



CARRERA: ESPECIALIZACIÓN EN CIENCIA DE DATOS

TALLER: TRABAJO FINAL INTEGRADOR

Detección de COVID-19 en radiografías de tórax

Nombre y Apellido del Alumno: Sebastián Iglesias

Profesores: Dra. Alicia Mon

Lugar y Fecha: Buenos Aires, 6 de Septiembre de 2020
Segunda entrega

ÍNDICE

1. Estado de la cuestión.....	3
2. Definición del problema.....	3
3. Justificación del estudio.....	3
4. Alcances del trabajo y limitaciones	4
5. Hipótesis	4
6. Objetivos	4
7. Metodología a utilizar	5
8. Resultados.....	12
9. Discusión	14
10. Conclusión	15
11. Referencias-Bibliográficas.....	16

1. ESTADO DE LA CUESTIÓN

El COVID-19 es una enfermedad infecciosa reconocida como pandemia por la Organización Mundial de la salud [1]. Una de las técnicas definidas por este ente para controlar la propagación del virus, es el seguimiento de contactos (“Contact Tracing”). Por lo tanto, un paso crítico para llevar a cabo esa medida es la detección efectiva y acertada de pacientes que contraigan la enfermedad. Tanto para recibir el tratamiento adecuado de manera pronta, como también isolarlos del público en general, para prevenir futuros contagios.

Una de las técnicas más popularizadas para la detección del COVID-19 es rRT-PCR, reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa, que analiza la producción de anticuerpos en respuesta a la infección ocasionada por dicho virus [2-3]. Este tipo de técnicas, propios de la serología tiene limitaciones, como por ejemplo la disponibilidad de equipos de testeo que provee dificultades a la hora de detectar el virus en un alto número de la población. Más allá de esto, el tiempo en que una de estas pruebas puede dar un resultado es entre algunas horas a hasta dos días. Inclusive, el resultado de estas pruebas, en la situación de emergencia mundial, es propensa a errores.

De esta manera, a partir de la necesidad de pruebas más veloces y con una menor propensión a errores, nacen estudios que involucran el análisis de imágenes de rayos x y tomografías utilizando visión artificial, específicamente en la región del pecho [4]. La mayoría de los pacientes con COVID-19 destacan opacidades recíprocas, multi-focales, similares a vidrio esmerilado, con una diseminación marginal en la etapa temprana y tardía de la infección [5]. En particular, el estilo de técnicas de visión artificial predilecto para estos casos, son las redes de aprendizaje profundo que pueden indicar características difíciles de singularizarse de la imagen original. El modelo predilecto para estos casos son las redes convolucionales [6].

Para estos casos [9], el formato estándar en que se encuentran las radiografías “crudas” para realizar el análisis es en formato DICOM. Por cuestiones de almacenamiento, los datasets de este estilo de imágenes pueden también encontrarse como JPEG, JPG o PNG. A estas imágenes se les realiza un preprocesamiento, que suele incluir una primera etapa de remover partes innecesarias de la imagen (bordes y espacios oscuros al costado de los cuerpos), una segunda donde se le aplican técnicas de reducción de ruido y una tercera etapa donde se modifica el tamaño de estas, respetando el ratio de la imagen.

2. DEFINICIÓN DEL PROBLEMA

Este tipo de estudios utilizan normalmente redes neuronales convolucionales para la detección de COVID-19 [7-11]. Pero es poco el uso de otras herramientas de tratamiento de imágenes y detección de patrones en el nicho de radiografías de tórax en la detección de COVID-19.

3. JUSTIFICACIÓN DEL ESTUDIO

Este estudio tiene la intención de comparar dos clasificadores (Random Forest y SVM) que reciban como entrada el resultado de la técnica de Histograma de Gradientes Orientados para radiografías de tórax, de pacientes con neumonía, COVID-19 y pacientes sin ninguna de esas enfermedades. Sobre cada uno de los clasificadores entrenados que detecte si un individuo presenta o no la enfermedad, se calcula la “accuracy”, “precisión”, “recall”, ROC y AUC.

4. ALCANCES DEL TRABAJO Y LIMITACIONES

El conjunto de datos a utilizar en la investigación es provisto por “COVID-X”, una iniciativa argentina que utiliza modelos predictivos basados en imágenes radiográficas de tórax para la detección de COVID-19. El proyecto “COVID-X” provee a este trabajo de investigación con las imágenes anonimizadas.

