

Selección de Características para la Clasificación y Descripción de Densidad Mamaria.

I. A. Valencia-Hernández & C.A. Reyes-García
 Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica (Puebla, México)



1.- Resumen

Uno de los factores que contribuye con el desarrollo de cáncer mamario son la densidad mamaria y sus cambios; Existen varias técnicas que se enfocan en clasificar la densidad mamaria de forma automática, sin embargo estas técnicas utilizan características que no se sabe si son las óptimas. Este trabajo se enfoca en seleccionar las características óptimas para la clasificación automática de densidad mamaria con base en BI-RADS, la selección de características se realizara con programación genética para atacar las limitantes de los trabajos del estado del arte.

1.- Introducción

El cáncer mamario es uno de los mas agresivos en mujeres, según la Agencia Internacional de la Salud ocupando uno de los primeros lugares de muertes con 685,000 defunciones en el 2020 [1].

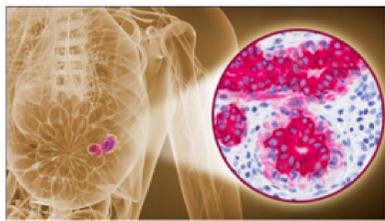


Figure 1: Representación de cáncer mamario.

Estudios indican que antes de que se desarrolle un nódulo cancerígeno ocurre un cambio en la densidad mamaria por lo que detectar los cambios de densidad podrían ayudar a impedir que el cáncer mamario se desarrolle de manera drástica [2, 3].

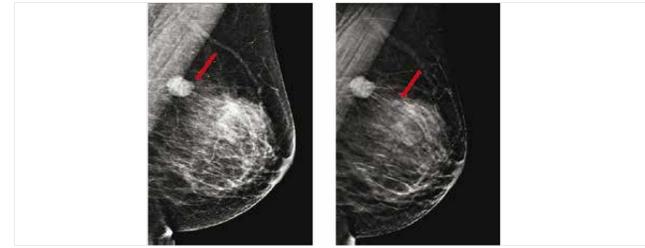


Figure 2: Mamografías de una mujer en donde se observa un cambio de densidad mamaria.

El estándar *Breast Imaging Reporting and Data System* (BI-RADS) es un sistema de clasificación mamaria desarrollada por médicos que estudia la relación de densidad mamaria con el desarrollo de cáncer [4] (Fig.3).

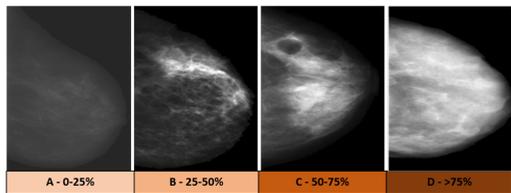


Figure 3: Clasificación de densidad mamaria según Breast Imaging Reporting and Data System (BI-RADS).

La programación genética es un método sistemático que consigue resolver problemas de clasificación y selección de parámetros mediante operaciones genéticas [5], por lo que es un buen enfoque para encontrar características óptimas para la clasificación de densidad mamaria. Hoy en día la programación genética es muy utilizada por distintas cualidades que son:

- Flexibilidad.
- Adaptabilidad a cada problema.
- Optimización.

La programación genética realiza una búsqueda de soluciones óptimas mediante programas completos que se combinan para obtener la mejor solución a un problema en específico [6].

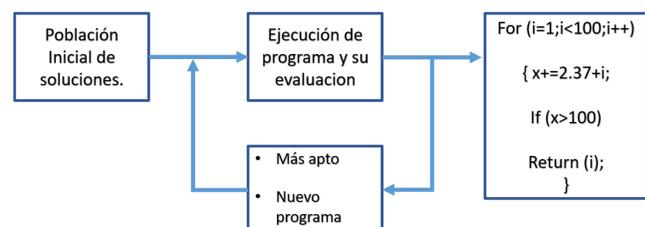


Figure 4: Bucle principal de programación genética.

3.- Metodología

1. Segmentar el área de interés, separar la mama del fondo para eliminar ruido.
2. Extracción de características basadas en los trabajos relacionados, serán la población inicial en la programación genética.
3. Selección de las mejores características y clasificación de densidad mamaria con base a BI-RADS.

