

Algoritmo rápido de codificación fractal para la detección de masas en mamografías

Fast fractal encoding-based algorithm for masses detection in mammograms

Nigreisy Montalvo Zulueta^{1*}, Mariella Lorenzo Suárez², Ángela León Mecías³, Lorena León Arencibia³

Resumen El presente trabajo propone un algoritmo rápido basado en la codificación fractal para la detección de masas en imágenes de mamografía. El proceso de codificación fractal se basa en el criterio de auto-similitud y la aplicación de transformaciones afines, con el objetivo de encontrar para las celdas rango de la imagen, una celda dominio que sea la más similar a ella. Su principal limitante radica en su alto costo computacional. En este artículo se proponen modificaciones al algoritmo de codificación fractal convencional con el objetivo de disminuir su tiempo de ejecución y detectar automáticamente las celdas rangos que forman parte de la anomalía. Para ello se plantea la reducción del conjunto de transformaciones afines utilizadas durante el proceso convencional de codificación fractal y el agrupamiento de las celdas dominio mediante el criterio de vector de características. Los resultados alcanzados evidenciaron una reducción significativa del tiempo de ejecución del algoritmo, sin comprometer la precisión, validados sobre imágenes de mamografías de la base de datos InBreast.

Abstract In the present work, a fast fractal encoding-based algorithm is proposed to detect the present of masses in mammograms. Fractal encoding is based on the concept of self-similarity and application of isometry transformations to find the most similar domain cell for each range cell in the input image. Its main limitation is its high time complexity. In this paper two modifications are presented for reducing the encoding time of fractal encoding and detecting automatically range cells belonging to breast masses. We propose the use of feature vector for grouping domain cells of the image and the reduction of isometry transformations set established in conventional fractal encoding. The obtained results showed an important reduction of the encoding time and no significant change in the quality of final segmentation of breast masses, validated upon InBreast database

Palabras Clave

Mamografía, anomalía masa, codificación fractal, vector de características, transformaciones afines

¹ Instituto de Cibernética Matemática y Física

² Instituto de Meteorología de la República de Cuba

³ Departamento de Matemática, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana

*mnigre94@gmail.com

Introducción

El cáncer de mama constituye uno de los tipos de cáncer más comunes que afecta a las mujeres a nivel mundial y es una de las causas principales de muerte entre las mujeres. Se manifiesta como un tumor maligno que afecta el tejido glandular de la mama y su origen se debe a la multiplicación y el descontrolado crecimiento de células malignas en la región de la mama, las cuales se pueden extender rápidamente al resto del cuerpo. En el año 2018, se reportaron 2,088,849 nuevos casos de cáncer de mama y 626,679 muertes asociadas a la enfermedad a nivel mundial[4]. En Cuba cada año se diagnostican más de 2,200 nuevos casos y las mujeres de edades comprendidas entre los 50 y 60 años presentan mayores probabilidades de contraer cáncer de mama. En el año 2016 se

reportaron en el país aproximadamente 1 541 casos de muerte de pacientes con la enfermedad.

La detección temprana del cáncer de mama puede aumentar la probabilidad de supervivencia de la paciente. La mamografía constituye un método efectivo para detectar la enfermedad, incluso en su fase inicial. La inspección visual de las imágenes de mamografía requiere experiencia médica, debido a que un gran por ciento de la información que se utiliza para el diagnóstico se obtiene a partir de la apariencia del propio tumor. La complejidad del tejido de la mama y las diferentes anomalías que se pueden observar dificultan en gran medida el trabajo de los radiólogos. En la mayoría de los casos se requiere el criterio de varios especialistas para arribar a un diagnóstico final.

Los sistemas de detección asistidos por ordenador son herramientas cuyo principal objetivo es resaltar áreas en la mamografía que puedan indicar la presencia de cáncer y alertar a los radiólogos sobre la necesidad de revisarlas cuidadosamente. Debido a los diferentes tipos de anomalías relacionadas con la enfermedad, estos sistemas comúnmente se especializan en una anomalía en particular. Por ejemplo, en [14] se propuso un método basado en la transformada wavelet para la detección y segmentación de microcalcificaciones. En [6] se propuso una combinación de Optimización de Enjambres de Partículas y C-centroides difuso para la detección de clústeres de microcalcificaciones. En [22] los autores presentaron un modelo automatizado de escala múltiple para la clasificación de malignidad de masas. En [15] se expone un resumen sobre los avances recientes en el diagnóstico asistido por ordenador basado en el análisis de mamografías.