Esta investigación no tiene la intención de realizar una aplicación ni pagina web que visualice el modelo, ni permita a un usuario ingresar imágenes para su posible detección. El resultado de este trabajo es una comparación en términos la precisión en la detección de la enfermedad, partiendo de un mismo conjunto de datos basado en la técnica de Histogramas de Gradientes Orientados.

5. HIPÓTESIS

Los modelos presentan el mismo rendimiento en términos de “accuracy”, “precision” y “recall” del modelo predictivo para la detección de COVID-19.

Esas tres variables son métricas utilizadas para evaluar modelos de clasificación. “Accuracy” representa la cantidad de predicciones correctas del conjunto total de predicciones.

“Precision” permite indicar que proporción de los resultados que fueron identificados como correctos son verdaderamente correctos. Y “recall” indica la proporción de los casos verdaderamente positivos fueron identificados como tales.

6. OBJETIVOS

Objetivos Generales:

- Obtener la efectividad del modelo predictivo asociado medido en términos de “accuracy”, “precision” y “recall”

Objetivos específicos:

- Realizar un pre-procesamiento de las radiografías de tórax
- Aplicar la técnica de Histogramas de Gradientes orientados
- Entrenar y obtener métricas comparables para un modelo de Random Forest utilizando como entrada el resultado de la técnica de histogramas
- Entrenar y obtener métricas comparables para un modelo de SVM utilizando como entrada el resultado de la técnica de histogramas

7. METODOLOGÍA A UTILIZAR

A. PREPROCESAMIENTO DE IMÁGENES

Las imágenes obtenidas de radiografías de tórax provienen de diversos hospitales, realizadas con máquinas diferentes en pacientes en múltiples posiciones, deben ser normalizadas para su análisis. La normalización comienza por realizar un recorte manual de las imágenes, con un profesional en el área presente, para que las imágenes contengan, en lo posible únicamente el área de la imagen ocupada por los pulmones.

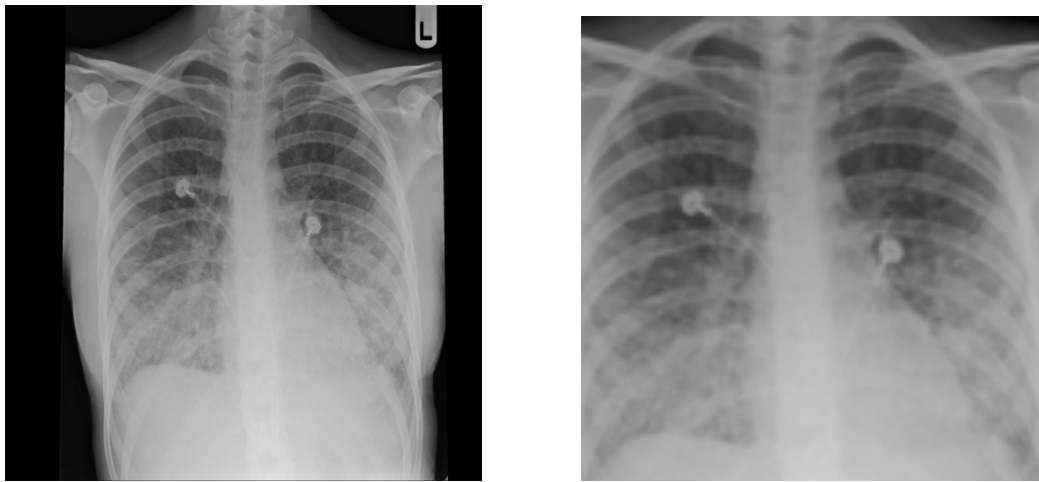


Fig 1. Imagen de la izquierda (a) muestra una radiografía frontal del torax que muestra bordes negros. Imagen de la derecha (b) muestra la misma imagen recortada dejando de lado áreas que no involucren a los pulmones

El eliminarle los bordes oscuros o las secciones de la imagen que no aportan información pertinente para este estudio se eliminan, y dan lugar a poder trabajar mejor sobre el contraste de las imágenes al convertirlas en una escala de gris. Para mejorar el contraste y poder percibir con mayor facilidad las opacidades producidas por la enfermedad de COVID-19 se debe aplicar la técnica de filtro bilateral. Se hará uso de la implementación de OpenCV `bilateralFiltering`.

