

**DETECCIÓN ASISTIDA POR ORDENADOR BASADA
EN REDES NEURONALES DE CONVOLUCIÓN EN
TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA Y MAMOGRAFÍA:
DISEÑO DE SISTEMAS, DESARROLLO DE LA APLICACIÓN
JORCAD Y VALIDACIÓN EN UN CONTEXTO EDUCATIVO**

TESIS DOCTORAL



**VNiVERSIDAD
D SALAMANCA**

JORGE HERNÁNDEZ RODRÍGUEZ

DIRECTORES:

PROF. DR. FRANCISCO JAVIER CABRERO FRAILE
PROF. DRA. MARÍA JOSÉ RODRÍGUEZ CONDE



VNiVERSiDAD D SALAMANCA

Programa de Doctorado Formación en la Sociedad del Conocimiento

Tesis Doctoral

**Detección Asistida por Ordenador basada en Redes Neuronales
de Convolución en tomografía computarizada y mamografía:
diseño de sistemas, desarrollo de la aplicación JORCAD y
validación en un contexto educativo**

Trabajo de Tesis Doctoral presentado por:

D. Jorge Hernández Rodríguez

Directores de Tesis:

Prof. Dr. Francisco Javier Cabrero Fraile

Prof. Dra. María José Rodríguez Conde

*Tesis Doctoral enviada en cumplimiento de los requerimientos establecidos
para la obtención del Grado de Doctor por la Universidad de Salamanca*

Salamanca, 2023



VNiVERSiDAD D SALAMANCA

PROGRAMA DE DOCTORADO

FORMACIÓN EN LA SOCIEDAD DEL CONOCIMIENTO (RD 99/2011)

Dr. Francisco Javier Cabrero Fraile, Profesor Titular de Universidad, del Área de Conocimiento de Radiología y Medicina Física (Física Médica) de la Universidad de Salamanca y Dra. María José Rodríguez Conde, Catedrática de Universidad, del Área de Conocimiento de Métodos de Investigación y Diagnóstico en Educación de la Universidad de Salamanca, en calidad de Directores del trabajo de tesis "Detección Asistida por Ordenador basada en Redes Neuronales de Convolución en tomografía computarizada y mamografía: diseño de sistemas, desarrollo de la aplicación JORCAD y validación en un contexto educativo" realizado por D. Jorge Hernández Rodríguez,

HACEN CONSTAR

Que dicho trabajo de investigación tiene suficientes méritos teóricos contrastados adecuadamente mediante las validaciones oportunas, metodología coherente con sus objetivos, resultados en publicaciones de impacto y aportaciones novedosas. Por todo ello manifiestan su acuerdo para que sea autorizada la presentación y defensa de la Tesis Doctoral.

En Salamanca, a 16 de mayo de 2023

Firmado

Firmado

Prof. Dr. Francisco Javier Cabrero Fraile

Prof. Dra. María José Rodríguez Conde



**VNiVERSIDAD
D SALAMANCA**

**Programa de Doctorado Formación en la Sociedad del Conocimiento
(RD 99/2011)**

TESIS DOCTORAL

**Detección Asistida por Ordenador basada en Redes Neuronales
de Convolución en tomografía computarizada y mamografía:
diseño de sistemas, desarrollo de la aplicación JORCAD y
validación en un contexto educativo**

Directores

Prof. Dr. Francisco Javier Cabrero Fraile Prof. Dra. María José Rodríguez Conde

Doctorando

D. Jorge Hernández Rodríguez

Salamanca, 2023

Dedicatoria

A Amalia, Consuelo y Fernando, porque siempre me dieron todo su apoyo y ayuda cuando los necesité

Agradecimientos

A mis directores de Tesis Dra. María José Rodríguez Conde y Dr. Francisco Javier Cabrero Fraile por su orientación, consejos, y apoyo durante todos estos años, así como por compartir conmigo su valiosa experiencia académica e investigadora.

Al Programa de Doctorado de Formación en la Sociedad del Conocimiento por haberme dado la oportunidad de compatibilizar mi actividad laboral con la realización de esta Tesis Doctoral.

Al Dr. José Ángel Santos Sánchez por su ayuda en la organización de la actividad formativa y su participación en la validación del software.

A los especialistas y residentes del Servicio de Radiodiagnóstico del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca que participaron en la actividad formativa y colaboraron en la validación del software JORCAD.

Índice general

I. INTRODUCCIÓN	2
II. JUSTIFICACIÓN, OBJETIVOS Y ESTRUCTURA	14
III. MARCO TEÓRICO	20
1. La imagen radiológica. Bases de datos de imágenes radiológicas	20
1.1. Modalidades radiológicas.....	20
1.1.1. Tomografía computarizada.....	23
1.1.2. Mamografía	26
1.1.3. Otras modalidades de imagen	28
1.2. Bases de datos de imágenes radiológicas. Visión general	29
1.2.1. Bases de datos de Tomografía Computarizada	30
1.2.1.1. <i>The Lung Image Database Consortium (LIDC-IDRI)</i>	30
1.2.1.2. <i>SPIE-AAPM Lung CT Challenge</i>	31
1.2.1.3. <i>Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis</i>	32
1.2.2. Bases de datos de mamografía.....	34
1.2.2.1. <i>Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS – DDSM)</i>	34
1.2.2.2. <i>Breast Cancer Digital Repository (BCDR)</i>	36
1.2.2.3. <i>CSAW-S mammography database</i>	37
2. Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD): métodos, algoritmos y aplicaciones clínicas	39
2.1. Primeros sistemas CAD y evolución.....	39
2.2. Uso de la IA en sistemas CAD	40
2.3. Tipos de sistemas CAD: CADe y CADx.....	43
2.4. Ventajas y limitaciones de los sistemas CAD	44
2.5. Aplicaciones clínicas del CAD en radiología	46
2.5.1. Tomografía Computarizada de tórax y nódulos pulmonares	46
2.5.2. Mamografía	50
2.5.3. Aplicaciones educativas del CAD	55
2.5.4. Aplicaciones del CAD en otras modalidades.....	61
2.5.4.1. Radiología convencional.....	61
2.5.4.2. Tomografía computarizada en otras localizaciones.....	62

2.5.4.3. Colonografía TC	63
2.5.4.4. Otras aplicaciones clínicas del CAD	65
3. Redes Neuronales de Convolución (CNN).....	67
3.1. Fundamentos de las Redes Neuronales Artificiales (ANN)	67
3.2. Métodos de <i>Deep Learning</i> (DL).....	69
3.3. Redes Neuronales de Convolución	70
3.3.1. Notación.....	70
3.3.2. Definiciones y componentes principales	72
3.3.3. Funciones de activación.....	74
3.3.4. Capa de convolución.....	77
3.3.5. Capa de pooling	78
3.3.6. Número de parámetros de una red CNN.....	79
3.3.7. Dimensión de los datos de entrada y salida de las diferentes capas	81
3.3.8. Algoritmo de aprendizaje	82
3.3.9. Cómo evitar el sobreentrenamiento y criterios de detención del proceso de entrenamiento: métodos de regularización	86
3.3.10. Clasificador: regresión logística	91
3.3.11. Expansión de los conjuntos de datos de entrenamiento (<i>Data Augmentation</i>).....	91
3.4. Evaluación del desempeño de los algoritmos de aprendizaje supervisado	92
IV. DESARROLLO METODOLÓGICO	100
4. Estudio 1: Desarrollo de un sistema CAD basado en Redes Neuronales de Convolución (CNN).....	100
4.1. Objetivos del Estudio 1.....	100
4.2. Hipótesis del Estudio 1	103
4.3. Hardware y software utilizado	104
4.4. Tratamiento y procesado de las imágenes de las bases de datos.....	106
4.4.1. Tomografía computarizada de nódulos pulmonares: base de datos <i>LIDC- IDRI</i>	107
4.4.1.1. Tratamiento de los nódulos	108
4.4.1.2. Tratamiento de los no-nódulos.....	120
4.4.1.3. Número de recortes totales y procesado.....	125
4.4.2. Mamografía: base de datos <i>BCDR</i>	131

4.4.2.1. Tratamiento de los hallazgos patológicos (lesiones).....	131
4.4.2.2. Tratamiento de los recortes de tejido sano (no-lesiones)	140
4.4.3. Mamografía: base de datos <i>CBIS-DDSM</i>	149
4.4.3.1. Tratamiento de los hallazgos patológicos (lesiones).....	150
4.4.3.2. Tratamiento de los recortes de tejido sano (no-lesiones)	157
4.4.4. Unificación de las dos bases de datos de mamografía	162
4.5. Entrenamiento de redes CNN	167
4.5.1. Definiciones generales.....	167
4.5.2. Definición de las capas de convolución	169
4.5.3. Definición de la capa completamente conectada	171
4.5.4. Definición del clasificador de Regresión Logística	173
4.5.5. Importación de datos en el modelo.....	175
4.5.6. Definición de la arquitectura de la red CNN	181
4.5.7. Entrenamiento mediante aprendizaje supervisado	188
4.5.8. Detención del proceso de aprendizaje	192
4.5.9. Registro del proceso de entrenamiento	193
4.5.10. Almacenamiento de los parámetros de la red	196
4.6. Resultados del sistema basado en redes CNN.....	203
4.6.1. Clasificación de nódulos pulmonares en TC de tórax	203
4.6.1.1. Entrenamiento de diferentes arquitecturas de CNN para tamaños de matriz de 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40, 48 x 48	203
4.6.1.2. Estudio de la influencia de los hiperparámetros ajustables en el funcionamiento de la red	206
4.6.1.3. Evolución del proceso de entrenamiento para las redes con mejor funcionamiento	209
4.6.1.4. Evolución de la matriz de confusión durante el entrenamiento.....	212
4.6.1.5. Comparación de diferentes tipos de funciones de activación neuronal.....	214
4.6.1.6. Influencia del método de regularización en los resultados obtenidos	217
4.6.2. Detección de lesiones en mamografía.....	218
4.6.2.1. Entrenamiento de diferentes arquitecturas de CNN para los tamaños de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384: influencia de los hiperparámetros ajustables	218
4.6.2.2. Estudio de la influencia de los hiperparámetros y evolución del proceso de entrenamiento	236
4.6.2.3. Evolución de la matriz de confusión durante el entrenamiento.....	245

4.6.2.4. Comparación de diferentes tipos de funciones de activación neuronal.....	249
4.7. Aplicación de los resultados de entrenamiento para la clasificación de recortes: validación CNN.....	251
4.7.1. Validación de resultados TC de tórax	268
4.7.2. Validación de resultados para mamografía	277
5. Estudio 2: Desarrollo de la aplicación educativa JORCAD para la formación de Especialistas en Radiodiagnóstico	285
5.1. Objetivos del Estudio 2.....	285
5.2. Hipótesis del Estudio 2	287
5.3. Funcionamiento de la aplicación JORCAD: utilidades y herramientas para el aprendizaje	287
5.4. Estructura interna de la aplicación JORCAD: casos e información clínica	301
5.4.1. Interfaz gráfica de usuario y panel de selección de bases de datos.....	301
5.4.2. Base de datos <i>LIDC-IDRI</i>	304
5.4.3. Otras bases de datos de TC de tórax	312
5.4.3.1. Base de datos <i>SPIE-AAPM Lung CT Challenge</i>	314
5.4.3.2. Base de datos <i>Lung PET-CT Diagnosis</i>	317
5.4.4. Base de datos <i>BCDR</i>	320
5.4.5. Base de datos <i>CBIS-DDSM</i>	332
5.4.6. Base de datos <i>CSAW-S</i>	344
5.4.7. Panel de selección de imágenes externas	345
5.4.8. Visibilidad de los controles y botones	351
5.4.9. Mostrar casos disponibles: botón <i>Cargar caso</i>	368
5.4.9.1. Base de datos <i>LIDC-IDRI</i>	369
5.4.9.2. Otras bases de datos de TC de tórax.....	373
5.4.9.3. Base de datos <i>BCDR</i>	377
5.4.9.4. Base de datos <i>CBIS-DDSM</i>	386
5.4.9.5. Base de datos <i>CSAW-S</i>	395
5.4.10. Pantallas de selección de casos	397
5.4.10.1. Pantalla <i>LIDC-IDRI</i>	397
5.4.10.2. Pantalla <i>Otras bases de datos de TC de tórax</i>	398
5.4.10.3. Pantalla <i>BCDR</i>	400
5.4.10.4. Pantalla <i>CBIS-DDSM</i>	401
5.4.10.5. Pantalla <i>CSAW-S</i>	402

5.4.11. Botón <i>Importar imágenes</i>	404
5.4.11.1. Base de datos <i>LIDC-IDRI</i>	404
5.4.11.2. Contorneo de lesiones base de datos <i>LIDC-IDRI</i>	408
5.4.11.3. Otras bases de datos de TC de tórax.....	414
5.4.11.4. Base de datos <i>BCDR</i>	419
5.4.11.5. Base de datos <i>CBIS-DDSM</i>	421
5.4.11.6. Base de datos <i>CSAW-S</i>	424
5.4.12. Controles y funciones asociados a la visualización de imágenes	426
5.4.13. Función <i>presentacion</i> y otras funciones relacionadas.....	429
5.4.13.1. Funciones comunes a TC y mamografía	432
5.4.13.2. Funciones específicas para TC.....	432
5.4.13.3. Funciones específicas para mamografía	435
5.4.14. Botón <i>Mostrar información</i>	436
5.4.14.1. Base de datos <i>LIDC-IDRI</i>	438
5.4.14.2. Otras bases de datos de TC de tórax.....	449
5.4.14.3. Base de datos de mamografía <i>BCDR</i>	460
5.4.14.4. Base de datos de mamografía <i>CBIS-DDSM</i>	463
5.4.14.5. Base de datos de mamografía <i>CSAW-S</i>	478
5.4.15. Botón de activación de la vista en 3D del nódulo.....	483
5.4.16. Botón de análisis estadístico de lesiones en mamografía	490
5.5. Estructura interna de la aplicación JORCAD: herramienta CAD basada en redes CNN.....	505
5.5.1. Panel de botones de selección de redes CNN	505
5.5.2. Botón de aplicación de análisis mediante CNN	515
5.5.3. Segmentación y procesado de TC de pulmón para su análisis	524
5.5.4. Segmentación y procesado de mamografías para su análisis	536
5.5.5. Análisis de recortes con la red CNN seleccionada	544
5.5.5.1. Arquitecturas con 3 capas de convolución	544
5.5.5.2. Arquitecturas con más de 3 capas de convolución	554
5.5.6. Presentación de resultados: fusión de hallazgos.....	565
6. Estudio 3: Validación de la aplicación educativa JORCAD por expertos .	576
6.1. Objetivos del Estudio 3.....	576
6.2. Hipótesis del Estudio 3	577
6.3. Metodología de validación de la aplicación JORCAD	578

6.3.1. Inscripción y presentación de objetivos	579
6.3.2. Entrevista inicial.....	581
6.3.3. Encuestas de valoración generales.....	584
6.3.4. Encuestas de valoración de los casos	589
6.3.5. Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador.....	591
6.4. Estructura, organización y contenidos de la actividad formativa	592
6.4.1. Sesión teórica inicial	593
6.4.2. Tutorial de uso de JORCAD	617
6.4.3. Análisis de los primeros casos: TC de tórax	630
6.4.4. Análisis de los primeros casos: mamografía	638
6.4.5. Análisis de casos de TC de tórax (casos 3 hasta 16)	644
6.4.6. Análisis de casos de mamografía (casos 3 hasta 16)	673
6.5. Resultados de la validación de la actividad formativa	695
6.5.1. Encuestas de evaluación generales	695
6.5.2. Encuestas de valoración de los casos	702
6.5.3. Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador.....	707
6.5.4. Preguntas de respuesta abierta: puntos fuertes, débiles y sugerencias	709
7. Discusión y conclusiones	711
7.1. Discusión sobre el Estudio 1: desarrollo de un sistema CAD basado en redes CNN.....	711
7.2. Discusión sobre el Estudio 2: desarrollo de la aplicación educativa JORCAD.....	719
7.3. Discusión sobre el Estudio 3: validación de la aplicación educativa JORCAD.....	724
7.4. Conclusiones	733
7.5. Contribuciones	736
7.6. Publicaciones derivadas de estos estudios.....	737
REFERENCIAS.....	741
ANEXO I: Resultados de las entrevistas y las encuestas del Estudio 3 ..	761
A.I.1 Datos de las encuestas iniciales	761
A.I.2 Resultados de las encuestas de valoración generales (A-E)	764
A.I.3 Resultados de las encuestas de valoración de los casos de TC de tórax.....	769
A.I.4 Resultados de las encuestas de valoración de los casos de mamografía	772

Lista de Figuras

<i>Figura 1. Adquisición de una proyección tomográfica. Tomado de Bushberg et al. (2011).....</i>	<i>23</i>
<i>Figura 2. Esquema de funcionamiento de la tomografía helicoidal multicorte</i>	<i>24</i>
<i>Figura 3. Detector TC de una única fila. vs. Detector usado en TC multicorte. Tomado de American Association of Physicists in Medicine (2007).....</i>	<i>24</i>
<i>Figura 4. Cuatro modelos de escáner TC actuales.....</i>	<i>25</i>
<i>Figura 5. Algunos mamógrafos disponibles comercialmente</i>	<i>26</i>
<i>Figura 6. Ejemplo de las proyecciones mamográficas con las segmentaciones representadas en el software JORCAD basadas en las anotaciones del caso AD037_LO</i>	<i>38</i>
<i>Figura 7. Ejemplo de modelos de perceptrón con offset asociado. Tomado de Rojas (1996).....</i>	<i>67</i>
<i>Figura 8. Esquema de los diferentes tipos de capas en una red neuronal. Tomado de Nielsen (2015)</i>	<i>69</i>
<i>Figura 9. Esquema de interconexiones de una red de neuronas completamente conectadas de cuatro capas.....</i>	<i>69</i>
<i>Figura 10. Representación esquemática de un campo receptivo local</i>	<i>72</i>
<i>Figura 11. Ejemplo de capa oculta compuesta de 3 mapas de características de tamaño 3x3..</i>	<i>73</i>
<i>Figura 12. Funciones de activación lineal, sigmoidea y tangente hiperbólica</i>	<i>75</i>
<i>Figura 13. Funciones de activación de tipo ReLU (izquierda) y Leaky ReLU (derecha).....</i>	<i>76</i>
<i>Figura 14. Funciones de activación de tipo SELU (izquierda) y GELU (derecha).....</i>	<i>76</i>
<i>Figura 15. Proceso de convolución de un filtro o kernel con una matriz de datos</i>	<i>78</i>
<i>Figura 16. Ejemplo de operación de max-pooling aplicado a una matriz de tamaño 4 x 4.....</i>	<i>79</i>
<i>Figura 17. Representación de 4 curvas ROC con diferentes valores de AUC (tomado de S. H. Park et al. (2004)).....</i>	<i>95</i>
<i>Figura 18. Dos curvas ROC con el mismo valor de AUC pero diferente sensibilidad y especificidad (tomado de S. H. Park et al. (2004)).....</i>	<i>96</i>

<i>Figura 19. Ejemplo de dos nódulos recortados con cada uno de los 5 tamaños: 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48</i>	<i>114</i>
<i>Figura 20. Ejemplo de cinco nódulos recortados con 48 x 48</i>	<i>114</i>
<i>Figura 21. Ejemplo de “data augmentation” para un nódulo de diámetro inferior a 5 mm</i>	<i>118</i>
<i>Figura 22. Aumento del conjunto de datos mediante rotaciones y traslaciones para un nódulo de diámetro superior a 10 mm.....</i>	<i>119</i>
<i>Figura 23. Tres primeras matrices de recorte de tipo nódulo y tamaño 16 x 16 para el paciente LIDC-IDRI-0003</i>	<i>119</i>
<i>Figura 24. Variaciones de un recorte original de tamaño de 40 x 40 obtenidas mediante data augmentation.....</i>	<i>120</i>
<i>Figura 25. Visualización de un corte TC para la selección de coordenadas de un no-nódulo ...</i>	<i>120</i>
<i>Figura 26. Ejemplo de datos de identificación de una serie de no-nódulos para poder proceder a su recorte.....</i>	<i>123</i>
<i>Figura 27. Ejemplo de dos regiones de no-nódulos con diferente tamaño de recorte.....</i>	<i>125</i>
<i>Figura 28. Paciente con dos lesiones. En la imagen se aprecian los contornos segmentados por el radiólogo. Ambas lesiones aparecen rodeadas por una ROI de 512 x 512</i>	<i>132</i>
<i>Figura 29. Vista ampliada de las dos lesiones.....</i>	<i>132</i>
<i>Figura 30. Mamografía RCC de paciente con lesión de tamaño 212 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 256 x 256 y de 384 x 384.....</i>	<i>134</i>
<i>Figura 31. Mamografía LCC de paciente con lesión de tamaño 40 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 128 x 128 y de 256 x 256.....</i>	<i>135</i>
<i>Figura 32. Mamografía RO de paciente con lesión de tamaño 210 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 256 x 256 y de 512 x 512.....</i>	<i>135</i>
<i>Figura 33. Efecto del cambio de tamaño de recorte en la selección de una lesión (matrices de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256, 384 x 384).....</i>	<i>135</i>
<i>Figura 34. Ejemplo de lesión recortada con 5 tamaños de recorte usados en mamografía.....</i>	<i>136</i>

<i>Figura 35. Ejemplo de selección de un recorte de tejido sano o no-lesión (recuadro superior) correspondiente a una paciente con un hallazgo radiológico (segmentado en azul).....</i>	<i>141</i>
<i>Figura 36. Archivo que contiene la información de BCDR (conjunto de datos de mamografías sin hallazgos)</i>	<i>143</i>
<i>Figura 37. Información correspondiente a las mamografías con lesiones segmentadas, leída para obtener las coordenadas de los contornos: lw_x_points, lw_y_points</i>	<i>145</i>
<i>Figura 38. Ejemplo de 5 recortes de tipo no-lesión para el tamaño de matriz 256 x 256.....</i>	<i>149</i>
<i>Figura 39. Muestra de coordenadas para recortar no-lesiones junto a la ruta completa que indica la mamografía de la que deben ser extraídos.....</i>	<i>161</i>
<i>Figura 40. Ejemplo de una lesión de tamaño 64 x 64 de la base de datos BCDR (img_56_78_1_RCC) con sus correspondientes 5 rotaciones.....</i>	<i>163</i>
<i>Figura 41. Ejemplo de una lesión de tamaño 128 x 128 de la base de datos BCDR (img_95_129_1_LCC) con sus correspondientes 2 rotaciones</i>	<i>164</i>
<i>Figura 42. Ejemplo de una lesión de tamaño 64 x 64 de la base de datos CBIS-DDSM (Calc-Training_P_00750_LEFT_CC) con sus correspondientes 7 rotaciones</i>	<i>164</i>
<i>Figura 43. Ejemplo de una lesión de tamaño 128 x 128 de la base de datos CBIS-DDSM (Calc-Training_P_00010_LEFT_CC) con sus correspondientes 5 rotaciones</i>	<i>164</i>
<i>Figura 44. Ejemplo de una lesión de tamaño 192 x 192 de la base de datos CBIS-DDSM (Mass-Test_P_00177_LEFT_CC) con una rotación</i>	<i>165</i>
<i>Figura 45. Forma general de la arquitectura CNN utilizada en esta Tesis Doctoral</i>	<i>181</i>
<i>Figura 46. Influencia del número de filtros por capa en los resultados obtenidos para redes de tamaño 16 x 16 (CNN-11, CNN-12 y CNN-13). Las líneas verticales muestran la etapa donde se producen los mejores resultados sobre los datos de validación</i>	<i>207</i>
<i>Figura 47. Comparación de CNNs con un número creciente de filtros al aumentar la profundidad (CNN-1, CNN-3, CNN-5). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor</i>	<i>207</i>

<i>Figura 48. Comparación de CNNs con número decreciente de filtro (CNN-2 y CNN-4) con la mejor red con número creciente de filtros (CNN-1). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor</i>	<i>208</i>
<i>Figura 49. Influencia del tamaño de filtro en la exactitud de test y valor de FPR para diferentes CNNs de 40 x 40. Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor.....</i>	<i>208</i>
<i>Figura 50. Comparación de redes de 16 x 16, donde la operación de pooling de tipo promedio actúa sobre diferentes capas (CNN-7 a CNN-10). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor</i>	<i>209</i>
<i>Figura 51. Monitorización del proceso de entrenamiento: (a) 16 x 16 (Id.1), (b) 24 x 24 (Id.16), (c) 32 x 32 (Id.20), (d) 40 x 40 (Id.27) y (e) 48 x 48 (Id.32).....</i>	<i>210</i>
<i>Figura 52. Monitorización las pérdidas de la función de coste durante el proceso de entrenamiento para los tres conjuntos de datos: entrenamiento, validación y test para las mejores CNNs</i>	<i>211</i>
<i>Figura 53. Evolución de los parámetros de la matriz de confusión (VP, VN, FP y FN) durante el proceso de entrenamiento: (a) 16 x 16 (Id.1), (b) 24 x 24 (Id.16), (c) 32 x 32 (Id.20), (d) 40x40 (Id.27), (e) 48 x 48 (Id.32).</i>	<i>212</i>
<i>Figura 54. Número absoluto de recortes clasificados correctamente (VP y VN) e incorrectamente (FP y FN) para las 5 redes CNN con mejor capacidad de generalización</i>	<i>214</i>
<i>Figura 55. Representación de las matrices de pesos de los 20 filtros (7 x 7) de la primera capa de convolución de la CNN de tamaño 32 x 32 (Id.20)</i>	<i>216</i>
<i>Figura 56. Errores de clasificación sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para tasas de aprendizaje desde 0.001 hasta 0.350.....</i>	<i>219</i>
<i>Figura 57. Errores de clasificación sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para tasas de aprendizaje desde 0.001 hasta 0.150.....</i>	<i>219</i>
<i>Figura 58. Entrenamiento de la red M6. Parte izquierda: evolución de la exactitud y precisión sobre datos de entrenamiento (línea continua) y de test (línea punteada). Parte derecha: evolución de la TFP para entrenamiento (línea continua) y test (línea punteada)</i>	<i>236</i>

<i>Figura 59. Comparativa del proceso de entrenamiento para 4 valores de la constante de tasa de aprendizaje: 0.001 (negro), 0.01 (rojo), 0.075 (azul) y 0.15 (naranja).....</i>	<i>237</i>
<i>Figura 60. Variabilidad en la exactitud, precisión y tasa de FP para un valor excesivamente alto de la constante de tasa de aprendizaje.....</i>	<i>237</i>
<i>Figura 61. Evolución del proceso de entrenamiento para la CNN M29</i>	<i>238</i>
<i>Figura 62. Exactitud y TFP para CNN con igual número de filtros por capa (M23,M25,M27,M29)</i>	<i>238</i>
<i>Figura 63. Exactitud y TFP para CNN con igual número de filtros por capa (Id. M56 a M.63) .</i>	<i>239</i>
<i>Figura 64. Evolución de la exactitud, precisión y tasa de FP para los conjuntos de entrenamiento de las redes M24 y M26</i>	<i>239</i>
<i>Figura 65. Comportamiento de la exactitud, precisión y tasa de FP para la red M30.....</i>	<i>240</i>
<i>Figura 66. Exactitud, precisión y TFP para 5 combinaciones de operaciones de pooling</i>	<i>240</i>
<i>Figura 67. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 128 x 128 etiquetadas como M25, M27, M28 y M29.....</i>	<i>241</i>
<i>Figura 68. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 128 x 128 con diferente tamaño de los filtros: 3 x 3 (M37), 5 x 5 (M52) y 7 x 7 (M53).....</i>	<i>241</i>
<i>Figura 69. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 64 x 64 con diferente incremento del número de filtros por capa M71 (+5), M72 (+10), M73 (+15) y M74 (+20)</i>	<i>242</i>
<i>Figura 70. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 192 x 192 con diferente número de filtros por capa M91 (20-tasa 0.075), M92 (20-tasa 0.01), M102 (30-tasa 0.075) y M103 (40-tasa 0.075)</i>	<i>242</i>
<i>Figura 71. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 256 x 256 con diferente número de filtros por capa M104 (20), M106 (30), M107 (40) y tasa de aprendizaje 0.075.....</i>	<i>243</i>

<i>Figura 72. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 256 x 256 con diferente número de filtros por capa M119 (20), M120 (30), M121 (40) y tasa de aprendizaje 0.01.....</i>	<i>243</i>
<i>Figura 73. Monitorización del proceso de entrenamiento: (a) 64 x 64 (Id. M6), (b) 128 x 128 (Id. M37), (c) 192 x 192 (Id. M102), (d) 256 x 256 (Id. M119) y (e) 384 x 384 (Id. M124).....</i>	<i>245</i>
<i>Figura 74. Evolución de los errores de clasificación (función de pérdidas) sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para las 5 redes seleccionadas: (a) M6 (64 x 64), (b) M37 (128 x 128), (c) M102 (192 x 192), (d) M119 (256 x 256) y (e) M124 (384 x 384).....</i>	<i>246</i>
<i>Figura 75. Evolución de los parámetros de la matriz de confusión (VP, VN, FP y FN) durante el proceso de entrenamiento: (a) 64 x 64 (Id. M6), (b) 128 x 128 (Id. M37), (c) 192 x 192 (Id. M02), (d) 256 x 256 (Id. M119), (e) 384 x 384 (Id. M124)</i>	<i>247</i>
<i>Figura 76. Número absoluto de recortes clasificados correctamente (VP y VN) e incorrectamente (FP y FN) para las 5 redes CNN con mejor capacidad de generalización</i>	<i>248</i>
<i>Figura 77. Ejemplo de un VP y un VN para cada una de las 5 redes de TC de tórax con mejor capacidad de generalización.....</i>	<i>267</i>
<i>Figura 78. Ejemplo de un VP y un VN para cada una de las 5 redes de mamografías con mejor capacidad de generalización</i>	<i>268</i>
<i>Figura 79. Curvas ROC completas para las redes CNN con identificación Id.1, Id.16, Id.20, Id.27 e Id.37.....</i>	<i>269</i>
<i>Figura 80. Ampliación de las curvas ROC en zona de bajas tasas de FPR.....</i>	<i>270</i>
<i>Figura 81. Curvas ROC completas para las redes CNN con identificación Id.1, Id.16, Id.20, Id.27 e Id.37 con función de activación ReLU.....</i>	<i>271</i>
<i>Figura 82. Ampliación de las curvas ROC en zona de bajas tasas de FPR con función de activación ReLU</i>	<i>272</i>
<i>Figura 83. Ejemplo de 10 verdaderos positivos detectados con una elevada probabilidad (superior al 98%) por la red de 48 x 48.....</i>	<i>273</i>

<i>Figura 84. Ejemplo de 5 falsos positivos detectados con una probabilidad entre el 60% y el 80% por la red de 48 x 48.....</i>	<i>273</i>
<i>Figura 85. Ejemplo de 10 verdaderos negativos detectados con una probabilidad superior al 98% por la CNN</i>	<i>274</i>
<i>Figura 86. Ejemplo de 5 falsos negativos correspondientes a nódulos a los que la red asignó una baja probabilidad (inferior al 25%)</i>	<i>274</i>
<i>Figura 87. Ejemplo de 10 verdaderos positivos para la red CNN Id.24</i>	<i>274</i>
<i>Figura 88. Ejemplo de falsos negativos para la red CNN Id.24</i>	<i>275</i>
<i>Figura 89. Ejemplo de verdaderos negativos para la red CNN ID.24 (tamaño 24 x 24).....</i>	<i>275</i>
<i>Figura 90. Ejemplo de falsos positivos para la red CNN ID.24 (tamaño 24 x 24).....</i>	<i>275</i>
<i>Figura 91. Curvas ROC para las 5 mejores redes sobre conjuntos de recortes pertenecientes a BCDR y CBIS-DDSM.....</i>	<i>278</i>
<i>Figura 92. Ampliación de las curvas ROC para las 5 mejores redes sobre conjuntos de recortes de BCDR y CBIS-DDSM (rango de sensibilidades en el eje vertical entre 0.5 y 1.0).....</i>	<i>278</i>
<i>Figura 93. Ejemplo de 10 VP obtenidos en el análisis de los recortes de validación de la red CNN identificada como M37 (tamaño 128 x 128).....</i>	<i>279</i>
<i>Figura 94. Ejemplo de 10 VN obtenidos en el análisis de los recortes de validación de la red CNN identificada como M37 (tamaño 128 x 128).....</i>	<i>280</i>
<i>Figura 95. Ejemplo de 5 FP correspondientes al tamaño de 128 x 128.....</i>	<i>280</i>
<i>Figura 96. Ejemplo de VP correspondientes a la red M119 de tamaño 256 x 256.....</i>	<i>280</i>
<i>Figura 97. Ejemplo de FP para la red CNN de tamaño 256 x 256</i>	<i>281</i>
<i>Figura 98. Ejemplo de VN correspondientes a la red M119 de tamaño 256 x 256</i>	<i>281</i>
<i>Figura 99. Ejemplo de FN para la red CNN de tamaño 256 x 256.....</i>	<i>281</i>
<i>Figura 100. Curvas ROC para los conjuntos de datos del repositorio independiente CSAW-S..</i>	<i>282</i>
<i>Figura 101. Vista ampliada de las curvas ROC.....</i>	<i>283</i>

<i>Figura 102. Ejemplo de VP de la base de datos CSAW-S para las cuatro CNN con mejor capacidad de generalización</i>	<i>284</i>
<i>Figura 103. Vista inicial de la interfaz gráfica de usuario de la aplicación JORCAD</i>	<i>288</i>
<i>Figura 104. Interfaz de JORCAD: A) panel de selección de bases de datos; B) panel de selección del tipo de caso; C) lista de casos seleccionables; D) ventana de información para el caso cargado; E) importación de imágenes no pertenecientes a bases de datos; F) panel CAD para analizar la imagen activa con CNN; G) presentación de la imagen y área de visualización.....</i>	<i>288</i>
<i>Figura 105. A) Ejemplo de lista de casos disponibles después de pulsar botón de Cargar casos disponibles. B) El botón de Mostrar información muestra los datos relacionados con el caso cargado. C) El botón 3D hace visible la renderización de los nódulos pertenecientes al caso de TC de tórax activo. D) El botón de análisis estadístico muestra el histograma de valores de píxel de la lesión, parámetros de Radiómica calculados y una vista ampliada de la lesión.....</i>	<i>289</i>
<i>Figura 106. Panel de exploración de bases de datos de la aplicación JORCAD.....</i>	<i>290</i>
<i>Figura 107. Paneles de selección del tipo de caso para bases de datos de TC.....</i>	<i>291</i>
<i>Figura 108. Paneles de selección del tipo de caso para bases de datos de mamografía.....</i>	<i>292</i>
<i>Figura 109. Apariencia del botón Cargar casos disponibles.....</i>	<i>292</i>
<i>Figura 110. Apariencia del botón Importar imágenes</i>	<i>292</i>
<i>Figura 111. Ejemplo de proyección complementaria de mamografía (parte izquierda) y proyección a analizar (parte derecha)</i>	<i>293</i>
<i>Figura 112. Ejemplo de segmentaciones en JORCAD para las bases de datos de TC de tórax. A) LIDC-IDRI. B) SPIE-AAPM. C) Lung-PET-CT-Dx.....</i>	<i>294</i>
<i>Figura 113. Ejemplo de segmentaciones en JORCAD para las bases de datos de mamografía. A) BCDR. B) CBIS-DDSM. C) CSAW-S</i>	<i>294</i>
<i>Figura 114. Apariencia del botón 3D.....</i>	<i>294</i>
<i>Figura 115. Apariencia del botón EST.</i>	<i>295</i>
<i>Figura 116. Ejemplo de ventana emergente de análisis estadístico para un caso de mamografía de CBIS-DDSM</i>	<i>295</i>

<i>Figura 117. Panel de opciones CAD para seleccionar el tipo de análisis y tamaño de recorte .</i>	296
<i>Figura 118. Apariencia del botón Aplica CNN</i>	296
<i>Figura 119. Ejemplo de análisis CAD y resumen para un corte TC con 24 x 24 y una proyección mamográfica cráneo-caudal (CC) con 128 x 128</i>	297
<i>Figura 120. Ejemplo de análisis CAD y resumen para un corte TC con 24 x 24 y una proyección mamográfica medio lateral-oblicua (MLO) con 256 x 256 (versión con menús e información en inglés de JORCAD)</i>	297
<i>Figura 121. Ejemplo de análisis conjunto (parte izquierda) frente a análisis con un único tamaño de red CNN (parte derecha).....</i>	298
<i>Figura 122. Organización de archivos (GUI e información diagnóstica) y carpetas necesarias para el funcionamiento de JORCAD.....</i>	299
<i>Figura 123. Contenido de la carpeta principal REDES</i>	299
<i>Figura 124. Algunos casos de mamografía en la carpeta de su base de datos</i>	300
<i>Figura 125. Contenido de las carpetas de las bases de datos de TC de tórax.....</i>	300
<i>Figura 126. Panel de selección de tipo de diagnóstico. Base de datos LIDC-IDRI</i>	308
<i>Figura 127. Panel de selección del método de diagnóstico. Base de datos LIDC-IDRI</i>	310
<i>Figura 128. Selección de un caso no diagnosticado. Base de datos LIDC-IDRI.....</i>	311
<i>Figura 129. Control para acceder a los casos de las bases de datos SPIE-AAPM y Lung-PET-CT-Diagnosis</i>	313
<i>Figura 130. Clasificación de los tipos de caso accesibles para la base datos SPIE-AAPM.....</i>	317
<i>Figura 131. Agrupación de los casos en función de su estadificación T para la base de datos Lung-PET-CT_Diagnosis.....</i>	320
<i>Figura 132. Selección del tipo de diagnóstico para la base de datos BCDR.....</i>	323
<i>Figura 133. Tipos de lesión seleccionables para el diagnóstico Lesión benigna</i>	324
<i>Figura 134. Tipos de lesión seleccionables para el diagnóstico Lesión maligna</i>	325

<i>Figura 135. Ejemplo de características adicionales para dos selecciones. Mitad izquierda: Lesión Benigna-Nódulo y mitad derecha: Lesión maligna-Microcalcificación</i>	<i>328</i>
<i>Figura 136. Aspecto del control boton_cargar_tiposBCDR.....</i>	<i>329</i>
<i>Figura 137. Selección del tipo de lesión y de diagnóstico en la base de datos CBIS-DDSM</i>	<i>338</i>
<i>Figura 138. Botón Tipo/Forma que permite cargar los casos en función de estas características adicionales.....</i>	<i>339</i>
<i>Figura 139. Dos ejemplos de Características de lesiones seleccionables para la base de datos CBIS-DDSM. Izquierda: Masa - Maligno. Derecha: Calcificación - Benigno</i>	<i>343</i>
<i>Figura 140. Aspecto del panel de selección de imágenes externas.....</i>	<i>350</i>
<i>Figura 141. Parte izquierda: caso de LIDC-IDRI cargado y con la información asociada visible. Parte derecha: ocultación de controles, botones e imágenes al pulsar el botón de selección de la base de datos CBIS-DDSM</i>	<i>368</i>
<i>Figura 142. Ventana de casos seleccionables LIDC-IDRI</i>	<i>398</i>
<i>Figura 143. Ejemplos de ventanas de casos seleccionables para las bases de datos Lung-PET-CT-Diagnosis (izquierda) y SPIE-AAPM Lung CT Challenge (derecha)</i>	<i>399</i>
<i>Figura 144. Ejemplo de selección de tipo y diagnóstico de lesión para BCDR y pantalla de casos seleccionables con múltiples opciones para el usuario</i>	<i>401</i>
<i>Figura 145. Ejemplo de pantalla de casos seleccionables para la base de datos CBIS-DDSM ..</i>	<i>402</i>
<i>Figura 146. Ejemplo de pantalla de casos seleccionables para la base de datos CSAW-S.....</i>	<i>403</i>
<i>Figura 147. Vista del corte central de un estudio TC tras finalizar la importación</i>	<i>408</i>
<i>Figura 148. Vista del archivo que contiene la localización de los cortes para los que existen contornos anotados: caso LIDC-IDRI-0001</i>	<i>410</i>
<i>Figura 149. Ejemplos de GTs para el corte número 5 del caso LIDC-IDRI 0001.....</i>	<i>411</i>
<i>Figura 150. Ejemplos de GTs para el corte número 9 del caso LIDC-IDRI 0001. Tres de los cuatro radiólogos realizaron anotaciones sobre esa imagen.....</i>	<i>412</i>

<i>Figura 151. Ejemplos de 3 nódulos segmentados por 4 radiólogos (izquierda y derecha) o 3 (nódulo central)</i>	<i>413</i>
<i>Figura 152. Ejemplos de 3 nódulos únicamente segmentados por 1 radiólogo (izquierda y central) o 2 (derecha)</i>	<i>414</i>
<i>Figura 153. Modificación del nivel de ventana empleando los cuadros de texto</i>	<i>428</i>
<i>Figura 154. Ventana de información para el caso LIDC-IDIR 0161, que contiene una lesión diagnosticada como Maligna metastásica mediante el método Biopsia</i>	<i>448</i>
<i>Figura 155. Caso LIDC-IDIR 0161: corte con dos nódulos segmentados</i>	<i>448</i>
<i>Figura 156. Caso LIDC-IDIR 0161: corte 178 con un nódulo segmentado por tres radiólogos expertos.....</i>	<i>449</i>
<i>Figura 157. Caso perteneciente a SPIE-AAPM correspondiente a un paciente con un nódulo benigno (LUNGx-CT0008).....</i>	<i>454</i>
<i>Figura 158. Caso perteneciente a la base de datos SPIE-AAPM correspondiente a un paciente con un cáncer de pulmón primario (LUNGx-CT0033).....</i>	<i>454</i>
<i>Figura 159. Caso perteneciente a la base de datos Lung PET-CT Diagnosis, con un estadio T=1, identificado como A0009_T-1b_N-0_M_0_</i>	<i>459</i>
<i>Figura 160. Caso perteneciente a la base de datos Lung PET-CT Diagnosis, con un estadio T=1, identificado como A0244_T-1b_N-0_M_0_</i>	<i>459</i>
<i>Figura 161. Ejemplo de segmentaciones de un nódulo + microcalcificaciones (izquierda), microcalcificaciones (centro) y nódulo o masa (derecha) las tres con un diagnóstico maligno</i>	<i>461</i>
<i>Figura 162. Masa benigna irregular (parte izquierda), masa maligna redondeada (central) y calcificación benigna sin rellamada gruesa (derecha)</i>	<i>465</i>
<i>Figura 163. Proyecciones RCC y LMLO en la que se observan tanto la lesión cancerosa como los vasos, calcificaciones, piel, músculo pectoral y el pezón entre otras estructuras.....</i>	<i>481</i>
<i>Figura 164. 4 ejemplos de lesiones (cáncer) segmentadas de CSAW-S.....</i>	<i>481</i>
<i>Figura 165. Escala de colores utilizado en la renderización 3D de los nódulos.....</i>	<i>486</i>
<i>Figura 166. Ejemplos de renderizaciones de nódulos generadas tras pulsar el botón 3D</i>	<i>489</i>

<i>Figura 167. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos de BCDR</i>	<i>496</i>
<i>Figura 168. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos diferentes de CBIS-DDSM, cada uno con una lesión.....</i>	<i>500</i>
<i>Figura 169. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para un caso de CBIS-DDSM que contiene dos masas malignas con distorsión de la arquitectura</i>	<i>501</i>
<i>Figura 170. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos de CSAW-S.....</i>	<i>505</i>
<i>Figura 171. Apariencia del panel de botones de selección de redes CNN.....</i>	<i>506</i>
<i>Figura 172. Aparición de los tipos de redes CNN para detectar nódulos en TC de tórax.....</i>	<i>510</i>
<i>Figura 173. Aparición de tipos de red CNN para la detección de lesiones en mamografías.....</i>	<i>510</i>
<i>Figura 174. Recuadros guía para la selección del tamaño de red CNN</i>	<i>515</i>
<i>Figura 175. Aspecto del boton_CNN que ejecuta el análisis de la imagen con redes CNN.....</i>	<i>515</i>
<i>Figura 176. Ventana de selección del tipo de análisis conjunto para nódulos en TC de tórax..</i>	<i>520</i>
<i>Figura 177. Ventana de selección del tipo de análisis conjunto de lesiones en mamografía ...</i>	<i>521</i>
<i>Figura 178. Ejemplo de un corte TC en el que se muestra la imagen binarizada después de separar los píxeles utilizando el umbral -300 y el efecto de aplicar el filtrado gaussiano</i>	<i>525</i>
<i>Figura 179. Efecto de la operación de complemento y de la limpieza de las regiones de pequeño tamaño sobre la imagen de la figura anterior</i>	<i>526</i>
<i>Figura 180. Efecto de la operación de cerrado sobre las regiones del parénquima pulmonar no incluidas en la estructura hasta el momento</i>	<i>527</i>
<i>Figura 181. Inclusión de regiones que hasta el momento no habían sido consideradas como parénquima pulmonar mediante las instrucciones anteriormente descritas</i>	<i>527</i>
<i>Figura 182. Ejemplo de un caso diferente en el que el procesado no incluye una región hepática que no pertenece al parénquima pulmonar.....</i>	<i>528</i>
<i>Figura 183. Ejemplo de imagen en la que el procesado descarta una región no perteneciente al pulmón</i>	<i>528</i>
<i>Figura 184. Efecto de la operación de erosión sobre los bordes del parénquima pulmonar</i>	<i>531</i>

<i>Figura 185. Proyección cráneocaudal convertida en imagen binaria</i>	<i>537</i>
<i>Figura 186. Cambios en el contorno tras aplicar la operación de suavizado</i>	<i>537</i>
<i>Figura 187. Eliminación de objetos extraños</i>	<i>538</i>
<i>Figura 188. Proceso completo de selección de la glándula mamaria en una proyección CC de la base de datos CBIS-DDSM</i>	<i>539</i>
<i>Figura 189. Selección de la región a analizar con CNN en mamografía</i>	<i>539</i>
<i>Figura 190. Ejemplo de resumen con hallazgos de dos tipos</i>	<i>572</i>
<i>Figura 191. Análisis de una imagen con un hallazgo de tipo único</i>	<i>573</i>
<i>Figura 192. Ventana de resultados para una imagen TC sin hallazgos CAD.....</i>	<i>573</i>
<i>Figura 193. Resumen de resultados para una mamografía sin hallazgos CAD.....</i>	<i>575</i>
<i>Figura 194. Hoja de inscripción de los participantes en la actividad formativa de validación de JORCAD.....</i>	<i>580</i>
<i>Figura 195. Objetivos y metodología de evaluación de la actividad formativa de validación de JORCAD entregados a los participantes</i>	<i>581</i>
<i>Figura 196. Entrevista inicial a los participantes. Parte I: tipo de participante, experiencia laboral en las modalidades de imagen de interés</i>	<i>582</i>
<i>Figura 197. Entrevista inicial a los participantes. Parte II: experiencia en el uso de bases de datos, software de formación en radiología y sistemas CAD.....</i>	<i>583</i>
<i>Figura 198. Ejemplos de análisis CAD para las dos modalidades.....</i>	<i>590</i>
<i>Figura 199. Fotografía tomada durante la preparación previa a la sesión teórica inicial en la sala de sesiones del Servicio de Radiodiagnóstico del CAUSA</i>	<i>593</i>
<i>Figura 200. Sesión teórica inicial. Diapositiva 1. Presentación de la actividad formativa de validación de la herramienta JORCAD.....</i>	<i>593</i>
<i>Figura 201. Sesión teórica inicial. Diapositiva 2. La actividad fue acreditada por el Centro de Formación Permanente de la USAL</i>	<i>594</i>
<i>Figura 202. Sesión teórica inicial. Diapositiva 3. Índice de contenidos impartidos.....</i>	<i>594</i>

<i>Figura 203. Sesión teórica inicial. Diapositiva 4. Motivación de la actividad formativa.....</i>	<i>595</i>
<i>Figura 204. Sesión teórica inicial. Diapositiva 5. Apartado 2: IA en radiología</i>	<i>595</i>
<i>Figura 205. Sesión teórica inicial. Diapositiva 6. Definiciones de IA, ML y DL.....</i>	<i>596</i>
<i>Figura 206. Sesión teórica inicial. Diapositiva 7. Definiciones de ANN y CNN</i>	<i>596</i>
<i>Figura 207. Sesión teórica inicial. Diapositiva 8. Aplicaciones clínicas de la IA en Radiodiagnóstico, destacando la detección y clasificación de lesiones</i>	<i>597</i>
<i>Figura 208. Sesión teórica inicial. Diapositiva 9. Apartado 3: Etapas en la creación del software JORCAD.....</i>	<i>597</i>
<i>Figura 209. Sesión teórica inicial. Diapositiva 10. Entornos de programación y software utilizado para el desarrollo de JORCAD y del sistema CAD implementado en él</i>	<i>598</i>
<i>Figura 210. Sesión teórica inicial. Diapositiva 11. Encabezado del apartado dedicado a la descripción de las bases de datos de imágenes radiológicas.....</i>	<i>598</i>
<i>Figura 211. Sesión teórica inicial. Diapositiva 12. Manejo y extracción de información de las bases de datos. Usos: preparación de datasets y utilidad educativa.....</i>	<i>599</i>
<i>Figura 212. Sesión teórica inicial. Diapositiva 13. Descripción de la base de datos de TC de tórax LIDC-IDRI.....</i>	<i>599</i>
<i>Figura 213. Sesión teórica inicial. Diapositiva 14. Descripción de la base de datos de TC de tórax SPIE-AAPM Lung CT Challenge</i>	<i>600</i>
<i>Figura 214. Sesión teórica inicial. Diapositiva 15. Descripción de la base de datos de TC de tórax Lung PET-CT diagnosis.....</i>	<i>600</i>
<i>Figura 215. Sesión teórica inicial. Diapositiva 16. Descripción de la base de datos de mamografía BCDR.....</i>	<i>601</i>
<i>Figura 216. Sesión teórica inicial. Diapositiva 17. Descripción de la base de datos de mamografía CBIS-DDSM</i>	<i>601</i>
<i>Figura 217. Sesión teórica inicial. Diapositiva 18. Descripción de la base de datos de mamografía CSAW-S.....</i>	<i>602</i>

<i>Figura 218. Sesión teórica inicial. Diapositiva 19. Encabezado de la sección dedicada a las redes CNN</i>	<i>602</i>
<i>Figura 219. Sesión teórica inicial. Diapositiva 20. Principales etapas para la preparación de conjuntos de datos, entrenamiento de redes CNN y evaluación de su desempeño.....</i>	<i>603</i>
<i>Figura 220. Sesión teórica inicial. Diapositiva 21. Algunos ejemplos de aplicación de la técnica de Data Augmentation para nódulos en TC de tórax y lesiones en mamografía</i>	<i>603</i>
<i>Figura 221. Sesión teórica inicial. Diapositiva 22. Número de recortes o patches correspondientes a nódulos y no-nódulos para cada tamaño de matriz.....</i>	<i>604</i>
<i>Figura 222. Sesión teórica inicial. Diapositiva 23. Número de recortes o patches correspondientes a lesiones y no-lesiones de mamografía para cada tamaño de matriz.....</i>	<i>604</i>
<i>Figura 223. Sesión teórica inicial. Diapositiva 24. Diagrama de la arquitectura de las redes CNN entrenadas, mostrando las diferentes capas y su función</i>	<i>605</i>
<i>Figura 224. Sesión teórica inicial. Diapositiva 25. Algoritmos, técnicas e hiperparámetros ajustables en una red CNN</i>	<i>605</i>
<i>Figura 225. Sesión teórica inicial. Diapositiva 26. Monitorización del proceso de entrenamiento de redes CNN, evaluación de su funcionamiento y análisis de resultados.....</i>	<i>606</i>
<i>Figura 226. Sesión teórica inicial. Diapositiva 27. Presentación de la herramienta JORCAD....</i>	<i>606</i>
<i>Figura 227. Sesión teórica inicial. Diapositiva 28. Principales etapas de desarrollo del software JORCAD en el entorno de programación MATLAB®</i>	<i>607</i>
<i>Figura 228. Sesión teórica inicial. Diapositiva 29. Contenido y partes de la Interfaz Gráfica de Usuario de JORCAD.....</i>	<i>608</i>
<i>Figura 229. Sesión teórica inicial. Diapositiva 30. Esquema del flujo de trabajo y la secuencia de acciones necesaria para analizar un caso con JORCAD.....</i>	<i>608</i>
<i>Figura 230. Sesión teórica inicial. Diapositiva 31. Paneles de selección de casos para las tres bases de datos de TC de tórax.....</i>	<i>609</i>
<i>Figura 231. Sesión teórica inicial. Diapositiva 32. Paneles de selección de casos para las tres bases de datos de mamografía</i>	<i>609</i>

<i>Figura 232. Sesión teórica inicial. Diapositiva 33. Uso del botón Cargar casos disponibles</i>	<i>610</i>
<i>Figura 233. Sesión teórica inicial. Diapositiva 34. Botón Importar imágenes.....</i>	<i>610</i>
<i>Figura 234. Sesión teórica inicial. Diapositiva 35. Opciones de visualización para optimizar la presentación de la información clínica.....</i>	<i>611</i>
<i>Figura 235. Sesión teórica inicial. Diapositiva 36. Ventana de presentación de la información clínica y otros metadatos asociados al caso cargado</i>	<i>611</i>
<i>Figura 236. Sesión teórica inicial. Diapositiva 37. Uso del panel del sistema CAD: selección del tipo y tamaño de la red CNN.....</i>	<i>612</i>
<i>Figura 237. Sesión teórica inicial. Diapositiva 38. Presentación de resultados derivados del uso del sistema CAD.....</i>	<i>612</i>
<i>Figura 238. Sesión teórica inicial. Diapositiva 39. Análisis y presentación de resultados derivados del uso del sistema CAD en mamografía.....</i>	<i>613</i>
<i>Figura 239. Sesión teórica inicial. Diapositiva 40. Otras herramientas: visualización de nódulos en 3D y análisis estadístico de lesiones de mamografía</i>	<i>613</i>
<i>Figura 240. Sesión teórica inicial. Diapositiva 41. Información relacionada con la organización de la actividad para programar la formación práctica de los participantes.....</i>	<i>614</i>
<i>Figura 241. Sesión teórica inicial. Diapositiva 42. Organización de la parte práctica de la actividad formativa.....</i>	<i>614</i>
<i>Figura 242. Sesión teórica inicial. Diapositiva 43. Accesos al lugar de celebración de la actividad. Servicio de Radiofísica del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca</i>	<i>615</i>
<i>Figura 243. Sesión teórica inicial. Diapositiva 44. Opciones de realización de la parte práctica de la actividad ofrecidas a los participantes.....</i>	<i>615</i>
<i>Figura 244. Sesión teórica inicial. Diapositiva 45. Calendario para la organización de las sesiones prácticas y datos de contacto.....</i>	<i>616</i>
<i>Figura 245. Diapositiva 46. Sesión teórica inicial. Despedida de la sesión</i>	<i>616</i>
<i>Figura 246. Tutorial JORCAD. Diapositiva 1. Presentación del tutorial.....</i>	<i>617</i>
<i>Figura 247. Tutorial JORCAD. Diapositiva 2. Índice de contenidos</i>	<i>617</i>

<i>Figura 248. Tutorial JORCAD. Diapositiva 3. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax LIDC-IDRI. Características y tipología de casos seleccionables</i>	<i>618</i>
<i>Figura 249. Tutorial JORCAD. Diapositiva 4. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax SPIE-AAPM. Características y tipología de casos seleccionables</i>	<i>618</i>
<i>Figura 250. Tutorial JORCAD. Diapositiva 5. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax Lung PET-CT Diagnosis. Características y tipología de casos seleccionables</i>	<i>619</i>
<i>Figura 251. Tutorial JORCAD. Diapositiva 6. Panel de selección de casos de la base de datos de mamografía BCDR. Características y tipología de casos seleccionables.....</i>	<i>619</i>
<i>Figura 252. Tutorial JORCAD. Diapositiva 7. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos BCDR.....</i>	<i>620</i>
<i>Figura 253. Tutorial JORCAD. Diapositiva 8. Panel de selección de casos de la base de datos de mamografía CBIS-DDSM. Características y tipología de casos seleccionables</i>	<i>620</i>
<i>Figura 254. Tutorial JORCAD. Diapositiva 9. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos CBIS-DDSM</i>	<i>621</i>
<i>Figura 255. Tutorial JORCAD. Diapositiva 10. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos CSAW-S.....</i>	<i>621</i>
<i>Figura 256. Tutorial JORCAD. Diapositiva 11. Cómo acceder a los casos que cumplen los criterios marcados: botón Cargar casos disponibles.....</i>	<i>622</i>
<i>Figura 257. Tutorial JORCAD. Diapositiva 12. Importación de imágenes en JORCAD.....</i>	<i>622</i>
<i>Figura 258. Tutorial JORCAD. Diapositiva 13. Cargar imágenes no pertenecientes a alguna de las bases de datos implementadas.....</i>	<i>623</i>
<i>Figura 259. Tutorial JORCAD. Diapositiva 14. Mensajes de error y su utilidad.....</i>	<i>623</i>
<i>Figura 260. Tutorial JORCAD. Diapositiva 15. El botón Mostrar información (I) permite acceder a la información clínica y metadatos el caso</i>	<i>624</i>
<i>Figura 261. Tutorial JORCAD. Diapositiva 16. El botón Mostrar información (II) permite mostrar las segmentaciones disponibles y el listado de cortes de TC con contornos anotados</i>	<i>624</i>

<i>Figura 262. Tutorial JORCAD. Diapositiva 17. Herramientas de visualización: barra de desplazamiento y rueda del ratón.....</i>	<i>625</i>
<i>Figura 263. Tutorial JORCAD. Diapositiva 18. Herramientas para modificar el ancho y el nivel de ventana de las imágenes visualizadas</i>	<i>625</i>
<i>Figura 264. Tutorial JORCAD. Diapositiva 19. Herramientas para modificar zoom y realizar desplazamientos.....</i>	<i>626</i>
<i>Figura 265. Tutorial JORCAD. Diapositiva 20. Herramienta de visualización de nódulos en 3D</i>	<i>626</i>
<i>Figura 266. Tutorial JORCAD. Diapositiva 21. Ventana de análisis cuantitativo de lesiones en mamografía. Vista ampliada de la región segmentada.....</i>	<i>627</i>
<i>Figura 267. Tutorial JORCAD. Diapositiva 22. Utilización del sistema CAD basado en redes CNN para la detección de nódulos en TC de tórax: selección del tipo y comienzo del análisis</i>	<i>627</i>
<i>Figura 268. Tutorial JORCAD. Diapositiva 23. Utilización del sistema CAD basado en redes CNN para la detección de lesiones en mamografía: selección del tipo y comienzo del análisis</i>	<i>628</i>
<i>Figura 269. Tutorial JORCAD. Diapositiva 24. Opción de análisis conjunto empleando varios tamaños de matriz simultáneamente</i>	<i>628</i>
<i>Figura 270. Tutorial JORCAD. Diapositiva 25. Presentación de hallazgos del sistema CAD.....</i>	<i>629</i>
<i>Figura 271. Tutorial JORCAD. Diapositiva 26. Ventana que presenta el resumen de resultados del análisis CAD.....</i>	<i>629</i>
<i>Figura 272. Tutorial JORCAD. Diapositiva 27. Modelo de encuesta de valoración de un caso tras su análisis con tres ítems a evaluar.....</i>	<i>630</i>
<i>Figura 273. Aspecto de la estación de trabajo dedicada a la realización de las sesiones prácticas de uso de JORCAD.....</i>	<i>631</i>
<i>Figura 274. Primeros casos. Diapositiva 1. Explicación de las fichas de apoyo para analizar los primeros casos con JORCAD</i>	<i>631</i>
<i>Figura 275. Primeros casos. Diapositiva 2. Selección de la base de datos, tipo y método de diagnóstico, número de caso e importación de la serie de imágenes TC.....</i>	<i>632</i>

<i>Figura 276. Primeros casos. Diapositiva 3. Consejos para ayudar en la selección del tipo adecuado de red para el análisis. Primera región a explorar para el caso</i>	<i>632</i>
<i>Figura 277. Primeros casos. Diapositiva 4. Progreso del análisis CAD e interpretación de resultados.....</i>	<i>633</i>
<i>Figura 278. Primeros casos. Diapositiva 5. Focalización de la atención del participante en la segunda región para proceder a su exploración y análisis</i>	<i>633</i>
<i>Figura 279. Primeros casos. Diapositiva 6. Consulta de las segmentaciones e información del caso. Recordatorio relativo a la encuesta asociada al caso.....</i>	<i>634</i>
<i>Figura 280. Primeros casos. Diapositiva 7. Ejemplo de análisis CAD para el primer nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24</i>	<i>634</i>
<i>Figura 281. Primeros casos. Diapositiva 8. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 24x24</i>	<i>635</i>
<i>Figura 282. Primeros casos. Diapositiva 9. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 16 x 16</i>	<i>635</i>
<i>Figura 283. Primeros casos. Diapositiva 10. Ficha completa correspondiente al segundo caso de localización de nódulos en TC de tórax</i>	<i>636</i>
<i>Figura 284. Primeros casos. Diapositiva 11 Ejemplo de análisis CAD para el primer nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24 en diferentes planos axiales.....</i>	<i>636</i>
<i>Figura 285. Primeros casos. Diapositiva 12. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24 en diferentes planos axiales.....</i>	<i>637</i>
<i>Figura 286. Primeros casos. Diapositiva 13. Vista del segundo nódulo en 3D, localizado por el sistema CAD en el corte número 178</i>	<i>637</i>
<i>Figura 287. Punto de vista del participante durante el análisis de un caso de mamografía mediante la herramienta CAD.....</i>	<i>638</i>
<i>Figura 288. Primeros casos. Diapositiva 14. Ficha de presentación del primer caso de mamografía perteneciente a la base de datos CSAW-S.....</i>	<i>638</i>
<i>Figura 289. Presentación de las imágenes en pantalla tras pulsar Importar imágenes</i>	<i>639</i>

<i>Figura 290. Primeros casos. Diapositiva 15. Consejos para explorar la imagen y elegir el tipo de red CNN más adecuado para analizar el caso.....</i>	<i>639</i>
<i>Figura 291. Ventana de selección de la región a analizar y ejemplo sobre la mamografía del primer caso.....</i>	<i>640</i>
<i>Figura 292. Primeros casos. Diapositiva 16. Acceso a la información y segmentación asociada al caso y al histograma, estadísticas y vista ampliada de la lesión</i>	<i>640</i>
<i>Figura 293. Primeros casos. Diapositiva 17. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 128 x 128</i>	<i>641</i>
<i>Figura 294. Primeros casos. Diapositiva 18. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 64 x 64</i>	<i>641</i>
<i>Figura 295. Primeros casos. Diapositiva 19. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 192 x 192</i>	<i>642</i>
<i>Figura 296. Primeros casos. Diapositiva 20. Ficha de presentación del segundo caso de mamografía.....</i>	<i>642</i>
<i>Figura 297. Primeros casos. Diapositiva 21. Ejemplos de análisis del caso 2 con tamaños de matriz de 64 x 64 y 128 x 128.</i>	<i>643</i>
<i>Figura 298. Primeros casos. Diapositiva 22. Ventana de análisis estadístico del caso 2</i>	<i>643</i>
<i>Figura 299. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 3</i>	<i>644</i>
<i>Figura 300. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 1 con tamaños de matriz de 16 x 16 y 24 x 24.....</i>	<i>644</i>
<i>Figura 301. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>645</i>
<i>Figura 302. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 3.....</i>	<i>645</i>
<i>Figura 303. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 4</i>	<i>646</i>
<i>Figura 304. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>646</i>
<i>Figura 305. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>647</i>
<i>Figura 306. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (I)</i>	<i>647</i>

<i>Figura 307. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (II)</i>	<i>648</i>
<i>Figura 308. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (III)</i>	<i>648</i>
<i>Figura 309. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 3 (I)</i>	<i>649</i>
<i>Figura 310. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 5</i>	<i>649</i>
<i>Figura 311. Casos TC de tórax. Caso 5: ejemplos de análisis del nódulo 1.....</i>	<i>650</i>
<i>Figura 312. Casos TC de tórax. Caso 5: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>650</i>
<i>Figura 313. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 6</i>	<i>651</i>
<i>Figura 314. Casos TC de tórax. Caso 6: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>651</i>
<i>Figura 315. Casos TC de tórax. Caso 6: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>652</i>
<i>Figura 316. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 7</i>	<i>652</i>
<i>Figura 317. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis del nódulo 1.....</i>	<i>653</i>
<i>Figura 318. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>653</i>
<i>Figura 319. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis de los nódulos 3 y 4.....</i>	<i>654</i>
<i>Figura 320. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 8</i>	<i>654</i>
<i>Figura 321. Casos TC de tórax. Caso 8 ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>655</i>
<i>Figura 322. Casos TC de tórax. Caso 8: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>655</i>
<i>Figura 323. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 9</i>	<i>656</i>
<i>Figura 324. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>656</i>
<i>Figura 325. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>657</i>
<i>Figura 326. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>657</i>
<i>Figura 327. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 10 (I).....</i>	<i>658</i>
<i>Figura 328. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 1.....</i>	<i>658</i>
<i>Figura 329. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 10 (II).....</i>	<i>659</i>
<i>Figura 330. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>659</i>

<i>Figura 331. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 3.....</i>	<i>660</i>
<i>Figura 332. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 4.....</i>	<i>660</i>
<i>Figura 333. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 11</i>	<i>661</i>
<i>Figura 334. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 1.....</i>	<i>661</i>
<i>Figura 335. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 2.....</i>	<i>662</i>
<i>Figura 336. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 3.....</i>	<i>662</i>
<i>Figura 337. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 12</i>	<i>663</i>
<i>Figura 338. Casos TC de tórax. Caso 12: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>663</i>
<i>Figura 339. Casos TC de tórax. Caso 12: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>664</i>
<i>Figura 340. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 13</i>	<i>664</i>
<i>Figura 341. Casos TC de tórax. Caso 13: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>665</i>
<i>Figura 342. Casos TC de tórax. Caso 13: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>665</i>
<i>Figura 343. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 14</i>	<i>666</i>
<i>Figura 344. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>666</i>
<i>Figura 345. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>667</i>
<i>Figura 346. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (III)</i>	<i>667</i>
<i>Figura 347. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 15</i>	<i>668</i>
<i>Figura 348. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>668</i>
<i>Figura 349. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>669</i>
<i>Figura 350. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis de los nódulos 2 y 3 (I).....</i>	<i>669</i>
<i>Figura 351. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis de los nódulos 2 y 3 (II).....</i>	<i>670</i>
<i>Figura 352. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de vistas en 3D de nódulos</i>	<i>670</i>
<i>Figura 353. Casos TC de tórax. Caso 15: otros nódulos.....</i>	<i>671</i>
<i>Figura 354. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 16</i>	<i>671</i>

<i>Figura 355. Casos TC de tórax. Caso 16: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)</i>	<i>672</i>
<i>Figura 356. Casos TC de tórax. Caso 16: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)</i>	<i>672</i>
<i>Figura 357. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 3.....</i>	<i>673</i>
<i>Figura 358. Casos de mamografía. Caso 3: ejemplos de análisis con matriz 256 x 256</i>	<i>673</i>
<i>Figura 359. Casos de mamografía. Caso 3: análisis de la imagen complementaria y análisis estadístico de la lesión</i>	<i>674</i>
<i>Figura 360. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 4.....</i>	<i>674</i>
<i>Figura 361. Casos de mamografía. Caso 4: ejemplos de análisis con matriz 256 x 256</i>	<i>675</i>
<i>Figura 362. Casos de mamografía. Caso 4: ejemplos de análisis con matriz 384 x 384 y análisis estadístico de la lesión</i>	<i>675</i>
<i>Figura 363. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 5.....</i>	<i>676</i>
<i>Figura 364. Casos mamografía. Caso 5: ejemplos de análisis (I) [192 x 192]</i>	<i>676</i>
<i>Figura 365. Casos mamografía. Caso 5: ejemplos de análisis (II) [256 x 256 y 384 x 384]</i>	<i>677</i>
<i>Figura 366. Casos mamografía. Caso 5: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>677</i>
<i>Figura 367. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 6</i>	<i>678</i>
<i>Figura 368. Casos mamografía. Caso 6: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]</i>	<i>678</i>
<i>Figura 369. Casos mamografía. Caso 6: ejemplos de análisis (II) [384 x 384] y análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>679</i>
<i>Figura 370. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 7</i>	<i>679</i>
<i>Figura 371. Casos mamografía. Caso 7: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]</i>	<i>680</i>
<i>Figura 372. Casos mamografía. Caso 7: ejemplos de análisis (II) [384 x 384] y análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>680</i>
<i>Figura 373. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 8</i>	<i>681</i>
<i>Figura 374. Casos mamografía. Caso 8: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]</i>	<i>681</i>

<i>Figura 375. Casos mamografía. Caso 8: ejemplos de análisis (II) [256 x 256] y análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>682</i>
<i>Figura 376. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 9</i>	<i>682</i>
<i>Figura 377. Casos mamografía. Caso 9: ejemplos de análisis (I) [128 x 128]</i>	<i>683</i>
<i>Figura 378. Casos mamografía. Caso 9: ejemplos de análisis (II) [128 x 128 y 64 x 64]</i>	<i>683</i>
<i>Figura 379. Casos mamografía. Caso 9: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>684</i>
<i>Figura 380. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 10</i>	<i>684</i>
<i>Figura 381. Casos mamografía. Caso 10 ejemplos de análisis (I) [256 x 256]</i>	<i>685</i>
<i>Figura 382. Casos mamografía. Caso 10: ejemplos de análisis (II) [256 x 256 y 384 x 384] y análisis estadístico de la lesión</i>	<i>685</i>
<i>Figura 383. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 11</i>	<i>686</i>
<i>Figura 384. Casos mamografía. Caso 11: ejemplos de análisis [64 x 64, 128 x 128 y 192 x 192]</i>	<i>686</i>
<i>Figura 385. Casos mamografía. Caso 11: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>687</i>
<i>Figura 386. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 12</i>	<i>687</i>
<i>Figura 387. Casos mamografía. Caso 12: ejemplos de análisis (I) [128 x 128]</i>	<i>688</i>
<i>Figura 388. Casos mamografía. Caso 12: ejemplos de análisis (I) [64 x 64 y 192 x 192]</i>	<i>688</i>
<i>Figura 389. Casos mamografía. Caso 12: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>689</i>
<i>Figura 390. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 13</i>	<i>689</i>
<i>Figura 391. Casos mamografía. Caso 13: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]</i>	<i>690</i>
<i>Figura 392. Casos mamografía. Caso 13: análisis estadístico de las lesiones.....</i>	<i>690</i>
<i>Figura 393. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 14</i>	<i>691</i>
<i>Figura 394. Casos mamografía. Caso 14: ejemplo de análisis (II) [64 x 64 y 192 x 192].....</i>	<i>691</i>
<i>Figura 395. Casos mamografía. Caso 14: ejemplo de análisis (I) [128 x 128] y datos estadísticos de la lesión.....</i>	<i>692</i>

<i>Figura 396. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 15</i>	<i>692</i>
<i>Figura 397. Casos mamografía. Caso 15: ejemplo de análisis (256 x 256 y 384 x 384)</i>	<i>693</i>
<i>Figura 398. Casos mamografía. Caso 15: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>693</i>
<i>Figura 399. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 16</i>	<i>694</i>
<i>Figura 400. Casos mamografía. Caso 16: ejemplos de análisis CAD [64 x 64 y 128 x 128].....</i>	<i>694</i>
<i>Figura 401. Casos mamografía. Caso 16: análisis estadístico de la lesión.....</i>	<i>695</i>
<i>Figura 402. Casos de TC de tórax más útiles para la formación de residentes con JORCAD según las valoraciones de los participantes.....</i>	<i>704</i>
<i>Figura 403. Casos de mamografía más útiles para la formación de residentes con JORCAD según las valoraciones de los participantes.....</i>	<i>705</i>
<i>Figura 404. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Dificultad del caso.....</i>	<i>705</i>
<i>Figura 405. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Utilidad educativa del módulo CAD</i>	<i>706</i>
<i>Figura 406. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Utilidad educativa de JORCAD para la formación de residentes en radiodiagnóstico</i>	<i>706</i>
<i>Figura 407. Diagrama del flujo de trabajo: las acciones a realizar se representan en el eje central, y se ejecutan desde la parte superior hacia la inferior.....</i>	<i>721</i>

Lista de Tablas

<i>Tabla 1. Número de mamografías disponibles en CBIS-DDSM en función de tipo de anomalía y de su diagnóstico.....</i>	<i>36</i>
<i>Tabla 2. Estructura de la base de datos BCDR. Número de pacientes, lesiones y segmentaciones de cada uno de los datasets</i>	<i>37</i>
<i>Tabla 3. Algunos descriptores habituales aplicables a los valores de píxel de una ROI</i>	<i>42</i>
<i>Tabla 4. Tipos de funciones de activación neuronal más habituales y sus derivadas.....</i>	<i>74</i>
<i>Tabla 5. Definición de funciones de coste más utilizadas y su correspondiente gradiente (I)</i>	<i>83</i>
<i>Tabla 6. Definición de funciones de coste más utilizadas y su correspondiente gradiente (II) ...</i>	<i>84</i>
<i>Tabla 7. Parámetros de la matriz de confusión considerando dos categorías.....</i>	<i>93</i>
<i>Tabla 8. Nódulos extraídos de la base de datos LIDC-IDRI.....</i>	<i>108</i>
<i>Tabla 9. Ejemplo de anotaciones para obtener los recortes de un nódulo de tamaño 23,107 mm (paciente LIDC-IDRI-0001)</i>	<i>109</i>
<i>Tabla 10. Ejemplo de anotaciones para obtener los recortes de tres nódulos de tamaño 6,637 mm, 5,295 mm y 3,767 mm (paciente LIDC-IDRI-0010).....</i>	<i>110</i>
<i>Tabla 11. Número total de recortes extraídos para cada tamaño de matriz.....</i>	<i>114</i>
<i>Tabla 12. Distribución de recortes (nódulos + no-nódulos) para cada tamaño de matriz</i>	<i>126</i>
<i>Tabla 13. Número final de archivos con recortes de nódulos para cada tamaño.....</i>	<i>129</i>
<i>Tabla 14. Número de ROIs recortadas para la base de datos BCR en función del tamaño del recorte</i>	<i>136</i>
<i>Tabla 15. Número de ROIs recortadas para la base de datos CBIS en función del tamaño del recorte</i>	<i>153</i>
<i>Tabla 16. Distribución del número final de recortes entre las dos bases de datos</i>	<i>163</i>
<i>Tabla 17. División de las lesiones disponibles en número de archivos y lesiones por archivo ..</i>	<i>166</i>

<i>Tabla 18. Número de recortes de nódulos y no-nódulos utilizados para el entrenamiento, validación y test de redes CNN para TC de tórax</i>	<i>180</i>
<i>Tabla 19. Número de recortes de lesiones y no-lesiones utilizados para el entrenamiento, validación y test de redes CNN para mamografía.....</i>	<i>181</i>
<i>Tabla 20. Arquitecturas de CNN y resultados de entrenamiento con recortes de 16 x 16.....</i>	<i>204</i>
<i>Tabla 21. Arquitecturas de CNN y resultados de entrenamiento con recortes de tamaño 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48</i>	<i>205</i>
<i>Tabla 22. Resultados de test al modificar el valor de la constante de tasa de aprendizaje.....</i>	<i>206</i>
<i>Tabla 23. Cambio porcentual en exactitud, precisión y tasa de FP para entrenamiento frente a test.....</i>	<i>210</i>
<i>Tabla 24. Cambios en la tasa de verdaderos positivos y negativos obtenidos para el conjunto de datos de entrenamiento con respecto a los de test</i>	<i>213</i>
<i>Tabla 25. Mejores simulaciones para los 5 tamaños de matriz con la función de activación neuronal tangente hiperbólica</i>	<i>215</i>
<i>Tabla 26. Mejores simulaciones para los 5 tamaños de matriz con la función de activación neuronal ReLU</i>	<i>215</i>
<i>Tabla 27. Número de parámetros de las diferentes capas y totales de las mejores redes y estimación de la cantidad total de datos aprendibles</i>	<i>216</i>
<i>Tabla 28. Influencia de la técnica de regularización en los errores de clasificación para la red CNN Id.1 de 16 x 16</i>	<i>217</i>
<i>Tabla 29. Influencia de la técnica de regularización en los errores de clasificación para la red CNN Id.27 de 40 x 40</i>	<i>218</i>
<i>Tabla 30. Tiempos de entrenamiento para diferentes tasas de aprendizaje</i>	<i>220</i>
<i>Tabla 31. Errores de clasificación en función de la constante de tasas de aprendizaje para 128 x 128.....</i>	<i>220</i>
<i>Tabla 32. Tamaño de los filtros y disposición de las operaciones de pooling por capas.....</i>	<i>221</i>
<i>Tabla 33. Resultados para modelos con el mismo número de kernels por capa</i>	<i>221</i>

<i>Tabla 34. Influencia del número de capas de convolución para 128 x 128.....</i>	<i>222</i>
<i>Tabla 35. Resultados en función del número de neuronas en la CCC.....</i>	<i>223</i>
<i>Tabla 36. Resultados para simulaciones con un número creciente y decreciente de filtros por capa</i>	<i>223</i>
<i>Tabla 37. Influencia de la distribución de operaciones de pooling en el funcionamiento.....</i>	<i>224</i>
<i>Tabla 38. Influencia del tamaño de los filtros en el funcionamiento de la red CNN</i>	<i>225</i>
<i>Tabla 39. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para redes de 64 x 64 con diferente número de filtros y neuronas en la capa completamente conectada.....</i>	<i>226</i>
<i>Tabla 40. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para redes de 64 x 64 con un número creciente y decreciente de filtros por capa</i>	<i>227</i>
<i>Tabla 41. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempos de entrenamiento para redes de 64 x 64 con diferentes tamaños de filtro y distribución de las operaciones de pooling</i>	<i>227</i>
<i>Tabla 42. Configuración de hiperparámetros para las redes seleccionadas de 192 x 192 (I) ...</i>	<i>228</i>
<i>Tabla 43. Configuración de los hiperparámetros de las redes seleccionadas para 192 x 192 (II)</i>	<i>229</i>
<i>Tabla 44. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 192 x 192</i>	<i>230</i>
<i>Tabla 45. Configuración de hiperparámetros para las redes seleccionadas de 256 x 256 (I) ...</i>	<i>231</i>
<i>Tabla 46. Configuración de los hiperparámetros de las redes seleccionadas para 256 x 256 (II)</i>	<i>232</i>
<i>Tabla 47. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 256 x 256</i>	<i>233</i>
<i>Tabla 48. Configuración de hiperparámetros de redes seleccionadas para 384 x 384 (I)</i>	<i>233</i>
<i>Tabla 49. Configuración de hiperparámetros de redes seleccionadas para 384 x 384 (II)</i>	<i>234</i>
<i>Tabla 50. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 384 x 384</i>	<i>234</i>

<i>Tabla 51. Cambio porcentual en exactitud, precisión y tasa de FP para entrenamiento frente a test.....</i>	<i>244</i>
<i>Tabla 52. Cambios en las tasas de verdaderos positivos y negativos del conjunto de datos de entrenamiento con respecto a los de test para las mejores redes de mamografía</i>	<i>249</i>
<i>Tabla 53. Comparativa entre las funciones de activación ReLU y tangente hiperbólica para los cuatro tamaños de red CNN entrenados con 6000 recortes</i>	<i>249</i>
<i>Tabla 54. Número de parámetros de capas de convolución de las CNN de mamografía</i>	<i>250</i>
<i>Tabla 55. Número de parámetros de las capas CCC y de clasificación, parámetros totales de las mejores redes y estimación de la cantidad total de datos aprendibles</i>	<i>250</i>
<i>Tabla 56. Ensayos con otros tipos de funciones de activación sobre la red M37.....</i>	<i>251</i>
<i>Tabla 57. Número de matrices de recorte utilizadas para comprobar el funcionamiento de los mejores modelos de red entrenados</i>	<i>269</i>
<i>Tabla 58. Tasa de FP para alcanzar un 90% de sensibilidad y AUC para las redes con mejor poder de detección (tangente hiperbólica).....</i>	<i>271</i>
<i>Tabla 59. Tasa de FP para alcanzar un 90% de sensibilidad y AUC para las redes con mejor poder de detección con función de activación ReLU</i>	<i>272</i>
<i>Tabla 60. Número de recortes extraídos de SPIE-AAPM</i>	<i>276</i>
<i>Tabla 61. Valores de sensibilidad y promedio de la neurona de salida correspondiente al resultado nódulo (función tangente hiperbólica).....</i>	<i>276</i>
<i>Tabla 62. Valores de sensibilidad y promedio de la neurona de salida correspondiente al resultado nódulo (función ReLU)</i>	<i>277</i>
<i>Tabla 63. Tabla resumen que recoge las 5 redes con mejor capacidad de generalización para cada uno de los tamaños</i>	<i>277</i>
<i>Tabla 64. Área bajo las curvas ROC y valor de la tasa de FP con un 90% de sensibilidad para los diferentes tamaños de recorte sobre imágenes de BCDR y CBIS-DDSM</i>	<i>279</i>
<i>Tabla 65. Tamaño de las muestras de test extraídas de la base de datos CSAW-S.....</i>	<i>282</i>

<i>Tabla 66. Área bajo las curvas ROC y valor de la tasa de FP con un 90% de sensibilidad para los diferentes tamaños de recorte sobre imágenes de CSAW-S</i>	<i>283</i>
<i>Tabla 67. Número de casos accesibles en JORCAD y criterios de clasificación</i>	<i>301</i>
<i>Tabla 68. Número de casos disponibles para la base de datos de nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI</i>	<i>305</i>
<i>Tabla 69. Distribución de casos para la base de datos SPIE-AAPM</i>	<i>315</i>
<i>Tabla 70. Distribución de casos para la base de datos Lung PET-CT diagnosis.....</i>	<i>317</i>
<i>Tabla 71. Organización de los casos de la base de datos BCDR (I)</i>	<i>321</i>
<i>Tabla 72. Organización de los casos de la base de datos BCDR (II)</i>	<i>322</i>
<i>Tabla 73. Distribución de los tipos de caso de la base de datos CSAW-S.....</i>	<i>344</i>
<i>Tabla 74. Ítems para evaluar las opiniones de los participantes en relación a los contenidos teóricos de la actividad y el tutorial de uso del software.....</i>	<i>585</i>
<i>Tabla 75. Contenidos de la encuesta relacionada con la usabilidad general del software.....</i>	<i>586</i>
<i>Tabla 76. Contenidos de la encuesta relacionada con las herramientas de exploración y análisis de casos.....</i>	<i>587</i>
<i>Tabla 77. Contenidos de la encuesta de evaluación de la herramienta CAD implementada en JORCAD.....</i>	<i>588</i>
<i>Tabla 78. Evaluación de la utilidad educativa de JORCAD</i>	<i>589</i>
<i>Tabla 79. Encuesta para evaluar la utilidad educativa de JORCAD para la formación de residentes en Radiología.....</i>	<i>591</i>
<i>Tabla 80. Resultados de la encuesta relacionada con la sesión teórica y el tutorial de la actividad formativa.....</i>	<i>696</i>
<i>Tabla 81. Resultados de la encuesta relacionada con la usabilidad del software</i>	<i>697</i>
<i>Tabla 82. Resultados de la encuesta relacionada con las herramientas del software para el análisis y exploración de casos.....</i>	<i>698</i>
<i>Tabla 83. Resultados de la encuesta relativa a la herramienta CAD basada en redes CNN.....</i>	<i>699</i>

<i>Tabla 84. Resultados de la encuesta educativa (I) relacionada con la utilidad educativa de JORCAD.....</i>	<i>700</i>
<i>Tabla 85. Resultados de la encuesta educativa (II) relacionada con la facilidad de uso del software y la complejidad de los casos analizados</i>	<i>701</i>
<i>Tabla 86. Resultados de la encuesta educativa (III) relacionada con las capacidades y el potencial educativo de JORCAD</i>	<i>701</i>
<i>Tabla 87. Resultados de las encuestas de análisis de casos: 16 casos de TC de tórax.....</i>	<i>702</i>
<i>Tabla 88. Resultados de las encuestas de análisis de casos: 16 casos de mamografía</i>	<i>703</i>
<i>Tabla 89. Evaluación de la fiabilidad interobservador para las encuestas 1 hasta la 5 con coeficientes ICC en función del grupo de expertos.....</i>	<i>707</i>
<i>Tabla 90. Evaluación de la consistencia interobservador para la evaluación de las encuestas de los casos considerando los dos grupos de expertos</i>	<i>708</i>
<i>Tabla 91. Entrevistas iniciales (I): tipo de participante, grado de participación y experiencia profesional.....</i>	<i>761</i>
<i>Tabla 92. Entrevistas iniciales (II): rotaciones y uso de bases de datos de imágenes radiológicas</i>	<i>762</i>
<i>Tabla 93. Entrevistas iniciales (III): experiencia en el uso de software de aprendizaje y herramientas CAD</i>	<i>763</i>
<i>Tabla 94. Valoraciones de la encuesta A por parte de los participantes expertos.....</i>	<i>764</i>
<i>Tabla 95. Valoraciones de la encuesta B por parte de los participantes expertos.....</i>	<i>765</i>
<i>Tabla 96. Valoraciones de la encuesta C por parte de los participantes expertos.....</i>	<i>766</i>
<i>Tabla 97. Valoraciones de la encuesta D por parte de los participantes expertos</i>	<i>767</i>
<i>Tabla 98. Valoraciones de la encuesta E por parte de los participantes expertos.....</i>	<i>768</i>
<i>Tabla 99. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (1 al 6).....</i>	<i>769</i>
<i>Tabla 100. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (7 al 12).....</i>	<i>770</i>
<i>Tabla 101. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (13 al 16).....</i>	<i>771</i>

Tabla 102. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (1 al 6)..... 772

Tabla 103. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (7 al 12)..... 773

Tabla 104. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (13 al 16)..... 774

Lista de Abreviaturas

- ANN: Red Neuronal Artificial (*Artificial Neural Network*)
- BI-RADS: Sistema de informes y registro de datos de imagen mamaria (*Breast Imaging-Reporting Data System*)
- CAD: Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (*Computer Aided Detection and Diagnosis*)
- CADe: Detección Asistida por Ordenador (*Computer Aided Detection*)
- CADx: Diagnóstico Asistido por Ordenador (*Computer Aided Diagnosis*)
- CAE: Educación Asistida por Ordenador (*Computer Assisted Education*)
- CBIR: Recuperación de imágenes basada en su contenido (*Content Based Image Retrieval*)
- CCC: Capa Completamente Conectada (*Fully Connected Layer*)
- CNN: Red Neuronal de Convolución (*Convolutional Neural Network*)
- CPU: Unidad Central de Procesamiento (*Central Processing Unit*)
- CR: Radiografía Computarizada (*Computed Radiography*)
- DICOM: Imagen Digital y Comunicaciones en Medicina. Estándar de transmisión de imágenes médicas (*Digital Imaging and Communications in Medicine*)
- DQE: Eficiencia Cuántica de Detección (*Detective Quantum Efficiency*)
- DL: Aprendizaje Profundo (*Deep Learning*)
- FN: Falsos negativos (*False negatives*)
- FP: Falsos positivos (*False positives*)
- GPU: Unidad de Procesamiento Gráfico (*Graphics Processing Unit*)
- GT: Datos reales o verdaderos (*Ground Truth*)
- IA: Inteligencia Artificial (*Inteligencia Artificial*)
- ICC: Coeficiente de correlación intraclase (*Intraclass Correlation Coefficient*)
- ML: Aprendizaje automático (*Machine Learning*)
- MLP: Perceptrón multicapa (*Multi-layer perceptron*)
- MTANN: Redes Neuronales de Aprendizaje Masivo (*Massive Training Artificial Neural Networks*)

PACS: Sistema de Almacenamiento y Distribución de Imágenes (*Picture Archiving and Communications System*)

PET: Tomografía de emisión de positrones (*Positron Emission Tomography*)

RMN: Resonancia Magnética Nuclear (*Nuclear Magnetic Resonance*)

ROC: Característica Operativa del Receptor (*Receiver Operating Characteristic*)

ROI: Región de interés (*Region of Interest*)

SGD: Descenso de Gradiente Estocástico (*Stochastic Gradient Descent*)

TC: Tomografía Computarizada (*Computed Tomography*)

TFN: Tasa de falsos negativos (*False negative rate*)

TFO: Tasa de falsas omisiones (*False omissions rate*)

TFP: Tasa de falsos positivos (*False positive rate*)

TVN: Tasa de verdaderos negativos (*True negative rate*)

TVP: Tasa de verdaderos positivos (*True positive rate*)

VN: Verdaderos negativos (*True negatives*)

VP: Verdaderos positivos (*True positives*)

UID: Identificador Único de imagen (*Image Unique Identifier*)

Lista de Ecuaciones

<i>(Ec. 1) Expresión matemática de la media aritmética (descriptor asociado a una ROI)</i>	<i>42</i>
<i>(Ec. 2) Expresión matemática de la desviación estándar (descriptor asociado a una ROI).....</i>	<i>42</i>
<i>(Ec. 3) Expresión matemática del coeficiente de asimetría (descriptor asociado a una ROI)</i>	<i>42</i>
<i>(Ec. 4) Expresión matemática del coeficiente de curtosis (descriptor asociado a una ROI).....</i>	<i>42</i>
<i>(Ec. 5) Resultado o salida de una neurona de tipo perceptrón</i>	<i>67</i>
<i>(Ec. 6) Resultado o salida de una neurona de tipo perceptrón con offset.....</i>	<i>68</i>
<i>(Ec. 7) Elemento j del vector de entrada a una ANN</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 8) Bias u offset de la neurona j perteneciente a la capa i de una ANN</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 9) Peso que conecta la neurona k de la capa i-1 con la neurona j de la capa i de una ANN</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 10) Expresión general para la salida de una neurona de una ANN.....</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 11) Expresión general para la función de activación neuronal</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 12) Valor de activación de la neurona j perteneciente a la capa i de una ANN</i>	<i>71</i>
<i>(Ec. 13) Expresión para la salida de una neurona en una capa de convolución.....</i>	<i>73</i>
<i>(Ec. 14) Función de activación neuronal de tipo sigmoidea</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 15) Derivada de la función de activación neuronal de tipo sigmoidea</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 16) Función de activación neuronal de tipo tangente hiperbólica</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 17) Derivada de la función de activación neuronal de tipo tangente hiperbólica.....</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 18) Función de activación neuronal de tipo unidad lineal rectificada (ReLU)</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 19) Derivada de la función de activación neuronal de tipo ReLU.....</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 20) Función de activación neuronal de tipo ReLU con fugas (leaky ReLU).....</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 21) Derivada de la función de activación neuronal de tipo unidad lineal rectificada con fugas (leaky ReLU).....</i>	<i>74</i>
<i>(Ec. 22) Función de activación neuronal de tipo unidad exponencial escalada (SeLU)</i>	<i>74</i>

(Ec. 23) Derivada de la función de activación neuronal de tipo unidad exponencial escalada (SeLU)	74
(Ec. 24) Función de activación neuronal de tipo unidad lineal de error gaussiano (GeLU)	74
(Ec. 25) Derivada de la función de activación neuronal de tipo unidad lineal de error gaussiano (GeLU).....	74
(Ec. 26) Operación de pooling promedio (average pooling).....	79
(Ec. 27) Operación de pooling con normalización L2 (L2 normalization pooling)	79
(Ec. 28) Número total de parámetros de una red CNN	80
(Ec. 29) Número de pesos (weights) para una capa de convolución.....	80
(Ec. 30) Número de offsets para una capa de convolución	80
(Ec. 31) Número total de parámetros de una capa de convolución	80
(Ec. 32) Número de pesos de una CCC conectada a una capa de convolución	80
(Ec. 33) Número de offsets de una CCC conectada a una capa de convolución.....	81
(Ec. 34) Número total de parámetros de una CCC conectada a una capa de convolución	81
(Ec. 35) Número de pesos de una CCC conectada a una CCC.....	81
(Ec. 36) Número de offsets de una CCC conectada a una CCC	81
(Ec. 37) Número total de parámetros de una CCC conectada a una CCC.....	81
(Ec. 38) Dimensión de los datos de salida tras una capa de convolución	82
(Ec. 39) Tamaño del volumen tridimensional de salida de una capa con NK filtros, S=1 y P=0 ..	82
(Ec. 40) Tamaño del volumen a la salida de una capa de tipo max-pooling	82
(Ec. 41) Actualización de los pesos en el algoritmo de retropropagación utilizando la constante de tasa de aprendizaje	82
(Ec. 42) Expresión general de la función de coste con un término de regularización adicional..	82
(Ec. 43) Actualización iterativa de los pesos en el algoritmo de retropropagación con dos términos	83

(Ec. 44) Definición de la función de coste de tipo Error cuadrático medio.....	83
(Ec. 45) Gradiente de la función de coste de tipo Error cuadrático medio.....	83
(Ec. 46) Definición de la función de coste de tipo Error medio absoluto.....	83
(Ec. 47) Gradiente de la función de coste de tipo Error medio absoluto	83
(Ec. 48) Definición de la función de coste de tipo Categorical cross-entropy	83
(Ec. 49) Gradiente de la función de coste de tipo Categorical cross-entropy	83
(Ec. 50) Definición de la función de coste de tipo Bernouilli negative log-likelihood.....	83
(Ec. 51) Gradiente de la función de coste de tipo Bernouilli negative log-likelihood.....	83
(Ec. 52) Definición de la función de coste de tipo Exponencial	84
(Ec. 53) Gradiente de la función de coste de tipo Exponencial	84
(Ec. 54) Definición de la función de coste de tipo Distancia de Hellinger	84
(Ec. 55) Gradiente de la función de coste de tipo Distancia de Hellinger	84
(Ec. 56) Definición de la función de coste de tipo Divergencia Kullback-Leibler	84
(Ec. 57) Gradiente de la función de coste de tipo Divergencia Kullback-Leibler	84
(Ec. 58) Definición de la función de coste Divergencia generalizada de Kullback-Leibler	84
(Ec. 59) Gradiente de la función de coste Divergencia generalizada de Kullback-Leibler.....	84
(Ec. 60) Definición de la función de coste de tipo Distancia de Itakura-Saito.....	84
(Ec. 61) Gradiente de la función de coste de tipo Distancia de Itakura-Saito.....	84
(Ec. 62) Ecuación para calcular el error de la capa de salida de una ANN.....	85
(Ec. 63) Ecuación para calcular el error de cualquier capa de una ANN	85
(Ec. 64) Tasa de variación de la función de coste con respecto a los offsets de la red	85
(Ec. 65) Tasa de variación de la función de coste con respecto a cualquier peso de la red	85
(Ec. 66) Ejemplo de uso de la función de coste Categorical cross-entropy.....	86
(Ec. 67) Expresión matemática de la regularización de tipo L2.....	89

<i>(Ec. 68) Función de coste modificada por el término de regularización L2</i>	89
<i>(Ec. 69) Gradiente de la función de coste con regularización de tipo L2 aplicada</i>	89
<i>(Ec. 70) Actualización de los pesos con regularización L2 aplicada (I)</i>	89
<i>(Ec. 71) Actualización de los pesos con regularización L2 aplicada (II)</i>	90
<i>(Ec. 72) Expresión matemática de la regularización de tipo L1</i>	90
<i>(Ec. 73) Función de coste modificada por el término de regularización L1</i>	90
<i>(Ec. 74) Gradiente de la función de coste con regularización de tipo L1 aplicada</i>	90
<i>(Ec. 75) Probabilidad de pertenencia a una clase con el clasificador de regresión logística</i>	91
<i>(Ec. 76) Predicción realizada por el modelo de clasificación de regresión logística</i>	91
<i>(Ec. 77) Sensibilidad o tasa de verdaderos positivos</i>	94
<i>(Ec. 78) Especificidad o tasa de verdaderos negativos</i>	94
<i>(Ec. 79) Precisión o valor predictivo positivo</i>	94
<i>(Ec. 80) Tasa de falsos hallazgos</i>	94
<i>(Ec. 81) Valor predictivo negativo</i>	94
<i>(Ec. 82) Tasa de falsas omisiones</i>	94
<i>(Ec. 83) Exactitud de clasificación</i>	94
<i>(Ec. 84) Máximo valor de píxel de una matriz de recorte de TC de tórax</i>	126
<i>(Ec. 85) Normalización de los valores de píxel de una matriz de recorte de TC de tórax</i>	126
<i>(Ec. 86) Promedio de los valores de píxel de un recorte de mamografía</i>	137
<i>(Ec. 87) Obtención de los valores de píxel con signo de un recorte de mamografía</i>	137
<i>(Ec. 88) Máximo de los valores de píxel con signo de un recorte de mamografía</i>	137
<i>(Ec. 89) Normalización de los valores de píxel de una matriz de recorte de mamografía</i>	137
<i>(Ec. 90) Cálculo de la fila del centro de masas de una lesión</i>	152
<i>(Ec. 91) Cálculo de la columna del centro de masas de una lesión</i>	152

<i>(Ec. 92) Cálculo de la circularidad de la ROI asociada a una lesión segmentada.....</i>	<i>491</i>
<i>(Ec. 93) Cálculo del diámetro equivalente de la ROI asociada a una lesión segmentada</i>	<i>491</i>
<i>(Ec. 94) Cálculo de la solidez equivalente de la ROI asociada a una lesión segmentada</i>	<i>491</i>
<i>(Ec. 95) Cálculo del valor de píxel promedio de la ROI asociada a una lesión segmentada.....</i>	<i>493</i>
<i>(Ec. 96) Cálculo del valor estándar de píxel de la ROI asociada a una lesión segmentada</i>	<i>493</i>
<i>(Ec. 97) Cálculo del coeficiente de asimetría de la ROI asociada a una lesión segmentada</i>	<i>493</i>
<i>(Ec. 98) Cálculo del coeficiente de curtosis de la ROI asociada a una lesión segmentada.....</i>	<i>493</i>
<i>(Ec. 99) Cálculo del descriptor de ROI denominado Energía</i>	<i>494</i>
<i>(Ec. 100) Cálculo del descriptor de ROI denominado Homogeneidad.....</i>	<i>495</i>
<i>(Ec. 101) Cálculo del descriptor de ROI denominado Entropía.....</i>	<i>495</i>

I.INTRODUCCIÓN

I. INTRODUCCIÓN

La Inteligencia Artificial (IA) es la capacidad de un ordenador u otra máquina de simular el comportamiento inteligente. Ha demostrado ser una herramienta valiosa para resolver problemas matemáticos abstractos y formales. Se denomina Aprendizaje Automático o *Machine Learning* (ML) al conjunto de algoritmos y técnicas que permiten que un sistema de IA extraiga información de un conjunto de datos de entrada y aprenda a partir de la experiencia (Kersting, 2018). Una importante ventaja asociada con el ML es que no es necesario que un operador programe todo el conocimiento y acciones que tiene que ejecutar la computadora.

Las Redes Neuronales Artificiales (ANNs) son modelos computacionales compuestos de capas de unidades funcionales (neuronas artificiales), interconectadas para transmitir y transformar señales y generar un resultado u *output* a partir de unos datos de entrada o *input* (Dastres & Soori, 2021). En los últimos años un tipo de algoritmos de ML, llamados de Aprendizaje Profundo o *Deep Learning* (DL), ha ganado popularidad porque pueden conseguir unos niveles de abstracción muy elevados a partir de los datos de entrada. Están basados habitualmente en una ANN con un número elevado de capas, siendo principalmente de un tipo conocido como Redes Neuronales de Convolución (CNNs) (Alzubaidi et al., 2021). Su estructura simula el córtex visual de un sistema nervioso biológico. Están basados en la convolución de unos datos de entrada con una serie de filtros característicos de las capas intermedias, que se combinan con operaciones de *pooling*, y tiene en cuenta la información espacial.

La arquitectura de una red viene determinada por la distribución de sus unidades funcionales y las interconexiones entre ellas (Nielsen, 2015; Shin et al., 2016). El tipo más habitual es la arquitectura por capas, en el que las neuronas están divididas en subconjuntos no interconectados entre sí. Sin embargo, sí que presentan conexiones con las unidades funcionales de la capa previa y la siguiente. En un sistema clásico, cada unidad está normalmente conectada con todas las neuronas de la capa siguiente, aunque en sistemas como las redes CNN se utilizan conceptos diferentes como los campos receptivos. De acuerdo a su localización, las capas pueden ser de entrada, ocultas o intermedias y de salida.

El número de parámetros que deben ser aprendidos durante el proceso de entrenamiento depende de la arquitectura, y su número puede ser de algunos miles o incluso de varios millones en los modelos grandes. Habitualmente, el tamaño de los modelos utilizados en el estado del arte para resolver problemas relacionados con las imágenes radiológicas es menor que para los modelos pre-entrenados, desarrollados para resolver tareas de clasificación de imágenes basadas en repositorios de imágenes a gran escala, como por ejemplo *ImageNet*, *CifarNet* o *AlexNet*.

Para entrenar modelos CNN con algoritmos de aprendizaje supervisado, resulta fundamental utilizar bases de datos de imágenes anotadas con lesiones o hallazgos patológicos realizados por expertos. El extenso repositorio público de bases de datos de imágenes *The Cancer Imaging Archive (TCIA)* (Clark et al., 2013), desarrollado por el Instituto Nacional del Cáncer de Estados Unidos (NCI), constituye una valiosa herramienta para el desarrollo de sistemas basados en IA. Otros hospitales y organizaciones científicas también han creado bases de datos de diferentes modalidades radiológicas, particularmente el TC de tórax y la mamografía.

El radiodiagnóstico es una especialidad médica dedicada a la interpretación de imágenes radiológicas de una amplia variedad de modalidades, tanto basadas en radiaciones ionizantes como no-ionizantes, así como la ejecución de procedimientos intervencionistas diagnósticos y

terapéuticos mínimamente invasivos (radiología vascular). En España el periodo de residencia dura cuatro años y se accede a él a través del examen anual de acceso a la formación como Médico Interno Residente (MIR), después de completar un grado universitario en Medicina y Cirugía de seis años de duración. Los futuros especialistas siguen un currículum formativo para adquirir una serie de habilidades y competencias durante este periodo, necesarias para el desempeño de su profesión como especialistas médicos. Este programa es aprobado por el Ministerio de Sanidad y debe estar basado en recomendaciones como las Guías Europeas (European Society of Radiology (ESR), 2020).

La Tomografía Computarizada (TC) es una modalidad de imagen ampliamente extendida basada en la adquisición de múltiples proyecciones de rayos-X en 360° alrededor del paciente permitiendo la reconstrucción de imágenes orientadas en cualquier dirección del espacio. La evolución tecnológica ha permitido un incremento significativo de sus indicaciones clínicas, que incluyen la detección de nódulos de pulmón y su seguimiento en exploraciones TC sucesivas. Los actuales tomógrafos de tercera generación realizan adquisiciones helicoidales gracias al movimiento continuo de la camilla del paciente mientras el sistema solidario formado por el tubo de rayos-X y la matriz de detectores gira alrededor del paciente. La introducción de la TC multicorte, gracias al uso de matrices de detectores que contienen múltiples filas de elementos detectores en dirección longitudinal ha mejorado sustancialmente sus capacidades, ya que en cada rotación es posible adquirir y reconstruir un gran número de imágenes, cuyo espesor alcanza valores submilimétricos.

Por otra parte, la mamografía es otra modalidad de imagen relevante, el *gold standard* para la detección precoz del cáncer de mama en los programas de cribado y de gran valor también como herramienta diagnóstica. La similitud entre los diferentes tipos de tejidos presentes en la mama, ya sean tejido glandular, fibroso o adiposo, unido a la posible presencia de masas o nódulos de densidad similar impone unas exigencias muy elevadas en resolución de contraste para que estas imágenes tengan un adecuado valor diagnóstico. La presencia de calcificaciones y grupos de microcalcificaciones de pequeño tamaño requiere también una muy buena resolución espacial. La optimización de los espectros de rayos-X con los que se adquieren las mamografías, unido al desarrollo de receptores de imagen con una alta eficiencia de detección en el rango de energías de rayos-X de interés que disponen de píxeles cuyo tamaño no supera algunas decenas de micrómetros, han permitido conseguir una resolución de contraste y espacial adecuada para la detección de todo tipo de lesiones y hallazgos radiológicos de interés (Chevalier et al., 2012; Pfeiffer, 2020).

El Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD) es el conjunto de algoritmos, procedimientos y sistemas informáticos diseñados para asistir al especialista en radiodiagnóstico o de otras especialidades en la interpretación de imágenes médicas (Suzuki, 2012a). La salida o resultado proporcionado por un software CAD es tratada como una “segunda opinión” en las tareas de diagnóstico y/o detección. La clasificación más usual de sistemas CAD, los divide en dos grupos principales (Giger et al., 2008; Suzuki, 2012a), conocidos como sistemas de Detección Asistida por Ordenador (CAdE) y de Diagnóstico Asistido por Ordenador (CAdx). El CAdE está especializado en la localización o detección de candidatos a lesión o ciertos rasgos o características patológicas. Por su parte, el CAdx se centra en la clasificación de los candidatos entre diferentes tipos o categorías, en diferenciar entre lesiones benignas o malignas, o estimar su grado de malignidad.

Los sistemas de Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD) han demostrado ser herramientas muy útiles para asistir a los radiólogos (Soffer et al., 2019) y tienen muchas aplicaciones en el campo del radiodiagnóstico (Suzuki, 2012a). El cáncer de pulmón es el tipo de tumor maligno con mayor incidencia y mortalidad a nivel mundial (Global Burden of Disease

Cancer Collaboration et al., 2019). Esta elevada incidencia y mortalidad asociada, motiva que la detección y clasificación de nódulos en TC está entre las principales aplicaciones clínicas de CAD en radiodiagnóstico. El tipo de cáncer con mayor incidencia y mortalidad en mujeres es el de mama (Sung et al., 2021). La mamografía destaca entre las modalidades de imagen para la detección del carcinoma de mama y de calcificaciones (Sree et al., 2011). Esta es la razón por la se han desarrollado un gran número de sistemas CAD en la literatura científica para su detección y diagnóstico (Guo et al., 2022).

El uso de sistemas de DL en el campo de la radiología ha ganado popularidad en los últimos años debido a su capacidad para extraer información con un alto nivel de abstracción de grandes conjuntos de datos (LeCun et al., 2015). Un tipo de ANN inspirado en el córtex visual, conocido como red CNN ha demostrado ser muy útil para el reconocimiento de imágenes y la identificación de patrones (Yasaka et al., 2018; McBee et al., 2018).

Uno de los aspectos clave para el desarrollo de sistemas CAD es la disponibilidad de bases de datos de imágenes clínicas con anotaciones que contengan un número de casos elevado, con datos fiables y que hayan sido validadas siguiendo procedimientos adecuados (Willemink et al., 2020). Estas colecciones de imágenes contienen información relacionada con las características de las lesiones o patologías, así como casos libres no patológicos, proporcionada por expertos en la modalidad de imagen considerada. La construcción de estas bases de datos requiere un esfuerzo considerable por parte de las instituciones, hospitales y profesionales involucrados en su desarrollo, lo que explica su reducida disponibilidad.

Las bases de datos de acceso público han sido diseñadas para su utilización por parte de la comunidad científica en general con propósitos de investigación y educativos, siempre que se cumplan unas condiciones establecidas en sus políticas de uso, acuerdos de licencia y políticas de cita. El principal requisito que deben cumplir los investigadores que las utilicen es excluir cualquier tipo de práctica que genere lucro. Existen también otros repositorios en cuyo desarrollo están involucradas empresas o casas comerciales para el desarrollo de software o aplicaciones clínicas de determinados productos.

Entre los repositorios de imágenes de TC torácico utilizados en esta Tesis Doctoral se encuentra *The Lung Image Database Consortium image collection (LIDC-IDRI)*, que contiene un amplio conjunto de estudios de TC diagnósticos y de cribado del cáncer de pulmón, con segmentaciones validadas por especialistas en radiodiagnóstico con una amplia experiencia en este campo (Armato et al., 2011). Otra base de datos utilizada es *SPIE-AAPM Lung CT Challenge (SPIE-AAPM)*, creada para facilitar la creación de algoritmos relacionados con la detección y clasificación de nódulos y el análisis cuantitativo de imágenes por (Armato III, Samuel, et al., 2015). El tercero de los repositorios contiene estudios de la modalidad de imagen híbrida PET-CT, que permite disponer de un estadiaje TNM y una clasificación histopatológica de los casos de cáncer de pulmón que contiene. Se trata de *Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis (Lung-PET-CT-Dx)* desarrollada gracias a una alianza entre universidades y centros hospitalarios (P. Li et al., 2020).

Uno de los primeros y más conocidos repositorios de mamografías es *Digital Database for Screening Mammography* (Heath et al., 2001), desarrollada por la Universidad de Florida, que contiene 2620 casos de mamografías digitalizadas, agrupados en 43 volúmenes y etiquetados como “normales”, “ benignos” o “cáncer”. Las anotaciones fueron realizadas por especialistas en radiodiagnóstico experimentados siguiendo el sistema de puntuación estándar *Breast Imaging - Reporting and Data System (BI-RADS)*. Otra base de datos es *mini_MIAS* (Suckling et al., 1994), que contiene mamografías digitalizadas con un tamaño de matriz de 1024 x 1024

píxeles. La información que proporciona sobre las lesiones incluye el tipo de tejido de fondo, la clase y severidad de la anomalía, su localización y su radio.

Para el desarrollo de diferentes aspectos de esta Tesis Doctoral se han utilizado bases de datos de mamografías de más reciente creación, como *Breast Cancer Digital Repository* (BCDR) (Guevara Lopez et al., 2012). Está formada por 1125 estudios y más de 3700 mamografías clasificadas en diferentes conjuntos, con 1044 lesiones descritas. Fueron adquiridas con equipos digitales o digitalizadas con alta resolución. También se ha utilizado la versión actualizada y estandarizada de la base de datos DDSM, conocida como *Curated Breast Imaging Subset of digital Database for Screening Mammography* (CBIS-DDSM) (R. S. Lee et al., 2017), que constituye un repositorio de 2620 estudios de mamografía, clasificados como normales, benignos y malignos, de gran utilidad para el desarrollo de sistemas CAD. El repositorio de estudios de mamografía de cribado con segmentaciones anatómicas semánticas (Matsoukas et al., 2020) ha servido para la validación de los sistemas CAD creados, así como para enriquecer la tipología de casos y lesiones analizables mediante la aplicación educativa JORCAD.

El uso de estas y otras bases de datos ha permitido entrenar una amplia variedad de sistemas CAD que abarcan un gran número de aplicaciones clínicas, siendo dos de ellas de especial interés para esta Tesis Doctoral, por ser la base de sus desarrollos. Se trata de la detección de nódulos en TC de tórax y la detección de lesiones en mamografías. Los conjuntos de datos de nódulos y no-nódulos, así como de lesiones y no-lesiones de mamografía utilizados han sido generados íntegramente como parte de esta Tesis a partir de las imágenes radiológicas y la información proporcionada en las anotaciones de las bases de datos, utilizando métodos de procesado y técnicas de expansión de los conjuntos de datos.

En esta Tesis Doctoral se desarrollan sistemas CAD basados en redes de tipo CNN para la detección de nódulos en TC de tórax y la detección de diferentes tipos de lesiones (calcificaciones, microcalcificaciones y masas) en mamografía. El enfoque adoptado para la preparación de los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test de estos sistemas es el de matrices multi-escala. Debido a la variabilidad en morfologías y tamaños de nódulos y lesiones, y teniendo en cuenta la diferente resolución espacial de las modalidades radiológicas de interés, se utilizan cinco tamaños diferentes para cada una de ellas.

El punto de partida para estos desarrollos es la generación de conjuntos de datos de nódulos y no-nódulos o lesiones y no-lesiones sin utilizar ningún dato preexistente, a partir de las imágenes y la información proporcionada por las bases de datos anotadas. También se aplican técnicas de preprocesado de los datos y métodos de expansión del tamaño de los recortes obtenidos. En el caso del TC de tórax, los recortes utilizados para entrenar los diferentes modelos de CNN fueron extraídos de la base de datos *LIDC-IDRI*, mientras que en mamografía se combinaron recortes procedentes de dos bases de datos diferentes: *BCDR* y *CBIS-DDSM*.

Mediante el entrenamiento de un amplio número de modelos con variaciones de los hiperparámetros ajustables, se persigue optimizar el funcionamiento de las redes CNN para encontrar aquellas con mejor capacidad de generalización y que por tanto han sido capaces de aprender mejor. Los modelos construidos constan de tres capas de convolución para TC de tórax y de cuatro, cinco y seis capas para mamografía. Entre los hiperparámetros modificables se encuentra la constante de tasa de aprendizaje, el número de kernels o filtros por capa, los tamaños de los kernels, las operaciones de *pooling* o la función de activación, entre otros.

El análisis de los resultados se centra en los procesos de entrenamiento y test, evaluando la exactitud de clasificación (como nódulos y no-nódulos), sensibilidad, especificidad, otros parámetros de la matriz de confusión y los valores de la función de coste. También se construyen

las curvas *Receiver Operating Characteristics* (ROC) para conocer el desempeño con umbrales de clasificación variables.

El problema de la clasificación de tejido pulmonar en TC como nódulos utilizando CNNs fue abordado por W. Li et al. (2016) utilizando un modelo de red con dos capas de convolución y tres capas completamente conectadas, *kernels* de tamaño 5 x 5 y recortes extraídos de la base de datos *LIDC-IDRI*, reportando una sensibilidad de detección del 87.1%. Otro esquema CAD que disponía de dos capas de convolución compuestas por 50 y 100 filtros respectivamente fue propuesto por Shen et al. (2015). Aplicando técnicas de expansión del conjunto de datos (*Data Augmentation*) a un conjunto de nódulos extraídos de *LIDC-IDRI*, permitió obtener una exactitud de clasificación del 84%.

El uso de redes CNN alimentadas por recortes multi-escala fue extendido a la clasificación de diferentes texturas en enfermedades de pulmón intersticiales por Wang et al. (2018). Su modelo de red estaba compuesto por tres capas de convolución (el mismo número de capas utilizado en esta Tesis Doctoral para la detección de nódulos en TC de tórax), y alcanzaba una exactitud y precisión de alrededor del 90%.

Otro conjunto de datos, utilizado en el encuentro científico *Kaggle Data Science Bowl* (2017), sirvió como base para la investigación de Alakwaa et al. (2017). Su implementación alcanzó una exactitud del 86.6% con una tasa de falsos positivos (FP) del 11.9%, asignando 5 grados de malignidad a los nódulos. Este conjunto de datos fue utilizado también por Fatan et al. (2018) para evaluar con su sistema de 3 capas de convolución integradas por 50, 120 y 120 *kernels* de tamaño 11, 5 y 3 respectivamente, un conjunto de recortes de entrada de tamaño 120 x 120.

Por otra parte, Tran et al. (2019) utilizaron un modelo de red CNN muy profundo, compuesto por 15 capas de convolución. Este sistema fue entrenado con un conjunto de recortes de tamaño 64 x 64 extraídos de la base de datos *LUNA16* y aumentado artificialmente. El tamaño de los *kernels* era de 5 x 5 en la primera capa, siendo de 3 x 3 en todas las capas subsiguientes, práctica recomendable para mejorar el funcionamiento de las redes, como se demostrará en esta Tesis. Obtuvieron una exactitud del 97.2% utilizando una función de pérdidas de tipo *focal loss*.

Mediante la introducción de variaciones en las operaciones de *pooling*, Shen et al. (2017) aplicaron un enfoque multi-recorte a los mapas de características que alimentaban su red CNN. Los sistemas MC-CNN entrenados en su investigación con un conjunto de nódulos aumentado procedente de *LIDC-IDRI*, filtros de pequeño tamaño y tres capas de convolución, alcanzaron una exactitud del 87.14%.

Un tipo específico de red CNN, creado por Lyu & Ling (2018), fue denominado como CNN multi-nivel. Está basado en una combinación de redes CNN con diferentes *kernels* que alimentan una capa completamente conectada y un clasificador de tipo *softmax*. Los autores reportaron una exactitud de su sistema del 84.31% sobre nódulos de *LIDC-IDRI*. La base de datos *LUNA16* fue utilizada para desarrollar un conjunto de tres redes tridimensionales (3D-CNN) de profundidad variable por Huang et al. (2019). Utilizando datos de entrada de tamaño (32, 64, 96) y filtros de 5 x 5, alcanzaron exactitudes del 81.7% y 85.1% con 0.125 y 0.25 FP por escaneo.

Las dos principales aplicaciones del CAD en mamografía son la detección y clasificación de calcificaciones y grupos de microcalcificaciones, entre las que se encuentran algunos de los primeros sistemas desarrollados y la detección y clasificación de masas. Las primeras implementaciones del CAD en mamografía estaban dedicadas a la detección de grupos de microcalcificaciones (Chan 1999). Un sistema especializado en la detección de grupos de

microcalcificaciones fue desarrollado por (Ge et al., 2006). Su herramienta CAD basada en redes CNN consiguió una exactitud de clasificación del 90%.

Arevalo et al. (2016) desarrollaron un sistema basado en CNN para la clasificación de masas en mamografías, capaz de aprender características de las imágenes mediante un algoritmo supervisado. Los resultados proporcionados por su modelo de cuatro capas de convolución y una capa completamente conectada, que utilizaba métodos de regularización alcanzaron un valor del área bajo la curva Característica Operativa del Receptor (ROC) de 0.826, superando a otros métodos tradicionales basados en la extracción manual de características y a sistemas avanzados previamente entrenados con imágenes no relacionadas.

Los sistemas CAD basados en redes CNN son herramientas muy valiosas para la clasificación de lesiones en los programas de cribado para la detección precoz del cáncer de mama. Chougrad et al., (2018) centraron su investigación en este tipo de mamografías para evitar la realización de biopsias innecesarias. Utilizando imágenes de las bases de datos de *InBreast* y *DDSM*, y tras un proceso de ajuste de diferentes tipos de CNN, consiguieron una exactitud del 95% y un área bajo la curva ROC de 0.97 para la primera, siendo la exactitud del 97.4% y el área de 0.98 para la segunda. El CAD resulta de especial utilidad en los programas de cribado, ya que la “segunda opinión” proporciona un apoyo clave que facilita el diagnóstico de un elevado número de mamografías que en su mayor parte resultan ser normales o sin hallazgos radiológicos significativos.

Dentro de la vertiente de algoritmos CAD dedicados al diagnóstico de lesiones en mamografía, (Ayer, Alagoz, et al., 2010) desarrollaron un sistema de CADx entrenado con diferentes descriptores que además de diferenciar entre lesiones benignas y maligna, realizaba una predicción sobre la probabilidad de que la lesión fuera cancerosa.

H. Li et al. (2021) combinaron características de extraídas mediante redes CNN dos vistas complementarias de mamografía, correlacionando la información entre ellas. Utilizaron recortes de la base de datos DDSM para entrenar y comprobar sus modelos. Obtuvieron una exactitud de clasificación del 0.947 y un área bajo la curva ROC de 0.968. Su modelo de arquitectura DL prescindía del uso de operaciones de *pooling* implementando convoluciones con diferente valor de paso.

Otros sistemas avanzados que forman parte de recientes investigaciones han permitido la clasificación de asimetrías en el tejido mamario no consideradas como masas (Yu et al., 2019), la detección de masas mediante el uso de nuevos tipos de sistemas de IA como las redes CNN de resolución completa (FrCN) utilizadas por Al-antari et al., (2018) o los sistemas CAD basados en Faster-R-CNN que permiten detectar y localizar lesiones de diferentes tipos (Ribli et al., 2018).

Los desarrollos basados en IA el campo de la mamografía se producen a tanta velocidad y son tan numerosos que las revisiones realizadas por diversos autores sobre la aplicación de las redes CNN resultan útiles para abordar su estudio de forma estructurada (Abdelrahman et al., 2021)

La necesidad de un análisis retrospectivo que involucre la revisión de estudios radiológicos anteriores motivó la creación de un CAD dedicado al análisis de las variaciones temporales en mamografías (Ma et al., 2015). Su sistema realizaba un registro espacial basado en una serie de ROIS segmentadas, creando una correspondencia entre las regiones de la mamografía actual y la anterior. Reportaron una ganancia a la hora de clasificar lesiones utilizando este método con respecto al análisis de mamografías no correlacionado temporalmente.

Otras aplicaciones del CAD en mamografía incluyen la clasificación de tejidos a partir de la segmentación de estructuras (Dubrovina et al., 2016). Utilizaron una arquitectura CNN de 7 capas, siendo las tres iniciales de convolución, junto con funciones activación de tipo unidad lineal rectificadas (*ReLU*) para categorizar los tejidos píxel a píxel como músculo pectoral, tejido fibroglandular, tejido general (adiposo y piel) y pezón.

En esta Tesis Doctoral se realiza un estudio exhaustivo de la influencia de los hiperparámetros ajustables en los resultados de las redes CNN de ambas modalidades. Se introducen diferentes variaciones en los modelos de 3 capas de convolución de TC de tórax creados, así como en las redes CNN de diferente profundidad utilizadas en mamografía (simulaciones con 4, 5 o 6 capas). Entre los hiperparámetros modificados se encuentran la constante de tasa de aprendizaje, el número de *kernel*s por capa, el tamaño de cada uno de ellos, la distribución de las operaciones de *pooling*, el número de neuronas en la capa completamente conectada o incluso la función de activación neuronal. El análisis se centra en los procesos de entrenamiento y test, evaluando la evolución de la exactitud de clasificación, los parámetros de la matriz de confusión y los valores de la función de pérdidas entre otros parámetros.

Los sistemas CAD constituyen herramientas de gran utilidad para validar los hallazgos de los radiólogos en la práctica clínica, y por lo tanto mejorar su rendimiento, como demostraron Ye et al. (2021). Su investigación se centró en la imagen ecográfica tridimensional de la mama, y consistió en una validación retrospectiva de las anotaciones de los radiólogos con un software CAD. Sus resultados demostraron que el sistema mejoraba la exactitud de los especialistas y era útil para efectuar una doble lectura de los estudios, especialmente importante para reducir el número de FP en los programas de cribado. Otro ejemplo en el que el CAD mostró su gran potencial en el área de la ecografía de mama, fue descrito por Van Zelst et al. (2020). La detección automática de lesiones permitió mejorar el área bajo la curva ROC de forma significativa. Los autores inciden en la utilidad del CAD como herramienta de apoyo que puede disminuir el número de casos que requieren de una segunda lectura por observadores humanos.

Otra aplicación clínica en la que el CAD ha demostrado ser de gran utilidad para validar lesiones en la práctica clínica es la detección de pólipos en colonografía TC por parte de radiólogos inexpertos (Boone et al., 2015). Un estudio relacionado con la adecuación de un sistema CAD para mejorar la interpretación de estudios de colonografía TC por parte de radiólogos poco experimentados y monitorear cómo afecta a su proceso de aprendizaje fue realizado por (Sali et al., 2018). Un grupo de 17 especialistas sin experiencia previa en colonografía TC informó un conjunto de casos usando el CAD como segunda opinión. Después fueron divididos en dos grupos, para continuar analizando casos sin y con ayuda del CAD. De acuerdo con los resultados de su trabajo, el CAD mostró un gran potencial para incrementar la sensibilidad por lesión, aunque su influencia en el aprendizaje cuando fue utilizado durante la formación no se consideró muy relevante.

Otra vertiente de uso del CAD en radiodiagnóstico es el desarrollo de sistemas y aplicaciones específicas para la formación de estudiantes de Medicina y de médicos internos residentes, e incluso para la formación continuada de especialistas. La IA tiene un gran potencial para el desarrollo de sistemas que se adapten a las necesidades formativas de cada colectivo, poniendo a disposición de los usuarios sus capacidades para la detección y diagnóstico en un gran número de modalidades radiológicas y aplicaciones clínicas, permitiendo adaptar la dificultad de los casos al alumno, dotando a los sistemas de herramientas que permiten hacer un seguimiento de los progresos y una autoevaluación de las habilidades adquiridas.

En esta Tesis Doctoral se ha desarrollado una aplicación educativa en radiodiagnóstico, denominada JORCAD que integra un amplio conjunto de casos pertenecientes a diferentes bases

de datos de imágenes radiológicas anotadas de las modalidades de TC de tórax y mamografía con la herramienta CAD basada en redes CNN de creación propia, entrenada y optimizada, también como parte del desarrollo metodológico de la Tesis. El funcionamiento y la interconexión de todos los componentes de la aplicación para que interactúe adecuadamente con el usuario requiere de un conjunto de etapas que serán descritas.

Un estudio comparativo del impacto del CAD en el desempeño de los radiólogos experimentados frente a los especialistas con poca experiencia en la detección del cáncer en mamografías (Balleyguier et al., 2005) demostró una mejora significativa en el segundo grupo gracias a su uso, incrementando su sensibilidad. En este estudio se pone de relevancia la utilidad del sistema CAD como una herramienta educativa. En esta Tesis Doctoral se desarrolla una aplicación de software educativo, denominada JORCAD, que integra un sistema CAD basado en las redes CNN entrenadas en las primeras partes de su desarrollo metodológico, para su uso como herramienta formativa en radiodiagnóstico.

Un proyecto relevante, relacionado con el aprendizaje a distancia (*e-learning*) en radiología, fue llevado a cabo gracias a una colaboración entre CETA-CIEMAT (España), INEGI y FMUP-HSJ (Portugal) (Suárez-Ortega & Franco-Valiente, 2013). Su investigación estaba focalizada en el desarrollo de una plataforma web para la formación de especialistas en radiodiagnóstico. Este tipo de sistemas difiere radicalmente de las metodologías utilizadas tradicionalmente para la formación de especialistas, basadas en la lectura de imágenes y en el análisis de casos bajo la asistencia y supervisión de un tutor o experto, ya que proporcionan herramientas de autoevaluación y permiten consultar casos previamente validados y verificados.

Mdletshe et al. (2019) evaluaron la viabilidad de un sistema CAD especializado en el reconocimiento de patrones en radiografías de tórax para su uso en la formación de estudiantes de grado. El propósito de su investigación era obtener información útil que pudiera servir de guía para diseñar herramientas CAD de detección de patrones en este tipo de radiografías. La información fue obtenida mediante entrevistas individuales y grupales, lo que sirvió para establecer conclusiones como la importancia de aplicar un enfoque estructurado que permita mejorar ciertas habilidades específicas mediante el CAD, así como simular experiencias del mundo real durante el análisis de imágenes. Los autores indican que la disponibilidad de una amplia variedad de casos es un punto clave para desarrollar sistemas de *e-learning*.

Un enfoque diferente para el aprendizaje en radiodiagnóstico, basado en la gamificación, fue aplicado a la detección de neumotórax en radiografía simple de tórax por Winkel et al. (2019). Utilizaron una serie de casos clasificados en diferentes niveles de acuerdo con su grado de dificultad, que los usuarios intentaron resolver recibiendo una retroalimentación inmediata del software. Los autores demostraron una reducción en las tasas de error y un incremento de la confianza en el diagnóstico, además de recibir la aprobación de los profesionales que utilizaron su sistema.

Un trabajo interesante relacionado con los efectos del CAD como herramienta formativa a utilizar durante la residencia en radiodiagnóstico, así como en programas de formación de técnicos de imagen, fue conducido por Luo et al. (2005). Un pequeño grupo de radiólogos leyó una serie de mamografías antes y después de recibir un programa de formación basado en el uso del CAD, de cuatro semanas de duración. Existió una mejora estadísticamente significativa en los resultados tras asistir a dicho programa. Otros investigadores han organizado cursos prácticos para comprobar la influencia del CAD en la sensibilidad de los especialistas en radiodiagnóstico, prestando especial atención a aquellos sin experiencia previa (Neri et al., 2011).

Trieu et al. (2021) abordaron el diseño de conjuntos de datos creados específicamente para mejorar la exactitud de detección en mamografía y proporcionar un *feedback* que permita a los radiólogos identificar los errores y lesiones que suelen pasar inadvertidas con mayor frecuencia. Como consecuencia de su uso fue reportada una mejora en la sensibilidad tanto a nivel de caso como de lesión, una mejora en la curva ROC y un incremento en la exactitud de detección de masas espiculadas. Esto refuerza el hecho de que una vez identificadas los puntos fuertes y débiles de cada lector, se pueden abordar de forma específica sus necesidades y mejorar el proceso de aprendizaje.

Otras técnicas de enseñanza como el aprendizaje híbrido (*blended learning*), opuestas a los métodos tradicionales, fueron aplicadas en un programa de formación en radiología de mama por Vásquez et al. (2017). Su investigación demostró la utilidad de esta metodología para la formación continua en medicina. Los participantes accedieron a una biblioteca online y recibieron un entrenamiento inicial por parte de expertos, antes de analizar los casos de forma individual en un simulador integrado en un Sistema de Almacenamiento y Distribución de imágenes (PACS). Realizaron test pre-curso y post-curso, que analizaron para evaluar el impacto de la actividad en el desempeño de los radiólogos, obteniendo buenos resultados.

Un nuevo concepto, llamado aprendizaje basado en el trabajo (*work-based learning*) en combinación con una experiencia inmersiva fue introducido en un curso de formación en radiodiagnóstico dirigido a estudiantes de grado en Alemania (Teichgräber et al., 2021). Según las encuestas de satisfacción respondidas por los estudiantes y supervisores, este tipo de cursos proporciona unos resultados muy prometedores sobre el aprendizaje.

Otros tipos de recursos de aprendizaje híbrido en radiología, como el aula invertida y el uso de vídeos cortos, han mostrado mejoras significativas en estudiantes de medicina (Vavasseur et al., 2020). Las nuevas tecnologías permiten adaptar los programas formativos de forma individualizada e incrementar el rendimiento y el compromiso de los estudiantes.

Los esquemas de aprendizaje basados en *e-learning* en general, y particularmente en el área de la radiología, pueden conducir a resultados diferentes dependiendo del tipo de motivación: autónoma u obligatoria. En una investigación para evaluar este aspecto, Mahnken et al. (2011) consideraron dos grupos de estudiantes que habían completado una actividad formativa basada en el análisis electrónico de casos. Concluyeron que el aprendizaje supervisado incrementaba los conocimientos adquiridos y el tiempo de utilización, aunque lo realmente importante era la estrategia elegida para el aprendizaje.

En esta Tesis Doctoral se realiza la validación de una herramienta de software educativo (JORCAD), desarrollada para la formación de residentes de radiodiagnóstico y otras especialidades médicas, cuyo uso podría extenderse a estudiantes de últimos cursos de medicina interesados en la especialidad.

El software fue validado a través de una actividad formativa interactiva dirigida a expertos en radiodiagnóstico que permitió extraer conclusiones relativas a su diseño, usabilidad, variedad de casos e información que contiene, haciendo especial énfasis en la utilidad educativa de la herramienta CAD basada en redes CNN implementada y del sistema de lectura y análisis de casos pertenecientes a bases de datos implementado.

Los contenidos impartidos en la actividad formativa incluyeron los fundamentos teóricos y las etapas seguidas para el desarrollo del software JORCAD, tanto en la fase de implementación del sistema CAD desarrollado en esta Tesis Doctoral, como durante la integración de los casos (imágenes radiológicas, información clínica y radiológica y segmentaciones de las lesiones)

pertenecientes a un conjunto de bases de datos de dos modalidades radiológicas, TC de tórax y mamografía.

La metodología utilizada para evaluar los resultados del proceso de validación adopta un enfoque cuantitativo descriptivo-inferencial, a partir de los datos obtenidos mediante una serie de encuestas propuestas a los participantes expertos durante la actividad. Estas encuestas abordan un amplio espectro de aspectos relacionados con el diseño del software, sus herramientas, grado de usabilidad, incidiendo también en la utilidad y los aspectos educativos de la aplicación. La realización de un análisis estadístico de los resultados de cada una de ellas, estudiando la consistencia y el grado de acuerdo de las valoraciones de los expertos, servirá para extraer conclusiones sobre estas cuestiones.

II. JUSTIFICACIÓN, OBJETIVOS Y ESTRUCTURA

II. JUSTIFICACIÓN, OBJETIVOS Y ESTRUCTURA

El Radiodiagnóstico es una especialidad médica que ha vivido un rápido desarrollo tecnológico en las últimas décadas, convirtiéndose en una herramienta diagnóstica de primer nivel en Medicina.

La IA ha supuesto una revolución en muchas áreas del conocimiento, incluyendo el radiodiagnóstico, donde su irrupción como sistemas de soporte en la toma de decisiones de los especialistas ha supuesto un cambio de paradigma en la práctica clínica. Estos sistemas han demostrado su utilidad en tareas como la detección de lesiones y su clasificación o diagnóstico. Sin embargo, su gran potencial como herramientas que asistan en diferentes etapas del proceso de aprendizaje de estudiantes de medicina y residentes, parece haber quedado en segundo plano con respecto a las aplicaciones clínicas.

El interés en la imagen radiológica y en ambas vertientes de la IA dota a esta Tesis Doctoral de un carácter interdisciplinar, al estar relacionada con la informática mediante el desarrollo de un sistema de IA, la radiología y la física médica a través del uso de imágenes de dos modalidades radiológicas para la detección de lesiones, siendo necesario su tratamiento y procesado, y también con la educación mediante el desarrollo de una aplicación educativa para la formación de especialistas en radiodiagnóstico (JORCAD) y la realización de una actividad formativa interactiva para su validación.

Los objetivos generales de esta Tesis Doctoral son:

- 1.- Desarrollar un sistema CAD basado en redes CNN. La metodología de investigación para la consecución de este objetivo se basa en la construcción de conjuntos de datos que permitan el aprendizaje automático de estos sistemas de IA, seguida de un proceso de experimentación en el que se entrenan múltiples modelos con diferentes parámetros para optimizar los resultados y estudiar su influencia. Las herramientas de evaluación de esta fase son métricas que monitorizan el proceso de entrenamiento y evalúan cuantitativamente los resultados del aprendizaje.
- 2.- Crear una aplicación educativa para la formación de especialistas en radiodiagnóstico. El enfoque adoptado se fundamenta en la programación de código que implemente en la aplicación una serie de utilidades que permitan explorar de forma interactiva casos radiológicos, consultar información relacionada y realizar su análisis mediante el sistema CAD desarrollado anteriormente. Los métodos de evaluación relacionados con este objetivo permiten asegurar la funcionalidad de las herramientas implementadas en el software.
- 3.- Realizar la validación de la aplicación educativa. La metodología de investigación adopta un enfoque cuantitativo descriptivo inferencial basado en el juicio de expertos tras la utilización del software. La evaluación de este objetivo se realizó mediante un análisis estadístico de los resultados de una serie de encuestas generales y específicas con múltiples ítems.

Los tres capítulos incluidos en el bloque **III. Marco teórico** describen los aspectos teóricos que servirán de base para el desarrollo de esta Tesis Doctoral.

El capítulo 1, *La imagen radiológica. Bases de datos de imágenes radiológicas*, recoge aspectos relacionados con el Radiodiagnóstico, centrándose en los fundamentos de las dos modalidades radiológicas utilizadas en este trabajo de Tesis: TC y mamografía. Incluye una descripción de los sistemas de detección de rayos-X utilizados para la formación de las imágenes en estas modalidades y sus aplicaciones clínicas.

En él también se proporciona una visión general de las bases de datos de imágenes radiológicas, que juegan un papel fundamental en el desarrollo de proyectos de investigación relacionados con la creación de sistemas de detección y diagnóstico asistidos por ordenador (CAD). También sirven para la creación de herramientas de segmentación y procesamiento de imágenes, son útiles para la mejora y optimización de protocolos clínicos y tienen un gran potencial para la formación de especialistas médicos y estudiantes de medicina.

El auge de la IA ha motivado que una de las principales aplicaciones de las bases de datos sea su uso para el entrenamiento de sistemas basados en ML mediante algoritmos de aprendizaje supervisado. Disponer de conjuntos de imágenes anotadas y con lesiones segmentadas por expertos permite disponer de una información de base de gran valor, conocida como *ground truth*.

En este capítulo se realiza una descripción general del repositorio de bases de datos *The Cancer Imaging Archive (TCIA)*. En dos secciones específicas del capítulo se describen la organización y los contenidos de las 6 bases de datos que han sido utilizadas en esta Tesis Doctoral.

El capítulo 2, *Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD): métodos, algoritmos y aplicaciones clínicas*, explica el uso de la IA en la radiología para el desarrollo de sistemas CAD. Estas herramientas automáticas han demostrado su utilidad para los especialistas que interpretan imágenes radiológicas, proporcionándoles información que puede ser utilizada como una segunda opinión o datos complementarios en el proceso de toma de decisiones.

Este capítulo comienza con una introducción histórica del CAD y una descripción de sus principales tipos, enumerando sus ventajas y limitaciones. En él se realiza un recorrido por las principales aplicaciones clínicas de los sistemas CAD en radiología, con especial énfasis en el estado del arte de aquellos basados en redes neuronales de convolución (CNN). Se dedican secciones específicas al uso del CAD para la detección de nódulos en TC de tórax, a la mamografía y a sus aplicaciones educativas. Este capítulo concluye con las aplicaciones en otras modalidades como la radiología convencional, otros usos en tomografía computarizada y la colonografía TC.

El capítulo 3, *Redes Neuronales de Convolución (CNN)*, comienza con una descripción de los sistemas de IA conocidos como redes neuronales artificiales (ANN), y los métodos de aprendizaje profundo o *Deep Learning (DL)*, para centrarse posteriormente en las redes CNN, por ser los sistemas utilizados en el desarrollo de esta Tesis Doctoral. Contiene secciones dedicadas a las funciones de activación neuronales, la operación de las capas de convolución y de *pooling*, el número de parámetros y la dimensionalidad de los datos procesados mediante CNNs, algoritmos de aprendizaje, sistemas de clasificación y métodos de regularización.

El bloque **IV. Desarrollo metodológico** se divide en tres estudios cuyo desarrollo en el tiempo es secuencial, ya que para la ejecución de cada uno de ellos se requieren herramientas de software programadas en los estudios anteriores.

El *Estudio 1*, denominado "*Desarrollo de un sistema CAD basado en redes neuronales de convolución*" se centra en el desarrollo desde la base de un sistema de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basado en Inteligencia Artificial (IA). Este sistema está basado en métodos de

aprendizaje automático (ML) y se fundamenta en un tipo de redes neuronales artificiales (ANNs) conocido como redes neuronales de Convolución (CNNs).

Todas las etapas necesarias para crear el sistema CAD han sido llevadas a cabo teniendo en cuenta principios fundamentales y ejecutadas paso a paso, sin recurrir a conjuntos de datos preexistentes o modelos previamente entrenados. La gestión, tratamiento y procesado de las imágenes radiológicas constituye una etapa importante para poder obtener resultados de calidad derivados del aprendizaje de los sistemas de IA.

El sistema CAD de creación propia puede aplicarse a dos modalidades radiológicas, la tomografía Computarizada (TC), en concreto a la tarea de la detección de nódulos en TC de tórax, así como a la detección de lesiones de diferentes características (calcificaciones, grupos de microcalcificaciones, masas y distorsiones de la arquitectura) en mamografías.

En este *Estudio* se realiza un análisis exhaustivo de la influencia de los hiperparámetros ajustables en el funcionamiento de las redes CNN. Para ello se modifican secuencialmente, estudiando su influencia en el proceso de aprendizaje para encontrar aquellas combinaciones que producen mejores resultados.

Una vez entrenados, estos sistemas realizan la diferenciación o clasificación en dos categorías de los datos de entrada, ya sea como nódulo o no-nódulo en TC de tórax o bien como lesión o no-lesión en mamografía, proporcionando una probabilidad de pertenencia a cada una de ellas.

Los objetivos específicos relacionados con el *Estudio 1*, las hipótesis planteadas, y la descripción de las etapas del proceso se exponen en el apartado 4, incluido en el bloque *IV. Desarrollo metodológico*.

El *Estudio 2*, denominado “*Desarrollo de la aplicación educativa JORCAD para la formación de especialistas en Radiodiagnóstico*” se centra en la creación y desarrollo de una herramienta de software educativa para el aprendizaje en el área del radiodiagnóstico. Esta aplicación, denominada JORCAD, permite la integración de los sistemas basados en redes CNN desarrollados en el primer estudio, en combinación con bases de datos de imágenes radiológicas y otras herramientas educativas que permiten acceder y analizar una gran variedad de casos.

Los objetivos específicos relacionados con el *Estudio 2*, las hipótesis planteadas, y la descripción de las etapas de creación de JORCAD se exponen en el apartado 5, incluido en el bloque *IV. Desarrollo metodológico*.

La tercera etapa del desarrollo metodológico, *Estudio 3*, se denomina “*Validación de la aplicación educativa JORCAD por expertos*”. La metodología de investigación adoptó un enfoque cuantitativo descriptivo inferencial basado en la evaluación de la aplicación de software por un grupo de expertos después de su utilización en una actividad teórico-práctica.

