

Aplicaciones de Inteligencia Artificial en el Área de la Salud

Juana Canul-Reich y Rosa María Valdovinos Rosas
Editoras



ACADEMIA MEXICANA DE COMPUTACIÓN, A, C.

Aplicaciones de Inteligencia Artificial en el Área de la Salud
Editoras: Juana Canul Reich y Rosa María Valdovinos Rosas

En colaboración con la Academia Mexicana de Computación:
Coordinadoras: Juana Canul-Reich y Rosa María Valdovinos Rosas.

Primera Edición 2024
Academia Mexicana de Computación, A.C.
Todos los derechos reservados conforme a la ley.
ISBN: 978-607-98941-9-1

Colaboradores capítulo 1: Rosa María Valdovinos Rosas, Juana Canul-Reich, Alejandra Guadalupe Silva Trujillo, Angélica Guzmán Ponce y Antonio de Jesús Menchaca Martínez

Colaboradores capítulo 2: María Auxilio Medina Nieto, Rebeca Rodríguez Huesca, Gudelia Pilar Pérez Conde y Jorge de la Calleja Mora

Colaboradores capítulo 3: Alejandra Guadalupe Silva Trujillo y Mauricio Jacobo González González

Colaboradores capítulo 4: Rosa María Valdovinos Rosas, Angélica Guzmán Ponce, J. Leonardo González Ruíz y Javier Salas García

Colaboradores capítulo 5: David Joaquín Delgado-Hernández, Miguel Ángel Mendoza-Lugo, Oswaldo Morales-Nápoles, Aarón Caro-Guzmán y David Ibarra-González

Colaboradores capítulo 6: Henry Hernández Gómez y Juana Canul-Reich

Colaboradores capítulo 7: Raúl Cruz Barbosa

Colaboradores capítulo 8: Sandra E. Nava-Muñoz, Francisco E. Martínez-Pérez, Alberto S. Nuñez-Varela, César A. Ramírez-Gamez, José I. Nuñez-Varela, Héctor G. Pérez-Gonzalez

Colaboradores capítulo 9: Angeles Belém Priego Sánchez, David Eduardo Pinto Avendaño y Jordy Lozada Carneiro

Este libro se realizó con el apoyo del CONACyT, Proyecto I1200/28/2019.

Queda prohibida la reproducción parcial o total, directa o indirecta, del contenido de esta obra, sin contar con autorización escrita de los autores, en términos de la Ley Federal del Derecho de Autor y, en su caso, de los tratados internacionales aplicables.

Impreso en México.

Aplicaciones de Inteligencia Artificial en el Área de la Salud

Autores:

Aarón Caro-Guzmán
Alberto S. Nuñez-Varela
Alejandra Guadalupe Silva Trujillo
Angeles Belém Priego Sánchez
Angélica Guzmán Ponce
Antonio de Jesús Menchaca Martínez
Cesar A. Ramirez-Gamez
David Eduardo Pinto Avendaño
David Ibarra-González
David Joaquín Delgado-Hernández
Francisco E. Martinez-Perez
Gudelia Pilar Pérez Conde
Hector G. Perez-Gonzalez
Henry J. Hernández-Gomez
J. Leonardo González Ruíz
Javier Salas García
Jordy Lozada Carneiro
Jorge de la Calleja Mora
José I. Nuñez-Varela
Juana Canul-Reich
María Auxilio Medina Nieto
Mauricio Jacobo González González
Miguel Ángel Mendoza-Lugo
Raúl Cruz Barbosa
Rebeca Rodríguez Huesca
Rosa María Valdovinos Rosas
Sandra E. Nava-Muñoz
Oswaldo Morales-Nápoles

Prólogo

La sinergia de la Inteligencia Artificial (IA) y el cuidado de la salud impacta en aspectos como diagnósticos más precisos y medicina personalizada. Este libro explora algunas soluciones en donde los algoritmos inteligentes y el bienestar convergen derivando beneficios en la salud del ser humano.

El libro aborda en el Capítulo 1, un panorama de aplicaciones y aportaciones de la IA en el área de la salud. Asimismo, se plantean algunas consideraciones éticas de la IA con oportunidades y retos presentes. En la parte final, se aborda el tema del futuro de la IA en medicina.

Los capítulos del 2 en adelante, están compuestos por una serie de trabajos con casos de estudio muy específicos en los que diversas estrategias de la IA son aplicadas a la solución de problemas de salud.

El Capítulo 2 aborda el tema de las ontologías, las cuales son representaciones formales de conceptos y relaciones que modelan un dominio. El capítulo presenta una sinopsis de los sitios web *Linked Open Vocabularies* y *BioPortal*, recursos que permiten acceder a cientos de vocabularios y ontologías validadas que pueden ser reutilizadas por estudiantes y profesionales del área de la salud para especificar tareas, fortalecer el aprendizaje, consultar términos clínicos o gestionar datos. Así mismo, se expone la estructura de la ontología para tecnologías digitales de salud (*Ontology of Digital Health Technologies*) y se ejemplifica su reutilización para dotar de contexto y significado a un conjunto de datos médicos.

Dados los servicios digitales tan popularizados hoy día y la alta conectividad disponible, la humanidad se encuentra inmersa en lo que

hoy se conoce como el Internet de las Cosas (IoT). En IoT los dispositivos almacenan información personal por lo que la seguridad es fundamental. Al respecto, los cibercriminales buscan explotar estas vulnerabilidades, por lo que proteger la privacidad de los usuarios es crucial. Teniendo esto en mente, el Capítulo 3 describe las estrategias existentes para proteger los dispositivos médicos IoT, proponiendo soluciones para enfrentar las amenazas, destacando el uso, cada vez más frecuente, de tecnologías portátiles para mejorar diagnósticos médicos.

A poco más de 3 años de la pandemia por COVID-19, una de las áreas que brindó alternativas de solución para el análisis, manejo y diagnóstico oportuno fue la IA. Al respecto, el capítulo 4 brinda un panorama general de cómo la IA ha sido pieza clave en la lucha contra esta enfermedad, permitiendo la detección temprana de casos, el monitoreo de la propagación del virus, el desarrollo de tratamientos y vacunas, así como la optimización de recursos y la toma de decisiones informadas. Un caso de estudio, en donde se propone un modelo matemático para el diagnóstico de casos positivos en pacientes mexicanos, así como determinación del pronóstico de supervivencia a la enfermedad se incluye en el capítulo 5.

En el capítulo 6 se aborda un panorama general de los métodos de *clustering* en la medicina. Su aplicación en el ámbito de las ciencias de la salud y la biomedicina adquiere una importancia crítica, puesto que proporciona un medio efectivo para agrupar a los pacientes en distintas categorías mediante la extracción del conocimiento de los conjuntos de datos, con ello mejorar la atención médica y apoyar el desarrollo de tratamientos personalizados, respondiendo así a los desafíos únicos de cada paciente.

El capítulo 7 presenta una introducción al análisis de imágenes médicas mediante una perspectiva de Ciencias de la Computación. Es decir, el análisis de imágenes médicas utilizando métodos de procesamiento digital de imágenes en conjunto con métodos de aprendizaje computacional tradicional y aprendizaje profundo. Además, se ilustran las metodologías utilizadas mediante aplicaciones clásicas y no convencionales.

El capítulo 8 introduce un modelo conceptual denominado PRE-VEMM el cual se aborda con un caso práctico para la identificación automática del cáncer de mama. El capítulo destaca la complejidad y multifactorialidad del análisis realizado por los radiólogos.

Por último, en el capítulo 9 se presenta el desarrollo de un sistema computacional que permite diagnosticar la presencia o ausencia de una fractura en seres humanos, en particular, en los huesos de radio y cúbito. Para el desarrollo del sistema, se realizó la recolección de radiografías las cuales fueron procesadas y utilizadas como datos de entrenamiento para el modelo basado en redes neuronales artificiales.

El contenido del libro, las referencias incluidas, así como la actualidad de los temas, pone de manifiesto su pertinencia para estudiantes de nivel licenciatura y posgrado, así como para investigadores de distintas disciplinas interesados en la aplicación de algoritmos de IA a la solución de problemas de ámbito médico.

Juana Canul-Reich y Rosa María Valdovinos Rosas

Abreviaturas

AE	Algoritmo Evolutivo
AG	Algoritmo Genético
AGc	Algoritmo Genético Celular
AGd	Algoritmo Genético Distribuido
AGP	Algoritmo Genético Paralelo
BCI	Ontología para Interfaz de Computación Cerebral
CCC	Coficiente de Correlación Cofenético
CIA	Confidencialidad, Integridad, Disponibilidad
CNN	Red Neuronal Convolutacional
COVID	Enfermedad de Coronavirus (Coronavirus Disease)
CSV	Valor Separado por Comas (Comma Sepatared Value)
DL	Aprendizaje Profundo (Deep Learning)
DSC	Coficiente de Similitud de Dice
ECG	Electrocardiograma
EE	Estrategia Evolutiva
EPOC	Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica

HIFM	Ontología HIFM (Contiene nombres y marcas de drogas)
IA	Inteligencia Artificial
IIoT	Internet Industrial de las Cosas (Internet Industrial of Things)
IoT	Internet de las Cosas (Internet of Things)
K-NN	K Vecinos más cercanos (K-Nearest Neighbor)
LOV	Catálogo de Vocabularios Abiertos Enlazados (Linked Open Vocabulary)
MRI	Imagen de Resonancia Magnética
ODHT	Ontología para Tecnologías Digitales de Salud (Ontology Digital Health Technology)
OMS	Organización Mundial de la Salud
PE	Programación Evolutiva
PET	Tomografía de emisión positiva
PG	Programación Genética
RB	Red Bayesiana
ReLU	Unidad Lineal Rectificada (Rectified Linear Unit)
RFID	Identificación por Radio Frecuencia
TI	Tecnología de Información
TIC	Tecnologías de la Información y Comunicación
U-Net	Red Neuronal Convolutiva para segmentación de imágenes
UAM-A	Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Azcapotzalco
URI	Identificador de Recursos Uniforme
VB	Vaginosis Bacteriana
W3C	World Wide Web Consortium (Consortio de la Web Mundial)

Contenido

Contenido	ix
1 Impacto de la Inteligencia Artificial en el Área de la Salud	1
1.1 Aplicaciones notables de IA en medicina	2
1.1.1 Diagnóstico y detección de enfermedades	2
1.1.2 Diseño de fármacos	3
1.1.3 Medicina personalizada	3
1.1.4 Imagenología	4
1.2 Consideraciones éticas de la aplicación de la IA en medicina	5
1.2.1 Privacidad y Seguridad de Datos	5
1.2.2 Transparencia, Validación Clínica y Responsabilidad	7
1.3 Oportunidades y retos	8
1.3.1 Consideraciones éticas y legales	9
1.3.2 Retos técnicos	9
1.3.3 Administración de cambios estratégicos	10
1.4 Futuro de la IA en medicina y comentarios finales	11
1.4.1 Medicina de Precisión: Personalizando la Atención Médica	11
1.4.2 Monitoreo Remoto y Dispositivos Portátiles: Empoderando a los Pacientes	12
1.4.3 Asistentes de Salud Virtuales: Acceso a la Atención Médica en Cualquier Momento y Lugar	12






1.4.4	Descubrimiento de Fármacos y Desarrollo de Tratamientos	13
1.4.5	Conclusiones y Perspectivas Futuras	14
2	Vocabularios y ontologías para estudiantes y profesionales del área de la salud	15
2.1	Introducción	15
2.2	LOV: catálogo de vocabularios abiertos enlazados	18
2.3	BioPortal: repositorio de ontologías biomédicas	21
2.3.1	Servicio que recomienda ontologías	25
2.4	Ontología ODHT	29
2.5	Conclusiones	33
3	Ciberseguridad en dispositivos IoT para el cuidado de la salud	35
3.1	Introducción	35
3.2	IoT para la salud: Seguridad y Privacidad	38
3.3	Arquitectura de Seguridad para Dispositivos de Atención Médica de IoT	44
3.4	Conclusiones	48
4	La inteligencia artificial y su impacto en la lucha contra la COVID-19	49
4.1	Introducción	49
4.2	Estado del arte	51
4.2.1	IA y el virus SARS-CoV-2	52
4.2.2	Factor social y la IA para control del virus SARS-CoV-2	54
4.2.3	La IA en el tratamiento y control de pacientes con COVID-19	56
4.3	Conclusiones	61
5	Modelo Matemático para Pronóstico de Supervivencia de Casos de Covid-19 en México	63
5.1	Introduction	64

5.2	Modelos matemáticos para Covid-19	64
5.3	Redes Bayesianas	66
5.4	Red Bayesiana en México	67
5.5	Análisis y Discusión de Resultados	71
5.6	Conclusiones	74
6	Algoritmos de agrupamiento para la segmentación de pacientes con un diagnóstico en común	76
6.1	Introducción	76
6.1.1	Importancia del agrupamiento en Ciencias de la Salud y Biomedicina	78
6.1.2	Objetivo	78
6.2	Fundamentos de agrupamiento	79
6.2.1	¿Qué es el agrupamiento?	79
6.2.2	Tipos de métodos de agrupamiento	79
6.2.3	Métricas para evaluación de la calidad del agru- pamiento	80
6.2.3.1	Métricas para determinar el número óp- timo de grupos	80
6.2.3.2	Métricas para validar el agrupamiento jerárquico aglomerativo	81
6.2.3.3	Métricas para validar el agrupamiento de particiones	82
6.3	Métodos de agrupamiento para un análisis exploratorio inicial	83
6.3.1	Agrupamiento Jerárquico Aglomerativo	83
6.3.2	Agrupamiento de particiones	85
6.3.3	Aspectos cruciales en la aplicación del apren- dizaje no supervisado en la segmentación de pa- cientes	86
6.4	Aplicaciones del agrupamiento en ciencias de la Salud y Biomedicina	87
6.5	Ejemplo de caso de estudio (Vaginosis Bacteriana)	87
6.5.1	Resultados del agrupamiento jerárquico VB	89
6.6	Limitaciones, Tendencias y Conclusiones	91

6.6.1	Limitaciones	91
6.6.2	Tendencias	92
6.6.3	Conclusiones	92
7	Procesamiento y análisis de imágenes médicas: aplicaciones actuales	94
7.1	Introducción	94
7.2	Metodología	97
7.2.1	Procesamiento digital de imágenes	98
7.2.2	Análisis de imágenes	101
7.3	Aplicaciones médicas	106
7.3.1	Preprocesamiento de imágenes de mamografía	106
7.3.2	Segmentación de nódulos pulmonares	111
7.3.3	Otras aplicaciones	113
8	Sistemas de apoyo en la identificación automática del Cáncer de Mama: Caso práctico	116
8.1	Introducción	117
8.2	Enfermedad del Cáncer de Mama	118
8.3	Aplicaciones computacionales en la identificación de hallazgos	123
8.4	Caso Práctico para la identificación del cáncer de mama en hallazgos de tipo calcificación	126
8.5	Conclusiones	134
8.6	Anexos	136
9	Diagnóstico en radiografías de Radio Cúbito a partir de redes neuronales	137
9.1	Introducción	137
9.2	Diagnóstico en radiografías de Radio Cúbito	140
9.2.1	Radio cúbito	140
9.2.2	Descripción del conjunto de datos usado en los experimentos	141
9.2.3	Entrenamiento, pruebas y resultados	143
9.3	Conclusión	151

Capítulo 1

Impacto de la Inteligencia Artificial en el Área de la Salud

Rosa María Valdovinos Rosas ¹, *Juana Canul-Reich* ^{2*}, *Alejandra Guadalupe Silva Trujillo* ³, *Angélica Guzmán Ponce* ⁴, *Antonio de Jesús Menchaca Martínez* ³

¹ Universidad Autónoma del Estado de México. Toluca, Estado de México, México.

rvaldovinosr@uaemex.mx

² Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Villahermosa, Tabasco, México.

juana.canul@ujat.mx

³ Universidad Autónoma de San Luis Potosí. San Luis Potosí, San Luis Potosí, México.

asilva@uaslp.mx

a220944@alumnos.uaslp.mx

⁴ Universidad Jaime I. Castellón de la Plana, España.

aguzman@uji.es

*Corresponding author: juana.canul@ujat.mx

1.1 Aplicaciones notables de IA en medicina

Hoy día somos testigos de los asombrosos avances que en el mundo se están logrando en el área médica con el uso de la Inteligencia Artificial, desde el diagnóstico, tratamiento personalizado, imagenología y la lista puede ser y será aún más larga con el paso del tiempo. El impacto radica en el beneficio que ello representa en la recuperación de la salud del paciente, pues se dispone de tratamientos más precisos, cada vez menos invasivos y menos prolongados.

En este capítulo mencionamos algunas áreas que observan directamente el impacto de la IA.

1.1.1 Diagnóstico y detección de enfermedades

Existe una cantidad creciente de estudios en los que se reporta la aplicación de algoritmos de aprendizaje automático, la cual es una área de la Inteligencia Artificial, para el análisis de datos relacionados con alguna enfermedad, en particular con su diagnóstico. En México, la diabetes mellitus tipo 2 ocupa un lugar preponderante dada su tasa alta de padecimiento entre la población. En [113], los autores desarrollaron un modelo combinado de tres clasificadores diferentes para clasificar pacientes con diabetes mellitus tipo 2, sus resultados alcanzaron el 90% en la métrica de área bajo la curva. Los algoritmos usados para generar el modelo combinado fueron regresión lineal generalizada, máquinas de vector soporte y redes neuronales artificiales. Las variables analizadas corresponden a datos clínicos no invasivos como el perfil lipídico, la presión arterial, nivel de ingresos, edad, índice de masa corporal, entre otras, sin incluir datos de niveles de glucosa en la sangre. Las pruebas tradicionales de diagnóstico pueden ser costosas y son invasivas, por lo que el desarrollo de un modelo basado en aprendizaje automático de alta precisión representa beneficios para el paciente, así como para un diagnóstico y tratamiento temprano.

1.1.2 Diseño de fármacos

La integración de la Inteligencia Artificial en el diseño de fármacos implica un enfoque multidisciplinario que combina conceptos de química, biología y ciencias de la computación para acelerar el descubrimiento de nuevos elementos terapéuticos [156].

Los modelos de IA creados con algoritmos de aprendizaje automático y aprendizaje profundo se utilizan para analizar grandes conjuntos de datos de compuestos químicos, objetivos biológicos así como las interacciones entre ellos. La IA permite explorar el amplio espacio químico para descubrir compuestos con las conductas farmacológicas deseadas y además predecir sus propiedades moleculares. Entre los algoritmos aplicados en estos análisis de datos se encuentran las tradicionales redes neuronales artificiales, los algoritmos genéticos, las máquinas de vector soporte, las redes neuronales de aprendizaje profundo, entre otros.

Además, la IA facilita el testeo o prueba virtual, que consiste en analizar computacionalmente grandes bibliotecas de compuestos para identificar fármacos candidatos. Las simulaciones de acoplamiento molecular, las cuales simulan la interacción entre una molécula como fármaco con una proteína receptora para predecir cómo se unirán entre sí, también forman parte del diseño de fármacos basado en la IA [190]. Asimismo, el desarrollo de modelos de IA para el diseño de fármacos de novo, el cual es un método de diseño de fármacos asistido por computadora que genera nuevas estructuras de compuestos con las propiedades deseadas, representa un enfoque de vanguardia en este campo [76, 175].

1.1.3 Medicina personalizada

Los asombrosos avances científicos y desarrollos tecnológicos en los últimos años han hecho posible el crecimiento en esta área. La medicina personalizada permite un enfoque más preciso y adaptado a las características individuales de cada paciente, mejorando con ello en el diagnóstico y en la predicción de la eficacia de los tratamientos, lo cual redundará en la calidad de la atención médica [64].

Los tipos de datos fundamentales en la medicina personalizada son:

- Datos ómicos que incluyen la genómica, epigenómica, proteómica, metabolómica y transcriptómica, los cuales proporcionan información detallada sobre la expresión génica, proteínas y metabolitos en un individuo, ello contribuye a la personalización de los tratamientos y cuidados de salud. En particular la genómica es fundamental en la medicina personalizada, ya que permite analizar el ADN de un individuo para identificar variaciones genéticas que podrían influir en su susceptibilidad a enfermedades y en su respuesta a tratamientos específicos [53]
- Datos de imagenología médica como son la resonancia magnética, tomografías computarizadas y radiografías, los cuales se utilizan para mejorar el diagnóstico y asimismo guiar tratamientos personalizados.
- Datos clínicos como el historial médico, resultados de pruebas diagnósticas, los cuales son cruciales en la personalización de tratamientos.

A través de la aplicación de algoritmos de aprendizaje automático, la IA puede analizar grandes volúmenes de estos datos (big data), con base en ellos se facilita la predicción de resultados clínicos individuales lo que a la vez permite la optimización de los tratamientos [183].

1.1.4 Imagenología

La IA tiene aplicación en la interpretación y análisis de imágenes médicas, tales como resonancias magnéticas, tomografías computarizadas, radiografías, lo cual beneficia en el diagnóstico de enfermedades. En particular, los algoritmos de aprendizaje automático pueden identificar patrones y anomalías que podrían pasar desapercibidos al ojo humano, lo cual permea positivamente en un diagnóstico de mayor precisión.

La IA se aplica para segmentar imágenes médicas con base en determinadas estructuras anatómicas que permiten delimitar regiones

de interés como tumores, órganos o tejidos de interés [124, 138]. De allí que hoy día se disponga de sistemas de diagnóstico, tratamiento o pronóstico para pacientes con derrame cerebral [109], con cáncer de mamas [184], con necesidad de diagnóstico de osteoporosis [79], o pacientes con padecimientos cardiovasculares [89], entre otros.

En imagenología el desarrollo tecnológico es progresivo tanto en el equipo utilizado para la generación de imágenes como en los sistemas de diagnóstico o de análisis e interpretación.

1.2 Consideraciones éticas de la aplicación de la IA en medicina

1.2.1 Privacidad y Seguridad de Datos

La IA ha experimentado un período de crecimiento exponencial en diversas industrias, y el sector de la salud no es una excepción. Este avance presenta tanto oportunidades como desafíos, especialmente en integridad, privacidad y seguridad de los datos personales y biométricos de los pacientes dado que estas tecnologías impulsadas por la IA suelen requerir una amplia variedad de datos, tanto personales como no personales para su funcionamiento óptimo. Dependiendo esencialmente de la información relacionada con la salud de los pacientes, que van desde los tratamientos que se les han administrado y cómo han respondido a ellos, hasta los datos genéticos, antecedentes familiares, comportamiento de su salud y signos vitales. Toda esta información se extrae de archivos médicos o de los resultados de investigaciones clínicas. Por lo tanto, el fomento y desarrollo de la IA en el ámbito de la salud, depende en gran medida de garantizar un acceso conveniente y seguro a estos datos sensibles.

Los algoritmos utilizados para el diagnóstico e interpretación de enfermedades, la predicción de patologías y la selección de tratamientos, se han convertido en herramientas indispensables en el ámbito médico. Además, junto con equipos y dispositivos médicos inteligentes, como los son las Interfaces Cerebro-Computadora y las prótesis que utilizan

IA, se llega a recopilar una amplia gama de información y datos sensibles. Esto plantea serias preocupaciones sobre su vulnerabilidad y la necesidad de garantizar la protección adecuada de esta información médica [65].

La discriminación basada en los datos médicos de un individuo puede ser preocupante. Por ejemplo, los empleadores o las aseguradoras podrían utilizar información sensible del paciente, como una enfermedad debilitante o costosa, o la condición de portador de una enfermedad de transmisión sexual, para decidir no emplear o asegurar a esa persona. El Acta de No Discriminación de Información Genética prohíbe la discriminación por parte de las aseguradoras de salud o empleadores, además de intentar limitar la adquisición de datos de pacientes en Estados Unidos [141]. Por otro lado, para llevar una vida próspera, es importante que cierta información relacionada con la salud de un individuo, permanezca privada y confidencial, por lo que el violar este derecho y compartir información sensible, puede llevar a un conjunto de daños colaterales que impacten la integridad y salud mental de los afectados.

Se han implementado diversas estrategias para mitigar estos riesgos asociados con el uso de IA en el ámbito de la salud. Entre ellas se incluyen el empleo de técnicas de cifrado y la aplicación de políticas de acceso controlado hacia datos sensibles. Además, regulaciones como el Reglamento General de Protección de Datos en Europa han marcado un precedente significativo al intentar regular la IA a través de la protección de datos. Proponiendo que el uso de la información no sea sin una autorización previa de un comité o por el mismo paciente. Esta iniciativa ha inspirado a otros países, como Estados Unidos, a desarrollar sus propias regulaciones, como la Ley de Portabilidad y Responsabilidad del Seguro Médico, incorporando políticas similares para salvaguardar y proteger la información de los pacientes ante el creciente uso de la IA [49].

1.2.2 Transparencia, Validación Clínica y Responsabilidad

Los desarrolladores de sistemas que utilizan IA tienen que tener la responsabilidad de diseñar algoritmos que sean transparentes, éticos y precisos. Esto implica la utilización de datos de alta calidad, la incorporación de métodos para explicar el razonamiento del modelo y la consideración de posibles consecuencias éticas y sociales de su aplicación.

La precisión de las predicciones de los algoritmos depende en gran medida de la transparencia y la correcta etiquetación de los datos. De lo contrario, se obtendrían resultados subóptimos. Sin embargo, es crucial reconocer que la complejidad de algunos diagnósticos médicos, como la sepsis o la artritis reumatoide, dificulta el entrenamiento de los algoritmos de predicción de enfermedades. Esto contrasta con los juicios binarios en estudios de radiología o patología (maligno o benigno), donde se utilizan algoritmos para interpretar imágenes digitales. Además, la estructura no uniforme de los datos en los registros electrónicos de salud dificulta el acceso de los algoritmos a esta información sin un procesamiento previo. [129]. Esto implica que los modelos deban ser adaptados y validados específicamente para cada diagnóstico, añadiendo una capa adicional de complejidad al proceso de entrenamiento. Estos desafíos resaltan la importancia de implementar métodos de validación clínica, como estudios controlados y ensayos clínicos, para el desarrollo e implementación correcta de este tipo de sistemas inteligentes, garantizando así su precisión, seguridad y eficacia clínica.

Otro aspecto crucial de la transparencia es la interpretabilidad del modelo, es decir, la capacidad de los humanos para comprender cómo se llega a una decisión o predicción específica. Esto puede ser problemático, ya que a veces nuestra capacidad de comprensión no alcanza para identificar los patrones que los modelos de IA reconocen. Este tipo de enfoque se conoce como "opaco" o de "caja negra", donde el proceso de toma de decisiones del modelo no es claro. La falta de transparencia puede generar desconfianza entre los usuarios y dificultar la

detección de sesgos o errores en el sistema. Aunque la transparencia también puede afectar la precisión del modelo, es fundamental para justificar diagnósticos y tratamientos en el campo de la salud, permitiendo a médicos e investigadores realizar análisis que puedan ayudar a descubrir nuevas ideas clínicas y tomar decisiones.

La transparencia en los datos de entrenamiento y la interpretabilidad del modelo permiten examinar y abordar cualquier sesgo algorítmico potencial. Es crucial que las empresas no hagan que sus algoritmos sean “opacos” por razones de propiedad o económicas. Los profesionales de la salud y otras partes interesadas en el área de atención médica, deben exigir transparencia para garantizar la seguridad e integridad de los pacientes. Además, deben ser conscientes de las limitaciones y sesgos potenciales de estos sistemas, así como de su responsabilidad en la toma final de decisiones clínicas. Organizaciones como la Organización Mundial de la Salud, la Administración de Alimentos y Medicamentos en Estados Unidos y la Agencia Europea de Medicamentos, están trabajando en la elaboración de directrices específicas para la evaluación y regulación de sistemas que promuevan la transparencia y la responsabilidad de la IA en la medicina.

1.3 Oportunidades y retos

La adopción de IA en la salud es fundamental para alcanzar los Objetivos de Desarrollo Sostenible de la ONU¹, mejorando la accesibilidad y calidad de la atención sanitaria, y fomentando la innovación. Esta integración promete transformar prácticas médicas y enfrentar desigualdades en salud, alineándose con objetivos de bienestar global y desarrollo de infraestructura resiliente. No obstante, su implementación exitosa requiere superar desafíos técnicos y estratégicos, asegurando sistemas de salud más eficientes y equitativos [123].

¹<https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/objetivos-de-desarrollo-sostenible/>

1.3.1 Consideraciones éticas y legales

Las consideraciones éticas y legales en torno al desarrollo y aplicación de la IA en la salud resaltan complejidades multifacéticas, incluyendo sesgos en datos, privacidad, vigilancia, y la transparencia en procesos de decisión [18]. Simultáneamente, la urgencia de regulaciones legales adaptadas a la evolución tecnológica se hace evidente en diferentes regiones, como Estados Unidos, Europa, y México, donde se busca equilibrar la seguridad y eficacia de la IA con la protección de derechos individuales [54].

La adaptación de legislaciones para avances tecnológicos sin comprometer la ética y la dignidad humana subraya la necesidad de una colaboración multidisciplinaria. Esta colaboración entre desarrolladores de IA, profesionales de la salud, legisladores y la sociedad es crucial para garantizar que los avances en IA contribuyan positivamente al sector salud [207].

Paralelamente, las oportunidades que brinda la IA en salud son inmensas, desde el diagnóstico hasta el tratamiento personalizado y una gestión más eficiente de los recursos sanitarios. Su potencial para mejorar la atención médica, predecir epidemias y democratizar el acceso a la salud es significativo, eliminando barreras y promoviendo el análisis de grandes volúmenes de datos. Sin embargo, es crucial establecer estándares globales de calidad y eficacia para garantizar una implementación segura y equitativa de la IA en salud.

1.3.2 Retos técnicos

Los conjuntos de datos masivos, como las imágenes médicas, los registros del genoma o ADN, representan tanto retos como oportunidades de la IA en el sector de la salud [41]. La capacidad de la IA para identificar patrones y anomalías de manera precisa en estos datos abre el camino hacia diagnósticos y tratamientos más eficaces, resaltando el potencial de la IA para revolucionar los procesos de atención médica.

Los retos incluyen la necesidad de transparencia de la IA, ya que sus procesos de decisión a menudo son cajas negras para usuarios y desarrolladores. La IA explicable se presenta como solución, pro-

moviendo la confianza y comprensión en diagnósticos y tratamientos, al hacer que los sistemas de IA sean transparentes y comprensibles [103]. Esto facilita la identificación de patrones en datos complejos, mejorando la precisión y efectividad. Además, es fundamental desarrollar interfaces intuitivas que permitan una integración fluida de sistemas de apoyo a la decisión en los flujos de trabajo clínicos, optimizando la atención médica.

Al superar los retos técnicos anteriormente mencionados, emergen oportunidades técnicas significativas. La IA transparente permite personalizar tratamientos a las características únicas de cada paciente lo que permite optimizar los resultados de salud, mejorar la prevención, detección temprana de enfermedades y adaptación de tratamientos. Además, la integración fluida de la IA en los procesos médicos fomenta la medicina de proactiva, centrada en la salud a largo plazo.

1.3.3 Administración de cambios estratégicos

La definición de objetivos específicos es esencial para integrar la IA en el sector salud, enfocándose en mejorar diagnósticos, gestión de recursos y tratamientos personalizados. Este proceso requiere la colaboración de profesionales de la salud, pacientes, reguladores y expertos en IA, con el fin de asegurar que las soluciones adoptadas sean pertinentes y efectivas [195]. La comunicación continua entre estos grupos es vital para abordar preocupaciones y adaptar las tecnologías a las necesidades reales.

La efectividad de la IA en salud también depende de la preparación del personal médico y técnico, necesitando formación especializada y actualización para incluir competencias en IA [140]. Es crucial disponer de la infraestructura tecnológica adecuada, soporte técnico y asegurar la inter-operabilidad y escalabilidad de las soluciones de IA.

Finalmente, la implementación de la IA debe considerarse un proceso evolutivo, requiriendo evaluaciones y ajustes constantes basados en el análisis de datos de rendimiento y retroalimentación de usuarios [158]. Esto permite una mejora continua de las tecnologías apli-

cadass, asegurando su alineación con las necesidades del sector salud y maximizando su impacto positivo.

1.4 Futuro de la IA en medicina y comentarios finales

La integración de la inteligencia artificial (IA) en la medicina ha sido un campo en constante evolución que promete revolucionar la forma en de realizar el diagnóstico clínico, el tratamiento y la gestión de las enfermedades. En esta sección, se exponen algunas de las tendencias clave que están dando forma al futuro de la IA en medicina.

1.4.1 Medicina de Precisión: Personalizando la Atención Médica

La medicina de precisión se centra en la personalización de los tratamientos y la atención médica según las características individuales de cada paciente, considerando aspectos como su genética, biomarcadores, historial médico y estilo de vida. La IA desempeña un papel fundamental en este campo al analizar grandes volúmenes de datos para identificar patrones y predecir respuestas individuales a tratamientos específicos [85].

Un ejemplo destacado es el uso de algoritmos de aprendizaje automático para analizar perfiles genéticos y datos clínicos con el fin de desarrollar terapias dirigidas contra enfermedades como el cáncer. Investigaciones recientes han demostrado que la IA puede predecir con precisión la eficacia de ciertos medicamentos en pacientes con cáncer, lo que permite una selección más precisa de tratamientos y una mejora en los resultados clínicos.

1.4.2 Monitoreo Remoto y Dispositivos Portátiles: Empoderando a los Pacientes

El monitoreo remoto, sensores conectados y los dispositivos portátiles habilitados por la IA están transformando la forma en que los pacientes gestionan su salud y los proveedores de atención médica supervisan el progreso de los tratamientos [197].

Estos dispositivos recopilan datos biométricos en tiempo real, como la frecuencia cardíaca, los niveles de glucosa, la presión arterial o la actividad física, y utilizan algoritmos de IA para analizar estos datos y proporcionar información valiosa sobre la salud del paciente. De este modo, se pueden detectar cambios sutiles en los signos vitales y alertar a los pacientes y profesionales de la salud sobre posibles problemas de salud antes de que se conviertan en emergencias médicas.

Por ejemplo, los dispositivos portátiles como los relojes inteligentes pueden detectar anomalías en el ritmo cardíaco que podrían indicar la presencia de afecciones cardíacas, lo que permite una intervención temprana y la prevención de complicaciones graves. Además, los algoritmos de IA pueden identificar patrones de sueño irregulares que podrían estar relacionados con trastornos del sueño o problemas de salud mental, lo que brinda a los pacientes y médicos la oportunidad de abordar estos problemas de manera proactiva.

1.4.3 Asistentes de Salud Virtuales: Acceso a la Atención Médica en Cualquier Momento y Lugar

Los asistentes de salud virtuales, impulsados por la IA, están emergiendo como una herramienta poderosa para proporcionar atención médica accesible y oportuna a través de plataformas digitales. Estos asistentes, como chatbots y aplicaciones móviles, pueden realizar evaluaciones preliminares, responder preguntas médicas y ofrecer recomendaciones de estilo de vida basadas en algoritmos inteligentes.

Los algoritmos de IA están siendo entrenados para interpretar imágenes médicas, como tomografías computarizadas, resonancias mag-

néticas y radiografías, con una precisión que rivaliza con la de los expertos humanos. Esta capacidad mejorará la velocidad y precisión del diagnóstico, lo que conducirá a una atención más rápida y efectiva para los pacientes [177].

Un ejemplo notable es el uso de chatbots en entornos de atención primaria para ayudar a los pacientes a programar citas, renovar recetas y obtener información sobre síntomas comunes. Estos asistentes virtuales pueden reducir la carga sobre los sistemas de atención médica tradicionales y mejorar la eficiencia al proporcionar respuestas rápidas y precisas a las consultas de los pacientes.

1.4.4 Descubrimiento de Fármacos y Desarrollo de Tratamientos

La IA está revolucionando la forma en que se descubren y desarrollan nuevos medicamentos y tratamientos médicos. Los algoritmos de aprendizaje automático pueden analizar grandes conjuntos de datos moleculares y genéticos para identificar posibles objetivos terapéuticos y predecir la eficacia de los medicamentos en diferentes poblaciones.

Estos algoritmos de IA pueden acelerar significativamente el proceso de descubrimiento de fármacos al identificar compuestos candidatos con mayor probabilidad de éxito en etapas tempranas de la investigación. Además, pueden ayudar a los investigadores a comprender mejor los mecanismos subyacentes de las enfermedades y a diseñar tratamientos más específicos y efectivos.

Un ejemplo concreto de este enfoque es el uso de redes neuronales profundas para el diseño de compuestos químicos con potencial anticancerígeno. Los investigadores han entrenado redes neuronales utilizando datos de estructuras moleculares y actividades biológicas de compuestos químicos conocidos por su actividad anti-cancerígena. Una vez entrenadas, estas redes pueden evaluar rápidamente la actividad potencial de nuevos compuestos químicos y priorizar aquellos con mayor probabilidad de éxito para pruebas experimentales [56].





1.4.5 Conclusiones y Perspectivas Futuras

La integración de la inteligencia artificial en la medicina está transformando radicalmente la forma en que se realiza el diagnóstico, los tratamientos y, en general la gestión y manejo de las enfermedades. El futuro de la IA en medicina es un camino hacia una atención médica más personalizada, precisa y accesible. A medida que la tecnología continúe avanzando y los investigadores exploren nuevas aplicaciones de la IA en el campo de la salud, se puede esperar ver una mejora significativa en los resultados clínicos y una mayor calidad de vida para los pacientes.

Sin embargo, es importante abordar desafíos importantes, como la privacidad de los datos, la equidad en el acceso a la tecnología y la regulación de los algoritmos de IA en medicina. Al colaborar entre disciplinas y promover la investigación interdisciplinaria, se puede aprovechar todo el potencial de la IA para mejorar la salud y el bienestar de las personas en todo el mundo.

Capítulo 2

Vocabularios y ontologías para estudiantes y profesionales del área de la salud

María Auxilio Medina Nieto ^{1*}, *Rebeca Rodríguez Huesca* ¹,
Gudelia Pilar Pérez Conde ¹, *Jorge de la Calleja Mora* ¹

¹ Universidad Politécnica de Puebla. Juan C. Bonilla, Puebla México.

maria.medina@uppuebla.edu.mx

rebeca.rodriguez@uppuebla.edu.mx

gudelia.perez353@uppuebla.edu.mx

jorge.delacalleja@uppuebla.edu.mx

2.1 Introducción

En las ciencias de la computación y áreas de conocimiento afines que gestionan datos y emplean las Tecnologías de la Información y Comunicación (TICs), las ontologías se consideran representaciones formales de conceptos y relaciones que modelan un dominio. En la literatura

*Corresponding author: maria.medina@uppuebla.edu.mx

existen diferentes definiciones entre las que destacan la de referencia propuesta por Gruber [180], quien define a las ontologías como “especificaciones formales y explícitas de conceptualizaciones compartidas”, o la de Guarino [61] quien indica que se refieren a “artefactos de ingeniería, constituidos por un vocabulario específico utilizado para describir cierta realidad, además de un conjunto de suposiciones explícitas que tratan el significado de los términos del vocabulario”. Dependiendo del nivel de generalización de los conceptos, [61] propone los tipos de ontologías siguientes: nivel superior, dominio, tarea y aplicación, (ver la Tabla 2.1).

El capítulo adopta ambas definiciones para las ontologías, aunque hace énfasis en la segunda dada la relación entre los términos *ontología* y *vocabulario*. Informalmente, entre usuarios y desarrolladores se observa con frecuencia que estos términos se consideran alternativos o equivalentes, por ejemplo, en [134], los vocabularios se perciben como recursos de referencia y herramientas tales que:

- Formalizan los conceptos y las relaciones
- Dan contexto y significado a los datos
- Apoyan la implementación de tareas de razonamiento automático

Este capítulo presenta una sinopsis de dos sitios web desde los cuales se accede a cientos de vocabularios u ontologías, *Linked Open Vocabularies* [134] (LOV) y *BioPortal* [201], recursos académicos y de investigación que pueden ser reutilizados entre los estudiantes y profesionales del área de la salud con propósitos diversos como especificar tareas, fortalecer el aprendizaje, consultar términos clínicos o gestionar datos.

Estadísticamente, la selección de estos sitios es a conveniencia, los criterios considerados fueron los siguientes:

1. Integran ontologías validadas como se indica en los datos descriptivos (*metadatos*).
2. Emplean licencias de acceso abierto o es viable su reutilización de conformidad con los términos descritos en las licencias bajo ciertas restricciones.

Tabla 2.1: Tipos de ontologías propuestos en [61].

Tipo	Descripción
Nivel superior	Describen conceptos generales como acción, espacio, evento, materia, tiempo.
Dominio	El vocabulario representa el conocimiento de un dominio, (tema de interés o aspecto de la realidad como la física, la música o la medicina).
Tarea	El vocabulario se relaciona con una tarea o actividad genérica, (es decir, es común en los dominios tales como las ventas, la gestión de la información o las actividades en una investigación).
Aplicación	Describen conceptos que dependen de un dominio y tarea particular.

3. Están disponibles en formatos que se procesan por las computadoras como *Comma Separated Values* (valores separados por coma (CSV)), *Resource Description Framework* (marco de descripción de recursos (RDF)), u *Ontology Web Language* (lenguaje de ontologías web (OWL)).
4. Cuentan con herramientas de visualización y mecanismos de búsqueda propios con funcionalidad adicional a la búsqueda de palabras clave.

El capítulo está organizado como sigue. La Sección 2.2 contiene una revisión sistemática de las ontologías en LOV e identifica una ontología de dominio, una de aplicación y seis de tareas potencialmente útiles para usuarios del área de la salud. La Sección 2.3 resume aspectos funcionales del repositorio BioPortal y presenta una experiencia de uso del servicio web que recomienda ontologías biomédicas. La Sección 2.4 describe la estructura de la ontología para tecnologías digitales de

salud, *Digital Health Technologies* (ODHT) [173] y ejemplifica cómo consultar, representar el contexto y dotar de significado a un conjunto de datos médicos. Finalmente, las conclusiones y el trabajo a futuro se exponen en la Sección 2.5.

2.2 LOV: catálogo de vocabularios abiertos enlazados

El acrónimo LOV proviene de *Linked Open Vocabularies*, se trata del catálogo de vocabularios abiertos enlazados [134]; por *abiertos* se indica que los vocabularios se distribuyen bajo los términos y políticas de acceso abierto manifestados en sus respectivas licencias, (mayor información sobre el acceso abierto está disponible en [135]). En tanto, el término *enlazados* se refiere a que se relacionan con otros vocabularios, recomendaciones o estándares del *World Wide Web Consortium* (W3C) [196].