Esta técnica permite “suavizar” las imágenes preservando bordes a través de una combinación no lineal de valores en un área de la imagen. Combina los valores de color basados en la cercanía geométrica y la similitud fotométrica, priorizando valores cercanos antes que lejanos teniendo en cuenta su rango y dominio.

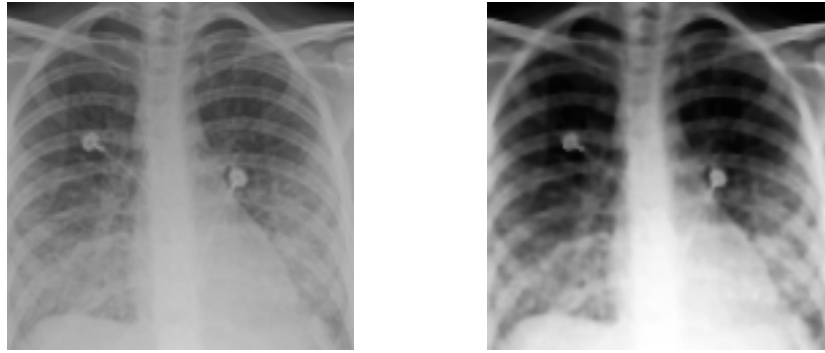


Fig 2. Imagen de la izquierda muestra una radiografía de torax sin aplicar ningún filtro. Imagen de la derecha muestra una radiografía habiendo aplicado el filtro.

Esta técnica de filtrado es similar al concepto de filtro Gaussiano. Este filtro es un promedio ponderado de la intensidad de posiciones adyacentes con un “peso” descendiente según la distancia del punto con respecto a la posición centro.

$$GB[I]_{\mathbf{p}} = \sum_{\mathbf{q} \in \mathcal{S}} G_{\sigma}(\|\mathbf{p} - \mathbf{q}\|) I_{\mathbf{q}},$$

La fórmula indica a \mathbf{p} y \mathbf{q} como posiciones de los píxeles, \mathbf{I} siendo la imagen y por último $G_{\sigma}(\mathbf{x})$ es una función gaussiana de dos dimensiones.

$$G_{\sigma}(x) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right).$$

La función G_{σ} decrementa la influencia de los píxeles más lejanos, definidos por una distancia $G_{\sigma}(\|\mathbf{p} - \mathbf{q}\|)$, y σ funciona como un parámetro para definir el tamaño del espacio de coordenadas.

Por lo tanto, con un filtro gaussiano, solamente se consideran píxeles “cercaños” al filtrar, sin incluir la intensidad de los mismos o si forman parte de un borde. Esto suele afectar negativamente al análisis de imágenes, porque al difuminar los bordes se pierde el sentido de la imagen, en este caso particular, no quedaría claro donde comienza un pulmón en la radiografía. Entonces, este tipo de filtro deja de lado elementos cruciales para el análisis.

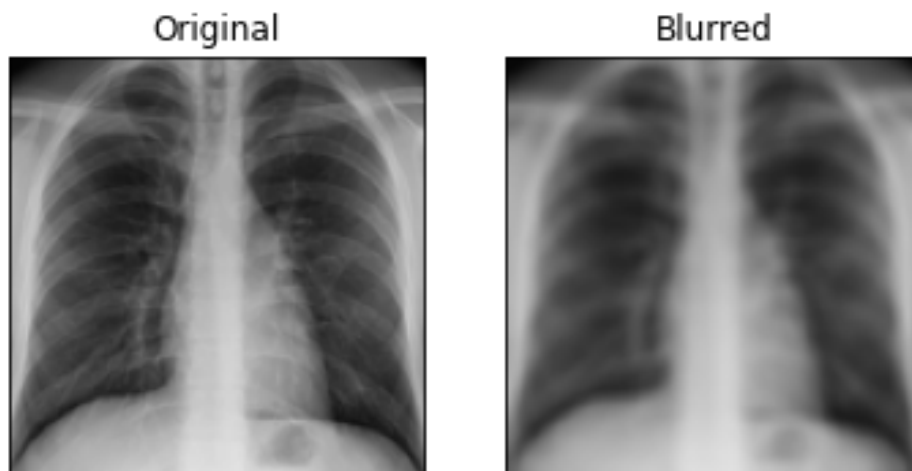


Fig 3. Imagen de la izquierda muestra una radiografía de torax sin procesar e imagen de la derecha muestra la misma imagen habiendo aplicado el efecto de 'blur'

