtrada con el objetivo de quitar cualquier ruido aditivo, dividiendo posteriormente el registro en los segmentos relevantes de 20 segundos, para cada uno de los electrodos O1, O2 y Oz. La segmentación fue auxiliada por un botón de marcación que indicaba el inicio de los ciclos.

Se obtuvo de cada época su espectro de potencia por el método de Welch con los siguientes parámetros: frecuencia de muestreo 256 mps, solapamiento de 50 %,

ventana Hanning de 512 puntos; en cada espectro se midieron las potencias de las frecuencias fundamentales de estimulación (líneas rojas), primer (líneas azules) y segundo (líneas verdes) armónico de 11 y 7 Hz respectivamente para cada rutina y cada uno de los electrodos como se puede observar en la Fig. 2, además se indicó con una cruz a cual frecuencia correspondía la estimulación, con el fin de poder visualizar las respuestas en forma gráfica.

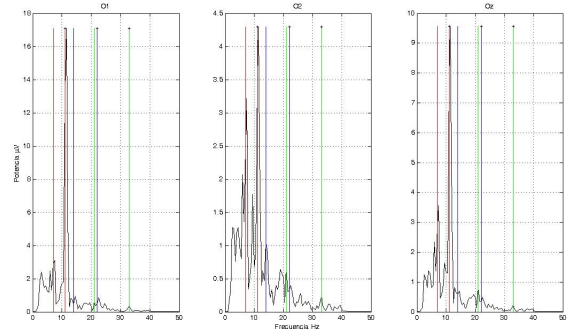


Figura 2: Espectro de potencia de la rutina de atención de una época en O1, O2 y Oz a un estímulo de 11Hz

2.5. Extracción de Rasgos

En la extracción de características lo que se propuso fue determinar distintos valores clave de la potencia del espectro de atención y del espectro de inatención, que fueron sensibles para detectar si realmente el sujeto puso atención o no. Se eligieron los indicadores siguientes:

- Potencia Fundamental (7 y 11 Hz)
- Potencia del Primer armónico (14 y 22 Hz)
- Potencia del Segundo armónico (21 y 33 Hz)
- Potencia del Armónico simétrico (3 y 15 Hz)
- Potencia del Subarmónico (9Hz)

3. Clasificación

La clasificación se realizó con una máquina de soporte vectorial (SVM) con 29 rasgos de los cuales el 70 % de ellos se ocuparon para el entrenamiento, con un kernel de función base radial $K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \|x_i - x_j\|^2)$, con $\gamma = 0,009$, costo del error $C=2$, ambas parámetros obtenido heurísticamente. La salida del modelo es la probabilidad a posteriori estimada por regresión logística de las distancias al plano de decisión.

4. Resultados

4.1. Análisis de rasgos

Para tener mayor precisión de cuáles rasgos podrían clasificar mejor a los sujetos se obtuvieron las curvas

ROC por rasgo y el AUC para poder proponer cuáles indicadores serían los más adecuados para el clasificador. Se puede ver en el Cuadro 1 que se encuentran señaladas las áreas ROC mayores o iguales a 0.60.

	FH	PH	SH	SmH	FL	PL	SH	SmL	9Hz
O1HA	0.48	0.50	0.52	0.66	0.53	0.42	0.6	0.42	0.61
O1HM	0.50	0.49	0.53	0.64	0.43	0.47	0.51	0.62	0.63
O1LA	0.52	0.55	0.52	0.64	0.46	0.61	0.45	0.46	0.61
O1LM	0.54	0.47	0.46	0.43	0.44	0.42	0.43	0.65	0.63
O2HA	0.42	0.45	0.51	0.71	0.54	0.59	0.52	0.41	0.59
O2HM	0.55	0.43	0.48	0.65	0.45	0.47	0.56	0.65	0.57
O2LA	0.55	0.55	0.54	0.63	0.45	0.42	0.49	0.60	0.59
O2LM	0.53	0.45	0.48	0.43	0.46	0.60	0.43	0.63	0.56
OzHA	0.43	0.52	0.48	0.66	0.62	0.54	0.53	0.66	0.64
OzHM	0.47	0.44	0.48	0.66	0.49	0.59	0.53	0.66	0.64
OzLA	0.56	0.60	0.52	0.66	0.52	0.46	0.54	0.46	0.65
OzLM	0.46	0.53	0.43	0.46	0.51	0.46	0.43	0.60	0.59

Cuadro 1: Areas ROC de cada electrodo en ambas rutinas.(F=Fundamental (7,11 Hz), P= Primer armónico (14,22 Hz), S=Segundo armónico (21,33 Hz), Sm= Armónico Simétrico, H=Alta frecuencia (11Hz), L=Baja frecuencia(7Hz), A=Rutina de Atención, M=Rutina de Inatención)

4.2. SVM

Los rasgos que se utilizaron para entrenar y probar la SVM fueron las AUC con un valor mayor o igual a 0.60. Como implementación se ocupó una biblioteca de programas llamada LIBSVM que se puede invocar en Matlab [16]. Los datos se dividieron en dos conjuntos, el de entrenamiento cuenta con el 70% de los datos y el de prueba con el 30% de los datos, los datos de los conjuntos se tomaron aleatoriamente. La validación cruzada de la SVM fue realizada en 10 vías, según se muestra el Cuadro 2:

Iteración	ACC	AUC
1	66.67	0.69
2	75.93	0.78
3	64.82	0.74
4	55.56	0.61
5	66.67	0.72
6	59.26	0.62
7	64.82	0.73
8	72.22	0.78
9	68.52	0.73
10	75.93	0.81
Promedio	67.04±6.58	0.72±0.07

Cuadro 2: Medidas de ACC y AUC en la validación cruzada.

Como se puede ver en la Figura 3 el AUC promedio es de 0.72 lo que nos estaría diciendo que el clasificador es capaz de discriminar razonablemente entre sujetos con y sin TDAH.

5. Discusión

Se han hecho múltiples estudios con distintas técnicas en busca de una herramienta que pueda ayudar a

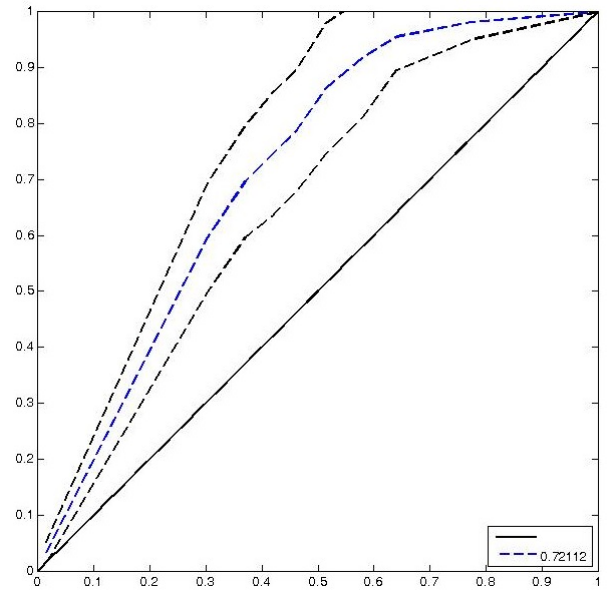


Figura 3: Curva ROC del clasificador SVM para la detección de TDAH por atención visual primaria.

mejorar el diagnóstico de TDAH que estén basadas en la fisiología, anatomía, química o genética del sujeto que presenta dicho trastorno; a pesar de que se han encontrado algunas diferencias entre sujetos con y sin TDAH ninguna de éstas técnicas ha sido totalmente concluyente como para tener un estándar.

Por otra parte, la mayoría de los paradigmas propuestos para la evaluación de la atención están basados en la medición de la latencia que es el tiempo que tarda en llegar el estímulo a la zona que se quiere evaluar, el detalle de este tipo de análisis es que son basados en el dominio del tiempo y para poder tener mejores resultados se requiere hacer varias repeticiones. El problema de éste tipo de estímulos es que necesita de la cooperación del sujeto, por mucho más tiempo, en comparación con los PEVEE, por lo que podría implicar que el sujeto con TDAH no responda adecuadamente.

La potencia en sujetos más pequeños presentó un aumento en la amplitud en comparación con los sujetos de más edad, éste evento ya ha sido estudiado por lo que se sabe que la onda alfa occipital incrementa su potencia en las frecuencias de 8-10 Hz entre 1-16 años de edad, además, el incremento de la potencia de alfa a los 8 Hz es más prominente en niños de 3-6 años y de 10-11 Hz en chicos entre los 10-12 años, de manera que, ésto se puede deber a que tienen una mayor fotosensibilidad.

Es importante mencionar que toda la población con TDAH presentó un pico a los 9Hz, lo que indicaría que los sujetos no se enfocaron en realizar la tarea, ya que al comparar con la población control siempre hubo una elección entre las dos frecuencias de estimulación, por lo que éste patrón repetitivo

en sujetos con TDAH es característico. Además, la SVM fue capaz de discriminar entre sujetos con/sin TDAH, con ésta información podría ayudar a establecer un diagnóstico más confiable. Una de las limitantes de este proyecto fue que la población que se utilizó es muy reducida debido a que la mayoría se encuentran medicados lo que afectan las mediciones.