En la web semántica, las descripciones de datos utilizan *clases* (o *tipos*) y *propiedades* (o *predicados*). Los vocabularios en LOV son a su vez datos que integran definiciones de clases y propiedades que describen 1) objetos específicos, 2) objetos en un dominio específico o 3) objetos para un uso específico. Los usuarios acceden a los vocabularios consultando las categorías o al introducir las palabras clave en el buscador, éste a diferencia de una búsqueda simple de palabras clave, también opera sobre las propiedades agrupadas en las etiquetas de las Tablas 2.2 y 2.3.

Tabla 2.2: Prefijos para las etiquetas en LOV [134].

Prefijo	Valor
dce	http://purl.org/dc/elements/1.1/
dcterms	http://purl.org/dc/terms/
rdfs	http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#
skos	http://www.w3.org/2004/02/skos/core

Tabla 2.3: Tipos de etiqueta en LOV [134].

Etiqueta		Descripción
Nombre local		Uniform Resource Identifier (URI) sin el espacio de nombres
	primaria:	Propiedades <code>rdfs:label</code> , <code>dce:title</code> , <code>dcterms:title</code> y <code>skos:prefLabel</code>
Etiqueta	secundaria:	Propiedades <code>rdfs:comment</code> , <code>dce:description</code> , <code>dcterms:description</code> y <code>skos:altLabel</code>
	terciaria:	Cualquier otra propiedad que no pertenezca a los tipos previos

Se realizó una revisión sistemática de los 801 vocabularios disponibles a la fecha de edición de este documento, todos están en idioma inglés, sólo ocho están en español, entre ellos resalta MedRed [20], modelo de adquisición de datos clínicos u ontología “diseñada para representar instrumentos de captura de datos clínicos”, éste surgió en el contexto del proyecto con el mismo nombre [22]. MedRed se distribuye también en francés.

MedRed se relaciona con las ontologías que muestra la ventana de la izquierda en la Figura 2.1, ésta se obtuvo al utilizar la herramienta de visualización de LOV¹, la cual despliega grafos donde las ontologías están representadas como nodos y las aristas son los enlaces (*links*) con otras ontologías. Por un lado, el color de un nodo se asocia con la categoría, propósito o tema de la ontología como se ilustra en la leyenda de la parte inferior de la figura. Por otro lado, entre mayor sea el tamaño del nodo, mayor es el número de ontologías que la reutilizan.

La interfaz de la herramienta de visualización permite tener una vista general del uso de una ontología y sus enlaces con otras. Aunque

¹<https://lov.linkeddata.es/dataset/lov/vocabs?q=medred>

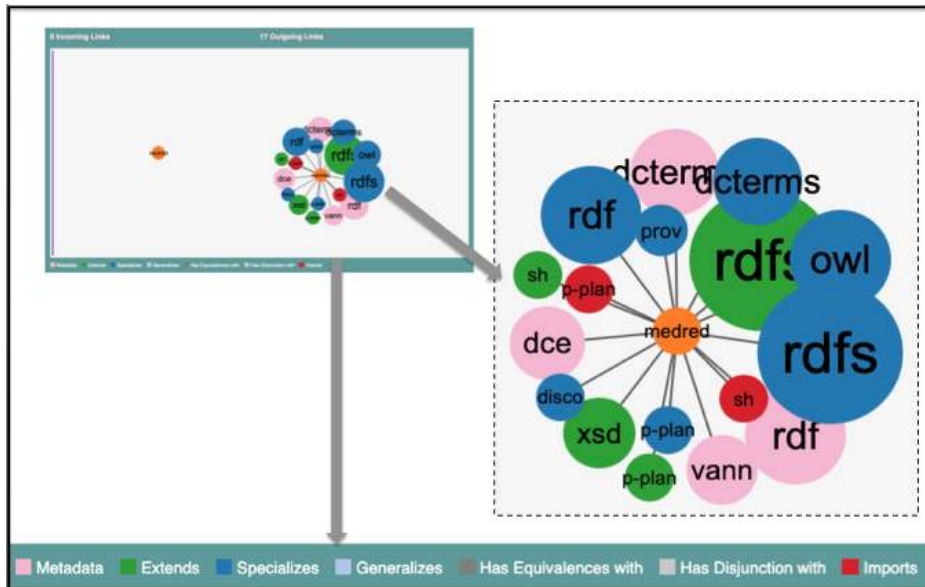


Figura 2.1: MedRed y su relación con otras ontologías de LOV [21].

la vista es estática y predefinida, esto es, no cuenta con opciones para hacer acercamientos o reorganizar el despliegue, pero permite a los usuarios que al dar *click* sobre un nodo sean dirigidos a la página web de la ontología seleccionada y ésta contiene información de interés general como metadatos, estadísticas, grafos e historia de uso.

Actualmente, desde la página inicial de LOV [134] no hay una categoría para el área de la salud, sin embargo, el término *salud* aparece como etiqueta en algunas de las ontologías de las Tablas 2.4 y 2.5, las cuales desde la perspectiva de los autores son potencialmente útiles para estudiantes, profesionales y en particular, también para desarrolladores de sistemas de información. Con base en la clasificación de [61], estas ontologías corresponden a ontologías de tarea, a excepción de *biotop* de la Tabla 2.4 que es de dominio porque describe conceptos generales de biología y medicina, y *uniprot* que se considera de aplicación puesto que el alcance de los conceptos son las proteínas y la tarea es hacer anotaciones o comentarios sobre éstas.

Tabla 2.4: Ontologías relacionadas con la salud [134]. Parte 1.

Prefijo:	<code>bci</code>
Nombre:	<i>Brain Computing Interface (BCI) Ontology.</i>
Descripción:	Modelo de metadatos para capturar datos de interfaces cerebro - computadora.
URL:	https://w3id.org/BCI-ontology
Prefijo:	<code>biotop</code>
Nombre:	BioTop
Descripción:	Ontología para biología y medicina.
URL:	http://purl.org/biotop/biotop.owl
Prefijo:	<code>hifm</code>
Nombre:	Ontología HIFM
Descripción:	Contiene nombres y marcas de drogas.
URL:	http://purl.org/net/hifm/ontology#
Prefijo:	<code>incident</code>
Nombre:	<i>Incident</i>
Descripción:	Respuestas a incidentes por servicios de emergencia.
URL:	http://vocab.resc.info/incident

2.3 BioPortal: repositorio de ontologías biomédicas

BioPortal [201] es un repositorio de 1,045 ontologías biomédicas, esto es, un conjunto de ontologías de dominio para las áreas de biología y medicina que están organizadas por categoría o popularidad, disponibles para consulta *in situ* y algunas para descarga en formatos como CSV, RDF u OWL. Desde este repositorio se accede a ontologías escritas en inglés como:

SNOMED CT. *Standard Ontology Based on the Ontology for General Medical Science*, ontología estándar basada en la ontología para la ciencia médica general [46]. De acuerdo con [201], SNOMED

Tabla 2.5: Ontologías relacionadas con la salud [134]. Parte 2.

Prefijo:	m4i
Nombre:	Metadata4Ing: generación de datos en una actividad científica.
Descripción:	Procesos y gestión de datos en actividades científicas.
URL:	http://w3id.org/nfdi4ing/metadata4ing#
Prefijo:	obo
Nombre:	Ontología para investigaciones biomédicas.
Descripción:	Recurso para anotar investigaciones biomédicas, incluye el diseño del estudio, protocolos e instrumentaciones, los datos generados y los tipos de análisis realizados.
URL:	http://purl.obolibrary.org/obo/obi.owl
Prefijo:	onyx
Nombre:	Ontología de emociones Onyx
Descripción:	Vocabulario para anotar emociones de los usuarios de la web o de sistemas de información
URL:	http://www.gsi.dit.upm.es/ontologies/onyx/ns
Prefijo:	uniprot
Nombre:	Ontología núcleo uniprot
Descripción:	Anotación de proteínas.
URL:	http://purl.uniprot.org/core/

CT representa la terminología clínica más completa a nivel mundial, entre sus usos está la descripción de ambientes para el cuidado de la salud. La Figura 2.2 muestra los metadatos y las métricas de esta ontología, el formato utilizado es *Unified Medical Language System* (UMLS) [128]. Las diferentes ediciones y traducciones pueden consultarse desde su navegador².

SCTO. *Systematized Nomenclature of Medicine Clinical Term Ontology*, nomenclatura sistematizada de la ontología de términos de

²El navegador está disponible en: <https://browser.ihtsdotools.org/>

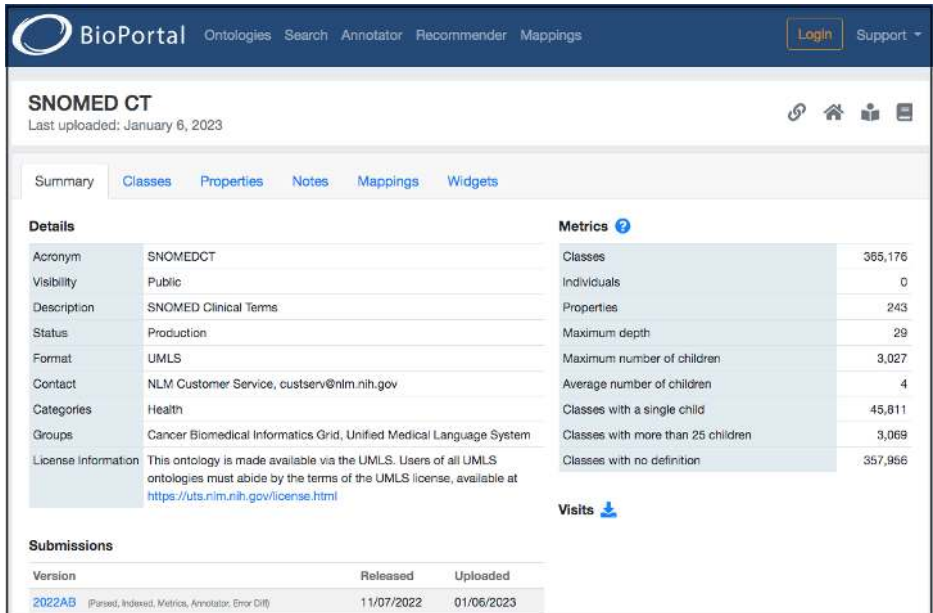
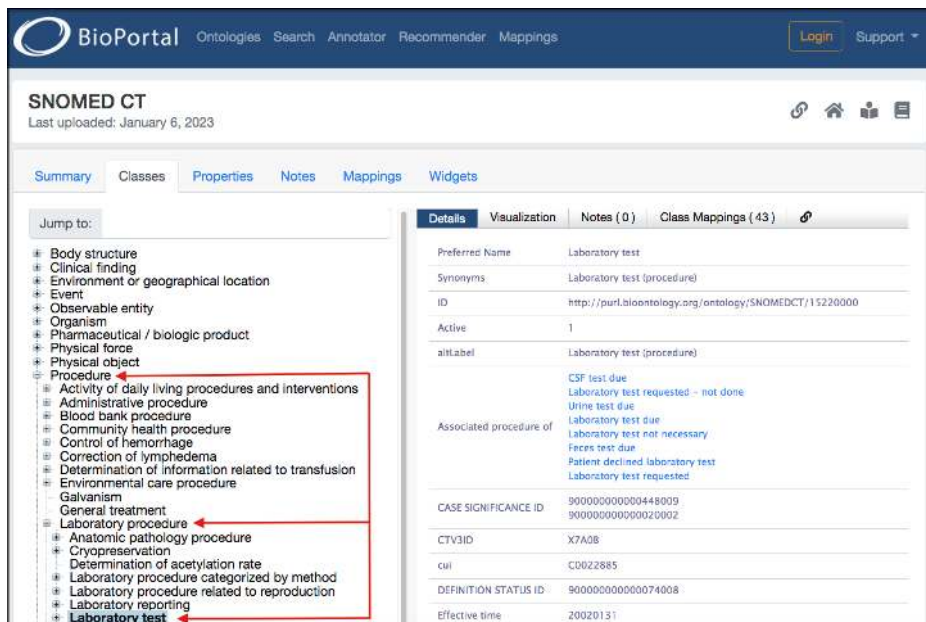


Figura 2.2: Metadatos y métricas de SNOMED CT [46], [201].

medicina clínica, construida con base en la Ontología de Ciencia Médica General (OGMS), agrega axiomas de alto nivel a los términos de SNOMED CT. SCTO es un subconjunto de SNOMED CT, consta de 304 clases, 28 propiedades y 18 instancias, se distribuye en la versión 2.0 de OWL.

Entre la funcionalidad que soporta BioPortal están diferentes mecanismos de búsqueda y consulta de términos especializados definidos formalmente en las ontologías. Por ejemplo, la Figura 2.3 muestra la jerarquía de clases y la descripción del término clínico, concepto o clase, prueba de laboratorio (*laboratory test*) en SNOMED CT. Por un lado, la interpretación del panel izquierdo es que una prueba de laboratorio *es un* tipo de procedimiento de laboratorio, y éste a su vez, *es un* procedimiento. Por otro lado, en el panel derecho se encuentran los *metadatos* que incluyen a los sinónimos, a las etiquetas alternativas o asociaciones de la Tabla 2.6 (texto con hipervínculos en color azul). Las asociaciones permiten a los usuarios ex-

plorar conceptos relacionados o discernir de manera formal y precisa, éstas son también términos clínicos.



The screenshot shows the BioPortal interface for the SNOMED CT ontology. The left sidebar contains a tree view of classes, with 'Laboratory test' selected and highlighted in red. The main content area displays the 'Details' tab for the 'Laboratory test' class, showing various properties such as Preferred Name, Synonyms, ID, Active status, and associated procedures.

Property	Value
Preferred Name	Laboratory test
Synonyms	Laboratory test (procedure)
ID	http://purl.bioontology.org/ontology/SNOMEDCT/15220000
Active	1
altLabel	Laboratory test (procedure)
Associated procedure of	CSF test due Laboratory test requested - not done Urine test due Laboratory test due Laboratory test not necessary Feces test due Patient declined laboratory test Laboratory test requested
CASE SIGNIFICANCE ID	90000000000448009 90000000000020002
CTV3ID	X7A08
cui	C0022885
DEFINITION STATUS ID	900000000000074008
Effective time	20020131

Figura 2.3: Clase prueba de laboratorio en SNOMED CT [201].

El acceso a la herramienta de visualización requiere la selección de alguna clase de la jerarquía para obtener un grafo como el de la Figura 2.4, el cual además de las relaciones jerárquicas, (de tipo *es un*), muestra nodos para la clase seleccionada y para las clases relacionadas, el número de términos especializados (*Expand Concepts*), el número de mapeos (*Expand Mappings*) o clases equivalentes en otras ontologías, así como las opciones para enfocar o redimensionar, (*Refocus Node* y *Dim Node*, respectivamente).

Los usuarios de BioPortal pueden hacer anotaciones a las ontologías ya publicadas, agregar ontologías nuevas o usar el servicio que se describe a continuación.

Tabla 2.6: Asociaciones para *prueba de laboratorio* en la ontología SNOMED CT [201].

Asociación	Traducción
Prueba de fluidos cerebro-espinales	<i>Cerebrospinal Fluid (CSF) test due</i>
Prueba de laboratorio no necesaria	<i>Laboratory test not necessary</i>
Prueba de laboratorio rechazada por el paciente	<i>Patient declined laboratory test</i>
Prueba de heces	<i>Feces test due</i>
Prueba de orina	<i>Urine test due</i>
Solicitud de prueba de laboratorio	<i>Laboratory test requested</i>
Solicitud de prueba de laboratorio - no realizada	<i>Laboratory test requested - not done</i>

2.3.1 Servicio que recomienda ontologías

Ontology Recommender es el nombre del servicio web diseñado para recomendar ontologías biomédicas, en adelante, se referenciará con el acrónimo OR. La interfaz gráfica de la versión 2.0 permite a los usuarios seleccionar entre dos opciones de recomendación: 1) básica (o por omisión) y 2) avanzada. En ambas, los datos de entrada son un conjunto de palabras clave o un texto corto, éstos se asocian con los términos de las ontologías con base en un esquema de pesos o ponderación y los siguientes criterios [100]:

Cobertura. Grado en el que la ontología cubre los datos de entrada.

Aceptación. La aprobación, popularidad o acogida de la ontología en la comunidad biomédica.

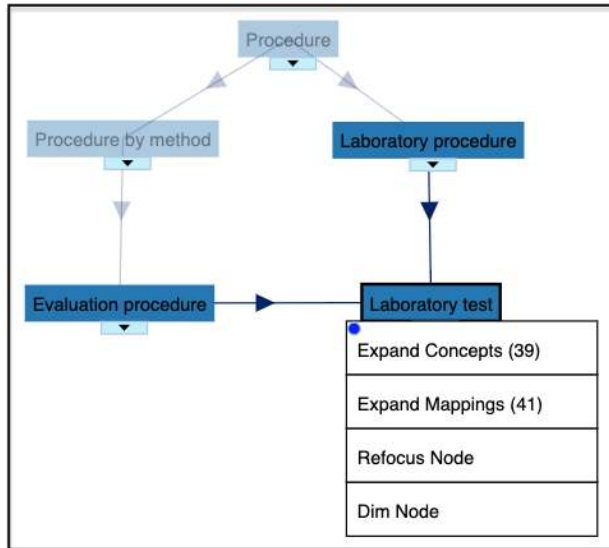


Figura 2.4: Grafo para prueba de laboratorio [201].

Nivel de detalle del conocimiento. El nivel de detalle de las clases de la ontología que cubren los datos de entrada.

Especialización. La especialización de la ontología en el dominio de los datos de entrada.

La funcionalidad de OR se agrupa en dos niveles y se resume como sigue. En la *recomendación básica*, los pesos para los criterios están predeterminados y son: cobertura (0.55), aceptación (0.15), nivel de detalle del conocimiento (0.15) y especialización (0.15), notar que la suma es igual a 1. En tanto, para la *recomendación avanzada*, los usuarios modifican estos valores a conveniencia. Como resultado, OR produce una lista ordenada de ontologías conforme a un puntaje final (*score*) y puntajes por criterio, el rango para los puntajes es de 0 a 100, (ver la Figura 2.5).

A manera de ejemplo, suponga que se desea utilizar OR para determinar qué ontologías describen conceptos relacionados con el cuidado de la salud. En primer lugar, se sugiere seleccionar las palabras clave que servirán como datos de entrada, intuitivamente se consideraron

salud (**health**) y *medicina* (**medicine**). Sin embargo, al explorar la versión en inglés de la Clasificación Internacional de Productos y Servicios vigente, (NCL 12-2023), comúnmente denominada como *Clasificación Niza* [132], no se encontró la segunda palabra, por lo que se substituyó por propósito médico (**medical purpose**). La Tabla 2.7 muestra la coincidencia de las palabras clave en la Clasificación Niza, la columna 2 corresponde al número de clase, en tanto, los números en las columnas 4 y 5 representan el número de veces que aparece cada palabra por sección (frecuencia).

Tabla 2.7: Coincidencia de palabras clave en la Clasificación Niza [132]

Palabra clave	No. de clase	Tipo de clase	Encabezado	Nota explicatoria	Total
<i>medical purpose</i>	1		0	1	1
	5		3	3	6
	10	Productos	1	5	6
	17		0	1	1
	34		0	1	1
<i>health</i>	42	Servicios	0	1	1
	5	Productos	0	1	1
	44	Servicios	0	2	2

La Figura 2.5 muestra la primer parte de la lista de resultados de una recomendación básica, la primer posición la ocupa la ontología con el puntaje final mayor, en este caso, la ontología NCIT (*National Cancer Institute Thesaurus*, Tesoro del Instituto Nacional de Cáncer). Las palabras de entrada que aparecen en color azul oscuro, (señaladas con la flecha roja), coinciden con los términos definidos en la primer ontología de la lista y se accede a su definición y jerarquía de clase correspondiente al dar click sobre ellas.

La Tabla 2.8 muestra las primeras ontologías de la lista de resultados por la recomendación avanzada con diferentes valores para los criterios, se usaron las mismas palabras clave que en la Tabla 2.7. El número entre paréntesis corresponde al puntaje final de cada ontología.

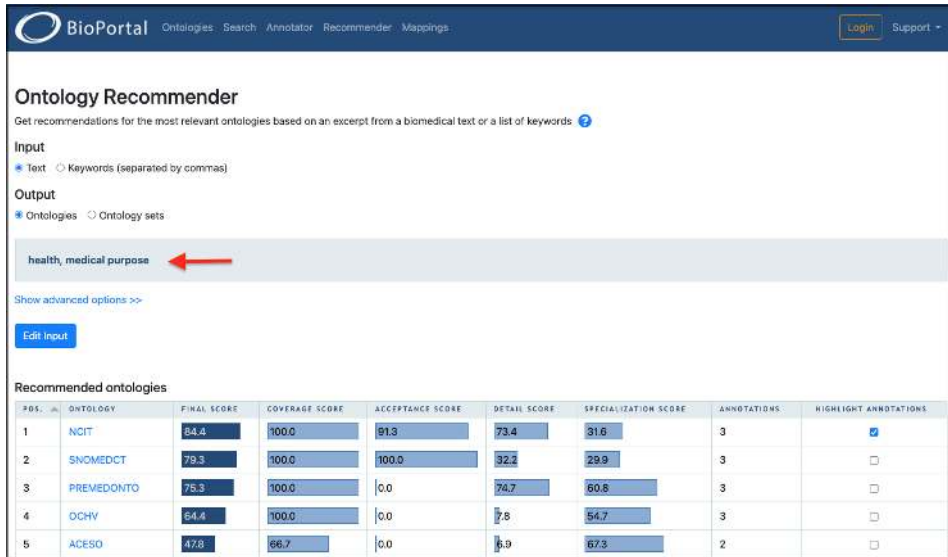


Figura 2.5: Resultado de una recomendación básica.

Sin pretender hacer una generalización, es importante observar que las cinco ontologías recuperadas en la recomendación básica aparecen en dos ocasiones en los resultados de la recomendación avanzada, así como que la ontología NCIT que apareció en primer lugar de la búsqueda básica, al modificar los pesos en los criterios obtuvo puntajes menores al máximo, 80 y 91.3.

En esta experiencia de uso, se desea hacer notar que aunque la ponderación de criterios haya producido resultados distintos, los resultados de la recomendación básica asociados con la selección de un criterio único, (peso igual a 1 en un criterio y cero en los tres restantes), produjo una lista de ontologías no mayor a 21 elementos, de entre las cuales los usuarios podrían elegir las que se ajusten en mejor medida a sus requerimientos. Como se comentó al inicio de la Sección 2.3, el total de ontologías de BioPortal es de 1,045.

Tabla 2.8: Ontologías por recomendación avanzada de OR.

Criterio: <i>peso</i>	Ontologías recomendadas (puntuaje final)
Cobertura: 1	OCHV (100),
Aceptación: 0	PREMEDONTO (80),
Nivel de detalle del conocimiento: 0	SNOMED CT (80),
Especialización: 0	NCIT (80), ACESO (80)
Cobertura: 0	SNOMED CT (100)
Aceptación: 1	NCIT (91.3)
Nivel de detalle del conocimiento: 0	-
Especialización: 0	-
Cobertura: 0	MESH (100)
Aceptación: 0	HSPO (100),
Nivel de detalle del conocimiento: 1	EFO (100),
Especialización: 0	CCONT (100), GSSO (85.9)
Cobertura: 0	ISO19115PR (100)
Aceptación: 0	ACESO (67.3),
Nivel de detalle del conocimiento: 0	OCHV (43.8),
Especialización: 1	ISO1915TCC (42.6), PREMEDONTO (40.5)

2.4 Ontología ODHT

Esta sección describe la ontología ODHT, (siglas de *Ontology of Digital Health Technologies*, ontología para tecnologías digitales de salud), la cual se recuperó al introducir las palabras clave *digital* y *health* en el navegador de BioPortal [201] como muestra la Figura 2.6. ODHT está disponible en el sitio:

<https://bioportal.bioontology.org/ontologies/ODHT>.

ODHT se emplea en este documento para ofrecer una vista en mayor detalle de los componentes de una ontología. En comparación

con las ontologías enumeradas en la Tabla 2.8, la estructura es sencilla dado que consta de 39 clases, 6 propiedades de objeto, (relaciones binarias entre instancias), 2 propiedades de datos, (relaciones entre una propiedad y un tipo de datos), 5 propiedades de anotación y 781 instancias que forman un conjunto de datos médicos.

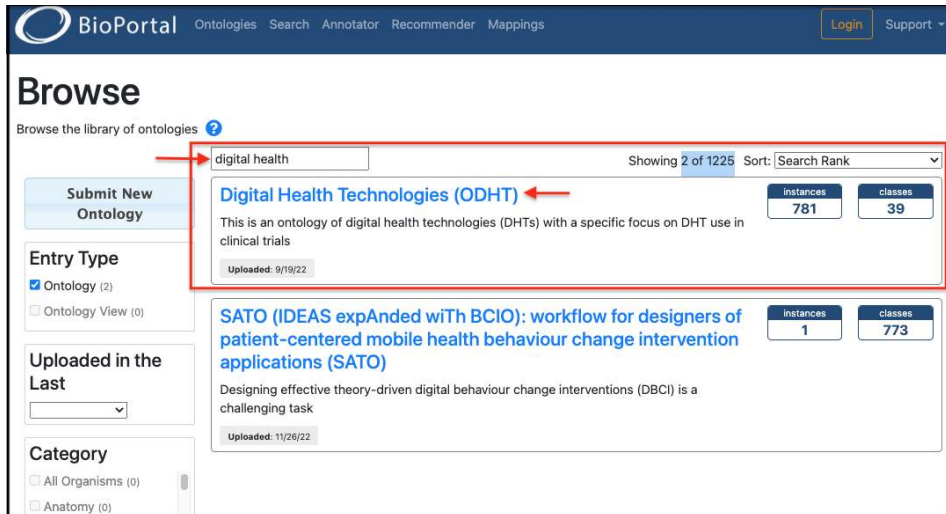


Figura 2.6: Recuperación de la ontología ODHT desde el navegador de BioPortal [201].

Las 4 clases principales son: Componente (**Component**), Fabricante (**Manufacturer**), Medición (**Measure**) y Tecnología de Salud Digital (**Digital Health Technology**), la última está compuesta por las sub-clases siguientes: 1) Estilo de vida (**Lifestyle**), 2) Para llevar (**Wearable**), 3) No es para llevar (**Non-wearable**), 4) Embalaje (**Packaging**) y 5) Otro (**Other**). Actualmente, las 781 instancias están distribuidas en la jerarquía de clases, sin embargo, se pueden agregar tantas clases e instancias (datos) como sea necesario para representar otros conjuntos y dotar a los datos de contexto a través de las descripciones de cada clase y de los diversos tipos de propiedades. Es posible también crear datos que temporalmente no pertenezcan a alguna de las clases predefinidas, pero que están relacionados de alguna manera con los existentes.

La ontología ODHT se procesa utilizando algún lenguaje de programación o se consulta desde el editor de ontologías Protégé [119], por ejemplo, para conocer los 210 fabricantes, (instancias de *Manufacturer*), o bien, listar los 142 relojes, (instancias de *Watch* de tipo productos para llevar).

Aunque el uso de técnicas de razonamiento automático está fuera del alcance de este documento, se verificó la consistencia lógica de manera que es viable la reutilización de ODHT.

El panel para realizar consultas en lógica descriptiva (*Description Logic query*) facilita la recuperación de instancias o datos de una clase en particular, por ejemplo, la Figura 2.7 muestra las 16 tecnologías subcutáneas de la clase *Subcutaneous*, así como sus super-clases. Para explorar las instancias de otra clase, basta con escribir su nombre en la caja de texto ubicada en la parte superior y marcar las casillas de la información que se desee consultar.

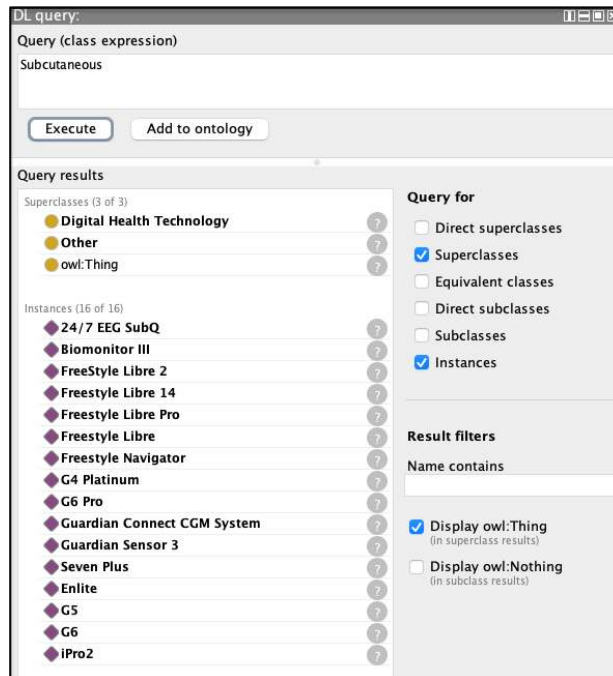


Figura 2.7: Super-clases e instancias de la clase *Subcutaneous*.

Las relaciones entre instancias se muestran en la Tabla 2.9, éstas generan clases nuevas considerando las instancias que satisfacen o participan en una relación particular. Las columnas para dominio y rango muestran desde qué clase se asocia una instancia (dominio) con otra instancia de la misma u otra clase (rango).

Tabla 2.9: Propiedades de objeto en la ontología ODHT.

Propiedad	Dominio	Rango
usedToMeasure usadoParaMedir	DHT	Measure
isManufacturedBy esFabricadoPor	DHT	Manufacturer
hasComponent tieneComponente	DHT, Component	Component, DHT
measuredBy medidoPor	Measure	DHT
isComponentOf esComponenteDe	DHT, Component	Component, DHT

Desde Protégé se pueden generar vistas tipo grafo que faciliten la exploración de las ontologías como en la Figura 2.8, que muestra los tipos de tecnologías *Wearable*, es decir, que se usan sobre el cuerpo o “para llevar” tal como los relojes (*Watch*) o los lentes de contacto (*Contact lens*).

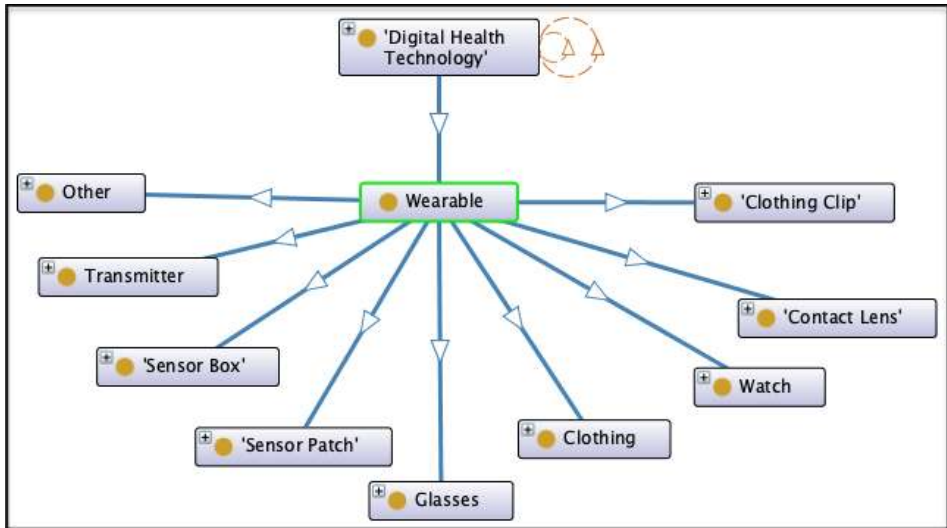


Figura 2.8: Tecnologías *wearable* definidas en la ontología ODHT.

2.5 Conclusiones

El capítulo presentó definiciones de ontologías y una clasificación. Posteriormente, se expuso la funcionalidad de dos recursos que permiten acceder a múltiples vocabularios y ontologías validadas, distribuidas bajo los términos del acceso abierto y disponibles en formatos que pueden procesarse por las computadoras; se enfatizó en la reutilización para apoyar diferentes tareas de estudiantes y profesionales del área de la salud.

Después de hacer una revisión del catálogo de LOV, se identificó una ontología de dominio, una de aplicación y seis de tareas, se expuso la utilidad de su herramienta de visualización para obtener información de interés de manera rápida. Posteriormente, se describieron las características del repositorio BioPortal y se explicó una experiencia de uso del servicio web que recomienda ontologías considerando su funcionalidad básica y avanzada.

Se hizo un acercamiento a los componentes de las ontologías al explorar a ODHT desde el editor Protégé y se mostró cómo consultar un conjunto de datos médicos modelados como instancias. Como trabajo

a futuro, se planea extender la ontología ODHT al idioma español para organizar productos utilizados por personas que consideran llevan un estilo de vida saludable.

Capítulo 3

Ciberseguridad en dispositivos IoT para el cuidado de la salud

Alejandra Guadalupe Silva Trujillo ^{1*}, *Mauricio Jacobo González González* ²

¹ Universidad Autónoma de San Luis Potosí. San Luis Potosí, San Luis Potosí, México.

asilva@uaslp.mx

² ITESM. Puebla, Puebla, México.

A00814078@tec.mx

3.1 Introducción

Las tecnologías de Internet de las cosas (IoT) han recibido una gran atención en diferentes ámbitos. Diversas áreas, como la industrial, biomédica, educativa y de entretenimiento, demandan cada vez más el uso de sistemas integrados para ofrecer una mejor experiencia de usuario a través de la conectividad y el uso efectivo de las tecnologías. El IoT se ha involucrado en actividades tanto de la industria como de las personas, incluida la atención médica, donde una persona puede

*Corresponding author: asilva@uaslp.mx

acceder a los sistemas de información del hospital para ver su información médica y personal.

A lo largo de la historia, ha habido tres grandes hitos en la tecnología. El IoT es parte de la cuarta Revolución Industrial (Industria 4.0) o el Internet Industrial de las Cosas (IIoT), donde los sistemas informáticos programados trabajan en conjunto con algoritmos de aprendizaje automático para resolver múltiples tareas [24]. Estos sistemas mejoran continuamente su capacidad para controlar y ofrecer diferentes procesos o servicios con poca interacción humana.

El IoT ha sido promovido gracias a cuatro elementos:

1. Aumento en la capacidad de cómputo, almacenamiento y conectividad.
2. Mejor capacidad para el análisis empresarial e inteligencia.
3. Nuevas formas de interacción humano-computadora.
4. Mejores métodos para transferir instrucciones digitales al mundo real, como la robótica y las impresoras 3D[55].

El IoT es una tendencia que promete modelos de negocio innovadores y una mejor experiencia de usuario a través de una conectividad sólida y el uso efectivo de dispositivos integrados de nueva generación. Estos sistemas generan, procesan e intercambian una inmensa cantidad de datos, muchos de ellos críticos y sensibles. Así mismo, esto puede considerarse una gran oportunidad para el ciberdelito.

Los ataques cibernéticos a dispositivos IoT se consideran de alto riesgo, especialmente cuando se trata de gestionar datos de salud de las personas, lo que podría causar daño físico y poner en peligro sus vidas. Las vulnerabilidades no solo afectarán la funcionalidad de estos dispositivos, sino también la salud de las personas. Porque al ser dispositivos que se espera tengan una alta demanda en la población, los fabricantes buscan optimizar sus componentes para ofrecer bajos costos y se centran en proporcionar una funcionalidad mínima, dejando de lado los requisitos básicos de seguridad. Además, muchos de

los fabricantes de estos dispositivos no ofrecen actualizaciones de software ni la instalación de parches de seguridad para mitigar o prevenir daños después de un ataque.

Luego de un trabajo de investigación se informó que más de 68,000 dispositivos médicos fueron identificados en Shodan como expuestos y, por lo tanto, accesibles en Internet público. Algunos de estos dispositivos eran máquinas de Resonancia Magnética (MRI), bombas de infusión y sistemas de marcapasos. Estos dispositivos tenían configuraciones predeterminadas. Los investigadores pudieron extraer información relacionada con números de oficina, nombres de empleados, credenciales predeterminadas, versiones de software, sistemas operativos, entre otros [189]. En algunos casos, los atacantes no se dieron cuenta de qué dispositivos estaban infectando. Si lo hubieran sabido, podrían haber obtenido mucha información confidencial y podrían haber causado daños en la infraestructura TI del hospital.

Los médicos ahora pueden programar desfibriladores cardioversores implantables (ICD) para monitorear la condición cardíaca de un paciente. Estos dispositivos pueden enviar el nivel adecuado de descarga eléctrica para que el corazón funcione correctamente [26]. Se descubrió una forma en la que un atacante podría provocar un mal funcionamiento en estos dispositivos, lo que podría generar una descarga peligrosa en el paciente.

Debido a los últimos eventos a nivel mundial derivados de la pandemia, el uso de tecnologías IoT ha ido incrementando. En estos tiempos de cambio que requieren una interacción cara a cara limitada entre las personas, estos dispositivos han sido muy útiles para comunicarse, trabajar, conocer eventos diarios, aprender, entretenerse, monitorear la salud y llevar una vida saludable.

Conocer la salud de un individuo desempeña un papel muy importante hoy en día, debido a las consecuencias que esto puede tener. Las tecnologías IoT pueden desempeñar un papel crucial en esta detección, donde las personas requieren un monitoreo continuo para evitar poner en riesgo a un grupo más amplio de personas.

La privacidad de los datos es un punto muy importante que debe regularse. Porque una violación de esta privacidad hace que las per-

sonas rechacen este tipo de tecnología, el aumento en los dispositivos también hace que estos sean un objetivo para un atacante. Por lo tanto, será un gran desafío tener la protección necesaria para los datos de cada persona. En los últimos años, se desarrollaron diferentes estrategias relacionadas con el COVID-19 y los dispositivos inteligentes. Ejemplo de ello fue realizar un rastreo de contactos efectivo considerado la importancia de la privacidad del usuario. Tratando de identificar a las personas que han estado expuestas a una persona infectada durante la ventana de contagio, al mismo tiempo que se preservara su privacidad [187].

El objetivo principal de este capítulo es mostrar las vulnerabilidades de seguridad y privacidad de los dispositivos de IoT en el ámbito de la salud y proponer una solución para protegerlos contra estas posibles amenazas. La sección II cubrirá el estado del arte, mostrando cómo trabajos anteriores han abordado este tipo de tecnología. En la sección III se describirá una propuesta sobre cómo aumentar la seguridad en estos dispositivos. Para finalizar este documento, en la sección IV se muestran las conclusiones y algunas ideas de trabajos futuros.

3.2 IoT para la salud: Seguridad y Privacidad

Las aplicaciones de atención médica son campos prometedores para el IoT, donde los pacientes pueden ser monitoreados mediante estas tecnologías con sensores médicos. Las tendencias actuales en la investigación de la salud se centran en la comunicación confiable y la movilidad del paciente, así como en la gestión eficiente de la energía.

En la actualidad, gran parte de la población adulta ha considerado monitorear su salud para su bienestar. Con la incorporación de la tecnología en las actividades de la vida diaria, existe una fuerte tendencia a buscar mejoras en la calidad de atención sin alterar la comodidad de las personas, es decir, reduciendo el tiempo de atención. En este sentido, las tecnologías de IoT son herramientas muy útiles para monitorear la salud de las personas y aquellos que necesitan un monitoreo

constante. Por esta razón, la atención médica que utiliza redes de sensores inalámbricos constituye un campo con muchos desafíos para la investigación científica. Se prevé que el futuro de la atención médica moderna en un mundo envejecido requerirá un monitoreo de salud ubicuo con la menor interacción real entre médicos y pacientes [194]. La Comisión Europea e IBM estimaron que, en esta década, más de 50 mil millones de dispositivos médicos serán compatibles con Internet [19, 35].

Sin embargo, la implementación de muchas de las nuevas tecnologías en aplicaciones de atención médica no considera la seguridad como un problema principal, lo que hace que los datos personales e incluso la vida del paciente sean vulnerables. Además, los datos fisiológicos de un individuo son altamente sensibles. Por lo tanto, la seguridad es un requisito fundamental para las aplicaciones y dispositivos de atención médica, especialmente en el caso de la privacidad del paciente si este tiene una enfermedad que requiere un monitoreo continuo.

En algunos estudios, los sistemas controlados por RFID que prometen revolucionar nuestras experiencias médicas son susceptibles a desbordamiento de búfer, inserción de código e inyección SQL [8].

Además, en la gama de dispositivos médicos IoT, se puede encontrar descripciones específicas de cómo un atacante podría enganchar nuestro dispositivo para realizar un ataque directo o rastrear de forma anónima a un paciente privado información [27].

Los grandes avances tecnológicos que han ocurrido en el sector de la salud hacen que la dependencia a estos dispositivos sea una parte vital de nuestras vidas. El aumento de la complejidad funcional, la mayor programabilidad de software y la creciente conectividad de redes inalámbricas brindan una gran ventaja en el uso de esta clase de dispositivos. Sin embargo, esto conlleva a que sean objetivos de varios ataques, tratando de explotar las diversas vulnerabilidades encontradas [122].

Este tipo de vulnerabilidades pueden ir desde la falta de disponibilidad de un servicio, o incluso tener sus datos privados de salud expuestos sin su permiso. Este tipo de circunstancias significan que el

peso de las ventajas que presentan estos dispositivos se ven superados por los riesgos que pueden traer [3].

En este capítulo hemos realizado un análisis para identificar la arquitectura de los dispositivos IoT. La figura 3.1 muestra la arquitectura que hemos considerado para verificar vulnerabilidades en cada una de las capas o fases [188]. Aunque en la literatura se pueden encontrar trabajos con mayor o diferente número de capas, nosotros hemos considerado cuatro: I) Percepción; II) Transmisión; III) Cómputo; y IV) Aplicación.