El filtro bilateral, considera un filtro gaussiano extra que introduce el concepto de diferencia entre píxeles. Este filtro tiene una función gaussiana relativa al espacio donde solamente los píxeles cercanos se difuminan, y una segunda función gaussiana que se concentra en difuminar únicamente píxeles de intensidades similares al píxel ubicado en el centro. Esto permite preservar los bordes, ya que los píxeles que formen parte de un borde van a presentar una gran variación de intensidad.

$$BF[I]_p = \frac{1}{W_p} \sum_{q \in S} G_{\sigma_s}(\|p - q\|) G_{\sigma_r}(I_p - I_q) I_q$$

BF es la función de filtro bilateral con **W_p** siendo un factor de normalización:

$$W_p = \sum_{q \in S} G_{\sigma_s}(\|p - q\|) G_{\sigma_r}(I_p - I_q)$$

A comparación del filtro gaussiano, se agregan dos términos:

$$G_{\sigma_r}(I_p - I_q) I_q$$

$$\frac{1}{W_p}$$

G_s continúa representando lo mismo que en la función de filtro gaussiano, es una función gaussiana espacial que disminuye la influencia de los píxeles más distantes. **G_r** es el término agregado que disminuye la influencia de píxeles **I_q** que tengan un rango fotométrico diferente de **I_p**.

Los parámetros del filtro bilateral son **os** y **or**, siendo el parámetro de espacio y de rango respectivamente. A su vez, los parámetros que posee la implementación de OpenCV son:

- **SigmaColor**: una variable de tipo entero que representa el filtro sigma en el espacio de color. Un valor alto implica que una mayor cantidad de “colores” en el vecindario de píxeles va a ser “mezclado” al difuminar la imagen, dando por resultado áreas de la imagen con color similar.
- **SigmaSpace**: una variable de tipo entero representando el filtro sigma en el espacio de coordenadas. Un valor alto implica que píxeles más distantes tienen posibilidad de influir en el resultado siempre y cuando presenten una diferencia chica de color e intensidad.

El algoritmo subyacente de esta implementación consta de los siguientes pasos:

- a. Para cada píxel de la imagen, se calcula el promedio ponderado de sus “vecinos”
- b. Cada “vecino” se lo pondera por el componente espacial que va penalizando píxeles más distantes y también por el componente de rango que penaliza píxeles con diferente nivel de intensidad. Esta combinación permite asegurar que solo píxeles cercanos similares contribuyan al resultado final.

Esto permite que bordes muy oscuros o claros, como son comúnmente vistos en radiografías de tórax alteren de manera negativa el contraste resultante.



Fig 4. Una misma radiografía de torax aplicando filtro bilateral con diferentes valores de sigmas. De izquierda a derecha:

Por último se debe modificar el tamaño de la imagen a una resolución estándar respetando el ratio de la misma. Se deben convertir las imágenes a una resolución de 128x128 para ser usadas como entrada en la técnica de histogramas de gradientes orientados.

B. HISTOGRAMA DE GRADIENTES ORIENTADOS

El histograma de gradientes orientados o HOG es un descriptor de características. Un descriptor de características es una representación de una imagen o una parte de esta, que la simplifica al extraer de la imagen información que considera relevante, dejando de lado información que no considera importante.

HOG utiliza la distribución o histograma de las direcciones de gradientes (o también llamados gradientes orientados) como características, de ahí su nombre. Los gradientes se conforman por las derivadas de los ejes x e y, estos suelen ser útiles principalmente para la identificación de bordes o regiones con cambios abruptos de intensidades de colores.

La manera de identificar la presencia de la enfermedad COVID-19 en radiografías frontales de toráx es a partir de regiones opacas similares a vidrio esmerilado que resaltan como cambios abruptos del típico color oscuro que presentan los pulmones.

Para calcular la magnitud y dirección de los gradientes horizontales y verticales, se utilizan las siguientes formulas:

$$\nabla f(x,y)=[g_x g_y]=\left[\frac{\partial f}{\partial x} \frac{\partial f}{\partial y}\right]=\lim_{d \rightarrow 0} \frac{f(x+d)-f(x-d)}{2d}$$

$$g = \sqrt{g_x^2 + g_y^2}$$

$$\theta = \arctan \frac{g_y}{g_x}$$

EJEMPLO DE RADIOGRAFIA SOLO CON GRADIENTES VERTICALES

EJEMPLO DE RADIOGRAFIA SOLO CON GRADIENTES HORIZONTALES

C. CLASIFICADORES

I. *RANDOM FOREST*

El clasificador de Random Forest consiste de un gran numero de arboles de decisión individuales que operan como un “ensemble” o conjunto. Cada árbol individual, devuelve un resultado para una clasificación en particular, y la clase obtenida en la mayoría de los arboles es la predicción final del clasificador.