Referencias

- [1] Diagnóstico y tratamiento en el trastorno por déficit de atención e hiperactividad en niños y adolescentes, en atención primaria y especializada-evidencias y recomendaciones. CENETEC. último acceso: 27 de Sep. De 2011.
- [2] Henríquez M, Zamorano Mendieta F, Rothhammer Engel F, and Aboitiz F. Modelos neurocognitivos para el trastorno por déficit de atención/hiperactividad y sus implicaciones en el reconocimiento de endofenotipos. *Rev Neurol*, 50:109–16, 2010.
- [3] Cardo E and Servera M. Trastorno por déficit de atención/h estado de la cuestión y futuras líneas de investigación. 46(6):365–372, 2008.
- [4] Barkley RA. Avances en el diagnóstico y la subclasificación del trastorno por déficit de atención/hiperactividad:qué puede pasar en el futuro respecto al dsm-v. 48(Supl 2):S101–S106, 2009.
- [5] Artigas-Pallarés J. ¿sabemos qué es un trastorno? perspectivas del dsm 5. 52(Supl 1):S59–69, 2011.
- [6] Insel Thomas. National institutes of health.
- [7] Diagnóstico y tratamiento en el trastorno por déficit de atención e hiperactividad en niños y adolescentes, en atención primaria y especializada-guía de referencia rápida. último acceso: 27 de Sep. De 2011.
- [8] Ruiz García M, Gutiérrez Moctezuma J, Garza Morales S, and De la Peña Olvera F. Trastorno por déficit de atención con hiperactividad. actualidades diagnósticas y terapéuticas. *Bol Med Hosp Infant Mex*, 62, 2005.
- [9] Martín Fernández-Mayoralas D, Fernández Jaén A, García Segura JM, and Quiñones Tapia D. Neuroimagen en el trastorno por déficit de atención/hiperactividad. *Rev Neurol*, 50(Supl 3):S125–33, 2010.
- [10] Cornelio Nieto JO, Borbolla Sala ME, and Gállegos Dimas A. Alteraciones electroencefalográficas en niños con trastorno por déficit de atención/hiperactividad. 52(Supl1):S97–101, 2011.
- [11] Idiazábal Alecha MA, Rodríguez Vázquez S, Guerrero Gallo D, and Vicent Sardinero X. Utilidad de los potenciales evocados cognitivos en la valoración de la efectividad del tratamiento con metilfenidato en niños con trastorno de déficit de atención con hiperactividad. 40(Supl 1):S37–S42, 2005.
- [12] Muñoz Gamboa C. *Las señales en la instrumentación biomédica*. México, D.F., 2009.
- [13] Idiazábal MA, Palencia Taboada AB, Sangorrín J, and Espadaler Gamissans JM. Potenciales evocados cognitivos en el trastorno por déficit de atención con hiperactividad. 34(4):301–305, 2002.
- [14] Smeyers P. Estudios de potenciales evocados en niños con síndrome por déficit de atención e hiperactividad. 28(Supl 2):S173–76, 1999.
- [15] Vialatte FB, Maurice M, Dauwels J, and Cichocki A. Steady-state visually evoked potentials: Focus on essential paradigms and future perspectives. 90:418–138, 2010.
- [16] Chih-Chung Chang and Chih-Jen Lin. Libsvm a library for support vector machines.

COMPARACION DE LAS FUENTES GENERADORAS ESTIMADAS DE ONDAS COGNITIVAS P300 OBTENIDAS A PARTIR DE EEG Y fMRI

Gisela Martínez¹, Rodrigo Peña², Miguelangel Fraga¹, Nidiyare Hevia², Verónica Medina¹

¹Laboratorio de Neuroimagenología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

²Departamento de Ciencias de la Computación, IIMAS – UNAM

INTRODUCCIÓN

El potencial P300 es un potencial relacionado a eventos de latencia tardía, asociado a los procesos cognitivos, como la atención y la memoria. La onda P300 está compuesta por los componentes P3a y P3b: el primero tiene una distribución fronto-central y está relacionado con el procesamiento de tareas, mientras que el P3b ocurre entre los 300 y 600 ms después del estímulo, tiene una distribución parietal y está ligado con los procesos cognitivos.

El tipo de estimulación comúnmente utilizado para la obtención de la P300 se denomina “oddball” y está compuesto por un tren de estímulos frecuentes, interrumpido por un estímulo infrecuente. Los estímulos pueden ser visuales, auditivos o somatosensoriales [1].

Diversos estudios han sido realizados para tratar de localizar los generadores corticales del potencial P300. Dentro de las técnicas utilizadas se encuentran el estudio de lesiones, los registros intracraneales, la resonancia magnética funcional (fMRI), la magnetoencefalografía (MEG) y la electroencefalografía (EEG) [6]. Las técnicas de MEG y EEG son de fácil adquisición y poseen la mejor resolución temporal, mientras que la fMRI provee una elevada resolución espacial. Actualmente no existe una técnica que presente una buena resolución espacio-temporal, por lo que este problema se ha tratado de solucionar por medio de métodos de solución inversa [2]. Esta metodología integra información de diferentes fuentes, como la anatómica de la resonancia magnética, con el comportamiento temporal del EEG, lo cual puede mejorar la resolución espacio-temporal ayudando así al estudio del funcionamiento del cerebro, tanto en condiciones normales como patológicas.

Las soluciones inversas a partir del EEG aún no son aceptadas en el área clínica, por lo que se busca

proveer de elementos que demuestren su confiabilidad en cuanto a la localización espacial de las fuentes.

Por esto, en este estudio realizamos un análisis comparativo de las soluciones encontradas con un método comúnmente empleado (sLORETA) de localización de fuentes a partir del EEG, con la fMRI que es la técnica más empleada en la clínica para la localización de actividad funcional [3,4,5].

METODOLOGÍA

Criterios de inclusión

La población de estudio fue conformada por 30 sujetos (14 mujeres y 16 hombres) que cumplieron con los criterios de inclusión siguientes:

- Rango de edad de 18 a 35 años.
- No ser claustrofóbico.
- No contar con historial de enfermedades neurodegenerativas.
- No estar tomando algún medicamento que altere la funcionalidad eléctrica del cerebro.

Antes de cada prueba se verificó que los sujetos no hubieran ingerido bebidas alcohólicas ni estimulantes por lo menos 24 horas antes, además de haber tenido un lapso de sueño mínimo de 6 horas la noche anterior.

Protocolo de estimulación

El paradigma que se empleó para la estimulación consistió en evocar una respuesta de reconocimiento de un carácter, en una matriz de 1x6 elementos, mediante intensificaciones aleatorias de sus renglones y sus columnas. Este paradigma está basado en el deletreador de Donchin, que permite generar una onda de potencial positivo aproximadamente a 300 ms

(P300) cada vez que el caracter infrecuente se intensifica.

La tarea consistió en contar las veces que se iluminaba la letra indicada entre paréntesis en la esquina superior izquierda de la pantalla (Figura 1). Cada secuencia está constituida por la intensificación de todas las columnas y renglones; en este estudio el estímulo está compuesto por un solo renglón y 6 columnas, por lo que se tienen 7 intensificaciones en total. A cada paciente se le aplicó un total de 11 secuencias.

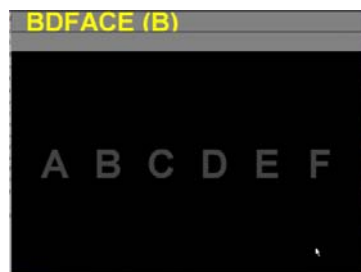


Figura 1 Vista del paradigma de estimulación en la pantalla.

Registro del EEG

La obtención de registros del EEG fue hecha en el Laboratorio de Investigación en Neuroimagenología de la Universidad Autónoma Metropolitana, mediante el software BCI2000. La colocación de los 63 electrodos de oro se hizo siguiendo el estándar 10/20, teniendo como referencia el lóbulo de la oreja izquierda y verificando que la interfaz electrodo-electrolito-piel fuera menor a 5K. Para el registro de las señales se utilizaron 4 amplificadores gTEC USB de 16 canales con una frecuencia de muestreo de 256 Hz.

Durante el registro se indicó a los sujetos mantenerse quietos viendo de frente a la pantalla; además se cuidó que el ambiente estuviera libre de distracciones, tales como ruidos o presencia de personas que pudieran alterar la concentración del sujeto.

Procesamiento de señales del EEG

Se realizó la separación de épocas donde el sujeto recibió el estímulo frecuente (EF) e infrecuente (EI), además de la promediación y filtrado de todos los canales. Con el objetivo de seleccionar la ventana temporal de análisis de la onda P300 se utilizaron

únicamente los canales C3, Cz, C4, Fz y Pz en una ventana de tiempo de 0 a 700 ms.

Para localizar la onda P300 se llevó a cabo un análisis visual y estadístico, empleando la prueba t de Student, latencia a latencia entre las épocas con EI y con EF, para poder encontrar la latencia de mayor diferencia significativa. Las estadísticas en el electrodo Pz fueron las que determinaron la latencia de la onda P300. El análisis visual consistió en comprobar de manera subjetiva si la latencia obtenida correspondía a un pico positivo y si el registro de EEG era confiable.

La localización de fuentes se realizó mediante el software sLORETA [3], con el cual se determinaron las coordenadas en el sistema MNI (ICBM AVG152) del punto máximo de activación que se encuentra en la latencia determinada mediante el análisis estadístico de las señales.