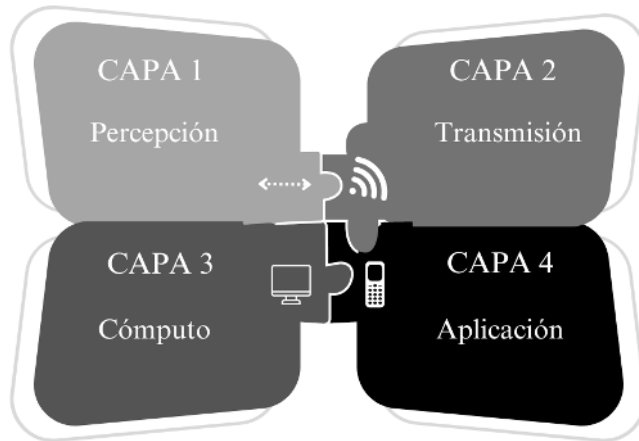


Figura 3.1: Capas IoT

La capa de percepción es la primera capa para IoT [12]. Esta fase es donde los dispositivos médicos recopilan información del paciente, como su temperatura o signos vitales, e incluso otros tipos de información, como su ubicación. Estos datos son monitoreados constantemente. Debido a que la información es recogida por los sensores, se convierte en el principal objetivo de los atacantes, tratando de obtener los datos, o incluso enviando información falsa a las siguientes etapas.

La segunda capa es la de transmisión, se utiliza para transmitir datos recopilados a través de la capa de percepción. Esta capa se encarga de conectar cosas inteligentes y redes. También tiene muchas preocupaciones de seguridad con respecto a la integridad y autenticación de la información que está siendo transportada en la red.

La capa de Cómputo la hemos encontrado en algunos casos, dentro de la literatura como parte de otra capa, sin embargo, hemos considerado la importancia de separarla dados los escenarios que deseamos mostrar. El cifrado para esta capa es necesario para la seguridad de los datos y la vigilancia del IoT. Por estas razones, es fundamental realizar un análisis en profundidad en esta etapa para el desarrollo del proyecto.

La cuarta y última capa se conoce como la capa de Aplicación. Esta capa define las aplicaciones que utilizan la tecnología IoT, la salud inteligente es una de las muchas aplicaciones incluidas. Esta capa no está exenta de amenazas y vulnerabilidades. Los ataques de código malicioso y la secuencia de comandos entre sitios, son dos de las amenazas de seguridad más comunes que se encuentran en esta capa. Otro problema en esta capa se debe a la gran cantidad de dispositivos y la gran cantidad de transmisión de datos entre usuarios lo que podría causar una perturbación en la red y pérdida de datos.

Tabla 3.1: Revisión de literatura: Ataques IoT

Ataques IoT	Trabajos relacionados			
	[165]	[172]	[142]	[148]
Ataques de espionaje	✓	✓	*	✓
Ataques de análisis de tráfico	✓	✓	*	✓
Ataques de recopilación de información	✓	*	*	*
Ataques de modificación	✓	*	✓	✓
Ataques enmascarados	✓	*	*	*
Ataques de denegación de servicio	✓	✓	✓	✓
Ataques de repetición	✓	✓	*	✓
Ataques basados en propiedades de red	*	✓	✓	✓
Ataques de código malévolo	*	*	*	✓
Ataques de phishing	*	*	*	✓

La definición de la arquitectura IoT es vital, ya que es necesario especificar las capas involucradas en las tecnologías de IoT para el es-

tudio, encontrar las vulnerabilidades en cada una de las capas definidas y buscar una solución. La literatura muestra múltiples retos y preocupaciones en diferentes dispositivos IoT. Ahora, para comprender que tan grandes son estas preocupaciones en los dispositivos de atención médica, es necesario cubrir las vulnerabilidades debido a la importancia de este tipo de tecnología y la información sensible que recopila. Para mantener la confidencialidad, integridad y disponibilidad, también conocida como la triada CIA, que representa un concepto fundamental en ciberseguridad, se han realizado muchas investigaciones. Los tipos más comunes de ataques realizados en dispositivos IoT se pueden ver en la Tabla 3.1.

La gran cantidad de ataques que existen en dispositivos de IoT [142] nos da una idea de la importancia de establecer contramedidas de seguridad contra estas amenazas. Las consecuencias que pueden tener en los dispositivos de atención médica podrían ser devastadoras. Algunas de las amenazas que se han encontrado, tienen que ver con las preocupaciones de privacidad y seguridad.

Estos datos sensibles podrían estar en riesgo con la técnica utilizada, ya que se envían a través de dispositivos que tienen métodos de autenticación deficientes para manejar este tipo de datos tan importantes, lo que plantea interrogantes sobre la confidencialidad.

Otros tipos de ataques tienen como objetivo cambiar la información de los datos, lo que dificulta confiar en los datos del paciente que se recopilaban anteriormente, dañando así la integridad del dispositivo de atención médica.

Los dispositivos médicos recopilan información en tiempo real. Si no están disponibles en todo momento del día, no solo no cumplen con su propósito, sino que también ponen en peligro la vida de un paciente al no registrar lo que podría ser, para algunos pacientes, casos de vida o muerte.

Como se puede ver, los fundamentos más importantes en ciberseguridad se han expuesto en este tipo de tecnología. Corregir estos problemas sería el siguiente paso a tomar para garantizar la confidencialidad, integridad y disponibilidad. Sin embargo, surgen numerosos

problemas adicionales al intentar aplicar nuevas formas de seguridad en dispositivos de IoT como se muestra en la Tabla 3.2.

Tabla 3.2: Revisión de literatura: Desafíos de Seguridad en IoT.

Desafíos	Trabajos relacionados				
	[165]	[142]	[30]	[179]	[80]
Limitaciones Computacionales	✓	✓	*	*	*
Limitaciones de memoria	*	✓	*	*	*
Limitaciones de energía	✓	✓	✓	*	*
Movilidad	*	✓	✓	*	*
Escalabilidad	*	✓	*	✓	*
Medios de Comunicación	*	✓	✓	✓	*
Multiplicidad de Dispositivos	*	✓	*	*	*
Topología de Red Dinámica	✓	✓	*	*	*
Multiprotocolo de Red	*	✓	*	*	*
Actualizaciones de Seguridad Dinámica	*	✓	✓	*	*
Resistente a la Manipulación Paquetes	*	✓	*	*	*
Restricciones de diseño	*	*	✓	*	*
Precio	*	*	*	✓	✓

Los descubrimientos en la literatura nos dan una idea general de los problemas que debemos abordar en un corto período de tiempo. Se han propuesto diferentes soluciones luego de encontrar algunas de las amenazas más comunes para los dispositivos portátiles [165]. El consumo de energía sigue siendo un punto crítico en esta tecnología, especialmente debido a las nuevas funcionalidades y al aumento de los requisitos que demandan más energía. Se han propuesto nuevas

técnicas para lograr una mejor eficiencia energética, lo cual representa una gran ventaja para los dispositivos portátiles al depender de la recolección de energía para ser autoalimentados.

Otra de las vulnerabilidades encontradas de seguridad en los relojes inteligentes incluye una autenticación deficiente [30]. El experimento mostró la facilidad para tomar el control de estos dispositivos mediante un ataque de fuerza bruta. Los protocolos de autenticación para acceder al dispositivo se están mejorando día a día con el objetivo de crear una clave secreta que se enfoque en medidas que no sean fáciles de descifrar para un usuario externo o posible atacante [179].

Sin embargo, uno de los mayores desafíos que llevaría mucho tiempo solucionar es la estandarización [142]. Con una amplia variedad de productos y muchos fabricantes diferentes, se crean problemas de interoperabilidad, lo que genera la necesidad de tener muchas soluciones de seguridad diferentes para un solo tipo de dispositivo.

3.3 Arquitectura de Seguridad para Dispositivos de Atención Médica de IoT

En años recientes el mundo se enfrentó a una pandemia, lo cual trajo consigo algunos cambios en los hábitos de las personas, en algunos casos, aumentando la necesidad de tecnología. El monitoreo de la salud se convirtió en un requisito que debe ser llevado a cabo por todos. Varios países llevaron a cabo el desarrollo de aplicaciones para atender a personas que puedan tener COVID-19, y de esta manera informar a todas las personas que hayan tenido contacto con ellos. Esto implicó una gran responsabilidad en cuanto al almacenamiento de los datos de las personas, los cuales, si no se encuentran bien protegidos, pueden afectar a las personas. Se observó que por miedo o ignorancia, las personas rechazaban y agredían física y verbalmente a aquellas que podrían ser portadoras de COVID-19, lo cual hace que este tipo de aplicaciones sean peligrosas si tienen vulnerabilidades que pongan en riesgo la privacidad de las personas.

El continuo crecimiento de IoT requiere una mejora muy necesaria en cuestiones de seguridad. Nuevos dispositivos médicos comienzan a unirse a IoT debido a las ventajas que puede ofrecer tales como mejores métodos de diagnóstico, más rápidos y simples; que no solo benefician a los pacientes, sino a todos los profesionales de la salud involucrados: médicos, enfermeras, ingenieros biomédicos, técnicos, radiólogos, fisioterapeutas, entre otros.

Gracias a la miniaturización en componentes de hardware, los nuevos dispositivos del IoT se han vuelto más pequeños y esto facilita su portabilidad para ser llevados consigo diariamente y durante mucho tiempo. Aprovechando los sensores modernos, podemos ver cómo las personas pueden medir diferentes señales corporales sin preocuparse por dónde se encuentran en ese momento preciso. Sin embargo, algunos de estos dispositivos todavía no son fáciles de usar. Intentar adaptar un monitor que pueda leer el ritmo cardíaco, el pulso e incluso un electrocardiograma y convertirlo en un dispositivo portátil aún ha presentado algunas dificultades para algunos usuarios.

Debido a esto, ahora podemos ver dispositivos portátiles, como los relojes inteligentes, cuyo concepto original no era leer ritmos cardíacos o mostrar un electrocardiograma, que ahora pueden hacerlo. Estos dispositivos se están considerando para el diagnóstico médico. Por ejemplo, en 2018, la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA) de Estados Unidos de América aprobó el Apple Watch Series 4 y lo clasificó como un dispositivo médico de clase 2 [80], debido a su capacidad para identificar la fibrilación auricular (FA).

Con el ingreso de los dispositivos médicos a la Cuarta Revolución Industrial y su inclusión en las tecnologías de IoT, y con algunos de los dispositivos portátiles de otros sectores que ahora forman parte del entorno médico, el desarrollo de dispositivos de atención médica está creciendo rápidamente para cubrir las necesidades de las personas. Sin embargo, con un crecimiento tan rápido, también surgen problemas. Se están encontrando más vulnerabilidades. Las tecnologías de IoT presentan muchas cuestiones de seguridad, y ahora, con dispositivos portátiles como los relojes inteligentes que se integran en el ámbito

de la atención médica, traen consigo y representan más desafíos de seguridad que deben ser resueltos.

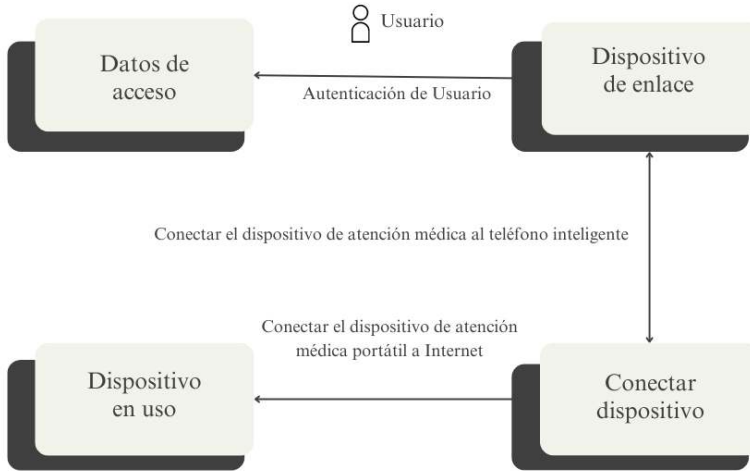


Figura 3.2: Arquitectura Operacional

Gracias a la revisión sistemática realizada en el estado actual de la investigación, pudimos encontrar los principales ataques realizados en las tecnologías de IoT y que son los mayores desafíos para corregir los dispositivos portátiles. Para dar una solución, nos hemos centrado en relojes inteligentes debido a la forma en que se utilizan para obtener datos sensibles de atención médica y porque son uno de los dispositivos portátiles más comprados. Realizamos una propuesta de las consideraciones en la arquitectura que se debe tomar en cuenta para mejorar la seguridad en este tipo de tecnología.

A) Seguridad para el acceso y almacenamiento de datos

La seguridad representa costos, los cuales se pueden ver reflejados en términos de dinero y consumo de energía [179]. La necesidad de proteger los datos transmitidos para garantizar su confidencialidad e integridad ha llevado al desarrollo de diversos métodos de autenticación. Debido a que estamos trabajando con dispositivos portátiles, el consumo de energía siempre representa un desafío para aplicar un

modelo de cifrado. Para lograr la verificación, se debe aplicar un método de cifrado ligero y de bajo costo en la comunicación de dispositivos portátiles [165], y con los diferentes atributos que estos dispositivos están captando, el cifrado biométrico es la mejor solución para garantizar la autenticación, especialmente si la medida tomada para el acceso no es fácil de descubrir, a diferencia de la huella dactilar.

B) Protocolos de comunicación

La transmisión no segura de datos a través de Bluetooth es una de las vulnerabilidades que los delincuentes aprovechan más [30], y estos protocolos de comunicación de corto alcance están incluidos en la mayoría de los dispositivos portátiles. Sin embargo, con el crecimiento acelerado de IoT, estarán disponibles diferentes protocolos de comunicación de largo alcance. Algunos ejemplos son LoRaWAN y SigFox [165], o debido a la necesidad de adquisición de datos en tiempo real, Symphony Link e Ingenu podrían ser mejores opciones [143]. Otra ventaja de estos métodos es que se consideran protocolos de bajo consumo de energía.

C) Energía

Los métodos de obtención de energía a partir de múltiples fuentes, como la energía térmica, mecánica y solar utilizadas simultáneamente, son una gran necesidad para garantizar la disponibilidad de un dispositivo médico. Se han desarrollado distintos enfoques. Uno de ellos, con resultados positivos para lograr la autosostenibilidad, aprovecha la energía térmica y solar, y funciona bien durante tareas de alta demanda [102].

La figura 3.2 muestra la arquitectura operativa del sistema, que fue desarrollada utilizando la metodología Arcadia. El propósito es comprender lo que el usuario necesita lograr. En este sentido, se propone que el usuario pueda acceder a los registros de salud que se están almacenando en los dispositivos que lleva puestos y pueda tener mayor control de ellos.

3.4 Conclusiones

Las soluciones propuestas en este capítulo se enfocaron en garantizar la confidencialidad, integridad y disponibilidad del sistema. El objetivo fue contrarrestar las vulnerabilidades más comunes en los dispositivos de IoT en el ámbito de la atención médica, especialmente en la tecnología portátil.





Debido al crecimiento de IoT, se presentan desafíos debido al gran número de dispositivos existentes hasta ahora. Diferentes estándares para estos dispositivos aumentan la dificultad de crear un único protocolo de seguridad para cada uno de ellos. No solo la heterogeneidad de estos dispositivos dificulta la tarea, sino que también las políticas de atención médica en diferentes países de todo el mundo, con diversas estrategias que regulan los dispositivos médicos y enfoques diferentes con conjuntos de reglas distintos, complican aún más la situación.

Este capítulo ha tenido en cuenta todos estos desafíos y, por esta razón, la metodología propuesta puede estar sujeta a cambios y adaptaciones según el tipo de dispositivo que se desee estudiar. La propuesta puede servir como base para futuros trabajos y se puede adaptar a los dispositivos de atención médica vulnerables existentes. Los métodos de autenticación pueden variar de un dispositivo a otro. Diferentes atributos, como la capacidad de memoria y almacenamiento, determinarán qué tipo de método de cifrado puede funcionar mejor. Al mismo tiempo, dependiendo del tipo de datos que se estén registrando, se puede contar con una técnica de acceso biométrico diferente. No se puede esperar utilizar una clave de cifrado de electrocardiograma (ECG) para una bomba de insulina, ya que estas registran otro tipo de atributo biométrico que no es fácil de descubrir. De la misma manera, el método de obtención de energía también puede variar según el dispositivo de atención médica que se esté utilizando.

El método propuesto parece ser la mejor solución cuando se habla de dispositivos portátiles, especialmente de relojes inteligentes, pero para otros tipos de dispositivos de atención médica, diferentes soluciones podrían funcionar de mejor manera.

Capítulo 4

La inteligencia artificial y su impacto en la lucha contra la COVID-19

Rosa María Valdovinos Rosas ¹, *Angélica Guzmán Ponce* ^{2*}, *J. Leonardo González Ruíz* ¹, *Javier Salas García* ¹

¹ Universidad Autónoma del Estado de México. Toluca, Estado de México, México.

rvaldovinosr@uaemex.mx

aguzman@uji.es

jlgonzalezr@uaemex.mx

jsalag@uaemex.mx

² Universidad Jaime I. Castellón de la Plana, España.

aguzman@uji.es

4.1 Introducción

En las últimas décadas, se ha evidenciado una revolución en el campo de la medicina, con un impacto significativo de la Inteligencia Artificial

*Corresponding author: aguzman@uji.es

(IA), apoyando a los profesionales médicos mediante el análisis de imágenes médicas y la asistencia en toma de decisiones clínicas [93]. Esta situación se vió más marcada con la pandemia de la COVID-19 a nivel mundial.

En diciembre de 2019, en Wuhan, provincia de Hubei, China, se registraron los primeros casos de COVID-19 causada por el virus SAR-CoV-2. Esta enfermedad se transmite principalmente a través de las gotículas que son expulsadas por una persona infectada al toser o estornudar, así como al tener contacto cercano con personas enfermas, o al tocar superficies u objetos contaminados con el virus y luego llevarse las manos a la boca, nariz u ojos.

A la fecha, se han contabilizado más de 530 millones de casos de COVID-19 y más de 6.2 millones de muertes en todo el mundo¹. Como resultado del cúmulo de información generada y con el propósito de enfrentar los desafíos planteados por la pandemia, así como la explotación de los datos existentes para facilitar la comprensión del patrón de la enfermedad se han derivado una gran cantidad de estudios que utilizan algoritmos del área de IA, tales como el aprendizaje automático, reconocimiento de patrones, minería y ciencia de datos, entre otros.

La capacidad principal de la IA en el ámbito de la medicina es su habilidad para descubrir patrones en fuentes inesperadas y establecer conexiones que normalmente los humanos no podrían anticipar, así como la generación de soluciones innovadoras de una manera no convencional, lo que amplía las posibilidades de disponer de diferentes conjuntos de datos.

El presente capítulo se incluye una revisión del estado del arte en relación a la utilización de métodos de IA y su estudio con la estructura del virus SARS-CoV-2, los factores sociales asociados y el tratamiento, además del control de pacientes infectados por el virus.

¹<https://covid19.who.int/>

toma de decisiones informadas. La Figura 4.2 muestra los enfoques en que se puede clasificar los resultados de la revisión literaria realizada.

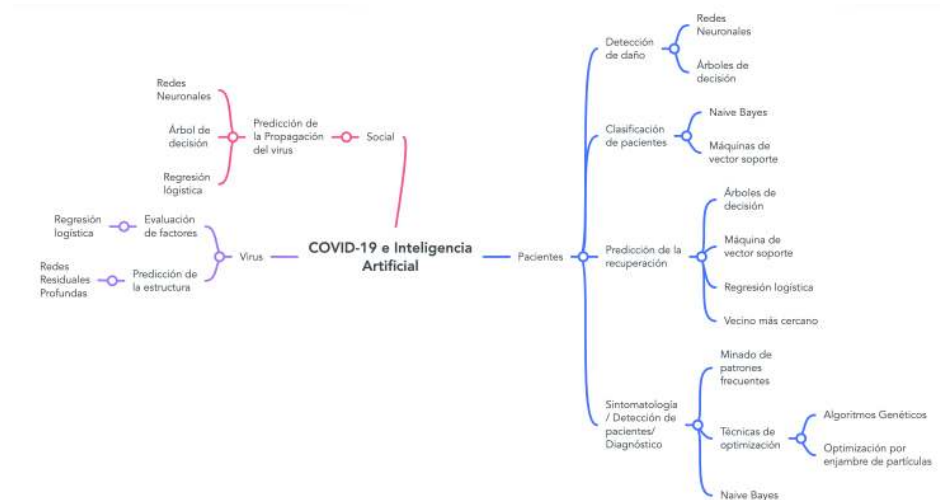


Figura 4.2: Esquema resumen de áreas de enfoque abordadas por la IA para combatir la pandemia de COVID-19.

4.2.1 IA y el virus SARS-CoV-2

La determinación de la estructura molecular de un virus es fundamental para comprender su funcionamiento y diseñar estrategias terapéuticas específicas. Aquí es donde la IA ha desempeñado un papel crucial al utilizar técnicas de aprendizaje automático para analizar datos estructurales en los que al utilizar información sobre virus previos, los científicos han logrado predecir con mayor precisión la estructura del nuevo virus, variantes y la creación de nuevos fármacos [45].

Senior et al. desarrollan el algoritmo AlphaFold, el cual emplea redes residuales profundas llamadas ResNets para predecir las estructuras proteicas de la proteína de membrana, la proteína 3a, nsp2, nsp4, nsp6 y el dominio C-terminal similar a la papaína del SARS-CoV-2, lo cual propicia un enorme impulso a los programas de descubrimiento de fármacos [34]. En otros trabajos como el propuesto por Pfab et

al. es propuesto un algoritmo basado en una red neuronal convolucional profunda personalizada, utilizada para derivar la estructura del complejo proteico del SARS-CoV-2 a partir de mapas de densidad de microscopía crioelectrónica de alta resolución y secuencias de aminoácidos [182].

En trabajos como el de Ong et al. [133], son aplicadas herramientas basadas en aprendizaje automático, para predecir las vacunas candidatas contra el COVID-19 basados en modelos de clasificación supervisados.

En seguimiento a los trabajo de clasificación del virus, Câmara et al [23] proponen el uso de una red neuronal convolucional (CNN) de aprendizaje profundo para clasificar y distinguir el SARS-CoV-2 de otros virus, sin limitar la longitud de la secuencia del genoma. Este enfoque logra una alta precisión al distinguir el SARS-CoV-2 de otros virus, además se sugiere que nuevos modos de representación de imagen del código genético viral, podrían mejorar la precisión de la técnica propuesta.

Raghav et al. [9] propone un método de Aprendizaje por Reforzamiento Profundo basado en el problema del bandido. El problema de bandidos se refiere a una situación donde se deben asignar secuencialmente una cantidad limitada de recursos a un conjunto fijo de acciones. Después de cada asignación, se recibe información que puede ser utilizada para tomar decisiones más informadas en rondas posteriores. De este modo, el objetivo que sigue esta investigación es optimizar la distribución de vacunas COVID-19. El enfoque está diseñado para abordar el problema de recursos limitados e inequidades de acceso. Los resultados muestran que VacSIM puede prevenir posibles infecciones y aumentar la eficacia de limitar la propagación de COVID-19 en un período de 45 días.

En seguimiento a métodos que buscan apoyar al estudio de vacunas, Muneer et al. [118] utilizaron modelos híbridos de redes neuronales profundas denominadas GCN_GRU y GCN_CNN, ambos surgen de la combinación de redes neuronales convolucionales de gráficos (GCN) y unidades recurrentes con compuertas (GRU) o redes neuronales convolucionales (CNN), dichos modelos pueden predecir la degradación

del Ácido ribonucleico (ARN) a partir de secuencias de ARN. El estudio demostró que modelar moléculas de ARN es crítico para comprender los mecanismos de degradación de las moléculas, lo que ayuda a minimizar problemas relacionados con la distribución de ARNm entre los pacientes. Los modelos propuestos se pueden utilizar para predecir la degradación del ARN a partir de secuencias de ARN y contribuir al desarrollo de vacunas basadas en ARNm.

Por otro lado, Elkin et al. [45] propone un enfoque de aprendizaje automático para estudiar la correlación entre las pruebas serológicas y moleculares para la infección por COVID-19, e identificar características sintomáticas significativas asociadas con la infección. El estudio recopiló datos de 2.467 donantes que fueron evaluados mediante uno o varios tipos de pruebas de COVID-19, generando características sintomáticas para representar a cada donante. Al agrupar los síntomas similares se combinaron con características demográficas, y se entrenaron cinco algoritmos de clasificación (Árboles de decisión, Regresión Logística, Máquinas de vector soporte, Redes Neuronales y refuerzo de gradientes extremo) para predecir los resultados de las pruebas de COVID-19. El estudio encontró que refuerzo de gradientes extremo logró el mejor rendimiento.

4.2.2 Factor social y la IA para control del virus SARS-CoV-2

En el ámbito social, la aplicación de la IA se centra en gran medida en predecir la propagación del virus SARS-CoV-2 y su impacto en la salud pública [174]. Los algoritmos de aprendizaje automático y el análisis de datos masivos han permitido a los investigadores y expertos en salud predecir cómo se propaga el virus en diferentes regiones y cómo podría evolucionar en el futuro. Estas predicciones han ayudado a los responsables de la toma de decisiones a implementar medidas preventivas y de mitigación de manera más efectiva [86].

Al respecto, Alali et al. [4] proponen un modelo basado en regresión de procesos gaussianos (GPR) y optimización bayesiana impulsada por datos para predecir con precisión la propagación de COVID-19 en

países altamente afectados como India y Brasil. El modelo tiene en cuenta la naturaleza dinámica de los datos de COVID-19 e incorpora mediciones rezagadas para mejorar su precisión. Las predicciones se encuentran dentro del intervalo de confianza del 95%.

Bhardwaj et al. [16] desarrollo de un modelo para predecir el número de casos recuperados, casos confirmados, muertes y recuento diario de casos con COVID-19. El modelo emplea Regresión Vectorial de Soporte, su principal objetivo es ayudar a los organismos gubernamentales a prepararse para otra ola y garantizar la disponibilidad de los recursos necesarios.

Por otro lado, Ayyildiz et al. [10] proponen un modelo basado en Redes Neuronales Artificiales (ANNs) para el diseño de un mecanismo efectivo de cadena de suministro de sangre para hacer frente a la pandemia de COVID-19. Primero identifican personas recuperadas para identificar posibles donantes para el tratamiento con plasma convalesciente, todo esto mediante el uso de redes neuronales, así mismo, la red permite predecir el número diario de pacientes recuperados de COVID-19. En general, el estudio concluye que el modelo propuesto es robusto y puede aplicarse ampliamente en otras partes del mundo para pronosticar el número de pacientes recuperados de COVID-19, facilitando así un mecanismo efectivo de cadena de suministro de sangre para hacer frente a la pandemia.

En línea con los avances en los métodos de predicción de la propagación del virus, Sujath et al. [176] llevaron a cabo un estudio para estimar los patrones epidemiológicos y la tasa de casos de COVID-19 en India. A través del análisis de datos recopilados de COVID-19 en Kaggle, utilizaron técnicas de regresión lineal y perceptrón multicapa para examinar los casos confirmados, las muertes y las recuperaciones en todo el país. Este enfoque permitió al modelo generar predicciones y estimaciones sobre las posibles tendencias e impactos del COVID-19 en India.

Arias y Mejía [7] utilizaron métodos de regresión lineal para analizar las infecciones históricas y pronosticadas de muertes por COVID-19. Este enfoque les permitió obtener una imagen cuantitativa de la propagación de la epidemia, incluyendo tasas de infección, letalidad y re-

cuperación en los Estados Unidos y sus ciudades y provincias desde el 21 de enero hasta el 12 de abril de 2020. Según su estudio, una estrategia de contención con cuarentenas más restrictivas podría ser más efectiva en la prevención de tasas críticas de infección y muerte.

4.2.3 La IA en el tratamiento y control de pacientes con COVID-19

En la predección de la propagación del virus, el tratamiento y control de pacientes la IA también ha sido de gran importancia. Para ello, se han desarrollado métodos de diagnóstico más eficientes, que permiten una clasificación precisa de los pacientes afectados por COVID-19, así como también la predicción de su recuperación y la sintomatología y/o diagnóstico oportuno [205].

En [159] los autores buscan realizar la predicción de la propagación del virus y el desarrollo de sistemas de alerta temprana, tomado información de redes sociales, llamadas de emergencia y los sitios de noticias. El estudio permitió determinar las regiones vulnerables e identificar un grupo de casos de neumonía, prediciendo el brote de COVID-19 y la ubicación geográfica de éste con algoritmos de aprendizaje automático.

Por otro lado, Lalmauanawma et al. [88] construyeron modelos de redes neuronales artificiales y árboles de decisión a partir de imágenes de radiología o de tomografía para la detección rápida del daño en los campos pulmonares presuntivamente por el SARS-CoV-2.

Yegorov et al. [209] realizan un estudio con pacientes enfermos por COVID-19 hospitalizados en Kazajstán entre febrero y abril de 2020. Para ello se comparan los datos demográficos, clínicos, de laboratorio y radiológicos de pacientes con diferentes grados de gravedad de COVID-19 al ingreso y emplea regresión logística para evaluar los factores asociados con la gravedad de la enfermedad y la muerte hospitalaria. Los autores concluyen que la edad avanzada, las comorbilidades, el aumento del recuento de leucocitos y el sexo masculino fueron factores de riesgo para la gravedad y la mortalidad de la enfermedad COVID-19 en Kazajstán.

De igual modo, Heydari et al. [72] clasifican la información sobre los pacientes infectados por SARS-CoV-2 según las características de los pacientes en función de los síntomas clínicos, los parámetros de laboratorio y las imágenes radiológicas utilizando algoritmos de aprendizaje supervisado y no supervisado.

Los resultados obtenidos se comparan con el diagnóstico de los médicos y revelan una precisión del 92,5%, identificando como características más importantes: edad, afectación pulmonar y SPO2.

Cohen et al. presentan un modelo para predecir el grado de gravedad de la neumonía por COVID-19 utilizando imágenes de radiografía de tórax frontal para entrenar un modelo basado en redes neuronales artificiales. Los resultados obtenidos, permitieron escalar o desescalar el tratamiento otorgado, especialmente en los pacientes de cuidados intensivos [116].

El desarrollo de modelos para la predicción de la recuperación de los pacientes infectados por el COVID-19 utilizando el conjunto de datos epidemiológico de los pacientes infectados de Corea del Sur se presenta en [166]. Los autores utilizan árboles de decisión, máquina de vector soporte, regresión logística, bosque aleatorio y vecino más cercano, logrando predecir el número mínimo y máximo de días para que los pacientes con COVID-19 se recuperaran del virus, el grupo de edad de los pacientes que tienen un alto riesgo de no recuperarse y los que podrían recuperarse rápidamente. Los resultados demostraron que el modelo desarrollado es eficaz para predecir con un 99,85% de precisión la posibilidad de recuperación de los pacientes infectados.

Tandan et al. descubren patrones y reglas generales de síntomas considerando la edad, sexo, condición crónica y estado de mortalidad, entre los pacientes de COVID-19 [139]. Para ello, se analizan retrospectivamente los datos de los pacientes de COVID-19 puestos a disposición en línea por el Wolfram Data Repository. Con técnicas de aprendizaje automático y minado de patrones frecuentes, se identificaron síntomas frecuentes y se logró definir patrones en las reglas descubiertas. Al respecto, se concluyó que los síntomas más frecuente son fiebre (67%), seguido de la tos (37%), el malestar o el dolor corporal (11%), neumonía (11%) y dolor de garganta (8%). El infarto de

miocardio, la insuficiencia cardíaca y la enfermedad renal estaban presentes en menos del 1% de los pacientes. Las diez reglas de síntomas más significativos (de las 71 generadas) mostraron la tos, el shock séptico y el síndrome de dificultad respiratoria como consecuencias frecuentes.

Muhammad et al. Utilizaron regresión logística, árbol de decisión, máquina de vector soporte, Naïve Bayes y red neutral artificial utilizando un conjunto de datos epidemiológico etiquetado para casos positivos y negativos de COVID-19 en México [115]. En el estudio consideró el análisis de coeficiente de correlación entre varias características para determinar la relación existente entre ellas y de este modo desarrollar los modelos. Los resultados experimentales mostraron que el árbol de decisión brindó la mayor precisión (94,99 %), la máquina de vectores de soporte la mayor sensibilidad (93,34 %) y Naïve Bayes la mayor especificidad (94,30 %).

Shaban et al. [167] presentan una estrategia para detectar a los pacientes infectados por COVID-19, denominada Distance Biased Naïve Bayes (DBNB), de la cual se resaltan dos contribuciones: una nueva técnica de selección de características llamada Advanced Particle Swarm Optimization (APSO) que elige las características más informativas y significativas para diagnosticar a los pacientes de COVID-19 y, un nuevo modelo de clasificación, que combina pruebas de modelos de clasificación estadísticos y basados en la distancia. Los resultados experimentales demostraron que el DBNB supera a las recientes estrategias de diagnóstico de COVID-19, ya que introduce la máxima precisión con la mínima penalización de tiempo.

Mansour et al. [104] desarrollan una estrategia para apoyar el diagnóstico oportuno de COVID-19 denominada Feature Correlated Naïve Bayes (FCNB). En su funcionamiento, la propuesta consta de cuatro fases: 1. selección de características, 2. agrupación de características, 3. ponderación de características maestras y 4. la clasificación con Naïve Bayes. En la Fase 1 se seleccionan sólo las características más eficaces entre las minadas de las pruebas de laboratorio tanto para los pacientes con COVID-19 como para las personas sin el, utilizando un algoritmo genético. En la Fase 2 se construyen clusters de carac-

terísticas basados en las características seleccionadas utilizando una técnica novedosa de clustering. En la Fase 3, se asigna un peso a cada característica seleccionada utilizando un nuevo método de cálculo de pesos. En la Fase 4, se utiliza el algoritmo Naïve Bayes ponderado con modificaciones como la correlación entre características para fines de clasificación. La propuesta mostró mayor eficacia con precisiones de detección hasta del 99% respecto el estado del arte.

Con el uso de aprendizaje profundo, se han desarrollado métodos para detectar personas infectadas por COVID-19, tal es el caso del método propuesto por Hoang et al. [73], el cual detecta pacientes positivos de COVID-19 a partir de los sonidos de su tos. Dicho método consta de extraer características que representan el sonido de la tos, mediante el uso de modelos conocidos en aprendizaje profundo como (ResNet50, DenseNet121, MobileNetV1, etc.) y la caracterización a mano. Tomando estas características, evalúan y aplican algoritmos de clasificación como redes neuronales, máquinas de vector soporte y árboles de decisión. El enfoque logró el obtener resultados competitivos para el conjunto de datos Track-2 del Segundo Desafío DiCOVA 2021, obteniendo el segundo lugar.

En línea con modelos basados en redes y aprendizaje profundo, Li et al. [92] propone un modelo de diagnóstico asistido por computadora (CAD) llamado Cov-Net para el reconocimiento del COVID-19 a partir de imágenes de radiografía de tórax. El modelo utiliza una red residual modificada con convolución asimétrica y un mecanismo de atención para extraer características. Los resultados experimentales en dos bases de datos públicas de radiografía de COVID-19 demostraron la practicidad y eficacia de Cov-Net.

Con la constante creación de conjuntos de datos de rayos-x, diversos estudios han usado estos conjuntos de datos para clasificar y/o detectar el virus causado por la COVID-19, tal es el caso de Karar et al. [84] quienes proponen un marco de trabajo de clasificadores de aprendizaje profundo en cascada para mejorar el rendimiento de los sistemas de diagnóstico asistido por ordenador (CAD). Su propuesta simplifica la complicada clasificación multi-etiqueta de las imágenes de rayos X mediante una serie de clasificadores binarios para cada

caso de estado de salud examinado. La arquitectura en cascada de los clasificadores de COVID-19 y neumonía puede utilizar diferentes modelos de aprendizaje profundo afinados simultáneamente, logrando un mejor rendimiento en la confirmación de casos positivos. Los resultados sugieren un mejora en la clasificación de COVID-19, neumonía viral y neumonía bacteriana.

Siguiendo la línea de la complejidad de clasificar la COVID-19 de otras enfermedades similares, como es la neumonía, mediante el uso de conjunto de datos de rayos x, se encuentra el trabajo de Zahirul et al. [81], cuya contribución se encuentra en combinar una red neuronal convolucional (CNN) y una memoria a corto y largo plazo (LSTM, por sus siglas en inglés de long short-term memory), este último es una red neuronal que usa unidades de memoria para almacenar información a largo plazo. Estas celdas de memoria están diseñadas para mantener y actualizar la información a través del tiempo, lo que permite a la red recordar patrones y secuencias a largo plazo. El sistema propuesto diagnositca COVID-19 con una precisión del 99.4%.

Debido a su confiabilidad y rapidez en el diagnóstico, diversos estudios hacen uso de la tomografía computarizada (TC) de tórax, tal es el caso de Shah et al. [168], los cuales desarrollaron un método basado en aprendizaje profundo con redes como CTnet-10, DenseNet-169, VGG-16, ResNet-50, InceptionV3 y VGG-19 para el diagnóstico temprano y preciso de COVID-19. Los resultados mostraron que el modelo VGG-19 logró la mayor precisión.

Por otro lado, Wang et al. [200] propone el uso de la red UNet para el diagnóstico de COVID-19. La UNet es una red profunda en forma de U, que consiste en una capa de codificación y una capa de decodificación simétricas conectadas por un puente o paso de información de menor resolución, que ayuda a preservar la información espacial en la segmentación de imágenes. La capa de codificación reduce la resolución espacial de la imagen y extrae características, mientras que la capa de decodificación aumenta la resolución espacial y utiliza información de características para generar una máscara de segmentación. Por lo que, el modelo usa la UNet para segmentar la región del pulmón, posteriormente usa una red neuronal profunda 3D para prede-

cir la probabilidad de infección por COVID-19 y localizar lesiones de COVID-19.

4.3 Conclusiones

En este capítulo se realizó la revisión bibliográfica de algunos de los estudios que contribuyen alternativas de solución para el diagnóstico, análisis y tratamiento del COVID-19.

De los trabajos revisados, la mayoría de ellos se centran en identificar y estudiar los factores de riesgo que influyen en la aparición de COVID-19 en pacientes, en tanto que poco menos se centran en el análisis y propuesta de tratamientos certeros una vez adquirida la enfermedad.

Respecto a los algoritmos más utilizados, se pudo observar que la mayoría de los trabajos hacen uso de algoritmos de clasificación como árboles de decisión k-NN y Naïve Bayes. En relación a las técnicas descriptivas para realizar el minado de datos, la mayoría hace uso de algoritmos de agrupamiento y otras técnicas de selección y extracción de características para la detección y el diagnóstico. Algo interesante de observar es la poca utilización de los métodos de aprendizaje por refuerzo, clasificación híbrida o técnicas de optimización, como los algoritmos genéticos y la optimización de enjambre de partículas.

Producto de los resultados experimentales de las investigaciones anteriormente expuestas indicaron que la edad y los síntomas son los dos factores dominantes en el desenlace de los pacientes infectados. De igual modo, los factores dominantes coincidentes en los trabajos analizados, que influyen en posibles complicaciones de la enfermedad, indican tres características principales: la gravedad de la enfermedad, la edad del paciente y el historial de enfermedades crónicas.






La mayoría de los trabajos existentes en la literatura están más centrados en identificar la COVID-19 en pacientes. Sin embargo, la aplicación de técnicas de IA en el análisis de tratamientos certeros una vez adquirida la enfermedad también es esencial.

Independientemente del creciente número de estudios que se desarrollan alrededor del mundo, aún existen áreas de estudios por explorar, tales como la predicción de rebrotes de la enfermedad, la identificación y diferenciación entre las variantes de cepas del SARS-CoV-2 y otras formas de neumonía, efectos secundarios de las vacunas, estimación de la inmunidad adquirida por vacunas o de forma natural, entre otros. Estos estudios ayudarán a especialistas del área médica al rededor del mundo a tratar de forma más certera la enfermedad, disminuyendo la aparición de secuelas y sobretodo disminuir las muertes a causa de la enfermedad o a consecuencia de ella.

Por último, los posibles escenarios a corto y mediano plazo, se orientan a vislumbrar cómo la IA puede influir en las siguientes pandemias, de tal modo que los estudios existentes hasta el día de hoy podrían permitir su utilización para prepararnos mejor, transformándose de este modo en una herramienta de prevención y no solamente de ayuda a la solución del problema.

Capítulo 5

Modelo Matemático para Pronóstico de Supervivencia de Casos de Covid-19 en México

David Joaquín Delgado-Hernández ^{1*}, *Miguel Ángel Mendoza-Lugo* ², *Oswaldo Morales-Nápoles* ², *Aarón Caro-Guzmán* ¹, *David Ibarra-González* ¹

¹ Universidad Autónoma del Estado de México. Toluca, Estado de México, México.

ddelgadoh508@profesor.uaemex.mx

aarons_34@hotmail.com

ibarradav@gmail.com

² Delft University of Technology. Netherlands, The Netherlands.

mendozalugo@gmail.com

O.MoralesNapoles@tudelft.nl

*Corresponding author: ddelgadoh508@profesor.uaemex.mx

5.1 Introduction

La propagación del síndrome respiratorio agudo del coronavirus 19 (Covid-19) alcanzó a mediados de 2023 a más de 200 países [203]. Con 767'750,853 casos confirmados y 6'941,095 de decesos a nivel mundial, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró el fin de la pandemia como amenaza internacional el 5 de Mayo de 2023 [137].

En México se han registrado 7'627,255 personas infectadas y 334,240 fallecimientos [57]. En cuanto a edad, la media de la distribución de casos oscila entre los 25 y los 45 años, 46.35 % son hombres, 53.65 % son mujeres, hay 9.58 % hospitalizados y 90.42 % ambulatorios [57]. Estos datos estadísticos, que han sido actualizados diariamente desde el inicio de la pandemia en 2020 [163], facilitan la construcción de modelos matemáticos, tomando en cuenta las variables registradas sistemáticamente por el sector salud.

En este capítulo, se presenta una Red Bayesiana capaz de calcular la probabilidad de supervivencia, construida con base en los datos de la Secretaría de Salud en México [163]. Se trata de un modelo que cuenta con 20 variables, que considera tanto las características individuales de un paciente, como sus factores de riesgo, para determinar la probabilidad buscada.

5.2 Modelos matemáticos para Covid-19

En un intento por entender la expansión del virus, diversos modelos matemáticos han sido desarrollados. Adiga et al ([1]) señalaron que los modelos pueden surgir al inicio de la pandemia, con el fin de conocer su origen y rutas de propagación. También se pueden generar durante la pandemia, para determinar las tasas de contagio y tomar las medidas pertinentes que faciliten su contención. Y se pueden desarrollar al final de la pandemia, para determinar sus impactos y establecer estrategias de recuperación en las áreas afectadas.

