

# Análisis de Relevancia Computacional

Reporte Técnico: Anexo C

---

Objetivo	Actividad
Disenar un protocolo abreviado de resonancia magnética, que permita lograr una buena relación costo-validez entre el tiempo de adquisición y lectura de las imágenes y su validez frente a un protocolo completo, para la detección y categorización de lesiones sospechosas de cáncer de mama.	Análisis de relevancia computacional.

# Índice de Contenidos

<b>1. Introducción</b>	<b>1</b>
<b>2. Descripción general del método propuesto</b>	<b>2</b>
<b>3. Marcación de Regiones de Interés con hallazgos relacionados en el proceso de interpretación del especialista</b>	<b>3</b>
<b>4. Extracción de Regiones de Interés a Partir de las Marcaciones Realizadas</b>	<b>4</b>
<b>5. Extracción de características</b>	<b>5</b>
5.1. Perceptuales . . . . .	6
5.1.1. Modelo GBVS . . . . .	7
5.1.2. Primer Orden . . . . .	7
<b>6. Análisis de Relevancia Basado en MKL</b>	<b>8</b>
6.1. SVM y MKL . . . . .	9
6.2. Optimización del método . . . . .	11
6.2.1. Particle Swarm Optimization (PSO) . . . . .	11
6.2.2. Genetic Algorithm (GA) . . . . .	11
6.2.3. Cuckoo Search (CS) . . . . .	12
6.2.4. Ant Lion Optimization (ALO) . . . . .	12
<b>7. Descripción de los Algoritmos</b>	<b>12</b>
7.1. Extracción y Caracterización de las ROIs . . . . .	12
7.2. Algoritmo de análisis de relevancia . . . . .	14
<b>8. Experimentos y resultados</b>	<b>15</b>
8.1. Conjunto de Datos . . . . .	15
8.2. Resultados de Optimización . . . . .	17
8.3. Resultados del análisis de relevancia . . . . .	18
<b>9. Conclusiones</b>	<b>18</b>

## Lista de Figuras

1. Diagrama del método análisis de relevancia propuesto. . . . .	2
2. Imágenes clave con los hallazgos seleccionados por los especialistas. La Imagen Key A es de la secuencia Fase 5 y la B corresponde a la Fase 2. . . . .	3
3. Secuencias marcadas con las Imágenes Key de la Figura 2. . . . .	4
4. Extracción de la ROI 2 de la secuencia Fase 2. En la imagen A se muestran las regiones marcadas y en la B se aprecia la región de interés número 2 de las marcadas en A. . . . .	5
5. Mapa Saliente del ROI 1 en el Estudio 20. A) ROI 1 en la Secuencia de Difusión. B) Saliencia (GBVS) del ROI 1. C) Saliencia en un Mapa de Calor. . . . .	17

## Lista de Tablas

1.	Funciones Llamadas en Demo . . . . .	12
2.	Funciones de Extracción de Regiones . . . . .	13
3.	Funciones de Caracterización . . . . .	14
4.	Funciones de GBVS . . . . .	14
5.	Scripts y funciones para análisis de relevancia . . . . .	16
6.	Numero de ROIs por BIRADS y Clase . . . . .	17
7.	Análisis comparativo de los algoritmos de optimización implementados. . . . .	18
8.	Medidas de desempeño obtenidas sobre las diferentes configuraciones de la base de datos. . . . .	19
9.	Porcentajes de relevancia obtenidas para las diferentes secuencias de IRM. . . . .	19

# 1. Introducción

En los estudios diagnósticos de imagenología para cáncer de mama hay diferentes modalidades, donde las más comunes son: Ecografía (Ultrasonido), Mamografía (Rayos X) y Resonancia Magnética (RM) (Magnetismo). La última ha demostrado ser el método de mayor sensibilidad para la detección de cáncer de mama, ya que ha permitido detectar tumores de menores dimensiones y en tejido mamario denso, que por lo general no son completamente visibles en otras modalidades como las anteriormente mencionadas (Aberle et al. (2005); Bickelhaupt et al. (2016); Leach (2005)). La RM presenta un alto costo debido al tiempo tan alto que se requiere para la adquisición e interpretación de las imágenes en las diferentes secuencias que componen un protocolo de RM de mama, lo que dificulta la implementación de manera rutinaria de estos estudios, disminuyendo la accesibilidad de mejores prácticas de diagnóstico en la población de bajos recursos (Haas et al. (2015); Heller and Moy (2016)). Por ello, se han realizado algunos trabajos que han propuesto protocolos abreviados (PA) para la detección, localización y categorización con BIRADS (Chen et al. (2017); Grimm et al. (2015); Harvey et al. (2016); Machida et al. (2017); Panigrahi et al. (2017)) que han demostrado validez diagnóstica con relación a un protocolo completo. Estos PA buscan disminuir el número de secuencias de adquisición requeridas para detectar y caracterizar lesiones sospechosas de cáncer, lo que conlleva a una reducción del tiempo de adquisición e interpretación y, como consecuencia, una disminución en el costo de los estudios. No obstante, estos PA presentan un rango de especificidad muy amplia, en el rango de (45 – 91 %), lo que podría incrementar el número de falsos positivos y en consecuencia generar manejos no requeridos, como biopsias o seguimientos innecesarios. Debido a lo anterior, en algunos trabajos han propuesto métodos con el fin de establecer procesos sistemáticos para definir el tipo y número apropiado de adquisiciones o de secuencias con el propósito de lograr que un estudio de RM de mama sea rentable y eficiente en el tiempo sin sacrificar la precisión en el diagnóstico como (Strahle et al. (2017)), y en el caso de (Brown and Marotta (2017)) usan técnicas de aprendizaje de máquina para estimar un protocolo a través del análisis del texto no estructurado de las indicaciones clínicas y la demografía del paciente a partir de los pedidos de imágenes de resonancia magnética (IRM). Sin embargo, estos dos métodos aún están sujetos a la subjetividad de la experiencia de los especialistas y a la variabilidad inter-observador que se suele presentar en estos casos, además, no tienen en cuenta toda la información útil que puede brindar la RM al ser procesada.

Por esta razón, se ha propuesto un método computacional de análisis de relevancia sobre las IRM de mama basado en características perceptuales y un modelo de clasificación que parte de un aprendizaje por múltiples kernels (MKL) usando máquinas de vectores de soporte (SVM), con el fin de medir de manera objetiva con respecto a los especialistas, la cantidad de información relevante que puede aportar cada secuencia de un protocolo completo o un PA con relación a una lesión, para identificar de esta forma aquellas que brinden una mayor seguridad a la hora de la detección de enfermedades por parte del especialista. Este documento está organizado de la siguiente forma: en la Sec. 2 se describe el método computacional de análisis de relevancia propuesto. En la Sec. 3 se expone el proceso de marcación de cada hallazgo seleccionado por el especialista para todas las secuencias del estudio de RM de mama. En la Sec. 4 se explica el proceso de extracción de las regiones ya marcadas por el proceso de la Sec. 3. En la Sec. 5 se menciona la capacidad de los modelos de saliencia visual para resaltar características perceptuales en una imagen, además, se describe el modelo que es implementado en este trabajo junto con las medidas estadísticas de primer orden para caracterizar las regiones extraídas por el proceso de la Sec. 4. En la Sec. 6 el proceso de análisis de relevancia para las secuencias es expuesto. En la Sec. 7 se describe brevemente

los algoritmos desarrollados en el proceso de extracción de las regiones y el de implementación de las técnicas de caracterización y de análisis de relevancia. En la Sec. 8 los resultados obtenidos son mostrados junto con la descripción del proceso experimental. Finalmente, en la Sec. 9 se presentan las conclusiones.

## 2. Descripción general del método propuesto

El método de análisis de relevancia propuesto, presentado en la Figura 1, se puede dividir en dos partes. La primera, consta de la manipulación de las IRM de mama para extraer las regiones de interés basados en los hallazgos seleccionados por los especialistas (radiólogos), con el fin de ser caracterizadas mediante un modelo de relevancia perceptual (atención visual) y medidas estadísticas de primer orden, permitiendo generar de esta forma una matriz de características, (con su respectiva etiqueta, las cuales parten del tipo de BIRADS que fueron asignados por los radiólogos). En la segunda, se define el modelo de Aprendizaje por Múltiples Kernel o MKL, con el objetivo de identificar y seleccionar fuentes de información relevantes o en este caso, las secuencias de los estudios de IRM de mama más relevantes partiendo de las características extraídas (matriz de características), al aprovechar que éste permite tener una medida de similitud de los datos por cada una de las fuentes, permitiendo de esta forma realizar un estudio de análisis de relevancia detallado para identificar qué secuencia destaca más información del hallazgo encontrado por los radiólogos.