Obtención de imágenes de fMRI

Las imágenes de fMRI fueron tomadas en el Centro Nacional de Investigación en Imagenología e Instrumentación Médica (CI3M) con un equipo de 3 Teslas marca Phillips, utilizando la antena SENSE-Head-8 y una secuencia EPI. Se adquirieron 120 volúmenes en cada sesión (24 rebanadas, 96 x 96 pixeles, medida del voxel = 2.40 x 2.40 x 4.50 mm³, TR/TE=300/35).

Se colocó un proyector y por medio de un espejo en la antena el sujeto pudo visualizar el paradigma y seguir la misma dinámica de conteo de la variable infrecuente. Se realizó la sincronización arrancando simultáneamente la estimulación y la adquisición de la resonancia.

Procesamiento de imágenes de fMRI

Las imágenes de fMRI fueron procesadas mediante el software SPM8 que trabaja bajo el ambiente interactivo y lenguaje computacional de Matlab. El procesamiento consistió en realineamiento, normalización al estándar MNI152 y suavizado (8 mm, FWHM). Para cada sujeto se normalizó y se segmentó materia gris, materia blanca y líquido cefaloraquídeo a partir de la imagen estructural T1; se utilizó la materia gris como máscara para la visualización de las áreas de activación. El análisis estadístico se realizó con un umbral $p < 0.001$.

Para poder conocer las áreas anatómicas de activación se utilizó el software Talairach Client, al cual se le proporcionaron las coordenadas de los cúmulos obtenidos en el análisis estadístico, obteniendo como resultado las estructuras anatómicas y áreas de Brodmann más cercanas en un radio de 5 mm.

RESULTADOS

Tres de los sujetos fueron descartados debido a problemas con la adquisición de las imágenes o de las señales. Para los 27 sujetos restantes se realizó el análisis estadístico, que arrojó una gráfica para cada una de las variables estadísticas: p, t y h, con las cuales se pudo definir la latencia del pico de la onda P300, como el punto de mayor diferencia entre los registros con EF y con EI para el electrodo Pz. En las siguientes figuras se ejemplificarán los resultados con un sujeto representativo de la población. La figura 2a corresponde al nivel de significancia p para los 5 electrodos donde es más evidente la respuesta; la figura 2b muestra el valor de la prueba t para los mismos canales, indicando el valor máximo; la figura 2c indica las latencias para las cuales la hipótesis nula se acepta o rechaza. Una vez identificado el valor máximo en la segunda gráfica, se verificó que la prueba estadística fuera concluyente y que su nivel de significancia fuese mínimo.

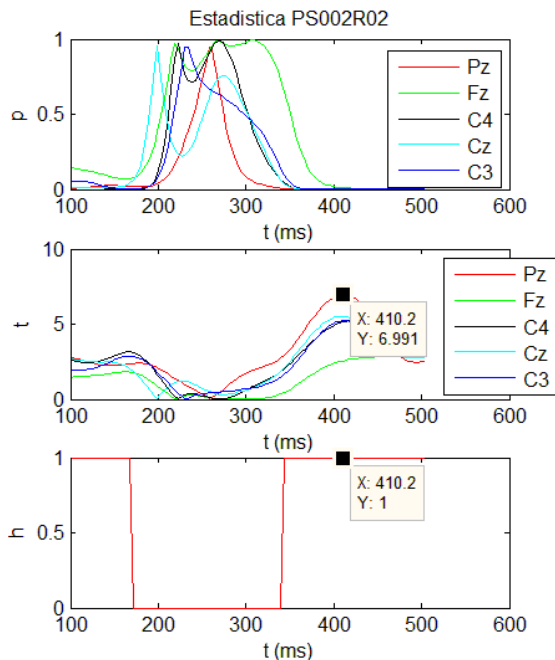


Figura 2 Gráficas de las variables estadísticas t,p y h para el sujeto 2

Después de localizar la latencia, se observó en la gráfica de los registros promediados si ésta concordaba con un pico positivo y si existían diferencias visuales entre cada registro. En la figura 3 se puede observar el registro del EF con color rojo y del EI en azul, en donde se verifica que la latencia encontrada concuerda con un pico positivo y que los registros son diferentes entre sí.

Después de determinar las latencias a analizar, se encontraron las áreas de activación en ese instante por medio del algoritmo sLORETA, que entrega las coordenadas del voxel de máxima potencia, así como el área cortical correspondiente (figura 4).

La Tabla 1 muestra las zonas más comúnmente encontradas en toda la población, con el análisis de sLORETA.

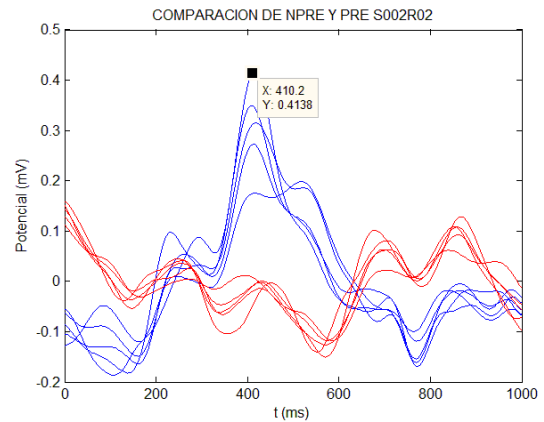


Figura 3 Gráfica de las épocas promediadas para el registro del EEG; en azul se puede observar el registro con PRE y en rojo sin PRE.

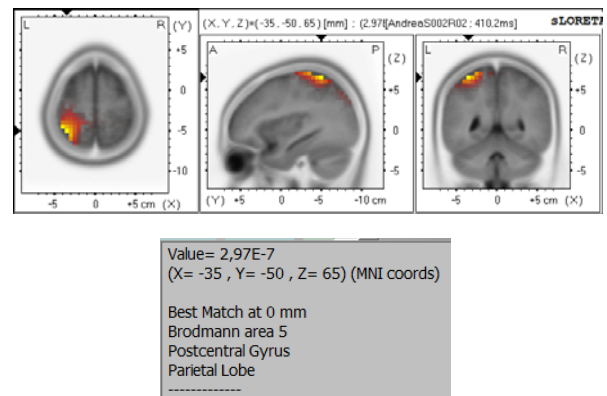


Figura 4 Coordenadas, área de Brodmann y estructura donde se encuentra el punto máximo de activación.

Tabla 1 Áreas de Brodmann que muestran activación utilizando EEG y sLORETA.

sLORETA		
Área de Brodmann	Número de Sujetos	Porcentaje
19	10	37%
7	9	33%
8	3	11%
6	2	7%

La figura 5 muestra los resultados obtenidos con el SPM a partir de la fMRI del sujeto 2.

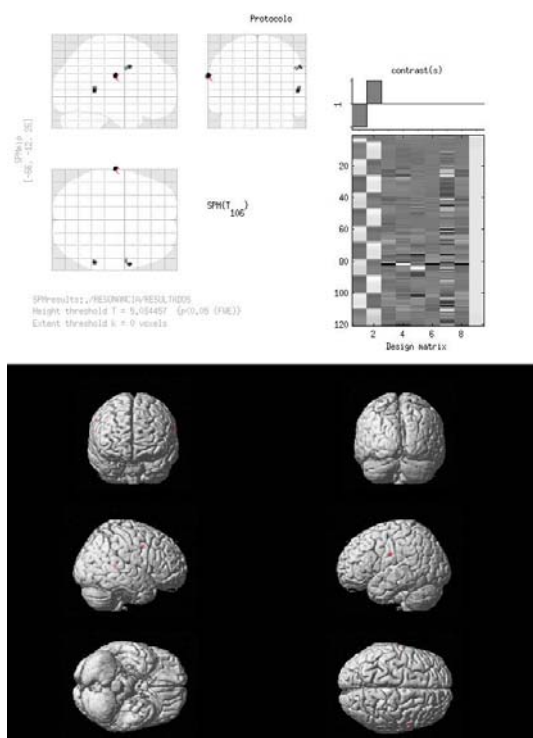


Figura 5 Áreas de activación resultantes del análisis con SPM.

La Tabla 2 resume las regiones más frecuentes encontradas durante el análisis de las fMRI de toda la población. Cabe señalar que en el SPM una zona de activación puede incluir varias áreas de Brodmann.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

El análisis realizado a partir de la población de estudio mediante las dos modalidades, permitió identificar las áreas de respuesta comunes. Un primer hallazgo que se aprecia de las Tablas 1 y 2 es que las regiones no son totalmente coincidentes. El

análisis efectuado a partir de los PRE muestra una frecuente aparición de las áreas 19, 7, 8 y 6 de Brodmann, que incluyen a las siguientes estructuras: giro postcentral, cuneus, precuneus, giro superior frontal, giro medial frontal, lóbulo parietal superior (Tabla 1).

Tabla 2 Áreas de Brodmann que muestran activación utilizando fMRI y SPM.

SPM		
Área de Brodmann	Número de sujetos	Porcentaje
1	17	63%
2	18	67%
3	17	63%
4	17	63%
6	18	67%
40	15	56%

Estas áreas son determinadas tomando el valor de máxima actividad en el mapa de sLORETA, como se indica en la figura 4. Por otro lado, el SPM entrega más de una zona activada (figura 5) y por esto, se tiene que las áreas de Brodmann que se activaron en un alto porcentaje de sujetos fueron la 1, 2, 3, 4, 6 y 40, que incluyen al giro frontal medial, giro postcentral, lóbulo parietal inferior, sub-gyral, giro precentral, giro superior frontal, lóbulo paracentral, giro supramarginal.