Más aún, los mismos autores reportaron la existencia de modelos para identificar personas susceptibles de enfermarse, personas infectadas y personas recuperadas. Hay otros para calcular el crecimiento

de la pandemia. Otros son para generar estrategias de contención. Unos más para determinar los riesgos de contagio. Existen los que tienen por objetivo la generación de políticas de cierre de actividades. Y hay otro grupo que tiene como finalidad estimar la probabilidad de sobrevivencia de un individuo que presenta síntomas y que ha estado en contacto con algún paciente contagiado [1].

El Centro para el Control y Prevención de Enfermedades ([25]) realizó una búsqueda detallada de los diferentes modelos matemáticos relacionados con el pronóstico de supervivencia ante el Covid-19. Por mencionar algunas, las herramientas han sido desarrolladas por: Alpert, Auquan Data Science, Berkeley Yu Group, Bob Pagano, Carnegie Mellon University, Center for Disease Dynamics, Economics & Policy, Columbia University, Columbia University and University of North Carolina, Covid-19 Simulator Consortium, Covid Act Now, Discrete Dynamical Systems, Facebook AI Research, Federal Reserve Bank of San Francisco/Wilson, Georgia Institute of Technology Center for Health and Humanitarian Systems, Georgia Institute of Technology College of Computing, Google and Harvard School of Public Health, The Hong Kong University of Science and Technology, Imperial College London, Institute for Business Forecasting, Institute of Health Metrics and Evaluation, Iowa State University, IQVIA Analytics Center of Excellence, John Burant, Johns Hopkins University, Applied Physics Lab y otras 50 adicionales.

Este recuento demuestra el interés que el tema ha despertado en la comunidad científica internacional. En un esfuerzo por desarrollar un modelo apropiado para el contexto Mexicano, con datos nacionales de pacientes atendidos en el sector salud, se ha desarrollado un modelo probabilístico. Para este fin, las Redes Bayesianas (RB) han representado una herramienta útil, por lo que se describen brevemente a continuación.

5.3 Redes Bayesianas

Se trata de una representación gráfica acíclica y dirigida de variables con sus dependencias. Son una herramienta clara y flexible, que facilita la elaboración de modelos conceptuales y cuantitativos ([63]). Están compuestas por nodos y arcos (flechas) que los unen. Los nodos forman la estructura del modelo, facilitando su comprensión. Un nodo puede ser padre o hijo, y puede tener varias generaciones. Las redes pueden ser discretas o continuas. En el caso de la presente investigación, se optó por las primeras en virtud de los estados que asumen las variables consideradas. Para una descripción detallada de la teoría detrás de las RB, el lector interesado puede consultar ([63]).

En lo que se refiere a su uso en el entorno del Covid-19, Hosseini e Ivanov ([74]) propusieron una para identificar interrupciones y administrar cadenas de suministro durante la pandemia en Norteamérica. Por otro lado, Sinclair et al ([171]) emplearon la técnica para evaluar el riesgo y los beneficios de la vacuna Pfizer en el contexto Australiano. Fenton et al ([48]) desarrollaron una Red Bayesiana en el Reino Unido, para determinar la probabilidad individual de contagio. Para ello, tomaron en cuenta factores de riesgo, síntomas e interacción social. Así, llegaron a una red con ocho variables que tomaba en cuenta edad, factores de riesgo, tos, pérdida del olfato, prueba de Covid-19, tipo de prueba para detectar el virus y resultado de la prueba. Con esa información, se predecía el nivel de severidad de la enfermedad teniendo en cuenta cuatro estados: sano, asintomático, síntomas leves y síntomas severos.

Zhang et al ([210]) emplearon el enfoque Bayesiano para determinar la eficacia de los tratamientos para el Covid-19 a nivel internacional. Entre sus principales hallazgos se puede destacar que el remdisivir reduce la posibilidad de necesitar ventilación mecánica, que la inmunoglobulina disminuye el riesgo de muerte, que la ivermectina resulta en una mejor eliminación viral y que el uso de agentes antineoplásicos se asoció con menos casos de mortalidad. Asimismo, Mayfield et al ([108]) diseñaron una RB para estimar los riesgos y los beneficios de usar la vacuna de AztraZeneca en Australia. En virtud de que la

muerte por trombosis se detectó como un efecto secundario de su uso, desarrollaron un modelo para evaluar la conveniencia de aplicar esa vacuna. Entre las variables que consideraron están: edad, sexo, variante del virus y tasa de propagación en la comunidad para determinar tanto el riesgo de morir por trombosis como el riesgo de morir por Covid-19.

Esta revisión de aplicaciones de las RB en el entorno del Covid-19, aceptadamente no exhaustiva pero ilustrativa, revela la importancia de generar modelos de diagnóstico y pronóstico de la enfermedad. Así, en la siguiente sección se presentan los detalles que llevaron a la construcción de una RB útil para predecir la probabilidad de supervivencia ante el Covid-19 en México.

5.4 Red Bayesiana en México

La RB propuesta tiene un total de 20 nodos. Todos ellos pueden asumir solamente dos estados. Así, se trata de una red discreta. La fuente de datos empleada para su construcción, puede ser consultada en la Secretaría de Salud de México ([163]). El programa utilizado para su construcción es Hugin[®]. Es relevante destacar que, en el contexto de este estudio, la estructura de la RB es provista manualmente por expertos, mientras que las distribuciones marginales son derivadas a partir de los datos. La obtención de la estructura de la RB se compone de cuatro etapas. Durante la etapa I, se realiza un análisis exhaustivo de la base de datos con el objetivo de obtener las distribuciones marginales de todas las variables contenidas en la misma. En la etapa II, se formula un esbozo preliminar de la RB que abarca la totalidad de las variables. En la etapa III, dicho esbozo se somete a la revisión y modificación por parte de los expertos, quienes se aseguran de que la estructura refleje de manera precisa las dependencias inherentes al modelo, tomando como base su conocimiento especializado. Finalmente, en la etapa IV, los expertos llevan a cabo una revisión conjunta y discuten sus hallazgos individuales con el propósito de alcanzar un consenso proporcionando la estructura de RB final. En la Tablas 5.1 y

5.2 se presentan las variables consideradas en la investigación. Todas ellas extraídas de la base de datos referida, incluidas sus descripciones.

Tabla 5.1: Variables utilizadas en la Red Bayesiana

Variable	Descripción	Estado	
		1	2
Sexo	Identifica el género del paciente.	Mujer	Hombre
Embarazo	Identifica si la paciente está embarazada.	No	Sí
Edad	Identifica si el paciente está dentro de la edad de alto riesgo (65 años o mayor).	Menor de 65 años	65 años o mayor
Sector Público	Identifica el tipo de institución del Sistema Nacional de Salud que brindó la atención. El negativo corresponde al sector privado.	No	Sí
USMER	La vigilancia centinela se realiza a través del sistema de unidades de salud monitoras de enfermedades respiratorias (USMER). Las USMER incluyen unidades médicas del primer, segundo o tercer nivel de atención. También participan como USMER las unidades de tercer nivel que por sus características contribuyen a ampliar el panorama de información epidemiológica, entre ellas las que cuentan con especialidad de neumología, infectología o pediatría.	Fuera de USMER	USMER
Asma	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de asma.	No	Sí
Neumonía	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de Neumonía.	No	Sí

En la Figura 5.1 se observa la representación gráfica de la RB. Las variables en la parte superior de la red son: sexo, embarazo, edad, sector y origen. Estas identifican al paciente que será analizado. En el segundo nivel se encuentran los nodos que se asocian con los antecedentes clínicos y síntomas de un paciente. Se trata de: asma, neumonía, tabaquismo, EPOC, cardiovascular, hipertensión, diabetes

Tabla 5.2: Variables utilizadas en la Red Bayesiana (continuación)

Variable	Descripción	Estado	Estado
		1	2
Tabaquismo	Identifica si el paciente tiene hábito de tabaquismo.	No	Si
EPOC	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de EPOC (Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica).	No	Si
Hipertensión	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de hipertensión.	No	Si
Cardiovascular	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de enfermedades cardiovasculares.	No	Si
Diabetes	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de diabetes.	No	Si
Renal crónica	Identifica si el paciente tiene diagnóstico de insuficiencia renal crónica.	No	Si
Obesidad	Identifica si el paciente tiene diagnóstico de obesidad.	No	Si
Inmunosupresión	Identifica si el paciente presenta inmunosupresión.	No	Si
Clasificación Final	Identifica si el paciente es un caso de Covid-19 según el catálogo "clasificación final" de la base de datos de la Secretaría de Salud (SS, 2023).	Negativo Covid-19	Positivo Covid-19
Intubado	Identifica si el paciente requirió de intubación.	No	Si
Supervivencia	Identifica si el paciente sobrevivió.	No	Si

y enfermedad renal crónica. En el tercer nivel se ubicaron cuatro variables, la primera se denomina “pulmonar” y concentra a las enfermedades relacionadas con los pulmones que están en el nivel superior dentro de la red. Siguiendo la misma filosofía, el segundo nodo se llamó “crónico degenerativas” para referirse a las enfermedades de ese tipo que son sus padres dentro de la red. La tercera y cuarta variable fueron obesidad e inmunosupresión. En el cuarto nivel de la red se colocaron las variables: clasificación e intubado. Por último, se tiene el nodo de interés denotado como “supervivencia”.

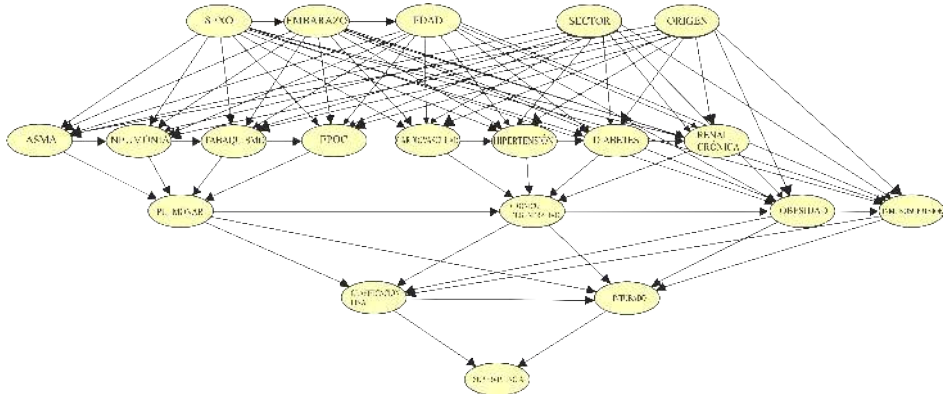


Figura 5.1: Red Bayesiana para Pronóstico de Supervivencia en México (Elaborada con Hugin®)

Los datos usados para construir la RB fueron los acumulados desde el inicio de la pandemia y hasta Febrero de 2021, que es cuando comenzó la campaña masiva de vacunación en México. Los pacientes que se tomaron en cuenta en la muestra son los que estuvieron hospitalizados. Por lo tanto, los análisis que se realizarán más adelante no consideran pacientes vacunados. Así, en la Figura 5.2 se muestran las distribuciones de probabilidad para cada una de las variables incluidas en la RB con los datos de la secretaría de salud hasta la fecha de corte.

Por ejemplo, el nodo sexo indica que el “estado 1” tiene 42.08%, que con base en la Tabla 1 corresponde a “mujer”. En contraste, el “estado 2” que se refiere a “hombre” tiene el 57.92%. Ambos suman el 100% de la muestra considerada. De igual manera, la variable embarazada

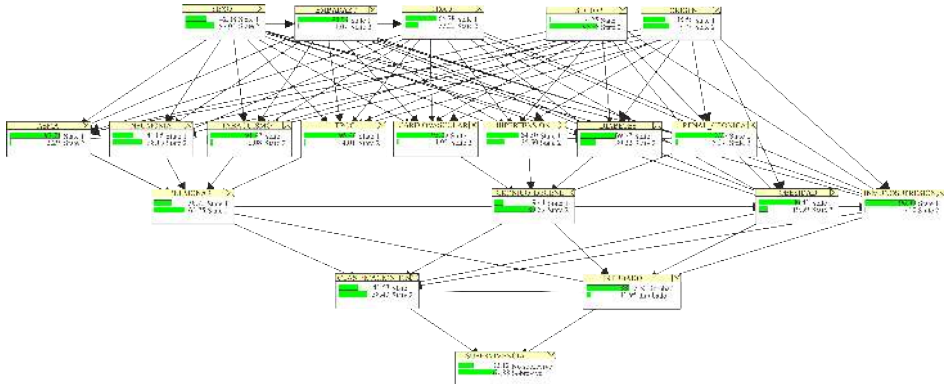


Figura 5.2: Distribuciones de Probabilidad en la Red Bayesiana (Elaborada con Hugin[®])

tiene un 98.93% para el “estado 1” que significa “no”. Por lo que solo el 1.07% de las pacientes incluidas en la base de datos estaba preñada. El resto de las variables se interpretan igual. Como se puede apreciar en el último nodo, la probabilidad de supervivencia con la muestra analizada era de 67.8%. Es decir, que dos de cada tres pacientes que estuvieron en el hospital por Covid-19, lograron sobrevivir al virus en aquel momento. De esta forma, en la siguiente sección se presentarán los resultados obtenidos con la RB propuesta.

5.5 Análisis y Discusión de Resultados

Para ilustrar la utilidad práctica del modelo desarrollado, a continuación se describirán algunos ejemplos hipotéticos de pacientes con Covid-19 en México. Se presenta en primer lugar un caso ilustrativo para conocer la probabilidad de supervivencia (variable objetivo) de un paciente con las siguientes condiciones:

Hombre, atendido en una unidad del sector público ubicada en el territorio nacional, presentando tabaquismo y diabetes. Se desconoce si presenta las demás condiciones. Para poder obtener la probabilidad de supervivencia del caso hipotético presentado, el analista deberá de ingresar las condiciones iniciales en Hugin[®]. En la Figura 5.3

se puede ver como se ha colocado la evidencia descrita en los nodos correspondientes.

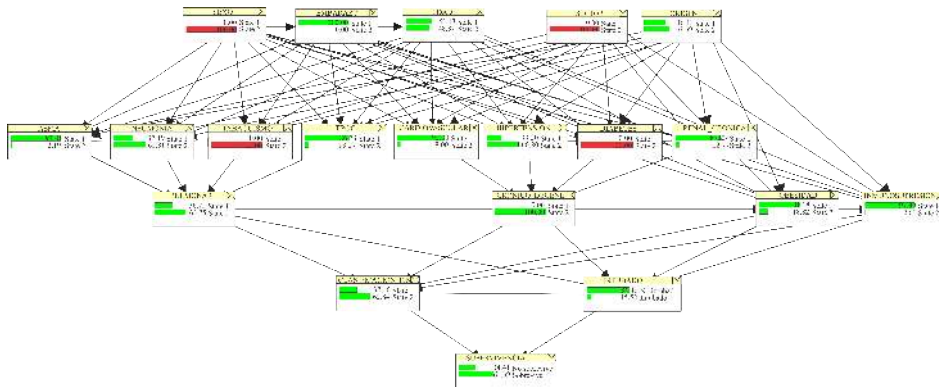


Figura 5.3: Caso Hipotético de un Paciente Hombre con Tabaquismo y Diabetes (Elaborada con Hugin[®])

Al propagar la información inicial a través de la RB, se observa que en el nodo “supervivencia” el porcentaje del estado “sobrevive” se ha actualizado y pasó del valor por default de 67.88% (ver Figura 5.2) a un nuevo valor de 65.59% (ver Figura 5.3). Esto quiere decir que el hecho de padecer tabaquismo y diabetes, redujo sus posibilidades de sobrevivir.

Para actualizar esta información, supongase que se sabe, además, que el paciente dió positivo a Covid-19. Así, se ingresa esa evidencia en el programa, y se re-calcula la probabilidad de supervivencia. El resultado ahora llega a un valor de 58.94%. Más aún, surge la pregunta: ¿qué pasaría si el paciente se encontrara intubado?. Al ingresar la condición y calcular nuevamente la probabilidad, el porcentaje ahora es del 19.38%. En otras palabras, sólo 1 de cada 5 pacientes que están confirmados para Covid-19 y son intubados, sobreviven. Los otros 4, de acuerdo con las estadísticas de la Secretaría de Salud, pierden la vida bajo estas condiciones críticas. En la Figura 5.4 se observa este resultado.

Siguiendo los mismos pasos, se generaron 4 escenarios adicionales al ya descrito. En la Tabla 5.3 se observan las condiciones impuestas en cada caso, así como las probabilidades de supervivencia encontradas.

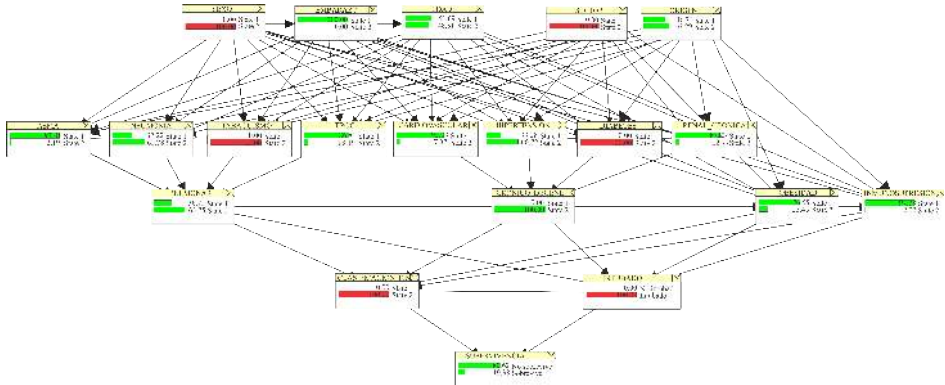


Figura 5.4: Caso Hipotético de un Paciente Hombre con Tabaquismo, Diabetes, Covid-19 e Intubado (Elaborada con Hugin[®])

Después de analizar distintos escenarios, se observó que las variables más sensibles eran: edad, Covid-19 e intubado, aún por encima de sexo, obesidad, diabetes y el resto de aquellas consideradas en el modelo.

Tabla 5.3: Casos Hipotéticos Analizados con la RB

Variables	Caso 1	Caso 2	Caso 3	Caso 4
Edad	Menos de 65	65 o mas	Menos de 65	65 o mas
Covid-19	Si	SI	No	No
Intubado	Si	No	Si	No
Supervivencia	19.38%	67.25%	41.29%	81.89%

Tal y como fue el caso en el primer ejemplo desarrollado en este capítulo, el peor escenario es cuando un paciente fue diagnosticado con Covid-19 y ha sido intubado. En ese momento, la edad parece importar poco, por que la probabilidad de supervivencia es de apenas el 19.38%. En contraste, aun en personas con 65 años o mas, mientras no salgan positivos a la prueba del Covid-19 y no sean intubados, tienen una probabilidad de sobrevivir del 81.89%. En la Tabla 5.3, se aprecia que la variable más crítica es “intubado”. La segunda más delicada es “Covid-19”. Entonces, aunque un paciente sea diagnosticado con el virus, mientras no sea intubado tiene una esperanza de sobrevivir. El problema, de acuerdo con los resultados observados, se presenta

cuando el paciente es intubado. En ese momento la esperanza de vida es desalentadora.

Como se puede apreciar, la herramienta desarrollada es flexible. Permite hacer el análisis de múltiples escenarios y situaciones. Ayuda a los tomadores de decisiones como médicos, directores de hospitales y familiares, a determinar prioridades al momento de recibir pacientes nuevos en alguna clínica COVID-19. De esta forma, se procede en el siguiente apartado al establecimiento de las conclusiones de la investigación.

5.6 Conclusiones

Este capítulo se ha basado en la importancia de crear modelos matemáticos para comprender mejor la pandemia del COVID-19. En el evento, se encontraron herramientas desarrolladas antes de la pandemia, durante y una vez concluida oficialmente por parte de la OMS. Entre los modelos analizados, se pueden mencionar los que se utilizaron para cuestiones logísticas de distribución de medicamentos, aquellos para establecer políticas de cierre de actividades y los directamente relacionados con la eficiencia de las vacunas y tratamientos para mitigar los impactos del virus.

Dentro de la gran variedad de modelos que existen, se determinó que las Redes Bayesianas representaban una alternativa viable para aplicarse en el contexto Mexicano. Después de confirmar su uso en otros países para distintos fines, se optó por emplearlas con la intención de estimar la probabilidad de supervivencia en pacientes hospitalizados por Covid-19 en México. Durante el ejercicio, se tomó como punto de partida la información diariamente generada por la Secretaría de Salud nacional. Así, se construyó un modelo con 20 variables, que permite alcanzar el objetivo planteado.

En términos cuantitativos, los mexicanos hospitalizados con sospecha de haber sido contagiados por COVID-19 hasta Febrero de 2021, antes de la aplicación de las vacunas, tenían una esperanza de vida del 67%. Se detectó que sin importar el sexo o factores clínicos como asma, dia-

betes, tabaquismo o EPOC, el hecho de ser intubados era crítico en la esperanza de vida. En efecto, pacientes con diagnóstico de Covid-19 positivo, pero que no eran intubados tenían amplias posibilidades de sobrevivir. En contraste, aquellos que tenían que recibir respiración artificial mediante la intubación, estaban prácticamente condenados a perder la vida.



Si bien es cierto la etapa crítica de la pandemia ha quedado atrás al momento de escribir este capítulo, también es cierto que las lecciones aprendidas deben permanecer en la mente de todos. Para los ciudadanos es importante permanecer alertas de las noticias y anuncios de la Secretaría de Salud. Para los practicantes de la medicina, médicos, directores de hospitales y enfermeros, se recomienda permanecer atentos de los modelos como el aquí presentado. Y para los investigadores y la comunidad científica, sería relevante dar seguimiento a las herramientas matemáticas desarrolladas durante la pandemia, para validarlas a la luz de la evidencia que ya se está generando. En suma, la pandemia ha sido un parteaguas en la vida de todos quienes habitamos el planeta, y en la medida en la que aprovechemos sus enseñanzas, podremos llegar a mejorar la calidad de vida para las generaciones futuras.

Agradecimientos

Los autores desean agradecer al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONAHCYT) por el apoyo financiero brindado para llevar a cabo la presente investigación, a través del proyecto 313400. De igual manera, se agradece al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología (COMECYT) por el apoyo brindado a los Dres. Aarón Caro Guzmán y David Ibarra González para formar parte de este proyecto. Por último, se agradece la colaboración del Ing. Ulises Jairo Palacios Navarro por la elaboración de las figuras del capítulo.

Capítulo 6

Algoritmos de agrupamiento para la segmentación de pacientes con un diagnóstico en común

Henry Jesús Hernández Gómez ¹, *Juana Canul-Reich* ^{2*}

¹ Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Villahermosa, Tabasco, México.

henryhernandezgomez@hotmail.com

juana.canul@ujat.mx

6.1 Introducción

Hoy en día, las Tecnologías de la Información y la Comunicación (TICs) y la Inteligencia Artificial (IA) se han convertido en elementos fundamentales para mejorar procesos, actividades y el análisis de grandes volúmenes de datos en diversos ámbitos de la sociedad. En

*Corresponding author: juana.canul@ujat.mx

particular, el campo de la medicina ha experimentado un impacto positivo y significativo gracias a estos avances tecnológicos, ya que han facilitado la creación de nuevas terapias, la simplificación de procesos y el avance de la investigación.

La integración de estas tecnologías en la medicina ha tenido un gran impacto en la generación y gestión de datos clínicos. Por ejemplo, en México y en todo el mundo, existen repositorios que almacenan datos de investigaciones clínicas y microbiológicas. Entre estos se encuentran la Biblioteca Nacional de Medicina (National Library of Medicine, NLM) de los Estados Unidos, el Instituto Europeo de Bioinformática (European Bioinformatics Institute, EBI), y la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición de México (ENSANUT). Estas fuentes de datos despiertan un gran interés en las investigaciones que hacen uso de tecnologías como el aprendizaje automático, proporcionando un recurso valioso para el avance de la medicina.

El aprendizaje automático, una rama de la Inteligencia Artificial, utiliza algoritmos matemáticos y estadísticos para que las computadoras puedan identificar patrones, aprender de los datos y realizar predicciones. Se divide en dos áreas principales: Aprendizaje Supervisado y No Supervisado. En medicina, el objetivo principal del aprendizaje automático es generar nuevo conocimiento a partir de los patrones prevalentes en diversas enfermedades [131]. Este conocimiento se utiliza para apoyar la toma de decisiones en diagnóstico, tratamiento e identificación de grupos de pacientes con similitudes en su condición.

En el campo de la medicina, el agrupamiento ha adquirido importancia como un método derivado del aprendizaje automático. Esta técnica no supervisada permite agrupar observaciones o instancias en conjuntos significativos basados en los datos. Los elementos dentro de un mismo grupo comparten características similares, pero suelen diferenciarse de los miembros de otros grupos [60].

6.1.1 Importancia del agrupamiento en Ciencias de la Salud y Biomedicina

El agrupamiento juega un papel esencial en las Ciencias de la Salud, especialmente en el ámbito del análisis de datos complejos. Esta técnica de aprendizaje no supervisado permite identificar y descubrir patrones relevantes en grandes conjuntos de datos, ofreciendo una visión más profunda de la información que puede no ser evidente a simple vista. Su uso en la segmentación de pacientes, por ejemplo, ayuda a identificar grupos de individuos que comparten características similares. Este tipo de agrupación puede conducir a diagnósticos más precisos y a la personalización de tratamientos, lo que resulta en una atención médica más eficiente y eficaz.

Además, los algoritmos de agrupamiento han demostrado ser altamente eficaces en una variedad de aplicaciones dentro de la medicina. Estas incluyen la identificación de patrones y relaciones, que pueden ayudar a los médicos a comprender mejor las enfermedades y sus efectos en diferentes poblaciones. La detección de anomalías es otra área de aplicación, donde estos algoritmos pueden descubrir eventos inusuales en los datos, que podrían indicar problemas médicos graves.

6.1.2 Objetivo

El propósito de este artículo es proporcionar una visión general de los métodos de agrupamiento y describir algoritmos que pueden emplearse como un primer paso en la segmentación de pacientes. Se explicará el proceso de estos algoritmos y se discutirán aspectos esenciales. Finalmente, ilustraremos la aplicación de un método de agrupamiento utilizando un conjunto de datos reales relacionados con la Vaginosis Bacteriana (VB).

6.2 Fundamentos de agrupamiento

6.2.1 ¿Qué es el agrupamiento?

El agrupamiento es una técnica perteneciente al campo del análisis de datos. Se utiliza para descubrir agrupaciones o patrones implícitos en un conjunto de datos, sin la necesidad de clases o etiquetas predefinidas [62]. Un ejemplo de clase o etiqueta podría ser una columna en el conjunto de datos que indique el diagnóstico de enfermedad de un paciente; positivo-COVID, negativo-COVID, sospechoso-COVID.

El principal beneficio del agrupamiento se encuentra en el análisis exploratorio de datos, donde desempeña un papel crucial al revelar agrupaciones ocultas y brindar entendimiento sobre la distribución de los elementos en el conjunto de datos [170]. Adicionalmente, estas técnicas facilitan una comprensión más profunda de la estructura intrínseca de los datos, permitiendo la identificación de grupos de elementos con características similares.

6.2.2 Tipos de métodos de agrupamiento

En el campo del aprendizaje no supervisado, encontramos una diversidad de métodos de agrupamiento, cada uno de ellos se distingue por su enfoque particular y los criterios que sus algoritmos emplean para descubrir las agrupaciones subyacentes. Los enfoques más comunes incluyen el agrupamiento jerárquico y de particiones.

En el caso del agrupamiento jerárquico, generan una estructura de agrupamiento donde cada nodo es un clúster compuesto por los subconjuntos de sus nodos secundarios. Los resultados son representados en forma de dendrogramas. Este método es especialmente útil cuando se requiere realizar un análisis exploratorio inicial de un conjunto de datos [191]. Por otro lado, el agrupamiento de particiones, en cambio, divide los datos en grupos que no se superponen de tal forma que cada dato pertenece exactamente a un grupo. Este enfoque es ideal cuando se busca una división clara y distinta de los conjuntos de datos, como en la segmentación de mercado [51].

En la Figura 6.1, se presenta una taxonomía de los métodos de agrupamiento basada en el criterio de agrupamiento empleado por cada algoritmo. Estas técnicas son ampliamente utilizadas en diversos campos de investigación científica. Entre los métodos de agrupamiento existentes, las dos categorías más reconocidas para un exploración inicial son el agrupamiento jerárquico y de particiones.



Figura 6.1: Clasificación de los métodos de agrupamiento.

6.2.3 Métricas para evaluación de la calidad del agrupamiento

La evaluación de la calidad de los grupos generados por los métodos jerárquicos y/o de particiones es esencial para garantizar la efectividad de estos métodos. A continuación, se describen algunas métricas estándar utilizadas para evaluar la calidad de los grupos.

6.2.3.1 Métricas para determinar el número óptimo de grupos

Gap Statistics (se usa este término en español). Compara la variación total intragrupo para diferentes valores de k con sus valores esperados bajo una distribución de referencia nula de los datos. El resultado será el número óptimo de grupos que maximiza el gap statistic en el gráfico [155]. Se escribe matemáticamente como se muestra en la Ecuación 6.1.

$$Gap_n(K) = E_n^* \{ \log(W_k) \} - \log(W_k) \quad (6.1)$$

Donde E_n^* denota la expectativa bajo una muestra de tamaño n de la distribución de referencia. La notación $\log(W_k)$ se refiere al logaritmo de los datos.

Silueta. Calcula la media de las observaciones para distintos valores de k . El número óptimo de clusters es el que maximiza la media de la silueta sobre un número de posibles valores de k [82]. La fórmula se define como se muestra en la ecuación 6.2.

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{\max \{a(i), b(i)\}} \quad (6.2)$$

Donde $a(i)$ es la distancia mediana entre i y todas las demás observaciones en los mismos conglomerados, y $b(i)$ es la distancia mediana entre i y las observaciones en el conglomerado más cercano.

Método Elbow. Determina el número óptimo de grupos en un conjunto de datos. Este método permite explicar y verificar la consistencia de un análisis de grupos [95]. Se escribe matemáticamente como se muestra en la ecuación 6.3.

$$J = \sum_{i=1}^k \sum_{x \in C_i} |x - C_i|^2 \quad (6.3)$$

Donde J es la función de coste, x es el elemento de conglomerado C_i y k es el número de cluster $|C_i|$.

6.2.3.2 Métricas para validar el agrupamiento jerárquico aglomerativo

El Coeficiente de Correlación Cofenético (CCC) se calcula mediante el coeficiente de correlación de Pearson aplicado a los valores de una matriz cofenética, según lo descrito por Sokal y Michener [160]. La matriz cofenética es una representación de la similitud entre pares de elementos según su proximidad en el dendrograma del agrupamiento jerárquico. El CCC se define mediante la siguiente fórmula:

$$c = \frac{\sum_{i < j} (Y_{ij} - y) (Z_{ij} - z)}{\sqrt{\sum_{i < j} (Y_{ij} - y)^2 \sum_{i < j} (Z_{ij} - z)^2}} \quad (6.4)$$

El coeficiente de correlación cofenética, también conocido como valor c , indica la fidelidad con la que un modelo de agrupamiento conserva las distancias entre pares de los puntos originales no modelados, determinando así la calidad de la solución. La evaluación de este coeficiente se realiza mediante la interpretación de rangos de magnitud de correlación sugeridos por Schober, Boer y Schwarte [162]. Estos rangos son: insignificante (0,00-0,10), débil (0,10-0,39), moderado (0,40-0,69), fuerte (0,70-0,89) y muy fuerte (0,90-1,00).

6.2.3.3 Métricas para validar el agrupamiento de particiones

La pureza es una métrica de validación externa que evalúa la calidad de los grupos generados por un modelo de agrupamiento. Se calcula en función de las etiquetas de clase conocidas y produce un valor entre 0 y 1. Un valor cercano a 0 indica baja calidad de los grupos, con elementos de diversas clases, mientras que un valor cercano a 1 indica alta calidad, con elementos de cada cluster predominantemente pertenecientes a una misma clase [83]. La pureza se define matemáticamente tal como se muestra en la ecuación 6.5.

$$pureza = (\Omega, \mathbb{C}) \frac{1}{N} \sum_k \max_j |w_k \cap C_j| \quad (6.5)$$

Donde N es el número de objetos, k es el número de grupos, $\Omega = \{w_1, w_2 \dots w_k\}$ es un conjunto de grupos y la colección de clases se denota por $\mathbb{C} = \{c_1, c_2 \dots c_j\}$. w_k se interpreta como el conjunto de grupos en Ω y c_j como el conjunto de etiquetas de clase.

6.3 Métodos de agrupamiento para un análisis exploratorio inicial

En el análisis de datos, el agrupamiento es una herramienta importante para la exploración inicial de conjuntos de datos, ya que identifica patrones, similitudes y diferencias en las observaciones. Los algoritmos de agrupamiento, como el agrupamiento jerárquico aglomerativo y el agrupamiento de particiones, revelan estructuras y grupos ocultos en los datos, lo que facilita el análisis exploratorio inicial. En este contexto, describimos el uso de estos métodos para facilitar dicha exploración.

6.3.1 Agrupamiento Jerárquico Aglomerativo

En la práctica, cuando el objetivo es segmentar pacientes de un conjunto de datos no explorados para etiquetarlos, descifrar la estructura de los datos o detectar patrones, el método de agrupamiento jerárquico aglomerativo puede ser el punto de partida adecuado.

El agrupamiento jerárquico aglomerativo es un método que genera una jerarquía de agrupaciones de un conjunto de observaciones, es decir, los grupos se organizan jerárquicamente. El proceso inicia considerando a cada observación como un cluster y gradualmente se van fusionando con los grupos más cercanos formando grupos más grandes, obteniendo diferentes niveles de jerarquía de agrupamiento [186]. El resultado que se obtiene es un dendograma; que es un tipo de diagrama de árbol que muestra una relación jerárquica entre diferentes conjuntos de datos.

La construcción de un modelo de agrupamiento jerárquico a partir de un conjunto de datos requiere seguir una serie de pasos, tal como se presenta en la Figura 6.2.

El procedimiento se inicia con la recolección del conjunto de datos, seguido de una etapa de preprocesamiento cuyo objetivo es resolver problemas comunes como la presencia de valores faltantes o atípicos. Adicionalmente, la etapa de preprocesamiento puede incluir la selección de atributos, una técnica que busca seleccionar un subconjunto



Figura 6.2: Proceso de construcción de agrupamiento jerárquico aglomerativo.

de atributos pertinentes para obtener un resultado de agrupamiento más preciso.

Para la construcción de un agrupamiento jerárquico aglomerativo, es necesario identificar dos métricas claves: el método de enlace y la medida de distancia. Entre los métodos de enlace más comúnmente utilizados en el agrupamiento jerárquico aglomerativo se incluyen: Método Ward's (Ward's method), Método de enlace completo (Complete link), Método de enlace simple (Single link), Método de enlace promedio (UPGMA).

Cada algoritmo o método se distingue de los demás por el criterio de semejanza bajo el cual los grupos se van fusionando hasta conformar un único grupo.

Por otra parte, la métrica de distancia o similitud es una medida que facilita la identificación de la similitud entre los casos que se van a agrupar. Existen diferentes tipos de distancias que varían en función del tipo de dato que se va a agrupar. Algunas de las métricas más comunes, de acuerdo a la naturaleza de los datos, se describen a continuación:

1. Datos numéricos: Distancia Minkowski, Distancia Bray-Curtis, Distancia Euclideana, Distancia Manhattan, Distancia Mahalanobis, Distancias de Canberra, Distancia de Chebyshev.

2. Datos binarios que son aquellos que pueden tomar solo uno de dos valores posibles (ej. 1 o 0, Sí, No): Distancia de Gower, Coeficiente de Tanimoto, Coseno, Cosejo Ajustado, Correlación de Pearson, Medidida de similaridad asimétrica binaria.

Una vez seleccionadas las métricas, se procede a la construcción del modelo y a la visualización del dendrograma resultante. Posteriormente, es crucial analizar la estructura del dendrograma con el objetivo de identificar el número óptimo de grupos presentes en los datos. El nivel de corte o la granularidad del análisis dependen en gran medida del criterio del investigador o de los objetivos particulares del estudio.

Finalmente, es necesario llevar a cabo una validación tanto computacional como biológica. En la validación computacional se verifica el número óptimo de grupos, se examina la fidelidad con la que el dendrograma conserva las distancias entre pares de objetos y se evalúa la significancia de los grupos. En cuanto a la validación biológica, esta debe ser realizada por un experto en el área médica. Su propósito radica en validar si los grupos identificados poseen una relevancia biológica, especialmente cuando los datos analizados corresponden a datos médicos o están relacionados con una condición de salud específica.

6.3.2 Agrupamiento de particiones

Otro enfoque ampliamente reconocido en el campo del agrupamiento es el agrupamiento de particiones, un método no jerárquico que tiene como objetivo dividir los datos en grupos, asignando todos los objetos a una partición y compartiendo características similares entre ellos.

Al igual que los métodos jerárquicos, los métodos particionales utilizan métricas de distancia en su construcción. Sin embargo, se diferencian al emplear un método de partición específico para la creación del modelo. Algunos de los principales métodos de agrupamiento particional son el K -Means, CLARA, Chain-Map y Fuzzy C -Means. Del agrupamiento K -means surgen otros métodos que también buscan minimizar la distancia entre los puntos que se agruparán, como el K -Medoids, K -Modes y K -Medians.

Los métodos de agrupamiento jerárquico y de particiones suelen distinguirse por aspectos tales como los tiempos de ejecución, los parámetros de entrada y los grupos resultantes. La implementación del agrupamiento jerárquico necesita una medida de distancia y un método de enlace, mientras que el agrupamiento particional requiere la especificación del número de grupos (K) para iniciar la ejecución, además de la medida de distancia y el método particional específico. Los métodos jerárquicos proporcionan una división de grupos en forma de dendrograma, lo cual es muy útil para determinar el número óptimo de grupos en el conjunto de datos. Por otro lado, los métodos de particiones entregan exactamente el número de grupos establecido por el valor K .

6.3.3 Aspectos cruciales en la aplicación del aprendizaje no supervisado en la segmentación de pacientes

Al construir un modelo de agrupamiento, ya sea jerárquico o de particiones, es esencial tener siempre en cuenta aspectos como: Formulación del problema, obtención de los datos clínicos, estandarización o no de los datos, selección de atributos.

Además de lo anterior para el agrupamiento jerárquico también se debe considerar: Elección de la medida de similitud, tipo de método de enlace, altura o número de grupos para realizar el corte del dendrograma.

Finalmente, algunas recomendaciones que se deben considerar en los métodos de agrupamiento de particiones son la elección del número de particiones (k) y la métrica de distancia. El éxito de los métodos de agrupamiento depende significativamente de cada uno de los aspectos previamente mencionados. En la aplicación de estos métodos, es factible y recomendable explorar diferentes alternativas, seleccionando aquella que proporcione un resultado óptimo alineado con los objetivos de la investigación en cuestión. Es importante tener en cuenta que los métodos de agrupamiento son sensibles a las modificaciones realizadas

en las observaciones. Si se llevan a cabo cambios en los datos, es posible que los grupos resultantes varíen de una exploración a la siguiente.

6.4 Aplicaciones del agrupamiento en ciencias de la Salud y Biomedicina

En la literatura científica es posible identificar estudios donde se utilizan diferentes técnicas de agrupamiento abordando condiciones clínicas de forma exitosa. Dentro del campo médico, se ha utilizado el agrupamiento para segmentar imágenes de mamografías de pacientes, con el fin de distinguir las microcalcificaciones mamarias [151]. Del mismo modo, se ha aplicado para agrupar pacientes con factores de riesgo cardiometabólicos y prediabetes [94]. En el caso de patologías como la diabetes, se utiliza el agrupamiento para determinar grupos similares de pacientes, permitiendo así identificar las enfermedades subyacentes que estos pacientes pueden compartir debido a su condición [121]. En relación con enfermedades emergentes como el COVID-19, se ha implementado el agrupamiento para derivar fenotipos clínicos y determinar factores de riesgo asociados a pacientes en estado crítico [110]. Es indudable que el agrupamiento tiene aplicaciones potenciales en todos los ámbitos de la investigación científica, gracias a su flexibilidad para adaptarse a múltiples objetivos.

6.5 Ejemplo de caso de estudio (Vaginosis Bacteriana)

La Vaginosis Bacteriana (VB) es una condición caracterizada por una disbiosis en la que las bacterias anaeróbicas superan a la población normal de *Lactobacillus* en la mucosa vaginal, afectando principalmente a mujeres en edad reproductiva. La literatura científica ha asociado el estado VB-positivo con la coexistencia de múltiples bacterias, pero esta coexistencia puede variar considerablemente entre pacientes. Por lo tanto, nuestro objetivo es abordar la VB utilizando

métodos de agrupamiento jerárquico aglomerativo como enfoque preliminar para segmentar a los pacientes. Se utilizó un conjunto de datos reales obtenido de una investigación en epidemiología molecular sobre VB [157], y seguimos un diseño experimental ilustrado en la Figura 6.3 para realizar el proceso de agrupamiento.

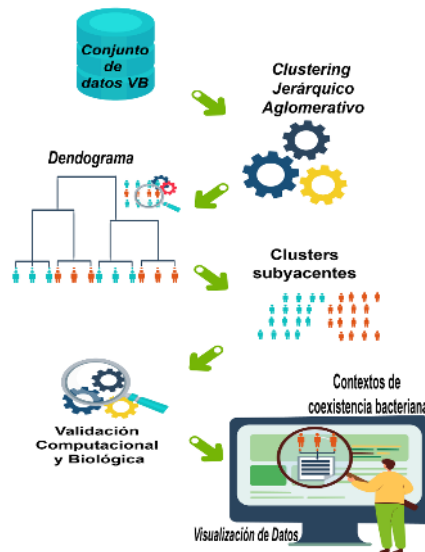


Figura 6.3: Esquema para crear un modelo de agrupamiento jerárquico en pacientes con VB.

La fase inicial consistió en obtener el conjunto de datos relacionados con la VB, lo que permitió una exploración y reconocimiento del tipo de dato. Adicionalmente, se identificaron los atributos relevantes sugeridos por el experto en el área médica. Durante la segunda fase, correspondiente a la construcción, fue necesario seleccionar los métodos de enlace y la métrica de distancia. Se utilizó el método de enlace Ward.D y la métrica de distancia canberra, acorde al tipo de dato. En la tercera fase, se obtuvieron los resultados de agrupamiento a través de un dendograma, del cual se llevó a cabo un análisis de su estructura.