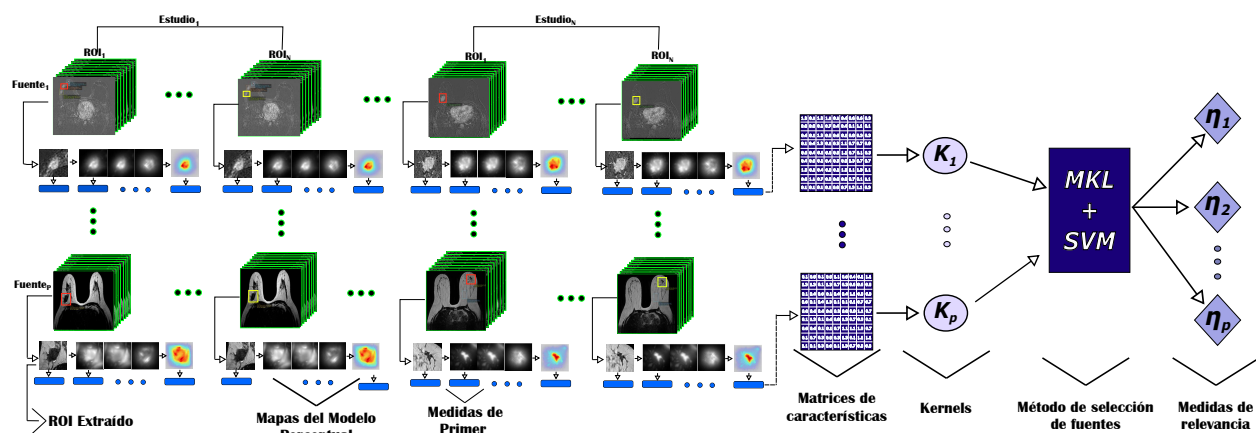


Figura 1: Diagrama del método análisis de relevancia propuesto.

### 3. Marcación de Regiones de Interés con hallazgos relacionados en el proceso de interpretación del especialista

El proceso de marcación de regiones de interés (ROI), consiste en encerrar en un área cuadrada el hallazgo que fue señalado por el especialista (radiólogos), los cuales evaluaron un protocolo de 11 secuencias (T1, T2, Difusión, ADC, 5 sustracciones, Stir Coronal y el Dinámico) para cada estudio de RM de mama ya anonimizados desde las diferentes sedes del Instituto de Alta Tecnología Médica (IATM) de Medellín, donde ellos acceden a los estudios a través del servidor del Instituto. Estas evaluaciones, se realizan mediante un visualizador de imágenes médicas llamado Osirix, con el cual señalan la ROI sólo en una secuencia con un punto o un rectángulo como se ve en la Figura 2, con el fin de agilizar el proceso de lectura. La información sobre el tipo de hallazgo o ROI queda en un formulario que es almacenado en la base de datos del formulario Web, desarrollado para tal fin, en el cual se especifican datos adicionales como la ubicación, el BIRADS, el tipo y la secuencia donde es más visible la lesión. Luego, la imagen en la que se hizo la señalización es exportada como “Image Key” y almacenada junto con el estudio correspondiente en el PACS especial para este proyecto que se encuentra en el servidor del IATM.

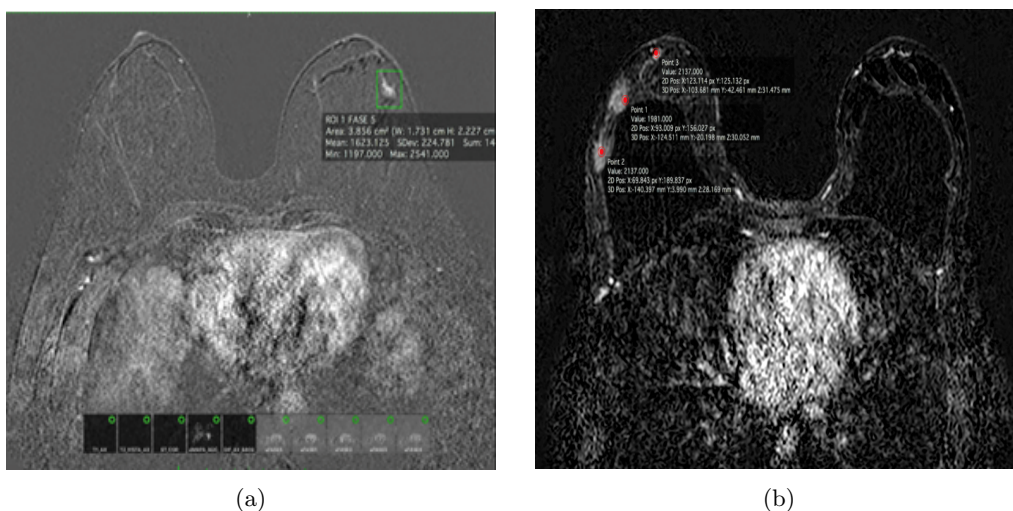


Figura 2: Imágenes clave con los hallazgos seleccionados por los especialistas. La Imagen Key A es de la secuencia Fase 5 y la B corresponde a la Fase 2.

El desarrollo del procedimiento de las marcaciones inicia al descargar del PACS los estudios leídos que contengan las imágenes Key, las cuales fueron guardadas con el nombre de la secuencia en la que se hizo el señalamiento del hallazgo. Después, usando un programa de imágenes médicas llamado Osirix (versión libre), se triangula inicialmente la posición del hallazgo de la imagen Key a la secuencia correspondiente, para encerrar así el área cuadrada de la ROI, buscando que en esta quede un poco del tejido circundante ajeno al hallazgo, ya que en la etapa (4) de extracción se evalúan los tamaños para concluir si se expande o no el área de la marcación. Luego, esta misma área se extrapola al triangularla en el resto de las secuencias, logrando de esta forma mantener

un mismo tamaño en términos de milímetros (mm) para todas las secuencias. En este proceso de triangulación no se tiene en cuenta la secuencia del dinámico, ya que dentro de esta se encuentran empaquetadas 6 secuencias más, que son de iguales dimensiones a las secuencias de Sustracción o Fase, lo que permite usar las coordenadas de estas secuencias para obtener las ROIs del dinámico y que es separado en la misma etapa (4). Además, en el transcurso de este proceso, se llena una tabla en Excel, donde se almacena información del estudio por ROI, como el BIRADS, el tipo y la secuencia en que los Radiólogos señalaron el hallazgo, con el propósito de darle accesibilidad de estos datos al proceso de extracción, ya que el etiquetado de cada región se basa en el tipo de BIRADS.

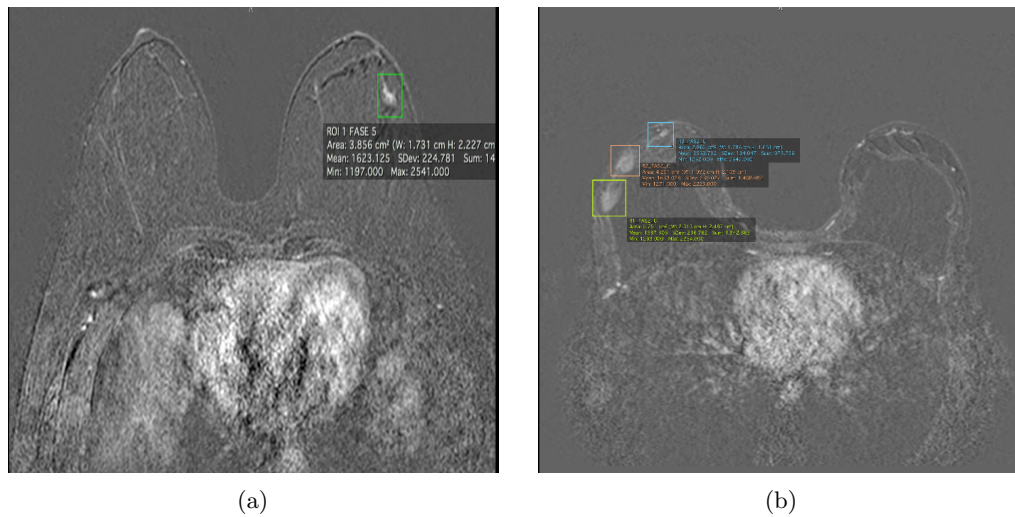


Figura 3: Secuencias marcadas con las Imágenes Key de la Figura 2.

## 4. Extracción de Regiones de Interés a Partir de las Marcaciones Realizadas

Este procedimiento inicia al generar unos archivos tipo CSV de las secuencias que tiene la ROI ya marcada, como se ve en la Figura 4, a través de un plugin de Osirix, el cual permite exportar toda la información de las ROIs en un archivo CSV. Este archivo contiene información espacial sobre el área rectangular que solo abarca el hallazgo, como las coordenadas de sus cuatro puntos tanto en píxeles como en mm, el área en mm, el máximo, el mínimo entre otros. A partir de estos archivos, se construyó un algoritmo en Matlab, para extraer las regiones inicialmente con las dimensiones que fueron enmarcadas, con el fin de medir la variabilidad que hay entre los diferentes tamaños en términos de los valores de largo (columnas) y ancho (filas), además, para igualar estos valores a partir del mayor y transformar cada zona marcada en un área completamente cuadrada. Luego, mediante la representación de la distribución normal de los valores de las filas de los tamaños iniciales, se identificaron las que conformaban el 98 % del total de las regiones, con el fin de extender el área ya cuadrada al sumarle el valor de la varianza a cada lado y así lograr capturar un poco del tejido que rodea el hallazgo. El objetivo de tener tejido circundante al hallazgo es garantizar un



buen funcionamiento de las características perceptuales que se describe en la sección 5.1, además, con este tejido se puede obtener información útil, con respecto a la transición del contraste del tejido circundante a la lesión o hallazgo.