El concepto fundamental detrás del funcionamiento de este clasificador, es la “sabiduría de las masas”. Es un termino utilizado en las ciencias de datos que representa a un gran numero de modelos relativamente no correlacionados, en este caso particular arboles de decisión, operando como un comité, superara a cualquiera de los modelos individuales. Siendo un factor de suma importancia la no correlacion entre modelos.

Existe un concepto similar en el área de finanzas e inversiones, donde un individuo o compañía buscan generar portfolios compuestos por elementos y herramientas financieras con baja correlacion entre si. La baja de alguna de estas herramientas es compensada por otras que estén en alza.

El mismo concepto se aplica con el error de un único árbol de decisión. Siempre y cuando los arboles sean lo suficientemente no correlacionados y no todos tengan un error en la misma dirección, el error de ciertos modelos se compensara con el de muchos otros. El clasificador

Random Forest utiliza dos técnicas para evitar arboles de decisión correlacionados entre si, Bagging y Aleatoriedad de características.

En el primer lugar, la técnica de Bagging se basa en que los arboles de decisión, son propensos a ser altamente sensitivos a los datos con los que se entrenan. Pequeños cambios en el conjunto de entrenamiento de un árbol resultan en estructuras significativamente diferentes.

La técnica de Bagging consiste en tomar ventaja de esto, y permitirle a cada árbol individual del conjunto tomar una muestra aleatoria del conjunto de datos de entrenamiento, resultando en arboles diferentes. La toma de la muestra, es con reemplazo, implica que no se separan sub-conjuntos específicos para cada árbol. Sea una muestra de tamaño N , cada árbol recibiría de igual forma un conjunto de entrenamiento de tamaño N pero con diferentes valores.

En segundo lugar, la aleatoriedad de características, es una técnica que modifica la lógica utilizada al momento de realizar un Split en un nodo del árbol. Normalmente, un nodo del árbol considera todas las posibles características de un conjunto de datos, y realiza el Split teniendo en cuenta la característica que genera una mayor separación entre los nuevos nodos, comúnmente calculado con el índice gini o de entropía.

Esta técnica limita la cantidad de características que cada árbol puede utilizar para realizar la separación del nodo. El conjunto de características del que pueden seleccionar es también azaroso y esto fuerza una mayor variación entre los arboles del conjunto de modelos, diversificando los resultados y resultando en una menor correlación.

La librería de sklearn de RandomForestClassifier ofrece un conjunto de parámetros para modificar el clasificador:

- **N_estimators:** Este es el número de estimadores (árboles de decisión) que pertenecerán al conjunto de Random Forest. Con un alto número de estimadores, se incrementa el nivel de “generalización” del clasificador.
- **Criterion:** Al momento de separar un nodo en 2 o más nodos, se debe utilizar una característica que genere la mayor separación entre los conjuntos de los futuros nodos. El criterio bajo el cual se realiza esa separación puede ser usando el indicador de impureza de gini o la entropía.
- **Max_depth:** Es el nivel máximo de profundidad que puede tener un árbol de decisión. Normalmente, cuantos más niveles de profundidad tenga un árbol, overfitting es más propenso a ocurrir con el conjunto de entrenamiento. Al ser un clasificador ensemble, el error traído por una gran profundidad es compensado por otros árboles.
- **Max_features:** El número de características a considerar cuando se busca el mejor criterio de Split de un nodo. Esto permite la aleatoriedad de características en diferentes árboles y disminuye la correlación entre los mismos.

- **Min_samples_leaf:** Es el numero minimo de muestras requeridas en un nodo para considerarse un nodo hoja. Permite evitar overfitting, cuando un Split de un nodo no se realiza por no cumplir la condición de tener la minima cantidad de muestras, se dice que realiza un “alisado”. Queda como resultado el “promedio” de los posibles nodos hijos que no se crearon.
- **Min_samples_split:** El numero minimo de muestras requeridas para realizar un Split de un nodo.
- **Bootstrap:** parámetro booleano para realizar o no el Bagging. De ser falso, se utiliza todo el conjunto de datos de entrenamiento para cada árbol, de ser verdadero se realiza el Bagging

Para determinar que valores de parámetros son convenientes, o con cuales se obtiene el mejor modelo, se hace uso de la técnica de grid search. Consiste en realizar una combinatoria de múltiples valores de parámetros, entrenar un modelo por cada combinación de parámetros y a partir de los resultados de cada modelo contra un conjunto de prueba, se selecciona al “mejor modelo” con sus parámetros.