La geometría fractal ha sido ampliamente utilizada en el procesamiento de imágenes médicas, debido a su capacidad para representar texturas y formas complejas a niveles de grises. En [10], los autores propusieron un método basado en fractales para la detección de tumores cerebrales a partir de imágenes de resonancia magnética. En [1], la geometría fractal se utilizó para diferenciar entre tumores malignos agresivos y no agresivos en el pulmón a partir de tomografías computarizadas, y en [3] para la detección del cáncer de mama a partir del análisis de mamografías digitales. Dado que el tejido de la mama se caracteriza por un alto grado de auto-similitud [18], lo cual constituye una propiedad fundamental de los fractales, se ha incrementado la aplicación de algoritmos basados en la geometría fractal [5],[9],[7], considerando que si una desviación estructural de la regularidad global ocurre en un área determinado, entonces se puede considerar la presencia de una lesión en este.

Una aplicación importante de la geometría fractal en el procesamiento de imágenes es la codificación fractal, utilizada fundamentalmente en la compresión de imágenes. Esta técnica también ha sido utilizada en otros casos, para más información consultar [8]. La codificación fractal se basa en la premisa de que partes de una imagen son muy similares a otras partes de la misma imagen y este concepto ha sido utilizado para modelar el tejido de la mama. En [19], el autor propuso un algoritmo basado en la codificación fractal para la segmentación de anomalías del tipo masa en imágenes mamográficas. A pesar de representar una buena aproximación, su principal limitante radicaba en el alto costo computacional del algoritmo convencional de codificación fractal. Con el objetivo de superar esta desventaja, en [21] se propuso un algoritmo rápido de codificación fractal para detectar microcalcificaciones en mamografías. El autor presentó tres métodos para acelerar el proceso de codificación, reduciendo la dimensión del conjunto de las celdas dominio. Estos métodos estaban basados en la media y la varianza, características del centro de masa y rango dinámico de los bloques de la imagen. Los resultados obtenidos mostraron que las diferencias en términos de precisión alcanzados por el algoritmo convencional y las modificaciones

propuestas no fueron significativas.

En el presente trabajo se proponen modificaciones al método desarrollado en [19] para disminuir el tiempo de la codificación fractal. El artículo está organizado de la siguiente manera: en la sección 1 se presentan algunos aspectos básicos de la codificación fractal de imágenes y vector de características se introduce como principal técnica para reducir el costo computacional del algoritmo; en la sección 2 se describe la base de datos InBreast; los resultados obtenidos en las experimentaciones realizadas en la base de datos anterior se discuten en la sección 3 y algunas observaciones y conclusiones se presentan en la sección 4.

1. Codificación fractal para la detección de masas en mamografías

Los fractales son objetos matemáticos caracterizados por dos propiedades fundamentales: autoreferencia y autosimilitud. La primera propiedad se refiere a que el objeto aparece en la definición de él mismo, tal que una relación de recurrencia puede ser utilizada para generarlo. La segunda determina que el objeto muestre patrones similares a medida que escalas más pequeñas son analizadas, en otras palabras, que posee invarianza a escala.

Los fractales permiten describir estructuras y fenómenos complejos de la naturaleza, tales como montañas, copos de nieve, redes neuronales, nubes y fenómenos atmosféricos. Por esa razón, han sido ampliamente utilizados en el procesamiento de señales, particularmente en el procesamiento de imágenes. La codificación fractal, usada fundamentalmente en la compresión de imágenes, es un ejemplo de la aplicación de la geometría fractal en el procesamiento digital de imágenes.