La validación de la utilidad educativa del software JORCAD se basó en el juicio de un grupo de 26 expertos en el área de radiodiagnóstico en el marco de una actividad formativa interactiva en la que se expusieron una serie de contenidos teóricos, y cuya parte fundamental consistió en el uso práctico de la aplicación por todos ellos. La metodología para realizar la validación educativa y el análisis de los resultados derivados se desarrollarán en posteriores secciones.

Los objetivos específicos relacionados con el *Estudio 3*, las hipótesis planteadas, y la descripción de las etapas de validación del software JORCAD se exponen en el apartado 6, incluido en el bloque *IV. Desarrollo metodológico*.

El último apartado del bloque **IV. Desarrollo metodológico**, denominado *Discusión y conclusiones* incluye una discusión de cada uno de los tres estudios descritos anteriormente. Posteriormente recoge las conclusiones y contribuciones de esta Tesis Doctoral.

III. MARCO TEÓRICO

III. MARCO TEÓRICO

1. La imagen radiológica. Bases de datos de imágenes radiológicas

1.1. Modalidades radiológicas

El Radiodiagnóstico es una especialidad médica fundamentada en el análisis e interpretación de imágenes médicas obtenidas utilizando fuentes de radiación ionizante y no ionizante, ya sea para la detección, diagnóstico y caracterización de un gran número de patologías (radiología diagnóstica), o para el guiado de procedimientos terapéuticos mínimamente invasivos por imagen (radiología intervencionista). Forma parte del diagnóstico por imagen o radiología, que también incluye a la Medicina Nuclear.

La imagen radiológica puede obtenerse mediante una amplia variedad de tipos de equipos, técnicas de adquisición y procedimientos, por lo que se distinguen las denominadas modalidades radiológicas. Dentro de las que utilizan radiaciones ionizantes se distinguen de manera general: la radiografía simple, la mamografía, la fluoroscopia, la Tomografía Computarizada (TC), la Medicina Nuclear y las modalidades híbridas (como el SPECT-TC, PET-TC, PET-RMN). Existen dos modalidades que utilizan radiaciones no ionizantes como son los ultrasonidos y la imagen por resonancia magnética nuclear (RMN).

Las imágenes de fluoroscopia pueden adquirirse con diferentes tipos de equipos como los telemandos, que permiten obtener estudios funcionales del aparato digestivo, urinario o ginecológicos o los arcos quirúrgicos (arcos en C) utilizados para el guiado por imagen de una gran variedad de procedimientos quirúrgicos. También los angiógrafos digitales utilizan esta modalidad en combinación con series de radiografías y estudios de tomografía computarizada de haz cónico (CBCT) para el guiado de procedimientos cardiológicos diagnósticos y terapéuticos invasivos realizados en las unidades de hemodinámica y electrofisiología, así como en las unidades de radiología vascular intervencionista integradas en los servicios de Radiodiagnóstico.

La Tomografía Computarizada (TC) es una modalidad de imagen ampliamente extendida basada en la adquisición de múltiples proyecciones de rayos-X desde diferentes ángulos durante una rotación del tubo y los detectores alrededor del paciente. La tercera generación de equipos TC, actualmente helicoidales y multicorte, permite la reconstrucción de imágenes en planos anatómicos de cualquier orientación, así como volúmenes tridimensionales. La evolución tecnológica ha aumentado de forma dramática el número de indicaciones clínicas del TC, entre las cuales se incluyen la detección de nódulos pulmonares y su seguimiento en exploraciones de TC de tórax. La reciente aparición de los equipos de TC de doble energía o TC espectral en los últimos años ha revolucionado de nuevo esta modalidad.

La mamografía es otra modalidad relevante, el *“gold standard”* para el diagnóstico del cáncer de mama y su detección precoz en programas de cribado mamográfico. Mediante la adquisición de dos proyecciones (cráneo-caudal y mediolateral oblicua) se obtiene estudios de rutina para su evaluación diagnóstica, aunque existen otros tipos de proyecciones como las magnificadas y

otras aplicaciones relevantes como el guiado de biopsias. Cabe destacar también su uso a nivel poblacional en programas de cribado en los que se realizan mamografías a mujeres asintomáticas sin síntomas clínicos o sospechas para detectar el cáncer de mama en estadios precoces o bien aquellos casos clínicamente ocultos.

Por ser las modalidades de imagen utilizadas para el desarrollo de esta Tesis Doctoral, en este capítulo se describirán las características principales de la TC y la mamografía.

En España, dentro del área del diagnóstico por imagen existe otra especialidad médica, la Medicina Nuclear, que utiliza radiotrazadores (radiofármacos) administrados a los pacientes por vía oral o intravenosa para adquirir estudios fisiológicos tras su biodistribución. Mediante la detección de la radiación emitida por los pacientes se evalúa la función de diferentes órganos y sistemas. Las dos modalidades de imagen principales en Medicina Nuclear son la Tomografía de Emisión de Fotón Único (SPECT) y la Tomografía de Emisión de Positrones (PET). Actualmente estos equipos disponen además de un escáner de Tomografía Computarizada (TC), por lo que se les denomina híbridos. El TC aporta información anatómica y funcional que sirve para localizar las captaciones detectadas mediante SPECT o PET, además de servir para realizar la corrección de atenuación que permiten reproducir con mayor exactitud la distribución del radiotrazador en el organismo.

La formación especializada en Radiodiagnóstico en España comprende un periodo de residencia de cuatro años de duración. Para acceder a una de las unidades docentes hospitalarias donde se imparte los aspirantes realizan un examen de acceso que se celebra de forma anual a nivel nacional (examen MIR). Además de superar este examen, los futuros residentes deben haber superado un Grado universitario en Medicina y Cirugía de seis años de duración para poder optar a una de las plazas ofertadas. Durante el periodo de residencia, los futuros especialistas siguen un Programa de Formación educativa correspondiente a la especialidad de Radiodiagnóstico, lo que les permitirá adquirir las habilidades y competencias necesarias para su desempeño profesional como especialistas médicos. Estos programas formativos son aprobados por el Ministerio de Sanidad y se basan en Recomendaciones como las guías de la Sociedad Europea de Radiología (ESR, 2020)

La utilidad y el beneficio derivado del análisis de un examen radiológico dependen en gran medida de dos factores fundamentales. Por una parte, la calidad de la imagen radiológica, es decir, su capacidad para registrar fielmente las características anatómicas y fisiológicas de la región o proceso estudiado.

Ésta viene determinada principalmente por dos elementos. En primer lugar, las prestaciones del equipo productor de radiaciones y su receptor de imagen, incluyendo los procesos de calibración y ajuste de los diferentes componentes de la cadena de imagen. En segundo lugar, el procesado de la imagen, que es un elemento crítico. El procesado tiene la capacidad de convertir la salida de un sistema de formación de imagen mediocre en una imagen perfectamente válida para el diagnóstico, aunque también puede empeorar la imagen de un detector excelente si no se aplica correctamente. Los algoritmos de procesado de imagen han evolucionado desde los ajustes de ancho y nivel de ventana o el uso de histogramas y métodos que operan en el espacio de frecuencias como el realce de bordes o las técnicas de reducción de ruido hasta el procesado multifrecuencia. La última generación de técnicas de procesado utiliza algoritmos que operan de forma autónoma, basados en muchos casos en sistemas de IA. Estos algoritmos seleccionan automáticamente los rangos de escala que optimizan la visualización de la imagen, permiten reconocer partes del cuerpo y aplicarles procesados específicos.

Conviene mencionar en este punto que la optimización de la técnica radiológica mediante una adecuada selección de los parámetros de adquisición es muy importante, al controlar el balance entre calidad de imagen y dosis absorbida por el paciente, un aspecto muy a tener en cuenta en uso de radiaciones ionizantes.

Otro elemento clave en la utilidad y el beneficio de un examen radiológico es la capacidad de interpretación y análisis de las imágenes por parte del especialista en radiodiagnóstico. Este proceso depende de una serie de factores como la experiencia del especialista, su fatiga visual, su confianza en proceso de reportar anomalías radiológicas, la formación recibida y los conocimientos previos (Ganesan et al., 2018).

Sin embargo, está sujeto a una serie de limitaciones, y como han demostrado numerosos estudios, un análisis retrospectivo de estas tareas refleja problemas como errores de caracterización de lesiones, lesiones no detectadas, errores de interpretación o el proceso conocido como satisfacción de la búsqueda, que puede conducir a exámenes incompletos y por tanto incorrectamente diagnosticados. Son muchos los factores que pueden contribuir a ello, como estructuras solapadas en las imágenes, limitaciones en el sistema visual humano, fatiga en el profesional o las elevadas cargas de trabajo y número de imágenes revisadas, entre otros (Itri et al., 2018; C. S. Lee et al., 2013).

La radiografía simple fue la primera tecnología de imagen médica utilizada, cuyo origen se remonta al descubrimiento de los rayos-X por parte del físico alemán Wilhelm Conrad Röntgen en el año 1895. La obtención de una radiografía requiere por una parte una fuente de rayos-X (tubo de rayos-X con un generador asociado que le suministra energía eléctrica) y por otra parte un detector o sistema de formación de imagen.

La distribución de los rayos-X que inciden en la superficie de entrada del paciente es homogénea. Sin embargo, debido a las diferentes propiedades de atenuación de los rayos-X en los tejidos del cuerpo humano, la distribución de fotones que lo atraviesa es heterogénea y refleja estas variaciones de atenuación.

Durante décadas el receptor de imagen analógico utilizado en esta y otras modalidades radiológicas fue la película radiográfica. Desde la aparición a principios de los años 80 de los primeros sistemas de Radiografía Computarizada (CR), el uso de la radiología digital se ha ido extendiendo en la práctica clínica sustituyendo a la película radiográfica. La radiografía computarizada (CR), está basada en la utilización de fósforos fotoestimulables, que tienen la propiedad de almacenar parte de la energía de los rayos-X incidentes, gracias a la distribución de sus niveles energéticos, y emitir luz mediante el fenómeno de la fosforescencia al ser estimulados con un haz de luz láser, que hace que se libere esta energía.

Por otra parte, la utilización de paneles planos detectores, que pueden ser de conversión indirecta o de conversión directa, empezó a desarrollarse en la década de 1990, suponiendo una revolución. Esta tecnología permite obtener imágenes de mejor calidad, al presentar estos sistemas una mejor eficiencia cuántica de detección (Ou et al, 2021). Actualmente, en el medio hospitalario, las diferentes modalidades de imagen diagnóstica han incorporado este tipo de tecnología. Se describirán algunas particularidades de los sistemas de detección utilizados en las dos modalidades de imagen de interés para esta Tesis Doctoral, TC y mamografía.

1.1.1. Tomografía computarizada

La radiología convencional está basada en la obtención de imágenes a partir de la radiación X transmitida a través una determinada región de la anatomía del paciente. Se trata de proyecciones planares que contienen información relativa a la atenuación diferencial que sufre un haz de rayos-X al atravesar las diferentes estructuras presentes en el organismo. Su principal limitación es la superposición de tejidos en las imágenes.

La Tomografía computarizada (TC) evita este hecho mediante la adquisición de cortes finos con un haz de rayos-X estrecho en forma de abanico desde múltiples proyecciones. Estas medidas de coeficientes de atenuación de los tejidos atravesados por el haz desde diferentes ángulos permiten generar imágenes axiales (o en cualquier otro plano en los equipos actuales) utilizando un algoritmo de reconstrucción.

En la evolución tecnológica de los escáneres de TC se distinguen diferentes generaciones. Los equipos utilizados mayoritariamente en la práctica clínica desde hace varias décadas pertenecen a la tercera generación, conocida como rotación-rotación (Figura 1). En estos tomógrafos el tubo de rayos-X y el sistema de detección (enfrentado a él), están instalados en un anillo o *gantry* en el que giran alrededor del paciente de forma solidaria. La toma de datos se realiza mediante la adquisición de una serie de proyecciones a diferentes ángulos en torno al paciente. El número de proyecciones que se adquieren en una única rotación varía desde varios cientos, pudiendo llegar a valores superiores a 2000 según el fabricante y el modelo de escáner.

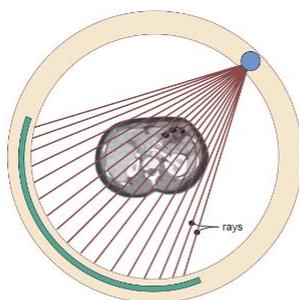


Figura 1. Adquisición de una proyección tomográfica. Tomado de Bushberg et al. (2011)

Los antiguos tomógrafos TC axiales de tercera generación disponían de una única fila de detectores y adquirían los datos de forma secuencial. Es decir, el equipo realizaba una rotación completa y a continuación la camilla del paciente se desplazaba una distancia determinada. A continuación, se adquiría otro corte, y así sucesivamente.

La evolución de la tecnología, gracias a los sistemas de transmisión de datos de tipo *slip ring*, permitió la rotación continua del tubo, gracias a que los cables para transmitir datos desde el interior del *gantry* ya no eran necesarios. Surge la TC helicoidal, en la que la camilla del paciente se desplaza simultáneamente a la rotación del conjunto tubo-detector, de forma que el haz de rayos-X, con forma de abanico, describe una espiral alrededor del paciente (Figura 2). De esta forma se adquiere un volumen de datos de forma ininterrumpida.

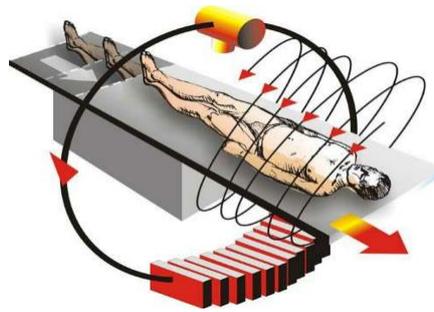


Figura 2. Esquema de funcionamiento de la tomografía helicoidal multicorte

Paralelamente a estos avances, se fueron desarrollando matrices de detectores con un mayor número de elementos, que disponían de un número cada vez mayor de filas de detectores en dirección Z (eje de giro del TC). Esto permitió la adquisición simultánea de varios cortes en una única rotación. Desde los primeros detectores multicorte de 2 y 4 filas de detectores, el número de filas ha ido incrementándose, de forma que actualmente la mayor parte de hospitales cuentan con equipos de 64, 128 o 256 filas de detectores, existiendo equipos de 320 filas. Además, el tamaño de los detectores cada vez es menor, mejorando la resolución. Los estudios TC adquiridos con estos tomógrafos presentan una resolución prácticamente isótropa. En la Figura 3 se muestran dos ejemplos de sistemas de detección tomados de American Association of Physicists in Medicine (2007). Corresponden a un TC monocorte (parte izquierda) y uno multicorte (parte derecha).

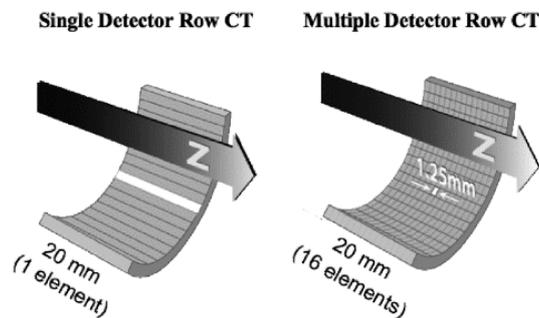


Figura 3. Detector TC de una única fila. vs. Detector usado en TC multicorte. Tomado de American Association of Physicists in Medicine (2007)

Los equipos modernos de TC incorporan un tubo de rayos-X y generador de elevada potencia, dotados con sistemas de refrigeración y control muy eficientes, y sistemas de detectores multicorte dotados con múltiples filas de elementos que permiten obtener cortes submilimétricos, siendo la calidad de imagen isotrópica. La introducción de los algoritmos de reconstrucción iterativos y más recientemente el uso de la IA en el proceso de formación de imagen ha traído consigo una reducción significativa de las dosis de radiación y una mejora en la calidad de imagen. En la Figura 4 se puede observar el aspecto de algunos tomógrafos de los cuatro principales fabricantes de TC a nivel mundial.



Figura 4. Cuatro modelos de escáner TC actuales

Los receptores de imagen encargados de detectar los rayos-X transmitidos por los pacientes están compuestos por tres componentes básicos: una capa de material centelleador encargada de convertir los fotones de rayos-X en luz visible, un sistema capaz de transformar esa luz visible en corriente eléctrica (habitualmente fotodiodos) y un sustrato que proporcione soporte mecánico y eléctrico. Los módulos detectores en TC están compuestos por matrices o *arrays* de elementos.

Los elementos centelleadores tienen que maximizar la producción de luz (alta eficiencia de conversión), presentar una alta transparencia, tener un elevado poder de frenado de los rayos-X, un buen acoplamiento con los espectrales con los fotodetectores, tiempos de decaimiento muy cortos, baja postluminiscencia, una buena estabilidad, ser resistentes al daño por radiación y deben ser fabricados en formato compacto mediante técnicas de mecanizado. Los materiales más adecuados para TC son los cristales únicos y las cerámicas policristalinas, utilizándose CdWO_4 , $\text{Gd}_2\text{O}_2\text{S:Pr,Ce}$ (GOS) $(\text{Y,Gd})_2\text{O}_3\text{:Eu}$ y GE Gemstone™ (Shefer et al., 2013).

La TC tiene un gran número de indicaciones clínicas y se utiliza en muchas localizaciones anatómicas. En general los estudios se dividen en TC de cabeza, de tórax y de la región abdomino-pélvica.

Los nódulos pulmonares son opacidades pulmonares caracterizadas por una forma redondeada o lesiones pulmonares irregulares con diámetros entre 3 mm y 30 mm en la mayoría de casos, que pueden encontrarse aislados (nódulo solitario) o ser múltiples (Rubin, 2015). Además de presentarse en tamaños muy diferentes, sus características de atenuación, márgenes y localización anatómica son muy diversas.

Atendiendo a su forma pueden considerarse redondeados, poligonales o irregulares, aunque existen clasificaciones más complejas que incluyen un gran número de categorías. Según sus márgenes, una clasificación sencilla los categorizaría como suaves, lobulados o espiculados. Pueden localizarse circunscritos, aunque es habitual que se sitúen junto a la pleura o a vasos. Por último, de acuerdo con su densidad se distinguen nódulos sólidos, subsólidos y de vidrio esmerilado.

La TC ha mejorado la capacidad de detección de nódulos pulmonares gracias al incremento de su resolución espacial. Aunque no todos los nódulos localizados al interpretar un estudio deben ser reportados, es fundamental que todos aquellos que pudieran tener relación con un posible cáncer de pulmón sean informados. Los nódulos de tamaño intermedio y grande son detectados con una elevada sensibilidad y consistencia por los especialistas en radiodiagnóstico, pero esta sensibilidad de detección puede llegar a disminuir bastante al considerar nódulos de tamaño inferior a 10 mm.

El uso de espesores de reconstrucción finos mejora la detección de nódulos pulmonares. En el caso particular del cribado poblacional del cáncer de pulmón (no aprobado en España), la

recomendación es utilizar espesores de corte de 1 mm, y nunca superiores a 2.5 mm. Debido a que un gran número de nódulos de pequeño tamaño son benignos, la comunidad médica ha intentado alcanzar un consenso para establecer un umbral de tamaño para establecer el seguimiento radiológico de los nódulos. Las características de opacidad y solidez deben ser tenidas en cuenta. Además, a esta difícil cuestión se añade el hecho de que las características del paciente, como su historial previo como fumador son también factores importantes a tener en cuenta.

1.1.2. Mamografía

La mamografía es una modalidad radiológica consistente en la obtención de imágenes planares de rayos X del tejido mamario para detectar diferentes patologías. Para amplificar las diferencias de contraste entre las diferentes regiones de la mama, utiliza energías de rayos-X bajas, con el objetivo de potenciar la producción de efecto fotoeléctrico (que depende fuertemente del número atómico de los tejidos) en la interacción de los rayos-X. Estas imágenes deben presentar una elevada resolución espacial, una muy buena resolución de contraste y un amplio rango dinámico. La adquisición de estas imágenes se realiza en los mamógrafos, equipos formados por un tubo de rayos-X que utilizan diferentes composiciones anódicas combinadas con filtros para optimizar calidad de imagen y dosis, junto con un sistema receptor de imagen, instalados en una columna que les permite girar solidariamente en varios ejes. En la Figura 5 se muestran algunos mamógrafos de diferentes fabricantes disponibles comercialmente.



Figura 5. Algunos mamógrafos disponibles comercialmente

Los tres tipos de cáncer más frecuentemente diagnosticados que afectan a las mujeres, según la reciente publicación del año 2017 de la Asociación Americana del Cáncer (Siegel et al., 2017), son el cáncer de mama, pulmón y bronquios y colorrectal, que representan la mitad del total de casos. Se espera que el cáncer de mama suponga un 30% del total de nuevos diagnósticos en mujeres. Este hecho justifica los esfuerzos en el desarrollo de tecnologías que mejoren la calidad de imagen diagnóstica, a la vez que mantienen la dosis en valores bajos para minimizar la aparición de nuevos cánceres radioinducidos.

Actualmente es la mejor herramienta para la detección precoz del cáncer de mama. El uso de esta técnica de imagen en programas de cribado o detección precoz del cáncer de mama se ha generalizado. Además, también se utiliza para el diagnóstico de pacientes sintomáticas.

Los sistemas de detección de película-pantalla utilizados tradicionalmente en los mamógrafos, que permitían obtener imágenes de elevada resolución espacial, han sido sustituidos por los sistemas de mamografía digital, cuyo funcionamiento está basado en diferentes tecnologías.

Las tecnologías empleadas en la fabricación de detectores para mamografía han evolucionado mucho durante las últimas dos décadas (Chevalier & Torres, 2010). Las principales mejoras derivadas del uso de receptores de imagen digitales con respecto a los sistemas de película-pantalla son el aumento de la eficiencia cuántica de detección (DQE), su mayor rango dinámico de uso (varios órdenes de magnitud) y el bajo valor de ruido. A esto se le añade la ventaja, inherente al uso de cualquier sistema de detección digital, que supone la separación de los procesos de adquisición, procesado y almacenamiento. Cada uno de ellos puede ser optimizado de forma independiente, al contrario que en el caso de la película radiográfica.

El primer sistema digital utilizado estaba basado en el uso fósforos fotoestimulables y se conoce como CR. Actualmente están en desuso y han sido reemplazados por sistemas de detección integrados, que se dividen en dos tipos principales: los directos basados en paneles planos de selenio amorfo (a-Se) y los indirectos basados en un cristal centelleador (CsI:TI) sobre una matriz de silicio amorfo (a-Si). Existen también otros dispositivos cuyo uso está menos extendido, como los dispositivos de carga acoplada (CCD) o los detectores de recuento de fotones.

Los paneles planos detectores de conversión directa (Sharma et al., 2018) fabricados con Selenio amorfo, permiten obtener muy buena calidad de imagen, cuantificada a partir de la resolución de la imagen (función de transferencia de modulación), ruido (espectro de potencia de ruido normalizado) y contraste (relación contraste-ruido). Además, han permitido reducir los valores de dosis glandular media con respecto a los tradicionales sistemas de película-pantalla y los fósforos CR. El a-Se es un material fotoconductor capaz de realizar la conversión directa de la energía transportada por los fotones de rayos-X en pares electrón-hueco. Para recoger la carga generada durante este proceso se aplican campos eléctricos intensos entre la superficie del fotoconductor. Presentan una mayor eficiencia cuántica de detección (DQE) en el rango de energías de los rayos-X utilizados en mamografía. Su principal desventaja asociada es la presencia de remanencia de la imagen previa. Algunos sistemas incorporan una tecnología especial para la recogida de la carga basada en conmutación fotoinductiva. Se emplea una fuente de luz que provoca la descarga de la capa donde se acumulan las cargas generadas. Los valores de píxel que presentan este tipo de detectores son de alrededor de 50 μm .

Las tecnologías de detección indirectas implican un proceso de conversión de la energía de los rayos-X en luz visible mediante un material centelleador, para posteriormente convertir estos fotones en una señal eléctrica. El paso que implica la generación de luz visible compromete la calidad de imagen debido a la difusión lateral de la luz a lo largo de su trayectoria, lo que limita su resolución espacial. Para conseguir una buena eficiencia de detección a la vez que se mantiene una elevada resolución espacial, impidiendo que la luz se difunda en dirección lateral, se utilizan cristales fabricados en forma de columna, como el CsI.

Recientemente ha surgido la modalidad conocida como tomosíntesis, cuyo objetivo es reducir el efecto de superposición de tejidos, inevitable en una imagen planar, permitiendo la reconstrucción de imágenes en diferentes planos (Chong et al., 2019). La adquisición de estudios de tomosíntesis se basa en que el tubo de rayos-X describe un arco (de amplitud variable según el fabricante, normalmente entre 10 y 40 grados) mientras que el detector adquiere proyecciones a diferentes ángulos. Una posterior reconstrucción de imágenes mediante algoritmos matemáticos permite obtener cortes paralelos al detector eliminando la citada superposición de tejidos.

1.1.3. Otras modalidades de imagen

La radiografía convencional es la modalidad de imagen más antigua y el examen médico que utiliza radiaciones ionizantes más frecuente. Sus aplicaciones incluyen el diagnóstico de fracturas óseas, la búsqueda de signos de lesión o infección en diferentes localizaciones anatómicas, así como la localización de objetos extraños. Estas indicaciones clínicas, unidas a su elevada disponibilidad y los bajos costes asociados a esta tecnología en comparación con otras modalidades diagnósticas, son clave para explicar su uso.

La radiografía simple de abdomen es una herramienta útil para la evaluación y diagnóstico del dolor agudo en la región abdominal y la espalda, y también para explicar náuseas y vómitos sin causa aparente, aunque también es útil como ayuda en el diagnóstico de cálculos renales y urinarios, obstrucciones intestinales, perforaciones estomacales o intestinales o la ingestión de cuerpos extraños.

Las proyecciones de radiología simple más frecuentes, excluyendo las radiografías dentales, son las de tórax frontal y lateral. La proyección de tórax postero-anterior es la que menos dosis de radiación imparte a los pacientes. Se utiliza para diagnosticar la insuficiencia respiratoria, tos persistente, fiebre, dolor o traumatismos torácicos, pero también como ayuda en el diagnóstico y seguimiento de la neumonía, enfisema o cáncer.

Entre las novedades más recientes introducidas en el campo de la radiología convencional digital cabe destacar la introducción de los sistemas de IA, cuyos algoritmos son especialmente útiles en la identificación de patrones o anomalías en las radiografías, facilitando la comparación con hallazgos previos. En el capítulo posterior se describirán algunas de sus aplicaciones. Se ha extendido el uso de la doble energía, principalmente en el tórax. El uso de la tomosíntesis, inicialmente introducida en mamografía, se ha incorporado también al permitir enfocar las imágenes en un determinado plano.

La colonografía TC (CTC), también conocida como colonoscopia virtual, es un estudio diagnóstico mínimamente invasivo de la pared intestino grueso tras una adecuada preparación y distensión. Se adquiere mediante un equipo de TC, y su finalidad es la detección de lesiones, fundamentalmente pólipos y cáncer (Pickhardt et al., 2018).

La distensión de las paredes es crítica para la correcta obtención de imágenes. Debido a la dificultad de conseguir una distensión uniforme y simultánea en todas las regiones a analizar, se realizan dos adquisiciones en cada estudio CTC: una en posición de decúbito supino y otra en prono. Por otra parte, el proceso de introducción de aire por vía rectal, que debe hacerse en condiciones controladas y de seguridad, permite la separación de la pared y es fundamental para realizar un correcto examen diagnóstico de los pacientes (Mang et al., 2007).

La interpretación de las imágenes requiere técnicas avanzadas de procesado 2D y 3D mediante software y requiere un conocimiento detallado de los artefactos o pseudolesiones que pueden simular o evitar la detección de la patología real. La mayor parte de estos artefactos son comunes a la imagen 2D y a las reconstrucciones tridimensionales, aunque la aparición de pseudolesiones es más común en estas últimas. Entre los más comunes se encuentran los artefactos de movimiento (respiratorio, cardiaco, peristalsis intestinal o incluso movimientos voluntarios), los debidos al medio de contraste o a objetos metálicos, al flujo de líquido luminal o los debidos al ruido en la imagen causado por la obesidad del paciente.

1.2. Bases de datos de imágenes radiológicas.

Visión general

El proceso de desarrollo de sistemas CAD, así como la evaluación del funcionamiento y la comparación entre diferentes algoritmos requiere la utilización de bases de datos de imágenes radiológicas. En la bibliografía se describen diversos métodos de desarrollo de bases de datos. En los últimos años se ha incrementado notablemente el número de conjunto de imágenes disponibles online, dirigidos a la comunidad científica para su uso con fines de investigación y educativos.

Una característica importante de estas bases de datos es la información adicional que proporcionan junto con las imágenes. Esta información incluye anotaciones relacionadas con la presencia o ausencia de lesiones, su número, localización, tamaño y clasificación atendiendo a diferentes criterios, así como segmentaciones de las mismas realizadas por uno o varios expertos. Otros datos aportados suelen ser el tipo y método de diagnóstico del caso y de las lesiones que contiene, junto con datos demográficos (sexo y edad) y otras características relevantes de los pacientes.

La información contenida en las bases de datos debe ser sometida a un riguroso proceso de validación por parte de grupos de especialistas médicos con contrastada experiencia en la modalidad de imagen y técnicas de adquisición utilizadas, antes de su difusión. La metodología utilizada para ello difiere según la base de datos considerada. Esta labor tiene una gran importancia, debido a su difusión para diversos usos por parte de diferentes investigadores, ya que garantiza la fiabilidad de los resultados que se derivan de su uso.

The Cancer Imaging Archive (TCIA) Public Access (Clark, Vendt, Smith, Freymann, Kirby, Koppel, Moore, Philips, et al., 2013) es un repositorio de base de datos de estudios radiológicos de acceso público que incluye imágenes de diferentes modalidades radiológicas relacionadas con el cáncer, en el formato estándar *Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM)*. Ha sido desarrollado en el marco del Programa de Imagen del Instituto Nacional del Cáncer de Estados Unidos (NCI). Las bases de datos que contiene están clasificadas en colecciones de acuerdo al tipo de patología y pueden utilizarse libremente para fines educativos y de investigación, cumpliendo las condiciones de una licencia de tipo *Creative Commons 3.0*, aunque cada colección establece sus propios requerimientos.

En las modalidades relevantes para esta investigación, cabe destacar dos bases de datos, que desde su creación han sido muy populares para el desarrollo de sistemas CAD y referenciadas en muchas publicaciones científicas. La colección de casos de TC de tórax incluidos en la base de datos *Lung Image Database Consortium Image Collection (LIDC-IDRI)* contiene un gran número de nódulos de características y tipo muy variados. Incluye casos de diagnósticos y de *screening* pertenecientes a 1010 pacientes y sus anotaciones han sido validadas de forma intensiva. En el caso de la mamografía, la base de datos *The Digital Database for Screening Mammography (DDSM)* (Heath et al., 2001) de la Universidad de *South Florida* contiene un gran número de mamografías digitalizadas. Incluye 2620 casos que contienen cuatro proyecciones por paciente y están agrupados en 43 volúmenes, clasificados como de patología benigna, casos con cáncer y casos normales. Existen muchos otros conjuntos de imágenes relevantes, cuyo desarrollo se ha inspirado en los ejemplos citados. En los siguientes apartados se describe el conjunto de bases de datos que se utiliza en el desarrollo de esta Tesis Doctoral.

Otras bases de datos de modalidades diferentes son el repositorio de colonografía CT (Smith et al., 2015), incluido en TCIA. Contiene estudios de 825 pacientes a los que se realizó un estudio de cribado mediante colonografía TC. En TCIA existen también bases de datos de imagen por RMN y PET para diferentes patologías como el cáncer de próstata, el de cabeza y cuello y el de mama. La Sociedad Japonesa de Radiología (JSRT) creó una base de datos de radiografías de tórax con fines de investigación para la tarea de detección de nódulos (Shiraishi et al., 2000). Contenía 247 imágenes digitalizadas que contenían o un nódulo pulmonar solitario ningún nódulo, cuyo diagnóstico había sido confirmado por tres radiólogos experimentados.

1.2.1. Bases de datos de Tomografía Computarizada

1.2.1.1. *The Lung Image Database Consortium (LIDC-IDRI)*

La base de datos *Lung Image Database Consortium (LIDC)* y *Image Database Resource Initiative (IDRI)* (Armato et al., 2011) contiene un total de 1018 casos y es una referencia para el estudio de nódulos pulmonares en tomografía computarizada. Pertenece al repositorio de bases de datos *The Cancer Imaging Archive (TCIA)* (Clark, Vendt, Smith, Freymann, Kirby, Koppel, Moore, Phillips, et al., 2013). Contiene un total de 1308 estudios radiológicos, principalmente de tomografía computarizada (tanto diagnósticos como pertenecientes a programas de *screening* de cáncer de pulmón), e incluye también imágenes radiografía computarizada (CR) y radiografía digital (DR) para algunos casos.

Según los creadores del repositorio, se trata de un recurso accesible internacionalmente vía web para el desarrollo, entrenamiento y validación de métodos CAD para la detección y diagnóstico del cáncer. Su desarrollo es fruto de una colaboración de entidades públicas y privadas como el Instituto Nacional del Cáncer de Estados Unidos (NCI), la Fundación Nacional de Institutos de la Salud (FNIH) y la Administración de Alimentos y Medicamentos de los Estados Unidos (*Food and Drug Administration, FDA*), organismo responsable de la protección de la salud pública y la seguridad y eficacia de los productos y dispositivos médicos humanos y veterinarios.

Los casos incluidos en *LIDC-IDRI* fueron obtenidos en siete hospitales universitarios y con equipamiento de ocho fabricantes diferentes. Cada uno de los casos contiene la serie de imágenes de TC correspondiente, junto con un archivo de tipo *xml* con la información relacionada con el proceso de anotación de las imágenes por parte de cuatro radiólogos experimentados. En la primera etapa, cada radiólogo evaluaba de forma independiente cada serie de imágenes, identificando las lesiones que identificaba con una de las tres siguientes etiquetas: nódulo mayor o igual de 3 mm, nódulo menor de 3 mm y no-nódulo mayor o igual de 3 mm. En la segunda etapa, cada especialista examinaba de nuevo sus anotaciones previas, pero en este caso teniendo en cuenta las anotaciones realizadas por los otros tres radiólogos (de forma anónima), para establecer su opinión final. El propósito de los creadores de esta base de datos era que se localizara el mayor número posible de nódulos en cada TC, sin necesidad de llegar a un consenso.

El resultado final de este proceso son 7371 lesiones identificadas como un nódulo por al menos uno de los radiólogos. En cuanto a los de mayor tamaño (mayor o igual de 3 mm), 2669 fueron identificados por al menos un radiólogo, mientras que 928 fueron marcados por los cuatro. La base de datos contiene los contornos de este grupo de 2669 nódulos, así como parámetros que los caracterizan.

Con la base de datos se proporcionan archivos de apoyo de especial interés (Reeves et al., 2007). El informe de tamaños de nódulos *LIDC-IDRI* (Reeves & Biancardi, 2011) proporciona una estimación del volumen de todos los nódulos pulmonares cuyo tamaño haya sido estimado en más de 3 mm por alguno de los radiólogos, con segmentaciones de su extensión. De esta forma todos aquellos investigadores que utilicen la base de datos podrán usar los mismos conjuntos de nódulos.

La información suministrada con este informe incluye la identificación del caso (4 dígitos después de las siglas *LIDC-IDRI*), la etiqueta de la cabecera DICOM que identifica de forma unívoca las series de imágenes en casos con múltiples series (con identificación 0020,0011), el número de identificación de las Región de Interés (ROI) que corresponde a un nódulo anotado mayor de 3 mm para un caso, la mediana de los volúmenes estimados para un nódulo (obtenida multiplicando el número de vóxeles de cada segmentación por el volumen de un vóxel y expresada en mm³). Además, se incluye el diámetro equivalente del nódulo (correspondiente a la esfera con el mismo volumen estimado para el nódulo), las coordenadas x e y del nódulo, calculadas como la mediana del centro de masas, el corte en el que se localiza (obtenido como el valor de la mediana de las coordenadas z del centro de masas, siendo el número de corte un entero que empieza valiendo 1 y aumenta en dirección cráneo-caudal), y un identificador de los contornos del nódulo usados para estimar su volumen.

Otro archivo suministrado, llamado *lidc-idri nodule counts*, proporciona un recuento del número total de nódulos para cada paciente de la base de datos.

Las anotaciones de los radiólogos se proporcionan en archivos en formato *xml*, como se indicó anteriormente, y pueden ser descargadas en un archivo comprimido independiente de las imágenes. No existe una ordenación de los radiólogos que anotaron los diferentes nódulos, ya que los examinaron en diferente orden para cada caso. En los archivos se identificaban los casos de acuerdo a una serie de criterios de inclusión: escáner TC de los pulmones solamente (no se incluyen estudios de otras modalidades en la base de datos), estudio diagnóstico o de cribado completo, intervalos de reconstrucción y colimación inferiores a 3 mm, el TC incluye elevados niveles de ruido, artefactos metálicos o de movimiento y finalmente si el estudio incluía otro tipo de patología adicional.

Los datos relativos al diagnóstico están disponibles únicamente para un subconjunto del total de casos. Se dispone de un diagnóstico a nivel del paciente y de uno a nivel de nódulo (en aquellos casos en los sea posible). La clasificación de diagnósticos tiene cuatro categorías: desconocido (o datos no disponibles), enfermedad benigna o no-maligna, enfermedad maligna de tipo cáncer de pulmón primario y lesión metastásica que está asociada con una malignidad primaria a nivel extratorácico.

Para cada lesión se establece cómo se determinó el diagnóstico: con un método desconocido (no está claro cómo se diagnosticó), revisión de imágenes radiológicas tras mantenerse el nódulo estable durante 2 años, mediante biopsia, resección quirúrgica o progresión o respuesta.

1.2.1.2. SPIE-AAPM Lung CT Challenge

La base de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* (Armato III, Samuel, et al., 2015) ha sido desarrollada con el apoyo proporcionado por la Asociación Americana de Físicos en Medicina (AAPM) y por el Instituto Nacional del Cáncer (NCI). Su objetivo es proporcionar a la comunidad científica un reto relacionado con la clasificación de nódulos pulmonares según su malignidad o

benignidad, que permita comparar algoritmos y métodos de trabajo (Armato III, Hadjiiski, et al., 2015).

Se compone de 70 estudios de TC agrupados en dos bloques: conjunto de entrenamiento (10 estudios) y conjunto de calibración (60 estudios). La mayor parte de los estudios contiene únicamente un nódulo anotado, aunque en algunos casos existen dos. Los datos de calibración con anotaciones de base fueron hechos públicos en noviembre de 2014, mientras que el resto de casos de test se liberó en enero de 2015.

El número total de nódulos disponible es de 83. La información proporcionada para cada uno de ellos consiste en las coordenadas (x, y) de su centro de masas, el número de imagen que contiene la sección central del nódulo, y el tipo de diagnóstico (maligno o benigno).

Los datos adicionales proporcionados con la base de datos se proporcionan en sendos archivos de tipo *xls*, para los conjuntos de datos de calibración y de test, e incluyen la localización y el diagnóstico de los nódulos.

Los diez TCs de calibración del reto *LUNGx* fueron realizados con contraste yodado (Armato et al., 2016). Esta muestra era representativa del tipo de escáner TC, parámetros de adquisición y formato de archivo utilizado en el conjunto de datos de test, aunque no en lo referido a la dificultad de los casos. Cinco de los casos eran malignos y cinco benignos.

Los casos del *LUNGx Challenge* pertenecen a la Universidad de Chicago, y en el caso de los estudios de test la mayoría utilizaron contraste. En cuanto a la validación de las lesiones anotadas, un radiólogo ha determinado el carácter de cáncer de pulmón primario o nódulo benigno en base a la evaluación de Anatomía Patológica y/o el seguimiento de estudios radiológicos a lo largo del tiempo.

Los organizadores del reto animaron a los participantes en el mismo a calcular una puntuación que cuantifique el grado de sospecha de que el nódulo sea maligno (o benigno). Además, se solicitaba la evaluación de la curva Característica Operativa Relativa (ROC) de los sistemas desarrollados.

1.2.1.3. Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer

Diagnosis

Se trata de una base de datos multimodalidad, que contiene tanto estudios de TC como de tomografía de emisión de positrones (PET) (P. Li et al., 2020). Ha sido desarrollada por investigadores de la Universidad Médica de Harbin (Heilongjiang, China) en colaboración con personal del Centro de Computación y del Instituto del Cáncer del segundo hospital afiliado a la Universidad médica de Harbin. Se desarrolló formó parte de un proyecto que recibió fondos especiales para el desarrollo de la Medicina Clínica de la administración municipal de Beijing. La primera versión disponible para la comunidad científica data del 17/06/2020 mientras que actualmente ya está disponible la versión 5.

Contiene 436 estudios, pertenecientes a 355 participantes. Cada estudio está formado por varias series de imágenes hasta un total de 1295 y 251135 imágenes para la base de datos.

Todos los sujetos que han sido incluidos en *Lung-PET-CT-Dx* han sido diagnosticados con cáncer de pulmón. Se proporcionan archivos de anotaciones en formato *xml* con indicaciones de la localización del tumor (cortes en los que se visualiza), junto con las coordenadas de la caja de menores dimensiones que engloba el tumor (puede visualizarse como un rectángulo en cada corte).

La selección de pacientes fue realizada de forma retrospectiva, después de una confirmación posterior de su patología mediante una biopsia y un estudio PET/CT. La agrupación de los casos en lavase de datos se realizó de acuerdo con el diagnóstico histopatológico emitido por el Servicio de Anatomía Patológica. De esta forma, existen cuatro categorías generales de casos: los etiquetados con la letra *A* son adenocarcinomas, los de la *B* carcinomas de células pequeñas, los de tipo *E* carcinoma de células grandes y los de *G* carcinoma de células escamosas.

En la información proporcionada por los creadores de la base de datos, se informa de los protocolos de reconstrucción de los estudios (con *kernels* de pulmón y espesores de corte de 2 mm e intervalos entre cortes variables entre 0.625mm y 5 mm). El análisis de las imágenes se realizó en la ventana de mediastino (ancho de ventana de 350 UH y nivel de 40 UH) y en la de pulmón (ancho de ventana de 1400 UH y nivel de -700 UH). Los estudios TC contenían dos fases (sin y con contraste) y reconstrucciones 3D.

La adquisición de los estudios PET conlleva una preparación cuidadosa de los pacientes, que incluye un ayuno previo de 6 horas y un nivel de glucosa inferior a 11 mmol/l. Los estudios PET/CT de cuerpo completo fueron adquiridos durante una hora, en posición decúbito supino tras la inyección del radiofármaco 18F-FDG (en la proporción de 4.44 MBq/kg) tras esperar un tiempo de captación variable de 70.4 ± 24.9 minutos. Las dosis de FDG fueron de 295.8 ± 64.8 MBq. Las adquisiciones se realizaron en respiración libre, y se aplicó un mapa de corrección de atenuación obtenido a partir del TC en el proceso de reconstrucción. Los estudios fueron adquiridos desde la base del cráneo hasta el centro del fémur. En las reconstrucciones PET se aplicó la corrección por tiempo de vuelo, que mejora la calidad de imagen, al permitir localizar la posición del evento dentro de las líneas de coincidencia.

El tamaño de matriz de reconstrucción de los TC fue de 512 x 512 píxeles con un tamaño de píxel de 1 mm x 1 mm, mientras que la resolución del PET fue de 4.07 mm x 4.07 mm para un tamaño de matriz de 200 x 200 píxeles, con ancho e interespaciado de corte de 1 mm.

La anotación de las lesiones tumorales fue realizada por cinco radiólogos torácicos académicos, con una amplia experiencia en el diagnóstico del cáncer de pulmón. Esto convierte a la base de datos en una herramienta útil y fiable para el desarrollo de algoritmos CAD de diagnóstico y detección. Según se menciona en la información proporcionada, dos de los radiólogos tenían una experiencia mayor de 15 años, mientras que la de los otros tres era superior a 5 años. El método de segmentación y verificación confiere fiabilidad a las anotaciones, ya que uno de los radiólogos realizaba la segmentación y los otros cuatro la revisaban. Por tanto, los 5 expertos revisaron la totalidad de los casos.

Existen herramientas automáticas de decodificación de los archivos de anotaciones en el lenguaje de programación *Python*, llamadas *PASCAL Development Toolkit*, aunque en esta Tesis Doctoral se han desarrollado rutinas propias para consultar y utilizar la información que contienen.

1.2.2. Bases de datos de mamografía

Uno de los campos de aplicación más importantes de los sistemas CAD es la detección de cáncer en mamografías diagnósticas adquiridas en los servicios de Radiodiagnóstico de hospitales y clínicas especializadas o en mamografías de cribado obtenidas en el marco de los programas de detección precoz del cáncer de mama. La mamografía es la única modalidad de imagen que emplea radiaciones ionizantes y ha sido implementada en España a nivel poblacional en programas de cribado o *screening*.

Existen diversas bases de datos de mamografía disponibles para su uso en investigación y con fines educativos. Tres de ellas han sido utilizadas para diferentes propósitos en esta Tesis Doctoral: *Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS-DDSM)*, *Breast Cancer Digital Repository (BCDR)* y *CSAW-S mammography database (CSAW-S)*. Por ello se le dedicará una subsección específica a cada una de ellas. La base de datos *CBIS-DDSM* proviene de una base de datos de grandes dimensiones, precursora en el campo y conocida como *Digital Database for Screening Mammography (DDSM)* por lo que sus contenidos serán explicados en una subsección.

Otras bases de datos de la modalidad son *The mini-MIAS database of mammograms* (Suckling et al., 1994), desarrollada por diferentes grupos de investigación del Reino Unido y la base de datos de reciente creación *CSAW-M* (Sorkhei et al., 2021). Este repositorio de mamografías contiene más de 10000 imágenes con segmentaciones y ha sido creada en el Hospital Universitario Karolinska (Suecia).

1.2.2.1. Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS – DDSM)

La base de datos de mamografías *Digital Database for Screening Mammography (DDSM)* (Heath et al., 1998) fue creada con el doble propósito de permitir el desarrollo de algoritmos de detección y diagnóstico, y el de servir como herramienta para la formación y docencia (Heath et al., 2001). Su desarrollo se debe a la labor conjunta de diversas instituciones como el Massachusetts General Hospital, la University of South Florida, los laboratorios *Sandia National Laboratories* y también la *Wake Forest University School of Medicine* y el *Sacred Heart Hospital*.

Contiene un total de 2620 casos, distribuidos en 43 volúmenes, que están clasificados en tres tipos, de acuerdo a criterios clínicos:

- Los volúmenes de tipo *normal* contienen imágenes correspondientes a exámenes de cribado de pacientes cuyos cuatro exámenes posteriores (al menos) no requirieron un seguimiento adicional ni mostraron signos de patología.
- Los volúmenes etiquetados como *cancer* contienen casos en los que se ha encontrado al menos una patología que se ha demostrado era de tipo canceroso.
- Los volúmenes denominados *benign* agrupan casos en los que se detectó alguna estructura sospechosa, cuya malignidad fue descartada posteriormente mediante estudios de anatomía patológica, ultrasonidos u otros medios. Un caso particular dentro de estos volúmenes lo constituyen los casos *benign without callback*. En ellos, no se ha realizado una biopsia o mamografías adicionales para confirmar el carácter benigno de la lesión, sin embargo, presentaban hallazgos interesantes que el radiólogo encargado del examen decidió señalar.

Un reducido número de casos particulares pueden contener una o más regiones de tipo maligno, junto con lesiones sospechosas cuyo tipo no ha podido ser determinado.

Las anotaciones relacionadas con las lesiones están basadas en el léxico *Breast Imaging Reporting and Data System (BI-RADS)* definidos por el *American College of Radiation*. Los hallazgos encontrados en las mamografías han sido verificados con estudios de anatomía patológica.

Un problema asociado a la utilización de las mamografías de esta base de datos es el formato comprimido “.jpeg” en el que se presentan. La descompresión de las imágenes de este formato a “.raw”, su posterior conversión a otros formatos compatibles con visores de imágenes médicas puede realizarse con la aplicación *DDSM Utility v3.1*, desarrollada por Sharma S. (2015).

Debido a los problemas de acceso a *DDSM*, asociados al uso de formatos de imagen obsoletos, R. S. Lee et al., (2017) desarrollaron una versión actualizada y estandarizada de la anteriormente descrita base de datos *DDSM*. Su objetivo era crear un conjunto de datos accesible a la comunidad científica para la evaluación de sistemas CADe y CADx. Las actualizaciones más destacadas realizadas por los creadores de esta base de datos fueron la selección de datos, adaptación de sus formatos, la reorganización de los datos y la modificación de las segmentaciones. También fueron revisados aspectos clínicos de gran relevancia como la revisión de las imágenes por radiólogos expertos.

Las transformaciones realizadas en los datos originales facilitan que aquellos investigadores interesados en la creación de herramientas CAD puedan desarrollar sus aplicaciones con mayor facilidad o que repliquen los resultados obtenidos por otros.

Este repositorio es un subconjunto de la base de datos *DDSM*, y contiene un total de 2620 casos de mamografía, que incluyen 10239 imágenes digitalizadas agrupadas como casos normales, benignos o malignos, con información comprobada por anatomía patológica. Las imágenes se presentan agrupadas en 4 categorías (masas para entrenamiento, calcificaciones para entrenamiento, masas para test y calcificaciones para test), aunque en esta Tesis Doctoral se han seguido otros criterios para su utilización.

Cada mamografía viene acompañada por dos imágenes: un recorte de la lesión y una imagen binaria con la lesión segmentada. La segunda ha sido utilizada en el desarrollo de la aplicación educativa JORCAD, aunque los recortes se obtuvieron directamente de la mamografía completa.

Los datos adicionales asociados a cada caso se proporcionan en hojas de cálculo en las que figura la identificación del paciente, densidad mamaria, tipo de proyección y lateralidad, identificación del tipo de lesión (masa o calcificación), tipo de forma de la masa, o tipo de calcificación, márgenes de la calcificación o distribución de las calcificaciones, márgenes de la masa, diagnóstico del caso, niveles de evaluación y de sutileza y rutas a los archivos de imagen.

En la Tabla 1 se resume el tipo de casos incluidos en *CBIS-DDSM*:

Tipo de anomalía	Diagnóstico	Tipos de calcificación / Tipos de forma de la masa	Distribución de calcificaciones / Tipos de márgenes de la masa	Número de mamografías
Calcificación	Maligno	13	7	673
	Benigno sin rellamada	37	6	541
	Benigno	20	9	658
Masa	Maligno	12	18	784
	Benigno sin rellamada	10	6	141
	Benigno	18	15	771

Tabla 1. Número de mamografías disponibles en *CBIS-DDSM* en función del tipo de anomalía y de su diagnóstico

1.2.2.2. Breast Cancer Digital Repository (BCDR)

La base de datos *Breast Cancer Digital Repository (BCDR)* ha sido desarrollada recientemente como parte del proyecto *IMED* de desarrollo de algoritmos para el análisis de la imagen médica (Guevara-López et al., 2012). Las instituciones que han contribuido son el *INEGI (Instituto de Ciência e Inovação em Engenharia Mecânica e Engenharia Industrial)*, *FMUP-CHS (Faculdade de Medicina de la Universidade do Porto- Centro Hospitalar São João)*, y el *CETA-CIEMAT (Centro extremeño de Tecnología Avanzadas- Centro de Investigaciones Energéticas, medioambientales y Tecnológicas)*.

Entre los bancos de datos que contiene se encuentran tanto repositorios de mamografías obtenidas con película radiográfica, llamados *BCDR-FM*, como con equipos digitales de mamografía de campo completo (*Full Field Digital Mammography* o *FFDM* por sus siglas en inglés), llamados *BCDR-DM*.

Para cada uno de los 5 *datasets* que contiene se incluyen tres archivos de extensión *.csv* que denominados *dataset_features.csv*, *dataset_img.csv* y *dataset_outlines.csv*. En cada uno de ellos se puede encontrar la siguiente información:

- *dataset_features.csv*: contiene la identificación del paciente, estudio, serie, y de la imagen, así como información sobre el tipo de lesión (nódulo, calcificación, microcalcificación, adenopatía axilar, distorsión de la arquitectura o distorsión del estroma). A continuación, figuran una serie de parámetros empíricos calculados para la lesión considerada, como por ejemplo su área, perímetro y las coordenadas *x* e *y* del centro de masas.

Para realizar los recortes de imagen con los que entrenaremos a las redes neuronales extraeremos las coordenadas del centro de masas.

- *dataset_img.csv*: recoge la identificación del paciente, estudio, serie, nombre de la imagen, el tipo de proyección (cráneo-caudal u oblicua y la mama a la que corresponde), la edad de la paciente y la densidad.

- *dataset_outlines.csv*: a cada terna (paciente, estudio y serie) se le asigna la siguiente información relativa a la lesión que contiene: identificación numérica de la lesión y su segmentación, imagen a la que pertenece, vectores de coordenadas x e y de los puntos de la segmentación, tipo de lesión (nódulo, calcificación, microcalcificación, adenopatía axilar, distorsión de la arquitectura o distorsión del estroma), edad, densidad y clasificación (maligna o benigna).

De los archivos *dataset_features.csv* se extrae la coordenada de centro de masas de las lesiones segmentadas en cada una de las imágenes (*s_x_center*, *s_y_center*).

En la Tabla 2 se recoge un resumen de la información incluida en cada uno de los *datasets* que forman parte de la base de datos:

Nombre del <i>dataset</i>	Tipo de imagen	Tipo de lesión	Nº de pacientes	Nº de lesiones	Nº de segmentaciones
BCDR-D01	Mamografía digital	Nódulos o Nódulos + Otra anomalía	64	79	143
BCDR-D02	Mamografía digital	Calcificaciones, microcalcificaciones o Calcificaciones y microcalcificaciones + Otra anomalía	162	230	455
BCDR-DN01	Mamografía digital	Mamografías normales	48	-	-
BCDR-F01	Película radiográfica		190	200	362
BCDR-F02	Película radiográfica	Calcificaciones, microcalcificaciones o Calcificaciones y microcalcificaciones + Otra anomalía	98	103	188
BCDR-F03	Película radiográfica	Masas o Masas + Otra anomalía	736	344	736

Tabla 2. Estructura de la base de datos BCDR. Número de pacientes, lesiones y segmentaciones de cada uno de los *datasets*

1.2.2.3. CSAW-S mammography database

La base de datos de mamografía CSAW-S, está formada por un conjunto de mamografías de cribado de 172 pacientes (Matsoukas et al., 2020). Contiene anotaciones de las lesiones cancerosas realizadas por expertos, así como de la anatomía mamaria realizadas por personal técnico. Estas segmentaciones incluyen calcificaciones, nódulos linfáticos, vasos gruesos, piel, pezón, cuerpos extraños, tejido no mamario, músculo pectoral y glándula mamaria, como puede observarse en la Figura 6.

Las imágenes fueron seleccionadas de un conjunto de mamografías de cribado mayor, llamado CSAW. Fue recopilado por la empresa fabricante de equipos *Hologic™* en la ciudad de Estocolmo entre los años 2008 y 2015 (Dembrower et al., 2019).

Como sugerencia de utilización, CSAW-S está dividida en un conjunto de 312 imágenes de 150 pacientes para su uso como conjuntos de datos de entrenamiento y validación, y 26 imágenes de 23 pacientes diferentes como datos de test.

En esta Tesis Doctoral, se utiliza con la finalidad de comprobar el funcionamiento de las redes CNN sobre un conjunto de datos independiente, pero no en el proceso de entrenamiento, validación y test realizado durante el proceso de ajuste de hiperparámetros.

Para una paciente dada se dispone de proyecciones cráneo-caudal y medio lateral oblicua, cada una de ella con sus correspondientes segmentaciones anatómicas, como se muestra en la Figura 6:

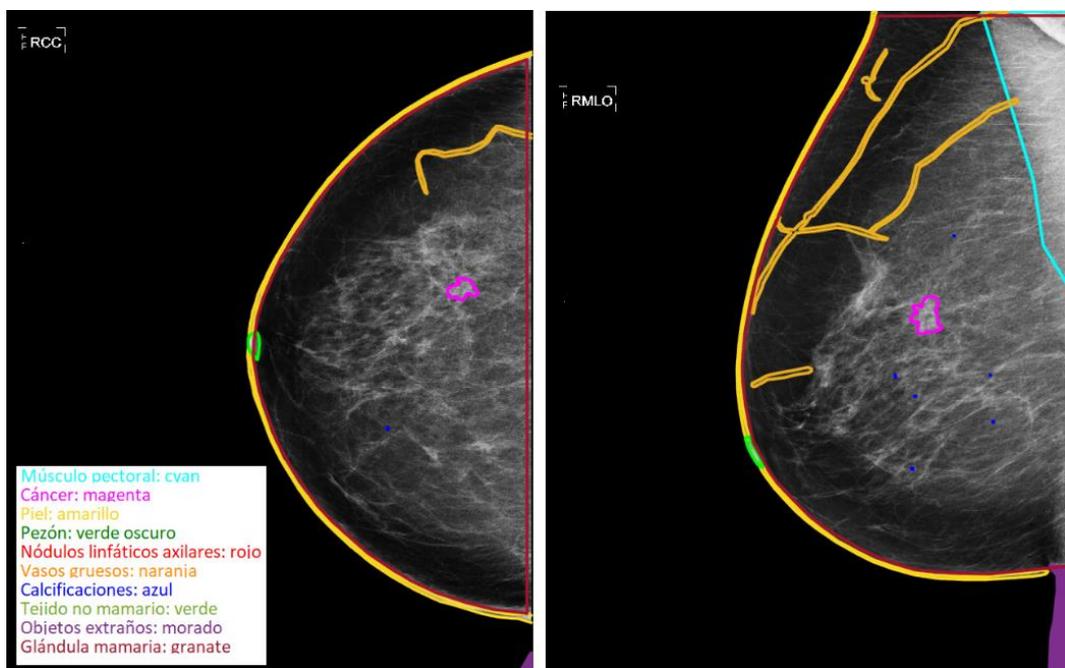


Figura 6. Ejemplo de las proyecciones mamográficas con las segmentaciones representadas en el software JORCAD basadas en las anotaciones del caso AD037_LO

2. Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD): métodos, algoritmos y aplicaciones clínicas

2.1. Primeros sistemas CAD y evolución

El Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD), se define como el conjunto de procedimientos y algoritmos informáticos diseñados para asistir al radiólogo o especialista encargado de interpretar imágenes médicas.

Los resultados proporcionados por este tipo de software son tratados como una segunda opinión en la toma de decisiones asociada a la detección o diagnóstico de una determinada patología. Un sistema CAD contiene software basado en algoritmos de procesado, detección de lesiones y clasificación de imágenes.

Los primeros intentos de analizar anomalías y alteraciones radiológicas en radiografía simple mediante el uso de sistemas informáticos tuvieron lugar a mediados de la década de 1950 (Giger et al., 2008). Pero fue en las décadas de 1960 y 1970 cuando se empezó a investigar en el campo del software dedicado a la detección automática y la clasificación de anomalías en imágenes radiológicas, en concreto en el caso de la mamografía y la radiología convencional de tórax. Estos primeros intentos estaban limitados por la capacidad de cálculo de los ordenadores de la época.

Los algoritmos de aprendizaje automático (ML) empezaron a convertirse en un área de investigación y desarrollo de sistemas CAD a partir de los años 90 (Doi, 2007). Los primeros algoritmos utilizados fueron el análisis de discriminante lineal (LDA) y análisis de discriminante cuadrático (QDA), por su sencillez de implementación, presentar soluciones cerradas, ser multiclases y no requerir el ajuste de hiperparámetros (Ghojogh & Crowley, 2019). También las Máquinas de Vectores de Soporte (SVM), basadas en algoritmos de aprendizaje supervisado y ampliamente utilizadas en problemas de regresión y clasificación (Mammone et al., 2009).

Durante las dos últimas décadas, se ha producido un aumento significativo en la investigación relacionada con los sistemas CAD (Suzuki, 2012a; Giger et al., 2008; Doi, 2007). La creación de bases de datos de imágenes médicas con anotaciones, que en algunos casos están disponibles de forma libre para su uso por parte de la comunidad científica, permite el ajuste y optimización de los parámetros de los diferentes algoritmos, así como la evaluación y verificación de los sistemas desarrollados.

A su vez, comenzaron a utilizarse las primeras redes neuronales de tipo perceptrón multicapa (Rojas, 1996). Una de sus primeras áreas de aplicación fue la detección y diagnóstico de grupos de microcalcificaciones en mamografía (García-Orellana et al., 2007), que ha continuado en sistemas para la detección y clasificación de masas incorporando diferentes evoluciones hasta la actualidad (Hassan et al., 2022).

A mediados de la primera década del siglo, Lisboa & Taktak (2006) realizaron una revisión sistemática sobre el uso de los sistemas basados en ANNs como soporte para la toma de

decisiones en oncología, tanto en diagnóstico como en el pronóstico y el tratamiento del cáncer. En aquellos momentos existía un conjunto de ensayos clínicos y de ensayos clínicos randomizados aplicados a diferentes tipos de cáncer en los que se utilizaban redes neuronales artificiales.

Más recientemente, el incremento de la capacidad de cálculo disponible en los ordenadores, permitió la introducción de técnicas de visión artificial y algoritmos de aprendizaje automático basados en píxeles y vóxeles (PML), como por ejemplo, redes neuronales artificiales que utilizan directamente los valores de píxel de las imágenes (PANN) (Suzuki, 2012b; Singh et al., 2021). Además de las aplicaciones de tipo CAD, se han utilizado estos sistemas para el procesado de imágenes médicas (Zenghao et al., 2009).

Los sistemas CAD tienen un amplio espectro de aplicaciones, que abarcan desde la detección y clasificación de nódulos en tomografía computarizada (TC), masas, microcalcificaciones y distorsiones de la arquitectura en mamografías, detección de aneurismas en imágenes de resonancia magnética cerebral o la detección de pólipos en estudios de colonografía TC entre muchas otras.

Existe una amplia variedad de aplicaciones para las que se han desarrollado sistemas CAD. Los tipos de cáncer con mayor incidencia en la población por sexo son el de pulmón, mama y colorrectal en mujeres, mientras que en hombres son el de pulmón, próstata y colorrectal (American Cancer Society, 2015; Siegel et al., 2017). Esto justifica la importancia de la aplicación del CAD en estas patologías y localizaciones.

En numerosas publicaciones científicas se ha demostrado que los sistemas CAD constituyen una poderosa herramienta de asistencia para los radiólogos, que permite disminuir su carga de trabajo, mejorar las tareas de detección y diagnóstico y la posterior prescripción de tratamiento. Esto tiene una gran importancia, debido a que el número de equipos de imagen diagnóstica de alta tecnología instalados en los centros hospitalarios, así como sus indicaciones clínicas, están en constante aumento en las últimas décadas. Los estudios diagnósticos generados por algunas modalidades, como es el caso de la tomografía computarizada o la resonancia magnética contienen una o varias secuencias de imágenes, compuestas a su vez por un elevado número de cortes tomográficos. La revisión de estas largas series de imágenes es una tarea ardua, que requiere mucha concentración y tiempo de análisis. Además, se han implantado programas de cribado o *screening* como en el caso de la mamografía.

2.2. Uso de la IA en sistemas CAD

Los sistemas de IA se emplean en una gran variedad de disciplinas científicas para diferentes tipos de tareas, gracias a su capacidad para el aprendizaje. Han sido utilizados en el campo de la robótica, la aeronáutica, el reconocimiento de voz, caracteres escritos o reconocimiento facial y también para elaborar modelos predictivos. Uno de sus principales campos de aplicación es el de las ciencias médicas. Las redes Neuronales Artificiales (ANNs) son sistemas de IA cuyo diseño está inspirado en sistemas biológicos, formados por grupos de unidades interconectadas capaces de procesar y aprender información y resolver problemas complejos.

Algunos tipos de ANNs han sido aplicados en el campo de la imagen radiológica. El uso directo de los vóxeles o píxeles de las imágenes, conocido como Aprendizaje Automático basado en Píxeles (PML), ha representado una revolución en esta área (Suzuki, 2012). Dentro de este grupo

de sistemas se encuentran los Filtros Neuronales, las redes Neuronales Artificiales de Aprendizaje Masivo (*MTANNs*) (Suzuki, 2012; Suzuki & Doi 2005), las Redes Neuronales de Convolución (*CNNs*) (Suzuki, 2012; Roth et al., 2016), sistemas desarrollados en esta Tesis Doctoral, o las Redes Neuronales Invariantes por Desplazamiento (*SINNs*) (Suzuki, 2012) entre otros. Estos algoritmos cuentan también con numerosas aplicaciones dentro del campo del procesado de la imagen radiológica (F. Shi et al., 2021; Kaheel et al., 2021).

Las redes neuronales basadas en métodos de Aprendizaje Profundo (DL) (Roth et al., 2016; Arévalo et al., 2016) han sido utilizadas en muchas publicaciones científicas que forman parte del estado del arte porque son sistemas que presentan una elevada capacidad de aprendizaje y que pueden ser entrenados con una cantidad razonable de recursos computacionales. Aunque muchos problemas pueden ser resueltos teóricamente con pocas capas o redes poco profundas, estos sistemas requieren capas de neuronas completamente conectadas con un número muy elevado de neuronas que realizan muchas operaciones redundantes, y suelen ser muy difíciles de entrenar. Por el contrario, las redes profundas requieren modelos con menos nodos y parámetros, y por lo tanto los conjuntos de datos necesarios para realizar un entrenamiento adecuado son menores que en el caso anterior. Generalmente, esto supone una ventaja, teniendo en cuenta las dificultades asociadas a la creación y validación de bases de datos de imágenes con anotaciones validadas.

Las redes neuronales basadas en DL (Nielsen, 2015) son sistemas altamente no-lineales que pueden extraer y procesar la información contenida en las imágenes médicas con un alto nivel de abstracción. Su arquitectura está formada por varias capas de neuronas, y su modo de operación se basa en la compartición de conexiones neuronales (caracterizadas por un *peso*), lo que las hace adecuadas para trabajar con el tipo de características encontradas en las imágenes radiológicas. La disponibilidad de ordenadores personales con mayores capacidades de cálculo y la posibilidad de utilizar sus Unidades de Procesamiento Gráfico (GPUs) para acelerarlos, permite manejar el alto número de parámetros y operaciones involucrados en plazos de tiempo razonables.

Un tipo de enfoque clásico para el diseño de sistemas CAD consiste en calcular determinados tipos de características empíricamente seleccionados a partir de las imágenes, para extraer información representativa de la geometría, textura y propiedades de la anatomía estudiada. Esto requiere un conocimiento previo o la guía de personal experto, y se basa en una serie de etapas de procesado de imagen que deben realizarse con un alto grado de exactitud. Es habitual que estos métodos estén basados en tareas dependientes del usuario como el contorno de lesiones, o el cálculo de parámetros preparados “a mano”.

Las técnicas de ML basadas en píxeles permiten afrontar el diseño de sistemas CAD de forma completamente diferente, mediante la búsqueda de un conjunto de transformaciones matemáticas directamente sobre las imágenes para aprender patrones a partir de ellas. Finalmente se utilizan para clasificar o detectar ciertos patrones anormales o lesiones y sus características asociadas.

El análisis de las regiones de interés delimitadas por el radiólogo o el software CAD constituye una herramienta muy útil y es la base de muchos sistemas CADx, que utilizan algoritmos de clasificación basados en el análisis de estos descriptores. Algunos de los más habituales se reflejan en la Tabla 3:

Nombre del descriptor	Expresión matemática
<i>Media aritmética</i>	$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (\text{Ec. 1})$
<i>Desviación estándar</i>	$\sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \quad (\text{Ec. 2})$
<i>Coficiente de asimetría</i>	$\frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{\left(\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \right)^3} \quad (\text{Ec. 3})$
<i>Coficiente de curtosis</i>	$\frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{\left(\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \right)^2} - 3 \quad (\text{Ec. 4})$
<i>Mínimo</i>	Mínimo valor de intensidad en la ROI
<i>Máximo</i>	Máximo valor de intensidad en la ROI

Tabla 3. Algunos descriptores habituales aplicables a los valores de píxel de una ROI

Los sistemas CAD basados en ANN suponen una mejora en el diagnóstico y detección de lesiones en múltiples localizaciones (Suzuki, 2012; Roth et al., 2016; Arévalo et al., 2016), y permiten disminuir la variabilidad asociada a la persona encargada de informar el estudio radiológico (Ayer et al., 2013). Es importante señalar que incluso en el caso de que el software no mejore la sensibilidad o especificidad del especialista, puede ser útil proporcionándole información complementaria para analizar un determinado problema. Otro aspecto relevante que puede conducir a incrementar el uso del CAD es una integración eficiente en los entornos de trabajo de los sistemas PACS.

El objetivo final de estos sistemas es servir como una herramienta adicional para el especialista en radiodiagnóstico, asistiéndole en las tareas de diagnóstico y detección. La literatura científica sobre los sistemas comentados en estas secciones, se centra habitualmente en investigar su utilidad para el radiólogo en el proceso de toma de decisiones. Sin embargo, existe un creciente interés, como se explicará posteriormente, en el potencial del CAD para la formación de especialistas y como herramientas educativas. Uno de los principales objetivos de esta Tesis Doctoral es explorar estas capacidades.

2.3. Tipos de sistemas CAD: CADe y CADx

De forma general, y de acuerdo con numerosos autores, los sistemas CAD se clasifican en dos categorías principales (Giger et al., 2008; Suzuki, 2012b), denominadas Detección Asistida por Ordenador (*Computer Aided Detection*, CADe) y Diagnóstico Asistido por Ordenador (*Computer Aided Diagnosis*, CADx). La principal diferencia entre ambos sistemas radica en que el objetivo de un sistema CADe es la localización o detección de lesiones en imágenes, mientras que un sistema CADx proporciona información sobre el tipo de lesión o su grado de malignidad, es decir, realiza una caracterización de la misma.

Los sistemas de tipo CADe están especializados en la localización o detección de ciertos tipos de candidatos a lesiones o de determinados rasgos patológicos. Su principal objetivo es proporcionar la localización de las lesiones sospechosas presentes en un determinado estudio radiológico.

Por otra parte, el CADx se centra en la tarea del diagnóstico, clasificando los candidatos en diferentes tipos, o bien diferenciando el carácter benigno o maligno de una lesión, caracterizando su grado de malignidad o separando entre hallazgos patológicos o falsos positivos.

Las etapas necesarias para diseñar un sistema CADe orientado a la distinción de ciertos rasgos patológicos frente a los tejidos sanos circundantes, son las siguientes:

- Segmentación del órgano o región estudiada
- Etapa de preprocesado, incluyendo algoritmos destinados al realce de la señal de la lesión frente a estructuras de fondo.
- Detección de los candidatos a lesión.
- Segmentación de los candidatos detectados.
- Extracción de características y cálculo de parámetros matemáticos que permiten describir los hallazgos.
- Clasificación de los candidatos de acuerdo a los parámetros calculados (como lesión o no-lesión)
- Aplicación de métodos de reducción del número de falsos-positivos.
- Resultado final u *output* del programa informático: lista de lesiones detectadas con sus características asociadas.

Las etapas relacionadas con la caracterización del tipo de lesión, el diagnóstico y posterior prescripción del tratamiento no intervienen en este proceso.

Es muy importante obtener una alta sensibilidad en la etapa de detección de candidatos a lesión. Como se indica en (Suzuki, 2012a) la sensibilidad de los sistemas CADe para la detección de nódulos pulmonares en TC se encuentra en el intervalo del 70% al 95%, con una alta variabilidad en el número de FPs dependiendo del sistema considerado (puede variar desde un número reducido hasta 70 por caso). Para otra aplicación del CAD como es la colonografía TC se han

alcanzado sensibilidades similares (entre el 70% y el 100%), pero con un rango más pequeño de FPs (desde 1 hasta 30).

La principal desventaja de los sistemas CAdE son sus tasas de detección de FPs, que puede llegar a desalentar a los especialistas en radiodiagnóstico ya que descartar un elevado número de falsos candidatos es una tarea exigente.

En lo referente a los sistemas de CAdx, la secuencia de etapas necesarias para su creación presenta algunas diferencias importantes con respecto al caso del CAdE:

- Detección manual o automática de las lesiones. Este tipo de software puede comenzar con el resultado proporcionado por un esquema de CAdE o bien un conjunto de candidatos hallados por un radiólogo, ya que se dedica a la tarea de clasificación.
- Extracción de características y análisis de las lesiones utilizadas como *input*.
- Clasificación de las lesiones basada en las características extraídas.
- Diagnóstico de las lesiones examinadas, encuadrándolas en una determinada categoría.

La última etapa no solamente asigna a la lesión estudiada la categoría de normal o anomalía, benigna o maligna... sino que en muchos casos asigna una probabilidad de pertenencia a una determinada clase (asociada a un tipo de patología) o un grado de malignidad. El uso del CAdx para la distinción entre nódulos pulmonares malignos y benignos en TC consigue frecuentemente valores para el área bajo la curva ROC en el intervalo 0.85-0.95 en diferentes publicaciones científicas, lo que refleja un buen funcionamiento.

2.4. Ventajas y limitaciones de los sistemas CAD

En la literatura científica se han reportado una serie de ventajas, comunes a muchos de los sistemas CAD. Algunas de las propiedades beneficiosas de estos sistemas son exclusivas de aquellos basados en ANNs. Entre ellas destacan:

- Gran potencial para asistir a los radiólogos en la interpretación de imágenes.
- La interpretación de imágenes tiene una variabilidad asociada, dependiente de la experiencia del profesional. El uso de sistemas CAD tiene el potencial de reducir la variabilidad en sensibilidad, dependiente del observador, y produce una reducción en el número de errores.
- Los sistemas CAD proporcionan acceso a características "ocultas", capturar relaciones complejas a partir de los datos, y procesar grandes cantidades de información, tareas inaccesibles o muy difíciles de abordar para observadores humanos.
- En el caso de las redes de tipo PANNs, se evitan los errores derivados del cálculo manual de características a partir de las estructuras segmentadas.
- La IA en general, y determinados sistemas de IA en particular, tiene un gran potencial para asistir en la formación de profesionales sanitarios y futuros especialistas en el campo del radiodiagnóstico. Permiten enfocar el proceso de formación de forma diametralmente opuesta

a los métodos de formación tradicionales, proporcionando esquemas de formación individualizados y monitorizando el proceso con mayor precisión y nuevos datos.

- El uso del CAD permite reducir la variabilidad interobservador, lo que permite realizar una mejor planificación de los tratamientos posteriores al diagnóstico.

- La utilidad de los sistemas de CADx estriba en caracterizar una lesión previamente localizada, en términos de sus características morfológicas o funcionales, y proporcionar una probabilidad de malignidad o cualquier otro estadio de la enfermedad. Los datos de entrada a un sistema CADx pueden ser lesiones detectadas por observadores humanos o por sistemas de CADe.

Una investigación realizada por Jung et al. (2014) demuestra los beneficios que ofrece el uso de un sistema CAD en mamografía, no solo para incrementar la sensibilidad de especialistas en radiodiagnóstico no-expertos que trabajen en el ámbito del cribado, sino también para mejorar la capacidad diagnóstica de expertos dedicados a la radiología de mama. En este grupo de profesionales el CAD permitió reducir el tiempo de interpretación de los estudios sin comprometer los resultados diagnósticos.

Otros autores cuantificaron el beneficio derivado del uso del CAD para la detección de pólipos en colonografía TC, considerando dos grupos de radiólogos: sin experiencia y experimentados (Boone et al., 2015). El efecto fue un incremento significativo de la sensibilidad para los no experimentados (aunque con una pérdida de especificidad), produciéndose el mismo efecto en los radiólogos experimentados, aunque las diferencias no fueron estadísticamente significativas en su caso. La metodología utilizada difería entre ambos grupos, ya que para los observadores expertos se utilizó una segunda lectura CAD adicional.

Una validación de la utilidad clínica de un software CAD comercial entrenado con imágenes de una cohorte de pacientes de cribado de cáncer de pulmón fue realizada por Murchison et al., (2022). Esta herramienta está dedicada a la detección, clasificación y cuantificación del crecimiento de nódulos pulmonares en TC. La metodología utilizada fue el análisis de una serie de casos por dos especialistas en radiodiagnóstico con ayuda del CAD, por el CAD de forma independiente y por un tercer radiólogo experimentado. El CAD incrementó la sensibilidad del 71.9% al 80.3%. El incremento de la tasa de falsos positivos fue mínimo, por lo que el software demostró tener potencial para asistir en la tarea de detección de nódulos pulmonares en TC.

Sahiner et al. (2007) evaluaron el impacto de un software CAD de desarrollo propio en la detección de nódulos pulmonares en TC. Todos los radiólogos tuvieron una mejor curva ROC de respuesta libre (FROC) al usar el CAD como segunda opinión. Los autores encontraron que algunos falsos positivos anotados por el CAD pueden ser aceptados por los radiólogos, por lo que señalaron la importancia de reducir el número de hallazgos de este tipo.

Yamada et al. (2017) evaluaron la utilidad del CAD para la detección de nódulos pulmonares en exploraciones de tomosíntesis de tórax. Los participantes en su estudio pertenecían a tres grupos: residentes, radiólogos de tórax y radiólogos dedicados al abdomen. El uso del CAD propició una mejora en la tasa de verdaderos positivos detectados, una reducción de los falsos positivos y una mejora en las figuras de mérito que emplearon. El grupo que más se benefició del CAD fueron los residentes, mejorando los otros dos grupos, aunque no de forma estadísticamente significativa.

Otra evaluación de los beneficios relacionados con el uso del CAD, fue realizada por (H. J. Park et al., 2019) en el área de los ultrasonidos de mama. En el estudio participaron 5 especialistas (3 menos experimentados y 2 experimentados), que analizaron las características de una serie de

masas con y sin el apoyo de un sistema CAD. Tras revisar un total de 110 masas y analizar los resultados, los autores demostraron una mejora en el diagnóstico en todos los radiólogos gracias al uso del CAD, aunque el incremento diferencial depende de la experiencia del profesional. Reportaron además una mejora en la variabilidad interobservador como consecuencia del uso del CAD.

Algunas de las limitaciones más comunes de los sistemas CAD basados en redes CNN son:

- **Sobreentrenamiento**, que aparece cuando los modelos CAD aprenden características específicas de los conjuntos de datos de entrenamiento y pierden capacidad de generalización. El origen de este problema radica en que el sistema empieza a modelar el ruido presente en los datos de entrada a la red y no mejora sus capacidades de generalización, aunque el proceso de entrenamiento se prolongue. Existen una amplia variedad de técnicas para reducir este efecto o incluso evitarlo.
- **Detección de FP**, que en algunos casos puede ser elevada, lo que puede resultar desalentador para los usuarios, que deben dedicar un tiempo excesivo a confirmar su validez, pudiendo incluso plantear o generar dudas. Las consecuencias de un FP en un sistema diagnóstico pueden afectar al tratamiento, por lo que el uso de otros métodos de confirmación es clave en estos casos.

Tras producirse la detección de una lesión, por ejemplo, en un programa de cribado, se requiere la realización de pruebas adicionales para determinar su naturaleza y decidir el tipo de tratamiento posterior. Entre estas pruebas adicionales pueden encontrarse el uso de otra modalidad de imagen (que en mamografía puede tratarse de una ecografía, estudio de tomosíntesis, proyección magnificada...), o la toma de muestras mediante biopsia o mediante una intervención quirúrgica.

2.5. Aplicaciones clínicas del CAD en radiología

Las aplicaciones clínicas del CAD abarcan una amplia variedad de modalidades de imagen, localizaciones anatómicas y tipos de patologías (Giger et al., 2008; Suzuki, 2012a; Shi et al., 2009; Ayer, Ayvaci, et al., 2010). Los sistemas CAD han sido ampliamente utilizados para la detección y diagnóstico de nódulos pulmonares en TC y radiografía de tórax, pólipos en colonografía TC, masas y microcalcificaciones en mamografía, metástasis en el tejido esclerótico de la médula espinal en TC, tumores cerebrales en imagen de RMN o la detección de patologías cerebrovasculares en imágenes de RMN.

2.5.1. Tomografía Computarizada de tórax y nódulos pulmonares

El término nódulo engloba un amplio espectro de anomalías (sin considerar su información histopatológica asociada). Se enmarca dentro de un grupo mayor de anomalías anatómicas conocidas como “anomalías focales” La principal condición que debe satisfacer una lesión para

ser considerada como un nódulo es su morfología nodular. Existe una amplia variedad de tamaños de nódulos, que pueden estar asociados a diagnósticos como el cáncer de pulmón primario, la enfermedad metastásica o procesos no cancerosos.

El desarrollo de sistemas CADe para la detección de nódulos en TC de tórax y de CADx para diferenciar entre nódulos malignos y benignos son áreas de investigación importantes.

Suzuki & Doi (2005), entrenaron redes neuronales de aprendizaje masivo (MTANNs) para distinguir entre nódulos y vasos sanguíneos en TC torácico, partiendo de un número reducido de casos de entrenamiento. En su investigación, entrenaron un conjunto de nueve redes, cada una de ellas especializada en eliminar un tipo común de falso positivo (FP), principalmente vasos. Después de aumentar el número de muestras disponibles de cada caso, consiguieron una buena sensibilidad y capacidad de detección con un número bajo de FPs.

Hua et al. (2015) crearon una herramienta de CADx para la clasificación de nódulos en TC, basada en redes de conocimiento profundo, conocidas como *Deep Belief Networks* (DBNs) y redes CNN. Sus resultados demostraron que se puede conseguir una mejor capacidad de discriminación con este nuevo tipo de redes, frente a los sistemas tradicionales que son además más difíciles de ajustar. Las imágenes que utilizaron para comprobar el funcionamiento de sus sistemas y validar sus resultados pertenecen a la base de datos *Lung Image Consortium (LIDC)*, seleccionando únicamente aquellos nódulos de tamaño superior a 3 mm. La especificidad y sensibilidad obtenidas para la red DBN y CNN fueron significativamente mejores con respecto a los métodos basados en la extracción "manual" de características.

Los métodos de DL han sido aplicados en esta modalidad de imagen y localización anatómica en publicaciones recientes. Cheng et al. (2016) implementaron un tipo especial de red neuronal de convolución (CNN) para desarrollar un software de CADx que permite diferenciar entre nódulos benignos y malignos en TC. En su artículo realizan una revisión extensiva de los algoritmos y sistemas de CADx tradicionales, concluyendo que el modelo de *Deep Learning Stacked Denoising Auto-Encoder* era el que mejor desarrollaba las tareas de diferenciación y clasificación. Su solución CADx fue aplicada también a ultrasonidos de mama, demostrando el amplio rango de aplicabilidad del sistema.

Las redes de convolución multi-escala, utilizadas por Shen et al. (2015) constituyen un nuevo enfoque para abordar el problema de la clasificación de nódulos pulmonares. Este tipo de sistemas emplean recortes de imagen o *patches* de diferentes tamaños durante la fase de entrenamiento. Se alcanza una exactitud de clasificación del 86,4 %, sin necesidad de realizar una segmentación de los nódulos. En su investigación se emplearon estudios TC del repositorio LIDC-IDRI. El sistema que desarrollaron presentó una gran robustez frente al ruido y fue capaz de capturar la heterogeneidad de los nódulos, así como rasgos e información altamente discriminativos. Su diseño incluye la combinación de tres CNNs y la conexión con un clasificador de tipo *random forest*.

Chen et al. (2010) evaluaron la utilidad diagnóstica de un sistema CAD basado en un conjunto de redes neuronales para la clasificación de nódulos en escáneres TC reconstruidos con un espesor de corte fino. Los autores establecen una clasificación de nódulos en tres categorías: probablemente benignos, inciertos y probablemente malignos. La combinación de varias ANNs y clasificadores les permitió mejorar las capacidades de generalización de sus sistemas y mejorar la fiabilidad de los resultados. Los autores indicaron que su sistema de clasificación permite introducir otros factores relacionados con el paciente, así como la posibilidad de realizar un análisis temporal de cambios mediante el registro de estudios de imagen.

He et al. (2014) utilizaron técnicas basadas en el cálculo de características para clasificar nódulos en base a su nivel de sutileza o dificultad a la hora de ser detectados. Su punto de partida fue la implementación de un algoritmo de segmentación de nódulos (basado en la selección de un umbral óptimo calculado en función de los gradientes en la imagen). Después de seleccionar y calcular una serie de características, entrenaron una ANN. Obtuvieron un buen acuerdo entre las segmentaciones automáticas y las realizadas por radiólogos. Además, las puntuaciones asignadas al grado de sutileza por el sistema CAD fueron similares a las realizadas por los expertos. El sistema que desarrollaron permite evaluar la complejidad de una base de datos y realizar intercomparaciones entre sistemas CAD.

El análisis de la información relacionada con las variaciones temporales en estudios de imagen, particularmente en programas de cribado, puede facilitar la identificación de nódulos pulmonares. Tokisa et al. (2012) desarrollaron un método para sustraer imágenes, eliminando los artefactos asociados y realzando las lesiones. Los candidatos fueron encontrados gracias a una serie de etapas de procesamiento. Tras aplicar un método de reducción de falsos positivos (FPs), su evaluación produjo los siguientes resultados: 87.1% de sensibilidad con 2.07 FPs por estudio. Su sistema admite la posibilidad de utilizar una exploración única o una combinación temporal, extendiendo los datos disponibles para el diagnóstico.

Firmino et al. (2014) elaboraron una revisión de sistemas CADe para la detección de cáncer en TC. Encontraron algunas características comunes en las publicaciones científicas relacionadas con estos sistemas: una mejora en el rendimiento de los radiólogos, aumentando su sensibilidad, una alta capacidad para detectar nódulos, un gran potencial para mejorar la práctica clínica y bajos costes asociados. Los autores realizan un recorrido a través de diferentes tipos de arquitecturas, algoritmos de segmentación y preprocesado, técnicas de detección y métodos para eliminar FPs. Además, realizaron una evaluación crítica de los requerimientos que estos sistemas deben cumplir y los retos futuros a los que deberán enfrentarse. Entre ellos cabe destacar la generación de sistemas de código abierto, el uso de nuevas técnicas de segmentación, la integración del CAD en los ambientes PACS y la mejora de su especificidad.

Un tipo de sistema diferente para la detección de nódulos pulmonares en TC, que permite identificar la ROI que los engloba mediante métodos de triangulación de isosuperficies, fue propuesto por Golosio et al. (2009). Permite localizar diferentes tipos de nódulos utilizando una modificación del algoritmo de computación gráfica *Marching cubes*. Una vez identificados los nódulos se extraen sus características para distintos valores de píxel umbral, que sirven como entrada de un sistema de clasificación basado en ANN de tipo *feed-forward*, con una capa oculta y función de activación neuronal de tipo logístico. Este sistema CAD alcanzó sensibilidades comparables a otros resultados publicados, introduciendo el concepto de ROI multiumbral (MROI).

Zhang et al. (2019) utilizaron una serie de modelos de red CNN existentes realizando las modificaciones oportunas para poder clasificar de forma directa nódulos en 3D recortados de imágenes TC pertenecientes a la base de datos *LIDC-IDRI*. Entre los modelos que utilizaron se encuentra *VGG* (que contiene 16 o 19 capas con filtros de tamaño 3x3), *ResNet* (un modelo de mucha profundidad, 50 capas, que combate el problema de desvanecimiento de gradientes utilizando mapas residuales), *DenseNet* (un modelo similar al anterior con que utiliza todos los mapas de características de las capas anteriores como entrada de una capa dada), *MobileNet* (que realiza la convolución solamente en algunos canales, reduciendo el número de parámetros a entrenar y la eficiencia del proceso) y *NASNet* (este modelo avanzado es capaz de aprender la arquitectura del modelo a partir del conjunto de datos de entrada). Utilizando un tamaño de recorte en 3D de 50 x 50 x 5 (5 recortes por nódulo) en cada uno de los 746 nódulos anotados que utilizaron u normalizaron, consiguieron una exactitud en el mejor modelo del 87.77%, una

sensibilidad máxima del 82.73% y una especificidad del 92.38%. Los autores señalan que la disponibilidad de un número de muestras limitado supone un problema a la hora de entrenar sistemas con un número tan elevado de parámetros.

Una reciente investigación sobre la detección de nódulo pulmonares en TC fue conducida por Manickavasagam et al. (2022). Utilizaron un modelo compuesto por 5 capas de convolución para la extracción y posterior clasificación de características y la base de datos *LIDC-IDRI*. Utilizando métricas de evaluación de resultados como las empleadas en esta Tesis, consiguieron una exactitud del 98.88%, sensibilidad del 99.62% y especificidad del 93.73%, con área bajo la curva ROC (AUC) de 0.928, superando a otros métodos utilizados en la literatura, como máquinas SVM y otros sistemas basados en DL.

Una recopilación de métodos de DL para el diagnóstico del cáncer de pulmón, que incluía una discusión sobre los retos y futuras líneas de investigación en el campo fue realizada por L. Wang (2022). Los sistemas más comúnmente utilizados son las redes CNN y las redes neuronales recurrentes (RNN). Las CNN utilizan métodos de aprendizaje supervisado y se utilizan tanto para la detección como el diagnóstico ya que requieren poco preprocesado y permiten establecer relaciones no-lineales de elevada complejidad. La arquitectura de las redes RNN permiten adaptar los resultados durante repetidas reintroducciones de los datos utilizando conexiones que retroalimentan la red. Otras técnicas como el aprendizaje no supervisado, o la técnica de aprendizaje reforzado han sido utilizadas también. El autor recopila las métricas de evaluación y las bases de datos más comúnmente utilizadas para evaluar y entrenar estos sistemas, junto con los métodos utilizados por diferentes investigadores y los resultados que obtienen. Como líneas futuras de investigación destaca el desarrollo de nuevas funciones de coste, la mejora de los conjuntos de datos disponibles, la introducción de conocimiento clínico previo en los modelos y la necesidad de un trabajo multidisciplinar en el que los especialistas en radiodiagnóstico, informáticos e ingenieros aúnen esfuerzos que permitan realizar un diagnóstico completo de la patología.

En otro artículo de revisión, dedicado en este caso al diagnóstico asistido por ordenador de nódulo en TC, Cao et al. (2020) describen las bases de datos y competiciones para desarrollar sistemas CAD, métricas de evaluación, técnicas de procesado y técnicas para la detección de candidatos a nódulo, la reducción de FP y su posterior clasificación. En el núcleo del artículo recogen los algoritmos de CADx que forman parte del estado del arte: como la integración de CNN multiescala, el uso de proyecciones de máxima intensidad o los cálculos en la nube mediante máquinas virtuales. Otros tipos de sistemas son los basados en la transferencia de aprendizaje, que emplean sistemas entrenados previamente para resolver otras tareas, o los que utilizan métodos semisupervisados o no supervisados, especialmente útiles en caso de disponer de un número reducido de muestras para el aprendizaje. Los métodos CADx multi-tarea producen resultados mejorados en la clasificación de nódulos ambiguos o difíciles de etiquetar. Los retos a los que se enfrentan estos sistemas son la falta de conjuntos de imágenes grandes y de alta calidad, la dificultad de interpretar los resultados diagnósticos generados por el CAD y la dificultad de que estos sistemas realicen un aprendizaje continuo, algo necesario teniendo en cuenta el imparable avance de la tecnología, que renueva frecuentemente los sistemas de adquisición de imagen y las técnicas de procesado.

Huang et al. (2019) desarrollaron un sistema de detección de nódulos, que utilizaba modelos de 5, 7 y 9 capas que utilizaban tamaños de recorte de entrada de 32 x 32 x 32, 64 x 64 x 64 y 96 x 96 respectivamente. La base de datos que utilizaron fue *LUNA 16*, de la que descartaron aquellos nódulos de tamaño inferior a 5 mm. Usando el clasificador *AdaBoost* que realza las propiedades de los clasificadores tradicionales y un número elevado de recortes, consiguieron una sensibilidad del 81.7% con 0.125 FPs por estudio y del 85.1% con 0.25 FPs por estudio. Los

autores de este trabajo señalaron la dificultad asociada a establecer comparaciones entre modelos, ya que en algunos casos no disponen del número de muestras que han sido utilizadas para los conjuntos de entrenamiento, validación y test.

G. K. Abraham et al. (2019) entrenaron un modelo de CNN para la clasificación de pulmones en imágenes de TC como cancerosos o no-cancerosos. Utilizando un modelo implementado en la plataforma de cálculo *MATLAB*[®], introdujeron conjuntos de datos de LIDC-IDRI obteniendo una exactitud de clasificación del 98.75%. En comparación con otros modelos pre-entrenados, como *AlexNet* (para el que obtuvieron una exactitud del 79.5%) y *VGG* (exactitud del 97.5%), su modelo funcionó mejor. La red de los autores utiliza una capa de convolución y *pooling*, una capa de normalización del conjunto de imágenes (*batch*), seguidas de una capa completamente conectada y un clasificador de tipo *softmax*. Los investigadores recomiendan el uso de filtros de pequeño tamaño (3 x 3 o 5 x 5) para evitar la pérdida de información y el uso de operaciones de *pooling* de tamaño 2 x 2.

Una variación de red CNN, denominada Red Multiescala con Fusiones Compuestas (MCNN-CG) diseñada por Saradhi & Thanikaiselvan (2021) utilizó recortes 3D y realizaba una fusión de características detectadas a dos profundidades diferentes. La métrica de funcionamiento competitivo produjo un resultado de 0.948 sobre la base de datos *LUNA16*. Los autores utilizaron la función de pérdidas *log-loss* y realizaron un procesado en tres pasos (reescalado, normalización de intensidad y segmentación de la región pulmonar) antes de proceder al aumento de los datos. El modelo trata la detección de nódulos como un proceso de clasificación binario. En función del tamaño del recorte (64 x 64 x 64, 32 x 32 x 32 o 16 x 16 x 16) su modelo utilizaba 3, 2 o 1 capa de convolución en una primera etapa, para luego transformar estos resultados mediante una capa de convolución para combinarlos antes de la última convolución que precedía a la capa completamente conectada y el clasificador.

2.5.2. Mamografía

Una de las primeras aplicaciones en las que se demostró la validez del CAD como una herramienta útil para asistir a los especialistas en radiodiagnóstico fue la detección de grupos de microcalcificaciones en mamografía. Chan et al. (1999) reportaron una mejora estadísticamente significativa en las Características Operativas del Receptor (ROC) de los radiólogos que utilizaron su sistema CAD. A partir de finales del siglo XX, muchas publicaciones científicas trataban ya sobre mejoras en el diagnóstico y detección de lesiones asociadas al uso del CAD (Jiang et al., 1999), junto con una reducción en la variabilidad asociada a la interpretación de imágenes (F. Li et al., 2004).

En las últimas dos décadas, la detección del cáncer en mamografías adquiridas tanto en los servicios de Radiodiagnóstico de centros hospitalarios, como en los programas de cribado de detección precoz del cáncer de mama, se ha convertido en uno de los campos de aplicación más importantes de los sistemas CAD.

La utilización de mamografías en programas de cribado que se aplican a grandes grupos poblacionales de mujeres asintomáticas plantea una serie de problemas, como la elevada tasa de rellamadas por falsos positivos, que en muchas ocasiones supone la realización de biopsias innecesarias. Esto ocasiona situaciones de estrés y angustia a las pacientes, así como pérdidas económicas al sistema sanitario, produciendo un incremento de la carga de trabajo de los profesionales.

Debido a las pequeñas diferencias de densidad entre las lesiones y los distintos tipos de tejido mamario sano (principalmente glandular y adiposo), la interpretación de mamografías es una tarea de elevada complejidad y que requiere un importante esfuerzo y concentración. Algunos de los trabajos que se han realizado en esta modalidad diagnóstica han conseguido resultados muy prometedores.

El CADe en mamografía puede categorizarse en dos tipos principales: sistemas especializados en la detección de masas y en aquellos que detectan grupos de microcalcificaciones, existiendo herramientas capaces de detectar ambos tipos de lesiones. Es el caso de las redes CNN entrenadas en la presente investigación.

En un trabajo relacionado con el CAD en mamografía, Arévalo et al., (2016), entrenaron un conjunto de redes CNN con diferentes inicializaciones de parámetros seleccionando los mejores basándose en la exactitud sobre los datos de validación. En su trabajo describen con detalle las técnicas de preprocesado para mejorar el funcionamiento de las redes, aplicando métodos como la expansión de los conjuntos de datos (*Data Augmentation*) o las normalizaciones de contraste local y global a las imágenes que servirán como datos de entrada. Los resultados que obtuvieron para sus modelos fueron mejores que otros sistemas de clasificación que formaban parte del estado del arte, alcanzando un área bajo la curva ROC de 0.82. Utilizaron para su trabajo los *datasets* del repositorio *Breast Cancer Digital Repository* (BCDR), utilizado también en esta Tesis Doctoral. BCDR (Guevara Lopez et al., 2012), fue desarrollada por la Universidad de Oporto, IEETA y el Centro Extremeño de Tecnologías Avanzadas. Dispone de colecciones de mamografías obtenidas con equipos digitales, así como imágenes digitalizadas con anotaciones sobre los hallazgos.

La detección de grupos de microcalcificaciones en mamografías ha sido tradicionalmente una de las principales aplicaciones del CAD (Ge et al., 2006). El sistema basado en CNN que entrenaron estos autores con 28 grupos de microcalcificaciones malignas y 68 benignas, con un clasificador de tipo LDA, alcanzó una sensibilidad del 90% con 1.49 FP por imagen. La preparación previa de los datos consistió en una segmentación de la mama seguida de un realce de contraste adaptativo en función de la densidad local y un procesado con un filtro que suaviza el ruido e incrementa la señal de los objetos de pequeño tamaño. Posteriormente las microcalcificaciones fueron segmentadas en base a su relación señal-ruido y se identifican los *clústers* o agrupaciones con un procedimiento específico. El clasificador fue alimentado con características morfológicas extraídas mediante CNNs de los grupos de microcalcificaciones segmentados.

La tarea de detección y diagnóstico de grupos de calcificaciones fue abordada por Kallergi (2004) utilizando ANNs. En primer lugar, realizaban la segmentación con un algoritmo basado en transformadas *wavelets* y calculaban un conjunto completo de características. La segunda etapa de su sistema consistía en utilizar las características como entradas de una red de tipo *feed-forward* con tres capas completamente conectadas para su clasificación, proporcionando como resultado una probabilidad de malignidad.

Las redes CNN fueron aplicadas a la interpretación de mamografías por Agarwal & Carson (2015). Desarrollaron una red CNN para la clasificación de lesiones entre calcificaciones y masas, reportando una exactitud máxima del 87%. Con otro tipo de arquitectura, implementaron una red CNN especializada en evaluar el grado de malignidad, obteniendo una exactitud sobre los datos de validación del 69.8%. Los conjuntos de datos de imágenes utilizados para el entrenamiento y validación pertenecían a la base de datos DDSM.

Fan et al. (2019) crearon un sistema CAD para la detección de masas en la modalidad de imagen tridimensional conocida como tomosíntesis, que mejora algunas de las limitaciones inherentes a la mamografía convencional. Utilizaron un conjunto de datos pequeño de 105 masas para entrenar un sistema *RCNN* capaz de identificar volúmenes uniendo las regiones detectadas en diferentes cortes consecutivos. Para una sensibilidad del 90% el número de FP detectado era inferior al de los sistemas de CNN basados en DL, con un tiempo de procesamiento menor y un valor de área AUC algo superior.

La cantidad de tejido radiopaco epitelial y del estroma frente a tejido adiposo determina la composición o densidad de la mama, que según el sistema *BI-RADS* se puede dividir en cuatro categorías. Se han desarrollado numerosos sistemas CAD que abordan la tarea de clasificación automática de mamografías por densidad (C. Li et al., 2021; N. Wu et al., 2018). Los métodos basados en CNNs también han sido aplicados a la detección y clasificación de asimetrías, asociadas a depósitos de tejido fibroglandular no considerados como masas (Yu et al., 2019).

Las masas pueden observarse en diferentes proyecciones y se caracterizan por descriptores como su forma, márgenes o densidad. Existen algoritmos basados en CNN para la localización de masas en mamografías (M. G. Ertosun & D. L. Rubin, 2015) y otros dedicados a la segmentación y clasificación de masas (de Moor et al., 2018). Los métodos de aprendizaje no supervisado se han aplicado también en este campo (N. Dhungel et al., 2015).

Al-antari et al., (2018) diseñaron un sistema para detectar masas en mamografías. Utilizaron tres tipos de sistemas de IA, un enfoque de DL regional para detectar la lesión, una red CNN de resolución completa (*FrCN*) para segmentarla y una red CNN basada en DL para reconocer la masa y clasificarla como maligna o benigna. Utilizando la base de datos *INbreast*, la exactitud de su sistema fue del 98.96%. El sistema *FrCN* consta de 13 capas de convolución, seguidas de un decodificador con otras tres capas y un clasificador de tipo *softmax*. La CNN especializada en la clasificación de lesiones consta de 5 capas de convolución, seguida de dos capas completamente conectadas y un clasificador. Las masas analizadas utilizadas como datos de entrada fueron reescaladas a un tamaño de 40 x 40 píxeles. La integración de estos tres sistemas permitió obtener unos buenos resultados de clasificación, mientras que la segmentación píxel a píxel contribuyó a reducir el número de FP y FN.

Abdelhafiz et al. (2020) desarrollaron un sistema basado en redes CNN para la segmentación de masas en mamografías, entrenado con tres bases de datos de acceso público, dos de ellas utilizadas en esta investigación como *CBIS-DDSM* y *BCDR*, y además *InBreast*. La exactitud promedio sobre el conjunto de datos de test fue reportada en un 92.6%. Los autores hacen énfasis en el beneficio asociado al uso de técnicas de *data augmentation*. La arquitectura *U-Net* modificada, en la que está basado su modelo adopta un esquema en el que una serie de 5 capas de convolución y 5 capas de *max-pooling* extraen características de las imágenes. Dispone de un decodificador concatenado a este modelo que aumenta la dimensión de los mapas de características y reduce progresivamente el número de canales hasta alcanzar finalmente el tamaño de matriz original, que contiene la masa segmentada. La función de pérdidas utilizada, *Dice function*, fue minimizada con una constante de tasa de aprendizaje decreciente y el aprendizaje detenido utilizando la técnica de *early stopping*.

Las aplicaciones CAD dedicadas a la detección y clasificación de calcificaciones y de masas analizan la morfología, distribución o los cambios temporales en estos depósitos de calcio, facilitando su diagnóstico. Se han utilizado conjuntos de redes CNN multi-tamaño para aumentar el contexto que permite tomar una decisión, consiguiendo una sensibilidad de 0.83 sobre el conjunto de datos *INBreast* (Savelli et al., 2020). También se han aplicado los métodos de *transfer learning* en este campo, utilizando modelos pre-entrenados en *AlexNet*.

Ribli et al., (2018) desarrollaron un sistema CAD basado en *Faster R-CNN*, que permite detectar y localizar lesiones en las imágenes, independientemente de la clase a la que pertenezcan. La red CNN obtiene una serie de regiones que son consideradas como propuestas y posteriormente clasificadas en tres clases. Su sistema, que permite clasificar las lesiones mamográficas en malignas o benignas, consiguió el mejor resultado de los publicados para la base de datos *INBreast*, con un AUC de 0.95. El sistema puede utilizarse también como sistema de CAD de detección, alcanzando para esa modalidad de funcionamiento una alta sensibilidad (90%) y muy pocos FP.

Se han desarrollado sistemas CAD para analizar las variaciones temporales en mamografías (Ma et al., 2015). El hecho de que los especialistas en radiodiagnóstico realicen un análisis de imágenes retrospectivo al diagnosticar esta modalidad de imagen, justifica la importancia de este enfoque. Los resultados generados por la introducción de cambios temporales en la clasificación realizada por el sistema CAD muestran una mejora en la detección de masas y en la exactitud de clasificación. Realizar un registro adecuado de las regiones pertenecientes a diferentes mamografías es fundamental para extraer las características que varían con el tiempo. Este proceso se asienta en una adecuada extracción y segmentación de regiones, requiriendo una gran exactitud en los cálculos matemáticos.

En la literatura científica también pueden encontrarse diferentes desarrollos de sistemas de tipo CADx en mamografía. (Ayer, Alagoz, et al., 2010) propusieron un sistema de CADx basado en ANN, no solo para diferenciar entre lesiones benignas y malignas, sino para realizar una predicción individualizada de la probabilidad de cáncer. Utilizaron un gran número de hallazgos diagnósticos para entrenar una red neuronal de tipo *feed-forward*. La salida producida por la red era la probabilidad de malignidad, extraída de 36 descriptores de cada caso perteneciente a una base de datos. Se utilizaron técnicas para mejorar el aprendizaje y evitar el *overfitting* de las redes. A partir de la evaluación de este modelo, los autores reportaron que el sistema CAD producía unos resultados superiores a los de los radiólogos en la tarea de discriminación, y tenía una sensibilidad más alta para un valor dado de especificidad. La estimación del riesgo de cáncer fue también exacta, por lo que se trataba de una valiosa herramienta de apoyo a los especialistas.

Las redes CNN también han sido utilizadas para la clasificación de tejidos (Dubrovina et al., 2016), como aplicación de la IA para la segmentación de estructuras. Cada píxel de las mamografías era clasificado en cuatro categorías de tejidos: músculo pectoral, tejido fibroglandular, pezón y tejido general (adiposo y piel). Los autores contrarrestaron las desventajas de disponer de un conjunto de datos de entrenamiento pequeño utilizando recortes de imagen superpuestos para incrementar la cantidad de muestras para el entrenamiento y evitar el *overfitting*. Su arquitectura estaba formada por siete capas, siendo las tres primeras de convolución, incluyendo operación de *pooling* máximo y funciones de activación de tipo ReLU (unidades lineales rectificadas). La velocidad de procesado de datos de la esta red CNN fue reportada como dos órdenes de magnitud más rápida que la formadas por capas de neuronas completamente conectadas, manteniendo la misma exactitud de clasificación.

Al-antari et al., (2020) desarrollaron un sistema que integra un detector CADe y un clasificador CADx para diagnosticar lesiones de mamografía. El sistema de detección utiliza el método de detección de objetos en tiempo real *You Only Look Once (YOLO)*. Todas las mamografías fueron normalizadas y reescaladas a un tamaño de matriz de 448 x 448 antes de ser introducidas. Para considerar un hallazgo lesión, los autores consideran que debe haber una superposición mayor del 50% entre la caja que engloba a la lesión detectada por *YOLO* y las anotaciones o *ground truth*. En la posterior etapa de clasificación, las lesiones son interpoladas a tres tamaños de matriz de 128 x 128, 224 x 224 y 299 x 299 en función del modelo pre-implementado en la

plataforma de ML llamada *Keras* que se utilice: red CNN convencional, *RedNet-50* o *InceptionResNet-V2*. Las tasas de detección de VP para los casos malignos fueron del 93.7%, 95.3% y del 97.7% respectivamente para la base de datos *DDSM*, siendo estos resultados algo inferiores (90.6%, 93.2% y 96.0%) para imágenes pertenecientes a la base de datos *INbreast*.

Uno de los retos relacionados con la interpretación de imágenes mamográficas es la caracterización automática de las calcificaciones. Cai et al. (2019) abordaron este problema a partir de descriptores obtenidos de forma manual y mediante técnicas de DL. Aunque las características extraídas mediante DL superan a las extraídas manualmente, estas últimas pueden proporcionar información útil. Utilizaron un clasificador de tipo *SVM* para clasificar los conjuntos de características. La arquitectura de red que utilizaron disponía de 5 capas de convolución con un número de filtros de (96, 256, 384, 384, 256) y un tamaño de (11, 5, 3, 3, 4) respectivamente y unidades *ReLU*. Aplicaron operaciones de *pooling* al final de las dos primeras capas y de la última. Reportaron una exactitud para su modelo CNN del 87.7%, mientras que para las características obtenidas manualmente la exactitud de del 86.7%.

El uso de redes CNN para la clasificación de lesiones en los programas de cribado del cáncer de mama fue abordado por Chougrad et al., (2018). El objetivo de estos sistemas es facilitar esa tarea para evitar la realización de biopsias innecesarias, con las consiguientes consecuencias para la paciente y el sistema sanitario. Realizando un ajuste fino de diferentes tipos de redes CNN, consiguieron una exactitud del 97.4% y un AUC de 0.98 para la base de datos *DDSM* y un 95.5% y un AUC de 0.97 para la base de datos *InBreast*. La integración de sistemas CAD basados en CNN como los desarrollados en esta investigación en los programas de cribado, es de especial importancia, ya que sirven como “segunda opinión” para asistir al especialista en radiodiagnóstico en la difícil y repetitiva tarea de explorar un gran número de mamografías, muchas veces sin anomalías reseñables. En su investigación utilizan la técnica de *transfer learning*, que consiste en la aplicación de los resultados obtenidos con modelos avanzados de CNNs aplicados a la base de datos de imágenes *ImageNet* a las imágenes de mamografía.

Una investigación reciente estudia la influencia que tiene en la clasificación de lesiones mediante redes CNN el uso de técnicas de ecualización del histograma (Alshamrani et al., 2022). Estos algoritmos permiten mejorar el contraste de diferentes tipos de lesiones, lo que incrementaría el porcentaje de imágenes clasificadas correctamente por los sistemas basados en CNN. Utilizando la base de datos de mamografías *mini-MIAS* y la arquitectura de DL *VGGNet-16* entrenada mediante *transfer learning* (10 capas en total). La aplicación de técnicas de modificación del histograma consiguió mejorar la exactitud de su modelo, que pasó de un 67% a un 81% (con un 80% de precisión).

Una comparación entre un sistema CAD entrenado con un conjunto de datos extraídos manualmente y otro basado en una red CNN fue establecida por Kooi et al., (2017). Cabe destacar el elevado número de mamografías utilizadas en su investigación para entrenar ambos sistemas (45000), de un programa de cribado de Países Bajos. La arquitectura que emplearon contenía 5 capas de convolución. El desarrollo de los sistemas basados en CNN no requiere de los conocimientos de un experto, aunque añadir la información de sistemas basados en características extraídas manualmente mejora los resultados de las redes CNN, llegando a alcanzar un AUC de 0.938 para su sistema.

Abdelhafiz et al., (2019) realizaron una revisión de los puntos fuertes, limitaciones y resultados de la aplicación de sistemas basados en redes CNN en mamografía. Los autores revisaron 83 trabajos de investigación centrados en diferentes tareas: la clasificación y detección de lesiones, la evaluación del riesgo, la recuperación de imágenes para la creación de repositorios y bases de datos y la mejora de la resolución en el proceso de reconstrucción. La tarea de clasificación de

lesiones, ya sea en 2 o 3 categorías ha sido abordada por muchos autores. Esta revisión presenta una serie de buenas prácticas que contribuyen a mejorar los resultados obtenidos con CNNs en mamografía, que incluyen la preparación de datos (preprocesado, recorte y remuestreo, mezclado de bases de datos), el uso de técnicas de aumento de la cantidad de muestras disponibles, el ajuste de hiperparámetros de las redes CNN (como la profundidad, tasa de aprendizaje, tipos de funciones de activación o normalización de conjuntos de imágenes), así como otras técnicas para mejorar los resultados como la transferencia del aprendizaje o la validación cruzada. Se tratan retos y futuras líneas de investigación, como la limitación en la cantidad de datos de entrenamiento, la reducción de FP, el tamaño de las lesiones (que afecta especialmente a la mamografía por su variabilidad), o la mejora de los filtros de procesado.

Abdelrahman et al. (2021) describen en su artículo de revisión el conocimiento actual relacionado con el uso de las redes CNN en mamografía. Su compendio recoge una discusión relativa a los sistemas CAD tradicionales frente a los basados en visión computacional, como las redes CNN. La revisión bibliográfica relacionada con los sistemas basados en CNN se divide en 4 grandes categorías según la tarea que realiza el software: clasificación de la densidad mamaria, detección y clasificación de asimetrías, detección y clasificación de calcificaciones y detección y clasificación de masas. Finalmente describe modelos y algoritmos CAD aprobados por la FDA para su uso clínico. Los autores resaltan el potencial de las CNN para analizar imágenes debido a que los filtros se pueden adaptar a diferentes patrones y preservar sus características, por lo que suelen presentar un mejor comportamiento que las redes densas. Tras hacer un recorrido por los optimizadores, entre los que el algoritmo de descenso de gradiente estocástico sigue siendo el más utilizado, exploran los tipos de funciones de activación, las operaciones de *pooling* y algunos métodos de regularización. En los últimos años, cada vez más sistemas utilizan métodos basados en la transferencia de aprendizaje, aunque cuando el número de datos correctamente anotados es elevado el enfoque ideal es el basado en aprendizaje supervisado. Los autores realizan una completa descripción de las bases de datos disponibles para el desarrollo de sistemas CAD en mamografía.

2.5.3. Aplicaciones educativas del CAD

Las ANNs han sido aplicadas para el aprendizaje en medicina, como base para el desarrollo de sistemas educativos asistidos por ordenador en mamografía. Mazurowski et al. (2010) propusieron un sistema que modelaba el comportamiento de los usuarios para responder a la siguiente cuestión: ¿existen patrones en los errores cometidos por los radiólogos durante su periodo de formación que sean susceptibles de ser detectados por sistemas de ML o modelos estadísticos? Utilizaron tres tipos de enfoques diferentes: el algoritmo de k vecinos más próximos, ANNs y regresión múltiple. Las variables consideradas fueron dos características *BI-RADS*: la densidad del parénquima y el tipo de márgenes de las masas. En el estudio participaron 10 residentes de radiodiagnóstico. Aunque los autores indicaron que el número de características seleccionadas y la definición de error utilizada podrían haberse ampliado, este tipo de modelos de usuario demostró tener mucha importancia clínica, contribuyendo a incrementar la eficiencia de la formación en radiología y mejorando las capacidades diagnósticas de los residentes. Este tipo de sistemas de ML fueron utilizados para desarrollar aplicaciones de CAD educativo en mamografía que se adapten individualmente a cada usuario, demostrando su utilidad tanto para la formación de especialistas como para mejorar la calidad de los diagnósticos.

El modelado de los patrones de error cometidos por los estudiantes de radiología durante la fase de aprendizaje fue investigado por J. Zhang et al. (2015). En su trabajo, aplicado al área de la mamografía, desarrollaron un modelo informático capaz de encontrar las localizaciones donde era más probable realizar la detección de un falso positivo. El método de ML que utilizaron fue el algoritmo de *random forest*, que fue entrenado con las anotaciones de los residentes para poder predecir la probabilidad de cometer un error en el futuro. En su trabajo utilizaron también algoritmos de visión artificial para la segmentación de los posibles falsos positivos y la extracción de las características de la lesión. Los autores esperan mejorar esta metodología aplicando otros algoritmos de segmentación, clasificadores y métodos de puntuación, extendiendo esta aplicación a otras bases de datos. También mencionan la existencia de otras causas externas que pueden influenciar a la hora de cometer un error.

Ping et al. (2005) realizaron una investigación centrada en la utilidad del CADe para la formación de residentes y técnicos de radiodiagnóstico. Tres lectores interpretaron una serie de casos de mamografía utilizando un sistema CAD. Como resultado del uso de las herramientas CAD orientadas al aprendizaje que fueron implementadas en el software CAD, encontraron una diferencia significativa en el desempeño del personal en formación tras concluir un periodo de cuatro semanas. Apoyándose en esta mejora, los autores afirman que la formación CAD puede ser muy beneficiosa en diversos aspectos para las futuras generaciones de profesionales de la radiología.

En una publicación relacionada (Zhang et al., 2014) se desarrolló un sistema de formación asistido por ordenador para analizar masas en mamografía. Sus autores demostraron la existencia de patrones en los errores cometidos por los residentes durante la tarea de evaluación de imágenes. El uso de sistemas que puedan predecir qué caso tiene una mayor probabilidad de error para una persona dada resulta muy prometedor. Se establece una comparación entre lo que los autores llaman Educación Asistida por Ordenador (CAE) y el CAD, indicando que la principal diferencia es que los primeros sistemas hacen predicciones relacionadas con los profesionales de la radiología, y los últimos sobre casos de paciente (su diagnóstico en el CADx o su detección en el CADe). Ambos tipos de sistemas utilizan algoritmos de visión automática y técnicas de ML.

La recuperación de imágenes basada en contenidos (CBIR) es un método para buscar determinados tipos de imágenes en grandes bases de datos teniendo en cuenta su tipo de contenido. En lugar de utilizar los metadatos para encontrar una determinada imagen, se utilizan métodos de visión artificial para obtener información y localizarlas. Welter et al. (2011) diseñaron y desarrollaron un sistema educativo para la formación en radiología, basado en CBIR e integrado en un entorno PACS, de donde se extraen los casos para el aprendizaje. El sistema diseñado constituye una plataforma que simula el flujo de trabajo para varias patologías (basado en el estándar DICOM) que incluye una red de conexiones y métodos de comunicación entre sistemas.

Simpson & Cook, (2020) exponen de forma crítica las relaciones y potenciales beneficios del uso de la IA para la formación de residentes de radiodiagnóstico. Destacan el elevado potencial de la IA para monitorizar los progresos, los conocimientos adquiridos y el rendimiento de los residentes, de forma que permita individualizar la formación, haciendo énfasis en los puntos débiles y fuertes de cada uno de ellos. Resaltan también su utilidad como una herramienta de soporte en el diagnóstico, no solo para residentes, sino también para especialistas. Para ello es muy importante que los residentes aprendan a interpretar correctamente los resultados que proporcionan los sistemas de IA, así como de dónde proceden, para asignarles un grado de validez. No deben de perder el espíritu crítico a la hora de utilizar los resultados de la IA, siendo conscientes de cómo modifican los flujos de trabajo.

Existe cada vez más información relacionada con la IA en radiodiagnóstico, por lo que disponer de una revisión detallada de herramientas formativas y cursos dirigidas a especialistas en radiodiagnóstico es de vital importancia. Richardson, Adams, et al., (2021) realizan una descripción y recopilación de software y hardware necesario para la creación de sistemas de IA, para el entrenamiento de modelos de IA (artículos, libros, cursos online y presenciales, sitios web), recopilando también contenidos relacionados con estos sistemas como las bases de datos de imágenes o las competiciones de resolución de problemas utilizando IA. Todos estos recursos son de utilidad en un entorno laboral en el que se adquieren y utilizan cada vez más sistemas de IA. Los autores señalan que los especialistas son en última instancia responsables de disponer de una formación adecuada en este campo, lo que les permitirá adquirir los sistemas más adecuados a sus necesidades y obtener el máximo rendimiento de ellos.

En la línea de la publicación anterior Schuur et al., (2021) recopilaron los programas formativos relacionados con la IA en radiología para analizarlos desde un punto de vista crítico, con el objetivo de proponer sugerencias que permitan adaptar sus formatos y cometidos para mejorar la formación. Detectaron que la mayoría de los programas formativos eran de corta duración, basados en la importación de un número reducido de sesiones dedicadas a exponer únicamente aspectos básicos relacionados con la IA. Además, reportaron un desequilibrio importante en la oferta de formación, ya que las compañías comerciales e instituciones profesionales organizaban bastantes actividades, al contrario que las instituciones académicas, mucho menos implicadas al respecto. Solo un 7% de los 151 programas formativos estudiados contenía sesiones prácticas de uso de sistemas de IA. Los autores mencionan la falta de contenidos legales y éticos impartidos. Entre las sugerencias proporcionadas, apuestan por la integración del ML en los programas formativos de la especialidad, el aumento de los contenidos prácticos, hacer incidencia en la implementación práctica de estos sistemas en la práctica clínica y considerar aspectos organizativos y éticos relacionados con su uso.

La mayor parte de aplicaciones de la IA en radiodiagnóstico han estado orientadas tradicionalmente hacia la detección y diagnóstico automático (CAD) de lesiones o patologías. Sin embargo, tal y como indican Richardson, Garwood, et al., (2021) en su investigación, existe una amplia variedad de tareas en las que la IA puede ser útil en la práctica de la radiología. Entre ellas destacan el control de calidad, permitiendo la evaluación automática de la calidad de imagen, el desarrollo de algoritmos de procesamiento que reduzcan el ruido de las imágenes o la optimización de la dosis de radiación y de contraste inyectado a los pacientes entre otras. Otro aspecto es la mejora y optimización de los flujos de trabajo mediante el manejo automatizado de protocolos y la priorización de listas de trabajo. La programación de citas o el procesamiento del lenguaje para la elaboración de informes se incluyen también entre los campos de acción de la IA. También destacan la utilidad de la IA en la educación, junto con su uso en campos de investigación como la *Radiómica* y cuantificación de la imagen o los motores de búsqueda basados en imágenes. Muchas de estas aplicaciones continúan en fase de desarrollo, por lo que se requieren más investigaciones y desarrollos para su implementación en la práctica clínica.

Gorospe-Sarasúa et al., (2022) abordan el análisis de los retos relacionados con la formación con la IA, tanto en la educación universitaria como en la formación especializada y en la formación continuada de los especialistas. Respecto del primer punto, resaltan la necesidad de una mayor evidencia científica que demuestre que la formación basada en IA supera a los métodos tradicionales, para lo que se requiere una diversificación de las herramientas de IA, pero también una mayor implicación del profesorado unida a un incremento del interés de los alumnos en la materia. En lo referente a la formación de residentes, conviene destacar que existe una convergencia entre las tareas que pueden calificarse como repetitivas o más tediosas, pero que forman una parte integral de las etapas iniciales del aprendizaje, y muchas de las tareas que realiza la IA. Es fundamental compartimentar las tareas y evitar una dependencia excesiva de la

tecnología desde los inicios de la formación especializada, para lo que es muy importante realizar una integración adecuada de la formación en IA en los programas formativos de la residencia. Finalmente, los autores indican la necesidad de que exista un currículum para la formación continuada de especialistas, así como un fomento de la equidad en el acceso a estos sistemas y un conocimiento de aspectos relacionados con su seguridad de uso.

Collado-Mesa et al., (2018) resaltaron la utilidad y el potencial del uso de bases de datos de imágenes anotadas, junto con aplicaciones para el análisis y diagnóstico de casos y sistemas de clasificación automática de lesiones como herramientas para el *e-learning* en mamografía. Como indican los autores, algunos problemas asociados al uso del CAD en la práctica clínica como el incremento de la tasa de rellamadas no afectan de la misma forma a los sistemas utilizados en el campo de la educación. Estos sistemas pueden servir para introducir a los usuarios en el uso del CAD, antes de enfrentarse directamente a ellos en la práctica clínica y servir para incrementar sus conocimientos y habilidades.

Tejani et al., (2021) exponen la valiosa perspectiva del residente con respecto a los contenidos relacionados con la IA que deberían impartirse en los programas de formación en radiodiagnóstico. Partiendo de que existe una creciente demanda de formación relacionada con la IA entre los residentes y facultativos, se deben proporcionar herramientas que guíen su formación adecuadamente, ya que el aprendizaje autodidacta en este campo resulta extremadamente complicado. Según los autores todos los residentes deberían recibir clases o ponencias relacionadas con los fundamentos del ML y su integración en el ámbito clínico. Deberían reservarse los conocimientos más avanzados para aquellos residentes especialmente interesados. La formación impartida debería contener conceptos básicos relacionados con la creación de repositorios y su anotación, validación de algoritmos, herramientas de evaluación del desempeño de estos sistemas y los riesgos asociados al uso de conjuntos de datos balanceados incorrectamente. Cuestiones relacionadas con la aprobación de software y algoritmos para su uso clínico, aspectos éticos y otros concernientes a la utilización de aplicaciones informáticas y sistemas de información en radiología deberían ser también incluidos.

En la literatura científica se han realizado y analizado encuestas multicéntricas destinadas a evaluar las percepciones de los estudiantes de medicina sobre la IA, como la liderada por Pinto et al., (2018). Aunque la mitad de los participantes conocía que el uso de la IA en radiología es un tema de plena actualidad solo un tercio tenía conocimientos básicos sobre las tecnologías involucradas. Su contacto con estos temas proviene de los medios de comunicación y las redes sociales y en menor medida de las clases universitarias. Con respecto a los sistemas CAD la mayoría reconocía que estos sistemas pueden realizar la detección automática de patologías en imágenes, pero una mayoría no estaba de acuerdo con que pudieran realizar un diagnóstico a partir de las imágenes. La mayoría estaba de acuerdo en que la IA cambiará la práctica de la radiología y supondrá una mejora, aunque sin afectar al trabajo de los profesionales del área. Los autores resaltan que a pesar de los increíbles resultados de algunos sistemas de IA, todavía queda un largo recorrido para su completa implementación en la práctica clínica. Será crucial para los radiólogos estar capacitados en el uso de la IA en el futuro, ya que estos sistemas permitirán aumentar sus capacidades, dejando a un lado la percepción alejada de la realidad de que podrían llegar a sustituir a los profesionales. Los autores resaltan la importancia de comenzar la formación en estos temas durante los estudios de graduado.

Ooi et al., (2021) analizaron las necesidades y opiniones de los residentes de radiodiagnóstico y especialistas involucrados en los tres programas formativos existentes a nivel nacional sobre la IA y el uso de ML. Una gran mayoría consideraba que su introducción traería grandes cambios en la práctica de la radiología, lo que suponía una motivación y no afectaba a su elección de la

especialidad. La mayoría consideraba que estos contenidos deberían ser introducidos en los programas formativos, de la misma forma que actualmente se imparten contenidos relacionados con la física del radiodiagnóstico u otras habilidades clínicas relacionadas. A medida que aumentaba el grado de especialización de los participantes, mayor era su entusiasmo respecto a los sistemas de IA y ML. Los autores destacan que esta encuesta refuerza las percepciones positivas hacia la futura transformación tecnológica provocada por la IA.

En un estudio transversal a nivel nacional sobre las percepciones acerca de la implementación de la IA, Qurashi et al., (2021) dirigieron una encuesta de tipo *Google Forms* con 12 preguntas relacionadas con la utilidad de la IA en la práctica clínica y el conocimiento de los profesionales sobre ella. El nivel de confianza más bajo entre los diferentes grupos fue el mostrado por especialistas en radiodiagnóstico. Una mayoría de los participantes, independientemente de su dedicación, no habían utilizado este tipo de sistemas en sus servicios clínicos. Esto contrasta con el elevado interés en recibir formación relacionada, así como en incorporar este tipo de software en la práctica clínica. Un resultado destacable de este estudio es el sentimiento de un número importante de participantes en relación a que sus trabajos podrían peligrar por el uso de la IA. Mediante la impartición de actividades formativas y programas educativos en los que se amplíen los conocimientos relacionados con la IA y sus aplicaciones, podrían contribuir a cambiar la percepción de una gran mayoría de ellos.

Para disponer de una visión general y comparativa de los programas formativos de residentes de la especialidad de radiodiagnóstico, Sosna et al., (2021) realizaron una encuesta multinacional en 17 países. Existen diferencias importantes en lo referido a la emisión de certificados educativos, número de programas en cada país, número de residentes adscritos a cada programa formativo, salarios y exámenes de evaluación de conocimientos y habilidades. Los autores reconocen que se ha producido un incremento en el uso de herramientas online y de métodos de aprendizaje a distancia. Indican que las agencias acreditadoras de los programas formativos deben evaluar cuidadosamente su valor educativo. Consideran que todavía es demasiado pronto para evaluar el impacto de la IA en la residencia y en la percepción de la profesión, ya que el uso de estas herramientas de forma real en la práctica era bastante reducido en la fecha en la que la encuesta fue realizada.

Kundu, (2021) reflexiona y analiza los cambios que conllevará la introducción de la IA en la formación en medicina. Actualmente, los especialistas disponen de un número creciente de herramientas basadas en IA que les permiten optimizar sus habilidades y facilitan la realización de ciertas tareas. El autor compara el impacto de la introducción de la IA sobre los especialistas médicos con el de la introducción de los sistemas de pilotaje automático en la aviación sobre los pilotos hace unas décadas. Sin embargo, existen una serie de riesgos asociados como la pérdida de conocimientos al delegar en su uso o la posibilidad de que los sistemas de IA cometan errores (no existe ningún sistema perfecto). La capacidad de estos sistemas de aprender puede incluso potenciar este efecto en caso de aprender de los errores. También la consideración de aspectos éticos o el trabajo con múltiples escenarios complejos son aspectos en los que los sistemas de IA no pueden intervenir. El autor resalta que la IA puede ser fundamental para ayudar y aliviar la realización de muchas tareas a los especialistas, que podrán dedicarse a mejorar la práctica médica.

Duong et al., (2019) comienzan su artículo de revisión estableciendo un paralelismo entre la medicina personalizada, centrada en el individuo y la aplicación de la IA a la educación en radiología, que permitirá personalizar la formación educativa. Este aprendizaje persigue la adquisición de habilidades para extraer y analizar características de las imágenes que permitan encontrar patrones y generar un diagnóstico diferencial correlacionado con estos patrones y otros hallazgos clínicos. Tras enmarcar los objetivos de la educación en radiodiagnóstico en las

diferentes teorías del aprendizaje, los autores analizan los retos que afronta la educación en radiodiagnóstico y las soluciones que puede aportar la IA a cada uno de ellos. Entre ellos se puede mencionar la medida automática y el flujo de asignación de casos, el aprendizaje basado en casos y el proceso de toma de decisiones, en los que la IA puede ejercer como guía, la supervisión de alto y bajo nivel, el aula invertida y el entrenamiento en situaciones próximas a las condiciones clínicas reales. Existen redes de tipo bayesiano como *ARIES* desarrolladas para predecir diagnóstico en múltiples órganos y sistemas y bases de datos de o colecciones de casos integradas en los *PACS*, que pueden ser supervisadas por un sistema de IA. A pesar del mencionado potencial existen muchos riesgos e implicaciones a los que se enfrentará la futura implantación de estos sistemas.

El uso del aula invertida para impartir docencia en radiodiagnóstico permite a los estudiantes el aprendizaje de conceptos de forma independiente, fomentando su participación en clases con un formato interactivo. O'Connor et al., (2016) realizaron un estudio de cohortes para comparar esta metodología con respecto a la formación tradicional. Evaluaron sus efectos a través de los resultados académicos, junto con el interés y la utilidad percibidos por los estudiantes con respecto a los contenidos impartidos. En cuanto a la parte académica, evaluada mediante tests previos y posteriores a las conferencias, los resultados fueron significativamente mejores para el aula invertida. Los alumnos también mostraron un incremento del disfrute y una disminución de la falta de motivación de los alumnos. Todos los docentes que participaron en el proyecto transmitieron su preferencia por la metodología de aula invertida. Los sistemas de aprendizaje que dotan al alumnado de una mayor independencia refuerzan el aprendizaje, permitiéndoles afianzar conocimientos y adquirir habilidades a través de su participación activa.

Auloge et al. (2020) realizaron una entrevista a una amplia muestra de residentes, dedicada a evaluar el grado de conocimiento de los estudiantes de medicina con respecto a la radiología intervencionista, que evaluaba también su percepción con respecto a si la IA podía ser considerada una amenaza para los especialistas en radiodiagnóstico, así como el futuro de la especialidad. Un porcentaje significativo, aunque no mayoritario de los estudiantes (35%) consideró que la IA supone una amenaza, hecho que contrasta con la actual implementación de estas tecnologías en la práctica clínica, que en ningún caso pone en riesgo la labor de estos profesionales. La tendencia actual apunta hacia el aumento de la colaboración entre los expertos en IA y los radiólogos, con el objeto de optimizar los resultados e implementar nuevos avances en la radiología. A pesar de la respuesta anterior, más de un 90% de los estudiantes se mostraban confiados en el futuro del radiodiagnóstico. Esto demuestra que la IA se considera una herramienta que aumenta las capacidades del especialista, pero en ningún caso pretende su suplantación en la realización de tareas.

Otros autores han realizado una revisión de las implicaciones del uso de la IA en el campo del radiodiagnóstico, argumentando en relación con lo que se ha denominado “el especialista en radiodiagnóstico mejorado” (Sorantin et al., 2021). Estos autores realizan un análisis detallado de la interacción y el impacto de los sistemas de IA en la labor de los radiólogos. Realizan tres afirmaciones importantes: en primer lugar, consideran que la complejidad de los sistemas informáticos es cada vez mayor, por lo que requiere más esfuerzo de los especialistas. Es éste un punto donde consideran que los sistemas de IA deben trabajar conjuntamente con los especialistas en la simplificación y automatización de múltiples tareas. También hacen énfasis en la necesidad de una base legal regulatoria, relacionada con la seguridad y la trazabilidad de los resultados que producen estos sistemas, el concepto de IA “explicable”. Aunque la IA será una parte cada vez más importante de la radiología, existen muchas razones que indican que la decisión final seguirá correspondiendo al especialista humano, debido a su amplia formación, y a los contenidos y habilidades adquiridos, que les permiten realizar diagnósticos de manera confiable.

2.5.4. Aplicaciones del CAD en otras modalidades

2.5.4.1. Radiología convencional

Guo et al. (2012) desarrollaron dos sistemas de CADe para la detección de nódulos pulmonares en radiología convencional. El conjunto de imágenes empleado contenía varias proyecciones de radiografía convencional (3 por paciente) y un total de 59 sujetos. Las imágenes contenían nódulos reales y simulados de tamaño variable. El primero de los sistemas realizaba en primer lugar un realce de los nódulos y su segmentación mediante técnicas de procesamiento de imágenes basadas en técnicas de programación dinámica. Permitían el cálculo de características de los posibles candidatos a lesión antes de aplicar un clasificador para reducir el número de FPs. El segundo sistema, denominado “*fusión CAD*” añade dos etapas al final del proceso: un registro de los nódulos y una reducción de FPs basada en la correlación de información relativa a los candidatos a nódulo encontrados en diferentes proyecciones. Su novedoso esquema de “*fusión CAD*” tuvo mucho éxito eliminando candidatos de tipo FP y funcionó mucho mejor en la tarea de detección de nódulos.

Shi et al. (2014) abordaron el problema del elevado número de FP en diferentes sistemas comerciales CAD dedicados a la detección de nódulos en radiografías de tórax. La mezcla de redes neuronales de entrenamiento masivo (MTANNs) que utilizaron produjo una reducción relevante en el número de FPs detectados, manteniendo un alto nivel de sensibilidad. La etapa fundamental de su procedimiento fue crear un conjunto de MTANNs, cada una especializada en detectar un tipo de FP. Una combinación de los resultados de cada red se introduce en una red ANN convencional de tres capas (con diferentes tipos de funciones de activación) para discriminar entre nódulos y no-nódulos.

La radiografía de tórax es una de las pruebas diagnósticas de imagen más frecuentes, cuyo análisis consume gran cantidad de recursos en los departamentos de radiología, por lo que resulta un punto clave en sus flujos de trabajo. Tang et al. (2020) han desarrollado y evaluado diferentes modelos de DL basado en redes CNN para detectar y clasificar anomalías en radiografías antero-posteriores y postero-anteriores de tórax. Utilizando diferentes bases de datos de imágenes como el repositorio *ChestX-ray 14* (NIH), reto para la detección de neumonía de la *RSNA*, o el *WCMC pediatric dataset*, aplicaron diferentes modelos de CNN para clasificar las radiografías. Su sistema realizaba la clasificación como radiografías normales o con anomalías con una sensibilidad del 96.5% y especificidad del 92.9%, como normales o con opacidades pulmonares con sensibilidad del 92.2% y especificidad del 96.3%, según el tipo de base de datos considerado. Consiguieron un área bajo la curva ROC (AUC) superior a 0.94 en un conjunto de datos externos y del 0.985 para la detección de neumonía. Los autores consideran justificado el elevado potencial que tienen estos sistemas CAD para mejorar los flujos de trabajo y la atención a los pacientes.

Desde la irrupción de la pandemia de COVID-19 y su expansión a nivel global, resulta de especial interés disponer de un método de triaje efectivo para diferenciar las neumonías ocasionadas por COVID-19 de la originada por otras causas, y ambas a su vez del pulmón sano. Partiendo de dos bancos de imágenes públicos, Nishio et al. (2020) han desarrollado un sistema de clasificación basado en una red CNN entrenada mediante DL para llevar a cabo esta tarea. Aunque el TC resulta una herramienta muy potente para diagnosticar la neumonía por COVID-19, su baja disponibilidad y costes asociados con respecto a la radiología convencional, mucho más accesible en todo tipo de centros hospitalarios justifica la necesidad de su desarrollo.

Utilizando dos técnicas de *data augmentation* para aumentar el número de radiografías de partida (1248) y un modelo CNN pre-entrenado con el conjunto de datos *VGG16*, consiguieron una exactitud de clasificación en las tres categorías del 83.6%. La sensibilidad de su sistema para detectar neumonía por COVID-19 fue superior al 90%.

El neumotórax es un cuadro pulmonar que se caracteriza por una acumulación anormal de aire entre los pulmones y la pared torácica, que en caso de complicarse puede ocasionar un shock o incluso la muerte. Cho et al. (2021) desarrollaron un algoritmo de IA que utiliza redes ANN para detectar su presencia y localización en radiografías de tórax, basado en dividir las imágenes en 49 regiones. Sus modelos de red contenían tres capas ocultas de convolución (en el caso de la red CNN) con diferente número de filtros, y para la red de neuronas completamente conectadas (ANN) 1, 2 o 3 capas en función de la resolución de las imágenes de entrada. Fue entrenado con un conjunto de 1000 radiografías de tórax tomadas aleatoriamente de una base de datos de imágenes pública del *NIH*. El parámetro AUC de su ANN fue de 0.882, alcanzando una sensibilidad de del 80.6% y una especificidad del 83.0%, mejorando los resultados obtenidos con la red CNN. Los autores señalan que en el caso de la ANN obtuvieron mejores resultados con la función de activación sigmoidea que con la *ReLU*. Este sistema permite reducir los tiempos de retraso a la hora de diagnosticar una patología tan urgente como el neumotórax.

2.5.4.2. Tomografía computarizada en otras localizaciones

Los sistemas CAD también han sido aplicados para la detección y diagnóstico del grupo de patologías conocido como enfermedades pulmonares intersticiales. Anthimopoulos et al. (2016) desarrollaron y entrenaron una CNN con un conjunto de recortes extraídos de estudios TC incluidos en dos bases de datos anotadas. Establecieron siete clases para clasificar los tejidos: seis de ellas correspondientes a diferentes tipos de enfermedades pulmonares intersticiales y tejido sano. Consiguieron una buena capacidad de clasificación del 85.5% con su red. Para el ajuste de los hiperparámetros de su arquitectura, ensayaron diferentes configuraciones y métodos de aprendizaje, comparando su funcionamiento. Realizaron también un análisis exhaustivo del rendimiento de su sistema en la tarea de clasificación.

Gao et al. (2018) desarrollaron un sistema de detección y clasificación automática de enfermedades pulmonares intersticiales. Su arquitectura de CNN de tipo DL contenía cinco capas de convolución y tres capas de neuronas completamente conectadas. Para que el sistema clasificara mejor los patrones anormales reescalaron tres tipos de patrones (baja atenuación, tejido pulmonar normal y alta atenuación) antes de introducir las imágenes en la CNN. Consiguieron una exactitud de clasificación basada en el análisis de recortes del 87.9%, algo superior a otros sistemas similares. Esta exactitud se reducía al considerar imágenes completas (aproximación holística), encontrándose en ese caso en el 68.6%.

Las redes CNN han sido utilizadas para servir de apoyo en el diagnóstico de episodios de apendicitis aguda, una de las principales emergencias hospitalarias relacionadas con el dolor abdominal (J. J. Park et al., 2020). Utilizando como datos de entrada a un modelo de CNN tridimensional cubos isotrópicos de 4 cm de lado recortados del TC abdomino-pélvico, que contenían el apéndice del paciente, estos investigadores obtuvieron una exactitud superior al 90%. El modelo contenía 6 capas de convolución, con tres operaciones de *pooling* y dos capas completamente conectadas. Para comprobar el funcionamiento de la red entrenada utilizaron un método de validación cruzada dividiendo el conjunto de datos completo en 8 partes. Aunque con ciertas limitaciones a la hora de aplicar el algoritmo a pacientes con resección previa de

apendicitis o alguna patología tumoral, el sistema tiene potencial para el diagnóstico de episodios de apendicitis aguda.

Sethi & Saini (2015) presentaron un sistema CAD para la clasificación de patologías en la región abdominal en estudios TC. Su sistema utilizaba técnicas de segmentación para delimitar tumores, quistes hepáticos, cálculos renales y tejido hepático normal. Posteriormente se extraían descriptores usando la matriz de co-ocurrencia de niveles de gris y transformadas de tipo *wavelet*. Posteriormente, una ANN evaluaba la capacidad de las características extraídas para caracterizar las citadas patologías. Aunque el sistema conseguía una sensibilidad y especificidad del 95% y 98.5% respectivamente, fue entrenado con 120 imágenes TC únicamente.