Al final, se obtienen las imágenes pequeñas correspondientes a los ROIs como la Figura 4(b), la cual se almacena con extensión DICOM, además, se construye un archivo con extensión MAT que está organizado como una variable tipo estructura, que contiene los arreglos de los ROIs en las diferentes secuencias con su respectivo BIRADS por cada estudio. Es importante mencionar, que en este proceso de extracción se da la separación de la secuencia del Dinámico, ya que esta contiene empaquetada 6 secuencias más que fueron tomadas cada minuto después de haber suministrado al paciente un agente contrastante (Gandolinio). Por esta razón, al final se cuenta con 16 secuencias en el protocolo inicial de 11.

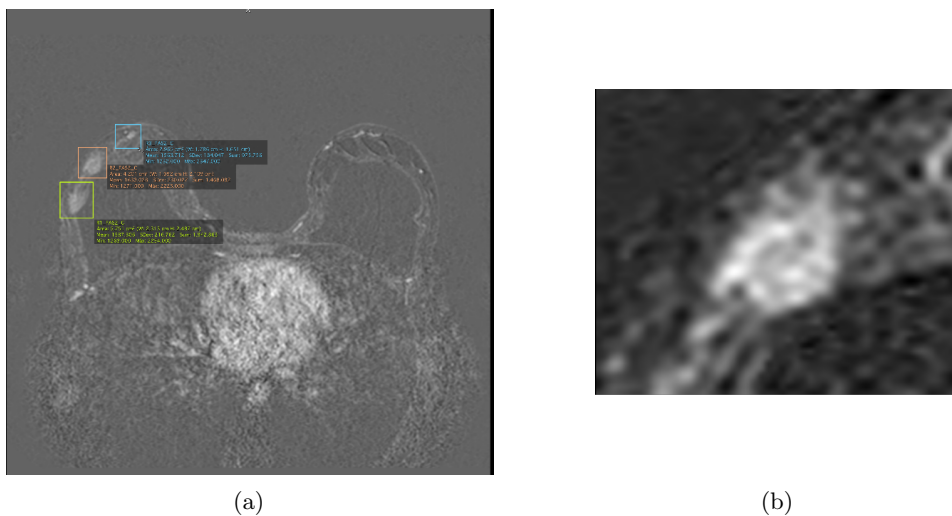


Figura 4: Extracción de la ROI 2 de la secuencia Fase 2. En la imagen A se muestran las regiones marcadas y en la B se aprecia la región de interés número 2 de las marcadas en A.

## 5. Extracción de características

En esta etapa de extracción, se tuvieron en cuenta dos tipos de características. El primero, son las características perceptuales, las cuales permiten hacer una detección automática de las regiones de interés o de mayor relevancia perceptual sobre una escena o imagen, cuyo propósito en este caso, es lograr obtener una medida objetiva de acuerdo con el proceso de selección de los hallazgos que realizan los especialistas en el momento de la evaluación diagnóstica. En el segundo, se escogieron unas características básicas para imágenes, como las medidas estadísticas de primer orden, para lograr describir de forma sencilla los detalles de textura que están con mayor visibilidad (o que resaltan más) en los mapas generados por el modelo perceptual y lograr captar información más precisa sobre los objetos relevantes de la IRM de mama.

## 5.1. Perceptuales

La atención visual selectiva observada en los seres vivos, en particular, la percepción de la saliencia visual (o relevancia visual) permite a los seres humanos detectar, procesar y actuar rápidamente sobre las partes más informativas de un plano visual o imagen, simplificando enormemente el problema de la visión (Leboran et al. (2017)). Lo que ha aumentado el interés en el estudio sobre sistemas visuales humanos, debido a que la saliencia visual está relacionada con la singularidad, la rareza y la sorpresa de una escena, determinado por características primitivas como color, textura, forma, entre otros (Jiang et al. (2013)). La saliencia visual, acuñada por Ullman y Sha'ashua (Ullman and Sha'ashua (1988)) fue ampliada por Itti et al. (Itti et al. (1998)) hacia el desarrollo de una arquitectura computacional (Mitra et al. (2017)). Debido a ello, se han presentado muchos esforzados para diseñar varios modelos que detecten la saliencia con el fin de identificar la región que contiene el objeto principal como (Achanta et al. (2009); Borji and Itti (2012); Cheng et al. (2011); Perazzi and Kr (2012)).

Los modelos computacionales de saliencia toman las imágenes como entrada y generan un mapa topográfico de cuán relevante o atractivo puede ser para un observador humano cada área de la imagen. Muchos de estos modelos parecen predecir en función de ciertos aspectos del movimiento del ojo humano con el fin de identificar el lugar de fijación del ojo en las imágenes (Jiang et al. (2013); Leboran et al. (2017)). Por ende, es posible definir la saliencia visual como el resultado de comparar una región con su entorno, con respecto a la imprevisibilidad, el contraste y la rareza (Achanta et al. (2008); Ma and Zhang (2003)). Además, estos métodos de detección de zonas salientes por lo general emplean dos tipos de estrategias, como “bottom-up” y “top-down”. La primera, consiste en detectar las regiones prominentes mediante el uso de características de bajo nivel, como el color, la intensidad y la orientación. En cambio, el top-down incluyen algo de aprendizaje con datos de entrenamiento que involucran la posición o la forma de un objeto destacado.

Una región visualmente saliente es típicamente rara en una imagen, y contiene información altamente discriminatoria (Mitra et al. (2017)). Por lo tanto, este concepto ha comenzado a tener una gran influencia en la identificación de lesiones de forma automática en imágenes médicas (Mitra et al. (2017)), entrando como una herramienta valiosa en el área de diagnóstico asistido por computadora (CAD) Francisco (2013), como inicialmente se demuestra en el estudio (Jampani et al. (2012)), en el cual se investigó la utilidad de tres modelos de saliencia computacional populares Itti-Koch (IK) (Itti and Koch (2000)), Graph Based Visual Saliency (GBVS) (Harel et al. (2007)) y Spectral Residual (SR) (Hou and Zhang (2007)), extendidos desde el marco de la escena natural, para detectar anomalías en la radiografía de tórax y las imágenes retinianas de color, donde el modelo GBVS presentó el mejor rendimiento en las imágenes de radiografías de tórax, como de igual forma se ha demostrado que GBVS es uno de los modelos de saliencia de mejor rendimiento de predicción en las fijaciones oculares de escenas naturales. Luego, se presentan otros estudios como (Francisco (2013); Quéllec et al. (2011)) que trabajaron a partir de imágenes a color retinianas. En (Alpert and Kisilev (2014)) se desarrolló un modelo de saliencia médica para detectar lesiones y microcalcificaciones en mamografías, imágenes de resonancia magnética del cerebro y estenosis de imágenes angiográficas. Sin embargo, no se proporcionó suficiente estudio de validación con respecto “ground truth”. Después, en (Erihov et al. (2015)) se diseñó un modelo de saliencia basado en la asimetría de forma para la detección de tumores de la resonancia magnética cerebral y mamografías. En (Banerjee et al. (2016)) se propuso un algoritmo, basado en el concepto de saliencia visual,

para localizar y segmentar las regiones tumorales del Glioblastoma Multiforme (GBM) 2D a partir de IRM multiseuencia. Además, consideraron la problemática inherente a las imágenes médicas que se dan en escala de grises sobre los modelos de detección de saliencia bottom-up, ya que estos, el color se considera generalmente como la característica más importante. Por lo que integraron imágenes de RM de múltiples secuencias (FLAIR, T2, T1C) para generar una resonancia magnética pseudo coloreada con el fin de detectar de manera eficiente la región tumoral completa en 2D.

Por lo anterior, en este proyecto se consideró como primer paso el modelo GVBS, por el buen desempeño que tiene tanto en imágenes a color como en escala de grises (Radiografías), con el fin de caracterizar las regiones de interés en IRM de mamas como tumores, quistes, cicatrices, entre otras, ya que el objetivo con el protocolo abreviado es medir de forma automática mediante un análisis de relevancia por MKL, las secuencias que aportan mayor información a el diagnóstico realizado por el especialista.

### 5.1.1. Modelo GBVS

Este modelo consiste en extraer mapas de características en múltiples escalas espaciales como intensidad, color y orientación o movimiento. Luego, una transformada piramidal Gaussiana de espacio de escala se deriva de cada característica como en (Itti et al. (1998)). Después, se genera un grafo completamente conectado sobre todas las ubicaciones de cuadrícula o pixel de cada mapa de características, donde los pesos de dos nodos se asignan proporcionalmente a la similitud de los valores de las características y su distancia espacial. Por lo que la disimilitud o diferencia entre dos posiciones  $(i, j)$  y  $(p, q)$  en el mapa de características, con su respectivo valor  $M(i, j)$  y  $M(p, q)$ , es definido como:

$$d((i, j) \vee (p, q)) = \left| \log \frac{M(i, j)}{M(p, q)} \right| \quad (1)$$

El borde dirigido del nodo  $(i, j)$  al nodo  $(p, q)$  se le asigna un peso proporcional a su disimilitud y a su distancia en el enrejado M.

$$w((i, j), (p, q)) = d((i, j) \vee (p, q)) \cdot F(i - p, j - q) \quad (2)$$

$$\text{con } F(a, b) = \exp\left(-\frac{a^2 + b^2}{2\sigma^2}\right) \quad (3)$$

Los gráficos resultantes se tratan como cadenas de Márkov para normalizar los pesos de los bordes salientes de cada nodo en 1 y definiendo una relación de equivalencia entre nodos y estados, así como entre los pesos de los bordes y las probabilidades de transición. Su distribución de equilibrio se adopta como los mapas de activación y de saliencia, teniendo en cuenta que, en esta distribución los nodos que son muy diferentes a los nodos circundantes se les asignarán valores grandes. Por último, los mapas de activación se normalizan para enfatizar los detalles conspicuos y luego se combina en un solo mapa general saliente (Borji and Itti (2013)).