Sea $I(x, y) \rightarrow z$ una imagen en escala de grises de dimensión $N \times M$ píxeles, donde $0 \leq x < N - 1$, $0 \leq y < M - 1$ y z son los valores de intensidad entre 0 y 255. En el algoritmo de codificación fractal convencional propuesto por Barnsley [2] y Jacquin [11], la imagen a ser codificada es primeramente particionada en un conjunto R de celdas rangos no solapadas R_i que cubren totalmente la imagen, y un conjunto D de celdas dominio D_i . Cada D_i es el doble de las dimensiones de las R_i . Un conjunto T de transformaciones afines se escogen también de antemano. El objetivo de la codificación fractal es encontrar para cada celda rango, la celda dominio más similar a ella en la imagen. La figura 1 muestra un esquema general del método.

El método continúa de la manera siguiente: las celdas en D se escalan a las dimensiones de las celdas del conjunto R . Para cada R_i se escogen una celda dominio D_i y una transformación $t_k \in T$, tales que se minimice la distancia $d(R_i, L(t_k(D_i)))$. $L(x) = s \times x + o$ es una función de ajuste de brillo y contraste. Las transformaciones afines $t_k \in T$ utilizadas en el algoritmo convencional de codificación fractal convencional son: 1) identidad, 2) rotación de 90° , 3) rotación de 180° , 4) rotación de 270° , 5) reflexión sobre el eje vertical, 6) reflexión sobre el eje horizontal, 7) reflexión sobre la primera diagonal y 8) reflexión sobre la segunda diagonal. La figura 2 muestra un

ejemplo de las anteriores transformaciones aplicadas a una celda dominio de una mamografía.

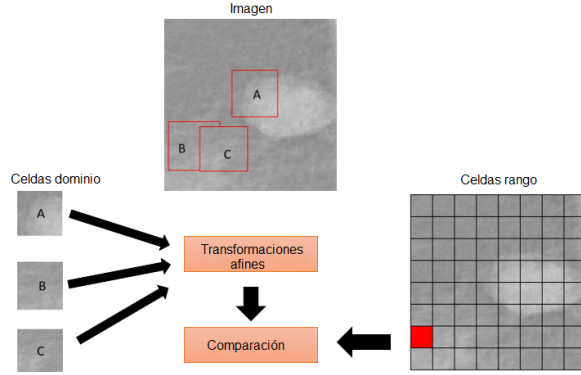


Figura 1. Codificación fractal de una imagen

En [19] se utilizó la codificación fractal convencional para segmentar anomalías conocidas como masas en mamografías digitalizadas. Se escogieron celdas dominios no solapadas de dimensión 16×16 píxeles y celdas rangos de 8×8 . Se utilizó el error mínimo cuadrático como métrica de distancia para comparar las celdas. Las celdas rango y dominio cubrían completamente la imagen.

Con el objetivo de detectar regiones en la imagen que pudieran contener masas, en [19] para cada celda se almacenó la distancia a su celda dominio más similar. Por simplicidad, llamaremos a este valor similitud mínima. Si el valor de similitud mínima asociado a la celda rango R_i era menor o igual que un valor de umbral de similitud dado, la región correspondiente a esta celda era considerada bien estructurada (o mapeada). En otro caso, el estado de la celda se consideraba no mapeada y parte de la anomalía. Como se puede observar, el método consistía en dos fases: codificación, donde se ejecutaba la codificación fractal y umbralización, la cual permitía la detección de la masa en la mamografía, conformada por las celdas rangos no mapeadas.

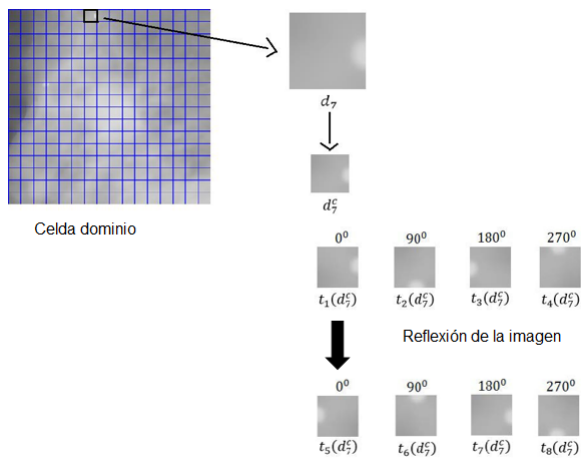


Figura 2. Transformaciones afines en el algoritmo convencional de codificación fractal

