

Desarrollo de un modelo de deep learning para la detección de anomalías virales con base al procesamiento y clasificación de imágenes de rayos-X de tórax

Castro Rodríguez Jorge Octavio, Pérez Vázquez Ernesto

Universidad Panamericana, Facultad de Ingeniería,
Augusto Rodin 498, Ciudad de México, 03920, México
{0234588,0234686}@up.edu.mx

Resumen Debido a la enfermedad infecciosa causada por el coronavirus que se ha descubierto más recientemente **COVID-19** y el alto grado de contagio que muestra en las diversas regiones del planeta así como el peligro latente de causar graves afectaciones en los seres humanos aunado a la falta de medicamentos que prevengan y/o reaccionen efectivamente y con celeridad al virus, es necesario contar con herramientas que apoyen en la detección y diagnóstico oportuno. Con base a lo anterior este trabajo tiene como finalidad facilitar una alternativa que apoye a los laboratorios que actualmente presentan gran demanda de estudios de rayos-X de tórax, debido a que el virus presenta características similares en las estructuras de los pulmones de los pacientes a los cuales se ha confirmado el diagnóstico positivo para COVID-19.

Keywords: COVID-19 · deep learning · virus · enfermedad · rayos x

1. Introducción

El mundo científico hoy día se encuentra trabajando para encontrar una cura para el virus COVID-19 el cual se disemina con una alta efectividad de contagio debido a su simpleza de transmisión interacción social"lo cual a llevado a diversas complicaciones como lo son los colapsos en los sistemas de salud tanto publica como privada, dicho lo anterior, y debido a que aun se trabaja en la elaboración de vacunas y/o tratamientos efectivos que derroten la enfermedad, es sumamente importante contar herramientas que apoyen a ser mas asertivos en el priorización de los pacientes a los cuales se debe atender y diagnosticar en especial a la población de bajos recursos.

Si bien el diagnóstico se realiza mediante una prueba de PCR positiva, que es altamente específica, pero tiene una sensibilidad menor del 65-95, lo que significa que la prueba puede ser negativa incluso cuando el paciente está infectado, si a esto se le suma que los resultados pueden llevar mas de 24 horas para ser entregados y que los costos de dicho examen aun son altos generan cifras pobres respecto a el diagnóstico y prevención efectiva.

Si bien una un examen de rayos-X de tórax no es efectivo en los primeros días de adquisición del virus, este estudio es una buena herramienta para aquellos pacientes que ya presentan síntomas comunes de la enfermedad y por lo tanto es indispensable diagnosticar a dichos pacientes lo mas pronto posible, una prueba PCR puede tardar mas de 24 horas en dar resultados mientras una prueba de rayos x puede estar lista con mayor prontitud, incluso en horas.

Actualmente los laboratorios clínicos presentan una demanda adicional respecto a los exámenes de rayos x de tórax que deben realizar a la población demandante ya que el virus ha mostrado un comportamiento similar respecto a las afectaciones que tiene en los lóbulos pulmonares, aunado a todo lo anterior es importante considerar una característica mas en el manejo de entrega de resultados: Los laboratorios trabajan con base a un modelo primera entrada - primera salida lo que conlleva que no priorizan la oportuna entrega de los estudios, justamente este trabajo tiene como objeto auxiliar en el proceso de priorización del diagnostico y entrega de resultados basado en el contraste de las imágenes del estudio (rayos-X de tórax), dicho contraste tiene como objeto encontrar la similitud de características entre las imágenes del paciente examinado y las imágenes de personas a las cuales se les ha confirmado positivamente la portación del virus.

2. Limitaciones

La principal limitación se presento en las leyes de protección de datos personales, debido al esfuerzo necesario para contar con imágenes que nos apoyaran a conformar el set de datos de entrenamiento y evaluación. Como segunda limitante se menciona que para afinar los resultados y conclusiones no se conto con la aportación de especialistas en radiología y diagnósticos lo que impacta directamente en la precisión de los resultados.