A pesar de las diferencias encontradas entre las dos modalidades, todas las zonas activadas están asociadas a la generación de la P300 para el paradigma visual [1,6,7], como puede observarse en la figura 6, que presenta de manera esquemática el contraste entre ellas.

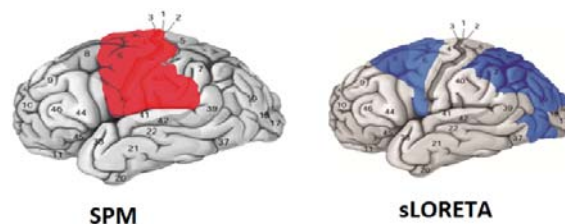


Figura 6 Áreas de Brodmann que mostraron activación en cada análisis.

Es importante hacer notar que en este estudio no hemos combinado las dos informaciones para la detección de las fuentes, sino que tanto la adquisición como el análisis de las dos modalidades

fueron hechos de manera independiente. En el caso de la adquisición, diversos estudios indican la ventaja de realizar las sesiones separadamente, pues la relación señal/ruido del EEG es pobre en los registros realizados dentro del equipo de RM [2]. Además, la diferencia en los potenciales relacionados a eventos no es significativa entre sesiones, por lo que se puede considerar a la P300 como una respuesta “estable”. Esto permite elevar el número de electrodos y realizar la sesión del registro electrofisiológico en un ambiente más cómodo para el sujeto.

Las diferencias observadas en las zonas de activación obtenidas por ambos métodos pueden ser debidas a varias causas: los datos son llevados a espacios normalizados, donde tanto la colocación de los electrodos como las estructuras cerebrales se toman de configuraciones o atlas predefinidos. Si bien hemos empleado el mismo atlas de referencia en los dos análisis, la información anatómica real del paciente no es incorporada para mejorar la precisión de la localización. Por otro lado, la información temporal del EEG no está siendo considerada en el modelo de la respuesta BOLD de la fMRI. También es importante considerar que el EEG es sensible a la orientación, profundidad y sincronía de ciertas áreas corticales, mientras que la fMRI es independiente de la organización neuronal.

En el estudio reportado por Mulert et al [8] se reportan diferencias de 16 ± 6.6 mm entre los generadores de la P300 en un paradigma de estimulación auditiva. En nuestro caso, las diferencias fueron mayores, y por las razones anteriormente expuestas, no consideramos que los resultados cuantitativos sean confiables.

REFERENCIAS:

- [1] Linden David E. J. (2005), The P300: Where in the Brain Is It Produced and What Does It Tell? *The Neuroscientist*, 11(6):563-576
- [2] Menon V. and Crottaz-Herbette, S. (2005), Combined EEG And fMRI Studies Of Human Brain Function. *International review of Neurobiology*, 66:291-321.
- [3] R.D. Pascual-Marqui (2005), Standardized low-resolution brain electromagnetic tomography (sLORETA): technical details, *Methods Find. Exp. Clin. Pharmacol.* 24D:5-12.
- [4] Fuchs M, Kastner J, Wagner M, Hawes S, Ebersole JS (2002). A standardized boundary element method volume conductor model. *Clin Neurophysiol.* 113:702-12.
- [5] Jurcak, Valer and Dan, Ippeita (2007). 10/20, 10/10 and 10/5 systems revisited: their validity as relative head-surface-based positioning systems. *Neuroimage.* 34:1600-1611.
- [6] Bledowsky, Chritoph et al (2004), Localizing P300 Generators in Visual Target and Distractor Processing: A Combined Event-Related Potential and Functional Magnetic Resonance Imaging Study. *The Journal of Neuroscience* 24(42):9353–936
- [7] Boquillon, Perrine et al (2011), Use of swLORETA to localize the cortical sources of target- and distracter-elicited P300 components. *Clinical Neurophysiology* 122:1991-2002.
- [8] Mulert, Christoph et al (2004). Integration of fMRI and simultaneous EEG: towards a comprehensive understanding of localization and time-course of brain activity in target detection. *NeuroImage* 22:83– 94.

Formation and reconstruction in optical neuroimaging; a Monte-Carlo model

Javier Herrera-Vega¹, Karla Janeth Sánchez-Pérez¹, Luis Enrique Sucar¹,
Carlos G. Treviño-Palacios¹, and Felipe Orihuela-Espina¹

Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica (INAOE), Puebla, Mexico,
{vega,esucar,f.orihuela-espina}@ccc.inaoep.mx

Resumen Two inherent processes rule any optical biomedical imaging application, including optical neuroimaging. First, image formation in which incident light interacts with the tissue and the exiting light encoding physiological information is captured by the imaging device whether transilluminated or backscattered. Then, the complementary image reconstruction in which the inverse problem of establishing the physiological information from the light measurements is solved. Physics govern the image formation, and consequently physics-based models of different complexity are used to reconstruct the biological image. This paper describes a mathematical framework relating these two processes, and presents preliminary spectra predicted by a forward Monte-Carlo model of the head. This model is constructed to predict the colouration map and anticipate artefacts and impediments in the reconstruction of the neuroimage.

Palabras clave: fNIRS, optical neuroimaging, Monte Carlo

1 Introduction

In *in-vivo* optical neuroimaging, light is shone to someone's head and after interacting with the tissues including the grey matter, the part of the beam that is backscattered is captured by the imaging sensor. This physical process is often referred to as image formation. Interest is not in the raw light measurements, but in the physiological and histological information that it encodes. The process of decoding the physiological and histological information from light measurements correspond to the so called image reconstruction.

Image reconstruction is far from trivial; in fact, it is an ill-posed problem in which several physio-histological truths can yield the same remitted spectra [5], [6]. This is known as metamerism. The problem aggravates when practical limitations of the imaging set-up are further taken into consideration. Research in image reconstruction is all about finding solutions to circumvent the artefacts and impediments, whether inherent to the physics of radiation transport or consequence of a naturally imperfect imaging device, and afford an inverse mapping from recorded spectra back to a physio-histological information close to the originating truth.

Reconstructing the image demands an understanding of the physical process of energy radiation transport regulating the complementary image formation. A number of physics-based models of radiation transport co-exist with different degree of conceptual and computational complexity, and consequently variable reconstruction accuracy. These, in principle generic models, have to be particularised for specific tissues, e.g. skin [3], retina [6], colon [1] or brain [10], as well as to attend the imaging set-up limitations e.g. [2].

We first recount a mathematical framework relating the image formation and reconstruction processes which is independent of both the solution chosen to represent the radiation transport and the practical implementation of the imaging set-up. Then, an stochastic model of the brain and head tissues preceding the cortex in the light path is presented. The construction of this model will allow us to predict the so called colouration map, that is the distribution of physio-histological parameters vectors within the multidimensional colour space. Note that optical imaging does not necessarily happens in the classical RGB space. The observation of this colouration map permits identification of those regions of the space in which the colouration map is no invertible i.e. non monotonic, and from there anticipate those artefacts and impediments preventing the reconstruction of the neuroimage.

2 Image formation and reconstruction: from physiological truth to light recordings and back again

Figure 1 provides an schematic overview of the image formation process and the accompanying reconstruction mapping. This framework captures the notion that image values depend ultimately on tissue composition. An important consequence of this insight is that it should be possible to relate image values to tissue properties.

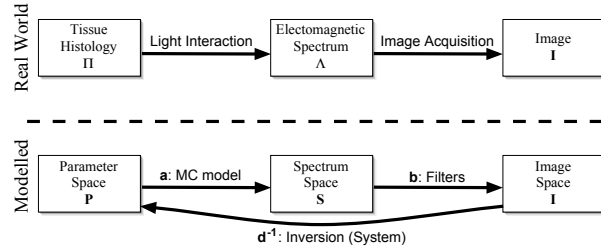


Fig. 1. The image formation and reconstruction processes. The figure schematically illustrates the parallels that exist between the image formation process in the real world and the computational modelling of it. Similarly, it indicates the inverse mapping sought by the image reconstruction algorithm. Figure modified from [6].

Tissue reflectance depends on the optical properties of its histological components, their quantities and their spatial arrangement. The Tissue Histology Space $\mathcal{H}$ represents all the possible variations in the internal structure of the tissue, each affecting the interaction with light. Not every parameter has the same relative importance in terms of its contribution to the spectral signature of the remitted light. Hence, this large dimensional space can be reduced to a more tractable subspace. The Parameter Space $\mathcal{P}$ represents all the possible combinations of magnitudes of those physiological parameters of interest affecting tissue reflectance.

The whole electromagnetic spectrum can be thought as an infinite dimensional space $\mathcal{A}$, where every wavelength λ is a dimension in the space $\mathcal{A}$ and the magnitude of each dimension is the light intensity. This can be reduce for practical purposes to a tractable finite dimensional subspace $\mathcal{S}$. In fact, for functional neuroimaging for instance when only oxy-haemoglobin and deoxy-haemoglobin are the parameters of interest, $\mathcal{S}$ can be as low as two-dimensional.

Finally, the Image Space $\mathcal{I}$ represents multi-spectral values of image pixels, i.e. the intensity of light recorded at a particular location. For adjacent pixels, it is necessary to consider the point-spread of light. In functional optical neuroimaging imaging, different spatial distribution of optodes lead to variable distances among adjacent pixels and thus requires different considerations.

