

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MÉXICO



**Universidad Autónoma
del Estado de México**

**ALGORITMOS GENÉTICOS PARA LA DETECCIÓN
AUTOMÁTICA DE CARACTERÍSTICAS EN LA
DETECCIÓN DE RETINOPATÍA**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE:

Ingeniero en Computación

PRESENTAN:

Sergio de Jesús Hernández Sánchez

Brando Martín Rivero Pérez

ASESOR DE TESIS:

Dr. en C. Jair Cervantes Canales

AUTONOMUS UNIVERSITY OF MEXICO STATE



**Universidad Autónoma
del Estado de México**

**GENETIC ALGORITHMS FOR THE AUTOMATIC FEATURE
DETECTION IN RETINOPATHY DETECTION**

T H E S I S

AS A FULLFILMENT OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE
OF:

Computer Science Enginering

Submitted by:

Sergio de Jesús Hernández Sánchez

Brando Martín Rivero Pérez

Thesis Advisor:

Ph.D. Jair Cervantes Canales

Abstract

The implementation of automatic systems based on artificial vision and machine learning have increased in the last years across various research fields. The systems currently are trying to optimize and cut computational costs of the techniques already used. This investigation has the objective of developing an automatic early diagnosis system of diabetic retinopathy and glaucoma. The system uses textural and chromatic features which are extracted from fundus images of the patients, of which were used in this analysis HoG characteristics, Gabor Characteristics, Local Binary Patterns and Haralick. In the experimental phase we used classifiers such as Bayesian Networks, Sequential Minimal Optimization Algorithm, Neuronal Networks and decision trees, making evaluations from techniques such as the area under a curve and F-Measure, which allowed us to compare the results obtained using each technique. The obtained results are analyzed, compared, and explain in this thesis to be able to offer an option in case someone wants to make and study of this type.

Resumen

La implementación de sistemas automáticos basados en técnicas de visión artificial y aprendizaje máquina se ha incrementado en los últimos años en múltiples campos de investigación. Los sistemas actuales buscan principalmente optimizar el desempeño y reducir el costo computacional de las técnicas ya utilizadas. Esta investigación tiene como objetivo desarrollar un sistema automático de diagnóstico oportuno de retinopatía diabética y glaucoma. El sistema utiliza características texturales y cromáticas que son extraídas a partir de imágenes del fondo del ojo de pacientes, de las cuales se usaron para este análisis características HoG, características de Gabor, Patrones Binarios Locales y Haralick. En la fase experimental hicimos uso de clasificadores como Redes Bayesianas, algoritmo de Optimización Mínima Secuencial (SMO), Redes Neuronales y árboles de decisión, realizando la evaluación a partir de técnicas como área bajo la curva y F-Measure, que nos permitieron comparar los resultados que obtenemos mediante el uso de cada técnica. Los resultados obtenidos son analizados, comparados y explicados en esta tesis para poder brindar una opción en caso de que se quiera realizar un estudio de este tipo.

Índice general

1. Introducción	1
1.1. Problemática	6
1.2. Justificación	6
1.3. Objetivos	7
1.4. Hipótesis	7
1.5. Antecedentes	7
1.5.1. Algoritmos Genéticos	8
1.5.2. Retinopatía	10
2. Retinopatía	13
2.1. Síntomas y causas.	13
2.2. Tipos de retinopatía.	14
2.3. Tratamiento.	19
3. Preliminares	21
3.1. Técnicas de extracción de características	21
3.1.1. Algoritmo de extracción de patrones intrínsecos	23
3.1.2. Algoritmo de extracción del gradiente del contorno basado en Texton.	24
3.2. Técnicas de selección de características	25
3.2.1. El problema de la dimensionalidad.	25
3.2.2. Técnicas para reducir la dimensionalidad.	26

3.2.3.	Métodos Directos	26
3.2.4.	Evolución de las especies.	29
3.2.5.	Algoritmo genético básico.	29
3.2.6.	La maldición de la dimensionalidad	36
3.3.	Técnicas de clasificación	37
3.3.1.	Clasificación	39
3.3.2.	Pruebas de clasificación	40
3.3.3.	Clasificación global	40
3.3.4.	Clasificación por sesión	41
3.3.5.	Clasificación respetando el orden de captura de los datos	41
4.	Metodología	42
4.1.	Metodología	42
4.1.1.	Pre procesamiento	43
4.1.2.	Segmentación	43
4.1.3.	Extracción de características	43
4.1.4.	Selección de características	45
4.1.5.	Selección por Ruleta	48
4.1.6.	Clasificación e identificación	50
4.1.7.	Análisis de desempeño	51
5.	Resultados experimentales	54
5.1.	Conjuntos de Imágenes	54
5.1.1.	Conjunto de Imágenes 1	54
5.1.2.	Conjuntos de Imágenes Indian diabetic retinopathy image dataset (IDRiD)	56
5.1.3.	Normalización de datos	58
5.2.	Desempeño de clasificadores utilizando las características en su totalidad (Conjunto de datos 1)	60
5.3.	Desempeño de clasificadores utilizando las características en su totalidad (Conjunto de datos 2)	61

5.3.1. Prueba 1	63
5.3.2. Prueba 2	63
6. Conclusiones	65

Índice de figuras

2.1. Retinopatía diabética no proliferante moderada.	15
2.2. Retinopatía diabética no proliferante severa.	17
2.3. Retinopatía proliferante donde se observan claramente los neovasos papilares.	18
2.4. Retinopatía proliferante. Existe proliferación fibrovascular con tracción retiniana y sobre la papila.	18
2.5. Retinopatía proliferante. Se pueden observar las cicatrices pigmentadas de la panfotocoagulación	19
3.1. Ejemplo de conversión de una imagen de color a escala de grises.	22
3.2. Representación de la evolución humana.	30
3.3. Ejemplo mecanismo de la rueda de ruleta en algoritmos genéticos. 31	
3.4. Técnica de cruce de punto único.	34
3.5. Operador de mutación modificando los genes hijos.	36
4.1. Metodología utilizada para clasificación de retinopatía diabética y glaucoma	42
4.2. Obtención de región de interés utilizando segmentación de Otsu	44
4.3. La maldición de la dimensionalidad	46
4.4. Selección de características usando un algoritmo genético básico	46
4.5. Técnica de cruce de punto único.	49
4.6. Técnica de cruce de dos puntos.	49

4.7. Técnica de mutación aleatoria.	50
5.1. Conjunto de datos utilizado a) Retinopatía diabética b) Glaucoma c) Saludable	55
5.2. Conjunto de datos utilizado a) Grado de retinopatía 0 b) Grado de retinopatía 1 c) Grado de retinopatía 2 d) Grado de retinopatía 3 e) Grado de retinopatía 4	58

Índice de cuadros

3.1. Detalles de los individuos en la imagen 2.7.	30
5.1. Resultados utilizando todas las características	61
5.2. Resultados utilizando solo características reducidas por el AG	62
5.3. Resultados para la detección de retinopatía en cualquiera de sus grados	63
5.4. Resultados de la detección en grados de retinopatía	64

Capítulo 1

Introducción

Datos otorgados por la Asociación Mexicana de Retina indican que en México hay un aproximado de 2 millones de pacientes diagnosticados con retinopatía diabética, mientras que más de trescientos mil padecen de un grado avanzado de con un riesgo muy elevado de que evolucione a ceguera [1].

El gobierno de México indica que este padecimiento crónico y progresivo tiene una prevalencia de 31.5% en México [2].

La Universidad Nacional Autónoma de México indica que en México hay un aproximado de 12.8 millones de personas con diabetes y estimó que para el 2045 la cifra alcanzará a 22.9 millones, ocupando en ambos años el sexto lugar a nivel mundial [3].

Actualmente México es uno de los países con mayor ocurrencia de casos de diabetes en el mundo. En 1995 ocupaba el noveno lugar con mayor número de casos de diabetes y se espera que para el año 2030 ocupe el séptimo [4].

En México la diabetes es de las principales causas de mortalidad y con el transcurso de los años muestra un incremento progresivo.

El glaucoma es una enfermedad cuyos efectos y consecuencias severas pueden ser retrasadas si es diagnosticada a tiempo. En la actualidad se

requiere de un experto para diagnosticar con una alta precisión el glaucoma. Sin embargo, en los últimos años, los métodos basados en aprendizaje máquina han sido implementados para diagnóstico médico en múltiples aplicaciones que van desde

Aprendizaje maquina en la radiación oncológica.

En [5] usaron procesos de machine learning para mejorar la aumentar la eficiencia, consistencia y el resultado de los pacientes en los tratamientos de oncología. Para saber que tratamiento darle a un paciente deben tomar en cuenta los resultados de varios análisis clínicos para poder dar con mayor precisión un tratamiento que por sí solo o en conjunto ayuden a mejorar al paciente.

Realizaron una encuesta a físicos médicos en radiación oncológica dijeron que el 69 % estaban usando o preparando usar machine learning.

El modo en como realizan el entrenamiento de su algoritmo es de la siguiente forma:

Crean la representación del paciente, realizan los exámenes clínicos y patológicos, se decide si se va a tratar al paciente, hacen una simulación, registran las imágenes, realizan segmentaciones por volumen del objetivo y órganos en riesgo, hacen la planeación del tratamiento, se registra el tratamiento, registran las imágenes, corrigen la configuración, Siguen el tratamiento y recogen información, entregan el tratamiento, se revisa el tratamiento y se adapta para generar nuevas imágenes del paciente con su avance.

En la segmentación hacen uso de la herramienta estadística llamada en ingles The Dice Similarity Coefficient (DSC) que les ayuda a comparar la similitud entre las muestras. En imágenes médicas la segmentación DSC representa la sobreposición de dos segmentos y se convierte en la métrica

base para estudios de delimitación, un nivel de DSC arriba de 0.7 se considera un buen acuerdo, pero no se recomienda el uso de DSC únicamente por que puede variar con el volumen de datos.

Diagnóstico de Neumonía en Rayos X de pecho con aprendizaje máquina.

De la investigación realizada en [6] podemos ver que la base de las investigaciones sobre el diagnóstico sobre la neumonía se utilizan Convolutional Neural Networks (CNN) pero es necesario reducir la complejidad computacional del mecanismo de diagnóstico automático.

En esta investigación usaron métodos combinados basados en machine learning y mecanismos de pre-procesamiento para reducir la información de las imágenes o reducir la complejidad computacional de todo el proceso.

El proceso que llevan a cabo es:

Ingresar las imágenes y detección de características, generación del codebook, generación de los vectores de características, entrenamiento de modelos, clasificación de conducta usando el modelo entrenado.

Los métodos que usan son:

Propiedad Scale-invariant feature transform (SIFT): es un método para detectar, describir y juntar puntos de características locales en imágenes.

Algoritmo K-means, Naive Bayes, Random forest.

Concluyeron que debido a los requerimientos de precisión alta y las limitaciones de complejidad computacional, el diagnóstico automático de neumonía puede ser un reto en un ambiente real. Pero con su propuesta pueden ayudar a resolver el problema de diagnosticar pacientes.

Técnicas de aprendizaje máquina para el diagnóstico médico de diabetes usando imágenes del iris.

El procesamiento avanzado de imágenes y las técnicas de minería de datos han sido usadas como herramientas poderosas para el diagnóstico de enfermedades en el área de la biomedicina por lo que en [7] se habla sobre el potencial de la iridología para diagnosticar diabetes junto a técnicas de imágenes por computadora y machine learning. Proceso que deben llevar a cabo para realizar el diagnóstico:

- Selección de sujetos y recolección de información.
- Procesamiento de imágenes del iris.
- Segmentación o localización del iris.
- Normalización de la hoja de goma.
- Recorte del área interesada.
- Extracción de características.
- Selección de características.

Obtuvieron como resultado que la mayor precisión obtenida fue de 89.63 % para métodos de selección de características con 40 rasgos y 89.97 % con 50 rasgos con el clasificador RF.

Aprendizaje maquina en imágenes de resonancia magnética: Reconstrucción de imágenes.

En [8] mencionan que las imágenes de resonancia magnética son usadas ampliamente para dar diagnósticos médicos y se convirtieron en una referencia estándar en muchas aplicaciones. Pero tiene un punto débil, el cual es la tardía

adquisición de información es por eso por lo que durante la investigación propusieron usar técnicas de imágenes paralelas.

Mediante el uso del siguiente protocolo:

- Restauración de imágenes.
- Complemento del k-space.
- Mapeo directo.
- Mejoramiento del dominio cruzado.
- Optimización desenrollado.

Concluyeron que los acercamientos del deep learning han mostrado un gran potencial para el futuro de la reconstrucción de imágenes mediante resonancias magnéticas. Se han hecho grandes avances en esta área en los últimos 5 años, con distintos enfoques pero que es requerido realizar pruebas más robustas y demostraciones a gran escala para adquirir validación clínica y generar confianza en estas nuevas técnicas en desarrollo.

La detección de glaucoma no es una excepción. En la literatura hay diferentes autores que han desarrollado métodos para detección automática de glaucoma y retinopatía diabética. En esta tesis utilizamos imágenes de fondo de ojo para extraer características cromáticas y texturales, una vez extraídas utilizamos un algoritmo genético para seleccionar las mejores características y mejorar la precisión de clasificación y/o detección.

En los resultados experimentales hacemos un análisis comparativo entre los resultados obtenidos con todas las características y las características obtenidas después de usar el algoritmo genético. Los resultados muestran que el algoritmo genético nos permite reducir el tiempo computacional y al mismo tiempo aumentar la precisión de clasificación.