El objetivo de analizar la estructura del dendograma es determinar la altura de corte que permite obtener un número específico de

grupos. Los grupos resultantes se examinan individualmente para su validación biológica por expertos, mientras que la validación computacional se realiza mediante métricas para verificar la significancia de los grupos obtenidos en comparación con el análisis del dendrograma. Estas validaciones contribuyen a consolidar el modelo de agrupamiento, especialmente en el caso de la VB donde se utiliza para identificar la coexistencia bacteriana en cada agrupación.

6.5.1 Resultados del agrupamiento jerárquico VB

El dendrograma obtenido de la evaluación que combina el método de Ward y la distancia de Canberra, nos permite identificar grupos bien definidos. Al efectuar un corte a una altura de 25, emergen 6 grupos distintivos, los cuales se pueden observar detalladamente en la Figura 6.4 .

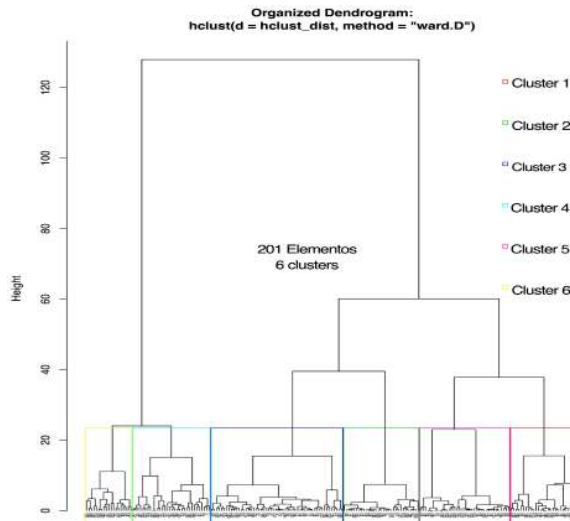


Figura 6.4: Dendrograma que muestra claramente los grupos subyacentes.

Las agrupaciones obtenidas son sometidas a validación por parte de un experto en el área biológica. Además, los elementos de cada grupo se verificaron usando una tabla de agrupación en relación a la

clase que se mantuvo oculta durante el funcionamiento del algoritmo. Los resultados de este proceso se presentan en la Tabla 6.1.

Por otra parte, el Coeficiente de Correlación Cofenético que es un valor que mide la concordancia entre las distancias originales de los datos y las distancias obtenidas dentro del dendograma. En este estudio, el CCC fue de 0.7325. Este valor cercano a 1 indica una buena concordancia entre las distancias originales y las distancias de agrupamiento, lo cual sugiere que el agrupamiento jerárquico identifica de manera efectiva las relaciones de distancia entre los pacientes en el conjunto de datos. Por tanto, este alto coeficiente de correlación cofenético proporciona confianza en la robustez y fiabilidad de los grupos identificados en este estudio.

Tabla 6.1: Evaluación de las asignaciones de los elementos en los grupos subyacentes, utilizando el método Ward y la distancia de Canberra, en comparación con las clases reales.

Dx. VB	Grupos					
	C1	C2	C3	C4	C5	C6
Positivo	0	0	0	32	0	19
Negativo	24	28	39	0	33	0
Indeterminado	4	3	5	0	4	0

Finalmente, las agrupaciones que incluyen únicamente casos positivos se representan visualmente para explorar la coexistencia de bacterias a través de diversos filtros, como se muestra en la Figura 6.5. El enlace para explorar utilizando una herramienta en línea se encuentra disponible a través de [58]. Los grupos subyacentes obtenidos en cada modelo de agrupamiento permiten cumplir el objetivo de identificar y analizar de forma segmentada grupos de pacientes que pertenecen a la condición VB-positivo.

Este estudio contribuye al esfuerzo de aportar información que ayude a conocer mejor las bacterias coexistentes en los grupos de pacientes diagnosticados con VB. Además, el beneficio de identificar los grupos se traduce en la selección de tratamientos específicos según las bacterias que coexisten en cada grupo. También se convierte en una

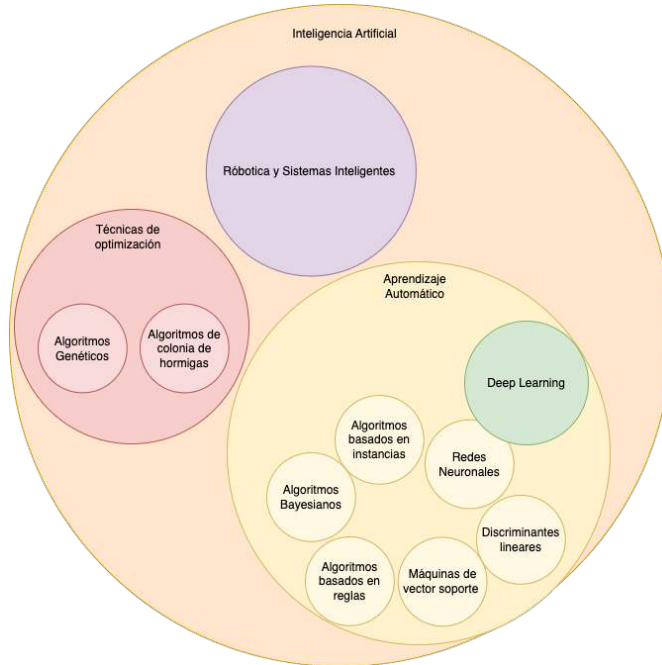


Figura 6.5: Herramienta de visualización de grupos subyacentes del método enlace completo y la distancia de Canberra.

herramienta de apoyo para obtener un conocimiento a priori de los contextos que pueden darse en los casos clínicos.

Finalmente, para ilustrar la eficacia de los métodos de agrupamiento en la identificación de segmentos de pacientes, se respaldan a través de dos estudios en los que se utilizó el agrupamiento para analizar conjuntos de datos de pacientes con VB [67, 68].

6.6 Limitaciones, Tendencias y Conclusiones

6.6.1 Limitaciones

A pesar de los hallazgos significativos de estos métodos, es importante señalar ciertas limitaciones. Primero, los resultados se basan en un conjunto de datos específico y por lo tanto, pueden no ser gen-

eralizables a otras poblaciones o conjuntos de datos con diferentes características. En segundo lugar, el artículo se basa en la técnica de agrupamiento jerárquico aglomerativo y de particiones, que aunque son poderosas y flexible, tiene sus limitaciones. Finalmente, a pesar de estas limitaciones, el estudio proporciona una nueva visión y un método útil para la segmentación de pacientes, y subraya la importancia de la investigación continua en este campo.

6.6.2 Tendencias

Las tendencias actuales en la segmentación de pacientes mediante técnicas de *agrupamiento* abarcan campos tan diversos como la predicción del riesgo de cáncer de mama [2] y la identificación de patrones de comorbilidad en personas que viven con VIH [208]. Por otra parte, el crecimiento exponencial de la Inteligencia Artificial (IA) en los últimos años ha impulsado el desarrollo de áreas como el Aprendizaje Profundo (Deep Learning, DL), una modalidad de aprendizaje automático que simula el proceso humano de adquisición de conocimiento mediante algoritmos de redes neuronales.

El DL se ha vuelto especialmente relevante en el campo de la medicina gracias a su adaptabilidad y a su capacidad para perfeccionar los resultados de diagnóstico y detección de enfermedades a través de tareas repetitivas. Además, puede combinarse con otros métodos de aprendizaje automático, como el agrupamiento. Por ejemplo, el DL se emplea en la determinación de los estados de biomarcadores del cáncer de mama y de las características morfológicas asociadas [50]. Asimismo, se utiliza en el diagnóstico de patologías como la retinopatía diabética [40] y en la detección de enfermedades coronarias [106].

6.6.3 Conclusiones

En este capítulo, se introducen los métodos de agrupamiento, su aplicación en la segmentación de pacientes y las consideraciones clave para su implementación práctica. Además, utilizando un conjunto de datos reales sobre la vaginosis bacteriana (VB), se demuestra la capacidad

de formar grupos homogéneos de pacientes con VB positivo. También se presenta una herramienta de visualización de datos que facilita la exploración de los contextos de coexistencia bacteriana en las agrupaciones identificadas.

En conclusión, la identificación de patrones ocultos en los datos se ha convertido en un aspecto esencial en muchas áreas de la medicina, pero es especialmente relevante en la segmentación de pacientes. Cada día se llevan a cabo innumerables investigaciones en todo el mundo sobre este tema. El impacto social de estos métodos se refleja en una mejor comprensión y tratamiento de las enfermedades, lo cual se traduce en una mejora en la calidad de vida de las personas.

Capítulo 7

Procesamiento y análisis de imágenes médicas: aplicaciones actuales

Raúl Cruz Barbosa 

Universidad Tecnológica de la Mixteca. Huajuapán de León, Oaxaca, México.

rcruz@mixteco.utm.mx

7.1 Introducción

En la actualidad, el uso y la disponibilidad de imágenes digitales en la ciencia, tecnología y sociedad en general es asombrosa. Este número de imágenes sigue creciendo día a día en distintos campos del conocimiento y aplicaciones, como el de imágenes médicas.

Las imágenes médicas son obtenidas de sistemas o modalidades de imagen médica, las cuales permiten ver dentro del cuerpo humano y diagnosticar una enfermedad de manera no-invasiva. Aparte del diagnóstico, también permite obtener una representación visual del funcionamiento de ciertos órganos o tejidos. Estas imágenes se pueden

obtener con radiación ionizante (de mayor energía del espectro electromagnético: rayos- γ , rayos-X, ultravioleta) o no-ionizante (de menor energía del espectro: ultravioleta, luz visible, infrarrojo, microondas, ondas de radio). Por ejemplo, para las de radiación ionizante se pueden obtener imágenes de rayos-X, como las radiografías de tórax, mamografías, radiografía o tomografía computarizada; o imágenes de rayos- γ , como la tomografía de emisión de positrón (PET, por sus siglas en inglés). Cuando se utiliza radiación no-ionizante, se pueden obtener imágenes de ultrasonido o de resonancia magnética nuclear [43].

Otra categorización de imágenes médicas se refiere a la obtención de estas a través de luz visible o no-visible. Las de luz no-visible hacen referencia a las obtenidas con radiación ionizante o no-ionizante, con excepción de luz visible; mientras que las de luz visible se refiere a todas aquellas que son sensadas dentro de la region visible del espectro electromagnético, a través de cámaras fotográficas comunes o especiales para obtener imágenes de fondo de retina, de frotis sanguíneo o de células, por ejemplo.

Por otro lado, para el procesamiento y análisis de imágenes médicas existen diferentes conceptos y técnicas digitales, las cuales corresponden a distintas clases de algoritmos como: mejoramiento, segmentación, cuantificación, registro, visualización, así como la compresión, almacenamiento y comunicación [13].

Los algoritmos de mejoramiento son usados para reducir ruido originado durante la adquisición de la imagen; para incrementar el contraste de estructuras de interés; o para realzar detalles. La intención de este procesamiento es generar imágenes de mejor calidad para uso del observador humano. Además, las imágenes mejoradas también pueden ser usadas por un algoritmo subsecuente para procesamiento computacional.

La segmentación consiste en delinear estructuras de interés y discriminarlas del fondo. Es decir, aislar o separar los objetos de interés del fondo de la imagen y entre ellos. Este procesamiento es crucial en el análisis, ya que varios procedimientos subsecuentes dependen de este, como mediciones de forma, textura o ubicación del objeto segmentado, por ejemplo.

Los algoritmos de cuantificación se aplican a estructuras segmentadas para extraer o medir información de diagnóstico esencial como forma, textura, tamaño y ángulo, entre otras. Estas mediciones cuantitativas, también llamadas características, ayudan a la interpretación visual de las imágenes para valorar el estado de un órgano o tejido y la subsecuente toma de decisión o diagnóstico por el especialista médico.

El registro, la visualización, compresión, almacenamiento y comunicación de imágenes son tareas que están fuera del alcance de este capítulo, por lo cual no son descritas ni tratadas en la sección siguiente.

Otros autores que se enfocan en aplicaciones médicas utilizando procesamiento digital de imágenes categorizan sus operaciones de procesamiento en: mejoramiento, restauración, análisis, compresión y síntesis de imágenes [43]. Las dos clasificaciones de operaciones presentadas anteriormente pueden llegar a ser equivalentes al descartar o agregar clases (y sus correspondientes operaciones) en estas. La categorización que se adopta depende del enfoque utilizado, por ejemplo, la primera categorización hace énfasis en el desarrollo y procesamiento de distintos tipos de imágenes en un amplio espectro de especialidades médicas. La segunda categorización se enfoca en las operaciones de manipulación o procesamiento de imágenes.

Debido a que este capítulo presenta una introducción al análisis de imágenes médicas mediante una perspectiva de Ciencias de la Computación, estamos interesados predominantemente en las operaciones de procesamiento y análisis de imágenes. Por cuestiones de espacio, el procesamiento digital de imágenes, en este trabajo, se limita a operaciones de mejoramiento; mientras que el análisis de imágenes incluye tareas de segmentación, extracción de características o cuantificación y clasificación de objetos de interés. En particular, la tarea de clasificación se utiliza para ayudar en el diagnóstico de una enfermedad o segmentación de estructuras de interés. Esto último se puede abordar mediante métodos de aprendizaje computacional tradicionales o aprendizaje profundo.

7.2 Metodología

La metodología general que siguen las aplicaciones de este capítulo se presenta en la Figura 7.1. Esto es, el mejoramiento de una imagen se obtiene al aplicar uno o varios algoritmos de mejoramiento para reducir ruido, incrementar contraste o realzar detalles.

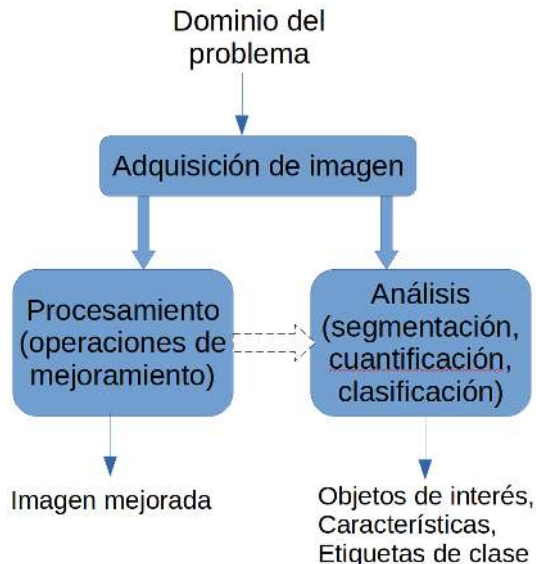


Figura 7.1: Metodología general para procesamiento y análisis de imágenes.

En contraste para las operaciones de análisis de imágenes, es opcional aplicar previamente algoritmos de mejoramiento, como se indica con la flecha punteada. Es decir, a la imagen adquirida se le puede aplicar antes una operación de mejoramiento y después segmentar los objetos de interés. Después, a los objetos segmentados se les puede calcular o extraer características que describen a estos, a través de fórmulas o rutinas conocidas como ingeniería de características. Por último, las características descriptivas de los objetos de interés sirven de entrada para algoritmos de aprendizaje computacional, quienes devuelven como salida la etiqueta de clase del objeto analizado. La etiqueta de clase puede ser binaria como “positivo” o “negativo” in-

dicando la presencia o no de una enfermedad, por ejemplo. En otros casos, la etiqueta puede ser múltiple, indicando distintos niveles o grados de severidad de una enfermedad.

7.2.1 Procesamiento digital de imágenes

De manera general, se dice que una imagen digital es una función bidimensional, $f(x, y)$, donde x e y son coordenadas espaciales, y la amplitud de f en cualquier par de coordenadas se conoce como la intensidad de la imagen en aquel punto [59]. Además, se debe cumplir que los valores de x , y y la intensidad sean cantidades discretas. Cada ubicación (x, y) y su intensidad es un elemento de imagen conocido como píxel.

Según [150], el procesamiento digital de imágenes es un conjunto de procedimientos que se realizan sobre una imagen para su almacenamiento, transmisión o tratamiento, donde se recibe como entrada una imagen y se produce otra imagen con las mismas dimensiones que la de entrada. Otra definición más amplia es la de [59], el cual se refiere a procesar imágenes digitales mediante el uso de una computadora digital. Además, en dicho procesamiento las entradas y salidas son imágenes, y adicionalmente involucra procesos que extraen atributos de las imágenes e incluye el reconocimiento de objetos.

En este capítulo estamos interesados solamente en operaciones de mejoramiento, donde la entrada y salida del procesamiento es una imagen transformada. Entonces, la metodología a seguir es muy sencilla, la cual se muestra en la Figura 7.2. Se puede observar en la figura que los procedimientos son secuenciales, donde la salida de uno es la entrada de otro.

Esta etapa es necesaria para solucionar problemas derivados de la adquisición de imágenes, principalmente. Es conocido, por ejemplo, que la adquisición de imágenes de mamografías a través de un mamógrafo (usando rayos-X) produce imágenes con un contraste limitado debido a la naturaleza y superposición de los tejidos suaves de la mama. Otro ejemplo es el ruido generado por los propios sistemas de adquisición de imagen y que se agregan a la imagen adquirida,



Figura 7.2: Metodología para procesamiento o mejoramiento de imágenes.

como el ruido de Poisson presente en las imágenes de medicina nuclear obtenidas con rayos- γ [13]. En el caso de imágenes adquiridas con luz visible, se pueden presentar problemas con la variación de iluminación o sombras en la escena capturada [150].

Entonces, el mejoramiento de una imagen consiste en aplicar uno o más procedimientos según lo requiera el problema. La idea básica es mejorar una imagen para que cumpla con las características adecuadas de un determinado problema [59]. Es decir, el mejoramiento se aplica para uno o más de los siguientes propósitos: reducir ruido, incrementar contraste o realzar detalles o características relevantes.

Usualmente, los métodos de mejoramiento se dividen en tres categorías basadas en operaciones: puntuales, locales y globales. Los métodos basados en operaciones puntuales son sencillos y se refieren a aquellos donde la imagen resultante depende del valor o intensidad de cada píxel. Por ejemplo, si p es el valor de un píxel en una imagen de entrada, entonces $p' = T(p)$ será el nuevo valor del píxel en la imagen transformada por T . La transformación T se aplica a cada píxel de la imagen de entrada, por lo que la imagen resultante tendrá

las mismas dimensiones que la de entrada. Algunos ejemplos de operaciones puntuales son: negativo digital, transformación logarítmica, transformación gama, operaciones lógicas o aritméticas, entre otras.

Para los métodos basados en operaciones locales, la imagen resultante depende tanto del valor del píxel de entrada como los valores de los píxeles vecinos. Dicha vecindad permite resaltar o atenuar características de la imagen de entrada. Estas técnicas también se conocen como filtrado (en dominio de frecuencia o espacial), debido a que se utiliza un filtro o máscara, con el cual se aplica la operación de convolución o correlación sobre la imagen de entrada, obteniendo una imagen filtrada como salida. Generalmente, los filtros tienen el propósito de suavizar o realzar detalles, así como reducir ruido de una imagen. Algunos ejemplos de operaciones locales son los filtros suavizantes (para difuminado) y filtros realzantes (para detectar transiciones de intensidad).

En el caso de los métodos basados en operaciones globales, la información de toda la imagen de entrada (todos los píxeles) es necesaria para obtener la imagen mejorada. Dependiendo de la operación a realizar, éstos métodos pueden tener un costo computacional bajo o alto. Por ejemplo, para la mejora de contraste se puede utilizar la ecualización del histograma que tiene un costo bajo. Sin embargo, para operaciones que hacen uso de alguna transformada como la de Fourier, el costo se incrementa.

Cabe mencionar que los métodos de mejoramiento arriba descritos son universales o generales, por lo que se pueden aplicar a cualquier tipo de imagen digital. Sin embargo, cuando estos se aplican a imágenes médicas, las mejores soluciones se obtienen cuando participan especialistas médicos, ya que la experiencia en diagnóstico e interpretación es definitiva.

Para mayores detalles de las técnicas y algoritmos de mejoramiento de imágenes, el lector puede consultar referencias en inglés de [59, 178] y en español de [150, 39].

Para la parte práctica, se recomienda utilizar bibliotecas o herramientas de acceso abierto como `OpenCV`, `Scikit-Image` o `PIL/Pillow` para `Python`. Otra herramienta, de dominio público, que se utiliza

es *ImageJ*, desarrollada por el Instituto Nacional de Salud de EUA en lenguaje *Java*, por lo que permite modificar o agregar métodos de procesamiento.

Por último, como fuente de revisión de literatura de métodos nuevos y aplicaciones médicas, se recomienda las revistas *Medical Image Analysis* e *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* de la Sociedad de Cómputo de Imágenes Médicas e Intervención Asistida por Computadora (MICCAI, por sus siglas en inglés), así como las revistas *IEEE Transactions on Medical Imaging* o *BMC Medical Imaging*.

7.2.2 Análisis de imágenes

El campo de análisis de imágenes se relaciona con los métodos de cuantificación descritos en la sección 7.1. En este capítulo adoptamos un enfoque más amplio como el presentado en [43], donde los algoritmos de análisis incluyen las siguientes tareas: segmentación, extracción de características o cuantificación y clasificación o reconocimiento de objetos de interés.

En vez de proponer una metodología por cada tarea, presentamos una sola metodología a seguir en la Figura 7.3, por lo que el usuario decide en que parte del flujo del procesamiento terminar su tarea.

En el campo de análisis de imágenes, los métodos de mejoramiento de imagen son conocidos como técnicas de preprocesamiento, ya que son empleadas como parte del proceso y no como una finalidad.

Según la Figura 7.3, la segmentación requiere, de acuerdo al problema, de un preprocesamiento simple o sofisticado de la imagen de entrada, como se muestra en la Figura 7.2. La salida de este proceso es el aislamiento o separación de los objetos o estructuras de interés, de tal forma que sean distinguibles entre ellas mediante etiquetas simbólicas. Una característica del resultado es que los objetos segmentados no se traslapan, y los píxeles que forman a cada objeto se mantienen conectados. Usando terminología de teoría de conjuntos e imaginando a una imagen como un conjunto de píxeles, se dice que los subconjuntos que forman a los objetos segmentados son disjuntos.

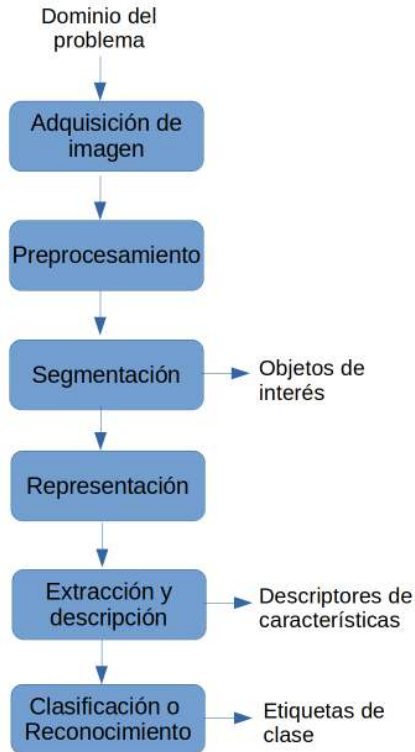


Figura 7.3: Metodología tradicional para análisis de imágenes. Figura adaptada de [150].

La representación de los objetos segmentados se refiere primero a una de forma abstracta, la cual posteriormente se materializa en una computacional a través de una estructura de datos. La representación abstracta se refiere a la complejidad y expresividad con que se desea representar a cada objeto, que puede ser atómica, factorizada o estructurada [153]. En la representación atómica cada objeto es indivisible y mantiene una conectividad con sus vecinos. La representación factorizada es la más utilizada en aprendizaje computacional, ya que cada objeto está representado por un número fijo de variables o atributos. La representación más expresiva y compleja es la estructurada, debido a que se especifican las relaciones entre los objetos segmentados. Des-

pués de seleccionar una representación abstracta se debe escoger una estructura de datos para almacenar a los objetos. Estas estructuras dependen del problema a resolver, y existen muchas desde una estructura básica de un arreglo de una o dos dimensiones hasta listas ligadas circulares, montículos, árboles o grafos.

Para la extracción de características o cuantificación, se utilizan fórmulas o procedimientos diseñados por expertos del problema. A cada objeto o estructura de interés segmentada se le extraen características, de tal forma que la medición o valores de características de objetos del mismo tipo sean similares, y para los de objetos de diferente tipo las medidas sean muy distintas (disimilares) entre ellos [185]. Usualmente, cada característica calculada se almacena en un vector llamado vector de características, ya que a un objeto segmentado se le pueden extraer diferentes características como textura, forma o ubicación. A esto último se le conoce como descripción, ya que el vector se forma por descriptores de forma o textura, etc. En la literatura existen varios tipos de descriptores [127] y la elección de estos depende del problema a resolver. La forma más fácil de elegir los descriptores apropiados es consultando a un experto en el problema, pero cuando no se cuenta con uno, la revisión de la literatura relacionada es de mucha ayuda. La elección de descriptores inapropiados conlleva a que el reconocimiento del objeto de interés sea incorrecto, por lo que se debe probar con distintos tipos de descriptores y seleccionar los que mejor poder de discriminación posean, o en su caso proponer nuevos descriptores. Al proceso anterior se le conoce como ingeniería de características.

La tarea de clasificación o reconocimiento de un objeto o estructura de interés consiste en recibir como entrada al vector de características que describe al objeto y devolver como salida la etiqueta de clase que le corresponde al objeto descrito. Para esta tarea existen varios enfoques de resolución como el estadístico, conexionista o redes neuronales artificiales, sintáctico-estructural, etc. Dentro de cada enfoque hay una gran gama de algoritmos por lo que se sugiere al lector consultar [185, 17, 5, 149] para mayores detalles de formulación y uso de algoritmos correspondientes. Para la construcción de

un clasificador se requiere de un conjunto de datos histórico, que contenga ejemplos de los objetos que se desea reconocer y estén descritos por sus correspondientes vectores de características así como sus etiquetas de clase respectivas, con los cuales se entrena y se obtiene un modelo de predicción. Generalmente, el modelo se ajusta o aprende a través de los conjuntos de entrenamiento y validación mediante varias iteraciones. Una vez que se tiene el modelo final, este se utiliza para predecir o reconocer las etiquetas de clase de los elementos del conjunto de prueba o independiente, y así evaluar con diferentes medidas de rendimiento el desempeño del clasificador. Este proceso se puede repetir con varios clasificadores, de tal forma que se selecciona el que mejor desempeño ofrezca, de acuerdo a las medidas de rendimiento utilizadas. Cabe mencionar que la tarea de clasificación es dependiente del problema, por lo tanto un clasificador específico podría ofrecer alto rendimiento para un problema dado, pero un desempeño pobre para otros problemas.

Los algoritmos de clasificación que utilizan la metodología representada en la Figura 7.3 hacen referencia a lo que se conoce como enfoque de aprendizaje computacional tradicional, donde el principal distintivo es que los vectores de características son obtenidos a través de ingeniería de características. Algunos clasificadores clásicos que siguen este enfoque son: Bayes ingenuo, K vecinos más cercanos, árboles de decisión, perceptrón multinivel y máquina de soporte vectorial, entre muchos otros.

En la actualidad, existe otro enfoque llamado aprendizaje profundo o redes neuronales profundas, el cual permite simultáneamente extraer características y reconocer automáticamente a los objetos o estructuras de interés [14, 161]. El aprendizaje en las arquitecturas profundas consta de múltiples niveles o capas de representación, donde cada nivel es una red neuronal. La idea básica es que cada capa o nivel aprenda cierta característica de los datos de entrada, desde la más simple hasta la más abstracta. En consecuencia, se espera que las características más abstractas se encuentren en los niveles más altos, las cuales ayuden a separar de manera más fácil los diferentes factores explicativos de los datos. Esta característica tan importante que lo hace

tan efectivo en sus resultados, se denomina aprendizaje de representaciones [15]. Este tipo de aprendizaje permite realizar las tres tareas que nos ocupa en este capítulo, usando solamente imágenes digitales como entrada. Por esta razón, estos métodos se han aplicado con éxito en diferentes dominios del conocimiento [37, 111, 32] mejorando los resultados obtenidos en el estado del arte.

Entonces, la metodología usando aprendizaje profundo para tareas de segmentación, extracción de características y clasificación se representa en la Figura 7.4. Aquí, el preprocesamiento es opcional y dependiente del problema.

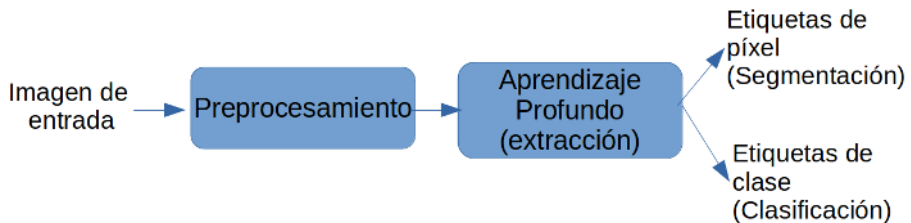


Figura 7.4: Metodología de aprendizaje profundo para análisis de imágenes.

Una de las redes neuronales profundas más utilizada para problemas de visión computacional es la red neuronal convolucional (CNN, por sus siglas en inglés), la cual permite trabajar con imágenes bidimensionales en su entrada [90]. Esta red se forma, principalmente, por dos tipos de capas: las convolucionales y las completamente conectadas. El aprendizaje o extracción de características sucede en las capas convolucionales, y el reconocimiento o clasificación en las capas completamente conectadas. A su vez, una capa convolucional puede contener varias capas, pero generalmente utiliza una de convolución (de ahí su nombre), una de submuestreo o pooling y la función de activación de unidad lineal rectificadora (ReLU, por sus siglas en inglés). Por su parte, las capas completamente conectadas constituyen un clasificador conocido como perceptrón multinivel.

Dependiendo de la tarea a realizar, ya sea segmentación o clasificación, existen redes específicas para esto, como la U-Net para segmentación [152] o ResNet para clasificación [66], por ejemplo.

Para la parte práctica, se recomienda el uso de la biblioteca `Scikit-Learn` en Python o `Weka` en Java que contienen clasificadores de aprendizaje computacional tradicional. Para clasificación con redes neuronales profundas, se recomienda las bibliotecas `TensorFlow`, `Keras` o `PyTorch` para Python.

Algunas revistas recomendadas para consulta de métodos actuales o novedosos de reconocimiento o clasificación son *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, *Pattern Recognition*, *Journal of Machine Learning Research*, *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems* o *Neurocomputing*, entre otras.

7.3 Aplicaciones médicas

Para ejemplificar las metodologías mostradas en la sección anterior, en esta sección se presentan diferentes aplicaciones médicas, donde se utilizan imágenes médicas reales obtenidas de conjuntos de imágenes públicas.

Cabe mencionar que las aplicaciones que se presentan a continuación fueron desarrolladas en conjunto, principalmente, con alumnos de licenciatura y posgrado de la Universidad Tecnológica de la Mixteca.

7.3.1 Preprocesamiento de imágenes de mamografía

Como se mencionó en la sección 7.2.1, las imágenes de mamografía tienen un contraste limitado, por lo que es necesario aplicar un método de preprocesamiento o mejora para ampliar el contraste entre los objetos presentes y el fondo de la imagen.

Otra desventaja de las imágenes de mamografía es que el área de la mama es más pequeña que el área del fondo de imagen, por lo que procesar estas imágenes es computacionalmente costoso. Además, si se utilizara un mamógrafo analógico para la adquisición, se debería eliminar ruido de la imagen digitalizada.

Entonces, cuando se utiliza un mamógrafo digital para adquisición, el preprocesamiento usual es selección del área de la mama y realce o aumento de contraste [6, 120], como es el caso del conjunto público de imágenes de mamografías llamado BCDR-DO1 [114]. Este conjunto contiene un total de 260 imágenes de mama derecha e izquierda con vistas Cráneo Caudal (CC) y Media Lateral Oblicua (MLO) adquiridas de 64 pacientes. Del total de imágenes con lesiones diferentes, en este trabajo nos interesan las que contengan una masa como lesión, ya que ésta se encuentra relacionada con la presencia cáncer de mama [29]. Consecuentemente, se utilizaron 79 lesiones de masa, las cuales se observan en perspectivas CC y MLO, haciendo un total de 143 imágenes de mamografía con presencia de masas. La Figura 7.5 muestra ejemplos de imágenes pertenecientes a BCDR-D01, las cuales presentan distintas categorías de densidad de mama.

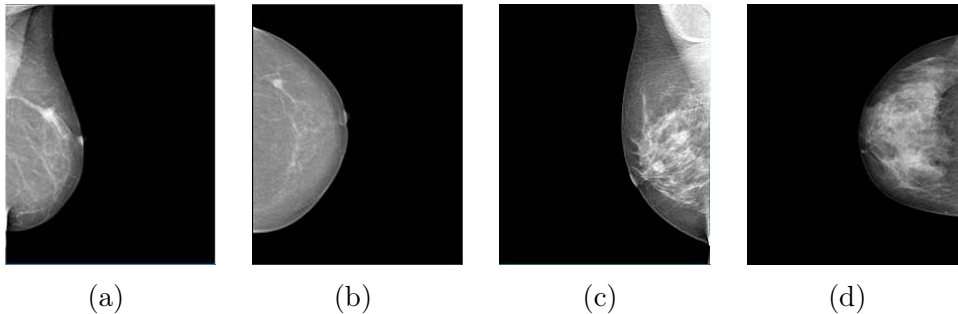


Figura 7.5: Imágenes de mamografía de BCDR-D01 con a) densidad 1, b) densidad 2, c) densidad 3, d) densidad 4.

La densidad de la mama es una característica informativa sobre como el tejido fibroglandular oscurece a la masa. Las categorías posibles de esta van de la densidad 1 (mama grasa y muy sensible) a la densidad 4 (mama densa y poco sensible) [211]. Entonces, a mayor densidad es más difícil visualizar la masa. Esta característica es relevante y se debe tener en cuenta cuando se aplican algoritmos de preprocesamiento y análisis de imágenes, ya que algunos no funcionan o tienen problemas con densidades altas.

Entonces, primero se presenta la selección y recorte del área de la mama, para después aplicar el realce o mejoramiento de la imagen. La idea principal de la selección del área de mama es reducir la imagen a una que contenga solamente la región de la estructura de interés, que en este caso es la región de la mama. Para esto, se realiza una umbralización o binarización de la imagen para obtener una máscara y después se hace el recorte de la región de la mama utilizando la máscara encontrada.

El método utilizado para la binarización es el de Otsu [136], ya que el umbral utilizado lo obtiene el algoritmo de manera adaptativa, esto es se adapta a la imagen de entrada. Después de umbralizar la imagen de entrada, se obtiene una imagen binaria, la cual resulta ser una máscara, donde el frente (píxeles blancos) de la imagen es la región de la mama. Después, la imagen máscara se utiliza para encontrar las coordenadas del rectángulo más pequeño que contenga a la región de la mama. Dichas coordenadas sirven para recortar el rectángulo que contiene la región de la mama en la imagen original. La Figura 7.6 muestra este procedimiento sobre las imágenes de la Figura 7.5. Ahora es más claro que realizar cualquier cómputo o procesamiento sobre la imagen original es más costoso que hacerlo sobre la imagen recortada.

Como se mencionó en la sección 7.2.1, para el mejoramiento de una imagen se pueden utilizar métodos basados en operaciones puntuales, locales y globales. En este trabajo de utilizaron 10 métodos de estos tipos, pero por cuestiones de espacio solo se presentan tres para comparación, como son transformación exponencial (T-Exp), ecualización del histograma (HE) y transformación de apertura modificada (T-AM). La Figura 7.7 muestra la aplicación de estos métodos a las imágenes recortadas de la Figura 7.6.

Para seleccionar el mejor método de realce, se pueden usar varias medidas, y una de ellas es la medida de contraste, por lo que se selecciona el método que mayor aumento de contraste presente. Para el conjunto de imágenes de BCDR-D01, el método que mayor contraste aporta es la T-Exp [71]. Este mejoramiento es muy útil y depende del uso inmediato o posterior que se desea. Por ejemplo, en la Figura

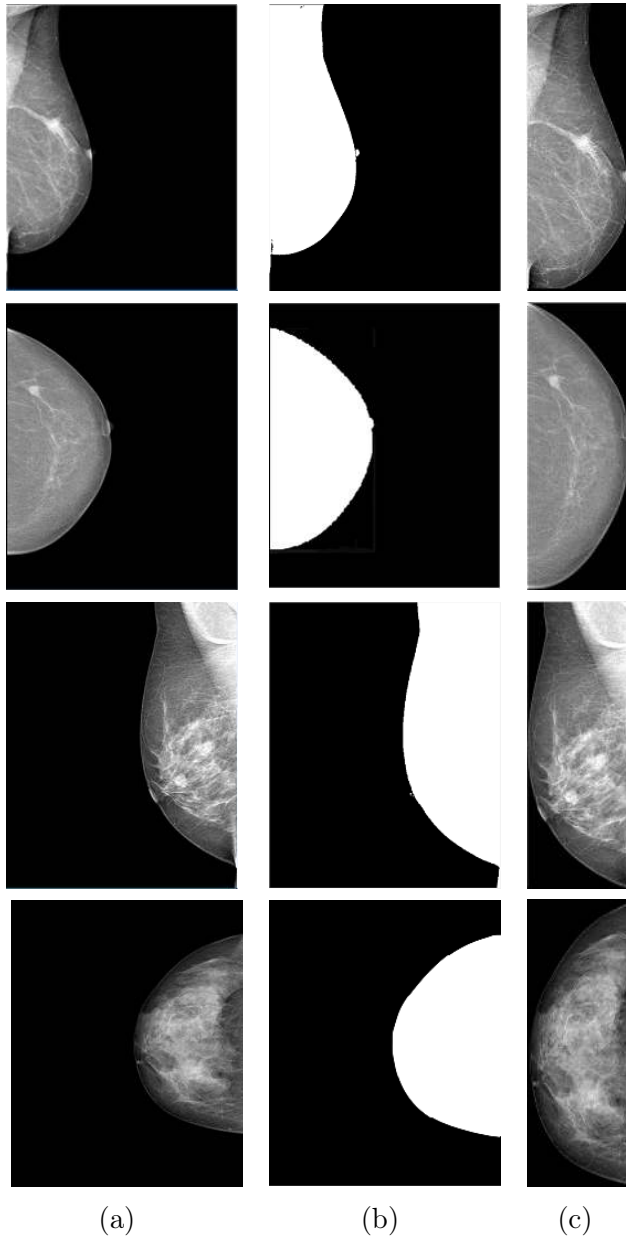


Figura 7.6: Selección y recorte del área de la mama aplicado a las imágenes de Figura 7.5. Columna a) Imagen original. b) Máscara. c) Imagen recortada. Figura tomada de [71].

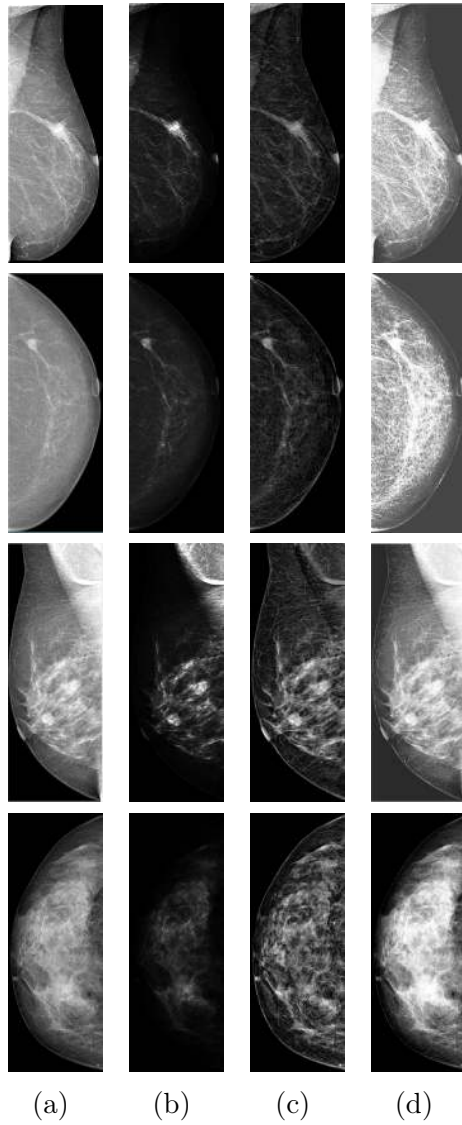


Figura 7.7: Métodos de preprocesamiento aplicados a las imágenes con densidad 1, 2, 3 y 4, en orden de arriba hacia abajo. Columna a) Imagen original recortada. b) T-Exp. c) T-AM. d) HE.

7.7b se observa que las masas están mejor resaltadas que las demás columnas, por lo que un procesamiento subsiguiente de segmentación de estas tendría más éxito que si se intentara segmentarlas a partir de las imágenes en 7.7c/d, como se muestra en [36].

Para mayores detalles de algoritmos y experimentos realizados con el conjunto BCDR-D01, el lector puede consultar [71].

7.3.2 Segmentación de nódulos pulmonares

Los nódulos pulmonares están asociados con riesgo de cáncer pulmonar, una de las enfermedades más mortales en la actualidad [202]. De aquí la relevancia de detectar los nódulos que se forman en el pulmón. Una de las técnicas que ayuda a la detección es la segmentación, ya sea de manera tradicional o con aprendizaje profundo. Actualmente, los resultados más altos de detección se realizan usando el enfoque de aprendizaje profundo mediante redes neuronales convolucionales.

Para realizar la detección de nódulos se recomienda utilizar una fuente con imágenes de alta calidad, como lo es el conjunto público de imágenes LIDC-IDRI obtenidas de tomografía computarizada y proporcionada por el Consorcio de Bases de Datos de Imágenes Pulmonares y la Iniciativa de Recursos de Bases de Datos de Imágenes [31]. Este conjunto contiene 44617 imágenes correspondientes a 1010 pacientes. Los nódulos presentes están anotados por especialistas y pertenecen a cuatro categorías, las cuales se obtienen de combinar si el objeto es nódulo o no-nódulo con la longitud del diámetro mayor o igual que 3 mm o menor que 3 mm.