2.1 Image formation and reconstruction

The forward model representing the image formation process is now a double step function:

$$d : \mathcal{P} \rightarrow \mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \quad (1)$$

The inverse model representing the image reconstruction process follows:

$$d^{-1} : \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{P} \quad (2)$$

Further details of this framework can be found in [6]. This forward and inverse models have been further formalised in [5].

2.2 Existing models of radiation transport

Different models of radiation transport are used to predict light propagation [8]. This include stochastic, analytical and numerical approaches. Common stochastic methods include Monte Carlo and Random Walk theory. For the image formation problem the used models include the *radiative transport equation* (RTE) and *difussion approximation*. For the inverse problem (image reconstruction) two main approaches coexist: *Linear single-step reconstruction* and *Nonlinear iterative reconstruction*. Several reviews regarding these methods are available [5, 7, 8, 4].

3 A Monte-Carlo model of the adult head

Monte-Carlo is an stochastic technique that permits probabilistic simulation of complex systems. It has no inherent equations associated to it; although the model itself might have them. Instead, the complex system is decompose to atomic events, and for each event a probabilistic roulette is simulated following an assumed distribution; often in optical imaging the Henyey-Greenstein.

In this paper, we use a Monte-Carlo simulation based on the framework provided by [9]. The adult head model is defined as a set of layers (Figure 2) as it has been considered by [10].

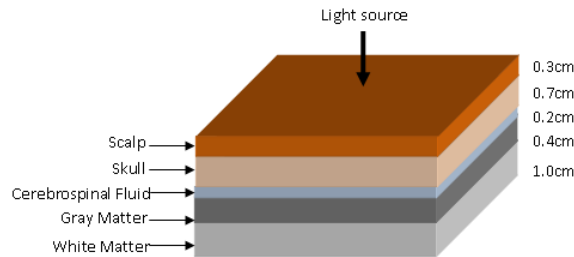


Fig. 2. A model of the adult head including the different tissues that the light traverses to reach the cortex. The model is characterised by indicating the optical properties of each layer, and currently each layer is assumed to be internally homogeneous.

For exemplary purposes, we use two diferent wavelengths (633nm and 800nm) for simulation, but the model is not restricted to these two. The figure 3 exemplifies the diffuse reflectance output by the Monte-Carlo simulation. As expected, the maximum reflectance is around the light source (center) and exponentially decreases with distance.

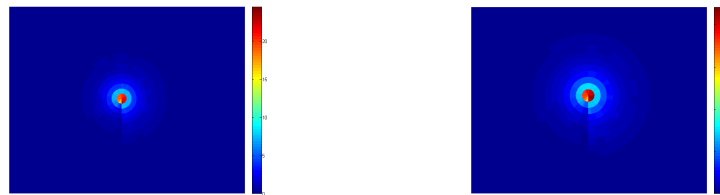


Fig. 3. The difusse reflectance in the surface layer obtained with the exemplary Monte-Carlo simulation at 633nm (top) and 800nm(bottom).

4 Conclusions

The image reconstruction problem is nonlinear and ill-posed. An exact image reconstruction demands the hyperdimensional manifold embedded in the colour space (i.e. the colouration map) to be invertible, that is a bijective relation between physio-histological parameters and colours. Metamerism and other artefacts spoils this ideally bijective mapping. Image reconstruction enforces calculated distortions in this mapping to ensure a valid retrieval of biological information. As a first approach, we have defined a model of the brain composed of a set of layers that characterized by their optical properties. With this model we can explore many aspects of the behavior of the light in brain and head tissues in as much detail as required for studying the image reconstruction problem. For instance more layers can be added to our model, for example, skin, pia matter, dura matter, etc. Consequently, we are able to ask our model specific questions about light propagation in tissue to test methods for image reconstruction.

Bibliografia

1. Hidovic-Rowe, D. and Claridge, E.: Modelling and validation of spectral reflectance for the colon. *Physics in Medicine and Biology*, 50, 1071-1093 (2005)
2. Preece, S. J. and Claridge, E.: Spectral filter optimization for the recovery of parameters which describe human skin. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26, 1-10 (2004)
3. Claridge, E.; Cotton, S.; Hall, P. and Moncrieff, M.: From colour to tissue histology: Physics-based interpretation of images of pigmented skin lesions. *Medical Image Analysis*, 7, 489-502 (2003)
4. Gibson, A. P. and Dehghani, H.: Diffuse optical imaging. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Serie A*, 367, 3055-3072 (2009)
5. Arridge, S.R., Hebden, J.C., 1997, "Optical imaging in medicine:II. Modelling and reconstruction", *Physics in Medicine and Biology*, 42(5), 841-853.
6. Orihuela-Espina, F., Modelling and verification of the diffuse reflectance of the ocular fundus. Department of Computer Science, University of Birmingham, (2005)
7. Hamid Dehghani, Brian R. White, Benjamin W. Zeff, Andrew Tizzard, and Joseph P. Culver, "Depth sensitivity and image reconstruction analysis of dense imaging arrays for mapping brain function with diffuse optical tomography," *Appl. Opt.* 48, D137-D143 (2009)
8. Hamid Dehghani, Subhadra Srinivasan, Brian W. Pogue and Adam Gibson, Numerical modelling and image reconstruction in diffuse optical tomography, *Phil. Trans. R. Soc. A* 367, 3073-3093 (2009)
9. Wang, L-H, S.L. Jacques, L-Q Zheng: MCML - Monte Carlo modeling of photon transport in multi-layered tissues. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 47:131-146, 1995.
10. Okada, E. and Delpy, D. T. Near-infrared light propagation in an adult head model. I. Modeling of low-level scattering in the cerebrospinal fluid layer, *Applied Optics*, Vol. 42, Issue 16, pp. 2906-2914 (2003)

An Exploratory Survey of Variants of the Finite Points Meshless Method Applied to the Solution of the Forward EEG Problem

Miguelangel Fraga-Aguilar¹, Oscar Yanez-Suarez², Patricia Saavedra-Barrera³ and Veronica Medina-Banuelos²

Abstract—Due to the high level of difficulty of the forward electroencephalography (EEG) problem, very few meshless methods have been applied to its solution. Among them, the Finite Points Meshless Method (FPMM) is one of the most promising. This method has a large number of variants which produce different results and error levels. This paper presents a number of variants of the FPMM and explores which of those variants present the smallest errors when applied to the solution of the forward EEG problem on a three layer spherical model.

I. INTRODUCTION

The forward electroencephalography problem (FEP) consists of finding the potential on the scalp due to an electric current source on the brain. The inverse EEG problem aims to find the current source distribution in the brain that produced a given potential in the scalp. These current sources are produced by the active neurons of the brain and are an indicator of the zones of the brain that are active when a task is performed. The inverse problem is of interest in the development of imaging techniques that could improve the diagnosis of several neural diseases and that could be useful in learning to a higher level of temporal detail the way the brain works. Solving the forward problem is a requirement to solve the inverse one.

Due to the complex shape of the brain, meshless methods seem a good alternative to solve the FEP. The Finite Points Meshless Method (FPMM), originally proposed by Oñate et al [1] to solve mechanical problems, and adapted by Ellenrieder et al [2], is one of the most prominent among a few meshless methods proposed to solve this problem. Since the method was first proposed, several improvements in the implementation of meshless methods based on the mobile mean squares approximation of functions have been suggested [3], [4], [5], but these improvements have not been applied to the FEP. In this paper, several variations on the implementation of the FPMM are studied and the results of an exploratory survey on the error produced by these variants are presented.

II. METHODOLOGY

The FPMM is based on the construction of functions with local support, called shape functions, capable of approxi-

mating any polynomial of a certain degree on the whole domain as a linear combination of them. The method to construct the shape functions is called Mobile Mean Squares and was originally developed to approximate two and three dimensional functions from a set of points [6], [7].

A. Mobile mean squares function approximation

Consider a set of nodes $\mathbf{x}_j$ on the domain Ω_i and on the boundary $\delta\Omega_i$. The solution $\Phi(\mathbf{x})$ is approximated on the neighborhood of node $\mathbf{x}$ as a linear combination of K base functions as shown on equation (1)

$$\Phi(\mathbf{x}) \approx \Phi^a(\mathbf{x}) = \sum_{k=1}^K p_k(\mathbf{x})a_k = \mathbf{p}^T(\mathbf{x})\mathbf{a} \quad (1)$$

Where Φ^a is the approximate solution and $\mathbf{p}(\mathbf{x})$ is the vector of K base functions. In this work, two complete three-dimensional monomial bases of first and second degree, with $K = 4$, and $K = 10$ respectively, were selected.

In order to construct the shape functions, the N nodes $\mathbf{x}_j$ within a sphere of radius r_j centred on $\mathbf{x}$ are selected. $\tilde{\Phi}_j = \Phi(\mathbf{x}_j)$ is the solution at nodes $j = 1, \dots, N$. The vector $\mathbf{a}$ associated with the point $\mathbf{x}$ is obtained by minimizing the functional (2)

$$J(\mathbf{x}) = \sum_{j=1}^N w_j(\mathbf{x})(\Phi_j - \mathbf{p}^T(\mathbf{x}_j)\mathbf{a})^2 \quad (2)$$

Where $J(\mathbf{x})$ is the weighted sum of the approximation errors of the solution $\tilde{\Phi}_j$.