1.1. Problemática

El diagnóstico médico ha sido uno de los principales campos de investigación donde se han aplicado métodos de inteligencia artificial. En muchos de los casos, los métodos automáticos implementados han mejorado los resultados obtenidos por los profesionales médicos con años de experiencia en sus campos. Estos métodos de inteligencia artificial no solo permiten extraer las características a partir de las imágenes sino realizar diagnósticos a partir de estas características. El diagnóstico de la retinopatía y glaucoma es de suma importancia debido a que un diagnóstico correcto y a tiempo permite reducir significativamente los efectos. Aumentar su precisión es de suma importancia y para ello el desarrollo de algoritmos es vital. Un problema muy frecuente que disminuye la precisión de los clasificadores es el uso de características no adecuada, características con un poder discriminatorio muy bajo o incluso características que introducen ruido. En esta tesis, se utiliza un algoritmo genético para identificar las mejores características a utilizar, esto permite mejorar el desempeño del clasificador y obtener diagnósticos más precisos.

1.2. Justificación

La implementación de algoritmos genéticos para una selección adecuada de características permitirá:

1. Mejorar significativamente la precisión del diagnóstico. Esto debido a que utilizar las características extraídas sin depurar o seleccionar puede introducir ruido al clasificador o introducir características que afectan la precisión final del clasificador.
2. Reducir los tiempos de entrenamiento. Al seleccionar las mejores características con el algoritmo genético, se estará eliminando mucha información que no es importante y esto se ve reflejado directamente en los tiempos que los clasificadores tardan en procesar o encontrar los patrones.

1.3. Objetivos

El objetivo general de este trabajo de investigación es realizar un algoritmo capaz de seleccionar las características texturales y cromáticas más discriminatorias para la detección temprana de retinopatía. Se pretende alcanzar los siguientes objetivos específicos:

1. Obtener mejor segmentación para imágenes
2. Obtener conjunto de datos al extraer características texturales y cromáticas.
3. Obtener características más discriminantes utilizando algoritmos genéticos.
4. Probar el funcionamiento del algoritmo.
5. Discutir resultados y conclusiones obtenidas.

1.4. Hipótesis

¿Es posible mejorar el desempeño de un algoritmo de detección automática de Glaucoma al seleccionar características?

1.5. Antecedentes

A continuación explicaremos un poco de los trabajos que permitieron el desarrollo de esta tesis, en los que se describen los algoritmos genéticos con su relación en el campo de la medicina y la detección de retinopatía.

1.5.1. Algoritmos Genéticos

Cada individuo de cada especie que habita nuestro planeta posee ciertas características. Si hablamos de humanos, todo el mundo tiene una determinada altura, un determinado color de ojos y cabello, un determinado tipo de sangre, etc.

Estas características externas, aunque algunas de ellas son invisibles, como el tipo de sangre, constituyen lo que se denomina un fenotipo individual. Cada uno de estos rasgos es idéntico al rasgo correspondiente en uno de los ancestros del individuo, es decir, nos fueron dados genéticamente, o al menos nos dieron una predisposición (como la diabetes).

Un fenotipo es el resultado del entorno en el que se desarrolla un gen y las interacciones genéticas que adquiere de sus ancestros. La herencia impone ciertas restricciones o predisposiciones, y cuando estas restricciones o predisposiciones se suman al entorno, surgen los fenotipos. Los algoritmos genéticos utilizan una analogía directa al comportamiento natural. Trabajan con un grupo de personas, los cuales representan una solución a un problema específico. A cada uno se le asigna un valor o puntaje relacionado con los méritos de dicha solución.

En la naturaleza, esto corresponde al grado en que un organismo compite por algún recurso de manera efectiva. Cuanto más cómodo se sienta un individuo con el problema, más probable es que sea seleccionado para reproducirse, cruzando de la misma manera su material genético con otro individuo seleccionado. Este cruce producirá nuevos descendientes de individuos anteriores que tendrán ciertas características de sus progenitores.

Cuanto menor sea la aptitud de un individuo, menos probable es que el individuo sea seleccionado para la reproducción, de modo que su material genético se reproduzca en generaciones sucesivas.

De acuerdo a [9] Rechenberg entre 1965 y 1973 se propuso un enfoque de estrategia evolutiva en la década de 1960, Se utiliza para optimizar parámetros

de valor real como perfiles aerodinámicos; la idea fue desarrollado por Schwefel entre 1975 y 1977. Hoffmeister y Schwefel en 1991 [10] propusieron una síntesis de estrategias evolutivas.

Fogel, Owens y Walsh en 1966 [11] Desarrollaron una técnica en la que se representan las soluciones a ciertas tareas como máquinas de estados finitos que evolucionan aleatoriamente, convirtiendo sus gráficos en transición de estados y elección del más apto. Fogel y Atmar [12] en 1993 propusieron una formulación más amplia para la programación evolutiva.

Así que las estrategias evolutivas, la programación evolutiva y los algoritmos genéticos son Computación evolutiva. Friedman en 1959 inspirado en algoritmos de optimización y aprendizaje automático en evolución junto con Bledsoe, Bremermann, Reed, Toombs, Baricelli trabajaron en la optimización de estos modelos sin embargo su trabajo fue muy escaso en cuanto a las estrategias de evolución y programación.

En 1968, John Holland propuso una forma de vida artificial que constaba de tres partes: genes, memorias y entorno. En 1969, John Von Neumann y John Mcarthur, con su asistente Herbert Simon, describieron programas autor replicantes llamados autómatas celulares (CA). El concepto detrás de este modelo era que las células se reproducían a sí mismas y que cada célula tenía sus propias reglas para reproducirse, lo que podría representarse mediante una tabla que contenía información sobre cuántas células copiar o morir, cuánta energía consumiría, etc... [13]

El Algoritmo Genético fue desarrollado por John Holland en 1975 [14] a partir de su tesis doctoral sobre Adaptación a través de la Selección Natural. Holland afirmó que la computación evolutiva tenía potencial para resolver problemas reales en plazos cortos.

Introdujo el término Algoritmo genético en 1987. Su evolución proviene de la cría de descendientes similares a los humanos y los animales mediante la aplicación de los principios de la genética, la selección natural, la mutación

y la recombinación. La idea de Holland evolucionó lentamente hacia dos campos distintos. La tecnología permite a los humanos crear nueva riqueza, como vivienda, ropa, etc... lo que reduce el desempleo y la pobreza. donde enfrentamos desafíos en lugar de superarlos con éxito.

En un principio la aplicación de los algoritmos se limitaba a la implementación teórica, pero gracias al crecimiento exponencial en el desarrollo de las ciencias computacionales y a la tecnología hoy en día los algoritmos genéticos se pueden utilizar para resolver una variedad de problemas. Esto incluye problemas que son clásicamente Heurísticos y problemas que normalmente no se resuelven usando algoritmos de optimización. Los algoritmos genéticos también son una buena manera de resolver problemas que son difíciles de resolver con otros métodos.

Por lo que podríamos definir a un algoritmo genético como un modelo computacional que imita el proceso de selección natural en las poblaciones. Comienza con datos de entrada, o genes, y busca crear una población descendiente que se desempeñe lo mejor posible en algún criterio (en la práctica, generalmente el desempeño en alguna tarea de optimización). La búsqueda de buenas soluciones por descendencia darwiniana a través de la variación y recombinación de copias de genes se realiza bajo la restricción de que cada individuo tenga como máximo una copia buena de cada gen. [15]

1.5.2. Retinopatía

Para poder entender con claridad lo que es la retinopatía debemos definir algunos conceptos para comprender el funcionamiento de los ojos humanos [16].

- Esclerótica: Es la capa más externa y se caracteriza por su gran resistencia.
- Cornea: La córnea es transparente, lo que permite que pase la luz a través de ella y pueda enfocarse en la retina.

- Iris y pupila: El iris es una abertura que cambia su tamaño para poder permitir el paso de luz hacia la pupila.
- Retina: Cuando la luz llega a la retina, los receptores que son los conos y bastones la transforman en corriente eléctrica y la transportan mediante el nervio óptico a los centros de interpretación en la zona occipital del cerebro.
- Humor Acuoso: Es un líquido que da presión al ojo y nutre la córnea y el cristalino.
- Humor Vítreo: Es una gelatina que ocupa dos terceras partes del interior del globo ocular.
- Cristalino: Es la lente que junto con la córnea se encarga de enfocar las imágenes en la retina.

Normalmente cuando un paciente es detectado con algún grado de retinopatía es después de que se hayan llevado a cabo estudios físicos del ojo, mediante fotografías estudiadas por expertos de forma manual y a veces el diagnóstico es muy tarde para algunos pacientes que llegan a tener ceguera parcial o total, es por eso por lo que es necesario una modernización en este campo usando la tecnología que tenemos a la mano para poder detectar y tratar a los pacientes de formas más rápidas y eficientes.

En [17] se habla de un sistema para la detección de retinopatía mediante el uso de algoritmos genéticos usando imágenes tomadas de los pacientes, procesándolas mediante un acercamiento de clasificación dual.

En este estudio se concluye que es posible clasificar los vasos sanguíneos nuevos mediante su técnica de clasificación dual por lo que la primer gran contribución es crear un conjunto de características más grande

para poder tener características discriminatorias más apropiadas.

Además de demostrar que los sistemas automatizados son capaces de detectar la presencia de nuevos vasos sanguíneos y al mismo tiempo reducir las falsas afirmaciones por lesiones en el ojo.

Capítulo 2

Retinopatía

2.1. Síntomas y causas.

Las causa principal de este padecimiento es el cambio en la circulación de la sangre con la que cuentan las personas que padecen diabetes principalmente el aumento de la glucosa, dañando así los vasos sanguíneos que se encuentran en la retina causando hemorragias, perdida de liquido y acumulación de grasas en la zona del ojo.

Los factores causantes de esto que se catalogan como modificables, son:

- Cantidad de glucosa en la sangre.
- Nivel de presión arterial.
- Niveles de lípidos en sangre.

Son factores que con un control cotidiano y un estilo de vida saludable del paciente pueden no ser causantes de crear el ambiente para el desarrollo de la retinopatía [18]. En el caso de los factores no modificables como es mencionado en [19]:

- Tiempo de padecer diabetes.

- Edad del paciente.
- Predisposición genética.
- Embarazo (En caso de pacientes femeninos).

En las etapas tempranas de la enfermedad, los pacientes no muestran síntomas de importancia, lo que va cambiando conforme avanza el grado de daño producido.

Los pacientes pueden presentar los siguientes síntomas basados en [20]:

- Manchas o hebras oscuras que flotan en la vista (moscas volantes)
- Visión borrosa
- Visión variable
- Visión de colores alterada
- Zonas de la visión oscura o vacía
- Pérdida de la visión

2.2. Tipos de retinopatía.

- **Sin retinopatía aparente.**

No se observan lesiones características al examen oftalmoscópico [21].

- **Retinopatía no proliferante leve.**

Sólo se encuentran microaneurisma retinianos, como primera alteración apreciable oftalmoscópicamente de RD. Los microaneurismas son dilataciones

de la pared de los capilares y aparecen como puntos rojos pequeños de bordes muy nítidos [21].

- **Retinopatía diabética no proliferante moderada.**

Aparecen hemorragias retinianas en número inferior a 20 en los cuatro cuadrantes. Pueden existir exudados duros o lipídicos y blandos o algodonosos 2.1 y además dilataciones venosas arrosariadas en un solo cuadrante. Las dilataciones venosas consisten en zonas bien localizadas de dilatación con zonas de estrechez venosa, como cuentas de un rosario. El trayecto venoso se vuelve tortuoso y en ocasiones parece bifurcado [21].

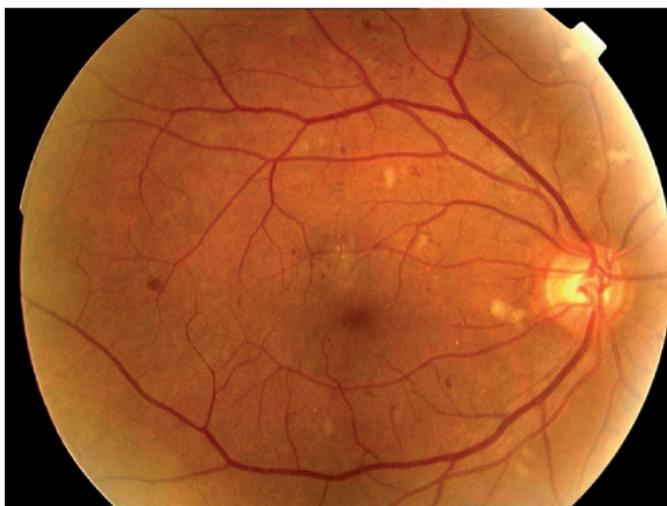


Figura 2.1: Retinopatía diabética no proliferante moderada.

- **Retinopatía diabética no proliferante severa.**

Pueden presentarse cualquiera de las siguientes alteraciones: hemorragias intrarretinianas severas en número superior a 20 en cada uno de los

cuatro cuadrantes 2.2, o dilataciones venosas arrosariadas en 2 ó más cuadrantes, o anomalías microvasculares intrarretinianas (IRMA) bien definidas en un cuadrante. El riesgo de progresión a RD proliferante es del 50.2 % en un año. Y de RD proliferante de alto riesgo 14.6 %, si se dan la regla completa este riesgo será del 45 % en un año [21].