### 5.1.2. Primer Orden

Con el objetivo de identificar las secuencias que presentan mayor relevancia en la resonancia magnética de mama para el diagnóstico con base a las características perceptuales, se implementan

algunas medidas estadísticas de primer orden a los mapas de saliencias y conspicuidad.

Las medidas estadísticas de primer orden, están muy relacionadas con la información de textura de la imagen, la cual es determinada en la manera que están distribuidos los niveles de grises sobre los píxeles en una región, razón por la cual, estas medidas trabajan con base al histograma de la imagen, con el fin de explotar las relaciones espaciales subyacentes en esta distribución, y así medir propiedades como: aspectos fino o grueso, liso o irregular, homogéneo o no homogéneo, entre otros (Aggarwal and K. Agrawal (2012)).

El histograma de primer orden está definido como  $P(I)$ , siendo  $I$  una variable aleatoria que representa los niveles de grises en una región.

$$P(I) = \frac{\text{numero de pixeles con un nivel de gris } I}{\text{numero de pixeles en la region}} \quad (4)$$

De acuerdo con la definición de  $P(I)$ , la Media ( $m_1$ ) y los Momentos centrales ( $\mu_k$ ) de  $I$  son dados por:

$$m_1 = E[I^1] = \sum_{I=0}^{N_g-1} I^1 P(I) \quad (5)$$

$$\mu_k = E[(I - E[I])^k] = \sum_{I=0}^{N_g-1} (I - m_1)^k P(I), \text{ con } k = 2, 3, 4 \quad (6)$$

Donde  $N_g$  es el número de los posibles niveles de grises,  $\mu_2$  representa la varianza, que es el momento central más común, e indica la variabilidad de los datos con respecto a la media,  $\mu_3$  es la asimetría o (Skewness) que permite establece el grado de simetría del histograma con respecto a la media y el cuarto momento  $\mu_4$  es la Kurtosis, el cual señala el grado de concentración que tienen los datos alrededor de la media en el histograma (Aggarwal and K. Agrawal (2012)).

## 6. Análisis de Relevancia Basado en MKL

El diagnóstico de cáncer de mama mediante el uso de IRM puede ser visto como un problema de análisis multimodal, entendiendo la multimodalidad como el uso simultáneo de múltiples fuentes de información enfocado a la solución de un problema específico (Culache and Obadă (2014)). Teniendo en cuenta que cada secuencia de resonancia magnética proporciona información de forma independiente, es posible utilizar las características visuales extraídas por cada secuencia como una fuente de información para el diagnóstico de cáncer de mama. Con base en lo anterior, se destaca un método que ha ganado gran importancia en los últimos años respecto al aprovechamiento de información proveniente de múltiples fuentes, este método es el Aprendizaje por Múltiples Kernel o mejor conocido como MKL por sus siglas en inglés (Li et al. (2016); Ren et al. (2016)).

El MKL se ha implementado en numerosos trabajos para integrar fuentes de información de naturalezas totalmente diferentes (Althloothi et al. (2013); Gu et al. (2016)), debido a que esta metodología permite implementar una medida de similitud (Kernel) asociada a cada fuente de forma independiente antes de ser integrada a la tarea de aprendizaje, permitiendo que la información

proveniente de cada fuente no solo sea aprovechada al máximo, sino que también se puedan obtener resultados fáciles de interpretar en relación a cada una de las fuentes de información. Una de las grandes ventajas del uso de MKL, es que ha demostrado ser útil para la identificación y selección de fuentes de información relevantes, debido a que permite tener una medida de similitud de los datos por cada una de las fuentes, habilitando la posibilidad de realizar estudios de análisis de relevancia detallados y fáciles de interpretar (Areiza-Laverde et al. (2018); Gönen and Alpaydin (2011)).

En el estado del arte se ha reportado el uso de MKL mediante la asignación de pesos a cada uno de los Kernels asociados a las fuentes de información, lo cual es una característica importante de esta metodología ya que estos pesos pueden ser utilizados para determinar la relevancia que cada fuente representa para la solución implementada (Foresti et al. (2010a); Subrahmanya and Shin (2010); Tuia et al. (2010)). Aunque el MKL se ha utilizado con diferentes tipos de algoritmos de aprendizaje de máquina, ha demostrado tener un mejor aprovechamiento de su potencial al ser utilizado en conjunto con Máquinas de Vectores de Soporte (SVM por sus siglas en inglés) (Lanckriet et al. (2004); Qiu and Lane (2009)).

## 6.1. SVM y MKL

Las SVM son clasificadores discriminativos propuestos para problemas de clasificación binarios y se basan en la teoría de minimización de riesgos estructurales. La principal característica de una SVM es su categorización como clasificador de margen amplio (Cristianini et al. (2000)). Dada una muestra de  $N$  ejemplos de entrenamiento independientes e idénticamente distribuidos  $\{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$  donde  $x_i$  es un vector de entrada de dimensión  $D$  y  $y \in \{-1, +1\}$  es un vector de etiquetas de dimensión  $N$ , una SVM básicamente encuentra la línea discriminante con el margen  $M$  máximo en el espacio de características. La función de clasificación está dada por la Ecuación 7.

$$f(x) = \langle w, x \rangle + b \quad (7)$$

donde  $w$  es el vector de pesos que se comportan como coeficientes para cada ejemplo  $x_i$ ,  $b$  es el término independiente del hiperplano de separación (también conocido como “bias term” en inglés) y el operador  $\langle \cdot, \cdot \rangle$  representa el producto punto entre dos vectores.

Debido a que la SVM busca maximizar el margen de separación entre clases, el *problema primal* de optimización de la SVM puede ser expresado como se muestra en la Ecuación 8.

$$\begin{aligned} w^* &= \min_w \frac{1}{2} \|w\|_2^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i \\ s.t. \quad & y_i(\langle w, x \rangle + b) \geq 1 - \xi_i \end{aligned} \quad (8)$$

donde  $C$  es un parámetro de regularización predefinido por el usuario y  $\xi$  es un vector de valores que permiten que la SVM tenga cierto margen de error haciendo lo que se conoce como suavizar el margen.

El método principal para resolver este problema de programación cuadrática con restricciones es mediante el uso de multiplicadores de Lagrange (Vapnik (1999)), con los cuales se llega a la definición del problema conocida como *función dual* que se muestra en la Ecuación 9.

$$\begin{aligned}
& \max_{0 \leq \alpha \leq C} \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j \langle x_i, x_j \rangle \\
& s.t. \quad \sum_{i=1}^N \alpha_i y_i = 0
\end{aligned} \tag{9}$$

donde  $\alpha$  es el vector de variables dual correspondientes a cada restricción de separación que surge al aplicar los multiplicadores de Lagrange.

La función de clasificación asociada a la *función dual* está dada por la Ecuación 10.

$$f(x) = \sum_{i=1}^N \alpha_i y_i \langle x_i, x \rangle + b \tag{10}$$

En la definición de la función dual aparece un término de gran importancia:  $\langle x_i, x_j \rangle$ , este término es conocido como función Kernel y es expresado de la forma  $K(x_i, x_j)$ , donde  $K : \mathbb{R}^D \times \mathbb{R}^D \rightarrow \mathbb{R}$ . La función Kernel se define como una medida de similitud y puede tener diferentes planteamientos, uno de los más conocidos y utilizados es el Kernel Gaussiano, el cual se presenta en la Ecuación 11.

$$K_{Gaussiano}(x_i, x_j) = \exp \left( \frac{-\|x_i - x_j\|_2^2}{\sigma^2} \right), \quad \sigma > 0 \tag{11}$$

La función Kernel es fundamental en el funcionamiento de la SVM, es en este punto donde empieza a ser útil el uso de MKL, ya que esta técnica propone básicamente que en lugar de utilizar un único Kernel en el aprendizaje, se pueden utilizar diferentes tipos de combinaciones lineales o no lineales de múltiples Kernels como se muestra en la Ecuación 12.

$$K_\eta(x_i, x_j) = f_\eta \left( \{K_m(x_i^m, x_j^m)\}_{m=1}^P \right) \tag{12}$$

La función de combinación  $f_\eta : \mathbb{R}^P \rightarrow \mathbb{R}$  está compuesta por  $P$  representaciones de características de los ejemplos de entrenamiento. La gran ventaja que acarrea esta formulación es que dichas representaciones de características pueden provenir de diferentes fuentes de información, ya que la función Kernel simplemente halla una medida de similitud entre los datos basada en la información de cada una de las fuentes, es así como podemos ver que pueden asignarse diferentes Kernels a diferentes fuentes de información para integrarlas en una misma tarea de clasificación. Teniendo en cuenta que la función de combinación  $f_\eta$  puede ser definida a conveniencia, es posible implementar una combinación lineal en la cual se le asigne un peso a cada Kernel, tal y como se expresa en la Ecuación 13.

$$f_\eta = K_\eta(x_i, x_j) = \sum_{m=1}^P \eta_m K_m(x_i^m, x_j^m) \tag{13}$$

donde  $\eta_m$  denota los pesos de los Kernels, lo cual equivale directamente a asignar un peso a cada fuente de información según el planteamiento antes descrito.