The weight function $w_j(\mathbf{x})$ provides the local character of the approximation. The support of the weight function, also known as the influence region of node j , is a sphere of radius r_j centred on $\mathbf{x}$. So for a given $\mathbf{x}$, the radius r_j determines the number N of nodes participating on the calculus of the local coefficients $\mathbf{a}(\mathbf{x})$. The continuity of the resulting approximation and its derivatives depends on the continuity of the weight functions and its derivatives [5]. Since the FPMM requires the computation of the second derivative, the following weight functions were chosen:

$$r = |\mathbf{x} - \mathbf{x}_j|/r_j$$

$$w_j(\mathbf{x}) = \begin{cases} 2/3 - 4r^2 + 4r^3, & r \leq 0.5 \\ 4/3 - 4r + 4r^2 - 4/3r^3, & r_j > r > 0.5 \\ 0, & r > r_j \end{cases} \quad (3)$$

*M. Fraga was supported by CONACyT scholarship grant 343846/242101

¹Biomedical Engineering graduate program, ²Electrical Engineering Department, ³Mathematics Department, Universidad Autonoma Metropolitana-Iztapalapa, Mexico, D.F., Mexico mfraga@ieee.org

$$w_j(\mathbf{x}) = \begin{cases} \exp(-4/(1-r^2)), & r \leq r_j \\ 0, & r > r_j \end{cases} \quad (4)$$

$$w_j(\mathbf{x}) = \begin{cases} (1-r^2)^6, & r \leq r_j \\ 0, & r > r_j \end{cases} \quad (5)$$

The weight function of (3) is a cubic spline, (4) is an exponential C^n continuous function and (5) is a function with six continuous derivatives that we call the power weight function.

Defining the matrices P and $W(\mathbf{x})$ as:

$$P = [\mathbf{p}^T(\mathbf{x}_1), \mathbf{p}^T(\mathbf{x}_2), \dots, \mathbf{p}^T(\mathbf{x}_N)]$$

$$W(\mathbf{x}) = \text{diag}(w_1(\mathbf{x}), w_2(\mathbf{x}), \dots, w_N(\mathbf{x}))$$

the well known solution (6) to (2) is obtained:

$$\mathbf{a}(\mathbf{x}) = (P^T W(\mathbf{x}) P)^{-1} P^T W(\mathbf{x}) \tilde{\Phi} \quad (6)$$

Where $\tilde{\Phi} = [\tilde{\Phi}_1, \dots, \tilde{\Phi}_N]$. In order for the least squares solution to be unique, the point $\mathbf{x}$ must be within the influence region of at least K nodes. Also, these nodes must not be arranged in certain patterns, such as a plane or a spheric surface, in order to preserve the column range of matrix P . From (1) and (6) we get the mobile least squares approximation of the solution:

$$\Phi^a(\mathbf{x}) = \mathbf{p}^T(\mathbf{x}) (P^T W(\mathbf{x}) P)^{-1} P^T W(\mathbf{x}) \tilde{\Phi} \quad (7)$$

Since vector $\tilde{\Phi}$ is unknown, the known part of the approximation (7) can be grouped as a vector function of $\mathbf{x}$. This is called the vector of shape functions $\mathbf{u}^T(\mathbf{x}) = \mathbf{p}^T(\mathbf{x}) (P^T W(\mathbf{x}) P)^{-1} P^T W(\mathbf{x})$ and the approximation (7) can be rewritten in terms of these shape functions as

$$\Phi^a(\mathbf{x}) = \mathbf{u}^T(\mathbf{x}) \tilde{\Phi} = \sum_{j=1}^N u_j(\mathbf{x}) \tilde{\Phi}_j \quad (8)$$

The function $u_j(\mathbf{x})$ is called the shape function of node j . It can be noticed that the solution in $\mathbf{x}$ is a linear combination of the shape functions of the nodes on whose influence region $\mathbf{x}$ is found, and the coefficients of this linear combination are defined in vector $\tilde{\Phi}$.

The shape functions have the same support than the weight functions, they are also smooth, and any combination of the local base functions may be represented as a combination of shape functions [8]. This method only approximates the solution but does not interpolate its value, as the finite and boundary elements methods do. So the elements of vector $\tilde{\Phi}$ should no longer be thought of as the values of the solution on each node, but as the combination coefficients of the approximation in terms of the shape functions.

Calculation of the shape function's derivatives

In order to discretize the differential equation, it is necessary to calculate the derivatives of the shape functions. Though it seems trivial, a naive implementation may be computationally inefficient and numerically inaccurate.

The procedure recommended by [4] is shown next: given $\mathbf{u}^T(\mathbf{x}) = \mathbf{p}^T(\mathbf{x}) (P^T W(\mathbf{x}) P)^{-1} P^T W(\mathbf{x})$ we define the matrices $A(\mathbf{x}) = P^T W(\mathbf{x}) P$ and $B(\mathbf{x}) = P^T W(\mathbf{x})$,

then the expression for shape functions is $\mathbf{u}^T(\mathbf{x}) = \mathbf{p}^T(\mathbf{x}) A(\mathbf{x})^{-1} B(\mathbf{x}) = \gamma^T(\mathbf{x}) B(\mathbf{x})$, where $A(\mathbf{x}) \gamma(\mathbf{x}) = \mathbf{p}(\mathbf{x})$.

Deriving with respect to $\mathbf{x}$

$$\frac{\partial A(\mathbf{x})}{\partial x} \gamma(\mathbf{x}) + A(\mathbf{x}) \frac{\partial \gamma(\mathbf{x})}{\partial x} = \frac{\partial \mathbf{p}(\mathbf{x})}{\partial x}$$

$$A(\mathbf{x}) \frac{\partial \gamma(\mathbf{x})}{\partial x} = \frac{\partial \mathbf{p}(\mathbf{x})}{\partial x} - \frac{\partial A(\mathbf{x})}{\partial x} \gamma(\mathbf{x}) \quad (9)$$

The last system may be solved by means of the same L-U decomposition used to find the values of the shape functions, and only the derivatives of the base and weight functions are required. A similar procedure may be used to construct the second derivative of the shape functions.

A variation of the calculation of the derivatives, first proposed by Nyroles et al [9], considers the approximation coefficients $\mathbf{a}(\mathbf{x})$ as constant, so the expression of the derivatives can be simplified and only includes the derivatives of the base functions, as:

$$A(\mathbf{x}) \frac{\partial \gamma(\mathbf{x})}{\partial x} = \frac{\partial \mathbf{p}(\mathbf{x})}{\partial x} \quad (10)$$

This variation (10) is called "local differentiation" by Ellenrieder et al [2] in contrast to the "moving differentiation" of (9).

B. Head Model

In this paper, the head is modelled as a body Ω formed by a series of M nearly concentric layers Ω_i , representing the different tissues in the head, with conductivities σ_i assumed to be constant within each layer. S_i is the surface between the layers i and $i+1$, all the surfaces are supposed to be smooth. A current dipole in position $\mathbf{x}_0$ within the innermost layer and with a dipolar moment $\mathbf{q}$ originates the potential. The problem is described in differential form by the Poisson equation [10] with the boundary conditions given by (11)

$$\begin{cases} \sigma(\mathbf{x}) \nabla^2 \phi(\mathbf{x}) = \nabla \cdot (\mathbf{q} \delta(\mathbf{x} - \mathbf{x}_0)) & \mathbf{x} \in \Omega \\ \phi(\mathbf{x}^-) = \phi(\mathbf{x}^+) & \mathbf{x}^+, \mathbf{x}^- \in S_i \\ \sigma_i \nabla \phi(\mathbf{x}^-) \cdot \mathbf{n} = \sigma_{i+1} \nabla \phi(\mathbf{x}^+) \cdot \mathbf{n} & \mathbf{x}^+, \mathbf{x}^- \in S_i \end{cases} \quad (11)$$

Where ∇^2 is the laplacian operator and ∇ is the gradient operator. $\phi(\mathbf{x})$ and $\sigma(\mathbf{x})$ are the potential and the conductivity in $\mathbf{x}$ respectively and $\mathbf{n}$ is the normal vector pointing outside the surface S_i . For any point $\mathbf{x} \in S_i$, $\mathbf{x}^- \in \Omega_i$ is the limit point of a spatial sequence approaching S_i and $\mathbf{x}^+ \in \Omega_{i+1}$ is the limit point of a spatial sequence leaving S_i . Finally δ is the three-dimensional Dirac's delta function.