Figura 2.2: Retinopatía diabética no proliferante severa.

- **Retinopatía diabética proliferante.**

Incluye toda neovascularización retiniana o papilar 2.3 bien definida y/o hemorragia vítrea o prerretiniana extensa. (Incluye los niveles 61 y 65 como formas leves o moderadas de neovascularización, y el 71 a 85 como formas de alto riesgo y avanzadas con proliferación fibrovascular 2.4 y desprendimiento de retina traccional). En este nivel de severidad la fotocoagulación láser 2.5 será necesaria para controlar la evolución, en el caso de neovasos en el disco extensos o hemorragia vítrea y será necesaria de manera inmediata [21].

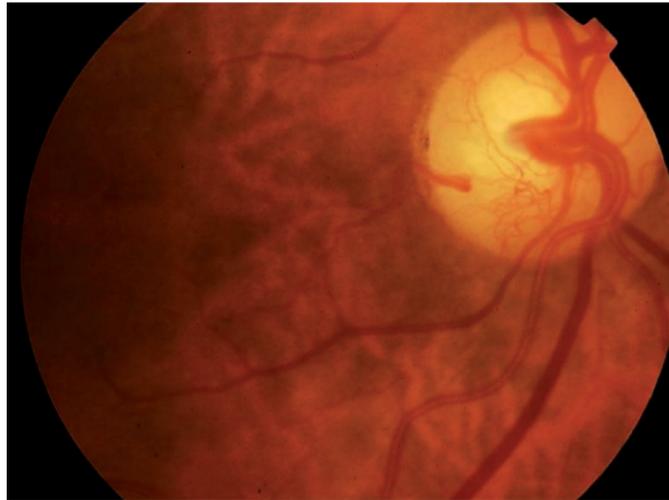


Figura 2.3: Retinopatía proliferante donde se observan claramente los neovasos papilares.

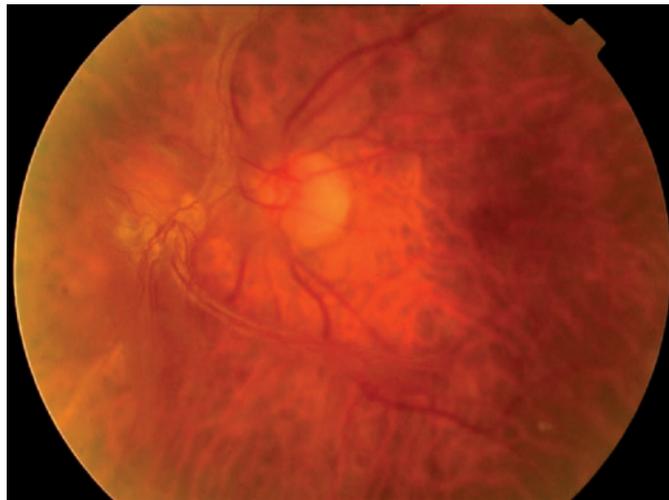


Figura 2.4: Retinopatía proliferante. Existe proliferación fibrovascular con tracción retiniana y sobre la papila.



Figura 2.5: Retinopatía proliferante. Se pueden observar las cicatrices pigmentadas de la panfotocoagulación

2.3. Tratamiento.

En la actualidad contamos con una terapia quirúrgica la cual hace uso del láser en conjunto de una terapia farmacológica utilizando agentes anti-VEFG de manera repetitiva mensual, haciendo que reduzca la progresión de la retinopatía en un 25 %-30 % en pacientes tratados durante 2 años con ambas terapias, en comparación de pacientes los cuales únicamente usaron la terapia láser por separado.

El significativo progreso en el manejo de la retinopatía, se ha logrado gracias al avance de las imágenes oculares, la tomografía de coherencia óptica la cual permite la detección anatómica temprana de los cambios en la mácula, del engrosamiento retiniano y de la formación de quistes en el edema macular diabético [19].

Dentro de las terapias en estudio, se pueden nombrar las siguientes: el uso de la somatostatina este es un neuro protector anti-angiogénico, este se encuentra en estudios en fase II y III; el péptido semejante al Glucagón es un neuro-protector, su aplicación intravítrea, previene la neurodegeneración

retiniana en ratas con diabetes.

La doxiciclina es un antiinflamatorio y neuro-protector que mejora la función de la retina interna comparado con placebo, se han obtenido resultados estadísticamente significativos, pero se reporta en muestra muy pequeña para generalizar los resultados [19].

Capítulo 3

Preliminares

3.1. Técnicas de extracción de características

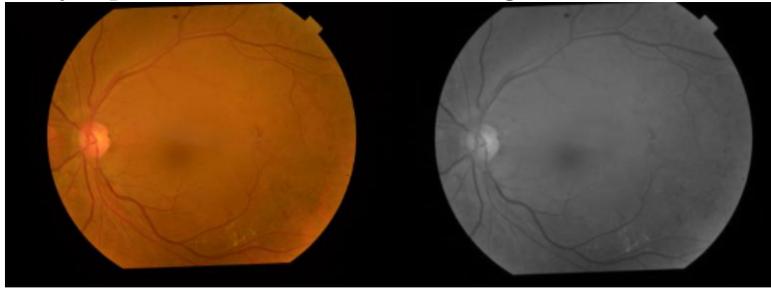
La utilidad de las imágenes en el campo de la visión artificial permite cubrir una gran cantidad de aplicaciones donde se utilizan técnicas para preparar los datos de una imagen para hacerla informativa, eliminando la necesidad de procesar grandes cantidades de datos ya que pueden ser redundantes. Se espera que esta selección de características, denominada extracción de características, produzca información relevante que ayude al aprendizaje e incluso mejore la interpretación humana. Algunas técnicas de extracción de características comúnmente utilizadas se describen a continuación:

- Procesamiento de imágenes.
- Reconocimiento de patrones.
- Análisis de imagen.
- Mejora de vídeo.
- Recuperación de imágenes.
- Clasificación de imágenes.

- Etc...

El propósito del procesamiento de imágenes es extraer información útil de las imágenes digitales utilizando varios métodos que permiten la transformación de señales digitales en otro tipo de señales (por ejemplo, convertir la amplitud de la señal en un valor de color). Un buen ejemplo de esto es la conversión de imágenes a color a imágenes con nivel de gris, en el que la imagen original se convierte en una matriz que almacena todos los valores entre 0 (negro) y 255 (blanco). Esta matriz se puede utilizar como patrón para entrenar una red neuronal, como podemos observar en la figura 3.1

Figura 3.1: Ejemplo de conversión de una imagen de color a escala de grises.



Un paso fundamental, previo a la aplicación de cualquier técnica de Machine Learning, es la selección de las características, o atributos, que se van a utilizar para el entrenamiento y posterior aplicación del sistema de inteligencia.

Las características globales se obtienen teniendo en cuenta todos los píxeles de una imagen.

Tienen un rendimiento bastante bueno, existe un problema inherente, y es que las características globales son sensibles a las variaciones en la imagen, como la orientación, los cambios en la iluminación o la oclusión parcial.

Las características locales, por el contrario, se ven menos afectadas por estos cambios. Además, la información geométrica y las restricciones en la

configuración de las diferentes características locales pueden ser utilizadas de forma tanto implícita como explícita, es decir, no solo importa su valor, si no, también su posición en la imagen [22].

Un vector de características en un conjunto de valores cuantificables que representan una imagen, calculado mediante varias técnicas de extracción de características definidas como la transformación de una imagen en una forma única, única y compacta. Este proceso requiere la segmentación de la imagen. La extracción de características es un proceso realizado después de la segmentación para obtener los atributos más importantes de una imagen para identificar objetos de imagen [23].

Las imágenes se dividen en diferentes secciones y luego se calculan en un vector de características utilizando varias técnicas de extracción. El vector de características es un conjunto de números que representa la imagen y se puede utilizar para realizar muchos cálculos diferentes.

Después de segmentar una imagen, la extracción de características extrae los detalles más importantes de la imagen. Los detalles pueden ser sobre la imagen general o sobre partes específicas de la imagen. Pueden tratarse de detalles de textura, detalles geométricos o detalles de color. Las características de la imagen completa se denominan globales y las características de una pequeña sección de la imagen se denominan locales.

3.1.1. Algoritmo de extracción de patrones intrínsecos

El patrón de variación de intensidad en una imagen se dice que es la textura. La textura de una imagen no puede ser analizada por medio de un único punto en el píxel; requiere los valores de intensidad de los puntos vecinos.

Para representar el patrón de textura de las imágenes hay un algoritmo llamado "Algoritmo de extracción de patrones intrínsecos" el cual fue derivado del análisis de componentes básicos (PCA) por sus siglas en inglés.

El objetivo principal de este enfoque es el de reducir la computación usada y disminuir el tamaño del vector identificador de cualidades, el cual representaría el patrón intrínseco de la imagen brindada [24].

3.1.2. Algoritmo de extracción del gradiente del contorno basado en Texton.

el algoritmo de extracción de patrones intrínsecos es usado para identificar el valor de la intensidad de un pixel para cada una de las imagenes medicas en los datasets. El sistema de detección de características seria aun mas efectivo si el gradiente de la orilla del pixel también fuese analizado.

Los fundamentos del gradiente son derivados del concepto de derivadas, La variación en la función variable puede ser matemáticamente derivado mediante derivadas, las derivadas parciales son usadas para identificar la variación de una variable en particular en la función dada, el gradiente es un concepto usado para identificar la variacion en la intensidad del valor del pixel en un punto (i,j) en un espacio de dos dimensiones.

Los gradientes son valores de vectores, el cual su magnitud determina el cambio en el valor de la intensidad del pixel y la dirección del vector especifica la dirección hacia donde se realiza el cambio. Para obtener las características sintácticas de cualquier tamaño definido por el usuario en el los datasets, deberán hacer uso de algún tipo de transformación de filtro para obtener el gradiente exacto del contorno de una imagen dada [24].

3.2. Técnicas de selección de características

3.2.1. El problema de la dimensionalidad.

Actualmente, los problemas numéricos tienden a aumentar el número de características que describen el problema, lo que resulta en un aumento de la dimensionalidad del problema. A medida que aumenta la dimensionalidad, surgen nuevos problemas que dificultan los esfuerzos para optimizar estos problemas. el espacio del volumen de búsqueda crece exponencialmente y, además, cambian las características del espacio de búsqueda y aumentan las interacciones y dependencias entre variables. Estos problemas se denominan en la literatura como la maldición de dimensionalidad. Los algoritmos evolutivos han demostrado resolver satisfactoriamente problemas de optimización numérica, pero esta maldición de la dimensionalidad también afecta su desempeño, y la interacción de las variables aumenta aún más cuando el problema está restringido.

Hoy en día, diferentes problemas de optimización tienen bastantes variables de decisión, que se clasifican como un problema de alta dimensión. Estos problemas presentan desafíos importantes para los algoritmos de computación evolutiva porque el espacio de búsqueda crece exponencialmente, la naturaleza de la función Pueden variar a medida que crece la dimensionalidad, y debido a la cantidad de variables, la evaluación de estos problemas suele ser costosa además de aumentar la interacción entre las variables. Todas estas características se conocen en la literatura profesional como la "maldición de la dimensionalidad". Por estas razones, cuando los algoritmos evolutivos intentan resolver este tipo de problemas, su rendimiento se resiente [25].

3.2.2. Técnicas para reducir la dimensionalidad.

Hablando de manera general, optimizar es el proceso de encontrar la solución máxima ó mínima de un problema. Los problemas están definidos por una función objetivo también conocida como función de aptitud o costo. Éstos pueden estar sujetos a un conjunto de restricciones; una solución es un conjunto de variables de decisión que determinan el valor de la función objetivo. Cuando un problema es restringido, las soluciones que se buscan son aquellas que satisfacen todo el conjunto de restricciones y estas forman parte de la región factible. Antes de entrar al detalle de los métodos de optimización es necesario definir que es un valor óptimo y los diferentes tipos de óptimos que existen.

- **Óptimo Local** Si un punto es localmente óptimo, si no hay uno mejor en el área. Hablando de minimización.
- **Óptimo Global** Un punto es globalmente óptimo, si y solo si no hay mejor punto que este en todo el espacio de búsqueda.

Teniendo esto claro, es momento de hablar de los métodos que permiten la optimización para reducir la dimensionalidad.

3.2.3. Métodos Directos

En esta sección nos dedicaremos a presentar algunos de los métodos de para minimizar, los cuales no requieren información de gradiente en la función para poder optimizar. Es decir, solo utilizan la información del valor de la función, por lo que también se denominan métodos directos.

Vale la pena mencionar que los algoritmos basados en gradientes resultan ser mas eficientes que los métodos directos, únicamente si se dispone de la información sobre los gradientes.

Sin embargo, los óptimos globales no son necesariamente únicos, es decir, en muchos problemas prácticos puede haber múltiples óptimos globales en la

función y calcular derivados es difícil, en cuyo caso los métodos directos son útiles. A continuación se describen dos métodos sencillos que han demostrado su eficacia para resolver problemas de optimización multivariante.

Uno de los principales problemas en los cálculos con máquinas es encontrar un método efectivo para resolver un problema. sistema de n ecuaciones simultáneas en n incógnitas, particularmente si n es grande.

Por supuesto, no hay mejor método para todos los problemas porque la eficacia de un método depende en cierta medida de la particularidad del sistema a resolver. Al la de un método para los cálculos de la máquina, uno debe tener en cuenta que los criterios para una buena máquina el método puede ser diferente a los que se realizan de forma manual.