Para realizar el grid search se hace uso de la librería de sklearn GridSearchCV.

II. SVM

Support vector machine o SVM, es un modelo lineal para resolver problemas de clasificación y/o regresión. La base del algoritmo es crear una línea o en su defecto un hiperplano que separe los datos presentados en un plano n-dimensional, en diferentes clases.

Los hiperplanos se consideran también como límites de decisión, que clasifican puntos que representan datos en una determinada clase en un espacio multidimensional. Puntos que queden de un cierto lado del hiperplano se atribuyen a diferentes clases. En dos dimensiones, un hiperplano sería una línea, en tres un plano y en más dimensiones un hiperplano.

c. RESULTADOS

RANDOM forest	Normal	Neumonia	COVID-19
Accuracy	0.74	0.58	0.50
Recall	0.85	0.55	0.45
F-Score	0.79	0.56	0.47

Fig 5. Tabla que muestra los mejores resultados obtenidos en términos de Accuracy, Recall y F-score para el modelo de Random Forest al momento de clasificar las radiografías en las clases Normal (paciente que no presenta ni neumonía ni COVID-19), Neumonia y COVID-19

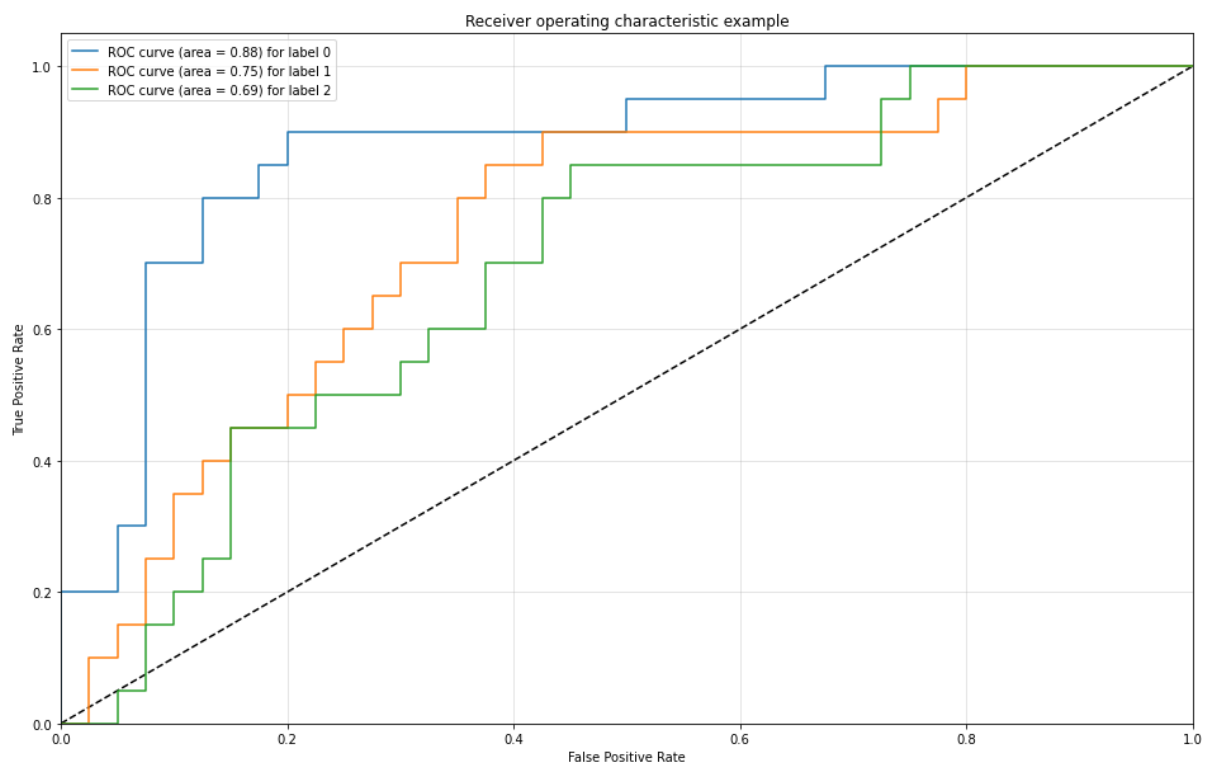


Fig 6. Curva de ROC del mejor clasificador obtenido luego del proceso de GridSearch para el clasificador RandomForest