Y. T. Chen et al. (2022) desarrollaron un modelo CNN con técnicas de DL para la clasificación de los infartos cerebrales en imágenes de TC en las categorías normal, hemorragia, infarto u otros tipos. Se apoyaron en una serie de modelos pre-entrenados *CNN-2*, *VGG-16* y *ResNet-50* para aplicar el método de *transfer learning* a su problema. Tras realizar un ajuste de hiperparámetros y realizando diferentes simulaciones *CNN-2* y *ResNet-50* alcanzaron una exactitud del 0.987. Su conjunto de datos incluía 24769 imágenes TC de 1715 pacientes, categorizadas en los 4 grupos mencionados anteriormente, por parte de dos radiólogos, uno novel y otro experimentado. El modelo *CNN-2*, que produjo los mejores resultados está compuesto por dos capas de convolución seguidas de sendas operaciones de *pooling*, seguidas de tres capas completamente conectadas, siendo el número de unidades de salida 4. Este sistema puede ayudar al neurólogo o al neuroradiólogo a comprobar si el paciente sufre un infarto cerebral, una hemorragia o bien otro síntoma.

Los infartos cerebrales son una de las tres principales causas de muerte a nivel global, siendo el TC la modalidad de imagen más rápida, accesible y económica para su diagnóstico. A. G. Marques et al. (2022) desarrollaron un método para segmentar las áreas afectadas durante uno de estos episodios en las imágenes de TC. Se basaron en el modelo de red Mask R-CNN para detectar las zonas infartadas, entrenado con imágenes previamente segmentadas por especialistas. A continuación, se aplicó un conjunto de operaciones de procesamiento para el ajuste fino, combinando técnicas como la ventana de *Parzen*, métodos de *clustering* y crecimiento de regiones. Su modelo alcanzó unos resultados excelentes, teniendo en cuenta que no necesita una inicialización manual o automática para efectuar la segmentación, siendo capaz de localizar zonas infartadas casi imperceptibles para el observador humano.

2.5.4.3. Colonografía TC

El cáncer colorectal se encuentra entre las cinco localizaciones más comúnmente diagnosticadas a nivel mundial (Sung et al., 2021). La detección temprana para la extracción de pólipos, que son precursores del cáncer, puede tener un impacto significativo en su incidencia. Tal y como ocurre en otras localizaciones, el CADe puede incrementar la exactitud en la detección de pólipos, reducir la variabilidad interobservador y disminuir el tiempo dedicado a la interpretación de imágenes.

Trilisky et al. (2014) reportaron que las tasas de detección asociadas a la colonografía TC y a la colonoscopia óptica eran comparables. En la colonografía TC, la herramienta CAD presenta una serie de candidatos al radiólogo, que puede utilizar la información de tres formas diferentes: revisión directa de los candidatos CAD, revisión de los candidatos tras una primera inspección visual y lectura de las imágenes simultáneamente a la presentación de los resultados CAD. Una

de las principales desventajas del CAD asociado a esta modalidad son las tasas de detección de FP. Sin embargo, estos investigadores indican que la mayor parte de ellos pueden ser descartados con facilidad por los especialistas. Para ayudar en esta tarea, realizaron una revisión general de los tipos de FPs y destacaron que el principal objetivo del CAD en este caso es reducir la tasa de errores de detección, no los errores en la caracterización de lesiones. Su principal conclusión es que el CAD mejora el rendimiento de los especialistas, principalmente en los pólipos cuyo tamaño se encuentra entre 6 mm y 9 mm.

El problema de la segmentación del colon en colonografía TC fue abordado por (Devi & Radhakrishnan, 2015). Las principales dificultades radican en la presencia de otras estructuras rellenas de aire en las imágenes, zonas de alta densidad como los huesos o el líquido de contraste, estructuras dobladas y obstrucciones. Tras realizar una revisión de otros métodos descritos en la literatura científica para la segmentación del colon, los autores se centraron en su metodología, basada en la extracción secuencial de bolsas de aire, pulmones, fluidos y una serie de operaciones de procesamiento y álgebra de Boole entre diferentes tipos de estructuras. El funcionamiento de su sistema fue evaluado a través de la sensibilidad, especificidad y exactitud en una serie de cortes pertenecientes a un gran número de casos. La exactitud en la segmentación del colon que consiguen con su metodología es del 98%.

Se ha desarrollado un algoritmo basado en MTANNs para superar una de las principales desventajas del CAD en colonografía TC: las elevadas tasas de detección de falsos positivos (Suzuki et al., 2008). Los autores entrenaron 4 redes tridimensionales de tipo MTANNs para diferenciar entre pólipos y cuatro clases de FPs. El sistema CAD desarrollado había sido aplicado con anterioridad por estos mismos investigadores para la localización de posibles candidatos a pólipos y su clasificación. Seguidamente, aplicaron el sistema de reducción del número de FPs, consiguiendo una reducción sustancial de detecciones y manteniendo la sensibilidad de su sistema CAD (96.4% de sensibilidad en la detección de pólipos con 1.1 FP por paciente).

La influencia de un sistema CAD de colonografía TC en las capacidades de los especialistas fue estudiada por (Petrick et al., 2008). En su estudio, un grupo de radiólogos experimentados evaluaron un listado de casos. Posteriormente, se les presentaron los resultados del sistema CAD, y pudieron modificar o añadir candidatos a pólipo a sus diagnósticos en base a esta nueva información. Obtuvieron un aumento significativo de la sensibilidad gracias a la “segunda opinión” proporcionada por el CAD, además de una disminución en la especificidad. También reportaron una mejora en el área bajo la curva ROC (AUC) para pólipos en los grupos: menores de 6 mm, 6-9 mm y mayores o iguales a 10 mm. Los autores consideran que este aumento es significativo y realza las capacidades de los especialistas en radiología.

Bogoni et al. (2005) desarrollaron un algoritmo de CADe para pólipos de colon. En su artículo realizan una descripción del flujo de trabajo y características de algunas de las soluciones CAD disponibles comercialmente en colonografía TC. Su software alcanza una buena sensibilidad (90% para pólipos de grandes dimensiones), manteniendo el número de FP en valores razonables (4 por cada volumen analizado). El flujo de trabajo que utiliza su sistema permite al especialista analizar e interpretar las imágenes mientras se procesan simultáneamente. Cuando esta tarea termina, se cargan los resultados del CAD para que el especialista realice una segunda revisión teniendo en cuenta sus hallazgos. Los rangos de sensibilidad de los radiólogos expertos están en el mismo rango que los resultados de su software.

Un estudio reciente, relacionado con la detección de cáncer colorrectal en colonografía TC utilizando redes ANN híbridas (Sujatha et al., 2020). Su sistema permite clasificar los pólipos en cuatro categorías: benigno, adenomatosos, moderadamente maligno y altamente maligno. Realizaron un ajuste de los pesos de la red usando dos tipos de algoritmos (genéticos y de tipo

fire fly), obteniendo los mejores resultados para el segundo, que mostró un índice de probabilidad óptimo. Para obtener buenos resultados es muy importante procesar las imágenes endoscópicas adecuadamente mediante filtros de mediana y de reducción de ruido.

2.5.4.4. Otras aplicaciones clínicas del CAD

Un ejemplo interesante de integración de un sistema CAD en un Sistema de Almacenamiento y Distribución de Imágenes (PACS) es el sistema *BAA CAD-PACS*, desarrollado por Zhou et al. (2002). En radiología pediátrica, la evaluación de radiografías de la mano y la muñeca izquierdas constituye una herramienta útil para diagnosticar problemas de crecimiento y fallos de funcionamiento del sistema endocrino. Este sistema CAD de análisis de radiografías estaba integrado en el flujo de trabajo clínico de la siguiente forma: los especialistas en radiodiagnóstico recibían en su estación de trabajo además de las radiografías un informe con los hallazgos CAD y sus resultados, procedente de un servidor específico, lo que permitía la utilización conjunta de ambos.

Las redes neuronales de aprendizaje profundo han sido aplicadas para la segmentación del hipocampo en imagen RMN. Esta aplicación tiene gran importancia en el diagnóstico de la enfermedad de Alzheimer. En un artículo científico, Lai et al. (2015) utilizaron tres tipos arquitecturas CNN diferentes, dependiendo de la dimensionalidad y orientación de los recortes de imagen utilizados para su entrenamiento. La arquitectura que utilizaba un abordaje triplanar produjo los mejores resultados en lo que se refiere a exactitud de clasificación y tiempo de entrenamiento. El postprocesado de los resultados de la red elimina la mayor parte de los vóxeles mal clasificados. Los autores presentan además una completa introducción a las CNN.

Otra publicación sobre esta materia trata sobre la segmentación de tumores cerebrales (diferentes grados de glioblastomas) con redes basadas en DL (Havaei et al., 2016). Su trabajo utilizó un nuevo tipo de arquitectura que modela simultáneamente características locales y el contexto global de la imagen. Consiguieron una alta velocidad de segmentación gracias al uso de GPUs.

En Medicina Nuclear, un sistema CAD para la detección de cambios en gammagrafías óseas de cuerpo completo fue creado por Shiraishi et al. (2011). El objetivo de este tipo de herramientas es la eliminación de estructuras invariantes, a la vez que se realzan las variaciones. Demostraron la validez de las imágenes sustraídas temporalmente y la utilidad del CAD para detectar cambios, de gran ayuda para los radiólogos.

El estado del arte en el campo de las aplicaciones clínicas de las ANNs en imagen médica abarca otras modalidades de imagen no radiológicas. El trabajo de Wang et al. (2015) estudiaba la detección de cambios en la superficie de heridas y úlceras como predictores del proceso de curación. Los autores utilizaron redes CNN para segmentar automáticamente la zona de la herida con imágenes fotográficas de alta resolución y generar información que pudiera ser empleada como entrada para otros clasificadores. También las utilizaron para detectar infecciones y predecir los avances en el proceso de curación. Los resultados mostraron un sistema CNN con un buen funcionamiento para las tres tareas mencionadas anteriormente.

El infarto cerebral es una de las primeras causas de muerte a nivel mundial. Eshmawi et al. (2022) desarrollaron un sistema CAD basado en redes CNN para clasificar las imágenes de Resonancia Magnética del cerebro como normales o anormales. Su herramienta realiza un pre-procesado utilizando la técnica de umbral adaptativo para mejorar la calidad de imagen, seguida

de la extracción de características de las imágenes mediante un conjunto de modelos (*MobileNet*, *CapsuleNet* y *EfficientNet*) para los cuales se realiza un ajuste de hiperparámetros usando el algoritmo *DragonFly* unidos a un clasificador de tipo *autoencoder*. Los autores utilizaron un conjunto de imágenes pesadas en T2 para validar su modelo, que alcanzó una sensibilidad del 95.3%, una especificidad del 99,2% y una exactitud del 98.7% tras 2000 etapas (*epochs*) de entrenamiento, un comportamiento superior al reportado por otros sistemas similares publicados.

El problema de la clasificación de tumores cerebrales fue abordado por Deepak & Ameer (2019) utilizando el concepto denominado *deep transfer learning*, basado en la utilización de redes profundas previamente entrenadas con otros conjuntos de datos, en este caso *CoogLeNet*, a su problema de clasificación. Su sistema permitía diferenciar tres categorías de tumores: glioma, meningioma y tumores de la glándula pituitaria. La modalidad de imagen utilizada en su trabajo es la RMN. Esta investigación reportó una exactitud de clasificación del 98% utilizando el clasificador de k-vecinos cercanos fue superior a otros sistemas que forman parte del estado del arte en esta tarea. La ventaja de utilizar un modelo pre-entrenado radica en que los resultados de clasificación que se obtiene con conjuntos de datos de entrenamiento y validación más reducidos son mejores. Una limitación reportada por los autores fue la clasificación errónea de muestras en la clase meningioma.

3. Redes Neuronales de Convolución (CNN)

3.1. Fundamentos de las Redes Neuronales Artificiales (ANN)

Las redes neuronales artificiales (ANNs) son modelos computacionales inspirados por sistemas biológicos, capaces de aprender y procesar información (Rojas, 1996). Su componente fundamental o unidad funcional es la neurona, que recibe un conjunto de señales de entrada y produce una señal de salida de acuerdo con su función de activación característica. Cada neurona posee un conjunto de parámetros relacionados con la intensidad de cada una de las conexiones de entrada (*pesos*) y un parámetro adicional denominado *bias* u *offset*.

En las ANNs, las neuronas están dispuestas en capas interconectadas. El primer tipo de ANN diseñado, denominado red de *McCulloch-Pitts*, trabajaba con señales de tipo binario y permitía la síntesis de funciones Booleanas (Chakraverty et al., 2019). La introducción del “perceptrón” permitió aumentar las capacidades de computación y generalizar el modelo (Figura 7).

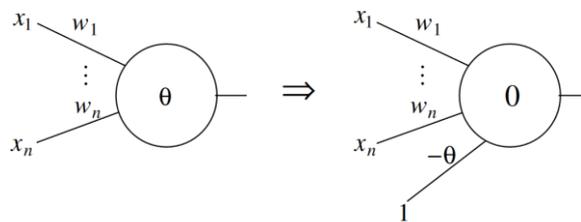


Figura 7. Ejemplo de modelos de perceptrón con offset asociado. Tomado de Rojas (1996)

El perceptrón es un tipo de neurona artificial que recibe un conjunto de entradas (x_1, x_2, \dots, x_n) de carácter binario y produce una única salida también de tipo binario. Una regla sencilla para calcular la salida teniendo en cuenta una serie de *pesos* w_1, w_2, \dots, w_n que reflejan la importancia que cada valor de entrada tiene con respecto a la salida es la siguiente: la salida de la neurona tomará un valor de 0 o 1 dependiendo de si la suma de los productos de las entradas por sus correspondientes *pesos* es menor o mayor que un determinado umbral, como se expresa en la (Ec. 5).

$$salida = \begin{cases} 0 & \text{si } \sum_j w_j \cdot x_j \leq umbral \\ 1 & \text{si } \sum_j w_j \cdot x_j > umbral \end{cases} \quad (Ec. 5)$$

Si se introduce un *peso* adicional denominado *offset* o *bias*, denotado por la letra b , que permite cambiar el valor del umbral considerado, entonces se puede calcular la salida de la neurona como se indica en (Ec. 6), donde se introduce la notación de producto escalar en la segunda igualdad.

$$salida = \begin{cases} 0 & \text{si } \sum_j w_j \cdot x_j + b \leq 0 \\ 1 & \text{si } \sum_j w_j \cdot x_j + b > 0 \end{cases} = \begin{cases} 0 & \text{si } w \cdot x + b \leq 0 \\ 1 & \text{si } w \cdot x + b > 0 \end{cases} \quad (\text{Ec. 6})$$

El proceso de adaptación de los valores de los *pesos* de la red de acuerdo con un determinado algoritmo es la base del aprendizaje basado en redes neuronales. Existen dos clases principales de algoritmos de aprendizaje:

Los algoritmos supervisados (con corrección de error o con refuerzo), están basados en la modificación de los valores de los *pesos* después de realizar el cálculo de la desviación entre la salida “real” de la red y el valor esperado o verdadero.

Por otra parte, los algoritmos no supervisados, se utilizan cuando el valor esperado de salida de la red es desconocido. En este caso, la propia red es la encargada de decidir cuál es el mejor valor de salida, y dispone de libertad para reorganizarse a nivel interno (corrección de *pesos*). Ejemplos de esta metodología son el refuerzo o el aprendizaje competitivo.

La arquitectura de una red está compuesta por sus unidades funcionales de cálculo y sus interconexiones. Un tipo muy habitual es la arquitectura de capas, en el cual las neuronas se dividen en subconjuntos denominados capas. Las unidades de una determinada capa no están conectadas entre ellas, pero disponen de conexiones con las situadas en las posiciones inmediatamente anterior y posterior. De acuerdo con su localización, se pueden clasificar como capa de entrada, capas ocultas y capa de salida.

Las ANNs de tipo *feed-forward* están compuestas por una serie de capas formadas por conjuntos de neuronas. En general, se componen de una capa de entrada y una capa de salida, junto con una serie de capas intermedias, denominadas “capas ocultas” (Figura 8). Éstas últimas se caracterizan porque cada uno de sus componentes está conectado con todas y cada una de las neuronas de la capa anterior (constituyen sus entradas) y con las neuronas de la capa siguiente (que reciben su salida como entrada). Además, las neuronas pertenecientes a una determinada capa funcionan de manera completamente autónoma y no comparten conexiones con ninguna otra unidad funcional.

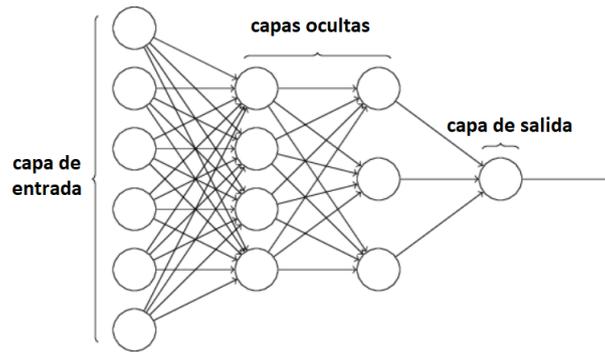


Figura 8. Esquema de los diferentes tipos de capas en una red neuronal. Tomado de Nielsen (2015)

En la Figura 9 se muestra un esquema de las interconexiones de una red neuronal de cuatro capas.

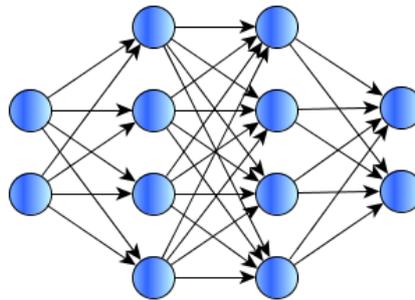


Figura 9. Esquema de interconexiones de una red de neuronas completamente conectadas de cuatro capas

Por razones históricas las redes compuestas por múltiples capas se denominan también perceptrones multicapa (MLP).

Uno de los métodos de aprendizaje más utilizados está basado en el algoritmo de retropropagación. El proceso de aprendizaje consiste en encontrar la combinación adecuada de pesos que aproximan el resultado de una red neuronal al conjunto de valores deseados o reales.

3.2. Métodos de *Deep Learning* (DL)

Los algoritmos de *Deep Learning* (DL) pertenecen al conjunto de métodos de ML, y han sido utilizados con éxito en el área de la visión por computación, y en el desarrollo de sistemas CAD. Constituye un nuevo área de investigación dentro del campo del aprendizaje automático desde la primera década del siglo XXI (Nielsen, 2015).

Se aplican en numerosos campos de la ciencia, siendo la radiología una de sus principales áreas de interés en la que han sido aplicadas para resolver muchos tipos de tareas y problemas (Roth et al., 2016; Shin et al., 2016; P. M. Cheng et al., 2021). Entre sus principales aplicaciones se

encuentra la clasificación de imágenes (en una o varias clases diferentes), la detección de objetos (identificación y localización de una lesión u otra región de interés, que puede llevar asociada la determinación de su extensión), la segmentación semántica de imágenes médicas (asociando a cada píxel una clase específica), la segmentación de instancias (utilizada para contorneo de objetos que pertenecen a la misma clase) (Lai, 2015).

Los métodos de DL permiten aprender características de las imágenes directamente, sin necesidad de la extracción manual o automática de parámetros de las imágenes. El principal sistema que permite implementar el DL en imágenes son las redes neuronales de convolución, compuestas por una serie de capas con conexiones entre sus neuronas. El ajuste iterativo de los pesos que regulan estas conexiones durante el proceso de aprendizaje a partir de análisis sucesivos es la clave de su funcionamiento.

Las redes consideradas como DL tienen dos o más capas ocultas, y presentan una serie de ventajas. Desde el punto de vista de la eficiencia de cálculo, pueden realizar una tarea con la misma exactitud que una red clásica, pero utilizando un menor número de nodos o neuronas, gracias a que disminuyen el número de cálculos redundantes que realizan. Como la red equivalente tiene un menor número de parámetros puede ser entrenada con un conjunto de datos de imagen de menor tamaño, conservando su capacidad de generalización.

Los modelos computacionales basados en DL pueden extraer información y características de grandes conjuntos de datos con un elevado nivel de abstracción debido al elevado número de capas que las componen (LeCun et al., 2015). Esto no podría conseguirse con ANN compuestas por un menor número de capas. El método de aprendizaje más común para este tipo de sistemas, común a otros tipos de ANNs, es el aprendizaje supervisado. Los datos de entrada al sistema están etiquetados en una determinada categoría. Durante el proceso de entrenamiento, el sistema de DL produce un resultado en forma de un vector que asigna un valor de pertenencia a cada categoría. El objetivo es que la categoría real o verdadera tenga la máxima puntuación, para lo que se calcula una función objetivo que mide los errores entre los resultados de salida y los verdaderos. El algoritmo de aprendizaje modifica los parámetros ajustables, denominados pesos, para reducir los errores de clasificación durante el proceso de entrenamiento.

Uno de los sistemas de DL más utilizados son las redes CNN, un tipo especial de ANN especializada en el procesamiento de datos contenidos en imágenes digitales. Su creación está inspirada por el funcionamiento del córtex visual y el procesamiento de las señales en el cerebro. Cada neurona tiene su propio campo receptivo y está conectada a un conjunto de neuronas para conformar lo que se conoce como el campo visual. En un organismo una neurona responde únicamente a estímulos en su campo, hecho utilizado por las CNN para procesar los datos. Las capas de estas redes se disponen de forma que cada una de ellas se especializa en el reconocimiento de un determinado tipo de patrón más o menos complejo.

3.3. Redes Neuronales de Convolución

3.3.1. Notación

En las expresiones matemáticas que se definirán en sucesivos apartados, así como en el desarrollo del código de las diferentes aplicaciones, se empleará la notación que se describe a continuación.

En general serán de tipo matricial, indicando el primer subíndice la fila de la matriz y el segundo la columna. En caso de utilizar conjuntos de datos tridimensionales (series de imágenes de TC), o lotes de imágenes bidimensionales, el tercer subíndice se refiere a esta dimensión adicional.

Los *pesos* y los *offsets* son los parámetros que pueden ser aprendidos por la red CNN. Los *pesos* controlan la intensidad que tiene la conexión entre dos neuronas (o el nivel de señal que se transmite a través de ella), determinando por tanto la influencia que tienen los datos de entrada sobre la salida. Un *bias* u *offset* es un valor constante que se añade como entrada a una determinada neurona y cuyo valor no está influenciado por la capa previa. Su finalidad es que incluso en el caso de que todas las entradas a la neurona sean de valor nulo, exista una activación neuronal.

Elemento j del vector de entrada, donde el superíndice indica el número de la capa (Ec. 7):

$$a_j^1 \quad (\text{Ec. 7})$$

Bias u *offset* de la neurona j en la capa i (Ec. 8):

$$b_j^i \quad (\text{Ec. 8})$$

El *peso* que conecta la neurona k de la capa $i-1$ con la j de la capa i se define según (Ec. 9):

$$w_{j,k}^i \quad (\text{Ec. 9})$$

La salida de una neurona (sin aplicar la función de activación) se define como un producto escalar al que se añaden los valores de los *offsets* (Ec. 10):

$$z_j^i = \sum_k (w_{j,k}^i \cdot a_k^{i-1}) + b_j^i \quad (\text{Ec. 10})$$

La función de activación de una neurona transforma la salida de acuerdo a una forma funcional determinada (Ec. 11). En secciones posteriores se describirán algunos de los tipos más comunes y sus propiedades.

$$\sigma(z) \quad (\text{Ec. 11})$$

Por tanto, el valor de activación de la neurona j en la capa i se obtiene según (Ec. 12):

$$a_j^i = \sigma \left(\sum_k (w_{j,k}^i \cdot a_k^{i-1}) + b_j^i \right) \quad (\text{Ec. 12})$$

3.3.2. Definiciones y componentes principales

Las redes CNN (Nielsen, 2015; Roth et al., 2016) presentan ciertas similitudes con otros tipos de redes neuronales como las de tipo *feed-forward* (unidireccionales o de tipo perceptrón multicapa). Ambos sistemas disponen de conexiones entre sus componentes con *pesos* y *offsets* asociados que pueden ser aprendidos a través de un entrenamiento, unidades funcionales que operan de forma similar y utilizan una función de pérdidas que se calcula de forma iterativa. La principal diferencia entre ambos sistemas es que las redes CNN están diseñadas para trabajar con imágenes de forma más eficiente. El uso de *pesos* compartidos entre las conexiones es una de las características que mejoran su rendimiento.

Este tipo de sistemas utiliza tres conceptos clave, que son los campos receptivos locales, el uso de *pesos* compartidos y las operaciones de *pooling*.

En las redes de capas completamente conectadas, se representaban esquemáticamente las unidades funcionales dispuestas verticalmente. Sin embargo, en redes CNN es más adecuado considerar los datos de entrada como matrices de neuronas con un tamaño determinado. Estas neuronas (píxeles de entrada) están conectadas con una capa de neuronas ocultas, pero no existe una conexión directa entre cada píxel y cada neurona oculta. En este caso las conexiones se establecen solamente con una pequeña región localizada en la imagen de entrada.

La zona de la imagen de entrada que está conectada con una neurona concreta se denomina campo receptivo local (Figura 10). Cada conexión está asociada con un valor de *peso* y la neurona además posee un valor de *offset*. Una neurona determinada se encarga por tanto de “aprender” su campo receptivo local.

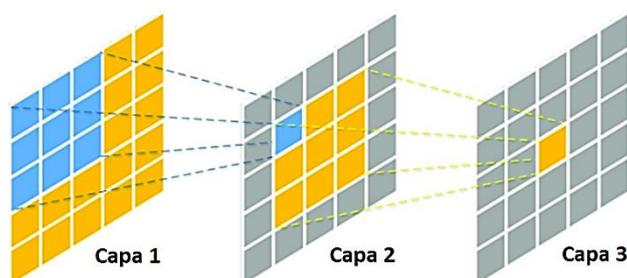


Figura 10. Representación esquemática de un campo receptivo local

Cuando este campo receptivo local se desplaza de forma sistemática a lo largo de toda la imagen, se van estableciendo conexiones con todas las neuronas de la capa oculta. El desplazamiento puede ser de 1 o varios píxeles, según determine un parámetro conocido como *stride*.

El segundo concepto, la compartición de *pesos* y *offsets* nace del hecho de que una neurona oculta tiene un número de *pesos* determinado por el tamaño de su campo receptivo local (de tamaño $L \times M$) y un único *offset*.

Para la neurona situada en el lugar de la matriz (j, k) , su salida se obtiene, omitiendo el superíndice que identifica el número de capa como se indica en (Ec. 13):

$$\sigma \left(\sum_{l=0}^L \sum_{m=0}^M w_{l,m} \cdot a_{j+l,k+m} \right) \quad (\text{Ec. 13})$$

Esto implica que todas las neuronas de la primera capa oculta detectan el mismo tipo de característica, pero en diferentes localizaciones de la imagen de entrada. Las redes CNN resultan especialmente útiles para analizar imágenes porque tienen en cuenta su invariancia de traslación, pueden extraer una característica independientemente del lugar de la imagen en el que se localice.

El bloque fundamental que compone las redes CNN es la capa de convolución. Una de sus características particulares es que las neuronas se disponen en ellas de forma tridimensional, ya que están formadas por un conjunto de filtros bidimensionales. El tamaño de los filtros es pequeño comparado con el tamaño de las imágenes, y operan recorriendo la imagen y ejecutando la operación de convolución del llamado campo receptivo local con el *kernel* del filtro.

Es habitual denominar mapa de características al mapa que permite convertir la imagen de entrada en la capa oculta (Figura 11). Los *pesos* que definen este mapa se denominan *pesos* compartidos y el *offset*, *offset* compartido. La unión de ambos se denomina *kernel* o filtro, y en una capa suelen utilizarse conjuntos de filtros dotándolas de tres dimensiones.

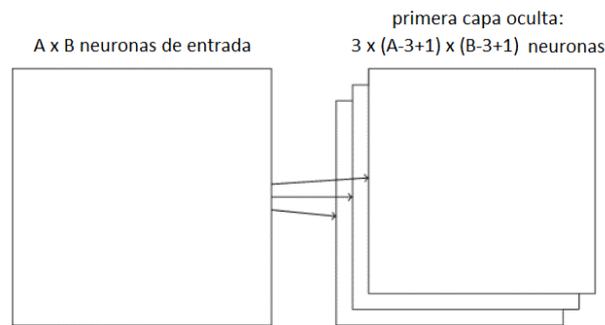


Figura 11. Ejemplo de capa oculta compuesta de 3 mapas de características de tamaño 3x3

La utilización de capas ocultas tridimensionales es el núcleo de las redes CNN. Una consecuencia de replicar las operaciones de filtrado a lo largo de la imagen completa y del uso de *pesos* y *offsets* compartidos es que la misma característica puede ser detectada en diferentes localizaciones de la imagen. Por tanto, los sistemas CAD basado en redes CNN pueden detectar características independientemente de la posición que ocupen en el campo visual.

Las capas de convolución normalmente están seguidas de capas de tipo *pooling*. Esta operación se utiliza para reducir la dimensionalidad del problema, aprovechando las propiedades de invariancia de traslación asociadas con las imágenes en general y las radiológicas en particular. Esta operación, que puede ser de tipo *max-pooling* (calcula el máximo de los elementos) o *average-pooling* (calcula el promedio de los elementos), reduce el tamaño de la muestra para simplificar la información que contiene para las capas subsiguientes, lo que facilita el proceso de entrenamiento.

3.3.3. Funciones de activación

Las funciones de activación, también conocidas como funciones de transferencia, permiten obtener el resultado de la salida de un nodo de una red neuronal a partir de los datos de entrada. Estas funciones deciden si una neurona debe ser activada o no, dando una importancia característica su valor de entrada, utilizando expresiones matemáticas simples.

De forma general, se pueden clasificar en dos tipos: funciones lineales y funciones no lineales. En la Tabla 4 se muestran los tipos de funciones de activación más habituales:

Tipo de función	Función de activación	Derivada	Rango
Sigmoidea	$\sigma(z) = \frac{1}{1 + e^{-z}}$ (Ec. 14)	$\sigma'(z) = \sigma(z) \cdot (1 - \sigma(z))$ (Ec. 15)	(0, 1)
Tangente hiperbólica	$\sigma(z) = \tanh(z) = \frac{2}{1 + e^{-2z}} - 1$ (Ec. 16)	$\sigma'(z) = 1 - \sigma(z)^2$ (Ec. 17)	(-1, 1)
Rectified Linear Unit (ReLU)	$\sigma(z) = \begin{cases} 0 & \text{si } z < 0 \\ z & \text{si } z \geq 0 \end{cases}$ (Ec. 18)	$\sigma'(z) = \begin{cases} 0 & \text{si } z < 0 \\ 1 & \text{si } z \geq 0 \end{cases}$ (Ec. 19)	$(-\infty, \infty)$
Leaky reLu	$\sigma(z) = \begin{cases} z & \text{si } z \geq 0 \\ \alpha \cdot z & \text{si } z < 0 \end{cases}$ (Ec. 20)	$\sigma'(z) = \begin{cases} 1 & \text{si } z < 0 \\ \alpha & \text{si } z \geq 0 \end{cases}$ (Ec. 21)	$(-\infty, \infty)$
Scaled exponential unit (SeLU)	$\sigma(z) = \begin{cases} \lambda \cdot z & \text{si } z > 0 \\ \lambda \cdot \alpha \cdot (e^z - 1) & \text{si } z \leq 0 \end{cases}$ (Ec. 22)	$\sigma'(z) = \begin{cases} \lambda & \text{si } z > 0 \\ \lambda \cdot \alpha \cdot e^z & \text{si } z \leq 0 \end{cases}$ (Ec. 23)	$(-\infty, \infty)$
GeLU	$\sigma(z) = \frac{1}{2} \cdot z \cdot \left[1 + \operatorname{erf}\left(\frac{z}{\sqrt{2}}\right) \right]$ (Ec. 24)	$\sigma'(z) = \frac{1 + \operatorname{erf}\left(\frac{z}{\sqrt{2}}\right)}{2} + z \cdot \sigma(z)$ (Ec. 25)	$(-\infty, \infty)$

Tabla 4. Tipos de funciones de activación neuronal más habituales y sus derivadas

El propósito de las funciones definidas en la Tabla 4 es introducir no-linealidad a las redes neuronales. Su uso añade un paso adicional necesario en la propagación hacia adelante para calcular los resultados de la red.

En caso de emplear funciones de activación lineales, el número de capas utilizadas no sería relevante ya que la composición de dos funciones lineales es otra función lineal. Lo que posibilita que las redes aprendan tareas complejas es el uso de funciones no lineales.

En la Figura 12 se representa la función de activación lineal y dos de las funciones más utilizadas tradicionalmente en redes neuronales (sigmoidea y tangente hiperbólica). La sigmoidea toma como dato un valor real y devuelve valores en el intervalo entre 0 y 1, de forma que cuanto mayor es el valor de la entrada, más próximo a 1 será el valor de salida. Cuando más negativa sea la entrada más próxima a 0 estará la salida. Se utiliza en modelos donde se tiene que predecir la probabilidad como salida. Esta función es diferenciable y tiene un gradiente suave, lo que evita saltos bruscos en los valores de salida. Para valores mayores de 3 o menores de -3 el gradiente de la función toma valores muy pequeños. A medida que el valor del gradiente se acerca a 0, la red deja de aprender y sufre el problema del desvanecimiento de gradiente. Además, como la salida de la función no es simétrica en torno a 0 el proceso de aprendizaje puede ser más difícil e inestable.

La forma de la tangente hiperbólica es similar a la sigmoidea, pero su rango de valores de salida está entre -1 (al que se aproxima la salida cuanto más negativa sea la entrada) y +1 (al que se aproxima la salida cuanto más positiva sea la entrada). En este caso, su salida está centrada en torno a 0, pudiendo clasificar los valores de salida como muy negativos, neutrales o muy positivos. Se utiliza con mucha frecuencia en redes neuronales por su rango de salidas, ya que ayuda a centrar los datos y facilitar el proceso de aprendizaje. También puede sufrir el problema de desvanecimiento de gradientes, aunque su derivada tiene un gradiente más acusado que la función sigmoidea.

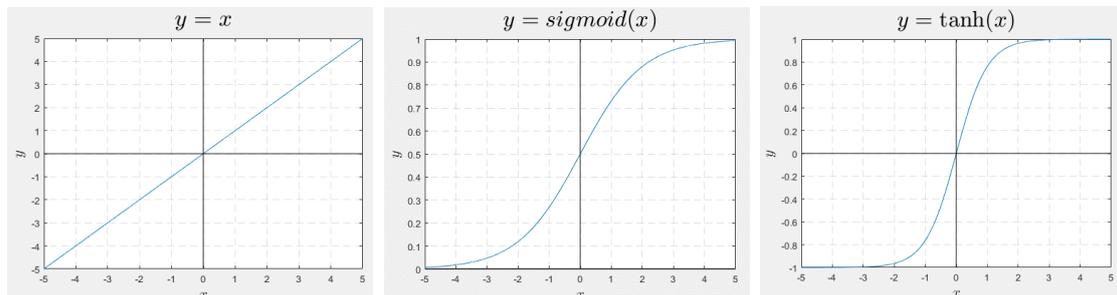


Figura 12. Funciones de activación lineal, sigmoidea y tangente hiperbólica

La unidad lineal rectificadora (*ReLU*), representa en la Figura 13 (parte izquierda), tiene una derivada asociada, por lo que permite el uso del algoritmo de retropropagación y es una función muy eficiente desde el punto de vista de la computación ya que no activa simultáneamente en todas las neuronas. Cuando la salida de la transformación lineal es menor que 0, una neurona se desactiva. Además, *ReLU* acelera la convergencia del algoritmo de descenso de gradiente hacia el mínimo global de la función pérdidas al ser lineal y no saturar. Sin embargo, sufre del problema conocido como muerte *ReLU*, provocado por el hecho de que los pesos y *offsets* de algunas neuronas no se actualizan por ser 0 el gradiente de la parte izquierda, lo que provoca que algunas neuronas nunca se activen (neuronas muertas).

La función unidad lineal rectificadora con fugas (*Leaky ReLU*) (Figura 13, parte derecha) es una versión mejorada que resuelve el problema de la muerte *ReLU* por tener una pendiente positiva de pequeño valor para valores negativos. Posee las mismas ventajas que *ReLU* permitiendo la retropropagación incluso para valores de entrada negativos. El valor de pendiente para valores negativos evita el problema de las neuronas muertas en la zona de valores negativos.

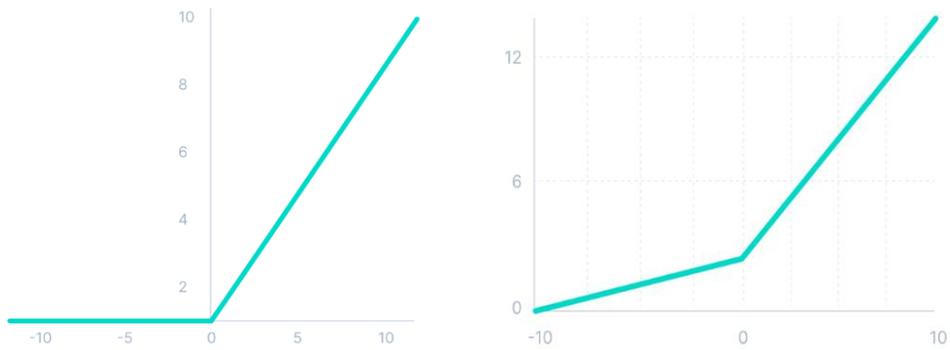


Figura 13. Funciones de activación de tipo ReLU (izquierda) y Leaky ReLU (derecha)

La unidad lineal exponencial escalada (*SELU*) se define para redes que se autonormalizan, es decir, cada capa mantiene la media y la varianza de las capas previas. La función *SELU* toma tanto valores negativos como positivos para desplazar la media (Figura 14, parte izquierda). Esto no puede realizarlo la función *ReLU* ya que para valores negativos toma el valor 0. Para ajustar el valor de la varianza se pueden ajustar los gradientes. La principal ventaja de *SELU* sobre *ReLU* es que la normalización interna es más rápida que la externa, por lo que la convergencia de la red ocurre de manera más rápida. Las predicciones realizadas por esta función pueden ser inconsistentes para valores negativos, siendo el proceso de aprendizaje para valores negativos lento.

La unidad de error gaussiano lineal (Figura 14, parte derecha) combina propiedades de *ReLU* y una función de tipo *dropout*. El resultado de ambas proporciona la salida de la neurona: *ReLU* se encarga de la parte determinista y *dropout* de la estocástica o probabilística. Esta distribución se elige debido a que las entradas a las neuronas suelen seguir una distribución gaussiana, sobre todo si se usan técnicas basadas en la normalización de *batches*. La no linealidad que introduce es mejor que en el caso de *ReLU*, lo que la hace adecuada para tareas de visión por computadora.

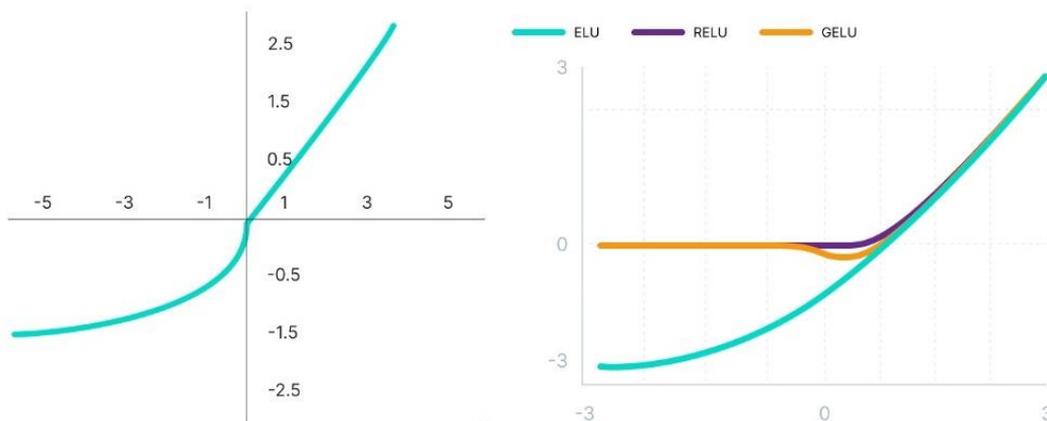


Figura 14. Funciones de activación de tipo SELU (izquierda) y GELU (derecha)

3.3.4. Capa de convolución

El bloque fundamental de este tipo de redes es la capa de convolución. Este tipo de capas efectúa la convolución del conjunto de datos de entrada (matriz o conjunto de matrices de imagen) con un banco compuesto por un número determinado de filtros multidimensionales y *offsets* cuyos parámetros pueden ser aprendidos. Una capa de una CNN está formada por neuronas dispuestas en las tres dimensiones espaciales.

A diferencia de las redes neuronales convencionales, en las cuales cada neurona de una capa está conectada con todas y cada una de las neuronas de la capa precedente, en una CNN cada neurona solamente está conectada a una zona de la capa anterior.

Una de las principales limitaciones de las redes neuronales convencionales es que contienen conjuntos de neuronas completamente conectados con todos los elementos pertenecientes a las capas inmediatamente anterior y posterior. Esto haría que fueran necesarios un enorme número de parámetros ajustables para trabajar directamente con imágenes (elevado número de datos de entrada).

El objetivo del proceso es que la red aprenda unos determinados valores de los parámetros de los filtros y *offsets*, mediante un proceso de entrenamiento. Para ello, se presentan una serie de datos de entrada a la red y se van modificando iterativamente los valores de todos los parámetros ajustables, de acuerdo a una serie de reglas que vienen fijadas por el algoritmo de aprendizaje.

En general, se considera un conjunto de datos de entrada de dimensión $x \in \mathbb{R}^{(I_1 \times I_2 \times I_3)}$, donde (I_1, I_2) son las dimensiones de una imagen bidimensional y I_3 el número de imágenes consideradas.

En el caso de los filtros $f \in \mathbb{R}^{(f_1 \times f_2 \times I_3 \times K)}$ hay que tener en cuenta que sus dimensiones espaciales (filas y columnas) son sensiblemente inferiores a las del conjunto de datos de entrada. El tamaño en su tercera dimensión deberá coincidir con el de la tercera dimensión de los datos de entrada, para poder aplicarlos correctamente. Sin embargo, el número de filtros, dado por K , vendrá determinado por el diseño y tipo de red y el fin que persiga.

Cada uno de los filtros recorre el conjunto de datos de entrada generando un mapa que proporciona la respuesta de ese filtro en cada posición espacial. Si se agrupan los resultados de estas operaciones, se obtiene una nueva matriz 3D de dimensiones $y \in \mathbb{R}^{(I'_1, I'_2, I'_3)}$, que incluye todos los mapas generados.

En la Figura 15 se puede observar la forma de actuar de un filtro de tamaño 5 x 5, con un valor de *stride* o avance de 1, y utilizando la operación de *padding*. Se amplían las dimensiones de la matriz de datos sobre la que se aplica el filtro, con respecto a su tamaño original de 5 x 5.

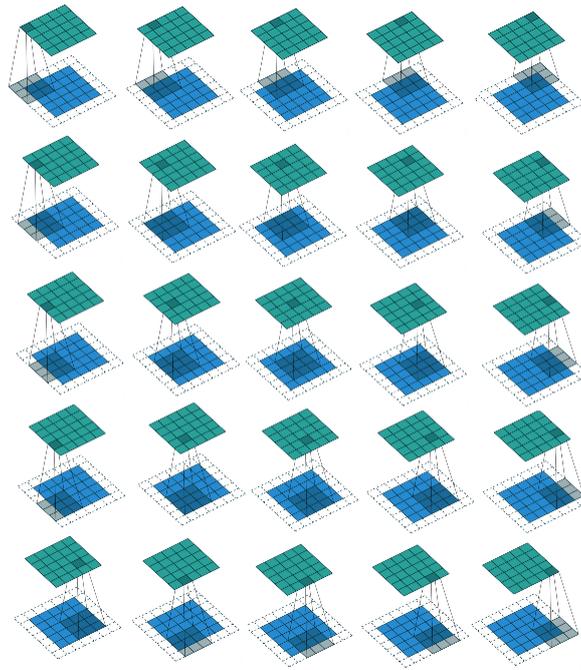


Figura 15. Proceso de convolución de un filtro o kernel con una matriz de datos

La operación de convolución actúa como una multiplicación elemento a elemento entre el *kernel* y la porción correspondiente de la imagen en cada una de las situaciones de la Figura 15. Esta operación se conoce también como producto de *Hadamard*.

Una analogía que explica la idoneidad de las capas y filtros anteriormente descritos para trabajar con estos datos es el funcionamiento del sistema de visión y las neuronas encargadas de recibir la información. Cada neurona está conectada a una pequeña región del volumen de datos de entrada, que se conoce como su campo receptivo, en este caso determinado por el tamaño del filtro.

En caso de tratar con conjuntos de datos de entrada 3D, el campo receptivo en profundidad para el filtro (tercera dimensión) deberá ser igual al tamaño de los datos de entrada, al contrario de lo que ocurre en las otras dos dimensiones espaciales, hay una conexión completa en este caso particular.

3.3.5. Capa de pooling

Una capa de tipo *pooling* realiza una operación de submuestreo, reduciendo la dimensión de la matriz a la que se aplica. Consiste en aplicar un filtro de tamaño (m_p, m_p) , siendo el más habitual de $(2, 2)$ con un *stride* o desplazamiento del mismo valor a lo largo de toda la matriz. El tipo más utilizado es el *max-pooling*, que permite obtener el máximo de cada una de las submatrices a las que se aplica el filtro, como se observa en la Figura 16. La matriz de salida tiene la dimensión de la de entrada dividida por el tamaño del filtro, lo que para una matriz de dimensión 4×4 como la del ejemplo supone pasar a un tamaño 2×2 .

3	2	3	5
4	5	1	6
6	8	2	0
9	0	1	3

→

5	6
9	3

Figura 16. Ejemplo de operación de max-pooling aplicado a una matriz de tamaño 4 x 4

Existen otros tipos filtros como el *average pooling* que realiza el promedio de cada uno de los elementos de la submatriz (Ec. 26):

$$\frac{\sum_{i,j=1}^n X_{ij}}{n^2} \quad (\text{Ec. 26})$$

O el *L2 normalization pooling* que realiza la siguiente norma de los elementos de la submatriz (Ec. 27):

$$\sqrt{\sum_{i,j=1}^n |X_{ij}|^2} \quad (\text{Ec. 27})$$

donde x_{ij} denota cada uno de los elementos de la submatriz cuyo tamaño viene definido por el tamaño del filtro.

La aplicación de este tipo de filtros provoca una reducción en el volumen de datos con los que trabaja una red, y por tanto el número de parámetros. Esto permite disminuir el tiempo de cálculo y además constituye un método útil de reducción del *overfitting* o sobreaprendizaje, efecto no deseado que disminuye la capacidad de generalización del modelo entrenado.

La razón por la que se aplican este tipo de filtros puede explicarse del siguiente modo: cuando un rasgo característico del volumen de datos de entrada es aprendido por el sistema, su localización exacta dentro del mismo es menos relevante que su localización relativa al resto de características.

Sin embargo, debe tenerse en cuenta que la utilización de filtros de *pooling* de tamaño elevado puede conducir a una pérdida de información, y por tanto disminuir las capacidades de aprendizaje del sistema.

3.3.6. Número de parámetros de una red CNN

Existen dos tipos de parámetros para cada una de las capas de una red CNN: los *pesos* (W) y los *offsets* (b). Su suma es el número total de parámetros de una capa, como indica (Ec. 28).

$$N^{\circ} \text{ de parámetros} = W + b \quad (\text{Ec. 28})$$

En primer lugar, vamos a considerar una capa de convolución. En este caso el número de parámetros que pueden ser aprendidos depende los siguientes factores:

- Número de *kernels* de convolución de la capa (N_K)
- Tamaño de los *kernels* de convolución (K)
- Número de canales. Para imágenes en escala de grises como las analizadas en esta Tesis Doctoral, su valor es 1.

El número de *pesos* para este tipo de capa se obtiene según (Ec. 29):

$$W (\text{convolución}) = N_K \cdot K^2 \quad (\text{Ec. 29})$$

Cada *kernel* lleva asociado un *offset*, siendo por tanto su número (Ec. 30):

$$b (\text{convolución}) = N_K \quad (\text{Ec. 30})$$

El número total de parámetros se calcula según (Ec. 31):

$$N^{\circ} \text{ de parámetros} = W + b = N_K(1 + K^2) \quad (\text{Ec. 31})$$

En caso de disponer de diferentes redes de convolución encadenadas, como en las arquitecturas que veremos posteriormente, se suman los parámetros de cada una de ellas.

En segundo lugar, veremos el caso de una capa completamente conectada (CCC). El número de parámetros es la suma de los *pesos* W (CCC) y *offsets* b (CCC) . Se distinguen dos situaciones diferentes para ellas:

a) CCC conectada a una capa de convolución

El número de parámetros depende de los siguientes factores:

- Tamaño de la imagen de salida de la capa de convolución previa (I_F)
- Número de *kernels* en la capa de convolución previa (N_K)
- Número de neuronas en la capa CCC (N_{CCC})

El número de *pesos* para esta capa se calcula utilizando la (Ec. 32):

$$W (CCC) = I_F^2 \cdot N_K^2 \cdot N_{CCC} \quad (\text{Ec. 32})$$

Cada neurona lleva asociado un *offset*, por lo que su número total se obtiene según (Ec. 33):

$$b(CCC) = N_{CCC} \quad (\text{Ec. 33})$$

El número total de parámetros se calcula según (Ec. 34):

$$N^{\circ} \text{ de parámetros} = W(CCC) + b(CCC) = N_{CCC}(1 + I_F^2 \cdot N_K^2) \quad (\text{Ec. 34})$$

b) CCC conectada a una CCC

El número de parámetros depende de los siguientes factores:

- Número de neuronas en la CCC previa N_{CCC-1}
- Número de neuronas en la CCC considerada (N_{CCC})

El número de *pesos* para esta capa se obtiene como el producto de los números de neuronas mencionados anteriormente (Ec. 35):

$$W(CCC) = N_{CCC-1} \cdot N_{CCC} \quad (\text{Ec. 35})$$

Cada neurona lleva asociado un *offset*, por tanto su número es (Ec. 36):

$$b(CCC) = N_{CCC} \quad (\text{Ec. 36})$$

Finalmente, la (Ec. 37) permite conocer el número total de parámetros:

$$N^{\circ} \text{ de parámetros} = W(CCC) + b(CCC) = N_{CCC}(1 + N_{CCC-1}) \quad (\text{Ec. 37})$$

3.3.7. Dimensión de los datos de entrada y salida de las diferentes capas

Al aplicar una capa de convolución a una matriz de datos de entrada se produce una reducción de sus dimensiones. Si consideramos que el tamaño de la matriz es $I = \text{ancho}_{\text{entrada}} \cdot \text{alto}_{\text{entrada}}$, el tamaño del *kernel* de convolución es K , el avance o *stride* es S y el *padding* es P , el tamaño de los datos de salida de una operación de convolución bidimensional viene dado por (Ec. 38):

$$T_{conv,salida}^{2D} = \frac{I - K + 2 \cdot P}{S} + 1 \quad (\text{Ec. 38})$$

En esta investigación no se ha utilizado la técnica de *padding*, por lo que el valor de $P=0$, y además el valor del avance es $S=1$. Además, si consideramos que en una determinada capa se utiliza un número de *kernels* o mapas de características N_K , el tamaño de los datos en 3D se obtiene como indica (Ec. 39):

$$T_{conv,salida}^{3D} = (I - K + 1) \cdot N_K \quad (\text{Ec. 39})$$

Después de que los datos de salida de la capa de convolución pasen por una capa de tipo *max-pooling* de tamaño $F=2$ y con un *stride* de $S=2$ se produce la siguiente reducción dimensional (Ec. 40):

$$T_{pool,salida}^{3D} = \left(\frac{I - F}{S} + 1\right) \cdot N_K = \left(\frac{I - 2}{2} + 1\right) \cdot N_K = \frac{I}{2} \cdot N_K \quad (\text{Ec. 40})$$

En definitiva, tras aplicar una capa de convolución las dimensiones de la matriz de entrada se reducen en el valor $(K-1)$, mientras que tras aplicar una operación de *pooling* con las características indicadas el tamaño se reduce a la mitad en ambas direcciones.

3.3.8. Algoritmo de aprendizaje

El algoritmo más utilizado para el “aprendizaje” de los parámetros de una red neuronal es el de retropropagación (*backpropagation*). Para ello es necesario definir una función de coste o función de pérdida.

Este proceso de aprendizaje requiere minimizar el valor de esta función.

La actualización de los valores de los *pesos* es función del gradiente de la función de coste y de la constante de tasa de aprendizaje (Ec. 41), pero si se introduce un término de regularización adicional en la función de coste (Ec. 42) la actualización iterativa de los *pesos* incluye términos adicionales (Ec. 43):

$$w_{i+1} \leftarrow w_i - \eta \frac{\partial E}{\partial w_i} \quad (\text{Ec. 41})$$

$$\tilde{E}(w) = E(w) + \frac{\lambda}{2} w^2 \quad (\text{Ec. 42})$$

$$w_{i+1} \leftarrow w_i - \eta \frac{\partial E}{\partial w_i} - \eta \lambda w_i \quad (\text{Ec. 43})$$

El parámetro η se conoce como tasa de aprendizaje, y su valor debe ser ajustado para garantizar el correcto funcionamiento del algoritmo de aprendizaje.

Entre los tipos de funciones de coste más utilizados se encuentran los reflejados en la Tabla 5. La función *binary cross-entropy* mide la diferencia entre las probabilidades predichas por el modelo, en este caso la red CNN, y las clases reales de tipo binario a las que pertenece cada recorte. La función *categorical cross-entropy* se utiliza cuando la codificación de las etiquetas de datos se aporta en forma vectorial, asignando un 1 a la categoría asignada al recorte.

Nombre	Definición y gradiente
<i>Coste cuadrático o error cuadrático medio</i>	$C_{MST}(W, b, S^r, O^r) = \frac{1}{2} \sum_j (a_j^L - O_j^r)^2$ (Ec. 44)
	$\nabla_a C_{MST} = (a^L - O^r)$ (Ec. 45)
<i>Error medio absoluto</i>	$C_{MAT}(W, b, S^r, O^r) = \frac{1}{2} \sum_j a_j^L - O_j^r $ (Ec. 46)
	$\nabla_a C_{MAT} = \begin{cases} +1, si a_j^L > O_j^r \\ -1 si a_j^L < O_j^r \end{cases}$ (Ec. 47)
<i>Categorical cross-entropy</i>	$C_{CCE}(W, B, S^r, O^r) = - \sum_j (O_j^r \ln(a_j^L))$ (Ec. 48)
	$\nabla_a C_{CCE}(W, B, S^r, O^r) = - \frac{O^r}{a^L}$ (Ec. 49)
<i>Binary cross-entropy o Bernouilli negative log-likelihood</i>	$C_{CE}(W, B, S^r, O^r) = - \sum_j [O_j^r \ln(a_j^L) + (1 - O_j^r) \ln(1 - a_j^L)]$ (Ec. 50)
	$\nabla_a C_{CE} = \frac{(a^L - O^r)}{(1 - a^L)a^L}$ (Ec. 51)

Tabla 5. Definición de funciones de coste más utilizadas y su correspondiente gradiente (I)

En la Tabla 6 se presentan otras funciones de pérdidas con sus correspondientes gradientes:

Nombre	Definición y gradiente
Coste exponencial	$C_{\text{EXP}}(W, b, S^r, O^r) = \tau \exp \left(\frac{1}{\tau} \sum_j (a_j^L - O_j^r)^2 \right) \quad (\text{Ec. 52})$ $\nabla_a C_{\text{EXP}} = \frac{2}{\tau} (a^L - O^r) C_{\text{EXP}}(W, B, S^r, O^r) \quad (\text{Ec. 53})$
Distancia de Hellinger	$C_{\text{HD}}(W, b, S^r, E^r) = \frac{1}{\sqrt{2}} \sum_j \left(\sqrt{a_j^L} - \sqrt{E_j^r} \right)^2 \quad (\text{Ec. 54})$ $\nabla_a C_{\text{HD}} = \frac{\sqrt{a^L} - \sqrt{E^r}}{\sqrt{2}\sqrt{a^L}} \quad (\text{Ec. 55})$
Divergencia de Kullback-Leibler	$C_{\text{KL}}(W, b, S^r, E^r) = \sum_j E_j^r \log \left(\frac{E_j^r}{a_j^L} \right) \quad (\text{Ec. 56})$ $\nabla_a C_{\text{KL}} = -\frac{E^r}{a^L} \quad (\text{Ec. 57})$
Divergencia generalizada de Kullback-Leibler	$C_{\text{GKL}}(W, b, S^r, E^r) = \sum_j E_j^r \log \left(\frac{E_j^r}{a_j^L} \right) - \sum_j (E_j^r) + \sum_j (a_j^L) \quad (\text{Ec. 58})$ $\nabla_a C_{\text{GKL}} = \frac{a^L - E^r}{a^L} \quad (\text{Ec. 59})$
Distancia de Itakura-Saito	$C_{\text{IS}}(W, b, S^r, E^r) = \sum_j \left(\frac{E_j^r}{a_j^L} - \log \left(\frac{E_j^r}{a_j^L} \right) - 1 \right) \quad (\text{Ec. 60})$ $\nabla_a C_{\text{IS}} = \frac{a^L - E^r}{(a^L)^2} \quad (\text{Ec. 61})$

Tabla 6. Definición de funciones de coste más utilizadas y su correspondiente gradiente (II)

El algoritmo de optimización más utilizado para calcular los mínimos de una función de coste no-lineal arbitraria es el de método de descenso de gradiente conjugado (*stochastic gradient descent*).

En el caso de la regresión logística multiclase, definida en el apartado 3.3.11 *Clasificador: regresión logística*, una función de pérdida utilizada habitualmente es la *negative-loss likelihood*.

La derivada de la función de coste con respecto a cualquier *peso* u *offset* indica la rapidez con la que varía la función de coste cuando el parámetro considerado varía.

La implementación práctica del algoritmo de descenso de gradiente conjugado requiere la determinación de los gradientes de la función de pérdida con respecto a los parámetros del modelo (W y b), que se denotan como $\frac{\partial C}{\partial W}$ y $\frac{\partial C}{\partial b}$. La complejidad de estos cálculos puede ser muy grande en el caso de modelos compuestos por un elevado número de capas y de parámetros y además los cálculos pueden verse afectados por problemas de estabilidad numérica.

El objetivo de la retropropagación es calcular el valor de estas derivadas para todos los parámetros aprendibles de la red. Para permitir la implementación de este algoritmo deben realizarse dos suposiciones básicas:

La primera consiste en que la función de coste total se puede escribir como el promedio de cada una de las funciones de coste individuales que corresponden a cada muestra o recorte utilizado para su entrenamiento.

La segunda se expresa del siguiente modo: es posible escribir la función de coste como una combinación de los resultados de la red u *outputs*.

El algoritmo de retropropagación está basado en operaciones vectoriales y matriciales de álgebra lineal, aunque también emplea el producto elemento a elemento de dos vectores, conocido como producto de *Hadamard*. Su operación se puede resumir en cuatro ecuaciones:

Para calcular el error en la capa de salida es necesario calcular el cambio en la función de coste con respecto a cada activación de salida multiplicado por el cambio en la función de activación al cambiar z_j^N , como se indica en forma matricial en (Ec. 62):

$$\delta^N = \nabla_a C \odot \sigma'(z^N) \quad (\text{Ec. 62})$$

El error de una capa cualquiera n , en función del error en la capa siguiente viene dado por (Ec. 63):

$$\delta^n = ((w^{n-1})^T \delta^{n+1}) \odot \sigma'(z^n) \quad (\text{Ec. 63})$$

donde $(w^{n-1})^T$ es la matriz de pesos traspuesta para la capa $n+1$.

La tercera ecuación describe la tasa de variación de la función de coste con respecto a los *offsets* de la red (Ec. 64):

$$\frac{\partial C}{\partial b_j^n} = \delta_j^n \quad (\text{Ec. 64})$$

La cuarta ecuación describe la tasa de variación de la función de coste con respecto a cualquier *peso* de la red (Ec. 65):

$$\frac{\partial C}{\partial w_{jk}^n} = a_k^{n-1} \delta_j^n \quad (\text{Ec. 65})$$

En resumen, el algoritmo de retropropagación proporciona un sistema de cálculo para el gradiente de la función de coste siguiendo la siguiente secuencia de pasos:

- 1.- Los datos de entrada a la red fijan los valores de activación de la capa de entrada a^1 .

2.- La propagación hacia adelante de este valor para cada una de las capas de la red $n = 2, 3, \dots, N$ se realiza calculando la salida de cada neurona $z^n = w^n a^{n-1} + b^n$ y aplicando su función de activación $a^n = \sigma(z^n)$.

3.- Se calcula el error de salida δ^N a partir del gradiente de la función de coste y de la derivada de la función de coste según la expresión (Ec. 62).

4.- Propagar el error hacia atrás: para cada una de las capas $n = N - 1, N - 2, \dots, 2$ calculando los errores según la (Ec. 63).

5.- Para obtener el resultado se calcula el gradiente de la función de coste para los pesos y los offsets según las ecuaciones (Ec. 64) y (Ec. 65).

El nombre del algoritmo de retropropagación proviene de que los errores se calculan hacia atrás comenzando por la capa de salida, debido a que la función de coste depende de las salidas de la red neuronal.

Como ejemplo de función de coste podemos considerar la función *cross-entropy* (Ec. 66), cuyas entradas se denotan por x_i , las salidas de las neuronas por $a = \sigma(z)$ donde $z = \sum_j w_j x_j + b$, e y son las etiquetas o salidas verdaderas o deseadas:

$$C = -\frac{1}{n} \sum_x (y \cdot \ln(a) + (1 - y) \cdot \ln(1 - a)) \quad (\text{Ec. 66})$$

Esta función de coste es positiva ya que los términos individuales son negativos (por serlo el logaritmo de los números entre 0 y 1) y existir un signo menos en la definición. Además, si la salida de la neurona está próxima a la salida deseada para todos los valores de entrada de entrenamiento, entonces el valor de la función C será próximo a 0.

3.3.9. Cómo evitar el sobreentrenamiento y criterios de detención del proceso de entrenamiento: métodos de regularización

Los modelos de red CNN son especialmente adecuados para el aprendizaje automático de características a partir de datos de imagen. Sin embargo, al utilizar modelos complejos con un elevado número de parámetros, y especialmente si se dispone de un número reducido de muestras para el entrenamiento, puede ocurrir el fenómeno del *overfitting* o sobreentrenamiento. En estos casos el valor de la función de coste aplicada a los datos de entrenamiento puede llegar a ser muy bajo, pero sobre los datos de test su valor puede ser elevado, comprometiendo las capacidades de generalización de la CNN.

Una de las primeras comprobaciones que debe realizarse es si la división entre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test ha sido realizada en las proporciones adecuadas. Como regla general, alrededor del 70% del total de datos debe ser utilizado para realizar el entrenamiento, mientras que el porcentaje restante debe ser dividido a la mitad o en valores cercanos entre validación y test.

Existen una amplia variedad de métodos de regularización aplicables a las redes neuronales (Santos & Papa, 2022). En general, se pueden definir como modificaciones introducidas en el algoritmo de aprendizaje de la red neuronal, destinadas a reducir el error de generalización de un sistema de aprendizaje automático (pero no el error sobre el conjunto de datos de entrenamiento).

La capacidad de generalización de un sistema de aprendizaje automático es fundamental, ya que determina su funcionamiento con ejemplos diferentes a los analizados durante la fase de entrenamiento. La capacidad de realizar buenas predicciones y de obtener buenos resultados con datos diferentes a los de entrenamiento es el objetivo principal de cualquier sistema de aprendizaje.

Durante la fase entrenamiento, existe un momento en el que el modelo comienza a aprender características y detalles de los datos de entrada, incluso del ruido asociado a las imágenes, que no le aportan nada a la hora de generalizar a otros conjuntos de datos. Los sistemas que cuentan con un elevado número de parámetros, como las redes neuronales, son propensos a la aparición del *overfitting*.

Para reducir o evitar los efectos del *overfitting* se emplean técnicas de regularización, que permiten, reducir las capacidades del sistema, manteniendo su exactitud de funcionamiento, aunque existen otras técnicas de uso frecuente. A continuación, se describen algunas de las técnicas más utilizadas:

- Reducción de la complejidad del modelo

La presencia de *overfitting* indica que el modelo es demasiado complejo para el problema a resolver, por ejemplo, porque dispone de un número excesivo de filtros de convolución, o porque la profundidad del modelo es excesiva al contener demasiadas capas intermedias.

Si se elimina una capa o se reduce el número de neuronas eliminándolas o desactivándolas, el número de parámetros que debe ajustar el algoritmo se reduce, por lo que ya no puede memorizar todos los datos de entrada y se ve forzado a generalizar.

Existen técnicas que sirven de guía para aplicar este método como la validación cruzada o la "poda" (*prunning*) de conexiones o filtros innecesarios, aunque no existe una regla general sobre cómo aplicarlos. Conviene mencionar que este método debe aplicarse con cautela, ya que reducir demasiado la complejidad del modelo también puede afectar negativamente a sus capacidades de aprendizaje.

- Aumento del conjunto de datos de muestra (*dataset augmentation*)

Una de las mejores y más utilizadas técnicas para reducir el *overfitting* es la expansión de los conjuntos de datos. Incrementar el número de muestras de entrenamiento permite disponer de una mayor cantidad de recortes de lesiones y no-lesiones que puede ser utilizada para diversificar los datos. Se explicará con algo más de detalle en una sección posterior.

Entre las técnicas más utilizadas se encuentran las rotaciones y traslaciones, como en esta Tesis Doctoral, aunque también se pueden aplicar inversiones, cambios de escala, procesado de valores de píxel, añadir ruido...

A pesar de sus ventajas, debe utilizarse con criterio ya que generar un número excesivo de muestras a partir de un pequeño conjunto de recortes mediante *dataset augmentation* puede incrementar la cantidad de información redundante introducida en la red CNN y por tanto no incrementar su poder de predicción o generalización.

- Interrupción anticipada de la fase de entrenamiento (*early stopping*)

El método de *Early Stopping* se basa en la interrupción de la fase de entrenamiento cuando se empieza a detectar que el funcionamiento del modelo sobre el conjunto de datos de validación comienza a empeorar. La muestra de datos de validación se considera representativa de los datos de test. Por tanto, el parámetro que se ajusta mediante este método es el número de iteraciones.

En todo proceso de entrenamiento de una red con un elevado número de parámetros, llegará un momento en el que el modelo perderá capacidad de generalización y empezará a aprender directamente el ruido estadístico presente en los datos de entrenamiento. Este efecto de *overfitting* hará que aumente el valor del error de generalización, provocando que el modelo pierda poder de predicción sobre conjunto de datos externos.

Una manera de abordar este problema consiste en tratar el número de *epoch* como si fuera un hiperparámetro y entrenar la red repetidas veces deteniendo el proceso en diferentes momentos, eligiendo aquel modelo que proporciona mejores resultados. Este método resulta muy costoso computacionalmente y ralentiza mucho el proceso de entrenamiento.

Otra alternativa de afrontar el *overfitting* es entrenar la red estableciendo un número alto de *epochs* como dato de partida. Al final de cada una de ellas se evalúan los resultados de aplicar el modelo sobre un conjunto de datos de validación. En el momento en que se observa un aumento de los errores de clasificación o una disminución de la exactitud, se detiene el proceso de entrenamiento. Se consiguen de esta forma modelos con una buena capacidad de generalización. En esta Tesis Doctoral se adopta este método de regularización, aunque también se han realizado tests añadiendo penalizaciones a los *pesos* en la modalidad de mamografía.

- Inicialización adecuada de los valores de los *pesos* (*weight initialization*)

La inicialización de los *pesos* y *offsets* establece su valor antes de que comience el proceso de entrenamiento para cada una de las neuronas del modelo. Elegir el valor adecuado es importante, aunque no definitivo, ya que cuanto más cerca nos encontremos del mínimo global de la función de coste, menos tiempo se tardará en alcanzar.

Aunque una de las formas más habituales de inicializar los valores de los *pesos* es la utilización de números aleatorios de pequeño valor, este método no tiene en cuenta la función de activación utilizada ni el número de entradas existentes en un determinado nodo de la red.

Utilizar algún método de inicialización, aunque sea sencillo, puede conseguir que el proceso de entrenamiento sea más efectivo cuando se usa el algoritmo de optimización de descenso de gradiente estocástico.

Una de las formas de inicializar los valores es el método de *Xavier*, también conocido como método de *Glorot*. El valor del *peso* se calcula como un número aleatorio con una distribución

uniforme de probabilidad (U) en el rango $-\left(\frac{1}{\sqrt{n}}\right)$ y $+\left(\frac{1}{\sqrt{n}}\right)$, donde n es el número de entradas en el nodo.

Una variación de este método, conocida como inicialización normalizada calcula el valor inicial de cada *peso* como un número aleatorio con una distribución uniforme de probabilidad (U) en el intervalo $-\left(\frac{\sqrt{6}}{\sqrt{n+m}}\right)$ y $+\left(\frac{\sqrt{6}}{\sqrt{n+m}}\right)$ donde n es el número de entradas al nodo (nodos en la capa previa) y m es el número de nodos en la capa considerada.

- Técnica de penalización de los valores de *peso* (*weight penalty*)

La técnica de *Weight penalty* constituye el método estándar de regularización. Está basada en la siguiente afirmación: las redes con valores más pequeños de los *pesos* son más simples que aquellas con valores más elevados. En general, se puede afirmar que una red neuronal que tenga valores elevados de los *pesos* muestra signos de *overfitting*. También se denomina a este método “decaimiento de los *pesos*”, debido a que su función es reducir su valor. En función del tipo de términos que se añadan a la función de coste se puede distinguir entre dos tipos de penalizaciones a los *pesos*: *weight penalty* de tipo L1 y de tipo L2.

La regularización de tipo L2 es la más común y consiste en extender la función de coste con un término de tipo (Ec. 67):

$$\Omega(W) = \|W\|_2^2 = \sum_i \sum_j w_{ij}^2 \quad (\text{Ec. 67})$$

Este término se define como la norma euclídea de las matrices de *pesos*, es decir, la suma de todos los valores de los *pesos* de una matriz al cuadrado (Ec. 68). Se escala por una constante, habitualmente denominada α , conocida como constante de regularización. La nueva función de coste modificada es, por tanto:

$$\hat{C}(W) = \frac{\alpha}{2} \|W\|_2^2 + C(W) = \frac{\alpha}{2} \sum_i \sum_j w_{ij}^2 + C(W) \quad (\text{Ec. 68})$$

Al calcular el gradiente de la nueva función de coste se obtiene la expresión (Ec. 69):

$$\nabla_W \hat{C}(W) = \alpha W + \nabla_W C(W) \quad (\text{Ec. 69})$$

Los *pesos* actualizados se obtienen entonces mediante la actualización de los *pesos* antiguos, tal y como se indica en (Ec. 70):

$$W_{nuevo} = W_{antiguo} - \epsilon \left(\alpha W_{antiguo} + \nabla_W C(W_{antiguo}) \right) \quad (\text{Ec. 70})$$

Que puede reordenarse en la forma indicada en (Ec. 71) :

$$W_{nuevo} = (1 - \epsilon\alpha)W_{antiguo} - \epsilon\nabla_W C(W_{antiguo}) \quad (\text{Ec. 71})$$

Este resultado coincide con el obtenido mediante el algoritmo de descenso de gradiente usual, con la diferencia del segundo término.

La regularización L1 se basa en añadir como término de regularización la suma de los valores absolutos de los términos de la matriz de *pesos* (Ec. 72):

$$\Omega(W) = \|W\|_1 = \sum_i \sum_j |w_{ij}| \quad (\text{Ec. 72})$$

En este caso también se añade una constante de regularización (Ec. 73), denotada por α :

$$\hat{C}(W) = \alpha\|W\|_1 + C(W) = \alpha \sum_i \sum_j |w_{ij}| + C(W) \quad (\text{Ec. 73})$$

La derivada de la función de coste en este caso viene dada por (Ec. 74):

$$\nabla_W \hat{C}(W) = \alpha \text{sign}(W) + \nabla_W C(W) \quad (\text{Ec. 74})$$

La regularización de tipo L1 penaliza la suma de los valores absolutos de los *pesos*, generando un tipo de modelo simple e interpretable, y constituye un método robusto cuando existen valores atípicos (*outliers*).

Por el contrario, la regularización L2 penaliza la suma de los cuadrados de los *pesos*, facilitando el aprendizaje de patrones complejos, aunque tiene la desventaja de no ser robusta frente a valores atípicos.

- Técnica de exclusión (*dropout*)

La técnica de exclusión, conocida como *Dropout*, consiste en anular los valores de activación de una serie de neuronas elegidas de forma aleatoria durante el proceso de entrenamiento (Srivastava et al., 2014). Este método fuerza a la red a aprender características más estables, ya que reduce el número de unidades codependientes de otras. En caso de que sea aplicado a una capa en lugar de a determinadas neuronas, es conocida como técnica de *Dropout Layer*.

El hecho de que el número de nodos y de conexiones varíe de forma aleatoria durante el entrenamiento añade ruido al proceso de aprendizaje, cambiando de forma probabilística la dependencia de cada nodo con los datos de entrada. En definitiva, esto evita que conjuntos de neuronas vecinas se adapten de forma conjunta para resolver errores originados en capas anteriores, aumentando la robustez del modelo.

Una de las ventajas de esta técnica es que puede aplicarse a capas de tipo convolucional, completamente conectadas, densas o recurrentes. Se utiliza en cualquiera de las capas intermedias o la de entrada, pero nunca en la capa de salida.

Entre sus desventajas se encuentran el coste computacional, ralentizando el proceso de entrenamiento

3.3.10. Clasificador: regresión logística

El método utilizado en esta tesis para clasificar los resultados obtenidos mediante el entrenamiento de la red neuronal es la regresión logística, que es un clasificador lineal binario de tipo probabilístico. Su uso como técnica de clasificación para separar un conjunto de datos en dos clases está muy extendido. La aplicación de este algoritmo a un conjunto de datos bidimensional realiza la búsqueda de una línea recta que separe a los datos en dos grupos claramente definidos.

La generalización de este método a un espacio N-dimensional, consiste en la determinación de un hiperplano separador de dimensión N-1. Este método puede generalizarse en caso de que se aplique a un problema de clasificación entre múltiples clases (regresión logística multinomial).

Los parámetros que definen este modelo son la matriz de *pesos* (W) y el vector de *offsets* (b). La probabilidad de que un determinado vector de entrada x pertenezca a una determinada clase i , viene dada por la siguiente ecuación (Ec. 75):

$$P(i|x, W, b) = \frac{e^{W_i x + b_i}}{\sum_j e^{W_j x + b_j}} \quad (\text{Ec. 75})$$

La predicción que realiza el modelo es la clase a la que pertenece (con mayor probabilidad) el vector de entrada (Ec. 76). Se obtiene empleando la función *argmax* que permite obtener los argumentos o entradas de una función para los cuales la función toma sus valores máximos.

$$clase_{predicha} = \text{argmax}_i P(i|x, W, b) \quad (\text{Ec. 76})$$

3.3.11. Expansión de los conjuntos de datos de entrenamiento (*Data Augmentation*)

A la hora de desarrollar sistemas CAD basados en *Deep Learning* para aplicaciones médicas surge un problema fundamental: el tamaño de los conjuntos de datos disponibles para el entrenamiento y comprobación de su funcionamiento es relativamente reducido. Esto se debe a las dificultades existentes para crear bases de datos de imágenes médicas con anotaciones validadas de las lesiones que contienen. Esto supone una limitación a la hora de trabajar con sistemas en los que hay que ajustar un número elevado de parámetros.

Para resolver esta falta de información existen diferentes técnicas, conocidas con el nombre de *Data Augmentation* (Shorten & Khoshgoftaar, 2019), que permiten expandir los conjuntos de datos. Existe una amplia variedad de estrategias para abordar este problema (Hussain et al., 2017).

Entre los métodos de expansión de datos más utilizados están aquellos basados en la realización de operaciones básicas con las imágenes. Entre ellos se encuentran las transformaciones geométricas, método utilizado en este trabajo. Se realizan transformaciones geométricas rígidas como la traslación (con respecto al centro del recorte original y teniendo en cuenta que no se pierde información por los límites de la matriz), la rotación por un ángulo aleatorio y también combinaciones de rotaciones y traslaciones.

Otros métodos de ampliación muy utilizados consisten en aplicar reflexiones según el eje horizontal o el vertical.

También pueden utilizarse transformaciones que deforman los datos como operaciones de tipo *zoom* que acercan o alejan la lesión dentro del recorte, así como deformaciones a lo largo de una o varias direcciones privilegiadas. La aplicación de deformaciones elásticas, que alterna la morfología en la lesión debe utilizarse con cautela, ya que las lesiones obtenidas de esta forma pueden no representar ejemplos de relevancia clínica que realmente puedan hallarse en las imágenes radiológicas.

Otras técnicas más avanzadas involucran el procesado de las imágenes, como en el caso del método conocido como “inyección de ruido”. Está basado en añadir a la matriz de píxeles valores aleatorios extraídos de una distribución gaussiana. Su principal beneficio radica en entrenar redes neuronales que aprenden características más robustas y funcionan bien en imágenes con ruido elevado.

Dentro de las técnicas basadas en el procesado se encuentra también la aplicación de *kernels* de realce de bordes en alguna de las direcciones principales, o bien de filtros de emborronamiento gaussiano. Estos *kernels* se aplican mediante la técnica de convolución sobre los recortes de las imágenes.

Existen estrategias de expansión de los conjuntos de datos que han demostrado ser efectivas, aunque realicen operaciones que en apariencia no son útiles para un observador humano. Es el caso de la técnica de mezclar imágenes promediando sus píxeles (Inoue, 2018).

3.4. Evaluación del desempeño de los algoritmos de aprendizaje supervisado

Para evaluar el funcionamiento de los sistemas de IA, en concreto de las redes neuronales, se debe abordar el problema de la clasificación estadística. Las matrices de confusión son herramientas de uso extendido que permiten evaluar el desempeño de cualquier algoritmo basado en aprendizaje supervisado (Ting, 2017).

Cada fila de la matriz de confusión representa las categorías que tiene la clase real o verdadera, mientras que las columnas representan las categorías de la clase predicha o calculada por el algoritmo. También puede utilizarse la matriz traspuesta.

Entre la terminología asociada a la matriz de confusión se distinguen cuatro tipos básicos de elementos:

- Un verdadero positivo (VP) es un resultado del test que indica la presencia de una determinada condición o característica. Se produce cuando la salida del algoritmo asocia a un dato de entrada de tipo lesión o nódulo la categoría que le corresponde.

- Un verdadero negativo (VN) es un resultado del test que asocia correctamente la ausencia de una condición o característica. Se produce cuando la salida del algoritmo asocia a un dato de entrada de tipo no-lesión o tejido sano la categoría que le corresponde.

-Un falso positivo (FP) es un resultado del test que indica erróneamente que una condición o atributo particular está presente. Se produce cuando la salida del algoritmo asocia a un dato de entrada de tipo no-lesión o tejido sano la categoría de lesión o nódulo.

- Un falso negativo (FN) es un resultado del test que indica de forma incorrecta que una determinada condición o atributo no está presente. Se produce cuando la salida del algoritmo asigna a un dato de entrada de tipo no-lesión o tejido sano la categoría lesión o nódulo.

La Tabla 7 presenta una matriz de confusión estándar, que incluye los tipos de predicciones que puede realizar un algoritmo:

Número total de casos = P + N = PP + PN		Condición predicha por el algoritmo	
		<i>Predicción positiva (PP)</i>	<i>Predicción negativa (PN)</i>
Condición real (<i>ground truth</i>)	<i>Positiva (P)</i>	Verdadero positivo (VP)	Falso negativo (FN)
	<i>Negativa (N)</i>	Falso positivo (FP)	Verdadero negativo (VN)

Tabla 7. Parámetros de la matriz de confusión considerando dos categorías

El uso de la matriz de confusión puede extenderse a situaciones con más de dos categorías.

Se pueden derivar muchos parámetros que cuantifican la bondad de un determinado test o experimento de clasificación a partir de la matriz de confusión. A continuación, se describen los utilizados en esta Tesis Doctoral: sensibilidad, especificidad, precisión y exactitud.

La sensibilidad y la especificidad describen matemáticamente la exactitud con la que un test informa de la presencia o ausencia de una determinada condición.

La sensibilidad o tasa de verdaderos positivos (TVP) se calcula como se indica en la (Ec. 77):

$$TVP = \frac{VP}{P} = \frac{VP}{VP + FN} = 1 - TVN \quad (\text{Ec. 77})$$

La especificidad o tasa de verdaderos negativos (TVN) se calcula según se indica en (Ec. 78):

$$TVN = \frac{VN}{N} = \frac{VN}{VN + FP} = 1 - TFP \quad (\text{Ec. 78})$$

La precisión o valor predictivo positivo (VPP) se determina según (Ec. 79)

$$VPP = \frac{VP}{VP + FP} = 1 - TFD \quad (\text{Ec. 79})$$

Donde TFD es la tasa de falsos hallazgos (Ec. 80):

$$TFD = \frac{FP}{FP + VP} = 1 - VPP \quad (\text{Ec. 80})$$

Por completitud, se indica cómo se obtiene el valor predictivo negativo (VPN) (Ec. 81):

$$VPN = \frac{VN}{VN + FN} = 1 - TFO \quad (\text{Ec. 81})$$

Donde TFO es la tasa de falsas omisiones (Ec. 82):

$$TFO = \frac{FN}{FN + VN} = 1 - VPN \quad (\text{Ec. 82})$$

El cálculo de la exactitud difiere de los anteriores, y se realiza como se refleja en (Ec. 83):

$$Exactitud = \frac{VP + VN}{P + N} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (\text{Ec. 83})$$

La curva Característica Operativa del Receptor o *Receiver Operating Characteristic* (ROC) describe la capacidad diagnóstica de un clasificador binario en función del umbral que permite discriminar entre clases. Sus orígenes se remontan a la Segunda Guerra Mundial, durante la que fue aplicada en la industria militar para analizar señales de radar.

Esta gráfica se construye representando la sensibilidad o TVP frente a $1 - \text{especificidad}$ o TFP para cada valor de umbral.

Se puede interpretar como la potencia de un determinado test (probabilidad de que el test rechace la hipótesis nula de forma correcta cuando la hipótesis alternativa es cierta) en función del error de tipo I (que representa el rechazo erróneo de la hipótesis nula en un determinado test)

La principal utilidad de las curvas ROC es la selección del modelo óptimo y descartar aquellos menos adecuados sin tener en cuenta la distribución de las clases, como por ejemplo la elección de la prueba diagnóstico más eficaz. Constituye un método directo de realizar un análisis coste-beneficio.

Un parámetro que resume la información contenida en la curva ROC es el área bajo la curva (AUC), que puede tomar valores entre 0 y 1. En la Figura 17 se muestran 4 curvas con diferente valor de AUC. El modelo A (test perfecto) tiene un área de 1, mientras que el D, de $\text{AUC}=0.5$ representa la suposición aleatoria. Los casos intermedios (B y C) presentan capacidad diagnóstica, siendo el B el que mejor capacidad diagnóstica posee.

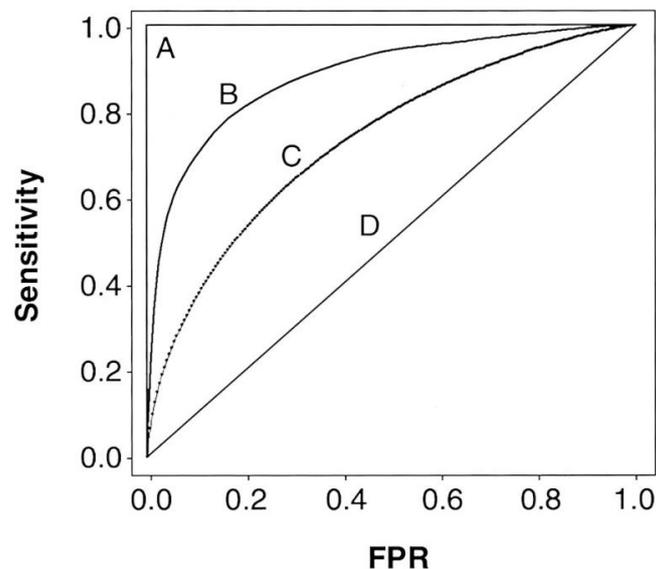


Figura 17. Representación de 4 curvas ROC con diferentes valores de AUC (tomado de S. H. Park et al. (2004))

Una de las utilidades de las curvas ROC es servir de guía para seleccionar el umbral de clasificación, permitiendo minimizar el número de falsos positivos y falsos negativos. Las dos curvas mostradas en la Figura 18 tiene el mismo valor de AUC, aunque no representan el mismo balance sensibilidad-especificidad.

En la zona de alta tasa de FP (o de alta sensibilidad) la prueba B es mejor que la A, mientras que en la zona de bajas tasas de FP (o rango de baja sensibilidad) este comportamiento se invierte.

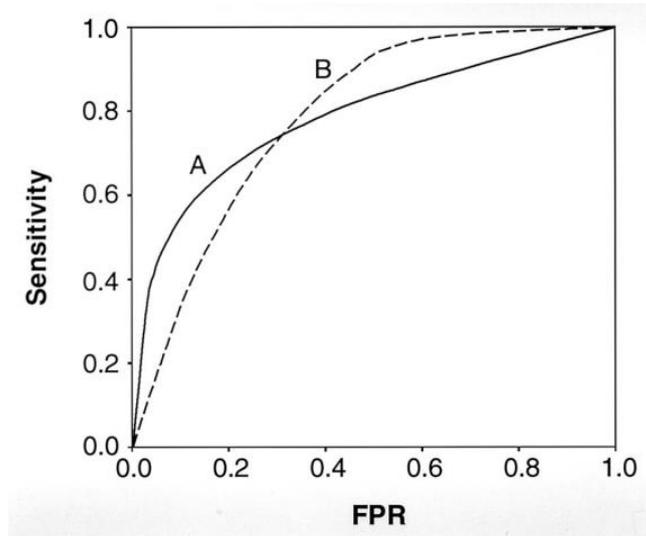


Figura 18. Dos curvas ROC con el mismo valor de AUC pero diferente sensibilidad y especificidad (tomado de S. H. Park et al. (2004))

IV. DESARROLLO METODOLÓGICO

IV. DESARROLLO METODOLÓGICO

4. Estudio 1: Desarrollo de un sistema CAD basado en Redes Neuronales de Convolución (CNN)

4.1. Objetivos del Estudio 1

Uno de los objetivos principales de esta Tesis Doctoral es desarrollar un sistema de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basado en Redes Neuronales de Convolución (CNN) que permita diferenciar entre nódulos pulmonares y regiones que no contienen nódulos en Tomografía Computarizada (TC) y entre diferentes tipos de lesiones encontradas en mamografías (calcificaciones, grupos de microcalcificaciones, distorsiones y masas) y el tejido mamario sano.

Para ello se construyen una serie de arquitecturas CNN de diferentes profundidades adaptadas a las características del problema considerado. Para implementarlas se utiliza un enfoque basado en el uso de recortes o *patches* de diferente tamaño de matriz, adaptados a la modalidad considerada, TC o mamografía. Los recortes utilizados para generar los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test correspondientes a la modalidad de TC torácico se extrajeron de la base de datos de TC de tórax *Lung Image Database Consortium Image Collection (LIDC-IDRI)*. Para mamografía se utilizaron los repositorios de imágenes *Breast Cancer Digital Repository (BCDR)* y *Curated Breast Subset of DDSM (CBIS-DDSM)*.

Se entrenaron diversos modelos CNN para cada uno de los tamaños y modalidades modificando los valores de los hiperparámetros ajustables con objeto de analizar su influencia sobre los resultados y así optimizar el poder de clasificación de las redes.

Se comprobó el funcionamiento de los mejores modelos CNN entrenados sobre conjuntos de recortes de las citadas bases de datos que no fueron utilizados durante el proceso de entrenamiento mediante aprendizaje supervisado. Además, para verificar la capacidad de generalización de los modelos entrenados sobre conjuntos de datos externos, se utilizaron también las bases de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* para TC de tórax y *CSAW-S mammography database* para mamografía.

La estructura desarrollada para la exposición del *Estudio 1* de esta Tesis Doctoral, encuadrada en el bloque de desarrollo metodológico, contiene una descripción de los objetivos e hipótesis planteadas, así como las etapas involucradas en la creación del sistema CAD basado en redes CNN: desde el hardware y software utilizado, el tratamiento de las imágenes y anotaciones procedentes de las bases de datos, el proceso de entrenamiento de las redes CNN, la presentación, análisis y comparación de los resultados obtenidos para los diferentes modelos de red entrenados y la comprobación de la capacidad de generalización de las redes con conjuntos de datos externos. Estas dos últimas etapas permiten evaluar la capacidad de los sistemas desarrollados para clasificar recortes de imagen, siendo la última un paso fundamental

que permite utilizar los modelos entrenados en la práctica clínica o en el marco de una herramienta formativa como se expondrá en los estudios posteriores.

A continuación, se exponen los objetivos generales asociados al Estudio 1. Algunos de ellos incluyen objetivos específicos concretos necesarios para su consecución.

Los tres objetivos iniciales del *Estudio 1* están relacionados con los fundamentos teóricos de la inteligencia artificial (IA) y el aprendizaje automático (ML), las bases de datos de imágenes radiológicas y el estudio y utilización del software necesario para comenzar a trabajar con redes CNN:

- Realizar una revisión detallada de los tipos de sistemas CAD basados en IA descritos en la literatura científica, centrándose en aquellos modelos que contienen Redes Neuronales Artificiales (ANNs).

- Investigación de sus aplicaciones en el campo de la imagen radiológica, los métodos de creación y procesamiento de conjuntos de datos, algoritmos de entrenamiento y técnicas de optimización.

- Estudiar los sistemas CAD basados en *Pixel Machine Learning* (PML) incluidos en publicaciones del estado del arte, especialmente aquellos basados en redes de tipo CNN, en oposición a las redes que utilizan características extraídas manualmente de las imágenes.

- Instalar y preparar el software y las librerías de funciones necesarias para el procesamiento de imágenes, la definición y entrenamiento de redes CNN y el desarrollo de la aplicación educativa JORCAD, que se describirá en el Estudio 2.

- Adquirir conocimientos sobre la programación de código, sus herramientas y utilidades, mediante la revisión de sus manuales, así como de tutoriales y guías de uso asociados.

- Estudiar las bases de datos de imágenes radiológicas de acceso público disponibles para usos científicos y educativos. Se ha aplicado el siguiente criterio para su selección: todos los conjuntos de imágenes radiológicas pertenecientes a las bases de datos utilizados en esta Tesis Doctoral deben estar disponibles de forma libre para su uso con fines de investigación y educativo sin ánimo de lucro.

- Obtener los permisos de acceso en caso necesario y descargar las herramientas de software que permiten acceder a su contenido.

- Descargar las imágenes radiológicas (series TC o proyecciones mamográficas), segmentaciones, anotaciones con información clínica, datos de las lesiones y otra información asociada disponible.

- Clasificar, ordenar y reformatear las imágenes radiológicas que contienen y usar rutinas que permitan descodificar los datos anteriormente descargados.

Los siguientes objetivos tienen un carácter práctico y experimental y se enmarcan en el proceso de elaboración del sistema CAD, su entrenamiento para conseguir un grado óptimo de aprendizaje y el estudio de los resultados obtenidos:

- Crear los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test a partir de bases de datos de imágenes anotadas a partir de la información proporcionada con las bases de datos y de las imágenes.

- Realizar el proceso de preparación de los conjuntos de datos para las dos modalidades de imagen de interés (TC de tórax y mamografía) siguiendo un esquema multi-tamaño del recorte. Se utilizarán 5 tamaños diferentes para cada una de las modalidades.

- Programar una serie de rutinas que permitan manejar las imágenes, extraer los recortes en base a la información específica proporcionada con cada una de las bases de datos, ordenarlos, clasificarlos y procesarlos.

- Extraer los recortes de cada tamaño con una metodología adaptada según se correspondan con lesiones o con regiones no patológicas. Realizar esta tarea basándose en la información adicional aportada por los creadores de las bases de datos.

- Aplicar técnicas de procesado para transformar los valores de píxel de los recortes.

- Etiquetar, agrupar y formatear adecuadamente los recortes para que puedan ser utilizados como datos de entrada que alimenten las redes CNN.

- Diseñar el sistema CAD y programar las rutinas y funciones necesarias para crear un modelo de red CNN y proceder a su entrenamiento en un entorno de desarrollo específico para ANNs. Este objetivo involucra una serie de etapas interdependientes.

- Realizar una planificación inicial de la aplicación para entrenar, validar y comprobar las redes CNN, que establezca las librerías de funciones necesarias para su funcionamiento.

- Establecer las instrucciones necesarias para la importación y lectura de los conjuntos de datos correspondientes a cada modalidad de imagen y sus etiquetas asociadas, que servirán de base para entrenar y validar las redes CNN.

- Establecer y programar el método de lectura de los conjuntos de recortes creados anteriormente y sus etiquetas de datos asociadas.

- Definir cada uno de los tipos de capa que componen la red CNN, incluyendo sus propiedades, datos de entrada y transformaciones que realizan para obtener los datos de salida.

- Crear un método que permita introducir y modificar los valores del conjunto de hiperparámetros que definen cada CNN.

- Programar las rutinas de entrenamiento de redes CNN, basadas en un modelo de arquitectura previamente establecido.

- Programar las instrucciones necesarias para que la ejecución del algoritmo de aprendizaje supervisado actualice de forma iterativa los parámetros que permiten aprender a la red.

- Modificar el código base para añadir capas de convolución adicionales, así como para calcular los parámetros de la matriz de confusión y otras métricas para monitorizar el proceso de entrenamiento.
- Definir diferentes tipos de arquitecturas de acuerdo con el tipo y el tamaño de los recortes de los conjuntos de datos creados.
- Implementar técnicas de mejora del proceso de aprendizaje como métodos de expansión de los conjuntos de datos (*data augmentation*), agrupación de los datos de entrada en conjuntos (*batches*), métodos de detención anticipada del proceso de entrenamiento (*early stopping*) y uso de técnicas de regularización.
- Entrenar diferentes modelos con múltiples configuraciones de hiperparámetros para optimizar el desempeño del sistema CAD.
 - Modificar de forma sistemática los hiperparámetros para entrenar diferentes modelos y estudiar su influencia en el rendimiento de las redes CNN.
 - Estudiar el efecto de utilizar diferente número de capas de convolución, número de filtros por capa, tamaño de los filtros, parámetros del algoritmo de aprendizaje y de la función de coste, función de activación neuronal, utilización de operaciones de *pooling*.
 - Registrar los valores de los parámetros de interés en cada etapa del entrenamiento para su análisis posterior.
- Monitorizar y estudiar el proceso de entrenamiento y aprendizaje calculando un conjunto de métricas que permitan realizar un análisis preciso de los resultados obtenidos.
 - Analizar la evolución del proceso de entrenamiento y comparar los resultados obtenidos por los diferentes modelos.
- Realizar un análisis estadístico y comparativo del desempeño de las redes CNN en la tarea de detección para valorar el grado de efectividad de los modelos entrenados.
 - Evaluar y comparar los resultados obtenidos para cada modalidad y tamaño del recorte, realizando un análisis crítico de la influencia de cada hiperparámetro en el aprendizaje y la capacidad de generalización.
 - Determinar la configuración óptima de hiperparámetros para cada modalidad y tamaño de matriz del recorte.
 - Seleccionar los mejores modelos CNN en base a las métricas y criterios estudiados.
 - Validar el funcionamiento de las redes con mejor capacidad de generalización con otros conjuntos de datos externos preparados a partir de bases de datos.

4.2. Hipótesis del Estudio 1

Las hipótesis planteadas para la fase de desarrollo del sistema CAD son las siguientes:

- La evolución del proceso de entrenamiento sigue un comportamiento normal, de forma que se incrementan progresivamente las tasas de VP y VN, a la vez que disminuyen los FP y FN, hasta que se alcanza un valor óptimo a partir del cual se alcanza la estabilidad.
- La sensibilidad y especificidad de los sistemas CAD basados en redes CNN desarrollados son comparables a otros resultados publicados.
- El proceso de entrenamiento es interrumpido en el momento adecuado para evitar fenómenos indeseables como el *underfitting* o el *overfitting*, que afectan negativamente a la capacidad de generalización de las redes entrenadas.
- El número de falsos positivos (FPs) detectados se mantiene en una proporción adecuada para facilitar la interpretación de los resultados del CAD, manteniendo una sensibilidad elevada.
- El proceso de ajuste de hiperparámetros permite entender el comportamiento interno de sistemas complejos como las redes CNN.
- El proceso de ajuste de hiperparámetros permite comparar diferentes modelos de CNN entrenados y elegir sus valores óptimos para seleccionar las redes con mejor capacidad de generalización.
- Las métricas de evaluación del funcionamiento basadas en cálculos relacionados con la matriz de confusión (exactitud, sensibilidad, especificidad) y el uso de la Característica Operativa del Receptor (curvas ROC) constituyen herramientas adecuadas para evaluar el desempeño de las redes CNN.
- La exactitud de detección y la sensibilidad sobre conjuntos de imágenes diferentes a los utilizados para el entrenamiento, validación y test de las redes, alcanza los valores reportados para otros sistemas de características similares en las modalidades radiológicas de interés.
- Las redes CNN entrenadas pueden constituir una herramienta útil para asistir a los especialistas en radiodiagnóstico al proporcionarles una segunda opinión de apoyo en el proceso de toma de decisiones.

4.3. Hardware y software utilizado

La capacidad de cálculo del hardware necesario para trabajar con redes neuronales de DL depende de su arquitectura, el volumen de imágenes procesado y los tamaños de las matrices involucradas. Una *Unidad Central de Proceso* (CPU) de varios núcleos, como las instaladas en los ordenadores personales, es suficiente para trabajar con conjuntos de datos de tamaño no muy elevado, aunque los tiempos de entrenamiento son muy dependientes del tamaño de las matrices de datos utilizadas y de la arquitectura de los sistemas. Para acelerar el proceso de entrenamiento, los expertos recomiendan el uso de *Unidades de Procesamiento Gráfico* (GPU) para ejecutar los cálculos. La librería de cálculo *NVIDIA CUDA® Deep Neural Network* (cuDNN) acelera el entrenamiento de las redes y su uso es compatible con muchos entornos de desarrollo de sistemas de DL.

Para el desarrollo de esta Tesis Doctoral se dispuso de un ordenador personal (PC) con un procesador *Intel Core i7-550U* que funciona a una frecuencia de 2.4 GHz, con 12 GB de memoria RAM de tipo *DDR3*. El entrenamiento, validación y test de las CNN de TC de tórax se realizó utilizando la tarjeta gráfica *NVIDIA GeForce 9200* incorporada en este PC.

Sin embargo, y debido a las mayores exigencias en cuanto a potencia de cálculo para trabajar con las imágenes de mamografía, se utilizó otro PC con un procesador *Intel Core i7-10750H* para entrenar estas redes. Su frecuencia de funcionamiento es de 2.6 GHz, con 16 GB de memoria RAM *DDR4*. La tarjeta gráfica incorporada en este dispositivo, que permitió acelerar la velocidad de los cálculos, es una *NVIDIA GeForce GTX*.

Para definir la arquitectura de una ANN, ejecutar las fases de entrenamiento y validación y analizar imágenes con los modelos entrenados se requiere software especializado. En esta Tesis Doctoral se han utilizado dos entornos de desarrollo de software científico: la plataforma de programación y cálculo numérico *MATLAB®* y el entorno de desarrollo integrado multiplataforma para la programación científica *Spyder*, basado en el lenguaje *Python*.

Python es un lenguaje de programación interpretado de alto nivel, diseñado para facilitar la lectura e interpretación de código, que goza de mucha popularidad entre los programadores.

El código que utiliza el lenguaje *Python* en esta Tesis Doctoral está relacionado con la definición, entrenamiento y validación de las redes CNN. La principal librería de funciones que posibilita estos cálculos es *Theano* (Theano Development Team, 2016), creada para la manipulación y evaluación de matrices multidimensionales y operaciones relacionadas con el ML y las ANN. También se utiliza la librería *Numpy*, que contiene un gran número de funciones matemáticas para operar con vectores y matrices de gran tamaño.

La librería *Python* de funciones *Theano* funciona también como un compilador de optimización para manipular y evaluar expresiones matemáticas matriciales y realizar cálculos simbólicos basados en gráficos, lo que la hace adecuada a la hora de implementar métodos de ML. Entre los puntos fuertes de *Theano*, es importante destacar la velocidad de cálculo (Bastien et al., 2012) y el hecho de que puede ejecutar código tanto en la CPU como en la GPU (Bergstra et al., 2010).

Para utilizar las funciones de *Theano* y compilar el código relacionado con las redes CNN en el entorno científico de código abierto *Spyder*, se importa la librería al inicio de la rutina mediante las instrucciones `import theano` e `import theano.tensor as T`. Todos los procesos de entrenamiento realizados en esta Tesis Doctoral se han ejecutado utilizando la GPU, permitiendo incrementar la velocidad de ejecución del algoritmo de descenso de gradiente estocástico que ajusta los valores de los *pesos* y *offsets* de las diferentes capas durante el proceso de entrenamiento.

Aunque esto supone un incremento de velocidad con respecto al uso de la CPU, se deben tener en cuenta las limitaciones de velocidad inherentes al uso de un ordenador personal con relación a otros sistemas de cálculo como los *clústeres* de ordenadores. Algunos de los procesos de entrenamiento, como se detallará en el análisis de resultados posterior, tuvieron una duración más de 2000 minutos.

Es importante tener en cuenta que, aunque la GPU permite acelerar los cálculos usando librerías de funciones adaptadas, la cantidad de memoria disponible en la GPU impone restricciones a la hora de manejar grandes volúmenes de datos. Este hecho ha afectado al volumen de datos utilizado con las redes CNN de mamografía, tanto en el número total de recortes utilizado para

todos los tamaños de matriz, debiendo ser incluso más reducido para matrices de tamaño 384 x 384.

La lectura, tratamiento, manipulación, procesado y almacenamiento de las imágenes radiológicas de las diferentes modalidades se realizó con el software científico MATLAB® R2015b y su posterior actualización MATLAB® R2020b (The MathWorks Inc.). MATLAB® es una plataforma de programación y cálculo científico, que dispone de un lenguaje propio, e incorpora un gran número de bibliotecas de funciones como por ejemplo *Image Processing Toolbox* especializada en el procesado de imágenes.

En esta Tesis Doctoral, tareas como la localización de las lesiones, el recorte de las imágenes para obtener matrices de entrenamiento, el pre-procesado, la aplicación de técnicas de “*Data Augmentation*” y la ordenación de los datos han sido llevadas a cabo con rutinas de desarrollo propio programadas en Matlab®.

El Estudio 2 del desarrollo metodológico, en el que se programa la aplicación educativa JORCAD se llevó a cabo íntegramente en MATLAB®.

4.4. Tratamiento y procesado de las imágenes de las bases de datos

El esquema general de tratamiento de la información contenida en las bases de datos con las que se trabaja en esta Tesis Doctoral parte de la localización en las imágenes de los hallazgos patológicos referenciados en sus anotaciones o *ground truths*.

En primer lugar, se localiza el centro de masas y el contorno de cada una de las lesiones marcadas en las imágenes o series de imágenes, información que sirve de base para recortar una Región de Interés (ROI) que la englobe. Estos datos pueden estar referenciados en tablas numéricas o bien puede ser necesario extraerlos a partir de imágenes en las que aparece la lesión segmentada.

Para este proceso de generación de recortes o *patches* se emplean diferentes tamaños de matriz en función de si se trata de nódulos pulmonares en TC o mamografías. En el primer caso, y debido al menor tamaño de matriz asociado a esta modalidad (512 x 512) y por tanto menor tamaño de los nódulos que contiene, se utilizan: 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48. En el caso de la mamografía, modalidad con una resolución espacial mucho mayor, las dimensiones de los píxeles son menores, y aunque no exista un tamaño estándar de detector, es habitual trabajar con tamaños de matriz de imagen superiores a 2000 x 3000 píxeles. Esto justifica el uso de mayores tamaños de recorte para trabajar con redes CNN: 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384.

Los recortes extraídos de las imágenes no pueden utilizarse directamente como datos de entrada o *input* de las redes CNN. Esto se debe a que las funciones de activación de las neuronas que las componen trabajan de forma óptima cuando los valores de píxel se encuentran en el intervalo [-1, 1]. En caso de trabajar fuera de ese rango se encontrarían en regiones cercanas a la saturación, impidiendo el correcto funcionamiento del algoritmo de aprendizaje.

Por ello, se normalizan todos los valores de píxel de las matrices recortadas para que pertenezcan al citado intervalo [-1, 1] y conseguir que las funciones de activación de las

neuronas trabajen de forma más eficiente. Los métodos de normalización utilizados se describen con detalle en posteriores apartados, ya que presentan algunas diferencias según la modalidad de imagen considerada.

Debido al tamaño limitado de las bases de datos de imágenes anotadas, y para disponer de un mayor número de lesiones, es habitual aumentar el tamaño de la muestra generando 'nuevas lesiones' mediante la aplicación de rotaciones, traslaciones y combinaciones de ellas, como se explicará con más detalle en cada uno de los casos. Estos métodos son conocidos como técnicas de "*data augmentation*".

El proceso de preparación de matrices de recortes comienza por las que corresponden a 'no-lesiones' o zonas de tejido sano que no contienen hallazgos patológicos. Para ello se extraen ROIs de estudios no marcados o anotados por los especialistas en radiodiagnóstico que revisaron los hallazgos en la base de datos o bien estudios con lesiones, pero en zonas suficientemente alejadas de ellas para evitar la inclusión de zonas patológicas en estas matrices. Este proceso se realiza de forma manual y aleatoria. La normalización de las matrices seleccionadas se realiza de forma análoga al caso de las lesiones.

En el caso de las 'no-lesiones' no suele ser necesario realizar un aumento de los conjuntos de datos o *datasets* de forma artificial, y en caso de serlo, el número de recortes generado de este modo es significativamente menor. Esto se debe a que resulta más sencillo disponer de un número mayor de muestras correspondientes a regiones libres de lesiones en las bases de datos. Hay que tener en cuenta que la variedad y características morfológicas de las muestras obtenidas son mayores de este modo que recurriendo a rotaciones, traslaciones y deformaciones, que conservan siempre ciertas similitudes con la matriz original.

El número de lesiones y 'no-lesiones' de las que se dispone debe estar equilibrado para realizar un correcto entrenamiento y validación de la red neuronal. Para cada tamaño de matriz y modalidad, se agrupan los conjuntos de datos de lesiones y 'no-lesiones' intercalando recortes de ambos tipos generando un archivo de gran tamaño. Posteriormente, estos archivos se dividen en tres conjuntos de datos: entrenamiento, validación y test, como se describirá posteriormente.

Para realizar una correcta clasificación de cada elemento de los conjuntos de datos y posibilitar el aprendizaje supervisado se generan archivos de etiquetas que se asocian a cada matriz de recorte y permiten identificarla según su tipo. El criterio que se adopta es emplear un '1' para el caso de lesión y un '0' para el caso de 'no-lesión'. Este paso es clave para que el algoritmo ajuste de forma iterativa los *pesos* de las diferentes conexiones. Además, el nombre asignado al recorte permite identificar su origen al contener la identificación del caso del que proviene.

4.4.1. Tomografía computarizada de nódulos pulmonares: base de datos *LIDC-IDRI*

Del conjunto de 1012 pacientes que componen la base de datos *LIDC-IDRI*, en esta investigación se utilizan los TC de pacientes con nódulos marcados y los 142 sin nódulos que contiene.

4.4.1.1. Tratamiento de los nódulos

La información empleada para establecer si una determinada región de interés (ROI) corresponde a un nódulo o un no-nódulo ha sido extraída de los informes *LIDC-IDRI Nodule Size Report*. Esta información fue publicada el 27 de octubre de 2011. En este documento se proporcionan datos relacionados con los nódulos encontrados en el repositorio entre los que se encuentran el número de caso, el volumen de cada nódulo que contiene, el número de corte y las coordenadas del centro de masa de cada nódulo, su volumen y diámetro equivalente y el número de radiólogos expertos (de los cuatro que analizaron la base de datos) que anotó cada nódulo.

Los datos utilizados para recortar las imágenes TC son las coordenadas x e y de los centros de masa de cada uno de los nódulos, y el número de imagen dentro de la serie en que se encuentra, así como las anotaciones de los radiólogos en formato *.xml*, disponibles para cada uno de los casos de la base de datos.

Todo el proceso se realizó para cada uno de los 5 tamaños de matriz empleados en esta modalidad: 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48.

Cada uno de los TC con nódulos marcados (correspondientes a 836 pacientes) contiene un número variable de nódulos, desde 1 hasta 23. En la Tabla 8 se refleja el número de nódulos extraídos de las series de imágenes TC a partir de las anotaciones realizadas por los radiólogos expertos que examinaron la base de datos:

Nódulos totales en TC	Número de pacientes	Nódulos extraídos
1	291	291
2	203	406
3	115	345
4	62	248
5	40	200
> 5	129	938

Tabla 8. Nódulos extraídos de la base de datos LIDC-IDRI

Por tanto, el número total de nódulos disponibles es de 2428.

Las dimensiones de los nódulos (especialmente los de mayor tamaño) y el espesor de corte de las imágenes (sobre todo al utilizar espesores pequeños) permiten que cada nódulo se pueda visualizar en un conjunto de imágenes de TC consecutivas. Por ejemplo, aunque en un estudio se haya localizado únicamente un nódulo, es posible disponer de varios *patches* para entrenar la red si éste se extiende a lo largo de varias imágenes.

Para poder realizar una correcta selección de las diferentes imágenes en las que se visualiza cada uno de los 2428 nódulos, es necesario disponer de todos los cortes anotados para cada uno de ellos. Esta información está disponible en una serie de archivos *xml* (uno por caso), que puede ser descifrado gracias a la herramienta *LIDC Toolbox*, desarrollada por Lampert et al., (2016),

que permite disponer de los nombres de las imágenes en los que se visualiza cada nódulo, junto con su tamaño y coordenadas del centro de masa.

En la Tabla 9 aparece reflejada la información disponible para un nódulo del paciente *LIDC-IDRI-0001*. En la primera columna se pueden observar las coordenadas z en las que se pueden visualizar diferentes secciones axiales del nódulo, y en la segunda el nombre de la imagen DICOM correspondiente. El tamaño de la lesión, las coordenadas x e y de su centro de masas, junto con el número de radiólogos que realizaron una identificación positiva del mismo aparecen a continuación.

Cada una de las 1012 pestañas de este archivo debe ser cribada individualmente para determinar las imágenes elegidas. El criterio seguido en esta Tesis para incluir los cortes de cada uno de los nódulos está basado en el número de imágenes en que se visualiza (que depende del tamaño del nódulo y del espesor de corte). En caso de ser menor de tres, únicamente se selecciona el corte central del nódulo, entre 3 y 7 se descartan los dos más extremos (donde resulta más difícil su identificación) y si el número de cortes es mayor de 7 se descartan al menos dos en cada extremo (dependiendo de cómo se visualice en cada caso, lo que se determina examinando las imágenes).

En la Tabla 9 se muestra como ejemplo la selección de imágenes para el único nódulo perteneciente al paciente *LIDC-IDRI0001*. En la última columna se indican mediante las letras S y N (centro de masas) las imágenes que serán seleccionadas.

<i>LIDC-IDRI-0001</i>							
Coord. (z)	Nombre imagen	Posición	Tamaño	Centroide_x	Centroide_y	Radiólogos	Marca
-105,0	000025.dcm	39	23,107	317	367	4	
-107,5	000030.dcm	40					S
-110,0	000104.dcm	41					S
-112,5	000003.dcm	42					S
-115,0	000041.dcm	43					N
-117,5	000061.dcm	44					S
-120,0	000080.dcm	45					S
-122,5	000123.dcm	46					S
-125,0	000071.dcm	47					

Tabla 9. Ejemplo de anotaciones para obtener los recortes de un nódulo de tamaño 23,107 mm (paciente LIDC-IDRI-0001)

En la Tabla 10 se muestran los datos para extraer los recortes de los tres nódulos anotados en el paciente *LIDC-IDRI-0010*. En este caso el paciente dispone de tres nódulos anotados. Del primer y segundo nódulo se extraen 3 recortes, y del segundo únicamente 2 por la asimetría del nódulo en relación a los cortes de TC. Debido a que todas aquellas imágenes etiquetadas con una S o N (corte central del nódulo) son recortadas, se dispone de 8 recortes correspondientes a nódulos para este caso. Las coordenadas del centro de masas (centroide) son función del nódulo, aunque comunes a sus secciones.

	Coord. z	Nombre imagen	Posición	Tamaño	Centroide_x	Centroide_y	Radiólogos	¿Utilizado?	Nº de nódulo
LIDC-IDRI-0010	-700.0	000229.dcm	65	6,637	300	320	4		1
	-712.5	000039.dcm	66					S	
	-725.0	000075.dcm	67					N	
	-737.5	000153.dcm	68					S	
	-750.0	000078.dcm	69						
	-762.5	000074.dcm	70						
	-2150.0	000266.dcm	181	5,295	345	195	2		2
	-2162.5	000200.dcm	182					S	
	-2175.0	000041.dcm	183					N	
	-2187.5	000016.dcm	184					S	
	-2200.0	000098.dcm	185						
	-2475.0	000256.dcm	207	3,767	279	355	1		3
	-2487.5	000150.dcm	208					S	
	-2500.0	000157.dcm	209					N	
	-2512.5	000104.dcm	210						

Tabla 10. Ejemplo de anotaciones para obtener los recortes de tres nódulos de tamaño 6,637 mm, 5,295 mm y 3,767 mm (paciente LIDC-IDRI-0010)

La extracción de los recortes correspondientes a los nódulos parte de un conjunto de tablas como las explicadas anteriormente (una para cada caso). En primer lugar, se lee la información que contienen estas tablas para poder realizar posteriormente los recortes.

A continuación, se describe la rutina programada en MATLAB® para recortar los nódulos en base a esta información. Cada paciente dispone de una carpeta en la que se guardan sus series de imágenes TC. Para acceder a cada una de las imágenes se genera una variable de tipo celda (*cell*) en la que se almacena su ruta de direccionamiento. El bucle *for* y el condicional *switch* tienen en cuenta el número de dígitos, que puede ser de 1, 2, 3 o 4.

```

for i=1:1:1012

    switch length(num2str(i))

        case 1

            paciente=strcat('000',num2str(i));

            rutaCT{i}=strcat('...\LIDC\',paciente);

        case 2

            paciente=strcat('00',num2str(i));

            rutaCT{i}=strcat('...\LIDC\',paciente);

        case 3

            paciente=strcat('0',num2str(i));

```

```

        rutaCT{i}=strcat('...\LIDC\',paciente);
    case 4
        paciente=strcat('',num2str(i));
        rutaCT{i}=strcat('..\LIDC\',paciente);
    end
end
end

```

Los pacientes 151 y 332, son una excepción, al disponer cada uno de ellos de dos TCs en los que se localizaron nódulos, por lo que la ruta a las carpetas que los contienen se incluye también insertando dos nuevos elementos en la celda:

```

rutaCT = [rutaCT{1:151} '...\LIDC\151(2)' rutaCT(152:end)];
rutaCT = [rutaCT{1:333} '...\LIDC\332(2)' rutaCT(334:end)];

```

A continuación, se recorre cada una de las 1014 carpetas, y en caso de que haya una imagen que contenga una lesión marcada con una S o N, tal y como se indicó anteriormente, se recorta automáticamente.

```

for i=1:1:1014
%Se desglosa el contenido de este bucle posteriormente
end

```

En cada iteración se realizan las siguientes acciones:

- a) Se extraen los nombres de todas las imágenes en formato DICOM (.dcm) que se encuentran en el interior de una carpeta, y se almacenan en una celda llamada *nombres*:

```

lista_imgs = dir(fullfile(rutaCT{i}, '*.dcm'));
nombreArchivos = {lista_imgs.name};
nombres = cell(numel(nombreArchivos),1);
nombres(:,1) = nombreArchivos;

```

- b) La función *xlsread* de MATLAB® permite leer datos numéricos, de texto o combinaciones de ambos y almacenarlos en variables. En cada una de las hojas del libro *cortenodulo.xlsx*, que contiene el listado completo de las imágenes con anotaciones de los radiólogos, se incluye el listado de tablas con la información explicada anteriormente. El nombre de cada página del libro se corresponde con el del paciente *LIDC-IDRI*.

En este paso se almacenan los datos de cada una de las tablas en tres variables: los datos numéricos en la variable *num*, los de texto en *txt* y el conjunto en *raw*. Se utilizan únicamente aquellas carpetas que contienen 2 o más imágenes (correspondientes a exámenes TC). Aquellas hojas que no contengan anotaciones no serán leídas.

```

if length(nombres)>2

```

```

clear txt, clear raw, clear num

[num txt raw]=xlsread('...\cortenodulo.xlsx',rutaCT{i}(end-3:end));

numeropaciente=rutaCT{i}(end-3:end);

if size(txt,2)>3

```

- c) En cada fila de la tabla, se comprueba que el carácter “N” o “S” esté presente en la novena columna, y en caso afirmativo se guarda el tamaño del nódulo, las coordenadas de su centro de masas y el número de radiólogos que realizaron su anotación, así como el nombre de la imagen de la sección del nódulo:

```

for j=1:1:size(txt,1)

    if char(txt(j,9))=='S' | char(txt(j,9))=='N'

        nombreimagen=txt(j,3);

        tmm=num(j,4);

        centrox=num(j,5);

        centroy=num(j,6);

        radiologos=num(j,7);

```

(continúa)

- d) Del conjunto de imágenes que componen el estudio TC del paciente hay que seleccionar solamente aquellas que contienen los nódulos. Para ello se busca la coincidencia entre el nombre del archivo de imagen y la variable *nombreimagen*. En caso de que se produzca, se guarda la matriz de imagen, obteniendo de la cabecera DICOM el tamaño de píxel para convertir las dimensiones de las lesiones a número de píxeles.

```

for k=1:1:length(nombreArchivos)

    if strcmp(nombreimagen,char(nombreArchivos(k)))==1

        [imagen, cabecera] = LeeDICOM(char(strcat(rutaCT{i},...

            '\',nombreimagen)));

        tpixeles=tmm*double(cabecera.Width)/...

            double(cabecera.ReconstructionDiameter);

```

La función auxiliar *LeeDICOM* lee la imagen contenida en un objeto DICOM y la cabecera de información por separado y las devuelve como salida. Además, es habitual que para representar adecuadamente los valores de píxel de las imágenes de TC en *Unidades Hounsfield* (UH) haya que realizar una transformación lineal de sus valores. Los parámetros de esta transformación vienen especificados en las etiquetas o *tags* de la cabecera DICOM con identificación (0028,1052) *Rescale intercept* y (0028,1053) *Rescale slope*. El código de la función es el siguiente:

```

function [Imagen Cabecera] = LeeDICOM ( dir )

    Cabecera = dicominfo(dir);

    Imagen = Cabecera.RescaleSlope * ...

```

```

double (dicomread(dir))+Cabecera.RescaleIntercept;
return

```

En este momento se dispone de la matriz de píxeles de la imagen y de las coordenadas del centro de masas del nódulo.

- e) A continuación, se recorta la imagen para cada uno de los cinco tamaños de matriz t1...t5 (16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48). El punto central del recorte lo determinan las coordenadas del centro de masas.

Para incluir un determinado nódulo en un tamaño de matriz, se comprueba si es menor que el tamaño del recorte, y en caso afirmativo se recorta.

La función *dlmwrite* permite escribir la matriz numérica del recorte en un archivo de texto plano con el formato y la precisión deseada. La opción de escritura en modo *-append* permite añadir datos al final del archivo sin necesidad de cerrarlo, de forma que todos los recortes de un determinado se almacenen en un único archivo. El tipo de delimitador elegido es el tabulador.

También se genera un archivo de datos con la información del tamaño del nódulo y las coordenadas del recorte. Se presenta el código correspondiente a dos tamaños de recorte, siendo las acciones a realizar análogas en el resto de los casos.

```

if round(t1>tpixeles)

    nd1=imcrop(imagen,[centrox-round(t1/2) centroy-round(t1/2) t1 t1]);

    dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T16.txt')),nd1,

            '-append','delimiter','\t','roffset',1)

    datos1=[t1 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles centrox centroy

            radiologos];

    dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T16datos.txt')),datos1,

            'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
end

if round(t2>tpixeles)

    nd2=imcrop(imagen,[centrox-round(t2/2) centroy-round(t2/2) t2 t2]);

    dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T24.txt')),nd2,

            '-append','delimiter','\t','roffset',1)

    datos2=[t2 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles centrox centroy

            radiologos];

    dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T24datos.txt')),datos2,

            'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
end

```

Las matrices numéricas de los recortes realizados se escriben en una serie de archivos de texto, que contienen por una parte las matrices de nódulos (T16.txt, T24.txt, ...), y por otra un listado con información relativa a la imagen del nódulo (T16datos.txt, T24datos.txt, ...).

Teniendo en cuenta que cada nódulo puede ser visualizado en diferentes cortes, y los dos criterios de inclusión mencionados anteriormente: se descartan los cortes próximos a los extremos del nódulo y solo se consideran los nódulos cuyo tamaño es inferior al del tamaño del recorte considerado, el número total de recortes para cada tamaño disponibles hasta el momento se refleja en la Tabla 11:

Nódulos totales en TC	Número de recortes sin <i>data augmentation</i>
16 x 16	5008
24 x 24	6373
32 x 32	7480
40 x 40	8045
48 x 48	8164

Tabla 11. Número total de recortes extraídos para cada tamaño de matriz

En la Figura 19 se muestran dos ejemplos de nódulos recortados con cada uno de los 5 tamaños de recorte. Se observa como las características distintivas que deben extraer las redes CNN para identificar cada nódulo son dependientes también del entorno que le rodea, especialmente para matrices grandes.

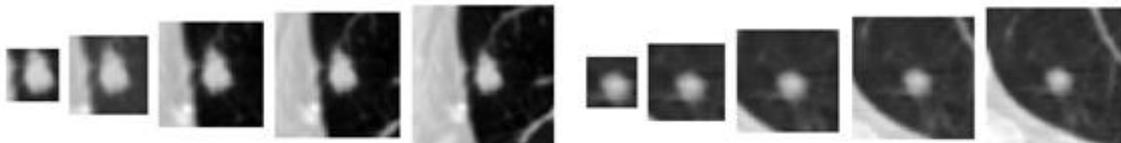


Figura 19. Ejemplo de dos nódulos recortados con cada uno de los 5 tamaños: 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48

En la Figura 20 se observa la amplia variabilidad de formas y morfologías de nódulos, así como en su localización y estructuras circundantes a la que se puede acceder utilizando la base de datos LIDC-IDRI.

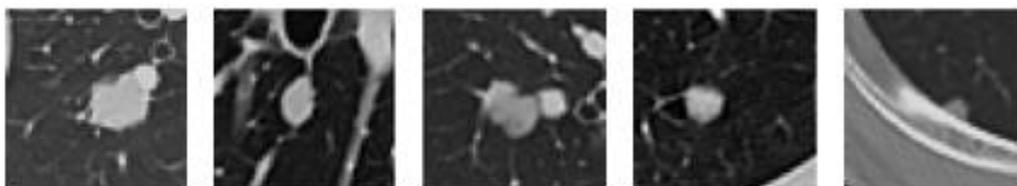


Figura 20. Ejemplo de cinco nódulos recortados con 48 x 48

- f) El conjunto de datos de nodulos disponibles se expande de “forma artificial” aplicando rotaciones, traslaciones y combinaciones de ambas a los disponibles. Los ángulos de rotación y los vectores de desplazamiento se seleccionan de forma aleatoria para evitar sesgos.

El código de la función que realiza estas rotaciones (*RotaDICOM*) se incluye a continuación:

```
function imagen_rot = RotaDICOM(imagen, crot_y, crot_x, angulo, varargin)
    numvarargs = length(varargin);
    if numvarargs > 1
        error('myfun:somefun2Alt:TooManyInputs',
            'requires at most 1 optional input');
    end
    optargs = {'nearest'};
    inputsoptargs(1:numvarargs) = varargin;
    [method] = optargs{:};
    [nfilas ncolumnas ~] = size(imagen);
```

Se obtienen las coordenadas del centro de la imagen y se obtienen los desplazamientos de coordenadas hasta el centro de masas:

```
centrox = floor(ncolumnas/2+1);    centroy = floor(nfilas/2+1);
dx = centrox-crot_x;              dy = centroy-crot_y;
```

Se cambia la posición del punto de pivote con respecto al centro para realizar la rotación, realizando la transformación de coordenadas cartesianas a polares y la conversión inversa tras añadir el ángulo que se desea rotar la imagen:

```
[theta, rho] = cart2pol(-dx,dy);
[nuevox, nuevoy] = pol2cart(theta+angulo*(pi/180), rho);
despx = round(crot_x-(centrox+nuevox));
despy = round(crot_y-(centroy-nuevoy));
```

Para no perder parte de la imagen en la rotación se utiliza la técnica de *padding* que rellena los valores de la matriz:

```
padX = abs(despx);
padY = abs(despy);
imagen_pad = padarray(imagen, [padY padX]);
```

Finalmente se rota la imagen en torno al centro y se recorta:

```
imagen_rot = imrotate(imagen_pad, angulo, method, 'crop');
```

```
imagen_rot = imagen_rot(padY+1-despy:end-padY-despy,...
                        padX+1-despx:end-padX-despx, :);
```

- Para generar nuevos recortes a partir de rotaciones, el ángulo se genera de forma aleatoria usando la función de generación de números aleatorios *rand*. Se crean 4 recortes de cada uno de los originales.

```
for r=1:1:4
    angrot= round(rand(1,1)*360)';
    if round(t1>tpixeles)
        imagenrotada=rotateAround(imagen,centroy,centrox,angrot,'bicubic');
        nd1=imcrop(imagenrotada,[centrox-round(t1/2) centroy-round(t1/2) t1 t1]);
        dlmwrite(char(strcat(...\','numeropaciente','T16.txt')),nd1,...
                '-append','delimiter','\t','roffset',1)
        datos1=[t1 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles...
                centrox centroy radiologos angrot];
        dlmwrite(char(strcat('G...\','numeropaciente','T16datos.txt')),datos1,...
                'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
    end
    if round(t2>tpixeles)
        imagenrotada=rotateAround(imagen,centroy,centrox,angrot,'bicubic');
        nd2=imcrop(imagenrotada,[centrox-round(t2/2) centroy-round(t2/2) t2 t2]);
        dlmwrite(char(strcat('...\','numeropaciente','T24.txt')),nd2,...
                '-append','delimiter','\t','roffset',1)
        datos2=[t2 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles...
                centrox centroy radiologos angrot];
        dlmwrite(char(strcat(...\','numeropaciente','T24datos.txt')),datos2,...
                'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
    end
end
```

- La transformación de los nódulos mediante desplazamientos se realiza siempre que el nódulo sea menor que el tamaño de matriz correspondiente, obteniéndose 4 por cada vista del nódulo.

El vector desplazamiento se genera a partir de un vector de dos elementos cuyos valores son números aleatorios entre 0 y 1, teniendo en cuenta los valores máximos en píxeles para los desplazamientos indicados a continuación.

```
desp1=4;    desp2=6;    desp3=8;    desp4=10;    desp5=12;
```

```

for d=1:1:4
    if round(t1>tpixeles)
        vectordesp1= round(-desp1 + (desp1+desp1)*rand(2,1));
        nuevocentrol=[centrox centroy]+vectordesp1;
        nd1=imcrop(imagen,[nuevocentrol(1)-round(t1/2...
                            nuevocentrol(2)-round(t1/2) t1 t1]);
        dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T16.txt')),nd1,...
                '-append','delimiter','\t','roffset',1)
        datos1=[t1 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles...
                centrox centroy radiologos vectordesp1];
        dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T16datos.txt')),datos1,...
                'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
    end
    if round(t2>tpixeles)
        vectordesp2= round(-desp2 + (desp2+desp2)*rand(2,1));
        nuevocentro2=[centrox centroy]+vectordesp2;
        nd2=imcrop(imagen,[nuevocentro2(1)-round(t2/2)...
                            nuevocentro2(2)-round(t2/2) t2 t2]);
        dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T24.txt')),nd2,...
                '-append','delimiter','\t','roffset',1)
        datos2=[t2 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles...
                centrox centroy radiologos vectordesp2];
        dlmwrite(char(strcat('...\',numeropaciente,'T24datos.txt')),datos2,...
                'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
    end
end

```

Se procede de forma análoga para el resto de tamaños de recorte.

- Por último, se realizan las combinaciones de desplazamientos y rotaciones aleatorios del nódulo:

```

for rd=1:1:4
    angrot= round(rand(1,1)*360);
    if round(t1>tpixeles)
        vectordesp1= round(-desp1 + (desp1+desp1)*rand(2,1));
        nuevocentrol=[centrox centroy]+vectordesp1;

```

```

imagenrotada=rotateAround(imagen,nuevocentrol(2),nuevocentrol(1),...
                           angrot,'bicubic');
nd1=imcrop(imagenrotada,[nuevocentrol(1)-round(t1/2)...
                          nuevocentrol(2)-round(t1/2) t1 t1]);
dmlmwrite(char(strcat(...\','numeropaciente','T16.txt')),nd1,...
           '-append','delimiter','\t','roffset',1)
datos1=[t1 str2num(numeropaciente) tmm tpixeles...
        centrox centroy radiologos vectordespl angrot];
dmlmwrite(char(strcat('G...\','numeropaciente','T16datos.txt')),datos1,...
           'precision','%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
end

```

En definitiva, a cada recorte de tipo nódulo se han aplicado cuatro traslaciones según vectores aleatorios cuyo módulo es dependiente del tamaño de matriz, cuatro rotaciones aleatorias y cuatro combinaciones de traslación y rotación.

En la Figura 21 se muestra un ejemplo de un nódulo de diámetro equivalente 4,81 mm, con sus correspondientes traslaciones, rotaciones y combinaciones de ambas. El tamaño de la matriz mostrada es 16 x 16:

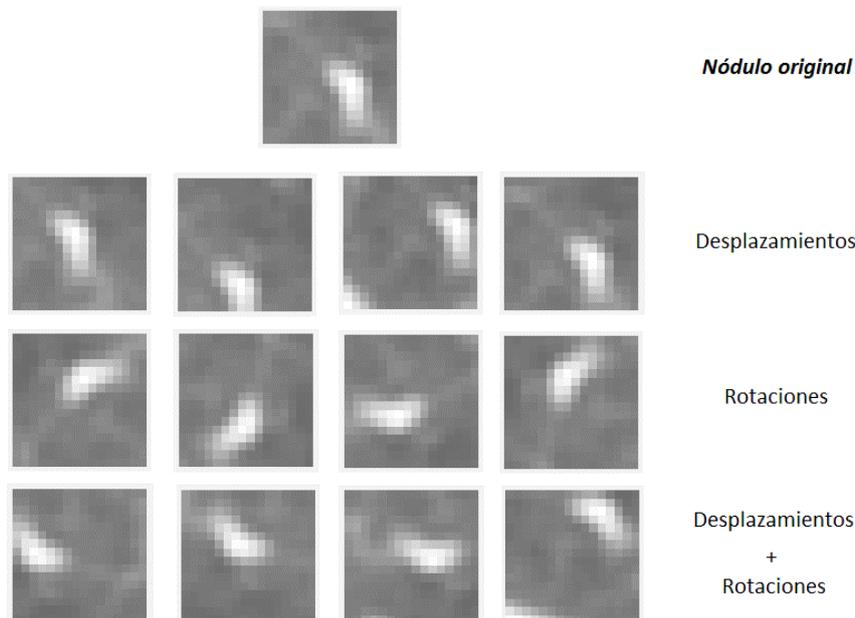


Figura 21. Ejemplo de “data augmentation” para un nódulo de diámetro inferior a 5 mm

El caso de un nódulo de mayor diámetro equivalente, 11,4 mm y situado junto a la pared torácica se muestra en la Figura 22. El tamaño del recorte es de 48 x 48 píxeles.

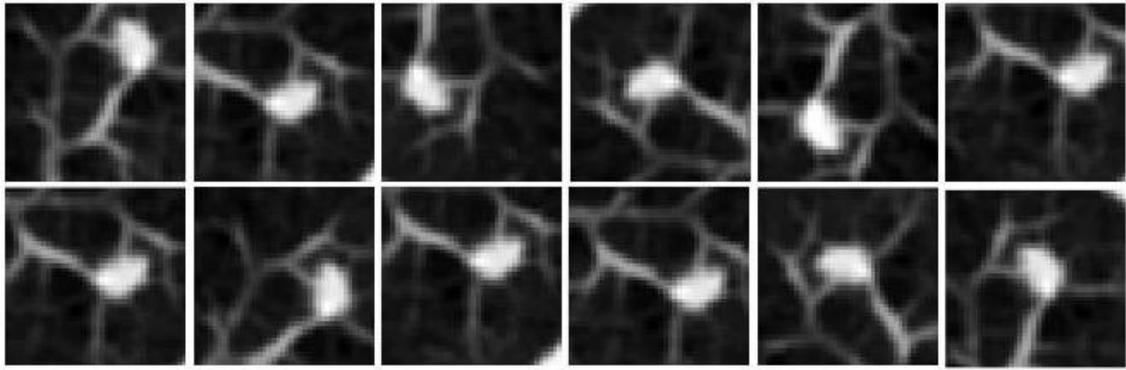


Figura 24. Variaciones de un recorte original de tamaño de 40 x 40 obtenidas mediante data augmentation

4.4.1.2. Tratamiento de los no-nódulos

El caso de los recortes de tejido correspondientes a zonas no patológicas, que denominaremos “no-nódulos” se aborda de forma diferente. Estos recortes pueden pertenecer a dos tipos de estudios: los TC de pacientes sanos (sin anotaciones de los radiólogos) pero también a TCs con anotaciones, aunque en zonas suficientemente alejadas de hallazgos radiológicos. Todos estos recortes han sido seleccionados manualmente y de forma aleatoria en diferentes zonas de tejido pulmonar sano.

La selección en ambos tipos de estudios se realiza con una rutina que permite localizar el corte deseado usando una barra de desplazamiento y marcar con un clic el punto en el que se quiere realizar el recorte. La interfaz generada de esa rutina, con la cruceta que facilita el posicionamiento del centro del recorte se muestra en la Figura 25.



Figura 25. Visualización de un corte TC para la selección de coordenadas de un no-nódulo

Para ello se procede de la siguiente forma:

En primer lugar, se localiza la carpeta que contiene los estudios TC. Un cuadro de diálogo permite seleccionar las imágenes TC de la exploración.

```
clear all

cd('F:\DATABASE LIDC-IDRI')

[NombreArchivo,RutaArchivo,Filtro] = uigetfile('*.dcm',...
    'Selecciona las imágenes a analizar','Multiselect','on');

RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);

NombreArchivo=char(NombreArchivo);
```

La distribución de las imágenes en cada una de las carpetas (nombradas como 000001.dcm, 000002.dcm y así sucesivamente) no se corresponde con la ordenación real de la secuencia de imágenes. Para poder trabajar con una secuencia ordenada de imágenes, se localiza el *tag 0020,0013 Image Number* de la cabecera DICOM y se clasifican las imágenes en función a su valor. La función *sort* devuelve la permutación realizada para ordenar las imágenes.

```
for i=1:1:length(RutaCompleta)

    cabecerasDESORDEN{i}=dicominfo(char(RutaCompleta(i)));

    imagenesDESORDEN(:, :, i) = dicomread(RutaCompleta{i});

    numeroImagen(i)=cabecerasDESORDEN{i}.InstanceNumber;

end

[ordenado, permutacion]=sort(numeroImagen,2,'ascend');

for i=1:1:length(RutaCompleta)

    cabeceras{i}=cabecerasDESORDEN{permutacion(i)} ;

    imagenes(:, :, i) = imagenesDESORDEN(:, :, permutacion(i));

end
```

La ventana emergente, muestra el corte seleccionado mediante una barra de desplazamiento ubicada en la parte inferior de la imagen. Cada vez que se actúa sobre la barra se genera un evento. Marcando un punto de la imagen se escriben las coordenadas del punto seleccionado junto con el nombre de la imagen en la celda activa de la hoja de cálculo utilizada.

La secuencia de instrucciones que realiza estas tareas define en primer lugar los valores mínimo, máximo y central que puede tomar la barra. Después crea una figura que sirve de lienzo, llama "Visor TC" y un control para manejar la barra, incluido el paso de avance.

```
tam_Img = size(imagenes);

corte_min = 1;

corte_max = tam_Img(3);

corte_inicio = round((corte_max-corte_min)/2);
```

```

figura = figure('Toolbar','none','Menubar','none','Name','Visor TC',...
    'NumberTitle','off','IntegerHandle','off','Color',[0.8 0.8 0.8]);
barra_scroll = uicontrol('Parent',figura,'Style','slider',...
    'Position',[90,20,400,20],'value',corte_inicio,...
    'min',corte_min, 'max',corte_max,...
    'SliderStep',[1/(corte_max-corte_min) 1/(corte_max-corte_min)] );

```

Mediante el valor que toma la barra se determina la imagen que se debe mostrar:

```

corte = get(barra_scroll,'Value');
imagen_corte = imshow(imagenes(:,:,corte),'DisplayRange',[ ]);
set(imagen_corte,'HandleVisibility','on')

```

Se mantiene abierta la hoja de cálculo en la que se van a ir almacenando las coordenadas que se seleccionan:

```

resultados='D:\...\NO_NODULOS.xlsx'; % ruta del archivo de resultados
Excel = actxserver('Excel.Application');
Excel.Visible = 1;
Libro = Excel.Workbooks.Open(resultados);
Hoja = Excel.ActiveWorkbook.Sheets;

```

Mediante la siguiente función se crea un control que detecta cualquier posible cambio generado por un evento que actúe sobre la barra de desplazamiento:

```

addlistener(barra_scroll,'ContinuousValueChange',...
    @(imagen_corte, event) slider_Callback(imagen_corte, event,...
    imagenes,cabeceras, barra_scroll, filename, Excel));

```

Utilizando esta metodología se obtienen las coordenadas de 20300 localizaciones correspondientes a no-nódulos, seleccionadas de forma manual y aleatoria, y distribuidas de la siguiente forma: 13150 corresponden a 311 pacientes de la base de datos para los cuales se realizó la anotación de uno o más nódulos, mientras que 7150 corresponden a 142 pacientes en los que los radiólogos no realizaron anotaciones. La selección se realizó de forma aleatoria en diferentes regiones pulmonares ya que el único criterio aplicado fue que los recortes incluyeran un porcentaje significativo de parénquima pulmonar.

Para localizar la columna del archivo Excel en la que escribir los datos, se convierte el valor numérico que indica la columna en la notación Excel, ya que utiliza caracteres alfabéticos. La función que realiza la conversión es:

```

function cadena = num2col(num)
    abecedario = 'ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ';

```

```

if num < 27
    cadena = abecedario(num);
else
    num2 = rem(num,26);
    if idx2 == 0
        cadena = [abecedario(floor(num/26)-1), 'Z'];
    else
        cadena = [abecedario(floor(num/26)), alphet(num2)];
    end
end
end

```

En la Figura 26 se pueden observar los datos generados, necesarios para poder proceder al recorte de no-nódulos:

Num	Paciente	Nombre Imagen	Posicion Mesa	Coordenada x	Coordenada Y
1	LIDC-IDRI-0001	000017.dcm	-210	185	321
2	LIDC-IDRI-0001	000017.dcm	-210	324	349
3	LIDC-IDRI-0001	000017.dcm	-210	379	326
4	LIDC-IDRI-0001	000119.dcm	-65	314	290
5	LIDC-IDRI-0001	000121.dcm	-75	305	261
6	LIDC-IDRI-0002	000018.dcm	-153.25	209	176
7	LIDC-IDRI-0002	000018.dcm	-153.25	371	250
8	LIDC-IDRI-0002	000018.dcm	-153.25	349	318
9	LIDC-IDRI-0002	000018.dcm	-153.25	335	341
10	LIDC-IDRI-0002	000018.dcm	-153.25	206	330

Figura 26. Ejemplo de datos de identificación de una serie de no-nódulos para poder proceder a su recorte

Tras el proceso de selección de los centros de los recortes de tipo no-nódulo, debe procederse a recortarlos de las imágenes correspondientes. Para ello se leen las coordenadas escritas en el archivo *NO_NODULO.xlsx*.