Por un método manual, nos referiremos a uno en el que se puede utilizar una calculadora de escritorio.

Por un método de la máquina, nos referiremos a uno en el que se utilizan máquinas controladas por secuencia.

Un método de máquina debe tener las siguientes propiedades:

1. El método debe ser simple, compuesto repeticiones de rutinas elementales que requieren un mínimo de espacio de almacenamiento.
2. El método debe asegurar una convergencia rápida si el número de pasos necesarios para la solución es infinito. Un método que, donde no hay errores de redondeo producirá la solución en un número finito de pasos.
3. El procedimiento debe ser estable con respecto a errores de redondeo. Si es necesario, una subrutina debe estar disponible para asegurar esta estabilidad.

4. Cada paso debe dar información sobre la solución y deberá producir una nueva y mejor estimación que el anterior.
 5. Se deberá contar con tantos datos originales como sea posible, los cuales deben utilizarse durante cada paso de la rutina [26].
- Simplex Es un que permite encontrar la solución óptima a problemas de Programación Lineal. Este método realiza la búsqueda de la solución óptima en un número finito de pasos, El método parte de dos afirmaciones importantes:
 1. El conjunto de posibles soluciones factibles de cualquier problema puede representarse mediante un poliedro convexo.
 2. Si un problema de programación lineal tiene una solución óptima y finita.
 - Hooke-Jeeves: El objetivo principal de este método no era realizar una búsqueda totalmente lineal, en cambio realizar pasos discretos para la búsqueda de las direcciones de la solución tratando de encontrar la solución optima al problema

Métodos basados en gradiente

- Método de Gradiente. (Máximo Descenso). La idea es que el gradiente sea un vector perpendicular a las curvas de nivel, y dependiendo de su valor (positivo o negativo), se da la máxima o mínima
- Método de Gradiente Conjugado. en el sistema de ecuaciones lineales, y la matriz es simétrica y definida positiva. Dado que este es un método iterativo, se puede aplicar a sistemas dispersos que son demasiado grandes para ser manejados por métodos directos.

Métodos Indirectos. Métodos de Segundo Orden.

- Método de Newton. El método de Newton-Raphson se puede usar para encontrar raíces de ecuaciones no lineales siempre que comience con una buena suposición. El esquema de iteración de Newton se puede derivar de la expansión de Taylor de la función alrededor de la suposición inicial [27].
- Forzando a la Matriz Hessiana a ser Definida Positiva. la matriz hessiana de una función escalar o campo escalar de $n \times n$ variables, es la matriz cuadrada de tamaño $n \times n$, de las segundas derivadas parciales [27].

3.2.4. Evolución de las especies.

La evolución no es un evento observable, sino un evento inferido. dado al corto tiempo que dedicamos a observar la naturaleza en comparación al tiempo de existencia de la naturaleza. Es difícil tener pruebas irrefutables de cuánto tiempo ha existido la vida en la Tierra. Sin embargo, dado que es imposible Generación espontánea, la inferencia indica que los seres vivos deben tener su propio origen en el pasado de la misma manera que el presente: de otra criatura, y dada la evidencia de la existencia de restos de algunos de estos organismos ,la falta de existencia de restos antiguos de muchas criaturas actuales, se puede deducir que en el pasado, la existencia de una especie producía la existencia de otra especie, de esta manera para cada generación de especies [28].

Es de esta teoría de donde surgen los algoritmos evolutivos.

3.2.5. Algoritmo genético básico.

Técnicas de selección.

La selección natural es la principal inspiración de este componente para el algoritmo genético. En la naturaleza, los individuos en mejor condición tienen

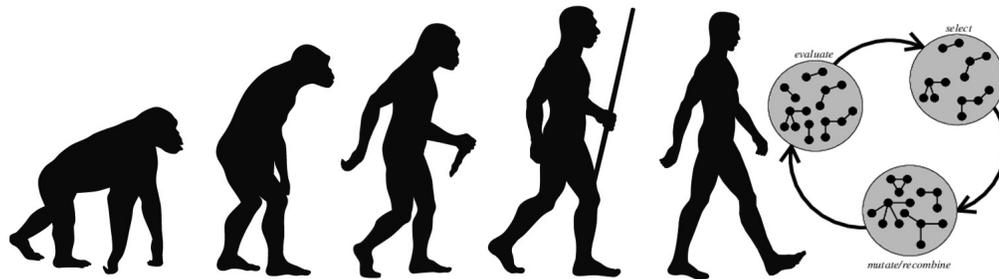


Figura 3.2: Representación de la evolución humana.

un mayor porcentaje de conseguir comida y de aparearse. Esto provoca que los genes contribuyan mas en la producción de la siguiente generación de la misma especie. Inspirándose en esta idea tan simple, el algoritmo genético utiliza una rueda de ruleta para asignar las probabilidades de los individuos y poder seleccionarlos para crear la nueva generación proporcionalmente a su valores de condición en la figura 3.3 [29].

Numero individual	Valor de condición	% del total
1	12	5
2	55	25
3	20	8
4	10	4
5	70	31
6	60	27
Total	227	100

Cuadro 3.1: Detalles de los individuos en la imagen 2.7.

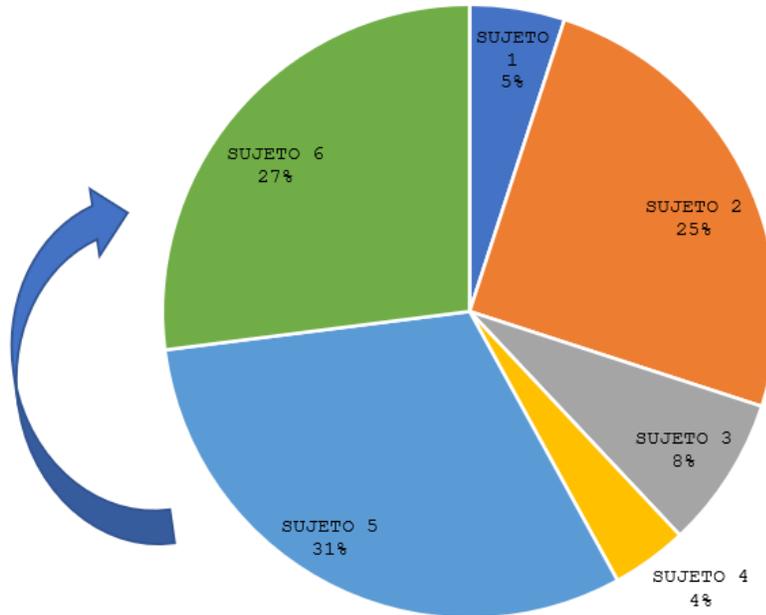


Figura 3.3: Ejemplo mecanismo de la rueda de ruleta en algoritmos genéticos.

Se puede ver en la tabla 3.1 que el mejor individuo (#5) tiene la mayor parte de la rueda de la ruleta, mientras que el sujeto (#4) tiene la menor parte. Este mecanismo simula la selección natural de los individuos mas aptos en la naturaleza. Ya que la ruleta es un operador estocástico, los individuos pobres tienen una menor probabilidad de participar en la creación de la siguiente generación [29].

La rueda de la ruleta es únicamente uno de los muchos operadores de selección para algoritmos genéticos [29].

La presión de selección es el grado en el que los mejores individuos son favorecidos: A mayor presión de selección, los mejores individuos son favorecidos mayormente. Esta presión de selección conlleva a que el algoritmo genético mejore la población con respecto a la aptitud de las generaciones exitosas. El rango de convergencia de un algoritmo genético es altamente

determinado por la presión de selección, con valores mas alto de presión obtenemos mayores rangos de convergencia. Los algoritmos genéticos son capaces de identificar soluciones optimas o casi optimas bajo un amplio rango de presión de selección. Aunque, si la presión de selección es muy baja, el rango de convergencia también seria bajo y el algoritmo genético tomaría mas tiempo innecesario para encontrar la solución optima. Si la presión de selección es muy alta, se incrementan las posibilidades de que el algoritmo genético converge hacia una solución incorrecta (Menos optima) [30].

La técnica utilizada para la realización de nuestro proyecto fue la **selección por torneo**.

La selección por torneo estándar, selecciona muestras aleatorias de K individuos con el remplazo de la población actual de tamaño N en un torneo de tamaño K y selecciona aquellos que tuvieron la mejor forma durante el torneo [31].

Por lo que el proceso de selección por torneo consiste en dos pasos: **Muestreo** y después **Selección**.

Comúnmente los tamaños usados en el torneo son 2,4 y 7. En general, ya que el proceso estándar de reproducción en algoritmos genéticos produce una descendencia mediante la aplicación de mutación a uno de los padres y produce dos descendencias al usar la cruce entre los dos padres, el numero de torneos necesarios es N al momento de generar todos los individuos para la siguiente generación[31].

La selección por torneo tiene las siguientes características:

- La presión de la selección puede ser ajustada fácilmente.
- Es sencillo de programar, ademas de ser eficiente para arquitectura

paralela como para no paralela.

- No necesita que se clasifique la población primero, tiene la complejidad del tiempo $O(N)$ [31].

Las dos ultimas características hacen la selección por torneo una de las favoritas para algoritmos genéticos.

Los algoritmos genéticos consumen muchos recursos informáticos, requieren de una arquitectura paralela para incrementar la eficiencia.

Es común tener millones de individuos en una población cuando se están resolviendo problemas complejos, por lo que clasificar a toda la población consume demasiado tiempo. La complejidad lineal en la selección por torneo hace que sea una opción muy atractiva para los algoritmos genéticos[31].

Técnicas de cruza.

Después de seleccionar los individuos usando un operador de selección, se deben emplear para crear la siguiente generación. En la naturaleza, los cromosomas en los genes de los individuos masculinos y femeninos son combinados para producir un nuevo cromosoma. Esto es simulado mediante la combinación de dos soluciones (Soluciones padres) seleccionados por la ruleta para producir dos nuevas soluciones (Soluciones hijos) en el algoritmo genético [29].

Existen diferentes técnicas para realizar la operación de cruza en la literatura. La forma mas sencilla es dividir los cromosomas en dos piezas llamado **Cruce de punto único** o en tres piezas llamado **Cruce de doble punto**. Después ellos intercambian los genes entre dos cromosomas [32].

En el cruce de punto único figura 3.4, los cromosomas de dos soluciones padres son intercambiados antes y después de un punto.

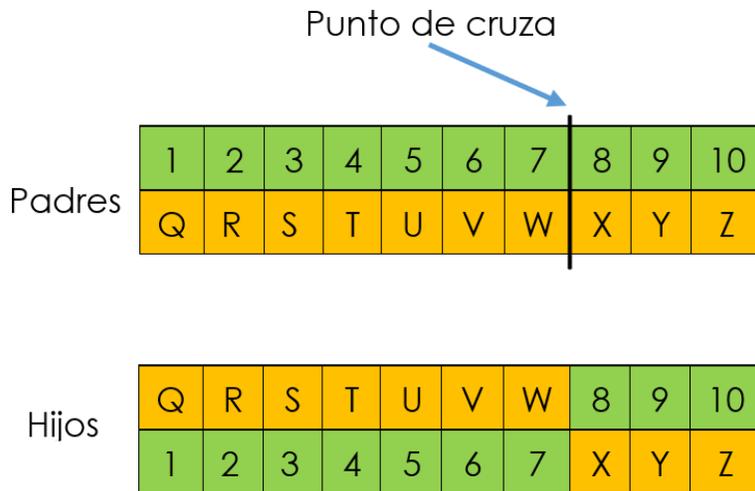


Figura 3.4: Técnica de cruce de punto único.

El objetivo principal del cruce es cerciorarse de que los genes sean intercambiados y que los hijos hereden los genes de los padres.

La cruza es el principal mecanismo de explotación en algoritmos genéticos, para dos padres dados, si asumimos que la cruza se da usando un punto de cruce aleatorio, el algoritmo tratara de checar y buscar diferentes combinaciones de genes provenientes de los padres.

Esto nos lleva a la explotación de las soluciones posibles sin introducir un gen nuevo.

Para esto hacemos uso de un parámetro de algoritmos genéticos llamado Probabilidad de cruce (P_c) el cual indica la probabilidad de que se acepte a un nuevo hijo. Este parámetro es un numero en el intervalo del $[0,1]$. Un numero aleatorio es generado en ese intervalo para cada hijo, si el numero es menor al P_c , este hijo es propagado a la generación subsecuente, en caso contrario el padre es quien sera propagado. En la naturaleza esto también en caso de que la descendencia no pueda sobrevivir [32].

En nuestro caso decidimos hacer uso de la técnica conocida como **cruza de punto doble**.

La cual consiste en cruzar los cromosomas padres en dos puntos distintos para generar cromosomas hijos con mayores cambios a sus componentes.

Técnicas de mutación.

El problema al que podemos llegar mediante el mecanismo de cruza es la falta de introducción de genes nuevos. Si todas las soluciones se vuelven pobres (atrapadas en soluciones óptimas localmente), la cruza no llegaría a soluciones distintas con genes nuevos diferentes de aquellos en los padres. Para tratar de solucionar esto en los algoritmos genéticos también se considera el operador de mutación [32].

