Análisis de imágenes de lesiones causadas por Cáncer de piel: Una aproximación al diagnóstico no supervisado de la gravedad de la enfermedad

Descripción de los datos

Los datos que se van a usar para el desarrollo de este proyecto es una recopilación parcial de todas las imágenes con las que cuenta ISIC, y está compuesta por un total de 2.357 imágenes clasificadas en los diferentes tipos de posibles cánceres de piel (9 clases), siguiendo la distribución que se muestra en la siguiente gráfica:

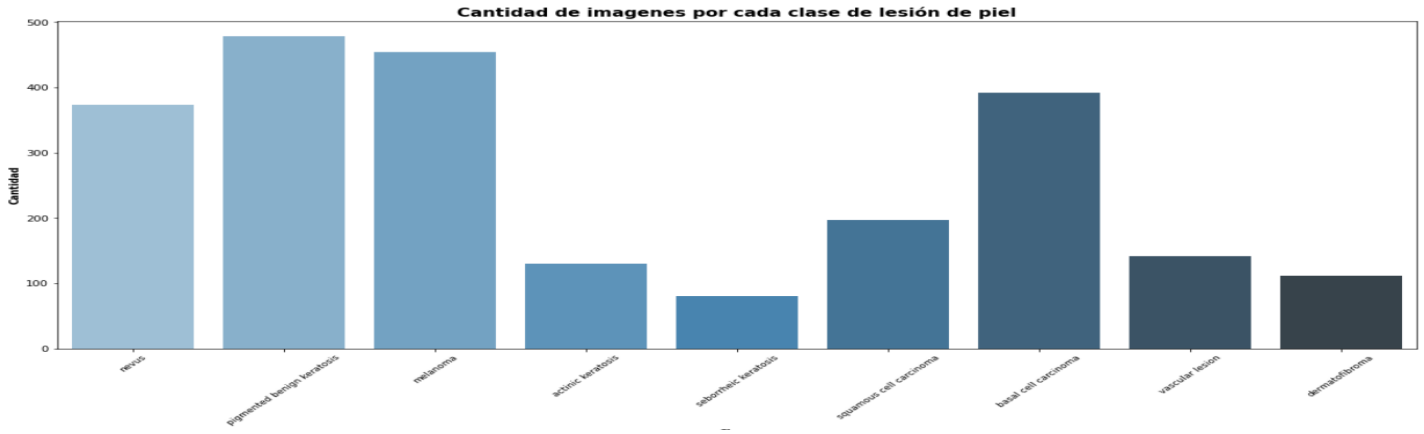


Ilustración 1- Cantidad de imágenes por cada clase de lesión de piel

```
Number of Train Images 2239
Number of Test Images 118
##################################################
Train Images Breakdown {'actinic keratosis': 114, 'basal cell carcinoma': 376, 'dermatofibroma': 95, 'melanoma': 438, 'nevus':
357, 'pigmented benign keratosis': 462, 'seborrheic keratosis': 77, 'squamous cell carcinoma': 181, 'vascular lesion': 139}
__________________________________________________
Test Images Breakdown {'actinic keratosis': 16, 'basal cell carcinoma': 16, 'dermatofibroma': 16, 'melanoma': 16, 'nevus': 16,
'pigmented benign keratosis': 16, 'seborrheic keratosis': 3, 'squamous cell carcinoma': 16, 'vascular lesion': 3}
##################################################
Classes ['actinic keratosis', 'seborrheic keratosis', 'basal cell carcinoma', 'pigmented benign keratosis', 'nevus', 'squamous
cell carcinoma', 'melanoma', 'vascular lesion', 'dermatofibroma']
```

Ilustración 2- Cantidad de imágenes por cada clase de lesión de piel y por subset (Train/Test)

Por tal motivo, no es necesario realizar limpieza de los datos. Los datos de entrada son imágenes que están compuestas cada una por 3 canales representados en RGB (valores numéricos), y cada una presenta dimensiones de 224*224, generando así un total de 150.528 pixeles de información para cada una. Es posible entonces afirmar que, el dataset resultante tiene un tamaño de (2.357, 150.528). No se cuenta con variables categóricas ni tampoco es necesario imputar datos faltantes.