Con base en esta estructura, es posible definir una función objetivo en la cual se aplique una penalización a los pesos  $\eta_m$  de tal manera que el algoritmo pueda determinar la relevancia de cada fuente (secuencias de IRM por ejemplo) con base en los valores asignados a cada peso, obteniendo

resultados fáciles de interpretar (Gönen and Alpaydm (2011)). El tipo de penalización más utilizado para restringir los pesos asignados a los Kernels es la penalización por norma- $\ell_1$  y norma- $\ell_1$  (Gönen et al. (2012); Foresti et al. (2010b)), siendo la primera de estas normas asociada de mejor forma a la selección por relevancia, debido a que con esta se consigue que los pesos asociados a los Kernels de menor relevancia queden en cero después del entrenamiento, a lo cual se le conoce comúnmente como una penalización de tipo “sparse”.

Teniendo en cuenta lo descrito anteriormente, el análisis de relevancia de las secuencias de IRM para el diagnóstico de cáncer de mama se desarrolla al asignar un Kernel Gaussiano a cada una de las secuencias, de tal manera que al entrenar el algoritmo embebido de SVM con MKL, los pesos resultantes  $\eta$  son relacionados con la relevancia computacional que el algoritmo de aprendizaje de máquina determina para cada secuencia (Fuentes de información) en la tarea de clasificación, teniendo en cuenta que la penalización aplicada a los pesos de los Kernel es de tipo sparse (penalización por norma- $\ell_1$ ) y restringe los valores asignados a los pesos tal y como se expresa en la siguiente Ecuación 14 (Areiza-Laverde et al. (2018)).

$$\Delta = \left\{ \eta \in \mathbb{R}_+^P : \sum_{j=1}^P \eta_j = 1, \eta_j \geq 0 \right\} \quad (14)$$

## 6.2. Optimización del método

Los algoritmos de optimización cumplen una tarea fundamental en el aprendizaje de máquina, debido a que siempre se busca que los resultados obtenidos en tareas como las de clasificación, puedan ser mejorados respecto a medidas de evaluación objetivas mediante la selección automática de los parámetros que determinan el desempeño de los algoritmos (Papadimitriou and Steiglitz (1998)). En el caso del presente trabajo, es necesario optimizar los parámetros que determinan el comportamiento de los diferentes Kernels asociados a las fuentes de información, es decir, los diferentes parámetros  $\sigma$  que determinan el ancho de banda de los Kernels Gaussianos asociados a las secuencias de IRM (Fuentes de información). Además, el parámetro  $C$  de regularización de la SVM también debe ser sintonizado, por lo cual se requiere de la implementación de algoritmos de optimización multiparamétricos como los que se describen a continuación.

### 6.2.1. Particle Swarm Optimization (PSO)

Es uno de los algoritmos de optimización más usados y ampliamente conocidos en el estado del arte, este algoritmo utiliza métodos cooperativos y estocásticos para encontrar el punto de trabajo óptimo de la función a optimizar, que en este caso corresponde a la exactitud del clasificador. Además, el algoritmo PSO generalmente es capaz de encontrar un óptimo global siendo menos susceptible que otros algoritmos a caer en óptimos locales (Clerc (2012)).

### 6.2.2. Genetic Algorithm (GA)

Un algoritmo genético es un método para resolver problemas de optimización restringidos y no restringidos basados en un proceso de selección natural que imita la evolución biológica (Deb et al. (2002)). El algoritmo modifica repetidamente una población de soluciones individuales seleccionando aleatoriamente individuos de la población actual para utilizarlos como padres para producir una

nueva generación. Durante generaciones sucesivas, la población “evoluciona” hacia una solución óptima. Un algoritmo genético puede ser aplicado para resolver problemas que no son adecuados para otros algoritmos de optimización estándar, incluidos los problemas en los que la función objetivo es discontinua, no diferenciable, estocástica o altamente no lineal.

### 6.2.3. Cuckoo Search (CS)

La Búsqueda Cuckoo es un algoritmo metaheurístico inspirado en la naturaleza, desarrollado en 2009 por Xin-She Yang de la Universidad de Cambridge y Suash Deb de C. V. Raman College of Engineering (Yang (2010)). La Búsqueda Cuckoo se basa en el parasitismo de cría de algunas especies de aves cuco. Además, este algoritmo está mejorado por los llamados vuelos de Lévy, en lugar de usar simples paseos de búsqueda aleatoria isotrópica. Algunos estudios sugieren que la búsqueda Cuckoo es potencialmente mucho más eficiente que el algoritmo PSO y los algoritmos genéticos.

### 6.2.4. Ant Lion Optimization (ALO)

El algoritmo de Hormiga Leona imita el mecanismo de caza de este tipo de hormigas, siendo uno de los algoritmos inspirados en la naturaleza desarrollados más recientemente (Mirjalili (2015)). El algoritmo implementa cinco pasos principales de la caza de presas: la caminata aleatoria de hormigas, la construcción de trampas, el atrapamiento de hormigas en trampas, la captura de presas y la reconstrucción de trampas. Las soluciones óptimas obtenidas por este algoritmo demuestran su gran aplicabilidad para resolver problemas reales con espacios de búsqueda desconocidos.

## 7. Descripción de los Algoritmos

### 7.1. Extracción y Caracterización de las ROIs

Este proceso consta de un grupo de 3 códigos principales. El primero es el cuerpo del proceso nombrado Demo, Tabla. 3, en el que se hace el llamado de las otras dos funciones y se definen las variables de entrada (Input) para cada una de estas.

Tabla 1: Funciones Llamadas en Demo

Nombre Script	Funciones
main	ExtRegion featsaly3

La primera función en ser llamada es “*ExtRegion*”, la cual se encarga de extraer las regiones de cada estudio que se especifiquen, siempre y cuando estas regiones cuenten con la información de los archivos CSV. Esta función se declara de la siguiente forma  $[Roi\_MRI\ Roi\_Estudios] = ExtRegion(path, savepaht, N, z, w, h)$ , o si se desea extraer las regiones del tamaño original en 2D solo  $[Roi\_MRI\ Roi\_Estudios] = ExtRegion(path, savepaht, N)$ .

Esta función entrega dos variables de tipo MAT en forma de estructura, donde se encuentran las regiones extraídas, pero estas se diferencian en la forma que son organizadas, ya que en “*Roi\\_MRI*”



Tabla 2: Funciones de Extracción de Regiones

Función	Input	Output
<b>ExtRegion</b>	<b>Path{1}</b> : Dirección de los estudios.	<b>Roi_MRI</b>
	<p><b>Path{2}</b>: Dirección de los CSV.</p> <p><b>Path{3}</b>: Dirección del Excel de los ROIs.</p> <p><b>Savepath</b>: Dirección en donde se desean guardar los recortes como DCM (formato DICOM).</p> <p><b>N</b>: Vector de N números, correspondientes a los estudios que se desean recortar.</p> <p><b>z</b>: Es el valor de la cantidad de cortes que se desee incluir tanto hacia adelante como hacia atrás. Se le asigna 1 en el caso que se desee trabajar en 2D.</p> <p><b>w</b>: Se especifica cuando se desea darle un ancho específico a la región a recortar o se le asigna 1 cuando se desea incrementar el tamaño original de las regiones por el valor de la desviación de los datos y además se homogenizan los lados, generando así una región totalmente cuadrada.</p> <p><b>h</b>: Se especifica cuando se desea darle una altura específica a la región a recortar.</p>	<b>Roi_Estudios</b>

se ordenan las regiones por el numero del ROI en el estudio, “*Estudio-Numero del ROI-16 regiones*”. En este caso se entiende por 16, a la cantidad de secuencias que se tiene por estudio, indicando que para cada ROI en un estudio deben de estar 16 regiones pertenecientes a cada secuencia. Para la salida “*Roi\_Estudios*”, las regiones son ordenadas de acuerdo a las secuencias que contenga el estudio, “*Estudio-Nombre de la Secuencia-Los ROIs*”.

Además, durante el proceso de recorte, también se almacenan las regiones extraída con formato DICOM en la dirección de *savepath* que se le asigna como entrada. Este proceso realiza el guardado en las dos formas de ordenado a la vez, por ROI y por secuencia.

La segunda función en ser llamada es “*featsaly3*”, la cual se encarga de generar para cada ROI las características de saliencia y luego se extrae de estas las medidas estadísticas de primer orden. Esta función se declara de la siguiente forma: “*FeatEstudio = featsaly3(Roi\_MRI)*”.

Tabla 3: Funciones de Caracterización

Función	Input	Output	Funciones Usadas
featsaly3	Roi_MRI	FeatEstudio	gbvs

En esta función, como entrada tiene el arreglo generado por la función anterior, *ExtRegion*, y entrega una variable tipo MAT en forma de estructura en la que se almacenan para cada ROI las características de saliencia y las medidas estadísticas de primer orden, “*Estudio-Numero del ROI-Medidas (Saliencia – Primer Orden)*”. Para generar las características de Saliencia basadas en GBVS se usa una implementación presentada en (Harel (2012)), cuya función cabecera es “*gbvs*” y se declara de la siguiente forma: *map = gbvs(imagen)*.