Se definen los tamaños de recorte y se crean una variable con la carpeta que contiene las series de TC de *LIDC-IDRI*, almacenándose todos los datos necesarios de *NO_NODULOS.xlsx* (nombres de los casos, de las imágenes y las coordenadas de los centros de los recortes) en variables:

```

clear all

tamanno1=double(16); tamanno2=double(24); tamanno3=double(32);

tamanno4=double(40); tamanno5=double(48);

[num txt raw]=xlsread('...\NO_nodulos_sinnormalizar\NO_NODULOS.xlsx');

rutacarpeta='F:\LIDC JORGE\';

```

Se recorre una a una cada fila del archivo, construyendo las rutas completas que apuntan a las imágenes para acceder a ellas automáticamente, extrayendo las coordenadas del centro, leyendo cada imagen y realizando los recortes:

```
for i=1:1:20300

    numeropaciente=txt{i,1}(end-3:end);

    nombreimagen=txt{i,2};

    centrox=num(i,5);

    centroy=num(i,6);

    rutacompleta=strcat(rutacarpeta,numeropaciente,'\ ',nombreimagen);

    imagen=ReadDICOM(rutacompleta);

    cabecera=dicominfo(rutacompleta);

    nd1=imcrop(imagen,[centrox-round(tamanno1/2)...

                    centroy-round(tamanno1/2) tamanno1 tamanno1]);
```

Una vez realizado el recorte se procede a su escritura:

```
dlmwrite(char(strcat(...\','NN16.txt')),nd1,'-append',...

        'precision','%.8f','delimiter','\t','roffset',1)

cabecera1=[tamanno1+1 str2num(numeropaciente) centrox centroy ];

dlmwrite(char(strcat(...\','NN16cabecera.txt')),cabecera1,'precision',...

        '%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
```

Dentro de la misma iteración del bucle se realiza el recorte para todos los tamaños. Para el segundo se procedería como sigue:

```
nd2=imcrop(imagen,[centrox-round(tamanno2/2)...

                    centroy-round(tamanno2/2) tamanno2 tamanno2]);

dlmwrite(char(strcat(...\','NN24.txt')),nd2,'-append',...

        'precision','%.8f','delimiter','\t','roffset',1)

cabecera2=[tamanno2+1 str2num(numeropaciente) centrox centroy ];

dlmwrite(char(strcat(...\','NN24cabecera.txt')),cabecera2,'precision',...

        '%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)
```

Y así sucesivamente. Para incrementar el número de muestras no se realizan desplazamientos, sino solamente rotaciones, evitando la creación de recortes que tengan un alto contenido de tejidos no pertenecientes al parénquima pulmonar. Se realizan 5 rotaciones para cada uno de los recortes originales. Seguidamente se indica cómo se realiza para los dos menores tamaños:

```
for r=1:1:5

    angrot= round(rand(1,1)*360)';
```

```

imagenrotada=rotateAround(imagen,centroy,centrox,angrot,'bicubic');
nd1=imcrop(imagenrotada,[centrox-round(tamanno1/2)...
                    centroy-round(tamanno1/2) tamanno1 tamanno1]);
dlmwrite(char(strcat(...\','NN16.txt')),nd1,'-append',...
        'delimiter','\t','roffset',1)
cabecera1=[tamanno1+1 str2num(numeropaciente) centrox centroy angrot];
dlmwrite(char(strcat(...\','NN16cabecera.txt')),cabecera1,'precision',...
        '%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)

```

Para el tamaño 24 x 24:

```

nd2=imcrop(imagenrotada,[centrox-round(tamanno2/2)...
                    centroy-round(tamanno2/2) tamanno2 tamanno2]);
dlmwrite(char(strcat(...\','NN24.txt')),nd2,'-append',...
        'delimiter','\t','roffset',1)
cabecera2=[tamanno2+1 str2num(numeropaciente) centrox centroy angrot];
dlmwrite(char(strcat(...\','NN24cabecera.txt')),cabecera2,'precision',...
        '%.3f','-append','delimiter','\t','roffset',0)

```

La variabilidad presente en los recortes de nódulos también ocurre en este caso, ya que al haber sido seleccionados aleatoriamente incluyen diferentes partes de la anatomía como cavidades de aire, bronquios, vasos sanguíneos, nódulos linfáticos o espacios alveolares como puede verse en el ejemplo de la Figura 27:

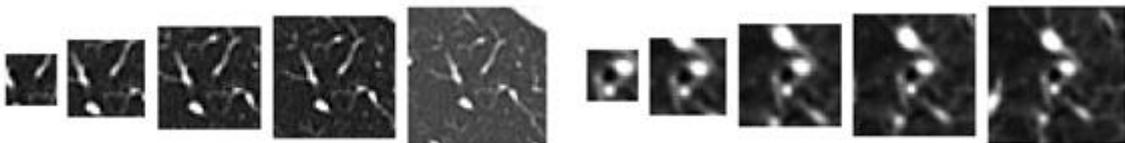


Figura 27. Ejemplo de dos regiones de no-nódulos con diferente tamaño de recorte

4.4.1.3. Número de recortes totales y procesado

Todos los nódulos y no-nódulos para cada tamaño de matriz, junto con sus etiquetas numéricas se dividirán en tres conjuntos de datos: 75% para el entrenamiento, 12.5% para validación y 12.5% para test. Esta distribución sigue recomendaciones generales para el entrenamiento de redes CNN, al garantizar que se utiliza un número suficientemente amplio de muestras de entrenamiento, a la vez que se dispone de un número suficiente de recortes de validación y test que permita evaluar la capacidad de generalización de la red con suficiente fiabilidad estadística.

Cada conjunto de datos contiene el mismo número de *patches* correspondiente a nódulos que a no-nódulos. Este hecho es muy importante para conseguir que el entrenamiento se realice de forma equilibrada, evitando sesgos en la clasificación de VP y VN.

La distribución del número de recortes de cada tipo, incluyendo entre paréntesis el número de grupos de imágenes (conocidos como *batches*), que se utilizarán para hacer el entrenamiento más eficiente, puede verse en la Tabla 12:

Tamaño de matriz	Recortes de entrenamiento (batches)	Recortes de validación (batches)	Recortes de test (batches)	Recortes totales (batches)
16 x 16	97656 (156)	16276 (26)	16276 (26)	130208 (208)
24 x 24	123948 (198)	20658 (33)	20658 (33)	165264 (264)
32 x 32	145232 (232)	24414 (39)	24414 (39)	194060 (310)
40 x 40	156500 (250)	25666 (41)	25666 (41)	207832 (3332)
48 x 48	159004 (254)	26292 (42)	26292 (42)	211588 (338)

Tabla 12. Distribución de recortes (nódulos + no-nódulos) para cada tamaño de matriz

Los valores de píxel son enteros de 16 bits con signo. Debido a que las funciones de activación neuronales funcionan mejor para el intervalo $[-1, 1]$ los recortes se normalizan dividiendo cada valor de píxel por el máximo de la matriz, como se indica en las ecuaciones (Ec. 84) y (Ec. 85):

$$x_{max} = \max\{| \max(x_{ij}) |, | \min(x_{ij}) |\} \forall i, j \quad (\text{Ec. 84})$$

$$x_{ij}^{norm} = \frac{x_{ij}}{x_{max}} \quad (\text{Ec. 85})$$

Para normalizar automáticamente todos los recortes incluidos en un archivo se utiliza la siguiente rutina, sustituyendo el valor de la variable *tamanno* según corresponda.

```
clear all
tamanno=16;
```

Se requiere la ruta de los archivos *.txt* que contienen los nódulos:

```
rutatxt = '...\NODULOS_cortados_sin_normalizar\num2str(tamanno)\';
dd = dir(fullfile(rutatxt, '*.txt'));
fileNames = {dd.name};
```

Se recorren uno a uno todos los archivos para leer su contenido línea a línea y almacenarlo. El bucle *while* se recorre mientras exista un carácter en las líneas:

```
for m=1:1:length(dd)
```

```

RutaCompleta=strcat(rutatxt,char(dd(m).name));

fid = fopen(RutaCompleta); %Abre el archivo situado en RutaCompleta

numerolineas=0; %Inicializa a 0 el número de líneas del archivo

tline = fgets(fid);

while ischar(tline)

    numerolineas=numerolineas+1;

    tline = fgets(fid);

    linea{numerolineas}=tline;

end

fclose(fid); %Cierra el archivo una vez leído completamente

```

Conocido el número de líneas y el tamaño (y teniendo en cuenta la línea en blanco entre nodulos), se obtiene el número de recortes;

```

numeroNN=numerolineas/(tamanno+1)

for n=1:1:numeroNN %Se recorre el número de recortes que hay en el archivo

    for i=((n-1)*tamanno+n):1:((n-1)*tamanno+n+(tamanno-1))

        filamatriz=str2num(linea{i});

        if(length(filamatriz)<tamanno)

            filamatriz(length(filamatriz): tamanno)=filamatriz(length(filamatriz))

        end

        for j=1:1:tamanno

            indice=i-(tamanno+1)*(n-1);

            matriz(indice,j)=filamatriz(j);

        end

    end

end

```

Se determina el máximo en valor absoluto de la matriz:

```

minimo=min(matriz(:));

maximo=max(matriz(:));

if abs(maximo)>abs(minimo)

    maximo=maximo;

else

    maximo=abs(minimo);

end

```

Se divide cada uno de los elementos de la matriz leída entre el máximo en valor absoluto:

```
for k=1:1:size(matriz,1)
    for l=1:1:size(matriz,2)
        matriz(k,l)=double(matriz(k,l)./maximo);
    end
end
```

Para almacenar el recorte normalizado se escribe en un archivo de igual nombre que el seleccionado, pero añadiendo el sufijo *norm* al final. Los valores de la matriz normalizada se escriben con 8 dígitos decimales.

```
dlmwrite(char(strcat('...\',dd(m).name(1:(end-4)),'norm.txt')),matriz,...
        'precision','%.8f','-append','delimiter','\t','roffset',1)
```

Para evitar errores de escritura se limpia el valor de todas las variables que van a ser utilizadas en el siguiente recorrido del bucle:

```
clear matriz, clear maximo, clear minimo
clear filamatriz,clear numerolineas, clear numeroNN
end % Cierra el bucle que recorre el número de líneas de la matriz a escribir
end % Cierra el bucle que recorre los archivos
```

Para permitir la carga de los datos en la red CNN se agrupan todos los nodulos de cada tamaño en un único archivo mediante la siguiente rutina:

```
clear all
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.txt',...
        'Selecciona los archivos que quieres unir','Multiselect','on');
dd = dir(fullfile(RutaArchivo, '*.txt'));
fileNames = {dd.name};
```

Para mostrar los nombres de los archivos existentes en esa carpeta:

```
data = cell(numel(fileNames),1);
data(:,1) = fileNames;
texto='';
```

Para que no haya un sesgo a la hora de incluir en un determinado conjunto de datos, por ejemplo el de validación, todos los nodulos pertenecientes a pacientes contiguos, se realiza una permutación aleatoria de los archivos, reordenándolos en base a ella:

```
orden_aleatorio=randperm(length(fileNames));
```

```

for i=1:1:length(fileNames)
    f_list{i}= fileNames{orden_aleatorio(i)};
end

```

Se almacena el nuevo orden de los archivos para disponer de un registro. A continuación, se vuelcan uno a uno en el archivo *TODOSNODULOS*Stamanno.txt eliminando la línea utilizada como espaciador en pasos anteriores.

```

f_list = fileNames;
f_new = fopen(strcat('D:\TESIS\', 'TODOSNODULOS16.txt'), 'w');
for i = 1:length(f_list)
    f_old = fopen(strcat(RutaArchivo, f_list{i}), 'r');
    f_line = fgetl(f_old);
    while ischar(f_line)
        fprintf(f_new, '%s', f_line);
        fprintf(f_new, '\n');
        f_line = fgetl(f_old);
    end
    fclose(f_old);
end
fclose(f_new);

```

Estos pasos corresponden al tamaño de matriz de 16 x 16, pero deben realizarse también para los otros cuatro tamaños de matriz utilizados.

El último paso consiste en dividir este archivo único de gran tamaño en una serie de archivos menores para poder importarlos adecuadamente durante el proceso de entrenamiento (Tabla 13). El número de archivos en que se divide se elige para que sea divisible por el número total de nodulos.

Tamaño de matriz	Número de archivos	Tamaño aproximado por archivo (MB)
16 x 16	16	12
24 x 24	25	23
32 x 32	33	36
40 x 40	40	48
48 x 48	48	59

Tabla 13. Número final de archivos con recortes de nodulos para cada tamaño

Esto se realiza mediante la siguiente rutina *DIVIDEARCHIVO.m*:

```
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.txt',...
    'Selecciona las imágenes a analizar','Multiselect','off');
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
fid = fopen(RutaCompleta);
numerolineas=0;
tline = fgets(fid);
while ischar(tline)
    numerolineas=numerolineas+1;
    linea{numerolineas}=tline;
    tline = fgets(fid);
end
n=16;
for j=1:1:n
    RutaCompletaaux=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo(1:end-4),...
        'Parte',num2str(j),'.txt');
    fid = fopen(RutaCompletaaux,'w');
    for i=((j-1)*(numerolineas/n)+1):1:j*(numerolineas/n)
        fprintf(fid, '%s', linea{i} );
    end
    fclose(fid)
end
```

El proceso de agrupamiento en un único archivo de grandes dimensiones de todos los recortes de nódulos se realiza también para los no-nódulos.

Una etapa necesaria para permitir el aprendizaje supervisado es la generación de los archivos de etiquetas:

```
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.txt',...
    'Selecciona las imágenes a analizar','Multiselect','on');
dd = dir(fullfile(RutaArchivo, '*.txt'));
fileNames = {dd.name};
n=64; % Tamaño de matriz (puede tomar también los valores 128, 192, 256, 384
```

El valor asignado a la etiqueta cambia según se trate de una lesión o de un tejido sano (1 ó 0)

```
a=1;
```

```

for i=1:1:length(fileName)

    fid = fopen(strcat(RutaArchivo,fileName{i}));

    tline = fgets(fid);

    numerolineas=1;

    while ischar(tline)

        numerolineas=numerolineas+1;

        tline = fgets(fid);

        linea{numerolineas}=tline;

    end

    fclose(fid);

```

Se obtiene de este modo el número de líneas de cada uno de los archivos:

```

    lineas{i}=numerolineas;

end

```

Finalmente se escribe el archivo de las etiquetas cuando está dividido el archivo de recortes, en el mismo número de archivos, con una etiqueta para cada matriz de recortes:

```

for k=1:1:length(fileName)

    fid2 = fopen(strcat(RutaArchivo(1:21),fileName{k}(1:2),...

        'ETIQUETA',fileName{k}(3:end)), 'wt' );

    for i=1:1:((lineas{k}-1)/n)

        fprintf( fid2, '%f\n', a);

    end

    fclose(fid2);

end

```

4.4.2. Mamografía: base de datos *BCDR*

4.4.2.1. Tratamiento de los hallazgos patológicos (lesiones)

Entre la información que proporciona la base de datos *BCDR* para cada conjunto de datos o *dataset* se encuentra un archivo denominado *outlines*. En estos archivos se identifica cada imagen referenciando el número de paciente, serie, lesión y segmentación al que corresponde, junto con las coordenadas x e y de la cada uno de los puntos que delimitan el contorno de la segmentación. Se incluye además la clasificación de la lesión.

Agrupando los 5 archivos de *outlines* se dispone de un total de 1884 lesiones segmentadas. Sin embargo, debido a la baja resolución de las imágenes correspondientes a los *datasets* F01, F02

y F03, cuyo tamaño de matriz es de 720 x 1167, no se incluyen sus lesiones en esta fase del trabajo.

Utilizando los *datasets* restantes, D01 y D02 el número total de lesiones disponible es de 599, aunque debido a que algunos pacientes pertenecen simultáneamente a ambos (imágenes repetidas) su número es menor.

El número final de lesiones disponible para cada tamaño de matriz dependerá en última instancia, de unas condiciones que garantizarán la fiabilidad de los datos que se emplearán para el entrenamiento y validación de las redes neuronales.

En la Figura 28 se puede visualizar una imagen en la que se han segmentado dos lesiones:

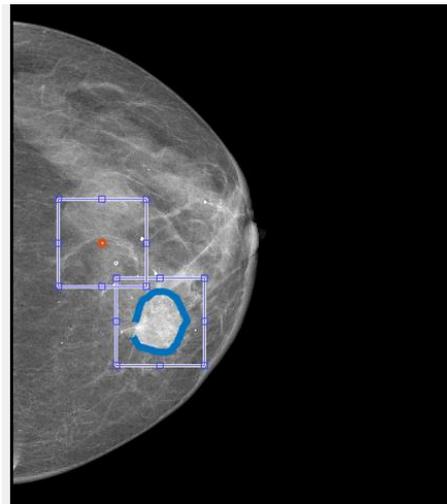


Figura 28. Paciente con dos lesiones. En la imagen se aprecian los contornos segmentados por el radiólogo. Ambas lesiones aparecen rodeadas por una ROI de 512 x 512

En la Figura 29 se muestra una vista ampliada de estas dos lesiones:

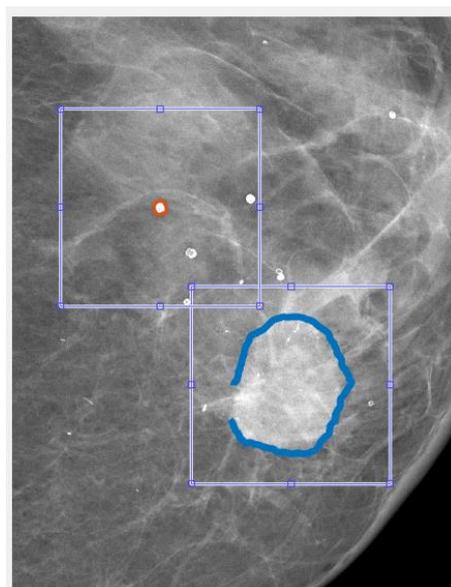


Figura 29. Vista ampliada de las dos lesiones

Partiendo de la información relativa a las segmentaciones, el objetivo es hacer un recorte de cada una de ellas para generar una serie de *patches* que permitirán entrenar a la red neuronal. Para ello se desarrolla una rutina de MATLAB®, que realiza una serie de etapas y tiene en cuenta unos criterios que facilitarán su uso posterior. En los siguientes párrafos se detalla su funcionamiento:

a) En primer lugar se agrupa la información de las 598 lesiones en un archivo *.xlsx* que contiene la información de los contornos (*outlines*). Se almacenan todos los datos contenidos en la pestaña de las segmentaciones en la variable *outlines*:

```
[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.xlsx',...
    'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaCompleta = strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
[~,~,outlines] = xlsread(RutaCompleta,'todosoutlines');
```

b) A continuación se almacenan las coordenadas de los puntos de las segmentaciones en dos celdas de datos llamadas *coord_x*, *coord_y*. La longitud de cada elemento de la celda será variable, por serlo el perímetro de cada lesión. Como estos datos se encuentran incluidos en las columnas 8 y 9 del archivo original (cada conjunto de coordenadas está incluido en la misma celda), es necesario fragmentarlas para poder acceder a cada una de ellas por separado:

```
for i=2:1:size(outlines,1)
    frag_x = strsplit(outlines{i,8},' ');
    for m=2:1:length(frag_x)
        coord_x(i-1,m) = str2num(cell2mat(frag_x(m)));
    end
    frag_y = strsplit(outlines{i,9},' ');
    for n=2:1:length(frag_y)
        coord_y(i-1,n) = str2num(cell2mat(frag_y(n)));
    end
end
```

c) Para poder localizar el centro de la lesión y proceder a su recorte se define la matriz *datos_rec*, de seis columnas, en las que se almacena respectivamente los valores del mínimo y máximo de la coordenada x, mínimo y máximo de la coordenada y, ancho y alto de la región:

```
for j=1:1:size(coord_x,1)
    minimox = unique(coord_x(j,:));
    datos_rec(j,1) = minimox(2);           % mínimo x
    datos_rec(j,2) = max(coord_x(j,:));   % máximo x
    minimoy=unique(coord_y(j,:));
    datos_rec(j,3) = minimoy(2);          % mínimo y
```

```

datos_rec(j,4) = max(coord_y(j,:)); % máximo y
datos_rec(j,5) = datos_rec(j,2) - datos_rec(j,1); % ancho en y
datos_rec(j,6) = datos_rec(j,4) - datos_rec(j,3); % alto en y
end

```

d) Las imágenes que contienen lesiones están distribuidas en dos carpetas: *BCDR-D01_dataset* y *BCDR-D02_dataset*. Cada una contiene una serie de subcarpetas que identifican al paciente, en cuyo interior aparece el identificador del estudio, como por ejemplo *patient_3/study_4*. Las mamografías de las diferentes proyecciones están en formato *.tif*. Para poder acceder a ellas se identifica la ruta de la imagen asociada a cada segmentación, que figura en la columna 7 del archivo *outlines*.

```

datasets=[repmat({'BCDR-D01_dataset'},1,143),...
          repmat({'BCDR-D02_dataset'},1,455)];
for i=2:1:size(outlines,1)
    RutaImagen{i-1}=strcat(RutaArchivo(1:17),...
                           datasets{i-1},'\',strtrim(outlines(i,7)));
end

```

e) Una vez conocida la ruta se procede a realizar el recorte de las imágenes. Los tamaños de matriz seleccionados para los *patches* que alimentarán las redes neuronales son: 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384.

Se seleccionan las segmentaciones de tamaño inferior al tamaño de matriz en cada uno de los casos. Para ello se impone la siguiente condición: solamente se incluirán aquellas lesiones cuyo tamaño sea inferior a la dimensión mínima de la *ROI* que la engloba completamente. Esto limita el número de casos disponibles para cada uno de los tamaños. Siguiendo ese criterio, el número disponible en cada uno de los casos es de 274, 322, 352, 379 y 408 respectivamente.

En las siguientes imágenes se pueden observar tres ejemplos de lesiones de diferente morfología extraídas de *BCDR*. La Figura 30 muestra una lesión redondeada con tres zonas calcificadas en su interior.

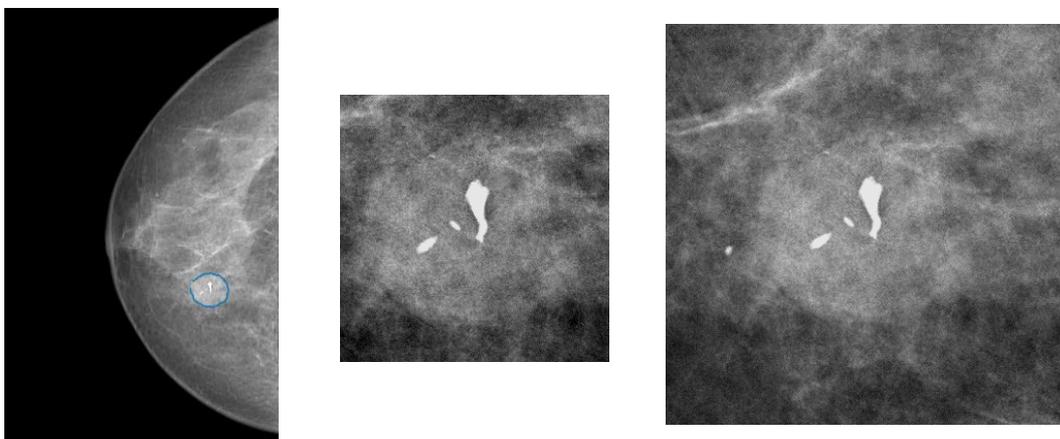


Figura 30. Mamografía RCC de paciente con lesión de tamaño 212 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 256 x 256 y de 384 x 384

La Figura 31 contiene una calcificación de pequeño tamaño:

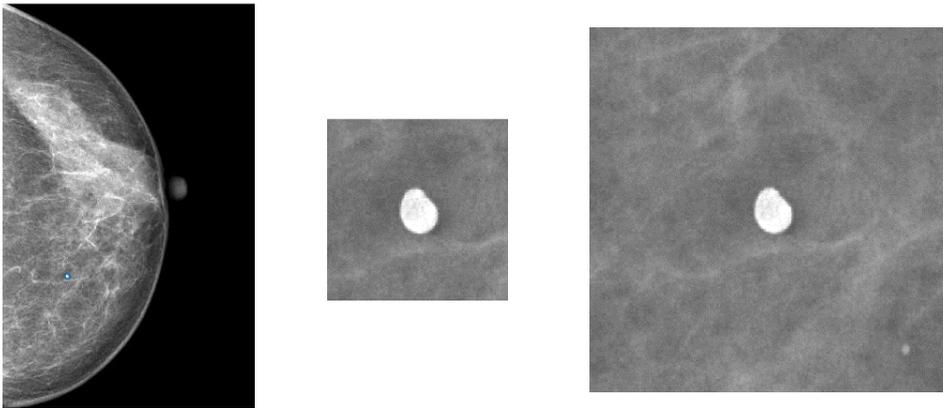


Figura 31. Mamografía LCC de paciente con lesión de tamaño 40 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 128 x 128 y de 256 x 256

La lesión segmentada en la Figura 32 presenta múltiples zonas calcificadas de forma y densidad irregular:

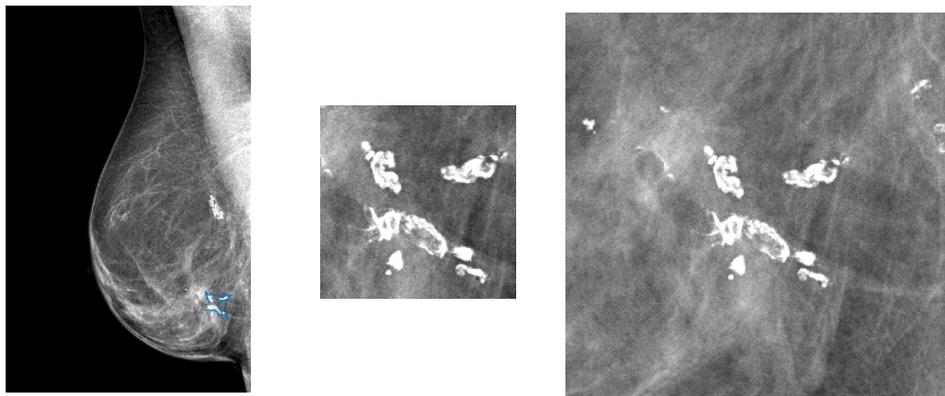


Figura 32. Mamografía RO de paciente con lesión de tamaño 210 píxeles. Zona del recorte ampliada en las dos imágenes de la derecha para matrices de 256 x 256 y de 512 x 512

En la Figura 33 se puede visualizar un ejemplo de recorte, para una lesión de pequeño tamaño con los diferentes tamaños de matriz. El entorno de la lesión tiene un papel importante en su detección cuando el tamaño del recorte es mayor que el de la lesión.

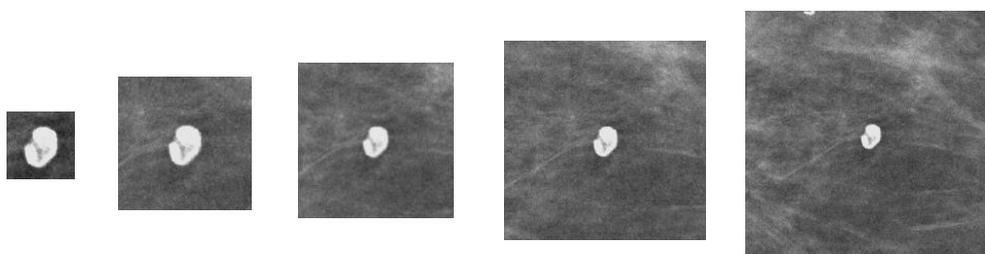


Figura 33. Efecto del cambio de tamaño de recorte en la selección de una lesión (matrices de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256, 384 x 384)

Sin embargo, es necesario imponer una condición adicional antes de realizar el recorte, para poder incluir aquellas lesiones que se encuentran próximas a los límites de la imagen. La dimensión del recuadro recortado no debe exceder sus límites, lo que puede ocurrir si el recorte se realiza a partir del centro de masas de la lesión. Para evitarlo se desplaza el recorte de forma que incluya la lesión, pero no exceda la imagen. Este hecho afecta a los tamaños de recorte grandes en mayor proporción, ya que es más probable. Se comprobará si para cada uno de los tamaños de matriz y cada lesión, y en caso de no poder recortar a partir del centro de masas se calcula el desplazamiento mínimo de la ROI (en la dirección adecuada) que permite seleccionarla.

En el siguiente ejemplo se observa cómo se aplica este método a una lesión de tamaño comprendido entre 64 y 384 píxeles situada junto al límite izquierdo de la imagen (Figura 34):

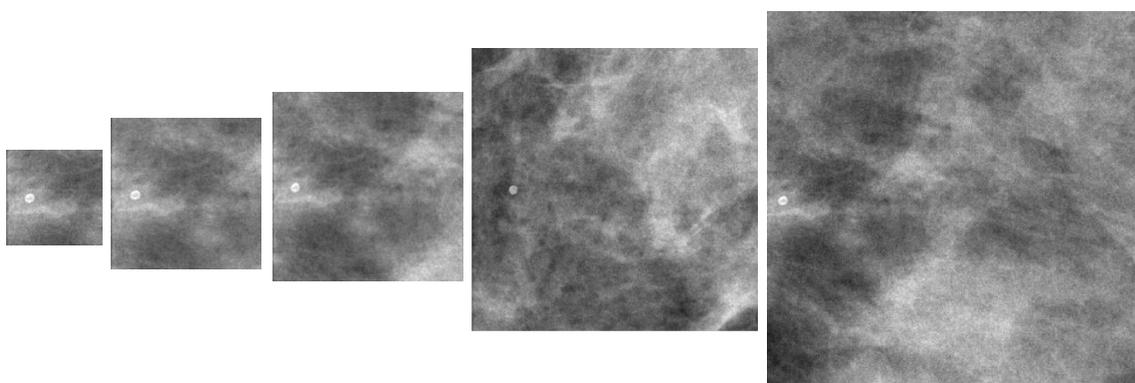


Figura 34. Ejemplo de lesión recortada con 5 tamaños de recorte usados en mamografía

Cada recorte se almacenará en un archivo de texto cuyo nombre coincide con el de la imagen. Además, hay que considerar el hecho de que algunas imágenes están repetidas, lo que hará que el número de *patches* utilizables se reduzca. Teniendo en cuenta ambas consideraciones se obtiene el número de *patches* para cada tamaño mostrado en la Tabla 14:

Tamaño del recorte	Nº de recortes
64 x 64	274
128 x 128	322
192 x 192	352
256 x 256	379
384 x 384	408

Tabla 14. Número de ROIs recortadas para la base de datos BCR en función del tamaño del recorte

El código que permite realizar estas operaciones está combinado con el utilizado para normalizar los valores de píxel, y aparece en el apartado f).

f) Para mejorar la eficiencia del proceso de entrenamiento de las redes neuronales de convolución, con sus funciones de activación neuronales asociadas, se normalizan los valores de píxel para que pertenezcan al intervalo [-1,1]. Para ello se modifica su valor, debido a que los valores de píxel corresponden a enteros sin signo de 8 bits. El proceso de normalización se describe a continuación:

En primer lugar, se calcula el promedio de los valores de píxel (Ec. 86):

$$\bar{x}_{sin\ signo} = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n x_{ij}}{n} \quad (\text{Ec. 86})$$

Se resta su valor de cada píxel (Ec. 87):

$$x_{ij\ (con\ signo)} = x_{ij} - \bar{x}_{sin\ signo} \quad (\text{Ec. 87})$$

A continuación, se calcula el máximo de los valores de píxeles con signo (Ec. 88):

$$maximo = \max \left\{ abs \left(\max(x_{ij\ (con\ signo)}) \right); abs \left(\min(x_{ij\ (con\ signo)}) \right) \right\} \quad (\text{Ec. 88})$$

Se divide cada valor de píxel entre ese valor (Ec. 89):

$$x_{ij\ (procesada)} = \frac{x_{ij\ (con\ signo)}}{maximo} \quad (\text{Ec. 89})$$

A continuación, se incluye el código empleado para realizar estas operaciones con el tamaño de 64 x 64. Para el resto de los tamaños se procede de la misma forma.

```
t=64;
for i = 1:1:size(RutaImagen,2)
    imagen = imread(char(RutaImagen{i}));
    mascara=poly2mask(nonzeros(coord_x(i,:)),...
                    nonzeros(coord_y(i,:),size(imagen,1),size(imagen,2)));
    centro_masa=CM(mascara);
    nombre = strsplit(outlines{i+1,7},'\ ');
    nombre = strcat(char(nombre(1)),char(nombre(2)),char(nombre{3}(1:end-4)));
    if datos_rec(i,5)< t & datos_rec(i,6)< t &...
        (datos_rec(i,1)+ t)<=size(imagen,2) &...
        (datos_rec(i,3)+ t)<=size(imagen,1)
        rec64 = imcrop(imagen,[datos_rec(i,1) datos_rec(i,3) t-1 t-1]);
```

```

media = mean(rec64(:));

rec64_signo = double(rec64)-media;

maximo = max(abs(double(max(rec64_signo(:))),...
              abs(double(min(rec64_signo(:))))));

rec64_final = rec64_signo/maximo;

nombre = strsplit(outlines{i+1,7},'\');

nombre = char(nombre(3));

dlmwrite(strcat('F:\64\',nombre(1:end-4),'.txt'),...
         rec64_final,'precision','%.8f','delimiter','\t')

end

[continúa análogamente para 128x128, 192x192, 256x256, 384x384]

end

```

g) Para aumentar el conjunto de datos de entrada, se realizan rotaciones de ángulo aleatorio para cada uno de los recortes realizados. Partiendo de un número de lesiones de 274, 322, 352, 379 y 408 se consigue disponer de 8250 recortes en cada uno de los casos. De esta forma se facilita la comparación de los resultados de las redes para cada uno de los casos.

```

for j=1:1:n_rot_trans

    vectordesp= round(-despl + (despl+despl)*rand(2,1))'

    angrot= round(rand(1,1)*360)'

    nuevocentro=[centro_masa(2) centro_masa(1)]+vectordesp

imagenrotada=rotaDICOM(imagen,nuevocentro(2),nuevocentro(1),angrot,'bicubic');

datos=strcat(num2str(t),'_', nombre,'_',num2str(centro_masa(1)),...
             '_ ',num2str(centro_masa(2)),'_',num2str(vectordesp(1)),...
             '_ ',num2str(vectordesp(2)),'_',num2str(angrot));

```

Si se cumplen las restricciones sobre el tamaño y la posición del centro de masas se procede al recorte y a su normalización:

```

if datos_rec(i,5)<t && datos_rec(i,6)<t

    if (centro_masa(1)+(t/2))<=size(imagen,2) &&...
        (centro_masa(2)+(t/2))<=size(imagen,1) &&...
        (centro_masa(1)-(t/2))>0 && (centro_masa(2)-(t/2))>0

        rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-(t/2)...
                                centro_masa(1)-(t/2) t-1 t-1]);

        nmedia = mean(rec(:));

        rec_signo = double(rec)-mean(rec(:));

```

```

maximo = max(abs(double(max(rec_signo(:)))),...
             abs(double(min(rec_signo(:)))));

rec_final = rec_signo/maximo;

dlmwrite(strcat('D:\LESIONES\128BCDR\',datos,'.txt'),...
        rec_final,'precision','%0.8f','delimiter','\t')

```

En caso de excederse las dimensiones de la matriz de imagen se corrige la posición del centro del recorte:

```

elseif (centro_masa(2)-(t/2))<0 ||...
(centro_masa(2)+(t/2)-size(imagen,2))>0 || (centro_masa(1)-(t/2))<0 ||...
(centro_masa(1)+(t/2)-size(imagen,1))>0

a_menos=centro_masa(2)-(t/2);
a_mas=centro_masa(2)+(t/2)-size(imagen,2);
b_menos=centro_masa(1)-(t/2);
b_mas=centro_masa(1)+(t/2)-size(imagen,1);

if a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_menos-1)...
                              centro_masa(1)-(t/2) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos>0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_mas+1)...
                              centro_masa(1)-(t/2) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas<0 & b_menos<0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-(t/2)...
                              centro_masa(1)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas>0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-(t/2)...
                              centro_masa(1)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
elseif a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos<0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_menos-1)...
                              centro_masa(1)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
elseif a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas>0
    rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_menos-1)...
                              centro_masa(1)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos<0 & b_mas<0

```

```

        rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_mas+1)...
                                centro_masa(1)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
    elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos>0 & b_mas>0
        rec = imcrop(imagenrotada,[centro_masa(2)-((t/2)+a_mas+1)...
                                centro_masa(1)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
    end
end

```

Una vez determinadas las coordenadas del centro del recorte y de realizarse mediante la función *imcrop*, se normalizan sus valores de píxel y se escriben en el archivo de texto correspondiente:

```

nmedia = mean(rec(:));
rec_signo = double(rec)-mean(rec(:));
maximo = max(abs(double(max(rec_signo(:)))),...
             abs(double(min(rec_signo(:)))));
rec_final = rec_signo/maximo;
dlmwrite(strcat('D:\LESIONES\128BCDR\', 'cor', datos, '.txt'),...
rec_final, 'precision', '%.8f', 'delimiter', '\t')
end
end
end
end

```

4.4.2.2. Tratamiento de los recortes de tejido sano (no-lesiones)

Los datos correspondientes a tejido sano, siguiendo el mismo método que en el caso de los nódulos pulmonares, proceden de dos tipos de fuentes: el conjunto de datos *DN-01* correspondiente a mamografías en las que no se realizaron anotaciones, y por otra parte regiones de tejido sano en las mamografías de los otros cuatro *datasets*. En ambos casos la selección se realizó de forma aleatoria, con la única condición de que más de un 80% del recorte contuviera tejido mamario.

La rutina creada para seleccionar estos recortes mostraba en pantalla la segmentación de la lesión presente en la mamografía, para evitar que fuera seleccionada, junto con un recuadro móvil que podía desplazarse con el ratón a la zona deseada, tal y como puede verse en la parte superior de la Figura 35:

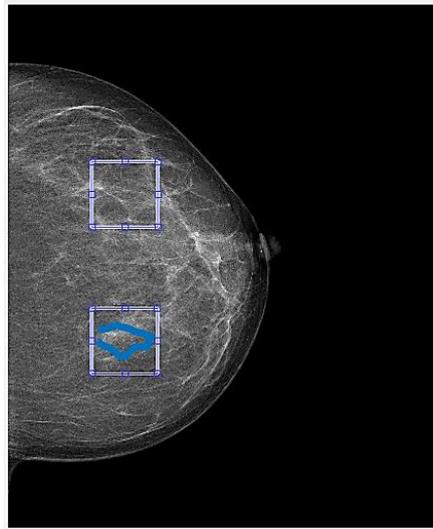


Figura 35. Ejemplo de selección de un recorte de tejido sano o no-lesión (recuadro superior) correspondiente a una paciente con un hallazgo radiológico (segmentado en azul)

Al poder disponer de un número mucho mayor de regiones que en el caso de las lesiones, no es necesario ampliar el conjunto de datos de forma artificial realizando rotaciones o traslaciones. Se seleccionan 8520 regiones para cada uno de los 5 tamaños de matriz, de las que se tomará una muestra para que el tamaño del conjunto de recortes de tejido sano esté equilibrado con el de lesiones, y además se disponga del mismo número de datos independientemente del tamaño de matriz. Se incluyen tanto regiones interiores como otras cercanas a los límites de la mama.

Para facilitar el almacenamiento de las coordenadas de las regiones seleccionadas se abre el servidor de automatización de Excel y se utilizan dos funciones: una para realizar la conversión de las coordenadas de la celda y otra que escribe las coordenadas del rectángulo seleccionado y obtiene la fila y columna activa de la hoja de cálculo para proceder a su escritura.

La primera función realiza las siguientes acciones:

```
function altexto = idx2A1(indice)
    abecedario = 'ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ';
    if indice < 27
        altexto = abecedario(indice);
    else
        indice2 = rem(indice,26);
        if indice2 == 0
            altexto = [abecedario(floor(indice/26)-1), 'Z'];
        else
            altexto = [abecedario(floor(indice/26)), abecedario(indice2)];
        end
    end
end
```

La función que escribe las coordenadas recibe como datos de entrada la mamografía visualizada, su ruta completa y la hoja de cálculo abierta. Los *handles* son tipo de datos que representan a una función.

```
function pixelInfo(hObject,eventdata, imagen, RutaCompleta,Excel)
    zoom(1.0)
```

Se obtienen las coordenadas del rectángulo, a partir de las cuales se calcula el centro del recuadro:

```
h=imrect(hObject,[1 1 512 512]); position=wait(h);
x=position(1)+position(3)/2;
y=position(2)+position(3)/2;
```

Se redondean las coordenadas del punto seleccionado para facilitar el recorte posterior:

```
x=round(x);
y=round(y);
delete(h);
```

En caso de que parte del rectángulo exceda la matriz de imagen, se le asocian coordenadas nulas:

```
if x+256 > size(imagen,2) | y+256 > size(imagen,1) | x-256 < 1 | y-256 < 1
    x=0;
    y=0;
end
```

A continuación, se localizan las coordenadas (fila y columna) de la celda seleccionada en la hoja de cálculo:

```
fila=Excel.Selection.Row;
columna=Excel.Selection.Column;
```

Para poder escribir en un rango se convierte el valor de la columna en una letra. Se parte de tener seleccionada la columna con el nombre de la imagen, se escribe en ella y se aumenta de uno en uno el valor de la columna.

```
letras={'A','B','C','D','E','F'};
donde1=get(Excel.ActiveSheet,'Range', [idx2A1(columna) num2str(fila)])
donde1.Value=RutaCompleta;
donde2=get(Excel.ActiveSheet,'Range', [idx2A1(columna+1) num2str(fila)])
donde2.Value=x;
donde3=get(Excel.ActiveSheet,'Range', [idx2A1(columna+2) num2str(fila)])
```

```
donde3.Value=y;
```

Se incrementa en una unidad la fila y se reduce en dos el valor de la columna para poder continuar con la escritura de otro recorte:

```
fila=fila+1;
columna=columna-2;
filaactiva=Excel.Activecell.Row;
columna=Excel.Activecell.Column;
end
```

Una vez definidas estas funciones se crea la rutina que permite seleccionar de forma interactiva los recortes sobre las imágenes, y hace uso de ellas. Para las mamografías de pacientes sin anotaciones, se lee la información del archivo con datos de las mamografías

```
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%PACIENTES SIN ANOTACIONES%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.*xlsx',...
'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
```

Se lee la pestaña *img* completa, almacenando la información de tipo *raw* (texto y datos numéricos) en la variable *outlines*. En la Figura 36 se muestran algunos ejemplos de los datos leídos:

```
[~,~,outlines]=xlsread(RutaCompleta,'img');
```

patient_id	study_id	series	image_filename	image_type_name	image_type_id	age	density
3	5	1	patient_3/study_5/img_3_5_1_RCC.tif	RCC	0	75	1
3	5	1	patient_3/study_5/img_3_5_1_RO.tif	RO	2	75	1
7	13	1	patient_7/study_13/img_7_13_1_RCC.tif	RCC	0	41	1
7	13	1	patient_7/study_13/img_7_13_1_LCC.tif	LCC	1	41	1
7	13	1	patient_7/study_13/img_7_13_1_RO.tif	RO	2	41	1
7	13	1	patient_7/study_13/img_7_13_1_LO.tif	LO	3	41	1
7	14	1	patient_7/study_14/img_7_14_1_RCC.tif	RCC	0	41	1
7	14	1	patient_7/study_14/img_7_14_1_LCC.tif	LCC	1	41	1
7	14	1	patient_7/study_14/img_7_14_1_RO.tif	RO	2	41	1
7	14	1	patient_7/study_14/img_7_14_1_LO.tif	LO	3	41	1

Figura 36. Archivo que contiene la información de BCDR (conjunto de datos de mamografías sin hallazgos)

Se define la hoja de cálculo en la que se almacenarán los recortes seleccionados. Seguidamente se abre el servidor de automatización de *Excel*, haciéndolo visible, para después abrir el archivo y obtener el listado de hojas disponibles:

```
no_lesion='D:\TESIS\BCDR\NO_LESION.xlsx';
Excel = actxserver('Excel.Application');
Excel.Visible = 1;
```

```

Libro = Excel.Workbooks.Open(no_lesion);
Hoja = Excel.ActiveWorkbook.Sheets;

```

Se establece la ruta a cada una de las mamografías del conjunto de datos, se lee su matriz de imagen y se muestra en pantalla con la función *imshow*:

```

for i=2:1:size(outlines,1);
    RutaCompleta=strcat('F:\DATABASE BCDR\BCDR-DN01_dataset\',...
        strtrim(outlines(i,4)));
    imagen=imread(char(RutaCompleta));
    imagen_scroll = imshow(char(RutaCompleta),'DisplayRange',[ ]),...
        hold on,imcontrast,hold on,

```

Se define la acción que realiza el clic del ratón, llamando a la función *pixelInfo* definida anteriormente.

```

set(imagen_scroll,'ButtonDownFcn',..
    @(hObject,event)pixelInfo_Callback(gca,event,imagen,RutaCompleta,Excel))
pause
close all
end

```

En caso de que se trate de un paciente con lesiones, su segmentación debe mostrarse en pantalla para guiar la selección de regiones. Para ejecutar el archivo con diferentes ficheros se cambia la pestaña en la que se escribe en las funciones *xlswrite*.

```

% %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%PACIENTES CON LESIONES%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.*xlsx',...
    'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);

```

Se lee la pestaña de la hoja de cálculo que contiene el nombre de la mamografía, y los listados de coordenadas de los puntos del contorno de la lesión:

```

[~,~,outlines]=xlsread(RutaCompleta,'todosoutlines');
for i=2:1:size(outlines,1)
    frag_x=strsplit(outlines{i,8},' ');
    for m=2:1:length(frag_x)
        coord_x(i-1,m)=str2num(cell2mat(frag_x(m)));
    end
    frag_y=strsplit(outlines{i,9},' ');

```

```

for n=2:1:length(frag_y)
    coord_y(i-1,n)=str2num(cell2mat( frag_y(n) ));
end
end
end

datasets=[repmat({'BCDR-D01_dataset'},1,143),...
repmat({'BCDR-D02_dataset'},1,455),...
repmat({'BCDR-F01_dataset'},1,362),...
repmat({'BCDR-F02_dataset'},1,188),...
repmat({'BCDR-F03_dataset'},1,736)];

```

En la Figura 37 se muestra un ejemplo de la información leída mediante esta rutina:

patient_id	study_id	series	lesion_id	segmentation_id	image_view	image_filename	lw_x_points	lw_y_points
3	4	1	7	10	2	patient_3\study_4\img_3_4_1_LCC.tif	498 499 500 501 502 503 504 505 506 507 508 509 510 511 512 513 237 1237 1237 1237 1237 1237 11	
3	4	1	7	11	4	patient_3\study_4\img_3_4_1_LO.tif	751 752 753 754 755 756 757 758 759 760 761 762 763 764 765 766 616 1616 1615 1614 1614 1614 14	
4	8	1	9	14	4	patient_4\study_8\img_4_8_1_LO.tif	777 776 775 774 773 772 771 770 769 768 767 766 765 764 763 762 130 3129 3128 3127 3126 3125 31	
4	8	1	9	15	2	patient_4\study_8\img_4_8_1_LCC.tif	822 822 822 821 2	
5	10	1	11	18	2	patient_5\study_10\img_5_10_1_LCC.tif	09 510 511 512 513 514 515 516 517 518 519 520 521 522 523 524 533 993 993 993 993 993 993 9	
5	10	1	11	19	4	patient_5\study_10\img_5_10_1_LO.tif	16 817 818 819 820 821 822 823 824 825 826 827 828 829 830 831 8667 1667 1667 1668 1668 1668 11	
5	9	1	13	22	4	patient_5\study_9\img_5_9_1_LO.tif	795 796 797 798 799 800 801 802 803 804 805 806 807 808 805 506 1506 1507 1507 1507 1507 11	
5	9	1	13	23	2	patient_5\study_9\img_5_9_1_LCC.tif	463 464 465 466 467 468 469 470 471 472 473 474 473 472 472 472 868 867 866 865 864 863 862 861	
5	9	1	15	26	1	patient_5\study_9\img_5_9_1_RCC.tif	8 2688 2688 2689 2690 2691 2692 2693 2694 2695 2696 2697 2698 1061 1062 1063 1064 1065 1065	
5	9	1	15	27	3	patient_5\study_9\img_5_9_1_RO.tif	0 2380 2380 2381 2382 2383 2384 2385 2386 2387 2388 2389 2390 1971 1972 1972 1973 1973 1974	
5	10	1	16	28	1	patient_5\study_10\img_5_10_1_RCC.tif	1 2682 2683 2684 2685 2686 2687 2688 2689 2690 2691 2692 2693 1146 1147 1148 1148 1148 1149	

Figura 37. Información correspondiente a las mamografías con lesiones segmentadas, leída para obtener las coordenadas de los contornos: lw_x_points, lw_y_points

Al igual que en el caso anterior, se abre el servidor de automatización de Excel:

```

no_lesion='D:\TESIS\TESIS PROVISIONAL\DOCUMENTOS\BCDR\BCDR_NO_LESION.xlsx';
Excel = actxserver('Excel.Application');
Excel.Visible = 1;
Libro = Excel.Workbooks.Open(no_lesion);
Hoja = Excel.ActiveWorkbook.Sheets;

```

Tras leer la matriz de píxeles de la mamografía se muestra en pantalla:

```

for i=2:1:size(outlines,1);
    RutaCompleta=strcat('F:\DATABASE BCDR\',datasets{i-1},'\',...
        strtrim(outlines(i,7)));
    imagen=imread(char(RutaCompleta));
    imagen_scroll = imshow(char(RutaCompleta),'DisplayRange',[ ]),...

```

```
hold on,imcontrast,hold on,
```

Se preparan las coordenadas del contorno de la lesión para mostrarlas superpuestas a la mamografía (Figura 35), junto con un rectángulo que la engloba mediante las siguientes instrucciones:

```
x=nonzeros(coord_x(i-1,:));  
y=nonzeros(coord_y(i-1,:));  
imrect(gca, [(min(x)+max(x))/2-256 (min(y)+max(y))/2-256 511 511]),...  
hold on,plot(x,y,'LineWidth',5)
```

Se evalúa si existe más de una lesión para la misma mamografía, en cuyo caso se representa también superpuesta a la imagen:

```
while strcmp(strtrim(outlines(i,7)),strtrim(outlines(i+1,7)))==1  
    x=nonzeros(coord_x(i,:));  
    y=nonzeros(coord_y(i,:));  
    imrect(gca, [(min(x)+max(x))/2-256 (min(y)+max(y))/2-256 511 511]),...  
    hold on,plot(x,y,'.','LineWidth',1),hold on,  
    i=i+1;  
end
```

Se define el rectángulo que puede desplazarse de forma interactiva para seleccionar un recorte:

```
set(imagen_scroll,'ButtonDownFcn',...  
    @(hObject, event) pixelInfo_Callback(gca,event,imagen,RutaCompleta,Excel))  
pause  
close all  
end
```

El siguiente paso involucra leer las coordenadas obtenidas anteriormente, abrir la imagen correspondiente y tras recortar la ROI deseada almacenar el resultado en un archivo de texto.

```
clear all  
cd('F:\DATABASE BCDR')  
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.xlsx',...  
    'Selecciona el archivo de coordenadas de no-lesiones','Multiselect','off');  
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);  
[~,~,datos]=xlsread(RutaCompleta);  
  
tamannos=[64 128 192 256 384];
```

```

num_recortes=8520;

for j=1:1:6

    for i=1:1:num_recortes

        imagen=imread(char(datos(i,1)));

        x_min=cell2mat(datos(i,2))-tamannos(j)/2;

        y_min=cell2mat(datos(i,3))-tamannos(j)/2;

        nombre=strsplit(char(datos(i,1)),'\ '); nombre=nombre(end);

        nombre=strsplit(char(nombre),'.'); nombre=nombre(1);

        recorte=imcrop(imagen,[x_min y_min tamannos(j)-1 tamannos(j)-1]);

        dlmwrite(char(strcat('F:\DATABASE BCDR\Recortes BCDR\Tejido_sano\',...

            num2str(tamannos(j)),'\ ',nombre,'_',num2str(i),'.txt')),recorte)

    end

end

```

La normalización de los valores de píxel se realiza según el método explicado anteriormente para el caso de las lesiones. Para automatizar la tarea se leen los archivos recortados (distribuidos en diferentes carpetas) y se procede a su normalización, guardando los resultados en archivos nuevos.

El código para esta tarea establece la ruta a cada una de las carpetas y lee su contenido:

```

carpeta='...\Recortes BCDR\Tejido_sano\';

carpeta64=strcat(carpeta,num2str(64),'\ ');
carpeta128=strcat(carpeta,num2str(128),'\ ');
carpeta192=strcat(carpeta,num2str(192),'\ ');
carpeta256=strcat(carpeta,num2str(256),'\ ');
carpeta384=strcat(carpeta,num2str(384),'\ ');

rutas64=dir(carpeta64);   rutas128=dir(carpeta128);
rutas192=dir(carpeta192); rutas256=dir(carpeta256);
rutas384=dir(carpeta384);

num_lesiones=[length(rutas64) length(rutas128) length(rutas192),...

    length(rutas256) length(rutas384)];

for j=1:1:length(num_lesiones)

    switch j

```

```

case 1
    carpeta=carpeta64;      rutas=rutas64;

case 2
    carpeta=carpeta128;    rutas=rutas128;

case 3
    carpeta=carpeta192;    rutas=rutas192;

case 4
    carpeta=carpeta256;    rutas=rutas256;

case 5
    carpeta=carpeta384;    rutas=rutas384;

end

```

Los dos primeros resultados de la función *dir*, que obtiene el listado de todos los archivos incluidos en una carpeta, no se corresponden con nombres de archivos, por lo que se descartan en el siguiente bucle:

```

for i=3:1:num_lesiones(j)
    matriz=dlmread(strcat(carpeta,rutas(i).name));

    media = mean(matriz(:));

    matriz = double(matriz)-media;

```

Se localiza el máximo en valor absoluto de la matriz:

```

minimo=min(matriz(:));    maximo=max(matriz(:));

if abs(maximo)>abs(minimo)
    maximo=maximo;
else
    maximo=abs(minimo);
end

```

Se divide cada uno de los elementos de la matriz entre el máximo:

```

for k=1:1:size(matriz,1)
    for l=1:1:size(matriz,2)
        matriz(k,l)=double(matriz(k,l)./maximo);
    end
end

```

Se escriben los valores numéricos en un archivo con el mismo nombre que el del recorte no normalizado seleccionado, pero añadiendo el prefijo *norm* al principio. Los valores se almacenan con una precisión de 8 dígitos decimales.

```
dlmwrite(strcat(carpetas,'norm\','norm_',rutas(i).name),...  
matriz,'precision','%.8f','delimiter','\t')
```

Para evitar que las variables recuerden datos de la iteración anterior, se limpia el valor de todas las variables que van a ser escritas en el siguiente recorrido del bucle:

```
clear matriz, clear media, clear minimo, clear maximo,  
end  
end
```

En la Figura 38 se muestran 5 ejemplos de recortes normalizados para el tamaño de matriz de 256 x 256:

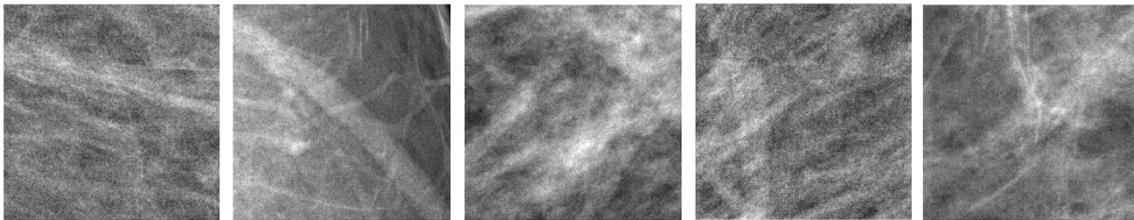


Figura 38. Ejemplo de 5 recortes de tipo no-lesión para el tamaño de matriz 256 x 256

4.4.3. Mamografía: base de datos *CBIS-DDSM*

Las imágenes contenidas en esta base de datos están preclasificadas en cuatro grandes bloques: *calc_train_set*, *calc_test_set*, *mass_train_set* y *mass_test_set* que incluyen los casos correspondientes a masas y microcalcificaciones, divididos para el entrenamiento y la comprobación de sistemas CAD. En esta Tesis Doctoral se realizará una división diferente a la propuesta por los creadores de la base de datos, ya que se crearán tres conjuntos de datos (entrenamiento, validación y comprobación). Además, se tendrá en cuenta el número de recortes disponibles, en conjunción con los obtenidos para la base de datos *BCDR*, ya que se combinarán *patches* de ambas bases de datos para entrenar las redes CNN.

La información disponible para cada caso es la siguiente:

- Identificación del paciente
- Densidad de la mama, localización (izquierda o derecha) y tipo de vista (cráneo-caudal o medio-lateral oblicua)
- Tipo de lesión que contiene: calcificación o masa.

En el caso de las calcificaciones se incluye la descripción del tipo (amorfa, espiculada, puntiforme, vascular, pleomorfa, grosera, redondeada y distrófica con centro regular o ninguna de ellas) y de su distribución (agrupada, regional, difusa, segmentaria, lineal o ninguna) según la 5ª edición *BI-RADS*.

Para las masas o nódulos se indica su forma (distorsión de la arquitectura, tejido mamario asimétrico, irregular, irregular-distorsión de la arquitectura, lobulado, nódulo linfático, ovalado, ovalado-lobulado o redondeado) y el tipo de márgenes (circunstritos, circunscritos-especulados, borrosos, borrosos-especulados, microlobulados, ocultos, ocultos-circunscritos, especulados o no clasificados).

- Clasificación de la lesión (5 categorías *BI-RADS*) y grado de sutileza (5 categorías)
- Tipo de patología: benigna, benigna sin rellamada y maligna.

A continuación, figura la ruta completa y el nombre de la mamografía, de una máscara binaria que indica la localización de la lesión y de un recorte realizado en la imagen que la incluye.

El número total de casos de cada uno de los cuatro *datasets* es de 1548 para *calc_train_set*, 327 para *calc_test_set*, 1319 para *mass_train_set* y 379 para *mass_test_set*.

La imagen de la máscara servirá para obtener la posición del centro de masa de cada una de las lesiones, así como para extraer las coordenadas de cada uno de los píxeles que forman su contorno. El procedimiento utilizado se explica en el siguiente apartado.

4.4.3.1. Tratamiento de los hallazgos patológicos (lesiones)

En primer lugar, se obtiene el centro de masas y el contorno de las lesiones. Para ello, se agrupa la información contenida en los cuatro archivos de datos siguientes:

calc_case_description_train_set.csv (1547 lesiones)

calc_case_description_test_set.csv (327 lesiones)

mass_case_description_train_set.csv (1319 lesiones)

mass_case_description_test_set.csv (379 lesiones)

El total de lesiones incluidas en esta base de datos es de 3572.

Están disponibles en una hoja de cálculo de cuatro páginas y se almacenan en una serie de variables:

```
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.xlsx',...
    'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaComp=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
[num_ctrain,txt_ctrain,raw_ctrain]=xlsread(RutaComp,'calc_train_set');
[num_ctest,txt_ctest,raw_ctest]=xlsread(RutaComp,'calc_test_set');
```

```

[num_mtrain,txt_mtrain,raw_mtrain]=xlsread(RutaComp,'mass_train_set');
[num_mtest,txt_mtest,raw_mtest]=xlsread(RutaComp,'mass_test_set');

RutaImg='...\CBIS-DDSM\';
RutaCompMask1=strcat(RutaImg,raw_ctrain(2:end,14));
RutaCompMask2=strcat(RutaImg,raw_ctest(2:end,14));
RutaCompMask3=strcat(RutaImg,raw_mtrain(2:end,14));
RutaCompMask4=strcat(RutaImg,raw_mtest(2:end,14));

RutaCompMask=[RutaCompMask1;RutaCompMask2;RutaCompMask3;RutaCompMask4]

RutaCompCrop1=strcat(RutaImg,raw_ctrain(2:end,13));
RutaCompCrop2=strcat(RutaImg,raw_ctest(2:end,13));
RutaCompCrop3=strcat(RutaImg,raw_mtrain(2:end,13));
RutaCompCrop4=strcat(RutaImg,raw_mtest(2:end,13));

```

Para cada uno de los casos se dispone de la mamografía completa y de dos imágenes DICOM que se corresponden a la máscara (imagen binaria) y a un recorte de la lesión. Como el nombre asignado a cada una de ellas varía según el caso, la ruta asignada a la máscara puede no ser correcta, por lo que se identifica imagen de mayor tamaño de las dos. Posteriormente, se obtienen las coordenadas del centro de masas de la lesión, su ancho y alto, y las coordenadas de los bordes. En el siguiente fragmento de código se indican estas operaciones:

```

for i=1:1:length(RutaCompMask)
    m1=dicomread(char(RutaCompMask(i)));
    m2=dicomread(char(RutaCompCrop(i)), 'UseVRHeuristic', false);
    if size(m1,1)*size(m1,2) >= size(m2,1)*size(m2,2)
        centro_masa= CM(m1);
        c_m(i,1)= centro_masa(1);          c_m(i,2) = centro_masa(2) ;
        EscribeRuta(i)= RutaCompMask(i);
        [y{i},x{i}]= find(m1==255);
        ancho(i)= max(y{i})-min(y{i});    alto(i)= max(x{i})-min(x{i});
        tam_lesion(i)= max(ancho(i),alto(i));
        img_borde= edge(m1);
        [bordey{i},bordex{i}]= find(img_borde==1);
    end
end

```

```

elseif size(m2,1)*size(m2,2) > size(m1,1)*size(m1,2)

    centro_masa=CM(m2);

    c_m(i,1) = centro_masa(1);          c_m(i,2) = centro_masa(2);

    EscribeRuta(i)=RutaCompCrop(i);

    [y{i},x{i}]=find(m2==255);

    ancho(i)= max(y{i})-min(y{i});     alto(i)=max(x{i})-min(x{i});

    tam_lesion(i)=max(ancho(i),alto(i));

    img_borde=edge(m2);

    [bordey{i},bordex{i}]=find(img_borde==1);

end

end
end

```

La detección de bordes se realiza a través de la función *edge* basada en el método de detección de bordes de *Sobel*, que devuelve una imagen binaria con 1s en los píxeles del borde y 0s en el resto, por lo que las coordenadas de interés se encuentran localizando la posición de los 1s de la imagen.

El cálculo del centro de masas de una imagen de tamaño $m \times n$ se realiza de la forma indicada en (Ec. 90) y (Ec. 91), a partir de la suma por columnas y por filas de la matriz y de la suma ponderada por la posición de la fila i o a la columna j según corresponda:

$$Fila_{CM} = \frac{\sum_{i=1}^m i \cdot \sum_{j=1}^n x_{i,j}}{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n x_{i,j}} \quad (\text{Ec. 90})$$

$$Columna_{CM} = \frac{\sum_{j=1}^n j \cdot \sum_{i=1}^m x_{i,j}}{\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^m x_{i,j}} \quad (\text{Ec. 91})$$

Los cálculos están implementados en la siguiente función *CM.m*, que devuelve como resultado ambas coordenadas:

```

function resultado=CM(matriz)

    sumacol=sum(matriz(:, :));          sumafil=sum(matriz(:, :)' );

    ncol=length(sumacol);              ind_col=[1:ncol];

    nfil=length(sumafil);              ind_fil=[1:nfil];

    sumacol_pos=sumacol.*ind_col;

    sumafil_pos=sumafil.*ind_fil;

    totalcol=sum(sumacol(:));          totalcol_pos=sum(sumacol_pos(:));

    totalfil=sum(sumafil(:));          totalfil_pos=sum(sumafil_pos(:));

```

```

columnaCM=round(totalcol_pos/totalcol);

filaCM=round(totalfil_pos/totalfil);

resultado=[filaCM,columnaCM];

end

```

La información relacionada con el tamaño de la lesión y el centro de masas, junto con la ruta de la imagen y las coordenadas del borde se almacena en un archivo de texto. Para guardar las coordenadas de los contornos se realiza una escritura línea a línea de la siguiente forma:

```

fileID=fopen('F:\DDSM Actualizado\bordey.csv','w');

for j=1:1:size(bordey,2)

    fprintf(fileID,'%d ',bordey{j}); fprintf(fileID,'\n');

end

fclose(fileID);

fileID=fopen('F:\DDSM Actualizado\bordey.csv','w');

for k=1:1:size(bordey,2)

    fprintf(fileID,'%d ',bordey{k}); fprintf(fileID,'\n');

end

fclose(fileID);

```

Para extraer los recortes correspondientes a las lesiones, se agrupa inicialmente la información correspondiente a los cuatro conjuntos de datos en un único archivo y se almacenan las rutas a la máscara y a la imagen completa.

A continuación, se imponen las dos condiciones ya utilizadas para la base de datos *BCDR*: para cada tamaño de recorte incluir únicamente las lesiones de tamaño inferior, y garantizar que la matriz recortada no excede la matriz de imagen. Esto reduce el total de recortes disponibles en cada uno de los casos, como puede observarse en la Tabla 15:

Tamaño del recorte	Nº de recortes
64 x 64	33
128 x 128	294
192 x 192	675
256 x 256	1185
384 x 384	2270

Tabla 15. Número de ROIs recortadas para la base de datos CBIS en función del tamaño del recorte

El proceso de recorte de las lesiones pertenecientes a la base de datos *CBIS-DDSM* comienza con la lectura de la hoja de cálculo en la que se almacenan las dimensiones de las lesiones y las coordenadas de sus centros de masas, calculadas anteriormente. La información se almacena en una variable llamada *infoCBIS*:

```
[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.xlsx',...
    'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
[~,~,infoCBIS]=xlsread(RutaCompleta);
```

Se definen los valores máximos expresados en píxeles que pueden tomar los vectores de desplazamiento aleatorio:

```
t=64; % t=128; t=192; t=256; t=384;
despl=16; % despl=32; despl=48; despl=64; despl=96;
n_rot_trans=10;
```

Se guardan los datos relevantes de las lesiones en sus correspondientes variables:

```
alto=cell2mat(infoCBIS(2:end,1));
ancho=cell2mat(infoCBIS(2:end,2));
tam_lesion=cell2mat(infoCBIS(2:end,3));
c_m_fila=cell2mat(infoCBIS(2:end,4));
c_m_columna=cell2mat(infoCBIS(2:end,5));
mascara=infoCBIS(2:end,6);
img=infoCBIS(2:end,7);
```

Mediante el siguiente bucle se recorre cada una de las imágenes. Se establece la restricción de que el tamaño de la lesión sea inferior al del recorte

```
for i = 1:length(img)
    if tam_lesion(i) < t
        imagen = dicomread(char(img(i)));
        nombre=char(img(i));
        pos_barra=strfind(nombre,'\');
        nombre=nombre(pos_barra(3)+1:pos_barra(4)-1);
```

Para generar las combinaciones de traslaciones y rotaciones se generan los vectores de coordenadas y ángulos de forma aleatoria, almacenando sus valores en la variable *datos*:

```
for j=1:n_rot_trans
    vectordesp= round(-despl + (despl+despl)*rand(2,1))';
```

```

angrot= round(rand(1,1)*360)';
nuevocentro=[c_m_columna(i) c_m_fila(i)]+vectordesp;
imagenrotada=rotaDICOM(imagen,nuevocentro(2),nuevocentro(1),...
                        angrot,'bicubic');
datos=strcat(num2str(t),'_', nombre,'_',num2str(c_m_columna(i)),...
            '_ ',num2str(c_m_fila(i)),'_',num2str(vectordesp),'_',num2str(angrot));

```

En el siguiente condicional se comprueba si la suma de las coordenadas de los centros de masa y la mitad del lado recortado excede las dimensiones físicas de la matriz de imagen:

```

if (c_m_fila(i)+(t/2)<=size(imagen,1))&...
    (c_m_columna(i)+(t/2)<=size(imagen,2))&...
    (c_m_fila(i)-(t/2)>0) & (c_m_columna(i)-(t/2)>0)

```

En caso de que no se supere, se puede proceder al recorte de la lesión, realizando posteriormente la normalización de sus valores de píxeles:

```

rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-round(t/2)...
                          nuevocentro(2)-round(t/2) t-1 t-1]);
nmedia = mean(rec(:));
rec_signo = double(rec)-mean(rec(:));
maximo = max(abs(double(max(rec_signo(:)))),...
             abs(double(min(rec_signo(:)))));
rec_final = rec_signo/maximo;

```

Se escribe la matriz numérica normalizada en su correspondiente archivo de texto:

```

dlmwrite(strcat('D:\LESIONES\64\' ,datos,'.txt'),...
        rec_final,'precision','% .8f','delimiter','\t')

```

En caso de que se supere alguna de las dimensiones de la imagen:

```

elseif (nuevocentro(1)-(t/2)<0||...
        (nuevocentro(1)+(t/2)-size(imagen,2))>0||...
        (nuevocentro(2)-(t/2)<0 ||...
        (nuevocentro(2)+(t/2)-size(imagen,1))>0

```

Se determina la cantidad de recorte que excede el lienzo de la imagen en cada uno de 4 posibles casos:

```

a_menos=nuevocentro(1)-(t/2);
a_mas=nuevocentro(1)+(t/2)-size(imagen,2);

```

```

b_menos=c_m_fila(i)-(t/2);
b_mas=c_m_fila(i)+(t/2)-size(imagen,1);

```

En función de cuál sea la dirección en la que excede la matriz de imagen, se corrige la posición del centro de masas para que la matriz recortada pertenezca en su totalidad a la imagen:

```

if a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_menos-1)...
                               nuevocentro(2)-(t/2) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos>0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_mas+1)...
                               nuevocentro(2)-(t/2) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas<0 & b_menos<0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-(t/2)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas>0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-(t/2)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
elseif a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos<0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_menos-1)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
elseif a_menos<0 & a_mas<0 & b_menos>0 & b_mas>0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_menos-1)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos<0 & b_mas<0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_mas+1)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_menos-1) t-1 t-1]);
elseif a_menos>0 & a_mas>0 & b_menos>0 & b_mas>0
    rec = imcrop(imagenrotada,[nuevocentro(1)-((t/2)+a_mas+1)...
                               nuevocentro(2)-((t/2)+b_mas+1) t-1 t-1]);
end

```

Una vez realizado el recorte se procede a su normalización:

```

nmedia = mean(rec(:));
rec_signo = double(rec)-mean(rec(:));

```

```

maximo = max(abs(double(max(rec_signo(:)))),...
             abs(double(min(rec_signo(:)))));

rec_final = rec_signo/maximo;

```

Y a la escritura de la matriz normalizada en un archivo de texto en cuyo nombre se añade el sufijo *cor-* indicando que se ha efectuado una corrección en la posición del recorte:

```

dlmwrite(strcat('D:\LESIONES\64\', 'cor', datos, '.txt'), ...
        rec_final, 'precision', '%.8f', 'delimiter', '\t')

end

end

end

end

```

El código de la función que permite realizar la rotación de la imagen, *rotaDICOM*, fue descrito en la sección 4.1.1.1.

4.4.3.2. Tratamiento de los recortes de tejido sano (no-lesiones)

Para poder realizar una selección de tejido mamario que no incluya lesiones se cargan las coordenadas de los contornos de las lesiones, que se encuentran almacenadas por separado en sendas hojas de cálculo (*bordex*, *bordey*), cada una de las cuales contiene 3568 filas y una columna de longitud variable que contiene el listado de valores. Se mostrarán superpuestos en cada una de las mamografías para facilitar la selección de los centros de los recortes de no-lesiones:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%PACIENTES CON NODULOS%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

%Selecciona los dos archivos que contienen las coordenadas de las segmentaciones
[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.xlsx', ...
    'Selecciona el archivo que quieres leer', 'Multiselect', 'on');

RutaCompleta=strcat(RutaArchivo, NombreArchivo);

```

Se lee el contenido completo de la pestaña de la hoja de cálculo en las variables *contornos_x* y *contornos_y*:

```

[~,~, contornos_x]=xlsread(char(RutaCompleta(1)));
[~,~, contornos_y]=xlsread(char(RutaCompleta(2)));
[~,~, rutas]=xlsread(char(RutaCompleta(3)));

```

Se considera la posibilidad de que en una mamografía haya más de una segmentación:

```

for i=1:1:5

```

```

frag_x=strsplit(contornos_x{i},' ');
for m=1:1:length(frag_x)-1
    coord_x(i,m)=str2num(cell2mat(frag_x(m)));
end
frag_y=strsplit(contornos_y{i},' ');
for n=1:1:length(frag_y)-1
    coord_y(i,n)=str2num(cell2mat(frag_y(n)));
end
end

```

Se crea una hoja de cálculo para almacenar las coordenadas seleccionadas. Mediante el uso del servidor de automatización de MATLAB®, se hace visible el archivo y se obtiene la hoja y celda activas

```

no_lesion='...\CBIS\NO_LESION.xlsx';
Excel = actxserver('Excel.Application');
Excel.Visible = 1;
Libro = Excel.Workbooks.Open(no_lesion);
Hoja = Excel.ActiveWorkbook.Sheets;

```

Para recorrer todas las mamografías disponibles se utiliza un bucle *while*. Tras leer la mamografía en formato DICOM, se muestra en pantalla junto con los controles automáticos de ajuste de ancho y nivel de ventana por si fuera necesario modificar la visualización:

```

i=2
while i <=size(rutas,1)
    imagen=dicomread(char(rutas(i,7)));
    figure, imagen_scroll = imshow(char(rutas(i,7)), 'DisplayRange', [ ]);...
    hold on, imcontrast, hold on,

```

Se cargan las coordenadas de los contornos de las lesiones segmentadas y se representan mediante la función *plot*, junto con un recuadro de tamaño 512 x 512 píxeles que la recuadre, para facilitar su localización:

```

x=nonzeros(coord_x(i-1,:))';
y=nonzeros(coord_y(i-1,:))';
imrect(gca, [(min(x)+max(x))/2-256 (min(y)+max(y))/2-256 511 511]);hold on,
plot(x,y, '.', 'LineWidth', 1), hold on,

```

En caso de que exista más de una lesión asociada a una misma mamografía también se muestran sus contornos:

```

while strcmp(char(rutas(i,7)),char(rutas(i+1,7)))==1

    x=nonzeros(coord_x(i,:))';
    y=nonzeros(coord_y(i,:))';

    imrect(gca,[(min(x)+max(x))/2-256 (min(y)+max(y))/2-256 511 511]),...

    hold on,plot(x,y,'.','LineWidth',1),hold on,

    i=i+1;

end

```

Se definen las acciones a realizar en caso de que el usuario interaccione sobre la mamografía activa, como indica la condición '*ButtonDownFcn*'. Los *handles* de una función son un tipo de datos que se utiliza para pasar una función como dato a otra.

```

set(imagen_scroll,'ButtonDownFcn',...

    @(hObject, event)pixelInfo_Callback(gca,...

    event,imagen, char(rutas(i,7)),Excel))

pause

close all

i=i+1

end

```

El código de la función *pixelinfo* se detalla a continuación. Recibe como datos de entrada la imagen activa, su ruta completa y Excel para poder utilizar el servidor de automatización.

```

function pixelInfo(hObject,eventdata, imagen, RutaCompleta,Excel)

    zoom(1.0)

```

Se dibuja un rectángulo móvil que puede ser arrastrado sobre la pantalla y cuya posición puede obtenerse al hacer doble clic en su interior. Se calcula su centro a partir de sus coordenadas:

```

h=imrect(hObject,[1 1 512 512]); position=wait(h);

x=position(1)+position(3)/2;

y=position(2)+position(3)/2;

```

Se redondean las coordenadas del punto seleccionado para posibilitar el recorte posterior:

```

x=round(x);

y=round(y);

delete(h);

```

En caso de que se haga una selección incorrecta tal que al hacer el recorte se sobrepase el tamaño de la mamografía, se escribirá como coordenadas (0,0) y podrá ser borrada del listado:

```

if x+256 > size(imagen,2) | y+256 > size(imagen,1) | x-256 < 1 | y-256 < 1
    x=0;
    y=0;
end

```

Se localizan las coordenadas (fila y columna) de la celda seleccionada en *Excel*:

```

fila=Excel.Selection.Row;
columna=Excel.Selection.Column;

```

Para poder escribir en un rango se convierte el valor de la columna en una letra:

```

letras={'A','B','C','D','E','F'};

```

Se parte de tener seleccionada la columna con el nombre de la imagen, se escribe en ella y se aumenta de uno en uno el valor de la columna.

```

%Estructura de xlswrite(FILE, ARRAY, SHEET, RANGE)
donde1=get(Excel.ActiveSheet,'Range',[idx2A1(columna) num2str(fila)]);
donde1.Value=RutaCompleta;
donde2=get(Excel.ActiveSheet,'Range',[idx2A1(columna+1) num2str(fila)]);
donde2.Value=x;
donde3=get(Excel.ActiveSheet,'Range',[idx2A1(columna+2) num2str(fila)]);
donde3.Value=y;

```

Se aumenta la fila en una unidad y en 2 la columna para escribir los datos del siguiente recorte:

```

fila=fila+1;
columna=columna-2;
filaactiva=Excel.Activecell.Row;
columna=Excel.Activecell.Column;
end

```

La función auxiliar *idx2A1* realiza la conversión a la nomenclatura de celdas utilizada en *Excel*:

```

function altexto = idx2A1(indice)
    abecedario = 'ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ';
    if indice < 27
        altexto = abecedario(indice);
    else
        idx2 = rem(indice,26);
    end
end

```

```

if indice2 == 0
    alttexto = [abecedario(floor(indice/26)-1),'Z'];
else
    alttexto = [abecedario(floor(indice/26)),abecedario(indice2)];
end
end

```

En la Figura 39 se pueden observar algunos ejemplos de coordenadas obtenidas mediante el uso de las rutinas descritas anteriormente:

F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.408909860712120272633130274602115723157\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.47414316010368386519740343172775938548\000000.dcm	2095	1560
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.408909860712120272633130274602115723157\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.47414316010368386519740343172775938548\000000.dcm	1630	2103
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.408909860712120272633130274602115723157\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.47414316010368386519740343172775938548\000000.dcm	1537	3840
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.408909860712120272633130274602115723157\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.47414316010368386519740343172775938548\000000.dcm	2265	4096
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.427517897311902339923511678883689433338\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.250596608311207922527805669693579696727\000000.dcm	2012	1120
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.427517897311902339923511678883689433338\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.250596608311207922527805669693579696727\000000.dcm	1360	2564
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.427517897311902339923511678883689433338\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.250596608311207922527805669693579696727\000000.dcm	1982	2333
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.427517897311902339923511678883689433338\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.250596608311207922527805669693579696727\000000.dcm	1842	4600
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00005_RIGHT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.427517897311902339923511678883689433338\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.250596608311207922527805669693579696727\000000.dcm	2454	4379
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2611	716
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	885	2332
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	1613	2471
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2521	2381
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2072	2711
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	1713	3110
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_CC\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2511	4436
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2571	2820
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2223	1255
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2121	1979
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2610	2559
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2631	3171
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2121	3711
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	1846	4627
F:\DDSM Actualizado\CBIS-DDSM\Calc-Training_P_00007_LEFT_MLO\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.20132232511369496261988147635245007222\1.3.6.1.4.1.9590.100.1.2.22869962731348711101247440546202068297\000000.dcm	2712	3996

Figura 39. Muestra de coordenadas para recortar no-lesiones junto a la ruta completa que indica la mamografía de la que deben ser extraídos

En esta base de datos se seleccionaron 12500 coordenadas, por lo que al disponer de un número suficiente de recortes de no-lesión para usos posteriores, a la hora de recortar no es necesario aumentar el conjunto de datos mediante rotaciones y traslaciones.

RECORTE DE NO-LESIONES CBIS

Se lee el archivo *NO_LESION.xlsx* que contiene los recortes de no-lesiones de *CBIS-DDSM*:

```

[NombreArchivo, RutaArchivo, Opcion_Selec] = uigetfile('*.xlsx',...
    'Selecciona el archivo que quieres leer','Multiselect','off');
RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);
[~,~,infoCBIS]=xlsread(RutaCompleta);

```

Se define el tamaño con el que se quieren realizar los recortes (64, 128, 192, 256 o 384):

```

t=64;
c_m_fila=cell2mat(infoCBIS(1:end,3));
c_m_columna=cell2mat(infoCBIS(1:end,2));
img=infoCBIS(1:end,1);

```

Hay que tener en cuenta que se han descartado previamente aquellos recortes seleccionados inadecuadamente.

```

for i = 1:1:length(img)

    imagen = dicomread(char(img(i)));

    nombre=char(img(i));

    pos_barra=strfind(nombre,'\');

    nombre=nombre(pos_barra(3)+1:pos_barra(4)-1);

    rec = imcrop(img,[c_m_fila c_m_columna]);

```

Se normalizan los valores de píxel:

```

nmedia = mean(rec(:));

rec_signo = double(rec)-mean(rec(:));

maximo = max(abs(double(max(rec_signo(:))),...
              abs(double(min(rec_signo(:))))));

rec_final = rec_signo/maximo;

```

Y finalmente se escriben los resultados en un archivo de texto:

```

dlmwrite(strcat('D:\LESIONES\',num2str(t), '\',datos,'.txt'),...
         rec_final,'precision','%.8f','delimiter','\t')

end

```

4.4.4. Unificación de las dos bases de datos de mamografía

Seguidamente se describe el método seguido para unificar las lesiones correspondientes a las bases de datos *BCDR* y *CBIS-DDSM* con el objetivo de generar los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test de las CNN.

El objetivo es disponer de 3000 lesiones recortadas para cada tamaño de matriz después de la combinación de ambas bases de datos. El principal factor que impide incluir un mayor número de lesiones es la potencia de cálculo disponible para el entrenamiento de las redes neuronales.

En aquellos casos en los que no se dispone de 3000 lesiones en total sumando las dos bases de datos, se realiza una ampliación de los conjuntos de datos combinando desplazamientos y rotaciones de las lesiones disponibles. Hay que tener en cuenta que el número de lesiones disponibles en cada base de datos depende del tamaño de matriz. Por ejemplo, para 384 x 384 se dispone de 2270 lesiones procedentes de *CBIS-DDSM* y 408 procedentes de *BCDR*, mientras que para 64 x 64 únicamente 33 de *CBIS-DDSM* siendo 274 las de *BCDR*.

Para cada uno de los tamaños de matriz se realiza el mismo número de combinaciones de rotación + traslación a cada una de las lesiones hasta obtener un total de 3000 lesiones. Por ejemplo, en el caso de matrices de 64 x 64 esto implica generar 10 lesiones a partir de cada lesión original mientras que para 384 x 384 únicamente será necesario generar 1 o 2 lesiones según el caso.

La división de una imagen clínica en una serie de recortes para su análisis mediante una red CNN implica que en la mayor parte de los casos la lesión a encontrar no estará perfectamente centrada en el recorte, sino que su centro de masas aparecerá desplazado. Por ello, y para aumentar la robustez y capacidad de detección de las redes entrenadas todas las lesiones que se generan están desplazadas y rotadas, y no se emplean recortes cuyo centro sea el centro de masas de la lesión.

El desplazamiento y rotación de las lesiones próximas a los límites de la imagen implica que en algunos casos el recorte contenga regiones exteriores a las mamografías. Como en este trabajo no se realiza *padding* de las imágenes, se descartan aquellos recortes para los que ocurre esto.

En cada una de las casillas de la Tabla 16 aparece reflejado el número de lesiones generado para su uso con redes neuronales. Nótese como en la mayor parte de casos el número de lesiones es prácticamente igual al original para los tamaños de matriz grandes de la base de datos *CBIS-DDSM*.

Tamaño del recorte	Nº de recortes BCDR	Nº de recortes CBIS-DDSM	Nº total de lesiones
64 x 64	2699	301	3000
128 x 128	1580	1420	
192 x 192	1155	1845	
256 x 256	874	2126	
384 x 384	878	2122	

Tabla 16. Distribución del número final de recortes entre las dos bases de datos

En la Figura 40 se muestra un ejemplo de expansión de datos para una calcificación de pequeño tamaño perteneciente a la base de datos *BCDR*:

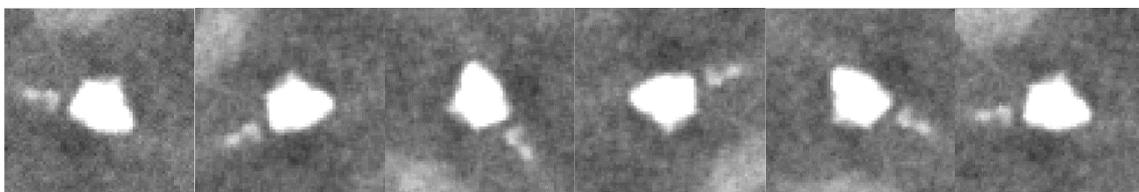


Figura 40. Ejemplo de una lesión de tamaño 64 x 64 de la base de datos *BCDR* (*img_56_78_1_RCC*) con sus correspondientes 5 rotaciones

En el caso de 128 x 128 se dispone de un número de lesiones mucho mayor para los dos bases de datos en conjunto, por lo que únicamente se realizan dos rotaciones a la lesión de la Figura 41:

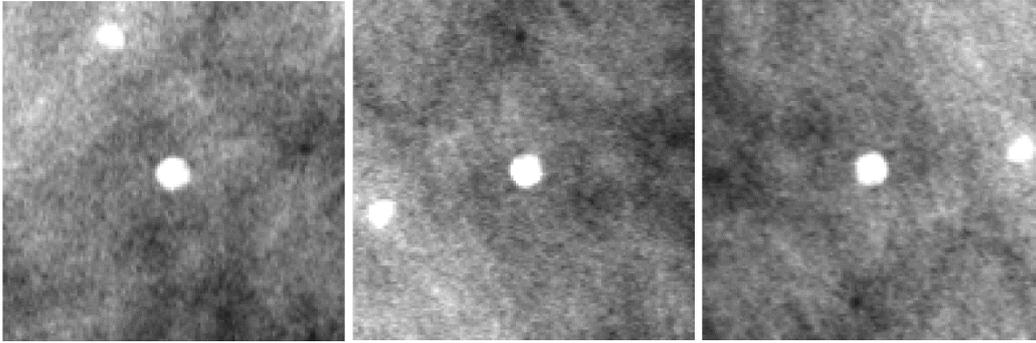


Figura 41. Ejemplo de una lesión de tamaño 128 x 128 de la base de datos BCDR (img_95_129_1_LCC) con sus correspondientes 2 rotaciones

El reducido número de lesiones de tamaño 64 x 64 o inferior contenidas en la base de datos CBIS-DDSM impone la necesidad de incrementar el número de transformaciones geométricas para conseguir los 300 recortes requeridos para construir los conjuntos de datos (Figura 42):

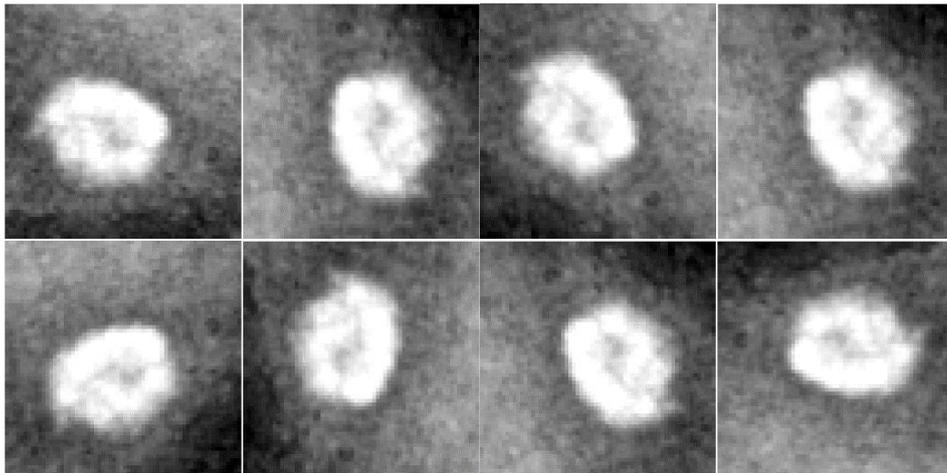


Figura 42. Ejemplo de una lesión de tamaño 64 x 64 de la base de datos CBIS-DDSM (Calc-Training_P_00750_LEFT_CC) con sus correspondientes 7 rotaciones

En la Figura 43 se pueden observar diferentes recortes generados a partir de una lesión incluida en el tamaño 128 x 128 :

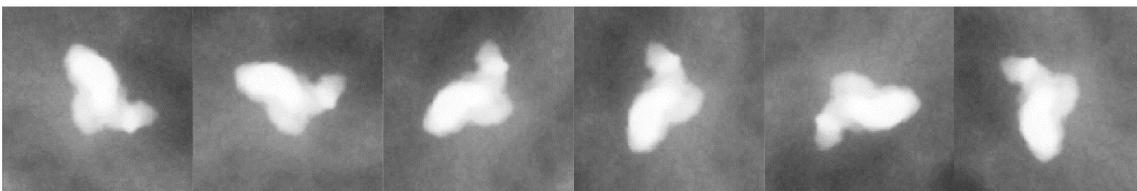


Figura 43. Ejemplo de una lesión de tamaño 128 x 128 de la base de datos CBIS-DDSM (Calc-Training_P_00010_LEFT_CC) con sus correspondientes 5 rotaciones

En la Figura 44 se muestran una lesión original recortada y una rotación de la misma:

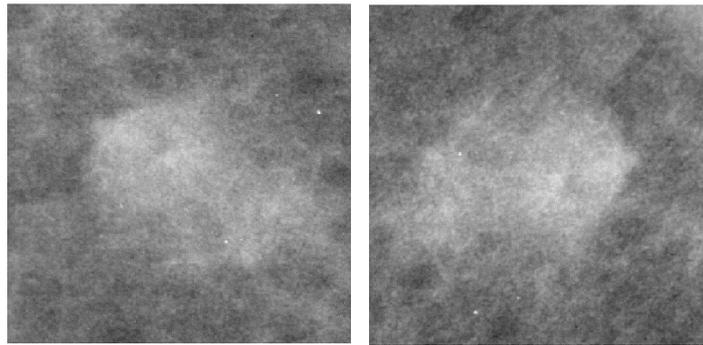


Figura 44. Ejemplo de una lesión de tamaño 192 x 192 de la base de datos CBIS-DDSM (Mass-Test_P_00177_LEFT_CC) con una rotación

Para poder utilizar los datos en la siguiente fase se agrupan todas las matrices numéricas de un tamaño dado en un archivo de texto. Para evitar sesgos a la hora de dividir el conjunto de datos en los bloques de entrenamiento, validación y test las matrices se ordenan de forma aleatoria:

```
[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.txt',...
'Selecciona los archivos que quieres unir:','Multiselect','on');
dd = dir(fullfile(RutaArchivo, '*.txt'));
nom_archivos = {dd.name};

orden_aleatorio=randperm(length(nom_archivos));
for i=1:1:length(nom_archivos)
    f_lista{i}= nom_archivos(orden_aleatorio(i));
end

f_total = fopen(strcat('F:\','TODOSLESIONESMAMO64.txt'),'w');
for i = 1:length(f_lista)
    f_lesion = fopen(strcat(RutaArchivo,f_lista{i}),'r');
    f_linea = fgetl(f_lesion);
    while ischar(f_linea)
        fprintf(f_total,'%s',f_linea);
        fprintf(f_total,'\n');
        f_linea = fgetl(f_lesion);
    end
    fclose(f_lesion);
```

```
end
fclose(f_total);
```

Este archivo de grandes dimensiones se divide en una serie de archivos de menor tamaño (ver Tabla 17) que puedan ser cargados con mayor rapidez en la red neuronal sin producir la saturación de la memoria disponible en la GPU:

Tamaño del recorte	Número de líneas	Número de archivos	Lesiones por archivo
64 x 64	192000	12	250
128 x 128	384000	24	125
192 x 192	576000	60	50
256 x 256	768000	120	25
384 x 384	1152000	150	20

Tabla 17. División de las lesiones disponibles en número de archivos y lesiones por archivo

La rutina que divide los archivos los grandes archivos de texto en varios de tamaño más reducido es la siguiente:

```
clear all

[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex] = uigetfile('*.txt','Selecciona las
imágenes a analizar','Multiselect','off');

RutaCompleta=strcat(RutaArchivo,NombreArchivo);

fid = fopen(RutaCompleta);

numerolineas=0;

tline = fgets(fid);

while ischar(tline)

    numerolineas=numerolineas+1;

    linea{numerolineas}=tline;

    tline = fgets(fid);

end
```

Se establece el número de archivos en los que se desea dividir, que para el caso de tener 3000 recortes de lesiones y otros tanto de no-lesiones es:

```
% n=12; % n=24; % n=60; % n=120; % n=150;
n=150;
```

Se procede a dividir el archivo en otros de menor tamaño, en cuyo nombre aparece la palabra "Parte":

```

for j=1:1:n
    RutaCompletaaux=strcat(RutaArchivo,...
                           NombreArchivo(1:end-4),'Parte',num2str(j),'.txt');
    fid = fopen(RutaCompletaaux,'w');
    for i=((j-1)*(numerolineas/n)+1):1:j*(numerolineas/n)
        fprintf(fid, '%s', linea{i} );
    end
    fclose(fid)
end
end

```

Para posibilitar el aprendizaje supervisado, al igual que en el caso de los nódulos de TC de tórax, se generan los correspondientes archivos de etiquetas. No se incluye por tanto el código con el que se generaron por ser análogo al de esta modalidad. Se asocia el '1' a las lesiones y el '0' para las no-lesiones. El número de archivos de etiquetas coincide con el de recortes para ambos tipos. El número de etiquetas en cada uno de ellos es igual al de lesiones o no-lesiones que contienen.

4.5. Entrenamiento de redes CNN

4.5.1. Definiciones generales

Los requerimientos de software para la utilización de la librería *Theano* incluyen la instalación de la distribución libre y abierta de *Python* llamada *Anaconda*[®] (para la versión 2.7 de *Python*). Tras instalar las bibliotecas *numpy*, *scipy*, *mingw* y *libpython* desde el intérprete de comandos, se procede a descargar el proyecto *Theano* desde el repositorio *GitHub Inc.* y a su instalación.

El código *Python* necesario para el entrenamiento de redes CNN requiere la importación de las librerías necesarias para ejecutar las diferentes instrucciones.

La primera instrucción es necesaria para que el compilador realice una interpretación adecuada de la semántica del código:

```
from __future__ import print_function
```

Los dos módulos siguientes permiten cargar un conjunto de funcionalidades relacionadas con el manejo y manipulación de nombres de archivos, rutas y directorios:

```
import os
import sys
```

El módulo *timeit* permite cronometrar los tiempos de ejecución de fragmentos de código *Python*:

```
import timeit
```

El paquete de cálculo científico *numpy* es la herramienta fundamental ya que implementa una enorme librería de funciones matemáticas avanzadas para trabajar con datos numéricos. En concreto permite realizar múltiples operaciones con *arrays* numéricos multidimensionales y estructuras de datos matriciales de forma eficiente:

```
import numpy as np
```

Otro ingrediente clave utilizado para la creación de sistemas de IA es la librería para *Python Theano*, diseñada para definir, optimizar y evaluar expresiones matemáticas sobre matrices multidimensionales de forma eficiente (Theano Development Team, 2016). Entre sus principales ventajas destacan la velocidad, la posibilidad de manejar grandes volúmenes de datos y su uso de la GPU.

Se importan las partes de la librería dedicadas a la manipulación de tensores y a las operaciones de convolución y *pooling*:

```
import theano
import theano.tensor as T
from theano.tensor.signal import pool
from theano.tensor.nnet import conv2d
from theano import shared
```

El funcionamiento del módulo *Theano* se puede configurar modificando los valores por defecto de una serie de atributos denominados *THEANO_FLAGS*. Las opciones de *cycle_detection* y *config.optimizer* permiten aumentar la velocidad del proceso de optimización, mientras que *compute_test_value* permite activar un mecanismo de *Theano* que ejecuta los grafos antes del resto del código y permite detectar los errores con mayor facilidad. La opción *exception_verbosity='high'* aumenta la cantidad de información mostrada durante el proceso de compilación, y permite analizar con mayor facilidad la presencia de errores y conocer el uso de memoria durante los cálculos.

```
theano.config.cycle_detection='fast'
theano.config.compute_test_value = 'warn'
theano.config.exception_verbosity='high'
theano.config.optimizer='fast_compile'
```

Para que el código de *Theano* se compile correctamente en la tarjeta gráfica es necesario que la GPU sea compatible con la plataforma de cálculo en paralelo *CUDA*[®], desarrollada por la corporación *nvidia*. Este conjunto de tecnologías y bibliotecas de funciones permiten acelerar el procesamiento de datos al utilizar el elevado número de núcleos *CUDA*[®] que poseen las tarjetas gráficas en paralelo. Para la ejecución del código de esta Tesis se instaló la versión 10.1, tras comprobar su compatibilidad.

El proceso de implementación de *CUDA* requiere la instalación o actualización de los drivers de la GPU para garantizar su compatibilidad (*NVIDIA GPU Driver*), los ejemplos (*CUDA samples*) y la herramienta de uso de *CUDA* (*CUDA Toolkit*).

Otro requerimiento es la instalación del entorno de desarrollo para sistemas operativos de tipo Windows llamado *Microsoft Visual Studio Community 2013*.

Deben crearse una serie de variables de entorno:

```
Variable: THEANO_FLAGS
Valor: device=cuda0, floatX=float32, nvcc.fastmath=True
Variable: CUDA_PATH
Valor: C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v10.1
Variable: NVCUDASAMPLES_ROOT
Valor: C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA Samples\v10.1
Variable: PATH
Valor:C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA Samples\v10.1\bin,
C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA Samples\v10.1\libnvvp...
```

Se crea un archivo de texto llamado *.theanorc*. en la carpeta de inicio con el siguiente contenido:

```
[global]
device = cuda0
floatX=float32

[nvcc]
flags=--machine=64

[cuda]
root = C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v10.1

[dnn]
library_path = C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v10.1\lib\x64
include_path = C:\Program Files\NVIDIA GPU Computing Toolkit\CUDA\v10.1\include

[lib]
gpuarray.preallocate=1
```

4.5.2. Definición de las capas de convolución

En *Theano*, una capa de convolución se define como una clase, que se denominará *LeNetConvPoolLayer* (*object*).

Los parámetros de entrada requeridos para definir este de tipo de clase son:

- *rng*: Generador de números aleatorios utilizado para inicializar el valor de los *pesos*

- *input*: Define el conjunto de datos de entrada a la capa. Es un elemento del tipo *theano.tensor.dtensor4* cuyas dimensiones deben coincidir con las especificadas por el parámetro *image_shape*.
- *filter_shape*: Establece las características de los filtros que se aplicarán para procesar el conjunto de datos de entrada. Se trata de una tupla de cuatro elementos de longitud que establecen por orden: el número de *kernels* o filtros en cada una de las capas, el número de mapas de caracteres de entrada y las dimensiones de cada filtro (altura y anchura).
- *image_shape*: Establece las características de los datos o mapas de caracteres de entrada que alimentan la capa. Al igual que en el caso anterior se trata de una tupla de cuatro elementos que definen el tamaño del subconjunto o lote de imágenes (*batch_size*) en los que se subdividen los datos, el número de mapas de caracteres de entrada y las dimensiones de los datos de entrada (filas y columnas de las imágenes expresadas en píxeles).
- *pool_size*: En *Theano* la operación de *pooling* está incluida en la propia capa de convolución. Se define como una lista de dos enteros que indican la reducción dimensional que se aplica en cada dirección a los datos de salida de la capa.

De acuerdo con lo anterior, la definición de esta clase sería:

```
class LeNetConvPoolLayer(object):
    def __init__(self, rng, input, filter_shape, image_shape, poolsize=(i, j)):
```

Mediante la siguiente instrucción se comprueba que el segundo elemento de las tuplas de filtros y de imagen es el mismo:

```
assert image_shape[1] == filter_shape[1]
```

El número de elementos de entrada a cada una de las neuronas se define como el producto de los tres últimos elementos de la tupla *filter_shape*, es decir, el número de mapas de cada filtro (1 en este caso) multiplicado por el tamaño de matriz del filtro, según la instrucción:

```
fan_in = numpy.prod(filter_shape[1:])
```

El número de elementos de salida (que sirven como entrada a la neurona de la capa siguiente) se obtiene como el producto del número de filtros de la capa por el tamaño de matriz del filtro, teniendo en cuenta la reducción dimensional debido al uso de la operación de *pooling*.

```
fan_out = (filter_shape[0] * numpy.prod(filter_shape[2:]))
// numpy.prod(poolsize)
```

La inicialización de los valores de los *pesos* se realiza a partir de valores aleatorios que siguen una distribución uniforme (siguiendo el método de *Glorot*):

```
W_bound = numpy.sqrt(6. / (fan_in + fan_out))
self.W = theano.shared(numpy.asarray(\
    rng.uniform(low=-W_bound, high=W_bound, size=filter_shape), \
    dtype=theano.config.floatX), borrow=True)
```

En el caso de los *offsets* su valor inicial se establece en 0:

```
b_values = numpy.zeros((filter_shape[0],), dtype=theano.config.floatX)
self.b = theano.shared(value=b_values, borrow=True)
```

La operación de convolución debe realizarse entre una imagen o mapa de entrada y un filtro. Para ello se emplea la función *conv2d*:

```
conv_out=conv2d( input=input, filters=self.W, filter_shape=filter_shape,\
                 image_shape=image_shape)
```

Al resultado de la convolución anterior se le aplica la operación de *max-pooling*, donde *poolsize* es una tupla de dos números que indica el grado de reducción dimensional. El parámetro de entrada *ignore_border=True* es necesario para el uso de las librerías de cálculo de DL de CUDA® (cuDNN):

```
pooled_out = pool.pool_2d(input=conv_out, ds=poolsize, ignore_border=True)
```

Una de las funciones de activación neuronal utilizada es la tangente hiperbólica. Para poder añadir el término de *offset*, hay que tener en cuenta que es un vector unidimensional, por lo que hay que convertirlo en una tupla de dimensión 4 mediante la función *dimshuffle()*. Por tanto, el resultado de la aplicación de una clase *LeNetConvPoolLayer* (suma de convolución y *pooling*) será:

```
self.output = T.tanh(pooled_out + self.b.dimshuffle('x', 0, 'x', 'x'))
```

En caso de utilizar como función de activación la unidad lineal rectificadora (*ReLU*), esta instrucción se convierte en:

```
self.output = T.nnet.relu(pooled_out + self.b.dimshuffle('x', 0, 'x', 'x'))
```

Finalmente se almacenan los parámetros de la capa, manteniendo un registro de los datos de entrada al modelo:

```
self.params = [self.W, self.b]
self.input = input
```

Se añade a la clase la función *params* que devuelve los parámetros de la misma:

```
def params (self):
    return (self.W,self.b)
```

4.5.3. Definición de la capa completamente conectada

Una capa oculta tipo perceptrón multicapa que contiene neuronas completamente conectadas se puede definir como una clase del tipo *HiddenLayer (object)*, con los siguientes parámetros de entrada:

```
class HiddenLayer(object):
```

- *rng*: Generador de números aleatorios utilizado para inicializar el valor de los *pesos*.
- *input*: Define el conjunto de datos de entrada a la capa en forma de un tensor de dimensión (*n_examples*, *n_in*).
- *n_in*: Dimensión de cada uno de los elementos de los datos de entrada. Variable de tipo entero.
- *n_out*: Número de neuronas de la capa oculta (dimensión de salida de la capa). Variable de tipo entero.
- *activation*: Tipo de función de activación neuronal. Es la encargada de introducir la no-linealidad en esta capa oculta. Para la tangente hiperbólica:

```
def __init__(self, rng, input, n_in, n_out, W=None, b=None, activation=T.tanh):
```

La no-linealidad la introduce esta función al calcular la salida de una determinada neurona: $\tanh(\text{input} \cdot W + b)$

Para la función de activación ReLU:

```
def __init__(self, rng, input, n_in, n_out, W=None, b=None, activation=T.nnet.relu):
```

- La matriz de *pesos* *W* tiene la forma (*n_in*, *n_out*) y es un tensor de tipo simbólico. Se inicializa con valores aleatorios uniformemente distribuidos en el intervalo $\sqrt{-6. / (n_{in} + n_{hidden})}$ y $\sqrt{6. / (n_{in} + n_{hidden})}$. Los valores óptimos de inicialización de los *pesos* dependen de la función de activación utilizada entre otros parámetros, aunque no presentan una influencia significativa en los resultados finales tras un entrenamiento suficiente.
- El vector de offsets *b* tiene la forma (*n_out*,)

Comienzan las instrucciones contenidas en la función `__init__`:

```
self.input = input
```

Se convierte el formato de la matriz de *pesos* al tipo `theano.config.floatX` usando la función `asarray` para poder ejecutar el código en la GPU.

```
if W is None:
    W_values = numpy.asarray(rng.uniform(low=-numpy.sqrt(6. / (n_in + n_out)), \
        high=numpy.sqrt(6. / (n_in + n_out)), size=(n_in, n_out)), \
        dtype=theano.config.floatX)
    W = theano.shared(value=W_values, name="W", borrow=True)
if b is None:
    b_values = numpy.zeros((n_out,), dtype=theano.config.floatX)
    b = theano.shared(value=b_values, name="b", borrow=True)
```

```
self.W = W
self.b = b
```

La salida se calcula como el producto escalar de los *pesos* de la capa y los datos de entrada, añadiendo los correspondientes *offsets*:

```
lin_output = T.dot(input, self.W) + self.b
self.output = (lin_output if activation is None
               else activation(lin_output))
```

Se almacenan los parámetros del modelo y se registra el modelo de entrada:

```
self.params = [self.W, self.b]
self.input = input
```

Para obtener los parámetros se define la función *params*:

```
def params (self):
    return (self.W, self.b)
```

4.5.4. Definición del clasificador de Regresión Logística

El clasificador de regresión logística queda determinado por una matriz de *pesos* y vector de *offsets*. La clasificación se basa en proyectar los datos sobre un conjunto de hiperplanos. La distancia a cada uno de ellos se utiliza para obtener una probabilidad de pertenencia a cada una de las clases. Se define como una clase:

```
class LogisticRegression(object):
```

Se inicializan los parámetros del clasificador. Como datos de entrada admite tensores del tipo *theano.tensor.TensorType*, cuyo contenido viene descrito posteriormente. Los otros dos parámetros, de tipo entero, son *n_in* y *n_out* representan el número de unidades de entrada (número de dimensiones espaciales de los datos de entrada) y el número de unidades de salida (dimensionalidad del espacio en el que se clasifican los resultados) respectivamente:

```
def __init__(self, input, n_in, n_out):
```

Los parámetros *W* y *b* se definen como variables globales (*theano.shared*) para que sean accesibles de forma global en las diferentes llamadas a la función que se realicen de forma recurrente en las diferentes iteraciones del proceso de entrenamiento. Se inicializa con ceros la matriz de *pesos* *W*, cuyo tamaño es *n_in*n_out*.

```
self.W = theano.shared(value=numpy.zeros(n_in * n_out, \
                                         dtype=theano.config.floatX).reshape(n_in, n_out), name='W', borrow=True)
```

Se inicializa también el vector de *offsets* a cero:

```
self.b = theano.shared(value=numpy.zeros(n_out, dtype=theano.config.floatX),\
                        name='b', borrow=True)
```

Se calcula el vector de probabilidades de pertenencia a cada clase en forma simbólica. Para ello se utiliza la función *T.nnet.softmax* que convierte un vector de datos numéricos en uno de probabilidades, donde cada probabilidad es proporcional a la escala relativa de cada valor del vector. Como argumento se introduce el producto escalar de los datos de entrada y los *pesos* más los *offsets*:

```
self.p_y_given_x = T.nnet.softmax(T.dot(input, self.W) + self.b)
```

Para calcular la predicción que corresponde a la clase cuya probabilidad es máxima en forma simbólica, se recurre a la función *numpy.argmax()*. Devuelve los índices del elemento máximo de un array a lo largo de un eje particular.

```
self.y_pred = T.argmax(self.p_y_given_x, axis=1)
```

Se agrupan los dos tipos de parámetros del modelo:

```
self.params = [self.W, self.b]
```

Se lleva la cuenta de los datos de entrada al modelo:

```
self.input = input
```

La clase Regresión Logística incorpora una serie de funciones adicionales. La primera devuelve el valor de verosimilitud logarítmica negativa asociado a la predicción del modelo para una distribución determinada.

```
def negative_log_likelihood(self, y):
```

El parámetro *y*, de tipo *theano.tensor.TensorType* es un vector que representa la etiqueta correcta para cada ejemplo introducido en el modelo, necesaria para el aprendizaje supervisado.

```
    return -T.mean(T.log(self.p_y_given_x)[T.arange(y.shape[0]), y])
```

La segunda función devuelve un número que representa el número de errores en un conjunto de datos de entrada (*minibatch*) con respecto al total de ejemplos incluidos en el *minibatch*.

```
def errors(self, y):
```

Se comprueba que la clase predicha por el modelo, *y_pred*, tiene la misma dimensión que *y*, así como que el tipo de datos de *y* es el adecuado. El vector *T.neq* devuelve un vector de ceros y unos, donde 1 representa un error en la predicción.

```
if y.ndim != self.y_pred.ndim:
    raise TypeError('y should have the same shape as self.y_pred',\
                    ('y', y.type, 'y_pred', self.y_pred.type))
if y.dtype.startswith('int'):
```

```

        return T.mean(T.neq(self.y_pred, y))
    else:
        raise NotImplementedError()

```

El resto de funciones calcula los parámetros de la matriz de confusión, es decir TP (VP), TN (VN), FN (FN) y FP (FP), teniendo en cuenta los valores que toman los vectores de la clase predicha y la clase verdadera.

```

def TP(self, y, n_out):
    TP = T.sum(T.eq(self.y_pred+y, numpy.full(n_out,2)))
    return TP

def TN (self, y, n_out):
    TN = T.sum(T.eq(self.y_pred+y, numpy.zeros(n_out)))
    return TN

def FN (self, y, n_out):
    FN = T.sum(T.eq(y-self.y_pred, numpy.ones(n_out)))
    return FN

def FP (self, y, n_out):
    FP = T.sum(T.eq(self.y_pred-y, numpy.ones(n_out)))
    return FP

```

Por último, se establecen los parámetros del modelo:

```

def params (self):
    return (self.W,self.b)

```

4.5.5. Importación de datos en el modelo

Para importar los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test se define la función *load_data*. Se importa el método *walk*, que obtiene los nombres de los archivos en el interior de una carpeta cuya ruta debe especificarse.

```

def load_data(dataset1,dataset2):
    from os import walk

```

El primer conjunto de datos contiene los recortes que se corresponde a no-lesiones:

```

SANOS = []

for (dirpath, dirnames, filenames) in walk(dataset1+"IMG"):
    SANOS.extend(filenames)

```

```
break
```

Para leer todos los archivos que corresponden a no-lesiones se utiliza la función *readlines*, que evita leer la última línea del archivo, al estar en blanco.

```
totalxS = []
for i in range(0, len(SANOS)):
    file_in = open(dirpath+"/"+SANOS[i], 'r')
    for line in file_in.readlines():
        line=np.fromstring(line, dtype=float, sep='\t')
        totalxS.append(line)
```

Se cargan todos los archivos de etiquetas, obteniendo en primer lugar todas sus rutas y se leen posteriormente los archivos línea a línea con la función *readlines*.

```
ETIQUETASANOS = []
for (dirpath, dirnames, filenames) in walk(dataset1+"ETI"):
    ETIQUETASANOS.extend(filenames)
    break
totalyS = []
for i in range(0, len(ETIQUETASANOS)):
    file_in = open(dirpath+"/"+ETIQUETASANOS[i], 'r')
    for line in file_in.readlines():
        line=np.fromstring(line, dtype=float, sep='\t')
        totalyS.append(line)
    totalyS2=np.array(totalyS)
    totalyS2=totalyS2.flatten()
```

A continuación, se procede de forma análoga con el conjunto de recortes correspondientes a las lesiones.

```
LESIONES = []
for (dirpath, dirnames, filenames) in walk(dataset2+"IMG"):
    LESIONES.extend(filenames)
    break
totalxN = []
for i in range(0, len(LESIONES)):
    file_in = open(dirpath+"/"+LESIONES[i], 'r')
    for line in file_in.readlines():
```

```

line=np.fromstring(line, dtype=float, sep='\t')
totalxN.append(line)

```

Terminando por las etiquetas de las lesiones:

```

ETIQUETASNODULOS = []
for (dirpath, dirnames, filenames) in walk(dataset2+"ETI"):
    ETIQUETASNODULOS.extend(filenames)
    break
totalyN = []
for i in range(0, len(ETIQUETASNODULOS)):
    file_in = open(dirpath+"/"+ETIQUETASNODULOS[i], 'r')
    for line in file_in.readlines():
        line=np.fromstring(line, dtype=float, sep='\t')
        totalyN.append(line)
    totalyN2=np.array(totalyN)
    totalyN2=totalyN2.flatten()

```

Se realiza la partición del total de datos disponibles entre los tres conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test. Se crean las 6 variables para almacenar cada conjunto de datos.

```

train_set_x=[]
train_set_y=[]
valid_set_x=[]
valid_set_y=[]
test_set_x=[]
test_set_y=[]

```

Se define el tamaño de matriz para el modelo con el que se está trabajando, pudiendo tomar los valores *tamanno*= 16, 24, 32, 40 y 48 para TC de tórax y *tamanno*= 64, 128, 192, 256 y 384 para mamografía.

```

n=0
tamanno=256

```

Se establecen tres valores de corte para cada uno de los tamaños de matriz. El primero delimita los valores de entrenamiento, el segundo los de validación y el tercero los de test.

En el caso del TC de tórax el procedimiento para establecer los valores de corte consiste en obtener el máximo número de *batches* de tamaño 626 que pueden incluirse en el total de nódulos disponibles. Estos *batches* se reparten de forma que el valor más próximo al 75%

corresponde a entrenamiento y la parte restante se divide al 12.5% para los otros dos conjuntos de datos. El valor de corte se establece como $N^{\circ} \text{ lotes} / 2 * \text{Tamaño del lote (batch)}$. El único tamaño de recorte para el que se utilizan todos los nódulos es el 16 x 16.

```
a16=[48828,56966,65104]
#a24=[61974,72303,82632]
#a32=[72616,84823,97030]
#a40=[78250,91083,103916]
#a48=[79502,92648,105794]
```

En el caso de mamografía, se dispone de 3000 recortes de lesiones y 3000 de no-lesiones para cada tamaño de matriz, por lo que los valores de transición entre los diferentes conjuntos son los mismos,

```
a64=[2250,2625,3000]
#a128=[2250,2625,3000]
#a192=[2250,2625,3000]
#a256=[2250,2625,3000]
#a384=[1125,1313,1500]
```

Se concatenan uno a uno de forma alternada los recortes correspondientes a lesiones y no-lesiones para formar los diferentes conjuntos de datos. Se procede de igual manera con los archivos de etiquetas. En los siguientes bloques de código aparece el vector *a64*, aunque su valor depende de la red CNN entrenada. El primero es el conjunto de datos de entrenamiento:

```
for n in range(0,a64[0]):
    line=np.concatenate(totalxN[n*tamanno:(n+1)*tamanno])
    train_set_x.append(line)
    line=np.concatenate(totalxS[n*tamanno:(n+1)*tamanno])
    train_set_x.append(line)
    line=totallyN2[n]
    train_set_y.append(line)
    line=totallyS2[n]
    train_set_y.append(line)
```

Para el conjunto de datos de validación:

```
for n in range(a64[0],a64[1]):
    line=np.concatenate(totalxN[n*tamanno:(n+1)*tamanno])
    valid_set_x.append(line)
    line=np.concatenate(totalxS[n*tamanno:(n+1)*tamanno])
```

```

valid_set_x.append(line)

line=totalyN2[n]

valid_set_y.append(line)

line=totalyS2[n]

valid_set_y.append(line)

```

Y por último para los datos de test:

```

for n in range(a64[1],a64[2]):

    line=np.concatenate(totalxN[n*tamanno:(n+1)*tamanno])

    test_set_x.append(line)

    line=np.concatenate(totalxS[n*tamanno:(n+1)*tamanno])

    test_set_x.append(line)

    line=totalyN2[n]

    test_set_y.append(line)

    line=totalyS2[n]

    test_set_y.append(line)

```

Para poder utilizar la GPU para ejecutar los cálculos, se convierten los archivos creados, que son de tipo *list*, a tipo *tuple*, utilizando la siguiente función. Se modifica la expresión *borrow=borrow* a *borrow=True* para aumentar la cantidad de memoria utilizada:

```

def shared_dataset(data_x,data_y, borrow=True):

    shared_x = shared(value=numpy.asarray(data_x,\

        dtype=theano.config.floatX),name='shared_x',borrow='true')

    shared_y = shared(value=numpy.asarray(data_y,\

        dtype=theano.config.floatX),name='shared_y',borrow='true')

    return shared_x, T.cast(shared_y,'int32')

```

Cada conjunto de datos se transforma utilizando la función *shared_dataset*:

```

test_set_x,test_set_y = shared_dataset(test_set_x,test_set_y)

valid_set_x,valid_set_y = shared_dataset(valid_set_x,valid_set_y)

train_set_x,train_set_y = shared_dataset(train_set_x,train_set_y)

rval=[(train_set_x,train_set_y),(valid_set_x,valid_set_y),\

    (test_set_x,test_set_y)]

return rval

```

En caso de requerir que la carga de datos y los cálculos se realice en la CPU, se debe forzar su uso mediante la expresión *theano.tensor._shared*:

```
#shared_x=theano.tensor.shared(numpy.asarray(data_x,\
                                         dtype=theano.config.floatX),borrow=True)

#shared_y = theano.tensor._shared(numpy.asarray(data_y,\
                                         dtype=theano.config.floatX),borrow=True)
```

En la Tabla 18 se ilustra la distribución del total de recortes correspondientes a nódulos y no-nódulos para ser importados en las redes CNN mediante el conjunto de instrucciones explicadas anteriormente. Los datos mostrados son el número total de archivos que contienen ambos tipos de recortes, el número de líneas de datos por archivo y el número de recortes de un determinado tipo que le corresponden. Por último, se muestra el número total de nódulos + no-nódulos que alimentan la CNN.

En la última columna aparece el número de líneas de todos los archivos que contienen nódulos y no nódulos y que se han utilizado a lo largo del proceso.

TC de tórax	Nº de archivos	Líneas por archivo (nódulo o no-nódulo)	Recortes por archivo (nódulo o no-nódulo)	Totales (nódulos + no-nódulos)	Líneas de datos totales
16 x 16	32	65104	4069	130208	2083328
24 x 24	48	82848	3452	165264	3976704
32 x 32	64	97216	3038	194060	6221824
40 x 40	80	104560	2614	207832	8364800
48 x 48	96	106128	2211	211588	10188288

Tabla 18. Número de recortes de nódulos y no-nódulos utilizados para el entrenamiento, validación y test de redes CNN para TC de tórax

Las matrices numéricas correspondientes a los recortes de nódulos y no-nódulos para el tamaño 16 x 16 están almacenadas en 32 archivos. El número total de líneas que contiene es de 2083328. Por tanto, es necesario generar otras tantas etiquetas, una acompañando a cada matriz, siendo su valor 1 para los nódulos y 0 para los no-nódulos.

El número total de líneas que contienen los archivos de nódulos es de 1041664. Por tanto, se generan 65104 etiquetas, de valor 1 en este caso.

Para el conjunto de datos de entrenamiento se utilizaron los 48828 primeros nódulos, y los 48828 primeros no-nódulos, intercalando sus matrices, por lo que se obtuvieron un total de 97656 matrices

En el caso de los conjuntos de datos de menor tamaño el número de recortes utilizados fue de 16276 nódulos y 16276 no-nódulos en cada caso. Para validación se utilizaron los nódulos del 48829-56966 mientras que para test del 56967-65104. Este orden coincide con el de los no-nódulos, intercalándolos al igual que para el entrenamiento.

En la Tabla 19 se muestran datos análogos a los de la Tabla 18, aplicados a las redes de mamografía:

Mamografía	Nº de archivos	Líneas por archivo (lesión o no-lesión)	Recortes por archivo (lesión o no-lesión)	Totales (lesión + no-lesión)	Líneas de datos totales
64 x 64	24	16000	250	6000	384000
128 x 128	48	16000	125	6000	768000
192 x 192	120	9600	50	6000	1152000
256 x 256	240	6400	25	6000	1536000
384 x 384	150	7680	20	3000	1152000

Tabla 19. Número de recortes de lesiones y no-lesiones utilizados para el entrenamiento, validación y test de redes CNN para mamografía

Debido al uso de mayores tamaños de matriz el número de recortes utilizados en este caso es sensiblemente inferior al caso de TC de tórax. Se debe tener en cuenta que el único factor que limita la cantidad de recortes que se pueden utilizar no es la cantidad de matrices de datos, sino su tamaño ya que la realización de cálculos con estos volúmenes de datos consume una mayor cantidad de recursos de memoria de la GPU.

4.5.6. Definición de la arquitectura de la red CNN

El extenso tutorial desarrollado por *LISA Lab* de la Universidad de Montreal (*LISA lab*, 2015) trata sobre la implementación de algoritmos de DL con *Theano*. La configuración de red utilizada en esta investigación está basada en el modelo de *LeNet*, que fue creado y aplicado inicialmente para el reconocimiento de caracteres en documentos. Para el caso de TC de tórax se ha añadido una capa de convolución adicional al modelo original para aumentar la profundidad. En el caso de la mamografía se han utilizado modelos CNN de mayor profundidad, que contiene 4, 5 o 6 capas de convolución.

La arquitectura CNN implementada para la detección de nódulos en TC de tórax contiene 3 capas de convolución, seguidas de una capa completamente conectada de tipo perceptrón y finalmente una capa clasificadora de tipo regresión logística. En la Figura 45 se muestra un diagrama del modelo:

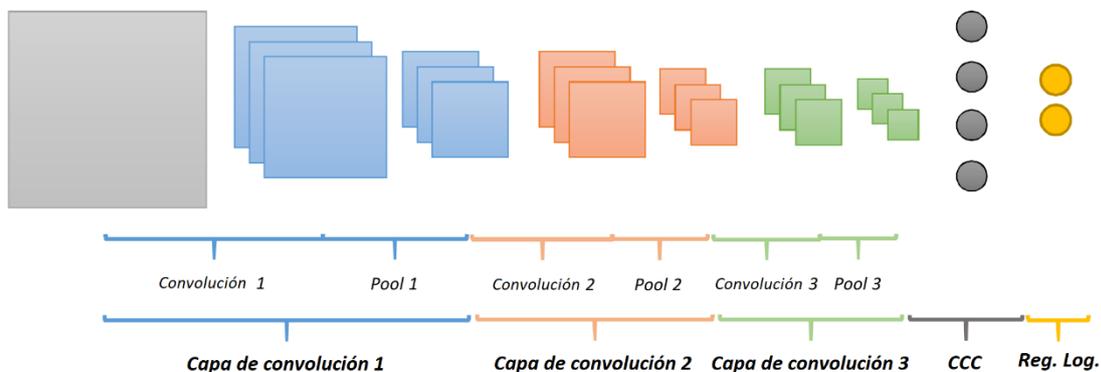


Figura 45. Forma general de la arquitectura CNN utilizada en esta Tesis Doctoral

La influencia de los hiperpárametros ajustables en el funcionamiento de las redes fue comprobada mediante el entrenamiento de diferentes redes CNN. Entre los hiperparámetros que influyen en el comportamiento de las redes CNN se encuentran la constante de tasa de aprendizaje, el número de filtros o *kernels por capa*, sus tamaños y las operaciones de *pooling* utilizadas en cada una de las capas de convolución.

Parámetros de entrada del algoritmo de aprendizaje:

- Constante de tasa de aprendizaje (*learning rate*): factor multiplicativo que se aplica al gradiente de los diferentes parámetros de la red para modificar el valor de los *pesos* en cada una de las actualizaciones del algoritmo de gradiente estocástico. Un valor elevado de este parámetro permite alcanzar el mínimo de la función de coste con mayor velocidad, pero puede obviar mínimos relativos. En las simulaciones realizadas para el caso de los nódulos pulmonares, el valor seleccionado es de 0,1:

```
learning_rate= 0.1 (factor para el algoritmo del gradiente estocástico)
```

- Número de iteraciones generales que realiza el algoritmo, o *epochs*. Durante una *epoch*, el algoritmo actúa sobre todas las imágenes que pertenecen al conjunto de datos de entrenamiento. El número máximo de iteraciones del optimizador es de 200.

```
n_epochs=400
```

- Datos de entrada: Ruta a los archivos que van a servir para el entrenamiento y la comprobación. Se almacenan en las variables *dataset1* (corresponde a los no-nódulos) y *dataset2* (corresponde a los nódulos).
- Número de filtros: se define como una matriz de tantos elementos como capas haya en la red. El valor de cada uno de estos elementos indica el número de filtros que hay en esa capa, por ejemplo:

```
nkerns = [20, 40, 60]
```

- Dimensión de cada uno de los filtros. Se considera que la matriz de cada uno de los filtros es cuadrada, y del mismo tamaño para todos los filtros que pertenecen a una determinada capa. En caso de utilizar matrices de tamaño 3 x 3 en cada una de las tres capas de convolución de la red, se definiría de la siguiente forma:

```
kernel_size = [3, 3, 3]
```

- Tamaño de la operación de *pooling* realizada en cada una de las capas. Se almacena en un vector, cuyo valor es 1 en caso de que no se realice *pooling* en esa capa.

```
pool_size = [2, 1, 1]
```

- Valores de los parámetros de regularización de tipo L1 y L2 implementados en el algoritmo de aprendizaje.

En la parte principal de la rutina se define la arquitectura de la red CNN. Los valores mostrados a continuación son un ejemplo de las muchas simulaciones realizadas en el desarrollo de esta Tesis Doctoral. Los hiperparámetros definidos inicialmente son la tasa de aprendizaje, el número de *epochs* (conjuntos de iteraciones), número de filtros o *kernels por capa*, tamaño de los *kernels* de cada capa, operaciones de *pooling*, tamaño del grupo de imágenes (*batch*), parámetros de

regularización L1 y L2 en caso de utilizarse y tamaño de los recortes. El tipo de datos es real para la tasa de aprendizaje y las constantes de regularización, y entero o vector de enteros para el resto de parámetros.

```
if __name__ == '__main__':  
    learning_rate = 0.1  
    n_epochs = 400  
    nkerns = [20,20,20,20,20,20]  
    kernel_size=[5,5,7,7,5,5]  
    pool_size=[2,1,2,1,2,2]  
    batch_size = 10  
    L1_reg = 0.00  
    L2_reg = 0.00  
    tamanno=256
```

Se define el tamaño de los recortes al final de cada capa de convolución, teniendo en cuenta la reducción dimensional provocada por la convolución con los filtros y la operación de *pooling*, en caso de aplicarse:

```
tamannoconv1=(tamanno-kernel_size[0]+1)/pool_size[0]  
tamannoconv2=(tamannoconv1-kernel_size[1]+1)/pool_size[1]  
tamannoconv3=(tamannoconv2-kernel_size[2]+1)/pool_size[2]  
tamannoconv4=(tamannoconv3-kernel_size[3]+1)/pool_size[3]  
tamannoconv5=(tamannoconv4-kernel_size[4]+1)/pool_size[4]  
tamannoconv6=(tamannoconv5-kernel_size[5]+1)/pool_size[5]
```

La constante de tasa de aprendizaje es un factor numérico que regula la tasa de actualización de los parámetros usada por el algoritmo de gradiente estocástico. El número de *epochs* máximo, tras el cual se detendrá el proceso de entrenamiento si no lo ha hecho antes por otros medios. Las variables relacionadas con los *kernels* son listas o vectores de enteros.

Inicialización del generador de números pseudo-aleatorios:

```
rng = numpy.random.RandomState(23455)
```

Se establecen las rutas a las carpetas que contienen los datos de entrenamiento, validación y test:

```
dataset1="G:/TESIS/PYTHON/NO_LESIONES/" + str(tamanno) + "/"  
print(dataset1)  
dataset2="G:/TESIS/PYTHON/LESIONES/" + str(tamanno) + "/"  
print(dataset2)
```

Se cargan los conjuntos de datos que van a utilizarse en la red neuronal mediante la función *load_data*:

```
datasets = load_data(dataset1, dataset2)
```

La forma de importar los datos antes de introducirlos en la red neuronal hace que *train_set_x* contenga las imágenes que van a usarse para el entrenamiento (tanto lesiones como recortes de tejido sano) y *train_set_y* el vector con las etiquetas de las imágenes para entrenamiento (contiene unos y ceros intercalados). Asimismo, se obtienen *valid_set_x*, *valid_set_y*, *test_set_x*, *test_set_y*.

```
train_set_x, train_set_y = datasets[0]
valid_set_x, valid_set_y = datasets[1]
test_set_x, test_set_y = datasets[2]
```

Se calcula el número de grupos de imágenes (*minibatches*) utilizados para el entrenamiento, validación y test. La barra doble *//* indica la parte entera de la división.

```
n_train_batches = train_set_x.get_value(borrow=True).shape[0] / batch_size
n_valid_batches = valid_set_x.get_value(borrow=True).shape[0] / batch_size
n_test_batches = test_set_x.get_value(borrow=True).shape[0] / batch_size
```

La variable *index* es un entero de 64 bits que indica el número del *minibatch* activo. Los datos de los recortes se presentan como imágenes vectoriales, mientras que las etiquetas se presentan como vectores unidimensionales de números enteros:

```
index = T.lscalar()
x = T.matrix('x')
y = T.ivector('y')
```

Se construye el modelo real, definiendo cada capa con sus parámetros de forma individual. Se utilizan las clases definidas anteriormente.

```
print('... building the model')
layer0_input = x.reshape((batch_size, 1, tamanno, tamanno))
layer0 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer0_input, \
    image_shape=(batch_size, 1, tamanno, tamanno), \
    filter_shape=(nkerns[0], 1, kernel_size[0], kernel_size[0]), \
    poolsize=(pool_size[0], pool_size[0]))
layer1 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer0.output, \
    image_shape=(batch_size, nkerns[0], tamannoconv1, tamannoconv1), \
    filter_shape=(nkerns[1], nkerns[0], kernel_size[1], kernel_size[1]), \
    poolsize=(pool_size[1], pool_size[1]))
```

```

layer2 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer1.output,\
    image_shape=(batch_size, nkerns[1], tamannoconv2, tamannoconv2),\
    filter_shape=(nkerns[2], nkerns[1], kernel_size[2], kernel_size[2]),\
    poolsize=(pool_size[2], pool_size[2]))

layer3 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer2.output,\
    image_shape=(batch_size, nkerns[2], tamannoconv3, tamannoconv3),\
    filter_shape=(nkerns[3], nkerns[2], kernel_size[3], kernel_size[3]),\
    poolsize=(pool_size[3], pool_size[3]))

layer4 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer3.output,\
    image_shape=(batch_size, nkerns[3], tamannoconv4, tamannoconv4),\
    filter_shape=(nkerns[4], nkerns[3], kernel_size[4], kernel_size[4]),\
    poolsize=(pool_size[4], pool_size[4]))

layer5 = LeNetConvPoolLayer(rng, input=layer4.output,\
    image_shape=(batch_size, nkerns[4], tamannoconv5, tamannoconv5),\
    filter_shape=(nkerns[5], nkerns[4], kernel_size[5], kernel_size[5]),\
    poolsize=(pool_size[5], pool_size[5]))

layer6_input = layer5.output.flatten(2)

layer6 = HiddenLayer(rng, input=layer6_input,\
    n_in=int(nkerns[5] * tamannoconv6 * tamannoconv6),\
    n_out=2000, activation=T.tanh)

layer7 = LogisticRegression(input=layer6.output, n_in=2000, n_out=2)

```

La función de coste que se minimiza durante el entrenamiento es la probabilidad logarítmica negativa del modelo. Los términos de regularización se añaden al final del modelo (en este ejemplo aparecen comentados):

```

cost = layer7.negative_log_likelihood(y)
    # + L1_reg*layer3.L1 + L2_reg*layer3.L2_sqr

```

Se crea una función para calcular los errores cometidos por el modelo. Las variables de entrada de una función de *Theano* debe estar contenidas en una lista, incluso en el caso de que haya una entrada única, utilizando en ese caso corchetes para el índice.

```

test_model = theano.function([index], layer7.errors(y),\
    givens={x: test_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
        y: test_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})

validate_model = theano.function([index], layer7.errors(y),\
    givens={x: valid_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\

```

```
y: valid_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size])
```

Se crea una lista de todos los parámetros del modelo que deben de ser ajustados por el algoritmo de descenso de gradiente estocástico:

```
params = layer4.params+layer3.params+layer2.params+layer1.params+layer0.params
```

Se define también una lista de gradientes para todos los parámetros del modelo:

```
grads = T.grad(cost, params)
```

La función *train_model* actualiza los parámetros del modelo mediante el algoritmo de descenso de gradiente estocástico. Debido a que el modelo tiene un elevado número de parámetros, resulta muy laborioso crear de forma manual una regla de actualización para cada parámetro del modelo. En lugar de ello, se crea una lista de actualizaciones de forma automática mediante un bucle sobre todos los pares (*params[i]*, *grads[i]*).

```
updates = [(param_i, param_i - learning_rate * grad_i) for param_i,\n            grad_i in zip(params, grads)]
```

Se construye el modelo de entrenamiento:

```
train_model = theano.function([index], cost, updates=updates,\n                               givens={x: train_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\n                                       y: train_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})\n\n#JORGE Para calcular la training loss function\n\ntrain_loss = theano.function([index], layer4.errors(y), givens={x:\ntrain_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size], y: train_set_y[index\n* batch_size: (index + 1) * batch_size]})
```

Para calcular los verdaderos positivos en cada uno de los tres conjuntos de datos:

```
train_model_TP = theano.function([index], layer4.TP(y,batch_size),\n                                  givens={x: train_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\n                                          y: train_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})\nvalid_model_TP = theano.function([index], layer4.TP(y,batch_size),\n                                  givens={x: valid_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\n                                          y: valid_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})\ntest_model_TP = theano.function([index], layer4.TP(y,batch_size),\n                                 givens={x: test_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\n                                         y: test_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
```

Se procede de forma análoga para el cálculo de los FP, VN y FN:

```
train_model_FP = theano.function([index], layer4.FP(y,batch_size), \
    givens={x: train_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: train_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
valid_model_FP = theano.function([index], layer4.FP(y,batch_size),\
    givens={x: valid_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: valid_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
test_model_FP = theano.function([index], layer4.FP(y,batch_size), \
    givens={x: test_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: test_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})

train_model_TN = theano.function([index], layer4.TN(y,batch_size),\
    givens={x: train_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: train_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
valid_model_TN = theano.function([index], layer4.TN(y,batch_size),\
    givens={x: valid_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: valid_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
test_model_TN = theano.function([index], layer4.TN(y,batch_size),\
    givens={x: test_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: test_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})

train_model_FN = theano.function([index], layer4.FN(y,batch_size),\
    givens={x: train_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: train_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
valid_model_FN = theano.function([index], layer4.FN(y,batch_size),\
    givens={x: valid_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: valid_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
test_model_FN = theano.function([index], layer4.FN(y,batch_size),\
    givens={x: test_set_x[index * batch_size: (index + 1) * batch_size],\
            y: test_set_y[index * batch_size: (index + 1) * batch_size]})
```

Se almacenan los parámetros de cada capa del modelo:

```
layer0_params = layer0.params
```

```

layer1_params = layer1.params
layer2_params = layer2.params
layer3_params = layer3.params
layer4_params = layer4.params
... % las siguientes líneas son opcionales según profundidad de la CNN
layer5_params = layer5.params
layer6_params = layer6.params
layer7_params = layer7.params

```

4.5.7. Entrenamiento mediante aprendizaje supervisado

El método utilizado para optimizar los valores de los parámetros del modelo (*pesos* y *offsets*) es el algoritmo de descenso de gradiente estocástico (SGD), que calcula los gradientes de un conjunto de muestras en lugar de utilizar el conjunto completo de datos de entrenamiento. Una modificación de este algoritmo adecuada para su uso en sistemas de DL ha sido implementada en *Theano* utilizando grupos de muestras llamados *minibatches* para estimar el valor de los gradientes. El número de recortes contenidos en cada *minibatch* viene determinado por el tamaño del *batch*. Su valor puede ser seleccionado arbitrariamente y no tiene apenas impacto en el entrenamiento, siendo su valor de 626 para el caso de nódulos en TC de tórax y 10 para mamografía.

El paso clave de esta parte del entrenamiento es la optimización de la función de pérdidas y el cálculo de su valor sobre los tres tipos de conjuntos de datos. La función utilizada durante el aprendizaje es la de verosimilitud logarítmica negativa (*negative log-likelihood*).

Se crea una hoja de cálculo para almacenar los resultados. Dispondrá de una pestaña llamada 'Entrenamiento' para registrar la evolución del proceso de entrenamiento y otra 'Resumen' que recoge el número de iteraciones y los errores sobre los datos de validación y test.

```

import xlswriter

workbook = xlswriter.Workbook('C:/Users/Usuario/Desktop/Resultados.xlsx')

worksheet1 = workbook.add_worksheet('Entrenamiento')

worksheet2 = workbook.add_worksheet('Resumen')

```

Se inicializa el valor de la primera celda de escritura:

```

row=0
col=0

```

En este momento comienza el proceso de entrenamiento. La definición de los parámetros que controlan el proceso y su detención se describen en el siguiente apartado.

```

print('... training')

```

```

# Parámetros early-stopping
patience = 10000

patience_increase = 10*int(n_train_batches)

# si se encuentra un nuevo mejor resultado prologar 10 epochs
improvement_threshold = 0.995

validation_frequency = min(n_train_batches, patience // 2)

```

Se comprueban los resultados sobre el conjunto de validación en cada *epoch*:

```

best_validation_loss = numpy.inf

best_iter = 0

test_score = 0.

start_time = timeit.default_timer()

epoch = 0

done_looping = False

```

Siempre que no se cumpla alguna de las condiciones necesarias para detener el entrenamiento se ejecutarán sucesivas iteraciones del bucle que comienza a continuación:

```

while (epoch < n_epochs) and (not done_looping):

    epoch = epoch + 1

    for minibatch_index in range(int(n_train_batches)):

```

Se calcula el número de iteraciones teniendo en cuenta el número de *batches* de entrenamiento y el índice del *batch* actual:

```

    iter = (epoch - 1) * n_train_batches + minibatch_index

```

Si el número de iteraciones es múltiplo de 10 se informa en pantalla de la iteración actual, y se calcula la función de coste. Se procede a evaluar los errores como se indica después, con la frecuencia de validación establecida:

```

    if iter % 10 == 0:

        print('training @ iter = ', iter)

        cost_ij = train_model(minibatch_index)

        if (iter + 1) % validation_frequency == 0:

```

Se calculan los errores del modelo y la matriz de confusión completa, VP, FP, VN, y FN, para cada uno de los conjuntos de datos: entrenamiento, validación y test. Para informar del proceso de entrenamiento se escriben en pantalla los errores, sin detrimento de que sus valores sean registrados junto con la matriz de confusión para su posterior análisis.

Se obtiene el total de cada categoría sumando los unos en los vectores correspondientes con la función *numpy.sum*.

```
train_losses = [train_loss(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_loss = numpy.mean(train_losses)
print('epoch %i, minibatch %i/%i, train error %f %%' % \
      (epoch,minibatch_index + 1,n_train_batches,this_train_model_loss * 100.))
# Cálculo de TP en entrenamiento
train_TP= [train_model_TP(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_TP = numpy.sum(train_TP)
# Cálculo de FP en entrenamiento
train_FP= [train_model_FP(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_FP = numpy.sum(train_FP)
# Cálculo de TN de entrenamiento
train_TN= [train_model_TN(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_TN = numpy.sum(train_TN)
# Cálculo de FN de entrenamiento
train_FN= [train_model_FN(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_FN = numpy.sum(train_FN)
```

Para el conjunto de datos de validación:

```
validation_losses = [validate_model(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_validation_loss = numpy.mean(validation_losses)
print('epoch %i, minibatch %i/%i, validation error %f %%' % \
      (epoch, minibatch_index + 1, n_valid_batches, this_validation_loss * 100.))
# Cálculo de TP en validación
valid_TP= [valid_model_TP(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_TP = numpy.sum(valid_TP)
# Cálculo de FP en validación
valid_FP= [valid_model_FP(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_FP = numpy.sum(valid_FP)
# Cálculo de TN en validación
valid_TN= [valid_model_TN(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_TN = numpy.sum(valid_TN)
# Cálculo de FN en validación
```

```

valid_FN= [valid_model_FN(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_FN = numpy.sum(valid_FN)

```

Para el conjunto de datos de test:

```

#JORGE calcular zero-one loss en el test set
test_losses = [test_model(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_loss = numpy.mean(test_losses)
print('epoch %i, minibatch %i/%i, test error %f %%' % \
      (epoch, minibatch_index + 1, n_test_batches, this_test_model_loss * 100.))
# Cálculo de TP en test
test_TP= [test_model_TP(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_TP = numpy.sum(test_TP)
# Cálculo de FP en test
test_FP= [test_model_FP(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_FP = numpy.sum(test_FP)
# Cálculo de TN en test
test_TN= [test_model_TN(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_TN = numpy.sum(test_TN)
# Cálculo de FN en test
test_FN= [test_model_FN(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_FN = numpy.sum(test_FN)

```

En caso de que se haya obtenido el mejor resultado de validación hasta el momento (menor error), se comprueba si la mejora ha sido lo suficientemente importante en base al umbral establecido para incrementar el valor de las iteraciones de entrenamiento (parámetro *patience*) y para almacenar los parámetros del modelo completo (*pesos y offsets* de cada una de las capas).

Para actualizar el valor de *patience* se compara su valor actual con la suma de la iteración actual y el incremento establecido. El mayor de ellos es establecido como nueva *patience*. Por tanto, el momento en el que se produce la mejora es clave para prolongar o detener el proceso de entrenamiento.