Dada la dimensión de datos y para realizar la lectura de las fotos en Python se realizó un proceso inicial de reducción de la dimensión de estas, con el apoyo de la función de *image_dataset_from_directory* de la librería *TensorFlow*. Esta permite redimensionar el tamaño de cada imagen y agruparlos en un objeto batch. Con esto, se modifica el dataset de entrada y se decide reducir las dimensiones de las imágenes a un tamaño de 150*150, generando así un total de 67.500 pixeles de información para cada imagen. Es posible entonces afirmar que, el dataset resultante final tiene un tamaño de (2.357, 67.500).

Propuesta Metodológica

Tal y como se planteó en la motivación del proyecto, la solución a la problemática en la identificación temprana de melanoma en las personas podría tener una solución basada en metodologías de *Aprendizaje de Máquina No Supervisado*.

La primera motivación para hacer uso de estas metodologías o algoritmos es debido a las dimensiones que componen cada una de las imágenes, y al tamaño comprendido por todas las imágenes para realizar el entrenamiento de cualquier modelo. Se parte del concepto de que el tamaño que compone cada una de las imágenes es demasiado grande al estar compuestas por un formato RGB, y que, al tener un total de 2.357 imágenes en total, es imposible para un computador tradicional hacer el procesamiento completo del total de los datos. Es por esta razón, que la primera aplicación será la implementación de un algoritmo de ***PCA*** para buscar reducir el tamaño de los datos a entrenar, intentando penalizar por máximo el 5% total de la varianza de las fotos completas, y de esta forma poder correr de forma óptima los diferentes modelos de clustering.

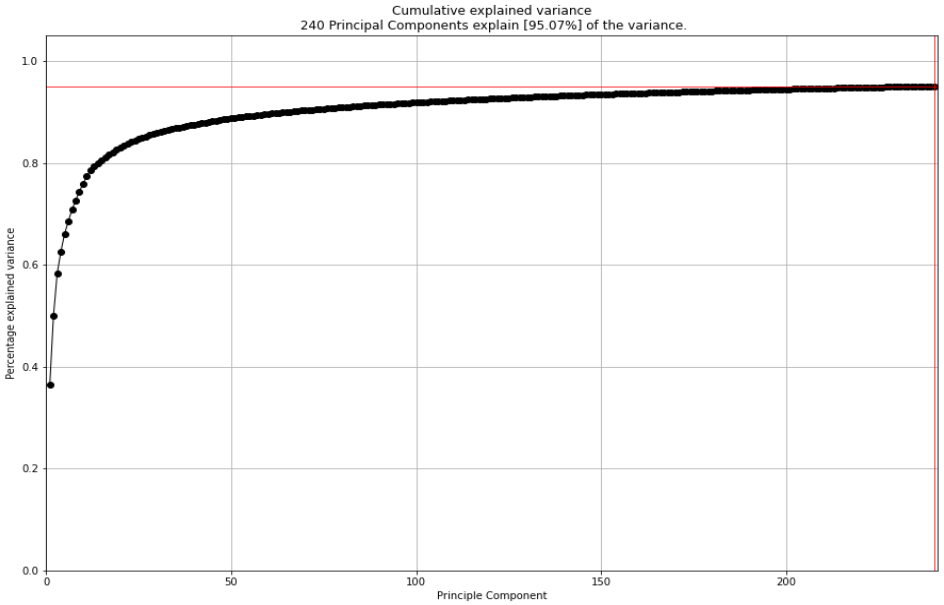
La segunda aplicación propuesta es la implementación de tres modelos diferentes de Clustering, entre los cuales tenemos uno de ***K-Medoides*** (para grupos convexos); otro de ***clustering jerarquico*** (para grupos no convexos); y uno final de ***DBSCAN*** (para obtener un resultado diferente con grupos no convexos). Dichos modelos se implementarán con la intención de lograr agrupar las imágenes de las lesiones de forma tal que los patrones similares entre estas nos permitan dar una alerta temprana de la presencia de un cáncer de piel maligno o benigno en una persona, o en caso similar, servir a un médico especialista para apoyarse en su toma de decisiones. Es de aclarar que se parte de la idea de que el etiquetado manual de estas imágenes requiere de la revisión de un especialista en el tema, y que al ser tantas imágenes requiere de un costo en tiempo significativamente alto, por lo cual se intenta no acudir a algoritmos de aprendizaje de maquina supervisados, sin embargo, aprovechando que la base que vamos a utilizar para este ejercicio se encuentra etiquetada, estas etiquetas van a ser usadas como métrica para ver qué tan bien se agrupan las imágenes con los diferentes modelos propuestos.