Tabla 4: Funciones de GBVS

Función	Input	Output
gbvs	Imagen	map

La salida de la Tabla. 4 *map* es una variable de tipo MAT en forma de una estructura que contiene varios mapas, entre los cuales esta, el mapa de intensidad ( $i = 1$ ), de movimiento ( $i = 2$ ), de orientación ( $i = 3$ ) y saliencia, con la siguiente forma de acceso *map.Conspicuity\_maps\_resized{1,i}* y *map.master\_map\_resized* respectivamente. Inicialmente fue necesario realizar dos modificaciones a esta función. La primera fue con el fin de generar una compatibilidad de esta herramienta con imágenes de 16 bits y la segunda tenía como objetivo añadir a la estructura de *map* los mapas de las tres características inicialmente mencionadas.

## 7.2. Algoritmo de análisis de relevancia

En esta etapa se desarrolló una serie de Scripts y funciones que permitieran recibir la estructura que contiene las características perceptuales extraídas de cada uno de los ROIs de los estudios de la base de datos, la cual es generada por la función *featsaly3*, hasta finalmente obtener las medidas de desempeño de los algoritmos y las medidas de relevancia de cada una de las secuencias que

componen los estudios de IRM. Los Scripts de código y las funciones utilizadas en esta etapa se describen en la Tabla 5.

## 8. Experimentos y resultados

### 8.1. Conjunto de Datos

El conjunto de datos usados en esta prueba fue generado en el proceso de la Sec. 4, y se compone de 85 ROIs extraídos de 47 estudios de RM de mama conformados por 16 secuencias cada uno (*T1*, *T2*, *STIR*, *Difusión*, *ADC*, *Dinámicos del 1 al 6* y *Fases de la 1 a la 5*), los cuales se dividieron en dos clases (0 y 1) de acuerdo con el BIRADS asignado por los especialistas para cada ROI. El Informe de imagen de mama y Sistema de información o BIRADS, por sus siglas en inglés, es un sistema de clasificación propuesto por Colegio Americano de Radiología (ACR) en 1986, con el fin de estandarizar la evaluación del riesgo y el control de calidad. En esta base de datos se usó el aspecto del sistema BIRADS de clasificación por categorías (0 a 6) para la evaluación de los hallazgos de imagen con el fin de agrupar las regiones en las dos clases, ya que, con la categoría asignada se puede identificar el riesgo de malignidad para una lesión de prácticamente 0 % (Categoría 1) hasta más del 95 % (categoría 6) (Shikhman and Keppke (2017)). Para el caso de la categoría 0, sólo es asignado por los especialistas en los casos donde no se logra determinar con claridad el tipo de hallazgo en la imagen y se requiere de un estudio extra para confirmar, como ocurrió en el caso del estudio 19, que obtuvo un BIRADS de cero por lo que fue excluido de la base de datos y no se tuvo en cuenta para el número total dado inicialmente.

Las clases 0 y 1 se definieron al agrupar las categorías del BIRADS, teniendo encienta el significado del cada nivel de este que fue asignado al ROI, como se puede apreciar en la Tabla 1. Para este caso, el rango del 1 al 2 se asigna a la **clase - 0**, indicando un posible negativo debido a que el primero significa que no hay una anomalía y el segundo especifica un hallazgo benigno. Para la **clase 1**, se asigna de la categoría 3 al 6 del BIRADS, aunque al clasificar una región en 3 signifique un posible hallazgo benigno, sin embargo, es a partir de este que se recomienda un seguimiento de valoración para identificar si se presentan cambios en el tiempo. En consecuencia, un nivel superior a 3 indica un mayor riesgo de ser un hallazgo maligno, donde la categoría 6 señala una confirmación de cáncer por biopsia (American Cancer Society (2017); Shikhman and Keppke (2017)).

Después de tener las ROIs extraídas de las 16 secuencias de cada estudio como se exponen en Sec. 4, se implementa a cada ROI el modelo de saliencia visual GBVS, con el cual se generan un mapa saliente donde se resalta las zonas de mayor relevancia visual de toda la región, como se muestra en la Figura 5. Luego, se conforma un vector de 5 características al extraer las medidas de primer orden mencionadas en la Sec. 5.2 a cada mapa generado por GBVS.

La base de datos fue utilizada en dos configuraciones diferentes descritas a continuación:

1. Todas las secuencias (16 Fuentes de información).
2. Sólo las 5 Fases (5 Fuentes de información).

Tabla 5: Scripts y funciones para análisis de relevancia

Script o Función	Entradas	Salidas	Descripción
Prepare_Data	FeatEstudio	X, Y, Sec	Script que permite leer la información contenida en la estructura 'FeatEstudio' para generar un archivo de Matlab que contenga una celda 'X' en donde se almacenen las características de cada secuencia de IRM, un arreglo 'Y' con todas las etiquetas asociadas a los estudios de la base de datos y una celda 'Sec' que contenga los nombres de todas las secuencias de IRM que forman cada uno de los estudio.
Main_Code	X, Y, Sec	Results	Script encargado de leer los datos 'X', 'Y' y 'Sec' para realizar el proceso de optimización mediante el algoritmo de PSO del Software Matlab entregando finalmente los resultados con las medidas de desempeño y de relevancia del algoritmo en un archivo de Matlab llamado 'Results'
K_Folds_Multi	X, Y, K, Par	Acc, F1_Score, Med_geo, Sen, Esp, Relev, Y_Pred	<p>Función que es llamada desde el Script 'Main_Code', Esta función ejecuta el algoritmo de de análisis de relevancia aplicando validación cruzada del tipo K-folds. Cualquiera de las medidas de evaluación que retorna esta función pueden ser utilizadas para optimizar el algoritmo, para las pruebas realizadas se optimizó la exactitud del método. Los parámetros 'Par' hacen referencia a los parámetros de los Kernels y el parámetro de regularización de la SVM.</p> <p>X: Celda de características. Y: Etiquetas originales. K: Numero de Folds. Par: Parámetros del algoritmo.</p> <p>Acc: Exactitud del método. F1_Score: Medida F1-Score. Med_geo: Media geométrica. Sen: Sensibilidad. Esp: Especificidad. Relev: Medidas de relevancia Y_Pred: Etiquetas predichas.</p>
glmksvm_train	tra, par	mod	<p>Función que ejecuta el entrenamiento de la SVM con MKL, esta función es llamada automáticamente desde la función 'K_Folds_Multi'</p> <p>tra: Datos de entrenamiento. par: Parámetros de entrenamiento.</p> <p>mod: Modelo entrenado.</p>
glmksvm_test	tes, mod	out	<p>Función que calcula la probabilidad de que ejemplos de prueba que no fueron incluidos en el entrenamiento, pertenezcan a una clase determinada. esta función es llamada automáticamente desde la función 'K_Folds_Multi'.</p> <p>tes: Datos de prueba. mod: Modelo entrenado</p> <p>out: Predicciones</p>

Tabla 6: Numero de ROIs por BIRADS y Clase

Clases	BIRADS 0	BIRADS 1	BIRADS 2	BIRADS 3	BIRADS 4	BIRADS 5	BIRADS 6	Total ROIs
0	0	1	37	-	-	-	-	38
1	-	-	-	18	10	19	0	47

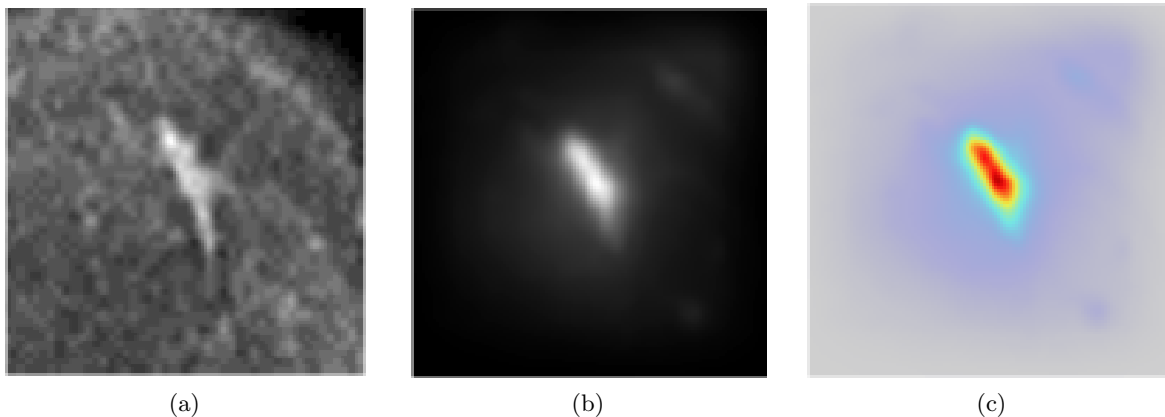


Figura 5: Mapa Saliente del ROI 1 en el Estudio 20. A) ROI 1 en la Secuencia de Difusión. B) Saliencia (GBVS) del ROI 1. C) Saliencia en un Mapa de Calor.

Adicionalmente, por cada una de las configuraciones se realizaron pruebas utilizando las medidas de primer orden aplicadas sobre las regiones originales y luego utilizando las medidas de primer orden aplicadas sobre los mapas de saliencia. Durante todas las pruebas realizadas se aplicó una validación cruzada de tipo K-Folds sobre el algoritmo de clasificación utilizando un valor de  $K=10$ , esto con el propósito de evitar sesgos en los resultados.