La mutación hace cambios aleatorios en los genes. Existe un parámetro llamado probabilidad de mutación **P_m** que es usado para gen en un cromosoma hijo producido en la etapa de cruza. Este parámetro es igualmente un número dentro del intervalo [0,1]. Un número aleatorio dentro de ese intervalo es generado para cada gen en el hijo nuevo. Si el número aleatorio es menor que nuestra probabilidad de mutación (**P_m**), a ese gen se le asigna un valor aleatorio nuevo con los límites mínimos y máximos. La importancia del parámetro de mutación puede ser visto de esta forma 3.5. Podemos observar que después de la fase de cruza hay pequeños cambios en genes seleccionados aleatoriamente [32].

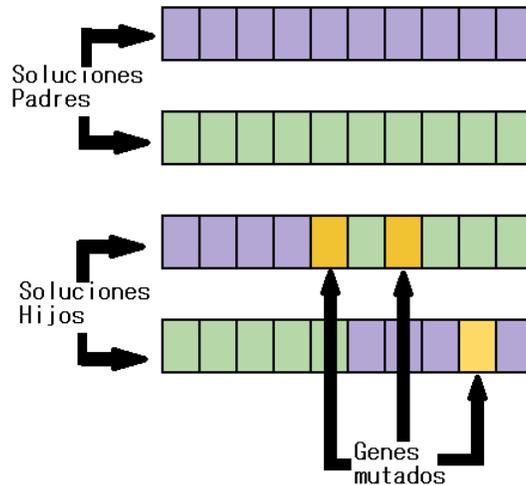


Figura 3.5: Operador de mutación modificando los genes hijos.

Se considera que la mutación es el mecanismo de exploración principal en algoritmos genéticos, esto debido a que este operador introduce cambios aleatorios y ocasiona que una solución vaya mas haya de la región donde realiza la búsqueda hacia regiones que no estaban asociadas con los genes heredados de los padres.

3.2.6. La maldición de la dimensionalidad

Cuando nuestro dataset contiene una alta dimensionalidad da paso a la llamada maldición de la dimensionalidad.

Cuando tenemos una cantidad muy alta de información, podemos utilizar algoritmos de reducción de dimensionalidad para hacer que "lleguemos al punto de la información"

Algunos de los algoritmos que podemos usar serian:

- PCA (Análisis de componentes principales): Nos ayuda a descubrir los factores fundamentales ocultos de nuestra información recabada [33].
- KNN (Vecinos cercanos): Es uno de los algoritmos mas simples y ampliamente

usados en aplicaciones del Machine Learning tales como la clasificación de imágenes. Basado en la distancia Euclidiana este algoritmo es muy simple y efectivos en la mayoría de los casos, sin embargo sufre de la llamada "maldición de la dimensionalidad" pero la distancia euclidiana deja de tener importancia cuando la dimension de la información se vuelve significativamente grande [34].

- Forward-feature selection (Selección de características hacia delante): En este caso podemos usar un clasificador el cual necesita de características las cuales deben poder tomar valores numéricos, entre mayor sea la cantidad de rasgos que introduzcamos en el clasificador sera mas certera la segregación de las clases. En el caso de una característica utilizaríamos un espacio de una dimension, al añadir otra característica usaríamos un plano en 2D, al usar 3 rasgos de clasificación entraríamos a un plano 3D, si seguimos añadiendo rasgos clasificatorios la dimensionalidad de las características aumenta haciéndolos mas grandes y por lo tanto se esparcen de igual manera [35].

3.3. Técnicas de clasificación

La clasificación de características es una técnica utilizada para organizar datos en categorías significativas. El concepto de características se utiliza para representar datos y generar soluciones para la clasificación de datos. En este enfoque, los elementos de datos se representan mediante características y se ejecuta un algoritmo matemático en los datos para generar clasificaciones. Un algoritmo genético (GA) por sus siglas en ingles es un método para generar soluciones para vectores de características mediante la combinación de soluciones de generaciones anteriores. Las implementaciones de GA generalmente se ejecutan en computadoras, pero también se pueden realizar manualmente.

Un algoritmo genético genera soluciones para vectores de características mediante la combinación de soluciones de generaciones anteriores. Para realizar un GA, los datos deben organizarse en características y múltiples soluciones consideradas simultáneamente.

Las soluciones son generadas por el algoritmo basado en las propiedades matemáticas de las características y sus interrelaciones con otras características. Las soluciones pueden ser complejas o simples; dependiendo de la aplicación, algunas soluciones pueden requerir mucho tiempo para generarse, mientras que otras pueden producir resultados en minutos o segundos. La cantidad de generaciones requeridas para que la solución converja generalmente depende de la complejidad de la solución, así como de la cantidad de recursos asignados para ejecutar el algoritmo (por ejemplo, una computadora más rápida brinda resultados más rápidos).

Una vez que todas las soluciones han convergido, todos los vectores de características generados se pueden usar para realizar cálculos con respecto a otros vectores de características para clasificar elementos de datos desconocidos [36].

Las representaciones vectoriales generadas por un algoritmo genético se usan para realizar cálculos de vectores de características. Los cálculos se realizan típicamente entre diferentes generaciones de vectores para encontrar clasificaciones satisfactorias para elementos de datos desconocidos.

Los cálculos también determinan qué generación produce mejores soluciones: si existen múltiples soluciones igualmente buenas en una generación, los cálculos favorecerán a una generación sobre otra hasta que no queden soluciones igualmente buenas en esa generación y en las generaciones posteriores.

Después de determinar qué generación produce mejores clasificaciones, esta solución se convertirá en la solución base para crear nuevas generaciones a través de las cuales se puedan calcular y evaluar nuevas clasificaciones con respecto a nuevos elementos de datos. Este proceso se repite hasta que se obtiene una clasificación satisfactoria. En una aplicación real, las restricciones de tiempo limitarían la duración de cada iteración de cada clase del sistema.

Los algoritmos genéticos han demostrado ser útiles en muchos campos donde grandes cantidades de datos numéricos necesitan organización en categorías. El uso de esta tecnología permite a las organizaciones que manejan información numérica, como bancos y compañías de seguros, organizar su información de forma rápida y sencilla, al mismo tiempo que obtienen información sobre sus prácticas comerciales utilizando métricas adecuadas. Los algoritmos genéticos se pueden usar para clasificar datos de muchas fuentes diferentes.

3.3.1. Clasificación

Existen diversas modificaciones sobre el esquema general de los algoritmos evolutivos, entre estos están:

Estrategias evolutivas

Una técnica desarrollada por Rechenberg y Schwefel y extendida por Herdy, Kursawe, Ostermeier, Rudolph y otros, originalmente diseñada con el objetivo de resolver problemas de optimización discreta y continua, es principalmente experimental y se considera difícil. Trabaja sobre vectores reales con desviaciones estándar que codifican posibles soluciones a problemas numéricos. Utiliza operaciones de recombinación o cruce, mutación y selección, ya sea determinista o probabilística, para eliminar las peores soluciones de la población y no generar copias de aquellos individuos con aptitud por debajo del promedio.

Programación evolutivas

El creador original de este método es Fogel; más tarde fue ampliado por Burgin, Atmar y otros. Se utiliza para crear inteligencia artificial mediante la creación de una estructura de números reales basada en los mecanismos de mutación y selección. Hay muchos algoritmos evolutivos, pero se diferencian

de los algoritmos genéticos por el hecho de que no utilizan la recombinación. Por ello, se denominan algoritmos evolutivos para diferenciarlos de los algoritmos genéticos.

3.3.2. Pruebas de clasificación

Las técnicas de clasificación se basaran en diversos formatos de prueba para poder elegir la técnica optima y obtener así los resultados deseados. estos formatos son:

- **Clasificación Global** - No se toma en cuenta el orden de captura de los datos.
- **Clasificación por sesión** -Los datos se clasifican en secciones por separado y estos pueden ser validados por validación cruzada o validación estándar.
- **Clasificación respetando la linea de tiempo** - Para poder realizar la clasificación es importante respetar el orden en que los datos fueron capturados

3.3.3. Clasificación global

Es importante tomar el conjunto universal de datos sin importar el orden en que han sido capturados, para verificar la validez de la clasificación es importante realizar varias repeticiones de la clasificación haciendo uso de una validación cruzada y de este modo obtener un valor promedio con el mínimo de singularidades.

Esta prueba debe realizarse en cada uno de los individuos, por lo que es importante promediar los resultados permitiendo de esta manera obtener la eficacia en la robustez estadística de los datos.

3.3.4. Clasificación por sesión

Es muy similar a la clasificación global, con la única diferencia en que se desea encontrar la clasificación en una sola sesión, de igual forma que en la clasificación global es importante mantener el balance en las clases y generar el promedio de los individuos.

Para proceder es importante elegir una validación, ya sea cruzada o estándar según convenga.

3.3.5. Clasificación respetando el orden de captura de los datos

Este tipo de clasificación es muy similar a un sistema de clasificación en tiempo real.

Técnicas de clasificación de características haciendo uso de algoritmos genéticos.

Capítulo 4

Metodología

4.1. Metodología

En este capítulo se describe en detalle la metodología utilizada para la selección de características utilizando algoritmos genéticos. La Figura 4.1 muestra la metodología en el desarrollo de los experimentos llevados a cabo en esta tesis. Cada uno de los procesos se detalla en este Capítulo.

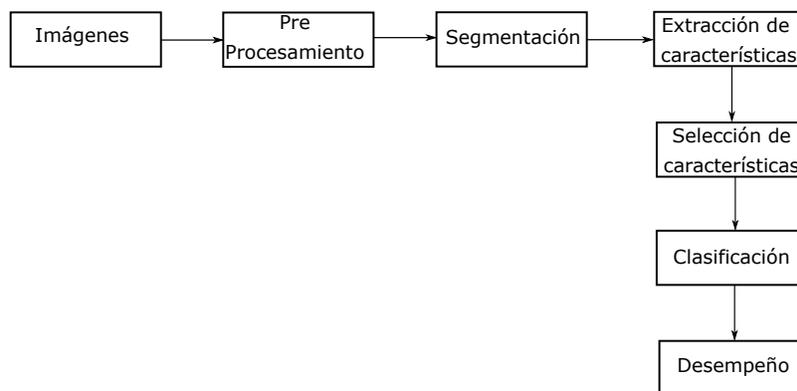


Figura 4.1: Metodología utilizada para clasificación de retinopatía diabética y glaucoma

El proceso es similar a cualquier sistema de visión común, sin embargo

en la fase de selección de características es utilizado un algoritmo genético para eliminar aquellas características que no inciden significativamente en el desempeño o que incluso afectan al desempeño del sistema al introducir ruido a los clasificadores. La selección de características es una parte fundamental para sistemas de reconocimiento. La fiabilidad y eficiencia del sistema de reconocimiento depende en gran medida de la selección de características.

4.1.1. Pre procesamiento

La etapa de pre-procesamiento permite mejorar la calidad de la imagen resaltando o diluyendo propiedades deseadas o indeseadas, según sea el caso. En los experimentos realizados solo se utilizó un filtro Gaussiano 3×3 para reducir imperfecciones en las imágenes. Esto solo para mejorar la calidad de la segmentación de la región deseada.

4.1.2. Segmentación

El proceso de segmentación permite obtener y trabajar solo sobre la región deseada. En nuestro caso, es necesario obtener solo la región del fondo del ojo y eliminar la región circundante. En esta tesis, utilizamos segmentación por el método de Otsu.

La Figura 4.2 muestra los resultados de la segmentación. La parte en negro es la región no deseada, mientras que la parte en blanco representa a la región de interés y esta parte será utilizada posteriormente para extraer toda la información.

4.1.3. Extracción de características

La segmentación permite obtener solo la región sobre la que se extraen las características. Las características son valores cuantificables que describen en su conjunto la región de interés. Estas características son obtenidas mediante

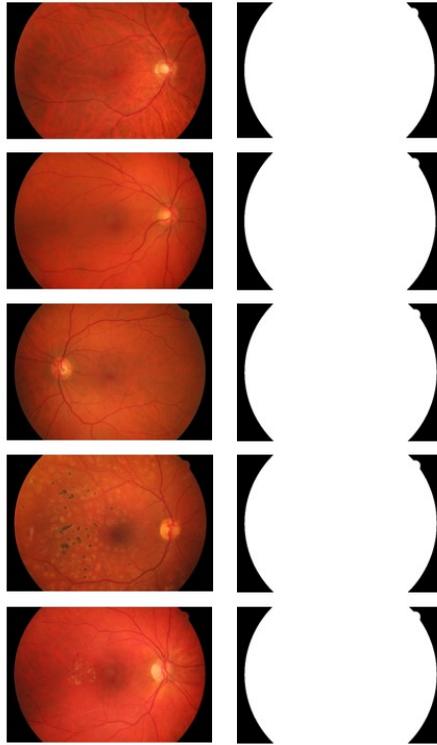


Figura 4.2: Obtención de región de interés utilizando segmentación de Otsu

técnicas de extracción de características en imágenes. Las técnicas de extracción de características nos permiten convertir la imagen en un vector.

De forma general, las características se pueden clasificar en tres grandes grupos: texturales, geométricas o cromáticas. En esta tesis, se extrajeron dos tipos de características.

1. Características texturales
2. Características cromáticas

Se extrajeron las siguientes características cromáticas:

1. Momentos de Hu con intensidad para cada canal en RGB y HSV.

2. Características HoG piramidales con intensidad.
3. Características de Gabor.
4. Media de intensidad para cada canal.
5. Desviación estándar para cada canal.
6. Contraste para cada canal.
7. Gradiente en el borde para cada canal.
8. Patrones binarios locales para cada canal.
9. Intensidad de curtosis para cada canal.