```

if this_validation_loss < best_validation_loss:
    if this_validation_loss < best_validation_loss * improvement_threshold:
        patience = max(patience, iter + int(patience_increase))

```

4.5.8. Detención del proceso de aprendizaje

A medida que el proceso de aprendizaje transcurre, el número de *epochs* aumenta. Alargar este proceso de forma indebida no produce una mejora de los resultados y sin embargo puede comprometer la capacidad de generalización de la red. Cuando ocurre esto los parámetros de la red se adaptan para conseguir unos resultados sobre el conjunto de datos de entrenamiento cada vez mejores, no mejorando para los datos de validación y test.

El proceso de detención de la fase de entrenamiento se realiza de siguiendo el método de “*early stopping*”. El número de iteraciones fijado inicialmente solamente se amplía en caso de que se produzca una mejora que supere un umbral determinado. Los parámetros que regulan su funcionamiento son los siguientes:

- *patience*: el valor de este parámetro, que se va actualizando a lo largo del proceso de entrenamiento en caso de que se cumplan una serie de condiciones que se describirán a continuación, es el encargado de interrumpir el proceso. Al final de cada una de las fases de entrenamiento o *epochs* se comprueba si el número de iteraciones es mayor o igual que su valor. En caso afirmativo, el proceso queda interrumpido.

El valor inicial que toma este parámetro y el derivado de sus posteriores actualizaciones debe ser suficientemente elevado como para garantizar que el proceso de ajuste de los parámetros de la red se puede desarrollar durante un número de *epochs* que permita optimizar el valor de la función de pérdidas evaluada sobre el conjunto de datos de validación. Sin embargo, también debe estar controlado, de forma que se evite la aparición del fenómeno del *overfitting* o sobreentrenamiento. Este efecto tiene como consecuencia la pérdida de la capacidad de generalización del modelo desarrollado, a pesar de que la función de pérdidas en los datos de entrenamiento sea muy reducida.

- *patience_increase*: si al final de una determinada *epoch* se ha producido una reducción de la función de pérdida sobre los datos de validación se evalúa una condición que permite actualizar el valor del parámetro *patience*, definido anteriormente.

- *improvement_threshold*: este valor se establece para determinar si el grado de mejora de una etapa de entrenamiento a la siguiente es significativo. Si se produce una reducción del error mayor a este valor, la nueva etapa pase a ser considerada la mejor *epoch* obtenida hasta el momento.

```
improvement_threshold = 0.995
```

La detención del proceso de aprendizaje está controlada por una serie de variables, algunas de las cuales actualizan su valor de forma iterativa en cada *epoch* en función de los resultados obtenidos.

La variable *patience* controla el número total de iteraciones de funcionamiento del algoritmo. Su valor puede sufrir modificaciones si se dan una serie de circunstancias.

El *patience_increase* establece el aumento en el valor de *patience* que se producirá en las sucesivas actualizaciones que se realicen a su valor inicial, de acuerdo a los criterios que se expondrán a continuación. Su valor depende del número de subgrupos de datos de entrenamiento (*n_train_batches*).

```
patience_increase = 10*int(n_train_batches)
```

Al final de cada *epoch* se calculan los errores del modelo para el conjunto de datos de validación y se guardan en la variable *this_validation_loss*. El mejor resultado de todas las transcurridas hasta el momento se almacena en *best_validation_loss*.

Para considerar que se produce una mejora significativa en una *epoch* determinada se establece un umbral, denominado *improvement_threshold* cuyo valor se fija en 0.995 (mejora del 0,5%). De esta forma, si se cumple que $this_validation_loss < 0.995 \cdot best_validation_loss$ se procede a modificar el valor de *patience*, permitiendo que el proceso de optimización continúe durante un número mayor de iteraciones. Cada vez que se produce una mejora en una *epoch* (especialmente si su valor es elevado) se prolonga el proceso de entrenamiento, al considerar que se están produciendo mejoras significativas en los resultados.

El incremento en el número total de iteraciones cuando se produce una mejora se realiza de la siguiente forma:

```
patience = max(patience, iter + int(patience_increase))
```

Teniendo en cuenta esta definición, en las primeras *epoch* no se modifica su valor (dependiendo del valor de inicialización de *patience* así como del número de iteraciones del algoritmo en cada *epoch*, que depende del número de *batches* o subgrupos de recortes). Transcurrido un determinado número de iteraciones el término $iter + int(patience_increase)$ pasará a dominar. Es necesario recordar que esta actualización del parámetro *patience* solo se produce si se cumple la condición mencionada en el párrafo anterior.

- *validation_frequency*: la frecuencia con la se comprueba la exactitud del modelo sobre el conjunto de datos de validación se establece en el mínimo valor numérico del número de grupos de imágenes de entrenamiento y la mitad del valor de *patience*.

```
validation_frequency = min(n_train_batches, patience // 2)
```

4.5.9. Registro del proceso de entrenamiento

Teniendo en cuenta la relación entre la clase real (asignada mediante la etiqueta asociada al recorte) y la clase predicha, el número de VP, VN, FP y FN y los valores de la función de coste se calculan durante el entrenamiento. Se modifica la clase de tipo Regresión Logística del modelo *Lenet* original para para calcular estos valores comparando las etiquetas asignadas con los resultados de la red.

Se crea una hoja de cálculo para almacenar los resultados y monitorizar la evolución del proceso de entrenamiento.

```
import xlswriter

workbook = xlswriter.Workbook('C:/Users/User/Desktop/Resultados.xlsx')

worksheet1 = workbook.add_worksheet('Entrenamiento')

worksheet2 = workbook.add_worksheet('Resumen')

row=0

col=0
```

Se muestra un mensaje que indica el inicio del proceso de entrenamiento y se establecen los parámetros que controlan el método de *early-stopping*. *Patience* toma como valor inicial el número mínimo de iteraciones del proceso, aunque su valor se va actualizando en función de cómo transcurre el entrenamiento, teniendo en cuenta los parámetros *patience_increase* e *improvement_threshold*. En caso de que la mejora en una *epoch* sea significativa se prolonga el entrenamiento durante 10 *epochs* (cuando la paciencia sea mayor de 5000 para TC de tórax o 10000 para mamografía). Se considera una mejora significativa cuando supere lo establecido en *validation_improvement*. La frecuencia con la que se realiza una comprobación sobre los datos de validación la fija la variable *validation_frequency*. Se inicializan los valores de la mejor iteración, error, *epoch* y pérdidas de validación.

```
print('... training')

patience = 10000

patience_increase = 10*int(n_train_batches)

improvement_threshold = 0.995

validation_frequency = min(n_train_batches, patience // 2)

best_validation_loss = numpy.inf

best_iter = 0

test_score = 0.

start_time = timeit.default_timer()

epoch = 0

done_looping = False
```

Siempre que se cumpla que el número de *epoch* sea menor que el valor máximo y la variable *done_looping* tome el valor *False* se continúa con el proceso de entrenamiento:

```
while (epoch < n_epochs) and (not done_looping):

    epoch = epoch + 1

    for minibatch_index in range(int(n_train_batches)):

        iter = (epoch - 1) * n_train_batches + minibatch_index

        if iter % 10 == 0:

            print('training @ iter = ', iter)

            cost_ij = train_model(minibatch_index)

            if (iter + 1) % validation_frequency == 0:
```

Se calcula la función de pérdidas sobre el conjunto de datos de validación (*zero-one loss*), presentando los resultados en pantalla.

```
validation_losses = [validate_model(i) for i in range(int(n_valid_batches))]

this_validation_loss = numpy.mean(validation_losses)

print('epoch %i, minibatch %i/%i, validation error %f %%' %\
```

```
(epoch, minibatch_index + 1, n_valid_batches, this_validation_loss * 100.)
```

Se realiza el cálculo numérico de los parámetros de la matriz de confusión en la *epoch* actual:

```
#Calcular VP
valid_TP= [valid_model_TP(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_TP = numpy.sum(valid_TP)

#Calcular FP
valid_FP= [valid_model_FP(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_FP = numpy.sum(valid_FP)

#Calcular VN
valid_TN= [valid_model_TN(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_TN = numpy.sum(valid_TN)

#Calcular FN
valid_FN= [valid_model_FN(i) for i in range(int(n_valid_batches))]
this_valid_model_FN = numpy.sum(valid_FN)
```

Se calcula la función de pérdidas sobre el conjunto de datos de entrenamiento (*zero-one loss*), presentando los resultados en pantalla.

```
train_losses = [train_loss(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_loss = numpy.mean(train_losses)
print('epoch %i, minibatch %i/%i, train error %f %%' %\
      (epoch, minibatch_index + 1, n_train_batches, this_train_model_loss * 100.))
```

Se realiza el cálculo numérico de los parámetros de la matriz de confusión en la *epoch* actual:

```
train_TP= [train_model_TP(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_TP = numpy.sum(train_TP)

train_FP= [train_model_FP(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_FP = numpy.sum(train_FP)

train_TN= [train_model_TN(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_TN = numpy.sum(train_TN)

train_FN= [train_model_FN(i) for i in range(int(n_train_batches))]
this_train_model_FN = numpy.sum(train_FN)
```

Se calcula la función de pérdidas sobre el conjunto de datos de test (*zero-one loss*), presentando los resultados en pantalla.

```
test_losses = [test_model(i) for i in range(int(n_test_batches))]
```

```

this_test_model_loss = numpy.mean(test_losses)

print('epoch %i, minibatch %i/%i, test error %f %%' %\
      (epoch, minibatch_index + 1, n_test_batches, this_test_model_loss * 100.))

```

Se realiza el cálculo numérico de los parámetros de la matriz de confusión para los datos de test en la *epoch* actual:

```

test_TP= [test_model_TP(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_TP = numpy.sum(test_TP)

test_FP= [test_model_FP(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_FP = numpy.sum(test_FP)

test_TN= [test_model_TN(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_TN = numpy.sum(test_TN)

test_FN= [test_model_FN(i) for i in range(int(n_test_batches))]
this_test_model_FN = numpy.sum(test_FN)

```

4.5.10. Almacenamiento de los parámetros de la red

El almacenamiento de los diferentes parámetros de cada una de las capas de la red se realiza siguiendo el método que se describe a continuación. Hay que tener en cuenta que resulta imprescindible disponer de estos valores para poder emplear una red entrenada y ajustada en la práctica.

Cada una de las capas viene caracterizada, como se ha explicado anteriormente por una matriz de *pesos* o *weights* (W) y por un vector de *offsets* (b).

Para guardar los parámetros de cualquier capa (por ejemplo, la capa de entrada a la red o capa 0) en una variable, se utilizan las instrucciones:

```
capa0=layer0.params
```

A continuación, se abre un documento de tipo *.csv* para escribir los *pesos* y otro para los *offsets*:

```

fW=open('.../layer0W.csv', 'w')
fb=open('.../layer0b.csv', 'w')

```

Los *pesos* se encuentran en *capa0[0]* y los *offsets* en *capa0[1]*. Para comprobar la dimensión de cada uno de ellos se utilizan las siguientes instrucciones:

```

capa0[0].get_value().shape      # función de la arquitectura considerada
capa0[1].get_value().shape      # función de la arquitectura considerada

```

Para visualizar todos sus valores o acceder a ellos se emplea la propiedad *.eval()*:

```
capa0[0][:].eval()
capa0[1][:].eval()
```

Sin embargo, para poder guardarlos en un archivo se emplean diferentes instrucciones según se trate de matrices o vectores, ya que es necesario acceder individualmente a cada dimensión de la matriz de *pesos*. Al finalizar el proceso de escritura se cierra el archivo para poder acceder a su contenido con la propiedad `.close()`.

```
# Caso de matriz de pesos
for iind in range(nkerns[0]):
    escribe=capa0[0][iind][0][:].eval()
    np.savetxt(fW,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
    fW.close()
# Caso de vector de offsets
escribe=capa0[1][:].eval()
np.savetxt(fb,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
fb.close()
```

En el caso de capas de orden superior el número de parámetros a almacenar varía. Por ejemplo, la capa 1 (segunda capa de convolución) tendrá una estructura algo diferente al caso anterior. Se observa que la segunda dimensión tiene ahora un valor numérico que depende del número de *kernels* de la anterior capa:

```
capa1[0].get_value().shape # (40L, 30L, 3L, 3L)
capa1[1].get_value().shape # (40L,)
```

Para almacenar los parámetros de esta capa se accederá a ellos de la siguiente forma:

```
for iind in range(nkerns[1]):
    for jind in range(nkerns[0]):
        escribe=capa1[0][iind][jind][:].eval()
        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
```

En el caso de los *offsets* se realiza de forma análoga a la capa 0.

El almacenamiento de los parámetros solamente se realiza al final de aquellas *epoch* en las que se ha producido una mejora considerable de resultados, ya que la escritura de todos los parámetros ralentiza el proceso de entrenamiento. Además, se debe cumplir que el error de validación sea inferior a un porcentaje para proceder a la escritura de los parámetros entrenados. Este valor se ha establecido teniendo en cuenta los resultados obtenidos en los primeros procesos de entrenamiento, tanto en el caso de los nódulos pulmonares, como en de las lesiones de mamografía, para conseguir que no únicamente se actualizarán los valores en las *epoch* de interés.

En caso de que el error de validación sea menor que un determinado umbral se procede a la escritura de los parámetros del modelo. Este proceso aumenta el tiempo de entrenamiento, ya que implica escribir decenas de miles de datos en archivos de texto. Por ello el valor del umbral debe escogerse cuidadosamente para no ralentizar el proceso escribiendo al final de cada *epoch* ni un valor demasiado alto como para no almacenar al menos una vez el mejor resultado obtenido.

El proceso de escritura depende el número de capas del modelo. Existen cuatro tipos de modelos en esta investigación: con 3, 4, 5 o 6 capas de convolución, es decir 5, 6, 7 y 8 capas en total. En el siguiente bloque se detallan las instrucciones necesarias para el caso de 6 capas de convolución:

Los *pesos* se guardan en archivos llamados *layerxW.csv* y los *offsets* en *layerxb.csv*, donde x es el número de capa, que comienza en 0.

En primer lugar, se cargan los parámetros de la capa correspondiente. Se accede al conjunto de *pesos* asociados al primer filtro de la primera capa de convolución mediante *capa0[0][0][0][:]*, donde el segundo índice puede tomar valores desde 0 hasta el número de *kernels* de la capa. Los *offsets* se almacenan en *capa0[1][:]*.

```
if this_validation_loss < 0.15: # establecer un umbral adaptado al problema
    capa0=layer0.params
    f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer0W.csv','w')
    for iind in range(nkerns[0]):
        escribe=capa0[0][iind][0][:].eval()
        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
    f.close()
    f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer0b.csv','w')
    escribe=capa0[1][:].eval()
    np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
    f.close()
```

La segunda capa de convolución contiene un mayor número de parámetros, al ser los datos del volumen de entrada tridimensionales, a diferencia de la primera capa, alimentada con recortes de imagen bidimensionales. El segundo índice recorre el número de *kernels* de la segunda capa y el tercer índice los de la primera capa.

```
capa1=layer1.params
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer1W.csv','w')
for iind in range(nkerns[1]):
    for jind in range(nkerns[0]):
        escribe=capa1[0][iind][jind][:].eval()
        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
```

```

f.close()

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer1b.csv','w')

escribe=capa1[1][:].eval()

np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')

f.close()

```

El caso de la tercera capa de convolución es análogo al de la segunda, teniendo en cuenta los cambios de índice de las variables *nkerns* y *capa*.

```

capa2=layer2.params

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer2W.csv','w')

for iind in range(nkerns[2]):

    for jind in range(nkerns[1]):

        escribe=capa2[0][iind][jind][:].eval()

        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')

f.close()

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer2b.csv','w')

escribe=capa2[1][:].eval()

np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')

f.close()

```

Sin embargo, todos los de TC de tórax utilizan 3 capas de convolución, por lo que, en esos casos a continuación se escribirían los pesos de la capa completamente conectada, como se expondrá más adelante. La cuarta capa de convolución forma parte de los modelos de mamografía entrenados.

```

capa3=layer3.params

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer3W.csv','w')

for iind in range(nkerns[3]):

    for jind in range(nkerns[2]):

        escribe=capa3[0][iind][jind][:].eval()

        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')

f.close()

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer3b.csv','w')

escribe=capa3[1][:].eval()

np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')

f.close()

```

Para la quinta capa de convolución se procede como sigue:

```
capa4=layer4.params
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer4W.csv','w')
for iind in range(nkerns[4]):
    for jind in range(nkerns[3]):
        escribe=capa4[0][iind][jind][:].eval()
        np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer4b.csv','w')
escribe=capa4[1][:].eval()
np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
```

Y la sexta y última capa de convolución:

```
capa5=layer5.params
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer5W.csv','w')
for iind in range(nkerns[5]):
    for jind in range(nkerns[4]):
        escribe=capa4[0][iind][jind][:].eval()
np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer5b.csv','w')
escribe=capa5[1][:].eval()
np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
```

La capa de neuronas completamente conectadas tiene un número de neuronas igual al número de elementos que componen el volumen de salida de la última capa de convolución (en este caso la sexta), y se corresponde con $nkerns[5]*tamannoconv6*tamannoconv6$.

```
capa6=layer6.params
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer6W.csv','w')
for iind in range(int(nkerns[5]*tamannoconv6*tamannoconv6)):
    escribe=capa6[0][iind][:].eval()
    np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
```

```

f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer6b.csv','w')
escribe=capa6[1][:].eval()
np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()

```

La capa del clasificador de regresión logística dispone de dos neuronas y tantas conexiones o pesos para cada una de ellas como tamaño tenga el *batch* de imágenes utilizado.

```

capa7=layer7.params
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer7W.csv','w')
for iind in range(int(batch_size)):
    escribe=capa7[0][iind][:].eval()
    np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()
f=open('C:/Users/Usuario/Desktop/layer7b.csv','w')
escribe=capa7[1][:].eval()
np.savetxt(f,escribe,fmt='%.8f',delimiter='\t')
f.close()

```

Se escribe el número de *epoch* con mejor resultado de validación:

```

f = open('C:/Users/Usuario/Desktop/epoch.csv','w')
f.write('%d' % epoch)
f.close()

```

Se calcula el error de test en caso de que estemos en la mejor *epoch*, mostrando el resultado en pantalla:

```

best_validation_loss = this_validation_loss
best_iter = iter

# test it on the test set
test_losses = [test_model(i) for i in range(int(n_test_batches))]
test_score = numpy.mean(test_losses)
print(('epoch %i, minibatch %i/%i, test error of ' 'best model %f %%') %\
      (epoch, minibatch_index + 1, n_train_batches, test_score * 100.))

if patience <= iter:
    done_looping = True

```

```
break
```

En la hoja de cálculo creada anteriormente, que consta de dos pestañas, se escribe el conjunto de parámetros de la matriz de confusión para cada *epoch* junto con un resumen de resultados:

```
worksheet1.write(row, col, this_train_model_TP)
worksheet1.write(row, col+1, this_train_model_FP)
worksheet1.write(row, col+2, this_train_model_TN)
worksheet1.write(row, col+3, this_train_model_FN)
worksheet1.write(row, col+4, this_train_model_loss)
worksheet1.write(row, col+5, this_valid_model_TP)
worksheet1.write(row, col+6, this_valid_model_FP)
worksheet1.write(row, col+7, this_valid_model_TN)
worksheet1.write(row, col+8, this_valid_model_FN)
worksheet1.write(row, col+9, this_validation_loss)
worksheet1.write(row, col+10, this_test_model_TP)
worksheet1.write(row, col+11, this_test_model_FP)
worksheet1.write(row, col+12, this_test_model_TN)
worksheet1.write(row, col+13, this_test_model_FN)
worksheet1.write(row, col+14, this_test_model_loss)
worksheet1.write(row, col+15, test_score)
worksheet2.write(row, col, patience)
worksheet2.write(row, col+1, iter)
worksheet2.write(row, col+2, this_validation_loss)
worksheet2.write(row, col+3, test_score)
row = row + 1; workbook.close()
```

Una vez finalizado el proceso de entrenamiento se presenta en pantalla un resumen de los errores de clasificación y su tiempo de duración:

```
end_time = timeit.default_timer()
print('Optimization complete.')
print('Best validation score of %f %% obtained at iteration %i, '\
      'with test performance %f %%' % (best_validation_loss * 100., \
      best_iter + 1, test_score * 100.))
print(('The code for file '+os.path.split(__file__)[1]+' ran for %.2fm' %\
      ((end_time - start_time) / 60.)),
```

4.6. Resultados del sistema basado en redes CNN

4.6.1. Clasificación de nódulos pulmonares en TC de tórax

4.6.1.1. Entrenamiento de diferentes arquitecturas de CNN para tamaños de matriz de 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40, 48 x 48

El objetivo de este apartado es establecer los valores de los parámetros ajustables para encontrar la red que tiene un mejor funcionamiento, es decir, que presenta un menor error de clasificación sobre el conjunto de datos de test y por tanto una mejor capacidad de generalización. El proceso de entrenamiento se aplica a cinco tamaños de recorte diferentes: 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48. El valor de la tasa de aprendizaje se fija en 0,1, como se justificará a continuación.

En la Tabla 20, se presentan los resultados del entrenamiento de trece arquitecturas de CNN diferentes para el tamaño de matriz de 16 x 16. Las columnas 2-8 reflejan parámetros que pueden ser modificados: número de filtros para cada una de las capas de convolución y tamaño de los filtros de convolución y *pooling*. Todas las operaciones de *pooling*, en caso de que se apliquen, son de tamaño 2 x 2 y de tipo promedio. Las siguientes tres columnas muestran información relacionada con los resultados del proceso de entrenamiento: mejor etapa de entrenamiento, errores de clasificación sobre los conjuntos de datos de validación y test (porcentaje de nódulo y no-nódulos clasificados de forma incorrecta con respecto al número total de recortes) en la etapa en la que obtiene el menor error sobre los datos de validación. En la última columna se indica el tiempo que duró la simulación expresado en minutos.

A continuación, se describe la secuencia de cambios realizada para ajustar los parámetros. El tamaño de los filtros seleccionado inicialmente es (3, 5, 3), con una operación de *pooling* en la segunda capa y un número variable de filtros (20, 40, 60) en diferente orden (CNN-1 y CNN-2).

En segundo lugar, se modifica el número de filtros (CNN-3, CNN-4 y CNN-5). Se puede observar que tanto una reducción en el número de filtros hasta (10, 20, 30) como un aumento (30, 50, 70) proporcionan mejores resultados de test.

Como hasta el momento los mejores resultados se obtuvieron para (20, 40, 60) filtros, con un error de test del 12,88%, se entrenaron redes con diferentes combinaciones de tamaños de filtro y operaciones de *pooling* en los casos CNN-6 hasta CNN-10. Los resultados no fueron mejores en estos casos. Estos casos se utilizarán posteriormente para analizar cómo influye el *pooling* en el comportamiento de las redes.

En las tres últimas CNNs, se emplean los mismos tamaños de filtro y operaciones de *pooling*, pero se selecciona un número igual de *kernels* para cada una de las capas de convolución. Los dos mejores resultados sobre los datos de validación se obtienen para CNN-11 (error de 12.93%) y CNN-13 (12.66%) que corresponden a 40 y 60 filtros respectivamente.

Nº CNN	Número de filtros	Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
1*	[20,40,60]	3	-	5	2	3	-	63	13.06	12.88	490.2
2	[60,40,20]	3	-	5	2	3	-	54	14.04	14.19	833.8
3	[10,20,30]	3	-	5	2	3	-	52	14.65	15.09	181.4
4	[30,20,10]	3	-	5	2	3	-	24	15.99	16.17	193.07
5	[30,50,70]	3	-	5	2	3	-	58	13.17	13.40	670.1
6	[20,40,60]	3	2	3	-	3	-	67	13.10	13.82	157.77
7	[20,40,60]	5	-	3	-	3	-	21	21.46	21.76	214.73
8	[20,40,60]	5	2	3	-	3	-	29	16.73	16.66	48.43
9	[20,40,60]	5	-	3	2	3	-	30	16.63	16.75	83.33
10	[20,40,60]	5	-	3	-	3	2	40	14.96	15.04	106.8
11	[40,40,40]	3	-	5	2	3	-	54	12.93	12.98	399.02
12	[20,20,20]	3	-	5	2	3	-	25	16.00	16.05	98.42
13	[60,60,60]	3	-	5	2	3	-	62	12.66	12.90	744.51

* En negrita, la CNN con menor error de test

Tabla 20. Arquitecturas de CNN y resultados de entrenamiento con recortes de 16 x 16

En la Tabla 21 se reflejan los resultados para tamaños de matriz mayores. La disposición de columnas en la tabla es la misma que la señalada anteriormente para la Tabla 20. El número de simulaciones realizadas para cada tamaño es menor que para el caso 16 x 16 por dos razones: la información obtenida para ese tamaño permite descartar algunas pruebas y los tiempos de entrenamiento más largos unidos a la limitada capacidad de cálculo disponible.

En el caso de recortes de tamaño 24 x 24, los filtros de pequeño tamaño 3 x 3 y 5 x 5 con dos operaciones de *pooling* y un número igual de filtros por capa (40, 40, 40), correspondiente al caso CNN-16 proporcionan el menor error sobre los datos de test, un 11.68%. El hecho de utilizar una única operación de *pooling* en la primera capa (CNN-14) o la última capa (CNN-15) y el uso de filtros de mayor tamaño 7 x 7 no mejora el funcionamiento de la red.

La red que produce mejores resultados en el caso de 32 x 32 es CNN-20. Está compuesta por filtros de tamaño decreciente con la profundidad (3, 5, 7) y dos operaciones de *pooling*. Consigue alcanzar unos errores de clasificación sobre los datos de validación y test del 11.70% y 11.86% respectivamente. Para este tamaño, utilizar un número constante de filtros para todas las capas, proporciona unos resultados significativamente peores (CNN-21). Las simulaciones que no incluyen *pooling* en la primera capa (CNN-22) y con menores tamaños de filtro (CNN-23 hasta CNN-25) producen buenos resultados, pero peores que en el caso de CNN-20.

Para el tamaño 40 x 40, el uso de filtros de pequeño tamaño (5, 5, 3), con dos operaciones de *pooling* y 40 *kernels* por capa producen los mejores resultados obtenidos para el caso de nódulos de pulmón en esta Tesis Doctoral, alcanzando un 10.80% de error de validación y un 10.72% de error de test (ver CNN-27). Intentos adicionales, empleando filtros de tamaño 5 y 7 producen peores resultados, con un 2% más de errores. La utilización de filtros de 11 x 11 dificulta el aprendizaje a pesar del largo tiempo de simulación de 5518.8 minutos.

Finalmente, dos CNNs fueron entrenadas con tamaños de recorte de 48 x 48, resultado en un error de validación de 10.72% y del 11.11% sobre los datos de test en caso de utilizar (40, 40, 40) filtros de tamaño intermedio.

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
14	24 x 24	[20,40,60]	5	2	3	-	3	-	52	16.80	17.02	289.9
15		[20,40,60]	5	-	3	-	3	2	43	16.18	16.24	1008.2
16*		[40,40,40]	5	2	3	-	3	2	86	11.58	11.68	521.2
17		[20,40,60]	5	-	5	2	5	-	56	14.85	15.02	898.9
18		[20,40,60]	7	-	5	2	5	-	56	13.50	13.59	530.3
19		[20,40,60]	7	-	7	-	5	2	79	13.99	14.10	1281.7
20*	32 x 32	[20,40,60]	7	2	5	-	3	2	59	11.70	11.86	600.6
21		[40,40,40]	7	2	5	-	3	2	26	13.62	14.26	396.1
22		[20,40,60]	7	-	7	2	5	2	61	12.68	13.11	2236.4
23		[20,40,60]	3	-	3	2	3	2	32	12.89	13.69	1060.3
24		[40,40,40]	3	-	3	2	3	2	33	12.80	13.33	1753.4
25		[20,40,60]	5	2	3	2	3	-	23	12.39	12.83	445.8
26	40 x 40	[20,40,60]	5	2	5	2	3	-	35	13.67	13.38	943.6
27*		[40,40,40]	5	2	5	2	3	-	64	10.80	10.72	1419.3
28		[40,40,40]	7	2	5	2	5	-	76	12.76	12.42	2041.9
29		[40,40,40]	9	2	7	-	5	2	72	12.28	12.20	1367.8
30		[20,40,60]	11	-	11	-	9	2	68	16.98	16.52	5518.8
31	48 x 48	[20,40,60]	5	2	3	2	3	2	49	11.91	12.50	958.47
32*		[40,40,40]	7	2	7	2	5	-	77	10.72	11.11	2451.7

* En negrita, la CNN con menor error de test

Tabla 21. Arquitecturas de CNN y resultados de entrenamiento con recortes de tamaño 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48

En resumen, la exactitud de las redes con menores errores de clasificación sobre el conjunto de test, para cada uno de los tamaños, son: 40 x 40 con exactitud del 89.28%, seguida de 48 x 48 (88.89%), 24 x 24 (88.32%), 32 x 32 (88.14%) y 16 x 16 (87.12%). Aunque las dos redes de mejor funcionamiento ocurren para los mayores tamaños de matriz (40 y 48), no se puede concluir que se reduzcan los errores de test cuando aumenta el tamaño de matriz, como demuestran estos cinco resultados.

4.6.1.2. Estudio de la influencia de los hiperparámetros ajustables en el funcionamiento de la red

En primer lugar, consideraremos el ajuste de la tasa de aprendizaje. Estos parámetros no solo son importantes para controlar la duración de las simulaciones, sino también para obtener resultados de buena calidad. Actualizar los parámetros de la red en pasos grandes puede ocasionar que el algoritmo SGD no encuentre el mínimo de la función de coste adecuadamente.

Para comprobar su efecto se comparan los resultados de entrenamiento obtenidos al modificar la tasa de aprendizaje en redes de 16 x 16, con tamaños de filtro fijados en (3, 5, 3) y número de filtros de [40, 40, 40]. Los valores aparecen reflejados en la Tabla 22, que presenta la etapa en la que ocurre el menor error de clasificación en la validación, el valor del mismo y la exactitud de la CNN sobre recortes de test.

Constante de tasa de aprendizaje	Mejor <i>epoch</i> de validación	Mejor error de validación (%)	Exactitud sobre el conjunto de datos de test (%)	Tiempo de simulación (minutos)
0.05	85	13.71	86.1	510.1
0.10*	54	12.93	87.0	399.0
0.15	31	14.70	85.1	246.7
0.20	6	18.87	80.7	117.1

* En negrita aparece el valor de constante de tasa de aprendizaje para la red CNN con mejor exactitud

Tabla 22. Resultados de test al modificar el valor de la constante de tasa de aprendizaje

En segundo lugar, es interesante comprobar cómo afecta el número de filtros en cada una de las capas al rendimiento de las redes. En los tres gráficos siguientes se comparan resultados cuando se producen variaciones en el número de *kernels*.

En la Figura 46 se representan los cambios en la exactitud de test y FPR para las redes CNN-11, CNN-12 y CNN-13 (ver Tabla 20). En estos tres ejemplos, el número de filtros es igual para cada una de las tres capas. La mejor etapa de validación, y el final del proceso de entrenamiento ocurren antes cuando el número de filtros es menor. La exactitud de test mejora significativamente desde 20 *kernels* (84.0%) a 40 *kernels* (87.0%). Sin embargo, no hay apenas mejora cuando el número de filtros aumenta de 40 a 60 (únicamente se incrementa en un 0.08%). En estos dos últimos casos, se alcanza un valor estable en la exactitud a partir de la etapa 50.

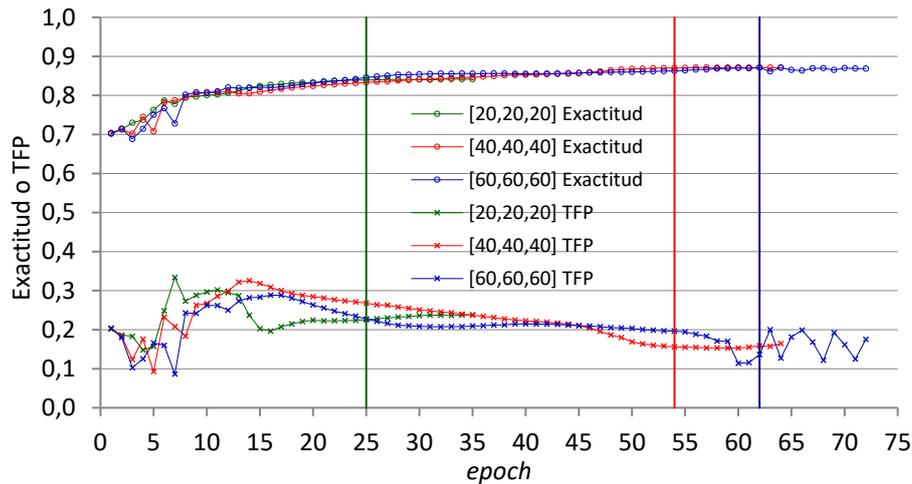


Figura 46. Influencia del número de filtros por capa en los resultados obtenidos para redes de tamaño 16 x 16 (CNN-11, CNN-12 y CNN-13). Las líneas verticales muestran la etapa donde se producen los mejores resultados sobre los datos de validación

Para realizar un análisis de resultados cuando el número de *kernels* aumenta o disminuye al variar la capa, se toman como referencia la Figura 47 y la Figura 48. Para estas configuraciones, el tamaño de matriz es 16 x 16 y el de los *kernels* (3, 5, 3), incluyendo una operación de *pooling* en la segunda capa.

Si se considera las redes identificadas como CNN-1, CNN-3 y CNN-5, que utilizan un menor número de filtros en la primera capa, el funcionamiento óptimo sobre el conjunto de dato se test se consigue para un número de filtros [20, 40, 60], con una exactitud de 87.1% y una FPR de 3.9%. Aumentar el número de filtros a [30, 50, 70] reduce la exactitud en un 0.5% y aumenta la FPR en un 3.9%. Si se reduce el número de filtros, se produce una caída en exactitud y un aumento en FPR, claramente observable con respecto a los casos anteriores.

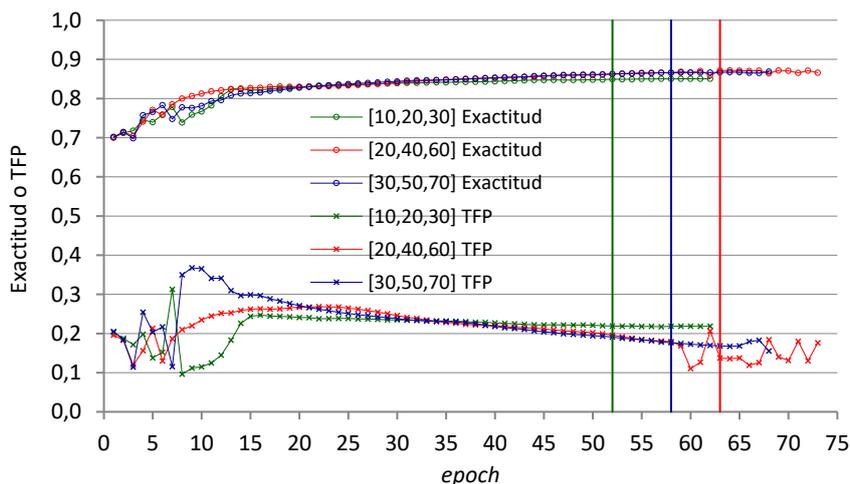


Figura 47. Comparación de CNNs con un número creciente de filtros al aumentar la profundidad (CNN-1, CNN-3, CNN-5). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor

Como puede verse en la Figura 48, las dos CNNs con un número decreciente de filtros (CNN-2 y CNN-4), tienen peor exactitud en comparación con CNN-1. La disminución en exactitud es del 1.3% y del 3.3% respectivamente. La técnica de *Early Stopping* interrumpe pronto el entrenamiento para [30, 20, 10] porque los mejores resultados se obtienen en la etapa 24, momento a partir del cual la FPR comienza a aumentar. Utilizar [60, 40, 20] en lugar de [20, 40, 60] no solo proporciona peor exactitud, sino que aumenta los falsos positivos, proporcionando una tasa FPR un 5.8% superior.

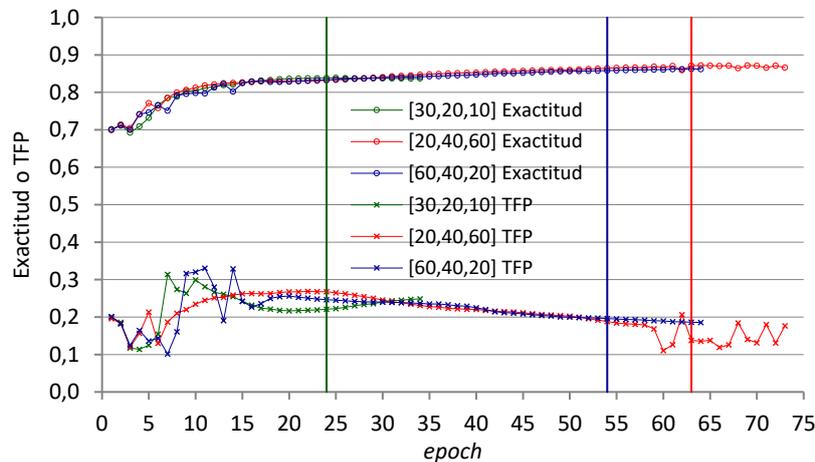


Figura 48. Comparación de CNNs con número decreciente de filtro (CNN-2 y CNN-4) con la mejor red con número creciente de filtros (CNN-1). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor

En tercer lugar, se estudió la influencia del tamaño de filtro para diferentes casos en los que el número de filtros se mantiene constante entre capas. Para ello se comparan cuatro redes diferentes, entrenadas con recortes de tamaño 40 x 40. La evolución de los resultados puede observarse en la Figura 49. El número de *kernels* es [40, 40, 40], excepto en el caso de 11 x 11, que emplea [20, 40, 60]. Como regla general, utilizar tamaños de filtro mayores empeora la exactitud y la FPR. Los mejores resultados corresponden a la CNN-27, que utiliza filtros de pequeño tamaño 3 x 3 y 5 x 5 y consigue una exactitud de 89.3% y FPR de 8.8%. Sin embargo, la exactitud para CNN-30 es del 83.5%.

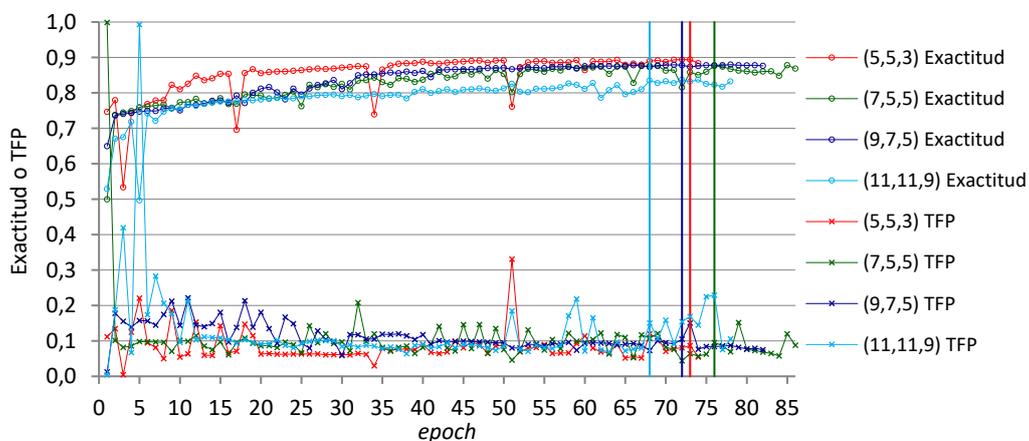


Figura 49. Influencia del tamaño de filtro en la exactitud de test y valor de FPR para diferentes CNNs de 40 x 40. Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor

Finalmente, para determinar cómo afecta la operación de *pooling* al funcionamiento de la CNN, se comparan cuatro ejemplos en la Figura 50. Corresponden a las CNN con identificación entre la 7-10, con número de *kernels* [20, 40, 60] y tamaños (5, 3, 3). Cuando el *pooling* se realiza en la tercera capa se obtiene mejor exactitud, precisión y menor FPR. Para esa arquitectura, no realizar *pooling* produce malos resultados, ya que el tamaño de matriz después de tres convoluciones es alto, lo que complica la tarea de clasificación en las capas subsiguientes.

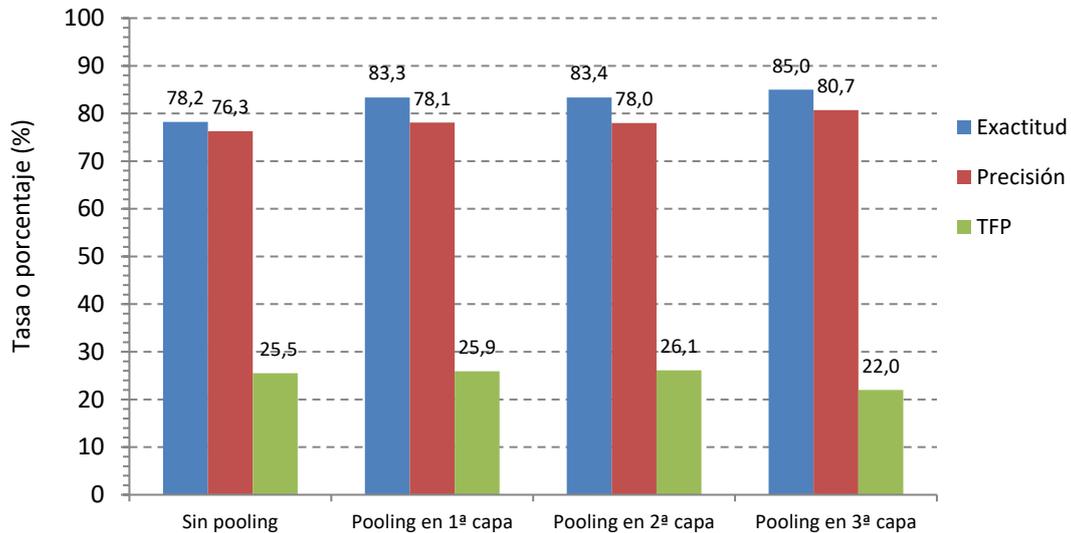


Figura 50. Comparación de redes de 16 x 16, donde la operación de *pooling* de tipo promedio actúa sobre diferentes capas (CNN-7 a CNN-10). Las líneas verticales muestran la etapa donde el error de clasificación sobre el conjunto de test es menor

4.6.1.3. Evolución del proceso de entrenamiento para las redes con mejor funcionamiento

La evolución de la exactitud, precisión y tasa de FP sobre el conjunto de datos de entrenamiento para las 5 redes que proporcionan mejores resultados se representa en la Figura 51, donde las líneas verticales señalan la mejor *epoch* para los datos de validación. Los cambios son más suaves para los tamaños de recorte pequeños (particularmente 16 x 16) y se tornan más abruptos cuando aumenta el tamaño (como queda patente por los múltiples picos para 48 x 48).

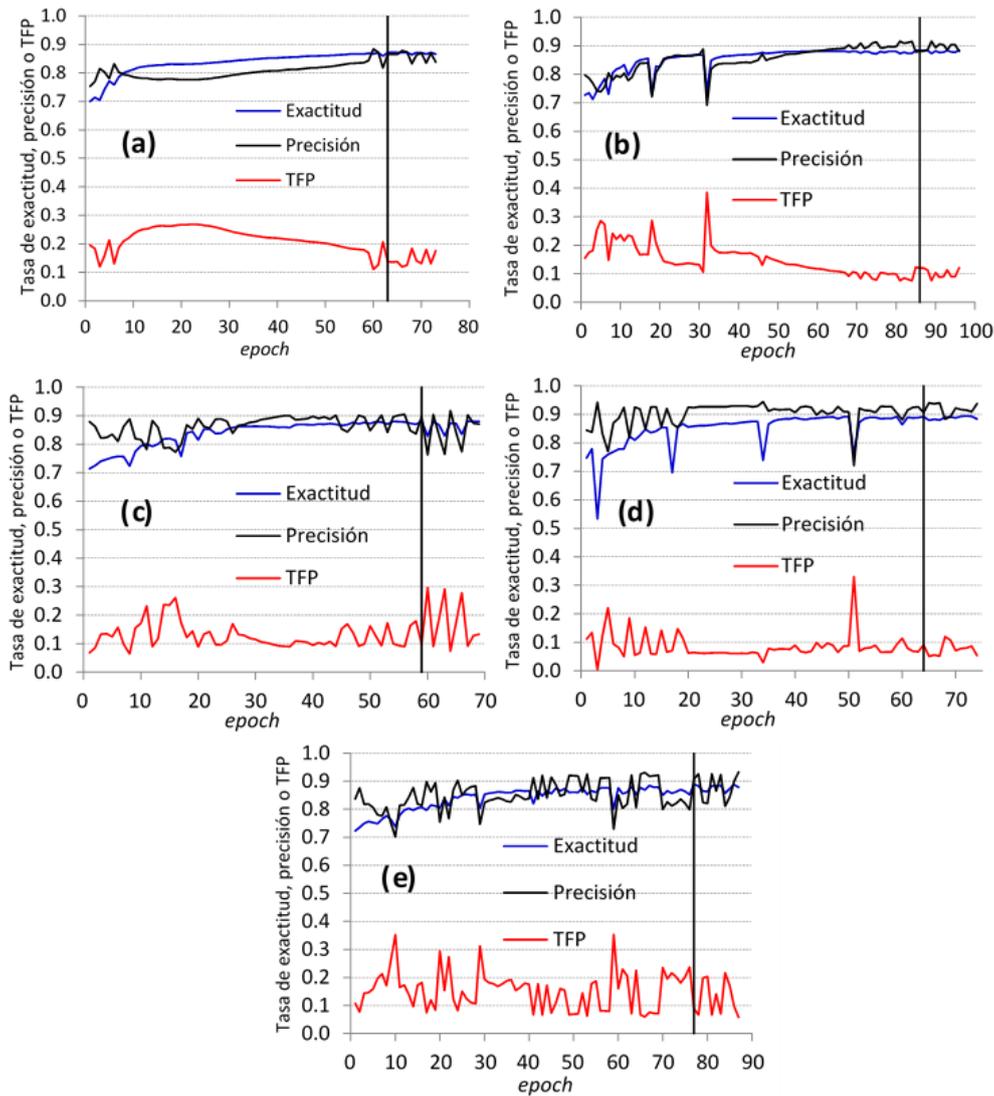


Figura 51. Monitorización del proceso de entrenamiento: (a) 16 x 16 (Id.1), (b) 24 x 24 (Id.16), (c) 32 x 32 (Id.20), (d) 40 x 40 (Id.27) y (e) 48 x 48 (Id.32)

Para evaluar sus capacidades de generalización se realizó una comparación entre los resultados para el conjunto de entrenamiento y el de test, reflejada en la Tabla 23:

Tamaño de matriz	Exactitud de entrenamiento (%)	Cambio respecto a test (%)	Precisión de entrenamiento (%)	Cambio respecto a test (%)	Tasa de FP sobre entrenamiento (%)	Cambio respecto a test (%)
16 x 16	90.4	-3.3	89.8	-3.3	10.4	+3.4
24 x 24	91.5	-3.2	91.2	-3.1	8.84	+3.2
32 x 32	90.0	-1.9	91.5	-1.8	8.25	+1.6
40 x 40	92.4	-3.1	93.4	-2.8	6.42	+2.6
48 x 48	91.8	-2.9	93.6	-2.9	6.10	+2.7

Tabla 23. Cambio porcentual en exactitud, precisión y tasa de FP para entrenamiento frente a test

Como los recortes de test no han sido utilizados para ajustar los parámetros de la red, la pequeña reducción en exactitud y precisión (del -1.8% al -3.3%) demuestra que el *overfitting* no está afectando al entrenamiento, de forma que las redes CNN pueden extrapolar las características aprendidas a datos desconocidos, es decir, mantienen su capacidad de generalización. Asimismo, el incremento en las tasas de FP varía entre el +1.6% y el +3.4%. La cantidad de muestras o recortes utilizados en el proceso de test, que van desde 16276 (16 x 16) hasta 26292 (48 x 48), reflejadas en la Tabla 12, refuerza la confianza en los resultados obtenidos.

Además, las pérdidas de las funciones de coste muestran pequeñas diferencias entre conjuntos de datos en todos los casos, como se representa en la Figura 52. Esto demuestra que tampoco existe *underfitting*, por lo que las redes disponen de un número suficiente de parámetros para explicar los datos. Además, cuando las curvas de entrenamiento y validación empiezan a separarse, se detiene el proceso de entrenamiento (*early stopping*), evitando el *overfitting*.

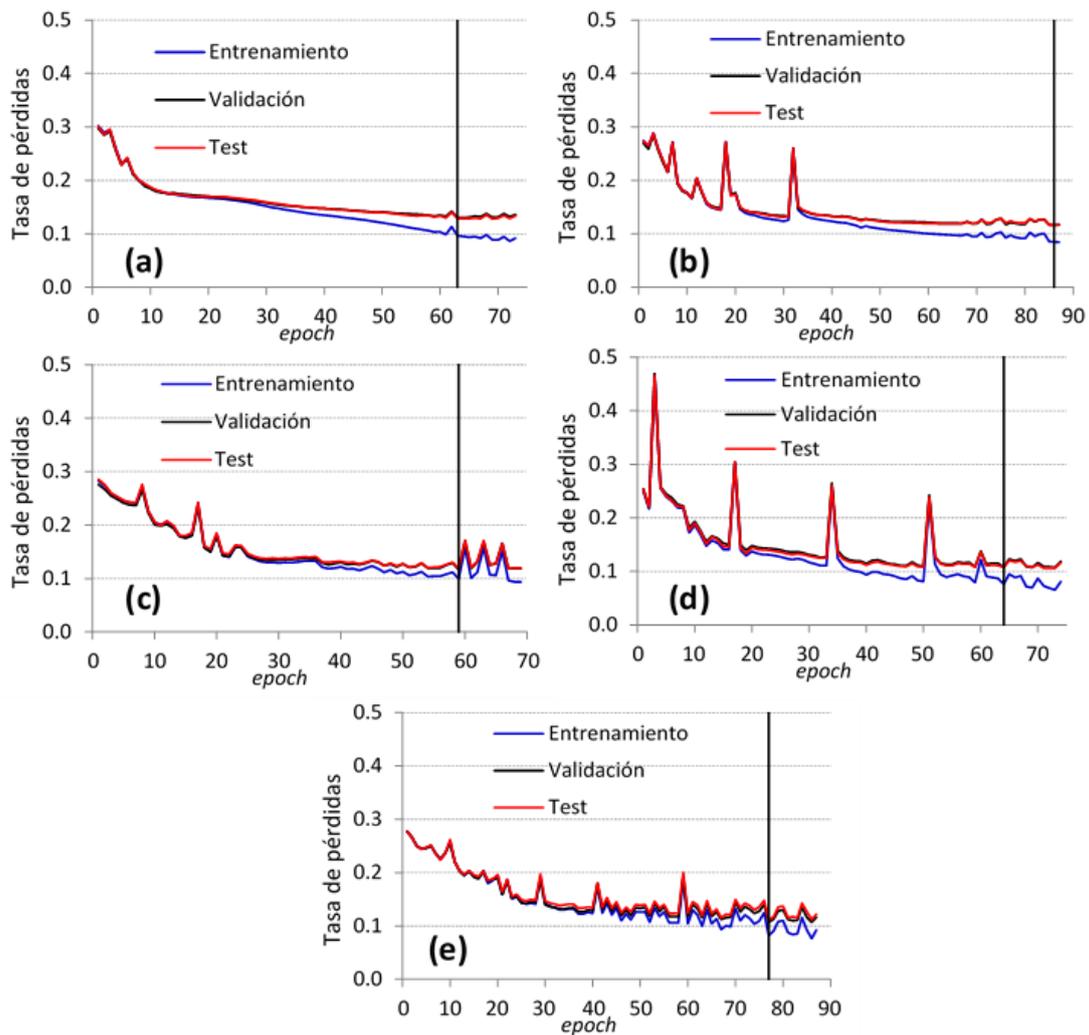


Figura 52. Monitorización las pérdidas de la función de coste durante el proceso de entrenamiento para los tres conjuntos de datos: entrenamiento, validación y test para las mejores CNNs

4.6.1.4. Evolución de la matriz de confusión durante el entrenamiento

Los gráficos en la Figura 53 muestran la evolución de las tasas de VP (TP), VN (TN), FP (FP) y FN (FN) en el conjunto de datos de entrenamiento para las redes que mejor funcionan (resumidos en la Tabla 20 y en la Tabla 21). Para el tamaño 16 x 16 las tasas varían suavemente a partir de la *epoch* 8, pero en el resto de casos se observan cambios mayores. La tendencia en los datos es similar para el entrenamiento, validación y test. La diferencia radica en la pequeña reducción de VP y VN y el ligero aumento de FP, indicando buenas capacidades de extrapolación de las CNNs.

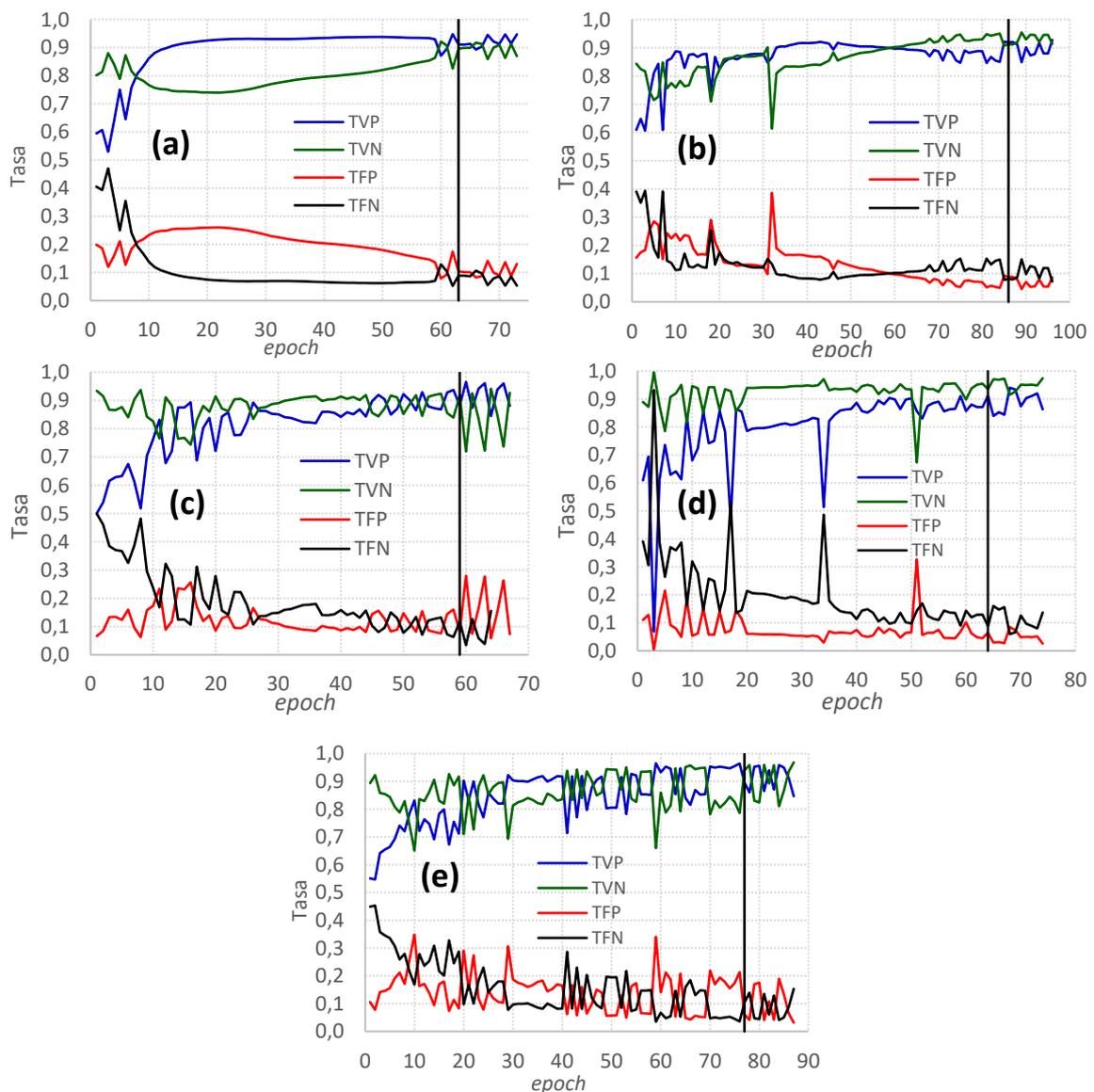


Figura 53. Evolución de los parámetros de la matriz de confusión (VP, VN, FP y FN) durante el proceso de entrenamiento: (a) 16 x 16 (Id.1), (b) 24 x 24 (Id.16), (c) 32 x 32 (Id.20), (d) 40x40 (Id.27), (e) 48 x 48 (Id.32).

El balance entre las tasas de VN-FP es más acusado que entre los VP-FN cuando el algoritmo de aprendizaje ajusta los parámetros de la CNN (picos observados en los gráficos). Para 16x16, Figura 53(a), la red CNN tiene un comportamiento diferente: la tasa de VP siempre es más alta que la tasa de VN desde la *epoch* 9 hasta el final del entrenamiento. Para los otros tamaños las curvas de evolución de las tasas de VP y VN se cruzan repetidas veces, excepto para 40 x 40 (Figura 53(d)), caso en el que la tasas de VN es mayor que la de VP, y detectando por tanto mejor los no-nódulos con una menor tasa de FP.

Estas variaciones numéricas se resumen en la Tabla 24. Los cambios expresados son iguales en valor absoluto, pero de signo opuesto con respecto a las tasas de FP y de FN. La pérdida de exactitud y precisión que ocurre en el proceso de test, explicada en la Tabla 23 tiene más impacto en la TVP (identificación de nódulos), excepto para 16 x 16, porque en ese caso la reducción afecta más a la tasa de VN (detección de no-nódulos).

Tamaño de matriz	Cambio porcentual de la TVP (%)	Cambio porcentual de la TFN (%)
16 x 16	-3.1	-3.4
24 x 24	-1.9	-0.3
32 x 32	-2.2	-1.7
40 x 40	-3.6	-2.7
48 x 48	-3.0	-2.7

Tabla 24. Cambios en la tasa de verdaderos positivos y negativos obtenidos para el conjunto de datos de entrenamiento con respecto a los de test

Los valores obtenidos son inferiores a 3,6% en todos los casos.

Los valores absolutos de cada uno de los cuatro tipos de resultados (VP, FP, VN y FN) obtenidos para estas redes se representan en Figura 54. El número total de recortes es el reflejado en la Tabla 12, siendo variable según el tamaño de matriz considerado. Se representan los datos correspondientes a la función de activación *ReLU*.

VP, FP, VN y FN en conjuntos de datos de entrenamiento

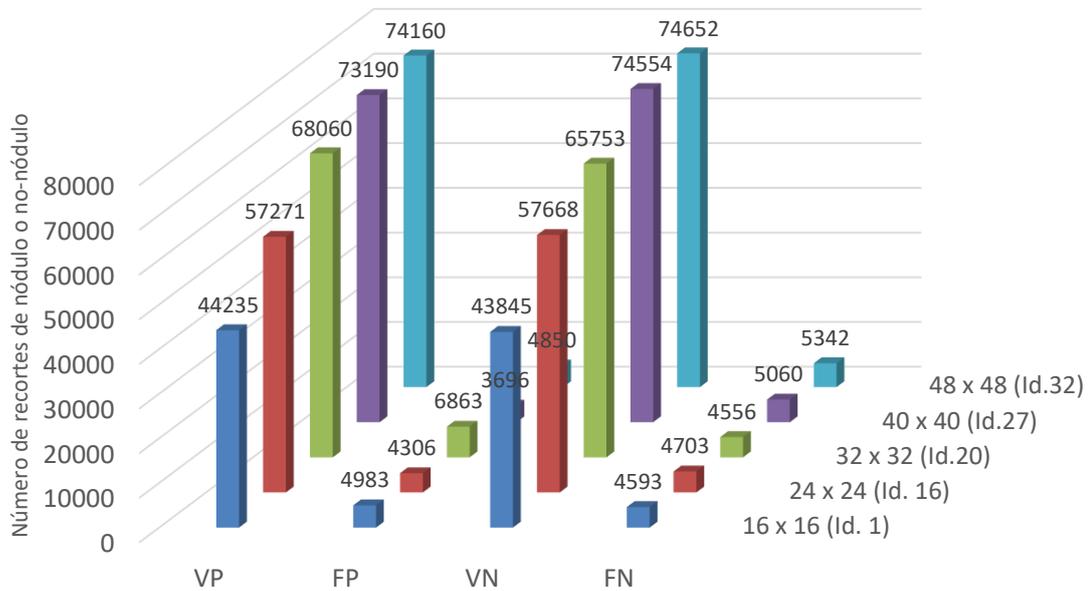


Figura 54. Número absoluto de recortes clasificados correctamente (VP y VN) e incorrectamente (FP y FN) para las 5 redes CNN con mejor capacidad de generalización

La cantidad relativa de recortes correctamente clasificados (VP y VN) frente a los erróneamente clasificados (FP y FN) oscila entre un factor 10 y 20, demostrando las buenas propiedades de detección gracias a las características aprendidas por las CNN durante el proceso de entrenamiento.

4.6.1.5. Comparación de diferentes tipos de funciones de activación neuronal

En la Tabla 25 se agrupan los resultados correspondientes a las redes CNN que producen mejores resultados para cada uno de los 5 tamaños. La función de activación utilizada es la tangente hiperbólica. Junto a la identificación del número de simulación y el tamaño de matriz se indica el número y tamaño de los filtros para cada capa y las operaciones de *pooling*. En el resumen de resultados se recoge la etapa con menor error de validación y los errores sobre los conjuntos de datos de validación y test, junto con el tiempo de simulación

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	F1	P1	F2	P2	F3	P3	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
1*	16 x 16	[20,40,60]	3	-	5	2	3	-	63	13.06	12.88	490.2
16*	24 x 24	[40,40,40]	5	2	3	-	3	2	86	11.58	11.68	521.2
20*	32 x 32	[20,40,60]	7	2	5	-	3	2	59	11.70	11.86	600.6
27*	40 x 40	[40,40,40]	5	2	5	2	3	-	64	10.80	10.72	1419.3
32*	48 x 48	[40,40,40]	7	2	7	2	5	-	77	10.72	11.11	2451.7

Tabla 25. Mejores simulaciones para los 5 tamaños de matriz con la función de activación neuronal tangente hiperbólica

Los errores de clasificación sobre los datos de validación se encuentran en el intervalo [10.72-13.06], mientras que sobre los de test el intervalo es algo más reducido [11.11-12.88]. Los tiempos de simulación son elevados, por haber utilizado el PC con menor potencia de cálculo al por ser el único disponible en ese momento.

En la Tabla 26 se muestran los resultados para simulaciones con la misma arquitectura, pero introduciendo la función de activación *rectified linear-unit (ReLU)*, que introduce una no-linealidad en el origen, cuyo uso ha ganado popularidad con respecto a otros tipos de funciones.

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	F1	P1	F2	P2	F3	P3	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
1*	16 x 16	[20,40,60]	3	-	5	2	3	-	51	11.76	11.40	161.2
16*	24 x 24	[40,40,40]	5	2	3	-	3	2	58	9.81	10.07	379.5
20*	32 x 32	[20,40,60]	7	2	5	-	3	2	40	10.29	10.21	366.5
27*	40 x 40	[40,40,40]	5	2	5	2	3	-	43	8.30	8.60	1060.1
32*	48 x 48	[40,40,40]	7	2	7	2	5	-	26	8.49	8.70	605.8

Tabla 26. Mejores simulaciones para los 5 tamaños de matriz con la función de activación neuronal ReLU

La disminución en los tiempos de simulación con respecto al bloque de simulaciones de la Tabla 25 se debe al uso del ordenador con mayor velocidad de procesamiento de datos y una tarjeta gráfica con mejor capacidad de cálculo para las de la Tabla 26.

En todos los casos se obtiene una disminución de los errores de validación en el intervalo 1.3% - 2.5% y una reducción de los errores sobre los conjuntos de datos de test en el intervalo 1.5% - 2.4%. Las mejoras más significativas se producen para los tamaños de matriz grandes de 40 x 40 (2.5% sobre validación y 2.1% sobre test) y 48 x 48 (2.2% sobre validación y 2.4% sobre test).

La tendencia general en todos los casos es conseguir la convergencia hacia la solución (mejor mínimo de la función de coste encontrado) de forma más rápida en el caso de utilizar la no-linealidad introducida por la función *ReLU* con respecto a la tangente hiperbólica. La reducción en el número de *epochs* se encuentra entre 12 y 28 *epochs* para tamaños de recorte entre 16 x 16 y 40 x 40. El caso de 48 x 48 es el que proporciona una aceleración en el proceso de entrenamiento más importante, de 51 *epochs*.

En la Figura 55 se muestran las matrices de los 20 *kernels* de tamaño 20 x 20 entrenados para la CNN Id.20*:

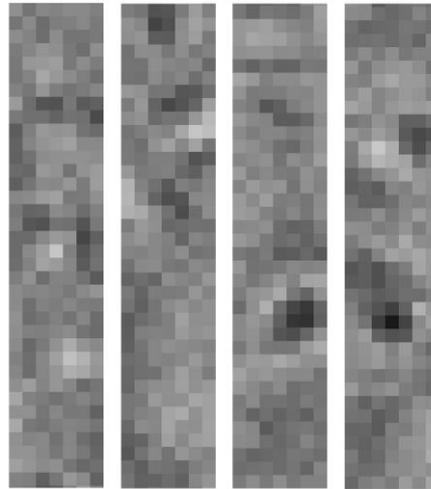


Figura 55. Representación de las matrices de pesos de los 20 filtros (7 x 7) de la primera capa de convolución de la CNN de tamaño 32 x 32 (Id.20)

El número de parámetros ajustables (*pesos y offsets*) para cada uno de los tres tipos de capas diferentes que componen la arquitectura de los modelos CNN se muestra en la Tabla 27. Se obtiene el número total de parámetros y una estimación de la cantidad total de datos que pueden ser aprendidos por el modelo multiplicando las dimensiones de la matriz de recortes por su número total. Se obtiene la relación entre ambos parámetros.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capa conv. 1	Capa conv. 2	Capa conv. 3	Capa CCC	Capa clasificador	Parámetros totales	Datos aprendibles	Relación Parámetros / datos
1*	16 x 16	200	1040	600	338666	1254	341760	33333248	97.5
16*	24 x 24	1040	400	400	225986	1254	229080	95192064	415.5
20*	32 x 32	1000	1040	600	338666	1254	342560	198717440	580.1
27*	40 x 40	1040	1040	400	626626	1254	630360	332531200	527.6
32*	48 x 48	200	200	520	225986	1254	232280	487498752	2098.8

Tabla 27. Número de parámetros de las diferentes capas y totales de las mejores redes y estimación de la cantidad total de datos aprendibles

El número total de parámetros ajustables por el algoritmo de aprendizaje se encuentra entre 229080 y 630360. No se puede establecer una correlación entre el número total de parámetros y los resultados de clasificación obtenidos. Si bien la red CNN que mejores resultados proporciona dispone de un mayor número de parámetros (40 x 40, CNN Id.27*), no es así para la segunda (48 x 48) que dispone de un número menor de parámetros que los tamaños de 16 x 16 y 32 x 32. El gran incremento del volumen de datos al aumentar el tamaño de matriz aumenta el valor de la relación mostrada en la última columna, pero no condiciona las capacidades de detección de los modelos entrenados. Esto es indicativo de la capacidad de extraer información relevante desechando características irrelevantes de las imágenes, que se puede alcanzar mediante el uso de redes CNN basadas en la convolución de diferentes conjuntos de filtros con los recortes de imagen.

4.6.1.6. Influencia del método de regularización en los resultados obtenidos

Para estudiar la influencia de la regularización se introducen parámetros de regularización de tipo L1 y L2 actuando sobre los parámetros de la capa completamente conectada (capa 4) y de la capa de clasificación mediante regresión logística (capa 5). La regla utilizada para seleccionar sus valores, basada en recomendaciones empíricas (LISA lab, 2015), tiene en cuenta que su cociente se mantenga en un valor 100.

Se realizan pruebas con la red Id.1, cuyo tamaño de matriz de entrada es de 16 x 16, siendo el número de filtros en cada una de sus tres capas de [20, 40, 60].

Los resultados obtenidos para la mejor etapa de validación y el mejor error de validación, así como los errores de entrenamiento y test en ella se reflejan en la Tabla 28.

CNN Id.	L1 Capa4	L2 Capa4	L1 Capa5	L2 Capa5	Mejor etapa de validación	Error de entrenamiento	Mejor error de validación	Error sobre test
1*	0	0	0	0	51	9.81	11.76	11.40
1reg1	0.1	0.001	0.1	0.001	6	30.01	29.35	29.99
1reg2	0.01	0.001	0.01	0.001	9	31.27	31.58	31.61
1reg3	0.001	0.00001	0.001	0.00001	46	12.71	13.41	13.35
1reg4	0.0001	0.000001	0.0001	0.000001	66	9.99	11.71	11.36
1reg5	0.00001	0.0000001	0.00001	0.0000001	38	11.21	12.20	12.10
1reg6	0.0001	0.000001	0	0	73	9.54	11.36	11.35
1reg7	0	0	0.0001	0.000001	66	8.89	11.44	11.33

Tabla 28. Influencia de la técnica de regularización en los errores de clasificación para la red CNN Id.1 de 16 x 16

Como se observa en las simulaciones desde 1reg1 hasta 1reg5, se deben seleccionar cuidadosamente los valores de las constantes ya que los resultados obtenidos en relación al caso de no emplear ningún tipo de regularización pueden empeorar significativamente. Esto ocurre si se utiliza un valor excesivamente grande de los parámetros.

Es posible encontrar un valor óptimo de los parámetros que mejore ligeramente el error sobre el conjunto de datos de test, aunque no de forma significativa, como ocurre en 1reg4, pasando de un error del 11.40% a un 11.36%. Sin embargo, si continúa reduciéndose el valor de L1 y L2, el resultado vuelve a empeorar hasta un 12.20%.

El hecho de aplicar la regularización únicamente en una de las dos últimas capas no tiene una influencia en los errores de test, como se observa para 1reg6 y 1reg7, cuyos errores son del 11.35% y 11.33% respectivamente.

Para completar este análisis se realizaron tres simulaciones adicionales introduciendo el método de regularización para la CNN con identificación Id.27, que corresponde a un tamaño de matriz de 40 x 40, con un número de filtros por capa de [40, 40, 40].

Los valores de L1 y L2 elegidos parten de la combinación que produjo mejores resultados para CNN Id.1, incluyendo adicionalmente un orden de magnitud menor y mayor respecto de este. Los resultados se muestran en la Tabla 29:

CNN Id.	L1 Capa4	L2 Capa4	L1 Capa5	L2 Capa5	Mejor etapa de validación	Error de entrenamiento	Mejor error de validación	Error sobre test
27*	0	0	0	0	43	5.60	8.30	8.60
27reg1	0.001	0.00001	0.001	0.00001	70	5.59	8.29	8.49
27reg2	0.0001	0.000001	0.0001	0.000001	60	5.09	8.24	8.47
27reg3	0.00001	0.0000001	0.00001	0.0000001	67	5.67	8.34	8.57

Tabla 29. Influencia de la técnica de regularización en los errores de clasificación para la red CNN Id.27 de 40 x 40

Las tres combinaciones de parámetros de regularización produjeron resultados muy similares. El error sobre los recortes de test es ligeramente inferior al obtenido sin aplicar ningún tipo de regularización.

4.6.2. Detección de lesiones en mamografía

4.6.2.1. Entrenamiento de diferentes arquitecturas de CNN para los tamaños de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384: influencia de los hiperparámetros ajustables

Los tamaños de las matrices de datos de entrada utilizados en mamografía son mayores, por lo que para reducir sus dimensiones y el número de neuronas de la capa completamente conectada se emplearán arquitecturas de redes más profundas añadiendo capas de convolución adicionales. Se realizarán simulaciones con 4, 5 y 6 capas de este tipo.

El estudio de la influencia de los diferentes parámetros de la arquitectura en el funcionamiento de las redes se estructura del siguiente modo:

- En primer lugar, se modifica el valor de la tasa de aprendizaje en un rango entre 0.001 y 0.35.

Utilizando un tamaño de matriz de 64 x 64, la función de activación *ReLU*, 6 capas de convolución, la distribución de tamaños de *kernel* [3, 3, 3, 3], con operaciones de *pooling* en las tres últimas capas [1, 2, 2, 2], un número de *kernels* de [20,20,20,20] y 50 neuronas en la capa completamente conectada, se realizaron 13 simulaciones con diferentes constantes de tasa de aprendizaje, cuyos resultados se muestran en la Figura 56:

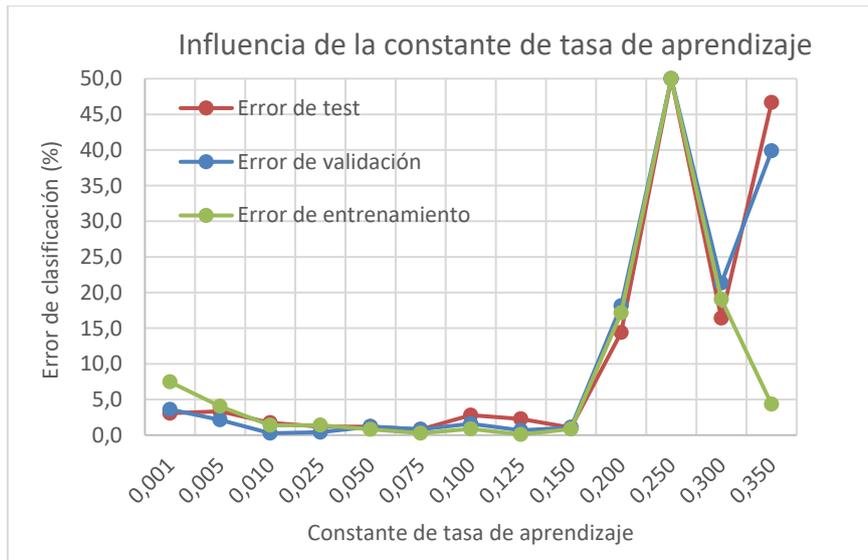


Figura 56. Errores de clasificación sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para tasas de aprendizaje desde 0.001 hasta 0.350

No se observa la presencia de *overfitting* para las constantes de tasas de aprendizaje analizadas, con la excepción del valor 0.350. Para el rango de valores entre 0.001 y 0.150 los errores de clasificación son bajos y bastante similares entre sí. A partir de 0.150 los errores aumentan significativamente. Nos centraremos por tanto en el rango de valores de tasa de aprendizaje bajo, mostrado en la Figura 57.

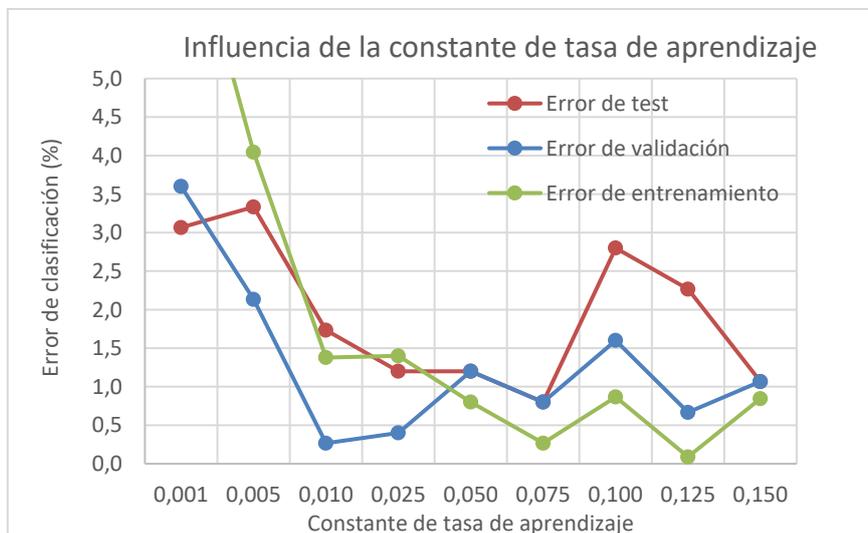


Figura 57. Errores de clasificación sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para tasas de aprendizaje desde 0.001 hasta 0.150

El valor más bajo del error sobre los datos de test, y por tanto con mejor capacidad de generalización, se obtiene para el valor de la constante de 0.075 (red M6). En este caso además coincide con el error sobre los datos de validación.

En cuanto a los tiempos de entrenamiento, mostrados en la Tabla 30, se observa una disminución significativa para a partir de 0.025. Sin embargo, aumentando más el valor de la

tasa no se producen reducciones importantes del tiempo, que incluso se estabiliza para valores altos de tasa.

Nº CNN	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12	M13
Constante de tasa de aprendizaje	0.001	0.005	0.010	0.025	0.050	0.075	0.100	0.125	0.150	0.200	0.250	0.300	0.350
Tiempo de simulación (minutos)	14.9	13.5	16.3	8.9	8.4	7.4	8.8	12.6	8.3	6.3	6.4	6.3	6.4
Error de test (%)	3.07	3.33	1.73	1.20	1.20	0.80	2.80	2.27	1.07	14.4	50.0	16.4	46.7
Error de validación (%)	3.73	2.13	0.27	0.40	1.20	0.80	1.60	0.67	1.60	18.1	50.0	21.3	39.9
Error de entrenamiento (%)	7.42	4.04	1.38	1.40	0.80	0.27	0.87	0.36	0.84	17.0	50.0	19.0	43.3

Tabla 30. Tiempos de entrenamiento para diferentes tasas de aprendizaje

- Para investigar más sobre el valor óptimo de la constante de tasa de aprendizaje, se realizan simulaciones para el tamaño de matriz 128 x 128, con 4 capas de convolución y la misma configuración del tamaño y número de *kernels* utilizada anteriormente. En este caso, y debido al mayor volumen de datos al final de la cuarta capa de convolución, se utilizan 100 neuronas en la capa completamente conectada.

Se realizan 9 simulaciones, con los valores de tasa de aprendizaje en el rango [0.001-0.150] que produjeron los mejores resultados en el escenario anterior. Los resultados se reflejan en la Tabla 31:

Nº CNN	M14	M15	M16	M17	M18	M19	M20	M21	M22
Constante de tasa de aprendizaje	0.001	0.005	0.010	0.025	0.050	0.075	0.100	0.125	0.150
Error sobre datos de entrenamiento (%)	19.0	15.7	1.20	5.42	4.10	6.42	26.9	32.0	29.6
Error sobre datos de validación (%)	13.6	10.3	5.47	6.8	7.60	5.73	23.6	25.2	25.9
Error sobre datos de test (%)	8.8	9.20	4.27	6.8	8.53	4.67	19.1	21.5	28.8

Tabla 31. Errores de clasificación en función de la constante de tasas de aprendizaje para 128 x 128

El menor error sobre los datos de test se produjo para la tasa de aprendizaje de 0.01, siendo el segundo mejor resultado para 0.075. Para valores inferiores a 0.01 y superiores a 0.075 los errores se incrementan significativamente (especialmente para valores mayores), ocurriendo un comportamiento similar para valores entre los dos mínimos.

Al haber obtenido el mejor resultado para 0.075 con matrices de 64 x 64 y de 0.01 para 128 x 128, y con objeto de extender esta evaluación, se realizarán pruebas con ambos valores para los tamaños de matriz más grandes.

• A continuación, se comprobó la influencia del número de *kernels* por capa para recortes de 128 x 128, con la siguiente selección de hiperparámetros:

- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Número de capas de convolución: 6
- Número de neuronas en la capa completamente conectada (CCC) de 100
- Valor del parámetro que controla la detención del entrenamiento (*patience*) de 10000

La selección de los tamaños de los filtros y la disposición de las operaciones de *pooling* se muestra en la Tabla 32:

Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Filtro 4	Pool 4	Filtro 5	Pool 5	Filtro 6	Pool 6
3	-	3	2	3	2	3	2	3	2	3	-

Tabla 32. Tamaño de los filtros y disposición de las operaciones de *pooling* por capas

El hiperparámetro libre es por tanto el número de filtros por capa. En la Tabla 33 se muestran las 8 simulaciones realizadas con el mismo número de filtros por capa:

Nº CNN	Número de filtros	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M23	[5, 5, 5, 5, 5, 5]	14 (4032)	7.86	9.06	11.25	4.73
M24	[10, 10, 10, 10, 10, 10]	12 (3456)	8.39	8.33	10.54	7.85
M25	[20, 20, 20, 20, 20, 20]	14 (4032)	9.46	9.83	10.35	14.1
M26	[30, 30, 30, 30, 30, 30]	8 (2304)	9.64	10.03	10.17	20.5
M27	[40, 40, 40, 40, 40, 40]	15 (4320)	10.36	5.28	10.18	28.57
M28	[50, 50, 50, 50, 50, 20]	19 (6750)	6.27	5.44	7.73	51.15
M29	[60, 60, 60, 60, 60, 60]	9 (4050)	6.40	7.73	5.20	57.49
M30	[70, 70, 70, 70, 70, 70]	(2700)	6.13	8.4	6.27	78.17

Tabla 33. Resultados para modelos con el mismo número de *kernels* por capa

Se puede observar como la capacidad de generalización sobre los datos de test se va reduciendo progresivamente a medida que aumenta el número de filtros hasta llegar a 60 por capa. Se produce una reducción significativa de los tres errores para más de 40 filtros por capa, duplicándose prácticamente el tiempo de entrenamiento. A partir de 60 filtros por capa el error comienza a aumentar de nuevo. No se alcanzan los resultados obtenidos para 4 capas de convolución en el anterior bloque de simulaciones.

- Para estudiar la influencia del número de capas de convolución se compararon simulaciones realizadas con 4, 5 y 6 capas de convolución. La red que produjo los mejores resultados para 128 x 128 utilizando 6 capas de convolución fue la M29. Utilizando el mismo número de filtros por capa (60) y el mismo tamaño de los *kernels* (3 x 3) se entrenaron modelos con 4, 5 y 6 capas de convolución. Para extender esta comprobación se repitieron las tres simulaciones con 20 filtros por capa (red M25 de 128 x 128 y 6 capas de convolución), con el propósito de conocer si existía relación entre el número de capas óptimo y el número de filtros por capa. Los resultados se presentan en la Tabla 34.

Para que la reducción dimensional de los filtros y las operaciones de *pooling* produjera tamaños de matriz enteros en todas las capas, las operaciones de *pooling* se distribuyeron de la siguiente manera: para 4 capas de convolución (-, 2, 2, 2), para 5 capas (-, 2, 2, 2, 2) y para 6 capas (-, 2, 2, 2, 2, -).

Nº CNN	Número de neuronas en la capa completamente conectada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M31	4 capas de convolución 20 kernels	17 (7650)	5.47	2.09	4.07	20.03
M32	5 capas de convolución 20 kernels	18 (8100)	6.53	10.0	7.33	19.78
M25	6 capas de convolución 20 kernels	14 (4032)	9.46	9.83	10.35	14.1
M33	4 capas de convolución 60 kernels	12 (5400)	7.33	7.33	6.53	43.75
M34	5 capas de convolución 60 kernels	19 (8550)	5.20	3.18	4.67	74.26
M29	6 capas de convolución 60 kernels	9 (4050)	6.40	7.73	5.20	57.49

Tabla 34. Influencia del número de capas de convolución para 128 x 128

El modelo de 5 capas de convolución M34 produjo una mejora con respecto al de 6 capas (M29), al verse reducido el error sobre los datos de test desde el 5.20% hasta el 4.67%. En el caso de 20 filtros por capa, el error de 6 capas de convolución también fue mejorado por modelos de menor profundidad, siendo en este caso la red con mejor capacidad de generalización la de 4 capas.

- El número de neuronas en la CCC determina cómo se trata el volumen de conexiones generadas tras actuar todas las capas de convolución. Un número reducido de neuronas no puede procesar toda información extraída. Sin embargo, un número excesivo no debería mejorar los resultados una vez superado un umbral. Los resultados obtenidos pueden verse en la Tabla 35. Los hiperparámetros seleccionados son los de la red M34:

- Tamaño de matriz: 128 x 128
- Número de capas de convolución: 5
- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Número de filtros por capa de [60, 60, 60, 60, 60]

- Valor para el parámetro *patience* de 10000

Nº CNN	Número de neuronas en la capa completamente conectada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M35	25	12 (5400)	6.80	8.53	8.40	49.52
M36	50	25 (11250)	5.60	2.67	4.40	84.08
M34	100	19 (8550)	5.20	3.18	4.67	74.26
M37	200	38 (17100)	5.60	0.03	4.00	107.1
M38	300	30 (13500)	5.60	0.96	5.33	90.24
M39	400	30 (13500)	5.20	1.29	5.47	92.90

Tabla 35. Resultados en función del número de neuronas en la CCC

A partir de 50 neuronas el error sobre los datos de test empieza a disminuir hasta llegar a 200, siendo este el valor óptimo, a partir del cual el error vuelve a aumentar. Para este valor se obtiene también el menor error sobre los datos de entrenamiento, que sigue un comportamiento completamente análogo al de los datos de test.

- Se analizaron los resultados obtenidos con un número creciente o decreciente de filtros por capa. Se consideró un número creciente de filtros con incrementos de 5, 10, 15 y 20 filtros por capa partiendo desde 20. Las de número decreciente utilizan el mismo número de filtros, pero en orden inverso. El resto de hiperparámetros se establecieron como se indica a continuación:

- Tamaño de matriz: 128 x 128
- Número de capas de convolución: 5
- Constante de tasa de aprendizaje que produjo mejores resultados: 0.075
- Número de filtros variable para cada capa
- Valor para el parámetro *patience* de 10000
- Número de neuronas de la CCC igual a 200

Los resultados de estas simulaciones se presentan en la Tabla 36:

Nº CNN	Número de filtros creciente y decreciente	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M40	[20,25,30,35,40]	6 (2700)	6.40	8.58	6.93	16.48
M41	[20,30,40,50,60]	38 (17100)	5.47	1.13	5.07	43.48
M42	[20,35,50,65,80]	24 (10800)	5.33	0.49	5.87	32.24
M43	[20,40,60,80,100]	16 (6750)	6.13	3.40	6.27	25.38
M44	[100,80,60,40,20]	39 (17550)	5.20	0.58	4.80	172.93
M45	[80,65,50,35,20]	9 (4050)	6.80	8.93	7.73	59.63
M46	[60,50,40,30,20]	11 (4950)	5.60	6.64	6.40	44.12
M47	[40,35,30,25,20]	29 (13050)	5.33	0.98	4.93	53.30

Tabla 36. Resultados para simulaciones con un número creciente y decreciente de filtros por capa

Para los casos M40-M43 con un número creciente de filtros, los mejores resultados se obtienen para la red M41 (incremento de 10 filtros por capa), mientras que al utilizar un número decreciente de filtros el error se reduce para M44 (siendo el valor es muy similar para M47). En cualquier caso, ninguna de estas redes consigue obtener una mejor capacidad de generalización que las mejores con un número constante de filtros por capa.

- Para analizar la influencia de las operaciones de *pooling* sobre los errores de clasificación, se aplicaron diferentes combinaciones de esta operación a distintas profundidades. Los resultados obtenidos al cambiar su número y distribución sobre del modelo pueden verse en la Tabla 37.

- Tamaño de matriz: 128 x 128
- Número de capas de convolución: 5
- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Número de filtros por capa que produjeron mejores resultados [60, 60, 60, 60, 60]
- Tamaño de los filtros [3,3,3,3,3]
- Se selecciona un valor para el parámetro *patience* de 10000
- El número de neuronas de la CCC es 200

Nº CNN	Distribución de operaciones de pooling	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M48	[1, 2, 2, 2, 2]	21 (9000)	5.07	1.04	5.60	64.08
M37	[1, 2, 2, 2, 1]	38 (17100)	5.60	2.44	4.00	107.1
M49	[1, 2, 2, 1, 1]	1 (450)	31.07	35.53	27.60	48.93
M50	[1, 2, 1, 1, 1]	25 (11250)	16.00	19.36	19.87	109.37
M51	[1, 2, 1, 2, 1]	1 (450)	50.00	50.00	50.00	54.54

Tabla 37. Influencia de la distribución de operaciones de pooling en el funcionamiento

Las 4 nuevas simulaciones M48, M49, M50 y M51 no alcanzaron el mínimo error de clasificación obtenido hasta el momento (4.00%). La reducción dimensional tras las 5 capas de convolución convierte la matriz de entrada en cada uno de los casos anteriores en: M48 (6 x 6), M37 (12 x 12), M49 (26 x 26), M50 (56 x 56), M51 (27 x 27). El volumen significativamente mayor de los tres últimos casos explica la dificultad de clasificación de las características aprendidas por parte de la capa completamente conectada y el clasificador de regresión logística.

- Para analizar la influencia del tamaño de los filtros sobre los errores de clasificación, se entrenaron diferentes modelos con número de filtros por capa constante y combinando tamaños de filtro. Los resultados pueden verse en la Tabla 38.

- Tamaño de matriz: 128 x 128
- Número de capas de convolución: 5

- Constante de tasa de aprendizaje que produjo mejores resultados: 0.075
- Número de filtros por capa de [60, 60, 60, 60, 60]
- Operaciones de *pooling*: [1, 2, 2, 2, 2]
- Valor para el parámetro *patience* de 10000
- Número de neuronas de la CCC es de 200

Nº CNN	Tamaño de los filtros	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M37	[3, 3, 3, 3, 3]	38 (17100)	5.60	2.44	4.00	107.1
M52	[5, 5, 5, 5, 5]	3 (1350)	6.53	9.22	6.40	62.42
M53	[7, 7, 7, 7, 7]	3 (1350)	6.80	9.58	8.00	83.11
M54	[9, 9, 9, 9, 9] [1,1,2,2,2]	-	50.0	50.0	50.0	-
M55	[3, 3, 3, 3, 5]	20 (9000)	4.67	4.00	5.20	66.07

Tabla 38. Influencia del tamaño de los filtros en el funcionamiento de la red CNN

La utilización de filtros de mayor tamaño no implica una mejora de las capacidades de generalización de las redes CNN en la tarea de detección de lesiones en mamografía. Utilizar un tamaño del área receptiva menor supone una mejora de los resultados. En caso de utilizar filtros de 9 x 9 no se alcanza un mínimo de la función de coste.

- En la Tabla 39 se reflejan una serie de configuraciones entrenadas para el tamaño de matriz 64 x 64. En la primera mitad de la tabla, el parámetro que se modifica es el número de filtros por capa, que manteniéndose constante entre capas se aumenta desde 5 hasta 70.

En la mitad inferior es el número de neuronas en la capa CCC es parámetro libre. El número mínimo utilizado es 10, incrementándose hasta 200.

- Número de capas de convolución: 4
- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Tamaño de los filtros [3 x 3, 3 x 3, 3 x 3, 3 x 3]
- Operaciones de *pooling* son [1, 2, 2, 2]
- Valor para el parámetro *patience* de 10000

De todas las combinaciones con un número constante de filtros por capa (de la M56 hasta la M65) el menor error de generalización se obtiene para M59 (20 filtros), demostrando como ocurrió para el tamaño de matriz de 128 x 128, la existencia de un número de filtros para el que el error es mínimo, y que no disminuye por mucho que se aumenten el número de filtros.

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	Neuronas capa completamente conectada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)	
M56	64 x 64	[5, 5, 5, 5, 5]	50	1 (450)	18.4	16.1	12.5	3.0	
M57		[10,10,10,10]		12 (5400)	1.73	1.58	1.20	4.1	
M58		[15,15,15,15]		15 (10800)	0.93	0.96	1.47	6.3	
M59 (M6)		[20,20,20,20]		25 (11250)	0.80	0.27	0.80	7.4	
M60		[25,25,25,25]		11 (4950)	0.93	1.44	0.80	9.7	
M61		[30,30,30,30]		12 (6750)	0.93	0.87	1.47	11.0	
M62		[40,40,40,40]		13 (5850)	0.67	0.51	1.07	16.9	
M63		[50,50,50,50]		20 (9000)	0.40	0.42	1.33	21.9	
M64		[60,60,60,60]		23 (10350)	0.67	0.29	1.07	27.5	
M65		[70,70,70,70]		24 (10800)	0.67	1.20	0.53	38.92	
M66		[60,60,60,60]		10	14 (6300)	1.07	1.20	1.23	15.79
M67				25	15 (6750)	0.80	0.40	1.07	21.62
M64				50	23 (10350)	0.67	0.29	1.07	27.5
M68				75	22 (10350)	0.53	0.37	0.80	33.04
M69	100		16 (7200)	0.27	0.47	0.80	20.47		
M70	200		15 (6750)	0.93	0.44	1.07	23.87		

Tabla 39. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para redes de 64 x 64 con diferente número de filtros y neuronas en la capa completamente conectada

Las combinaciones con un número elevado de filtros por capa y diferente número de neuronas en la capa CC tampoco obtuvieron un mejor resultado que M59. Los resultados óptimos para el grupo de modelos M66-M70 se obtuvieron con 75 y 100 neuronas, no reduciéndose el error sobre test para 200.

• Los errores de clasificación para los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para un conjunto de redes de 64 x 64 con un número variable de filtros por capa se muestran en la Tabla 40:

- Tamaño de matriz: 64 x 64
- Número de capas de convolución: 4
- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Las operaciones de *pooling* son [1, 2, 2, 2]
- Valor para el parámetro *patience* de 10000
- Neuronas en la capa completamente conectada: 50

En este caso los valores de error sobre los datos de test se mantienen bastante constantes para todas estas combinaciones (a excepción de M73), pero no mejoran el comportamiento de M59.

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M59 (M6)	64 x 64	[20,20,20,20]	25 (11250)	0.80	0.27	0.80	7.4
M71		[20,25,30,35]	27 (11250)	0.13	0.27	1.87	8.69
M72		[20,30,40,50]	45 (20250)	0.80	0.27	1.07	16.28
M73		[20,35,50,65]	1 (450)	9.33	8.64	5.60	5.27
M74		[20,40,60,80]	16 (7200)	0.87	0.48	0.97	15.55
M75		[20,45,70,95]	14 (6300)	0.67	0.98	1.33	12.45
M76		[95,70,45,20]	14 (5400)	0.80	0.49	1.47	24.22
M77		[80,60,40,20]	15 (6750)	0.80	0.82	1.60	21.50
M78		[65,50,35,20]	20 (9000)	0.93	1.33	1.60	17.19
M79		[50,40,30,20]	28 (12600)	1.33	0.36	1.33	17.30
M80		[35,30,25,20]	18 (8100)	0.93	0.87	1.20	8.68

Tabla 40. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para redes de 64 x 64 con un número creciente y decreciente de filtros por capa

• Para concluir los test relativos al tamaño 64 x 64, se analiza la influencia del tamaño de los filtros (6 simulaciones), y distribución de las operaciones de *pooling* (2 simulaciones). Los resultados se presentan en la Tabla 41. Se parte de las siguientes condiciones:

- Tamaño de matriz: 64 x 64
- Número de capas de convolución: 4
- Constante de tasa de aprendizaje: 0.075
- Número de filtros por capa: [20,20,20,20]
- Valor para el parámetro *patience* de 10000

CNN Id.	Matriz de entrada	Tamaño de los filtros	Operaciones de pooling	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejore error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M59 (M6)	64 x 64	[3,3,3,3]	[1,2,2,2]	25 (11250)	0.80	0.27	0.80	7.4
M81		[5,5,5,5]	[1,2,2,2]	13 (3150)	1.20	1.00	1.60	5.34
M82		[7,7,7,7]	[1,2,2,1]	11 (4950)	0.93	1.36	1.20	6.45
M83		[9,9,9,9]	[1,2,1,1]	21 (8550)	1.07	2.67	1.73	10.00
M84		[3,3,5,5]	[1,2,2,1]	18 (9900)	1.07	1.04	0.80	8.72
M85		[3,5,7,9]	[2,1,1,1]	19 (8550)	47.73	46.13	44.13	3.63
M86		[9,7,5,3]	[2,1,2,1]	1 (450)	15.87	14.76	12.53	3.62
M87		[3,3,3,3]	[1,2,2,1]	19 (7650)	1.20	4.89	1.20	7.46
M88		[3,3,3,3]	[1,2,1,2]	(13950)	1.73	0.40	1.60	9.97

Tabla 41. Configuración de los hiperparámetros, errores de clasificación y tiempos de entrenamiento para redes de 64 x 64 con diferentes tamaños de filtro y distribución de las operaciones de pooling

El uso de filtros de mayor tamaño no trae consigo una mejora en las capacidades de generalización, aunque existen combinaciones de filtros de 3 x 3 y 5 x 5 que igualan al mejor resultado (sobre los datos de test, aunque no sobre los de validación) obtenido hasta el momento para este tamaño de matriz. Resulta beneficioso utilizar tres operaciones de *pooling* frente a 2.

Tras realizar el estudio detallado de la influencia de los diferentes hiperparámetros en el funcionamiento de las redes de 64 x 64 y 128 x 128, se han podido extraer conclusiones relativas al número, tamaño y distribución de filtros, neuronas y operaciones de *pooling*. Seleccionando los valores óptimos de los parámetros y realizando algunas variaciones en torno a ellos, se realiza una serie de simulaciones para cada uno de los 3 tamaños de recorte restantes.

- Continuando con la metodología expuesta en párrafos anteriores, en la Tabla 42 y en la Tabla 43 se muestra la configuración de las redes entrenadas para el tamaño de matriz de 192 x 192. En la primera de ellas se incluye el número de capas de convolución y de filtros de cada capa, el tipo de operaciones de *pooling*, y los valores de la constante de tasa de aprendizaje y de neuronas en la capa completamente conectada. En la segunda se muestra el tamaño de los filtros de cada una de las capas de convolución. Existen parejas de modelos que comparten la misma distribución de filtros, pero difieren en alguno de los otros parámetros reflejados en la Tabla 42.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capas de convolución	Número de filtros	Operaciones de pooling	Constante de tasa de aprendizaje	Neuronas capa completamente conectada
M89	192x192	4	[20, 20, 20, 20]	[1, 2, 2, 2]	0.075	50
M90					0.01	
M91		5	[20,20,20,20, 20]	[1, 2, 2, 2, 2]	0.075	200
M92					0.01	
M93		6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 1]	0.075	
M94					0.01	
M95		6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 1]	0.075	
M96					0.01	
M97		6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 1, 1]	0.075	
M98					0.01	
M99		6	[20,20,20,20,20,20]	[2, 2, 1, 1, 1, 1]	0.075	
M100					0.01	
M101		6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 1, 1, 1]	0.01	
M102		6	[30,30,30,30,30]	[1, 2, 2, 2, 2]	0.075	
M103		6	[40,40,40,40,40]	[1, 2, 2, 2, 2]	0.075	

Tabla 42. Configuración de hiperparámetros para las redes seleccionadas de 192 x 192 (I)

La Tabla 44 recoge los resultados (sobre cada uno de los tres conjuntos de datos) junto con la mejor etapa o *epoch* de validación, la mejor iteración de validación y el tiempo de entrenamiento en minutos.

Para este tamaño se comprobó la influencia del número de capas de convolución en los resultados, en las redes desde M89 hasta M94. Con cada número de capas (4, 5 o 6) se entrenaron dos modelos con diferentes valores de la tasa de aprendizaje (0.01 y 0.075). El menor error de clasificación sobre test, y por tanto la mejor capacidad de generalización se corresponde con el modelo de 5 capas (M91) que alcanzó un error del 10.40%. El tamaño de los *kernels* de convolución en todas las capas de estas CNN es de 3 x 3.

CNN Id.	Matriz de entrada	Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Filtro 4	Pool 4	Filtro 5	Pool 5	Filtro 6	Pool 6
M89 M90	192x192	3	1	3	2	3	2	3	2	-	-	-	-
M91 M92		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	-	-
M93 M94		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	1
M95 M96		5	1	5	2	5	2	5	2	5	2	5	1
M97 M98		7	1	7	2	7	2	7	2	7	1	7	1
M99 M100		9	2	9	2	9	1	9	1	9	1	9	1
M101		11	1	11	2	11	2	11	1	11	1	11	1
M102 M103		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	-	-

Tabla 43. Configuración de los hiperparámetros de las redes seleccionadas para 192 x 192 (II)

La utilización de filtros de convolución de mayor tamaño produjo buenos resultados en el caso de 5 x 5 (M95 y M96), alcanzando errores de test del 11.47% y del 10.93%, ligeramente menor al disminuir el valor de la tasa de aprendizaje, pero no mejoraron el resultado obtenido para la red M91.

Un aumento en el tamaño de los filtros hasta 7 x 7 (M97 y M98), 9 x 9 (M99 y M100) y 11 x 11 (M101) tampoco permitió obtener un menor error de clasificación sobre el conjunto de test. Conviene señalar que en estos casos es posible obtener una mala convergencia del algoritmo de aprendizaje cuando se utiliza un valor mayor de la constante de tasa de aprendizaje (0.075), como se observa para las CNN con identificación M97 y M99, cuyos errores estaban muy próximos al 50%.

CNN Id.	Matriz de entrada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M89	192x192	20 (9000)	11.47	5.78	13.46	42.24
M90		29 (13050)	15.60	1.98	16.93	55.50
M91		20 (9000)	11.33	3.73	10.40	46.89
M92		16 (7200)	16.27	12.80	17.20	39.49
M93		7 (3150)	15.07	8.98	13.47	31.00
M94		1 (450)	40.13	42.78	40.80	31.10
M95		17 (7650)	11.33	7.67	11.47	47.21
M96		25 (11250)	11.87	4.02	10.93	63.94
M97		2 (450)	50.0	50.00	50.00	49.15
M98		18 (8100)	9.20	5.89	10.53	65.53
M99		3 (1350)	49.47	49.93	49.87	21.92
M100		36 (16200)	10.26	6.04	11.20	49.69
M101		14 (6300)	13.33	11.04	15.73	86.88
M102		30 (13500)	10.53	2.11	10.27	93.14
M103		23 (10350)	11.20	1.67	12.13	113.15

Tabla 44. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 192 x 192

Para estudiar si un aumento en el número de filtros por capa con respecto a M91 (20 filtros), se entrenaron los modelos M102 (30) y M103 (40). La utilización de 30 filtros mejora ligeramente los resultados obtenidos hasta el momento, aunque esta tendencia no continúa con 40 filtros por capa, situación en la que el error es superior incluso con respecto a M91 (20 filtros).

- Las configuraciones de hiperparámetros entrenadas para el tamaño 256 x 256 se reflejan en la Tabla 45 y en la Tabla 46, mientras que los resultados se presentan en la Tabla 47. En este caso se entrenaron arquitecturas con 6 capas de convolución, y diferente número de filtros por capa con el resto de parámetros iguales (M104, M106 y M107). El menor error de clasificación de estas tres redes se produjo con un número de filtros por capa de 20 (M104), siendo su valor un 14.13%. Aumentar el número de neuronas en la capa completamente conectada hasta 300 (M105) no resultó en una mejor clasificación de los recortes.

Las tres simulaciones M104, M106 y M107 se replicaron con un menor valor de la constante de tasa de aprendizaje (0.01) en las arquitecturas M119, M120 y M121. Los resultados obtenidos fueron respectivamente 13.33%, 14.00% y 16.53%, superando el rendimiento de la red M104 en tanto para 20 como para 30 filtros por capa.

Reducir el número de capas de convolución a 5 con un tamaño de los datos de entrada de 256 x 256, resulta en un error del 49.47% para M115 (tasa de aprendizaje 0.075) y del 18.40% para M116 (tasa de aprendizaje 0.01), por lo que no se debe reducir la profundidad de las redes para este tamaño de matriz.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capas de convolución	Número de filtros	Operaciones de pooling	Constante de tasa de aprendizaje	Neuronas capa completamente conectada	
M104	256x256	6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.075	200	
M105							300
M106			[30,30,30,30,30,30]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.075	200	
M107			[40,40,40,40,40,40]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.075	200	
M108			[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.01	200	
M109			[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 1]	0.075	200	
M110					0.01		
M111			[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 1]	0.075	200	
M112					0.01		
M113			[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 1]	0.075	200	
M114					0.01		
M115			5		[20,20,20,20,20]	[2, 2, 2, 2, 2]	0.075
M116		0.01					
M117		6		[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 1, 2, 1]	0.075	200
M118				[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 1, 2, 1]	0.01	200
M119				[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.01	200
M120				[30,30,30,30,30,30]		0.01	200
M121				[40,40,40,40,40,40]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]		
M122	[20,20,20,20,20,20]				100		

Tabla 45. Configuración de hiperparámetros para las redes seleccionadas de 256 x 256 (I)

El efecto de incrementar el tamaño de los filtros se investigó en las simulaciones M109 y M110 (para un tamaño de 5 x 5), M111 y M112 (para un tamaño de 7 x 7), M113 y M114 (tamaño de 9 x 9) y M117 y M118 (tamaño de 9 x 9). De la variedad de resultados obtenidos, se deduce que utilizar el valor bajo de la tasa de aprendizaje mejora sensiblemente los resultados para todos los tamaños de filtro. El menor error de este grupo corresponde a M116 (14.53%).

Conviene mencionar que ninguna de estas configuraciones produjo mejores resultados que los comentados en los anteriores párrafos para este tamaño de los datos de entrada.

Para intentar mejorar el resultado obtenido en M104, una reducción del valor de la constante de tasa de aprendizaje desde 0.075 hasta 0.01 produjo unos resultados muy similares, aunque ligeramente peores (error del 14.17%).

CNN Id.	Matriz de entrada	Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Filtro 4	Pool 4	Filtro 5	Pool 5	Filtro 6	Pool 6
M104	256x256												
M105													
M106		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	2
M107													
M108													
M109		5	1	5	2	5	2	5	2	5	2	5	1
M110													
M111		7	1	7	2	7	2	7	2	7	2	7	1
M112													
M113		9	1	9	2	9	2	9	2	9	1	9	1
M114													
M115		5	2	3	2	3	2	3	2	3	2	-	-
M116													
M117		11	1	11	2	11	2	11	1	11	2	11	1
M118													
M119													
M120	3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	2	
M121													
M122													

Tabla 46. Configuración de los hiperparámetros de las redes seleccionadas para 256 x 256 (II)

Una última comprobación para analizar la influencia del número de neuronas en la capa completamente conectada se efectuó en M122. Utilizar únicamente 100 incrementa el error hasta el valor de 17.07%.

CNN Id.	Matriz de entrada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M104	256x256	25 (11250)	14.40	6.44	14.13	86.18
M105		20 (9000)	14.93	6.71	17.60	74.00
M106		31 (13950)	15.07	5.11	17.07	150.99
M107		15 (6750)	15.20	7.22	15.73	137.38
M108		15 (6750)	12.67	11.36	14.17	64.22
M109		1 (450)	44.53	37.80	44.40	67.10
M110		25 (11250)	12.67	3.73	15.20	112.24
M111		1 (450)	26.40	29.89	28.27	66.77
M112		24 (10800)	12.93	7.64	15.73	137.56
M113		12 (5400)	42.40	37.42	43.20	87.25
M114		14 (6300)	13.60	12.09	16.00	123.89
M115		12 (5400)	48.93	47.40	49.47	110.01
M116		10 (4500)	15.20	14.16	18.40	17.09
M117		14 (6300)	39.33	45.40	40.93	153.29
M118	19 (8550)	14.53	11.36	14.53	190.66	
M119	18 (8100)	11.60	9.96	13.33	82.53	
M120	21 (9450)	14.27	7.53	14.00	118.38	
M121	9 (4050)	14.27	13.98	16.53	124.64	
M122	18 (8100)	13.60	11.24	17.07	71.33	

Tabla 47. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 256 x 256

- Para el mayor de los tamaños de recorte, 384 x 384, se resume su configuración de hiperparámetros en la Tabla 48 y en la Tabla 49. Los resultados de este grupo de simulaciones de 384 x 384 aparecen reflejados en la Tabla 50.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capas de convolución	Número de filtros	Operaciones de pooling	Constante de tasa de aprendizaje	Neuronas capa completamente conectada
M123	384x384	6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]	0.01	200
M124						300
M125						200
M126						200
M127		6	[20,20,20,20,20,20]	[2, 2, 1, 1, 1, 1]	0.01	200
M128		6	[20,20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 1, 1, 1]		
M129		5	[20,20,20,20,20]	[1, 2, 2, 1, 2]		
M130		6	[10,10,10,10,10,10]	[1, 2, 2, 2, 2, 2]		

Tabla 48. Configuración de hiperparámetros de redes seleccionadas para 384 x 384 (I)

El número de filtros por capa de partida fue de 20. Las dos primeras redes M123 y M124 disponen de una configuración idéntica a excepción del número de neuronas en la capa completamente conectada. Incrementar este número resultó en un menor error sobre los datos de entrenamiento que sin embargo no se tradujo en una mejora de las capacidades de generalización de la red (mayor error de test).

CNN Id.	Matriz de entrada	Filtro 1	Pool 1	Filtro 2	Pool 2	Filtro 3	Pool 3	Filtro 4	Pool 4	Filtro 5	Pool 5	Filtro 6	Pool 6
M123	384x384	3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	2
M124		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	2
M125		5	1	5	2	5	2	5	2	5	2	5	2
M126		7	1	7	2	7	2	7	2	7	2	7	2
M127		9	2	9	2	9	2	9	2	9	2	9	1
M128		11	1	11	2	11	2	11	1	11	1	11	1
M129		11	1	11	2	11	2	11	1	11	2	-	-
M130		3	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	2

Tabla 49. Configuración de hiperparámetros de redes seleccionadas para 384 x 384 (II)

Un incremento en el tamaño de los filtros a 5 x 5 (error del 19.73% en M125), 7 x 7 (error del 19.46% en M126), 9 x 9 (error del 23.24% en M127) y 11 x 11 (error del 27.30% en M128) demuestra que a mayor tamaño del filtro peor capacidad de generalización de las redes entrenadas.

CNN Id.	Matriz de entrada	Mejor etapa de validación (iteración)	Mejor error de validación	Error de entrenamiento	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M123	384x384	32 (7200)	19.46	19.11	18.11	124.68
M124		33 (7425)	20.27	1.33	17.83	124.97
M125		25 (5625)	20.27	12.9	19.73	161.45
M126		35 (7875)	17.84	1.91	19.46	215.43
M127		34 (7650)	20.54	0.00	23.24	99.11
M128		22 (4950)	24.05	3.51	27.30	356.93
M129		21 (4725)	22.16	0.89	22.97	364.12
M130		27 (6075)	19.46	0.76	18.65	65.66

Tabla 50. Errores de clasificación y tiempo de entrenamiento para las redes de 384 x 384

A pesar del gran tamaño de matriz, se comprobó una arquitectura con 5 capas de convolución y filtros de tamaño 11 x 11 para conseguir una reducción dimensional adecuada de las matrices, sin reducir los errores de clasificación (22.97% para M129). Por último, se redujo el número de filtros por capa, lo que empeoró ligeramente el mejor resultado alcanzado, 18.65% para M130.

Por último, y para el mayor tamaño de matriz analizado (384 x 384) las simulaciones se realizaron con una tasa de 0.01. En este caso incrementar el número de neuronas de 200 (M123) a 300

(M124) produce una mejora de los resultados, reduciendo el error desde el 18.11% hasta el 17.83%.

Debido a la diferente morfología de las lesiones dependiendo del tamaño de los recortes, y teniendo en cuenta que únicamente se les han aplicado transformaciones rígidas (no se han reescalado ninguna de las lesiones para crear nuevos recortes artificialmente) cada red está más especializada en detectar un tipo de lesión. Las de pequeño tamaño (64 x 64 y 128 x 128) disponen de una capacidad de detección de calcificaciones y pequeños grupos de microcalcificaciones. Las de tamaño 192 x 192 y 256 x 256 detectan masas aisladas, aunque también en presencia de grupos de microcalcificaciones o combinadas con regiones calcificadas. La de 384 x 384

Los resultados de clasificación para los tres tamaños de recorte 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384 se presentan en la Tabla 50, incluyendo la iteración y la *epoch* en la que se obtuvo el mejor error sobre el conjunto de validación, el mejor error de validación junto con los errores de entrenamiento y de test y la duración de la simulación.

En general, cuanto antes se alcanza la mejor etapa de validación, peores resultados se obtienen sobre el conjunto de test. Además, a mayor constante de tasa de aprendizaje menor *epoch* en la que se producen los mejores resultados.

Utilizar valores altos de la constante de tasas de aprendizaje no solo reduce el tiempo de entrenamiento, sino que es beneficioso a la hora de obtener mejores resultados para las redes de menor tamaño. El valor de la constante para 64 x 64, 128 x 128 y 192 x 192 que mejores resultados produjo fue 0.075. Sin embargo, al considerar tamaños mayores (256 x 256 y 384 x 384), se debe reducir su valor a 0.01 para poder localizar el mínimo de la función de coste en el espacio de hiperparámetros.

En relación con el número de neuronas en la capa completamente conectadas, el mejor modelo de 64 x 64 utilizó 50 neuronas, mientras que el de 128 x 128 utilizó 100 neuronas. Las tres matrices restantes, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384 utilizaron 200 neuronas. Incrementar estos valores no mejoró los resultados. A medida que se incrementa la complejidad de los datos a analizar, se requiere un aumento moderado del número de neuronas.

Para ampliar el análisis de la influencia del número de capas de convolución se realizaron simulaciones con un tamaño de 256 x 256. La constante de tasa de aprendizaje de 0.075

En lo referente al número de capas de convolución la mejor red de 64 x 64 contaba con 4 capas, mientras que las de 128 x 128 y 192 x 192 utilizaron 5 capas, siendo de 6 capas de convolución para 256 x 256 y 384 x 384. A medida que aumenta el tamaño de matriz utilizar redes de mayor profundidad incrementa su capacidad de aprendizaje.

En todos los casos, el uso de filtros de pequeño tamaño, 3 x 3 permitió obtener los mejores resultados. El uso de campos receptivos pequeños permite extraer características de las imágenes y aprender sus rasgos distintivos con una mayor eficacia.

4.6.2.2. Estudio de la influencia de los hiperparámetros y evolución del proceso de entrenamiento

La elección de la constante de tasa de aprendizaje es importante para permitir que el proceso de entrenamiento se desarrolle adecuadamente y se obtengan buenos resultados. En la Figura 57 se compararon los errores de clasificación para los conjuntos de entrenamiento, validación y test de 13 redes con diferentes valores de esta constante. La mejor capacidad de generalización correspondió a la red M6, para la que se representa la evolución de la exactitud, precisión y tasa de FP en la Figura 58. La línea vertical se corresponde con la *epoch* para la que se obtuvieron mejores resultados de validación.

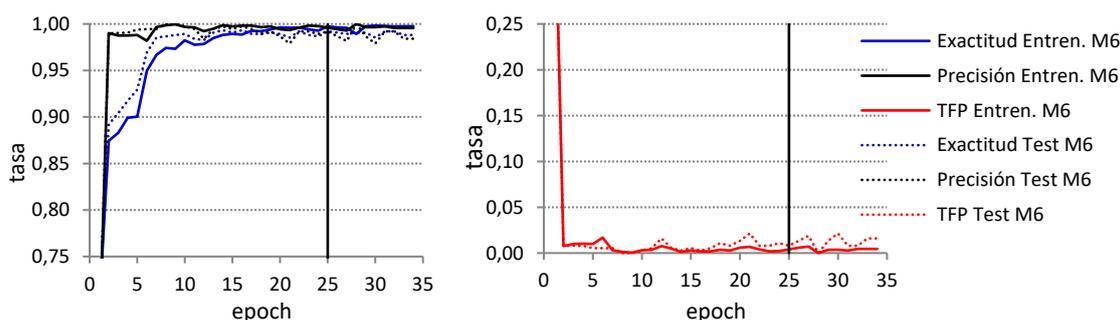


Figura 58. Entrenamiento de la red M6. Parte izquierda: evolución de la exactitud y precisión sobre datos de entrenamiento (línea continua) y de test (línea punteada). Parte derecha: evolución de la TFP para entrenamiento (línea continua) y test (línea punteada)

Se puede observar que existen pequeñas diferencias entre ambos conjuntos de datos. El número de falsos positivos es un poco mayor sobre el conjunto de test, mientras que a partir de la *epoch* 15 la exactitud y la precisión son algo superiores para los datos de entrenamiento. Estas pequeñas diferencias son indicativas de que la red CNN no está sufriendo en ningún momento el proceso de *overfitting* (sobreaprendizaje).

En la Figura 59 se muestra una comparativa del proceso de aprendizaje para 4 redes con diferentes valores de constante de tasa de aprendizaje, siendo de menor a mayor valor 0.001 (M1, color negro), 0.01 (M3, color rojo), 0.075 (M6, color azul) y 0.15 (M9, color naranja). Se observa como la *epoch* para la que se obtiene el mejor resultado disminuye (entrenamiento más rápido) a medida que aumenta el valor de la constante. Cuando el valor de la constante es muy bajo, la curva de exactitud no alcanza valores óptimos (línea continua negra), debido a que la actualización de los valores de los *pesos* y *offsets* se realiza en intervalos muy pequeños que no permiten localizar mínimos de la función de coste. Para el valor de constante de 0.01 (línea continua roja) este comportamiento sigue existiendo, aunque en menor medida. Con el valor óptimo de la constante (0.075) la exactitud de clasificación alcanza sus valores máximos (línea continua azul), siendo inferiores al aumentar su valor (línea continua naranja).

Otro hecho reseñable es que la diferencia entre las curvas de exactitud y precisión es mayor a medida que la constante de tasa de aprendizaje disminuye, por lo que las redes CNN presentan una sensibilidad más baja en estos casos. Encontrar el valor adecuado de la constante permite conseguir curvas de exactitud y precisión próximas y desplazadas hacia tasas de clasificación correcta mayores, y por tanto sistemas más sensibles y específicos.

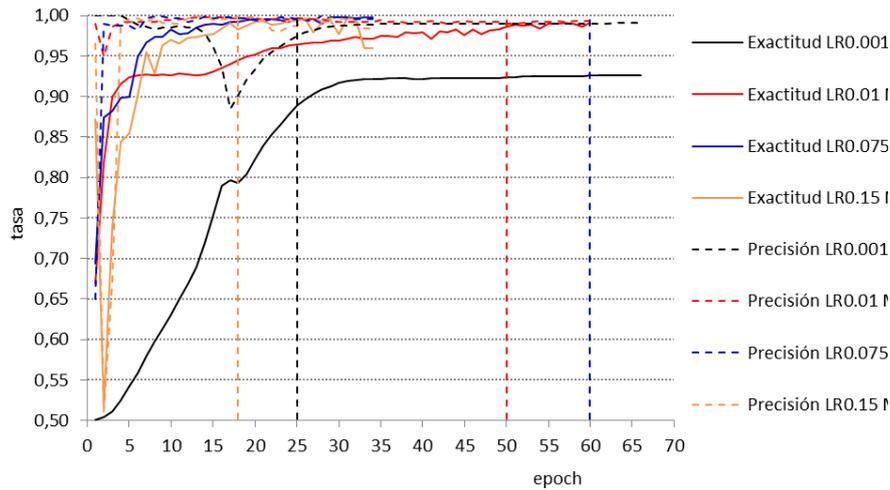


Figura 59. Comparativa del proceso de entrenamiento para 4 valores de la constante de tasa de aprendizaje: 0.001 (negro), 0.01 (rojo), 0.075 (azul) y 0.15 (naranja)

Un valor excesivamente alto de la constante de tasa de aprendizaje impide que los parámetros de la red se actualicen adecuadamente, no permitiendo que se alcance un mínimo de la función de coste (Figura 60).

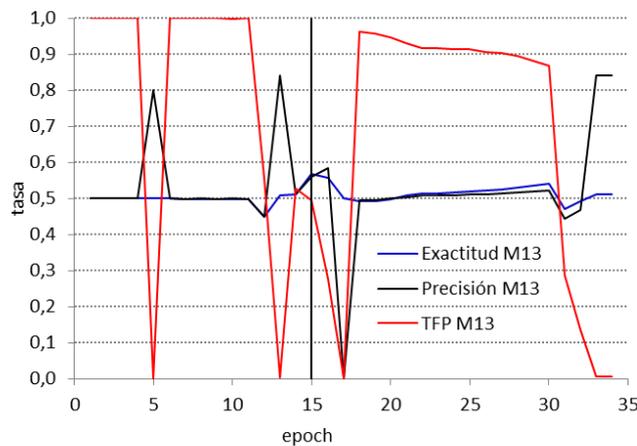


Figura 60. Variabilidad en la exactitud, precisión y tasa de FP para un valor excesivamente alto de la constante de tasa de aprendizaje

En la Figura 61 se representa la evolución del proceso de entrenamiento para la red M29, que es la de mejor capacidad de generalización (menor error de test) entre aquellas que tienen un número constante de filtros por capa. El error sobre el conjunto de datos de entrenamiento para esta red de 60 filtros por capa en la mejor *epoch* de validación fue del 7.73%, algo inferior que el error sobre los datos de test, que fue del 5.20%.

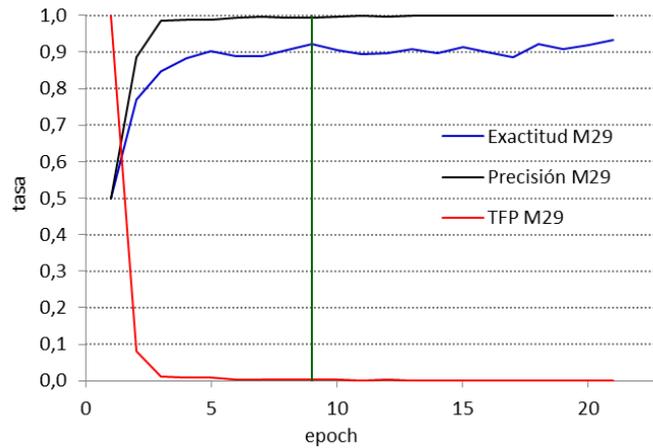


Figura 61. Evolución del proceso de entrenamiento para la CNN M29

La exactitud de clasificación y la tasa de FPR se calculan para los dos grupos de simulaciones anteriores. En la Tabla 76 se representan gráficamente la exactitud de clasificación y la tasa de FP sobre el conjunto de test para las redes con identificaciones M23 a M30.

La evolución de la exactitud de clasificación para las redes entrenadas con diferente número de filtros por capa para el tamaño de matriz de 128 x 128 se muestran en la Figura 62:

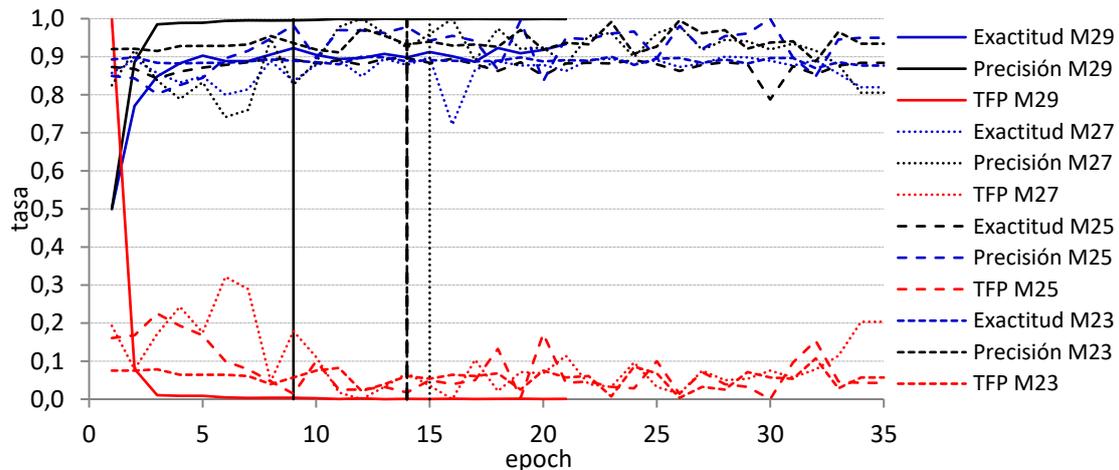


Figura 62. Exactitud y TFP para CNN con igual número de filtros por capa (M23,M25,M27,M29)

La red M29 consigue una excelente precisión y por tanto una muy baja tasa de FP, presentando una exactitud similar al resto de modelos representados.

En la Figura 63 se muestran las exactitudes sobre los conjuntos de datos de test para las redes M57, M59, M61 y M63 (tamaño 64 x 64). Dos de ellas comparten *epoch* en la que se produjeron mejores resultados. La CNN (M59=M6) produjo los mejores resultados.

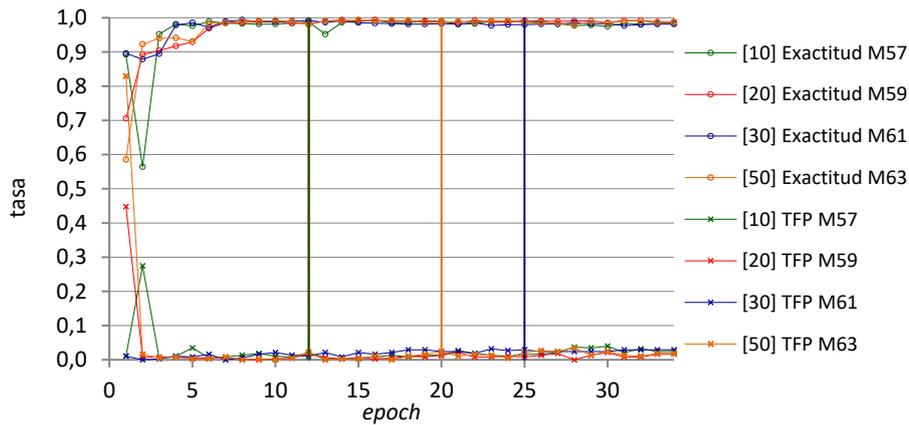


Figura 63. Exactitud y TFP para CNN con igual número de filtros por capa (Id. M56 a M.63)

En la Figura 64 se observa la evolución de la exactitud, precisión y tasa de FP para dos redes con un número constante de filtros: M24 (10 filtros por capa) y M26 (30 filtros por capa) aunque menor que en el caso anterior (M29). Se observa cómo para un número menor de filtros los cambios en los parámetros son más abruptos que para M29. Además, el número de FP es sensiblemente mayor desde las primeras *epoch* y la precisión menor.

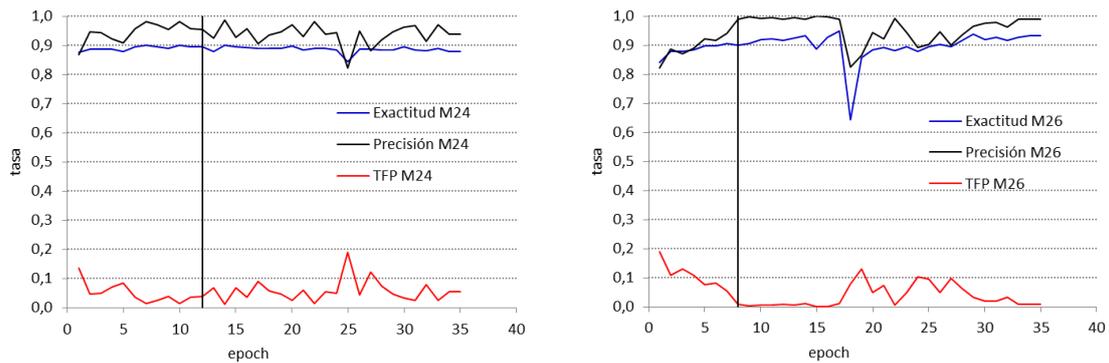


Figura 64. Evolución de la exactitud, precisión y tasa de FP para los conjuntos de entrenamiento de las redes M24 y M26

Para confirmar este comportamiento se representa la evolución de la red M30 (70 filtros por capa), que presenta una tendencia muy similar a la de M29, con una excelente precisión y una exactitud superior al 90% (Figura 65). Su exactitud fue del 91.6%, ligeramente inferior al 92.3% de M29. La mejor exactitud sobre los datos de entrenamiento de M29 repercute positivamente en su capacidad de generalización con respecto a M30: 5.20% frente a 6.27% para los conjuntos de datos de test.

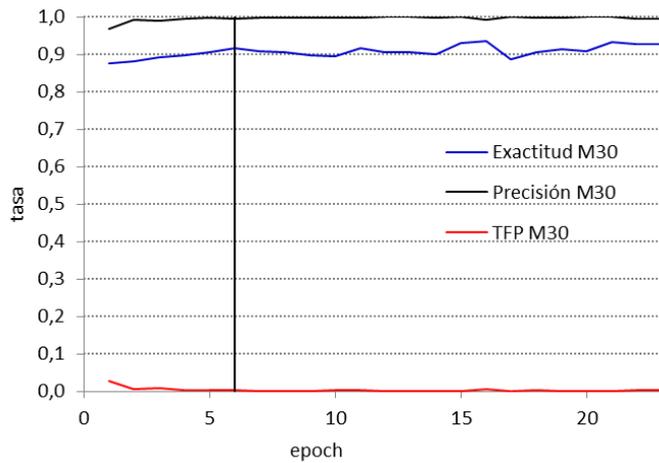


Figura 65. Comportamiento de la exactitud, precisión y tasa de FP para la red M30

En la Figura 66 se puede observar cómo los mejores resultados se obtiene cuando se utilizan al menos 3 operaciones de *pooling*, siendo muy similares al utilizar 3 (M48) o 4 (M37) . La falta de reducción dimensional provocada por el uso de un menor uso de estas operaciones (M49, M50) conlleva pérdida significativa de exactitud y precisión y un aumento de la TFP. Puede incluso llegar el caso de que el algoritmo no converja a ninguna solución como en el quinto caso del grupo (M51).

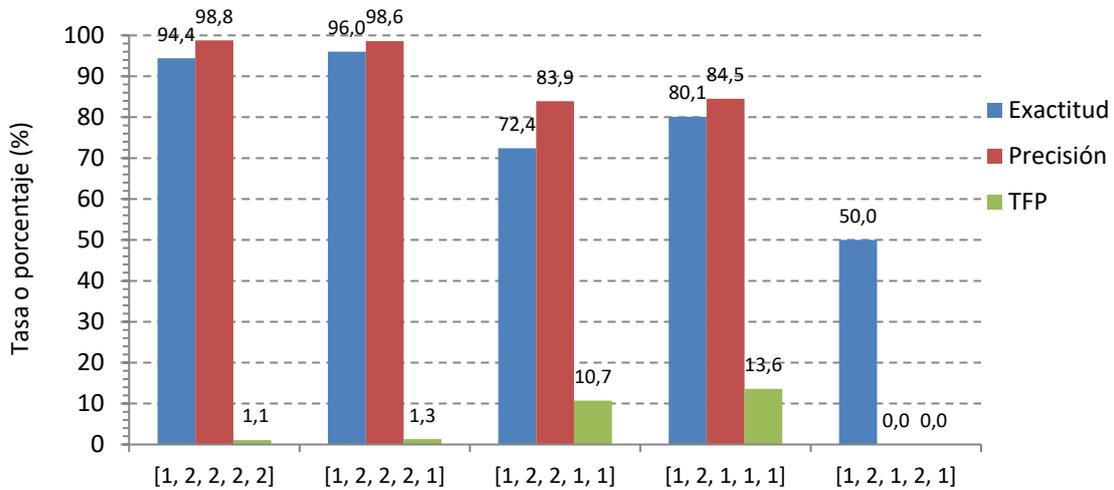


Figura 66. Exactitud, precisión y TFP para 5 combinaciones de operaciones de pooling

La comparación entre la exactitud, precisión y TFP para las CNN del tamaño 128 x 128 con diferente número de filtros M25 (20 por capa), M27 (40 filtros por capa), M28 (50 filtros por capa) y M29 (60 filtros por capa) se muestra en la Figura 67:

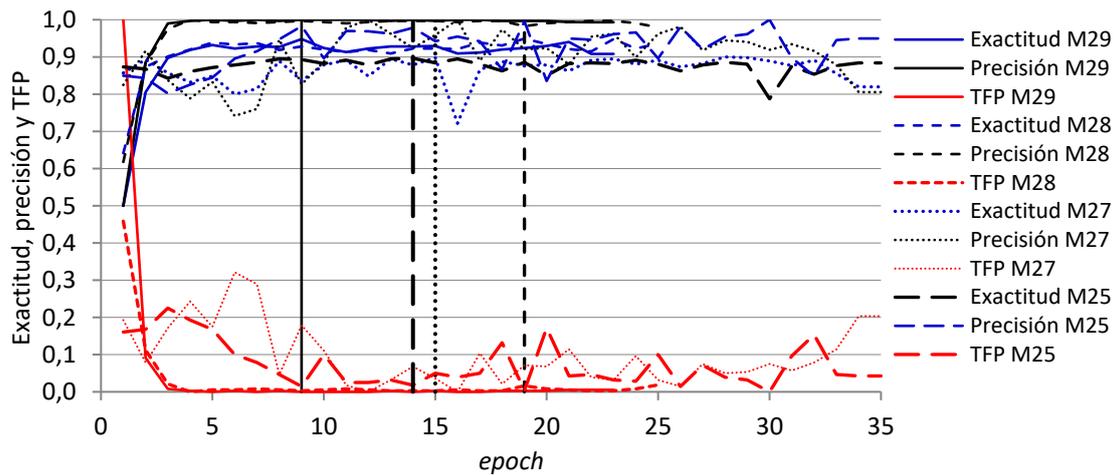


Figura 67. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 128 x 128 etiquetadas como M25, M27, M28 y M29

La CNN con mejor desempeño (error sobre test del 5.20%) es la de mayor número de filtros de las 4 representadas (línea continua). La de 50 filtros presenta una evolución similar tanto en exactitud y precisión como en TFP. Ambas redes mantienen la exactitud y la precisión en valores muy elevados a partir de la epoch 3, sufriendo pequeñas fluctuaciones. Asimismo, el valor de sus TFP se mantiene muy bajo. Sin embargo, los modelos M25 y M27 presentan valores inferiores de exactitud y precisión y sufren fluctuaciones más acusadas durante el proceso de entrenamiento. La *epoch* de la CNN que mejor capacidad generalización posee es la de menor valor de las representadas.

En la Figura 68 se compara la evolución de la exactitud, precisión y TFP sobre los conjuntos de datos de test al utilizar *kernels* de diferente tamaño para tres modelos de 128 x 128:

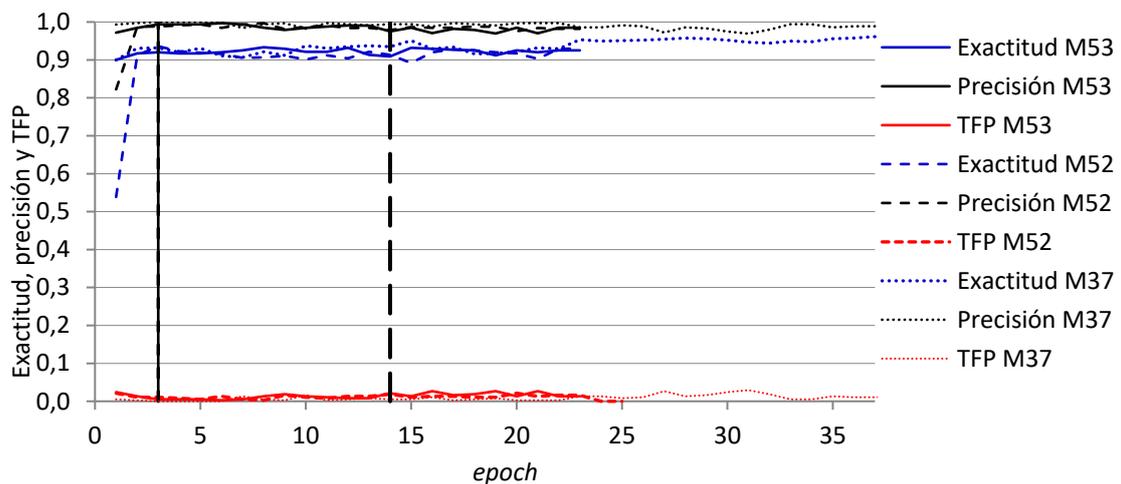


Figura 68. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 128 x 128 con diferente tamaño de los filtros: 3 x 3 (M37), 5 x 5 (M52) y 7 x 7 (M53)

Al aumentar el tamaño de los filtros la mejor etapa sobre los datos de validación está muy próxima al inicio del entrenamiento, que se detiene en la epoch número 3. En el caso de M37 (filtros 3 x 3) tanto la exactitud como la precisión alcanzan valores superiores entre las *epochs*

10 y 16. En los tres casos el comportamiento es muy estable, sin apenas fluctuaciones de los parámetros analizados. Ninguna de las simulaciones realizadas con diferente tamaño del área receptiva de los filtros superó los resultados conseguidos mediante el uso de *kernels* de 3 x 3.

En la Figura 69 se representan la exactitud, precisión y TFP para 4 CNN con número creciente de filtros por capa (M71, M72, M73 y M74). Partiendo de 20 *kernels* en la primera se incrementan en cantidades variables de 5, 10 15 y 20 filtros.

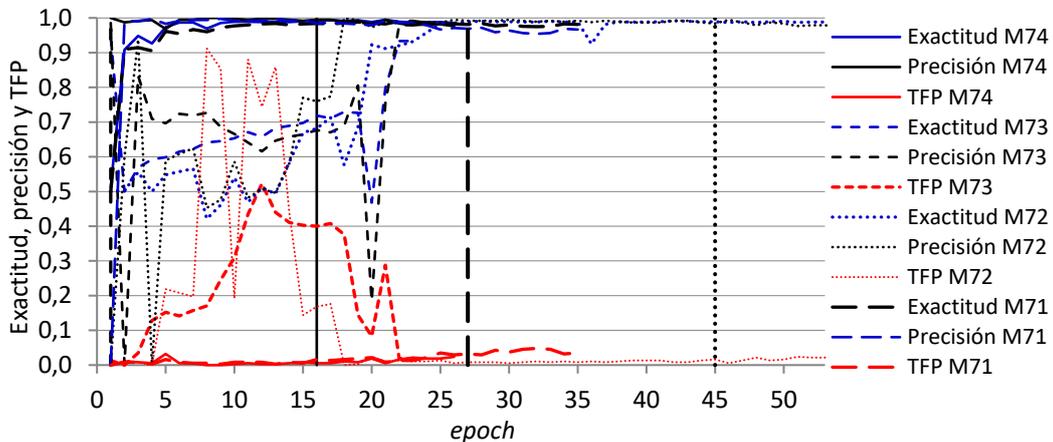


Figura 69. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 64 x 64 con diferente incremento de filtros por capa M71 (+5), M72 (+10), M73 (+15) y M74 (+20)

No se observa una correlación entre el aumento del número de filtros y los resultados obtenidos. Además, las exactitudes de clasificación de estos 4 cuatro casos no superaron a la de la red M37 (número constante de filtros por capa). Sin embargo, sí que se observa que el periodo de transición hasta conseguir los resultados óptimos en dos de los casos es mucho mayor, obteniéndose en una *epoch* más tardía.

En la Figura 70 se muestran 4 de las CNN entrenadas para el tamaño de matriz 192 x 192. Dos de ellas tiene igual configuración, pero distinto valor de la constante de tasas de aprendizaje (M91 y M92), mientras que M102 y M103 poseen distinto número de filtros por capa respecto a M91.

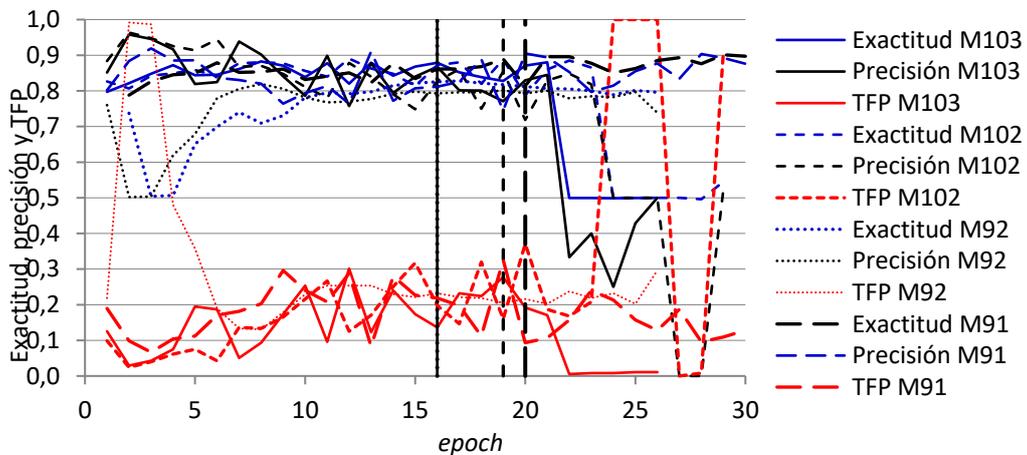


Figura 70. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 192 x 192 con diferente número de filtros por capa M91 (20-tasa 0.075), M92 (20-tasa 0.01), M102 (30-tasa 0.075) y M103 (40-tasa 0.075)

La Figura 71 representa la evolución del entrenamiento para tres CNN con valor de tasa de aprendizaje 0.075 y distinto número de filtros por capa para el tamaño 256 x 256:

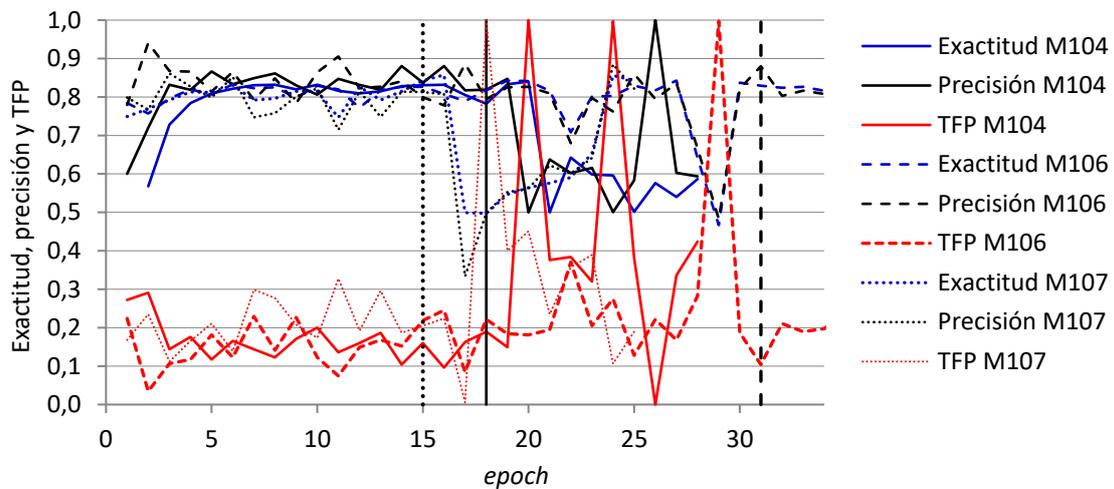


Figura 71. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 256 x 256 con diferente número de filtros por capa M104 (20), M106 (30), M107 (40) y tasa de aprendizaje 0.075

Los mejores resultados se obtuvieron con un menor número de filtros por capa (20). A lo largo del proceso de entrenamiento se combinan periodos de estabilidad con otros de mayor inestabilidad que provocan grandes fluctuaciones de los parámetros. Debido a la mayor complejidad de los datos, la exactitud y precisión alcanzadas son inferiores a los valores conseguidos para tamaños de matriz menores.

En la Figura 72 se puede observar la evolución de tres redes con la misma configuración que las de Figura 71, pero con un menor valor de la constante de tasa de aprendizaje.

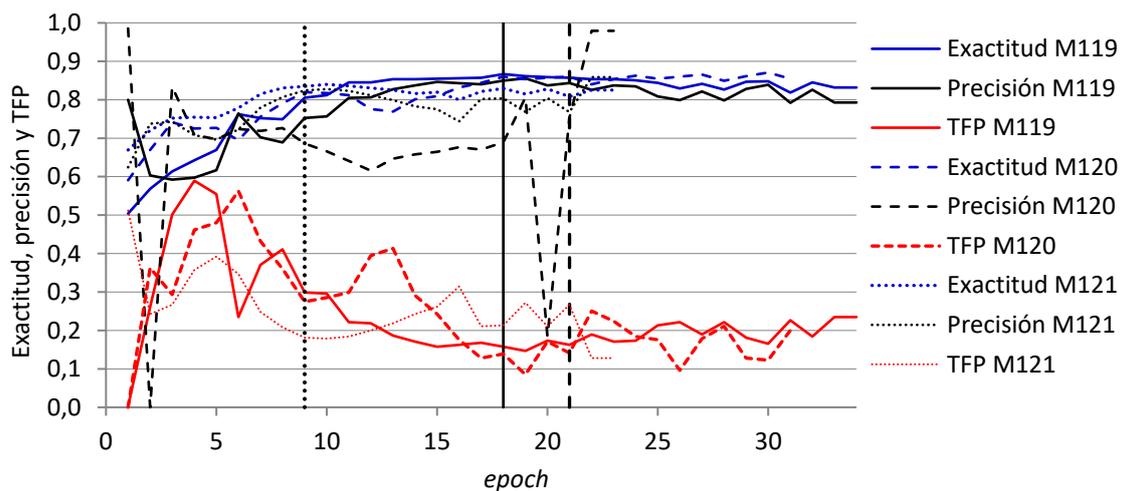


Figura 72. Comparativa de la evolución de la exactitud, precisión y TFP para las CNN de 256 x 256 con diferente número de filtros por capa M119 (20), M120 (30), M121 (40) y tasa de aprendizaje 0.01

El comportamiento es más estable que en el caso anterior observándose una tendencia decreciente en la TFP y ascendente en la exactitud y precisión, que se mantiene una vez alcanzada la mejor etapa del entrenamiento. Los mejores resultados corresponden a M119.

Para evaluar las capacidades de generalización de los mejores modelos de cada uno de los tamaños se realizó una comparación entre los resultados para el conjunto de entrenamiento y el de test, reflejada en la Tabla 51:

Tamaño de matriz	Exactitud de entrenamiento (%)	Cambio para test (%)	Precisión de entrenamiento (%)	Cambio para test (%)	Tasa de FP sobre entrenamiento (%)	Cambio para test (%)
64 x 64	99.73	-0.53	99.60	-0.40	0.40	+0.40
128 x 128	99.76	-3.76	100.0	-1.41	0.00	+1.33
192 x 192	96.27	-6.54	97.19	-8.18	1.73	+9.47
256 x 256	90.04	-3.37	91.33	-6.34	8.40	+7.33
384 x 388	99.87	-17.71	99.91	-17.04	0.89	+15.87

Tabla 51. Cambio porcentual en exactitud, precisión y tasa de FP para entrenamiento frente a test

La Figura 73 representa la evolución comparativa de la exactitud, precisión y TFP para las 5 CNN con mejor capacidad de generalización. Como se puede observar la fluctuación de estos parámetros es mayor a medida que se incrementa el tamaño de matriz. Los comportamientos exhibidos por los tamaños de matriz de 64 x 46 y 128 x 128 son muy estables.

A medida que aumenta el tamaño de matriz se observa también una disminución de la capacidad de clasificación, que se traduce en menores valores de exactitud y precisión y mayores TFP.

No existe una relación directa entre la etapa del proceso de entrenamiento en la que se producen los mejores resultados y el tamaño de matriz. En todos los casos sus valores son similares, con la excepción de 256 x 256, en cuyo caso el algoritmo encontró el mínimo de la función de coste en una *epoch* inferior.

En tres de las matrices (64 x 64, 128 x 128 y 384 x 384) los valores de precisión fueron superiores a los de exactitud durante todo el proceso de entrenamiento. Para 192 x 192 y 256 x 256 esta tendencia se invierte, aunque con menores diferencias entre ambos parámetros.

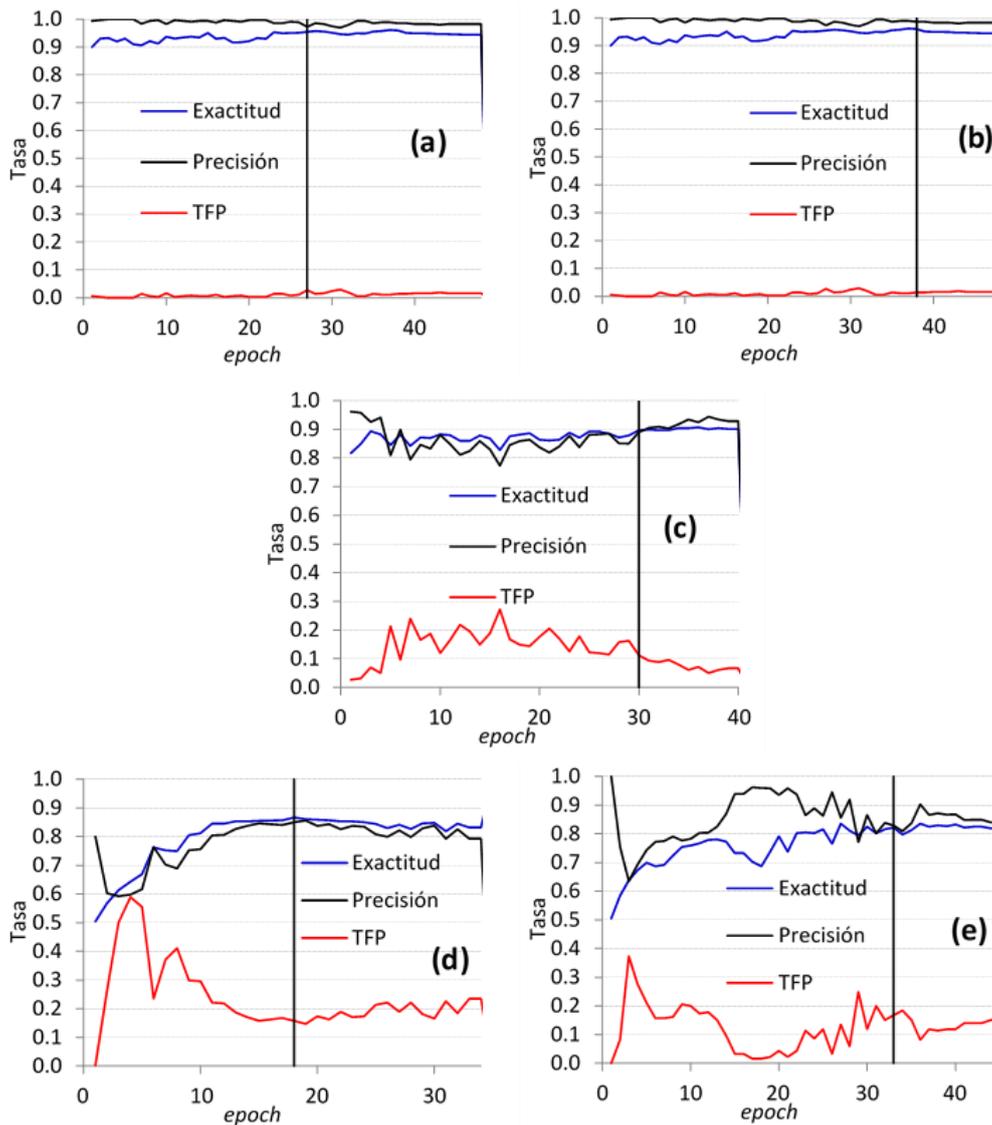


Figura 73. Monitorización del proceso de entrenamiento: (a) 64 x 64 (Id. M6), (b) 128 x 128 (Id. M37), (c) 192 x 192 (Id. M102), (d) 256 x 256 (Id. M119) y (e) 384 x 384 (Id. M124)

4.6.2.3. Evolución de la matriz de confusión durante el entrenamiento

Para las 5 redes con mejor capacidad de generalización, en la Figura 74 se representa la evolución de los errores de clasificación durante el proceso de entrenamiento para los tres conjuntos de datos (entrenamiento, validación y test). Debido a la magnitud de los mismos, la escala del eje vertical es diferente en (a), (b) y (c) con un máximo de 0.25, mientras que en (d) y (e) se aumenta el rango hasta 0.50.

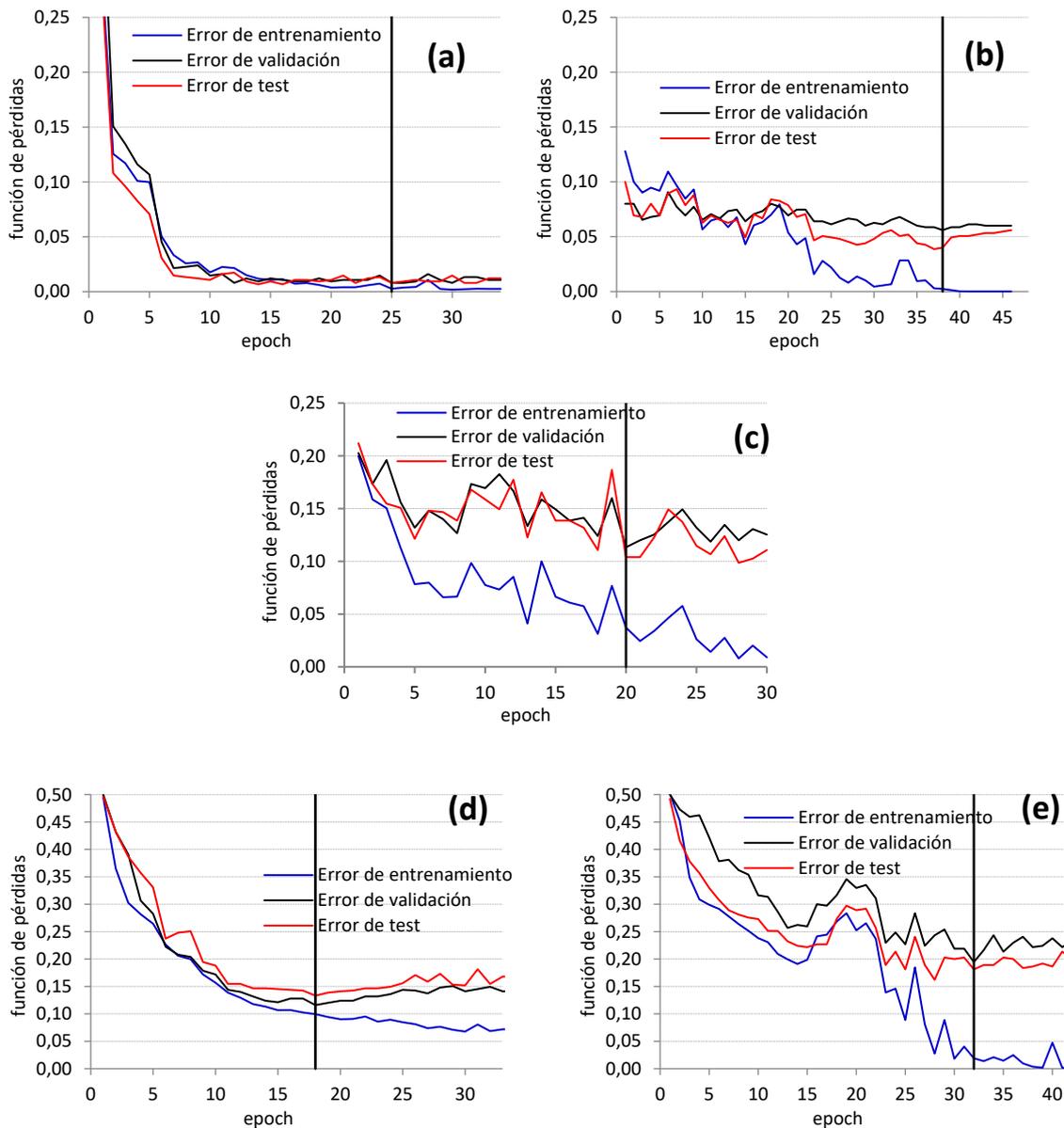


Figura 74. Evolución de los errores de clasificación (función de pérdidas) sobre los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test para las 5 redes seleccionadas: (a) M6 (64 x 64), (b) M37 (128 x 128), (c) M102 (192 x 192), (d) M119 (256 x 256) y (e) M124 (384 x 384)

Las fluctuaciones de los errores una vez alcanzada la fase de estabilidad tras superar el más o menos abrupto descenso inicial es menor en el caso de 64 x 64 (a) y de 256 x 256 (d), siendo junto con la de 128 x 128 (b). Los dos tamaños para los que se producen mayores variaciones son además los que mayores diferencias presentan para el caso de los datos de entrenamiento.

En todos los casos (con la excepción del tamaño de 384 x 384), los errores sobre los datos de validación y de test son muy similares, llegando incluso a cruzarse en múltiples ocasiones.

La evolución de las tasas de los parámetros de la matriz de confusión (VP, VN, FP y FN) en función del tamaño del recorte se muestra en la Figura 75. El comportamiento es diferente dependiendo del caso considerado.

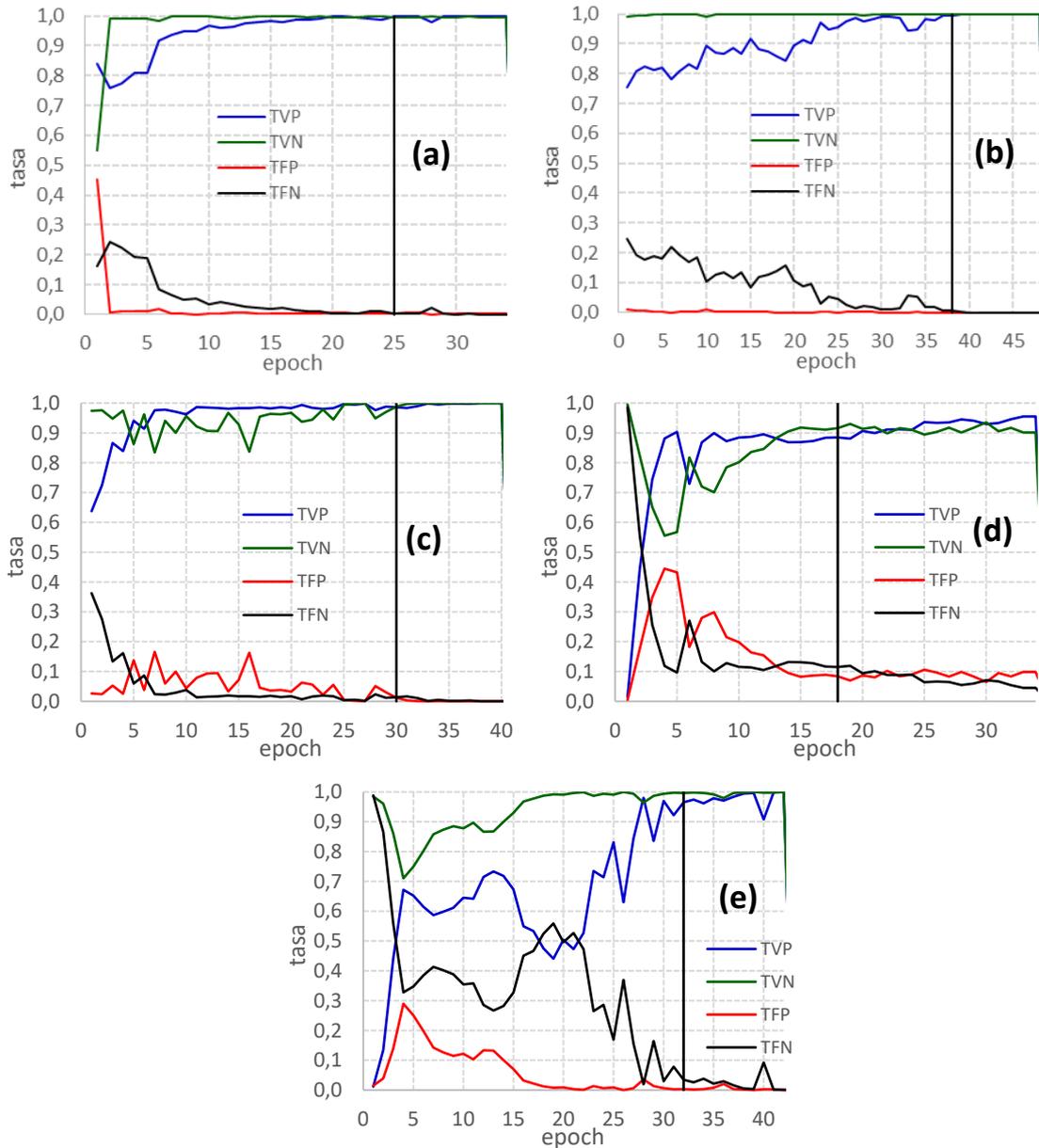


Figura 75. Evolución de los parámetros de la matriz de confusión (VP, VN, FP y FN) durante el proceso de entrenamiento: (a) 64×64 (Id. M6), (b) 128×128 (Id. M37), (c) 192×192 (Id. M02), (d) 256×256 (Id. M119), (e) 384×384 (Id. M124)

La representación en forma de histograma de los valores absolutos de VP, FP, VN y FN obtenidos para estas 5 redes en la mejor *epoch* se muestra en la Figura 76. El número de recortes de cada tipo incluidos en el conjunto de datos de entrenamiento fue de 2250, siendo 4500 los recortes totales.

VP, FP, VN y FN en conjuntos de datos de entrenamiento

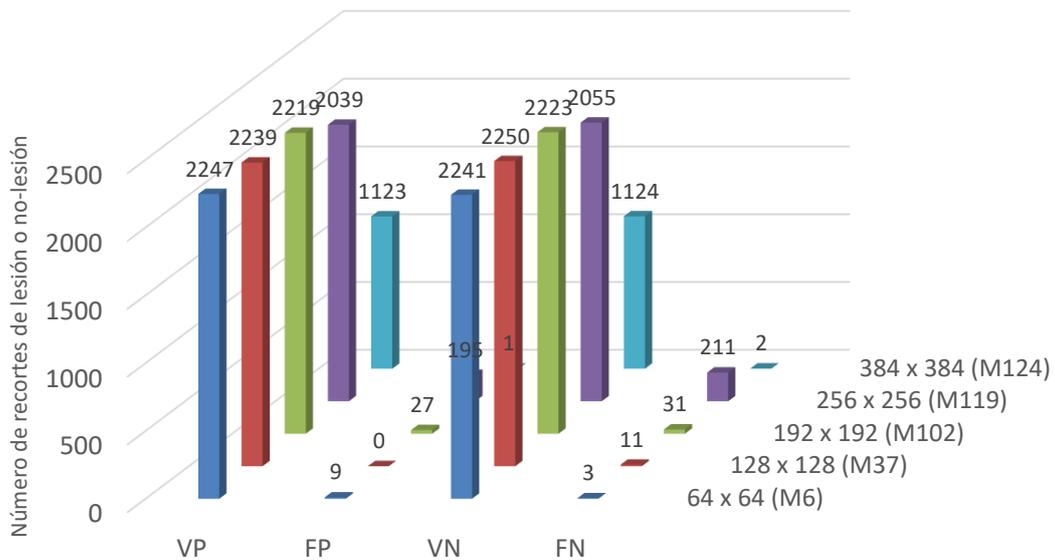


Figura 76. Número absoluto de recortes clasificados correctamente (VP y VN) e incorrectamente (FP y FN) para las 5 redes CNN con mejor capacidad de generalización

La diferencia en la distribución de matrices clasificadas correctamente y de forma errónea es elevada, demostrando la potencia de detección de los sistemas entrenados.

Para los dos menores tamaños de matriz, 64 x 64 y 128 x 128 el número de VN es muy elevado y el de FP muy pequeño desde el principio. El proceso de aprendizaje consigue reducir el error de clasificación gracias al intercambio entre los VP que van aumentando progresivamente y los FN que sufren una disminución progresiva. Estos cambios son más abruptos en el caso de 128 x 128.

En el caso de 192 x 192 el intercambio es mayor entre los VN y los FP, al contrario que en el caso anterior, aunque los VP sufren también un ligero incremento progresivo mientras que los FN van reduciéndose poco a poco.

Para la matriz de 256 x 256 el balance entre ambas parejas de parámetros sufre cambios significativos hasta la *epoch* número 12, a partir de la cual su comportamiento se suaviza.

El caso más extremo corresponde a 384 x 384, especialmente en el balance entre VP y FN. Conviene señalar que el aparente muy buen resultado conseguido para este tamaño de matriz sobre los datos de entrenamiento se revierte al considerar el conjunto de datos de test, debido a la menor capacidad de generalización de esta red, por haber sido entrenada con la mitad de muestras que el resto de modelos.

En la Tabla 52 se muestran los cambios porcentuales en la tasa de TVP y en la TFN de los datos de entrenamiento frente a los de test, que lógicamente debe reducirse al considerar lesiones y no-lesiones no utilizadas durante el proceso aprendizaje de características.

Tamaño de matriz	Cambio porcentual de la TVP (%)	Cambio porcentual de la TFN (%)
64 x 64	-0.7	-0.4
128 x 128	-0.6	-1.3
192 x 192	-5.7	-7.6
256 x 256	-0.6	-7.3
384 x 384	-16.5	-15.9

Tabla 52. Cambios en las tasas de verdaderos positivos y negativos del conjunto de datos de entrenamiento con respecto a los de test para las mejores redes de mamografía

4.6.2.4. Comparación de diferentes tipos de funciones de activación neuronal

El proceso de optimización y ajuste de hiperparámetros en el caso de la mamografía se realizó desde el inicio con la función de activación *ReLU* debido a que proporcionaba unos resultados significativamente mejores (diferencias muy superiores con respecto a las CNN de TC de tórax). Como ejemplo de la pérdida de poder de generalización por el uso de la tangente hiperbólica, en la Tabla 53 pueden verse los resultados obtenidos para ambas funciones:

CNN Id.	Matriz de entrada	Función de activación	Número de filtros	Tamaño de filtros	Distribución de pooling	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M6	64 x 64	<i>ReLU</i>	[20,20,20,20]	[3,3,3,3]	[1,2,2,2]	25	0.80	0.80	7.4
		<i>Tanh</i>				33	1.47	2.67	8.3
M37	128 x 128	<i>ReLU</i>	[60,60,60,60,60]	[3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2]	38	5.60	4.00	107.1
		<i>Tanh</i>				5	18.93	13.87	40.79
M102	192 x 192	<i>ReLU</i>	[30,30,30,30,30]	[3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2]	30	10.53	10.27	93.14
		<i>Tanh</i>				23	25.07	26.40	62.98
M119	256 x 256	<i>ReLU</i>	[20,20,20,20,20,20]	[3,3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2,2]	18	11.60	13.33	82.53
		<i>Tanh</i>				49	19.73	21.87	133.95

Tabla 53. Comparativa entre las funciones de activación *ReLU* y tangente hiperbólica para los cuatro tamaños de red CNN entrenados con 6000 recortes

Se observa un incremento en la magnitud de los errores de validación y test cada vez mayor a medida que aumenta el tamaño de matriz.

En la Tabla 54 se puede observar el número de parámetros ajustables (*pesos* y *offsets*) de las capas de convolución que componen la arquitectura de los modelos CNN.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capa conv. 1	Capa conv. 2	Capa conv. 3	Capa conv. 4	Capa conv. 5	Capa conv. 6
M6	64 x 64	200	200	200	200	-	-
M37	128 x 128	600	600	600	600	600	-
M102	192 x 192	300	300	300	300	300	-
M119	256 x 256	200	200	200	200	200	200
M124	384 x 384	200	200	200	200	200	200

Tabla 54. Número de parámetros de capas de convolución de las CNN de mamografía

La diferencia en el número de parámetros observada se debe a la presencia en algunos casos de un mayor número de filtros, ya que el tamaño de los mismos es de 3 x 3 en todos los casos.

En la Tabla 55 se muestra el número de parámetros de las dos últimas capas (CCC y clasificador de regresión logística) junto con el número total de parámetros y una estimación de la cantidad total de datos que pueden ser aprendidos por el modelo. Se obtiene la relación entre ambos parámetros.

CNN Id.	Matriz de entrada	Capa CCC	Capa clasificadora	Parámetros totales	Datos aprendibles	Relación Parámetros / datos
M6	64 x 64	36050	102	36952	24576000	665.08
M37	128 x 128	432200	402	435602	98304000	225.67
M102	192 x 192	600200	402	602102	221184000	367.35
M119	256 x 256	256200	402	257802	393216000	1525.26
M124	384 x 384	384300	602	386102	442368000	1145.73

Tabla 55. Número de parámetros de las capas CCC y de clasificación, parámetros totales de las mejores redes y estimación de la cantidad total de datos aprendibles

A pesar de no contar con la menor relación entre parámetros ajustables y datos a aprender, la red de 64 x 64 es la que consigue mejores resultados de clasificación, poniendo de relevancia la importancia de la complejidad de los datos analizados. Los modelos CNN para tamaños de matriz mayores disponen de número de parámetros significativamente mayor. A pesar de que el valor de la relación disminuye para 128 x 128 y 192 x 192, la exactitud de clasificación de estas redes es menor que para 64 x 64. La red de 256 x 256, a pesar de contar con un número menor de parámetros que la de 384 x 384, consigue una mejor exactitud de clasificación.

En la Tabla 56 se pueden observar los resultados de clasificación para la CNN M37 utilizando otros tipos de función de activación neuronal. En ninguna de estas pruebas se consiguió una disminución del error sobre el conjunto de datos de test obtenido al utilizar *ReLU*.

CNN Id.	Matriz de entrada	Tamaño de filtros	Función de activación	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M37	128 x 128	[3,3,3,3,3]	ReLU	38	5.60	4.00	107.1
			Tanh	5	18.93	13.87	40.79
			Leaky ReLU 0.10	27	4.84	4.36	81.40
			Leaky ReLU 0.25	14	6.63	7.09	50.63
			Leaky ReLU 0.50	10	5.37	6.00	42.40
			Sigmoidea	5	33.05	38.18	30.25
			Sigmoidea_dura	33	31.16	38.72	87.85
Softmax	22	31.16	39.45	85.63			

Tabla 56. Ensayos con otros tipos de funciones de activación sobre la red M37

4.7. Aplicación de los resultados de entrenamiento para la clasificación de recortes: validación CNN

Una vez completada la fase de entrenamiento de las redes CNN y analizados los resultados derivados de ella, la siguiente etapa consiste en implementar estos modelos en un sistema CAD. En esta sección se describe cómo se implementa la arquitectura de las redes CNN, las matrices de *pesos* y los *offsets* ajustados por el algoritmo de aprendizaje y el conjunto de transformaciones matemáticas que permiten calcular los resultados, lo que constituye el núcleo del CAD. Este bloque es alimentado con matrices de recortes y produce una salida en forma de probabilidad.

Para evaluar las capacidades de las CNN para diferenciar entre clases se calculan las Características Operativas del Receptor (ROC) variando el umbral de clasificación en pasos de 0.05 y calculando la TVP (sensibilidad) y TFP (1 – especificidad). El área bajo la curva ROC (AUC) de los modelos entrenados se obtiene por integración numérica de estas curvas.

Se programaron rutinas para construir los modelos entrenados correspondientes a cada la mejor red CNN de cada tamaño y modalidad cargando los valores de sus hiperpámetros y de los parámetros (*pesos* y *offsets*) de cada una de las capas. Se importan de forma iterativa cada uno de los recortes usados para comprobar su funcionamiento, que después de ser convolucionados con los filtros de cada capa y pasar por la capa CC y el clasificador de regresión logística proporcionan unos valores de probabilidad asociados a cada clase de salida.

Se dotará también a la herramienta CAD de otra serie de funcionalidades que amplíen su utilidad clínica y educativa, que permitan analizar una imagen completa mediante su división en regiones de interés mediante técnicas de procesamiento y segmentación, la presentación de los resultados indicando su ubicación, probabilidad en las imágenes, y la combinación de los hallazgos obtenidos en zonas anexas. La descripción de estas utilidades se realiza en la sección 5.505 *Estructura interna de la aplicación JORCAD: herramienta CAD basada en redes CNN.*

- En el caso del TC de tórax, para cada una de las cinco capas que componen el modelo (3 de convolución, una CCC y en último lugar el clasificador mediante regresión logística), se leen en primer lugar los archivos de *pesos* y *offsets*. Sus valores se almacenan en variables denominadas *c0W, c0b, c1W, c1b...* donde el número indica el orden de la capa.