En este trabajo se utilizaron solamente los nódulos que fueron identificados y anotados por cuatro especialistas, y los restantes fueron descartados. Entonces, se utilizaron un total de 900 nódulos representados en 6183 imágenes.

Para realizar la segmentación de nódulos se sigue la metodología presentada en la Figura 7.4. Es decir, primero se realiza un preprocesamiento y después se utiliza una red convolucional para obtener la segmentación correspondiente.

El preprocesamiento realizado es sencillo y consiste en normalizar las imágenes de tomografía computarizada. Para esto, se transforman las unidades Hounsfield de los archivos originales a valores de niveles de grises, para almacenarlos en formato PNG. Cabe mencionar que la base de datos de LIDC-IDRI incluye, entre otras cosas, el centroide del nódulo especificado por especialistas, lo cual ayuda a crear cajas delimitadoras del nódulo para entrenar a las redes convolucionales.

Para realizar la segmentación de nódulos pulmonares se utilizó la red U-Net [152], ampliamente utilizada en segmentación de imágenes biomédicas. Originalmente, esta red fue diseñada para segmentar estructuras celulares de imágenes obtenidas por microscopios. Esta red consiste de dos etapas, una de contracción y otra de expansión. Sin embargo, para utilizarla en la segmentación de nódulos y mejorar el rendimiento de la arquitectura original, se realizó una modificación a esta.

Una característica de la U-Net modificada es que ahora las imágenes de entrada y salida conservan el mismo tamaño. Además, el número de filtros iniciales es de 32, en vez de 64. La idea básica es que no haya pérdida de información en la segunda etapa de la red. Para mayores detalles de la arquitectura modificada consultar [69].

Para medir los resultados de segmentación, existen varias medidas, incluyendo el coeficiente de similitud Dice (DSC, por sus siglas en inglés). Este coeficiente ayuda a medir el solapamiento entre dos regiones, la indicada por el especialista y la obtenida por U-Net. Entonces, cuando el DSC se aproxima a 1, indica que el resultado de segmentación por U-Net se aproxima a la segmentación realizada por el especialista (regiones altamente superpuestas). En cambio, un DSC cercano a 0 indica que no existe solapamiento entre las regiones segmentadas.

Después de entrenar la U-Net modificada, se obtuvo un modelo final con el cual se midió el rendimiento con el conjunto de prueba, mediante el DSC. Los resultados obtenidos fueron mejores, con un DSC de 88.1%, que los reportados en [117, 126, 198, 199, 204] usando el mismo conjunto LIDC-IDRI, indicando un alto grado de similitud entre las segmentaciones obtenidas por nuestra propuesta y la de los

especialistas. Para ilustrar esto, la Figura 7.8 muestra algunos ejemplos de los mejores resultados de segmentación obtenidos, donde el DSC individual está arriba del 97%. En contraste, también se muestran ejemplos cuando la red tiene dificultades para segmentar el nódulo correctamente, donde el DSC individual es menor al 70%.

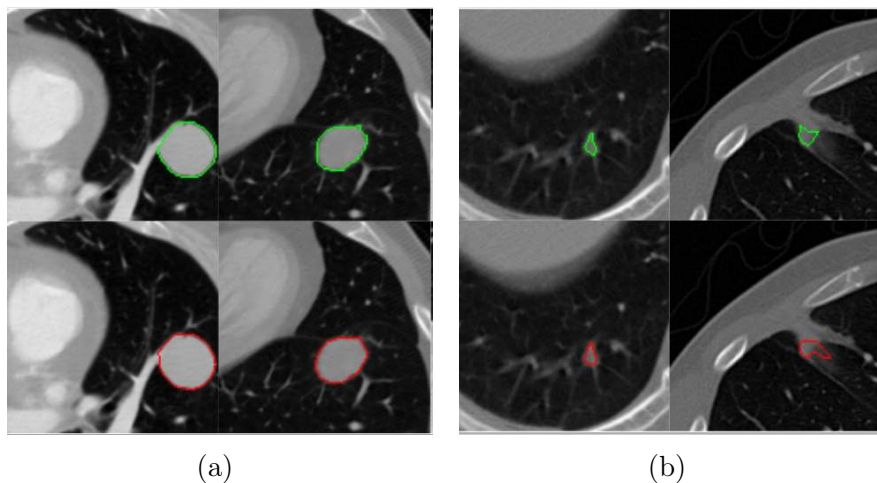


Figura 7.8: Nódulos con formas a) regulares y b) irregulares, segmentados por expertos en verde (arriba) y nódulos segmentados por la U-Net modificada en rojo (abajo).

De la Figura 7.8, se puede observar que la red propuesta puede segmentar mejor los nódulos con formas suaves como son circulares u ovaladas. Sin embargo, esta tiene dificultades para detectar nódulos con forma irregular, como espiculada, y tamaño cercanos a 3 mm. Para mayores detalles de los resultados obtenidos, el lector puede consultar [69].

7.3.3 Otras aplicaciones

Por cuestiones de espacio, en esta subsección solo se hace referencia a otros trabajos relacionados usando la metodología de Figuras 7.3 y 7.4.

Por ejemplo, utilizando el enfoque de aprendizaje computacional tradicional se realizó el reconocimiento de la enfermedad ocular conocida como glaucoma, a través del análisis de imágenes de fondo de retina [154]. El glaucoma es la segunda causa de ceguera no reversible a nivel mundial, y una característica es que aproximadamente la mitad de la población positiva, no sabe que la tiene [144].

En este trabajo, se extraen características de forma y textura de las imágenes de fondo de retina de un conjunto de imágenes público conocido como RIM-ONE-r3. La aportación principal de este trabajo es la utilización de la medida de sensibilidad como criterio de selección de características, en vez de la exactitud de clasificación, como se hace cotidianamente. Se comprobó empíricamente que este criterio ayuda a mejorar el rendimiento de reconocimiento para conjuntos desbalanceados, como el analizado. Para mayor información de los resultados, el lector puede consultar [154].

Por otro lado, una enfermedad reciente de gran interés es la clasificación de neumonía por COVID-19 utilizando el enfoque de aprendizaje profundo. Como es conocido ampliamente el coronavirus del Síndrome Respiratorio Agudo Grave (SARS-CoV2) causa la enfermedad COVID-19, la cual afecta principalmente al sistema respiratorio de una manera progresiva, provocando infecciones respiratorias con síntomas similares a la gripe, y que puede evolucionar en neumonía.

Desde 2020, las técnicas de Inteligencia Artificial se han involucrado, como una herramienta auxiliar, para el análisis de imágenes pulmonares o pruebas de sangre, entre otras. Consecuentemente, las comunidades de análisis de imágenes médicas y aprendizaje profundo han desarrollado y diseminado modelos y herramientas para tareas de preprocesamiento, segmentación y clasificación o predicción utilizando datos de imágenes de COVID-19 [96, 169].







Un trabajo preliminar relacionado con la clasificación de COVID-19 se desarrolló en [70], el cual va más allá de la tarea de clasificación. Es decir, este hace énfasis en la importancia de la calidad de los datos. En este trabajo, aparte de presentar resultados de exactitud de clasificación altos con la red convolucional ResNeXt [206], se implementó

un método explicativo visual, llamado Grad-CAM [164], que ayuda a centrar la atención de los resultados de clasificación de COVID-19 utilizando un mapa de activación (heatmap) superpuesto con la imagen original de rayos-X de tórax. Para esto, se utilizó un conjunto de datos curado [181] y otro no-curado [98].

Los resultados obtenidos muestran que para el conjunto no-curado se presentan medidas de rendimiento muy altas, pero el módulo explicativo evidencia que las características aprendidas son de poca o nula relevancia. Sin embargo, con el conjunto de datos curado, aun cuando se obtienen resultados de rendimiento alrededor de 90%, los mapas de características correspondientes a la explicación visual son de mayor relevancia, ya que inciden en la región pulmonar, principalmente. Lo anterior indica que los resultados de clasificación de COVID-19 son más confiables utilizando el conjunto curado que el no-curado, ya que las características relevantes aprendidas por la red se encuentran contenidas en la región de interés para este problema. Para mayores detalles de este trabajo consultar [70].

Capítulo 8

Sistemas de apoyo en la identificación automática del Cáncer de Mama: Caso práctico

Sandra E. Nava-Muñoz ^{1*}, *Francisco E. Martinez-Perez* ¹,
Alberto S. Nuñez-Varela ¹, *Cesar A. Ramirez-Gamez* ¹, *Jose I.
Nuñez-Varela* ¹, *Hector G. Perez-Gonzalez* ¹

¹ Universidad Autónoma de San Luis Potosí. San Luis Potosí, San Luis Potosí, México.

senavam@uaslp.mx

eduardo.perez@uaslp.mx

alberto.nunez@uaslp.mx

rgamez@uaslp.mx

jose.nunez@uaslp.mx

hectorgerardo@uaslp.mx

*Corresponding author: senavam@uaslp.mx

8.1 Introducción

El cáncer de mama es el tipo de cáncer más común diagnosticado en mujeres a nivel mundial, y aunque es una enfermedad que puede llegar a ser mortal, su detección temprana y tratamiento es vital para la recuperación de la paciente. El procedimiento de utilización de mamografías es el método más común para la detección temprana del cáncer de mama, en este tipo de imágenes radiográficas se pueden encontrar diferentes hallazgos que pueden ser indicativos de cáncer, entre los hallazgos o lesiones más comunes se encuentran las masas y las calcificaciones. El análisis de estas mamografías permiten reportar un valor que establece un porcentaje de probabilidad de tener cáncer de mama, esta clasificación esta dada por la escala del *Breast Imaging Reporting & Data System* (BI-RADS®) [99].

Al ser una enfermedad tan importante a nivel mundial, el cáncer de mama se ha estudiado ampliamente. En la disciplina de las Ciencias de la Computación, se le ha dado mucha importancia a la generación de herramientas para el estudio de las mamografías, desde el uso de algoritmos de visión computacional, hasta la aplicación de métodos de Inteligencia Artificial (IA) y Aprendizaje Automático (*Machine Learning*). Actualmente, diferentes métodos de IA requieren de un proceso de integración que considere una combinación de investigación y desarrollo de algoritmos basados en la recopilación de datos. Estos algoritmos nos permiten identificar y clasificar de manera automática ciertos hallazgos indicativos de benignidad o malignidad en una mamografía.

A pesar de la existencia de una amplia investigación con relación a los algoritmos que permiten el apoyo para la detección de hallazgos, y la presencia en el mercado de sistemas comerciales que realizan análisis automático, es crucial señalar que las características y el alcance del análisis que estos sistemas pueden llevar a cabo, aún presentan limitaciones significativas. Por lo tanto, es importante mencionar que estos algoritmos de apoyo no pretenden reemplazar la intervención humana. Aún queda mucho trabajo por hacer para que estos algoritmos puedan analizar una mamografía de manera comparable a un profesional humano basado en su conocimiento y experiencia.

Para lograr que los algoritmos de apoyo se asemejen al proceso que sigue un radiólogo al identificar los hallazgos, se necesitan crear metodologías computacionales que sigan el proceso que los radiólogos realizan al analizar un estudio mamográfico; es decir, reconociendo la metodología médica donde se identifican formas, tamaños, densidad, etcétera. El objetivo de este capítulo es describir la problemática de salud del cáncer de mama buscando una solución tecnológica, a través de un modelo conceptual, denominado PREVEMM, que sirva para la implementación de herramientas de apoyo al personal de salud en la toma de decisiones.

El capítulo está estructurado de la siguiente forma: la sección 8.2 proporciona mayor contexto acerca de la enfermedad del cáncer de mama, así como la descripción del proceso de estudio mamográfico y la escala utilizada por los radiólogos para facilitar su detección; la sección 8.3 aborda la aplicación de sistemas computacionales para el apoyo en la detección y diagnóstico del cáncer de mama; en la sección 8.4 se describe un caso práctico para abordar la identificación automática del cáncer de mama, a través de la propuesta de un modelo conceptual y, se destaca la complejidad y multifactorialidad del análisis realizado por los radiólogos; finalmente, en la sección 8.5 se mencionan algunos retos que todavía se presentan para estos sistemas de apoyo.

8.2 Enfermedad del Cáncer de Mama

El cáncer de mama es un padecimiento que se origina cuando las células en el seno comienzan a crecer de forma descontrolada, formando un tumor (masa) o pequeñas calcificaciones. No es una enfermedad exclusiva de mujeres, también se puede presentar en hombres, pero con menor incidencia. La Organización Mundial de la Salud presentó un reporte del año 2020 en donde la incidencia de Cáncer de Mama para México en mujeres fue de 28.2%, siendo la enfermedad con mayor porcentaje [130]. El diagnóstico validado de esta enfermedad puede ser un proceso complejo, en la mayoría de los casos involucra más de un estudio médico, pero generalmente inicia con el resultado de una

mamografía. El estudio mamográfico es el proceso de obtener placas radiográficas de los senos, y el resultado está conformado por cuatro imágenes en el formato estándar DICOM® (*Digital Imaging and Communications in Medicine*), llamadas proyecciones: una craneo-caudal (CC) y una oblicua mediolateral (MLO), por cada seno. Los especialistas que realizan la interpretación de dichas proyecciones son los radiólogos, emitiendo un juicio sobre los hallazgos encontrados y mostrando los resultados en una escala denominada Sistema de Reporte y de Datos de Imágenes Mamarias (BI-RADS® por sus siglas en inglés) [99]. En la tabla 8.1 se describe el significado para cada uno de los resultados en dicha escala.

Los hallazgos que se pueden encontrar a través de la mamografía no siempre son indicio de algo maligno, algunos hallazgos se clasifican en la categoría de benignos. La literatura y el diálogo que se ha tenido con expertos en medicina, como parte de nuestro proyecto de investigación, plantean que el identificar masas y calcificaciones es un primer paso, sin embargo, el estudio de ganglios y de la densidad mamaria son importantes también para dicho proceso. A continuación, se describen brevemente los posibles hallazgos encontrados a partir de una mamografía.

Las masas, también llamados nódulos, son un tipo de hallazgo que tienen un borde completo o parcialmente convexo y, pueden variar respecto a su forma, margen y densidad. Como ejemplos, en la figura 8.1 se observa una masa con características irregular, hiperdensa y oscurecida; mientras que en la figura 8.2 se muestra una masa ovalada, isodensa y oscurecida.

En el caso de las calcificaciones, se sugiere observar en primera instancia el tamaño, ubicándolas en dos conjuntos: típicamente benignas y de morfología sospechosa. Adicionalmente, la literatura [77] reporta que se debe observar su distribución. Por ejemplo, en las figuras 8.3 y 8.4 se muestran calcificaciones de ambos tipos.

El método que siguen los radiólogos para la identificación de hallazgos es complejo y multifactorial, se enfoca en relacionar la anatomía normal del seno con las proyecciones de la mamografía. El análisis parte de una definición de cuadrantes, realizando un barrido como lo

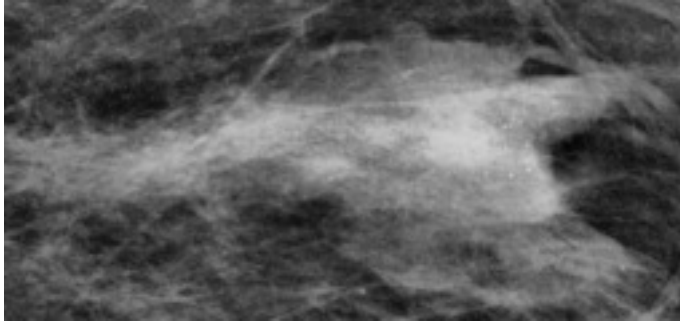


Figura 8.1: Ejemplo de masa con características: irregular, hiperdensa y oscurecida.

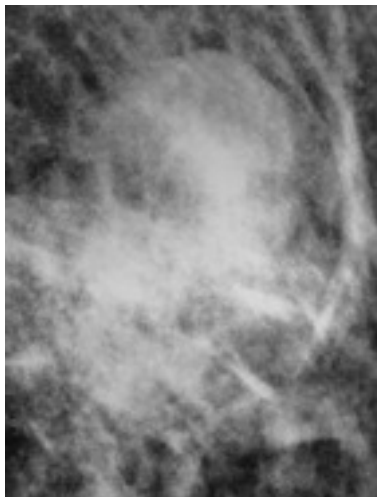


Figura 8.2: Ejemplo de masa con características: ovalada, isodensa y oscurecida.

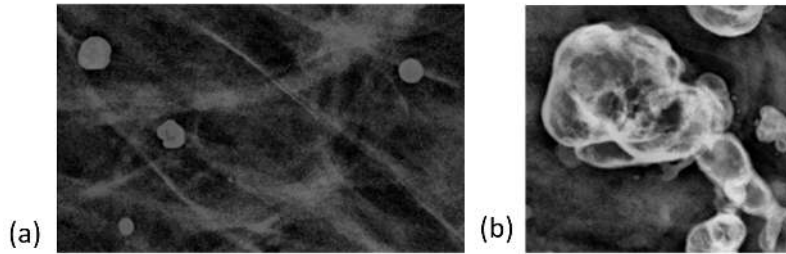


Figura 8.3: Ejemplo de calcificaciones benignas: (a) redonda con distribución difusa, (b) de tipo grosera (palomita de maíz).

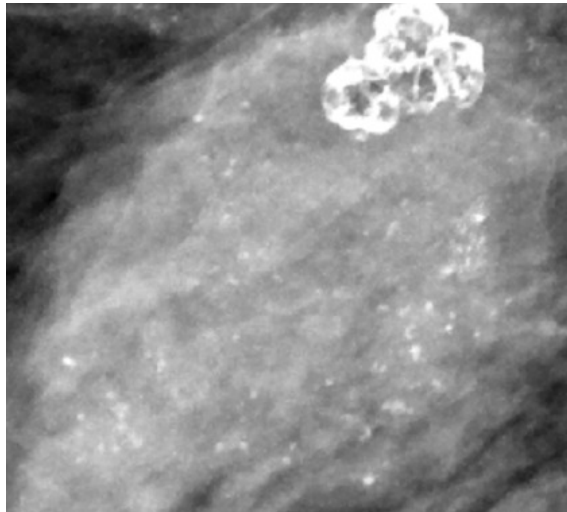


Figura 8.4: Ejemplo de calcificaciones con morfología sospechosa, características: pleomorfas y distribución lineal.

Evaluación	Probabilidad de cáncer
Categoría 0: Incompleto. Necesita evaluar otros estudios o comparar mamografías previas	N/A
Categoría 1: Negativa	En esencia la probabilidad de malignidad es del 0%
Categoría 2: Típicamente benigno	En esencia la probabilidad de malignidad es del 0%
Categoría 3: Probablemente benigna	Probabilidad de malignidad $> 0\%$ pero $\leq 2\%$
Categoría 4: Sospechosa	Probabilidad de malignidad $> 2\%$ pero $< 95\%$
Categoría 4A: Baja sospecha de malignidad	Probabilidad de malignidad $> 2\%$ pero $\leq 10\%$
Categoría 4B: Moderada sospecha de malignidad	Probabilidad de malignidad $> 10\%$ pero $\leq 50\%$
Categoría 4C: Alta sospecha de malignidad	Probabilidad de malignidad $> 50\%$ pero $< 95\%$
Categoría 5: Muy sugerente de malignidad	Probabilidad de malignidad $\geq 95\%$
Categoría 6: Diagnóstico maligno confirmado por biopsia	N/A

Tabla 8.1: Categorías de valoración BI-RADS® [44]

muestra la figura 8.5 [77]. Las variaciones de color, forma y distribución de lo que se visualiza es el inicio para poner énfasis en esas partes de la imagen, y contrastar una proyección con otra, así como observar otras características como la profundidad de los hallazgos, la piel de naranja, la retracción del pezón, entre otras.

El radiólogo, al observar hallazgos como los mostrados en las figuras anteriores, identifican sus características para emitir un resultado utilizando la escala BI-RADS®, por ejemplo, para la masa de la figura 8.1 cuyas características son: irregular, hiperdensa, oscurecida se le asigna un BI-RADS 4B, lo que significa probabilidad de cáncer, entre

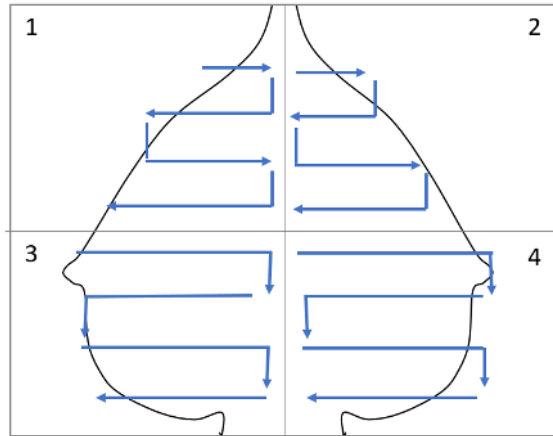


Figura 8.5: Método sugerido para el análisis de las mamografías, ejemplificado sobre las proyecciones oblicuas mediolaterales (MLO).

10 y 50% de malignidad . En la siguiente sección se describen algunas aplicaciones identificadas en la literatura que localizan hallazgos a partir de las imágenes de la mamografía.

8.3 Aplicaciones computacionales en la identificación de hallazgos

Existe un gran interés por parte de la comunidad científica en generar sistemas de apoyo que tengan un alto nivel de sensibilidad, es decir que tan bien predicen instancias positivas, reduciendo al máximo el número de falsos positivos, en donde el sistema identifica lesiones que en realidad no lo son. Por esta razón, es posible encontrar un gran número de trabajos de investigación que proponen algoritmos para la clasificación y/o detección de hallazgos, enfocándose en un tipo de calcificación o masa en particular. Por ejemplo, en el año 2016 se publica el *Digital Mammography Dream Challenge*¹, con el objetivo de obtener sistemas de apoyo que se acerquen a la precisión con la que los radiólogos dan

¹<https://www.synapse.org/#!/Synapse:syn4224222/wiki/401743>

su interpretación, y motivando a que el trabajo de investigación se base en un campo dentro de la IA conocido como aprendizaje profundo (*Deep Learning*). Therapixel², la empresa francesa ganadora, utilizó un modelo computacional basado en Redes Neuronales Convolucionales (CNNs, *Convolutional Neuronal Networks*) [125]. Esta empresa comercializa el sistema *MamoScreen*³, el cual detecta y caracteriza hallazgos de tejido blando y calcificaciones, y evalúa su nivel de malignidad usando una escala del 1 al 10. Aunque estos sistemas, dentro del reto, proponen una solución, ésta es específica sin abarcar toda la problemática de salud.

En la literatura se puede encontrar un gran número de trabajos de investigación, en los cuales se utilizan CNNs sobre diferentes tipos de problemáticas como los presentados en [145] [11] [52], la mayoría de ellos se basan en modelos computacional como los mostrados en 8.6 y se enfocan en una parte de la problemática. Por ejemplo, los autores de [145] presentan un trabajo en el cual desean aprovechar el poder de las técnicas avanzadas de aprendizaje profundo, mediante la utilización de una CNN. Resaltando un desempeño del 95.2 por ciento de exactitud en su clasificación, siendo el resultado mostrado entre cáncer y no cáncer. Otro trabajo que se presenta en [11], ellos hacen uso de CNN con el propósito de conseguir un mejor desempeño en la segmentación, extracción de características, y clasificación siguiendo el modelo computacional de la Figura 8.6b, y mencionando haber obtenido la detección de un tumor de cáncer de mama sin especificar si el tipo de tumor estuvo asociado a una masa o calcificación o ambos. Por último, en [52], los autores presentan resultados experimentales en los cuales utilizan un número pequeño de casos obtenidos de la Clínica Mayo. Esta clínica les proporciona casos clasificados en BI-RADS 4 y 5, cuyos autores consideran y los clasifican como benignos y con lesiones de cáncer, sin profundizar en la escala, tal como se muestra en la Tabla 8.1. Ellos analizan un hallazgo por paciente y en ocasiones existen más de un hallazgo, por lo que los autores si consideran un análisis más exhaustivo en la presentación de sus resultados

²<https://www.therapixel.com/>

³<https://www.mammoscreen.com/>

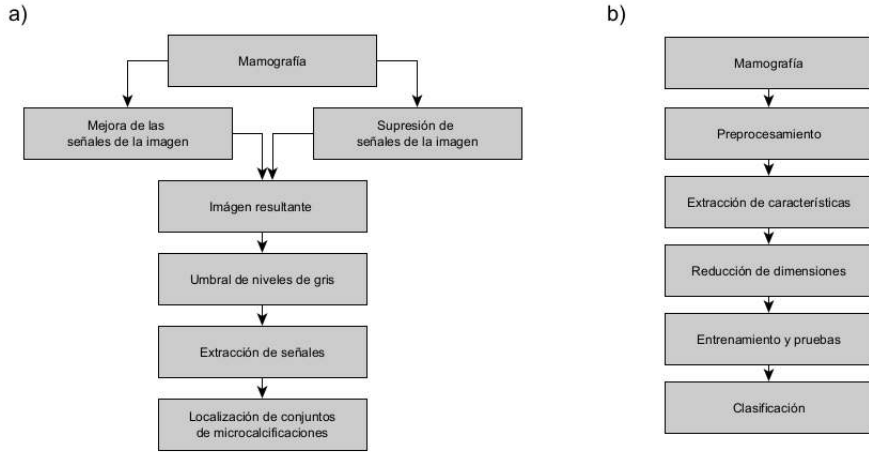


Figura 8.6: Modelos computacionales de los sistemas de apoyo para la detección y diagnóstico; (a) tomado de [28] y (b) elaborada a partir de [11]

experimentales pero no suficientes en las variables que surgen en este tipo de problemáticas.

Aunque algunos de estos trabajos de investigación indican que el uso de sistemas de apoyo son buenos como soporte al radiólogo, sus conclusiones varían. Los autores de [42] recomiendan que estos sistemas se deben de usar con mucha precaución debido a la gran cantidad de falsos-positivos. Aunque pudiera parecer que los sistemas de apoyo usualmente van a tener una discrepancia con lo que detecta un humano, los avances que se van dando en la Inteligencia Artificial año con año, permiten generar nuevos y mejores algoritmos para que la detección automática de hallazgos sea más precisa. Por lo que los algoritmos que se desarrollen deben ser utilizados como herramientas de apoyo, dada la complejidad que una enfermedad representa y puede llegar a variar de persona a persona.

8.4 Caso Práctico para la identificación del cáncer de mama en hallazgos de tipo calcificación

Como se mencionó previamente, en la actualidad, una de las técnicas más utilizadas en IA para la detección de hallazgos en estudios mamográficos son las Redes Neuronales Convolucionales (CNNs, por sus siglas en inglés *Convolutional Neural Network*). Estas redes, que forman parte del campo del aprendizaje automático, ofrecen un enfoque escalable para la clasificación de imágenes y el reconocimiento de patrones. Sin embargo, para poder aplicar esta técnica es necesario profundizar en la problemática completa. Por lo que en esta sección se plantea un caso práctico que propone un modelo, el cual debiese ser tomado en cuenta para dar una interpretación de los estudios mamográficos.

En términos médicos, cuando un radiólogo emite una interpretación sobre el estudio de una mamografía, utiliza su conocimiento y experiencia siguiendo la metodología que indica la escala BI-RADS®[®], así como se describió en la sección 8.2. En el estado del arte, existe la metodología médica, la cual es necesaria convertirla o adaptarla a las metodologías computacionales.

En la literatura actual, con enfoque computacional, los trabajos son orientados a la interpretación de hallazgos de estudios mamográficos haciendo el uso del reconocimiento de patrones o reconocimiento de objetos. Dado que el objetivo del reconocimiento de patrones es el asignar una observación dentro de múltiples clases [192]. La observación puede ser una señal, en una imagen puede estar un objeto, persona u otra cosa. Dentro de una imagen puede existir más de un objeto los cuales deberán ser asignados a una o varias clases. Por ejemplo, una calcificación se podría clasificar en una o varias clases, dependiendo de si existen diferentes formas o tamaños.

Por lo que la metodología del reconocimiento de patrones es necesaria adaptarla a los procesos médicos que utilizan los radiólogos, para emitir interpretaciones adecuadas a la enfermedad específica. A con-

tinuación, se describe un modelo computacional denominado PRE-
VEMM (por sus siglas en inglés *Pattern Recognition to EValuatE
MaMmograms*) [105], cuyo objetivo es considerar todos los pasos que
realiza un médico radiólogo en el momento que ejecuta una inter-
pretación a un estudio mamográfico.

El modelo conceptual PREVEMM (ver figura 8.7) toma en cuenta
cuatro características fundamentales que representan: 1) Condiciones
necesarias; 2) Interacciones; 3) Estrategias implementadas para su
análisis; y las 4) Consecuencias que surgen del análisis.

1. Condiciones: El primer requisito es tener un estudio mamográ-
fico completo, es decir, contar con las cuatro proyecciones (MLO
izquierda y derecho (MLOL y MLOR) y, CC izquierda y derecha
(CCL y CCR)). Cada proyección puede contener ninguno, uno
o varios hallazgos. En algunas ocasiones existen casos, en donde
los estudios mamográficos se conforman de 2 proyecciones, sin
embargo, estos estudios son indicio de que la persona ya tuvo
cáncer y solo es un seguimiento de la enfermedad. En la actu-
alidad existen bases de datos públicas [112] [91] las cuales pre-
sentan estudios completos y de seguimiento (2 proyecciones); se
sugiere utilizar los estudios que cuentan con 4 proyecciones para
la valoración de algoritmos.
2. Interacciones: Los radiólogos interactúan con el estudio aco-
modando cada una de las proyecciones como se muestra en la
Figura 8.7(ii). Dependiendo de las relaciones que observa el
radiólogo, las proyecciones pueden ir cambiando de lugar para
comparar cada uno de ellas y la relación de los hallazgos [78].
3. Estrategias de análisis: El radiólogo comienza a realizar el análi-
sis observando cada una de las proyecciones de forma individual.
El análisis lo realiza en forma de zig-zag de arriba hacia abajo.
Posteriormente, si se identifica algún hallazgo en alguna proyec-
ción, se observa la correspondiente al mismo lado, es decir, se
revisa la MLOL y la CCL. En cada una de las proyecciones se
pueden identificar la densidad, y algunos tipos de hallazgos tales

como calcificaciones y/o masas. Posteriormente se observa si existen simetrías o distorsiones, sin embargo en el modelo PRE-VEEMM no fueron consideradas. Una de las características que existe en todas las proyecciones es la densidad. Los hallazgos son interpretados por la lateralidad (izquierda o derecha). Una estrategia de análisis es almacenar la información de cada hallazgo de cada proyección basada en características identificadas de estos (*Feature extraction* segunda etapa de reconocimiento de patrones). Una calcificación puede ser reconocida por su forma y su tamaño. Todos los hallazgos encontrados deben ser analizados en forma conjunta, lo cual crea una interpretación con base en la clasificación BIRADS®. De esta forma, la información obtenida de los hallazgos de cada proyección debe ser fusionada, comparada y analizada. En esta característica es posible implementar todo el proceso de reconocimiento de patrones incluyendo las técnicas de IA.

4. Consecuencias: Una vez que se comparó y analizó cada uno de los hallazgos en forma conjunta, es posible crear una interpretación con base en el sistema de clasificación BIRADS®, como parte final del modelo PREVEEMM.

Para demostrar el uso del Modelo Conceptual de la figura 8.7 considere el siguiente ejemplo: Haciendo uso del paradigma de reconocimiento de patrones, el cual toma en cuenta tres etapas [192], que corresponden a: 1) pre-procesamiento, 2) extracción de características, y 3) clasificación.

1. El objetivo del pre-procesamiento depende mucho de los detalles de la aplicación. El pre-procesamiento incluye: reducción o eliminación de ruido, mejora del contraste o el rango dinámico de la imagen, mejora de la información de los bordes en la imagen. Como herramientas de ejemplo, se encuentran los filtros paso bajo. Este tipo de filtros buscan suavizar una imagen, eliminan el posible ruido y resaltan determinada información presente a una cierta escala. En esta dirección, con base en el modelo

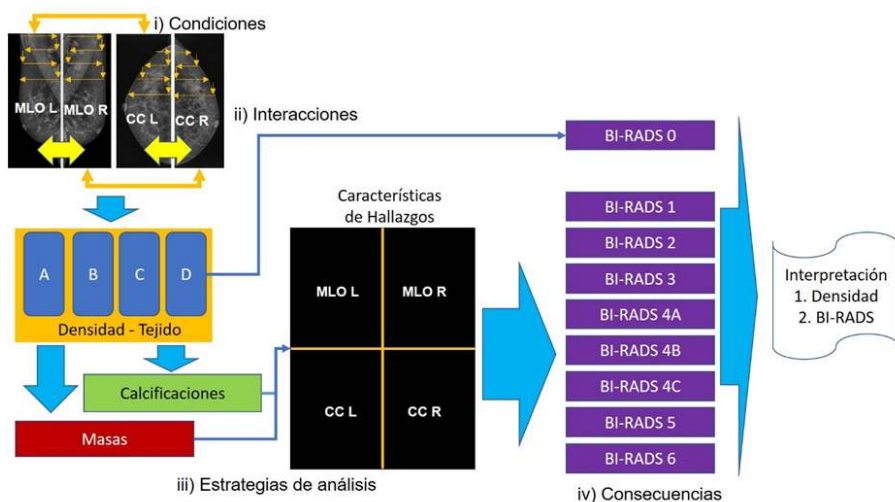


Figura 8.7: Modelo Conceptual PREVEMM, conformado por: i) condiciones iniciales necesarias, ii) interacciones que realiza el radiólogo, iii) estrategias de análisis que aplica el radiólogo, y iv) consecuencias basadas en el análisis para la creación de la interpretación

conceptual, se debe aplicar el pre-procesamiento a las cuatro proyecciones del estudio mamográfico, preparando estas para la siguiente etapa.

2. El objetivo de la extracción de características es producir descriptores para capturar la esencia de la imagen de entrada. Las características son los datos de entrada al clasificador. El objetivo es asignar las características derivadas de la observación de entrada a una de las clases. Como herramientas de ejemplo se encuentran los filtros de paso alto, cuya función es resaltar las zonas de mayor variabilidad, realizar enfoques y detectar bordes. En el modelo conceptual dentro de esta etapa, es necesario adquirir todos los hallazgos de las proyecciones del estudio. Es decir, reconstruir las diferentes formas que se reconozcan para encontrar sus relaciones si llegaran a existir. Parte fundamental de entrada para la siguiente etapa.
3. Los clasificadores son diseñados para optimizar algunas métricas tales como la probabilidad del error de clasificación, o el conteo de errores empíricos. Los clasificadores existen en varias formas, entre las cuales se incluyen los clasificadores estadísticos, los basados en redes neuronales artificiales, y los basados en lógica difusa. En este sentido, es necesario tener bien definidos los hallazgos para entrenar y poder clasificar correctamente. Y de esta manera crear nuestro sistema inteligente. Al concluir con esta etapa, el modelo conceptual debe ser capaz de producir, con base en las probabilidades y características encontradas, una clase de BI-RADS®.

En la figura 8.8 se muestra el ejemplo de una calcificación en donde el inciso (a) es la imagen original; el inciso (b) muestra la imagen original con ruido del tipo sal y pimienta. En este caso la figura del inciso (b) sería una imagen tradicional que representa la entrada a la metodología de reconocimiento de patrones. Esta imagen marca la entrada a la etapa de pre-procesamiento y como resultado se obtendrá la imagen mostrada en el inciso (c), que corresponde al resultado

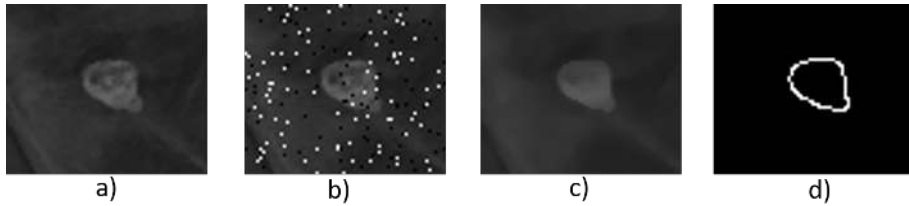


Figura 8.8: a) Imagen original de una calcificación, b) Imagen con ruido del tipo sal y pimienta, c) Resultado de aplicar el filtro de mediana, d) Resultado de bordes encontrados.

de aplicar el filtro de mediana para suavizar y eliminar el ruido de la imagen. Por último, esta figura (c) corresponde a la entrada de la segunda etapa, en la cual se aplica el filtro *Canny* para la detección de bordes como se muestra en el inciso (d). A continuación, en la figura 8.10 (sección de Anexos) se muestran las líneas de código que representan cada etapa. El ejemplo mostrado en esta figura solo presenta el reconocimiento en una proyección. Es importante mencionar que, si existe una calcificación visible en una proyección, por ejemplo en la CCL (como el ejemplo de la figura 8.8), esta misma calcificación se debe reconocer en la proyección MLOL, pero no necesariamente de la misma forma geométrica que en la CCL. Por lo que es necesario realizar una concordancia entre las dos proyecciones del hallazgo para hacerlas coincidir, y de esta manera crear una interpretación de los hallazgos más apegados a como lo realiza un radiólogo. Situación que muchos trabajos en la literatura no toman en cuenta. En la siguiente etapa de clasificación es necesario tomar en cuenta las dos proyecciones y las relaciones de los hallazgos que se tienen entre estas.

Aunque en lo mostrado en el código de la Figura 8.10 pareciera sencillo, no lo es. Esto se debe a que una imagen puede contener más de una calcificación y en muchas formas y tamaños. Es decir, cada tipo de calcificación puede llegar a representar una clase de objeto a detectar. El ejemplo mostrado en la figura 8.8 representa un tipo de calcificación denominado "*palomita de maíz*". Además, es necesario considerar que este tipo de calcificación puede ser detectada en diferentes tamaños y con diferentes direcciones. Es decir, es necesario

considerar por cada clase de objeto la traslación y la rotación para hacer posible la detección de una calcificación en particular. Estas variantes serán las entradas a la siguiente etapa de clasificación, que se encargará de determinar el tipo de calcificación que corresponde.

Para ejemplificar la etapa de clasificación, a continuación se describen los pasos para realizar la detección de la calcificación mostrada en la Figura 8.8. Una de las técnicas que se utilizan actualmente es el uso de la convolución. Con ella es posible reconocer algunos objetos sencillos mediante el establecimiento de un patrón específico dentro de un núcleo o máscara, que se describe como:

1. Identificar un patrón de algún objeto de interés, como el presentado en la Figura 8.9 de una calcificación. Es posible eliminar el fondo de la calcificación para localizar un objeto similar a éste.
2. Guardar el patrón en una variable de tipo *NPY* (tipo de datos Numpy en el lenguaje Python). Esta variable es nombrada como el *kernel* o máscara a reconocer.
3. Para probar, se utiliza la misma imagen de donde fue localizado el patrón de la calcificación, con esto es posible corroborar que el objeto que se desea localizar con convolución se encuentra en la imagen origen. Al aplicar la convolución entre la máscara y la imagen original, los valores en donde se encuentra el objeto se elevan, como un valor muy alto, como se muestra en la figura 8.9, y representa un valor máximo en donde se encuentra el objeto.
4. Se aplica la instrucción *filter2D* de OpenCV[193]. Como se muestra en la línea de código 03 de la figura 8.11 (sección de Anexos).
5. Para encontrar el objeto en la imagen resultante, es necesario encontrar los valores máximos de la imagen resultante. Con este valor máximo es necesario localizar las coordenadas (x,y) de este valor, como se muestra en la figura 8.11, en la línea 06.

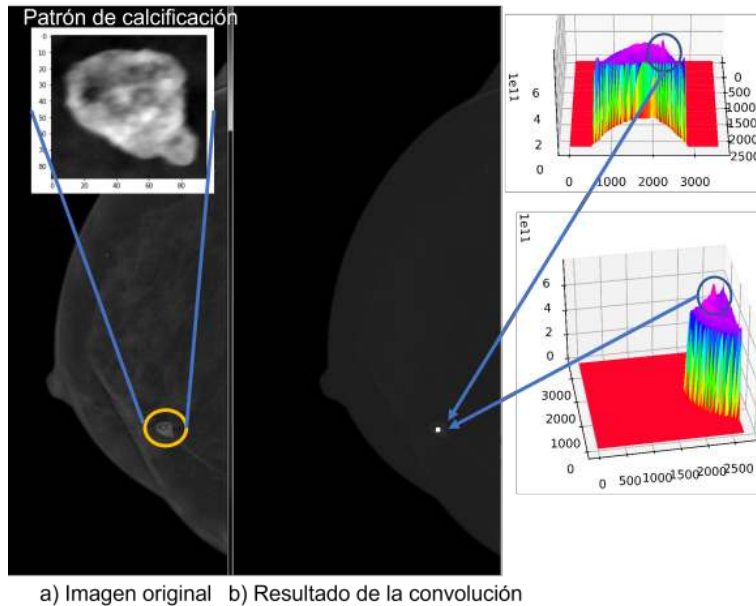


Figura 8.9: Resultados de la convolución de una calcificación. (a) patrón obtenido de la imagen original y (b) proceso de convolución a partir del patrón

6. Utilizar las coordenadas (x,y) obtenidas del valor máximo de la imagen resultante y usarlas para visualizar las coordenadas en la imagen original, como se muestra en la figura 8.9 línea 04.

Los seis pasos descritos anteriormente se muestran en la figura 8.11. Los resultados del código fuente son mostrados en la figura 8.9.

Con base en lo anterior, es necesario entender qué sucede en cada etapa. Con el entendimiento de estas etapas se podrá crear un panorama más amplio para la creación de un sistema de apoyo usando IA. En este sentido, las Redes Neuronales Convolucionales realizan los siguientes pasos, similares al ejemplo antes descrito.

Considere una CNN cuya entrada es una o varias imágenes. La red utiliza una serie de capas convolucionales (según se configure), para que, de manera progresiva extraiga las características más representativas de cada imagen. A medida que se profundiza en estas capas

convolucionales, el ancho y alto de las imágenes resultantes van disminuyendo, pero a la vez la profundidad de las mismas va en aumento. Esta profundidad cobra importancia ya que en las capas más ocultas se extraen más características particulares de cada imagen. Posteriormente, existe una etapa de entrenamiento, en donde se utiliza una gran cantidad de imágenes, lo que permite un aprendizaje formado por las características relevantes de cada una de las imágenes de entrenamiento. El aprendizaje se implementa con una red neuronal. La salida que se muestra basada en las categorías con las que la red fue entrenada permite la clasificación de cada uno de los objetos. Algunas descripciones de las CNNs pueden ser encontradas en [107] [145] [11] [52].