A pesar de los buenos resultados alcanzados en las experi-

mentaciones realizadas sobre la base de datos MIAS [23] en el trabajo anterior, la principal desventaja del método consistía en su alto costo computacional. En el método de codificación fractal convencional, cada celda rango se compara con cada celda dominio transformada por 8 funciones de isometría, lo cual representa una búsqueda exhaustiva y, en consecuencia, un proceso que toma un largo tiempo.

1.1 Aceleración de la codificación fractal

Un enfoque para reducir el tiempo de ejecución de la codificación fractal es clasificar las celdas dominio en un número predefinido de clases antes de empezar el proceso de codificación [16]. Esta idea permite la reducción del número de comparaciones que se realizan durante la búsqueda de las celdas más similares, debido a que la celda rango solamente se compara con aquellas celdas dominios asociadas a una clase en específico. En este trabajo se propone clasificar las celdas dominios mediante el uso de vector de características.

Vector de características

La idea fundamental de vector de características es clasificar las celdas dominio de acuerdo a su estructura. Sea C una celda cuadrada y c_1, c_2, \dots, c_n sus valores de intensidad. Su valor medio en escala de grises se define por

$$\bar{C} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n c_i.$$

Si el valor medio en escala de grises de los cuatro cuadrantes no solapados de C se consideran (superior izquierdo, superior derecho, inferior izquierdo e inferior derecho), denotados por A_i , $i = 0, 1, 2, 3$, se puede definir un vector de característica $w = [w_0, w_1, w_2, w_3]$ como

$$w_i = \begin{cases} 1 & : A_i > \bar{C} \\ 0 & : A_i \leq \bar{C} \end{cases}.$$

Esta distribución permite generar 16 vectores que definen clases diferentes. Durante el proceso de codificación fractal, las celdas rangos solamente se comparan con aquellas celdas dominio que pertenezcan a su misma clase, en otras palabras, cuyos vectores de característica estén formados por las mismas componentes.

2. Base de datos utilizada

En este estudio se utilizó la base de datos InBreast [13]. InBreast contiene 410 mamografías de 115 pacientes, adquiridas del Centro Hospitalar de S. Joao, Oporto. Las imágenes disponibles fueron compiladas entre abril del 2008 y julio del 2010 con un detector amorfo de selenio de estado sólido, con tamaño de pixel de 70 mm (micrones) y resolución de contraste de 14 bits. Las imágenes son de tamaño 3328×4084 o 2560×3328 píxeles.

InBreast incluye ejemplo de imágenes de mamografías normales y otras que contienen masas, microcalcificaciones,

distorsiones de la arquitectura, asimetrías y múltiples hallazgos. La base de datos contiene también anotaciones de ground truth a nivel de píxeles e información histológica para cada mamografía.

3. Resultados y discusión

Se utilizaron 105 imágenes de la base de datos InBreast que contenían la anomalía masa. Se extrajeron regiones de interés de dimensión 512×512 píxeles, y se consideraron celdas rango y celdas dominio de dimensiones 8×8 y 16×16 píxeles respectivamente.

En el algoritmo de codificación fractal convencional se establecen 8 funciones afines (ver sección 1). En la práctica, estas transformaciones aumentan el tamaño del conjunto de las celdas domino D (de hecho, es 8 veces mayor). En [20], [17] y [12] los autores propusieron solamente el uso de las 4 primeras funciones. Las experimentaciones realizadas en los trabajos previos no mostraron cambios significativos en la calidad del proceso de codificación si se utilizaban solamente estas funciones. Basados en estos resultados, en el presente trabajo se propone también considerar solamente estas funciones afines.

Para estudiar el factor en el cual las modificaciones propuestas reducen el tiempo de codificación, comparamos el método desarrollado con las siguientes variantes de codificación fractal: codificación fractal con 8 transformaciones de isometría (de ahora en adelante se nombrará C8), codificación fractal con 4 transformaciones de isometría (C4) y codificación fractal con vector de características y 8 transformaciones (FV8). El algoritmo propuesto en el presente trabajo, codificación con vector de características y 4 transformaciones de isometría se denotará por FV4.