		Clase obtenida como resultado del modelo		
		Normal	Neumonia	COVID-19
Clase Verdadera	Normal	15	2	3
	Neumonia	3	11	6
	COVID-19	3	11	6

Fig 7. Matriz de confusión para el mejor modelo obtenido con el clasificador de random forest.

SVM	Normal	Neumonia	COVID-19
Accuracy	0.72	0.60	0.69
Recall	0.80	0.75	0.45
F-Score	0.76	0.67	0.55

Fig 8. Tabla que muestra los mejores resultados obtenidos en términos de Accuracy, Recall y F-score para el modelo de SVM al momento de clasificar las radiografías en las clases Normal (paciente que no presenta ni neumonía ni COVID-19), Neumonia y COVID-19

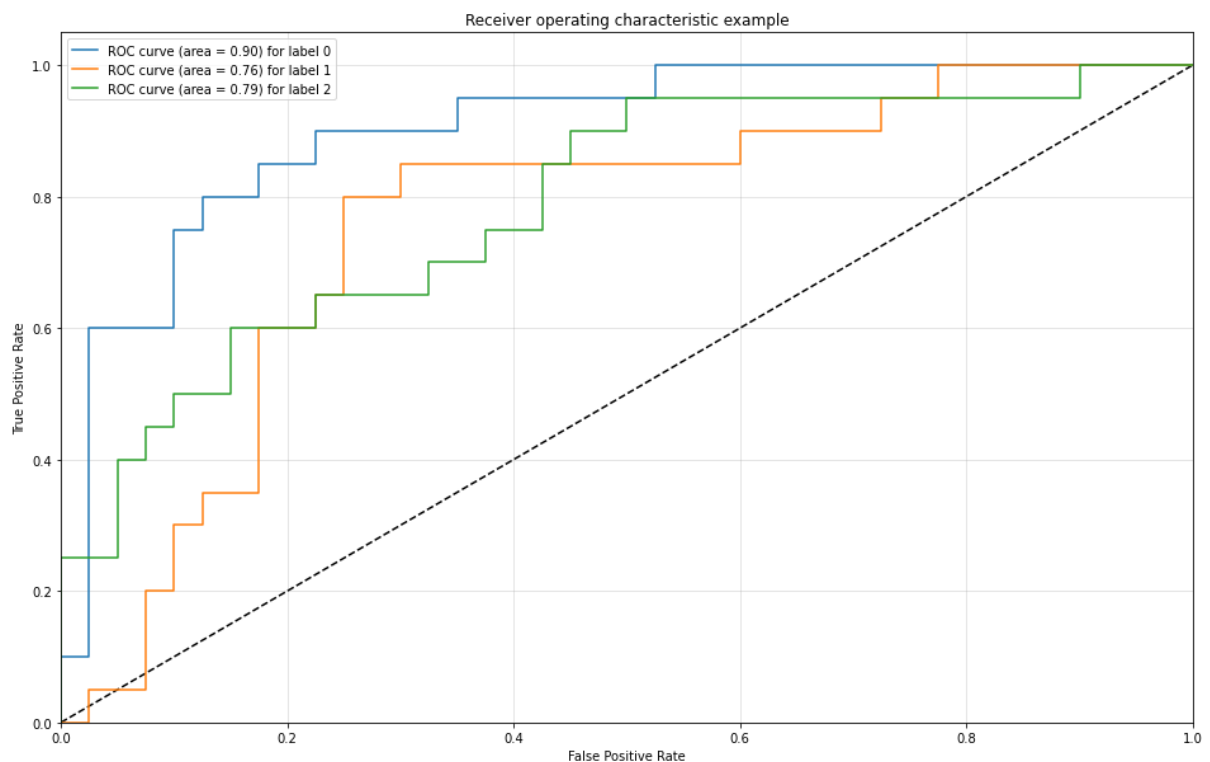


Fig 9. Curva de ROC del mejor clasificador obtenido luego del proceso de GridSearch para el clasificador SVM