Mientras que se utilizaron solamente descriptores texturales de Haralick como características texturales. En total se extrajeron 1992 características texturales y cromáticas.

4.1.4. Selección de características

La selección de características es un paso muy importante en un sistema de visión. La figura 4.3 muestra como se ve afectado el desempeño de un clasificador al aumentar la dimensionalidad de forma excesiva. Encontrar el número óptimo de características y más aún encontrar las características que permiten optimizar el desempeño no es una tarea fácil ya que esta depende de diversas variables.

En esta tesis, utilizamos un algoritmo genético básico para seleccionar no solo el número de características óptimas sino para encontrar las características que aportan más información a un clasificador.

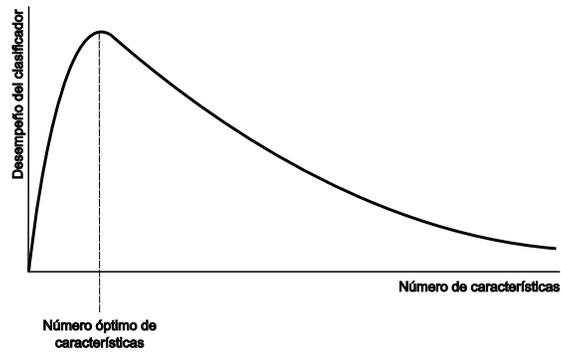


Figura 4.3: La maldición de la dimensionalidad

La Figura 4.4 muestra en detalle el proceso de selección de características utilizado con el algoritmo genético.

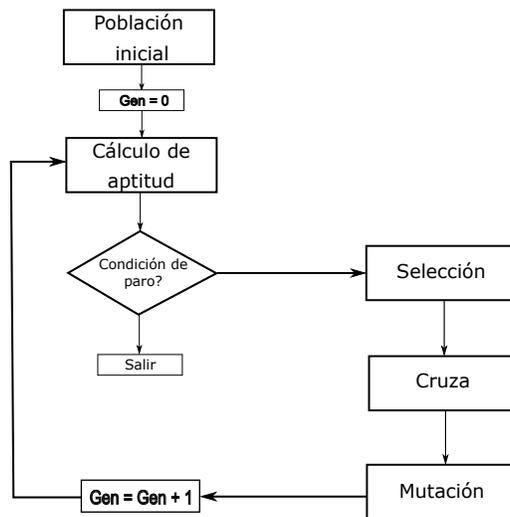


Figura 4.4: Selección de características usando un algoritmo genético básico

Población inicial

Una vez que se han extraído todas las características para cada imagen de fondo de ojo se tiene un vector de 1992 características y la clase a la

que pertenece. Sin embargo, con el fin de encontrar las características que mejor describen cada clase se utiliza un algoritmo genético básico (AGB). El AGB busca las características que más discriminativas o en otras palabras encuentra las características óptimas.

Si las características óptimas fueran todas entonces el AGB encontraría el cromosoma que mejor desempeño tiene y este sería un cromosoma o una cadena de 1992 unos. es decir una cadena que incluye todas las características. Sin embargo, como se mencionó antes al aumentar el número de características algunas de estas pueden estar introduciendo ruido al clasificador, sin embargo, no conocemos que características interfieren en un buen desempeño. Para encontrar solo las características más importantes el algoritmo genético busca creando una población aleatoria inicial muy diversa y convergiendo paulatinamente hacia una solución que no proporcione el cromosoma con las mejores características.

Los individuos de la población inicial se generan aleatoriamente. Es decir, se generan alelos con una función que devuelve un cero o un uno con igual probabilidad. Esto proporciona gran variedad y permite explorar todas las zonas del espacio de búsqueda.

Cálculo de aptitud

La aptitud de cada individuo se obtiene al calcular alguna de las métricas utilizadas. En nuestros experimentos utilizamos la sensibilidad, es decir la capacidad que tiene el clasificador de identificar a los verdaderos positivos.

Selección

La selección permite obtener un conjunto de individuos con la mejor aptitud o capacidad de sobrevivir. En nuestro caso permite obtener las cadenas de características con mejor desempeño. La técnica de selección utilizada ayuda a incrementar y/o disminuir la presión de selección, según sea el caso y a converger más rápido a alguna solución. Esto en algunos casos es positivo y en otros no lo es, es decir, esto depende del problema.

Sin embargo, independientemente del método seleccionado, la selección siempre favorece la cantidad de copias de los individuos más adaptados. En nuestros experimentos utilizamos la técnica de selección proporcional de la ruleta y utilizamos elitismo.

El elitismo permite que individuo con mejor resultado de clasificación pase intacto a la siguiente generación sin necesidad de pasar por el proceso de selección. Esto permite que los genes del mejor individuo no se pierdan y sobrevivan.

4.1.5. Selección por Ruleta

El método de selección por ruleta ha sido de los más utilizados en AG, aun cuando el algoritmo presenta el problema de que el individuo menos apto puede ser seleccionado más de una vez. La popularidad del algoritmo se debe a su facilidad de implementación. A continuación se describe el algoritmo:

1. Calcular la suma de valores esperados T .
2. Repetir N veces (N es el tamaño de la población)
3. Generar un número aleatorio r entre 0.0 y T
4. Ciclar a través de los individuos de la población sumando los valores esperados hasta que la suma sea mayor o igual a r .
5. El individuo que exceda el límite es seleccionado.

Cruza

Los métodos de crusa permiten fusionar información genética de dos individuos, el mecanismo permite también heredar características de ambos padres. Las formas más simples del operador de crusa es la crusa de un punto y crusa de dos puntos. Las Figuras 4.5 y 4.6 muestran ejemplos de estos dos métodos básicos de crusa.

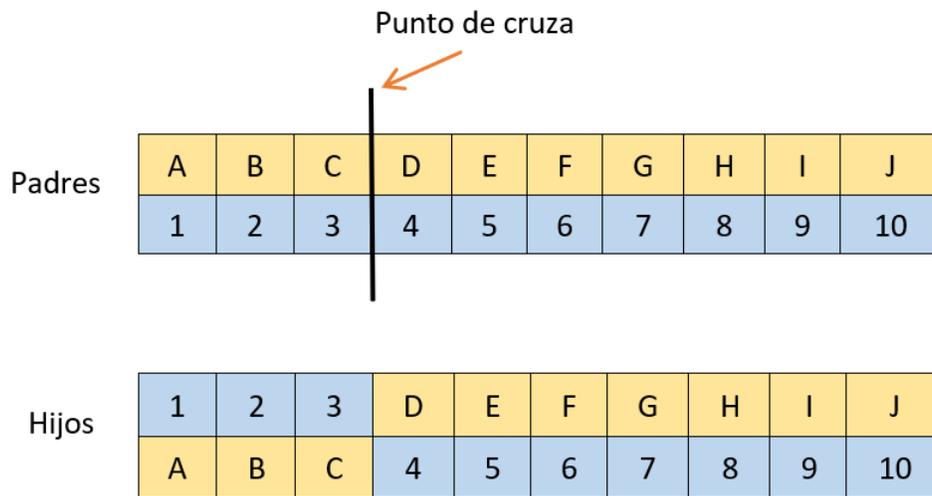


Figura 4.5: Técnica de cruce de punto único.

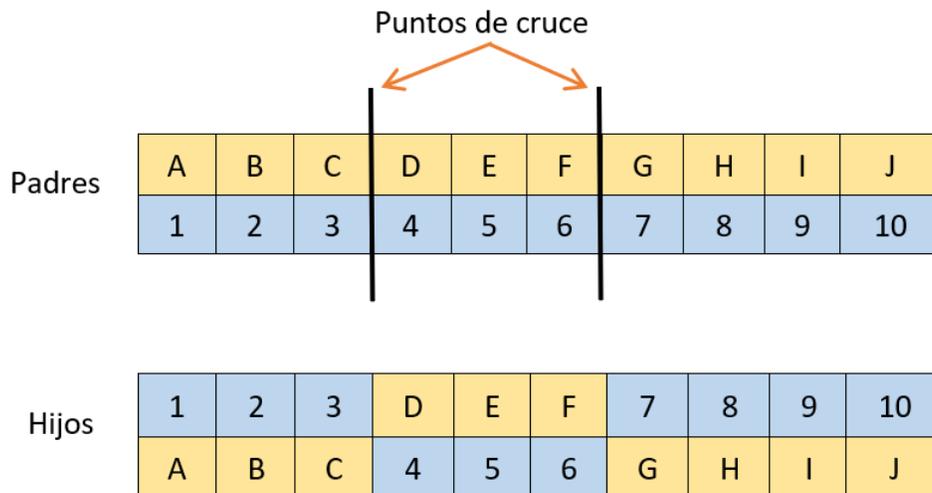


Figura 4.6: Técnica de cruce de dos puntos.

Mutación

La mutación permite alterar un cromosoma aleatoriamente. En la genética humana una mutación podría generar estragos en el fenotipo, pero en un

algoritmo genético evita caer en mínimos locales al introducir mayor variedad en el cromosoma.

La Figura 4.7 muestra un ejemplo de la mutación utilizada en los experimentos.

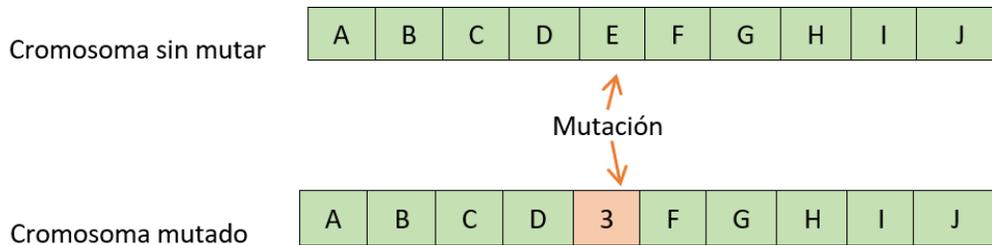


Figura 4.7: Técnica de mutación aleatoria.

Criterio de paro

Una vez que el AG ha encontrado una solución este puede parar de iterarse. Sin embargo, existen varios criterios de paro que se pueden utilizar para para un AG. La condición de paro más común Es cuando la mayor parte de la población ha convergido a una forma similar, careciendo de la suficiente diversidad para que tenga sentido continuar con la evolución. Sin embargo, también puede fijarse un número de iteraciones muy alto que dependerá de la complejidad del problema.

4.1.6. Clasificación e identificación

La clasificación es el último paso donde se deben optimizar parámetros en un sistema de visión. La eficiencia y la precisión del sistema dependerán del clasificador utilizado, por lo que es importante comparar diferentes métodos de clasificación para obtener los clasificadores con mejores desempeños bajo diferentes condiciones. En esta tesis, se utilizaron varios clasificadores para

hacer una comparación de desempeños. Los métodos utilizados en esta tesis: árboles de decisión, Naive Bayes, redes neuronales y SVM.

En todos los experimentos se utilizó validación cruzada $k - fold$ con $k = 10$ para garantizar que los resultados son independientes de los datos de entrenamiento y prueba. La validación cruzada [37] calcula la media aritmética obtenida de las diferentes evaluaciones sobre diferentes particiones. Esto permite saber la precisión de un modelo en la práctica.

4.1.7. Análisis de desempeño

Para hacer un análisis de los resultados es necesario utilizar métricas y comparar los resultados obtenidos de los diferentes métodos utilizados. En los experimentos llevados a cabo se utilizaron las métricas de desempeño Precisión, AUC-ROC, F-measure, accuracy y Recall. Todas estas métricas se describen a continuación:

1. Verdaderos positivos. El paciente tiene la enfermedad y el resultado es positivo.
2. Verdaderos negativos. El paciente no tiene la enfermedad y el resultado es positivo.
3. Falsos positivos. El paciente no tiene la enfermedad y el resultado es positivo.
4. Falsos negativos. El paciente tiene la enfermedad y el resultado es negativo.
5. Precisión. La precisión es la métrica para medir la calidad del modelo clasificador de nuestro aprendizaje máquina.

La precisión se calcula con la ayuda de la siguiente formula:

$$precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (4.1)$$

donde:

TP es Verdaderos positivos.

FP es Falsos positivos.

6. AUC-ROC.

La curva ROC (receiver operating characteristic curve) es un grafo que muestra el desempeño de un modelo de clasificación en todos sus umbrales.

La curva tiene dos parámetros:

- Rango verdadero positivo (TPR) el cual se define por la formula:

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.2)$$

donde:

TP es Verdaderos positivos.

FN es Falsos negativos.

- Rango falso positivo (FPR):

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN} \quad (4.3)$$

donde:

FP es Falsos negativos.

TN es Verdaderos negativos.

7. F-measure (Valor). Es el promedio de la precisión y el recall.

$$F1 = 2 \cdot \frac{precision \cdot recall}{precision + recall} \quad (4.4)$$

8. Accuracy (Exactitud). Es la fracción de predicciones que nuestro modelo

obtuvo de manera correcta, representado por la ecuación:

$$exactitud = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (4.5)$$

donde:

TP es Verdaderos positivos.

TN es Verdaderos negativos.

FP es Falsos positivos.

FN es Falsos negativos.

9. Recall (Exhaustividad). Es una métrica que identifica el número de predicciones verdaderas correctas tomando en cuenta todas las predicciones positivas que se pueden realizar. Se expresa matemáticamente de la forma:

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.6)$$

donde:

TP es Verdaderos positivos.