## 8.2. Resultados de Optimización

Los cuatro algoritmos de optimización descritos en la sección 6.2 fueron configurados de tal forma que se mantuvieran todos en igualdad de condiciones, seleccionando números similares tanto de individuos de búsqueda (40) como de iteraciones (40) para todos los algoritmos, ambos parámetros seleccionados según el estado del arte (Clerc (2012)). La exactitud del clasificador fue utilizada como medida o función objetivo para cada uno de los clasificadores, en la Tabla 7 se puede observar un resumen de los resultados obtenidos. Teniendo en cuenta que se promediaron los resultados de todas las pruebas para cada algoritmo, de tal forma que se pueden analizar las medidas de evaluación promedio obtenidas al aplicar cada uno de los algoritmos y los valores máximos de cada una de estas medidas, además se pudo medir el tiempo total requerido por cada uno de los algoritmos de optimización y el tiempo promedio por cada prueba.

Como se puede observar en la Tabla 7, todos los algoritmos de optimización lograron llegar a unas buenas medidas de exactitud en la tarea de clasificación, solamente dos de estos algoritmos (CS y ALO) encontraron valores óptimos justo sobre la frontera establecida para el espacio de

Tabla 7: Análisis comparativo de los algoritmos de optimización implementados.

Medidas de Evaluación		Algoritmo de Optimización			
		PSO	GA	CS	ALO
<b>Exactitud( %)</b>	Media	<b>83.67</b>	83.11	80.77	81.34
	Max	<b>88.46</b>	87.21	85.96	85.96
<b>F1-score( %)</b>	Media	<b>85.20</b>	84.88	82.40	83.08
	Max	<b>90.20</b>	89.32	87.50	88.24
<b>M-geométrica ( %)</b>	Media	<b>81.57</b>	81.32	78.76	79.52
	Max	86.42	<b>86.75</b>	85.38	83.99
<b>Sensibilidad ( %)</b>	Media	<b>89.77</b>	88.86	85.71	86.63
	Max	<b>97.87</b>	97.87	93.62	95.74
<b>Especificidad ( %)</b>	Media	74.19	<b>74.56</b>	72.56	73.06
	Max	78.95	<b>84.21</b>	81.58	78.95
<b>Valores Óptimos</b>	Min	<b>5.20</b>	3.94	1.52	2.18
	Max	<b>148.18</b>	143.89	150.00	150.00
<b>Tiempo (minutos)</b>	Media	<b>6.29</b>	7.72	7.43	7.32
	Total	<b>44.05</b>	54.06	52.00	51.27

búsqueda. En general, se puede identificar que el algoritmo PSO supera a los demás algoritmos en la mayoría de las medidas de evaluación, incluyendo la exactitud, la cual fue utilizada como medida objetivo. Además, el algoritmo PSO fue el que requirió un menor tiempo para ejecutar las pruebas planteadas, lo cual puede sugerir finalmente, que el mejor algoritmo para optimizar los parámetros asociados a este problema es el algoritmo PSO.

### 8.3. Resultados del análisis de relevancia

Teniendo en cuenta que el algoritmo PSO fue el que mostró mejores resultados en la optimización de los parámetros, en la Tabla 8 se presenta en detalle las medidas de desempeño obtenidas por el algoritmo PSO, mientras que en la Tabla 9 se presentan los porcentajes de relevancia obtenidas para cada una de las secuencias de IRM al aplicar el algoritmo de clasificación SVM con MKL sobre las dos configuraciones de la base de datos.

## 9. Conclusiones

En este trabajo, se presenta un modelo que permite medir la relevancia de la información que ofrecen las diferentes secuencias de las IRM para la discriminación de lesiones malignas y benignas en un estudio de resonancia magnética de mama. El modelo se basa en la información perceptual, calculada por GBVS, de imágenes de regiones de interés que contienen hallazgos categorizados por especialistas como negativos (BIRADS 1 o 2) y positivos (BIRADS 1 o 2). Este modelo se evalúa frente al uso sólo de la información básica de las regiones extraídas manteniendo el mismo esquema de clasificación, con el fin de identificar el aporte de la información perceptual, el cual es evidente

Tabla 8: Medidas de desempeño obtenidas sobre las diferentes configuraciones de la base de datos.

Medidas de desempeño	Configuración de la base de datos	Regiones originales	Saliencia
<b>Exactitud (%)</b>	16 Fuentes	<b>80.67</b>	85.19
	5 Fuentes	77.40	<b>85.96</b>
<b>F1-Score (%)</b>	16 Fuentes	<b>83.17</b>	87.13
	5 Fuentes	80.00	<b>88.24</b>
<b>M. Geométrica (%)</b>	16 Fuentes	<b>78.19</b>	83.05
	5 Fuentes	74.83	<b>83.99</b>
<b>Sensibilidad (%)</b>	16 Fuentes	<b>89.36</b>	93.62
	5 Fuentes	85.11	<b>95.74</b>
<b>Especificidad (%)</b>	16 Fuentes	<b>68.42</b>	<b>73.68</b>
	5 Fuentes	65.79	<b>73.68</b>

Tabla 9: Porcentajes de relevancia obtenidas para las diferentes secuencias de IRM.

Secuencias	Configuración de la base de datos			
	16 Fuentes		5 Fuentes	
	Regiones	Saliencia	Regiones	Saliencia
<b>T1</b>	0.0	0.1	-	-
<b>T2</b>	12.6	1.8	-	-
<b>STIR</b>	14.3	0.5	-	-
<b>DIF</b>	0.6	0.0	-	-
<b>ADC</b>	0.0	7.7	-	-
<b>FAS 1</b>	0.6	3.8	2.0	0.0
<b>FAS 2</b>	33.6	83.5	0.0	26.6
<b>FAS 3</b>	6.8	0.0	29.0	0.0
<b>FAS 4</b>	0.0	0.0	68.9	0.1
<b>FAS 5</b>	0.0	0.0	0.1	73.3
<b>DIN 1</b>	0.0	0.0	-	-
<b>DIN 2</b>	0.0	2.5	-	-
<b>DIN 3</b>	31.5	0.0	-	-
<b>DIN 4</b>	0.0	0.0	-	-
<b>DIN 5</b>	0.0	0.0	-	-
<b>DIN 6</b>	0.0	0.0	-	-

en los resultados mostrados en la Tabla 8, los cuales permiten determinar que la saliencia medida por GBVS proporcionan una mejor caracterización de la información, lo que se refleja a su vez en el aumento de la sensibilidad y especificidad. La evaluación incluyó dos experimentos, el primero en el que se evaluó la relevancia de las sustracciones; que para el caos del experimento basado en saliencia, con una sensibilidad del 95.7% y una especificidad del 73.6%, muestra que las fases 5 y 2 son suficientes para determinar la categoría (positiva o negativa) de un hallazgo. En el caso en que se consideran todas las secuencias, el modelo indica que es posible realizar esta discriminación considerando las secuencias Fase 2, ADC, Fase 1 y el Dinámico 2 sin sustracción.

Una evaluación más robusta puede ser alcanzada incluyendo una muestra más grande de regiones, y de ser posible que cuenten con confirmación por histopatología.



# Referencias

- Aberle, D. R., Chiles, C., Gatsonis, C., Hillman, B. J., Johnson, C. D., McClennan, B. L., Mitchell, D. G., Pisano, E. D., Schnall, M. D., and Sorensen, A. G. (2005). Imaging and cancer: research strategy of the American College of Radiology Imaging Network. *Radiology*, 235(3):741–51.
- Achanta, R., Estrada, F., Wils, P., and Süsstrunk, S. (2008). Salient Region Detection and Segmentation. *Science*, 5008(2008):66–75.
- Achanta, R., Hemami, S., Estrada, F., and Susstrunk, S. (2009). Frequency-tuned Salient Region Detection. *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Computer Vision and Pattern Recognition*, (Ic):1597–1604.
- Aggarwal, N. and K. Agrawal, R. (2012). First and Second Order Statistics Features for Classification of Magnetic Resonance Brain Images. *Journal of Signal and Information Processing*, 03(02):146–153.
- Alpert, S. and Kisilev, P. (2014). Unsupervised detection of abnormalities in medical images using salient features. *Medical Imaging 2014: Image Processing*, 9034:903416.
- Althloothi, S., Mahoor, M. H., Zhang, X., and Voyles, R. M. (2013). Human activity recognition using multi-features and multiple kernel learning. *Pattern Recognition*, 47(5):1800–1812.
- American Cancer Society (2017). Cómo entender su informe de mamograma.
- Areiza-Laverde, H. J., Díaz, G. M., and Castro-Ospina, A. E. (2018). Feature group selection using mkl penalized with  $\ell_1$ -norm and svm as base learner. In *International Workshop on Experimental and Efficient Algorithms*, pages 136–147. Springer.
- Banerjee, S., Mitra, S., Shankar, B. U., and Hayashi, Y. (2016). A novel GBM saliency detection model using multi-channel MRI. *PLoS ONE*, 11(1):1–16.
- Bickelhaupt, S., Laun, F. B., Tesdorff, J., Lederer, W., Daniel, H., Stieber, A., Delorme, S., and Schlemmer, H.-P. (2016). Fast and Noninvasive Characterization of Suspicious Lesions Detected at Breast Cancer X-Ray Screening: Capability of Diffusion-weighted MR Imaging with MIPs. *Radiology*, 278(3):689–697.
- Borji, A. and Itti, L. (2012). Exploiting local and global patch rarities for saliency detection. In *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 478–485.
- Borji, A. and Itti, L. (2013). State-of-the-Art in Visual Attention Modeling. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence (TPAMI)*, 35(1):185–207.
- Brown, A. D. and Marotta, T. R. (2017). Using Machine Learning for Sequence-Level Automated MRI Protocol Selection in Neuroradiology. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 0(January):1–4.
- Chen, S. Q., Huang, M., Shen, Y. Y., Liu, C. L., and Xu, C. X. (2017). Abbreviated MRI protocols for detecting breast cancer in women with dense breasts. *Korean Journal of Radiology*, 18(3):470–475.
- Cheng, M. M., Mitra, N. J., Huang, X., Torr, P. H., and Hu, S. M. (2011). Global contrast based salient region detection. *CVPR 2011: computer vision and pattern recognition*, 37(3):569–582.