Al final, lo que se espera o se desea con la implementación de los modelos propuestos anteriormente, es obtener un algoritmo de clasificación que nos permita agrupar las imágenes en cánceres de piel de tipo maligno, diferentes a las agrupadas con tipos de cáncer benigno. En otros resultados, en caso de no lograr que se distribuyan acordemente separando los grupos, esperamos que los clusters resultantes nos permitan clasificar una determinada foto con un nivel de riesgo de que sea un cáncer maligno, en otras palabras, si el cluster agrupa un 80% de fotos malignas pero lo mezcla con un 20% de fotos benignas, buscaremos darle una alerta de riesgo “alto” al usuario debido a su alta probabilidad de que sea maligno, caso opuesto en que el cluster agrupe un 50%-50%, con lo cuál generaríamos una alerta de riesgo “medio”. Dicho lo anterior, otro de los retos en este caso será la correcta definición de qué será un riesgo ato medio o bajo, y entender si esta es la mejor forma para dar resultados.

Resultados Parciales

Reducción con PCA, buscando explicar al menos el 95% de la varianza de los datos originales:

Ilustración 3 – Resultado Parcial de PCA



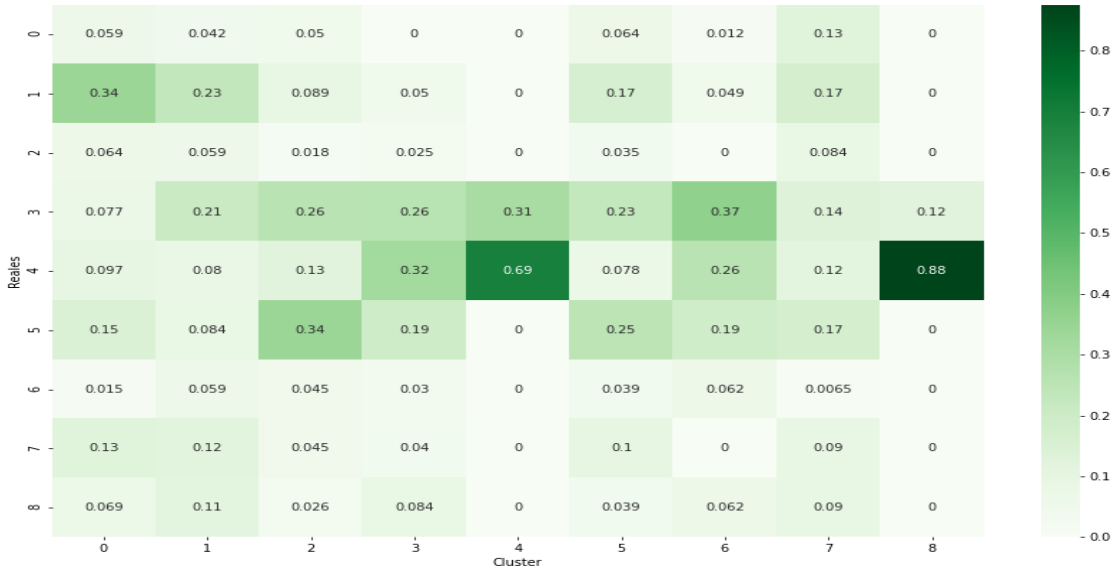
Con lo anterior, se confirma que, utilizando 240 componentes principales y siguiendo el criterio de la varianza explicada, es posible explicar el 95% de la varianza del conjunto total de imágenes de entrenamiento, que como se ha dicho anteriormente, tienen tamaño 150*150.