8.5 Conclusiones

El cáncer de mama, al ser una enfermedad de mayor incidencia, requiere de apoyo para identificar uno o más hallazgos de manera oportuna y optimizar tiempos en procesos de diagnóstico. No obstante, las diversas variantes de hallazgos que se pueden presentar en formas distintas en cada persona. Por lo que las ciencias computacionales continúan realizando su mayor esfuerzo, principalmente en las áreas del procesamiento de imágenes, reconocimiento de patrones y la IA. Sin embargo, como se menciona anteriormente, los sistemas encontrados en la literatura se enfocan en identificar una característica específica en los procesos, en donde es necesario considerar el análisis de las variables, entre las que destacan: la densidad, las formas, los tamaños, la distribución y algunas posibles combinaciones de los hallazgos. Por lo que al conjuntar estas características es posible emitir información para la toma de decisiones de los radiólogos.

El caso práctico presentado aquí, es ilustrativo de lo que se debe considerar para el entendimiento de la problemática. Las CNNs son una herramienta computacional muy buena que permite proporcionar una clasificación, sin embargo, es necesario aplicar la problemática real que radica en trasladar el conocimiento de un tipo de enfermedad

abarcando todas las implicaciones que conlleva. En la problemática que aquí se plantea, es enfocada en la experiencia de un radiólogo para crear una interpretación de un estudio mamográfico. En términos computacionales, en [145] [11] se presentan buenos trabajos en donde se involucra el uso de CNN, el inconveniente de ellos es que se limitan a proporcionar una clasificación binaria y no considera la clasificación adecuada para el cáncer de mama que es el BIRADS®. El modelo PREVEMM que se presenta en este capítulo sugiere las condiciones, las interacciones, las estrategias y las consecuencias que se debiesen considerar para la creación de una interpretación basada en el sistema de clasificación BI-RADS®.

Por lo que en este capítulo solo se plantea un pequeño ejemplo, en el cual considera el reconocimiento de una calcificación de tamaño grande. Con base en la experiencia transmitida por radiólogos entrevistados, si en este ejemplo solo existiera esa calcificación correspondería a un BI-RADS 2.

Se han identificado también, algunos retos en cuanto a la Inteligencia Artificial se refiere. Estos sistemas requieren de mucha información para su entrenamiento, en este caso mamografías, por lo que no es una tarea fácil conseguir esa información, porque es información sensible, privada; así como es difícil de encontrar los casos específicos sospechosos con malignidad. Adicionalmente, se debe considerar que, dependiendo del algoritmo o técnica a utilizar, es necesario una gran cantidad de mamografías por tipo específico de hallazgo (tamaño, color, forma, si es benigno, sospechosas malignas, etc.) para entrenar a un sistema. No es útil tener 10,000 mamografías si la mayor parte sólo contienen calcificaciones del tipo benignas, lo cual no permitiría detectar masas o viceversa.

Los sistemas de apoyo son una herramienta muy útil que puede colaborar en la detección de hallazgos en una mamografía, pero todavía falta mucho trabajo tecnológico y de investigación para que estos sistemas crezcan y permitan evaluar todas las características necesarias para poder dar un resultado más preciso, siendo este resultado preferentemente un valor en la escala de BI-RADS®. Adicionalmente, es necesario considerar que este tipo de sistemas son de soporte al médico

oncólogo o al radiólogo, y no deben de utilizarse como una herramienta para proporcionar un diagnóstico definitivo, ya que no buscan sustituir el conocimiento y experiencia de los especialistas médicos.

8.6 Anexos

En esta sección se describen los códigos mencionados anteriormente.

```

01 import cv2                                     #Biblioteca de OpenCV® en el lenguaje Python
02 image = cv2.imread('calcif_ruido.png')         #Se obtiene la imagen b)
03 img_gris = cv2.cvtColor(image, cv2.COLOR_BGR2GRAY) #Se convierte a escala de grises

04 median = cv2.medianBlur(img_gris,5)           #Se aplica el pre-procesamiento
                                                #Se implementa el filtro de mediana

05 wide = cv2.Canny(median, 30, 150)            #Se aplica la extracción de características
                                                #Se implementa el filtro Canny para detectar bordes

```

Figura 8.10: Código fuente que representan dos etapas del reconocimiento de patrones en las líneas 04 y 05.

```

#Carga de imagen original
01 img_gray=Imagen.cargaImagen('C:/awmm/cancer/Calificaciones/procesadas/', 'Coc01.31')

#Carga de la variable que contiene el patrón.
02 kernel=nc.load('PFiltroCal/coc01.npy')
#Instrucción que hace la conen volución similar al imfilter de matlab
03 nuevaFiltro = cv2.filter2D(img_gray.astype('float32'), -1, kernel,borderType=cv2.BORDER_REPLICATE)

04 maxx,xx,yy=v#axxy.encuentraMaximo(nuevaFiltro)

#Utilización de las coordenadas en la imagen original para marcar la posición
#de la calcificación
05 img_gray[yy-10:yy+10,xx-10:xx+10]=65000

#Función para recuperar las coordenadas del valor máximo
06 def encuentraMaximo (imagen):
07     Maximo=imagen.max() #Se obtiene el valor máximo de la imagen resultante
08     iDatos=nc.where (imagen==Maximo) #Se localizan las coordenadas
09     Coordx=iDatos[0] #Se regresa la coordenada x
10     Coordy=iDatos[1] #Se regresa la coordenada y
11     return Maximo,Coordy[0],Coordx[0]

```

Figura 8.11: Código fuente para realizar una convolución de una calcificación.

Capítulo 9

Diagnóstico en radiografías de Radio Cúbito a partir de redes neuronales

Ángeles Belem Priego Sánchez ^{1*}, David Eduardo Pinto Avendaño ², Jordy Lozada Carneiro¹

¹ Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Azcapotzalco. Ciudad de México, México, México.

abps@azc.uam.mx

al2183081274@azc.uam.mx

² Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Puebla, Puebla, México.

david.pinto@correo.buap.mx

9.1 Introducción

Con el paso del tiempo, se ha hecho más evidente la fragilidad humana y la importancia de la salud para el día a día, es por lo que el desarrollo de nuevas técnicas y tecnologías para mejorar la salud es

*Corresponding author: abps@azc.uam.mx

vital para los humanos. Una de las principales herramientas utilizadas en el mundo de la medicina son las radiografías; esta técnica permite obtener imágenes sobre una parte específica del cuerpo, siendo solo interpretadas por los médicos. En este sentido, para un paciente que desconoce los parámetros de análisis, el poder interpretar su radiografía implicaría contactar con un médico, y de igual forma el médico necesita realizar el análisis de estas imágenes. Es por esta razón que en este capítulo se presenta un sistema que pueda servir de un apoyo en referencia a lo anteriormente planteado.

El sistema de Análisis de Radiografías de Radio Cúbito ayuda a los médicos a hacer el proceso más rápido, y es una herramienta de apoyo para ellos. Dicho sistema tiene el soporte de técnicas de procesamiento digital de imágenes, las cuales ayudan a procesar las imágenes de modo que, se obtiene información de cada una de estas, lo que permite que el sistema pueda traducir y clasificar las imágenes para consecutivamente entregar un diagnóstico, en el cual se indica si se encuentra o no alguna lesión en el hueso.

La implementación de este sistema sirve como apoyo en el procedimiento de diagnóstico de la fractura en el Radio Cúbito, ayudando así a médicos y pacientes, ya que en muchas ocasiones el proceso de hacer e interpretar una radiografía puede tardar varios minutos. El sistema busca disminuir este tiempo y aumentar la precisión en el diagnóstico, eliminando el factor de riesgo que implica una falla humana. El fin principal de este sistema es el diseño e implementación de un sistema que permita clasificar la ausencia o presencia de fracturas en radiografías de Radio Cúbito.

Con respecto a los trabajos reportados en la literatura, se encuentra [47], que presenta un sistema que identifica objetos que se encuentran en una banda infinita, manipulando las imágenes para identificar sus patrones y con ello, clasificar e identificar a los objetos. En [101] se presenta la implementación de un software para validación antropométrica, el cual tiene como objetivo determinar si una silla es ergonómicamente adecuada para una persona específica mediante las relaciones antropométricas del individuo y el procesamiento digital de imágenes. Además, en [38] se ofrece una aplicación de escritorio para

traducir de texto a español signado con imágenes; en la aplicación se tiene como objetivo disminuir los problemas que representa la comunicación entre personas con problemas auditivos y los hablantes, lo cual permite traducir palabras en español que estén escritas a lenguaje de señas a través de imágenes.

Como se puede notar existe una gran variedad de trabajos dedicadas a la utilización de imágenes, los cuales aportan herramientas de apoyo a expertos en salud y benefician de manera positiva esta área en constante crecimiento tecnológico; igualmente, existen aplicaciones que benefician la inclusión de personas con problemas de habla [38].

A lo largo de los años, las redes neuronales han experimentado un auge significativo en el procesamiento de imágenes, impulsado por avances en hardware, algoritmos y conjuntos de datos. Esta técnica ha sido ampliamente utilizada en el campo del procesamiento de imágenes, debido a su capacidad para reconocer patrones y extraer características relevantes de éstas, y por tal motivo en este trabajo son empleadas. Dentro de los trabajos reportados en la literatura, se encuentra [87], en el cual se realiza la implementación de técnicas de inteligencia artificial para la detección de fracturas radio cubitales distales en radiografías simples en urgencias, empleando redes neuronales.

En ese trabajo se presenta el desarrollo de dos redes neuronales que fueron entrenadas con datos (imágenes) recolectadas de enero del 2018 a mayo del 2020 con el propósito de evaluar el desempeño de cada red neuronal convolucional. En [147] se tiene como propósito, investigar el desempeño de un algoritmo de aprendizaje profundo en la detección de patologías en radiografías de tórax y comparar los resultados con radiólogos practicantes. En [97] se describe la implementación de una red neuronal para la clasificación de radiografías que presentan lesiones en la estructura pélvica, en especial en el acetábulo de la pelvis.

Este capítulo del libro, está dividido de la siguiente manera: en la Sección 9.2 se presenta el desarrollo que permite diagnosticar las presencia o ausencia de una fractura en radiografías de radio cúbito; con el fin de mostrar los principales resultados obtenidos, para finalmente presentar las Conclusiones y trabajo a futuro.

9.2 Diagnóstico en radiografías de Radio Cúbito

La implementación del sistema que identifica la ausencia o presencia de fracturas en imágenes de radio cúbito pretende mejorar el procedimiento de diagnóstico de la fractura, ayudando así a médicos y pacientes, ya que en muchas ocasiones el proceso de hacer e interpretar una radiografía puede tardar bastante. El sistema busca disminuir este tiempo y aumentar la precisión en el diagnóstico, sin dejar de lado a los expertos en esta área. El impacto que esta tecnología puede tener es altamente positivo, ya que se puede utilizar como punto de partida, con la finalidad de encontrar más procesos que se puedan computarizar y aumentar las herramientas para los profesionistas.

9.2.1 Radio cúbito

El radio es el hueso más grande del conjunto de huesos que forman el antebrazo de una persona, éste presenta dos extremos, los cuales son el extremo distal, que es el extremo del lado de la muñeca, mientras que el lado proximal es el extremo que está conectado al codo; este hueso presenta un leve curvatura y una forma de prisma, en este hueso pueden existir diferentes fracturas, que pueden ser, una leve fisura en cualquier parte del área del hueso, o una ruptura total del mismo [75].

El cúbito o ulna es un hueso que se encuentra en el antebrazo ubicado de forma paralela al radio; éste se encuentra situado entre la tróclea humeral y el carpo. El hueso presenta una curvatura y un mayor volumen en la parte superior con respecto a la parte inferior, y es de una forma prismática triangular, teniendo un total de tres caras. Éste puede presentar fracturas menores como lo sería una fisura o una fractura mayor en donde se tenga una ruptura total del hueso [75].

Una radiografía es: “una prueba rápida e indolora que genera imágenes de las estructuras internas del cuerpo, en especial de los huesos. Los haces de rayos X pasan a través del cuerpo y se absorben en diferentes cantidades según la densidad del material a través del cual pasan” [33].

Las radiografías utilizadas en este proyecto están enfocadas en los antebrazos de personas mayores a 13 años, debido a que éstos presentan una mejor formación de sus huesos y las fracturas son más visibles. De igual forma, las radiografías abarcan diferentes tipos de fracturas, donde se observan pequeñas fisuras, fisuras regulares, ruptura del hueso en diferentes niveles, desviaciones de la estructura natural del hueso; esto se puede observar tanto en el radio como en la ulna. La recolección de radiografías se realizó en la página web Radiopaedia [146], la que permite tener acceso a diferentes casos clínicos y acceso a la información requerida para los propósitos de este trabajo de investigación.

9.2.2 Descripción del conjunto de datos usado en los experimentos

Se realizó la creación del conjunto de datos (*datasets*), considerando cada posible resultado del diagnóstico (fractura o sin fractura); se organiza la información en dos carpetas, correspondientes al diagnóstico que puede tener una radiografía, y posteriormente se realizó la búsqueda de las radiografías en la página web Radiopaedia [146]. En dicha página se presentan casos clínicos, por lo que se revisaron 100 casos clínicos de los cuales se obtuvieron el diagnóstico descrito en el documento y la imagen del caso. Cada *dataset* está constituido por 50 radiografías. Durante la búsqueda se obtuvieron muestras de radiografías que presentan diferentes grados en la fractura, desde una pequeña fisura hasta una ruptura total del hueso. También se recopilamos diferentes ángulos de la toma de la radiografía y diferentes lesiones, como la curvatura de un hueso; esto con el fin de proporcionarle la mayor cantidad de información a la red neuronal y hacerla más precisa.

Se trabajó sobre las radiografías de los dataset, primero se le dio un tratamiento manual, ajustando pequeños detalles de las imágenes, eliminando marcas de agua, las cuales se encontraban en la mayoría de las imágenes de los *datasets* y que cubría la mayor parte de la imagen. Para cada una de las imágenes recolectadas, se recortaron

algunas partes de las imágenes para obtener únicamente la toma del radio y la ulna.

En la etapa del procesamiento de las imágenes, se crearon los *datasets* con las dimensiones deseadas y de manera paralela se aplicó el aumento de datos a las imágenes, logrando de esta manera tener dos *datasets*: uno de prueba y otro de validación. El conjunto de datos para el entrenamiento cuenta con el 80% de las imágenes y el 20% para el conjunto de pruebas. El tamaño de cada imagen es de 224x224, con un *batch size* de 32 para el entrenamiento. Para las pruebas se utilizó un modelo de clasificación binario, ya que de este estilo es la respuesta que se espera de la red. Finalmente, se incorporó la selección aleatoria de las imágenes. Para validar el ajuste de las imágenes y creación correcta de los conjuntos de datos, se procede a imprimir algunas de las imágenes. En la Fig. 9.1 se puede ver como las imágenes se guardan en relación una con las otras.

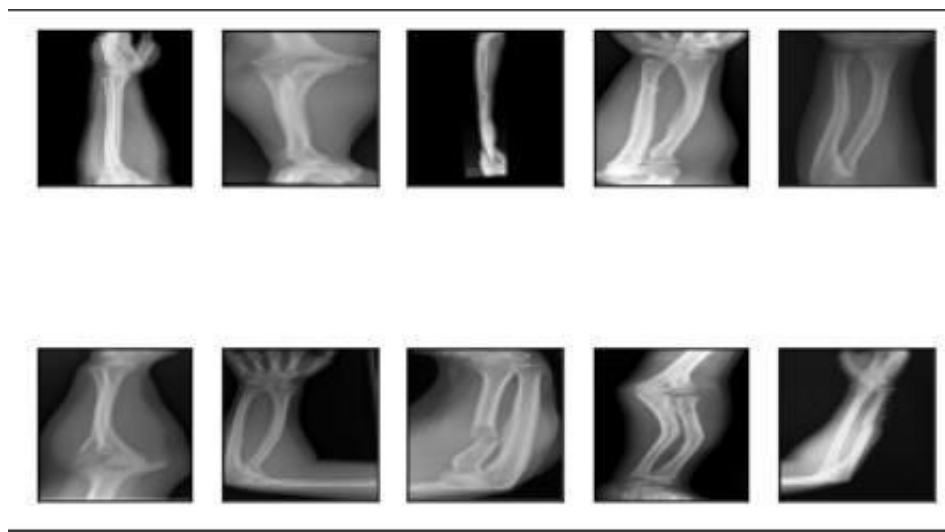


Figura 9.1: Visualización de imágenes procesadas.

9.2.3 Entrenamiento, pruebas y resultados

Antes del entrenamiento se realizó la creación de las redes neuronales, las cuales son una red densa, una red convolucional y una red pre-entrenada. En la creación de la red densa y convolucional se establecieron el número de capas con las que contaría cada capa. En el caso de la red pre-entrenada, se definen las dimensiones y el rango de color que manejan las imágenes con las que se entrenarán y posteriormente se realizaron pruebas, para lo cual se asigna la función de activación *relu* y por último se agrega una capa de salida con una sola neurona, en donde se asigna la función de activación *sigmoid*. Para la red pre-entrenada solo se asignó una capa final con una neurona y la función de activación *sigmoid*. Una vez creadas las redes, se compilan todas con el mismo optimizador, la misma métrica y función de pérdida.

Tabla 9.1: Resultados de entrenamiento con los datos de prueba.

Red neuronal	Épocas	Precisión	Valor de pérdida
<i>Densa</i>	32	0.762	0.686
	37	0.750	0.570
	48	0.727	0.618
	50	0.725	0.618
	47	0.70	0.60
<i>Convolucional</i>	39	0.862	0.364
	50	0.85	0.321
	38	0.837	0.385
	45	0.825	0.395
	49	0.812	0.376
<i>Conv. pre-entrenada</i>	42	0.987	0.262
	41	0.962	0.274
	50	0.95	0.285
	39	0.937	0.305
	40	0.925	0.285

Para el entrenamiento, se invoca a la función *fit*, a la cual solo se le tiene que especificar en número de épocas y el tamaño del lote

(*batch size*) para poder iniciar el entrenamiento; estos dos parámetros fueron los mismos para las tres redes: 50 épocas con un tamaño de lote de 20 radiografías. En la Tabla 9.1 se muestra los mejores cinco resultados de cada neurona, clasificados por el porcentaje de precisión con los datos de prueba; mientras que en la Tabla 9.2 se muestran los mejores cinco resultados clasificados de acuerdo a la precisión con los datos de validación.

Tabla 9.2: Resultados de entrenamiento con los datos de validación.

Red neuronal	Épocas	Precisión	Valor de pérdida
<i>Densa</i>	26	0.70	1.388
	43	0.65	1.251
	44	0.60	1.251
	50	0.55	1.100
	45	0.45	0.712
<i>Convolutacional</i>	7	0.65	0.662
	8	0.60	0.660
	16	0.55	0.672
	13	0.50	0.717
	11	0.45	0.691
<i>Conv. pre-entrenada</i>	34	0.80	0.489
	37	0.75	0.497
	40	0.70	0.566
	35	0.65	0.668
	26	0.60	0.635

Una vez que se realizó el entrenamiento en cada una de las redes neuronales, se procede a ejecutar las pruebas con tres imágenes que no eran partes del *dataset*. En las Figuras 9.2, 9.3 y 9.4 se observan las tres imágenes utilizadas, esto con la finalidad de observar cuáles eran las respuestas de cada red neuronal y si éstas son correctas. En la Tabla 9.3 se muestran las predicciones realizadas por las redes neuronales. Con la finalidad de analizar los resultados obtenidos, es preciso tener en consideración que en la Tabla 9.1 se pueden observar las mejores cinco épocas, ordenadas por precisión en entrenamiento.

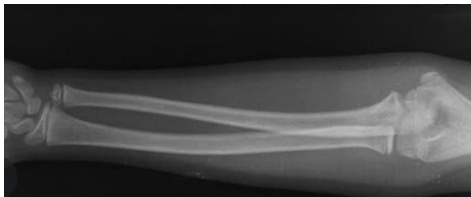


Figura 9.2: Ejemplar de radiografía sin fractura (Img. 1).



Figura 9.3: Ejemplar de radiografía con fractura (Img. 2).



Figura 9.4: Ejemplar de radiografía con fractura (Img. 3).

Cabe resaltar que se están obteniendo los cinco mejores valores de precisión entre 50 épocas. Por lo que el valor que se ve en cada una de las redes neuronales como su mejor porcentaje de precisión no es el porcentaje real de la red neuronal sino el porcentaje de en-

trenamiento. Esto significa que esos resultados son los mejores cinco valores de precisión con los datos de entrenamiento.

Tabla 9.3: Resultados de entrenamiento con los datos de validación.

Imagen	Red neuronal	Diagnóstico
Img. 1	Densa	Fractura
Img. 2		Fractura
Img. 3		Sin fractura
Img. 1	Convolutacional	Fractura
Img. 2		Fractura
Img. 3		Fractura
Img. 1	Pre-entrenada	Fractura
Img. 2		Fractura
Img. 3		Sin fractura

Así, este valor realmente representa la mejor precisión que puede alcanzar la red neuronal con valores que ya le fueron proporcionados previamente. Lo que se busca saber es cómo se comportan las redes con datos nuevos, esto se ve indicado en la Tabla 9.2, donde se observan los cinco mejores valores de precisión; este valor es el que realmente importa, ya que determina cuál es el mejor nivel que alcanza la red con datos que desconoce pues no fueron considerados en su fase de entrenamiento; dicho en otras palabras, indica que tan bien o mal la red neuronal se comportará en el mundo real.

Esto se puede observar con los resultados obtenidos para las pruebas de las redes neuronales. A las redes se les proporcionó tres imágenes, donde el orden del diagnóstico de las imágenes debe de ser sin fractura y con fractura; este es el diagnóstico correcto de cada imagen. El sistema no presenta una respuesta así por parte de ninguna de las tres redes, se ve que las redes Densa y la red pre-entrenada tienen los peores resultados, ya que aciertan en 1/3 mientras que la red convolución tiene 2/3 aciertos.

Aunque podría pensarse que la red convolutacional es la que mejor diagnóstica a las radiografías esto es falso, lo cual se puede observar una vez que se analizan las gráficas de aprendizaje de las redes.

La Fig. 9.5 muestra el comportamiento del valor de precisión, el cual va aumentando para cada red durante las 50 épocas. En la figura se presentan las gráficas originales y una versión suavizada que reduce los picos. Como se puede notar, la validación de la red neuronal convolucional es la más baja de todas, y esto también se puede ver en la Tabla 9.2, donde es la red convolucional la que tiene el valor más pequeño del máximo de las tres.

De igual forma, se puede corroborar que en la Tabla 9.2 se muestra que la red que presenta un mejor porcentaje de precisión es la red pre-entrenada, lo cual se ve reflejado en la gráfica, ya que esta es la que se mantiene por encima de las demás todo el tiempo. Sin embargo, es posible observar que entre la red Densa y la red pre-entrenada existe una diferencia mínima entre sus valores máximos, ya que la red densa cuenta con un porcentaje del 70% y la pre-entrenada con el 80% para la validación.

Este hecho es posible percibirlo al observar su comportamiento en la Fig. 9.5, ya que al final de las épocas se nota como la distancia entre la gráfica densa y la pre-entrenada no es significativamente grande en comparación con la red convolucional.

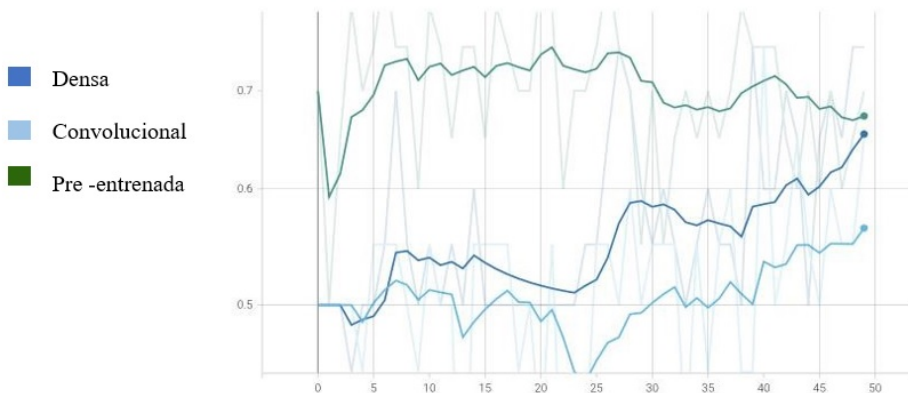


Figura 9.5: Gráfica de precisión en la validación.

Sin embargo, esto todavía no explica cómo es que la red convolucional logra diagnosticar mejor las radiografías de prueba. De hecho en la Fig. 9.6 se observa que a medida que la precisión del apren-

dizaje va cambiando conforme avanzan las épocas, se nota que la red pre-entrenada es la que mejor aprende de las tres, siguiéndole la red convolucional, y por último la densa, lo cual no hace sentido con lo que se puede observar con la Fig. 9.5. ¿Por qué la red convolucional aprendería mejor que la densa, pero funciona peor en el mundo real?, esto se explica mejor si se observan las Fig. 9.7, 9.8 y 9.9.

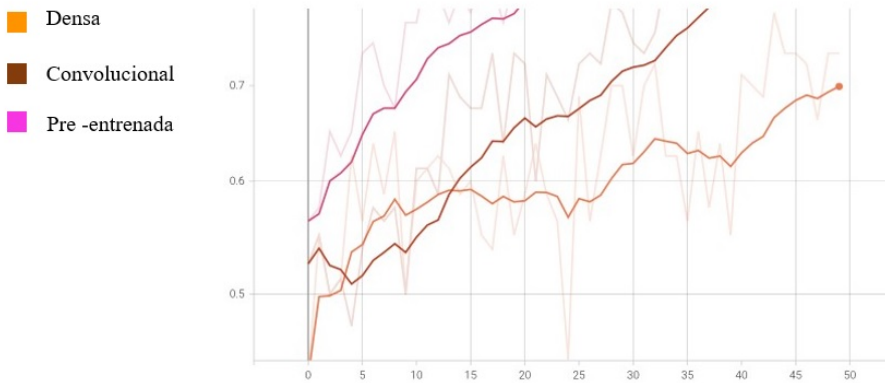


Figura 9.6: Gráfica de precisión en el entrenamiento.

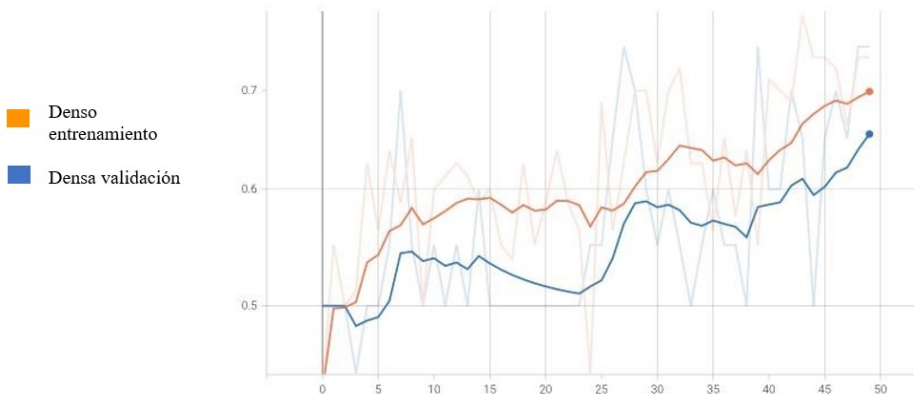


Figura 9.7: Gráfica de entrenamiento pruebas vs validación para el *Modelo Denso*.

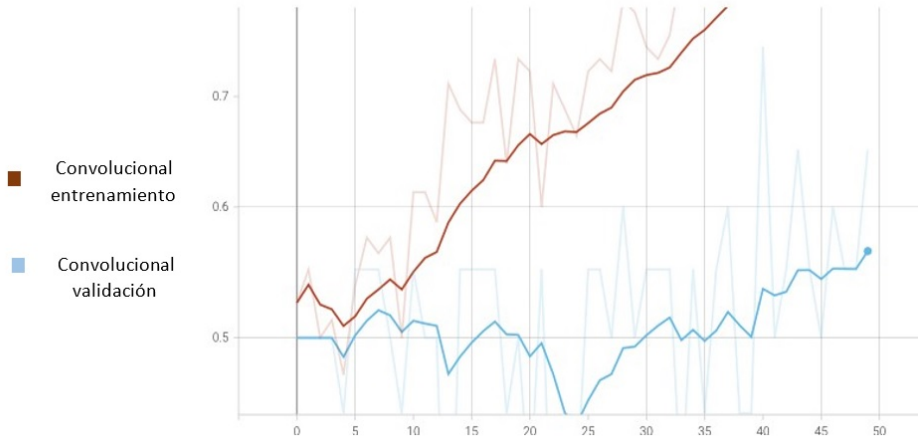


Figura 9.8: Gráfica de entrenamiento pruebas vs validación para el *Modelo Convolutivo*.

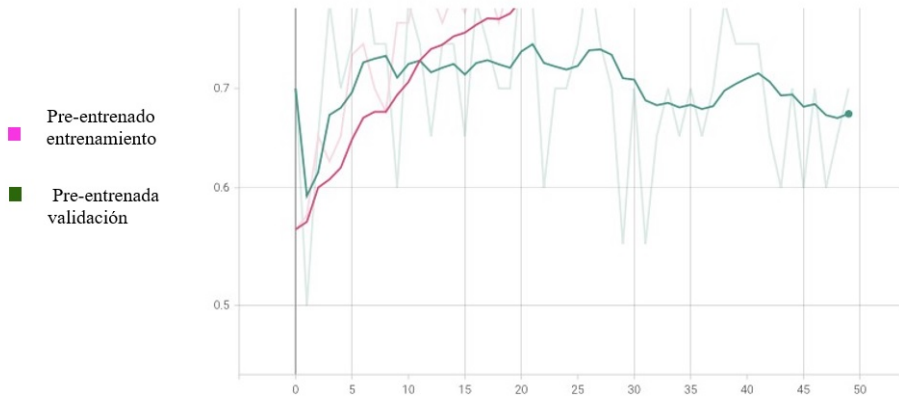


Figura 9.9: Gráfica de entrenamiento pruebas vs validación para el *Modelo Pre-entrenado*.

Las Fig. 9.7, 9.8 y 9.9 muestran la precisión del aprendizaje y del entrenamiento conforme avanza la época, pero aquí es donde se puede determinar a qué se debe que, si las redes pre-entrenada y convolutiva tienen un mejor entrenamiento que la red densa, la red densa

presenta valores mayores en el porcentaje de validación que la red convolucional y valores similares a la red pre-entrenada, si bien estas dos son mejores aprendiendo que la red densa, en la Fig. 9.7 se puede notar como el área entre las líneas de entrenamiento y de validación no tiene una gran separación, a diferencia de las Figuras 9.8 y 9.9 que muestran una separación considerablemente mayor a la densa, por lo que la red convolucional y pre-entrenada se están aprendiendo los datos de entrenamiento. Este comportamiento es más notorio para la red convolucional ya que la red pre-entrenada comienza aprendiendo bien, en las primeras épocas, pero a partir de la época 10, su aprendizaje es mínimo. De igual forma, la red convolucional, a partir de la época 10 comienza a aprender los datos de entrenamiento, pero su validación es mínima debido a que no está generalizando.

La Fig. 9.10 corrobora que las red convolucional y pre-entrenada no están aprendiendo ya que se grafica la pérdida a lo largo de las épocas. Se puede notar como desde del inicio del entrenamiento, los valores de pérdida de la red convolucional y pre-entrenada, no cambia, es decir, se mantiene constante hasta que terminan; esto pasa como se mencionó previamente, debido a que las redes no están aprendiendo, por lo que solo memorizan los datos, y en ese sentido no realizan un ajuste y es por esto que su gráfica es constante.

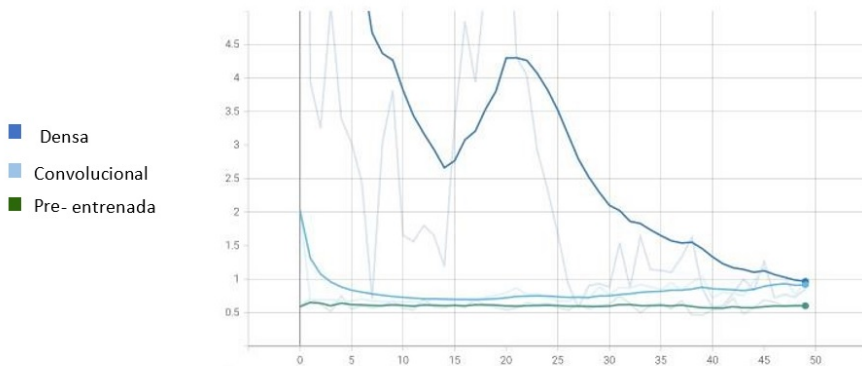


Figura 9.10: Comparativa del valor de pérdida en las tres redes neuronales.

9.3 Conclusión

Aunque la red neuronal convolucional es la más utilizada en problemas de clasificación de imágenes, en estos experimentos se concluye que, debido al número de imágenes con las que se cuentan para el proyecto, esta no puede alcanzar el porcentaje de precisión necesario para utilizarla en el sistema para hacer diagnóstico, por lo que el modelo de red que se debe de implementar en el sistema de diagnóstico de radiografías debe de ser las redes pre-entrenada y densa; sin embargo, estas tampoco cuentan con un alto porcentaje de precisión en la validación.

Para el caso de la red pre-entrenada, esta no alcanza dicho porcentaje, debido a que es una red convolucional, pues se congelaron los parámetros del peso, por lo que no afecta al entrenamiento previo al ejecutado en el proyecto con los datos que se recopilaron. Al igual que la red convolucional, para que la red pre-entrenada pueda predecir correctamente las fracturas en las radiografías necesita una gran cantidad de datos con lo que pueda entrenarse. A pesar de que se aplicaron las técnicas de aumento de datos no se cuentan con los datos suficientes.

Por otro lado, la red densa no alcanza un alto porcentaje de precisión en la validación debido a que estas redes no son las convencionales para un problema de clasificación de imágenes; si bien, son utilizadas en problemas de respuesta binaria, en el procesamiento de las imágenes esta red no es, según la literatura, la más indicada para estas tareas. Sin embargo, presenta resultados similares a la red pre-entrenada, por lo que, con un mayor conjunto de datos o un mayor número de épocas y neuronas, esta podría aumentar su nivel de precisión.

Otro factor que afecta en el aprendizaje de las redes neuronales en el proyecto, fueron algunas de las radiografías recolectadas. En el módulo de recolección de imágenes, se recopilaron imágenes que contienen fisuras que son muy difíciles de percibir, incluso para el ojo humano, esto causa que en la etapa de entrenamiento de las redes, éstas tomen una radiografía que presenta estas fisuras, sabiendo que el diagnóstico es fractura, por lo que lo aprenden así y cuando, reciben

una radiografía sin fractura, no son capaces de notar la diferencia, por lo que éstas las clasifican de igual forma, como fractura. Ésto se ve reflejado en la Tabla 9.3 de los modelos densos y pre-entrenados, donde tiene una predicción de fractura para una radiografía que realmente no presenta fractura. En la red convolucional es difícil determinar si esto pasa, ya que como se menciona en la sección de Análisis de resultados, esta no está aprendiendo y generalizando, por lo que no se puede determinar si esto le está ocurriendo a la red convolucional.

Bibliografía

- [1] Aniruddha Adiga, Devdatt Dubhashi, Bryan Lewis, Madhav Marathe, Srinivasan Venkatramanan, and Anil Vullikanti. Mathematical Models for COVID-19 Pandemic: A Comparative Analysis. *Journal of the Indian Institute of Science*, 100(4):793–807, 2020.
- [2] Laboni Akter, M Raihan, Md Mohsin Sarker Raihan, Mounita Ghosh, and Nasif Alvi. Breast cancer risk prediction using different clustering techniques. In *International Conference on Innovative Computing and Communications: Proceedings of ICICC 2021, Volume 2*, pages 191–203. Springer, 2022.
- [3] Jameela Al-Jaroodi, Nader Mohamed, and Eman Abukhousa. Health 4.0: On the way to realizing the healthcare of the future. *IEEE Access*, 8:211189–211210, 2020.
- [4] Yasminah Alali, Fouzi Harrou, and Ying Sun. A proficient approach to forecast COVID-19 spread via optimized dynamic machine learning models. *Scientific Reports*, 12(1):2467, 2022.
- [5] E. Alpaydin. *Introduction to Machine Learning. Fourth edition*. The MIT Press, 2020.
- [6] D.A. Álvarez, M.L. Guevara, and G.A. Holguín. Preprocesamiento de imágenes aplicadas a mamografías digitales. *Scientia et Technica*, 12(31):1–6, 2006.
- [7] Ricardo Manuel Arias Velásquez and Jennifer Vanessa Mejía Lara. Forecast and evaluation of COVID-19 spreading in USA with reduced-space gaussian process regression. *Chaos, Solitons & Fractals*, 136:109924, 2020.

- [8] Ahmed F Ashour, Calvin Condie, Cade Pockock, Steve C Chiu, Andrew Chrysler, and Mostafa M Fouda. Spectrum-based malware detection for rfid memory banks in lf, hf, and uhf bands. In *2023 IEEE International Opportunity Research Scholars Symposium (ORSS)*, pages 70–73. IEEE, 2023.
- [9] Raghav Awasthi, Keerat Kaur Guliani, Saif Ahmad Khan, Aniket Vashishtha, Mehrab Singh Gill, Arshita Bhatt, Aditya Nagori, Aniket Gupta, Ponnurangam Kumaraguru, and Tavpritesh Sethi. Vacsim: Learning effective strategies for covid-19 vaccine distribution using reinforcement learning. *Intelligence-Based Medicine*, 6:100060, 2022.
- [10] Ertugrul Ayyildiz, Melike Erdogan, and Alev Taskin. Forecasting COVID-19 recovered cases with Artificial Neural Networks to enable designing an effective blood supply chain. *Computers in Biology and Medicine*, 139:105029, 2021.
- [11] Sathiyabhama Balasubramaniam, Yuvarajan Velmurugan, Dhayanithi Jaganathan, and Seshathiri Dhanasekaran. A modified lenet cnn for breast cancer diagnosis in ultrasound images. *Diagnostics*, 13(17), 2023.
- [12] Susmita Bandyopadhyay. *Production and Operations Analysis: Traditional, Latest, and Smart Views*. CRC press, 2019.
- [13] I.N. Bankman, editor. *Handbook of Medical Image Processing and Analysis. Second edition*. Academic Press, 2009.
- [14] Y. Bengio. Learning deep architectures for AI. *Foundations and trends in machine learning*, 2:1–27, 2009.
- [15] Y. Bengio, A. Courville, and P. Vincent. Representation learning: A review and new perspectives. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 35:1798–1828, 2013.
- [16] Sumit Bhardwaj, Harshit Bhardwaj, Jyoti Bhardwaj, and Punit Gupta. Global prediction of covid-19 cases and deaths using machine learning. In *2021 Sixth International Conference on Image Information Processing (ICIIP)*, volume 6, pages 422–426, Shimla, India, 2021.

- [17] U. Braga-Neto. *Fundamentals of Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2021.
- [18] Alfred Benedikt Brendel, Milad Mirbabaie, Tim-Benjamin Lembcke, and Lennart Hofeditz. Ethical management of artificial intelligence. *Sustainability*, 13(4), 2021.
- [19] P. Brody and V. Pureswaran. Device democracy: Saving the future of the internet of things.
- [20] Jean-Paul Calbimonte, Fabien Dubosson, Roger Hilfiker, Alexandre Cotting, and Michael Schumacher. The medred ontology for representing clinical data acquisition metadata. In Claudia d’Amato, Miriam Fernandez, Valentina Tamma, Freddy Lecue, Philippe Cudré-Mauroux, Juan Sequeda, Christoph Lange, and Jeff Heflin, editors, *The Semantic Web – ISWC 2017*, pages 38–47, Cham, 2017. Springer International Publishing.
- [21] Calbimonte J. P. *MedRed ontology: clinical data acquisition model*. Applied Intelligent Systems Lab, <https://lov.linkeddata.es/dataset/lov/vocabs/medred>, 2017. Fecha de acceso: 2023-03-24.
- [22] Calbimonte J. P., Dubosson F. *MedRED - Medical Research Data Acquisition Platform (Swissuniversities)*. Hes so: valais wallis, <https://www.hevs.ch/en/projects/medred--medical-research-data-acquisition--platform-swissuniversities-14092>, 2017. Fecha de acceso: 2023-03-24.
- [23] Gabriel B. M. Câmara, Maria G. F. Coutinho, Lucileide M. D. da Silva, Walter V. do N. Gadelha, Matheus F. Torquato, Raquel de M. Barbosa, and Marcelo A. C. Fernandes. Convolutional neural network applied to sars-cov-2 sequence classification. *Sensors*, 22(15):5730, 2022.
- [24] Héctor Cañas, Josefa Mula, Manuel Díaz-Madroñero, and Francisco Campuzano-Bolarín. Implementing industry 4.0 principles. *Computers & industrial engineering*, 158:107379, 2021.
- [25] cdcepi. Covid-19-forecasts. GitHub repository, 2023.

- [26] A. Chacko and T. Hayajneh. Security and privacy issues with iot in healthcare. *EAI Endorsed Transactions on Pervasive Health and Technology*, 4(14), 2018.
- [27] Anil Chacko and Thaier Hayajneh. Security and privacy issues with iot in healthcare. *EAI Endorsed Transactions on Pervasive Health and Technology*, 4(14), 2018.
- [28] Heang Ping Chan, Kunio Doi, Simranjit Galhotra, Carl J. Vyborny, Heber Macmahon, and Peter M. Jokich. Image feature analysis and computer aided diagnosis in digital radiography. I. Automated detection of microcalcifications in mammography. *Medical Physics*, 14(4):538–548, 1987.
- [29] H.D. Cheng, X.J. Shi, R. Min, L.M. Hu, X.P. Cai, and H.N. Du. Approaches for automated detection and classification of masses in mammograms. *Pattern Recognition*, 39(4):646–668, 2006.
- [30] Ke Wan Ching and Manmeet Mahinderjit Singh. Wearable technology devices security and privacy vulnerability analysis.
- [31] CIA. Lung image database consortium and image database resource initiative. Recuperado febrero de 2022, de: <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/LIDC-IDRI>, 2022.
- [32] D. Cirezan, U. Meier, J. Masci, and J. Schmidhuber. Multi-column deep neural network for traffic sign classification. *Neural Networks*, 32:333–338, 2012.
- [33] Mayo Clinic. Radiografia. <https://www.mayoclinic.org/es-es/tests-procedures/x-ray/about/pac-20395303>, 2023.
- [34] Joseph Paul Cohen, Lan Dao, Karsten Roth, Paul Morrison, Yoshua Bengio, Almas F Abbasi, Beiyi Shen, Hoshmand Kochi Mahsa, Marzyeh Ghassemi, Haifang Li, and Tim Q Duong. Predicting covid-19 pneumonia severity on chest x-ray with deep learning. *Cureus*, 12(7):e9448–e9448, 07 2020.
- [35] European Commissio. New eu rules to ensure safety of medical devices. *European Commission: Brussels, Belgium*, 2017.