FN es Falsos negativos.

Capítulo 5

Resultados experimentales

En este Capítulo se describen los resultados obtenidos. Esta tesis se utilizaron algoritmos genéticos para la selección de características. Esto permite reducir el tiempo de entrenamiento y mejorar la precisión de clasificación. En su totalidad, las características extraídas son utilizadas para entrenar el clasificador y comparado el desempeño con el método de extracción de características usando el AG. En todas las pruebas realizadas se utilizaron 5 clasificadores.

5.1. Conjuntos de Imágenes

Utilizamos dos conjuntos de imágenes para realizar los experimentos en esta sección se describen los conjuntos de datos utilizados

5.1.1. Conjunto de Imágenes 1

El primer conjunto de imágenes fue obtenido de [38] este ha sido utilizado por los mismos autores en varios artículos [39]. El conjunto de datos puede ser encontrado en <https://www5.cs.fau.de/research/data/fundus-images/>.

El conjunto de imágenes está compuesto por 45 imágenes de tres clases

con una resolución de 3504 x 2336 píxeles y almacenados en formato TIF:

1. Conjunto de imágenes con problemas de retinopatía diabética
2. Conjunto de imágenes con padecimiento de glaucoma
3. Conjunto de imágenes saludables

La Figura 5.1 muestra el conjunto de datos utilizado. La fila a) muestra el conjunto de imágenes con problemas de retinopatía diabética, la fila b) muestra el conjunto de imágenes con padecimiento de glaucoma y la fila c) muestra el conjunto de imágenes saludables.

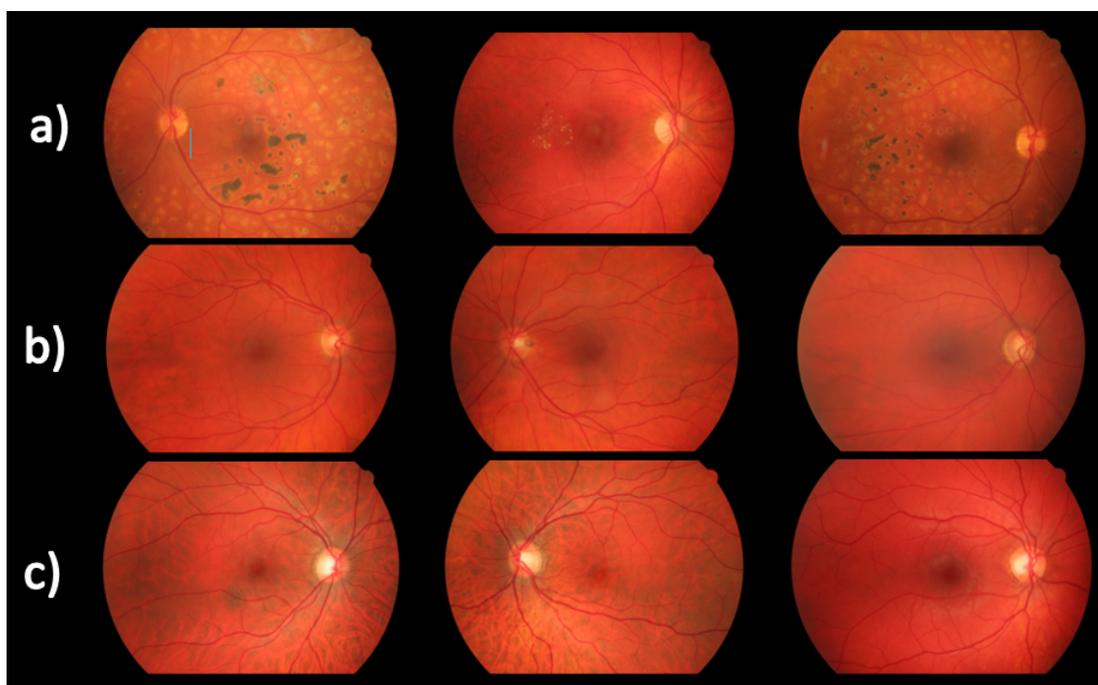


Figura 5.1: Conjunto de datos utilizado a) Retinopatía diabética b) Glaucoma c) Saludable

5.1.2. Conjuntos de Imágenes Indian diabetic retinopathy image dataset (IDRiD)

El segundo conjunto de datos fue obtenido de [40] . Este conjunto de datos se conoce como Indian diabetic retinopathy image dataset (IDRiD). El conjunto de datos fue elaborado por clinical examinations at the Nanded (M.S.), eye clinic in India. El conjunto de datos está disponible al público. El conjunto de datos es una colección de 516 imágenes con una resolución de 4288×2848 píxeles y almacenado en formato JPG.

El conjunto de imágenes está dividido en tres partes:

1. Segmentación: Consiste en imágenes de fondo de ojo a color (81 imágenes divididas en conjuntos de entrenamiento y prueba). Imágenes de lesiones (micro aneurismas, hemorragias, exudados duros y exudados blandos divididos en conjuntos de entrenamiento y prueba) y disco óptico (dividido en conjunto de entrenamiento y prueba)
2. Clasificación de enfermedades: consiste en Imágenes de fondo de ojo a color originales, 516 imágenes divididas en conjuntos de entrenamiento (413 imágenes) y conjunto de prueba (103 imágenes). Etiquetas del grado de enfermedad de la retinopatía diabética y el edema macular diabético (dividido en conjuntos de entrenamiento y prueba)
3. Localización: consta de imágenes de fondo de ojo a color originales 516 imágenes divididas en conjuntos de entrenamiento (413 imágenes) y conjunto de prueba (103 imágenes). Etiquetas para la ubicación del centro del disco óptico (dividido en conjuntos de entrenamiento y prueba). Etiquetas para la ubicación del centro de Fóvea (dividido en conjuntos de entrenamiento y prueba)

Se utilizó el inciso B para realizar dos experimentos:

1. La primera prueba se realizó para la detección de retinopatía en cualquiera de sus grados. Se dividió el conjunto de datos con imágenes de fondo de ojo con algún grado de retinopatía (348) e imágenes de fondo ocular sano (148).
2. En la segunda se incluyeron imágenes de fondo ocular de la siguiente manera:
 - 168 imágenes con grado de retinopatía 0 (32.6 %)
 - 25 imágenes con grado de retinopatía 1 (4.8 %)
 - 168 imágenes con grado de retinopatía 2 (32.6 %)
 - 93 imágenes con grado de retinopatía 3 (18 %)
 - 62 imágenes con grado de retinopatía 4 (12 %)

El grado de retinopatía varia de 0 a 4. El grado 0 representa a un ojo sano y a mayor grado representa la gravedad de la enfermedad. El grado 4 representa la condición más severa de retinopatía diabética.

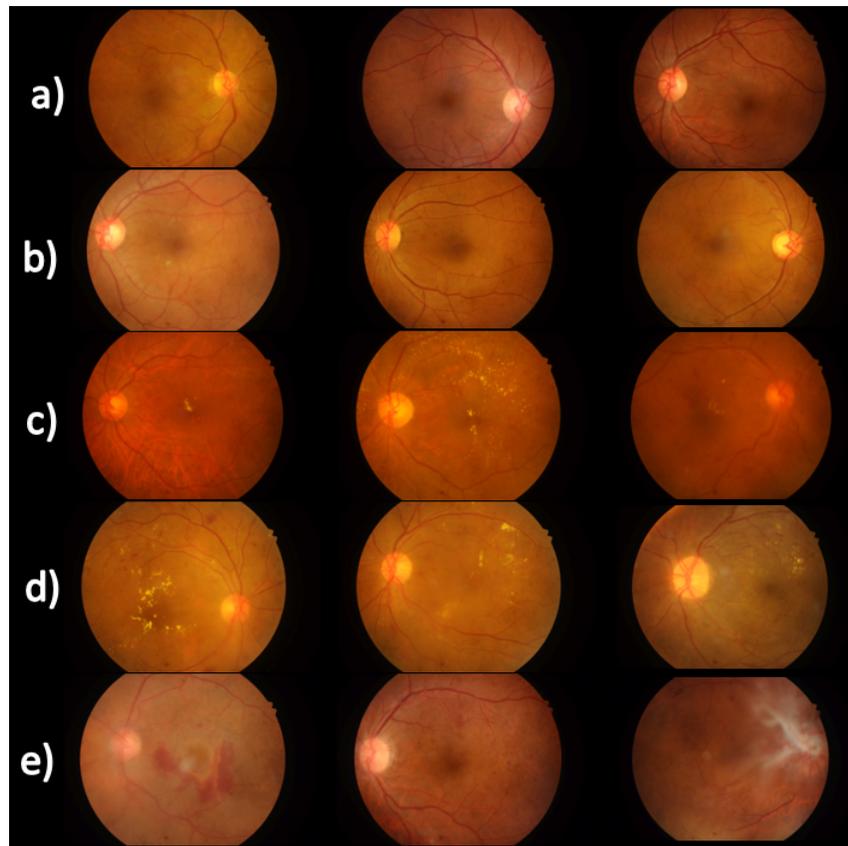


Figura 5.2: Conjunto de datos utilizado a) Grado de retinopatía 0 b) Grado de retinopatía 1 c) Grado de retinopatía 2 d) Grado de retinopatía 3 e) Grado de retinopatía 4

5.1.3. Normalización de datos

La normalización es la técnica que se aplica cuando se realiza la preparación de datos para el aprendizaje automático. Su principal función es modificar los valores de las columnas numéricas en el conjunto de datos para usar un escalar común, sin distorsionar las diferencias en los intervalos de valores ni perder información [41].

Existen distintas técnicas para la normalización de la información por ejemplo:

- Normalización estadística o puntuación Z: Esta técnica usa la media y la desviación estándar para cada rasgo en todo el dataset de entrenamiento para normalizar el vector de ingreso de cada rasgo. Se realiza mediante la siguiente ecuación:

$$Z = \frac{x - \mu}{\sigma} \quad (5.1)$$

donde:

Donde x es la puntuación o valor que transformar.

μ es la media de la distribución original.

σ la desviación estándar de la distribución.

El resultado Z es la puntuación transformada a unidades de desviación estándar.

- Normalización Min-Max: Con esta técnica hacemos que los valores de los rasgos queden dentro de un rango definido $[0,1]$ haciendo uso de la siguiente ecuación:

$$x_{norm} = \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \quad (5.2)$$

donde:

X son los valores originales.

X_{max} son los datos máximos.

X_{min} son los datos mínimos.

El inconveniente de esta normalización es que en caso de existir ruido este se ampliaría [42].

Existen más técnicas de normalización dependiendo del uso que le daremos al dataset debemos buscar la que sea más adecuado para nuestro caso.

5.2. Desempeño de clasificadores utilizando las características en su totalidad (Conjunto de datos 1)

En esta Sección se analizan los resultados de precisión obtenidos en el primer conjunto de datos. La Tabla 5.1 muestra los resultados de precisión utilizando todas las características (1992 características).

Las columnas de la Tabla muestran las precisiones obtenidas, donde tenemos las siguientes columnas en la Tabla: La primera columna muestra los clasificadores utilizados. En los resultados experimentales se utilizó Regresión logística, Redes Bayesianas, Support Vector Machines utilizando el algoritmo de Optimización mínima Secuencial (SMO), Redes Neuronales y árboles de decisión. La segunda columna muestra los resultados obtenidos con la métrica de precisión, la tercera columna la métrica AUC-ROC que representa el área bajo la curva, la cuarta columna la métrica F-Measure y la quinta columna muestra la clase sobre la que se obtuvieron los resultados mostrados.

La Tabla 5.1 muestra los resultados obtenidos utilizando todas las características. Como lo muestran la Tabla el mejor desempeño es obtenido utilizando SMO, particularmente en la clase 1. La clase 3 se obtiene la misma precisión con redes neuronales. Por otro lado, el clasificador que peor desempeño tuvo en promedio fue regresión logística, mientras que la peor clase clasificada fue la clase 2 utilizando regresión logística.

Es importante puntualizar que los resultados obtenidos con esta métrica son importantes cuando los conjuntos de datos son balanceados sin embargo, no nos dan ninguna medida de la sensibilidad y especificidad del clasificador. La Tabla 5.2 muestra los resultados obtenidos con F-measure, que es otra métrica de desempeño utilizada en aprendizaje máquina.

Generalmente para evaluar un clasificador se utiliza la precisión este es obtenido como el número de predicciones correctas de todas las predicciones

Cuadro 5.1: Resultados utilizando todas las características

	Precisión	AUC-ROC	F-Measure	Clase
Regresión logística	0.74	0.78	0.73	1
	0.67	0.74	0.63	2
	0.81	0.91	0.86	3
Bayes	0.81	0.93	0.77	1
	0.65	0.85	0.71	2
	0.90	0.92	0.88	3
SMO	0.95	0.97	0.93	1
	0.73	0.87	0.75	2
	0.75	0.85	0.82	3
NN	0.83	0.88	0.82	1
	0.84	0.88	0.83	2
	0.90	0.82	0.97	3
DT	0.81	0.91	0.85	1
	0.78	0.82	0.71	2
	0.88	0.92	0.91	3

realizadas. La precisión por sí sola no nos da suficiente información para calificar que tan bueno es un clasificador. Para ello es necesario utilizar otras métricas de desempeño como F-measure. Esta métrica se utiliza para medir la precisión de una prueba y utiliza además de la precisión la sensibilidad del modelo. F-measure suele proporcionar una medida más realista del rendimiento de un modelo. Por otro lado, el área bajo la curva muestra el rendimiento de un modelo de clasificación en todos sus umbrales.