		Clase obtenida como resultado del modelo		
		Normal	Neumonia	COVID-19
Clase verdadera	Normal	14	3	3
	Neumonia	3	8	9
	COVID-19	5	4	11

Fig 10. Matriz de confusión para el mejor modelo obtenido con el clasificador de SVM.

d. DISCUSIÓN

e. CONCLUSIÓN

f. REFERENCIAS-BIBLIOGRÁFICAS

- [1] WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020. (n.d.). Retrieved July 29, 2020, from <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
- [2] Wang, W., Xu, Y., Gao, R., Lu, R., Han, K., Wu, G., & Tan, W. (2020). Detection of SARS-CoV-2 in Different Types of Clinical Specimens. In *JAMA - Journal of the American Medical Association* (Vol. 323, Issue 18, pp. 1843–1844). American Medical Association. <https://doi.org/10.1001/jama.2020.3786>
- [3] Emery, S. L., Erdman, D. D., Bowen, M. D., Newton, B. R., Winchell, J. M., Meyer, R. F., Tong, S., Cook, B. T., Holloway, B. P., McCaustland, K. A., Rota, P. A., Bankamp, B., Lowe, L. E., Ksiazek, T. G., Bellini, W. J., & Anderson, L. J. (2004). Real-Time Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction Assay for SARS-associated Coronavirus. *Emerging Infectious Diseases*, 10(2), 311–316. <https://doi.org/10.3201/eid1002.030759>
- [4] Xu, X., Jiang, X., Ma, C., Du, P., Li, X., Lv, S., Yu, L., Chen, Y., Su, J., Lang, G., Li, Y., Zhao, H., Xu, K., Ruan, L., & Wu, W. (2020). Deep Learning System to Screen Coronavirus Disease 2019 Pneumonia. *Applied Intelligence*, 2019, 1–5. <http://arxiv.org/abs/2002.09334>
- [5] Huang, C., Wang, Y., Li, X., Ren, L., Zhao, J., Hu, Y., Zhang, L., Fan, G., Xu, J., Gu, X., Cheng, Z., Yu, T., Xia, J., Wei, Y., Wu, W., Xie, X., Yin, W., Li, H., Liu, M., ... Cao, B. (2020). Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 395(10223), 497–506. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
- [6] Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. E. (2012). *ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks*. <http://code.google.com/p/cuda-convnet/>
- [7] Wang, S., Kang, B., Ma, J., Zeng, X., Xiao, M., Guo, J., Cai, M., Yang, J., Li, Y., Meng, X., Xu, B., MedRxiv, M. C., 2020, U., Cai, M., Yang, J., Li, Y., Meng, X., & Xu, B. (2020). A deep learning algorithm using CT images to screen for corona virus disease (COVID-19). *MedRxiv*, 1–19. <https://doi.org/10.1101/2020.02.14.20023028>
- [8] Duchesne, S., Gourdeau, D., Archambault, P., Chartrand-Lefebvre, C., Dieumegarde, L., Forghani, R., Gagne, C., Hains, A., Hornstein, D., Le, H., Lemieux, S., Levesque, M.-H., Martin, D., Rosenbloom, L., Tang, A., Vecchio, F., & Duchesne, N. (2020). Tracking and Predicting Covid-19 Radiological Trajectory Using Deep Learning on Chest X-Rays: Initial Accuracy Testing. *MedRxiv*, 1(418), 2020.05.01.20086207. <https://doi.org/10.1101/2020.05.01.20086207>
- [9] Ramadhan, M. M., Faza, A., Lubis, L. E., Yunus, R. E., Salamah, T., Handayani, D., Lestariningsih, I., Resa, A., Alam, C. R., Prajitno, P., Pawiro, S. A., Sidipratomo, P., & Soejoko, D. S. (2020). *Fast and accurate detection of Covid-19-related pneumonia from chest X-ray images with novel deep learning model*. <http://arxiv.org/abs/2005.04562>
- [10] Abbas, A., Abdelsamea, M. M., & Gaber, M. M. (2020). *Classification of COVID-19 in chest X-ray images using DeTraC deep convolutional neural network*. <http://arxiv.org/abs/2003.13815>
- [11] Asif, S., Wenhui, Y., Jin, H., Tao, Y., & Jinhai, S. (2020). *Classification of COVID-19 from Chest X-ray images using Deep Convolutional Neural Networks*.