Luego, utilizando las imágenes reducidas utilizando solo 240 componentes principales, es posible realizar un primer análisis preliminar de clustering utilizando la librería AgglomerativeClustering. Seleccionamos 9 clusters porque son 9 clases las que componen el dataset de entrada. En futuras entregas, validaremos el resultado obtenido con diferentes valores de affinity y linkage.

```
from sklearn.cluster import AgglomerativeClustering
from sklearn.decomposition import PCA

cluster_sk = AgglomerativeClustering(n_clusters=9, affinity='euclidean', linkage='ward')
cluster_sk =cluster_sk.fit_predict(PCA(n_components = 240).fit_transform(X_Train_df))
```

Posteriormente podemos validar por medio de una matriz de confusión que tan bien o mal han quedado distribuidas las imágenes en los clusters (recordando que tenemos marcadas todas las imágenes):

```
from sklearn.metrics import confusion_matrix

cf_matrix = confusion_matrix(y_Train_df, cluster_sk)

fig = plt.figure(figsize = (15, 10), dpi = 70)
s = sb.heatmap(cf_matrix/np.sum(cf_matrix, axis = 0), annot=True, vmin=0, cmap="Greens")
s.set(xlabel='Cluster', ylabel='Reales')
```



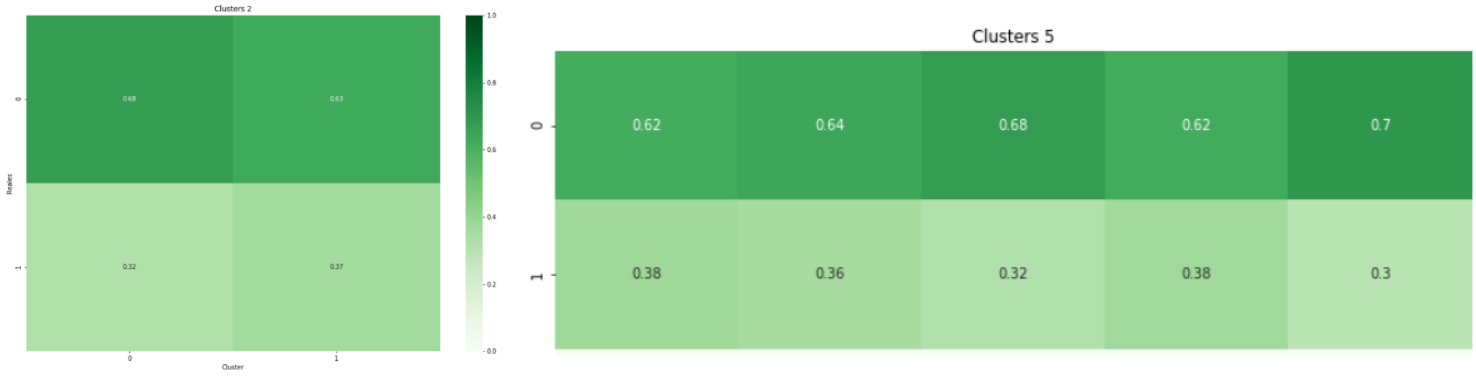
Los resultados parciales obtenidos muestran que, por ejemplo, la clase 4 está siendo incluida principalmente en el cluster 4. Las demás clases son agrupadas en clusters diferentes a las que le corresponden. De momento, el resultado parcial obtenido es bastante pobre. Como trabajo futuro, se van a intentar agrupar en menos cantidad de clusters para evaluar los resultados obtenidos de esa forma.

Refinamiento de los resultados

Tal y como se había comentado anteriormente, la reducción de dimensionalidad nos dice que debemos hacer uso de un total de 240 componentes principales, lo cual nos permite cumplir con el objetivo de penalizar únicamente el 5% de la varianza total de las imágenes.

De esta forma se da inicio al modelamiento de los dos primeros algoritmos propuestos; ***K-Medoides*** y ***Cluster Jerárquico,*** buscando dar una primera aproximación a clústeres con formas convexas y con formas no convexas. Es importante decir que se dio la idea de empezar desde un objetivo macro y a medida de ir encontrando resultados, ir haciendo más específicos los objetivos; es decir, que la primera parte para este proyecto se basó en separar las imágenes de los tipos de cáncer de piel únicamente en 2 tipos diferentes que fueron *Malignos o Beningos,* y a medida de encontrar una agrupación que separe de forma adecuada estos dos tipos, ver cómo clasificar cada uno de los tipos de forma intra-clúster.