- Clerc, M. (2012). Standard particle swarm optimisation.
- Cristianini, N., Shawe-Taylor, J., et al. (2000). *An introduction to support vector machines and other kernel-based learning methods*. Cambridge university press.
- Culache, O. and Obadă, D. R. (2014). Multimodality as a Premise for Inducing Online Flow on a Brand Website: A Social Semiotic Approach. *Procedia - Social and Behavioral Sciences*, 149:261–268.
- Deb, K., Pratap, A., Agarwal, S., and Meyarivan, T. (2002). A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: Nsga-ii. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 6(2):182–197.
- Erihov, M., Alpert, S., Kisilev, P., and Hashoul, S. (2015). A Cross Saliency Approach to Asymmetry-Based Tumor Detection. In *MICCAI 2015: 18th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*, volume 9351, pages 636–643.
- Foresti, L., Tuia, D., Timonin, V., and Kanevski, M. F. (2010a). Time series input selection using multiple kernel learning. *Proceedings of the 18th European Symposium on Artificial Neural Networks - Computational Intelligence and Machine Learning, ESANN 2010*, (January).
- Foresti, L., Tuia, D., Timonin, V., and Kanevski, M. F. (2010b). Time series input selection using multiple kernel learning. In *ESANN*.
- Francisco, S. (2013). Visual Saliency Based Bright Lesion Detection and Discrimination in Retinal Images. In *IEEE 10th International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 1428–1431.
- Gönen, G. B., Gönen, M., and Gürgeç, F. (2012). Probabilistic and discriminative group-wise feature selection methods for credit risk analysis. *Expert Systems with Applications*, 39(14):11709–11717.
- Gönen, M. and Alpaydın, E. (2011). Multiple kernel learning algorithms. *Journal of machine learning research*, 12(Jul):2211–2268.
- Gönen, M. and Alpaydın, E. (2011). Multiple Kernel Learning Algorithms. *Journal of machine learning research*, 12(Jul):2211–2268.
- Grimm, L. J., Soo, M. S., Yoon, S., Kim, C., Ghate, S. V., and Johnson, K. S. (2015). Abbreviated Screening Protocol for Breast MRI. A Feasibility Study. *Academic Radiology*, 22(9):1157–1162.
- Gu, Y., Liu, T., Jia, X., Benediktsson, J. A., and Chanussot, J. (2016). Nonlinear Multiple Kernel Learning with Multiple-Structure-Element Extended Morphological Profiles for Hyperspectral Image Classification. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 54(6):3235–3247.
- Haas, J. S., Hill, D. A., Wellman, R. D., Hubbard, R. A., Lee, C. I., Wernli, K. J., Stout, N. K., Tosteson, A. N., and Henderson, L. M. (2015). Disparities in the Use of Screening Breast MRI in Community Practice by Race, Ethnicity and Socioeconomic Status. *Cancer*, 4(11):611–617.
- Harel, J. (2012). A Saliency Implementation in MATLAB.
- Harel, J., Koch, C., and Perona, P. (2007). Graph-Based Visual Saliency. In *Advances in neural information processing systems*, pages 545–552.
- Harvey, S. C., Di Carlo, P. A., Lee, B., Obadina, E., Sippon, D., and Mullen, L. (2016). An Abbreviated Protocol for High-Risk Screening Breast MRI Saves Time and Resources. *Journal of the American College of Radiology*, 13(11):R74–R80.
- Heller, S. L. and Moy, L. (2016). Breast MRI Screening: Benefits and Limitations. *Current Breast*

- Cancer Reports*, 8(4):248–257.
- Hou, X. and Zhang, L. (2007). Saliency Detection: A Spectral Residual Approach. *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2(800):2007–2007.
- Itti, L. and Koch, C. (2000). A saliency-based search mechanism for overt and covert shifts of visual attention. *Vision Research*, 40(10-12):1489–1506.
- Itti, L., Koch, C., and Niebur, E. (1998). A Model of Saliency-Based Visual Attention for Rapid Scene Analysis. *IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE*, 20(11):1254–1259.
- Jampani, V., Sivaswamy, J., and Vaidya, V. (2012). Assessment of computational visual attention models on medical images. In *Proceedings of the Eighth Indian Conference on Computer Vision, Graphics and Image Processing - ICVGIP '12*, pages 1–8.
- Jiang, H., Wang, J., Yuan, Z., Wu, Y., Zheng, N., and Li, S. (2013). Salient object detection: A discriminative regional feature integration approach. In *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 2083–2090.
- Lanckriet, G. R. G., Cristianini, N., Bartlett, P., El Ghaoui, L., Jordan, M. I., Jordan Lanckriet, M. I., Ghaoui, E., Ghaoui, L. E., and Jordan, M. I. (2004). Learning the Kernel Matrix with Semidefinite Programming. *Journal of Machine Learning Research*, 5(Jan):27–72.
- Leach, M. O. (2005). Screening with magnetic resonance imaging and mammography of a UK population at high familial risk of breast cancer: A prospective multicentre cohort study (MARIBS). *Lancet*, 365(9473):1769–1778.
- Leboran, V., Garcia-Diaz, A., Fdez-Vidal, X. R., and Pardo, X. M. (2017). Dynamic Whitening Saliency. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 39(5):893–907.
- Li, Y., Wu, F.-X., and Ngom, A. (2016). A review on machine learning principles for multi-view biological data integration. *Briefings in Bioinformatics*, (July 2016):bbw113.
- Ma, Y.-F. and Zhang, H.-J. (2003). Contrast-based image attention analysis by using fuzzy growing. In *Proceedings of the eleventh ACM international conference on Multimedia - MULTIMEDIA '03*, page 374.
- Machida, Y., Shimauchi, A., Kanemaki, Y., Igarashi, T., Harada, M., and Fukuma, E. (2017). Feasibility and potential limitations of abbreviated breast MRI: an observer study using an enriched cohort. *Breast Cancer*, 24(3):411–419.
- Mirjalili, S. (2015). The ant lion optimizer. *Advances in Engineering Software*, 83:80–98.
- Mitra, S., Banerjee, S., and Hayashi, Y. (2017). Volumetric brain tumour detection from MRI using visual saliency. *PLoS ONE*, 12(11):1–14.
- Panigrahi, B., Mullen, L., Falomo, E., Panigrahi, B., and Harvey, S. (2017). An Abbreviated Protocol for High-risk Screening Breast Magnetic Resonance Imaging: Impact on Performance Metrics and BI-RADS Assessment. *Academic Radiology*, 24(9):1132–1138.
- Papadimitriou, C. H. and Steiglitz, K. (1998). *Combinatorial optimization: algorithms and complexity*. Courier Corporation.
- Perazzi, F. and Kr, P. (2012). Saliency filters: Contrast based filtering for salient region detection. In *CVPR 2012: computer vision and pattern recognition*, pages 733–740.

- Qiu, S. and Lane, T. (2009). A framework for multiple kernel support vector regression and its applications to siRNA efficacy prediction. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 6(2):190–199.
- Quellec, G., Russell, S. R., and Abramoff, M. D. (2011). Optimal filter framework for automated, instantaneous detection of lesions in retinal images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 30(2):523–533.
- Ren, Y., Zhang, L., and Suganthan, P. N. (2016). Ensemble classification and regression: Recent developments, applications and future directions. *IEEE Computational Intelligence Magazine*, 11(1):41–53.
- Shikhman, R. and Keppke, A. L. (2017). Breast, Imaging, Reporting and Data System (BI RADS).
- Strahle, D. A., Pathak, D. R., Sierra, A., Saha, S., Strahle, C., and Devisetty, K. (2017). Systematic development of an abbreviated protocol for screening breast magnetic resonance imaging. *Breast Cancer Research and Treatment*, 162(2):283–295.
- Subrahmanya, N. and Shin, Y. C. (2010). Sparse multiple kernel learning for signal processing applications. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 32(5):788–798.
- Tuia, D., Camps-Valls, G., Matasci, G., and Kanevski, M. (2010). Learning relevant image features with multiple-kernel classification. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 48(10):3780–3791.
- Ullman, S. and Sha’asua, A. (1988). The detection of globally salient structures using a locally connected network. In *Proceedings of the Second International Conference on Computer Vision*, pages 321–327.
- Vapnik, V. (1999). *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer Science & Business Media.
- Yang, X.-S. (2010). *Nature-inspired metaheuristic algorithms*. Luniver press.