3. Trabajos relacionados

Como parte del tabajo de documentaión de este proyecto se consultaron los trabajos mostrados en la figura 1

Investigador y/o año	Industria	Método
Dave Steiner, MD, Research Scientist and Shravya Shetty, Technical Lead, Google Health (2019)	IT/Salud	Deep Learning and Visual Image Review
Daniel S. Kermany, Michael Goldbaum, Wenjia Cai, ..., M. Anthony Lewis, Huimin Xia, Kang Zhang	Salud	ConvolutionalNeu- ral Network

Figura 1. Trabajos relacionados.

4. Materiales y método

El estudio se llevó a cabo conforme al esquema denominado CRISPDM, (en la figura 2 podemos observar el flujo general utilizado):

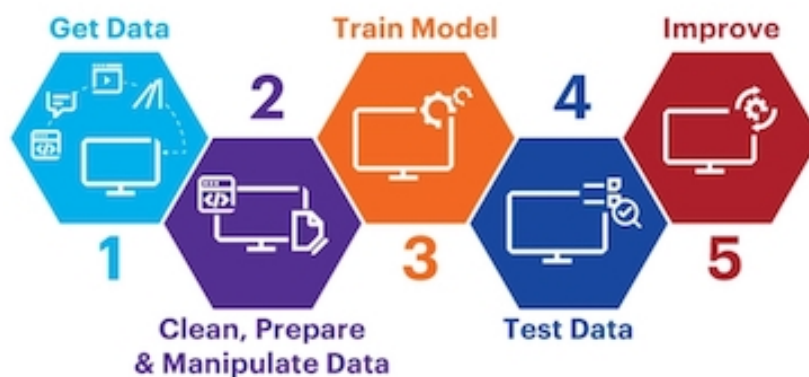


Figura 2. Flujo de trabajo.

4.1. Descripción General

Para cumplir el objetivo de este trabajo se hará uso de un modelo de redes neuronales convolutivas que nos permita proporcionar una herramienta de soporte adicional a las instituciones medicas por medio del contraste y clasificación de imágenes y de esta manera alentar a reformular el actual modelo primera entrada - primera salida con base a la clasificación generada por el modelo implementado en este trabajo.

4.2. Materiales

Para llevar a cabo el caso de estudio utilizamos las siguientes herramientas; Python v3 (tensorflow framework), Google Colaboratory, Anaconda.

El set de datos utilizado se obtuvo del sitio web kaggle[3], en la figura 3 se muestra la distribución del set de datos:

Set de entrenamiento		Set de evaluación	
Tipo de imagen	Numero de registros	Tipo de imagen	Numero de registros
Normal	1266	Normal	317
Bacteria	2230	Bacteria	558
Virus	1203	Virus	300

Figura 3. Distribución del set de datos utilizado.

4.3. Método de aprendizaje

Redes neuronales convolucionales Las redes neuronales convolucionales son básicamente redes neuronales ordinarias (figura 4); se componen de unidades o neuronas que tienen pesos y sesgos que tienen como objetivo aprender. Cada unidad recibe entradas, realiza un producto escalar y luego aplica una función de activación. Al igual que en el perceptron multicapa también se cuenta con una función de costo sobre la última capa. La principal diferencia de la red neuronal convolucional con el perceptron multicapa esta basado en que cada unidad no se une con todas y cada una de las capas siguientes, sino que solo con un subgrupo de ellas. Las rede neuronales convolucionales suponen explícitamente que las entradas son imágenes.

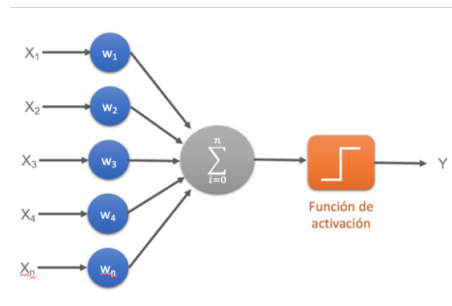


Figura 4. Mapa conceptual de una red neuronal[1].

En la figura 5 se observa el mapa conceotual de una red convolutiva.