La figura 3 muestra el tiempo promedio en minuto de la ejecución de las variantes de codificación considerada, sobre las regiones de interés extraídas de InBreast. Como se puede observar, la variante C8 fue la que consumió más tiempo, y la variante FV4 redujo dicho tiempo en un 94.5 %, lo cual constituye una mejora significativa. También notamos que al utilizar la variante C8 se realizaron 4,194,304 comparaciones, mientras que con FV4 se realizaron solamente 1,788,394.

La segunda fase del algoritmo, la umbralización, permite detectar y segmentar la anomalía en la región de interés analizada. En este trabajo propusimos cuatro valores de umbral basados en los percentiles de los valores de similitud mínima de las celdas rango. En estadística, los percentiles se utilizan para entender e interpretar el conjunto de datos que se está analizando. El n -ésimo percentil (P_n) de un conjunto de datos es el valor por debajo del cual el n por ciento de las observaciones se encuentra. En este trabajo, el conjunto de datos está formado por los valores de similitud mínima de las celdas rango.

Contemplamos los siguientes valores de umbral:

1. $T_1 = P_{75} + 1,5 \times IQR$, where $IQR = P_{75} - P_{25}$.
2. $T_2 = P_{75}$.

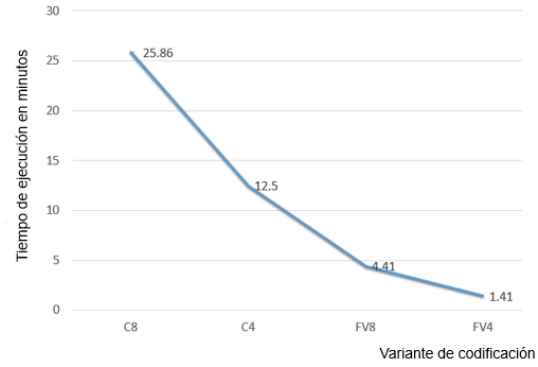


Figura 3. Tiempo promedio de ejecución en minutos de las variantes de codificación fractal

$$3. T_3 = P_{80}.$$

$$4. T_4 = P_{85}.$$

Consideramos las celdas rangos no mapeadas como datos anómalos en el conjunto de datos, porque se espera que la mayoría de las celdas rango pertenezca al tejido sano en la mamografía. En [24] se sugiere inspeccionar elementos por encima del P_{75} para encontrar los datos anómalos. En particular, T_1 está definido a partir de una regla comúnmente utilizada para la detección de los datos anómalos.

Para evaluar la calidad de la segmentación a partir de las diferentes variantes de codificación fractal y los valores de umbrales propuestos, consideramos los siguientes parámetros basados en la matriz de confusión (tabla 1): verdaderos positivos (VP), verdaderos negativos (VN), falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN). El parámetro VP (VN) representa el número de ejemplos positivos (negativos) que fueron correctamente clasificados. FP (FN) se refiere al número de ejemplos positivos (negativos) que el algoritmo clasificó incorrectamente. En este estudio un ejemplo positivo es una celda rango que es parte de una masa en la mamografía (en otras palabras, una celda rango no mapeada) y un ejemplo negativo es una celda rango que pertenece al tejido sano.

Cuadro 1. Matriz de confusión para un problema de clasificación binario

	Predicción positiva	Predicción negativa
Clase positiva	Verdadero positivo (VP)	Falso negativo (FN)
Clase negativa	Falso positivo (FP)	Verdadero negativo (TN)

Se escogieron las siguientes métricas con el objetivo de comparar los métodos anteriores:

1. Precisión, que representa la proporción de casos positivos y negativos correctamente identificados:

$$P = \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN}. \quad (1)$$

2. Recobrado, que representa la proporción de casos positivos correctamente identificados:

$$R = \frac{TP}{TP + FP}. \quad (2)$$

3. Medida F, que representa una relación armónica entre precisión y recobrado:

$$F = \frac{2(P \times R)}{P + R}. \quad (3)$$

La tabla 2 muestra los resultados en cuanto a precisión, recobrado y medida F obtenidos por las variantes de codificación fractal y umbrales propuestos. Se obtuvieron resultados similares para los umbrales T_1, T_3 y T_4 , y T_2 obtuvo los mejores resultados en general. También notamos que cuando se utilizó el umbral T_2 , todas las variantes de codificación fractal obtuvieron resultados similares. En particular VC4, a pesar de ser la variante más rápida, no comprometió la calidad de la segmentación final.