```
%Lectura de los archivos de pesos y offsets
[NomArch,RutaArch,FilterIndex] = uigetfile('.csv','MultiSelect','on');

[~,~,c0W]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(1)))); %Offsets capa 0
[~,~,c0b]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(2)))); %Pesos capa 0

[~,~,c1W]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(3)))); %Offsets capa 1
[~,~,c1b]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(4)))); %Pesos capa 1

[~,~,c2W]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(5)))); %Offsets capa 2
[~,~,c2b]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(6)))); %Pesos capa 2

[~,~,c3W]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(7)))); %Offsets capa 3
[~,~,c3b]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(8)))); %Pesos capa 3

[~,~,c4W]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(9)))); %Offsets capa 4
[~,~,c4b]=xlsread(char(strcat(RutaArch, NomArch(10)))); %Pesos capa 4
```

Para operar correctamente con las matrices de entrada deben conocerse algunos datos relativos a la arquitectura de la red. Entre ellos se encuentran el tamaño de matriz, el número de núcleos de convolución y su tamaño para cada una de las capas y el tamaño de *pool* en cada capa. Para las últimas dos capas se requiere el número de neuronas. Los valores se especificarán para la red utilizada:

```
tamanno_matriz = valor;
numero_kernel = [valor(1) valor(2) valor(3)];
tamanno_kernel = [valor(1) valor(2) valor(3)];
tamanno_pool = [valor(1) valor(2) valor(3)];
```

```
neuronas = [626, 2];
```

La secuencia de operaciones que se describe a continuación funciona para cualquier valor de los citados parámetros, siempre que se disponga de un conjunto adecuado de *pesos* y *offsets* entrenados.

Los datos leídos están en formato texto, por lo que se convierten a formato numérico. En el caso de los *pesos*, al tratarse de una matriz, la conversión se realiza separando los coeficientes fila a fila y almacenándolo en matrices numéricas *c0W*, *c1W*, *c2W*, *c3W*, *c4W*. En el caso de los *offsets* la conversión es más directa al tratarse de un vector. Para trabajar con mayor precisión en los datos numéricos se usa el formato *long*.

A continuación, se presenta el caso de las tres primeras capas de convolución. Para facilitar el uso posterior de los datos, se almacena en una matriz 3D cada uno de los *kernels*:

```
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
format long
```

Se convierten los datos de texto leídos de los archivos en valores numéricos:

```
c0Wnum=[];
for i=1:1:length(c0W)
    auxiliar=strsplit(cell2mat(c0W(i)));
    auxiliar=str2double(auxiliar);
    c0Wnum=cat(1,c0Wnum,auxiliar);
    clear auxiliar
end
c0bnum=str2double(c0b);
```

Se almacena cada uno de los *kernel* por separado en una matriz, cuyo tercer índice indica el número de filtro:

```
j=1;
for i=1:tamanno_kernel(1):length(c0Wnum)
    kernel0(:, :, j)=c0Wnum(i:(i+tamanno_kernel(1)-1), :);
    j=j+1;
end
```

Para la segunda y tercera capas de convolución:

```
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
c1Wnum=[];
% Convertir los archivos de pesos a formato numérico
for i=1:1:length(c1W)
```

```

    auxiliar=strsplit(cell2mat(c1W(i)));
    auxiliar=str2double(auxiliar);
    c1Wnum=cat(1,c1Wnum,auxiliar);
end
c1bnum=str2double(c1b);
%Almacenamiento de los kernel por separado en una matriz
j=1;
for i=1:tamanno_kernel(2):length(c1Wnum)
    kernel1(:, :, j)=c1Wnum(i:(i+tamanno_kernel(2)-1), :);
    j=j+1;
end
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
c2Wnum=[];
% Convertir los archivos de pesos a formato numérico
for i=1:1:length(c2W)
    auxiliar=strsplit(cell2mat(c2W(i)));
    auxiliar=str2double(auxiliar);
    c2Wnum=cat(1,c2Wnum,auxiliar);
end
c2bnum=str2double(c2b);
%Almacenamiento de los kernel por separado en una matriz
j=1;
for i=1:tamanno_kernel(3):length(c2Wnum)
    kernel2(:, :, j)=c2Wnum(i:(i+tamanno_kernel(3)-1), :);
    j=j+1;
end

```

En el caso de las capas 4 y 5, los archivos de *pesos* almacenan un dato numérico para cada una de las conexiones que se establece entre neuronas, mientras que el número de *offsets* se corresponde con el número de neuronas.

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
c3Wnum=[];
% Convertir los archivos de pesos a formato numérico
for i=1:1:length(c3W)

```

```

    auxiliar=strsplit(cell2mat(c3W(i)));
    auxiliar=str2double(auxiliar);
    c3Wnum=cat(1,c3Wnum,auxiliar);
end
c3bnum=str2double(c3b);
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
c4Wnum=[];
% Convertir los archivos de pesos a formato numérico
for i=1:1:length(c4W)
    auxiliar=strsplit(cell2mat(c4W(i)));
    auxiliar=str2double(auxiliar);
    c4Wnum=cat(1,c4Wnum,auxiliar);
end
c4bnum=str2double(c4b);

```

Una vez formateados y almacenados adecuadamente todos los parámetros aprendidos por la red, se puede utilizar como mapa de entrada un recorte de imagen procesado y aplicar el conjunto de operaciones realizadas por la red CNN para obtener a qué clase pertenece.

Se recorre cada uno de los recortes a analizar:

```

[NombreArchivo,RutaArchivo,FilterIndex]=uigetfile('.txt','MultiSelect','on');
for t=1:1:length(NombreArchivo)
    %Lectura del recorte de imagen que se quiere analizar
    num=dlmread(strcat(RutaArchivo,char(NombreArchivo (t))));
    disp(['Cargando imagen: (' , num2str(t), ')'])

```

En la primera capa se aplica cada uno de los filtros de convolución aprendidos a la imagen de entrada, generando un volumen de datos cuya profundidad viene determinada por el número de filtros. Una vez convolucionadas ambas matrices, se calcula la salida de cada neurona, teniendo en cuenta que la función de activación utilizada puede ser la tangente hiperbólica, según la expresión $y = \tanh(W \cdot x + b)$, o bien la unidad lineal rectificada

A continuación, se aplica la operación de *max-pooling* en caso de que forme parte del diseño de la red. Los resultados se guardan en la variable *salida_capa0_pool*.

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Convolución de la imagen original con los kernels de la primera capa
for i=1:1:size(kernel0,3)

```

```

if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
    salida_capa0(:,:,i)=tanh(conv2(num,kerne10(:,:,i),'valid')+c0bnum(i));
elseif isequal(funcion_activacion,'ReLU')==1
    salida_capa0(:,:,i)=ReLUparam(conv2(num,kerne10(:,:,i),'valid')+c0bnum(i));
end
end
%Operación de pool en la primera capa
for k=1:1:size(salida_capa0,3)
    n=0;m=0;
    if tamanno_pool(1)==2
        for i=1:2:(size(salida_capa0,1)-1)
            n=n+1;m=0;
            for s=1:2:(size(salida_capa0,2)-1)
                m=m+1;
                salida_capa0_pool(n,m,k)=max(max(salida_capa0(i:i+1,s:s+1,k)));
            end
        end
    elseif tamanno_pool(1)==1
        salida_capa0_pool=salida_capa0;
    end
end
end

```

La segunda capa recibe como entrada el volumen de salida de la primera capa. El número de pesos aprendidos es a su vez mayor. Se convoluciona el volumen de entrada con los diferentes bloques de coeficientes (cada uno de ellos se corresponde con un *kernel* de la segunda capa), produciendo un nuevo volumen de datos que sirve como entrada a la operación de *pooling*:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Convolución del volumen de salida de la primera capa con todos los
%kernels de la segunda capa
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel(1):size(kerne11,3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa1(:,:,s)=tanh(convn(...
                                salida_capa0_pool(:,:,1:numero_kernel(1)),...
                                flip(kerne11(:,:, (1+n*numero_kernel(1))):...

```

```

                (n+1)*numero_kernel(1),3,'valid')+clbnum(s));

s=s+1;

n=n+1;

elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

    salida_capal(:, :, s)=reLUparam(convn(...

                salida_capa0_pool(:, :, 1:numero_kernel(1)),...

                flip(kernel1(:, :, (1+n*numero_kernel(1))):...

                (n+1)*numero_kernel(1),3,'valid')+clbnum(s));

s=s+1;

n=n+1;

end

end

%Operación de pool en la segunda capa
for k=1:1:size(salida_capa1,3)

n=0;m=0;

if tamanno_pool(2)==2

    for i=1:2:(size(salida_capa1,1)-1)

n=n+1;m=0;

        for s=1:2:(size(salida_capa1,2)-1)

            m=m+1;

            salida_capa1_pool(n,m,k)=max(max(salida_capa1(i:i+1,s:s+1,k)));

        end

    end

elseif tamanno_pool(2)==1

    salida_capa1_pool=salida_capa1;

end

end

end

```

La última capa de convolución recibe un volumen de datos de entrada, al igual que en el caso anterior. Tras procesar estos datos se genera un nuevo volumen que alimentará a la capa de neuronas completamente conectadas.

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%Convolución del volumen de salida de la segunda capa con todos los
%kernels de la tercera capa

```

```

s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel(2):size(kernel2,3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa2(:,:,s)=tanh(convn(...
            salida_capa1_pool(:,:,1:numero_kernel(2)),...
            flip(kernel2(:,:, (1+n*numero_kernel(2)):...
                (n+1)*numero_kernel(2)),3),'valid')+c2bnum(s));
        s=s+1;
        n=n+1;
    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
        salida_capa2(:,:,s)=reLUparam(convn(...
            salida_capa1_pool(:,:,1:numero_kernel(2)),...
            flip(kernel2(:,:, (1+n*numero_kernel(2)):...
                (n+1)*numero_kernel(2)),3),'valid')+c2bnum(s));
        s=s+1;
        n=n+1;
    end
end
%Operación de pool en la tercera capa
for k=1:1:size(salida_capa2,3)
    n=0;m=0;
    if tamanno_pool(3)==2
        for i=1:2:(size(salida_capa2,1)-1)
            n=n+1;m=0;
            for s=1:2:(size(salida_capa2,2)-1)
                m=m+1;
                salida_capa2_pool(n,m,k)=max(max(salida_capa2(i:i+1,s:s+1,k)));
            end
        end
    elseif tamanno_pool(3)==1
        salida_capa2_pool=salida_capa2;
    end
end
end

```

La capa de neuronas completamente conectadas se define a continuación:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
for m=1:1:neuronas(1)

    p=0; suma_parcial=0; suma_neurona=0;

    for k=1:1:size(salida_capa2_pool,3)

        for i=1:1:size(salida_capa2_pool,1)

            for s=1:1:size(salida_capa2_pool,2)

                suma_parcial=salida_capa2_pool(i,s,k)*c3Wnum(m+p*neuronas(1));

                suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial;

                suma_parcial=0;

                p=p+1;

            end

        end

    end

    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1

        salida_capa3(m)=tanh(suma_neurona+c3bnum(m));

    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

        salida_capa3(m)=reLUparam(suma_neurona+str2double(c3b(m)));

    end

end

end

```

Encontrándose en último lugar el clasificador de regresión logística:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

salida_capa4(1)=exp(sum(c4Wnum(1:2:(2*neuronas(1))).*...

                    salida_capa3(1:neuronas(1))')+c4bnum(1));

salida_capa4(2)=exp(sum(c4Wnum(2:2:(2*neuronas(1))).*...

                    salida_capa3(1:neuronas(1))')+c4bnum(2));

salida_capa4_total=salida_capa4(1)+salida_capa4(2);

clase_SANO(t)=salida_capa4(1)/salida_capa4_total;

clase_NODULO(t)=salida_capa4(2)/salida_capa4_total;

clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3 salida_capa4

```

```
clear salida_capa0_pool salida_capa1_pool salida_capa2_pool salida_capa4_total
clear suma_neurona suma_parcial

clear i s k m n p
```

- En el caso de la mamografía se utilizó un método alternativo debido a la existencia de CNNs con diferente profundidad. Los datos iniciales que deben proporcionarse a esta rutina para analizar un conjunto de recortes son el tamaño de matriz a analizar, el tamaño de cada uno de los *kernels* (en forma de vector), el tipo de operaciones de *pooling* (en forma de vector), el número de neuronas de las últimas capas (CCC y clasificador de regresión logística) y el tipo de función de activación. A continuación, se presenta un conjunto de datos a modo de ejemplo:

```
tamanno=256

tamanno_kernel={ [3 3 3 3 3 3] };

tamanno_pool={ [1 2 2 2 2 2] };

numero_kernel={ [20 20 20 20 20 20] };

neuronas={ [200,2] };

funcion_activacion = 'reLU';
```

También la ruta a los archivos de texto que contiene los parámetros aprendidos:

```
RutaArch=('...\MAMOGRAFIA\256\COEFICIENTES')
```

Para incrementar la velocidad de lectura de las matrices de *pesos* y *offsets* se utilizó un método alternativo pero que produce los mismos resultados que el descrito para TC de tórax. Se describirá la arquitectura con 4 capas de convolución indicando al final como se procedería con 5 o 6 capas por similitud.

```
for t=1:1:length(tamanno)

RutaCoef{t}=strcat(RutaArch,num2str(tamanno(t)));

RutaCoef{t}=RutaArch;
```

Se actúa de forma diferente en función del número de capas de convolución:

```
if length(tamanno_kernel{t})==4

c0b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer0b.txt'))); %Offsets capa 0
c0W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer0W.txt'))); %Pesos capa 0
c1b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer1b.txt'))); %Offsets capa 1
c1W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer1W.txt'))); %Pesos capa 1
c2b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer2b.txt'))); %Offsets capa 2
c2W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer2W.txt'))); %Pesos capa 2
c3b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer3b.txt'))); %Offsets capa 3
```

```

c3W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer3W.txt'))); %Pesos capa 3
c4b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer4b.txt'))); %Offsets capa 4
c4W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer4W.txt'))); %Pesos capa 4
c5b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer5b.txt'))); %Offsets capa 5
c5W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer5W.txt'))); %Pesos capa 5

```

Los *kernels* de cada capa se almacenan por separado en una matriz:

```

format long

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
j=1; for i=1:tamanno_kernel{t}(1):length(c0W{t})
    kernel0{t}(:,j)=c0W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(1)-1),:); j=j+1;
end

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
j=1; for i=1:tamanno_kernel{t}(2):length(c1W{t})
    kernel1{t}(:,j)=c1W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(2)-1),:); j=j+1;
end

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
j=1; for i=1:tamanno_kernel{t}(3):length(c2W{t})
    kernel2{t}(:,j)=c2W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(3)-1),:); j=j+1;
end

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
j=1; for i=1:tamanno_kernel{t}(4):length(c3W{t})
    kernel3{t}(:,j)=c3W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(4)-1),:); j=j+1;
end

```

En caso de que se tratara de CNN con 5 o 6 capas de convolución, se leerían todos los parámetros, transformando los *kernels* como se ha descrito anteriormente:

```

elseif length(tamanno_kernel{t})==5
    ...
elseif length(tamanno_kernel{t})==6
    ...

```

En este momento se leen los recortes de imagen que se desean analizar:

```

[NombreArchivo2,RutaArchivo2,FilterIndex]=uigetfile('*.','MultiSelect','on');
contador=1

```

```

for i=1:1:size(NombreArchivo2,2)

    num=dlmread(strcat(PathName2,char(FileName2(i))));

    for z=1:1:length(tamanno)

        %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%4 CAPAS DE CONVOLUCIÓN%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

        if length(tamanno_kernel{z})==4

```

Se convoluciona la imagen original con todos los *kernels* de la primera capa y se aplica la operación de *pooling*:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

for i=1:1:size(kernel0{z},3)

    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1

        salida_capa0{z}(:, :, i)=tanh(conv2(num, kernel0{z}(:, :, i), 'valid')+...

            c0b{z}(i));

    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

        salida_capa0{z}(:, :, i)=reLUparam(conv2(num, kernel0{z}(:, :, i), ...

            'valid')+c0b{z}(i));

    end

end

for k=1:1:size(salida_capa0{z},3)

    n=0;m=0;

    if tamanno_pool{z}(1)==2

        for i=1:2:(size(salida_capa0{z},1)-1)

            n=n+1;m=0;

            for s=1:2:(size(salida_capa0{z},2)-1)

                m=m+1;

                salida_capa0_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa0{z}(i:i+1,s:s+1,k)));

            end

        end

    elseif tamanno_pool{z}(1)==1

        salida_capa0_pool{z}=salida_capa0{z};

    end

end

end

```

El volumen de salida de la primera capa es convolucionado con el segundo conjunto de *kernels*, añadiendo los correspondientes *offsets*. Como en el caso anterior, se encadena con la operación de tipo *max-pooling*:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

s=1;n=0;

for i=1:numero_kernel{z}(1):size(kernel1{z},3)

    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1

        salida_capa1{z}(:, :, s)=tanh(convn(...

            salida_capa0_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(1)),...

            flip(kernel1{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(1)):...

                (n+1)*numero_kernel{z}(1)),3), 'valid')+c1b{z}(s));

        s=s+1; n=n+1;

    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

        salida_capa1{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...

            salida_capa0_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(1)),...

            flip(kernel1{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(1)):...

                (n+1)*numero_kernel{z}(1)),3), 'valid')+c1b{z}(s));

        s=s+1; n=n+1;

    end

end

for k=1:1:size(salida_capa1{z},3)

    n=0;m=0;

    if tamanno_pool{z}(2)==2

        for i=1:2:(size(salida_capa1{z},1)-1)

            n=n+1;m=0;

            for s=1:2:(size(salida_capa1{z},2)-1)

                m=m+1;

            salida_capa1_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa1{z}(i:i+1,s:s+1,k)));

            end

        end

    elseif tamanno_pool{z}(2)==1

        salida_capa1_pool{z}=salida_capa1{z};

    end

end

end

```

La situación para la tercera capa de convolución es análoga a la segunda, teniendo en cuenta que hay que modificar los datos que sirven de entrada a la capa y el nuevo conjunto de *pesos* y *offsets* que se aplican en ella:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(2):size(kernel2{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa2{z}(:, :,s)=tanh(convn(...
            salida_capa1_pool{z}(:, :,1:numero_kernel{z}(2)),...
            flip(kernel2{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(2))):...
            (n+1)*numero_kernel{z}(2)),3),'valid')+c2b{z}(s));
        s=s+1; n=n+1;
    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
        salida_capa2{z}(:, :,s)=reLUparam(convn(...
            salida_capa1_pool{z}(:, :,1:numero_kernel{z}(2)),...
            flip(kernel2{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(2))):...
            (n+1)*numero_kernel{z}(2)),3),'valid')+c2b{z}(s));
        s=s+1; n=n+1;
    end
end
for k=1:1:size(salida_capa2{z},3)
    n=0;m=0;
    if tamanno_pool{z}(3)==2
        for i=1:2:(size(salida_capa2{z},1)-1)
            n=n+1;m=0;
            for s=1:2:(size(salida_capa2{z},2)-1)
                m=m+1;
            salida_capa2_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa2{z}(i:i+1,s:s+1,k)));
            end
        end
    elseif tamanno_pool{z}(3)==1
        salida_capa2_pool{z}=salida_capa2{z};
    end
end
end

```

En esta descripción detallada se añade la cuarta capa de convolución, pero hay que tener en cuenta que se han utilizado también arquitecturas con 5 y 6 capas de convolución.

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(3):size(kernel3{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa3{z}(:, :,s)=tanh(convn(...
            salida_capa2_pool{z}(:, :,1:numero_kernel{z}(3)),...
            flip(kernel3{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(3)) :...
                (n+1)*numero_kernel{z}(3)),3), 'valid')+c3b{z}(s));
        s=s+1; n=n+1;
    elseif isequal(funcion_activacion,'ReLU')==1
        salida_capa3{z}(:, :,s)=reLUparam(convn(...
            salida_capa2_pool{z}(:, :,1:numero_kernel{z}(3)),...
            flip(kernel3{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(3)) :...
                (n+1)*numero_kernel{z}(3)),3), 'valid')+c3b{z}(s));
        s=s+1; n=n+1;
    end
end
for k=1:1:size(salida_capa3{z},3)
    n=0;m=0;
    if tamanno_pool{z}(4)==2
        for i=1:2:(size(salida_capa3{z},1)-1)
            n=n+1;m=0;
            for s=1:2:(size(salida_capa3{z},2)-1)
                m=m+1;
            salida_capa3_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa3{z}(i:i+1,s:s+1,k)));
            end
        end
    elseif tamanno_pool{z}(4)==1
        salida_capa3_pool{z}=salida_capa3{z};
    end
end
end

```

Se obtiene la salida de la capa CCC mediante el cálculo de los productos escalares de la salida de la última capa de convolución con los pesos de esta capa, para aplicar posteriormente la no-linealidad introducida por la función de activación:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
for m=1:1:neuronas{z}(1)
    p=0; suma_parcial=0; suma_neurona=0;
    for k=1:1:size(salida_capa3_pool{z},3)
        for i=1:1:size(salida_capa3_pool{z},1)
            for s=1:1:size(salida_capa3_pool{z},2)
                suma_parcial=salida_capa3_pool{z}(i,s,k)*...
                    c4W{z}(m+p*neuronas{z}(1));
                suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial; suma_parcial=0; p=p+1;
            end
        end
    end
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa4{z}(m)=tanh(suma_neurona+c4b{z}(m));
    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
        salida_capa4{z}(m)=reLUparam(suma_neurona+c4b{z}(m));
    end
end
end

```

El clasificador de regresión logística obtiene los valores de activación de las dos neuronas de salida mediante la exponencial del sumatorio de las salidas producidas por las neuronas de la capa CCC multiplicadas por los *pesos* aprendidos para esta capa, añadiendo sus *offsets*:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 6%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
salida_capa5{z}(1)=exp(sum(c5W{z}(1:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
    salida_capa4{z}(1:neuronas{z}(1)')+c5b{z}(1));
salida_capa5{z}(2)=exp(sum(c5W{z}(2:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
    salida_capa4{z}(1:neuronas{z}(1)')+c5b{z}(2));
salida_capa5_total{z}=salida_capa5{z}(1)+salida_capa5{z}(2);
clase_SANO(contador)=salida_capa5{z}(1)/salida_capa5_total{z};
clase_NODULO(contador)=salida_capa5{z}(2)/salida_capa5_total{z};
nombre_archivo{contador}=NombreArchivo2(contador);

```

Es importante resetear los valores de aquellas variables que no se vayan a utilizar en la siguiente iteración del bucle y cuyos valores vayan a ser calculados de nuevo:

```
clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3
```

```

clear salida_capa4 salida_capa5 salida_capa0_pool salida_capa1_pool
clear salida_capa2_pool salida_capa3_pool salida_capa5_total
clear suma_neurona suma_parcial i s k m n p
contador=contador+1
elseif length(tamanno_kernel{z})==5
...
elseif length(tamanno_kernel{z})==6
...
end
end
end
end

```

En la Figura 77 se muestran dos ejemplos de recortes correctamente clasificados para cada uno de los tamaños de TC de tórax. La columna de la izquierda corresponde a un VP y la de la derecha a un VN. A la derecha de cada recorte se muestra la probabilidad de que sea un nódulo asignada por la CNN:

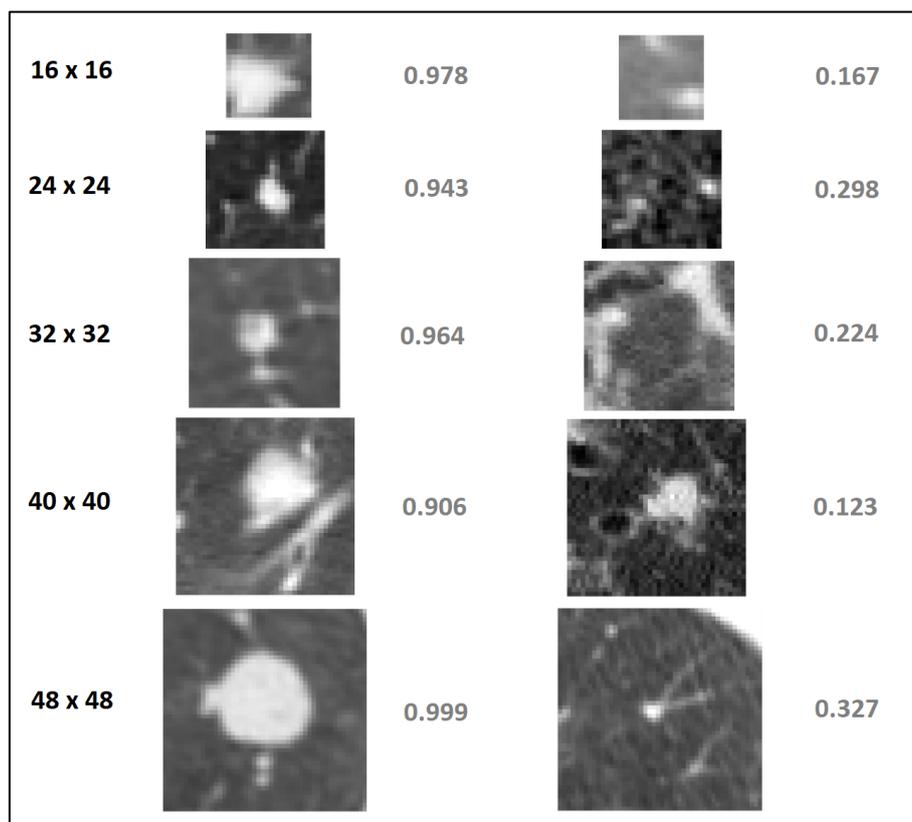


Figura 77. Ejemplo de un VP y un VN para cada una de las 5 redes de TC de tórax con mejor capacidad de generalización

En la Figura 78 se muestran dos ejemplos de recortes correctamente clasificados para cada uno de los tamaños de mamografía. A la derecha de cada uno de ellos se muestra la probabilidad calculada de que sean un nódulo:

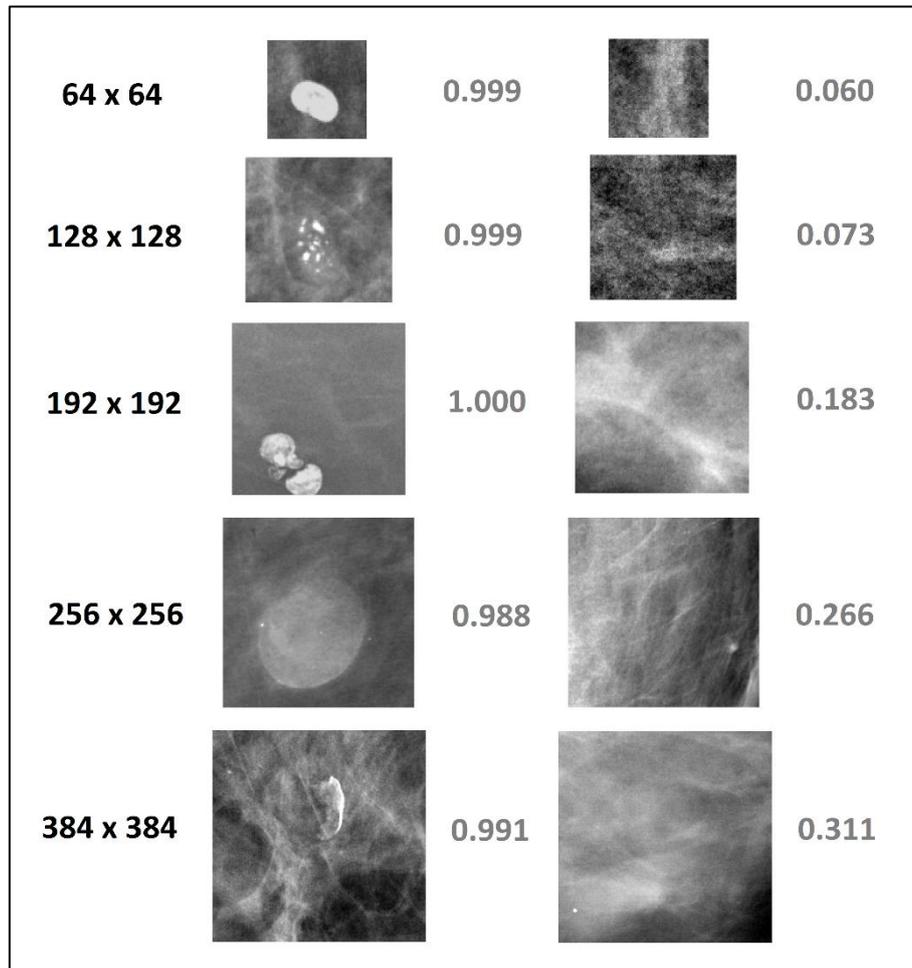


Figura 78. Ejemplo de un VP y un VN para cada una de las 5 redes de mamografías con mejor capacidad de generalización

4.7.1. Validación de resultados TC de tórax

Se preparan 5 conjuntos de datos para evaluar el funcionamiento de las redes CNN de TC de tórax entrenadas. Para cada uno de los 5 tamaños (16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48) se calcula el *output* de los modelos de red entrenados sobre estos conjuntos de datos. Ninguno de los recortes que pertenecen a estos conjuntos de datos ha sido utilizado anteriormente en el proceso de entrenamiento, validación o test, por lo que son completamente desconocidos para los modelos CNN.

La metodología de evaluación consiste en calcular las Curvas características Operador-Receptor (ROC) con un umbral de clasificación variable en pasos de 0.05 desde 0 hasta 1.

El número de recortes en los conjuntos de datos de comprobación para cada tamaño se refleja en la Tabla 57:

Tamaño de matriz	Nº de recortes de lesiones y no-lesiones	Nº de recortes totales
16 x 16	8138	16276
24 x 24	10329	20658
32 x 32	12207	24414
40 x 40	12833	25666
48 x 48	13146	26292

Tabla 57. Número de matrices de recorte utilizadas para comprobar el funcionamiento de los mejores modelos de red entrenados

En la Figura 79 se representan las (ROC) para los 5 modelos estudiados en la Tabla 25. Como puede apreciarse, las diferencias de sensibilidad están por debajo del 1% para todas las tasas de FP superiores a 0.24.

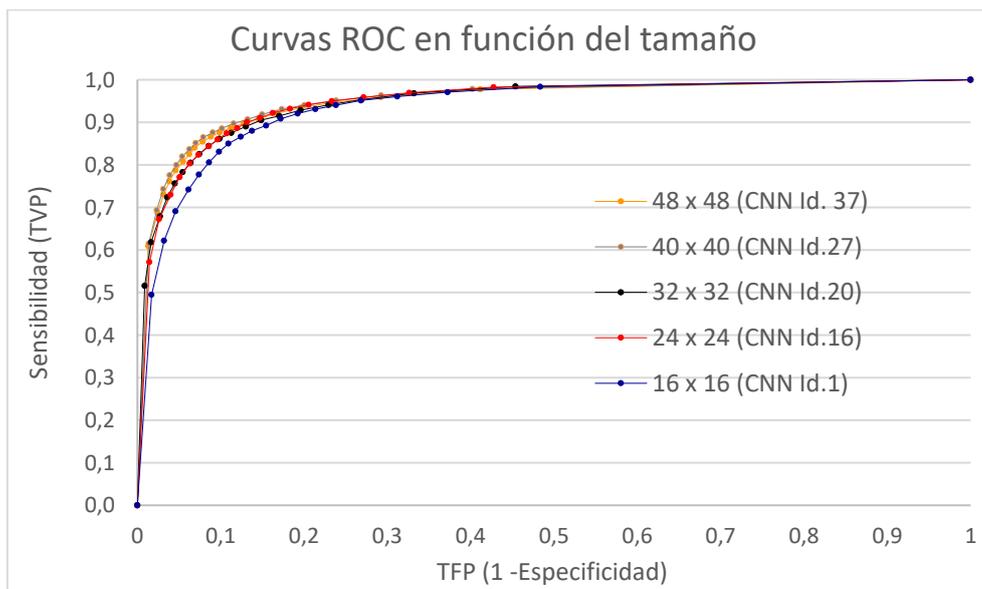


Figura 79. Curvas ROC completas para las redes CNN con identificación Id.1, Id.16, Id.20, Id.27 e Id.37

La Figura 80 presenta la zona de bajas tasas de FP, en la que se incrementan las diferencias entre las diferentes curvas:

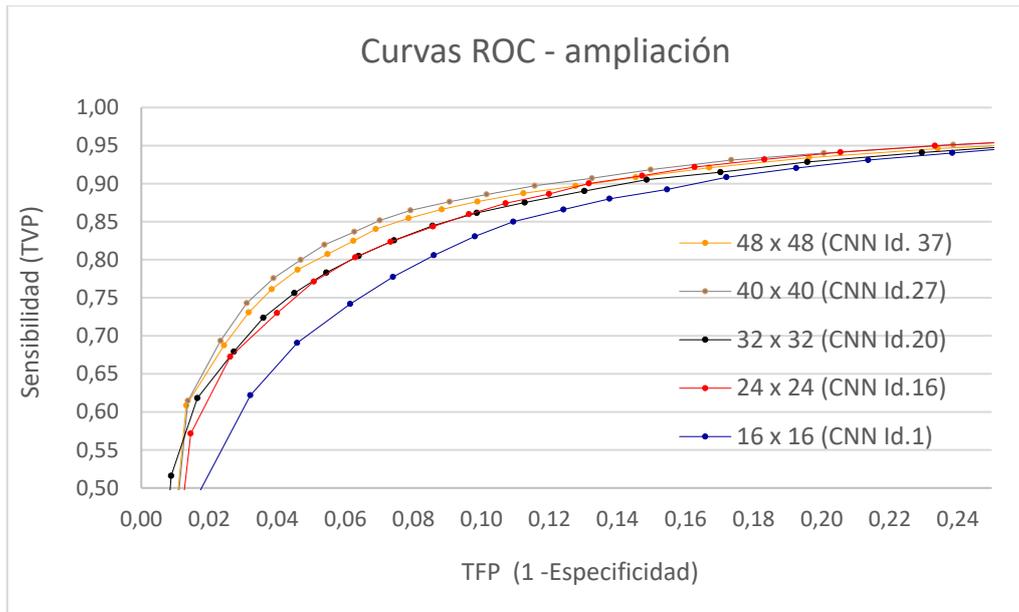


Figura 80. Ampliación de las curvas ROC en zona de bajas tasas de FPR

El área bajo las curvas ROC (AUC) se obtiene mediante el método de integración numérica trapezoidal de los datos numéricos de los puntos que las conforman, como se indica a continuación. Este método descompone el intervalo de integración en un conjunto de trapezoides cuya área es sencilla de calcular y constituye una buena aproximación al resultado exacto. Los vectores x e y representan los valores de sensibilidad y 1-especificidad respectivamente.

$$\text{AUC} = \text{trapz}(x, y)$$

El otro indicador de la bondad de las curvas ROC utilizado es la tasa de FP que proporciona un valor de sensibilidad del 90%. Para ello se utiliza la función de interpolación de datos tabulados, de MATLAB® llamada *interp1*. Se busca el valor de TFP para el que la sensibilidad es de 0.90 realizando una interpolación cúbica de los valores de los puntos de la curva ROC:

$$\text{TFP90} = \text{interp1}(y, x, 0.90, 0, \text{'spline'})$$

En la Tabla 58 se muestra el valor de la tasa de FP que proporciona una sensibilidad del 90%, mostrando que no existen diferencias significativas entre los modelos, a excepción del caso 16 x 16, donde es mayor el porcentaje de falsos positivos. Esto puede deberse a las menores diferencias morfológicas entre los nódulos de pequeño tamaño y otras estructuras vasculares o del árbol bronquial.

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de FP (%)	AUC
16 x 16	1	16.3	0.936
24 x 24	16	13.2	0.946
32 x 32	20	14.2	0.947
40 x 40	27	12.1	0.951
48 x 48	37	13.3	0.950

Tabla 58. Tasa de FP para alcanzar un 90% de sensibilidad y AUC para las redes con mejor poder de detección (tangente hiperbólica)

Los valores del área bajo las curvas ROC (AUC) están próximos a la unidad, demostrando que los modelos entrenados resuelven correctamente el problema de separación de clases (detección de nódulos), especialmente para los mayores tamaños de recorte.

En la Tabla 26 se reflejan los resultados obtenidos utilizando la función de activación *ReLU*. Se obtienen las curvas ROC para estos 5 modelos para compararlos con los estudiados anteriormente, cuya representación gráfica se muestra en la Figura 81:

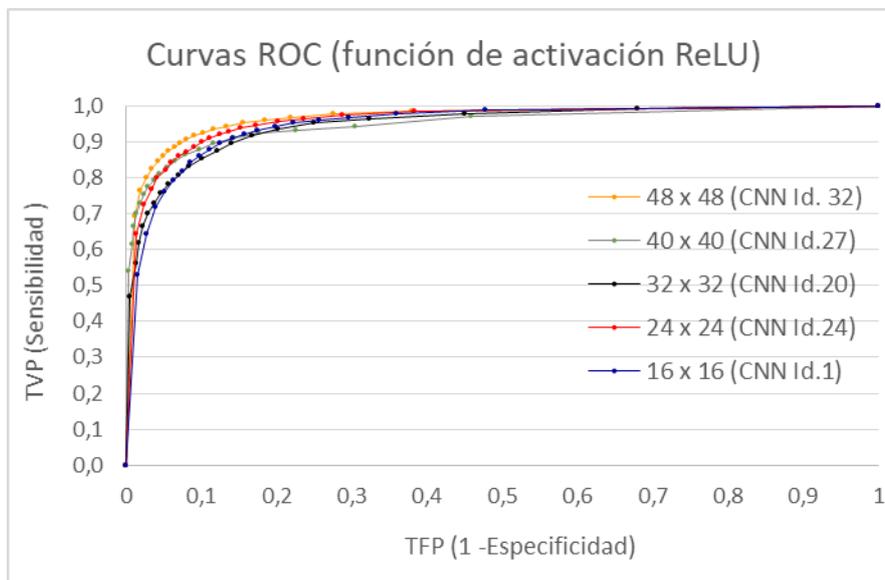


Figura 81. Curvas ROC completas para las redes CNN con identificación Id.1, Id.16, Id.20, Id.27 e Id.37 con función de activación *ReLU*

Los valores más altos de sensibilidad para una especificidad dada se obtuvieron para la 48 x 48 (CNN Id. 32), seguida de 24 x 24 (CNN Id.24), mientras que los otros tres modelos 16 x 16 (CNN Id. 1), 40 x 40 (CNN Id. CNN Id. 27) y (32 x 32 CNN Id.20) alcanzan valores menores, aunque su comportamiento es más complejo y sus curvas ROC asociadas se entrecruzan.

Para discernir mejor este efecto, se amplía la región de altas sensibilidades y bajas especificidades para apreciar con más detalle el hombro de las diferentes curvas (Figura 82):

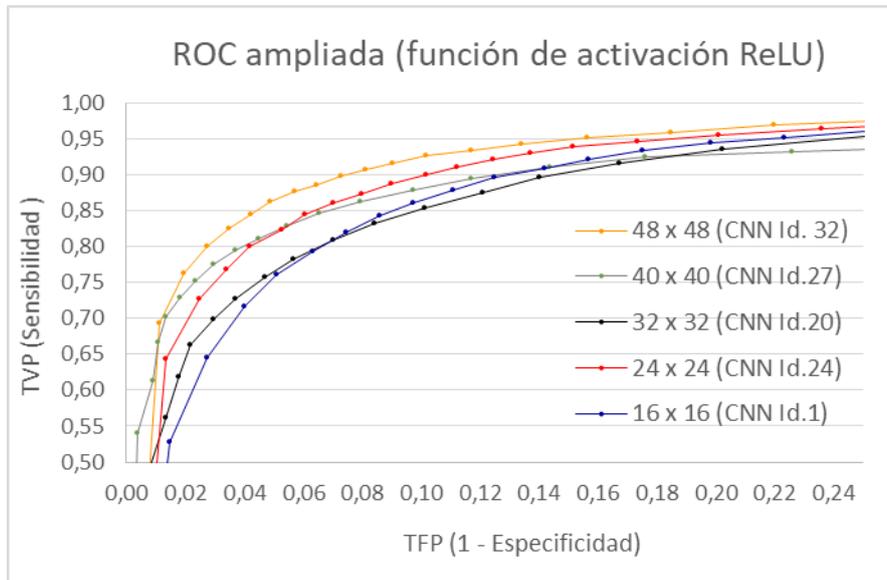


Figura 82. Ampliación de las curvas ROC en zona de bajas tasas de FPR con función de activación ReLU

La curva de 40 x 40 comienza con un gradiente muy elevado inicialmente, pero a partir de una especificidad de 0.01 comienza a cortar al resto de curvas. Para 0.06 pasas a ser inferior a 24 x 24 y en torno a 0.016 se convierte en la que menor valor de sensibilidad proporciona para una especificidad dada. Para el tamaño de matriz de 16 x 16, que presenta valores similares a 32 x 32, 0.02 supone un punto de inflexión a partir del cual mejora su comportamiento, alejándose de 32 x 32 y 40 x 40 y alcanzando valores de sensibilidad solo ligeramente inferiores a los de los dos mejores modelos.

A partir de los valores calculados para estas curvas ROC se obtiene la tasa de FP necesaria para alcanzar un 90 % de sensibilidad y el área bajo la curva ROC (AUC) cuyo valor ideal es 1. Estos resultados se pueden consultar en la Tabla 59:

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de FP (%)	AUC
16 x 16	1	12.9	0.949
24 x 24	16	10.3	0.959
32 x 32	20	14.5	0.946
40 x 40	27	12.6	0.948
48 x 48	37	7.47	0.967

Tabla 59. Tasa de FP para alcanzar un 90% de sensibilidad y AUC para las redes con mejor poder de detección con función de activación ReLU

La exactitud de clasificación sobre el conjunto de test fue mejor para los 5 tamaños de matriz, presentando mejoras entre el 1% y el 2.5 %. Ese incremento se traduce en una mejora en los valores de AUC y en una reducción de la tasa de FP para la que la sensibilidad es del 90% en tres de los tamaños: 16 x 16, 24 x 24 y 48 x 48. Sin embargo, la mejora en la exactitud no se traduce en un incremento del AUC para los tamaños de 32 x 32 y 40 x 40, cuyos valores de AUC son ligeramente inferiores con respecto a los obtenidos para la tangente hiperbólica.

A continuación, se analizan algunos resultados de forma visual para las dos redes que producen mejores resultados en términos de AUC y menor tasas de FP, es decir las redes CNN de tamaños 24 x 24 y 48 x 48.

Comenzando por la de tamaño 48 x 48, en la Figura 83 se observan 10 ejemplos de VP detectados por la red que mejor valor de AUC presenta. La variedad de tamaños, morfologías, texturas y localizaciones detectables queda patente en esta pequeña muestra.

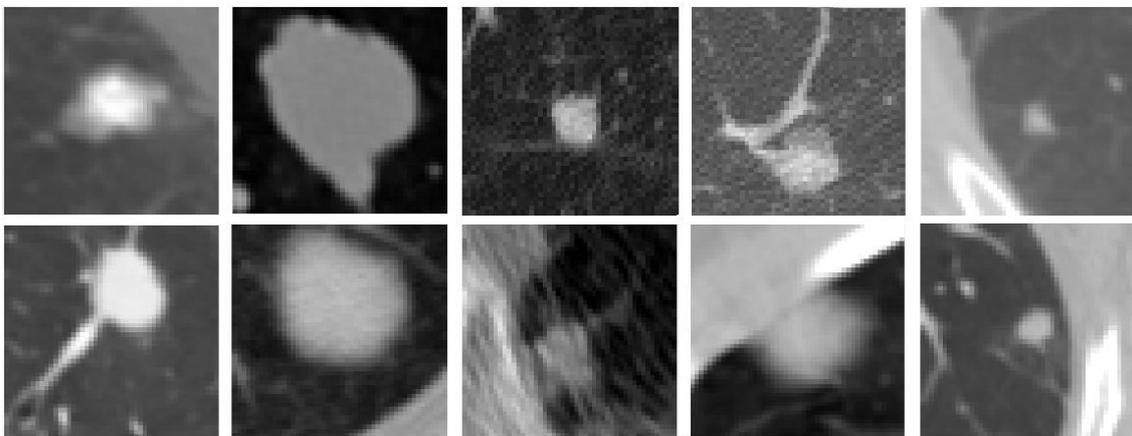


Figura 83. Ejemplo de 10 verdaderos positivos detectados con una elevada probabilidad (superior al 98%) por la red de 48 x 48

En la Figura 84 se muestran 5 falsos positivos, cuyas matrices asociadas presentan similitudes con las características presentadas por los nódulos.



Figura 84. Ejemplo de 5 falsos positivos detectados con una probabilidad entre el 60% y el 80% por la red de 48 x 48

La diversidad de situaciones que se corresponden con un VN es también muy grande (ver Figura 85). Desde estructuras bronquiales y alveolares, hasta vasos sanguíneos de diferentes orientaciones y tamaños. La mayor parte de los miles de recortes analizados por la red CNN proporcionaron el resultado correcto, y en caso de etiquetar el recorte como falso positivo le asignó una probabilidad cercana al umbral estándar de clasificación del 0.5.

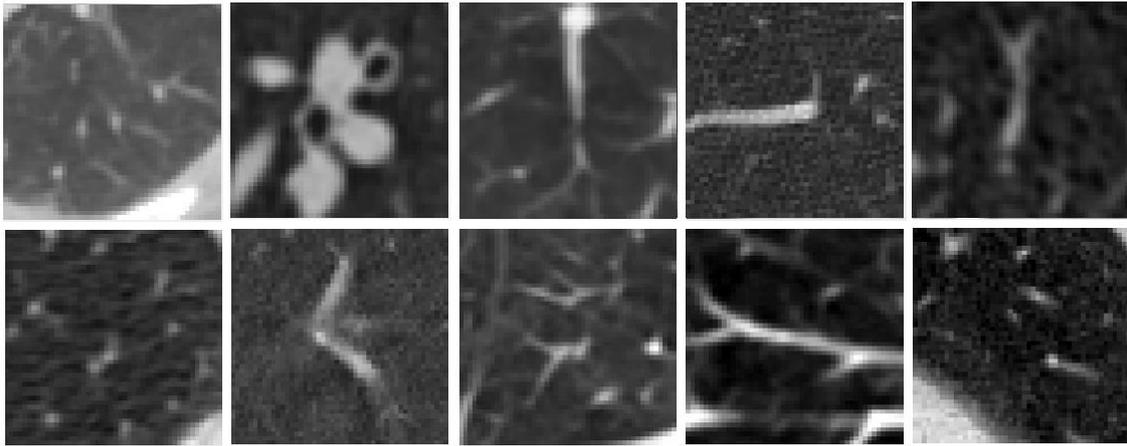


Figura 85. Ejemplo de 10 verdaderos negativos detectados con una probabilidad superior al 98% por la CNN

Las características más habituales de los FN suelen ser su presencia cerca de la pared torácica y otras estructuras anatómicas, su pequeño tamaño y su situación adyacente a vasos sanguíneos, como se refleja en los ejemplos de la Figura 86:

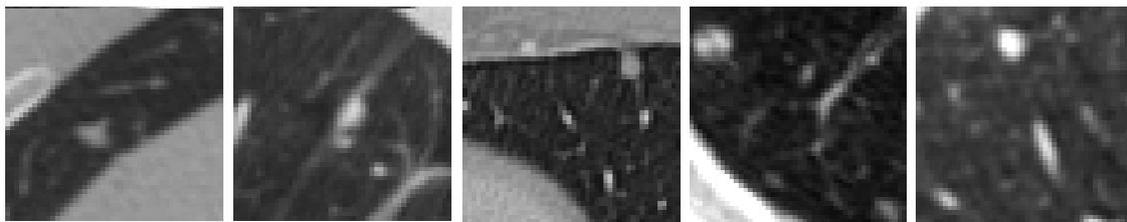


Figura 86. Ejemplo de 5 falsos negativos correspondientes a nódulos a los que la red asignó una baja probabilidad (inferior al 25%)

La red CNN de tamaño 24 x 24 etiquetada como Id.24 está especializada en la detección de nódulos de menor tamaño. En la Figura 87 se presentan 10 ejemplos de VP, identificados correctamente como nódulos, que pueden tener diferentes densidades diferentes y bordes irregulares o difusos, aunque también ser redondeados o estar adheridos a la pared torácica o a vasos sanguíneos.

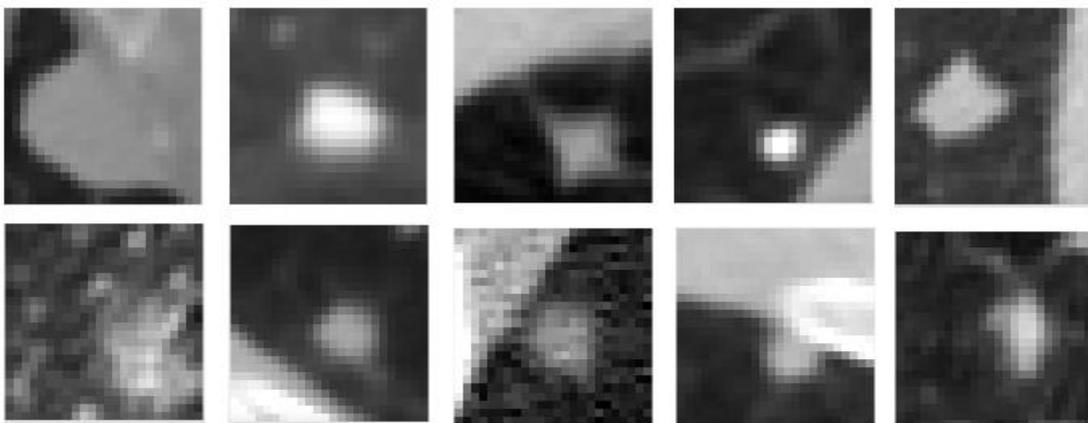


Figura 87. Ejemplo de 10 verdaderos positivos para la red CNN Id.24

La tipología de FN involucra nódulos de formas complicadas e irregulares, próximos a estructuras anatómicas normales, que les confieren formas que dificultan su aprendizaje por la CNN (Figura 88):

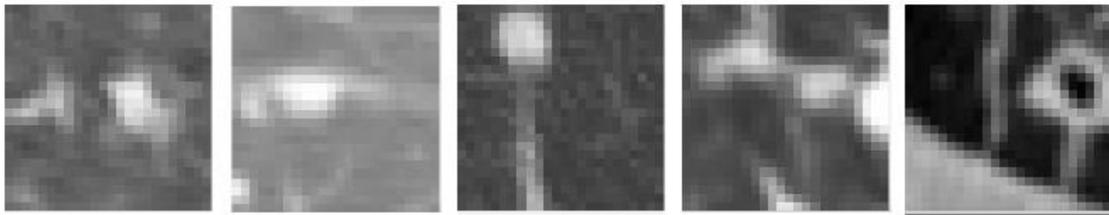


Figura 88. Ejemplo de falsos negativos para la red CNN Id.24

En la Figura 89 se observa una serie de ejemplos de recortes de tejido sano clasificados correctamente por la red de 24 x 24 (Id.24). El tipo de estructura encontrado con mayor frecuencia son vasos, cuya confluencia puede generar dudas en algunos casos, aunque las redes entrenadas presentan una muy buena capacidad de diferenciarlos.

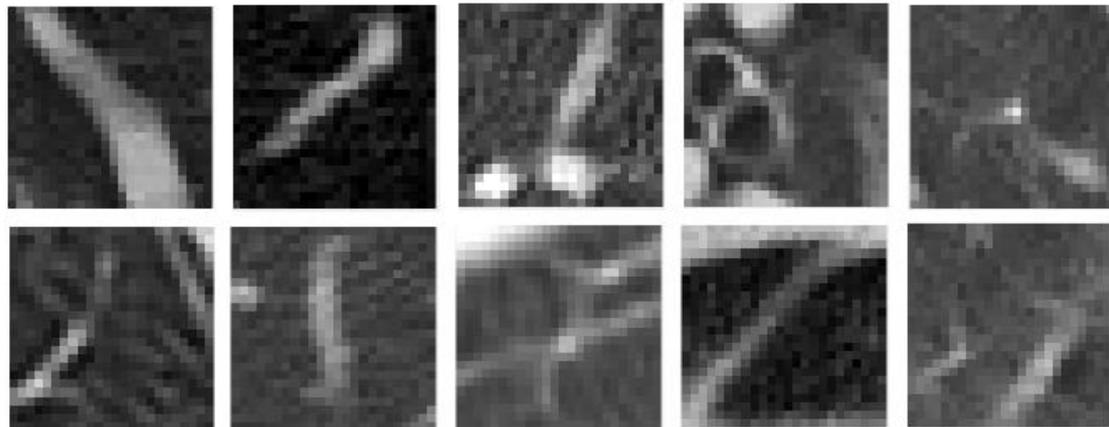


Figura 89. Ejemplo de verdaderos negativos para la red CNN ID.24 (tamaño 24 x 24)

La red de tamaño 24 x 24 con identificación Id.24 con función de activación *ReLU* consiguió la menor tasa de FP. En la Figura 90 se puede observar cómo algunos recortes correspondientes a tejido sano que son identificados erróneamente como nódulos tienen una forma redondeada, presentando una apariencia muy similar a la de los nódulos.

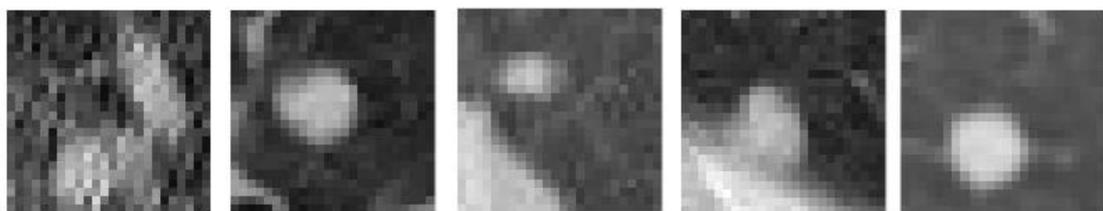


Figura 90. Ejemplo de falsos positivos para la red CNN ID.24 (tamaño 24 x 24)

Se realizó una validación adicional del desempeño de las redes entrenadas con otro conjunto de datos independientes. Para ello se extrajeron recortes de la base de datos *SPIE-AAPM* que alimentaron los modelos CNN, transformando los datos mediante la aplicación de los parámetros aprendidos. Esta base de datos contiene 70 series de imágenes TC, con un total de 83 nódulos anotados. Debido a que los nódulos pueden ser visualizados en diferentes cortes en función de su tamaño, el número de recortes extraídos se refleja en la Tabla 60.

Tamaño de matriz	Recortes de tipo nódulo
16 x 16	149
24 x 24	338
32 x 32	561
40 x 40	634
48 x 48	634

Tabla 60. Número de recortes extraídos de SPIE-AAPM

De acuerdo con los resultados proporcionados por el clasificador de regresión logística, se obtiene la tasa de VP. Los resultados para las mejores CNN que utilizaron la función de activación de tipo tangente hiperbólica se reflejan en la Tabla 61. Se obtuvieron altos valores de sensibilidad, mayores del 90% para tamaños de 32 x 32 y mayores.

Para tamaños más pequeños, la sensibilidad es menor, por lo que las redes CNN presentan mayores dificultades a la hora de aprender características distintivas de los nódulos, debido a que su morfología es más próxima a la de los no-nódulos. Los valores de activación neuronal demuestran que los nódulos son clasificados correctamente con un alto grado de certeza, rechazando aquellos recortes mal clasificados por un pequeño margen, como se observa en la Tabla 61.

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de VP (%)	Tasa de FN (%)	Promedio de activación salida nódulo
16 x 16	1	86.6	13.4	0.799
24 x 24	16	87.6	12.4	0.852
32 x 32	20	92.9	7.1	0.912
40 x 40	27	96.5	3.5	0.944
48 x 48	37	96.2	3.8	0.948

Tabla 61. Valores de sensibilidad y promedio de la neurona de salida correspondiente al resultado nódulo (función tangente hiperbólica)

Realizando el cálculo con las mejores CNN y utilizando la función de activación *ReLU*, se obtuvieron los resultados reflejados en la Tabla 62:

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de VP (%)	Tasa de FN (%)	Promedio de activación salida nódulo
16 x 16	1	85.6	14.4	0.776
24 x 24	16	89.9	11.1	0.875
32 x 32	20	93.1	6.9	0.917
40 x 40	27	97.1	2.9	0.954
48 x 48	37	96.9	3.1	0.958

Tabla 62. Valores de sensibilidad y promedio de la neurona de salida correspondiente al resultado nódulo (función ReLU)

El promedio de la activación de la neurona de salida correspondiente a la clase nódulo y la tasa de VP son superiores en el caso de *ReLU* para todos los tamaños, a excepción del tamaño 16 x 16 para el que se obtienen tasas de VP un 1% inferiores.

4.7.2. Validación de resultados para mamografía

Para validar las capacidades de detección de las redes de mamografía, se procede siguiendo la metodología aplicada al caso del TC de tórax. Para los 5 tamaños de recorte considerados, 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192, 256 x 256 y 384 x 384, se analizan una serie de conjuntos de datos mediante las redes que produjeron mejores resultados durante la fase de entrenamiento y ajuste de hiperparámetros (ver Tabla 63).

Se utilizan 750 recortes de lesiones y 750 de no-lesiones para cada uno de los tamaños, extraídos de las bases de datos *BCDR* y *CBIS-DDSM*. Ninguno de ellos fue utilizado durante el proceso de entrenamiento. Todos fueron procesados para que sus valores de píxel se encontraran en el intervalo [-1, 1].

CNN Id.	Matriz de entrada	Número de filtros	Tamaño de filtros	Distribución de pooling	Mejor etapa de validación	Mejor error de validación	Error sobre test	Tiempo de simulación (minutos)
M6	64 x 64	[20,20,20,20]	[3,3,3,3]	[1,2,2,2]	25	0.80	0.80	7.4
M37	128 x 128	[60,60,60,60,60]	[3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2]	38	5.60	4.00	107.1
M102	192 x 192	[30,30,30,30,30]	[3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2]	30	10.53	10.27	93.14
M119	256 x 256	[20,20,20,20,20,20]	[3,3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2,2]	18	11.60	13.33	82.53
M123	384 x 384	[20,20,20,20,20,20]	[3,3,3,3,3,3]	[1,2,2,2,2,2]	32	19.46	18.11	124.68

Tabla 63. Tabla resumen que recoge las 5 redes con mejor capacidad de generalización para cada uno de los tamaños

Las curvas ROC obtenidas para las redes M6, M37, M102, M119 y M123 utilizando estos conjuntos de recortes se pueden consultar en la Figura 91.

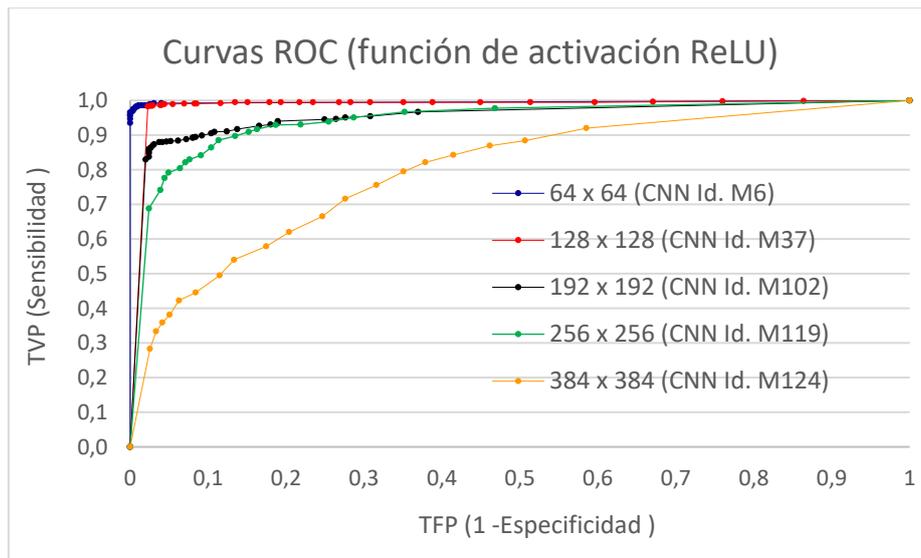


Figura 91. Curvas ROC para las 5 mejores redes sobre conjuntos de recortes pertenecientes a BCDR y CBIS-DDSM

A medida que aumenta el tamaño de las matrices, y por tanto la complejidad de las características a aprender disminuye el valor de la sensibilidad para una tasa de FP dada. En la Figura 92 se amplía el rango de altas sensibilidades y bajas tasas de FP:

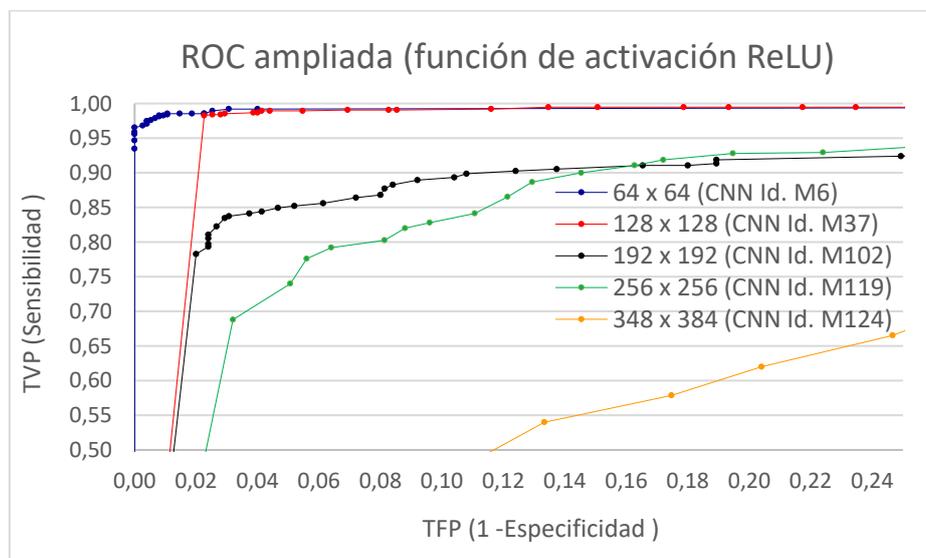


Figura 92. Ampliación de las curvas ROC para las 5 mejores redes sobre conjuntos de recortes de BCDR y CBIS-DDSM (rango de sensibilidades en el eje vertical entre 0.5 y 1.0)

El valor de las áreas bajo las curvas se calcula mediante el método de integración numérica trapezoidal. Además, se interpolan los puntos de la curva para obtener el valor de la tasa de FP para el que la sensibilidad alcanza el 90%. Los resultados de ambos parámetros aparecen reflejados en la Tabla 64:

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de FP (%)	AUC
64 x 64	M6	0.1	0.996
128 x 128	M37	2.1	0.984
192 x 192	M102	12.3	0.932
256 x 256	M119	13.8	0.942
384 x 384	M124	54.2	0.796

Tabla 64. Área bajo las curvas ROC y valor de la tasa de FP con un 90% de sensibilidad para los diferentes tamaños de recorte sobre imágenes de BCDR y CBIS-DDSM

Las dos redes CNN especializadas en la detección de calcificaciones y grupos de microcalcificaciones consiguen los valores de AUC más próximos al comportamiento ideal, detectando un número prácticamente nulo de FP para una sensibilidad del 90%.

En el caso de las redes especializadas en la detección de masas y nódulos los valores de AUC son de 0.932 (192 x 192) y 0.942 (256 x 256), encontrándose las tasas de FP en valores similares a los reportados en la bibliografía, similares a los obtenidos para las CNN de nódulos en TC de tórax.

Como ocurrió a la hora de evaluar las exactitudes de clasificación de los diferentes modelos, el hecho de que el número de muestras de entrenamiento para 384 x 384 sea la mitad, repercute negativamente en sus resultados. Si bien el valor de AUC está próximo a 0.8, el valor de FP que permite conseguir una sensibilidad del 90% resulta mucho más elevado que en los otros modelos.

En la Figura 93 se presentan a modo de ejemplo 10 VP para la red de 128 x 128 detectados con una probabilidad superior al 99%, como ocurre en la mayor parte de los datos del conjunto de test correspondiente a lesiones. Observar la diversidad de formas tamaños y ubicaciones dentro del recorte de las calcificaciones:

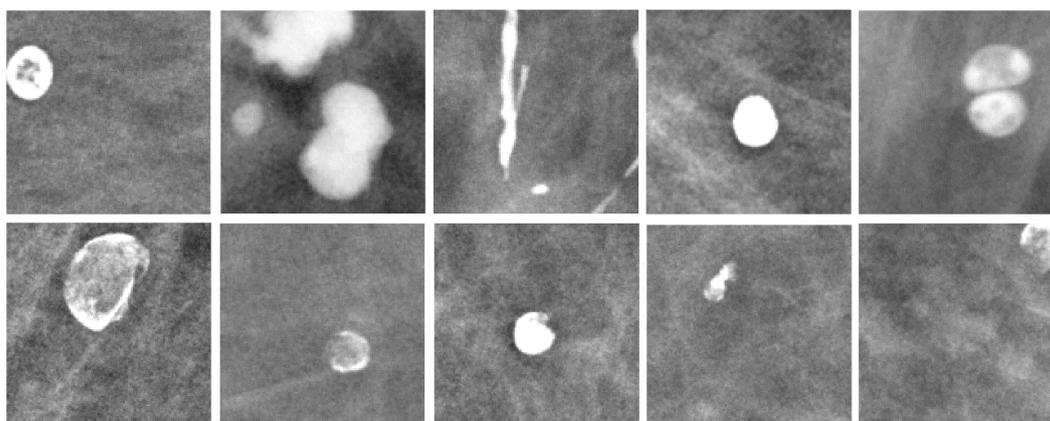


Figura 93. Ejemplo de 10 VP obtenidos en el análisis de los recortes de validación de la red CNN identificada como M37 (tamaño 128 x 128)

La diversidad de texturas correspondientes a regiones etiquetadas como no-lesiones e identificadas como tales con una alta probabilidad (VN) por parte de la red CNN, puede observarse en la Figura 94:

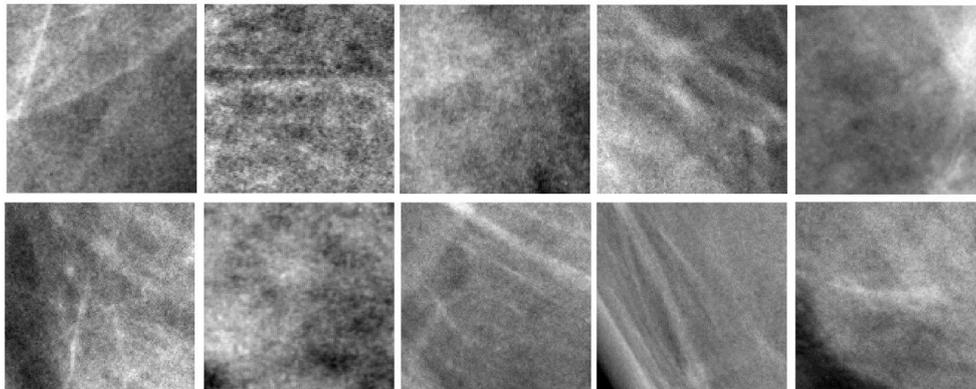


Figura 94. Ejemplo de 10 VN obtenidos en el análisis de los recortes de validación de la red CNN identificada como M37 (tamaño 128 x 128)

En la Figura 95 se presentan 5 ejemplos de recortes correspondientes a no-lesiones que fueron etiquetados como lesiones por la red CNN estableciendo el umbral de clasificación en 0.5. Los valores de probabilidad que les asignó la red son inferiores a los de los recortes mostrados en la Figura 93. Debido al comportamiento de la red, con un número de VN prácticamente nulo, como se observa en la curva ROC, no se incluyen imágenes de este tipo de recortes en este caso.

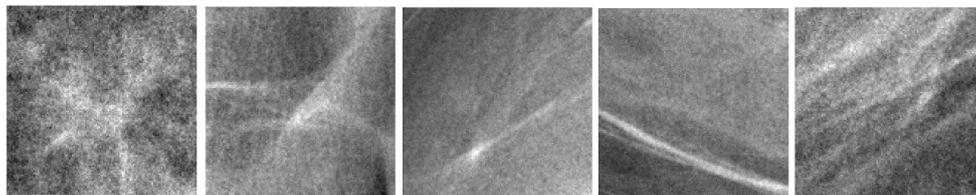


Figura 95. Ejemplo de 5 FP correspondientes al tamaño de 128 x 128

En la Figura 96 se pueden observar ROIs clasificadas correctamente como VP para una de las redes especializadas en la detección de masas o nódulos, la de tamaño 256 x 256. Esta red tiene la capacidad de detectar calcificaciones o microcalcificaciones, aunque su grado de especialización es mayor a la hora de detectar masas. Las texturas asociadas a este tipo de lesiones son más complejas de interpretar y de diferenciar con respecto a las no-lesiones.

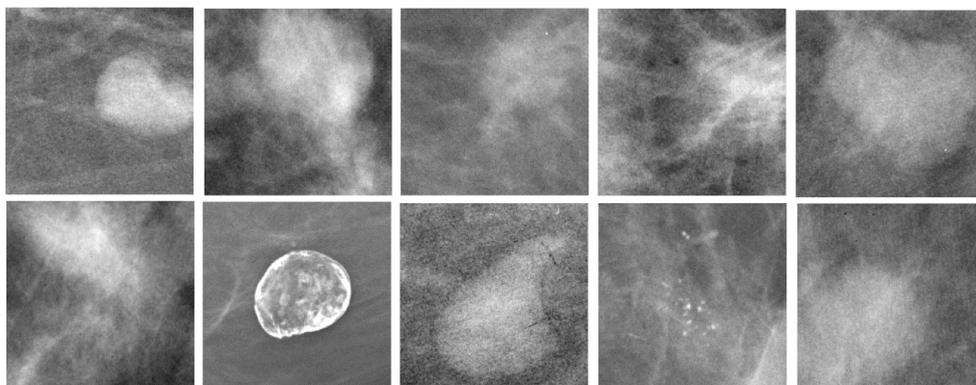


Figura 96. Ejemplo de VP correspondientes a la red M119 de tamaño 256 x 256

Debido a la mayor similitud de patrones con respecto a las lesiones, se producen detecciones de FP en algunos casos, como los mostrados en la Figura 97.

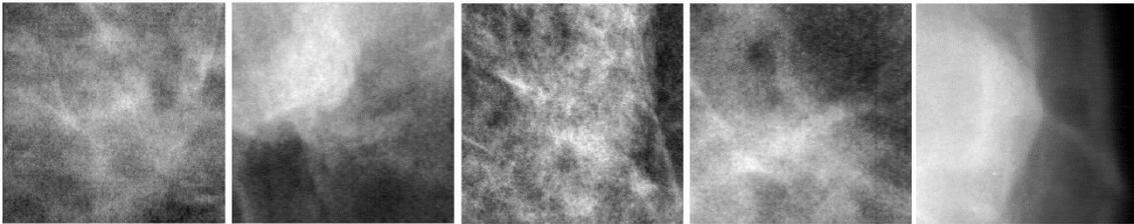


Figura 97. Ejemplo de FP para la red CNN de tamaño 256 x 256

En la Figura 98 se muestran 10 VN correctamente identificados por la CNN. A pesar de la semejanza en muchos casos con los recortes correspondientes a lesiones, el aprendizaje llevado a cabo durante el proceso de entrenamiento permite clasificarlas correctamente como no-lesiones.

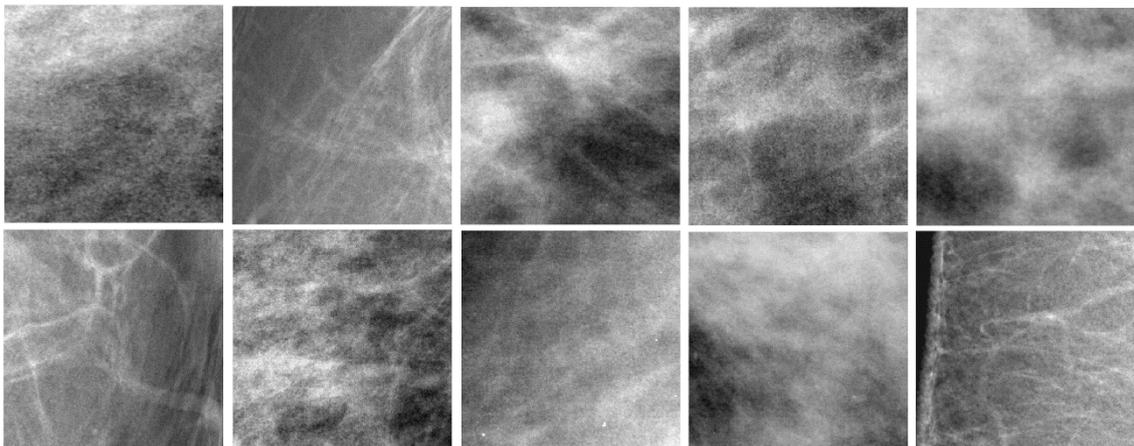


Figura 98. Ejemplo de VN correspondientes a la red M119 de tamaño 256 x 256

La dificultad inherente a esta modalidad radiológica queda patente en los siguientes ejemplos, clasificados erróneamente como FN (Figura 99). Ningún sistema CAD es perfecto, y este tipo de situaciones son las más indeseadas desde el punto de vista del paciente. Es por ello que el uso del CAD debe servir como herramienta de apoyo o “segunda lectura” a la lectura realizada por el especialista en radiodiagnóstico. La probabilidad de que una lesión sea un FN tras la doble lectura complementaria es muy baja.

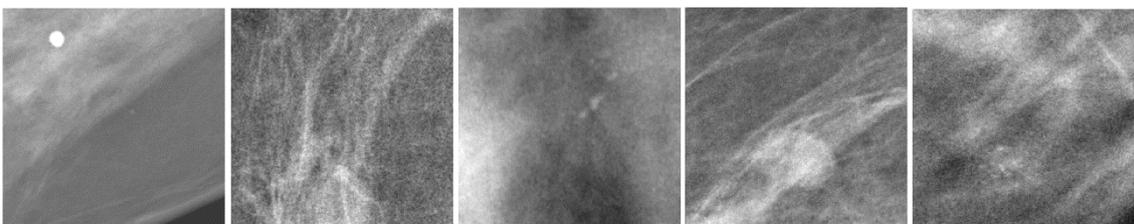


Figura 99. Ejemplo de FN para la red CNN de tamaño 256 x 256

Para completar la validación del funcionamiento de las redes entrenadas se utilizó un segundo conjunto de datos extraídos de una tercera base de datos completamente independiente, CSAW-S. La tipología de lesiones que incluye, todas ellas malignas con confirmación mediante biopsia de su carácter maligno, hace que se disponga de un número mayor de lesiones de tipo masa o nódulo, por lo que el número de recortes disponible para la validación aumenta al hacerlo el tamaño de matriz, como puede observarse en la Tabla 65:

CNN Id.	Tamaño de matriz	Tamaño de la muestra de test
M6	64 x 64	114
M37	128 x 128	236
M102	192 x 192	451
M119	256 x 256	486
M124	384 x 384	527

Tabla 65. Tamaño de las muestras de test extraídas de la base de datos CSAW-S

La representación gráfica de las curvas ROC para los conjuntos de datos extraídos del repositorio de mamografías CSAW-S se muestra en la Figura 100:

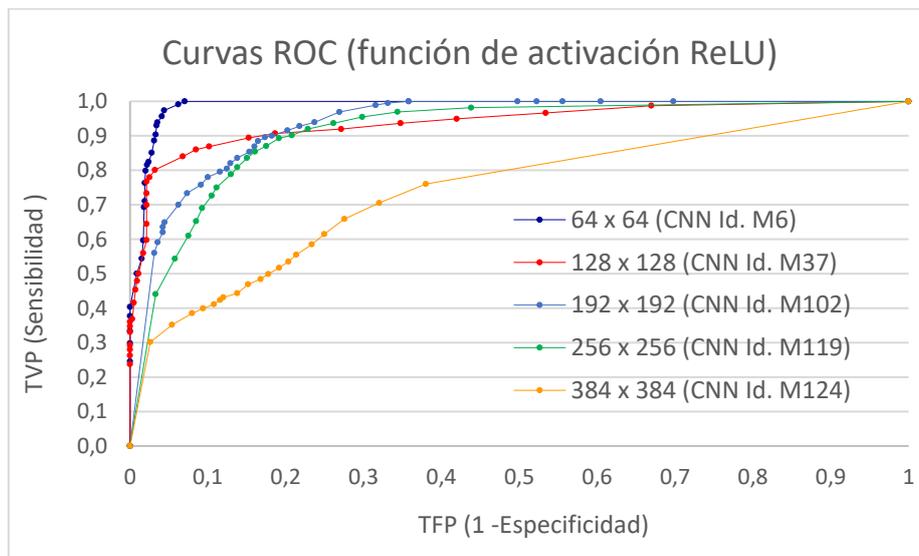


Figura 100. Curvas ROC para los conjuntos de datos del repositorio independiente CSAW-S

Para examinar con más detalle las diferencias entre curvas en la zona de alta sensibilidad y bajos FP (alta especificidad) se restringe el rango del eje vertical a [0.5-1.0] y el del horizontal al intervalo [0.0-0.25], como se muestra en la Figura 101:

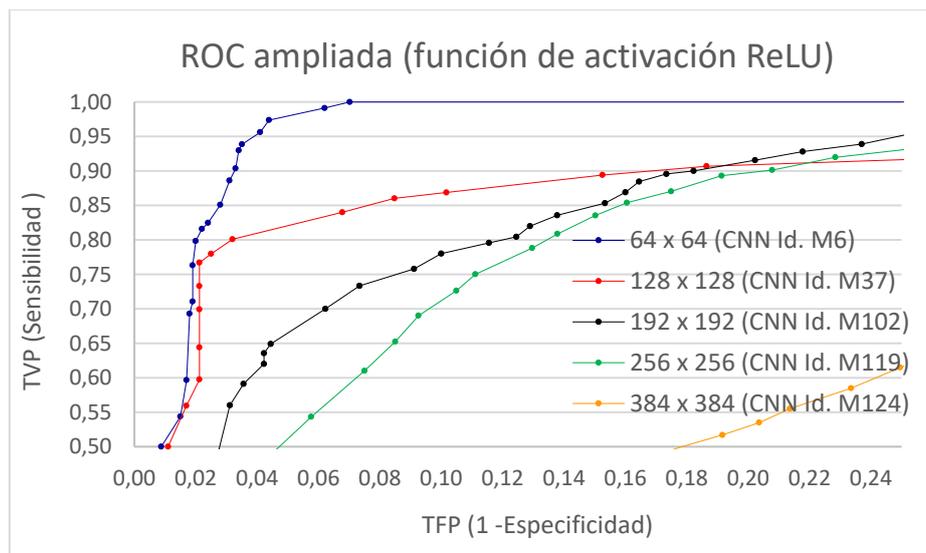


Figura 101. Vista ampliada de las curvas ROC

Los valores del área bajo la curva ROC son superiores a 0.9 para tamaños de matriz de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192 y 256 x 256 demostrando también una buena capacidad de generalización sobre esta base de datos, como se muestra en la Tabla 66.

Tamaño de matriz	Identificación de la red CNN	Tasa de FP (%)	AUC
64 x 64	M6	3.2	0.988
128 x 128	M37	16.8	0.939
192 x 192	M102	18.2	0.927
256 x 256	M119	20.5	0.912
384 x 384	M124	74.2	0.742

Tabla 66. Área bajo las curvas ROC y valor de la tasa de FP con un 90% de sensibilidad para los diferentes tamaños de recorte sobre imágenes de CSAW-S

El valor del área bajo la curva desciende a medida que aumenta el tamaño de matriz. La complejidad y variabilidad del tipo de lesiones aumenta al hacerlo el tamaño de matriz del recorte. En todos los casos se obtienen valores muy elevados del área, lo que demuestra la buena capacidad de generalización de los sistemas.

Los valores obtenidos son algo inferiores a los de los conjuntos de datos pertenecientes a las bases de datos *BCDR* y *CBIS-DDSM*, reflejados en la Tabla 64.

Para disponer de una visión general de la tipología de lesiones extraída de la base de datos *CSAW-S*, y utilizada para validar el funcionamiento de las CNN entrenadas, se pueden visualizar algunos ejemplos de VP en la Figura 102:

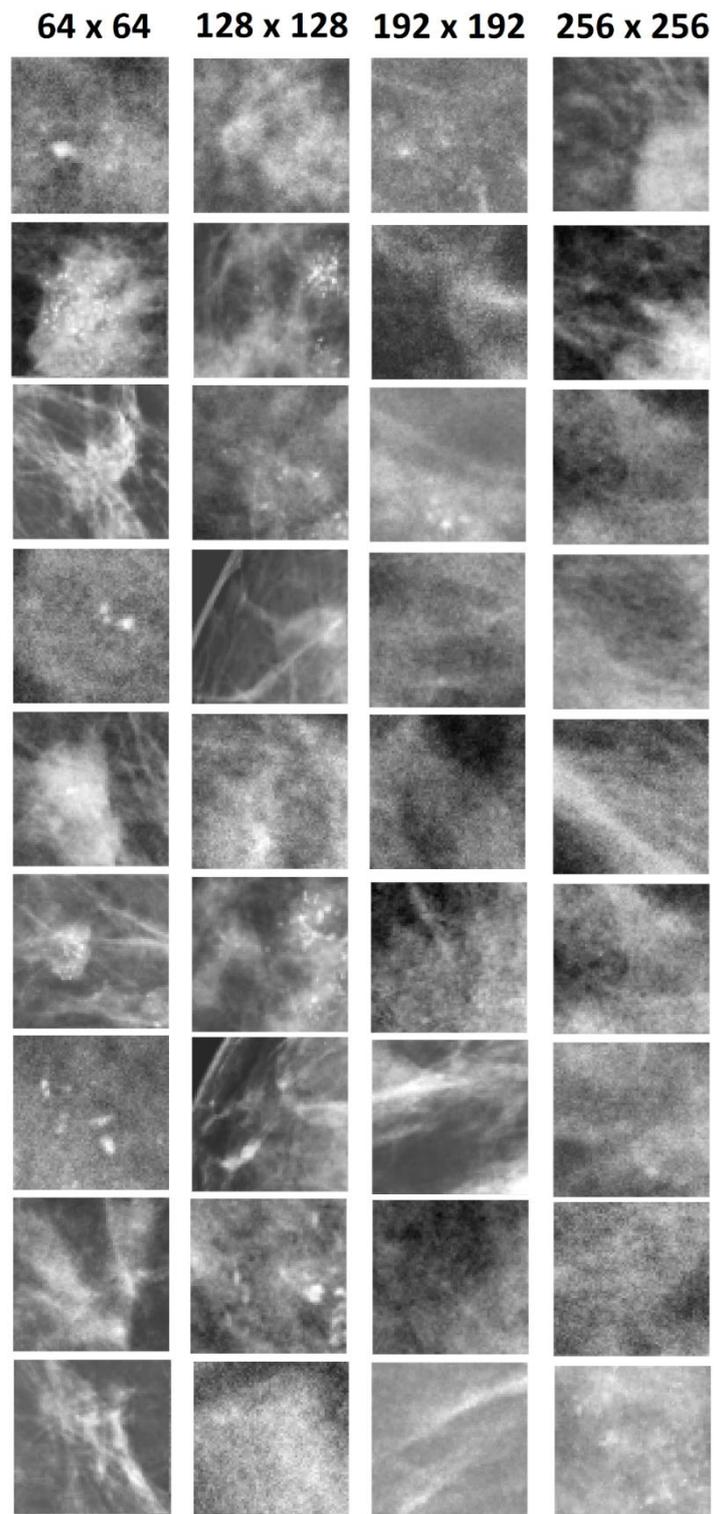


Figura 102. Ejemplo de VP de la base de datos CSAW-S para las cuatro CNN con mejor capacidad de generalización

5. Estudio 2: Desarrollo de la aplicación educativa JORCAD para la formación de Especialistas en Radiodiagnóstico

5.1. Objetivos del Estudio 2

La segunda etapa del desarrollo metodológico de esta Tesis Doctoral, enmarcada en el *Estudio 2*, consiste en el diseño y programación de un software educativo, llamado JORCAD, destinado a la formación de residentes de radiodiagnóstico y otras especialidades médicas, así como a estudiantes del Grado en Medicina que hayan cursado las asignaturas de imagen radiológica. La herramienta de software integra el sistema de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basado en Redes Neuronales de Convolución (CNN) desarrollado en esta Tesis Doctoral (*Estudio 1*) con casos anotados pertenecientes a un conjunto de bases de datos de imágenes radiológicas.

En este capítulo se incluye una descripción de las etapas de desarrollo del software educativo JORCAD, que contiene un sistema CAD basado en redes CNN para la exploración y análisis de casos pertenecientes a bases de datos anotadas, aunque también permite analizar cualquier imagen importada por el usuario. La herramienta JORCAD permite trabajar con dos modalidades de imagen radiológica: TC de tórax y mamografía.

JORCAD fue desarrollado en la plataforma de cálculo y programación MATLAB[®]. Se trata de un software diseñado con fines educativos, al permitir el aprendizaje basado en la exploración y análisis de casos anotados pertenecientes a diferentes bases de datos de imágenes, en combinación con el uso de un sistema CAD basado en CNN para la detección de nódulos en TC de tórax y lesiones en mamografía.

La interfaz de JORCAD consiste en una *Interfaz Gráfica de Usuario* (GUI) que contiene una serie de paneles, botones y ventanas. La arquitectura del software tiene dos componentes principales. Por una parte, toda la información perteneciente a las bases de datos: imágenes, segmentaciones, metadatos y otros datos asociados. Todos ellos fueron incorporados en la aplicación reformateando, clasificando y adaptando sus contenidos. Por otra parte, el sistema CAD desarrollado en el *Estudio 1*, que se sustenta en la integración de los modelos CNN entrenados. El proceso de ajuste de los hiperparámetros para optimizar el funcionamiento de las redes fue descrito anteriormente.

Los objetivos específicos del *Estudio 2* son:

- Clasificar y organizar los casos de cada una de las seis bases de datos de forma adecuada para facilitar el aprendizaje.
- Organizar y distribuir las series de imágenes TC y las proyecciones mamográficas en una estructura de carpetas que permita al software acceder a ellas de forma rápida.
- Integrar la información proporcionada por diferentes tipos de bases de datos de imágenes en JORCAD.

- Distribuir el espacio de la Interfaz Gráfica de Usuario para que presente los diferentes menús, botones y ventanas de forma clara y comprensible.
- Definir las propiedades de cada uno de los botones, cuadros de selección, menús, ventanas y desplegables que forman parte de la aplicación.
- Definir las funciones de llamada que establecen las acciones que realiza el *software* cuando se actúa sobre cualquiera de los elementos del software (botones, cuadros de opciones y menús), así como las acciones integradas en los botones del ratón.
- Establecer los flujos de trabajo que permiten al usuario utilizar la aplicación. Deberán conectar las acciones de diferentes elementos. Por ejemplo, al seleccionar una opción en el panel de bases de datos aparecerá un menú en el que se muestran los tipos de casos seleccionables, o al pulsar el botón de analizar una imagen con redes CNN se ejecutan los procesos pertinentes para su análisis.
- Implementar una serie de herramientas en la aplicación que permitan acceder a los casos de imagen de forma interactiva, en función de los criterios de clasificación elegidos.
- Implementar un procedimiento que permita visualizar las segmentaciones incluidas en las bases de datos superpuestas en las imágenes.
- Establecer un sistema para que el usuario pueda consultar la información clínica y radiológica asociada a los casos.
- Crear una herramienta que permita visualizar los nódulos en tres dimensiones de forma interactiva.
- Diseñar una ventana de información que posibilite visualizar las lesiones de mamografía ampliadas, su histograma asociado y calcule una serie de descriptores estadísticos que faciliten su caracterización.
- Hacer un diseño inicial del módulo CAD de la aplicación, planificando las rutinas necesarias para la lectura, recorte, procesado y almacenamiento de las diferentes modalidades y tipos de imagen que servirán para entrenar y validar las redes CNN.
- Implementar técnicas de procesado y segmentación del parénquima pulmonar en imágenes TC y de la glándula mamaria en mamografía para su posterior análisis mediante redes CNN.
- Establecer un procedimiento que permita dividir las regiones segmentadas en el epígrafe anterior en recortes y modifique adecuadamente sus valores de píxel para poder ser analizados mediante redes CNN.
- Integrar las redes CNN entrenadas en el *Estudio 1* en el software JORCAD de aprendizaje, de forma que permitan realizar un análisis CAD configurando opciones dependientes de la modalidad de imagen y del tamaño de recorte elegido.
- Introducir una opción que permita realizar un análisis simultáneo con varios tamaños de recorte.
- Organizar los resultados del análisis para presentarlos de forma fácilmente interpretable y visualmente atractiva, mediante recuadros con distinto nivel de transparencia y mostrando

valores de probabilidad en las imágenes. Se mostrará también un resumen de los resultados del análisis en pantalla.

- Elaborar una presentación en la que se detallen los fundamentos teóricos en los que se basa el software JORCAD: preparación de conjuntos de datos y entrenamiento de redes neuronales y contenido de las bases de datos de imágenes.
- Elaborar un tutorial de uso de la aplicación JORCAD para conocer todas las utilidades que implementa, los flujos de trabajo y los controles que permiten ejecutar los distintos procesos.

5.2. Hipótesis del Estudio 2

La consecución de los objetivos mencionados para este estudio debe permitir demostrar las hipótesis que se relacionan a continuación:

- Las herramientas programadas en el software para la exploración y análisis de casos permiten consultar los estudios de imagen, las segmentaciones y otra información asociada de forma adecuada para TC de tórax y mamografía.
- La usabilidad del software desarrollado presenta unas características adecuadas.
- La herramienta CAD basada en redes CNN implementada en JORCAD proporciona unos resultados adecuados para el aprendizaje que serían compatibles con su uso clínico.
- Los resultados del análisis CAD se presentan de forma comprensible y fácilmente interpretable.
- La sesión elaborada expone de forma clara y comprensible los contenidos teóricos en los que se basa la aplicación JORCAD.
- El tutorial del software JORCAD explica de forma adecuada su manejo y permite a los usuarios de la aplicación conocer sus herramientas.

5.3. Funcionamiento de la aplicación JORCAD: utilidades y herramientas para el aprendizaje

En esta sección se describe el desarrollo de una aplicación educativa destinada a la formación de residentes de la especialidad de Radiodiagnóstico o estudiantes de cursos superiores del Grado en Medicina familiarizados con el análisis de estudios TC y mamografías. La aplicación tiene dos utilidades diferentes para el usuario.

En primer lugar, permite acceder a una serie de casos clínicos pertenecientes a diferentes bases de datos. Estos casos se han ordenado y clasificado de acuerdo a la información que se suministra con cada una de las bases de datos.

En la Figura 103 se muestra una vista general de la interfaz gráfica de usuario, en la que pueden apreciarse tres de los paneles principales: exploración de bases de datos, utilización de redes neuronales e importación de imágenes externas. En la parte derecha se encuentra la ventana de visualización de imágenes.

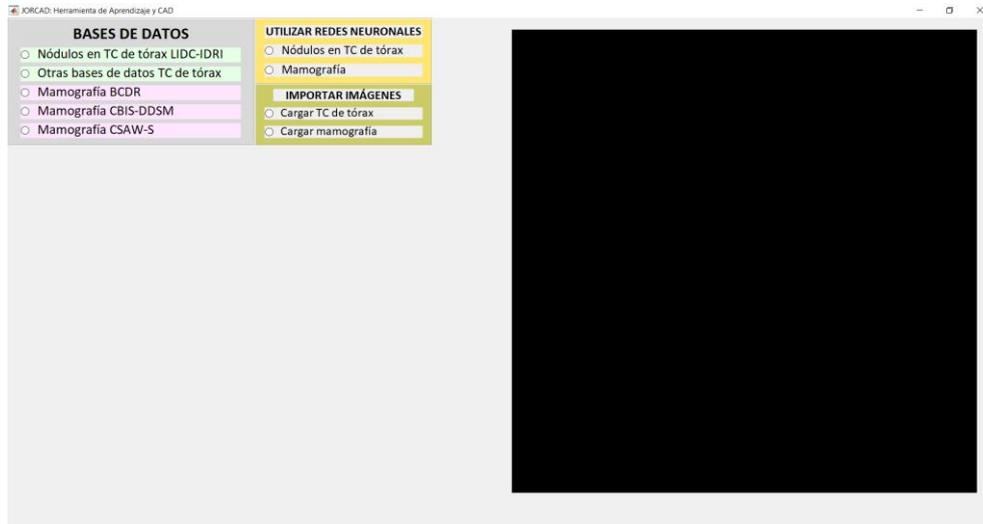


Figura 103. Vista inicial de la interfaz gráfica de usuario de la aplicación JORCAD

Cuando se inicia el flujo de trabajo de la aplicación, seleccionando opciones que permiten importar un caso y acceder a la información que contiene, la apariencia del software cambia. Las partes principales del software, cuyo funcionamiento y estructura interna se describirá en las posteriores secciones, se muestran en la Figura 104:

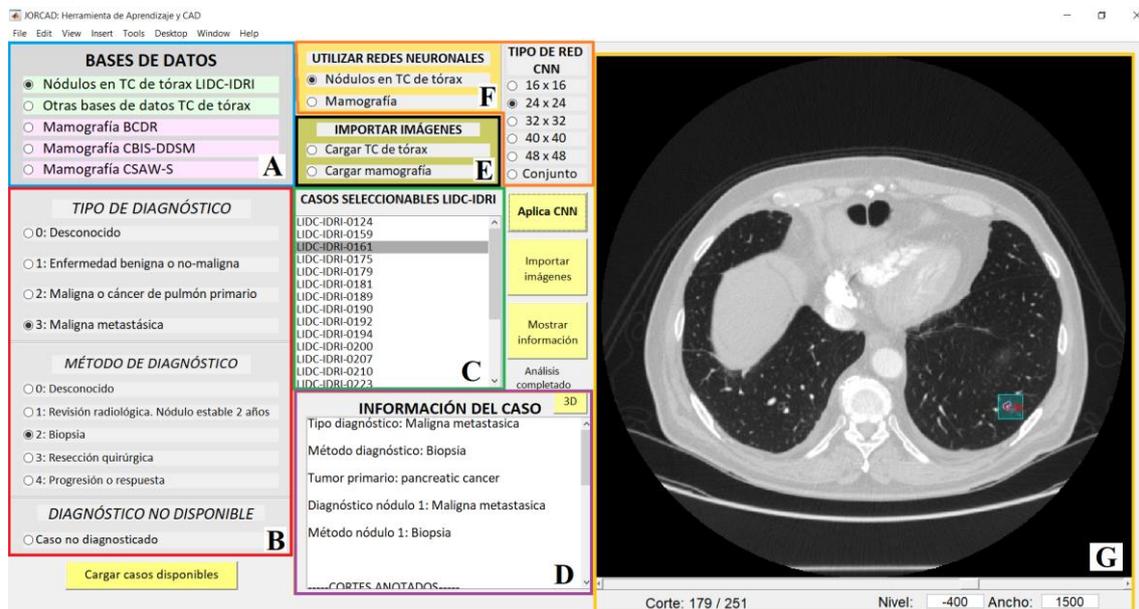


Figura 104. Interfaz de JORCAD: A) panel de selección de bases de datos; B) panel de selección del tipo de caso; C) lista de casos seleccionables; D) ventana de información para el caso cargado; E) importación de imágenes no pertenecientes a bases de datos; F) panel CAD para analizar la imagen activa con CNN; G) presentación de la imagen y área de visualización.

A) El panel de selección de bases de datos (Figura 104.A) consiste en un grupo de botones que permite al usuario seleccionar el repositorio de imágenes del que cargar un caso: nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI, otras bases de datos de TC de tórax (que se despliega en *SPIE-AAPM* y *Lung-PET-CT-Dx*) y tres opciones para mamografía presentadas como *BCDR*, *CBIS-DDSM* y *CSAW-S*.

B) Panel de selección del tipo de caso (Figura 104.B): localizado bajo el panel anterior, las opciones disponibles dependen de la base de datos seleccionada, como puede observarse en la Figura 107 y Figura 108. Para las bases de datos de mamografía, debido al gran número de casos, se deben seleccionar características adicionales.

C) Panel de selección de casos (Figura 104.C): muestra un listado de todos los casos que cumplen la selección del usuario, preservando su identificación original.

D) Ventana de información (Figura 104.D): muestra toda la información clínica y radiológica asociada al caso activo, incluyendo las características de la lesión e imágenes anotadas. Para ambas modalidades de imagen, TC de tórax y mamografía, el botón de *Mostrar información* muestra las segmentaciones superpuestas a la imagen.

E) Panel de imágenes externas (Figura 104.E): permite cargar una serie de TC o una mamografía no incluida en alguna de las bases de datos previamente mencionadas. El usuario puede visualizar el corte deseado o la proyección cargada y utilizar el módulo CAD para analizarla y buscar lesiones y zonas sospechosas.

F) Panel de opciones CAD (Figura 104.F). Según la tarea seleccionada (detección de nódulos en TC de tórax o lesiones en mamografía) se muestran los tipos de red CNN seleccionables, incluyendo la opción de “análisis conjunto”. Si se pulsa el botón de *Aplicar CNN*, se procede a analizar la imagen.

G) El área de presentación de imágenes, con su barra de desplazamiento asociada y los valores de ancho y nivel de ventana editables (Figura 104.G)

Dispone de una serie de botones que conectan diferentes paneles y ejecutan diversas acciones, como por ejemplo *Cargar casos disponibles*, *Importar imágenes*, *Mostrar información*, *Aplicar CNN*, *3D* y *EST*. En la Figura 105 se muestra un ejemplo de las acciones realizadas por ellos, a excepción de las CNN, que se explicarán posteriormente.

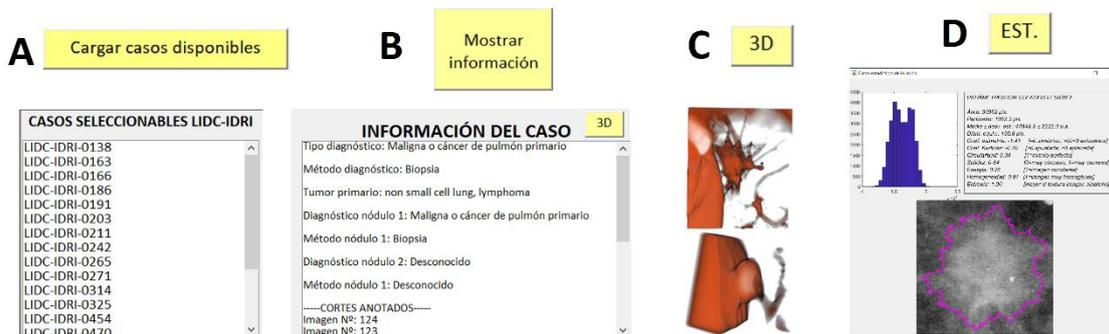


Figura 105. A) Ejemplo de lista de casos disponibles después de pulsar botón de *Cargar casos disponibles*. B) El botón de *Mostrar información* muestra los datos relacionados con el caso cargado. C) El botón *3D* hace visible la renderización de los nódulos pertenecientes al caso de TC de tórax activo. D) El botón de análisis estadístico muestra el histograma de valores de píxel de la lesión, parámetros de Radiómica calculados y una vista ampliada de la lesión.

Para seleccionar una de las bases de datos disponibles, se utiliza el panel de botones situado en la parte superior izquierda de la interfaz gráfica, denominado “BASES DE DATOS” (Figura 106). Se pueden seleccionar cinco opciones diferentes para acceder a la información incluida en las diferentes bases de datos:

- *LIDC-IDRI*: nódulos en TC de tórax.
- Otras bases de datos TC de tórax:
 - *SPIE-AAPM Lung CT Challenge*: nódulos en TC de tórax
 - *Lung PET-CT Diagnosis*: acceso a los estudios de TC
- *BCDR*: base de datos de mamografías con lesiones segmentadas y clasificadas.
- *CBIS-DDSM*: base de datos de mamografías con lesiones segmentadas y clasificadas.
- *CSAW-S*: base de datos de mamografías con lesiones y anatomía segmentadas.

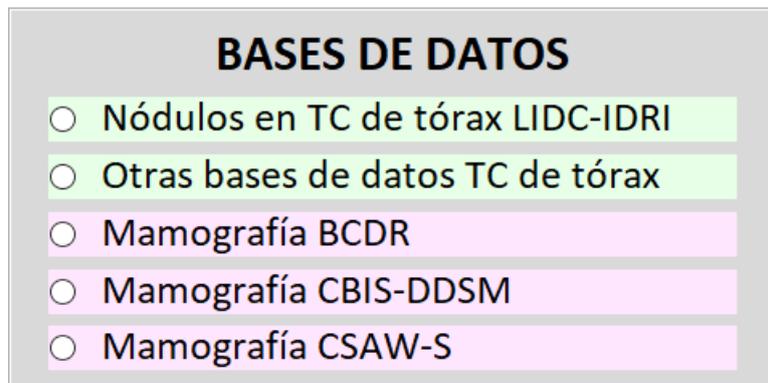


Figura 106. Panel de exploración de bases de datos de la aplicación JORCAD

Una vez seleccionada alguna de las opciones, los botones que permiten seleccionar los casos disponibles van apareciendo en función del tipo de lesión.

Todas las bases de datos de imágenes que pueden ser exploradas en JORCAD están disponibles de forma pública para fines educativos y de investigación sin ánimo de lucro. Cada base de datos posee unas características específicas en lo referente a la clasificación de los casos que incluye, la información clínica y radiológica asociada a ellos y el tipo de segmentación de las lesiones. En JORCAD, la clasificación de los casos se ha realizado tomando como punto de partida los metadatos disponibles en los repositorios, como puede observarse en la Figura 107 y en la Figura 108. El usuario puede consultar las segmentaciones de todos los nódulos y lesiones de mamografía marcados. El software JORCAD también permite importar imágenes que no pertenecen a alguna de las bases de datos (3 de cada modalidad de imagen) implementadas:

- La colección de imágenes *Lung Image Database Consortium (LIDC-IDRI)* es un repositorio de imágenes multicéntrico que contiene estudios de TC de tórax diagnósticos y de cribado del cáncer de pulmón, con nódulos segmentados por cuatro radiólogos con amplia experiencia informado estudios de la región torácica (Armato III et al., 2011). Los casos se dividen entre los que tienen un diagnóstico (a nivel de paciente o de nódulo), y aquellos no diagnosticados.

- La base de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* fue creada como parte de un reto planteado a la comunidad científica para el desarrollo de algoritmos de análisis cuantitativo de imágenes y clasificación de nódulos (Armato III, Samuel, et al., 2015). Los TCs que incluye están clasificados en 4 categorías separadas.
- *Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis (Lung-PET-CT-Dx)* contiene estudios de esta modalidad de imagen híbrida con un estadiaje TNM de los tumores y la clasificación histopatológica de todos los casos de cáncer que contiene (P. Li et al., 2020)
- *Breast Cancer Digital Repository (BCDR)* es un repositorio anotado de mamografías creado en Portugal por (Guevara Lopez et al., 2012), que incluye lesiones segmentadas de acuerdo a la clasificación estándar *BI-RADS*. Fue desarrollada gracias a la colaboración entre INEGI (Portugal), la facultad de Medicina de la Universidad de Oporto (Portugal) y el CIEMAT (España).
- *Curated Breast Imaging Subset of Digital Database for Screening Mammography (CBIS-DDSM)* es una versión actualizada de la base de datos *DDSM* que contiene mamografías clasificadas como normales, benignas y malignas, cuya información diagnóstica fue confirmada por anatomía patológica (R. S. Lee et al., 2017). Fue creada para asistir a la comunidad científica en el proceso de desarrollo de sistemas de toma de decisión gracias a una colaboración multicéntrica entre diversos hospitales y universidades de Estados Unidos.
- La base de datos de mamografía de cribado con segmentaciones semánticas (*CSAW-S*), contiene mamografías de cribado con segmentaciones de los tumores realizadas por expertos, así como de diferentes regiones de la anatomía de la mama por parte de personal técnico (Matsoukas et al., 2020).

The figure shows three panels of selection options for CT case types. Each panel is a form with various radio and checkbox options.

Panel 1 (Left):

- BASES DE DATOS:**
 - Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
 - Otras bases de datos TC de tórax
 - Mamografía BCDR
 - Mamografía CBIS-DDSM
 - Mamografía CSAW-S
- TIPO DE DIAGNÓSTICO:**
 - 0: Desconocido
 - 1: Enfermedad benigna o no-maligna
 - 2: Maligna o cáncer de pulmón primario
 - 3: Maligna metastásica
- MÉTODO DE DIAGNÓSTICO:**
 - 0: Desconocido
 - 1: Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años
 - 2: Biopsia
 - 3: Resección quirúrgica
 - 4: Progresión o respuesta
- DIAGNÓSTICO NO DISPONIBLE:**
 - Caso no diagnosticado

Panel 2 (Middle):

- BASES DE DATOS:**
 - Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
 - Otras bases de datos TC de tórax
 - Mamografía BCDR
 - Mamografía CBIS-DDSM
 - Mamografía CSAW-S
- OTRAS BASES DE DATOS:**
 - SPIE-AAPM Lung CT Challenge
 - LUNG-PET-CT Diagnosis
- TIPO DE CASO:**
 - Nódulo benigno
 - Nódulo maligno
 - Nódulo sospechosos de malignidad
 - Cáncer de pulmón primario

Panel 3 (Right):

- BASES DE DATOS:**
 - Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
 - Otras bases de datos TC de tórax
 - Mamografía BCDR
 - Mamografía CBIS-DDSM
 - Mamografía CSAW-S
- OTRAS BASES DE DATOS:**
 - SPIE-AAPM Lung CT Challenge
 - LUNG-PET-CT Diagnosis
- TIPO DE CASO:**
 - Estadificación T = 1, 1a, 1b
 - Estadificación T = 1c
 - Estadificación T = 2
 - Estadificación T = 2a, 2b
 - Estadificación T = 3
 - Estadificación T = 4
 - Estadificación T = is

Figura 107. Paneles de selección del tipo de caso para bases de datos de TC

Figura 108. Paneles de selección del tipo de caso para bases de datos de mamografía

El botón de *Cargar casos disponibles* (Figura 109) hace que se rellene la lista de casos disponibles. Para ello, la aplicación presenta al usuario todos los estudios que reúnen una serie de características comunes en cuanto al tipo de lesión, su clasificación o sus características más relevantes. El usuario puede seleccionar un caso concreto del conjunto que reúne las características deseadas.

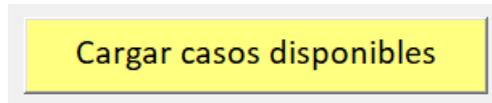


Figura 109. Apariencia del botón *Cargar casos disponibles*

El usuario puede visualizar las imágenes (series de cortes axiales en el caso de los TC o proyecciones mamográficas), sobre el área de presentación pulsando el botón de *Importar imágenes* Figura 110. Durante la carga de series de imágenes TC se le informará del progreso de importación. La imagen o serie de imágenes del caso seleccionado se muestran en el visor de la parte derecha de la pantalla. Este visor se limpia cada vez que se selecciona un a base de datos o un caso diferente, para que el usuario sepa que tiene que importar las imágenes del nuevo caso.



Figura 110. Apariencia del botón *Importar imágenes*

En el caso de la mamografía se muestra la proyección complementaria en una ventana emergente para poder comparar la información que proporcionan ambas imágenes y localizar mejor la lesión (ver Figura 111).

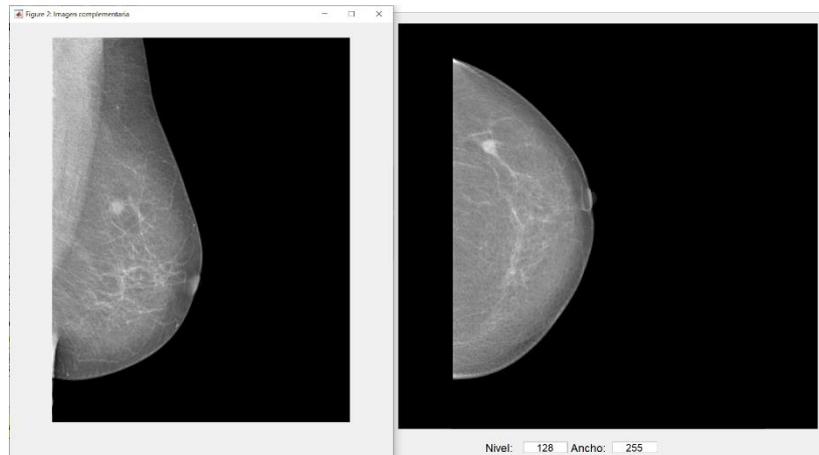


Figura 111. Ejemplo de proyección complementaria de mamografía (parte izquierda) y proyección a analizar (parte derecha)

El botón de *Mostrar información* muestra datos adicionales relacionados con la paciente y la lesión. El usuario puede acceder a la información diagnóstica contenida en las anotaciones que acompañan a cada una de las bases de datos. También se pueden consultar características asociadas a las lesiones, recogidas en las anotaciones que realizaron los especialistas en radiodiagnóstico. Todos estos datos se presentan en la ventana de información, que dispone de una barra de desplazamiento. En las siguientes secciones se detallará la información disponible según la base de datos considerada. Hay que tener en cuenta que la información proporcionada en las diferentes bases de datos es bastante heterogénea, en parte debido a que corresponden a modalidades de imagen y aplicaciones clínicas diferentes, y también debido a que se han creado siguiendo diferentes metodologías.

En cuanto a las segmentaciones, el botón *Mostrar información* es el que permite visualizar las lesiones superpuestas en cada caso para facilitar su localización. De esta forma el usuario de JORCAD no dispone de esa información a priori, sino que debe explorar las imágenes y utilizar la herramienta CAD antes de conocer los *ground truth* del caso. Se han segmentado las lesiones en todos aquellos casos en los que se disponía de información de su contorno de las lesiones, que puede provenir de tres orígenes diferentes: una tabla con las coordenadas de los puntos del contorno de la lesión (caso del *BCDR* o *SPIE-AAPM*), un recuadro que englobe la lesión (*Lung-Diagnosis*) o bien una imagen binaria de tipo máscara (caso de *LIDC-IDRI*, *CBIS-DDSM* y *CSAW-S*).

En la Figura 112 se muestra un ejemplo de segmentación de un nódulo para cada una de las 3 bases de datos de TC de tórax implementadas.

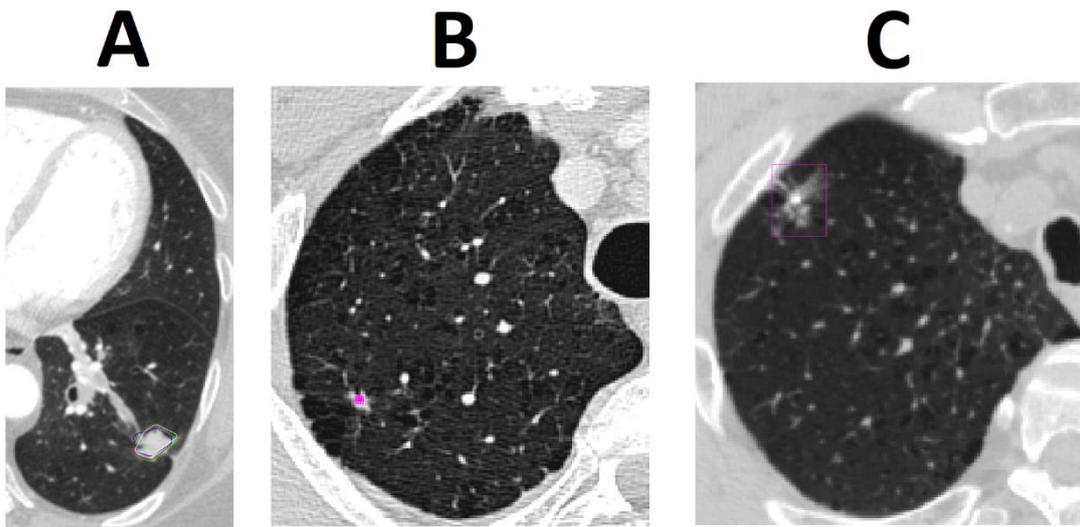


Figura 112. Ejemplo de segmentaciones en JORCAD para las bases de datos de TC de tórax. A) LIDC-IDRI. B) SPIE-AAPM. C) Lung-PET-CT-Dx

En la Figura 113 se presentan 3 ejemplos de lesiones segmentadas en mamografía, una para cada base de datos:

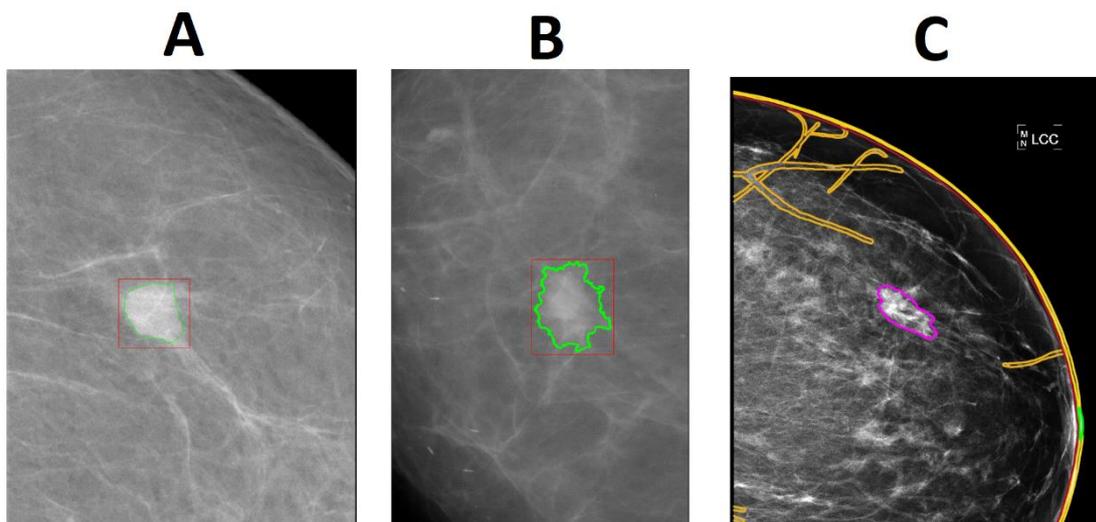


Figura 113. Ejemplo de segmentaciones en JORCAD para las bases de datos de mamografía. A) BCDR. B) CBIS-DDSM. C) CSAW-S

El botón 3D realiza una renderización de todos los nódulos anotados para el caso activo (Figura 114). Cada uno de ellos se muestra en una ventana emergente.

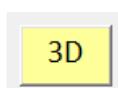


Figura 114. Apariencia del botón 3D

El botón *EST.* (Figura 115) presenta en una ventana emergente una vista ampliada de la lesión con la segmentación superpuesta, un histograma de los valores de píxel incluidos en el contorno que engloba la lesión y una serie de parámetros estadísticos que permiten caracterizarla, ya sea mediante estadísticos descriptivos, análisis de texturas o estudio de la forma y distribución de datos en el histograma.

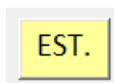


Figura 115. Apariencia del botón *EST.*

En la Figura 116 se puede observar un ejemplo de ventana:

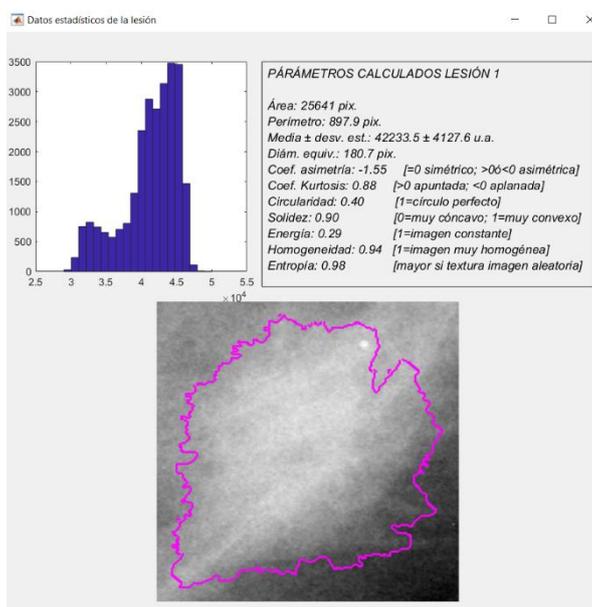


Figura 116. Ejemplo de ventana emergente de análisis estadístico para un caso de mamografía de CBIS-DDSM

En JORCAD, cuando el usuario selecciona el tipo de red CNN adecuado a la modalidad de la imagen activa (Figura 117), se cargan los *pesos* y *offsets* de todas las capas (3 para el TC de tórax y de 4 a 6 para mamografía) de los archivos en los que están almacenados. Si se selecciona la opción de análisis *Conjunto de redes CNN*, estos hiperparámetros son cargados como vectores. Los tamaños disponibles para TC de tórax abarcan desde 16 x 16 hasta 48 x 48 con la opción adicional del conjunto (para nódulos pequeños, de tamaño intermedio o de mayor tamaño). En el caso de la mamografía, y debido a su mayor resolución espacial, los tamaños van desde 64 x 64 hasta 384 x 384, un análisis conjunto adaptado a tres tamaños de lesiones (pequeñas, intermedias o grandes). La selección del tamaño de recorte la realiza el usuario de la aplicación de acuerdo a su juicio o experiencia teniendo en cuenta las zonas que considera sospechosas en la imagen. El análisis puede ser repetido tantas veces como considere necesario y utilizando diferentes tamaños en cada análisis.



Figura 117. Panel de opciones CAD para seleccionar el tipo de análisis y tamaño de recorte

Cuando se pulsa el botón de *Aplicar CNN* (Figura 118), se segmenta automáticamente el parénquima pulmonar o la glándula mamaria aplicando una combinación de operaciones de procesado que incluyen la umbralización, el filtrado y operaciones morfológicas como el llenado, cierre de contornos, erosión y dilatación. A continuación, se recorta el área rectangular que engloba la región segmentada en recortes del tamaño seleccionado, estableciendo un paso para el avance en ambas direcciones. El paso elegido es un parámetro importante que controla el número de veces que se analiza una determinada zona del parénquima pulmonar o la glándula mamaria, y afecta al tiempo de procesado de la imagen. Para garantizar que la mayor parte de regiones de interés se analizan 4 veces (excepto aquellas de la periferia), el paso seleccionado se corresponde con la mitad del tamaño del recorte tanto en dirección horizontal como en vertical. Cuando existen regiones marcadas superpuestas, la certeza en los hallazgos CAD se refuerza.



Figura 118. Apariencia del botón *Aplica CNN*

Solamente aquellos recortes cuya intersección con el parénquima pulmonar o la glándula mamaria es mayor del 80% de su área son procesados y analizados. La rutina que permite analizar cada recorte es llamada como una función desde el programa principal. Cada uno de ellos alimenta el modelo correspondiente de CNN, es convolucionado con todos los *kernels* de cada capa, sufriendo transformaciones graduales hasta que la capa completamente conectada procesa los resultados de la convolución. Finalmente, el clasificador de regresión logística calcula la probabilidad de que el recorte sea lesión y este valor numérico se superpone a la imagen.

El umbral para la presentación de los hallazgos se estableció en 0.90 para ambos tipos de imágenes, en base al análisis de las curvas de respuesta del operador (ROC) para las redes CNN entrenadas. Esto asegura que la sensibilidad del sistema se mantiene en valores altos, incrementando la especificidad. El resumen de resultados del análisis CAD y los hallazgos se

presentan de forma interactiva para facilitar la interpretación de las imágenes como puede verse en la Figura 119 y Figura 120. Cada marca CAD tiene una probabilidad de detección asociada y se muestra como una región translúcida superpuesta a imagen en la zona del recorte durante el proceso de análisis, de forma que el usuario no tiene que esperar hasta que éste ha finalizado por completo. Cuando se realizan detecciones en recortes superpuestos, las áreas de coincidencia son menos transparentes.

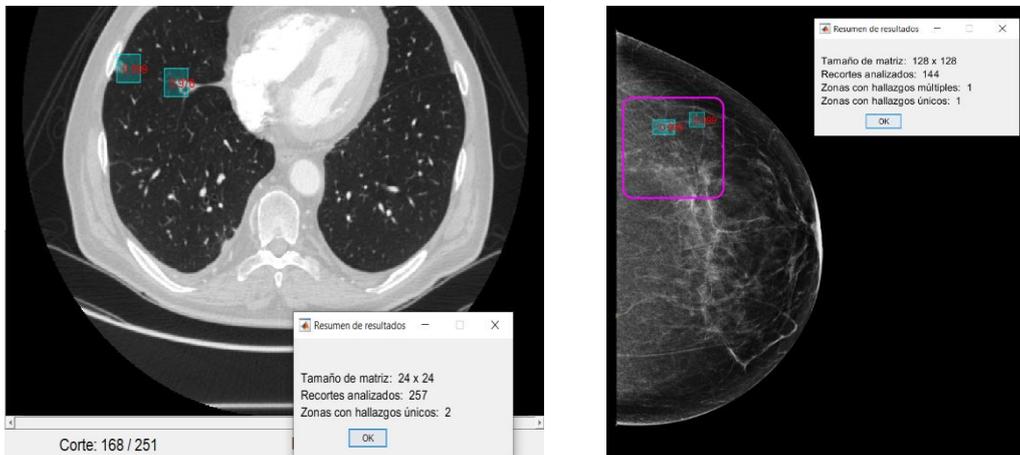


Figura 119. Ejemplo de análisis CAD y resumen para un corte TC con 24 x 24 y una proyección mamográfica cráneo-caudal (CC) con 128 x 128

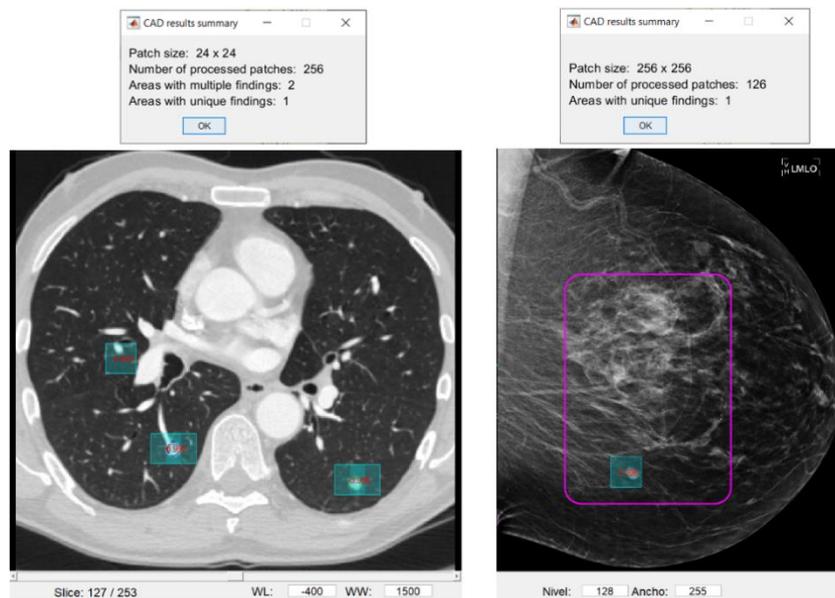


Figura 120. Ejemplo de análisis CAD y resumen para un corte TC con 24 x 24 y una proyección mamográfica medio lateral-oblicua (MLO) con 256 x 256 (versión con menús e información en inglés de JORCAD)

El usuario puede seleccionar uno o varios tamaños de recorte para actuar simultáneamente sobre la imagen. En la parte izquierda de la Figura 121 se muestra un ejemplo de análisis CAD

conjunto con varios tamaños (24 x 24, 32 x 32 y 40 x 40) con un color de recuadro asociado a cada red, mientras que en la parte derecha se realiza un análisis único con 32 x 32:

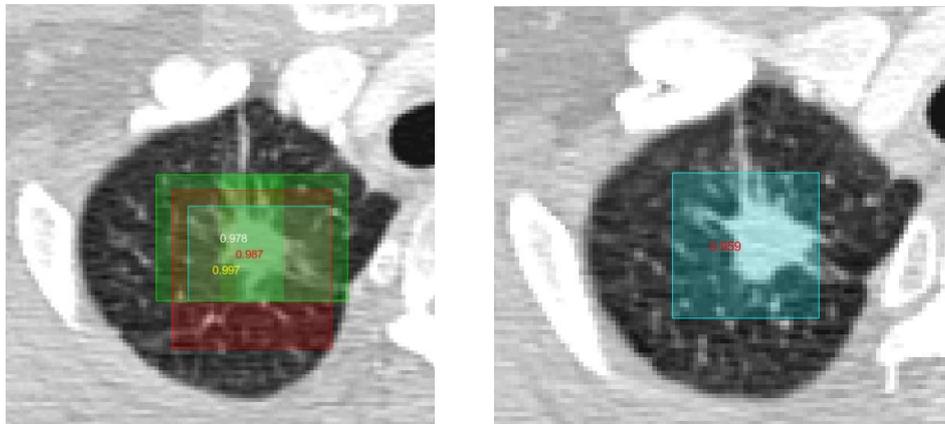


Figura 121. Ejemplo de análisis conjunto (parte izquierda) frente a análisis con un único tamaño de red CNN (parte derecha)

Tras finalizar el análisis, aparece una ventana emergente sobre el visor de imágenes donde se muestra el resultado de aplicar la red neuronal que incluye el número total de recortes analizados, el número de hallazgos únicos y el número de hallazgos múltiples. Sobre la imagen aparecen marcadas las zonas sospechosas de contener alguna lesión encontradas por la red CNN, conocidas como anotaciones CAD. Se muestra superpuesta a la anotación la probabilidad de que la zona marcada contenga un nódulo. En caso de tratarse de varios hallazgos superpuestos se informa de la probabilidad promedio. Se puede realizar zoom sobre la imagen para visualizar la zona de interés con los hallazgos marcados ampliada.

En resumen, la interfaz de la aplicación permite al usuario explorar entre los miles de casos incluidos en alguna de las 6 bases de datos y consultar la información y segmentaciones que acompañan a cada uno de ellos:

- Tomografía Computarizada *LIDC-IDRI*
- Tomografía Computarizada *SPIE-AAPM*
- Tomografía Computarizada *Lung-Diagnosis*
- Mamografía *BCDR*
- Mamografía *CBIS-DDSM*
- Mamografía *CSAW-S*

Una vez cargadas las imágenes de TC o mamografías del caso deseado, la aplicación permite analizarlas con las mejores redes neuronales de convolución entrenadas previamente en el Estudio 1, que fueron seleccionadas en base a su capacidad de generalización sobre los conjuntos de datos de test. El sistema CAD desarrollado en esta Tesis Doctoral localiza una serie de candidatos y muestra su localización en pantalla para que puedan ser visualizados por el usuario, indicando la probabilidad con la que fueron clasificados como lesión.

El archivo principal que contiene el código de la aplicación en castellano es *JORCAD.m*. También se han traducido todos los menús, botones y la información en la versión en inglés *JORCAD_ENG.m*. Para su funcionamiento requiere además del conjunto de carpetas con imágenes de las bases de datos, la hoja de cálculo *DatosGUI*, que almacena la información asociada a los casos y datos sobre las segmentaciones y la carpeta *redes* desde la que se gestionan los recortes en los que se divide la imagen, los resultados del análisis CAD y en la que se almacenan los parámetros de las redes entrenadas, llamada *REDES*.

El árbol de carpetas de JORCAD se muestra en la Figura 122:

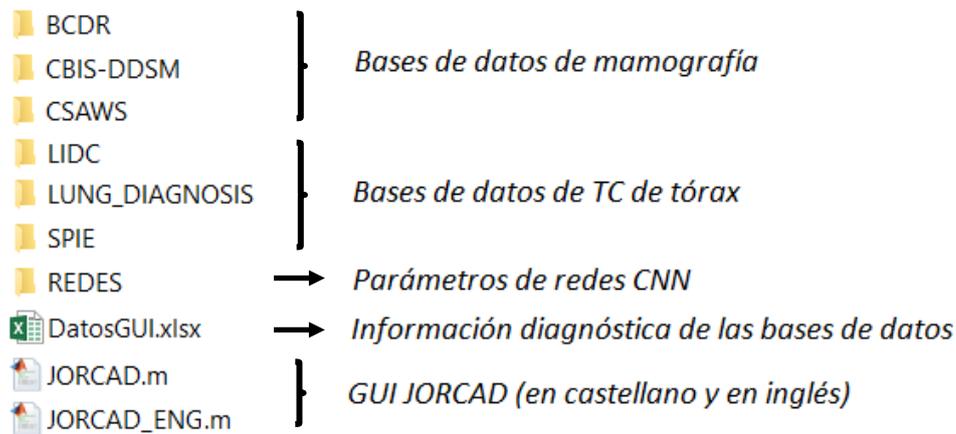


Figura 122. Organización de archivos (GUI e información diagnóstica) y carpetas necesarias para el funcionamiento de JORCAD

Los archivos de *pesos* y *offsets* están distribuidos en 10 carpetas: 16, 24, 32, 40, 48 para TC de tórax y 64, 128, 192, 256 y 384 para mamografía. En *recortes* se almacenan temporalmente las matrices que van a ser analizadas por la red CNN y en *Resultados* las localizaciones y probabilidades de los hallazgos (Figura 123):

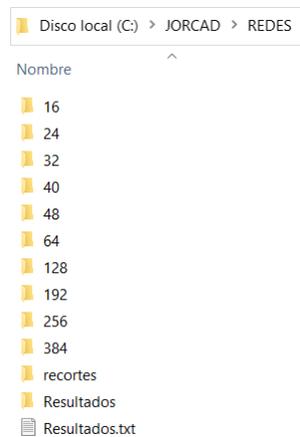


Figura 123. Contenido de la carpeta principal REDES

Las imágenes mamográficas se encuentran en la carpeta propia de su base de dato, que a su vez incluye muchas subcarpetas, conservando la identificación original de los casos, como puede verse en la Figura 124:

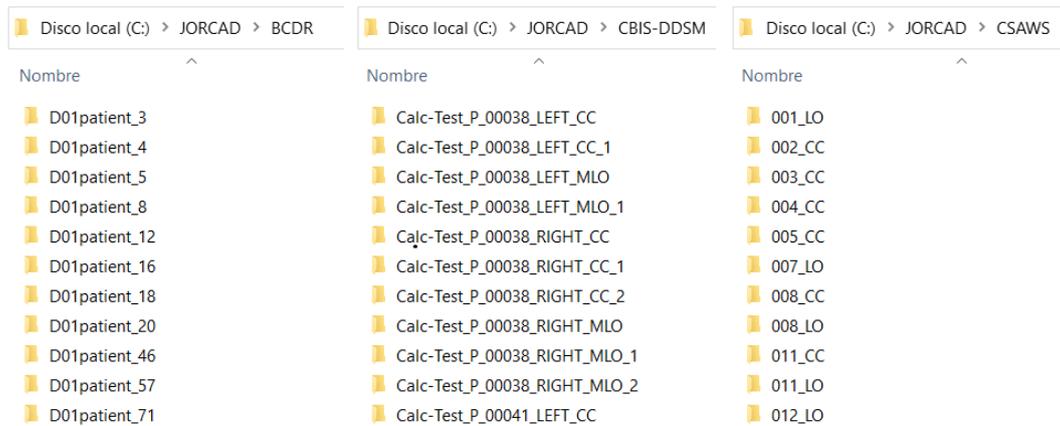


Figura 124. Algunos casos de mamografía en la carpeta de su base de datos

La estructura de carpetas es más compleja en las bases de datos *LIDC-IDRI* y *LUNG-PET-CT-DIAGNOSIS* debido a la forma en que presentan los datos de las segmentaciones. En la Figura 125 se muestran las primeras subcarpetas que contiene cada carpeta de bases de datos de TC de tórax:

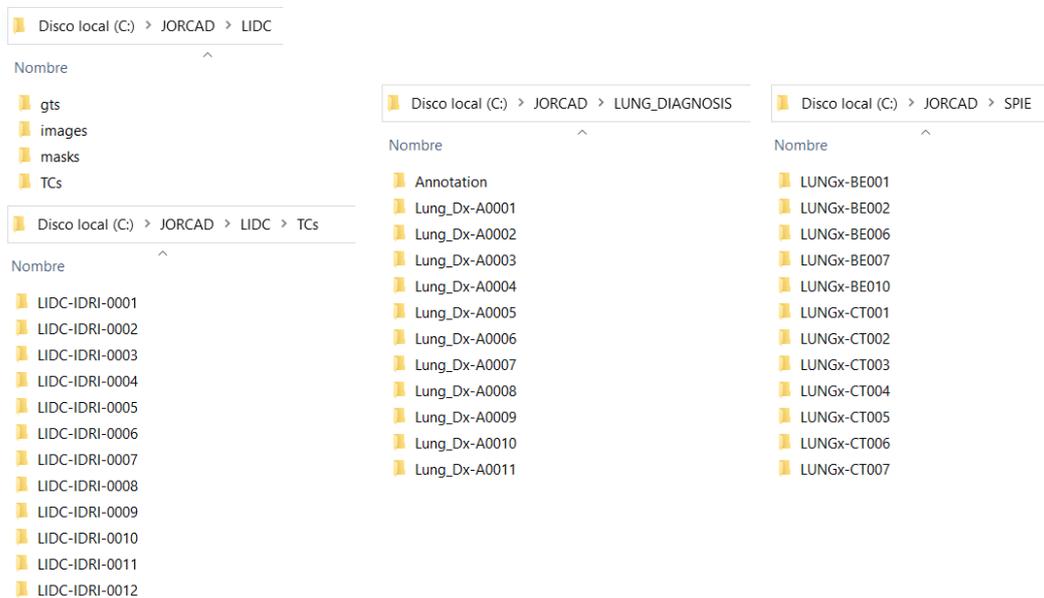


Figura 125. Contenido de las carpetas de las bases de datos de TC de tórax

JORCAD permite importar, explorar y analizar un gran número de casos, como puede observarse en la Tabla 67.

Mod.	Base de datos	Criterio de clasificación #1	Valores	Número total de casos accesibles	Criterio de clasificación #2	Valores
TC de tórax	LIDC-IDRI	Tipo de diagnóstico	Desconocido	26	Método de diagnóstico	Desconocido, nódulo estable, biopsia, resección quirúrgica, progresión o respuesta
			Benigno o no-maligno	36		
			Maligno, cáncer primario	44		
			Maligno metastásico	51		
			No diagnosticado	870		
	SPIE-AAPM	Tipo de diagnóstico	Nódulo benigno	36	-	-
			Nódulo maligno	5		
			Sospechoso de malignidad	2		
			Cáncer de pulmón primario	26		
	Lung-PET-CT-Dx	Tipo de caso (estadio-T)	T1, T1a, T1b	40	-	-
			T1c	127		
			T2	53		
			T2a, T2b	52		
T3			57			
T4			23			
Tis			3			
Mamografía	BCDR	Tipo de diagnóstico	Lesión benigna	1885	Tipo de lesión	nódulo (N), calcificación (C), microcalcificación (MC), N+C, N+MC, C+MC, C+MC, N+C+MC, otros casos
			Lesión maligna	1876		
	CBIS-DDSM	Tipo de lesión	Masa	1872	Tipo de diagnóstico	Benigno sin rellamada, benigno y maligno
			Calcificación	1696		
	CSAW-S	Tipo de diagnóstico	Cáncer	338	-	-

Tabla 67. Número de casos accesibles en JORCAD y criterios de clasificación

5.4. Estructura interna de la aplicación JORCAD: casos e información clínica

5.4.1. Interfaz gráfica de usuario y panel de selección de bases de datos

Dentro de la estructura principal del programa podemos distinguir los diferentes botones y controles que permiten al usuario seleccionar las diferentes opciones. Cada vez que uno de ellos es seleccionado se ejecuta una función de llamada. Dentro de una función de llamada puede a su vez llamadas a otras funciones, como se expondrá a continuación.

En primer lugar, se establecen las opciones generales que se aplicarán a toda la GUI del programa (posición, título y unidades):