Separation of singularity

The solution of the Poisson equation (11) is singular on the position of the dipole and the potential grows very rapidly on its neighborhood, making unstable any numerical method used to solve it. In order to circumvent this problem, the solution is proposed to have the form $\phi(\mathbf{x}) = \phi_F(\mathbf{x}) + \Phi^1(\mathbf{x})$, $\mathbf{x} \in \Omega_1$ in the subdomain where the dipolar source is located. $\phi_F(\mathbf{x})$ is the potential produced by the dipole in an infinite homogeneous medium. It is the solution to the Poisson equation with no boundary conditions

$\sigma_1 \nabla^2 \phi_F(\mathbf{x}) = \nabla \cdot (\mathbf{q} \delta(\mathbf{x} - \mathbf{x}_0))$ $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^3$ and has a well known analytical solution (12)

$$\phi_F(\mathbf{x}) = \frac{1}{4\pi\sigma_1} \frac{(\mathbf{x} - \mathbf{x}_0)}{|\mathbf{x} - \mathbf{x}_0|^3} \cdot \mathbf{q} \quad (12)$$

$\Phi^1(\mathbf{x})$ is the solution of the Laplace equation in the subdomain where the source is located; it accounts for the effects of the boundary conditions and has to be calculated numerically. The electric current circulating through the inner borders produces a potential in the subsequent layers. The potentials in those layers are represented by $\Phi^2(\mathbf{x})$ and $\Phi^3(\mathbf{x})$ respectively. They are the solution to the Laplace equation in their respective subdomains, with the boundary conditions shown in system (13) and have to be calculated numerically too. The boundary conditions express the continuity of the potential and the normal component of the current through each boundary, with the exception of the outermost boundary.

$$\begin{cases} \sigma_i \nabla^2 \Phi^i(\mathbf{x}) = 0 & \mathbf{x} \in \Omega_i, i \in \{1, 2, 3\} \\ \phi_F(\mathbf{x}) + \Phi^1(\mathbf{x}) = \Phi^2(\mathbf{x}) & \mathbf{x} \in S_1 \\ \Phi^2(\mathbf{x}) = \Phi^3(\mathbf{x}) & \mathbf{x} \in S_2 \\ \sigma_1 \nabla(\phi_F(\mathbf{x}) + \Phi^1(\mathbf{x})) \cdot \mathbf{n} = \\ \sigma_2 \nabla \Phi^2(\mathbf{x}) \cdot \mathbf{n} & \mathbf{x} \in S_1 \\ \sigma_2 \nabla \Phi^2(\mathbf{x}) \cdot \mathbf{n} = \sigma_3 \nabla \Phi^3(\mathbf{x}) \cdot \mathbf{n} & \mathbf{x} \in S_2 \\ \sigma_3 \nabla \Phi^3(\mathbf{x}) \cdot \mathbf{n} = 0 & \mathbf{x} \in S_3 \end{cases} \quad (13)$$

To include the separation of singularity beyond the layer where the source is located is a modelling mistake in our opinion.

C. Discretization of the system

In order to change the differential equation and the boundary conditions into a system of linear equations, the collocation technique is used. The mobile least squares approximation and their derivatives are used to substitute the solution and its derivatives in the differential equation and the boundary conditions.

All the equations corresponding to the boundary conditions from (13) evaluated at the surface nodes can be combined in one matrix expression:

$$D\tilde{\Phi} = \mathbf{b} \quad (14)$$

where vector $\tilde{\Phi} = [\tilde{\Phi}^1, \tilde{\Phi}^2, \tilde{\Phi}^3]$ is the concatenation of the vectors of combination coefficients of all subdomains.

Similarly, the laplacian of the shape functions is used to approximate the laplacian of the solution on each of the nodes of each subdomain. So the discretized version of the Laplace equation is

$$L\tilde{\Phi} = \mathbf{0} \quad (15)$$

The laplacian of the approximation can be minimized only on the inner nodes, resulting on a square system with the same number of equations as unknowns, or it can be minimized on the border nodes too. The former is the common practice in the solution of partial differential equations, but the latter may reduce the error in some cases.

D. The complete linear system and its solution

Since the differential equation and the boundary conditions can't be satisfied exactly by the approximation, the vector of combination coefficients is chosen so that it minimizes the laplacian of the solution, constrained by the boundary conditions:

$$\tilde{\Phi} = \min_{D\tilde{\Phi}=\mathbf{b}} \|L\tilde{\Phi}\|^2 \quad (16)$$

This problem may be solved by several methods. The most general method involves a QR factorization of the matrices L and D, but since the Q factors are almost full, the memory requirements make this approach prohibitive.

In the case of a very large and very sparse system, the method of weighting is a good alternative, since it changes the minimization problem into a common overdetermined least squares problem [11]. The part of the system to be minimized is multiplied by a small factor ϵ while the constraint is left unchanged. As $\epsilon \rightarrow 0$, the solution of the least squares (17) problem approaches the solution of the minimization problem (16). In our numerical experiments values of ϵ between 10^{-4} and 10^{-8} provided good results.

$$\begin{bmatrix} D \\ \epsilon L \end{bmatrix} \tilde{\Phi} \cong \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \quad (17)$$

Ellenrieder et al [2] solved the problem (17) by solving iteratively the normal equations. Though this method does not produce too much fill up, the normal equations are known to be poorly conditioned. A Q-less QR factorization of the matrix $H = [D \ \epsilon L]^T$ allows to solve the problem on only one iteration and since the QR factorization is based on orthogonalization techniques, it is less sensitive to the poor conditioning of matrix H [12].

Once the combination coefficients are known, the potential in the nodes can be calculated by substituting them in the approximation. In matrix form, the calculation can be done with (18), where U^i is the matrix of the shape functions of subdomain i evaluated on all the nodes, $\tilde{\Phi}^i$ is the vector of combination coefficients and Φ^i is the vector of values of the numerical solution at each node. Only for subdomain 1, the value of the infinite homogeneous medium potential on each node has to be added to the numerical part of the solution.

$$\Phi^i = U^i \tilde{\Phi}^i \quad (18)$$

III. RESULTS

The performance of the method is analysed in a spherical geometry, due to the fact that analytical solutions are known only for this geometry. A three layers spherical head model consisting of a sphere of radius $r_1 = 1$, surrounded by two spherical shells of radius $r_2 = 1.06r_1$ and $r_3 = 1.15r_1$ was used. In order to compare the results of the proposed improved method with those published by Ellenrieder et al [2], the same distribution of points is used. A uniform 3D mesh of nodes with separation $h_1 = 0.12r_1$ and $h_2 = 0.08r_1$ is used for the inner nodes of the sphere and the two spherical shells respectively. For each surface 642 nodes are placed on each sphere. The total number of nodes is ... 42 tangential

TABLE I

FPMV VARIANTS WITH SMALLER ERROR FOR DIPOLES AT $r = 0.90r_1$

BF	ri	WF	dif	lap	RE	NRDM
quad	7K	pow	loc	RS	0.1050	0.0949
quad	5K	cub	loc	RS	0.1250	0.1156
quad	7K	cub	loc	RS	0.1364	0.1268
quad	3K	cub	loc	RS	0.1558	0.1487

TABLE II

FPMV VARIANTS WITH SMALLER ERROR FOR DIPOLES AT $r = 0.95r_1$

BF	ri	WF	dif	lap	RE	NRDM
quad	7K	pow	loc	RS	0.1604	0.1279
quad	5K	cub	loc	RS	0.1784	0.1559
quad	5K	pow	loc	RS	0.1968	0.1735
quad	7K	cub	loc	RS	0.1974	0.1596

dipoles with random orientation are placed almost uniformly on the inner sphere at a radii of $0.90r_1$, $0.95r_1$, and $0.975r_1$, and the mean value of the error measures is reported.

Two error measures are used. The relative error (19) is the quotient of the RMS magnitude of the error and the magnitude of the analytic solution Φ_a , where Φ_n is the vector of values of the numerical solution.

$$RE = \frac{\|\Phi_a - \Phi_n\|}{\|\Phi_a\|} \quad (19)$$

The second measure, a normalized relative difference measure (NRDM) (20), is related to the similarity in shape of the analytic and numerical solutions. It is a little more sensitive to shape differences than the correlation coefficient. The NRDM value varies between 0 and 2, it is null if the vectors are equal, $\sqrt{2}$ if the vectors are orthogonal and 2 if they are equal but with opposite sign.

$$NRDM = \left\| \frac{\Phi_a}{\|\Phi_a\|} - \frac{\Phi_n}{\|\Phi_n\|} \right\| \quad (20)$$

All combinations of the following variations were explored:

- Base functions (BF): Complete first degree monomial set (lin); Complete second degree monomial set (quad)
- Radii of the influence region selection (r_i): Twice the minimal radius ($2r_{im}$); 2.64 times the minimal radius ($2.64r_{im}$); $3 * K$ nodes in the influence region ($3K$); $5 * K$ nodes in the influence region ($5K$); $7 * K$ nodes in the influence region ($7K$)
- Weight functions (WF): Cubic spline (cub); Exponential C^n continuous (exp); Power function (pow);
- Differentiation (dif): Local Differentiation (loc); Mobile Differentiation (mov)
- Minimization of the laplacian on the border nodes (lap): YES - Rectangular equations system (RS); NO - Square equations System (SS)

The average relative error and NRDM for the combinations giving the smaller errors are shown in tables I, II, and III.

TABLE III

FPMV VARIANTS WITH SMALLER ERROR FOR DIPOLES AT $r = 0.975r_1$

BF	ri	WF	dif	lap	RE	NRDM
quad	$2r_{im}$	pow	mov	RS	0.3071	0.2489
quad	5K	cub	loc	RS	0.3130	0.1728
quad	5K	pow	loc	RS	0.3156	0.1746
quad	7K	pow	loc	RS	0.3175	0.1613

IV. DISCUSSION AND CONCLUSIONS

The analytic solution of the forward electroencephalography problem is very smooth when the dipole is far from the surface, but has a very large gradient as the dipole approaches it. Since the mobile least squares produces smooth approximations, the errors increase in the latter case. As most of the relevant sources in the brain will be located in the cortex, further elaboration of the model solution is still necessary to reduce the error for dipoles close to the border.

As it was expected, the quadratic basis functions performed better than the linear ones, the best performing combination with a linear base function had a 0.36 mean relative error at the $0.975r_1$ eccentricity, although some linear variants outperformed their quadratic counterparts. The cubic spline and the power weight functions produced lower errors than the exponential function used by Ellenrieder [2]. Local differentiation is better than moving differentiation in most cases; however, in our experience on 2D problems, this changes as the number of points increases.