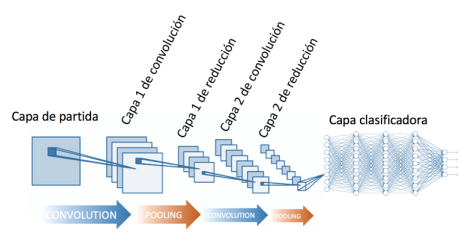


Figura 5. Mapa conceptual de una red neuronal convolutiva[1].

5. Experimentación

El modelo se probó con distintas arquitecturas (LeNte-5, VGG-16, AlexNet) y combinaciones respecto a las capas de convolución y reducción. Tras la evaluación de más de 40 modelos se seleccionó la que nos ofreció el mayor grado de accuracy en el set de prueba: 82 por ciento.

En la figura 6 se muestra la tabla resumen de los parámetros ejecutados en el modelo seleccionado

```
Model: "sequential_11"
```

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d_19 (Conv2D)	(None, 254, 254, 16)	160
max_pooling2d_17 (MaxPooling)	(None, 127, 127, 16)	0
conv2d_20 (Conv2D)	(None, 125, 125, 32)	4640
max_pooling2d_18 (MaxPooling)	(None, 62, 62, 32)	0
conv2d_21 (Conv2D)	(None, 60, 60, 64)	18496
max_pooling2d_19 (MaxPooling)	(None, 30, 30, 64)	0
conv2d_22 (Conv2D)	(None, 28, 28, 128)	73856
max_pooling2d_20 (MaxPooling)	(None, 14, 14, 128)	0
conv2d_23 (Conv2D)	(None, 12, 12, 256)	295168
max_pooling2d_21 (MaxPooling)	(None, 6, 6, 256)	0
dropout_1 (Dropout)	(None, 6, 6, 256)	0
flatten_5 (Flatten)	(None, 9216)	0
dense_14 (Dense)	(None, 128)	1179776
dense_15 (Dense)	(None, 64)	8256
dense_16 (Dense)	(None, 32)	2080
dense_17 (Dense)	(None, 16)	528
dropout_2 (Dropout)	(None, 16)	0
dense_18 (Dense)	(None, 3)	51

Total params: 1,583,011
Trainable params: 1,583,011
Non-trainable params: 0

Figura 6. Parámetros modelo seleccionado.

El notebook relacionado al trabajo se encuentra almacenado y accesible en [gitHub\[2\]](#)

6. Resultados y discusión

Con base a las limitaciones ya discutidas en este documento como los objetivos planteados al inicio de este trabajo es necesario discutir y plasmar los siguientes puntos:

- Indudablemente el uso de Deep learning es un gran apoyo en la especialidad medica, sin embargo, aun no es altamente utilizado en los laboratorios de México para apoyar a la optimización de procesos
- La placa torácica es insensible al comienzo de la enfermedad, por lo que al utilizar este método aun haría falta la indudable intervención humana para apoyar el diagnostico y clasificación
- El uso de recursos tecnológicos es intensivo para el procesamiento de imágenes, para este caso de estudio seria mucho mas efectivo el uso de imágenes de tomografía computarizada sin embargo cuentan con una mayor resolución y por tanto mayor uso de recursos
- Para llevar a cabo la implementación de este tipo de proyectos es necesario trabajar de manera interdisciplinaria (especialidad medica – especialidad técnica) para definir correctamente los limites de sensibilidad vs limites de especificidad de los resultados.

Referencias

1. Calvo, D.: Clasificación de redes neuronales artificiales. <http://www.diegocalvo.es/clasificacion-de-redes-neuronales-artificiales/> (Jul 2017)
2. Castro, J., Pérez, E.: Notebook clasificador de imagenes). https://github.com/jorgeo80/UP_MCD/blob/master/Materias/MachineLearning_II/Proyecto/CNN_XRay_Analyzer_v1.ipynb (Jun 2020)
3. Mooney, P.: Chest x-ray images (pneumonia). <https://www.kaggle.com/paultimothymooney/chest-xray-pneumonia> (Mar 2018)