```
set(gcf, 'units','normalized','outerposition',[0 0 1 1]);
set(gcf,'NumberTitle','off')
```

```
set(gcf,'Name','JORCAD: Herramienta de Aprendizaje y CAD');
set(gcf, 'MenuBar', 'none');
set(gcf, 'ToolBar', 'none');
```

Se define la posición de los ejes que servirán de lienzo para la presentación de las imágenes:

```
ax1=axes('Position',[0.51,0.072,0.45,0.9],'XTick',[],'YTick',[],...
        'XTickLabel',[],'YTickLabel',[], 'Color',[0 0 0]))
```

El panel de botones de selección de las diferentes bases de datos, se encuentra ubicado en la parte superior izquierda de la ventana. En función del tipo de estudio seleccionado se desplegará de diferentes formas, ocupando la columna izquierda de la ventana. Constituye la primera opción seleccionable por el usuario al iniciar el programa:

Este panel contiene un grupo de botones (de selección excluyente entre ellos) llamado *tipo_estudio*:

```
tipo_estudio = uibuttongroup('Visible','on', ...
    'BackgroundColor',[0.85 0.85 0.85],...
    'Position',[0 0.75 .25 0.25],'Selected','off',...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_estudio);
```

El título asociado al objeto *tipo_estudio*, con sus propiedades asociadas, es:

```
titulo_tipo_estudio=uicontrol(tipo_estudio,'Style','text',...
    'String','BASES DE DATOS','FontName','Calibri','FontWeight','Bold',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1.1,...
    'BackgroundColor',[0.85 0.85 0.85],...
    'Units','normalized','Position',[0.1 0.83 0.8 0.12],...
    'HandleVisibility','off');
```

Se crea una variable denominada *estado_carga* para controlar el tipo de estudio con el que se va a trabajar, cuyo valor inicial es *'nada'*:

```
setappdata(0,'estado_carga','nada')
```

Las seis opciones asociadas a *tipo_estudio* aparecen especificadas a continuación. Se incluye una opción NO (es la seleccionada por defecto y no está visible para el usuario) al ser obligatorio para este objeto que haya siempre un botón seleccionado. Cada uno de los controles tiene una función de llamada asociada que resetea el valor de *estado carga*.

```
no_tipo_estudio=uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'FontWeight','Bold',...
    'HandleVisibility','off');
```

```

    'Units','normalized','Position',[0.05 25 0.9 0.12],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
tc = uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
    'String','  Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'BackgroundColor',[0.9 1 0.9],...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.650 0.9 0.12],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@tc_Callback});
function tc_Callback(hObject, eventdata, handles)
    cla
    setappdata(0,'estado_carga','nada')
end
tc2 = uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
    'String','  Otras bases de datos TC de tórax',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'BackgroundColor',[0.9 1 0.9],...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.50 0.9 0.12],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@tc_Callback});
function tc2_Callback(hObject, eventdata, handles)
    cla
    setappdata(0,'estado_carga','nada')
end

```

Los botones correspondientes a las bases de datos de mamografía (uno por cada base de datos), junto con sus funciones de llamada son:

```

mgBCDR = uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
    'String','  Mamografía BCDR','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'BackgroundColor',[1 0.9 1],...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.35 0.9 0.12],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@mgBCDR_Callback});
function mgBCDR_Callback(hObject, eventdata, handles)
    cla
    delete(ax1.Children)

```

```

        setappdata(0,'estado_carga','nada')
    end

    mgDDSM = uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
        'String',' Mamografía CBIS-DDSM','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,'BackgroundColor',[1 0.9 1],...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.20 0.9 0.12],...
        'HandleVisibility','on','Callback',{@mgDDSM_Callback});

function mgDDSM_Callback(hObject, eventdata, handles)

    cla

    delete(ax1.Children)

    setappdata(0,'estado_carga','nada')

end

    CSAWS = uicontrol(tipo_estudio,'Style','radiobutton',...
        'String',' Mamografía CSAW-S','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,'BackgroundColor',[1 0.9 1],...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.9 0.12],...
        'HandleVisibility','on','Callback',{@CSAWS_Callback});

function CSAWS_Callback(hObject, eventdata, handles)

    cla

    delete(ax1.Children)

    setappdata(0,'estado_carga','nada')

end

```

Al seleccionar cada una de las bases de datos disponibles, la forma de explorar entre los casos que contienen es diferente, en función de la información aportada por sus creadores. En el apartado 5.4 se desglosa y explica la situación particular de cada repositorio de imágenes.

Además, en la pantalla inicial se muestra el panel de selección del módulo CAD, cuya estructura y funcionamiento se describe detalladamente en el apartado 5.5.1. *Panel de botones de selección de redes CNN* y el panel de selección de imágenes externas (no pertenecientes a las bases de datos), explicado en el apartado 5.4.7. *Panel de selección de imágenes externas*.

5.4.2. Base de datos *LIDC-IDRI*

En esta base de datos se pueden distinguir dos tipos de casos: aquellos que tienen un diagnóstico asociado y los no diagnosticados. Conviene recordar que en ambas situaciones se dispone de segmentaciones realizadas por los radiólogos referentes a los nódulos que contienen.

En el primer tipo, la clasificación de los casos se realiza en base al tipo de diagnóstico, que puede ser:

- 0: desconocido
- 1: enfermedad benigna o no-maligna
- 2: enfermedad maligna o cáncer de pulmón primario
- 3: enfermedad maligna metastásica

Para cada uno de ellos se puede seleccionar un segundo filtro, que se corresponde con el método de diagnóstico. Las opciones disponibles son:

- 0: desconocido
- 1: revisión radiológica. Nódulo estable durante dos años
- 2: biopsia
- 3: resección quirúrgica
- 4: progresión o respuesta

Para aquellos casos no diagnosticados no existen opciones adicionales seleccionables que permitan clasificarlos.

El número de casos diagnosticados se resume en la Tabla 68, mientras que el número de casos no diagnosticados es de 854.

		TIPO DE DIAGNÓSTICO				
		0	1	2	3	TOTAL
MÉTODO DE DIAGNÓSTICO	0	26	0	0	2	28
	1	0	26	0	2	28
	2	0	3	20	22	45
	3	0	4	23	13	40
	4	0	3	1	12	16
	TOTAL	26	36	44	51	157

Tabla 68. Número de casos disponibles para la base de datos de nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI

En cuanto al funcionamiento del programa, una vez seleccionada la opción *Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI*, aparecen automáticamente los siguientes tres paneles: Tipo de diagnóstico, Método de diagnóstico y Diagnóstico no disponible.

Tras crear el panel *casoLIDC*, se define el grupo de botones referente al tipo de diagnóstico, llamado *tipo_diagLIDC*, cuyo título es *titulo_tipo_diagLIDC*:

```

casoLIDC = uipanel('HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Units','normalized','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.15 .25 0.6]);
tipo_diagLIDC = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.48 .25 0.27],...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_tipo_diagLIDC);
function vector_diagLIDC=seleccion_tipo_diagLIDC(source,callbackdata)
    set(caso_noLIDC,'Value',0)
    set(no_noLIDC,'Value',1)
end
titulo_tipo_diagLIDC=icontrol(tipo_diagLIDC,'Style','text',...
    'String','TIPO DE DIAGNÓSTICO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,'FontAngle','Italic',...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.80 0.7 0.125],...
    'HandleVisibility','on');

```

Los controles para las opciones asociadas al tipo de diagnóstico (que puede ser de 4 tipos) se definen como sigue:

```

tipo_noLIDC = uicontrol(tipo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 20 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
tipo_diag0 = uicontrol(tipo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','0: Desconocido','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.65 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@tipo_diag0_Callback});
function tipo_diag0_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
tipo_diag1 = uicontrol(tipo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','1: Enfermedad benigna o no-maligna',...

```

```

'FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.45 0.9 0.1],...
'HandleVisibility','on','Callback',{@tipo_diag1_Callback});
function tipo_diag1_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
tipo_diag2 = uicontrol(tipo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
'String','2: Maligna o cáncer de pulmón primario',...
'FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.25 0.9 0.1],...
'HandleVisibility','on','Callback',{@tipo_diag2_Callback});
function tipo_diag2_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
tipo_diag3 = uicontrol(tipo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
'String','3: Maligna metastásica',...
'FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.9 0.1],...
'HandleVisibility','on','Callback',{@tipo_diag3_Callback});
function tipo_diag3_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end

```

En la Figura 126 se puede visualizar el aspecto del panel de selección del tipo de diagnóstico:

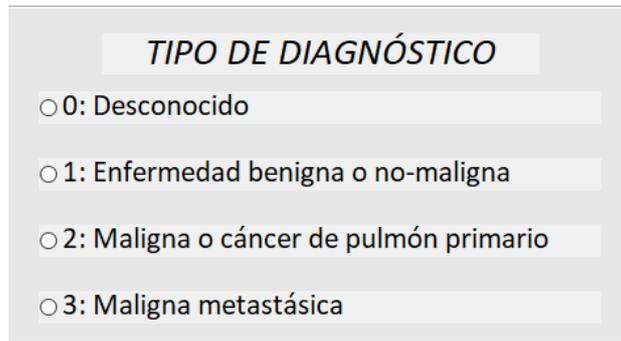


Figura 126. Panel de selección de tipo de diagnóstico. Base de datos LIDC-IDRI

De manera análoga, se define un grupo de botones referente al método de diagnóstico, llamado *metodo_diagLIDC*, cuyo título es *titulo_metodo_diagLIDC*:

```
metodo_diagLIDC = uibuttongroup('HandleVisibility','on',
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.21 0.25 0.27],...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_metodo_diagLIDC);
function vector_metodoLIDC=seleccion_metodo_diagLIDC(source,callbackdata)
    set(caso_noLIDC,'Value',0)
    set(no_noLIDC,'Value',1)
end
titulo_metodo_diagLIDC=uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','text',...
    'String','MÉTODO DE DIAGNÓSTICO',...
    'FontName','Calibri','FontAngle','Italic',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.80 0.7 0.125],...
    'HandleVisibility','on');
```

Los elementos de tipo *uicontrol* asociados a este panel de botones son:

```
metodo_noLIDC = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 20 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
metodo_diag0 = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','0: Desconocido','FontName','Calibri',...
```

```

'Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.65 0.9 0.1],...
'HandleVisibility','on','Callback',{@metodo_diag0_Callback});
function metodo_diag0_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
metodo_diag1 = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','1: Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.50 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@metodo_diag0_Callback});
function metodo_diag1_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
metodo_diag2 = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','2: Biopsia','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.35 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@metodo_diag0_Callback});
function metodo_diag2_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
metodo_diag3 = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','3: Resección quirúrgica',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.20 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@metodo_diag0_Callback});
function metodo_diag3_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end
metodo_diag4 = uicontrol(metodo_diagLIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','4: Progresión o respuesta',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...

```

```

'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.9 0.1],...
'HandleVisibility','on');

function metodo_diag4_Callback(hObject,evendata,handles)

    set(seleccionado_LIDC,'String','')

end

```

La apariencia de este panel puede observarse en la Figura 127:

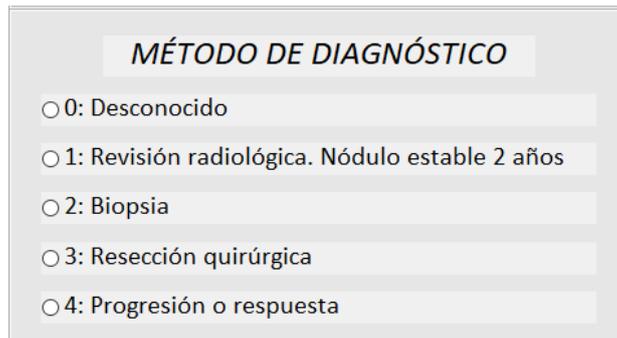


Figura 127. Panel de selección del método de diagnóstico. Base de datos LIDC-IDRI

En caso de no disponer de un diagnóstico para el estudio, el usuario seleccionará la opción: “DIAGNÓSTICO NO DISPONIBLE: Caso no diagnosticado”. El panel de botones asociado, *nodiagmet_LIDC* lleva como título el control *titulo_nodiagmet_LIDC*:

```

nodiagmet_LIDC = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.11 0.25 0.10],...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_no_diagmetLIDC);

titulo_nodiagmet_LIDC=icontrol(nodiagmet_LIDC,'Style','text',...
    'String','DIAGNÓSTICO NO DISPONIBLE',...
    'FontName','Calibri','FontAngle','Italic',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'Units','normalized','Position',[0.10 0.6 0.8 0.3],...
    'HandleVisibility','on');

no_noLIDC = uicontrol(nodiagmet_LIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri','FontSize',11,...
    'Position',[10 500 320 20],'Units','normalized',...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

```

```

caso_noLIDC = uicontrol(nodiagmet_LIDC,'Style','radiobutton',...
    'String','Caso no diagnosticado',...
    'FontName','Calibri','HandleVisibility','on',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.1 0.9 0.3],...
    'Callback',{@caso_noLIDC_Callback});
function caso_noLIDC_Callback(hObject,evendata,handles)
    set(seleccionado_LIDC,'String','')
end

```

Además, mediante la función de llamada *@seleccion_no_diagmetLIDC* se borra la selección de un tipo y método de diagnóstico, en caso de haberse realizado anteriormente:

```

function seleccion_no_diagmetLIDC(source,callbackdata)
    set(tipo_diag0,'Value',0)
    set(tipo_diag1,'Value',0)
    set(tipo_diag2,'Value',0)
    set(tipo_diag3,'Value',0)
    set(metodo_diag0,'Value',0)
    set(metodo_diag1,'Value',0)
    set(metodo_diag2,'Value',0)
    set(metodo_diag3,'Value',0)
    set(metodo_diag4,'Value',0)
end

```

La vista del panel de selección de casos no diagnosticados, con su botón de selección correspondiente, se muestra en la Figura 128:

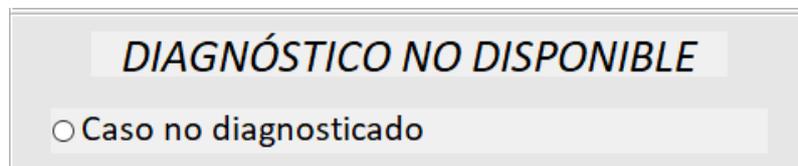


Figura 128. Selección de un caso no diagnosticado. Base de datos LIDC-IDRI

Cada secuencia de imágenes TC de la base de datos *LIDC-IDRI* lleva asociado un archivo *.xml* que contiene las anotaciones realizadas por los radiólogos. Para descryptar la información contenida en estos archivos se emplea el paquete de funciones *LIDC Matlab Toolbox* creado por Lampert et al., (2016).

La función de *Matlab* llamada *xml2struct* permite convertir estos archivos a una variable de tipo estructura, que puede manipularse desde el programa. Cada archivo contiene 4 campos principales: *Name*, *Attributes*, *Data*, *Children*.

5.4.3. Otras bases de datos de TC de tórax

El grupo de botones asociado a las bases de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* y *Lung PET-CT Diagnosis* contiene dos controles de tipo *check* que permiten seleccionar de forma alternativa cada una de ellas:

```
diag_casoOTROS_TC = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor', [0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.62 .25 0.13]);

titulo_diag_casoOTROS_TC=icontrol(diag_casoOTROS_TC,'Style','text',...
    'String','OTRAS BASES DE DATOS','FontName','Calibri',
    'FontAngle','Italic','Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.65 0.7 0.3],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

SPIE_casoOTROS_TC = uicontrol(diag_casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','SPIE-AAPM Lung CT Challenge','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.35 0.7 0.2],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@SPIE_casoOTROS_TC_Callback});

LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC = uicontrol(diag_casoOTROS_TC, ,...
    'Style','check','String','LUNG-PET-CT Diagnosis',
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.1 0.7 0.2],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',.....
    'Callback',{@LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC_Callback});
```

La presentación en pantalla de este panel de selección se muestra en la Figura 129:

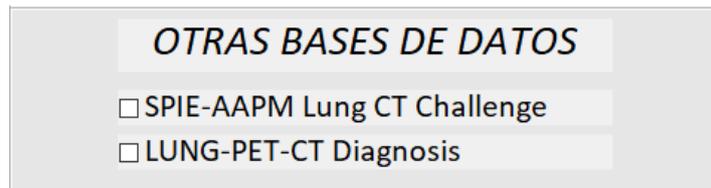


Figura 129. Control para acceder a los casos de las bases de datos SPIE-AAPM y Lung-PET-CT-Diagnosis

La función de llamada a cada una de ellas establece la visibilidad de los diferentes tipos de casos. Por ejemplo, para la base de datos *SPIE-AAPM*, la función es:

```
function SPIE_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_SPIE_casoOTROS_TC = get(hObject,'Value');
    set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(casoOTROS_TC,'Visible','on')
    set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','on')
    set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
    set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
    set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
    set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
    set(cancer_tamannolab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamannolc_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
end
```

En el caso de *Lung PET-CT Diagnosis*:

```
function LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC = get(hObject,'Value');
    set(SPIE_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(casoOTROS_TC,'Visible','on')
    set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','on')
    set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
```

```

set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC, 'Visible', 'off', 'Value', 0)
set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC, 'Visible', 'off', 'Value', 0)
set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC, 'Visible', 'off', 'Value', 0)
set(cancer_tamannolab_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC, 'Visible', 'on', 'Value', 0)
set(seleccionado_OTROS_TC, 'String', '');
set(informacion_caso, 'Visible', 'off')

end

```

El panel de botones *casoOTROS_TC* y su correspondiente título se definen según:

```

casoOTROS_TC = uibuttongroup('HandleVisibility','on','Visible','off'...
    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],'Position',[0 0.275 .25 0.35]);

titulo_tipo_casoOTROS_TC=icontrol(casoOTROS_TC,'Style','text',...
    'String','TIPO DE CASO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'FontAngle','Italic','HandleVisibility','off',...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.85 0.6 0.1]);

```

En las dos siguientes subsecciones se definen los tipos casos de estas bases de datos.

5.4.3.1. Base de datos SPIE-AAPM Lung CT Challenge

En esta base de datos se clasifican los casos en cuatro tipos: nódulos benignos, malignos, sospechosos de malignidad y cáncer de pulmón primario, estando disponible el número de casos reflejado en la Tabla 69:

Tipo de caso	Número de casos
Nódulo benigno	36
Nódulo maligno	5
Nódulo sospechoso de malignidad	2
Cáncer de pulmón primario	26

Tabla 69. Distribución de casos para la base de datos SPIE-AAPM

Cada uno de los cuatro tipos de casos se puede seleccionar mediante un *check box* de tipo exclusivo.

```

nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Nódulo benigno','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.70 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC_Callback});
nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Nódulo maligno','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.50 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC_Callback});
nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Nódulo sospechosos de malignidad','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.30 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC_Callback});
nodulo_CANCER_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Cáncer de pulmón primario','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.10 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_CANCER_casoOTROS_TC_Callback});

```

En las funciones de llamada de cada uno de ellos, además de establecer el valor de cada control para su posterior uso, se ocultan las opciones de la base de datos *Lung PET-CT Diagnosis*. Como ejemplo se muestran las correspondientes a los nódulos benigno y maligno, ya que las otras dos son completamente análogas:

```
function nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_nodulo_BENIGNO = get(hObject,'Value');

    set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(cancer_tamanno1ab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(boton_cargar,'Visible','on')

    set(seleccionado_OTROS_TC,'String','');

end

function nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_nodulo_MALIGNO = get(hObject,'Value');

    set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Value',0)

    set(cancer_tamanno1ab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)

    set(boton_cargar,'Visible','on')

    set(seleccionado_OTROS_TC,'String','');

end
```

Los tipos de casos que corresponden a la base de datos *SPIE-AAPM* pueden visualizarse en la Figura 130:

TIPO DE CASO

Nódulo benigno

Nódulo maligno

Nódulo sospechosos de malignidad

Cáncer de pulmón primario

Figura 130. Clasificación de los tipos de caso accesibles para la base datos *SPIE-AAPM*

5.4.3.2. Base de datos *Lung PET-CT Diagnosis*

La clasificación de los casos de *Lung PET-CT Diagnosis* se realiza en base a la escala de estadificación del cáncer TNM. Debido al elevado número de combinaciones encontradas en los 355 casos anotados, se clasifican para su selección por parte del usuario en función de su tamaño, en siete categorías: T1 (incluye también T1a, T1b), T1c, T2, T2a junto a T2b, T3, T4 y Tis (in situ). El número de casos disponible para cada categoría se refleja en la Tabla 70:

Tipo de caso (estadio T)	Número de casos
T1, T1a, T1b	40
T1c	127
T2	53
T2a, T2b	52
T3	57
T4	23
Tis	3

Tabla 70. Distribución de casos para la base de datos *Lung PET-CT diagnosis*

Cada uno de estos tipos de casos tiene un control asociado y una función de llamada asociada. La función de llamada, al tener una estructura análoga en todos los casos, solo se muestra para el primer control. Establece el valor del resto de controles a 0, mientras que conmuta a 1 el valor del *check box* seleccionado:

```
cancer_tamannolab_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC, 'Style', 'check', ...
    'String', 'Estadificación T = 1, 1a, 1b', 'FontName', 'Calibri', ...
```

```

'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.74 0.9 0.075],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',...
'Callback',{@cancer_tamannolab_casoOTROS_TC_Callback});
function cancer_tamannolab_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_cancer_tamannolab_BENIGNO = get(hObject,'Value');
    set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(boton_cargar,'Visible','on')
    set(seleccionado_OTROS_TC,'String','');
end
cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
'String','Estadificación T = 1c','FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.62 0.9 0.075],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',...
'Callback',{@cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC_Callback});
function cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_cancer_tamanno1c_BENIGNO = get(hObject,'Value');
    set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Visible','off','Value',0)
    set(cancer_tamannolab_casoOTROS_TC,'Value',0)
    set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Value',0)

```

```

set(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Value',0)

set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Value',0)

set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Value',0)

set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Value',0)

set(boton_cargar,'Visible','on')

set(seleccionado_OTROS_TC,'String','');

end

```

Para el resto de estadios T, la función de llamada es análoga a las especificadas anteriormente, con la única diferencia de que el valor del estadio considerado en cada *uicontrol* no se establece en 0, mientras que el del resto sí. Por ello no se incluye su definición para los siguientes cinco botones:

```

cancer_tamanno2_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Estadificación T = 2','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.50 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@cancer_tamanno2_casoOTROS_TC_Callback});
cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Estadificación T = 2a, 2b','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.38 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC_Callback});
cancer_tamanno3_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Estadificación T = 3','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.26 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@cancer_tamanno3_casoOTROS_TC_Callback});
cancer_tamanno4_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
    'String','Estadificación T = 4','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.14 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...

```

```

'Callback',{@cancer_tamanno4_casoOTROS_TC_Callback});
cancer_tamannois_casoOTROS_TC = uicontrol(casoOTROS_TC,'Style','check',...
'String','Estadificación T = is','FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.05 0.02 0.9 0.075],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',...
'Callback',{@cancer_tamannois_casoOTROS_TC_Callback});

```

Para esta base de datos, al haber elegido el estadio T como criterio para clasificar los casos, se presenta la información como puede verse en la Figura 131:

TIPO DE CASO

Estadificación T = 1, 1a, 1b

Estadificación T = 1c

Estadificación T = 2

Estadificación T = 2a, 2b

Estadificación T = 3

Estadificación T = 4

Estadificación T = is

Figura 131. Agrupación de los casos en función de su estadificación T para la base de datos Lung-PET-CT_Diagnosis

5.4.4. Base de datos *BCDR*

El número total de lesiones pertenecientes a la base de datos *BCDR* que puede consultarse es de 1884, junto con 200 imágenes en las que no se localizó ningún hallazgo.

Se efectúa la clasificación de acuerdo con el tipo de lesión, pudiendo seleccionar dos o más categorías simultáneamente. También se distingue entre lesiones benignas y malignas. Las opciones disponibles son:

- Nódulo
- Calcificación
- Microcalcificación
- Adenopatía axilar
- Distorsión arquitectura
- Distorsión del estroma

La información adicional que puede consultarse para cada caso clínico que contiene es la edad de la paciente y densidad de la mamografía (1, 2, 3, 4, *NaN*), el conjunto de datos al que pertenece (digital o digitalizada), el diagnóstico de la lesión (benigna o maligna) y el tipo y características adicionales de la lesión

La distribución y el número de casos de cada tipo accesibles acorde a la clasificación realizada pueden verse en la Tabla 71 y en la Tabla 72. La suma total no se corresponde exactamente con el total de casos al haber algunos con dos lesiones.

TIPO DE LESIÓN	CARACTERÍSTICAS ADICIONALES	TIPO DE DIAGNÓSTICO	
		Lesión benigna	Lesión maligna
Nódulo	Solamente	465	202
	+ Distorsión arquitectura	4	31
	+ Distorsión estroma	2	31
	+ Distorsión arquitectura y Distorsión estroma	-	6
	+ Adenopatía axilar	-	6
Calcificación	Solamente	361	4
	+ Distorsión estroma	10	6
	+ Distorsión arquitectura y Distorsión estroma	4	-
Microcalcificación	Solamente	138	70
	+ Distorsión arquitectura	-	8
	+ Distorsión estroma	-	14

Tabla 71. Organización de los casos de la base de datos BCDR (I)

Existen 4 tipos de lesiones de tipo combinado: tres de ellas son contienen dos de los tres tipos principales de lesiones incluidos en la tabla anterior, mientras que el cuarto incluye características de los tres tipos de lesiones. El número de casos de cada uno de estos tipos se puede observar en la Tabla 72:

TIPO DE LESIÓN	CARACTERÍSTICAS ADICIONALES	TIPO DE DIAGNÓSTICO	
		Lesión benigna	Lesión maligna
Nódulo + Calcificación	Solamente	152	21
	+ Distorsión arquitectura	6	-
	+ Distorsión estroma	4	16
	+ Distorsión arquitectura y Distorsión estroma	2	3
Nódulo + Microcalcificación	Solamente	36	126
	+ Distorsión arquitectura	6	17
	+ Distorsión estroma		49
Calcificación + Microcalcificación	Solamente	8	10
	Distorsión estroma	-	2
Nódulo + Calcificación + Microcalcificación	Solamente	-	4
Otros casos	Distorsión arquitectura	3	1
	Distorsión estroma		7
	Distorsión arquitectura y Distorsión estroma		3
TOTAL		1201	637

Tabla 72. Organización de los casos de la base de datos BCDR (II)

Al seleccionar la opción *Mamografía BCDR*, el usuario en primer lugar puede elegir el Tipo de diagnóstico. El grupo de botones asociado, *diag_casoBCDR*, cuyo título es *titulo_diag_casoBCDR*, tiene asociados dos controles de tipo *checkbox*. Corresponden a lesiones de tipo benigno *benigna_casoBCDR* y a lesiones de tipo *maligna_casoBCDR*.

```
diag_casoBCDR = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.62 .25 0.13]);

titulo_diag_casoBCDR=uicontrol(diag_casoBCDR,'Style','text',...
    'String','TIPO DE DIAGNÓSTICO','FontName','Calibri',...
    'FontAngle','Italic','Fontunits','normalized','FontSize',0.8,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.65 0.6 0.3],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

Los controles asociados a los tipos de diagnóstico se definen como:

```
benigna_casoBCDR = uicontrol(diag_casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Lesión benigna','FontName','Calibri',...
```

```

'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.2 0.35 0.6 0.2],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',...
'Callback',{@benigna_casoBCDR_Callback});
maligna_casoBCDR = uicontrol(diag_casoBCDR,'Style','check',...
'String','Lesión maligna','FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
'Units','normalized','Position',[0.2 0.1 0.6 0.2],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',.....
'Callback',{@maligna_casoBCDR_Callback});

```

El usuario puede seleccionar entre dos tipos de diagnóstico para esta base de datos, como puede apreciarse en la Figura 132:

The image shows a dialog box with a title bar that reads "TIPO DE DIAGNÓSTICO". Inside the dialog, there are two radio button controls. The first one is labeled "Lesión benigna" and is currently selected. The second one is labeled "Lesión maligna" and is not selected. The dialog has a standard Windows-style border and a close button in the top right corner.

Figura 132. Selección del tipo de diagnóstico para la base de datos BCDR

La función de llamada a cada uno de estos *check boxes* controla la visibilidad de las opciones que se despliegan, ya que los tipos de lesiones son diferentes para lesiones de tipo benigno y maligno, y establece su valor.

```

function benigna_casoBCDR_Callback(hObject,evendata,handles)

estado_benigna_casoBCDR = get(hObject,'Value');

set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','on')

set(maligna_casoBCDR,'Value',0)

set(nodulo_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(calc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(otros_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off','Value',0)

```

```

end

function maligna_casoBCDR_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_maligna_casoBCDR = get(hObject,'Value');

    set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','on')

    set(benigna_casoBCDR,'Value',0)

    set(nodulo_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(calc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0')

    set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(otros_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

    set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','on','Value',0)

end

```

En caso de seleccionar el diagnóstico *Lesión benigna*, los tipos de lesión disponibles se presentan en la Figura 133:

Figura 133. Tipos de lesión seleccionables para el diagnóstico *Lesión benigna*

En caso de que el diagnóstico sea *Lesión maligna*, las opciones disponibles se presentan en la Figura 134:

TIPO DE DIAGNÓSTICO

Lesión benigna
 Lesión maligna

TIPO DE LESIÓN

Nódulo
 Calcificación
 Microcalcificación
 Nódulo + Calcificación
 Nódulo + Microcalcificación
 Calcificación + Microcalcificación
 Nódulo + Calcificación + Microcalcificación
 Otros casos

Características adicionales

Figura 134. Tipos de lesión seleccionables para el diagnóstico Lesión maligna

A continuación, se definen cada una de las opciones sobre las que actúan las funciones anteriores (son los tipos de lesión mostrados en la Figura 133 y Figura 134). Para ello se crea el grupo de botones *casoBCDR*, de título *titulo_tipo_casoBCDR*, del que dependerán ocho controles.

```

casoBCDR = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.275 .25 0.35]);

titulo_tipo_casoBCDR=icontrol(casoBCDR,'Style','text',...
    'String','TIPO DE LESIÓN','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'FontAngle','Italic','HandleVisibility','off',...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.85 0.6 0.1]);
  
```

Los controles asociados, corresponden a tipo Nódulo, Calcificación, Microcalcificación, Nódulo+ Calcificación, Nódulo+ Microcalcificación, Calcificación + Microcalcificación, Otros casos y Nódulo + Calcificación + Microcalcificación. Inicialmente no son visibles, apareciendo en pantalla en función de la selección del “Tipo de Diagnóstico”.

```

nodulo_casoBCDR = icontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Nódulo','FontName','Calibri','Fontunits','normalized',...
    'FontSize',0.9,'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.75 0.9 0.075],...
    'Callback',{@nodulo_casoBCDR_Callback});
  
```

```

calc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Calcificación','FontName','Calibri', ...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.65 0.9 0.075],...
    'Visible','off','HandleVisibility','on',...
    'Callback',{@calc_casoBCDR_Callback});
microcalc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Microcalcificación','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.55 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@microcalc_casoBCDR_Callback});
nodulo_calc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Nódulo + Calcificación','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.45 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_calc_casoBCDR_Callback});
nodulo_microcalc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Nódulo + Microcalcificación','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.35 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@nodulo_microcalc_casoBCDR_Callback});
calc_microcalc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Calcificación + Microcalcificación',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.25 0.9 0.075],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@calc_microcalc_casoBCDR_Callback});
nodulo_calc_microcalc_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
    'String','Nódulo + Calcificación + Microcalcificación',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...

```

```

        'Units','normalized','Position',[0.05 0.15 0.9 0.075],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off',...
        'Callback',{@nodulo_calc_microcalc_casoBCDR_Callback});
otros_casoBCDR = uicontrol(casoBCDR,'Style','check',...
        'String','Otros casos','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.9 0.075],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off',...
        'Callback',{@otros_casoBCDR_Callback});

```

Cada uno de estos ocho controles tiene asociada una función de llamada, como puede observarse en la última línea de su definición. En ella, cuando se selecciona un recuadro, se establece a 0 el valor de todos los demás. También, se almacena el estado del objeto en una variable llamada *estado_ “nombre del control”* para su uso posterior. A modo de ejemplo, al ser de similar estructura, se muestra únicamente el contenido de las funciones *nodulo_caso_BCDR_Callback* y *calc_casoBCDR_Callback*:

```

function nodulo_casoBCDR_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_nodulo = get(hObject,'Value');
    display(estado_nodulo)
    set(calc_casoBCDR,'Value',0)
    set(microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(nodulo_calc_casoBCDR,'Value',0)
    set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(calc_microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(otros_casoBCDR,'Value',0)
    set(tipos_lesionBCDRlista,'String','')
end

function calc_casoBCDR_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_calcificacion = get(hObject,'Value');
    set(nodulo_casoBCDR,'Value',0)
    set(microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(nodulo_calc_casoBCDR,'Value',0)
    set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Value',0)
    set(calc_microcalc_casoBCDR,'Value',0)

```

```

set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Value',0)

set(otros_casoBCDR,'Value',0)

set(tipos_lesionBCDRlista,'String','')

set(seleccionado_BCDR,'String','');

end

```

Una vez elegidos el tipo de diagnóstico y de lesión, se configura la selección de las características adicionales para cada uno de los casos. Por ejemplo, en el caso de los Nódulos Malignos, es posible encontrar en la base de datos *BCDR* únicamente nódulos, nódulos + adenopatía axilar, nódulos + distorsión de la arquitectura, nódulos+ distorsión del estroma, o nódulos + distorsión de la arquitectura y del estroma. En el caso de las microcalcificaciones existen tres tipos: solamente microcalcificaciones, y además distorsión de la arquitectura y distorsión del estroma.

En la Figura 135 se pueden observar dos ejemplos, siendo el de la parte izquierda Lesión maligna-Nódulo y el de la derecha Lesión maligna-microcalcificación:

EXPLORAR BASES DE DATOS	EXPLORAR BASES DE DATOS
<input type="radio"/> Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI	<input type="radio"/> Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
<input type="radio"/> Otras bases de datos TC de tórax	<input type="radio"/> Otras bases de datos TC de tórax
<input checked="" type="radio"/> Mamografía BCDR	<input checked="" type="radio"/> Mamografía BCDR
<input type="radio"/> Mamografía CBIS-DDSM	<input type="radio"/> Mamografía CBIS-DDSM
<input type="radio"/> Colonografía TC	<input type="radio"/> Colonografía TC
TIPO DE DIAGNÓSTICO	TIPO DE DIAGNÓSTICO
<input type="checkbox"/> Lesión benigna	<input type="checkbox"/> Lesión benigna
<input checked="" type="checkbox"/> Lesión maligna	<input checked="" type="checkbox"/> Lesión maligna
TIPO DE LESIÓN	TIPO DE LESIÓN
<input checked="" type="checkbox"/> Nódulo	<input type="checkbox"/> Nódulo
<input type="checkbox"/> Calcificación	<input type="checkbox"/> Calcificación
<input type="checkbox"/> Microcalcificación	<input checked="" type="checkbox"/> Microcalcificación
<input type="checkbox"/> Nódulo + Calcificación	<input type="checkbox"/> Nódulo + Calcificación
<input type="checkbox"/> Nódulo + Microcalcificación	<input type="checkbox"/> Nódulo + Microcalcificación
<input type="checkbox"/> Calcificación + Microcalcificación	<input type="checkbox"/> Calcificación + Microcalcificación
<input type="checkbox"/> Nódulo + Calcificación + Microcalcificación	<input type="checkbox"/> Nódulo + Calcificación + Microcalcificación
<input type="checkbox"/> Otros casos	<input type="checkbox"/> Otros casos
Características adicionales	Características adicionales
Solamente Nódulo + Adenopatía axilar + Distorsión arquitectura + Distorsión estroma + Distorsión arquitectura y Distorsión estroma	Solamente Microcalcificación + Distorsión arquitectura + Distorsión estroma
Cargar casos disponibles	Cargar casos disponibles

Figura 135. Ejemplo de características adicionales para dos selecciones. Mitad izquierda: Lesión Benigna-Nódulo y mitad derecha: Lesión maligna-Microcalcificación

Por supuesto, estas características adicionales dependen del tipo de lesión, por lo que es necesario establecer un sistema de control de las características adicionales que se muestran en la pantalla. Para ello se define el panel llamado *continua_BCDR* y el botón *boton_cargar_tiposBCDR*:

```

continua_BCDR = uipanel('HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Title','', 'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized',...
    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Units','normalized','Position',[0 0.11 .25 0.17]);
boton_cargar_tiposBCDR = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...
    'String', 'Características adicionales','BackgroundColor',[1 1 .5],...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.6,...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Units','normalized','Position',[0.025 0.25 0.2 0.04],...
    'Callback',{@boton_cargar_tiposBCDR_Callback})

```

Se define un control de tipo lista llamado *tipos_lesionBCDRlista*, inicialmente vacío que se completará con diferentes opciones en función de la selección de diagnóstico y tipo de lesión.

```

tipos_lesionBCDR={};
tipos_lesionBCDRlista=uicontrol('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','Style','Listbox','String',tipos_lesionBCDR,...
    'Units','normalized','Position',[0.01 0.12 0.23 0.12],...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.18,...
    'HorizontalAlignment','center',...
    'Callback',{@tipos_lesionBCDRlista_Callback});
function tipos_lesionBCDRlista_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_tipos_lesionBCDRlista = get(hObject,'Value');
end

```

Al hacer clic en *boton_cargar_tiposBCDR* (Figura 136) se activa la función de llamada *boton_cargar_tiposBCDR_Callback*, que realiza varias acciones.

Características adicionales

Figura 136. Aspecto del control boton_cargar_tiposBCDR

En primer lugar, lee el estado de cada uno de los *check boxes* correspondientes a los tipos de lesión y los almacena en un vector llamado *vector_BCDR*. A continuación, llena la lista de posibles características *tipos_lesionBCDR* y hace visible el botón *boton_cargar*, cuya definición y función de llamada se describirá más adelante. Observar que existen 19 características adicionales diferentes.

```

function boton_cargar_tiposBCDR_Callback(source,callbackdata)
vector_BCDR=[get(benigna_casoBCDR,'Value'),get(maligna_casoBCDR,'Value'),...
    get(nodulo_casoBCDR,'Value'),get(calc_casoBCDR,'Value'), ...
    get(microcalc_casoBCDR,'Value'),get(nodulo_calc_casoBCDR,'Value'),...
    get(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Value'), ...
    get(calc_microcalc_casoBCDR,'Value'),...
    get(otros_casoBCDR,'Value'),...
    get(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Value')];
set(boton_cargar,'Visible','on')
tipos_lesionBCDR={'Solamente Nódulo',...
    'Solamente Calcificación',...
    'Solamente Microcalcificación'....
    'Solamente Nódulo+Calcificación',...
    'Solamente Nódulo+Microcalcificación',...
    'Solamente Calcificación+Microcalcificación',...
    'Solamente Nódulo+Calcificación+Microcalcificación',...
    '+ Adenopatía axilar',...
    '+ Distorsión arquitectura',...
    '+ Distorsión estroma',....
    '+ Adenopatía axilar y Distorsión arquitectura',...
    '+ Adenopatía axilar y Distorsión estroma',...
    '+ Distorsión arquitectura y Distorsión estroma',...
    'Adenopatía axilar',...
    'Distorsión arquitectura',...
    'Distorsión estroma',....
    'Adenopatía axilar y Distorsión arquitectura',...
    'Adenopatía axilar y Distorsión estroma',...
    'Distorsión arquitectura y Distorsión estroma'};
% (la función continúa en el próximo recuadro)

```

En función de los valores que toma *vector_BCDR* se mostrarán solo algunas de las características del listado completo. Existen 15 posibles combinaciones de diagnósticos y tipos de lesión. Por ejemplo, el vector [1 0 1 0 0 0 0 0 0] indica lesión benigna de tipo nódulo. Se añade un caso adicional, para controlar una correcta selección de los *check boxes*.

Para cada una de ellas, y mediante una estructura condicional se carga el panel *continua_BCDR* con las opciones adecuadas. Esto se consigue obteniendo *tipos_lesionBCDR* (caso correspondiente). Esta clasificación requiere realizar un estudio caso por caso de a base de datos completa para contemplar todas las combinaciones existentes.

Los valores concretos que muestra cada una de ellas pueden verse a continuación.

```
caso1=[1 9 10]; caso2=[2 10 13]; caso3=[3] ; caso4=[4 9 10 13];
caso5=[5 10]; caso6=[6]; caso7=[15]; caso8=[1 8 9 10 13];
caso9=[2 10]; caso10=[3 9 10]; caso11=[4 10 13]; caso12=[5 9 10];
caso13=[6 10]; caso14=[15 16 19]; caso15=[7]; caso16=[20];

set(continua_BCDR,'Visible','on')
set(tipos_lesionBCDRlista,'Visible','on')

if isequal(vector_BCDR,[1 0 1 0 0 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso1);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 1 0 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso2);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 1 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso3);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 1 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso4);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 1 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso5);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 1 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso6);
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 1])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso7);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 1 0 0 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso8);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 1 0 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso9);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 1 0 0 0 0])
    tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso10);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 1 0 0 0])
```

```

tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso11);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 1 0 0 0])
tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso12);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 1 0 0])
tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso13);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 1 0])
tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso14);
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 0 1])
tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso15);
% continúa en el bloque posterior%

```

En caso de que no haya un tipo de diagnóstico y de lesión seleccionados simultáneamente aparece un mensaje de error emergente, informando al usuario de tal circunstancia para que modifique las opciones marcadas. Esto se comprueba en la última opción del condicional. Finalmente se rellena la lista con los tipos correspondientes:

```

elseif vector_BCDR(1)==0 && vector_BCDR(2)==0 ||,...
vector_BCDR(3)==0 && vector_BCDR(4)==0 &&,...
vector_BCDR(5)==0 && vector_BCDR(6)==0 &&,...
vector_BCDR(7)==0 && vector_BCDR(8)==0 &&,...
vector_BCDR(9)==0 && vector_BCDR(10)==0
h = msgbox('Por favor, selecciona un tipo de diagnóstico y lesión',...
'ATENCIÓN','warn')
tipos_lesionBCDR=tipos_lesionBCDR(caso16);
end
set(tipos_lesionBCDRlista,'String',tipos_lesionBCDR)
end

```

5.4.5. Base de datos *CBIS-DDSM*

En el caso de la base de datos *CBIS-DDSM*, la clasificación inicial de las lesiones las divide en dos tipos: masas y calcificaciones. Además, según el tipo de diagnóstico se establecen tres categorías: benigno sin rellamada, benigno y maligno.

Cada combinación de tipo de lesión y diagnóstico se subdivide en muchos subtipos en función de sus características. Algunos de estos subtipos, presentan características intermedias de tipos más generales. Por ejemplo, existen lesiones clasificadas como masa benigna de tipo lobulada, mientras que otras son lobulada-irregular o bien lobulada-oval.

En el caso de las masas podemos encontrar 18 categorías diferentes, según la forma del hallazgo radiológico:

- Densidad asimétrica focal
- Distorsión de la arquitectura
- Irregular
- Irregular - Densidad asimétrica
- Irregular - Distorsión de la arquitectura
- Lobulada
- Lobulada - Distorsión de la arquitectura
- Lobulada - Irregular
- Lobulada - Nódulo linfático
- Lobulada - Oval
- Nódulo linfático
- Oval
- Oval- Nódulo linfático
- Redondeada
- Redondeada - Irregular- Distorsión de la arquitectura
- Redondeada - Lobulada
- Redondeada - Oval
- Tejido mamario asimétrico

Esta tipología es aún más extensa para el caso de las calcificaciones. Podemos encontrar 47 categorías diferentes:

- Amorfa
- Amorfa - Pleomorfa
- Amorfa - Redondeada - Regular
- Centrada en transparente
- Centro transparente
- Centro transparente - Punteada

- Distrófica
- Fina - Ramificada lineal
- Grande - Filiforme
- Grande - Filiforme - Redondeada - Regular
- Gruesa
- Gruesa - Centro transparente
- Gruesa - Pleomórfica
- Gruesa - Redondeada - Regular
- Gruesa - Redondeada - regular - Centro transparente
- Leche - Calcio
- Oviforme
- Piel
- Piel - Gruesa - Redondeada - Regular
- Piel - Punteada
- Piel - Punteada - Redondeada - Regular
- Pleomórfica
- Pleomórfica - Amorfa
- Pleomórfica - Fina - Ramificada lineal
- Pleomórfica - Pleomórfica
- Punteada
- Punteada - Pleomórfica
- Punteada - Amorfa
- Punteada - Amorfa - Pleomorfa
- Punteada - Centro transparente
- Punteada - Fina - Ramificada lineal
- Punteada - Redondeada - Regular
- Redondeada - Regular
- Redondeada - Regular - Amorfa

- Redondeada - Regular - Centrada en transparente
- Redondeada - Regular - Centro transparente
- Redondeada - Regular - Centro transparente - Dismórfica
- Redondeada - Regular - Centro transparente - Punteada
- Redondeada - Regular - Oviforme
- Redondeada - Regular - Pleomórfica
- Redondeada - Regular - Punteada
- Redondeada - Regular - Punteada -Amorfa
- Sin identificar
- Vascolar
- Vascolar - Gruesa
- Vascolar - Gruesa - Centrada en transparente
- Vascolar - Gruesa - Centro transparente - Redondeada

Seguidamente se expone la estructura del panel correspondiente a la base de datos de mamografía *CBIS-DDSM*.

En primer lugar, se define el panel *casoDDSM* y el grupo de botones *tipo_casoDDSM* que permite elegir el “Tipo de lesión”, ya sea masa o calcificación, mediante dos *check boxes* de selección exclusiva. Esto se consigue incluyendo en la función de llamada de cada uno de ellos una instrucción que establece el valor del otro a 0. Se crean variables para almacenar la selección realizada. El título de grupo de botones se crea en *titulo_tipo_casoDDSM*:

```
casoDDSM = uipanel('HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],'Position',[0 0.15 .25 0.6]);

tipo_casoDDSM = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.38 .25 0.37],...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_tipo_casoDDSM);

titulo_tipo_casoDDSM=uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','text',...
    'String','TIPO DE LESIÓN', 'FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,'FontAngle','Italic',...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.90 0.6 0.08],...
```

```
'HandleVisibility','on');
```

Los dos *check boxes*, cuya función de llamada establece inicialmente el texto de los *tipos_DDSMmasa* y *tipos_DDSMcalc* como cadenas de texto en blanco tienen los siguientes atributos y propiedades:

```
masaDDSM = uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','check',...
    'String','Masa','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.8 0.6 0.08],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@masaDDSM_Callback});
function masaDDSM_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_masaDDSM = get(hObject,'Value');
    set(calcificacionDDSM,'Value',0)
    set(tipos_DDSMmasa,'String','')
    set(tipos_DDSMcalc,'String','')
end

calcificacionDDSM = uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','check',...
    'String','Calcificación','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.70 0.6 0.08],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@calcificacionDDSM_Callback});
function calcificacionDDSM_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_calcificacionDDSM = get(hObject,'Value');
    set(masaDDSM,'Value',0)
    set(tipos_DDSMmasa,'String','')
    set(tipos_DDSMcalc,'String','')
end
```

En lo que respecta al tipo de diagnóstico, cuyo título es *titulo_diagDDSM*, se definen tres *check boxes*, llamados *benignoSR_DDSM*, *benigno_DDSM* y *maligno_DDSM*, que de forma análoga al caso expuesto anteriormente impiden la selección de más de uno simultáneamente.

```
titulo_diagDDSM=uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','text',...
    'String','TIPO DE DIAGNÓSTICO','FontName','Calibri',...
    'FontAngle','Italic','Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.60 0.6 0.08],...
```

```

        'HandleVisibility','on');

benignoSR_DDSM = uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','check',...
    'String','Benigno sin rellamada','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.50 0.6 0.08],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@benignoSR_DDSM_Callback});
function benignoSR_DDSM_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_benignoSR_DDSM = get(hObject,'Value');
    set(benigno_DDSM,'Value',0)
    set(maligno_DDSM,'Value',0)
    set(tipos_DDSMmasa,'String','')
    set(tipos_DDSMcalc,'String','')
end

benigno_DDSM = uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','check',...
    'String','Benigno','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.40 0.6 0.08],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@benigno_DDSM_Callback});
function benigno_DDSM_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_benigno_DDSM = get(hObject,'Value');
    set(benignoSR_DDSM,'Value',0)
    set(maligno_DDSM,'Value',0)
    set(tipos_DDSMmasa,'String','')
    set(tipos_DDSMcalc,'String','')
end

maligno_DDSM = uicontrol(tipo_casoDDSM,'Style','check',...
    'String','Maligno','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.9,...
    'Units','normalized','Position',[0.2 0.30 0.6 0.08],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@maligno_DDSM_Callback});

```

```

function maligno_DDSM_Callback(hObject,evendata,handles)

    estado_maligno_DDSM = get(hObject,'Value');

    set(benignoSR_DDSM,'Value',0)

    set(benigno_DDSM,'Value',0)

    set(tipos_DDSMmasa,'String','')

    set(tipos_DDSMcalc,'String','')

end

```

El panel que incluye las opciones expuestas anteriormente (tipo de lesión y tipo de diagnóstica), aparece en la Figura 137:



Figura 137. Selección del tipo de lesión y de diagnóstico en la base de datos CBIS-DDSM

Adicionalmente, se definen dos paneles que mostrarán las características disponibles para cada combinación tipo de lesión-diagnóstico. Uno corresponde a masas y otro a calcificaciones, y permanecen ocultos hasta que el usuario activa uno de ellos haciendo clic en el botón cuyo texto es “Tipo/Forma”, que se explica posteriormente. Inicialmente las cadenas de texto que contienen están en blanco, por lo que deberán ser rellenadas.

```

casoDDSMmasa = uipanel('HandleVisibility','on','Visible','off',...

    'Title','Características','FontName','Calibri',...

    'Fontunits','normalized','FontSize',0.075,...

    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],'Position',[0 0.13 .25 0.35]);

tipos_masa={};

tipos_DDSMmasa=uicontrol(casoDDSMmasa,'HandleVisibility','on',...

    'Visible','off','Style','Listbox','String',tipos_masa,...

    'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.90 0.90],...

    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.07,...

    'HorizontalAlignment','center','Callback',{@tipos_DDSMmasa_Callback});

function tipos_DDSMmasa_Callback(hObject,evendata,handles)

```

```

estado_tipos_DDSMmasa = get(hObject,'Value');

set(tipos_DDSMcalc,'Value',0)

end

casoDDSMcalc = uipanel('HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Title','Características','Fontunits','normalized',...
    'FontSize',0.075,'FontName','Calibri',...
    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],'Position',[0 0.13 .25 0.35]);

tipos_calc={};
tipos_DDSMcalc=icontrol(casoDDSMcalc,'HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','Style','Listbox','String',tipos_calc,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.05 0.90 0.90],...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',0.07,...
    'HorizontalAlignment','center','Callback',{@tipos_DDSMcalc_Callback});
function tipos_DDSMcalc_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_tipos_DDSMcalc = get(hObject,'Value');
    set(tipos_DDSMmasa,'Value',0)

end

```

El citado botón, que permite cargar las características de las lesiones, se llama *boton_cargar_tiposDDSM* y su ubicación se muestra en la Figura 138:

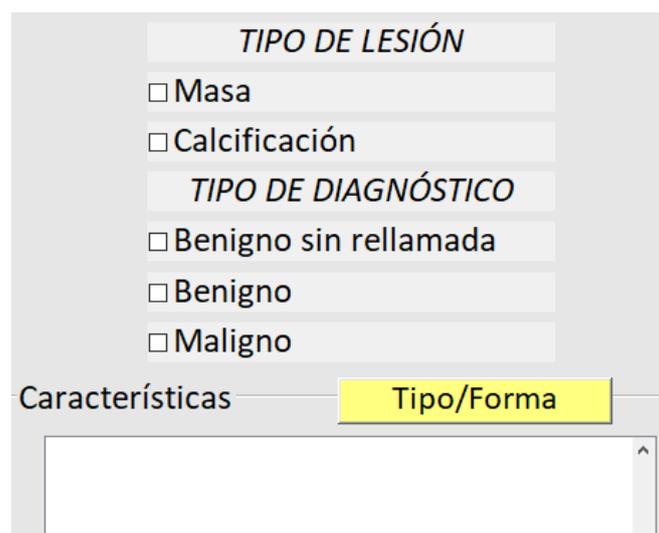


Figura 138. Botón Tipo/Forma que permite cargar los casos en función de estas características adicionales

Su definición y propiedades son las siguientes:

```
boton_cargar_tiposDDSM = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...
    'String', 'Tipo/Forma','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.7,...
    'Units','normalized','Position',[0.12 0.445 0.10 0.035],...
    'BackgroundColor',[1 1 .5],'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@boton_cargar_tiposDDSM_Callback})
```

La función *boton_cargar_tiposDDSM_Callback* crea un vector llamado *vector_DDSM* de 5 elementos de longitud en el que se almacena la selección del usuario. Se definen también las listas de valores *tipos_masa* y *tipos_calc*. En función de los valores de *vector_DDSM* se fija el contenido de los controles *tipos_DDSMmasa* y *tipos_DDSMcalc*.

Los vectores *masa1*, *masa2* y *masa3* muestran las características de las masas según sean benignas sin rellamada, benignas o malignas; de forma análoga para calcificaciones *calc1*, *calc2*, *calc3* cumple la misma función.

```
function lista=boton_cargar_tiposDDSM_Callback(source,callbackdata)
    vector_DDSM=[get(masaDDSM,'Value') get(calcificacionDDSM,'Value'),...
        get(benignosSR_DDSM,'Value') get(benigno_DDSM,'Value'),...
        get(maligno_DDSM,'Value')];

    tipos_masa={'Distorsión de arquitectura',...
        'Tejido mamario asimétrico','Densidad asimétrica focal',...
        'Irregular','Irregular-Distorsión arquitectura',...
        'Irregular-Tejido mamario asimétrico',...
        'Irregular-Densidad asimétrica focal',...
        'Lobulada','Lobulada-Distorsión arquitectura','Lobulada-Irregular',...
        'Lobulada-Nódulo linfático','Lobulada-Oval','Nódulo linfático','N/A',...
        'Oval','Oval-Lobulada','Oval-Nódulo linfático',...
        'Redondeada','Redondeada Irregular-Distorsión arquitectura',...
        'Redondeada-Lobulada','Redondeada-Oval'};

    masa1=[1 2 3 4 8 11 13 15 17 18];
    masa2=[1 2 3 4 5 6 7 8 10 12 13 14 15 16 18 20 21];
    masa3=[1 2 3 4 5 8 9 10 14 15 18 19];

    tipos_calc={'Amorfa',...
```

```

'Amorfa-Pleomorfa', 'Amorfa-Redondeada-Regular', 'Gruesa', ...
'Gruesa-Centro transparente', 'Gruesa-Pleomórfica', ...
'Gruesa-Redondeada-Regular', ...
'Gruesa-Redondeada-Regular-Centro transparente', ...
'Gruesa-Redondeada-Regular-Centrado en transparente', ...
'Distrófica', 'Forma de huevo', 'Fina-Ramificada lineal', ...
'Grande-Filiforme', 'Grande-Filiforme-Redondeada-Regular', ...
'Centro transparente', 'Centrada en transparente', ...
'Centro transparente-Punteada', 'Leche-Calcio', 'N/A', ...
'Pleomórfica', 'Pleomórfica-Amorfa', ...
'Pleomórfica-Fina-Ramificada lineal', 'Pleomórfica-Pleomórfica', ...
'Punteada', 'Punteada-Amorfa', 'Punteada-Amorfa-Pleomorfa', ...
'Punteada-Fina_Ramificada lineal', 'Punteada-Centro transparente', ...
'Punteada-Pleomórfica', 'Punteada-Redondeada-Regular', ...
'Redondeada-Regular', 'Redondeada-Regular-Amorfa', ...
'Redondeada-Regular-Forma de huevo', ...
'Redondeada-Regular-Centro transparente', ...
'Redondeada-Regular-Centro transparente-Dismórfica', ...
'Redondeada-Regular-Centrada en transparente', ...
'Redondeada-Regular-Centro transparente-Punteada', ...
'Redondeada-Regular-Pleomórfica', 'Redondeada-Regular-Punteada', ...
'Redondeada-Regular-Punteada-Amorfa', 'Piel', ...
'Piel-Gruesa-Redondeada-Regular', 'Piel-Punteada', ...
'Piel-Punteada-Redondeada-Regular', 'Vascular', ...
'Vascular-Gruesa', 'Vascular-Gruesa-Centrada en transparente', ...
'Vascular-Gruesa-Centro transparente-Redondeada-Regular_punteada'};
calc1=[4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 19 20 24 28 30, ...
        31 33 34 35 36 37 39 41 42 43 44 45 46 47 48];
calc2=[1 2 4 6 10 12 16 18 19 20 21 22 23 24 25 29 31 32 38 40];
calc3=[1 2 3 12 19 20 22 24 26 27 29 31 39];
(...continúa en el siguiente recuadro...)

```

En cada uno de los posibles casos se controla la visibilidad del panel de masas o calcificaciones según corresponda, y se establece su contenido. Por último, en caso de que no haya un tipo de lesión y diagnóstico seleccionado simultáneamente se informa al usuario:

```

if isequal(vector_DDSM,[1 0 1 0 0])

tipos_masa=tipos_masa(masa1);

set(tipos_DDSMmasa,'Visible','on')

set(tipos_DDSMcalc,'Visible','off')

set(tipos_DDSMmasa,'String',tipos_masa)

set(casoDDSMmasa,'Visible','on')

set(casoDDSMcalc,'Visible','off')

elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 0 1 0])

tipos_masa=tipos_masa(masa2);

set(tipos_DDSMmasa,'Visible','on')

set(tipos_DDSMcalc,'Visible','off')

set(tipos_DDSMmasa,'String',tipos_masa)

set(casoDDSMmasa,'Visible','on')

set(casoDDSMcalc,'Visible','off')

elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 0 0 1])

tipos_masa=tipos_masa(masa3);

set(tipos_DDSMmasa,'Visible','on')

set(tipos_DDSMcalc,'Visible','off')

set(tipos_DDSMmasa,'String',tipos_masa)

set(casoDDSMmasa,'Visible','on')

set(casoDDSMcalc,'Visible','off')

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 1 0 0])

tipos_calc=tipos_calc(calc1);

set(tipos_DDSMmasa,'Visible','off')

set(tipos_DDSMcalc,'Visible','on')

set(tipos_DDSMcalc,'String',tipos_calc)

set(casoDDSMmasa,'Visible','off')

set(casoDDSMcalc,'Visible','on')

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 1 0])

tipos_calc=tipos_calc(calc2);

set(tipos_DDSMmasa,'Visible','off')

set(tipos_DDSMcalc,'Visible','on')

set(tipos_DDSMcalc,'String',tipos_calc)

```

```

set(casoDDSMmasa, 'Visible', 'off')

set(casoDDSMcalc, 'Visible', 'on')

elseif isequal(vector_DDSM, [0 1 0 0 1])

tipos_calc=tipos_calc(calc3);

set(tipos_DDSMmasa, 'Visible', 'off')

set(tipos_DDSMcalc, 'Visible', 'on')

set(tipos_DDSMcalc, 'String', tipos_calc)

set(casoDDSMmasa, 'Visible', 'off')

set(casoDDSMcalc, 'Visible', 'on')

```

Un mensaje de error advierte al usuario en caso de que no haya seleccionado una opción para el tipo y diagnóstico de la lesión:

```

elseif vector_DDSM(1)==0 && vector_DDSM(2)==0 ||

vector_DDSM(3)==0 && vector_DDSM(4)==0 &&

vector_DDSM(5)==0

h = msgbox('Por favor, selecciona un tipo de lesión y de

diagnóstico', 'ATENCIÓN', 'warn')

end

end
end

```

Para cada una de las combinaciones de tipo de lesión y diagnóstico existentes las características de *Tipo/Forma* varían, mostrándose dos ejemplos en la Figura 139:

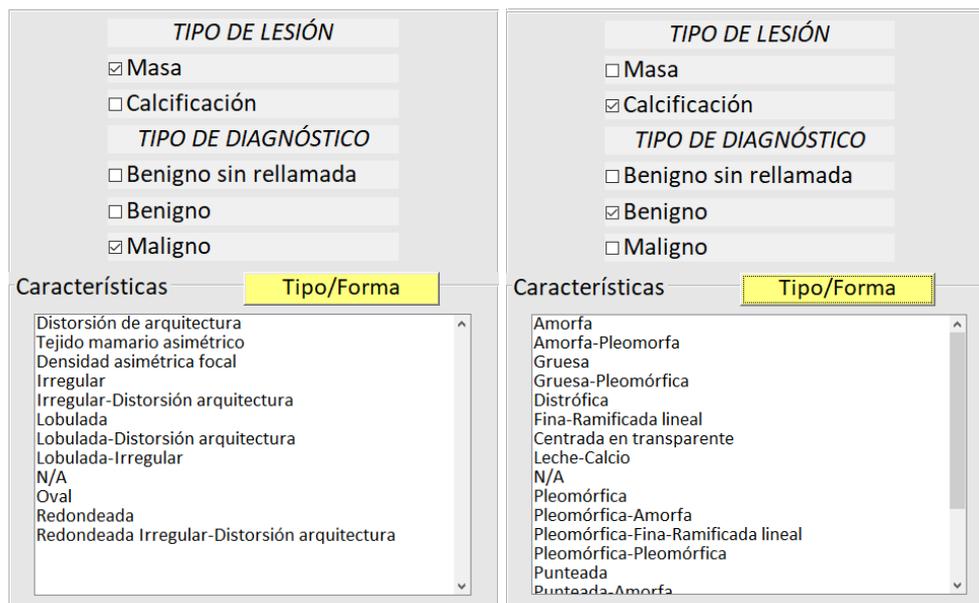


Figura 139. Dos ejemplos de Características de lesiones seleccionables para la base de datos CBIS-DDSM. Izquierda: Masa - Maligno. Derecha: Calcificación - Benigno

5.4.6. Base de datos CSAW-S

La información contenida en la base de datos de mamografía CSAW-S permite agrupar los casos en dos grupos en función de la proyección: cráneo-caudal (CC) o medio-lateral oblicua (MLO), cuyo número se muestra en la Tabla 73. Existe un único diagnóstico asociado a todos los casos (cáncer) aunque los tipos de lesiones son muy variados.

Tipo de proyección	Número de mamografías
CC	171
MLO	169

Tabla 73. Distribución de los tipos de caso de la base de datos CSAW-S

El panel y el grupo de controles asociado aparece a continuación:

```
tipo_diagCSAWS = uibuttongroup('HandleVisibility','on',...
    'Visible','off','BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0 0.48 .25 0.27]);

titulo_tipo_casoCSAWS=icontrol(tipo_diagCSAWS,'Style','text',...
    'String','TIPO DE PROYECCIÓN:', 'FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.8,'FontAngle','Italic',...
    'Units','normalized','Position',[0.15 0.8 0.7 0.15],...
    'HandleVisibility','on');
```

La opción seleccionada por defecto para que no aparezca ninguna marcada en la pantalla es:

```
tipo_noCSAWS = icontrol(tipo_diagCSAWS,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'Units','normalized','Position',[0.10 20 0.8 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

Cada una de las dos proyecciones tiene asociado un control, perteneciente al grupo de botones *tipo_diagCSAWS*. La función de llamada obtiene el valor de *estado_casoCSAWS* y hace visible el botón de cargar imágenes, cuyo funcionamiento se explicará posteriormente.

```
tipo_diagCSAWS1 = icontrol(tipo_diagCSAWS,'Style','radiobutton',...
```

```

'String','Cráneo-caudal (CC)','FontName',...
'Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',1,...
'Units','normalized','Position',[0.1 0.6 0.8 0.1],...
'HandleVisibility','on',...
'Callback',{@tipo_diagCSAWS1_Callback});

function tipo_diagCSAWS1_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_casoCSAWS = get(hObject,'Value');
    set(boton_cargar,'Visible','on')
    set(seleccionado_CSAWS,'String','')
end

tipo_diagCSAWS2 = uicontrol(tipo_diagCSAWS,'Style','radiobutton',...
'String','Medio-lateral oblicua (MLO)',...
'FontName','Calibri','Fontunits','normalized','FontSize',1,...
'Units','normalized','Position',[0.1 0.4 0.8 0.1],...
'HandleVisibility','on',...
'Callback',{@tipo_diagCSAWS2_Callback});

function tipo_diagCSAWS2_Callback(hObject,evendata,handles)
    estado_casoCSAWS = get(hObject,'Value');
    set(boton_cargar,'Visible','on')
    set(seleccionado_CSAWS,'String','')
end

```

5.4.7. Panel de selección de imágenes externas

En caso de que el usuario no desee cargar un estudio de una de las bases de datos, se incluye la opción de importar un TC de tórax o una mamografía externos, con la posibilidad de aplicarle posteriormente la red de detección. Este panel de botones se denomina *tipo_independiente*.

```

tipo_independiente = uibuttongroup('Visible','on',...
    'Units','normalized','BackgroundColor',[0.8 0.8 0.8] ,...
    'Position',[0.25 0.75 0.25 0.10],...
    'Selected','off','SelectionChangedFcn',@seleccion_red);

```

La función *@seleccion_red* limpia el contenido de la pantalla cuando cambia la selección del panel, ocultando todos aquellos paneles y controles que pudieran estar visibles por algún uso previo:

```

function seleccion_red(hObject,evendata,handles)

    set(boton_info,'Visible','off')

    set(boton_importar,'Visible','off')

    set(titulo_informacion_caso,'Visible','off')

    set(informacion_caso,'Visible','off')

%%LIDC%%

    set(casoLIDC,'Visible','off')

    set(tipo_diagLIDC,'Visible','off')

    set(titulo_tipo_diagLIDC,'Visible','off')

    set(metodo_diagLIDC,'Visible','off')

    set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','off')

    set(nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

    set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

    set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);

    set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);

    set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);

    set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')

    set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')

    set(boton_cargar,'Visible','off')

%% OTRAS BASES DE DATOS TC DE PULMÓN%%

    set(casoOTROS_TC,'Visible','off')

    set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

    set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','off')

    set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

    set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','off')

    set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','off')

%%BCDR%%

    set(diag_casoBCDR,'Visible','off')

    set(titulo_diag_casoBCDR,'Visible','off')

    set(benigna_casoBCDR,'Visible','off')

    set(maligna_casoBCDR,'Visible','off')

    set(casoBCDR,'Visible','off')

    set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')

```

```

set(nodulo_casoBCDR,'Visible','off')

set(calc_casoBCDR,'Visible','off')

set(microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(otros_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(continua_BCDR,'Visible','off')

set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')

set(tipos_lesionBCDRlista,'Visible','off')

set(boton_cargar_tiposDDSM,'Visible','off')

set(seleccionado_BCDR,'Visible','off')

set(titulo_seleccionado_BCDR,'Visible','off')

%%CSWAS-S%%

set(casoCSAWS,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS,'Visible','off')

set(titulo_tipo_casoCSAWS,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS1,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS2,'Visible','off')

end

```

Sus opciones asociadas son:

```

no_tipo_independiente=icontrol(tipo_independiente,...
    'Style','radiobutton','String','NO','FontName',...
    'Calibri','FontSize',14,'FontWeight','Bold',...
    'Fontunits','normalized','Position',[65 200 200 20],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

tc_propio = icontrol(tipo_independiente,'Style','radiobutton',...
    'String',' Cargar TC de tórax independiente',...
    'FontName','Calibri','FontSize',14,...
    'Fontunits','normalized','Position',[20 35 290 20],...
    'Units','normalized','HandleVisibility','on');

mg_propio =icontrol(tipo_independiente,'Style','radiobutton',...

```

```

    'String',' Cargar mamografía independiente',...
    'FontName','Calibri','FontSize',14,...
    'Fontunits','normalized','Position',[20 5 290 20],...
    'Units','normalized','HandleVisibility','on');

```

Las funciones de llamada de los controles *tc_propio* y *mg_propio* permiten cargar en el visor la serie de TC o la mamografía elegidas por el usuario respectivamente.

```

function ruta_tc=tc_propio_Callback(hObject, eventdata, handles)
    set(tipo_independiente,'SelectedObject',no_tipo_independiente)

```

La siguiente instrucción abre una ventana para que el usuario busque la carpeta deseada, seleccione la serie de imágenes (la opción de selección múltiple está activada).

```

[archivo_tc,carpeta_tc] = uigetfile('*.dcm',...
    'Selecciona el estudio TC','Multiselect','on');

```

Se guarda la ruta a la carpeta y se muestra en pantalla un mensaje informando de que ha comenzado el proceso de importación. Se leen una a una todas las imágenes seleccionadas:

```

ruta_tc=fullfile(carpetas_tc,archivo_tc);
set(textoinfo_TC,'Visible','on','String','Importando...')
drawnow
for i=1:1:length(ruta_tc)
    imagen(:,:,i)=dicomread(char(ruta_tc{i}));
    info_imagen(:,:,i)=dicominfo(char(ruta_tc{i}));

```

Al llegar a la mitad del proceso de importación se informa de nuevo en la pantalla:

```

if i==floor(length(ruta_tc)/2)
    set(textoinfo_TC,'String','50% completado')
    drawnow
end

```

Para escalar correctamente las UH de las imágenes se aplican la pendiente y ordenada en el origen de la recta de conversión que aparecen en la cabecera DICOM. Además, se ordenan las imágenes correctamente según indica la etiqueta de la cabecera DICOM *Instancenumber*.

```

if isfield(info_imagen(:,:,i),'RescaleSlope')==0 &&...
    isfield(info_imagen(:,:,i),'RescaleIntercept')==0
    imagen(:,:,i)=double(imagen(:,:,i))*info_imagen(:,:,i).RescaleSlope+...
        info_imagen(:,:,1).RescaleIntercept;

```

```

else
    imagen(:,:,i)=double(imagen(:,:,i))-1024;
end

orden(i)=info_imagen(:,:,i).InstanceNumber;
end

[ordenada permutacion]=sort(orden);

imagen_ordenada=imagen(permutacion);

```

Una vez importado el TC se cambia el valor de *estado_carga* a 'TC_cargada':

```
setappdata(0,'estado_carga','TC_cargada')
```

Mediante la siguiente instrucción se hacen visibles las imágenes para la función *barra_Callback*:

```
setappdata(0,'imagenes_Independiente',imagen_ordenada);
```

Para poder utilizar las redes neuronales se almacenan la ruta y nombres de las imágenes y el tipo de TC importado:

```

tipo_TC='Independiente';

setappdata(0,'tipo_TC',tipo_TC);

setappdata(0,'cargar_ruta_final',carpeta_tc);

setappdata(0,'cargar_nombre_ordenado',archivo_tc);

```

Por último, se muestra la barra de desplazamiento del corte, los controles que permiten modificar el ancho y el nivel de ventana y se muestra la imagen mediante la función *presentacion*:

```

set(nivel_texto_TC,'Visible','on')
set(ancho_texto_TC,'Visible','on')
set(nivel_valor_TC,'Visible','on')
set(ancho_valor_TC,'Visible','on')
set(corte_seleccionado,'Visible','on')
set(barra,'Visible','on')

presentacion(imagen_ordenada)

end

```

En el caso de la mamografía, el tipo de selección permite cargar una única imagen.

```

function mg_propio_Callback(hObject, eventdata, handles)

set(tipo_independiente,'SelectedObject',no_tipo_independiente)

[archivo_mg,carpeta_mg] = uigetfile({'*.dcm;*.tif;*.png'},...

```

```
'Selecciona la mamografía','Multiselect','off');  
ruta_mg=fullfile(carpetas_mg,archivo_mg);
```

Cada una de las tres bases de datos utiliza un formato de imagen diferente, por lo que se utilizan tres maneras de importarlas:

```
if strcmp(archivo_mg(end-2:end),'dcm')==1  
    clear gca  
    imagen{:, :, 1}=dicomread(ruta_mg);  
    presentacion(imagen)  
elseif strcmp(archivo_mg(end-2:end),'tif')==1  
    clear gca  
    imagen=imread(ruta_mg);  
    presentacion(imagen)  
elseif strcmp(archivo_mg(end-2:end),'png')==1  
    clear gca  
    imagen=imread(ruta_mg);  
    presentacion(imagen)  
end
```

Al importar una mamografía cambia el valor de *estado_carga*:

```
setappdata(0,'estado_carga','mamografia_cargada')
```

Se guardan la ruta y el nombre de la imagen que queremos cargar:

```
setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_mg)  
setappdata(0,'cargar_nombre_ordenado',archivo_mg);  
end
```

En la Figura 140 se muestra la apariencia de este panel:

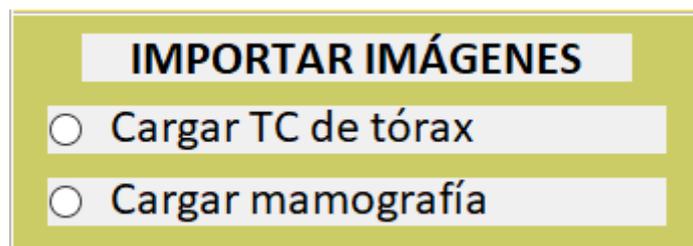


Figura 140. Aspecto del panel de selección de imágenes externas

5.4.8. Visibilidad de los controles y botones

Teniendo en cuenta la base de datos seleccionada y todos los paneles de botones, botones o *check boxes* que incluyen, paneles de texto y otros controles definidos hasta el momento, se debe controlar cuáles de ellos deben ser visibles en cada momento. La función *seleccion_estudio* se encarga de ello.

```
function vector_caso=seleccion_estudio(source,callbackdata)
    display(['Previous: ' callbackdata.OldValue.String]);
    display(['Current: ' callbackdata.NewValue.String]);
    switch callbackdata.NewValue.String
```

Primera opción de *tipo_estudio* seleccionada '*Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI*':

```
case ' Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI'
    set(boton_info,'Visible','off')
    set(boton_importar,'Visible','off')
    set(titulo_informacion_caso,'Visible','off')
    set(informacion_caso,'Visible','off')
    set(boton_3D,'Visible','off')
    set(boton_est_mamo,'Visible','off')
%%LIDC%%
    set(casoLIDC,'Visible','on')
    set(tipo_diagLIDC,'Visible','on')
    set(titulo_tipo_diagLIDC,'Visible','on')
    set(metodo_diagLIDC,'Visible','on')
    set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','on')
    set(nodiagmet_LIDC,'Visible','on')
    set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','on')
    set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);
    set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);
    set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);
    set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')
    set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')
    set(boton_cargar,'Visible','on')
%%OTROS TC%%
    set(seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')
```

```

set(titulo_seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')
set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC , 'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off')

%%BCDR%%

set(diag_casoBCDR,'Visible','off')
set(titulo_diag_casoBCDR,'Visible','off')
set(benigna_casoBCDR,'Visible','off')
set(maligna_casoBCDR,'Visible','off')
set(casoBCDR,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(otros_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(continua_BCDR,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')

```

```

set(tipos_lesionBCDRlista, 'Visible', 'off')
set(boton_cargar_tiposDDSM, 'Visible', 'off')
set(seleccionado_BCDR, 'Visible', 'off')
set(titulo_seleccionado_BCDR, 'Visible', 'off')
set(tipos_DDsmmasa, 'String', '')
set(tipos_DDsmcalc, 'String', '')
%%DDSM%%
set(casoDDSM, 'Visible', 'off');
set(tipo_casoDDSM, 'Visible', 'off')
set(titulo_tipo_casoDDSM, 'Visible', 'off')
set(masaDDSM, 'Visible', 'off')
set(calcificacionDDSM, 'Visible', 'off')
set(titulo_diagDDSM, 'Visible', 'off')
set(benignoSR_DDsm, 'Visible', 'off')
set(benigno_DDsm, 'Visible', 'off')
set(maligno_DDsm, 'Visible', 'off')
set(casoDDSMmasa, 'Visible', 'off')
set(tipos_DDsmmasa, 'Visible', 'off')
set(casoDDSMcalc, 'Visible', 'off')
set(tipos_DDsmcalc, 'Visible', 'off')
set(boton_cargar_tiposDDSM, 'Visible', 'off')
set(titulo_seleccionado_DDsm, 'Visible', 'off')
set(seleccionado_DDsm, 'Visible', 'off')
%%CSAWS%%
set(casoCSAWS, 'Visible', 'off')
set(tipo_diagCSAWS, 'Visible', 'off')
set(titulo_tipo_casoCSAWS, 'Visible', 'off')
set(tipo_noCSAWS, 'Visible', 'off')
set(tipo_diagCSAWS1, 'Visible', 'off')
set(tipo_diagCSAWS2, 'Visible', 'off')
set(seleccionado_CSAWS, 'Visible', 'off')
set(titulo_seleccionado_CSAWS, 'Visible', 'off')
set(textoinfo_TC, 'Visible', 'off')

```

Visibilidad de las opciones relacionadas con el panel de CNN:

```
%%CNN%%  
  
set(tipo_CNN, 'Visible', 'off')  
  
set(titulo_tipo_CNN, 'Visible', 'off')  
  
set(CNN16, 'Visible', 'off'); set(CNN24, 'Visible', 'off')  
set(CNN32, 'Visible', 'off'); set(CNN40, 'Visible', 'off')  
set(CNN48, 'Visible', 'off'); set(conjunto, 'Visible', 'off')  
  
set(boton_CNN, 'Visible', 'off')  
  
set(tipo_red, 'SelectedObject', no_tipo_red);  
  
%%IMÁGENES%%  
  
set(nivel_texto_mamo, 'Visible', 'off')  
set(ancho_texto_mamo, 'Visible', 'off')  
set(nivel_texto_TC, 'Visible', 'off')  
set(ancho_texto_TC, 'Visible', 'off')  
set(nivel_valor_mamo, 'Visible', 'off')  
set(ancho_valor_mamo, 'Visible', 'off')  
set(nivel_valor_TC, 'Visible', 'off')  
set(ancho_valor_TC, 'Visible', 'off')  
set(corte_seleccionado, 'Visible', 'off')  
  
set(barra, 'Visible', 'off')
```

Segunda opción de *tipo_estudio* seleccionada 'Otras bases de datos TC de tórax':

```
case ' Otras bases de datos TC de tórax'  
  
set(boton_info, 'Visible', 'off')  
set(boton_importar, 'Visible', 'off')  
set(titulo_informacion_caso, 'Visible', 'off')  
set(informacion_caso, 'Visible', 'off')  
set(boton_3D, 'Visible', 'off')  
set(boton_est_mamo, 'Visible', 'off')  
  
%%LIDC%%  
  
set(casoLIDC, 'Visible', 'off')  
set(tipo_diagLIDC, 'Visible', 'off')  
set(titulo_tipo_diagLIDC, 'Visible', 'off')
```

```

set(metodo_diagLIDC,'Visible','off')
set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','off')
set(nodiagmet_LIDC,'Visible','off')
set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','off')
set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);
set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);
set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);
set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')
set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')
set(boton_cargar,'Visible','off')

%%OTROS TC%%

set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','on')
set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','on')
set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','on','Value',0)
set(casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC , 'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off')

%%BCDR%%

set(diag_casoBCDR,'Visible','off')
set(titulo_diag_casoBCDR,'Visible','off')
set(benigna_casoBCDR,'Visible','off')
set(maligna_casoBCDR,'Visible','off')
set(casoBCDR,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')

```

```

set (nodulo_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (calc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (microcalc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (nodulo_calc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (nodulo_microcalc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (calc_microcalc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (otros_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (nodulo_calc_microcalc_casoBCDR, 'Visible', 'off')
set (continua_BCDR, 'Visible', 'off')
set (boton_cargar_tiposBCDR, 'Visible', 'off')
set (tipos_lesionBCDRlista, 'Visible', 'off')
set (boton_cargar_tiposDDSM, 'Visible', 'off')
set (seleccionado_BCDR, 'Visible', 'off')
set (titulo_seleccionado_BCDR, 'Visible', 'off')
set (tipos_DDSMmasa, 'String', '')
set (tipos_DDSMcalc, 'String', '')

%%DDSM%%

set (casoDDSM, 'Visible', 'off')
set (tipo_casoDDSM, 'Visible', 'off')
set (titulo_tipo_casoDDSM, 'Visible', 'off')
set (masaDDSM, 'Visible', 'off')
set (calcificacionDDSM, 'Visible', 'off')
set (titulo_diagDDSM, 'Visible', 'off')
set (benignoSR_DDSM, 'Visible', 'off')
set (benigno_DDSM, 'Visible', 'off')
set (maligno_DDSM, 'Visible', 'off')
set (casoDDSMmasa, 'Visible', 'off')
set (tipos_DDSMmasa, 'Visible', 'off')
set (casoDDSMcalc, 'Visible', 'off')
set (tipos_DDSMcalc, 'Visible', 'off')
set (boton_cargar_tiposDDSM, 'Visible', 'off')
set (titulo_seleccionado_DDSM, 'Visible', 'off')
set (seleccionado_DDSM, 'Visible', 'off')

```

```

%%CSAWS%%

set(casoCSAWS,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS,'Visible','off')

set(titulo_tipo_casoCSAWS,'Visible','off')

set(tipo_noCSAWS,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS1,'Visible','off')

set(tipo_diagCSAWS2,'Visible','off')

set(seleccionado_CSAWS,'Visible','off')

set(titulo_seleccionado_CSAWS,'Visible','off')

set(textoinfo_TC,'Visible','off')

%%CNN%%

set(tipo_CNN,'Visible','off')

set(titulo_tipo_CNN,'Visible','off')

set(CNN16,'Visible','off')

set(CNN24,'Visible','off')

set(CNN32,'Visible','off')

set(CNN40,'Visible','off')

set(CNN48,'Visible','off')

set(conjunto,'Visible','off')

set(boton_CNN,'Visible','off')

set(tipo_red,'SelectedObject',no_tipo_red);

%%IMÁGENES

set(nivel_texto_mamo,'Visible','off')

set(ancho_texto_mamo,'Visible','off')

set(nivel_texto_TC,'Visible','off')

set(ancho_texto_TC,'Visible','off')

set(nivel_valor_mamo,'Visible','off')

set(ancho_valor_mamo,'Visible','off')

set(nivel_valor_TC,'Visible','off')

set(ancho_valor_TC,'Visible','off')

set(corte_seleccionado,'Visible','off')

set(barra,'Visible','off')

```

Tercera opción de *tipo_estudio* seleccionada (base de datos de *Mamografía BCDR*):

```

case ' Mamografía BCDR'

set(boton_info,'Visible','off')

set(boton_importar,'Visible','off')

set(titulo_informacion_caso,'Visible','off')

set(informacion_caso,'Visible','off')

set(boton_3D,'Visible','off')

set(boton_est_mamo,'Visible','off')

%%LIDC%%

set(casoLIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);

set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);

set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);

set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')

set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')

%%OTROS TC%%

set(seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')

set(titulo_seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')

set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC , 'Visible','off')

set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')

```

```
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off')

%%BCDR%%

set(diag_casoBCDR,'Visible','on')
set(titulo_diag_casoBCDR,'Visible','on')
set(benigna_casoBCDR,'Visible','on')
set(maligna_casoBCDR,'Visible','on')
set(casoBCDR,'Visible','on')
set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(otros_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(continua_BCDR,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','on')
set(tipos_lesionBCDRlista,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposDDSM,'Visible','on')
set(seleccionado_BCDR,'Visible','off')
set(titulo_seleccionado_BCDR,'Visible','off')
set(benigna_casoBCDR,'Value',0)
set(maligna_casoBCDR,'Value',0)
set(boton_cargar,'Visible','on')

%%DDSM%%

set(casoDDSM,'Visible','off')
set(tipo_casoDDSM,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoDDSM,'Visible','off')
set(masaDDSM,'Visible','off')
```

```

set (calcificacionDDSM, 'Visible', 'off')

set (titulo_diagDDSM, 'Visible', 'off')

set (benignoSR_DDSM, 'Visible', 'off')

set (benigno_DDSM, 'Visible', 'off')

set (maligno_DDSM, 'Visible', 'off')

set (casoDDSMmasa, 'Visible', 'off')

set (tipos_DDSMmasa, 'Visible', 'off')

set (casoDDSMcalc, 'Visible', 'off')

set (tipos_DDSMcalc, 'Visible', 'off')

set (boton_cargar_tiposDDSM, 'Visible', 'off')

set (titulo_seleccionado_DDSM, 'Visible', 'off')

set (seleccionado_DDSM, 'Visible', 'off')

%%CSAWS%%

set (casoCSAWS, 'Visible', 'off')

set (tipo_diagCSAWS, 'Visible', 'off')

set (titulo_tipo_casoCSAWS, 'Visible', 'off')

set (tipo_noCSAWS, 'Visible', 'off')

set (tipo_diagCSAWS1, 'Visible', 'off')

set (tipo_diagCSAWS2, 'Visible', 'off')

set (seleccionado_CSAWS, 'Visible', 'off')

set (titulo_seleccionado_CSAWS, 'Visible', 'off')

set (textoinfo_TC, 'Visible', 'off')

%%CNN%%

set (tipo_CNN, 'Visible', 'off')

set (titulo_tipo_CNN, 'Visible', 'off')

set (CNN16, 'Visible', 'off')

set (CNN24, 'Visible', 'off')

set (CNN32, 'Visible', 'off')

set (CNN40, 'Visible', 'off')

set (CNN48, 'Visible', 'off')

set (conjunto, 'Visible', 'off')

set (boton_CNN, 'Visible', 'off')

set (tipo_red, 'SelectedObject', no_tipo_red);

```

```

%%IMÁGENES

set(nivel_texto_mamo,'Visible','off')

set(ancho_texto_mamo,'Visible','off')

set(nivel_texto_TC,'Visible','off')

set(ancho_texto_TC,'Visible','off')

set(nivel_valor_mamo,'Visible','off')

set(ancho_valor_mamo,'Visible','off')

set(nivel_valor_TC,'Visible','off')

set(ancho_valor_TC,'Visible','off')

set(corte_seleccionado,'Visible','off')

set(barra,'Visible','off')

```

Cuarta opción de *tipo_estudio* seleccionada (base de datos de *Mamografía CBIS-DDSM*):

```

case ' Mamografía CBIS-DDSM'

set(boton_info,'Visible','off')

set(boton_importar,'Visible','off')

set(titulo_informacion_caso,'Visible','off')

set(informacion_caso,'Visible','off')

set(boton_3D,'Visible','off')

set(boton_est_mamo,'Visible','off')

%%LIDC%%

set(casoLIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);

set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);

set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);

set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')

set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')

%%OTROS TC%%

```

```
set(seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')
set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC , 'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off')
set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off')
%%BCDR%%
set(casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(otros_casoBCDR,'Visible','off')
set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')
set(diag_casoBCDR,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')
set(tipos_lesionBCDRlista,'Visible','off')
set(continua_BCDR,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')
```

```

set(seleccionado_BCDR,'Visible','off')
set(titulo_seleccionado_BCDR,'Visible','off')
set(tipos_DDSMmasa,'String','')
set(tipos_DDSMcalc,'String','')
%%DDSM%%
set(casoDDSM,'Visible','on')
set(tipo_casoDDSM,'Visible','on')
set(titulo_tipo_casoDDSM,'Visible','on')
set(masaDDSM,'Visible','on')
set(calcificacionDDSM,'Visible','on')
set(titulo_diagDDSM,'Visible','on')
set(benignoSR_DDSM,'Visible','on')
set(benigno_DDSM,'Visible','on')
set(maligno_DDSM,'Visible','on')
set(casoDDSMmasa,'Visible','on')
set(tipos_DDSMmasa,'Visible','on')
set(casoDDSMcalc,'Visible','on')
set(tipos_DDSMcalc,'Visible','on')
set(boton_cargar_tiposDDSM,'Visible','on')
set(masaDDSM,'Value',0)
set(calcificacionDDSM,'Value',0)
set(calcificacionDDSM,'Value',0)
set(benignoSR_DDSM,'Value',0)
set(benigno_DDSM,'Value',0)
set(maligno_DDSM,'Value',0)
set(boton_cargar,'Visible','on')
set(titulo_seleccionado_DDSM,'Visible','off')
set(seleccionado_DDSM,'Visible','off')
%%CSAWS%%
set(casoCSAWS,'Visible','off')
set(tipo_diagCSAWS,'Visible','off')
set(titulo_tipo_casoCSAWS,'Visible','off')
set(tipo_noCSAWS,'Visible','off')

```

```

set(tipo_diagCSAWS1,'Visible','off')
set(tipo_diagCSAWS2,'Visible','off')
set(seleccionado_CSAWS,'Visible','off')
set(titulo_seleccionado_CSAWS,'Visible','off')
set(textoinfo_TC,'Visible','off')
%%CNN%%
set(tipo_CNN,'Visible','off')
set(titulo_tipo_CNN,'Visible','off')
set(CNN16,'Visible','off')
set(CNN24,'Visible','off')
set(CNN32,'Visible','off')
set(CNN40,'Visible','off')
set(CNN48,'Visible','off')
set(conjunto,'Visible','off')
set(boton_CNN,'Visible','off')
set(tipo_red,'SelectedObject',no_tipo_red);
%%IMÁGENES
set(nivel_texto_mamo,'Visible','off')
set(ancho_texto_mamo,'Visible','off')
set(nivel_texto_TC,'Visible','off')
set(ancho_texto_TC,'Visible','off')
set(nivel_valor_mamo,'Visible','off')
set(ancho_valor_mamo,'Visible','off')
set(nivel_valor_TC,'Visible','off')
set(ancho_valor_TC,'Visible','off')
set(corte_seleccionado,'Visible','off')
set(barra,'Visible','off')

```

Quinta opción de *tipo_estudio* seleccionada (base de datos *Mamografía CSAW-S*):

```

case ' Mamografía CSAW-S'
set(boton_info,'Visible','off')
set(boton_importar,'Visible','off')
set(titulo_informacion_caso,'Visible','off')
set(informacion_caso,'Visible','off')

```

```

set(boton_3D,'Visible','off')

set(boton_est_mamo,'Visible','off')

%%LIDC%%

set(casoLIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_tipo_diagLIDC,'Visible','off')

set(metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(titulo_metodo_diagLIDC,'Visible','off')

set(nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(titulo_nodiagmet_LIDC,'Visible','off')

set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);

set(metodo_diagLIDC,'SelectedObject',metodo_noLIDC);

set(nodiagmet_LIDC,'SelectedObject',no_noLIDC);

set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','off')

set(seleccionado_LIDC,'Visible','off')

%%OTROS TC%%

set(seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')

set(titulo_seleccionado_OTROS_TC,'Visible','off')

set(diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(titulo_diag_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(SPIE_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(titulo_tipo_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC , 'Visible','off')

set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Visible','off')

set(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Visible','off')

```

```

%%BCDR%%

set(diag_casoBCDR,'Visible','off')

set(titulo_diag_casoBCDR,'Visible','off')

set(benigna_casoBCDR,'Visible','off')

set(maligna_casoBCDR,'Visible','off')

set(casoBCDR,'Visible','off')

set(titulo_tipo_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_casoBCDR,'Visible','off')

set(calc_casoBCDR,'Visible','off')

set(microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_calc_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(otros_casoBCDR,'Visible','off')

set(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Visible','off')

set(continua_BCDR,'Visible','off')

set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')

set(tipos_lesionBCDRlista,'Visible','off')

set(boton_cargar_tiposBCDR,'Visible','off')

set(seleccionado_BCDR,'Visible','off')

set(titulo_seleccionado_BCDR,'Visible','off')

set(tipos_DDSMmasa,'String','')

set(tipos_DDSMcalc,'String','')

%%DDSM%%

set(casoDDSM,'Visible','off')

set(tipo_casoDDSM,'Visible','off')

set(titulo_tipo_casoDDSM,'Visible','off')

set(masaDDSM,'Visible','off')

set(calcificacionDDSM,'Visible','off')

set(titulo_diagDDSM,'Visible','off')

set(benignoSR_DDSM,'Visible','off')

set(benigno_DDSM,'Visible','off')

set(maligno_DDSM,'Visible','off')

```

```
set(casoDDSMmasa,'Visible','off')
set(tipos_DDSMmasa,'Visible','off')
set(casoDDSMcalc,'Visible','off')
set(tipos_DDSMcalc,'Visible','off')
set(boton_cargar_tiposDDSM,'Visible','off')
set(titulo_seleccionado_DDSM,'Visible','off')
set(seleccionado_DDSM,'Visible','off')
%%CSAWS%%
set(boton_cargar,'Visible','ON')
set(casoCSAWS,'Visible','on')
set(tipo_diagCSAWS,'Visible','on')
set(titulo_tipo_casoCSAWS,'Visible','on')
set(tipo_noCSAWS,'Visible','on')
set(tipo_diagCSAWS1,'Visible','on')
set(tipo_diagCSAWS2,'Visible','on')
set(textoinfo_TC,'Visible','off')
%%CNN%%
set(tipo_CNN,'Visible','off')
set(titulo_tipo_CNN,'Visible','off')
set(CNN16,'Visible','off')
set(CNN24,'Visible','off')
set(CNN32,'Visible','off')
set(CNN40,'Visible','off')
set(CNN48,'Visible','off')
set(conjunto,'Visible','off')
set(boton_CNN,'Visible','off')
set(tipo_red,'SelectedObject',no_tipo_red);
%%IMÁGENES
set(nivel_texto_mamo,'Visible','off')
set(ancho_texto_mamo,'Visible','off')
set(nivel_texto_TC,'Visible','off')
set(ancho_texto_TC,'Visible','off')
set(nivel_valor_mamo,'Visible','off')
```

```

set (ancho_valor_mamo, 'Visible', 'off')

set (nivel_valor_TC, 'Visible', 'off')

set (ancho_valor_TC, 'Visible', 'off')

set (corte_seleccionado, 'Visible', 'off')

set (barra, 'Visible', 'off')

end

```

end

Para representar la acción de los comandos de programación de este apartado en la Figura 141 se muestra cómo se ocultan los diferentes elementos de la interfaz cuyo uso no es necesario en función de la opción seleccionada. En la parte izquierda se ha cargado un TC de *LIDC-IDRI* y se ha importado la secuencia de imágenes y cargado la información. Cuando se ha terminado de explorar el caso y se selecciona otra base de datos (parte derecha, *CBIS-DDSM*), la interfaz queda preparada para seleccionar un caso de la nueva base de datos.

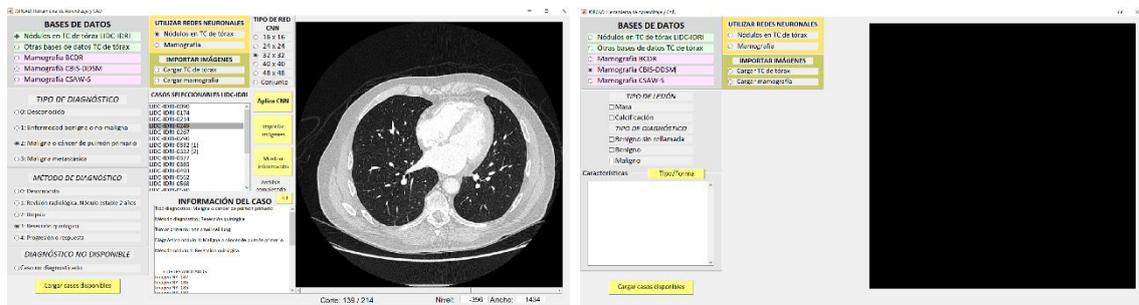


Figura 141. Parte izquierda: caso de *LIDC-IDRI* cargado y con la información asociada visible. Parte derecha: ocultación de controles, botones e imágenes al pulsar el botón de selección de la base de datos *CBIS-DDSM*

5.4.9. Mostrar casos disponibles: botón *Cargar caso*

Una vez se ha seleccionado un tipo de caso acorde a la clasificación propuesta para cada base de datos, se mostrará un listado con todos los estudios disponibles que cumplan con esos criterios. Para importar las imágenes asociadas al caso, se define el *boton_cargar*, cuya función de llamada asociada realiza diferentes acciones.

```

boton_cargar = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...

    'String', 'Cargar casos disponibles', 'BackgroundColor', [1 1 .5],...

    'Units', 'normalized', 'Position', [0.050 0.05 0.15 0.05],...

    'FontSize', 14, 'FontName', 'Calibri', 'FontUnits', 'normalized',...

    'HandleVisibility', 'on', 'Visible', 'off',...

    'Callback', {@boton_cargar_Callback})

```

Al ser común a todas las bases de datos, en la función de llamada a este botón debe tenerse en cuenta cuál se ha seleccionado previamente. Esto se realiza a través de *vector_tipo_estudio*, compuesto por seis elementos. En caso de no haber seleccionado una base de datos se muestra un mensaje de advertencia.

```
function cargar_indices=boton_cargar_Callback(hObject,eventdata,handles)
    vector_tipo_estudio=[get(no_tipo_estudio,'Value') get(tc,'Value'),...
        get(tc2,'Value') get(mgBCDR,'Value'),...
        get(mgDDSM,'Value'),get(cn,'Value')];
    %%%%%%%%%%NINGUNO%%%%%%%%%NINGUNO%%%%%%%%%NINGUNO%%%%%%%%%
    if isequal(vector_tipo_estudio,[1 0 0 0 0 0])== 1
        h = msgbox('Por favor, seleccione un tipo de estudio',...
            'ATENCIÓN','warn')
    %%%%%%%%%%LIDC%%%%%%%%%LIDC%%%%%%%%%LIDC%%%%%%%%%
        elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 1 0 0 0 0])== 1
            (se explicará el contenido)
    %%%%%%%%%%OTRAS BASES DE DATOS DE TC DE PULMÓN%%%%%%%%%
        elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 1 0 0 0])== 1
            (se explicará el contenido)
    %%%%%%%%%%BCDR%%%%%%%%%BCDR%%%%%%%%%BCDR%%%%%%%%%
        elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 1 0 0])== 1
            (se explicará el contenido)
    %%%%%%%%%%CBIS%%%%%%%%%CBIS%%%%%%%%%CBIS%%%%%%%%%
        elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 1 0])== 1
            (se explicará el contenido)
    %%%%%%%%%%CSAWS%%%%%%%%%CSAWS%%%%%%%%%CSAWS%%%%%%%%%
        elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 0 1])== 1
            (se explicará el contenido)
```

Cada uno de los textos (se explicará el contenido) se corresponde con una de las las siguientes subsecciones.

5.4.9.1. Base de datos *LIDC-IDRI*

En este caso `vector_tipo_estudio = [0 1 0 0 0 0]`

En primer lugar, se lee la información de los 156 casos diagnosticados (almacenada en la hoja de cálculo que recopila la información proporcionada con las bases de datos), y la selección del tipo y método de diagnóstico realizada por el usuario en JORCAD:

```
[num,txt,datos_LIDC]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LIDC','A2:H158');

diagnostico=[get(tipo_diag0,'Value') get(tipo_diag1,'Value'),...
            get(tipo_diag2,'Value') get(tipo_diag3,'Value')];

metodo=[get(metodo_diag0,'Value') get(metodo_diag1,'Value'),...
        get(metodo_diag2,'Value') get(metodo_diag3,'Value'),...
        get(metodo_diag4,'Value')];

vector_LIDC=[find(diagnostico,1) find(metodo,1)];
```

Mediante un condicional se dividen las posibles selecciones en cinco casos. Tres de ellos corresponden a selecciones incorrectas: no hay tipo ni método seleccionado, falta uno por seleccionar o bien un tipo o un método de diagnóstico y se selecciona simultáneamente un caso diagnosticado y no diagnosticado:

```
if (get(tipo_diag0,'Value')==0 && get(tipo_diag1,'Value')==0 &&...
    get(tipo_diag2,'Value')==0 && get(tipo_diag3,'Value')==0 &&...
    get(metodo_diag0,'Value')==0 && get(metodo_diag1,'Value')==0 &&...
    get(metodo_diag2,'Value')==0 && get(metodo_diag3,'Value')==0 &&...
    get(metodo_diag4,'Value')==0)&& get(caso_noLIDC,'Value')==0

    h = msgbox(strcat('Por favor, selecciona un tipo y ',...
                    'método de diagnóstico o bien un caso sin diagnosticar'),...
              'ATENCIÓN','warn')

elseif ((get(tipo_diag0,'Value')==0 && get(tipo_diag1,'Value')==0 &&...
        get(tipo_diag2,'Value')==0 && get(tipo_diag3,'Value')==0)||...
        (get(metodo_diag0,'Value')==0 && get(metodo_diag1,'Value')==0 &&...
        get(metodo_diag2,'Value')==0 && get(metodo_diag3,'Value')==0 &&...
        get(metodo_diag4,'Value')==0))&& get(caso_noLIDC,'Value')==0

    h = msgbox(strcat('Un tipo de diagnóstico siempre va ',...
                    'asociado a un método'),'ATENCIÓN','warn')

set(tipo_diagLIDC,'SelectedObject',tipo_noLIDC);
```

```

set(metodo_diagLIDC, 'SelectedObject', metodo_noLIDC);
set(nodiagmet_LIDC, 'SelectedObject', no_noLIDC);

elseif (get(tipo_diag0, 'Value')==1||get(tipo_diag1, 'Value')==1||, ...
        get(tipo_diag2, 'Value')==1||get(tipo_diag3, 'Value')==1||, ...
        get(tipo_diag4, 'Value')==1||get(metodo_diag0, 'Value')==1||, ...
        get(metodo_diag1, 'Value')==1||get(metodo_diag2, 'Value')==1||, ...
        get(metodo_diag3, 'Value')==1||get(metodo_diag4, 'Value')==1)&& , ...
        get(caso_noLIDC, 'Value')==1

h = msgbox('Ha marcado un caso diagnosticado y, ...
           sin diagnosticar simultáneamente', 'ATENCIÓN', 'warn')

```

En caso de seleccionar un caso no diagnosticado se hace visible la pantalla LIDC en la que se desplegarán las opciones seleccionables.

```

elseif (get(tipo_diag0, 'Value')==0 && get(tipo_diag1, 'Value')==0 &&...
        get(tipo_diag2, 'Value')==0 && get(tipo_diag3, 'Value')==0 &&...
        get(metodo_diag0, 'Value')==0 && get(metodo_diag1, 'Value')==0 &&...
        get(metodo_diag2, 'Value')==0 && get(metodo_diag3, 'Value')==0 &&...
        get(metodo_diag4, 'Value')==0)&& get(caso_noLIDC, 'Value')==1

set(titulo_seleccionado_LIDC, 'Visible', 'on')

set(seleccionado_LIDC, 'Visible', 'on')

```

Se construye un vector con los nombres de todos los pacientes de la base de datos, añadiendo aquellos que disponen de dos series de imágenes y eliminando los que no disponen de anotaciones por parte de los radiólogos. Tras eliminar a los pacientes que tienen un diagnóstico de la lista se muestra el listado restante en control *seleccionado_LIDC*.

```

for k=1:1:1012
    if k < 10
        total{k}=strcat('LIDC-IDRI-', '000', num2str(k));
    elseif (k>=10)&&(k<100)
        total{k}=strcat('LIDC-IDRI-', '00', num2str(k));
    elseif (k>=100)&&(k<1000)
        total{k}=strcat('LIDC-IDRI-', '0', num2str(k));
    else
        total{k}=strcat('LIDC-IDRI-', num2str(k));
    end
end

```

```

end

total=[total(1:131) 'LIDC-IDRI-0132 (1)' 'LIDC-IDRI-0132 (2)',...
total(133:150) 'LIDC-IDRI-0151 (1)' 'LIDC-IDRI-0151 (2)',...
total(152:331) 'LIDC-IDRI-0332 (1)' 'LIDC-IDRI-0332 (2)',...
total(333:354) 'LIDC-IDRI-0355 (1)' 'LIDC-IDRI-0355 (2)',...
total(356:441) 'LIDC-IDRI-0442 (1)' 'LIDC-IDRI-0442 (2)',...
total(443:483) 'LIDC-IDRI-0484 (1)' 'LIDC-IDRI-0484 (2)' total(485:end)];
total(201)=[]; total(239)=[]; total(549)=[]; total(588)=[];
total(747)=[]; total(770)=[];

m=1;

for i=1:1:size(txt,1)

    for k=1:1:length(total)

        cadena_texto_total = char(total(k));

        if isequal(char(txt(i,1)),cadena_texto_total(1:14))==1

            elimina(m)=k

            m=m+1;

        end

    end

end

total(elimina)=[];

nombres_LIDC=char(total);

```

Por último, se hacen visibles los botones de importar imágenes y mostrar información, y se hace que los índices de los casos queden visibles para su uso posterior en otras funciones.

```

set(seleccionado_LIDC,'String',nombres_LIDC)

set(boton_importar,'Visible','on')

set(boton_info,'Visible','on')

cargar_indices=nombres_LIDC;

setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);

```

La situación que queda por tratar ocurre si se ha seleccionado un caso diagnosticado, en cuyo caso se busca la correspondencia numérica entre el tipo y el método de diagnóstico seleccionado y los valores cargados de la hoja de cálculo y almacenados en las variables *num* y *txt*. Como la numeración se inicia en 0, se resta 1 al valor de *vector_LIDC*:

```

else

    set(titulo_seleccionado_LIDC,'Visible','on')

```

```

set(seleccionado_LIDC,'Visible','on')

j=1;sel_LIDC=0;

vector_LIDC=vector_LIDC-1;

for i=1:1:size(num,1)

    if isequal(num(i,1:2),vector_LIDC)==1

        sel_LIDC(j)=i; j=j+1;

    end

end

if isequal(vector_LIDC,[0 2])==1

    sel_LIDC=0; %A pesar de estar diagnosticado no tiene anotaciones

end

if sel_LIDC==0

    nombres_LIDC='NO HAY CASOS DE ESE TIPO'

elseif isequal(vector_LIDC,[2 3])==1

    nombres_LIDC=[{char(txt(sel_LIDC(1:6),1))} {'LIDC-IDRI-0332 (1)'},...

        {'LIDC-IDRI-0332 (2)'} {char(txt(sel_LIDC(8:end),1))}]'

    nombres_LIDC=char(nombres_LIDC)

else

    nombres_LIDC=char(txt(sel_LIDC,1));

end

set(seleccionado_LIDC,'String',nombres_LIDC)

set(boton_importar,'Visible','on')

set(boton_info,'Visible','on')

cargar_indices=nombres_LIDC;

setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);

end

```

5.4.9.2. Otras bases de datos de TC de tórax

En este caso `vector_tipo_estudio = [0 1 0 0 0 0]`

Para las bases de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* y *Lung Diagnosis PET-CT*, se genera `vector_OTROS_TC`, para obtener la selección realizada por el usuario.

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 1 0 0 0])== 1
```

```

vector_OTROS_TC=[get(SPIE_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(nodulo_BENIGNO_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(nodulo_MALIGNO_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(nodulo_SOSPECHOSO_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(nodulo_CANCER_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamannolab_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamanno1c_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamanno2_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamanno2ab_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamanno3_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamanno4_casoOTROS_TC,'Value'),...
                get(cancer_tamannois_casoOTROS_TC,'Value')]

```

Para que aparezca error al pulsar el botón de *Mostrar Información* (ya que no se ha seleccionado ni abierto todavía un caso concreto), se utiliza la siguiente instrucción:

```
setappdata(0,'estado_carga','nada')
```

Si se ha marcado la opción de *SPIE-AAPM*:

```

if vector_OTROS_TC(1)==1
    [num,txt,row]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','SPIE','A2:G84');
    if vector_OTROS_TC==[1 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0]
        j=1;for i=1:1:size(row,1)
            if strcmp(row(i,6),'Benign nodule')==1
                cargar_indices{j}=i; j=j+1;
            end
        end
    elseif vector_OTROS_TC==[1 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0]
        j=1;for i=1:1:size(row,1)
            if strcmp(row(i,6),'Malignant nodule')==1
                cargar_indices{j}=i; j=j+1;
            end
        end
    elseif vector_OTROS_TC==[1 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0]

```

```

        j=1;for i=1:1:size(row,1)
            if strcmp(row(i,6),'Suspicious malignant nodule')==1
                cargar_indices{j}=i; j=j+1;
            end
        end
    elseif vector_OTROS_TC==[1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0]
        j=1;for i=1:1:size(row,1)
            if strcmp(row(i,6),'Primary lung cancer')==1
                cargar_indices{j}=i; j=j+1;
            end
        end
    end
    cargar_indices = cell2mat(cargar_indices);
    [num3,txt3,row3]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','SPIE','A2:A84');
    muestra_OTROS_TC = txt3(cargar_indices);

```

En el caso de *Lung Diagnosis PET-CT*, el segundo elemento del *vector_OTROS_TC* es igual a 1. Una vez cargados los índices que corresponden al tamaño seleccionado se carga el número de identificación del caso y su estadificación TNM para presentar el listado de opciones en la pantalla de selección.

```

elseif vector_OTROS_TC(2)==1

[num,txt,row]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS','A2:J356');

    if vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0]

        j=1;for i=1:1:size(row,1)

            if strcmp(row(i,6),'1_')==1||strcmp(row(i,6),'1a')==1||...
                strcmp(row(i,6),'1b')==1

                cargar_indices{j}=i; j=j+1;

            end

        end

    elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0]

        j=1;for i=1:1:size(row,1)

            if strcmp(row(i,6),'1c')==1

                cargar_indices{j}=i; j=j+1;

            end

        end

```

```

        end

elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0]

    j=1;for i=1:1:size(raw,1)

        if strcmp(raw(i,6),'2')==1

            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

        end

    end

elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0]

    j=1;for i=1:1:size(raw,1)

        if strcmp(raw(i,6),'2a')==1||strcmp(raw(i,6),'2b')==1

            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

        end

    end

elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0]

    j=1;for i=1:1:size(raw,1)

        if strcmp(raw(i,6),'3')==1

            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

        end

    end

elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0]

    j=1;for i=1:1:size(raw,1)

        if strcmp(raw(i,6),'4')==1

            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

        end

    end

elseif vector_OTROS_TC==[0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1]

    j=1;for i=1:1:size(raw,1)

        if strcmp(raw(i,6),'is')==1

            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

        end

    end

end

cargar_indices = cell2mat(cargar_indices)

```

```

[num3,txt3,raw3]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS','B2:B356')
;
[num4,txt4,raw4]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS','F2:F356')
;
[num5,txt5,raw5]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS','G2:G356')
;
[num6,txt6,raw6]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS','H2:H356')
;
muestra1_OTROS_TC = txt3(cargar_indices);
muestra2_OTROS_TC = txt4(cargar_indices);
muestra3_OTROS_TC = num5(cargar_indices);
muestra4_OTROS_TC = txt6(cargar_indices);
muestra_OTROS_TC=strcat(muestra1_OTROS_TC,'_T-',muestra2_OTROS_TC,...
                        '_N-',num2str(muestra3_OTROS_TC),'_M-',muestra4_OTROS_TC)

end

```

En última instancia se cargan las cadenas de texto en el control *seleccionado_OTROS_TC*, cambiando su visibilidad, así como la de los botones y títulos necesarios para continuar con el flujo de trabajo:

```

set(seleccionado_OTROS_TC,'String',muestra_OTROS_TC);
setappdata(0,'cargar_muestra_OTROS_TC',muestra_OTROS_TC);
set(seleccionado_OTROS_TC,'Visible','on')
set(titulo_seleccionado_OTROS_TC,'Visible','on')
setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);
seleccionado_BCDR_Callback(seleccionado_OTROS_TC,cargar_indices)
set(boton_importar,'Visible','on')
set(boton_info,'Visible','on')

```

5.4.9.3. Base de datos *BCDR*

Para obtener el listado de casos de *BCDR* que deben mostrarse en pantalla se obtiene el tipo de lesión y su diagnóstico (*vector_BCDR*):

```

elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 1 0 0])== 1
    vector_BCDR=[get(nodulo_casoBCDR,'Value'),get(calc_casoBCDR,'Value') ,...
                get(microcalc_casoBCDR,'Value'),get(nodulo_calc_casoBCDR,'Value'),...