5.3. Desempeño de clasificadores utilizando las características en su totalidad (Conjunto de datos 2)

El segundo conjunto de datos fue obtenido de [40] y este puede ser obtenido en <https://ieee-dataport.org/open-access/indian-diabetic-retinopathy-image-dataset-idrid>

Cuadro 5.2: Resultados utilizando solo características reducidas por el AG

	Precisión	AUC-ROC	F-Measure	Clase
Regresión logística	0.84	0.88	0.83	1
	0.77	0.87	0.72	2
	0.92	0.95	0.88	3
Bayes	0.88	0.93	0.83	1
	0.81	0.86	0.80	2
	0.85	0.91	0.87	3
SMO	0.91	0.98	0.95	1
	0.93	0.95	0.91	2
	0.91	0.95	0.93	3
NN	0.87	0.91	0.89	1
	0.87	0.92	0.88	2
	0.91	0.95	0.93	3
DT	0.85	0.96	0.89	1
	0.83	0.91	0.83	2
	0.92	0.95	0.93	3

. El conjunto de datos contiene 516 imágenes con una resolución de 4288×2848 píxeles.

El conjunto de datos tiene imágenes con diferentes grados de retinopatía. Cada una de las clases o grados de retinopatía contiene un diferente número de imágenes, es decir el conjunto de datos no está balanceado. Este conjunto de datos es más grande y esto puede ayudar a obtener una mejor idea tanto del desempeño de los clasificadores como de los descriptores utilizados.

Esto debido a que en el conjunto de datos 1 los datos están completamente balanceados, además el conjunto de datos es muy pequeño. En los experimentos realizados, se realizaron dos tipos de pruebas con este conjunto de datos. En la primera prueba, se dividió el conjunto original en solo dos clases (sano y retinopatía), mientras que en la segunda prueba se utilizaron todas las clases. La clase sana y cuatro grados de retinopatía.

5.3.1. Prueba 1

En esta prueba como mencionamos antes solo tenemos dos clases. La clase de imágenes de personas sanas y la clase de imágenes que padecen retinopatía en alguno de sus grados. El conjunto de datos es claramente desbalanceado, con más datos en la clase positiva que en la clase negativa.

Cuadro 5.3: Resultados para la detección de retinopatía en cualquiera de sus grados

	Clasificador	Métrica de desempeño		
		Precisión	F-measure	ROC
Todas las características	SVM	0.74	0.71	0.77
	DT	0.68	0.69	0.65
	Bayes	0.67	0.69	0.68
	NN	0.67	0.71	0.72
Seleccionadas GA	SVM	0.77	0.74	0.83
	DT	0.73	0.70	0.77
	Bayes	0.67	0.69	0.67
	NN	0.74	0.75	0.76

La Tabla 5.3 muestra los resultados obtenidos con el conjunto de datos 2 con solo dos clases, la clase con imágenes de personas sanas y la clase con imágenes de personas que sufren retinopatía en cualquiera de sus grados. La Tabla muestra los resultados con todas las características extraídas. En la Tabla, es posible ver que los mejores resultados son obtenidos con SVM, con una mejor área bajo la curva, F-measure y precisión. Solo en una métrica fueron mejores los árboles de decisión.

5.3.2. Prueba 2

En esta prueba tenemos cinco clases. la clase con imágenes de personas sanas y 4 clases con imágenes de personas que sufren retinopatía en alguno

de sus grados.

Cuadro 5.4: Resultados de la detección en grados de retinopatía

	Clasificador	Métrica de desempeño		
		Precisión	F-measure	ROC
Todas las Características	SVM	0.39	0.45	0.64
	DT	0.45	0.48	0.56
	Bayes	0.41	0.43	0.53
	NN	0.44	0.48	0.58
Seleccionadas GA	SVM	0.43	0.48	0.71
	DT	0.47	0.51	0.58
	Bayes	0.43	0.45	0.62
	NN	0.47	0.52	0.65

La Tabla 5.4 muestra los resultados con todas las características extraídas. En la Tabla es posible ver que todos los resultados obtenidos con este conjunto de datos son muy malos. Las precisiones obtenidas están por debajo del 50 % e incluso el área bajo la curva esta apenas por encima de 0.5 en la mayoría de los casos. Esto da a entender que los clasificadores casi están adivinando, lo que en su conjunto demuestra un bajo desempeño. Una posible razón podría deberse al desbalance en el conjunto de datos. Algunas técnicas que pueden tratar con este tipo de datos podrían ayudar a mejorar el desempeño de los clasificadores.

Capítulo 6

Conclusiones

En esta tesis se utiliza un algoritmo genético para seleccionar características. La selección de características permite mejorar la precisión de clasificación de retinopatía y glaucoma. En los experimentos llevados a cabo se utilizaron varios métodos de extracción de características y varias técnicas de clasificación (árboles de decisión –random forest-, redes Bayesianas, redes neuronales y SVM) aunado a eso los resultados se compararon con cuatro métricas de desempeño diferentes y se presentan los resultados.

De los resultados obtenidos se pueden deducir que el uso del algoritmo genético permite mejorar la precisión de clasificación al mismo tiempo que reduce el tiempo de entrenamiento y la complejidad computacional del algoritmo. Además la selección de características mediante el genético permite obtener un reducido conjunto de características y una vez obtenido trabajar únicamente sobre este reducido conjunto de características.

En trabajos futuros se debería hacer un análisis comparativo con técnicas de aprendizaje profundo, Sin embargo este podría ser un reto por el número de imágenes de algunos conjuntos de datos. Un estudio más profundo sobre las características en la clasificación se debería realizar para reducir el tiempo de extracción de características y clasificación. Esto además podría proporcionar

una mejor idea del comportamiento de las técnicas de selección de características.

Bibliografía

1. De Retina, A. M. *RETINOPATÍA DIABÉTICA* <https://amretina.org/info01.html>.
2. FAIR LAC. *Retinopatía Diabética* <https://fairlac.iadb.org/es/piloto/retinopatia-diabetica>.
3. Gómez Pérez, F. *En aumento, los casos de diabétes en México* nov. de 2021. https://www.dgcs.unam.mx/boletin/bdboletin/2021_966.html.
4. Escobedo de la Pena, J. *et al.* Diabetes en México. Estudio CARMELA. *Cirugía y cirujanos* **79**, 424-431 (2011).
5. Field, M., Hardcastle, N., Jameson, M., Aherne, N. y Holloway, L. Machine learning applications in radiation oncology. *Physics and Imaging in Radiation Oncology* **19**, 13-24 (jul. de 2021).
6. Meng, Z., Meng, L. y Tomiyama, H. Pneumonia Diagnosis on Chest X-Rays with Machine Learning. *Procedia Computer Science* **187**, 42-51 (2021).
7. Samant, P. y Agarwal, R. Machine learning techniques for medical diagnosis of diabetes using iris images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* **157**, 121-128 (abr. de 2018).
8. Montalt-Tordera, J., Muthurangu, V., Hauptmann, A. y Steeden, J. A. Machine learning in Magnetic Resonance Imaging: Image reconstruction. *Physica Medica* **83**, 79-87 (mar. de 2021).

9. Schneider, B. *Simulationenmethoden in der Medizin und Biologie Workshop, Hannover, 29. Sept.-1. Okt. 1977. Workshop, Hannover, 29. Sept.-1. Okt. 1977* ISBN: 9783642812835 (Springer Berlin Heidelberg, 1978).
10. Bäck, T., Hoffmeister, F. y Schwefel, H.-P. *A Survey of Evolution Strategies.* en (ene. de 1991), 2-9.
11. Fogel, L. J., Owens, A. J. y Walsh, M. J. *Artificial Intelligence through Simulated Evolution* en (1966).
12. Fogel, D. Evolutionary programming: an introduction and some current directions. *Statistics and Computing* **4** (jun. de 1994).
13. Sivanandam y Deepa. en *Introduction to Genetic Algorithms* 15-37 (Springer Berlin Heidelberg).
14. Holland, J. H. *Adaptation in natural and artificial systems. an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence* 211. ISBN: 0262082136 (MIT Press, 1992).
15. Tang, Man, Kwong y He, Q. Genetic algorithms and their applications. *IEEE Signal Processing Magazine* **13**, 22-37 (1996).
16. Ferreruela, R. La visión y el ojo. Español. *Apunts Educación Física y Deportes*. ISSN: 1577-4015. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=551656954002> (2007).
17. R.A.Welikala *et al.* Genetic algorithm based feature selection combined with dual classification for the automated detection of proliferative diabetic retinopathy. *Computerized Medical Imaging and Graphics* **43**, 64-77 (jul. de 2015).
18. Puigdollers, A. S., Roca, M. F. y Grima, V. H. *Causas de la retinopatía diabética: hospital clínic barcelona* jul. de 2018. <https://www.clinicbarcelona.org/asistencia/enfermedades/retinopatia-diabetica/causas-y-factores-de-riesgo>.

19. Prada Ramirez, L. J. *Prevalencia de retinopatía diabética en diabéticos tipo II en un centro de referencia 2012 – 2017* Tesis doct. (ago. de 2018). <http://repository.urosario.edu.co/handle/10336/18648>.
20. Chavez Rodriguez, J. A. Características clínicas y epidemiológicas de los pacientes con retinopatía diabética atendidos en la Clínica Oftalmológica de la Selva durante los meses de enero a diciembre 2019 (2020).
21. Aliseda, D. y Berástegui, L. Retinopatía Diabética. *Anales del Sistema Sanitario de Navarra* **31**, 25-28. ISSN: 1137-6627. http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1137-66272008000600003&nrm=iso (2008).
22. Blanco Garrido, C. *EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS PARA ALGORITMOS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO APLICADO AL RECONOCIMIENTO DE VEHÍCULOS. IMPLEMENTACIÓN EN FPSoC* 2018.
23. Urdanez Carbajal, M. F. *Detección Automática de Glaucoma y Retinopatía Diabética Usando Características Cromáticas y Texturales* 2020.
24. Nagarajan, G., Minu, R., Muthukumar, B., Vedanarayanan, V. y Sundarsingh, S. Hybrid Genetic Algorithm for Medical Image Feature Extraction and Selection. *Procedia Computer Science* **85**, 455-462 (2016).
25. Justo, A. E. A. Un algoritmo inspirado en la naturaleza para resolver problemas de optimización numérica restringida con alta dimensionalidad (2019).
26. Magnus R. Hestenes, E. S. Methods of Conjugate Gradients for Solving Linear Systems. *Journal of Research of the National Bureau of Standards* (12 de jun. de 1952).
27. Tromba, J. E. M. A. J. *Calculo Vectorial* (2004).
28. Pardo, A. El origen de la vida y la evolución de las especies: ciencia e interpretaciones. (2007).

29. Mirjalili, S. en *Studies in Computational Intelligence* 43-55 (Springer International Publishing, jun. de 2018).
30. Miller, B. L. y Goldberg, D. E. Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise. *Complex Systems* **9** (1995).
31. Fang, Y. y Li, J. en *Advances in Computation and Intelligence* 181-192 (Springer Berlin Heidelberg, 2010).
32. Mirjalili, S., Dong, J. S., Sadiq, A. S. y Faris, H. en *Nature-Inspired Optimizers* 69-85 (Springer International Publishing, feb. de 2019).
33. Jolliffe, I. T. y Cadima, J. Principal component analysis: a review and recent developments. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* **374**, 20150202 (abr. de 2016).
34. D.Bhat, A., Acharya, H. R. y SrikanthH.R. *A novel solution to the curse of dimensionality in using KNNs for image classification* en *2019 2nd International Conference on Intelligent Autonomous Systems (ICoIAS)* (IEEE, feb. de 2019).
35. Vincent, S. *The curse of dimensionality in classification* 2014.
36. Roberto, V. N. E. *PROGRAMACIÓN LINEAL, PROBLEMAS RESUELTOS CON SOLUCIONES DETALLADAS*. en *INVESTIGACIÓN OPERATIVA* (2018).
37. Hagan, M. T., Demuth, H. B. y Beale, M. *Neural network design* (PWS Publishing Co., 1997).
38. Budai, A. *Pattern Recognition Lab (CS5), the Department of Ophthalmology, Friedrich-Alexander University Erlangen-Nuremberg (Germany), and the Brno University of Technology, Faculty of Electrical Engineering and Communication, Department of Biomedical Engineering, brno (Czech Republic)* 2009. <https://www5.cs.fau.de/research/data/fundus-images/>.

39. Budai, A., Bock, R., Maier, A., Hornegger, J. y Michelson, G. Robust Vessel Segmentation in Fundus Images. *International Journal of Biomedical Imaging* **2013**, 1-11. <https://www5.cs.fau.de/research/data/fundus-images/> (2013).
40. Prasanna Porwal, S. P. *Indian Diabetic Retinopathy Image Dataset (IDRiD)* 2018. <https://ieee-dataport.org/open-access/indian-diabetic-retinopathy-image-dataset-idrid>.
41. likebupt. *Normalización de datos: referencia de componente - Azure Machine Learning* jul. de 2022. <https://docs.microsoft.com/es-es/azure/machine-learning/component-reference/normalize-data>.
42. Jayalakshmi.T y Santhakumaran.A. Statiscal normalization and back propagation for classification. *International Journal of Computer Theory and Engineering* **3**, 1793-8201 (2011).