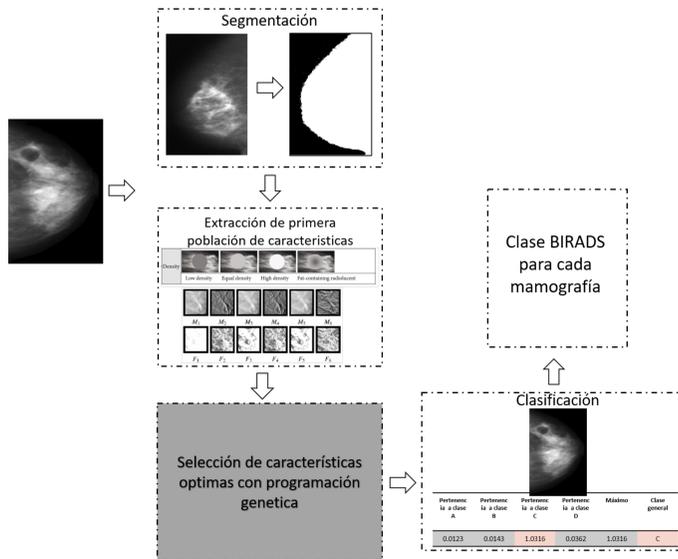


Figure 5: Metodología general de el trabajo propuesto.

El enfoque propuesto es utilizar la programación genética para la selección de las características que son óptimas para una mejor clasificación de densidad mamaria de forma automática.

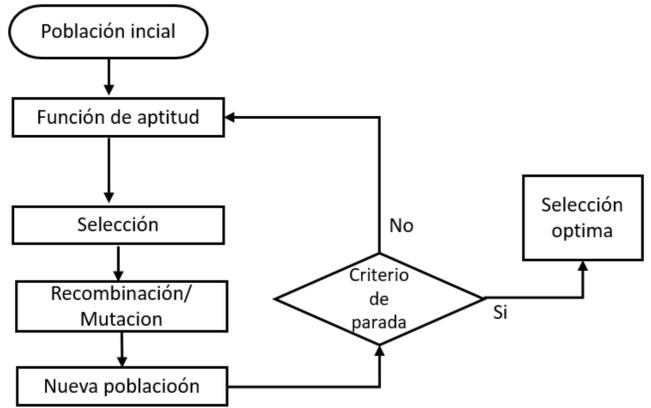


Figure 6: Metodología de programación genética.

4.- Experimentos

- Para la primeras dos etapas de la metodología se realizaron los siguientes pasos.

1. Para la segmentación del área de interés se selecciono un umbral para la separación del área pectoral, posteriormente se aplico un criterio de circularidad para obtener el seno.

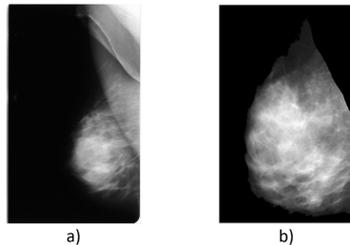


Figure 7: a) Mamografía original, b) mamografía segmentada.

2. Se utilizan las características del estado del arte.

Trabajo	Características	Tipo de Características	Precisión
Chen, 2011 [7]	LBP, LGA, Texton I y II y BIF	Textura	75%
Oliver, 2005 [8]	Matriz de Co-ocurrencia	Textura	65%
Liu, 2010 [9]	Morfología del tejido mamario	Morfología matemática	77.3%
Muhimmah, 2008 [10]	Histograma de resolución múltiple	Histogramas	77.57%
Wenda, 2011 [11]	Geometría del tejido mamario	Morfología matemática	71%

Table 1: Características tomadas de los trabajos relacionados.

4.- Experimentos

También se tomaran en cuenta los diferentes tipos de tejidos dentro del seno, como características para la primera población.

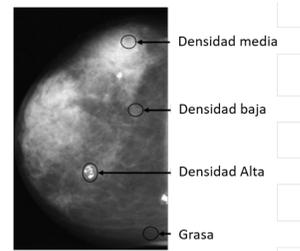


Figure 8: Diferentes densidades dentro del seno.

- Se experimento con la división de densidades dentro del seno con operaciones genéticas tratando de hacer la división de las 5 clases.
- Para la aplicación de la programación genética se tomaran los siguientes criterios.