- [36] R. Cruz-Barbosa, S. Hernández-Hernández, and L.E. Sucar. Mass segmentation of mammograms using markov models associated with constrained clustering. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 58(10):2475–2495, 2020.
- [37] R. Cruz-Barbosa, E.G. Ramos-Pérez, and J. Giraldo. Representation learning for class C G protein-coupled receptors classification. *Molecules*, 10:690, 2018.
- [38] C. A. Plaza Cuadras. *Traductor de texto a español signado con imágenes*. PhD thesis, División de Ciencias Básicas e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana Azcapotzalco, México, 2018.
- [39] E. Cuevas, D. Zaldívar, and M. Pérez. *Procesamiento digital de imágenes con MATLAB y Simulink*. Alfaomega Grupo Editor, 2010.
- [40] Sraddha Das, Kritiy Kharbanda, M Suchetha, Rajiv Raman, and Edwin Dhas. Deep learning architecture based on segmented fundus image features for classification of diabetic retinopathy. *Biomedical Signal Processing and Control*, 68:102600, 2021.
- [41] Pristian Budi Dharmawan, I Gusti Ayu Ngurah Stita Maharani, and Cuk Tho. Big data capabilities for hospital: A systematic literature review. *Procedia Computer Science*, 227:272–281, 2023. 8th International Conference on Computer Science and Computational Intelligence (ICCSCI 2023).
- [42] Martina Dominković. What can we actually see using computer aided detection in mammography? *Acta Clinica Croatica*, 59, 12 2020.
- [43] G. Dougherty. *Digital image processing for medical applications*. Cambridge University Press, 2009.
- [44] Sickles EA, D’Orsi CJ, Bassett LW, and et al. *BI-RADS™ del ACR: Mamografía. En: Atlas BI-RADS™ del ACR, Sistema normalizado para la redacción de informes de estudios por imágenes de la mama*. Reston, VA, Colegio Estadounidense de Radiología, 2013.
- [45] Magdalyn E. Elkin and Xingquan Zhu. A machine learning study of covid-19 serology and molecular tests and predictions. *Smart Health*, 26:100331, 2022.

- [46] El_Sappagh S., Franda F., Ali F., Kwak K. Snomed ct standard ontology based on the ontology for general medical science. *BMC Median Informatics and Decision Making*, 18(76), 2018.
- [47] F. M. Díaz Cabrera. *Clasificador de objetos en banda infinita por medio de procesamiento digital de imágenes*. PhD thesis, División de Ciencias Básicas e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana Azcapotzalco, México, 2009.
- [48] Norman E Fenton, Scott McLachlan, Peter Lucas, Kudakwashe Dube, Graham A Hitman, Magda Osman, Evangelia Kyrimi, and Martin Neil. A bayesian network model for personalised covid19 risk assessment and contact tracing. *medRxiv*, 2021.
- [49] Mélanie Bourassa Forcier, Hortense Gallois, Siobhan Mullan, and Yann Joly. Integrating artificial intelligence into health care through data access: can the gdpr act as a beacon for policymakers? *Journal of Law and the Biosciences*, 6(1):317–335, 2019.
- [50] Paul Gamble, Ronnachai Jaroensri, Hongwu Wang, Fraser Tan, Melissa Moran, Trissia Brown, Isabelle Flament-Auvigne, Emad A Rakha, Michael Toss, David J Dabbs, et al. Determining breast cancer biomarker status and associated morphological features using deep learning. *Communications medicine*, 1(1):14, 2021.
- [51] Guojun Gan, Chaoqun Ma, and Jianhong Wu. *Data clustering: theory, algorithms, and applications*. SIAM, 2020.
- [52] F. Gao, T. Wu, J. Li, B. Zheng, L. Ruan, D. Shang, and B. Patel. Sd-cnn: a shallow-deep cnn for improved breast cancer diagnosis. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 70:53–62, 2018.
- [53] Patricia García-Sanz, Lorena Aguilera-Cobos, M^a Piedad Rosario-Lozano, and Juan Antonio Blasco-Amaro. Estrategias de implementación de la medicina personalizada de precisión en otros sistemas sanitarios públicos internacionales. estado del arte. 2023.
- [54] Sara Gerke, Timo Minssen, and Glenn Cohen. Chapter 12 - ethical and legal challenges of artificial intelligence-driven healthcare. In

- Adam Bohr and Kaveh Memarzadeh, editors, *Artificial Intelligence in Healthcare*, pages 295–336. Academic Press, 2020.
- [55] Morteza Ghobakhloo. Industry 4.0, digitization, and opportunities for sustainability. *Journal of cleaner production*, 252:119869, 2020.
- [56] Ismat Saira Gillani, Muhammad Shahzad, Ansharah Mobin, Muhammad Rizwan Munawar, Muhammad Usman Awan, and Muhammad Asif. Explainable ai in drug sensitivity prediction on cancer cell lines. In *2022 International Conference on Emerging Trends in Smart Technologies (ICETST)*, pages 1–5, 2022.
- [57] Gobierno de México. coronavirus.gob.mx. Website, 2023.
- [58] H.J.H. Gomez. Visualización de datos-ward/canberra. <https://public.tableau.com/app/profile/henryphd/viz/Jerarquico-CaberraWard-KS/ClusteringJerrquico-Ward?publish=yes>, 2023.
- [59] R.C. Gonzalez and R.E. Woods. *Digital Image Processing. Fourth edition*. Pearson, 2017.
- [60] Paulene Govender and Venkataraman Sivakumar. Application of k-means and hierarchical clustering techniques for analysis of air pollution: A review (1980–2019). *Atmospheric pollution research*, 11(1):40–56, 2020.
- [61] Guarino N. Formal ontology in information systems. In *Proceedings of the First International Conference June 6-8, 1998, Trento, Italy*. IOS Press, 1998.
- [62] Jiawei Han, Jian Pei, and Hanghang Tong. *Data mining: concepts and techniques*. Morgan kaufmann, 2022.
- [63] Anca M Hanea, Zoë Hilton, Ben Knight, and Andrew P. Robinson. Co-designing and building an expert-elicited non-parametric bayesian network model: demonstrating a methodology using a bonamia ostreae spread risk case study, 2022.

- [64] Mubashir Hassan, Faryal Mehwish Awan, Anam Naz, Enrique J de-Andrés Galiana, Oscar Alvarez, Ana Cernea, Lucas Fernández-Brillet, Juan Luis Fernández-Martínez, and Andrzej Kloczkowski. Innovations in genomics and big data analytics for personalized medicine and health care: A review. *International journal of molecular Sciences*, 23(9):4645, 2022.
- [65] Jianxing He, Sally L Baxter, Jie Xu, Jiming Xu, Xingtao Zhou, and Kang Zhang. The practical implementation of artificial intelligence technologies in medicine. *Nature medicine*, 25(1):30–36, 2019.
- [66] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun. Deep residual learning for image recognition. In *the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 770–778, 2016.
- [67] Henry Jesús Hernández-Gómez and Juana Canul-Reich. A partitionial clustering approach for the identification and analysis of coexisting bacteria in groups of bacterial vaginosis patients. *Computación y Sistemas*, 27:455–469, 2023.
- [68] Henry Jesús Hernández-Gómez, Juana Canul-Reich, Betania Hernández-Ocaña, and Erick de la Cruz Hernández. An agglomerative hierarchical clustering approach to identify coexisting bacteria in groups of bacterial vaginosis patients. *Intelligent Data Analysis*, 27(3):583–611, 2023.
- [69] V. Hernández-Solis, A. Téllez-Velázquez, A. Orantes-Molina, and R. Cruz-Barbosa. Lung-nodule segmentation using a convolutional neural network with the U-Net architecture. In *13th Mexican Conference on Pattern Recognition*, pages 335–344, 2021.
- [70] N.U. Hernández-Cortez, A. Tellez-Velázquez, and R. Cruz-Barbosa. Sobre la importancia de los datos curados de COVID-19 para mejorar la explicación visual de Grad-CAM. In *Workshop on Explainable Deep Learning for COVID-19 data, IBERAMIA*, pages 1–12, 2022.
- [71] S. Hernández-Hernández. *Segmentación de masas en imágenes de mamografía mediante agrupamiento restringido*. Tesis de Maestría, Universidad Tecnológica de la Mixteca, México, 2018.

- [72] Mohammad Hossein Heydari, Sanaz Kahrobaee, Yalda YazdanPanah, Amin Noori, and Ghazaleh Sarbisheie. Clustering of infected patients by covid-19 using self-organized mapping and extracting the most important clinical features. In *2020 6th Iranian Conference on Signal Processing and Intelligent Systems (ICSPIS)*, pages 1–6, Mashhad, Iran, 2020.
- [73] Truong Hoang, Lam Pham, Dat Ngo, and Hoang D. Nguyen. A cough-based deep learning framework for detecting covid-19. In *2022 44th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society (EMBC)*, pages 3422–3425, Glasgow, Scotland, 2022.
- [74] Seyedmohsen Hosseini and Dmitry Ivanov. A multi-layer bayesian network method for supply chain disruption modelling in the wake of the covid-19 pandemic. *International Journal of Production Research*, 60(17):5258–5276, 2022.
- [75] Ken Hub. Radio y ulna (cúbito). <https://www.kenhub.com/es/library/anatomia-es/radio-y-ulna-cubito>, 2023.
- [76] Herrera Ibatá and Diana María. Modelos multi-escala de inteligencia artificial para diseño químico-informático y fármaco-epidemiológico de terapias anti-vih en condados de estados unidos. 2015.
- [77] Debra M. Ikeda and Kanae K. Miyake. *Breast Imaging*. Elsevier, 3a edition, 2016.
- [78] D.M. Ikeda and k.k. Miyake. *Breast Imaging: The Requisites*. Elsevier, 3rd edition edition, 2017.
- [79] S Arun Inigo, R Tamilselvi, and M Parisa Beham. A review on imaging techniques and artificial intelligence models for osteoporosis prediction. *Current Medical Imaging*, 2023.
- [80] Nino Isakadze and Seth S Martin. How useful is the smartwatch ecg? *Trends in cardiovascular medicine*, 30(7):442–448, 2020.
- [81] Md. Zahirul Islam, Md. Milon Islam, and Amanullah Asraf. A combined deep cnn-lstm network for the detection of novel coronavirus

- (covid-19) using x-ray images. *Informatix in Medicine Unlocked*, 20:100412, 2020.
- [82] Jayashree and T Shivaprakash. Optimal value for number of clusters in a dataset for clustering algorithm. In *Artificial Intelligence and Sustainable Computing: Proceedings of ICSISCET 2021*, pages 631–645. Springer, 2022.
- [83] Lianmeng Jiao, Haoyu Yang, Zhun-ga Liu, and Quan Pan. Interpretable fuzzy clustering using unsupervised fuzzy decision trees. *Information Sciences*, 611:540–563, 2022.
- [84] Mohamed Esmail Karar, Ezz El-Din Hemdan, and Marwa A. Shouman. Cascaded deep learning classifiers for computer-aided diagnosis of covid-19 and pneumonia diseases in x-ray scans. *Complex & Intelligent Systems*, 7(1):235–247, 2021.
- [85] Dilhan Weeraratne Mark E. Frisse Karl Misulis Kyu Rhee Juan Zhao Kevin B. Johnson, Wei-Qi Wei and Jane L. Snowdon. Precision medicine, ai, and the future of personalized health care. *Clin Transl Sci*, 14:86–93, 2021.
- [86] Varada Vivek Khanna, Krishnaraj Chadaga, Niranjana Sampathila, Srikanth Prabhu, and Rajagopala Chadaga P. A machine learning and explainable artificial intelligence triage-prediction system for covid-19. *Decision Analytics Journal*, 7:100246, 2023.
- [87] M. W. Kim, J. Jung, S. J. Park, Y. S. Park, J. H. Yi, W. S. Yang, J. H. Kim, B-J. Cho, and S. O. Ha. Application of convolutional neural networks for distal radio- ulnar fracture detection on plain radiographs in the emergency rooms. *Clinical and experimental emergency medicine*, 8(2):120–127, 2021.
- [88] Samuel Lalmuanawma, Jamal Hussain, and Lalrinfela Chhakchhuak. Applications of machine learning and artificial intelligence for covid-19 (sars-cov-2) pandemic: A review. *Chaos, Solitons & Fractals*, 139:110059, 2020.
- [89] Ludovica RM Lanzafame, Giuseppe M Bucolo, Giuseppe Muscogiuri, Sandro Sironi, Michele Gaeta, Giorgio Ascenti, Christian Booz,

- Thomas J Vogl, Alfredo Blandino, Silvio Mazziotti, et al. Artificial intelligence in cardiovascular ct and mr imaging. *Life*, 13(2):507, 2023.
- [90] Y. LeCun. Generalization and network design strategies. Technical Report CRG-TR-89-4, University of Toronto, 1989.
- [91] R. Lee, F. Gimenez, A. Hoogi, K.K. Miyake, M. Gorovoy, and D.L. Rubin. A curated mammography data set for use in computer-aided detection and diagnosis research. *Scientific Data*, 4, 2017.
- [92] Han Li, Nianyin Zeng, Peishu Wu, and Kathy Clawson. Cov-net: A computer-aided diagnosis method for recognizing covid-19 from chest x-ray images via machine vision. *Expert Systems with Applications*, 207:118029, 2022.
- [93] Niklas Lidströmer and Yonina C Eldar. *Artificial Intelligence in Covid-19*. Springer Nature, 2022.
- [94] Chibo Liu, Susu Wu, and Xiao Pan. Clustering of cardio-metabolic risk factors and pre-diabetes among us adolescents. *Scientific Reports*, 11(1):1–7, 2021.
- [95] Fan Liu and Yong Deng. Determine the number of unknown targets in open world based on elbow method. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, 29(5):986–995, 2020.
- [96] T. Liu, D. Shen, Y. Gao, H. Greenspan, W. Niessen, I. Rekik, J. Schnabel, and J. Thrall. Special issue on intelligent analysis of COVID-19 imaging data. *Med. Image Anal.*, 71:102056, 2021.
- [97] Marco Lopez and Castro Eveling. Implementación de un modelo basado en técnicas de deep learning aplicado a la visión computacional en la clasificación de imágenes de rayos x, para el soporte del diagnóstico de lesiones traumatológicas de la estructura pélvica. 01 2019.
- [98] D. Lopez-Betancur, R. Bosco-Duran, C. Guerrero-Mendez, R. Zambrano-Rodríguez, and T. Saucedo-Anaya. Comparación

- de arquitecturas de redes neuronales convolucionales para el diagnóstico de COVID-19. *Computación y Sistemas*, 25(3):601–615, 2021.
- [99] Granados M. and Herrera A. *Manual de Oncología y Procedimientos Médico Quirúrgicos*. Mc GrawHill, 4a edition, 2014.
- [100] Martínez R. M., Jonquet C., O’Connor M.J., Graybeal J., and Pazos A. Ncbo ontology recommender 2.0: an enhanced approach for biomedical ontology recommendation. *Journal of Biomedical Semantics*, 8(21):1–22, 2017.
- [101] M. E. García Avilés. *Software para validación antropométrica por procesamiento digital de imágenes*. PhD thesis, División de Ciencias Básicas e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana Azcapotzalco, México, 2010.
- [102] Michele Magno, Xiaying Wang, Manuel Eggimann, Lukas Cavigelli, and Luca Benini. Infiniwolf: Energy efficient smart bracelet for edge computing with dual source energy harvesting. In *2020 Design, Automation & Test in Europe Conference & Exhibition (DATE)*, pages 342–345. IEEE, 2020.
- [103] Luca Malinverno, Vesna Barros, Francesco Ghisoni, Giovanni Visonà, Roman Kern, Philip Nickel, Barbara Elvira Ventura, Ilija Šimić, Sarah Stryeck, Francesca Manni, Cesar Ferri, Claire Jean-Quartier, Laura Genga, Gabriele Schweikert, Mario Lovrić, and Michal Rosen-Zvi. Explainable ai in biomedical research: A systematic review and meta-analysis. 2023.
- [104] Nehal A Mansour, Ahmed I Saleh, Mahmoud Badawy, and Hesham A Ali. Accurate detection of covid-19 patients based on feature correlated naïve bayes (fcnbn) classification strategy. *Journal of ambient intelligence and humanized computing*, 13(1):41–73, 2022.
- [105] F. Martinez-Perez, C. Ramirez-Gamez, A. Nuñez-Varela, S. Nava-Muñoz, J. Nuñez-Varela, H. Perez-Gonzalez, D. Arjona-Villicaña, and F. Ramirez-Aguilera. Using reference points for detection of calcifications in mammograms for medical active systems. In *Proceedings of*

the 15th International Conference on Ubiquitous Computing Ambient Intelligence (UCAmI 2023), pages 39–50, dec 2023.

- [106] Nancy Masih, Huma Naz, and Sachin Ahuja. Multilayer perceptron based deep neural network for early detection of coronary heart disease. *Health and Technology*, 11:127–138, 2021.
- [107] MathWorks. ¿qué son las redes neuronales convolucionales?
- [108] Helen J. Mayfield, Colleen L. Lau, Jane E. Sinclair, Samuel J. Brown, Andrew Baird, John Litt, Aapeli Vuorinen, Kirsty R. Short, Michael Waller, and Kerrie Mengersen. Designing an evidence-based bayesian network for estimating the risk versus benefits of astrazeneca covid-19 vaccine. *Vaccine*, 40(22):3072–3084, 2022.
- [109] Kathleen Miao and Julia Miao. Diagnosis and prognosis of stroke using artificial intelligence and imaging (p11-5.018). *Neurology*, 100(17_supplement_2):4732, 2023.
- [110] Jonathan E Millar, Lucile Neyton, Sohan Seth, Jake Dunning, Laura Merson, Srinivas Murthy, Clark D Russell, Sean Keating, Maaik Swets, Carole H Sudre, et al. Distinct clinical symptom patterns in patients hospitalised with covid-19 in an analysis of 59,011 patients in the isaric-4c study. *Scientific Reports*, 12(1):6843, 2022.
- [111] A. Mohamed, G.E. Dahl, and G.. Hinton. Acoustic modeling using deep belief networks. *IEEE Trans. Audio Speech Lang. Process.*, 20:14–22, 2012.
- [112] I.C. Moreira, I. Amaral, I. Domingues, A. Cardoso, M.J. Cardoso, and J.S. Cardoso. Inbreast: Toward a full-field digital mammographic database. *Academic Radiology*, 19:236–248, 2012.
- [113] Jorge A Morgan-Benita, Carlos E Galván-Tejada, Miguel Cruz, Jorge I Galván-Tejada, Hamurabi Gamboa-Rosales, Jose G Arceo-Olague, Huizilopoztli Luna-García, and José M Celaya-Padilla. Hard voting ensemble approach for the detection of type 2 diabetes in mexican population with non-glucose related features. In *Healthcare*, volume 10, page 1362. MDPI, 2022.

- [114] D.C Moura and M.A. Guevara-López. An evaluation of image descriptors combined with clinical data for breast cancer diagnosis. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 8(4):561–574, 2013.
- [115] L. J. Muhammad, Ebrahim A. Algehyne, Sani Sharif Usman, Abdulkadir Ahmad, Chinmay Chakraborty, and I. A. Mohammed. Supervised machine learning models for prediction of covid-19 infection using epidemiology dataset. *SN Computer Science*, 2(1):11, 2020.
- [116] L. J. Muhammad, Md. Milon Islam, Sani Sharif Usman, and Safial Islam Ayon. Predictive data mining models for novel coronavirus (covid-19) infected patients’ recovery. *SN Computer Science*, 1(4):206, 2020.
- [117] S. Mukherjee, Huang X., and Bhagalia R.R. Lung nodule segmentation using deep learned prior based graph cut. In *14th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 1205–1208, 2017.
- [118] Amgad Muneer, Suliman Mohamed Fati, Nur Arifin Akbar, David Agustriawan, and Setyanto Tri Wahyudi. ivaccine-deep: Prediction of covid-19 mrna vaccine degradation using deep learning. *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, 34(9):7419–7432, 2022.
- [119] Musen, M. A. The Protégé project: a look back and a look forward. *AI Matters.*, 1(4):1007–1021, 2015. Association of Computing Machinery Specific Interest Group in Artificial Intelligence.
- [120] M.M. Márquez-Sosa. *Procesamiento de imágenes de mamografía digital para la caracterización de lesiones mamarias*. Tesis de Ingeniería, Universidad del Rosario, Colombia, 2021.
- [121] Miroslava Nedyalkova, Sergio Madurga, and Vasil Simeonov. Combinatorial k-means clustering as a machine learning tool applied to diabetes mellitus type 2. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(4):1919, 2021.
- [122] AKM Iqtidar Newaz, Amit Kumar Sikder, Mohammad Ashiqur Rahman, and A Selcuk Uluagac. A survey on security and privacy issues

- in modern healthcare systems: Attacks and defenses. *ACM Transactions on Computing for Healthcare*, 2(3):1–44, 2021.
- [123] Jeremy Y. Ng, Holger Cramer, Myeong Soo Lee, and David Moher. Traditional, complementary, and integrative medicine and artificial intelligence: Novel opportunities in healthcare. *Integrative Medicine Research*, 13(1):101024, 2024.
- [124] Ansab Niazi. Applications of artificial intelligence in medical imaging: Current state and future perspectives. 2023.
- [125] Yaroslav Nikulin. Digital Mammography DREAM Challenge: Participant Experience 1 (Conference Presentation). In Samuel G. Armato III and Nicholas A. Petrick, editors, *Medical Imaging 2017: Computer-Aided Diagnosis*, volume 10134, page 101344J. International Society for Optics and Photonics, SPIE, 2017.
- [126] E.E. Nithila and S.S. Kumar. Segmentation of lung nodule in CT data using active contour model and Fuzzy C-mean clustering. *Alexandria Engineering Journal*, 55(3):2583–2588, 2016.
- [127] M.S. Nixon and A.S. Aguado. *Feature Extraction and Image Processing for Computer Vision. Fourth edition.* Academic Press, 2020.
- [128] Bodenreider O. The unified medical language system (umls): integrating biomedical terminology. *Nucleic Acids Res. (Database issue):D267-70*, 1(32), 2004.
- [129] Ziad Obermeyer and Ezekiel J Emanuel. Predicting the future—big data, machine learning, and clinical medicine. *The New England journal of medicine*, 375(13):1216, 2016.
- [130] Global Cancer Observatory. Cancer today.
- [131] Hilary I Okagbue, Pelumi E Oguntunde, Patience I Adamu, and Adebowale O Adejumo. Unique clusters of patterns of breast cancer survivorship. *Health and Technology*, 12(2):365–384, 2022.
- [132]OMPI. *Nice Classification*. Organización Mundial de la Propiedad Intelectual, <https://www.wipo.int/classifications/nice/nclpub/en/fr/?menulang=en>, 2023. Fecha de acceso: 2023-05-31.

- [133] Edison Ong, Mei U Wong, Anthony Huffman, and Yongqun He. Covid-19 coronavirus vaccine design using reverse vaccinology and machine learning. *Frontiers in Immunology*, 11, 2020.
- [134] Ontology Engineering Group. *Linked open vocabularies*. Universidad Politécnica de Madrid (UPM), <https://lov.linkeddata.es/dataset/lov/>, 2023. Fecha de acceso: 2023-01-06.
- [135] Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura UNESCO. *¿Qué es acceso abierto? | UNESCO*. Organización de las Naciones Unidas, <https://es.unesco.org/open-access/%C2%BFque-es-acceso-abierto>, 2013. Fecha de acceso: 2023-05-26.
- [136] N. Otsu. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Trans. Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1):62–66, 1979.
- [137] Pan American Health Organization. 6/5/2023: Se acaba emergencia por pandemia, pero covid-19 continúa. Website, 2023.
- [138] Ramesh Paudyal, Akash D Shah, Oguz Akin, Richard KG Do, Amaresha Shridhar Konar, Vaios Hatzoglou, Usman Mahmood, Nancy Lee, Richard J Wong, Suchandrima Banerjee, et al. Artificial intelligence in ct and mr imaging for oncological applications. *Cancers*, 15(9):2573, 2023.
- [139] Jonas Pfab, Nhut Minh Phan, and Dong Si. Deeptracer for fast de novo cryo-em protein structure modeling and special studies on cov-related complexes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2):e2017525118, 2021.
- [140] Sergei Polevikov. Advancing ai in healthcare: A comprehensive review of best practices. *Clinica Chimica Acta*, 548:117519, 2023.
- [141] W Nicholson Price and I Glenn Cohen. Privacy in the age of medical big data. *Nature medicine*, 25(1):37–43, 2019.
- [142] Yazdan Ahmad Qadri, Ali Nauman, Yousaf Bin Zikria, Athanasios V Vasilakos, and Sung Won Kim. The future of healthcare internet of things: a survey of emerging technologies. *IEEE Communications Surveys & Tutorials*, 22(2):1121–1167, 2020.

- [143] J. Pena Queralta, T.N. Gia, Z. Zou, H. Tenhunen, and T. Westerlund. Comparative study of lpwan technologies on unlicensed bands for m2m communication in the iot: beyond lora and lorawan. *Procedia Computer Science*, 155:343–350, 2019.
- [144] H. A. Quigley. The number of people with glaucoma worldwide in 2010 and 2020. *British Journal of Ophthalmology*, 90(3):262–267, 2006.
- [145] Mahesh T R, Arastu Thakur, Muskan Gupta, Deepak Kumar Sinha, Kritika Kumari Mishra, Vinoth Kumar Venkatesan, and Suresh Gulwadi. Transformative breast cancer diagnosis using cnns with optimized reducelronplateau and early stopping enhancements. *International Journal of Computational Intelligence System*, 17:14, 2024.
- [146] Radiopaedia.org. Radiopaedia. <https://radiopaedia.org/>, 2023.
- [147] Ball RL Zhu K Yang B Mehta H et al Rajpurkar P, Irvin J. Deep learning for chest radiograph diagnosis: A retrospective comparison of the cheXnext algorithm to practicing radiologists. *PLoS Med.*, 15(11), 2018.
- [148] Tariq Aziz Rao and EU Haq. Security challenges facing iot layers and its protective measures. *International Journal of Computer Applications*, 179(27):31–35, 2018.
- [149] C.A. Reyes-García, E.F. Morales-Manzanares, H.J. Escalante-Balderas, and A.A. Torres-García, editors. *Aprendizaje e Inteligencia Computacional*. Academia Mexicana de Computación, A.C., 2019.
- [150] R. Rodríguez-Morales and J.H. Sossa-Azuela. *Procesamiento y Análisis Digital de Imágenes*. Alfaomega Grupo Editor, 2012.
- [151] Neyva Maria Lopes Romeiro, Mara Caroline Torres dos SANTOS, Carolina PANIS, Tiago Viana Flor de SANTANA, Paulo Laerte NATTI, RECH Daniel, and Eliandro Rodrigues CIRILO. Cluster analysis identifies variables related to prognosis of breast cancer disease. *Brazilian Journal of Biometrics*, 39(4), 2021.

- [152] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *18th Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 234–241, 2015.
- [153] S. Russell and P. Norvig. *Artificial Intelligence : A Modern Approach. Fourth edition*. Pearson, 2021.
- [154] D. Ruíz-García, H.J. Vásquez-Enríquez, S. Hernández-Hernández, A. Téllez-Velázquez, and R. Cruz-Barbosa. Reconocimiento de glaucoma usando imágenes de fondo de la retina. *Tecnología Educativa Revista CONAIC*, VII(1):66–71, 2020.
- [155] Noviyanti TM Sagala and Alexander Agung Santoso Gunawan. Discovering the optimal number of crime cluster using elbow, silhouette, gap statistics, and nbclust methods. *ComTech: Computer, Mathematics and Engineering Applications*, 13(1):1–10, 2022.
- [156] Fernanda I Saldivar-González, Eli Fernández-de Gortari, and José L Medina-Franco. Inteligencia artificial en el diseño de fármacos: hacia la inteligencia aumentada. *Educación química*, 34(2):17–25, 2023.
- [157] Erika Kristhell Sanchez-Garcia, Adriana Contreras-Paredes, Eduardo Martinez-Abundis, Dominga Garcia-Chan, Marcela Lizano, and Erick de la cruz Hernandez. Molecular epidemiology of bacterial vaginosis and its association with genital micro-organisms in asymptomatic women. *Journal of medical microbiology*, 68(9):1373–1382, 2019.
- [158] Gillner Sandra. We’re implementing ai now, so why not ask us what to do? – how ai providers perceive and navigate the spread of diagnostic ai in complex healthcare systems. *Social Science Medicine*, 340:116442, 2024.
- [159] K. C. Santosh. Ai-driven tools for coronavirus outbreak: Need of active learning and cross-population train/test models on multitudinal/multimodal data. *Journal of Medical Systems*, 44(5):93, 2020.
- [160] Devni Prima Sari and Nurmaya Sumita. Achievement cluster of covid-19 vaccination at the south bengkulu health center using agglomerative hierarchical clustering. *Journal of Statistics and Data Science*, 1(2):10–16, 2022.

- [161] J. Schmidhuber. Deep learning in neural networks: An overview. *Neural Networks*, 61:85–117, 2015.
- [162] Patrick Schober, Christa Boer, and Lothar A Schwarte. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & Analgesia*, 126(5):1763–1768, 2018.
- [163] Secretaría de Salud. Información referente a casos covid-19 en México. Website, 2023.
- [164] R.R. Selvaraju, M. Cogswell, A. Das, R. Vedantam, D. Parikh, and D. Batra. Grad-CAM: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization. In *IEEE international conference on computer vision*, pages 618–626, 2017.
- [165] Suranga Seneviratne, Yining Hu, Tham Nguyen, Guohao Lan, Sara Khalifa, Kanchana Thilakarathna, Mahbub Hassan, and Aruna Seneviratne. A survey of wearable devices and challenges. *IEEE Communications Surveys & Tutorials*, 19(4):2573–2620, 2017.
- [166] Andrew W. Senior, Richard Evans, John Jumper, James Kirkpatrick, Laurent Sifre, Tim Green, Chongli Qin, Augustin Židek, Alexander W. R. Nelson, Alex Bridgland, Hugo Penedones, Stig Petersen, Karen Simonyan, Steve Crossan, Pushmeet Kohli, David T. Jones, David Silver, Koray Kavukcuoglu, and Demis Hassabis. Improved protein structure prediction using potentials from deep learning. *Nature*, 577(7792):706–710, 2020.
- [167] Warda M. Shaban, Asmaa H. Rabie, Ahmed I. Saleh, and M.A. Abo-El-soud. Accurate detection of covid-19 patients based on distance biased naïve bayes (dbnb) classification strategy. *Pattern Recognition*, 119:108110, 2021.
- [168] Vruddhi Shah, Rinkal Keniya, Akanksha Shridharani, Manav Punjabi, Jainam Shah, and Ninad Mehendale. Diagnosis of covid-19 using ct scan images and deep learning techniques. *Emergency Radiology*, 28(3):497–505, 2021.
- [169] D. Shen, Y. Gao, A. Munoz-Barrutia, D.C. Debus, and G. Percannella. Guest editorial: special issue on imaging-based diagnosis of COVID-19. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 39(8):2569–2571, 2020.

- [170] Galit Shmueli, Peter C Bruce, Kuber R Deokar, and Nitin R Patel. *Machine Learning for Business Analytics: Concepts, Techniques, and Applications with Analytic Solver Data Mining*. John Wiley & Sons, 2023.
- [171] Jane E Sinclair, Helen J Mayfield, Kirsty R Short, Samuel J Brown, Rajesh Puranik, Kerrie Mengersen, John C B Litt, and Colleen L Lau. A Bayesian network analysis quantifying risks versus benefits of the Pfizer COVID-19 vaccine in Australia. *npj Vaccines*, 7(1):93, 2022.
- [172] A. Sivanathan. Iot behavioral monitoring via network traffic analysis, Jan. 2020.
- [173] Spencer H. *Digital Health Technologies: NCBO BioPortal*. Prism.Bio y Janssen Clinical Innovation, <https://bioportal.bioontology.org/ontologies/ODHT>, 2022. Fecha de acceso: 2023-05-24.
- [174] Sharan Srinivas, Aurelle Tchagna Kouanou, Thomas Mih Attia, Cyrille Feudjio, Anges Fleurio Djeumo, Adèle Ngo Mouelas, Mendel Patrice Nzogang, Christian Tchito Tchapgá, and Daniel Tchiosop. An overview of supervised machine learning methods and data analysis for covid-19 detection. *Journal of Healthcare Engineering*, 2021:4733167, 2021.
- [175] Thomas J Struble, Juan C Alvarez, Scott P Brown, Milan Chytil, Justin Cisar, Renee L DesJarlais, Ola Engkvist, Scott A Frank, Daniel R Greve, Daniel J Griffin, et al. Current and future roles of artificial intelligence in medicinal chemistry synthesis. *Journal of medicinal chemistry*, 63(16):8667–8682, 2020.
- [176] R. Sujath, Jyotir Moy Chatterjee, and Aboul Ella Hassanién. A machine learning forecasting model for COVID-19 pandemic in India. *Stochastic Environmental Research and Risk Assessment*, 34(7):959–972, 2020.
- [177] S Swathi, E Saranya, R.M. Prabakaran, M Sachin Kumar, and S Bairavel. Virtual health assistant. In *2021 International Conference on System, Computation, Automation and Networking (ICSCAN)*, pages 1–4, 2021.

- [178] R. Szeliski. *Computer Vision: Algorithms and Applications*. Springer, 2022.
- [179] Sabina Szymboniak and Shalini Kesar. Key agreement and authentication protocols in the internet of things: A survey. *Applied Sciences*, 13(1), 2023.
- [180] Gruber R. T. A translation approach to portable ontology specifications. *Knowledge Acquisition*, 5(2):199–220, 1993.
- [181] S. Tabik, A. Gómez-Ríos, J.L. Martín-Rodríguez, I. Sevillano-García, M. Rey-Area, D. Charte, D. Guirado, J.L. Suárez, J. Luengo, and M. Valero-González. COVIDGR dataset and COVID-SDNet methodology for predicting COVID-19 based on chest X-ray images. *IEEE journal of biomedical and health informatics*, 24(12):3595–3605, 2020.
- [182] Meera Tandan, Yogesh Acharya, Suresh Pokharel, and Mohan Timilsina. Discovering symptom patterns of covid-19 patients using association rule mining. *Computers in Biology and Medicine*, 131:104249, 2021.
- [183] Bryan Andrés Orellana Tapia, Antonella Fernanda Gallegos Mora, and Marco Rubén Orellana Barros. Implementación y utilidad de la inteligencia artificial en las ciencias de la salud: Revisión bibliográfica. *Killkana Salud y Bienestar*, 2023.
- [184] Clayton R Taylor, Natasha Monga, Candise Johnson, Jeffrey R Hawley, and Mitva Patel. Artificial intelligence applications in breast imaging: current status and future directions. *Diagnostics*, 13(12):2041, 2023.
- [185] S. Theodoridis and K. Koutroumbas. *Pattern Recognition. Fourth edition*. Academic Press, 2009.
- [186] Eric K Tokuda, Cesar H Comin, and Luciano da F Costa. Revisiting agglomerative clustering. *Physica A: Statistical mechanics and its applications*, 585:126433, 2022.
- [187] C Troncoso, M Payer, JP Hubaux, M Salathé, JR Larus, W Lueks, T Stadler, A Pyrgelis, D Antonioli, L Barman, et al. Decentralized privacy-preserving proximity tracing, 2020.

- [188] Alejandra Guadalupe Silva Trujillo, Jesús Gerardo Heredia Guerrero, Pedro David Arjona Villicaña, Ana Paola Juárez Jalomo, and Ana Lucila Sandoval Orozco. Seguridad y privacidad en el internet de las cosas. In *Actas de las V Jornadas Nacionales de Ciberseguridad: junio 5-7, 2019. Cáceres*, pages 306–311. Servicio de Publicaciones, 2019.
- [189] Christodoulos Tziampazis. Exposure assessment on medical devices in the netherlands. B.S. thesis, University of Twente, 2019.
- [190] Jesus Valdiviezo. La era digital en la química farmacéutica: Transformando el diseño de medicamentos con métodos computacionales. *Revista de Química*, 2023.
- [191] Nico Verbeeck, Richard M Caprioli, and Raf Van de Plas. Unsupervised machine learning for exploratory data analysis in imaging mass spectrometry. *Mass spectrometry reviews*, 39(3):245–291, 2020.
- [192] B. V. K. Vijaya Kumar, Abhijit Mahalanobis, and Richard Juday. *Correlation Pattern Recognition*. Cambridge University Press Cambridge,, England, 2005.
- [193] Open Source Computer Vision. OpenCV.
- [194] Daniel Mago Vistro, Adeel Munawar, Aqsa Iftikhar, Awais Qasim, and Attique Ur Rehman. Tertiary care hospital monitoring system using wireless sensors. volume 7, pages 1504–1511, 2020.
- [195] Vinh Vo, Gang Chen, Yves Saint James Aquino, Stacy M. Carter, Quynh Nga Do, and Maame Esi Woode. Multi-stakeholder preferences for the use of artificial intelligence in healthcare: A systematic review and thematic analysis. *Social Science Medicine*, 338:116357, 2023.
- [196] W3C. *Data - W3C*. Consorcio World Wide Web, <https://www.w3.org/standards/semanticweb/data#summary>, 2015. Fecha de acceso: 2023-05-26.
- [197] Xu S. Rogers J.A. Walter, J.R. From lab to life: how wearable devices can improve health equity. *Nature Communications*, 15, 2024.

- [198] S. Wang, M Zhou, O. Gevaert, Z. Tang, D. Dong, Z. Liu, and J. Tian. A multi-view deep convolutional neural networks for lung nodule segmentation. In *39th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, pages 1752–1755, 2017.
- [199] S. Wang, M. Zhou, Z. Liu, Z. Liu, D. Gu, Y. Zang, D. Dong, O. Gevaert, and J. Tian. Central focused convolutional neural networks: Developing a data-driven model for lung nodule segmentation. *Medical Image Analysis*, 40:172–183, 2017.
- [200] Xinggang Wang, Xianbo Deng, Qing Fu, Qiang Zhou, Jiawei Feng, Hui Ma, Wenyu Liu, and Chuansheng Zheng. A weakly-supervised framework for covid-19 classification and lesion localization from chest ct. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(8):2615–2625, 2020.
- [201] Whetzel P.L., Noy N.F., Shah N.H., Alexander P.R., Nyulas C., Tudorache T., Musen M.A. Bioportal: enhanced functionality via new web services from the national center for biomedical ontology to access and use ontologies in software applications. *Nucleic Acids Res.*, 39 (Web Server issue):W541-5. Epub 2011 Jun 14., 2011.
- [202] WHO. Latest global cancer data. Recuperado febrero de 2022, de: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cancer>, 2022.
- [203] World Health Organization. Novel coronavirus (covid-19). Website, 2023.
- [204] B. Wu, Z. Zhou, J. Wang, and Y. Wang. Joint learning for pulmonary nodule segmentation, attributes and malignancy prediction. In *IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging*, pages 1109–1113, 2018.
- [205] Laure Wynants, Ben Van Calster, Marc MJ Bonten, Gary S Collins, Thomas PA Debray, Maarten De Vos, Maria C. Haller, Georg Heinze, Karel GM Moons, Richard D Riley, Ewoud Schuit, Luc JM Smits, Kym IE Snell, Ewout W Steyerberg, Christine Wallisch, and Maarten van Smeden. Systematic review and critical appraisal of prediction models for diagnosis and prognosis of covid-19 infection. *medRxiv*, 2020.

- [206] S. Xie, R. Girshick, P. Dollár, Z. Tu, and K. He. Aggregated residual transformations for deep neural networks. In *IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 1492–1500, 2017.
- [207] Hanhui Xu and Kyle Michael James Shuttleworth. Medical artificial intelligence and the black box problem: a view based on the ethical principle of “do no harm”. *Intelligent Medicine*, 2023.
- [208] Xueying Yang, Jiajia Zhang, Shujie Chen, Sharon Weissman, Bankole Olatosi, and Xiaoming Li. Comorbidity patterns among people living with hiv: a hierarchical clustering approach through integrated electronic health records data in south carolina. *AIDS care*, 33(5):594–606, 2021.
- [209] Sergey Yegorov, Maiya Goremykina, Raifa Ivanova, Sara V. Good, Dmitriy Babenko, Alexandr Shevtsov, Kelly S. MacDonald, and Yersin Zhunussov. Epidemiology, clinical characteristics, and virologic features of covid-19 patients in kazakhstan: A nation-wide retrospective cohort study. *The Lancet Regional Health –Europe*, 4, 2023/04/18 2021.
- [210] Chenyang Zhang, Huaqing Jin, Yi Feng Wen, and Guosheng Yin. Efficacy of covid-19 treatments: a bayesian network meta-analysis of randomized controlled trials. *Frontiers in Public Health*, 9:729559, 2021.
- [211] H. Zonderland and R. Smithuis. Bi-Rads for Mammography and Ultrasound 2013 updated version. Radiology department of the Academical Medical Centre in Amsterdam and the Rijnland Hospital in Leiderdorp, the Netherlands, Recuperado agosto de 2018, de: <http://www.radiologyassistant.nl/en/p53b4082c92130/bi-rads-for-mammography-and-ultrasound-2013.html>, 2013.

Aplicaciones de Inteligencia Artificial en el Área de la Salud
se terminó el 30 de Junio de 2024.
A partir del 1 de julio de 2024 está disponible en formato PDF
en la página web de la Academia Mexicana de Computación:
<http://www.amexcomp.mx>