Cuadro 2. Quality measures according to selection of similarity threshold

Umbral	Variante	Precisión	Recobrado	Medida F
T_1	C8	0.747	0.445	0.423
	C4	0.747	0.445	0.426
	VC8	0.747	0.391	0.384
	VC4	0.747	0.392	0.384
T_2	C8	0.785	0.595	0.612
	C4	0.785	0.595	0.612
	VC8	0.789	0.604	0.620
	VC4	0.789	0.603	0.620
T_3	C8	0.747	0.445	0.426
	C4	0.747	0.445	0.426
	VC8	0.747	0.392	0.384
	VC4	0.747	0.392	0.384
T_4	C8	0.747	0.445	0.426
	C4	0.747	0.445	0.426
	VC8	0.747	0.392	0.384
	VC4	0.747	0.392	0.384

La base de datos InBreast también contiene información sobre la densidad del tejido para cada mamografía. Esta descripción se expresa a partir del campo ACR, cuyos valores se muestran en la tabla 3. En general, todas las variantes de codificación fractal consideradas obtuvieron los mejores resultados para mamografías con ACR 1 y ACR 2. Sin embargo, las segmentaciones de la anomalía masa obtenidas para mamografías con ACR 3 y 4 no fueron satisfactorias porque se generaron muchos falsos positivos.

Cuadro 3. Valores de ACR para la densidad de la mama

ACR	Patrón
1	Predominantemente graso
2	Densidad media
3	Heterogéneamente denso
4	Denso

Las figuras 4 y 5 muestran los resultados de la segmentación para dos regiones de interés utilizadas durante las experimentaciones. En estos ejemplos se seleccionó el umbral T_2 y

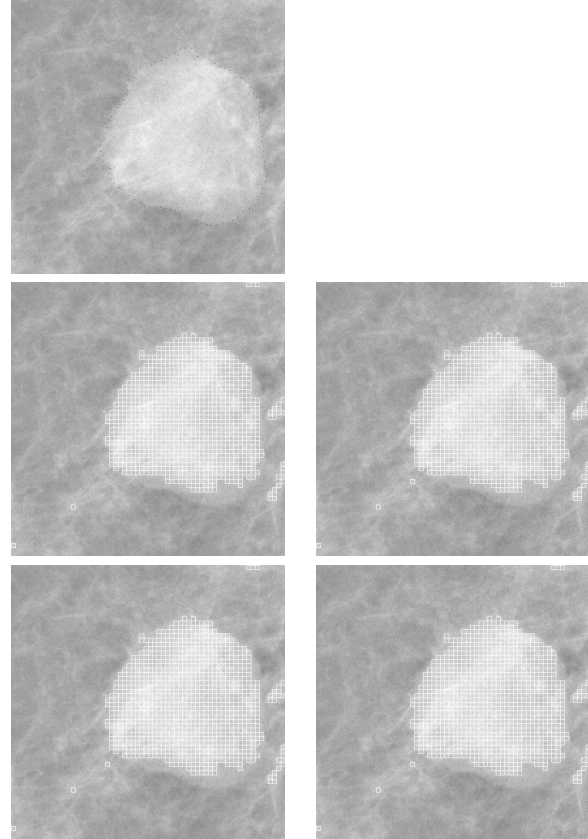


Figura 4. Resultados obtenidos para una región de interés de ACR 1

las celdas rangos no mapeadas se muestran como cuadrados de bordes blancos. A partir de estas figuras se puede observar que las variantes de codificación fractal contempladas alcanzaron resultados casi idénticos. Estos ejemplos también destacan que la reducción del tamaño de los conjuntos de las celdas dominios y las transformaciones afines no empeoraron la calidad de las segmentaciones obtenidas.