1. Primera población sera obtenida de las características extraídas de la primera etapa.

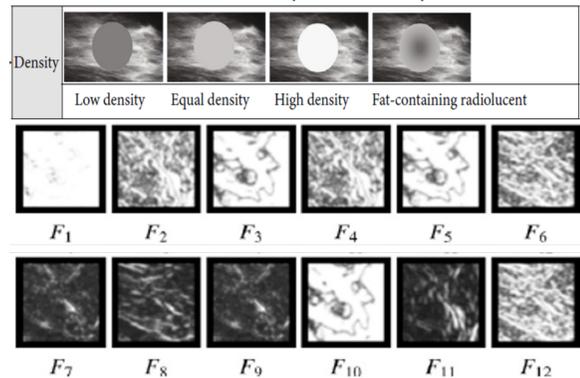


Figure 9: Características para la primera población [11].

2. Para la función de aptitud se planea tomar el criterio de evaluación de la precisión de que se va a obtener de la clasificación.
3. La clasificación utilizada sera un clasificador difuso tipo Takagi-Sugeno ya que los clasificadores difusos han dado mejores resultados que los convencionales.
4. El criterio de parada se dará al encontrar la mejor solución o un cierto numero de iteraciones.

5.- Conclusiones

- Obteniendo el área de interés el método utilizado se comprobó que era eficiente para la extracción del seno.
- Las divisiones de las diferencias de densidad dentro del seno con algoritmos genéticos no obtuvieron los resultados deseados pero se seguirá trabajando con los criterios para observar donde esta el error.
- El trabajo de selección de características con programación genética es un trabajo en desarrollo, pero se espera que de resultados mas altos que los que se tienen en el estado del arte.

References

1. <https://www.who.int/es>, "Organización Mundial de la Salud," 2021.

2. V. A. McCormack and I. dos Santos Silva, "Breast density and parenchymal patterns as markers of breast cancer risk: a meta-analysis," *Cancer Epidemiology and Prevention Biomarkers*, vol. 15, no. 6, pp. 1159–1169, 2006.

3. V. P. Neira, "Densidad mamaria y riesgo de cáncer mamario," *Revista Médica Clínica Las Condes*, vol. 24, no. 1, pp. 122–130, 2013.

4. O. M. Ruiz, C. R. Castellano, P. M. A. Angulo, V. S. Nieto, A. A. Gil, R. M. de la Presa, and J. M. P. Varela, "Valoración de las categorías bi-rads® de la densidad mamaria entre radiólogos y respecto a un método cuantitativo de medición," *Revista de Senología y Patología Mamaria*, vol. 27, no. 4, pp. 157–162, 2014.

5. A. E. Eiben and M. Schoenauer, "Evolutionary computing," *Information Processing Letters*, vol. 82, no. 1, pp. 1–6, 2002.

6. M. Lyman and G. Lewandowski, "Genetic programming for association rules on card sorting data," in *Proceedings of the 7th annual conference on Genetic and evolutionary computation*, pp. 1551–1552, 2005.

7. Z. Chen, E. Denton, and R. Zwigelaar, "Local feature based mammographic tissue pattern modelling and breast density classification," in *2011 4th International Conference on Biomedical Engineering and Informatics (BMEI)*, vol. 1, pp. 351–355, IEEE, 2011.

8. A. Oliver, J. Freixenet, A. Bosch, D. Raba, and R. Zwigelaar, "Automatic classification of breast tissue," in *Iberian Conference on Pattern Recognition and Image Analysis*, pp. 431–438, Springer, 2005.

9. L. Liu, J. Wang, and K. He, "Breast density classification using histogram moments of multiple resolution mammograms," in *2010 3rd International Conference on Biomedical Engineering and Informatics*, vol. 1, pp. 146–149, IEEE, 2010.

10. I. Muhimmah and R. Zwigelaar, "Mammographic density classification using multiresolution histogram information," in *Proceedings of the International Special Topic Conference on Information Technology in Biomedicine, ITAB*, pp. 26–28, Citeseer, 2006.

11. W. He, E. R. Denton, K. Stafford, and R. Zwigelaar, "Mammographic image segmentation and risk classification based on mammographic parenchymal patterns and geometric moments," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 6, no. 3, pp. 321–329, 2011.