Finally, even when minimizing the laplacian on the outer boundary is not easily justified from a theoretical point of view, it produced lower errors in our numerical experiments.

In our experience, the Finite Points Meshless Method is able to solve problems with a smooth solution very quickly, with a very small error, and without the need to create a mesh, which is an advantage when the geometry of the body is as complex as the brain's. However, the solution of the FEP has a very high gradient when the current dipole is very close to the body surface and this method can not approximate such a gradient adequately, producing a higher error. The FPMV may not be adequate to solve the FEP, unless future research finds a way to reduce that error. One possible path explore could be to use an adaptive technique to increase the number of nodes in the area where the higher error is present.

REFERENCES

- [1] E. Oñate, S. Idelsohn, O. C. Zienkiewicz, and R. L. Taylor, "A finite point method in computational mechanics. applications to convective transport and fluid flow," *International Journal for numerical methods in Engineering*, vol. 39, pp. 3839–3866, 1996.
- [2] N. von Ellenrieder, "A meshless method for solving the EEG forward problem," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 52, no. 2, pp. 249–257, February 2005.
- [3] T. Belytschko, Y. Y. Lu, and L. Gu, "Element-free galerkin methods," *Int.J. Numer. Meth. Eng.*, vol. 37, pp. 229–256, 1994.
- [4] Dolbo, "An introduction to programming the meshless element free-galerkin method," *Archives of computational methods in Engineering*, vol. 5, no. 3, pp. 207–241, 1998.
- [5] O. Zienkiewicz, R. Taylor, and J. Zhu, *The finite element method - its basis and fundamentals*. Elsevier, 2005.

- [6] D. Shepard, "A two-dimensional function for irregularly spaced data." *ACM National Conference*, p. 517–524, 1968.
- [7] P. Lancaster and K. Salkauskas, "Surfaces generated by moving least squares methods." *Math. Comput.*, vol. 37, p. 141–158, 1981.
- [8] T. Belytschko, Y. Krongauz, D. Organ, M. Fleming, and P. Krysl, "Meshless methods: an overview and recent developments," *Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering*, vol. 139, no. 1–4, pp. 3 – 47, 1996.
- [9] B. Nayroles, G. Touzot, and P. Villon, "Generalizing the finite element method: Diffuse approximation and diffuse elements," *Computational Mechanics*, vol. 10, p. 307–318, 1992.
- [10] S. P. van den Broek, H. Zhou, and M. Peters, "Computation of neuromagnetic fields using finite-element method and biot-savart law," *Med. & Biol. Eng. & Comput.*, vol. 34, pp. 21–26, 1996.
- [11] C. L. Lawson and R. J. Hanson, *Solving Least Squares Problems*,. Society for Industrial and Applied Mathematics, 1995.
- [12] G. H. Golub and C. F. V. Loan, *Matrix Computations*, 3rd ed. JHU Press, 1996.

Desarrollo de un oxímetro para monitorear la actividad cerebral usando fNIRS.

Karla J. Sánchez-Pérez, Javier Herrera-Vega, Luis Enrique Sucar, Felipe Orihuela-Espina,
Carlos G. Treviño-Palacios.

*Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica
Luis Enrique Erro No 1 Sta Maria Tonantzintla Puebla 72840 México
kjaneth279@inaoep.mx, carlost@inaoep.mx*

Resumen

La necesidad de monitorear la actividad cerebral ha transformado el desarrollo y complejidad de técnicas de neuroimagen. Hoy en día se cuenta con diversas técnicas, y una amplia variedad de aparatos de neuroimagen, donde la neuroimagen óptica funcional surge como una alternativa viable que permite detectar la actividad cerebral [1]; sin embargo, poseen ciertas ventajas y desventajas en cuanto a resolución espacial y temporal. La espectroscopía funcional en infrarrojo cercano (fNIRS) es una técnica de neuroimagen no invasiva que ofrece un ventajoso compromiso entre las resoluciones espacial y temporal [4]. En este trabajo se presenta el avance en el desarrollo de nuestra propuesta para un sistema de fNIRS, que trabaja bajo la modalidad de modulación de frecuencia. El objetivo, a corto plazo, es medir la concentración de oxígeno presente en la sangre.

Usando el espectro de absorción de la luz, los niveles de la luz detectada se interpretan como cambios en la concentración entre oxihemoglobina (HbO_2) y deoxihemoglobina (Hbb) [2, 6]. La cantidad de oxígeno presente en la sangre, asociada al proceso cognitivo, puede ser detectada gracias a los cambios diferenciales en la absorción de Hbb y HbO_2 . En particular en las primeras experiencias desarrollamos un oxímetro monocanal para monitorear la saturación de oxígeno presente en la sangre. El sistema usa dos fuentes de luz con longitudes de onda $\lambda_1 = 632 \text{ nm}$, $\lambda_2 = 940 \text{ nm}$, que posteriormente serán reemplazadas por fuentes cuyas longitudes de onda se encuentren en la región de la ventana biofotónica (700-1100 nm) [5, 3] para aumentar la longitud de penetración. A futuro se desarrollará un dispositivo multicanal para monitorear la actividad cerebral usando fNIRS.

Para calcular la concentración usamos la Ley de Beer-Lambert modificada [6]. Las diferencias en el espectro de absorción de la deoxihemoglobina y de la oxihemoglobina permite medir los cambios relativos en la concentración de hemoglobina mediante la atenuación de las longitudes de onda. Midiendo la absorción en ambas longitudes de onda, conociendo el coeficiente de extinción molecular a estas longitudes de onda ($a_{\text{HbO}_2}(\lambda_1), a_{\text{Hbb}}(\lambda_2)$) y la longitud de propagación (L) podemos determinar las concentraciones ($c_{\text{HbO}_2}, c_{\text{Hbb}}$) y así determinar el contenido de oxígeno en la sangre.

Para controlar el sistema de emisión - detección de nuestro oxímetro usamos el lenguaje de programación que ofrece Labview®. El panel de control de nuestro programa se muestra en la figura 1

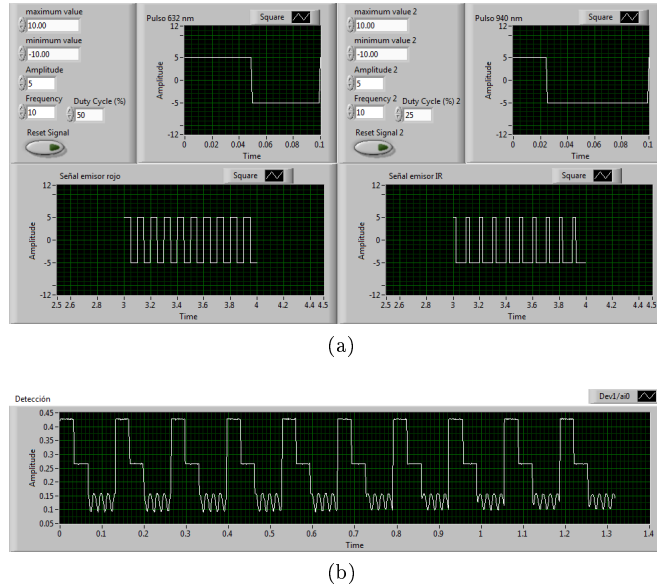


Figura 1: Panel de control del oxímetro. La subfigura a muestra el perfil de la señal que utilizan las fuentes de iluminación. En la subfigura b observamos la señal detectada por nuestro receptor. La intensidad de la fuente infrarroja es mayor para fines ilustrativos.

Los resultados que se obtienen con nuestro sistema son compatibles con los resultados que se obtienen con los oxímetros comerciales.

Agradecimientos

Este trabajo es apoyado por el proyecto CONACyT CB-2011-01-169558

Referencias

- [1] Marco Ferrari, Leonardo Mottola, and Valentina Quaresima. Principles, techniques, and limitations of near infrared spectroscopy. *Canadian Journal of Applied Physiology*, 29(4):463–487, 2004. PMID: 15328595.
- [2] Andreas Kleinschmidt, Hellmuth Obrig, Martin Requardt, Klaus-Dietmar Merboldt, Ulrich Dirnagl, Arno Villringer, and Jens Frahm. Simultaneous recording of cerebral blood oxygenation changes during human brain activation by magnetic resonance imaging and near-infrared spectroscopy. *J Cereb Blood Flow Metab*, 16(5):817 – 826, Sep 1996.
- [3] Michael S. Patterson, B. Chance, and B. C. Wilson. Time resolved reflectance and transmittance for the non-invasive measurement of tissue optical properties. *Appl. Opt.*, 28(12):2331–2336, Jun 1989.
- [4] Gary Strangman, David A Boas, and Jeffrey P Sutton. Non-invasive neuroimaging using near-infrared light. *Biological Psychiatry*, 52(7):679 – 693, 2002.
- [5] B. J. Tromberg, N. Sha, R. Lanning, A. Cerussi, J. Espinoza, T. Pham, L. Svaasand, and J. Butler. Non-Invasive In Vivo Characterization of Breast Tumors Using Photon Migration Spectroscopy. *Neoplasia*, 2(1):26–40, 2000.
- [6] Arno Villringer and Britton Chance. Non-invasive optical spectroscopy and imaging of human brain function. *Trends in Neurosciences*, 20(10):435 – 442, 1997.