4. Conclusiones

En este trabajo se presentó un algoritmo basado en la codificación fractal para la segmentación de la anomalía masa en mamografías. La principal desventaja de la codificación fractal convencional es su gran complejidad temporal, debido a que cada celda rango se compara con todas las celdas dominio durante la búsqueda de las celdas más similares en la imagen. Propusimos un conjunto de modificaciones al algoritmo de codificación fractal convencional para disminuir su tiempo de ejecución y utilizarlo en la segmentación automática de la anomalía masa en mamografías. Se utilizó la técnica de vector de características para agrupar las celdas dominio en un número predefinido de clases antes de iniciar el proceso de codificación, y se propuso también la reducción del número de transformaciones afines consideradas.

Se utilizó la base de datos InBreast en las experimentaciones realizadas. Se comparó la calidad de la segmentación

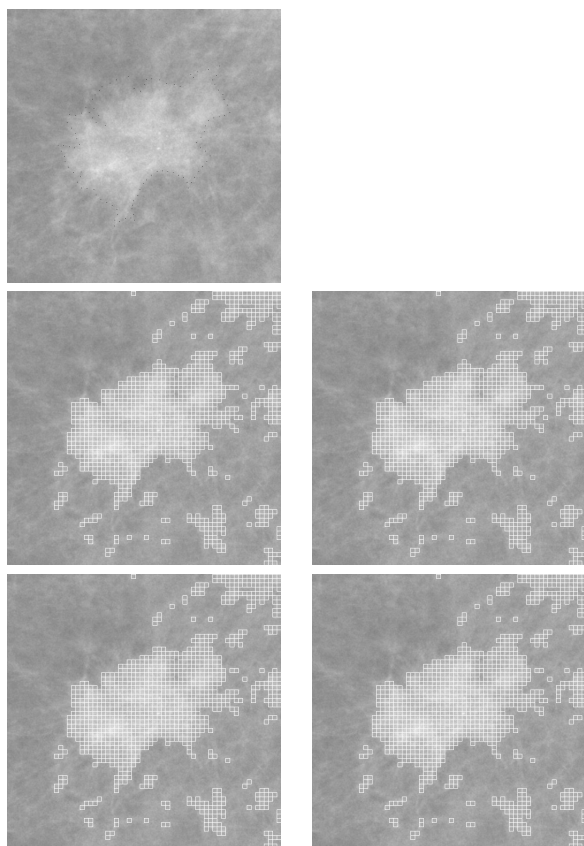


Figura 5. Resultados obtenidos para una región de interés de ACR 2

del algoritmo propuesto con diferentes variantes de codificación fractal, en términos de precisión, recobrado, medida F y tiempo de ejecución. Los resultados obtenidos demostraron que la variante de codificación fractal con vector de características y cuatro funciones afines redujeron el tiempo de ejecución de la codificación fractal convencional en un 94,5% aproximadamente, sin comprometer la calidad de la segmentación.

Agradecimientos

Los autores quieren agradecer al grupo de InBreast por proporcionar la base de datos de las imágenes de mamografías digitales utilizadas durante la experimentación.