Para los ***K-Medoides*** se realizó un barrido de los diferentes parámetros, entre los cuales se varió con estandarizar los PCAs resultantes y entrenar el modelo con y sin dicha estandarización, cambiar la métrica de distancia (la que mejor se ajusta, sin tener una fuerte dominancia sobre las demás, es la distancia euclidiana, por tal motivo es la que se utilizó en este caso), variar el método que usa (finalmente dejamos el método *pam),* y finalmente variar entre el número de clústeres generado, empezando en 2 y llegando hasta 8. Lo anterior nos deja resultados como los siguientes;



En las dos matrices de confusión el eje y representa la categoría real, es decir, 0 si una imagen es benigna, y 1 si la imagen es maligna. Por otro lado, el eje x hace referencia a los clústeres generados por el algoritmo, de tal forma que la primera imagen sería la matriz de confusión para un k de 2, mientras que el de la imagen de la derecha sería el resultante para un k de 5.

Lo anterior nos permite concluir que cuando sacamos 2 clústeres, la agrupación resultante no nos deja acercarnos a nuestro objetivo, ya que las imágenes quedan distribuidas equitativamente entre malignos y benignos para los dos grupos, y esto no nos permite definir un nivel de riesgo para ninguno de los dos casos. Tal vez como parte de lo que esperábamos en este punto, una agrupación aún haciendo uso de un k igual a 5 tampoco nos permite acercarnos al objetivo definido, y esto se debe a que la intuición nos dice que un agrupamiento en formas convexas no es la mejor solución para este tipo de imágenes, sin embargo, aquí podríamos empezar a acercarnos un poco más a lo deseado que es encontrar una diferenciación entre los clústeres y poder definir un nivel de riesgo de acuerdo a esto, por ejemplo, decir que el clúster 5 es de un riesgo menor a los restantes dada la probabilidad de que la foto que caiga en este clúster sea benigno y no maligno.

Por otro lado, se realizó la implementación del ***clúster jerárquico,*** para el cuál de entrada esperamos una segmentación mejor a la encontrada anteriormente debido a la capacidad de este método para encontrar formas no convexas en los datos. En este caso también se hizo una variación entre los diferentes parámetros como; La afinidad, la cuál dejamos establecida como euclidiana debido a su comportamiento final frente al resto, y el tipo de enlace a usar, el cuál se definió como *completo.* Nuevamente se realizó la aplicación de un barrido sobre 2 a 8 clústeres, buscando identificar el que mejor se adapte a nuestro objetivo, y los resultados se pueden ver en la siguiente matriz de confusión;

Encontramos que esta clasificación nos permite sacar mejores conclusiones de acuerdo con lo que buscamos, aunque claramente quisiéramos obtener resultados mucho más eficientes. De esta matriz podemos concluir entonces cosas como que el clúster 3 sería para nosotros un riesgo alto, ya que todo lo que caiga en este clúster probablemente va a ser maligno, mientras que el clúster 1 y 2 podría clasificarse como un riesgo medio, ya que la probabilidad de que sea maligno se ve considerablemente reducida, y finalmente decir que el clúster 4 haría parte de un riesgo bajo, ya que es la que menor probabilidad presenta de ser un cáncer de tipo maligno.

Trabajo posterior a este punto es intentar optimizar un poco más los datos para lograr una mejor eficiencia en el método de agrupación jerárquico, y con esto sería interesante poder probar si al aumentar la cantidad de PCAs que estamos usando, se logra obtener un beneficio atractivo al objetivo del proyecto sin castigar tanto en el tiempo computacional adicional requerido para entrenar los modelos. Además de esto, también queda la tarea de realizar la implementación de un método de ***DBSCAN***, el cuál suena tentador con los resultados, ya que es otro de los métodos que permite realizar una segmentación con formas no convexas.