Referencias

- [1] MZ Che Azemin, Dinesh Kant Kumar, Tien Yin Wong, Ryo Kawasaki, Paul Mitchell, and Jie Jin Wang. Robust methodology for fractal analysis of the retinal vasculature. *IEEE transactions on medical imaging*, 30(2):243–250, 2011.
- [2] M Barnsley. *Fractals everywhere* (new york: Academic). 1988.
- [3] Kendra A Batchelder, Aaron B Tanenbaum, Seth Albert, Lyne Guimond, Pierre Kestener, Alain Arneodo, and Andre Khalil. Wavelet-based 3d reconstruction of microcalcification clusters from two mammographic views: new evidence that fractal tumors are malignant and euclidean tumors are benign. *PloS one*, 9(9):e107580, 2014.
- [4] Freddie Bray, Jacques Ferlay, Isabelle Soerjomataram, Rebecca L Siegel, Lindsey A Torre, and Ahmedin Jemal. Global cancer statistics 2018: Globocan estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA: a cancer journal for clinicians*, 68(6):394–424, 2018.
- [5] Dar-Ren Chen, Ruey-Feng Chang, Chii-Jen Chen, Ming-Feng Ho, Shou-Jen Kuo, Shou-Tung Chen, Shin-Jer Hung, and Woo Kyung Moon. Classification of breast ultrasound images using fractal feature. *Clinical imaging*, 29(4):235–245, 2005.
- [6] J Dheeba and Tamil Selvi. Bio inspired swarm algorithm for tumor detection in digital mammogram. In *International Conference on Swarm, Evolutionary, and Memetic Computing*, pages 404–415. Springer, 2010.
- [7] Radu Dobrescu, Loretta Ichim, and Daniela Crisan. Diagnosis of breast cancer from mammograms by using fractal measures. *International journal of medical imaging*, 1(2):32–38, 2013.
- [8] Regina K Ferrell, Shaun S Gleason, and Kenneth W Tobin Jr. Application of fractal encoding techniques for image segmentation. In *Sixth International Conference on Quality Control by Artificial Vision*, volume 5132, pages 69–77. International Society for Optics and Photonics, 2003.
- [9] Qi Guo, Jiaqing Shao, and Virginie F Ruiz. Characterization and classification of tumor lesions using computerized fractal-based texture analysis and support vector machines in digital mammograms. *International journal of computer assisted radiology and surgery*, 4(1):11, 2009.
- [10] Khan M Iftekharuddin, Wei Jia, and Ronald Marsh. Fractal analysis of tumor in brain mr images. *Machine Vision and Applications*, 13(5-6):352–362, 2003.
- [11] Arnaud E Jacquin. Image coding based on a fractal theory of iterated contractive image transformations. *IEEE transactions on Image Processing*, 1(1):18–30, 1992.
- [12] N Lu. *Fractal imaging* academic press. San Diego, 1997.
- [13] Amaral I. Moreira, I. et al. Inbreast: toward a full-field digital mammographic database. *Academic radiology*, 19(2):236–248, 2012.

- [14] Rafayah Mousa, Qutaishat Munib, and Abdallah Moussa. Breast cancer diagnosis system based on wavelet analysis and fuzzy-neural. *Expert systems with Applications*, 28(4):713–723, 2005.
- [15] Arnau Oliver, Jordi Freixenet, Joan Marti, Elsa Perez, Josep Pont, Erika RE Denton, and Reyer Zwiggelaar. A review of automatic mass detection and segmentation in mammographic images. *Medical image analysis*, 14(2):87–110, 2010.
- [16] Juan Antonio Pérez Ortiz. *Codificación fractal de imágenes*. PhD thesis, Tesis de Master, Universidad de Alicante, 1998.
- [17] Juan Antonio Pérez Ortiz. Codificación fractal de imágenes. 1998.
- [18] Pepa Ramirez and Brani Vidakovic. Wavelet-based 2d multifractal spectrum with applications in analysis of digital mammography images. Technical report, Georgia Institute of Technology, 2007.
- [19] Mónica Rodríguez. Algoritmo de detección de anomalías en imágenes de mamografía basado en codificación fractal, 2015.
- [20] Deepa Sankar. Fractal based techniques for classification of mammograms and identification of microcalcifications. 2011.
- [21] Deepa Sankar and Tessamma Thomas. A new fast fractal modeling approach for the detection of microcalcifications in mammograms. *Journal of digital imaging*, 23(5):538–546, 2010.
- [22] Filipe Soares, Filipe Janela, Manuela Pereira, João Seabra, and Mário M Freire. Classification of breast masses on contrast-enhanced magnetic resonance images through log detrended fluctuation cumulant-based multifractal analysis. *IEEE Systems Journal*, 8(3):929–938, 2013.
- [23] J Suckling et al. The mammographic image analysis society digital mammogram database digital mammography ed ag gale, sm astley, dr dance and ay cairns, 1994.
- [24] Courtney Taylor. Understanding the interquartile range in statistics, 2019.