```

```

get(nodulo_microcalc_casoBCDR,'Value'),...
get(calc_microcalc_casoBCDR,'Value'),get(otros_casoBCDR,'Value'),...
get(nodulo_calc_microcalc_casoBCDR,'Value'),...
get(benigna_casoBCDR,'Value'),get(maligna_casoBCDR,'Value'),...
get(tipos_lesionBCDRlista,'Value')]

```

Se comprueba que se haya seleccionado una característica adicional, indicando al usuario que debe hacerlo para poder disponer del listado de casos a seleccionar:

```

if isequal(get(tipos_lesionBCDRlista,'String'),'')
    h = msgbox('Falta seleccionar una característica adicional de la lesión',...
        'ATENCIÓN','warn');
else

```

Para que aparezca error al pulsar el botón de *Mostrar Información*:

```

setappdata(0,'estado_carga','nada')

```

Se carga la información de *BCDR* de la hoja de cálculo *DatosGUI*:

```

[num1,txt1,raw1]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','BCDR','B2:G1885');
[num2,txt2,raw2]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','BCDR','T2:U1885');
num=[num1 num2];

```

El vector *cargar_indices* almacena la localización de todos los casos que cumplen el criterio de selección marcado por *vector_BCDR*. En el siguiente condicional se contemplan todas las posibles situaciones. Para las lesiones benignas:

```

if isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 0 0 0 0])== 1
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%BENIGNAS%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 1])== 1    % 465 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 0 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 2])== 1    % 4 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 1 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;

```

```

        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 3])== 1    % 2 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 0 1 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 1])== 1    % 361 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 0 0 0 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 2])== 1    % 10 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 0 0 0 1 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 3])== 1    % 4 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 0 0 1 1 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 1 0 0 0 0 0 1 0 1])== 1    % 138 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 0 1 0 0 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 1])== 1    % 152 casos

```

```

j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 0 0 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 2])== 1 % 6 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 1 0 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 3])== 1 % 4 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 0 1 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 4])== 1 % 2 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 1 1 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 1 0 0 0 1 0 1])== 1 % 36 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 0 1 0 0 0 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 1 0 0 0 1 0 2])== 1 % 6 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 0 1 0 0 1 1 0])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end

```

```

        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 1 0 0 1 0 1])== 1    % 8 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 1 0 0 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 1 0 1 0 1])== 1    % 3 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 0 0 0 1 0 1 0])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
end

```

Para las lesiones malignas:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%MALIGNAS%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1])== 1    % 202 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 2])== 1    % 6 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 1 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 3])== 1    % 31 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 1 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end

```

```

        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 4])== 1    % 31 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 0 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 5])== 1    % 6 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 0 0 1 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 0 1 1])== 1    % 4 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 0 0 0 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 1 0 0 0 0 0 0 0 1 2])== 1    % 6 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 0 0 0 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 1 0 0 0 0 0 0 1 1])== 1    % 70 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 0 1 0 0 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 1 0 0 0 0 0 0 1 2])== 1    % 8 casos

```

```

j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[0 0 1 0 1 0 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 1 0 0 0 0 0 1 3])== 1 % 14 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[0 0 1 0 0 1 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 1])== 1 % 21 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 0 0 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 2])== 1 % 16 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 0 1 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 1 0 0 0 0 1 3])== 1 % 3 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 1 0 0 1 1 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 1 0 0 0 1 1])== 1 % 126 casos
j=1;for i=1:1:length(num)
    if isequal(num(i,:),[1 0 1 0 0 0 0 1])
        cargar_indices{j}=i; j=j+1;
    end
end

```

```

        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 2])== 1    % 17 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 1 0 1 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 3])== 1    % 49 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 0 1 0 0 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 1 0 0 0 1 1])== 1    % 10 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 1 0 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 1 0 0 0 1 2])== 1    % 2 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 1 1 0 0 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 0 1 0 1 1])== 1    % 4 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[1 1 1 0 0 0 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 1])== 1    % 1 casos

```

```

        j=1;for i=1:1:length(num)
            if isequal(num(i,:),[0 0 0 0 1 0 0 1])
                cargar_indices{j}=i; j=j+1;
            end
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 2])== 1    % 7 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 0 0 0 0 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_BCDR,[0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 3])== 1    % 2 casos
    j=1;for i=1:1:length(num)
        if isequal(num(i,:),[0 0 0 0 1 1 0 1])
            cargar_indices{j}=i; j=j+1;
        end
    end
end
end

```

Se guardan los números de índice de los casos seleccionados, obteniendo las cadenas de texto que identifican esos casos:

```

cargar_indices = cell2mat(cargar_indices);
[num3,txt3,row3]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','BCDR','N2:N1885');
muestra_BCDR = txt3(cargar_indices);

```

Tras realizar la conversión a una variable de tipo *char*, se carga el texto en el control *seleccionado_BCDR*, que se hace visible junto con su título. Se establece el listado de elementos seleccionados como una variable de uso global en la aplicación.

```

muestra_BCDR = char(muestra_BCDR);
set(seleccionado_BCDR,'String',muestra_BCDR);
set(seleccionado_BCDR,'Visible','on');
set(seleccionado_BCDR,'Value',[],'Max',3,'Min',1)
set(titulo_seleccionado_BCDR,'Visible','on');
setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);
seleccionado_BCDR_Callback(seleccionado_BCDR,cargar_indices)

```

El usuario puede utilizar a partir de este momento los siguientes botones:

```
set(boton_importar,'Visible','on')

set(boton_info,'Visible','on')

end
```

5.4.9.4. Base de datos *CBIS-DDSM*

En primer lugar, se comprueba que el usuario ha seleccionado correctamente un tipo de lesión, un diagnóstico y sus características adicionales (*Tipo/Forma*). En caso contrario, se muestran los correspondientes mensajes de error.

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 1 0])== 1

    if isequal(get(masaDDSM,'Value'),0)&&...

        isequal(get(calcificacionDDSM,'Value'),0)

        h = msgbox('Selecione tipo de lesión, diagnóstico y Tipo/Forma',...

            'ATENCIÓN','warn');

    elseif (isequal(get(masaDDSM,'Value'),1)||...

        isequal(get(calcificacionDDSM,'Value'),1))&&...

        (isequal(get(benignoSR_DDSM,'Value'),0)&&...

            isequal(get(benigno_DDSM,'Value'),0)&&...

            isequal(get(maligno_DDSM,'Value'),0))

        h = msgbox('Selecione un Tipo de diagnóstico y ...

            Tipo/Forma de lesión antes de cargar casos',...

            'ATENCIÓN','warn');

    elseif isequal(get(tipos_DDSMmasa,'String'),'')&&...

        isequal(get(tipos_DDSMcalc,'String'),'')

        h = msgbox('Seleccionar un Tipo/Forma de lesión antes de cargar casos',...

            'ATENCIÓN','warn');
```

Si la selección es correcta se obtiene el *vector_DDSM*. La tipología más amplia de casos corresponde al tercer y cuarto índice del vector (*tipos_DDSMmasa* y *tipos_DDSMcalc*).

```
else vector_DDSM=[get(masaDDSM,'Value') get(calcificacionDDSM,'Value'),...

    get(tipos_DDSMmasa,'Value') get(tipos_DDSMcalc,'Value'),...

    get(benignoSR_DDSM,'Value') get(benigno_DDSM,'Value')...

    get(maligno_DDSM,'Value')]
```

Se obtiene la información completa del tipo de lesión (masa o calcificación), tipo de calcificación o forma de la masa y distribución de las calcificaciones o márgenes de la masa, procedente de la pestaña *DDSM* de la hoja de cálculo *DatosGUI*.

```
[num1,txt1,raw1]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM','F2:F3569');  
[num2,txt2,raw2]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM','G2:G3569');  
[num3,txt3,raw3]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM','J2:J3569');  
txt=strcat(char(txt1),char(txt2),char(txt3));
```

Para que aparezca error al pulsar el botón de *Mostrar Información*:

```
setappdata(0,'estado_carga','nada')
```

Para cada una de las combinaciones de tipo de diagnóstico y tipo de lesión se separan los casos en función de las características adicionales proporcionadas en las anotaciones. La siguiente estructura del condicional se repite por tanto en múltiples situaciones, por lo que únicamente se muestra al completo una vez:

```
if isequal(vector_DDSM,[1 0 1 0 1 0 0])== 1 % 14 registros  
    j=1;for i=1:1:size(txt,1)  
        if strcmp(strtrim(txt(i,:)),...  
            'massARCHITECTURAL_DISTORTIONBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1  
            cargar_indices(j)=i;j=j+1;  
        end  
    end  
end
```

Aquí comienza la segunda parte del condicional que se muestra resumida. Para no extender el código, únicamente se mostrará la comparación evaluada en el condicional y la cadena de texto que corresponde con el tipo de lesión de *CBIS-DDSM* a partir de este momento:

```
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 2 0 1 0 0])== 1 % 15 registros  
    ...'massASYMMETRIC_BREAST_TISSUEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
```

A partir de aquí continúan los casos correspondientes a masas benignas sin rellamada:

```
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 3 0 1 0 0])== 1 % 11 registros  
    ...massFOCAL_ASYMMETRIC_DENSITYBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...  
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 4 0 1 0 0])== 1 % 12 registros  
    ...'massIRREGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...  
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 5 0 1 0 0])== 1 % 12 registros  
    ...'massLOBULATEDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...  
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 6 0 1 0 0])== 1 % 4 registros
```

```

... 'massLOBULATED-LYMPH_NODEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 7 0 1 0 0])== 1 % 34 registros
... 'massLYMPH_NODEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 8 0 1 0 0])== 1 % 22 registros
... 'massOVALBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 9 0 1 0 0])== 1 % 6 registros
... 'massOVAL-LYMPH_NODEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 10 0 1 0 0])== 1 % 11 registros
... 'massROUNDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...

```

Aquí comienzan los casos correspondientes a masas benignas:

```

elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 1 0 0 1 0])== 1 % 28 registros
... 'massARCHITECTURAL_DISTORTIONBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 2 0 0 1 0])== 1 % 2 registros
... 'massASYMMETRIC_BREAST_TISSUEBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 3 0 0 1 0])== 1 % 7 registros
... 'massFOCAL_ASYMMETRIC_DENSITYBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 4 0 0 1 0])== 1 % 81 registros
... 'massIRREGULARBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 5 0 0 1 0])== 1 % 3 registros
... 'massIRREGULAR-ARCHITECTURAL_DISTORTIONBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 6 0 0 1 0])== 1 % 1 registros
... 'massIRREGULAR-ASYMMETRIC_BREAST_TISSUEBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 7 0 0 1 0])== 1 % 2 registros
... 'massIRREGULAR-FOCAL_ASYMMETRIC_DENSITYBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 8 0 0 1 0])== 1 % 246 registros
... 'massLOBULATEDBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 9 0 0 1 0])== 1 % 2 registros
... 'massLOBULATED-IRREGULARBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 10 0 0 1 0])== 1 % 1 registros
... 'massLOBULATED-OVALBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 11 0 0 1 0])== 1 % 1 registros
... 'massLYMPH_NODEBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDMS,[1 0 12 0 0 1 0])== 1 % 2 registros

```

```

... 'massN\ABENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 13 0 0 1 0])== 1 % 286 registros
... 'massOVALBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 14 0 0 1 0])== 1 % 1 registros
... 'massOVAL-LOBULATEDBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 15 0 0 1 0])== 1 % 104 registros
... 'massROUNDBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 16 0 0 1 0])== 1 % 1 registros
... 'massROUND-LOBULATEDBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 17 0 0 1 0])== 1 % 3 registros
... 'massROUND-OVALBENIGN')==1...

```

Y para las masas malignas:

```

elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 1 0 0 0 1])== 1 % 61 registros
... 'massARCHITECTURAL_DISTORTIONMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 2 0 0 0 1])== 1 % 8 registros
... 'massASYMMETRIC_BREAST_TISSUEMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 3 0 0 0 1])== 1 % 7 registros
... 'massFOCAL_ASYMMETRIC_DENSITYMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 4 0 0 0 1])== 1 % 371 registros
... 'massIRREGULARMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 5 0 0 0 1])== 1 % 49 registros
... 'massIRREGULAR-ARCHITECTURAL_DISTORTIONMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 6 0 0 0 1])== 1 % 126 registros
... 'massLOBULATEDMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 7 0 0 0 1])== 1 % 2 registros
... 'massLOBULATED-ARCHITECTURAL_DISTORTIONMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 8 0 0 0 1])== 1 % 4 registros
... 'massLOBULATED-IRREGULARMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 9 0 0 0 1])== 1 % 2 registros
... 'massN\AMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 10 0 0 0 1])== 1 % 104 registros
... 'massOVALMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 11 0 0 0 1])== 1 % 49 registros

```

```

... 'massROUNDMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[1 0 12 0 0 0 1])== 1 % 1 registros
... 'massROUND-IRREGULAR-ARCHITECTURAL_DISTORTIONMALIGNANT')==1...

```

Los tipos de calcificación benigna sin rellamada consultables son:

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 1 1 0 0])== 1 % 36 registros
... 'calcificationCOARSEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 2 1 0 0])== 1 % 6 registros
... 'calcificationCOARSE-LUCENT_CENTERBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 3 1 0 0])== 1 % 2 registros
... 'calcificationCOARSE-PLEOMORPHICBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 4 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationCOARSE-
    ROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 5 1 0 0])== 1 % 10 registros
... 'calcificationCOARSE-ROUND_AND_REGULAR-
    LUCENT_CENTERBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 6 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationCOARSE-ROUND_AND_REGULAR-
    LUCENT_CENTEREDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 7 1 0 0])== 1 % 8 registros
... 'calcificationDYSTROPHICBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 8 1 0 0])== 1 % 13 registros
... 'calcificationEGGSHELLBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 9 1 0 0])== 1 % 5 registros
... 'calcificationFINE_LINEAR_BRANCHINGBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 10 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationLARGE_RODLIKEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 11 1 0 0])== 1 % 11 registros
... 'calcificationLARGE_RODLIKE-
    ROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 12 1 0 0])== 1 % 110 registros
... 'calcificationLUCENT_CENTERBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...

```

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 13 1 0 0])== 1 % 17 registros
    ...'calcificationLUCENT_CENTEREDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 14 1 0 0])== 1 % 8 registros
    ...'calcificationLUCENT_CENTER-PUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 15 1 0 0])== 1 % 20 registros
    ...'calcificationN\ABENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 16 1 0 0])== 1 % 8 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHICBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 17 1 0 0])== 1 % 34 registros
    ...'calcificationPUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 18 1 0 0])== 1 % 3 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-LUCENT_CENTERBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 19 1 0 0])== 1 % 4 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-
        ROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 20 1 0 0])== 1 % 17 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 21 1 0 0])== 1 % 23 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-
        EGGSHELLBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 22 1 0 0])== 1 % 31 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-
        LUCENT_CENTERBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 23 1 0 0])== 1 % 2 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER-
        DYSTROPHICBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 24 1 0 0])== 1 % 14 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-
        LUCENT_CENTEREDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 25 1 0 0])== 1 % 24 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER-
        PUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 26 1 0 0])== 1 % 4 registros

```

```

... 'calcificationROUND_AND_REGULAR-
      PUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 27 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationSKINBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 28 1 0 0])== 1 % 1 registros
... 'calcificationSKIN-COARSE-
      ROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 29 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationSKIN-PUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 30 1 0 0])== 1 % 4 registros
... 'calcificationSKIN-PUNCTATE-
      ROUND_AND_REGULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 31 1 0 0])== 1 % 90 registros
... 'calcificationVASCULARBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 32 1 0 0])== 1 % 6 registros
... 'calcificationVASCULAR-COARSEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 33 1 0 0])== 1 % 8 registros
... 'calcificationVASCULAR-COARSE-
      LUCENT_CENTEREDBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 34 1 0 0])== 1 % 2 registros
... 'calcificationVASCULAR-COARSE-LUCENT_CENTER-ROUND_AND_REGULAR-
      PUNCTATEBENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1

```

Los tipos de calcificación benigna consultables son:

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 1 0 1 0])== 1 % 116 registros
... 'calcificationAMORPHOUSBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 2 0 1 0])== 1 % 6 registros
... 'calcificationAMORPHOUS-PLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 3 0 1 0])== 1 % 3 registros
... 'calcificationCOARSEBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 4 0 1 0])== 1 % 2 registros
... 'calcificationCOARSE-PLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 5 0 1 0])== 1 % 12 registros
... 'calcificationDYSTROPHICBENIGN')==1...

```

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 6 0 1 0])== 1 % 18 registros
    ...'calcificationFINE_LINEAR_BRANCHINGBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 7 0 1 0])== 1 % 1 registros
    ...'calcificationLUCENT_CENTEREDBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 8 0 1 0])== 1 % 2 registros
    ...'calcificationMILK_OF_CALCIUMBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 9 0 1 0])== 1 % 1 registros
    ...'calcificationN\ABENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 10 0 1 0])== 1 % 378 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 11 0 1 0])== 1 % 1 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHIC-AMORPHOUSBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 12 0 1 0])== 1 % 3 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHIC-FINE_LINEAR_BRANCHINGBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 13 0 1 0])== 1 % 1 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHIC-PLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 14 0 1 0])== 1 % 67 registros
    ...'calcificationPUNCTATEBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 15 0 1 0])== 1 % 12 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-AMORPHOUSBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 16 0 1 0])== 1 % 17 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-PLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 17 0 1 0])== 1 % 7 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULARBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 18 0 1 0])== 1 % 1 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-AMORPHOUSBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 19 0 1 0])== 1 % 8 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-PLEOMORPHICBENIGN')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 20 0 1 0])== 1 % 2 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-PUNCTATE-AMORPHOUSBENIGN')==1...

```

Y por último, las calcificaciones malignas:

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 1 0 0 1])== 1 % 65 registros
    ...'calcificationAMORPHOUSMALIGNANT')==1...

```

```

elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 2 0 0 1])== 1 % 10 registros
    ...'calcificationAMORPHOUS-PLEOMORPHICMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 3 0 0 1])== 1 % 3 registros
    ...'calcificationAMORPHOUS-ROUND_AND_REGULARMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 4 0 0 1])== 1 % 79 registros
    ...'calcificationFINE_LINEAR_BRANCHINGMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 5 0 0 1])== 1 % 3 registros
    ...'calcificationN\AMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 6 0 0 1])== 1 % 427 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHICMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 7 0 0 1])== 1 % 28 registros
    ...'calcificationPLEOMORPHIC-FINE_LINEAR_BRANCHINGMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 8 0 0 1])== 1 % 31 registros
    ...'calcificationPUNCTATEMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 9 0 0 1])== 1 % 4 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-AMORPHOUS-PLEOMORPHICMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 10 0 0 1])== 1 % 6 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-FINE_LINEAR_BRANCHINGMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 11 0 0 1])== 1 % 13 registros
    ...'calcificationPUNCTATE-PLEOMORPHICMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 12 0 0 1])== 1 % 3 registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULARMALIGNANT')==1...
elseif isequal(vector_DDSM,[0 1 0 13 0 0 1])== 1 % registros
    ...'calcificationROUND_AND_REGULAR-PUNCTATEMALIGNANT')==1...

```

Mediante la siguiente instrucción se almacena la ruta a la carpeta (incluyendo el nombre de archivo) donde se almacena cada mamografía. La variable *cargar_indices* permite seleccionar del listado completo de nombres, los de aquellas mamografías que concuerdan con la selección.

Se separa la cadena de texto para almacenar el primer elemento de la partición (*muestra_DDSM*):

```

[num3,txt3,row3]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM','L2:L3569');
muestra_DDSM = txt3(cargar_indices);
for i=1:1:length(muestra_DDSM)
    aux=strsplit(char(muestra_DDSM(i)),'\');
    muestra_DDSM(i)=aux(1);

```

```
end
```

Se muestra en pantalla el listado de casos seleccionados:

```
set(titulo_seleccionado_DDMS,'Visible','on')
muestra_DDMS_unica=unique(muestra_DDMS,'stable');
set(seleccionado_DDMS,'Value',[],'Max',3,'Min',1)
set(seleccionado_DDMS,'String',muestra_DDMS_unica,'Visible','on')
seleccionado_DDMS_Callback(seleccionado_DDMS,cargar_indices)
```

Se generan las variables globales para su uso:

```
setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);
setappdata(0,'cargar_muestra_DDMS',muestra_DDMS);
setappdata(0,'cargar_muestra_DDMS_unica',muestra_DDMS_unica);
```

Y se muestran los botones de *Importar imágenes* y *Mostrar información*:

```
set(boton_info,'Visible','on')
set(boton_importar,'Visible','on')
end %Cierra el bucle que comprueba si hay texto en ventana de Tipo/Forma
```

5.4.9.5. Base de datos CSAW-S

Si la opción marcada por el usuario en el panel de selección de bases de datos es la sexta:

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 0 1])== 1
```

Para que aparezca error en caso de que el usuario pulse el botón de *Mostrar Información* sin haber cargado un caso anticipadamente:

```
setappdata(0,'estado_carga','nada')
```

Se almacena el listado de los casos de la base de datos a partir del nombre de las carpetas que contiene las imágenes:

```
carpetasCSAWS=dir('C:\JORCAD\CSAWS');
for i=3:1:length(carpetasCSAWS)
    casosCSAWS{i-2}=carpetasCSAWS(i).name;
end
setappdata(0,'carpetas_CSAWS',casosCSAWS)
```

Se obtiene el tipo de proyección seleccionada por el usuario y se seleccionan todos aquellos casos que pertenecen a esa categoría, ya sea 'CC' o bien 'LO':

```
vector_CSAWS=[get(tipo_diagCSAWS1,'Value'),get(tipo_diagCSAWS2,'Value')]
j=1;
if isequal(vector_CSAWS,[1 0])
    for i=1:1:length(casosCSAWS)
        if isequal(casosCSAWS{i}(end-1:end),'CC')
            cargar_indices{j}=i;
            j=j+1;
        end
    end
elseif isequal(vector_CSAWS,[0 1])
    for i=1:1:length(casosCSAWS)
        if isequal(casosCSAWS{i}(end-1:end),'LO')
            cargar_indices{j}=i;
            j=j+1;
        end
    end
end
end
```

Tras convertir el listado de índices en un vector numérico, se almacenan sus nombres en la variable *muestra_CSAWS*:

```
cargar_indices = cell2mat(cargar_indices);
muestra_CSAWS = casosCSAWS(cargar_indices);
```

Se hacen visibles el encabezado y la pantalla de selección de casos CSAWS, estableciendo su contenido textual

```
set(titulo_seleccionado_CSAWS,'Visible','on')
set(seleccionado_CSAWS,'Value',[],'Max',3,'Min',1)
set(seleccionado_CSAWS,'String',muestra_CSAWS);
set(seleccionado_CSAWS,'Visible','on')
setappdata(0,'cargar_indicesvalue',cargar_indices);
seleccionado_DDSM_Callback(seleccionado_CSAWS,cargar_indices);
```

Se cambia la visibilidad de los botones de *Importar imágenes* y *Mostrar Información*:

```
set(boton_importar,'Visible','on')
```

```

        set(boton_info, 'Visible', 'on')
    end
end

```

5.4.10. Pantallas de selección de casos

5.4.10.1. Pantalla *LIDC-IDRI*

La pantalla de presentación de casos seleccionables *LIDC-IDRI* está situada entre los menús de selección del tipo de caso y la ventana de presentación de imágenes. Muestra el listado de casos que cumplen los criterios de clasificación seleccionados por el usuario tras pulsar el botón *Cargar casos disponibles*. Existe la posibilidad de que no exista ningún caso para la combinación elegida, en cuyo caso se informa indicando: “NO HAY CASOS DISPONIBLES DE ESE TIPO”.

El control asociado a esta pantalla es de tipo *listbox*, al contener un listado de casos y dispone de una función de llamada:

```

titulo_seleccionado_LIDC=icontrol('Style','text',...
    'String','CASOS SELECCIONABLES LIDC-IDRI','FontName','Calibri',...
    'FontSize',7,'FontWeight','bold','Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .69 .18 .05],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

seleccionado_LIDC=icontrol('Style','Listbox','String','',...
    'FontName','Calibri','FontSize',1.1,...
    'Fontunits','normalized','HorizontalAlignment','center',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .40 .18 .30],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@seleccionado_LIDC_Callback})

```

La función de llamada *seleccionado_LIDC_Callback* almacena el caso seleccionado por el usuario en cada momento y limpia la ventana de información en caso de que esta aparezca en la pantalla y contenga datos de otro paciente diferente:

```

function seleccionado_LIDC_Callback(caso_LIDC,entrada)
    cla
    set(informacion_caso,'String','')
    indice_selec = get(seleccionado_LIDC,'Value');
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');

```

end

A la derecha de esta pantalla, y tras pulsar el botón *Cargar casos disponibles*, aparecen dos nuevos botones: “*Importar imágenes*” y “*Mostrar información*”, fundamentales para comenzar a trabajar con las imágenes, y cuyas funciones se describen en próximos apartados. En la Figura 142 puede observarse el listado de casos seleccionables para el tipo y método de diagnóstico marcados.

TIPO DE DIAGNÓSTICO

0: Desconocido

1: Enfermedad benigna o no-maligna

2: Maligna o cáncer de pulmón primario

3: Maligna metastásica

MÉTODO DE DIAGNÓSTICO

0: Desconocido

1: Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años

2: Biopsia

3: Resección quirúrgica

4: Progresión o respuesta

DIAGNÓSTICO NO DISPONIBLE

Caso no diagnosticado

Cargar casos disponibles

CASOS SELECCIONABLES LIDC-IDRI

- LIDC-IDRI-0138
- LIDC-IDRI-0163
- LIDC-IDRI-0166
- LIDC-IDRI-0186
- LIDC-IDRI-0191
- LIDC-IDRI-0203**
- LIDC-IDRI-0211
- LIDC-IDRI-0242
- LIDC-IDRI-0265
- LIDC-IDRI-0271
- LIDC-IDRI-0314
- LIDC-IDRI-0325
- LIDC-IDRI-0454
- LIDC-IDRI-0470

Importar imágenes

Mostrar información

Figura 142. Ventana de casos seleccionables LIDC-IDRI

5.4.10.2. Pantalla *Otras bases de datos de TC de tórax*

EL funcionamiento de la pantalla de selección de casos es similar al visto anteriormente. El título informa de la procedencia de los casos y se modifica en función de la base de datos activa.

```
titulo_seleccionado_OTROS_TC=uicontrol('Style','text',...  
    'String','CASOS SELECCIONABLES TC','FontName','Calibri',...  
    'FontWeight','bold','Fontunits','normalized','FontSize',0.5,...  
    'Units','normalized','Position',[.25 .69 .18 .05],...  
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

Se define un control de tipo *Listbox* cuyo contenido está inicialmente en blanco, estableciendo el valor de la variable *estado_carga* en *nada*. Esta pantalla permanece latente hasta que el usuario completa las opciones de selección del caso y pulsa el botón *Cargar caso*:

```

seleccionado_OTROS_TC=uicontrol('Style','Listbox','String','',...
    'FontName','Calibri','FontSize',1,...
    'Fontunits','normalized','HorizontalAlignment','center',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .40 .18 .30],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@seleccionado_OTROS_TC_Callback})
function seleccionado_OTROS_TC_Callback(caso_OTROS_TC,entrada)
    cla
    set(informacion_caso,'String','')
    setappdata(0,'estado_carga','nada')
    indice_selec = get(seleccionado_OTROS_TC,'Value');
    entrada=getappdata(0,'indicevalue');
end

```

En la Figura 143 se muestran dos ejemplos de listados de casos seleccionables para las bases de datos *Lung-PET-CT-Dx* (parte izquierda) y *SPIE-AAPM-Lung CT Challenge*:

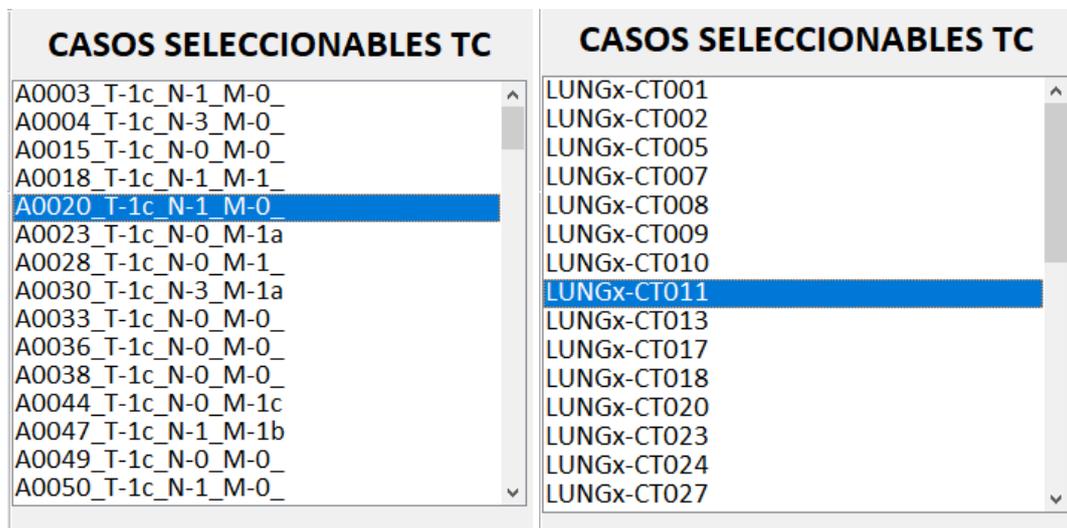


Figura 143. Ejemplos de ventanas de casos seleccionables para las bases de datos *Lung-PET-CT-Diagnosis* (izquierda) y *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* (derecha)

5.4.10.3. Pantalla *BCDR*

De estructura análoga a la anterior, contiene el control *seleccionado_BCDR*:

```
titulo_seleccionado_BCDR=uicontrol('Style','text',...
    'String','CASOS SELECCIONABLES BCDR','FontName','Calibri',...
    'FontWeight','bold','Fontunits','normalized','FontSize',0.5,...
    'Units','normalized','Position',[.25 .69 .18 .05],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

seleccionado_BCDR=uicontrol('Style','Listbox','String','',...
    'FontName','Calibri','FontSize',1,...
    'Fontunits','normalized','HorizontalAlignment','center',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .40 .18 .30],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@seleccionado_BCDR_Callback})
```

La función de llamada oculta el texto que informa del proceso de carga del TC.

```
function seleccionado_BCDR_Callback(caso_BCDR,entrada)
    cla
    setappdata(0,'estado_carga','nada')
    set(informacion_caso,'String','')
    indice_selec = get(seleccionado_BCDR,'Value');
    entrada=getappdata(0,'indicevalue');
    set(textoinfo_TC,'Visible','off')
end
```

En la Figura 144 se puede observar cómo la pantalla de casos seleccionables presenta un listado de posibles opciones, que pueden visualizarse con ayuda de la barra de desplazamiento situada en la parte derecha.

TIPO DE DIAGNÓSTICO

Lesión benigna

Lesión maligna

TIPO DE LESIÓN

Nódulo

Calcificación

Microcalcificación

Nódulo + Calcificación

Nódulo + Microcalcificación

Calcificación + Microcalcificación

Otros casos

Características adicionales

Solamente Nódulo+Calcificación

+ Distorsión arquitectura

+ Distorsión estroma

+ Distorsión arquitectura y Distorsión estroma

Cargar casos disponibles

CASOS SELECCIONABLES BCDR

patient_4\study_8\img_4_8_1_LO.tif

patient_4\study_8\img_4_8_1_LCC.tif

patient_5\study_9\img_5_9_1_RCC.tif

patient_5\study_9\img_5_9_1_RO.tif

patient_5\study_10\img_5_10_1_RCC.tif

patient_5\study_10\img_5_10_1_RO.tif

patient_16\study_24\img_16_24_1_LO.tif

patient_16\study_24\img_16_24_1_LCC.tif

patient_18\study_28\img_18_28_1_LCC.tif

patient_18\study_28\img_18_28_1_LO.tif

patient_20\study_30\img_20_30_1_RO.tif

patient_20\study_30\img_20_30_1_RCC.tif

patient_20\study_30\img_20_30_1_RCC.tif

patient_20\study_30\img_20_30_1_RO.tif

patient_46\study_65\img_46_65_1_LCC.tif

patient_46\study_65\img_46_65_1_LO.tif

Importar imágenes

Mostrar información

Figura 144. Ejemplo de selección de tipo y diagnóstico de lesión para BCDR y pantalla de casos seleccionables con múltiples opciones para el usuario

5.4.10.4. Pantalla **CBIS-DDSM**

El código que muestra el listado de casos seleccionables para la base de datos **CBIS-DDSM** incluye el título, el control de tipo listado o *listbox* que presenta los nombres de los casos y la función de llamada que almacena el caso seleccionado por el usuario (variable *entrada*).

```

titulo_seleccionado_DDMS=uicontrol('Style','text',...
    'String','CASOS SELECCIONABLES DDSM','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',0.5,'FontWeight','bold',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .69 .18 .05],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

seleccionado_DDMS=uicontrol('Style','Listbox','String','',...
    'FontName','Calibri','FontSize',1,...
    'Fontunits','normalized','HorizontalAlignment','center',...
    'Units','normalized','Position',[.25 .40 .18 .30],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off',...

```

```

'Callback',{@seleccionado_DDSM_Callback})

function seleccionado_DDSM_Callback(seleccionado_DDSM,entrada)

    cla

    setappdata(0,'estado_carga','nada')

    set(informacion_caso,'String','')

    indice_selec = get(seleccionado_DDSM,'Value');

    entrada=getappdata(0,'indicevalue');

end

```

La pantalla de casos seleccionables *CBIS-DDSM* de la Figura 145 corresponde a una lesión de tipo masa y diagnóstico maligno, con características de *Tipo/Forma* lobulada. El caso seleccionado se encuentra sombreado en color azul, estando preparado para importar sus imágenes mediante el botón de *Importar imágenes*.

The screenshot displays a software interface for selecting cases from the CBIS-DDSM database. On the left, there are filter sections: 'TIPO DE LESIÓN' with 'Masa' checked, 'TIPO DE DIAGNÓSTICO' with 'Maligno' checked, and 'Características' with 'Tipo/Forma' set to 'Lobulada'. A list of cases is shown on the right, with 'Mass-Training_P_00254_LEFT_CC' highlighted in blue. Two buttons, 'Importar imágenes' and 'Mostrar información', are located to the right of the case list. A 'Cargar casos disponibles' button is at the bottom left.

Figura 145. Ejemplo de pantalla de casos seleccionables para la base de datos CBIS-DDSM

5.4.10.5. Pantalla CSAW-S

Para mostrar el listado de casos seleccionables correspondiente a la base de datos CSAW-S se utilizan las siguientes instrucciones:

```

titulo_seleccionado_CSAS=uicontrol('Style','text',...

```

```

'String','CASOS SELECCIONABLES CSAWS','FontName','Calibri',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.45,'FontWeight','bold',...
'Units','normalized','Position',[.25 .69 .18 .05],...
'HandleVisibility','on','Visible','off');

seleccionado_CSAWS=uicontrol('Style','Listbox','String','',...
'FontName','Calibri','HorizontalAlignment','center',...
'Fontunits','normalized','FontSize',0.08,...
'Units','normalized','Position',[.25 .42 .18 .27],...
'HandleVisibility','on','Visible','off',...
'Callback',{@seleccionado_CSAWS_Callback});

```

La función de llamada permite almacenar el caso seleccionado por el usuario en la variable entrada. Se incluyen instrucciones para que cada vez que se seleccione un paciente diferente se limpie la ventana de imágenes y la de información.

```

function seleccionado_CSAWS_Callback(seleccionado_CSAWS,entrada)

cla

setappdata(0,'estado_carga','nada')

set(informacion_caso,'String','')

indice_selec = get(seleccionado_CSAWS,'Value');

entrada=getappdata(0,'indicevalue');

end

```

Listado de casos disponibles para proyecciones cráneo-caudales de la base de datos CSAW-S (Figura 146):

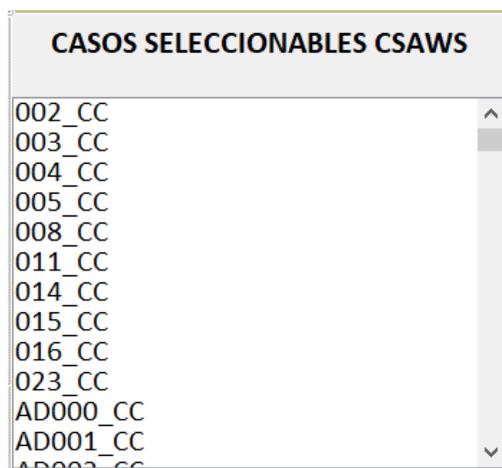


Figura 146. Ejemplo de pantalla de casos seleccionables para la base de datos CSAW-S

5.4.11. Botón *Importar imágenes*

Permite leer y guardar la imagen o conjunto de ellas (en el caso del TC) seleccionadas por el usuario en la pantalla de la base de datos correspondiente. Su función de llamada

```
boton_importar = uicontrol ('Style', 'pushbutton', ...
    'String', '<html><center> Importar <br /> imágenes<center>', ...
    'Units', 'normalized', 'Position', [0.435 0.56 0.07 0.1], ...
    'BackgroundColor', [1 1 .60], 'Fontunits', 'normalized', ...
    'FontName', 'Calibri', 'FontSize', 1, ...
    'HandleVisibility', 'on', 'Visible', 'off', ...
    'Callback', {@boton_importar_Callback});
```

Su función de llamada hace que no existan números y marcas de graduación en los ejes que sirven de lienzo y el fondo sea de color negro:

```
function indice_IMPORTAR=boton_importar_Callback(hObject, eventdata, handles)
    ax1=axes('Position', [0.51,0.072,0.47,0.905], 'XTick', [], ...
        'YTick', [], 'XTickLabel', [], 'YTickLabel', [], 'Color', [0 0 0])
```

La variable *vector_tipo_estudio* obtiene la base de datos activa y ejecuta un conjunto de operaciones dependientes de ella. Una base de datos nunca deja de estar seleccionada hasta que el usuario lo decida, al ser utilizada en diferentes funciones del código de JORCAD.

```
vector_tipo_estudio=[get(no_tipo_estudio, 'Value'), get(tc, 'Value'), ...
    get(tc2, 'Value'), get(mgBCDR, 'Value') ...
    get(mgDDSM, 'Value'), get(CSAWS, 'Value')];
```

5.4.11.1. Base de datos *LIDC-IDRI*

En este caso, tras cargar los casos mostrados en la *listbox* llamada *seleccionado_LIDC*, se obtiene el número de orden del elemento seleccionado:

```
if isequal(vector_tipo_estudio, [0 1 0 0 0 0]) == 1
    entrada=getappdata(0, 'cargar_indicesvalue');
    indice_selec = get(seleccionado_LIDC, 'Value');
```

Se cargan los datos del paciente seleccionado:

```
paciente_informacion=getappdata(0, 'paciente_informacion')
```

Se leen los datos que se encuentran en la pestaña *LIDC* de la hoja *DatosGUI*.

```
[num,txt,datos_LIDC]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LIDC','A2:H158');
```

A partir de los valores de *entrada* e *indice_selec*, se construye la ruta de acceso a la serie de imágenes:

```
ruta_base=strcat('D:\JORCAD\LIDC\TCs\',entrada(indice_selec,:));  
ruta_base=char(ruta_base);  
carpetas=dir(ruta_base);
```

Para que el usuario pueda monitorizar el proceso de importación y conozca el tiempo restante para que finalice, se muestra en pantalla *textoinfo_TC*:

```
set(textoinfo_TC,'Visible','on','String','Importando...')  
drawnow
```

Dentro de la ruta de un caso puede haber varias carpetas que contengan imágenes. Se obtiene el número de archivos que hay en cada una de ellas, para que en caso de existir varias se seleccione la correspondiente a los cortes de TC. En las otras carpetas se incluyen imágenes de radiología simple.

```
for i=3:1:size(carpetas,1)  
    cp=dir(strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(i).name))  
    directorio{j}=cp(3).name;  
    j=j+1;  
end  
for i=1:1:size(directorio,2)  
    out(i)=size(dir([strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(2+i).name,...  
        '\ ',char(directorio(i)),'\ *.dcm']),1);  
end  
if size(directorio,2)>1  
    if out(1)>out(2)  
ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(3).name,'\ ',char(directorio(1)));  
        else  
ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(4).name,'\ ',char(directorio(2)));  
        end  
elseif size(directorio,2)==1  
ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(3).name,'\ ',char(directorio(1)));  
end
```

Una vez conocida la ruta definitiva donde están alojadas los cortes en formato DICOM (*ruta_final*), de su cabecera de información se extrae el orden que ocupa cada una de ellas. El número de imagen que proporciona la base de datos *LIDC-IDRI* no se corresponde con el orden que ocupa la imagen en la secuencia. Este dato está almacenado en la etiqueta *InstanceNumber*:

```
for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))
    imagenes=dir([ruta_final,'/*.dcm']);
    cabecera{:, :, i}=dicominfo(strcat(ruta_final, '/', imagenes(i).name));
    orden_imagen(i)=cabecera{:, :, i}.InstanceNumber;
end
```

En el siguiente bucle se reordena la secuencia de imágenes para orientarlas en dirección craneocaudal, teniendo en cuenta que la primera imagen de una serie determinada no tiene por qué estar identificada con el número de orden 1. Una vez reordenadas, se lee cada imagen DICOM mediante la función *dicomread*. A mitad del proceso, se informa al usuario.

```
for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))
    orden_inverso(i)=size(dir([ruta_final,'/*.dcm']),1)+ ...
        min(orden_imagen)-orden_imagen(i);
    if i==floor(size(dir([ruta_final,'/*.dcm']),1)/2)
        set(textinfo_TC, 'String', 'Mitad del proceso')
        drawnow
    end
    imagen{:, :, orden_inverso(i)}=dicomread(strcat(ruta_final, '/', ...
        imagenes(i).name));
end
```

Es necesario realizar una conversión de los valores de píxel de las imágenes para que sean presentadas en la escala de UH correcta. Para ello se extraen de la cabecera la pendiente y la ordenada en el origen de la recta de conversión (*RescaleSlope* y *RescaleIntercept*):

```
for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))
    if isfield(cabecera{:, :, i}, 'RescaleSlope')==0 &&...
        isfield(cabecera{:, :, i}, 'RescaleIntercept')==0
        imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})*cabecera{:, :, i}.RescaleSlope+...
            cabecera{:, :, 1}.RescaleIntercept;
    else
        imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})-1024;
    end
end
```

Se ordenan los nombres de los archivos según el orden obtenido para las imágenes:

```
nombre=char(imagenes.name);  
for i=1:1:size(nombre,1)  
    nombre_ordenado(i,:)=nombre(find(orden_inverso==i),:);  
end
```

Cuando las imágenes han sido importadas, se hacen visibles un conjunto de variables para el resto del programa: *imagen* para la función *barra_Callback*, *ruta_final*, *tipo_TC* y *nombre_ordenado* para el módulo CAD basado en redes neuronales, *ruta_base* para la función *presentación*, y se cambia el valor de *estado_carga*

```
setappdata(0,'imagenes_LIDC',imagen);  
setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_final);  
setappdata(0,'cargar_nombre_ordenado',nombre_ordenado);  
tipo_TC='LIDC';  
setappdata(0,'tipo_TC',tipo_TC);  
setappdata(0,'cargar_ruta_base',ruta_base);  
clear axis  
setappdata(0,'estado_carga','TC_cargada')
```

Se hacen visibles una serie de controles para facilitar el manejo de la secuencia de imágenes: permiten consultar y modificar los valores del ancho y nivel de ventana, el corte seleccionado, así como una barra que permite desplazar en pasos de 1, 10 o valores arbitrarios la imagen mostrada.

```
set(nivel_texto_TC,'Visible','on')  
set(ancho_texto_TC,'Visible','on')  
set(nivel_valor_TC,'Visible','on')  
set(ancho_valor_TC,'Visible','on')  
set(corte_seleccionado,'Visible','on')  
set(barra,'Visible','on')
```

En la Figura 147 se muestra la presentación del corte central de un caso:

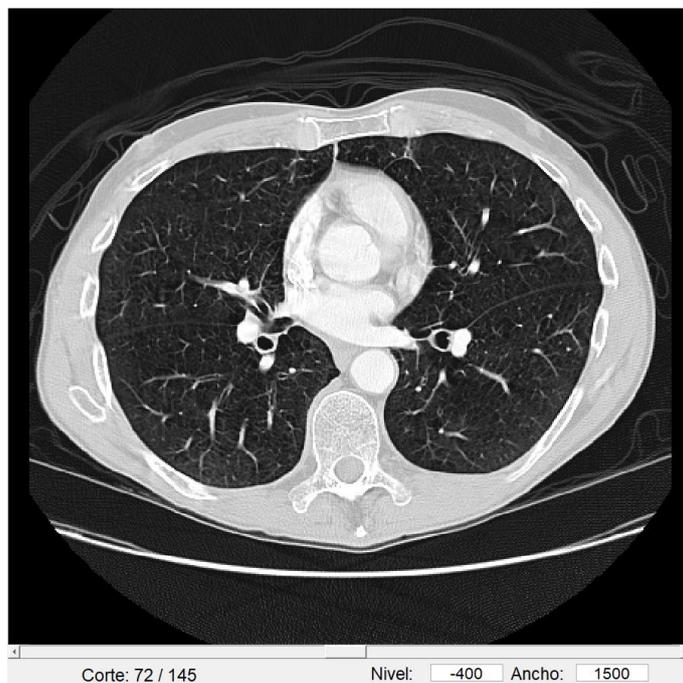


Figura 147. Vista del corte central de un estudio TC tras finalizar la importación

5.4.11.2. Contorneo de lesiones base de datos *LIDC-IDRI*

La lectura de los contornos de las segmentaciones se realiza junto con la tarea de importación de imágenes, aunque estos no se muestran inmediatamente sobre ellas. De esta forma, no se revela a los usuarios de la aplicación la localización de las lesiones sin permitirles examinar las imágenes y localizarlas previamente.

En primer lugar, se verifica si se ha importado un estudio de *LIDC-IDRI* y se cargan los datos que permitirán acceder a los *Ground Truths (GTs)* que contienen los contornos anotados y su localización en la secuencia de imágenes. Se incluye el caso de aquellos pacientes que disponen de dos TC en su *ruta_base*, aunque para la mayoría únicamente existe uno.

```

if strcmp(tipo_TC, 'LIDC')==1
    ruta_base=getappdata(0, 'cargar_ruta_base')
    nombre_ordenado=getappdata(0, 'cargar_nombre_ordenado');

    if isequal(ruta_base(end-2:end), '(1)') || ...
        isequal(ruta_base(end-2:end), '(2)')

        ruta_GTs=dir([strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', ...
                               ruta_base(end-7:end)), '/*.txt'])
    
```

```

fid=fopen(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', ...
                ruta_base(end-7:end), '\', ruta_GTs.name))
else ruta_GTs=dir([strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\',
                          ruta_base(end-3:end)), '/*.txt'])

fid=fopen(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', ...
                ruta_base(end-3:end), '\', ruta_GTs.name))

end

```

El archivo de texto con la localización de los *GTs* se lee línea a línea, identificando aquellas que contienen la palabra *slice*, que serán leídas. Su texto se formatea para encontrar el número de corte en cada caso. Se almacenan en la variable *imagen_GTs*. Entre las consideraciones realizadas se tiene en cuenta el caso de que existan más de 100 cortes con anotaciones (eliminando el guion y los espacios al final) y se suprimen los dos puntos.

```

tline = fgetl(fid);
j=1;
while ischar(tline)
    tline = fgetl(fid);
    if (length(tline)>5) &&(isequal(tline(1:5), 'slice')==1)
        linea{j}=tline(end-9:end);
        for m=1:1:size(nombre_ordenado,1)
            if strcmp(nombre_ordenado(m,:), linea{j})==1
                coincidencia=m;
            end
        end
        end
        j=j+1;
        corte_GTs{j-1}=tline(1:10);
        corte_GTs{j-1}=regexprep(corte_GTs{j-1}, '-', '');
        corte_GTs{j-1}=strtrim(corte_GTs{j-1});
        corte_GTs{j-1}=regexprep(corte_GTs{j-1}, ': ', '');
        imagen_GTs{j-1}=num2str(coincidencia);
    end
end

```

En la Figura 148 se puede observar en ejemplo de archivo que contiene datos de cortes con segmentaciones para un caso de *LIDC-IDRI*, del que la porción de código anterior extrae la información.

```

DICOM images found (slices are in order).
Original Data Path: G:\DATABASE_LIDC-IDRI\LIDC-IDRI-0001\1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.298806137288633453246975630178\1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.17904937363643870509720603192\
Study Instance UID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.298806137288633453246975630178
slice: 1 - z pos: -105.000000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.257699431144088065312137256223 - DICOM filename: 000025.dcm
slice: 2 - z pos: -107.500000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.281416679065036634264586513142 - DICOM filename: 000030.dcm
slice: 3 - z pos: -110.000000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.202709423777326615340853838834 - DICOM filename: 000104.dcm
slice: 4 - z pos: -112.500000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.26115123960269013402330853013 - DICOM filename: 000003.dcm
slice: 5 - z pos: -115.000000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.297813206491522913194774892711 - DICOM filename: 000041.dcm
slice: 6 - z pos: -117.500000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.824843590991776411530080688091 - DICOM filename: 000061.dcm
slice: 7 - z pos: -120.000000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.299410838455281419536742634793 - DICOM filename: 000080.dcm
slice: 8 - z pos: -122.500000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.499837844441581448374672853475 - DICOM filename: 000123.dcm
slice: 9 - z pos: -125.000000 - SOPInstanceUID: 1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.6279.6001.110383487652933113465768208719 - DICOM filename: 000071.dcm

```

Figura 148. Vista del archivo que contiene la localización de los cortes para los que existen contornos anotados: caso LIDC-IDRI-0001

Se comprueba la existencia de cortes anotados y se guarda para su uso posterior en otra parte del programa:

```

cortes_annotados=exist('imagen_GTS')

setappdata(0, 'existen_cortes_annotados', cortes_annotados);

```

A partir de la selección realizada en el panel de botones *LIDC-IDRI* se obtiene el número de orden del caso seleccionado para su posterior comparación con los nombres de carpeta, eliminando los caracteres en blanco al final del nombre para su uso posterior.

```

indice_selec = get(seleccionado_LIDC, 'Value');

entrada=getappdata(0, 'cargar_indicesvalue');

numero_LIDC=char(entrada(indice_selec,:));

numero_LIDC=strtrim(numero_LIDC);

```

En caso de que haya 2 TCs para un paciente dado, el número de caracteres que identifican el estudio de imagen es mayor que en el caso más habitual de existir un único TC:

```

if isequal(ruta_base(end-2:end), '(1)') || isequal(ruta_base(end-2:end), '(2)')

    numero_LIDC=numero_LIDC(end-7:end);

else

    numero_LIDC=numero_LIDC(end-3:end);

end

```

El índice *j* almacena el número de imágenes anotadas por radiólogos. En caso de que el número de cortes en los que haya correspondencia sea distinto de 0, se procede a la extracción de contornos para cada una de las imágenes anotadas, a partir de los *ground truths*.

El índice *k* indica el número de contornos que vamos a extraer para un corte dado, cuyo valor puede ser 1, 2, 3 o 4 (en función del número de especialistas en radiodiagnósticos). Su valor depende del número de imágenes *.tif* presentes en la carpeta de *GTs*.

La extracción de los contornos requiere conocer la ruta completa a los archivos y su nombre.

```

numero_cortes=j-1;

```

```

if numero_cortes~=0
for i=1:1:numero_cortes
    k=1;
    for j=1:1:size(dir([strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\',...
                        sprintf('%s',char(numero_LIDC)),'\',...
                        sprintf('%s',char(corte_GTS(i))),'\*.tif']),1)
        if isequal(ruta_base(end-2:end),'(1)')||...
            isequal(ruta_base(end-2:end),'(2)')
            GT(:,:,j,i)=imread(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\',...
                                       sprintf('%s',ruta_base(end-7:end)),'\',...
                                       sprintf('%s',char(corte_GTS(i))),'\',...
                                       sprintf('GT_id%d',j),'.tif'));
        else
            GT(:,:,j,i)=imread(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', ...
                                       sprintf('%s',ruta_base(end-3:end)),'\', ...
                                       sprintf('%s',char(corte_GTS(i))),'\', ...
                                       sprintf('GT_id%d',j),'.tif'));
        end
    end
end

```

En Figura 149 se pueden observar las segmentaciones correspondientes al corte 5 para el caso *LIDC-IDRI 0001*. Los cuatro radiólogos anotaron un nódulo de tamaño grande.

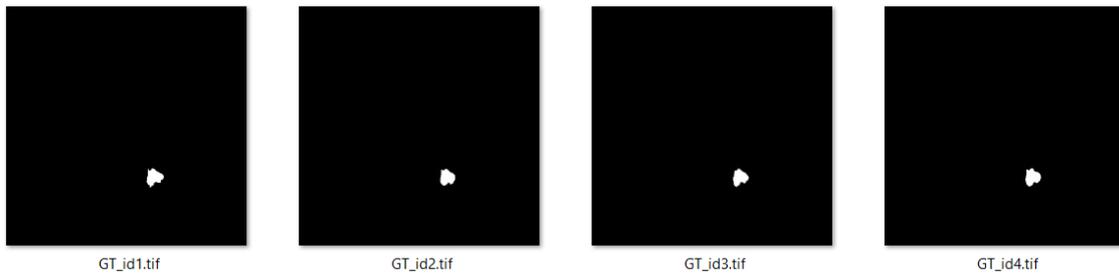


Figura 149. Ejemplos de GTs para el corte número 5 del caso LIDC-IDRI 0001.

En el caso del corte 9 (Figura 150) uno de los cuatro radiólogos no efectuó segmentaciones, siendo las áreas incluidas en las otras tres menores que las de la Figura 149:



Figura 150. Ejemplos de GTs para el corte número 9 del caso LIDC-IDRI 0001. Tres de los cuatro radiólogos realizaron anotaciones sobre esa imagen

Las imágenes que contienen la segmentación del nódulo son imágenes binarias. La extracción del contorno se realiza mediante la función *edge*, que devuelve una imagen binaria con valores de píxel 1 en los contornos de los nódulos. Se elige el método 'log', que encuentra los bordes buscando las intersecciones de los contornos con el valor 0 después de filtrar la imagen con un filtro Laplaciano.

```
img_borde(:, :, j, i) = edge(GT(:, :, j, i), 'log');
```

Para obtener las coordenadas x e y de los contornos, se buscan las coordenadas de los píxeles de valor unitario en la imagen *edge*. Se ordenan secuencialmente esos puntos para formar un contorno utilizando la función *boundary*, que contiene un vector de índices a la envolvente que engloba los puntos del contorno. Para evitar que haya elementos repetidos en el vector se utiliza la instrucción *unique*, con la opción 'stable' para mantener el orden del vector original.

```
[y_coord{i, k}, x_coord{i, k}] = find(img_borde(:, :, j, i) == 1);
contorno{i, k} = boundary(x_coord{i, k}, y_coord{i, k}, 0.1);
contorno{i, k} = unique(contorno{i, k}, 'stable');
contorno{i, k} = [contorno{i, k}; 1];

if size(x_coord{i, k}, 1) ~= 0
    x_coord{i, k} = [x_coord{i, k}' x_coord{i, k}(1)];
    y_coord{i, k} = [y_coord{i, k}' y_coord{i, k}(1)];

    x_coord{i, k} = x_coord{i, k}(contorno{i, k}');
    y_coord{i, k} = y_coord{i, k}(contorno{i, k}');

end

k = k + 1;

end

end
```

La función *barra_Callback* debe conocer los datos de los contornos para mostrarlos cuando el usuario de JORCAD pulse el botón de *Mostrar información* si la imagen mostrada está anotada. Tanto la imagen, como las coordenadas x e y de los contornos son almacenados en variables globales.

```
setappdata(0,'imagen_GTS_LIDC',imagen_GTS)
setappdata(0,'x_coord_LIDC',x_coord)
setappdata(0,'y_coord_LIDC',y_coord)
end %Cierra el if del número de cortes igual a 0
end %Cierra el if 'tipo_TC'='LIDC'
```

Para poder cotejar si el corte abierto es uno de los que dispone de contornos se obtiene el valor de la barra de navegación de cortes:

```
barra_objeto=handle(barra);
barra_prop=findprop(barra,'Value');
```

La función presentación, que se explicará más adelante, permite visualizar las imágenes radiológicas en la parte derecha de la imagen:

```
presentacion(imagen)
```

Una vez completada la tarea de importación de imágenes y obtención de los contornos, se muestra en pantalla el siguiente mensaje:

```
set(textoinfo_TC,'String','Completada')
drawnow
```

En la Figura 151 se muestran 3 ejemplos de segmentaciones cargadas en JORCAD correspondientes a 3 nódulos cuya anotación fue realizada por 3 o 4 radiólogos. Observar cómo al contorno de cada uno de ellos le corresponde un color diferente.

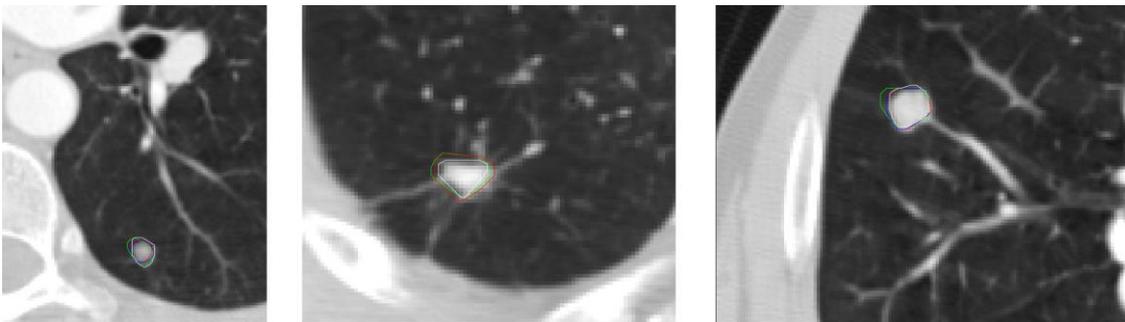


Figura 151. Ejemplos de 3 nódulos segmentados por 4 radiólogos (izquierda y derecha) o 3 (nódulo central)

En la Figura 152 se pueden observar otros 3 ejemplos, en este caso de nódulos de menor tamaño, visualizados en un número reducido de cortes, que fueron anotados por 1 o 2 expertos que revisaron la base de datos:

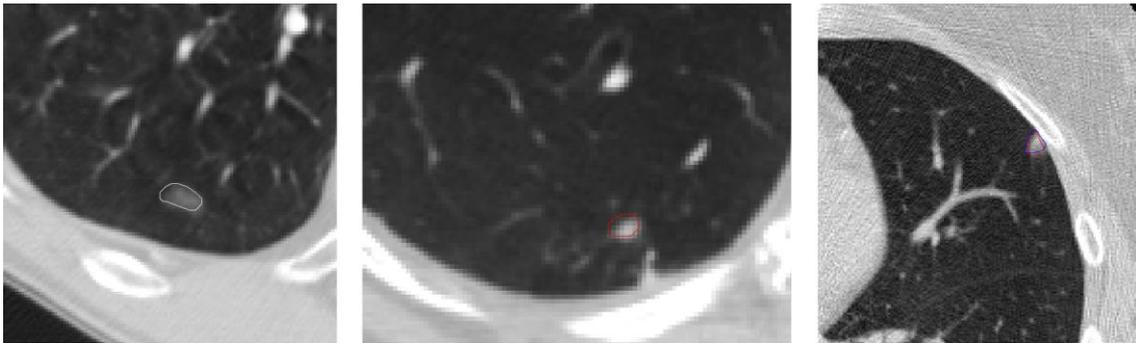


Figura 152. Ejemplos de 3 nódulos únicamente segmentados por 1 radiólogo (izquierda y central) o 2 (derecha)

5.4.11.3. Otras bases de datos de TC de tórax

Para esta selección se obtiene en primer lugar la base de datos de interés para proceder de diferente forma según cuál sea (*vector_OTROS_TC*). El caso activo se encuentra almacenado en *indice_selec*, y el listado de casos de la pantalla *Otras bases de datos de TC de tórax en entrada*:

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 1 0 0 0])== 1
    indice_selec = get(seleccionado_OTROS_TC,'Value');
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    vector_OTROS_TC=[get(SPIE_casoOTROS_TC,'Value',...
        get(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Value')]
```

Comenzamos con la base de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge*. Como las imágenes se encuentran en una ruta a la que se accede a través de 3 carpetas, se construye paso a paso la ruta completa con las siguientes instrucciones, hasta obtener los nombres de los archivos DICOM:

```
if vector_OTROS_TC==[1 0]
    [num,txt,row]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','SPIE');
    ruta_base=strcat('D:\JORCAD\SPIE\',...
        strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,1}),'\')
    nombre_1=dir(ruta_base);
    ruta_final=strcat(ruta_base,nombre_1(3).name,'\')
    nombre_2=dir(ruta_final);
    ruta_final=strcat(ruta_final,nombre_2(3).name)
    imagenes=dir([ruta_final,'/*.dcm']);
```

Comienza el proceso de importación de las imágenes. Se procede a su lectura secuencial, según el orden marcado por la etiqueta de la cabecera DICOM correspondiente al *InstanceNumber*.

```
set(textoinfo_TC,'Visible','on','String','Importando...')
drawnow
for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))
    cabecera{:, :, i}=dicominfo(strcat(ruta_final,'/', imagenes(i).name));
    orden_imagen(i)=cabecera{:, :, i}.InstanceNumber;
    imagen{:, :, orden_imagen(i)}=dicomread(strcat(ruta_final,'\',...
                                                    imagenes(i).name));
```

A mitad del proceso se muestra el correspondiente mensaje de información para el usuario:

```
if i==floor(size(dir([ruta_final,'/*.dcm']),1)/2)
    set(textoinfo_TC,'String','Mitad del proceso')
    drawnow
end
end
```

Se convierten las imágenes a la escala de UH correcta con la información contenida en la pendiente y ordenada en el origen de la escala de contraste:

```
for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))
    if isfield(cabecera{:, :, i}, 'RescaleSlope')==0 &&...
        isfield(cabecera{:, :, i}, 'RescaleIntercept')==0
        imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})*cabecera{:, :, i}.RescaleSlope+...
                            cabecera{:, :, 1}.RescaleIntercept;
    else
        imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})-1024;
    end
end
end
```

Se convierte la variable *nombre* a una de tipo cadena de texto

```
nombre=char(imagenes.name);
```

En esta base de datos, el orden las imágenes de los estudios no va desde 1 hasta un valor máximo, sino que hay secuencias que comienzan en otros dígitos. Además, algunas imágenes intermedias pueden faltar. Para tener esto en cuenta se incluye el siguiente bucle:

```
j=1;
```

```

for i=min(orden_imagen(:)):1:max(orden_imagen(:))
    if isempty(find(orden_imagen==i))==0
        nombre_ordenado(j,:)=nombre(find(orden_imagen==i),:);
        j=j+1;
    end
end
end

```

Procediendo de forma análoga al caso de *LIDC-IDRI* se hacen visibles las rutas e imágenes necesarias para las funciones *barra_Callback*, *presentacion* y el módulo CAD basado en redes neuronales, cambiando el valore de *estado_carga* el importar el TC:

```

setappdata(0,'imagenes_LIDC',imagen);
setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_final);
setappdata(0,'cargar_nombre_ordenado',nombre_ordenado);
setappdata(0,'cargar_ruta_base',ruta_base);
tipo_TC='LIDC';
setappdata(0,'tipo_TC',tipo_TC);
clear axis
setappdata(0,'estado_carga','TC_cargada')

```

Los controles que permiten modificar el ancho y nivel de ventana de visualización, la imagen seleccionada y la barra de desplazamiento se hacen visibles, y se presentan las imágenes en pantalla:

```

set(nivel_texto_TC,'Visible','on')
set(ancho_texto_TC,'Visible','on')
set(nivel_valor_TC,'Visible','on')
set(ancho_valor_TC,'Visible','on')
set(corte_seleccionado,'Visible','on')
set(barra,'Visible','on')
presentacion(imagen)

```

El proceso de importación de imágenes ha concluido, por lo que se muestra en pantalla el mensaje:

```

set(textoinfo_TC,'String','Completada')
drawnow

```

Para la base de datos *PET-CT Lung Diagnosis*, se comienza construyendo la ruta de acceso a las imágenes a partir de la información almacenada en la pestaña '*LUNG-DIAGNOSIS*' de la hoja *DatosGUI*. Se obtiene el nombre de todas las imágenes contenidas en la carpeta *ruta_final*:

```

elseif vector_OTROS_TC==[0 1]

[num,txt,row]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS');

ruta_base=strcat('D:\JORCAD\LUNG_DIAGNOSIS\Lung_Dx-',...
                strcat(trim(raw{entrada(indice_selec)+1,2}),'\')

nombre_1=dir(ruta_base)

ruta_final=strcat(ruta_base,nombre_1(3).name,'\')

imagenes=dir([ruta_final,'/*.dcm']);

```

Comienza el proceso de lectura de los cortes de TC, leyendo las cabeceras DICOM para obtener el orden de las imágenes y las matrices de valores de píxel.

```

set(textinfo_TC,'Visible','on','String','Importando...')

drawnow

for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))

cabecera{:, :, i}=dicominfo(strcat(ruta_final,'/',imagenes(i).name));

orden_imagen(i)=cabecera{:, :, i}.InstanceNumber;

imagen{:, :, orden_imagen(i)}=dicomread(strcat(ruta_final,...
                                                '\',imagenes(i).name));

```

A mitad del bucle se muestra el mensaje correspondiente:

```

if i==floor(size(dir([ruta_final,'/*.dcm']),1)/2)

set(textinfo_TC,'String','Mitad del proceso')

drawnow

end

end

```

Se convierten las imágenes leídas a la escala de UH correcta:

```

for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))

if isfield(cabecera{:, :, i},'RescaleSlope')==0 &&
    isfield(cabecera{:, :, i},'RescaleIntercept')==0

imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})*cabecera{:, :, i}.RescaleSlope+...
                  cabecera{:, :, i}.RescaleIntercept;

else

imagen{:, :, i}=double(imagen{:, :, i})-1024;

end

end

```

Se ordenan los nombres de los archivos de acuerdo al orden de las imágenes establecido por el valor de la etiqueta *InstanceNumber*:

```
nombre=char(imagenes.name);  
  
j=1;  
  
for i=min(orden_imagen(:)):1:max(orden_imagen(:))  
    nombre_ordenado(j,:)=nombre(find(orden_imagen==i),:);  
    j=j+1;  
  
end
```

Se hacen visibles las imágenes para la función *barra_Callback*, así como todos aquellos datos necesarios para el módulo de redes neuronales y la función *presentacion*:

```
setappdata(0,'imagenes_LIDC',imagen);  
  
setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_final);  
  
setappdata(0,'cargar_nombre_ordenado',nombre_ordenado);  
  
setappdata(0,'cargar_ruta_base',ruta_base);  
  
tipo_TC='LIDC';  
  
setappdata(0,'tipo_TC',tipo_TC);  
  
clear axis  
  
setappdata(0,'estado_carga','TC_cargada')
```

Los controles que permiten modificar el ancho y nivel de ventana de visualización, la imagen seleccionada y la barra de desplazamiento, se hacen visibles, y se presentan las imágenes en pantalla:

```
set(nivel_texto_TC,'Visible','on')  
  
set(ancho_texto_TC,'Visible','on')  
  
set(nivel_valor_TC,'Visible','on')  
  
set(ancho_valor_TC,'Visible','on')  
  
set(corte_seleccionado,'Visible','on')  
  
set(barra,'Visible','on')
```

Debido a la forma de presentar las segmentaciones de esta base de datos, en la que se utilizan los identificadores DICOM *UID*, se obtienen los valores de esta etiqueta para todos los cortes del estudio y se almacenan en una variable de tipo celda:

```
for i=1:1:length(nombre)  
  
    cabecera=dicominfo(strcat(ruta_final,'\',imagenes(i).name));  
  
    UID{i}=cabecera.MediaStorageSOPInstanceUID;  
  
    instancias(i)=cabecera.InstanceNumber;
```

```
end
```

Tanto la *UID*, como el orden de la imagen marcado por *Instancenumber* y el número de imágenes se guardan para poder mostrar las segmentaciones posteriormente.

```
setappdata(0,'cargar_UID',UID)
setappdata(0,'cargar_instancias',instancias)
setappdata(0,'cargar_numero_imagenes',length(nombre))
```

Se muestran las imágenes en el área de presentación:

```
presentacion(imagen)
```

Termina el proceso de importación de imágenes: mostrándose el mensaje de finalización en pantalla:

```
set(textoinfo_TC,'String','Completada')
drawnow
end
```

5.4.11.4. Base de datos *BCDR*

Para las bases de datos de mamografía se importa una única imagen en el área de presentación, aunque también se muestra simultáneamente la proyección complementaria en una ventana emergente.

Los datos necesarios para esta primera base de datos son el valor de *seleccion_BCDR* y los índices del panel *BCDR*. Se importan los datos de la pestaña '*BCDR*' de la hoja *DatosGUI*, donde figura parte de la ruta que apunta hacia la imagen, obtenido os valores necesarios de las columnas número 14 y 22:

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 1 0 0])== 1
    indice_selec = get(seleccionado_BCDR,'Value');
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    [num,txt,row]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','BCDR');
    ruta_imagen=strcat('D:\JORCAD\BCDR\',...
        strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,22}),...
        strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,14}));
```

La imagen, en formato *.tif* es leída usando la función *imread*:

```
im_BCDR(:,:,1)=imread(ruta_imagen);
```

Para poder emplear las redes neuronales de mamografía se hace visible la ruta para otras funciones y la matriz de imagen.

```
setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_imagen);
setappdata(0,'imagen_mamografia',im_BCDR);
```

Se cambia el valor de la variable *estado_carga* una vez importada la mamografía:

```
setappdata(0,'estado_carga','mamografia_cargada')
```

Para obtener el tipo de proyección se utiliza el nombre asignado a la mamografía en la base de datos. Existen 4 posibilidades, que corresponden a la mama izquierda o derecha y la proyección cráneo-caudal y medio-lateral oblicua. Una vez conocido el tipo de proyección se puede obtener la a la mamografía complementaria, como se indica en el siguiente condicional:

```
tipo_proyeccion=ruta_imagen(end-6:end-4);
switch tipo_proyeccion
    case '_LO'
        tipo_proyeccion='_LCC';
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen(1:end-7),tipo_proyeccion,'.tif');
    case '_RO'
        tipo_proyeccion='_RCC'
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen(1:end-7),tipo_proyeccion,'.tif');
    case 'LCC'
        tipo_proyeccion='_LO';
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen(1:end-8),tipo_proyeccion,'.tif');
    case 'RCC'
        tipo_proyeccion='_RO';
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen(1:end-8),tipo_proyeccion,'.tif');
end
```

Es necesario tener en cuenta que la proyección complementaria puede no existir en algunos casos. Para ello se divide el nombre completo de *ruta_imagen2*, y se realiza una acción diferente en función del número de archivos contenidos en la carpeta:

```
ruta_imagen2_troceada=strsplit(ruta_imagen2,'\');
ruta_sin_imagen=strcat(ruta_imagen2_troceada(1),'\',...
    ruta_imagen2_troceada(2),'\',ruta_imagen2_troceada(3),'\',...
    ruta_imagen2_troceada(4),'\',ruta_imagen2_troceada(5),'\')
aux=dir(char(ruta_sin_imagen));
if size(aux,1)==3
```

```

im_BCDR(:,:,2)=1 ;

else

im_BCDR(:,:,2)=imread(ruta_imagen2);

end

```

Se muestra la imagen en pantalla, siendo habitualmente dos proyecciones las contenidas en *im_BCDR*:

```

presentacion(im_BCDR)

```

Para terminar, se muestran los controles de modificación del ancho y nivel de ventana, informando al usuario de que el proceso ha sido completado:

```

set(nivel_texto_mamo,'Visible','on')

set(ancho_texto_mamo,'Visible','on')

set(nivel_valor_mamo,'Visible','on')

set(ancho_valor_mamo,'Visible','on')

```

Tras terminar el proceso de importación de imágenes (proceso que se realiza de forma prácticamente instantánea), se informa de que el proceso ha sido completado.

```

set(textoinfo_TC,'String','Completada')

drawnow

```

5.4.11.5. Base de datos *CBIS-DDSM*

Los datos necesarios en este caso son el valor de *seleccion_DDSM* y los índices del panel *CBIS*. En la pestaña '*CBIS-DDSM*' de la hoja *DatosGUI*, se encuentran tres rutas diferentes: la de la propia imagen, el recorte que incluye lesión anotada y la máscara, que es una imagen binaria en la que se encuentra segmentada la lesión. Esta información se encuentra en las columnas 12, 13 y 14 de la matriz de datos *raw*:

```

elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 1 0])== 1

indice_selec = get(seleccionado_DDSM,'Value');

entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');

[num,txt,raw]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','CBIS-DDSM');

ruta_imagen=strcat('D:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...

                 strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,12}));

ruta_recorte=strcat('D:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...

                  strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,13}));

ruta_mascara=strcat('D:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...

```

Para tener en cuenta la posibilidad de que haya más de una lesión en una única mamografía, se crean y almacenan las variables *valores_muestra* e *indices_muestra*:

```
muestra=getappdata(0,'cargar_muestra_DDSM');
muestra_unica=getappdata(0,'cargar_muestra_DDSM_unica');
valores_muestra=find(strcmp(muestra,char(muestra_unica(indice_selec))));
indices_muestra=entrada(valores_muestra);
setappdata(0,'cargar_indices_muestra',indices_muestra);
```

La imagen leída se almacena en la variable *imagen_DDSM*:

```
imagen_DDSM(:,:,1)=dicomread(ruta_imagen);
```

Como parte del procedimiento de carga de mamografías, se obtiene el tipo de proyección de la imagen activa:

```
ruta_imagen_troceada=strsplit(ruta_imagen,'\');

tipo_proyeccion=char(ruta_imagen_troceada(4))
tipo_proyeccion=tipo_proyeccion(end-2:end)

switch tipo_proyeccion
    case '_CC'
        tipo_proyeccion='MLO';
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen_troceada(1),'\',...
                           ruta_imagen_troceada(2),'\',...
                           ruta_imagen_troceada(3),'\',...
                           ruta_imagen_troceada{4}(1:end-2),tipo_proyeccion)
    case 'MLO'
        tipo_proyeccion='_CC'
        ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen_troceada(1),'\',...
                           ruta_imagen_troceada(2),'\',...
                           ruta_imagen_troceada(3),'\',...
                           ruta_imagen_troceada{4}(1:end-4),tipo_proyeccion)
end
```

Si en la ruta a la segunda imagen existen archivos se guarda la imagen DICOM correspondiente, considerando también los casos en los que no existe proyección complementaria:

```
aux=dir(char(ruta_imagen2));
```

```

if size(aux,1)==0
    imagen_CSAWS{:, :, 2}=1 ;
else
    ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen2,'\',aux(3).name)
    aux=dir(char(ruta_imagen2));
    ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen2,'\',aux(3).name)
    aux=dir(char(ruta_imagen2));
    ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen2,'\',aux(3).name)
    ruta_imagen2=char(ruta_imagen2);
    imagen_DDSM{:, :, 2}=dicomread(ruta_imagen2);
end
clear gca

```

Para poder emplear las redes neuronales de mamografía se hace visible la ruta de la imagen, que además se presenta en pantalla:

```

setappdata(0,'cargar_ruta_final',ruta_imagen);
presentacion(imagen_DDSM)

```

Se hace visible la imagen para efectuar los cálculos y mostrar una vista ampliada en la ventana de estadísticas asociadas a la lesión:

```

setappdata(0,'imagen_mamografia',imagen_DDSM);

```

Se cambia el valor de *estado_carga* al importar la mamografía:

```

setappdata(0,'estado_carga','mamografia_cargada')

```

Al igual que en el caso anterior, se muestran los controles de modificación del ancho y nivel de ventana, informando al usuario de que el proceso ha sido completado:

```

set(nivel_texto_mamo,'Visible','on')
set(ancho_texto_mamo,'Visible','on')
set(nivel_valor_mamo,'Visible','on')
set(ancho_valor_mamo,'Visible','on')
set(textoinfo_TC,'String','Completada')
drawnow

```

5.4.11.6. Base de datos CSAW-S

De forma análoga a las bases de datos anteriores, los datos del programa necesarios para importar los estudios de imagen de CSAW-S son la selección del panel *seleccionado_CSAWS* y los índices del panel *CSAWS*. En este caso no es necesario leer los datos de una pestaña 'CSAWS' de la hoja *DatosGUI*, ya que la información aportada en forma de segmentaciones de diferentes estructuras anatómicas se proporciona en forma de imágenes.

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 0 1])== 1
    indice_selec = get(seleccionado_CSAWS,'Value');
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    entrada_seleccionada=entrada(indice_selec);
```

Se construye ruta de almacenamiento de las imágenes, Los dos primeros resultados de la función *dir* se descartan por no corresponder a archivos reales, siendo el tercer elemento la mamografía:

```
ruta_inicial=strcat('C:\JORCAD\CSAWS\',caso_selec,'\');
imagenes_CSAWS=dir(char(ruta_inicial));
nombre_imagen=imagenes_CSAWS(3).name;;
```

Se crea la ruta a la imagen, que se almacena en *imagen_CSAWS*:

```
ruta_imagen=strcat(char(ruta_inicial),nombre_imagen);
imagen_CSAWS{:, :, 1}=imread(ruta_imagen);
```

Para obtener el tipo de proyección en esta base de datos se procede del siguiente modo:

```
ruta_imagen_troceada=strsplit(ruta_imagen,'\')
tipo_proyeccion=char(ruta_imagen_troceada(4));
tipo_proyeccion=tipo_proyeccion(end-2:end);
```

Mediante un condicional se conmuta su valor para obtener la complementaria:

```
switch tipo_proyeccion
    case '_LO'
        tipo_proyeccion='CC';
    case '_CC'
        tipo_proyeccion='LO';
end
```

Y se obtiene la ruta para acceder a ella:

```
ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen_troceada(1),'\',...
                    ruta_imagen_troceada(2),'\',...
```

```

ruta_imagen_troceada(3), '\', ...
ruta_imagen_troceada{4}(1:end-2), tipo_proyeccion);

```

Se comprueba si existe una imagen en *ruta_imagen2*, y en caso afirmativo se lee:

```

aux=dir(char(ruta_imagen2));
if size(aux,1)==0
    imagen_CSAWS{:, :, 2}=1;
else
    ruta_imagen2=strcat(ruta_imagen2, '\', aux(3).name);
    ruta_imagen2=char(ruta_imagen2)
    imagen_CSAWS{:, :, 2}=imread(ruta_imagen2);
end

```

Se crea una variable para que el botón de *Mostrar información* utilice el nombre de la imagen:

```

setappdata(0, 'nombre_imagen_mamografia', nombre_imagen);

```

Para que la ruta sea utilizada el módulo CAD de redes CNN de mamografía:

```

setappdata(0, 'cargar_ruta_final', ruta_imagen);

```

Se cambia el valor de *estado_carga* al importar una mamografía:

```

setappdata(0, 'estado_carga', 'mamografia_cargada')

```

Se muestra la imagen en pantalla:

```

presentacion(imagen_CSAWS)

```

Para modificar las opciones de presentación de imagen de mamografía, se hacen visibles los controles reflejados a continuación. Los dos últimos *end* cierran el condicional que evalúa el tipo de estudio y la función de llamada al botón importar.

```

set(nivel_texto_mamo, 'Visible', 'on')
set(ancho_texto_mamo, 'Visible', 'on')
set(nivel_valor_mamo, 'Visible', 'on')
set(ancho_valor_mamo, 'Visible', 'on')
end
end

```

5.4.12. Controles y funciones asociados a la visualización de imágenes

Para controlar la apariencia de las imágenes que se presentan en la pantalla, se definen una serie de objetos y funciones que se describen en esta sección.

Para mostrar el ancho y el nivel de ventana de visualización, se crean dos cuadros de texto no editables, según se haya cargado una mamografía (*nivel_texto_mamo* y *ancho_texto_mamo*) o una secuencia de imágenes TC (*nivel_texto_TC* y *ancho_texto_TC*):

```
% Mamografía
nivel_texto_mamo = uicontrol('Style', 'text','Units','normalized',...
    'Position',[0.60 0.02 0.05 0.025],'String','Nivel: ',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Visible','off');
ancho_texto_mamo = uicontrol('Style', 'text','Units','normalized',...
    'Position', [0.70 0.02 0.05 0.025],'String','Ancho: ',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Visible','off');

% TC
nivel_texto_TC = uicontrol('Style', 'text','Units','normalized',...
    'Position', [0.75 0.02 0.05 0.025],'String','Nivel: ',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Visible','off');
ancho_texto_TC = uicontrol('Style', 'text','Units','normalized',...
    'Position', [0.85 0.02 0.05 0.025],'String','Ancho: ',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Visible','off');
```

Junto a ellos se sitúan los siguientes controles, inicialmente en blanco, que permiten al usuario editar los valores numéricos de ancho y nivel de ventana:

```
% Mamografía
nivel_valor_mamo = uicontrol('Style', 'edit','Units','normalized',...
    'Position', [0.65 0.018 0.05 0.025],'String',sprintf('%6.0f',''),...
    'BackgroundColor', [1 1 1], 'Fontunits','normalized','FontSize', 0.9,...
    'Callback', @AnNi_mamo_CallBack,'Visible','off');
ancho_valor_mamo= uicontrol('Style', 'edit','Units','normalized',...
    'Position', [0.75 0.018 0.05 0.025],'String',sprintf('%6.0f',''),...
    'BackgroundColor', [1 1 1], 'Fontunits','normalized','FontSize', 0.9,...
    'Callback', @AnNi_mamo_CallBack,'Visible','off');

% TC
```

```

nivel_valor_TC = uicontrol('Style', 'edit','Units','normalized',...
    'Position', [0.80 0.018 0.05 0.025],'String',sprintf('%6.0f',''),...
    'BackgroundColor', [1 1 1], 'Fontunits','normalized','FontSize', 0.9,...
    'Callback', @AnNi_TC_CallBack,'Visible','off');
ancho_valor_TC = uicontrol('Style', 'edit','Units','normalized',...
    'Position', [0.90 0.018 0.05 0.025],'String',sprintf('%6.0f',''),...
    'BackgroundColor', [1 1 1], 'Fontunits','normalized','FontSize', 0.9,...
    'Callback', @AnNi_TC_CallBack,'Visible','off');

```

Las dos funciones de llamada a los controles anteriores, llamadas *@AnNi_mamo_CallBack* y *@AnNi_TC_CallBack*, adquieren los valores de ancho y nivel de ventana introducidos por teclado por el usuario, calculan el mínimo y el máximo valor del intervalo asociado y cambian la presentación de la imagen:

```

function AnNi_TC_CallBack(object, eventdata)

    nivel = str2double(get(nivel_valor_TC, 'String'))
    ancho = str2double(get(ancho_valor_TC, 'String'))

    if (ancho < 1)
        ancho = 1;
    end

    [minimo,maximo]=AN_Intervalo(ancho,nivel);

    caxis([minimo, maximo])

end

function AnNi_mamo_CallBack(object, eventdata)

    nivel = str2double(get(nivel_valor_mamo, 'String'))
    ancho = str2double(get(ancho_valor_mamo, 'String'))

    if (ancho < 1)
        ancho = 1;
    end

    [minimo,maximo]=AN_Intervalo(ancho,nivel);

    caxis([minimo, maximo])

end

```

En la Figura 153 se puede observar el efecto de la modificación manual del ancho y nivel de ventana mediante los cuadros editables definidos anteriormente:

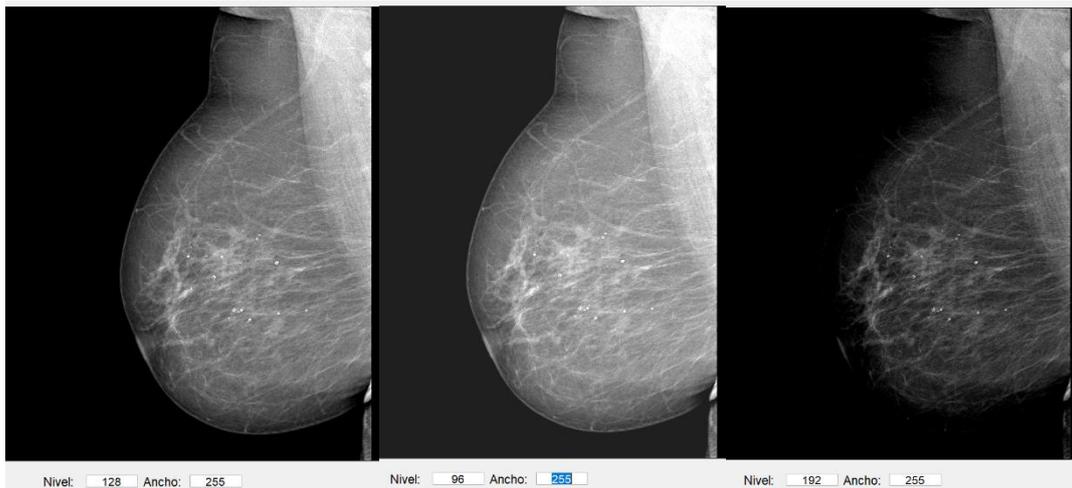


Figura 153. Modificación del nivel de ventana empleando los cuadros de texto

En segundo lugar, se define el objeto que gestiona la imagen de la secuencia que se muestra en pantalla (*corte_seleccionado*) y la barra de desplazamiento para cambiar de imagen. Cada vez que se interacciona con la barra, y por tanto se cambia de corte, se establece un nuevo valor para la propiedad 'String' de *corte_seleccionado*:

```

corte_seleccionado=uicontrol('Style', 'text','Units','normalized',...
    'Position', [0.50 0.018 0.20 0.025],'String','',...
    'Fontunits','normalized', 'FontSize', 1);
barra = uicontrol('Style', 'slider','Min',1,'Max',2,'Value',1,...
    'SliderStep',[1 1],'Units','normalized',...
    'Position',[0.51 0.05 0.47 0.02],...
    'Callback', @barra_Callback,'Visible','off');

```

La función de llamada a la barra discrimina en primer lugar el tipo de TC que esté activo en ese momento, almacenado en *'tipo_TC'*, e importa las imágenes en la variable *imagen*.

```

function barra_Callback(hObject,evendata,handles)

    tipo_TC=getappdata(0,'tipo_TC');

    if strcmp(tipo_TC,'LIDC')==1

        imagen=getappdata(0,'imagenes_LIDC');

    elseif strcmp(tipo_TC,'Independiente')==1

        imagen=getappdata(0,'imagenes_Independiente');

    end

```

El número de imágenes determina el valor máximo de la barra:

```

max_barra=size(imagen,3);

```

Una vez adquirido valor de la barra en el momento actual, se establece el valor del texto del control *corte_seleccionado*. En él se reflejan tanto el valor actual como el valor máximo de la barra:

```
valor_barra=round(get(barra,'Value'));  
  
set(corte_seleccionado, 'String',sprintf('Corte: %d / %d',...  
    round(get(barra,'Value')), max_barra))
```

Se almacena el valor de la barra para su uso posterior con redes CNN. Esto es necesario para obtener los recortes de imagen que serán analizados.

```
setappdata(0,'cargar_valor_barra',valor_barra);
```

Se muestra la nueva imagen seleccionada al cambiar el valor de la barra

```
imshow(imagen(:,:,valor_barra)),hold on  
  
ancho = get(ancho_valor_TC,'String'); ancho = str2num (ancho);  
nivel = get(nivel_valor_TC,'String'); nivel = str2num (nivel);  
minimo = nivel - ancho/2;  
maximo = nivel + ancho/2;  
  
caxis([minimo, maximo])  
  
end
```

5.4.13. Función *presentacion* y otras funciones relacionadas

La función *presentacion* recibe como datos de entrada una matriz numérica multidimensional. Se realizan acciones diferentes en función del tamaño de estos datos, ya sean bidimensionales para mamografías o tridimensionales para secuencias de TC.

```
function presentacion(datos_img)  
  
    global coord_inicial coord_final ancho nivel minimo maximo espaciado_nivel;
```

Si el tamaño de la tercera dimensión de los datos de entrada es 1 (mamografía), se establecen las funciones que controlan las diferentes acciones que realiza la rueda del ratón (*@rueda_mamo*), el clic de ratón (*@clic_raton_mamo*) y la acción de soltar el botón del ratón (*@libera_raton*). Además, se inicializan los valores de ancho y nivel de ventana, el espaciado entre cambios consecutivos de ambos parámetros, y las cadenas de texto de los recuadros de nivel y ancho de ventana. Estos valores pueden ser modificados por el usuario

```
if size(datos_img,3)==1  
  
    set(gcf, 'WindowScrollWheelFcn', @rueda_mamo);
```

```

set(gcf, 'WindowButtonDownFcn', @clic_raton_mamo);
set(gcf, 'WindowButtonUpFcn', @libera_raton)
h=imshow(datos_img(:,:,1), [min(min(datos_img(:,:,1)))...
                             max(max(datos_img(:,:,1)))]);
nivel=min(min(datos_img(:,:,1))+round((max(max(datos_img(:,:,1))- ...
                                         min(min(datos_img(:,:,1))))/2)
ancho= max(max(datos_img(:,:,1))-min(min(datos_img(:,:,1))))
espaciado_nivel = (ancho + 1)/256
set(nivel_valor_mamo, 'String', nivel)
set(ancho_valor_mamo, 'String', ancho)

```

Se comprueba si los datos de entrada contienen una imagen complementaria, y en caso afirmativo se muestra en una nueva figura (ventana emergente), que permita visualizar simultáneamente las dos mamografías:

```

if size(datos_img(:,:,2))==[1 1]
else
    figure('Name', 'Imagen complementaria', 'Units', 'normalized', ...
          'WindowStyle', 'modal', 'Position', [0.045 0.1 2 2], ...
          'Menubar', 'none', 'Toolbar', 'figure'),
    imshow(datos_img(:,:,2), ...
           [min(min(datos_img(:,:,2))) max(max(datos_img(:,:,2)))]);
end

```

En caso de que el conjunto de datos sea tridimensional (TC) se definen tres funciones de control análogas a las anteriores: *@rueda_TC*, *@clic_raton_TC* y *@libera_raton*.

```

else
    set(gcf, 'WindowScrollWheelFcn', @rueda_TC);
    set(gcf, 'WindowButtonDownFcn', @clic_raton_TC);
    set(gcf, 'WindowButtonUpFcn', @libera_raton)

```

Además, es necesario que la barra de desplazamiento entre imágenes esté visible y operativa. Su valor máximo se corresponde con el total de cortes, y se inicializa para que muestre el corte central.

```

max_barra=size(datos_img,3);
valor_barra=round((max_barra-1)/2);

```

El paso unitario de la barra (al hacer clic en cualquiera de las flechas de los extremos) y el paso grande (al hacer clic en cualquier posición de la barra), cuyo valor es 10 veces el primero, se establecen en función del número de cortes mediante la propiedad 'SliderStep':

```
set(barra, 'Max', max_barra, 'Value', valor_barra, 'SliderStep', ...  
     [1/(max_barra-1) 10/(max_barra-1)])
```

Para facilitar el desplazamiento entre imágenes se muestra en pantalla el número de imagen activa en la pantalla en cada momento, mediante el control *corte_seleccionado*:

```
set(corte_seleccionado, 'String', sprintf('Corte: %d / %d', ...  
     get(barra, 'Value'), max_barra))
```

Para que el número de imagen seleccionado en cada momento esté disponible para poder analizarla mediante el uso de redes CNN, su valor se almacena en la variable *cargar_valor_barra*.

```
setappdata(0, 'cargar_valor_barra', valor_barra);
```

Los valores iniciales de ancho y nivel de ventana para TC de tórax de *LIDC-IDRI*, *SPIE* o *PET-CT Diagnosis* o un estudio cargado por el usuario se establecen en valores típicos para una ventana de pulmón. El valor de la variable *tipo_TC* permite identificar el tipo de TC activo.

```
tipo_TC=getappdata(0, 'tipo_TC')  
  
if strcmp(tipo_TC, 'LIDC')==1 || strcmp(tipo_TC, 'Independiente')==1  
    nivel=-400;  
    ancho=1000;  
    espaciado_nivel = (ancho + 1)/1024;  
  
end
```

Estos valores se establecen inicialmente:

```
ancho_inicial = ancho;  
nivel_inicial = nivel;  
  
setappdata(0, 'ancho_LIDC', ancho_inicial)  
setappdata(0, 'nivel_LIDC', nivel_inicial)
```

La imagen inicial se muestra con los valores iniciales de los parámetros establecidos:

```
imshow(datos_img{:, :, round((max_barra-1)/2)}, [nivel ancho]);
```

La función *AN_intervalo* devuelve el mínimo y máximo del intervalo asociado a un ancho y nivel de ventana dados. Su uso resulta conveniente, ya que la función implementada en MATLAB® *caxis*, que controla la escala de grises de visualización, admite como datos de entrada los valores mínimo y máximo de un intervalo. En el siguiente apartado se incluye la definición de la función *AN_intervalo*:

```
[minimo, maximo]=AN_Intervalo(ancho, nivel);
```

```
caxis([minimo, maximo])
```

La función de llamada a la barra de desplazamiento (*barra_Callback*) debe conocer en todo momento los valores de ancho y nivel de ventana, de forma que al actuar sobre ella no se modifiquen los valores seleccionados previamente.

```
setappdata(0, 'ancho_LIDC', ancho)

setappdata(0, 'nivel_LIDC', nivel)

set(nivel_valor_TC, 'String', nivel)

set(ancho_valor_TC, 'String', ancho)

end
```

5.4.13.1. Funciones comunes a TC y mamografía

La función *AN_Intervalo* devuelve el mínimo y el máximo valor del intervalo asociado a un ancho y nivel de ventana dados:

```
function [minimo_ventana maximo_ventana] = AN_Intervalo(A,N)

    minimo_ventana = N - (A/2);

    maximo_ventana = N + (A/2);

    if (minimo_ventana >= maximo_ventana)

        maximo_ventana = minimo_ventana + 1;

    end

end
```

Cuando se deja de presionar el botón derecho del ratón tras realizar un arrastre para modificar ancho y nivel de ventana, actúa la siguiente función:

```
function libera_ratón (object,eventdata)

    set(gcf, 'WindowButtonMotionFcn', '')

end
```

5.4.13.2. Funciones específicas para TC

Mediante la función *rueda_TC* se controlan las acciones a realizar al actuar sobre la rueda del ratón. En primer lugar, se contabiliza el número de pasos que se gira en un determinado sentido. A continuación, se actualiza el valor de la barra teniendo en cuenta estos pasos. En caso de que el valor actualizado supere el límite inferior o superior de valores de la barra se fijan sus valores extremos.

```
function rueda_TC (object, eventdata)
    UPDN = eventdata.VerticalScrollCount;
    valor_barra=round(get(barra,'Value'))
    valor_barra = valor_barra - UPDN;
    if (valor_barra < 1)
        valor_barra = 1;
    elseif (valor_barra > max_barra)
        valor_barra = max_barra;
    end
```

Se establece el nuevo valor de la barra y se modifica la cadena de texto que muestra al usuario el corte seleccionado:

```
if max_barra > 1
    set(barra,'Value',valor_barra);
    set(corte_seleccionado, 'String',...
        sprintf('Corte: %d / %d',round(valor_barra), max_barra));
end
```

Se hace visible el valor de la barra al resto de funciones:

```
setappdata(0,'cargar_valor_barra',valor_barra)
```

El siguiente condicional controla que se carguen las imágenes adecuadas teniendo en cuenta que puedan utilizarse diferentes tipos de TCs en futuras ampliaciones de la aplicación JORCAD. Se consideran TC de tórax o TC independiente (cargado por el usuario):

```
tipo_TC=getappdata(0,'tipo_TC');
if strcmp(tipo_TC,'LIDC')==1
    imagen=getappdata(0,'imagenes_LIDC');
elseif strcmp(tipo_TC,'Independiente')==1
    imagen=getappdata(0,'imagenes_Independiente');
end
```

Al cambiar el valor de la barra se muestra la nueva imagen seleccionada, conservando el mismo ancho y nivel de ventana utilizados para mostrar la imagen anterior:

```
imshow(imagen(:,:,valor_barra)),hold on
ancho = get(ancho_valor_TC,'String'); ancho = str2num (ancho);
nivel = get(nivel_valor_TC,'String'); nivel = str2num (nivel);
minimo = nivel - ancho/2;
```

```

    maximo = nivel + ancho/2;

    caxis([minimo, maximo])

end

```

La función *clic_raton_TC* determina si se ha realizado un clic con el botón derecho del ratón (propiedad alternativa *'alt'*) o con el izquierdo (propiedad *'normal'*).

En caso de actuar sobre el botón derecho, se obtiene la coordenada inicial del desplazamiento a través de la localización del cursor. La magnitud del desplazamiento que se realice, controlada por *'WindowButtonMotionFcn'*, será determinada por la función *@ajuste_AnNi_TC*.

Si se realiza un clic izquierdo, se reestablecen tanto el ancho como el nivel de ventana a sus valores iniciales, es decir, cuando se importaron las imágenes. Esta opción resulta útil en caso de realizar un ajuste indeseado y querer recuperar el ajuste de visualización inicial.

```

function clic_raton_TC (object, eventdata)

    raton=get(gcf, 'SelectionType');

    if (strcmp(get(gcf, 'SelectionType'), 'alt')==1)           % CLIC IZQUIERDO

        coord_inicial = get(0, 'PointerLocation');

        set(gcf, 'WindowButtonMotionFcn', @ajuste_AnNi_TC);

    elseif (strcmp(get(gcf, 'SelectionType'), 'normal')==1) % CLIC DERECHO

        set(nivel_valor_TC, 'String', nivel_inicial)

        set(ancho_valor_TC, 'String', ancho_inicial)

        [minimo_inicial, maximo_inicial]=...

            AN_Intervalo(ancho_inicial, nivel_inicial);

        caxis([minimo_inicial maximo_inicial])

    end

end

```

Tras soltar el botón derecho del ratón, se detecta la posición final de arrastre del cursor con la propiedad *'GetPointerLocation'*. Se obtiene el valor del desplazamiento, utilizado para actualizar el ancho y el nivel. La función *caxis*, como se indicó anteriormente, requiere que los nuevos valores se presenten en forma de intervalo, por lo que se calculan el mínimo y el máximo con ayuda de *AN_Intervalo*. Los nuevos valores se escriben en los recuadros *nivel_valor_TC* y *ancho_valor_TC*:

```

function ajuste_AnNi_TC(varargin)

    diferencia = get(0, 'PointerLocation') - coord_inicial

    ancho = ancho + diferencia(1) * double(espaciado_nivel);

    nivel = nivel - diferencia(2) * double(espaciado_nivel);

    if (ancho < 1)

```

```

    ancho = 1;

end

[minimo, maximo] = AN_Intervalo(ancho,nivel);

caxis([minimo, maximo])

set(ancho_valor_TC, 'String', sprintf('%6.0f',ancho));

set(nivel_valor_TC, 'String', sprintf('%6.0f',nivel));

coord_inicial = get(0,'PointerLocation');

end

```

5.4.13.3. Funciones específicas para mamografía

Aunque la definición de las funciones en este apartado es similar a las anteriores, existen algunas diferencias, debidas principalmente al tipo de imagen (matriz de datos 2D en este caso) y a los controles que se actualizan.

```

function rueda_mamo (object, eventdata)

    UPDN = eventdata.VerticalScrollCount

    nivel = nivel + UPDN * double(espaciado_nivel)

    if (strcmp(get(gcf,'SelectionType'),'alt')==1)           % CLIC DERECHO
        ancho = ancho + UPDN * double(espaciado_nivel)
        nivel = nivel - UPDN * double(espaciado_nivel)
    end

    [minimo, maximo] = AN_Intervalo(ancho,nivel);

    caxis([minimo, maximo])

```

Se reescriben los nuevos valores en los cuadros de texto *nivel_valor_mamo* y *ancho_valor_mamo*:

```

    set(nivel_valor_mamo,'String',num2str(nivel))

    set(ancho_valor_mamo,'String',num2str(ancho))

end

end

```

Un clic izquierdo vuelve a mostrar la mamografía como al principio, mientras que el clic derecho, como se explicó anteriormente, ajusta el ancho y nivel en base al arrastre del cursor sobre la pantalla.

```

function clic_ratón_mamo (object, eventdata)

    raton=get(gcf,'SelectionType')

```

```

if (strcmp(get(gcf,'SelectionType'),'alt')==1) % CLIC DERECHO
    coord_inicial = get(0,'PointerLocation')
    set(gcf, 'WindowButtonMotionFcn', @ajuste_AnNi_mamo);
elseif (strcmp(get(gcf,'SelectionType'),'normal')==1) % CLIC IZQUIERDO
    nivel=min(min(datos_img{:, :, 1}))+ ...
        round((max(max(datos_img{:, :, 1}))-min(min(datos_img{:, :, 1}))/2);
    ancho=max(max(datos_img{:, :, 1}))-min(min(datos_img{:, :, 1}));
    caxis([min(min(datos_img{:, :, 1})), max(max(datos_img{:, :, 1}))])
    set(nivel_valor_mamo, 'String', num2str(nivel))
    set(ancho_valor_mamo, 'String', num2str(ancho))
end
end

```

Para el ajuste del ancho y nivel de ventana en el caso de las mamografías, se define la función *@ajuste_AnNi_mamo*. Tras detectar la posición final de arrastre del cursor (se ha soltado el botón derecho del ratón), se obtiene el valor del desplazamiento, empleado para actualizar el ancho y el nivel de ventana.

```

function ajuste_AnNi_mamo(varargin)
    coord_final = get(0,'PointerLocation');
    diferencia = coord_final - coord_inicial
    ancho = ancho - diferencia(1) * double(espaciado_nivel/2);
    nivel = nivel - diferencia(2) * double(espaciado_nivel/2);
    if (ancho < 1)
        ancho = 1;
    end
    [minimo, maximo] = AN_Intervalo(ancho,nivel);
    caxis([minimo, maximo])
    set(nivel_valor_mamo, 'String', num2str(nivel))
    set(ancho_valor_mamo, 'String', num2str(ancho))
end

```

5.4.14. Botón *Mostrar información*

El botón *Mostrar información* permite mostrar los datos asociados al estudio activo que proporciona cada una de las bases de datos. La heterogeneidad de la información disponible,

especialmente entre las diferentes modalidades radiológicas, obliga a tratar por separado cada base de datos. La información se muestra en un cuadro por el que el usuario puede moverse usando una barra de desplazamiento.

```
boton_info = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...
    'String', '<html>Mostrar <br /> información',...
    'Units','normalized','Position',[0.435 0.45 0.07 0.1],...
    'BackgroundColor',[1 1 .60],'FontSize',13,'FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','HandleVisibility','on','Visible','off',...
    'Callback',{@boton_info_Callback})
```

El contenido de la función de llamada se desglosa en los siguientes subapartados. En primer lugar, se determina el tipo de estudio seleccionado:

```
function indice_IMPORTAR=boton_info_Callback(hObject, eventdata, handles)
    vector_tipo_estudio=[get(no_tipo_estudio,'Value'),get(tc,'Value') ,...
        get(tc2,'Value'),get(mgBCDR,'Value') ,...
        get(mgDDSM,'Value'),get(CSAWS,'Value')];
    estado_carga=getappdata(0,'estado_carga')
```

Si no se ha cargado un estudio de imagen se muestra el correspondiente mensaje de advertencia:

```
if isequal(estado_carga,'nada')
    h = msgbox('Importe antes un estudio de imagen',
        'ATENCIÓN','warn');
    return
end
```

Las lesiones segmentadas existentes en la imagen activa se hacen visibles en todos los casos al pulsar el botón de *Mostrar información*. De esta forma, el usuario del programa puede dedicar tiempo a examinarla, y cuando considere que ha completado la tarea, consultar los datos relacionados con el caso y las segmentaciones realizadas por los especialistas en diferentes formatos.

Los dos siguientes controles, *titulo_informacion_caso* e *informacion_caso* se utilizan para presentar los datos clínicos y radiológicos relacionados con el caso a los usuarios. A lo largo de las siguientes subsecciones se explicarán los métodos utilizados para cumplimentar la información en cada una de las bases de datos:

```
titulo_informacion_caso=uicontrol('Style','text',...
    'String','INFORMACIÓN DEL CASO',...
    'Units','normalized','Position',[0.26 0.33 0.25 0.05],...
```

```
'Fontunits','normalized','FontSize',0.6,...
'FontName','Calibri','FontWeight','bold',...
'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

El control *informacion_caso* se crea con la propiedad *'String'* en blanco:

```
informacion_caso=uicontrol('Style','Listbox','String','',...
'Units','normalized','Position',[0.26 0.05 0.25 0.3],...
'FontName','Calibri','Fontunits','normalized',...
'FontSize',0.08,'HorizontalAlignment','left',...
'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

5.4.14.1. Base de datos *LIDC-IDRI*

Los datos de partida necesarios para iniciar el proceso son el conjunto de los índices de la lista de casos disponibles según las opciones elegidas por el usuario y el número de orden que ocupa el elemento seleccionado.

```
if isequal(vector_tipo_estudio,[0 1 0 0 0 0])== 1
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    indice_selec = get(seleccionado_LIDC,'Value');
```

Para mostrar las segmentaciones se comprueba inicialmente el tipo de TC cargado.

```
tipo_TC=getappdata(0,'tipo_TC')
```

Se debe conocer el valor numérico de la variable *valor_barra*, que se corresponde con el orden de la imagen mostrada y comprobar el valor de *cortes_annotados* para saber si existen contornos disponibles en la imagen que se visualiza en la ventana.

```
valor_barra=getappdata(0,'cargar_valor_barra')
cortes_annotados = getappdata(0,'existen_cortes_annotados');
```

Las matrices de valores de píxel fueron cargadas mediante la función asociada al botón *Importar imágenes*. Las coordenadas de los puntos que forman el contorno de la lesión también fueron obtenidas mediante la citada función.

```
imagen_GTS = getappdata(0,'imagen_GTS_LIDC');
x_coord = getappdata(0,'x_coord_LIDC');
y_coord = getappdata(0,'y_coord_LIDC');
ancho = getappdata(0,'ancho_LIDC');
```

```
nivel = getappdata(0,'nivel_LIDC');
```

En caso de que existan cortes anotados, se recorre el conjunto de imágenes de la secuencia una a una hasta que haya correspondencia entre el número de la imagen y el valor seleccionado en la barra. En caso de ser así, se comprueba el número de radiólogos que anotaron la lesión o lesiones disponibles para esa imagen. Su número puede ser de 1, 2, 3 o 4. Los contornos de cada uno de los radiólogos aparecerán en la imagen en color verde, rojo, azul y blanco. Las siguientes instrucciones se encargan de realizar estas comprobaciones y mostrar los contornos en pantalla:

```
if strcmp(tipo_TC,'LIDC')==1 && cortes_annotados==1

    for n=1:length(imagen_GTS)

        if strcmp(imagen_GTS(:,n),num2str(valor_barra))==1

            switch size(x_coord,2)

                case 1

                    plot(x_coord{n,1},y_coord{n,1},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','green'),hold on

                case 2

                    plot(x_coord{n,1},y_coord{n,1},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','green'),hold on

                    plot(x_coord{n,2},y_coord{n,2},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','red'),hold on,

                case 3

                    plot(x_coord{n,1},y_coord{n,1},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','green'),hold on

                    plot(x_coord{n,2},y_coord{n,2},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','red'),hold on,

                    plot(x_coord{n,3},y_coord{n,3},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','blue'),hold on,

                case 4

                    plot(x_coord{n,1},y_coord{n,1},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','green'),hold on

                    plot(x_coord{n,2},y_coord{n,2},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','red'),hold on,

                    plot(x_coord{n,3},y_coord{n,3},'-','LineWidth',0.3,...
                        'Color','blue'),hold on,

                    plot(x_coord{n,4},y_coord{n,4},'-','LineWidth',0.3,...
```

```

        'Color','white'),hold on,

    end

end

end

end

```

A continuación, se lee la información diagnóstica relacionada con el caso abierto. Para discriminar si éste ha sido diagnosticado, se comprueba el tamaño de la variable *entrada*. Para casos diagnosticados se cargan los datos proporcionados con *LIDC-IDRI*:

```

if length(entrada)>500

    linea{1}=sprintf('Caso no diagnosticado');

else

    [num,txt,datos_LIDC]=xlsread('D:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LIDC','A2:H158');

```

Se almacenan los datos del paciente seleccionado en una variable que sea visible para todo el programa, aunque se defina en el interior de una función:

```

setappdata(0,'paciente_informacion',entrada(indice_selec,:))

```

Cuando el caso seleccionado coincida con alguno de los diagnosticados, cuya información asociada se encuentra en *datos_LIDC*, se almacena en diferentes variables que incluyen: el diagnóstico primario, el método de diagnóstico, el tumor primario y en caso de existir para uno o dos nódulos, sus tipos y métodos de diagnóstico:

```

for i=1:1:length(datos_LIDC(:,1))

    if strcmp(datos_LIDC(i,1),entrada(indice_selec,1:14))==1

        fila_caso=i;

        diagnostico_primario=datos_LIDC(i,2);

        metodo_primario=datos_LIDC(i,3);

        tumor_primario=datos_LIDC{i,4};

        if isnan(datos_LIDC{i,5})==0

            diagnostico_nodulo1=datos_LIDC(i,5);

            metodo_nodulo1=datos_LIDC(i,6);

        end

        if isnan(datos_LIDC{i,7})==0

            diagnostico_nodulo2=datos_LIDC(i,7);

            metodo_nodulo2=datos_LIDC(i,8);

        end

    end

end

```

```
end
```

La transcripción del código numérico de los diferentes diagnósticos y métodos, traducidas del inglés, se realiza como se indica a continuación:

```
%TIPO DE DIAGNÓSTICO PRIMARIO
switch cell2mat(diagnostico_primario)
    case 0
        diagnostico_primario='Desconocido';
    case 1
        diagnostico_primario='Enfermedad benigna o no-maligna';
    case 2
        diagnostico_primario='Maligna o cáncer de pulmón primario';
    case 3
        diagnostico_primario='Maligna metastasica';
    case 4
        diagnostico_primario='Estudio anotado pero no figura diagnóstico';
end

%MÉTODO DE DIAGNÓSTICO PRIMARIO
switch cell2mat(metodo_primario)
    case 0
        metodo_primario='Desconocido';
    case 1
        metodo_primario='Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años';
    case 2
        metodo_primario='Biopsia';
    case 3
        metodo_primario='Resección quirúrgica';
    case 4
        metodo_primario='Progresión o respuesta';
end
```

Estas cadenas de texto se almacenan como elementos de una variable de tipo celda, para su posterior escritura en la ventana de información:

```
linea{1}=sprintf('Tipo diagnóstico: %s \n',diagnostico_primario);
linea{2}=sprintf('Método diagnóstico: %s \n',metodo_primario);
```

```
linea{3}=sprintf('Tumor primario: %s \n',tumor_primario);
```

Los siguientes condicionales comprueban la existencia de un tipo y método de diagnóstico para los nódulos del caso, y realizan la transcripción y almacenamiento de la información:

```
%DIAGNÓSTICO NÓDULO 1
if exist('diagnostico_nodulo1')==1
    switch cell2mat(diagnostico_nodulo1)
        case 0
            diagnostico_nodulo1='Desconocido';
        case 1
            diagnostico_nodulo1='Enfermedad benigna o no-maligna';
        case 2
            diagnostico_nodulo1='Maligna o cáncer de pulmón primario';
        case 3
            diagnostico_nodulo1='Maligna metastasica';
        case 4
            diagnostico_nodulo1='Estudio anotado pero no figura diagnóstico';
    end
    linea{4}=sprintf('Diagnóstico nódulo 1: %s \n',diagnostico_nodulo1);
end

%DIAGNÓSTICO NÓDULO 2
if exist('diagnostico_nodulo2')==1
    switch cell2mat(diagnostico_nodulo2)
        case 0
            diagnostico_nodulo2='Desconocido';
        case 1
            diagnostico_nodulo2='Enfermedad benigna o no-maligna';
        case 2
            diagnostico_nodulo2='Maligna o cáncer de pulmón primario';
        case 3
            diagnostico_nodulo2='Maligna metastasica';
        case 4
            diagnostico_nodulo2='Estudio anotado pero no figura diagnóstico';
    end
end
```

```
    linea{6}=sprintf('Diagnóstico nódulo 2: %s \n',diagnostico_nodulo2);  
end
```

Para los métodos de diagnóstico de los dos nódulos:

```
%MÉTODO DIAGNÓSTICO NÓDULO 1  
  
if exist('metodo_nodulo1')==1  
    switch cell2mat(metodo_nodulo1)  
        case 0  
            metodo_nodulo1='Desconocido';  
        case 1  
            metodo_nodulo1='Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años';  
        case 2  
            metodo_nodulo1='Biopsia';  
        case 3  
            metodo_nodulo1='Resección quirúrgica';  
        case 4  
            metodo_nodulo1='Progresión o respuesta';  
    end  
  
    linea{5}=sprintf('Método nódulo 1: %s \n',metodo_nodulo1);  
end  
  
%MÉTODO DIAGNÓSTICO NÓDULO 2  
  
if exist('metodo_nodulo2')==1  
    switch cell2mat(metodo_nodulo2)  
        case 0  
            metodo_nodulo2='Desconocido';  
        case 1  
            metodo_nodulo2='Revisión radiológica. Nódulo estable 2 años';  
        case 2  
            metodo_nodulo2='Biopsia';  
        case 3  
            metodo_nodulo2='Resección quirúrgica';  
        case 4  
            metodo_nodulo2='Progresión o respuesta';  
    end
```

```

        linea{7}=sprintf('Método nódulo 2: %s \n',metodo_nodulo2);
    end
end

```

Las siguientes instrucciones permiten acceder al árbol de carpetas de un caso y localizar las que contienen una serie de imágenes, diferenciándolas de aquellas que contienen radiografías:

```

ruta_base=strcat('D:\JORCAD\LIDC\TCs\',entrada(indice_selec,:));
carpetas=dir(ruta_base);
j=1;
for i=3:1:size(carpetas,1)
    a=dir(strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(i).name));
    directorio{j}=a(3).name;
    j=j+1;
end
for i=1:1:size(directorio,2)
    out(i)=size(dir([strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(2+i).name,'\ ',...
        char(directorio(i)),'\*.dcm']),1);
end
if size(directorio,2)>1
    if out(1)>out(2)
        ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(3).name,'\ ',char(directorio(1)));
    else
        ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(4).name,'\ ',char(directorio(2)));
    end
else size(directorio,2)==1
    ruta_final=strcat(ruta_base,'\ ',carpetas(3).name,'\ ',char(directorio(1)));
end
end

```

El orden de las imágenes aparece en la etiqueta de la cabecera DICOM *InstanceNumber*, y no está correlacionado con el nombre asignado a las imágenes en la base de datos. Además, no todas las secuencias de imágenes empiezan en el número de orden 1. Se almacena el listado de valores de *InstanceNumber* en la variable *orden_imagen* y se ordenan secuencialmente, almacenando las matrices en la variable de tipo celda llamada *imagen*:

```

for i=1:1:size(dir([ruta_final,'\*.dcm']))
    imagenes=dir([ruta_final,'\*.dcm']);
    cabecera=dicominfo(strcat(ruta_final,'\ ',imagenes(i).name));
end

```

```

orden_imagen(i)=cabecera.InstanceNumber;

end

for i=1:1:size(dir([ruta_final,'/*.dcm']))

orden_inverso(i)=size(dir([ruta_final,'/*.dcm']),1)+...

min(orden_imagen)-orden_imagen(i);

imagen{:, :, orden_inverso(i)}=dicomread(strcat(ruta_final,...

                                                    '/', imagenes(i).name));

end

nombre=char(imagenes.name);

for i=1:1:size(nombre,1)

nombre_ordenado(i, :)=nombre(find(orden_inverso==i), :);

end

```

La obtención del listado de cortes que contienen anotaciones se explica seguidamente. El número del caso *LIDC-IDRI* se utiliza para acceder a los *ground truths* que se pueden obtener con la base de datos. Se consideran por separado aquellos casos que disponen de dos TCs asociados para generar la ruta a los *GTs*:

```

linea{8}=sprintf('-----CORTES ANOTADOS-----');

numero_LIDC=entrada(indice_selec, :);

if isequal(ruta_base(end-2:end), '(1)') || isequal(ruta_base(end-2:end), '(2)')

numero_LIDC=strtrim(numero_LIDC);

numero_LIDC=numero_LIDC(end-7:end);

else

numero_LIDC=strtrim(numero_LIDC);

numero_LIDC=numero_LIDC(end-3:end);

end

```

Tras la apertura del archivo de texto de *ground truth* en modo lectura, se escanea línea a línea para encontrar la palabra *slice* en su contenido, ya que indica el nombre de las imágenes que contienen segmentaciones. Como se indicó anteriormente, el nombre de la imagen no indica su orden en la secuencia, por lo que se localiza su posición y se guarda en la variable *coincidencia*. El orden correcto de la secuencia de imágenes lo contiene la variable *nombre_ordenado*.

```

archivo=dir([strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', numero_LIDC), '/*.txt']);

fid=fopen(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\', numero_LIDC, '\', archivo.name));

tline = fgetl(fid);

j=9;

while ischar(tline)

```

```

tline = fgetl(fid);

if (length(tline)>5) &&(isequal(tline(1:5),'slice')==1)

    linea{j}=tline(end-9:end);

    for m=1:1:size(nombre_ordenado,1)

        if strcmp(nombre_ordenado(m,:),linea{j})==1

            coincidencia=m;

        end

    end

end

```

En caso de localizarse una coincidencia se escribe el número de orden de la imagen que contiene segmentaciones y se incrementa en una unidad el índice *j*:

```

linea{j}=sprintf('Imagen N°: %s ',num2str(coincidencia));

j=j+1;

```

Se guardan todos los cortes de *GTS* para acceder a cada carpeta. Se acondicionan los datos eliminando el guion para los menores de 10, los espacios al final y al principio de la línea y los dos puntos. Se contempla el caso de que haya más de 100 cortes anotados.

```

corte_GTS{j-9}=tline(1:10);

corte_GTS{j-9}=regexprep(corte_GTS{j-9},'-','');

corte_GTS{j-9}=strtrim(corte_GTS{j-9});

corte_GTS{j-9}=regexprep(corte_GTS{j-9},': ','');

end

end

```

El número de cortes con anotaciones viene dado por:

```

numero_cortes=j-9;

```

El índice *k* indica el número de contornos que vamos a extraer. El número de imágenes en la carpeta de segmentaciones es variable, por lo que el bucle finaliza en la iteración en la que el índice *i* coincide con *numero_cortes*.

```

k=1;

for i=1:1:numero_cortes

    for j=1:1:size(dir([strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\',...

        sprintf('%s',char(numero_LIDC)),'\',...

        sprintf('%s',char(corte_GTS(i))),'\*.tif']),1)

```

Se extraen los contornos para cada uno de los cortes leyendo el archivo *.tif* con la imagen binaria de la segmentación (teniendo en cuenta de que pueden existir de 1 a 4 segmentaciones en cada

corte). Para ello se localizan las coordenadas de todos aquellos puntos incluidos en interior del contorno con la instrucción *find*.

```
GT(:,:,j,i)=imread(strcat('D:\JORCAD\LIDC\gts\',...
                        sprintf('%s',char(numero_LIDC)),'\',...
                        sprintf('%s',char(corte_GTS(i)),'\',...
                        sprintf('GT_id%d',j),'.tif'));
[y{k},x{k}]=find(GT(:,:,j,i)==255);
```

Si se han localizado vectores de coordenadas no nulos, se establece el ancho y el alto del contorno y se localizan sus bordes usando un clasificador que analiza las diferencias de valores de píxel, llamado *edge*. Se almacenan sus coordenadas x e y en los vectores *borde_x* y *borde_y*.

```
if size(x{k},1)~=0 || size(y{k},1)~=0
    ancho(k)=max(y{k})-min(y{k});
    alto(k)=max(x{k})-min(x{k});
    tam_lesion(k)=max(ancho(k),alto(k));
    img_borde(:,:,k)=edge(GT(:,:,k));
    [borde_y{k},borde_x{k}]=find(img_borde==1);
    k=k+1;
end
end
end
```

Finalmente se hace visible la información contenida en la variable línea y su título asociado, escribiendo el contenido de la variable *texto_informacion_caso* en la ventana de información:

```
texto_informacion_caso=linea;
set(titulo_informacion_caso,'Visible','on')
set(informacion_caso,'Visible','on')
set(informacion_caso,'String',texto_informacion_caso)
```

Se activa la posibilidad de visualizar los nódulos en 3D:

```
set(boton_3D,'Visible','on') % Para visualizar nódulos en 3D
```

En la Figura 154 se muestra un ejemplo de la información presentada para un caso diagnosticado, en la que además de los datos relacionados con el tipo y método de diagnóstico se pueden apreciar el listado de cortes con estructuras segmentadas. En caso de que la cantidad de información exceda las dimensiones de la ventana la barra de desplazamiento vertical permite acceder a ella:

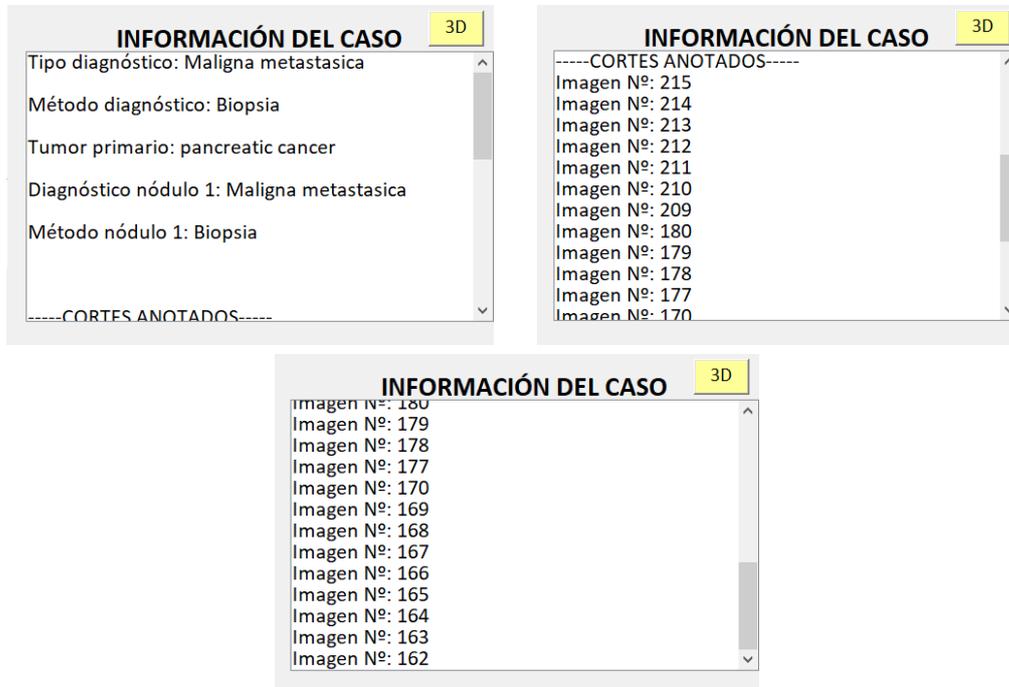


Figura 154. Ventana de información para el caso LIDC-IDIR 0161, que contiene una lesión diagnosticada como Maligna metastásica mediante el método Biopsia

Al pulsar el botón *Mostrar Información* cuando la imagen activa contiene segmentaciones realizadas por los expertos, se visualizan las lesiones segmentadas superpuestas sobre la imagen. En la Figura 155, correspondiente al caso LIDC-IDRI 0161, se visualizan dos nódulos próximos a la pared torácica, localizados uno en cada pulmón en la imagen número 166.

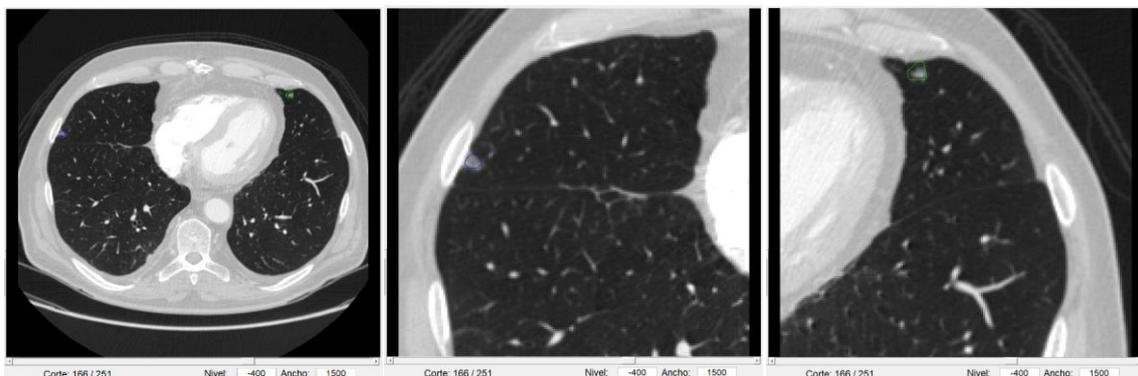


Figura 155. Caso LIDC-IDIR 0161: corte con dos nódulos segmentados

En la Figura 156 se observa un nódulo en el pulmón izquierdo, segmentado por tres de los especialistas que revisaron la base de datos *LIDC-IDRI*:



Figura 156. Caso LIDC-IDIR 0161: corte 178 con un nódulo segmentado por tres radiólogos expertos

5.4.14.2. Otras bases de datos de TC de tórax

La opción *Otras bases de TC de tórax* permite al usuario elegir entre las bases de datos *SPIE-AAPM* y *Lung PET-CT Diagnosis*.

Las primeras instrucciones son comunes a ambas bases de datos. En primer lugar, se obtiene el listado completo de casos disponibles, mostrado en la ventana *Casos seleccionables TC*, el listado de números de orden y el lugar que ocupa el elemento cargado.

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%OTRAS BASES DE DATOS TC DE PULMÓN%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 1 0 0 0])== 1
    muestra_otros_TC=getappdata(0,'cargar_muestra_OTROS_TC');
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    indice_selec = get(seleccionado_OTROS_TC,'Value');
    
```

Para localizar la cadena de texto que corresponde al caso se encuentra el índice seleccionado en el listado *muestra_otros_TC*:

```

texto_OTROS_TC=muestra_otros_TC(indice_selec);
    
```

Se hace visible el botón de mostrar nódulos en 3D:

```

set(boton_3D,'Visible','on') % Para visualizar nódulos en 3D
    
```

Se evalúa el *vector_OTROS_TC* para conocer la base de datos seleccionada:

```
vector_OTROS_TC=[get(SPIE_casoOTROS_TC,'Value'),...
                 get(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Value')];
```

Si se ha seleccionado la primera opción:

```
if vector_OTROS_TC==[1 0]
```

Se cargan los metadatos asociados a *SPIE-AAPM* de la hoja de cálculo *DatosGUI.xlsx*

```
[num,txt,raw]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','SPIE');
```

Se averigua el número de nódulos anotados en el TC, que pueden ser uno o dos.

```
numero_OTROS_TC=find(strcmp(txt(:,1), texto_OTROS_TC))-1;
numero_nodulos=num2str(num(numero_OTROS_TC(1),1));
```

Se cargan los datos del primer nódulo, incluyendo las coordenadas de su centro de masas, el corte central, su diagnóstico y el listado de imágenes en las que se visualiza:

```
coordenada_x_nodulo1=num2str(num(numero_OTROS_TC(1),2));
coordenada_y_nodulo1=num2str(num(numero_OTROS_TC(1),3));
imagen_central_nodulo1=num2str(num(numero_OTROS_TC(1),4));
diagnostico_nodulo1=char(raw(numero_OTROS_TC(1)+1,6));
cortes_nodulo1=strjoin(strsplit(char(raw(numero_OTROS_TC(1)+1,7))),' / ');
```

Se guardan los datos en la variable *linea* para su presentación en la ventana de *Mostrar información*:

```
linea{2}=sprintf('__NÓDULO 1__');
linea{3}=sprintf('Coordenada X: %s',coordenada_x_nodulo1);
linea{4}=sprintf('Coordenada Y: %s',coordenada_y_nodulo1);
linea{5}=sprintf('Imagen central: %s',imagen_central_nodulo1);
linea{6}=sprintf('Diagnóstico final: %s',diagnostico_nodulo1);
linea{7}=sprintf('Imágenes con nódulo visible:\n %s',cortes_nodulo1)
```

En caso de que existan dos nódulos anotados en el TC, se obtienen los mismos datos que para el primer nódulo:

```
if num(numero_OTROS_TC(1)+1,1)==2
    numero_nodulos=2;
    coordenada_x_nodulo2=num2str(num(numero_OTROS_TC(2),2));
    coordenada_y_nodulo2=num2str(num(numero_OTROS_TC(2),3));
```

```

imagen_central_nodulo2=num2str(num(numero_OTROS_TC(2),4));
diagnostico_nodulo2=char(raw(numero_OTROS_TC(2)+1,6));
cortes_nodulo2=strjoin(strsplit(char(raw(numero_OTROS_TC(2)+1,7))),' / ');

```

Y se prepara la información para su presentación en la ventana de *Mostrar información*:

```

linea{8}=sprintf('__NÓDULO 2__');
linea{9}=sprintf('Coordenada X: %s',coordenada_x_nodulo2);
linea{10}=sprintf('Coordenada Y: %s',coordenada_y_nodulo2);
linea{11}=sprintf('Imagen central: %s',imagen_central_nodulo2);
linea{12}=sprintf('Diagnóstico final: %s',diagnostico_nodulo2);
linea{13}=sprintf('Imágenes con nódulo visible:\n %s',cortes_nodulo2);
end

```

Se hace visible la información contenida en las variables *titulo_informacion_caso* e *informacion_caso*, cuyo contenido se encuentra en *texto_informacion_caso* (mismos contenidos que *linea* pero con otro formato):

```

numero_nodulos=num2str(numero_nodulos);
linea{1}=sprintf('Número de nódulos: %s',numero_nodulos);
texto_informacion_caso=char(linea);
set(informacion_caso,'Value',[],'Max',3,'Min',1)
set(titulo_informacion_caso,'Visible','on')
set(informacion_caso,'String',texto_informacion_caso)
set(informacion_caso,'Visible','on')

```

Al pulsar el botón *Mostrar información* también se muestra la ubicación del nódulo sobre la imagen activa, en caso de que lo contenga. Se debe conocer el valor de la barra de desplazamiento (indicador del número de corte) para saber si hay que dibujar sobre la imagen. También se obtiene el listado de cortes con anotaciones (de uno o dos nódulos según el TC).

```

tipo_TC=getappdata(0,'tipo_TC')
valor_barra=getappdata(0,'cargar_valor_barra');
cortes_annotados1=str2num(char(raw(numero_OTROS_TC(1)+1,7)));
if num(numero_OTROS_TC(1)+1,1)==2
    cortes_annotados2=str2num(char(raw(numero_OTROS_TC(2)+1,7)))
end

```

Una vez conocidos ambos parámetros (*valor_barra* y *cortes_annotados*) se busca la posible coincidencia entre la imagen activa y alguno de los cortes. En caso afirmativo se muestra un

marcador en el centro de masas y en sus ocho píxeles vecinos inmediatos, para facilitar su visualización.

```
for i=1:length(cortes_annotados1)
    if cortes_annotados1(i)==valor_barra
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2),num(numero_OTROS_TC(1),3),'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-1,num(numero_OTROS_TC(1),3),'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2),num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3),'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2),num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-1,num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
        plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
            'Color','Magenta'),hold on
    end
end
```

La comprobación se realiza también para el segundo nódulo. Debido a que no existe en todos los TCs, el método utilizado consiste en comprobar en primer lugar si existe una variable llamada *cortes_annotados2*, para a continuación verificar si existe coincidencia con el corte activo de forma análoga al primer nódulo:

```
if exist('cortes_annotados2','var')==1
    for i=1:length(cortes_annotados2)
        if cortes_annotados2(i)==valor_barra
            plot(num(numero_OTROS_TC(2),2),num(numero_OTROS_TC(2),3),'p',...
                'Color','Magenta'),hold on
            plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-1,num(numero_OTROS_TC(1),3),'p',...
```

```

        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2),num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3),'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2),num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-1,num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3)-1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)+1,num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
    plot(num(numero_OTROS_TC(1),2)-1,num(numero_OTROS_TC(1),3)+1,'p',...
        'Color','Magenta'),hold on
end
end
end

```

Por último, se cargan los datos necesarios para poder realizar la renderización tridimensional del nódulo al pulsar el *botón 3D*:

```

if exist('cortes_nodulo1','var')
    setappdata(0,'nodulo1',cortes_nodulo1)
    setappdata(0,'nodulo1_x',coordenada_x_nodulo1)
    setappdata(0,'nodulo1_y',coordenada_y_nodulo1)
end
if exist('cortes_nodulo2','var')
    setappdata(0,'nodulo2',cortes_nodulo2)
    setappdata(0,'nodulo2_x',coordenada_x_nodulo2)
    setappdata(0,'nodulo2_y',coordenada_y_nodulo2)
end
end

```

En la Figura 157 se muestra un ejemplo de nódulo perteneciente a *SPIE-AAPM*, ubicado en el pulmón derecho del paciente *LUNGx-CT0008*:

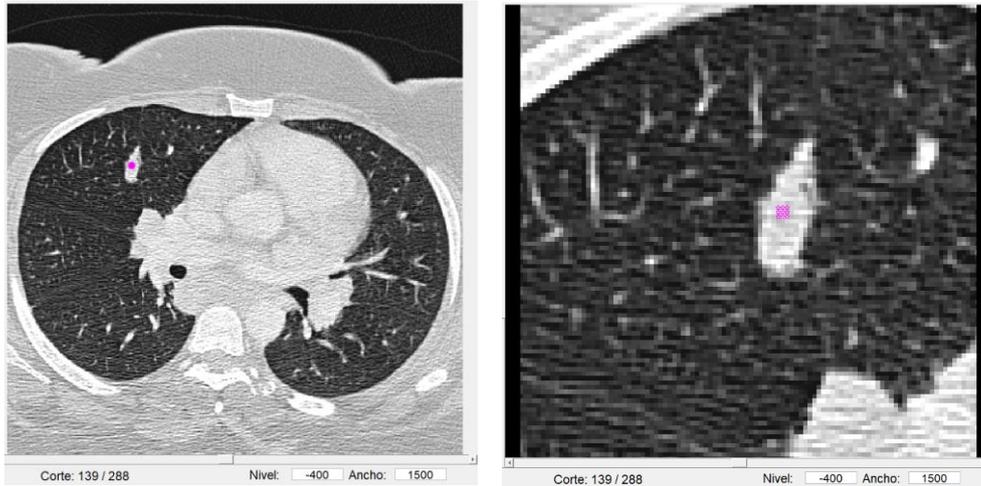


Figura 157. Caso perteneciente a SPIE-AAPM correspondiente a un paciente con un nódulo benigno (LUNGx-CT0008)

En la Figura 158 puede observarse el recuadro de color magenta que delimita un nódulo diagnosticado como un cáncer de pulmón primario:

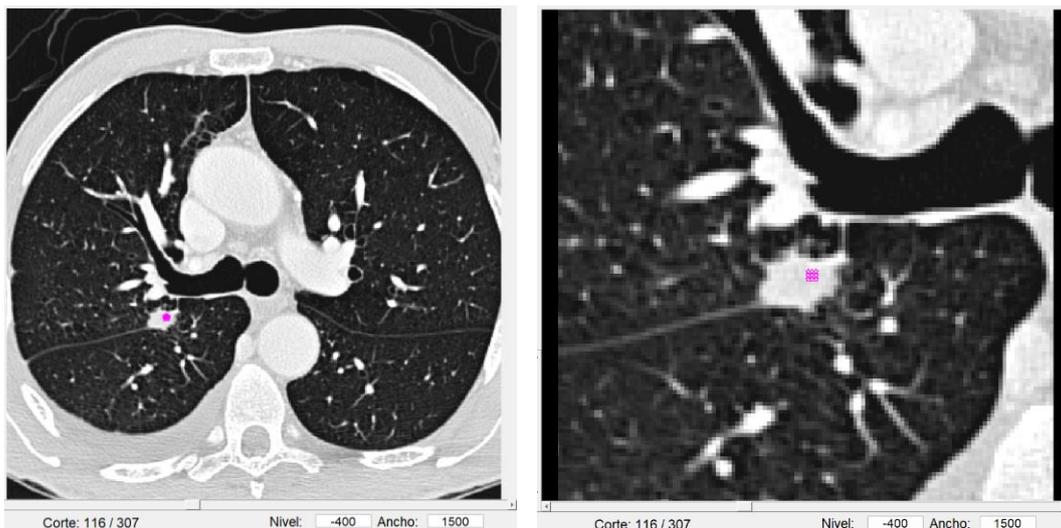


Figura 158. Caso perteneciente a la base de datos SPIE-AAPM correspondiente a un paciente con un cáncer de pulmón primario (LUNGx-CT0033)

En caso de seleccionar un caso perteneciente a la tercera de las bases de datos de TC de tórax, *PET-CT Lung Diagnosis*:

```
elseif vector_OTROS_TC==[0 1]
```

Se cargan los datos de la pestaña correspondiente de la hoja de datos de información *DatosGUI.xlsx*:

```
[num,txt,raw]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','LUNG_DIAGNOSIS');
```

Los datos cargados son el número de identificación del paciente, su sexo, edad, estadios T, N y M, la clasificación histopatológica y su historial como fumador. Simultáneamente a la importación de datos, se almacenan como cadenas de texto en las diferentes líneas de la variable de tipo celda llamada *linea*. Al codificar los datos se tiene en cuenta que algunos de estos datos no están disponibles para todos los pacientes de la base de datos.

```
idpaciente=char(txt(entrada(indice_selec),2));
linea{1}=sprintf('Identificacion del paciente: %s',idpaciente);
if strcmp(char(txt(entrada(indice_selec),3)), 'M')==1
    linea{2}=sprintf('Sexo: %s', 'Varón') ;
elseif strcmp(char(txt(entrada(indice_selec),3)), 'F')==1
    linea{2}=sprintf('Sexo: %s', 'Mujer');
end
edad=num2str(num(entrada(indice_selec),4));
linea{3}=sprintf('Edad: %s',edad);
peso=num2str(num(entrada(indice_selec),5));
linea{4}=sprintf('Peso: %s',peso);
```

Los siguientes condicionales se encargan de obtener el estadiaje T, N, M del tumor:

```
estadio_T=char(txt(entrada(indice_selec),6));
if isempty(estadio_T)==1
    estadio_T='Dato no disponible';
end
if size(estadio_T,2)==2
    if estadio_T(2)=='_'
        estadio_T =estadio_T(1);
    end
end
linea{5}=sprintf('Estadio T: %s',estadio_T);
estadio_N=char(txt(entrada(indice_selec),7));
if isempty(estadio_N)==1
    estadio_N='Dato no disponible';
end
if size(estadio_N,2)==2
    if estadio_N(2)=='_'
        estadio_N =estadio_N(1);
    end
end
```

```

end

end

linea{6}=sprintf('Estadio N: %s',estadio_N);
estadio_M=char(txt(entrada(indice_selec),8));
if isempty(estadio_M)==1
    estadio_M='Dato no disponible';
end

if size(estadio_M,2)==2
if estadio_M(2)=='_'
    estadio_M =estadio_M(1);
end
end

linea{7}=sprintf('Estadio M: %s',estadio_M);

```

Para la clasificación histopatológica del tumor se reserva la siguiente línea de la ventana de información:

```

clas_histopatologica=char(txt(entrada(indice_selec),9));
if isempty(clas_histopatologica)==1
    clas_histopatologica='Dato no disponible';
end

linea{8}=sprintf('Clasificación histopatológica: %s',clas_histopatologica);

```

Por último, el historial como fumador del paciente:

```

historial_fumador=num2str(num(entrada(indice_selec),10));
if historial_fumador=='1'
    linea{9}=sprintf('Historial como fumador: %s','SÍ');
elseif historial_fumador=='0'
    linea{9}=sprintf('Historial como fumador: %s','NO');
end

```

La segmentación del nódulo en esta base de datos consiste en un rectángulo cuyo tamaño depende de las dimensiones del nódulo en el corte considerado. Para activar su visualización, se obtiene el número de corte activo y se compara con las imágenes que contienen anotaciones:

```

tipo_TC=getappdata(0,'tipo_TC')
valor_barra=getappdata(0,'cargar_valor_barra')
TC_annotado=char(txt(entrada(indice_selec)+1,2))

```

Con esta base de datos se proporcionan archivos de texto con las anotaciones. Tras construir su ruta de direccionamiento, se obtienen los nombres de los archivos que contiene. También se cargan los identificadores, las instancias y el número de imágenes del caso, que ya fueron extraídos en JORCAD anteriormente:

```

ruta_annotaciones=strcat('C:\JORCAD\LUNG_DIAGNOSIS\Annotation\' ,...
                        TC_annotado, '\')

cortes_annotados=dir(ruta_annotaciones)

UID=getappdata(0, 'cargar_UID');

instancias=getappdata(0, 'cargar_instancias');

numero_imagenes=getappdata(0, 'cargar_numero_imagenes');

```

Se recorren mediante un bucle todos los cortes anotados. Se compara su nombre con los *UIDs* de los cortes anotados para buscar una coincidencia. En caso afirmativo se almacenan las coordenadas de los vértices del rectángulo, que se agrupan en un vector.

```

contador=1;

k=1;

for i=1:1:length(cortes_annotados)-2

    nombre_archivo_annotaciones=cortes_annotados(i+2).name;

    nombre_annotaciones=nombre_archivo_annotaciones(1:end-4);

```

Se busca la coincidencia de la *UID* de cada imagen con la que contiene anotaciones:

```

for j=1:1:numero_imagenes

    if strcmp(UID{j}, nombre_annotaciones)==1

        fid = fopen(strcat(ruta_annotaciones, cortes_annotados(i+2).name));

        tline = fgetl(fid);

        while ischar(tline)

            tline = fgetl(fid);

```

Se almacenan las coordenadas *x* e *y* mínima y máxima que determinan unívocamente el recuadro que engloba la lesión:

```

    if strfind(tline, '<xmin>')==7

        coincidencias(contador)=instancias(j);

        xmin=str2double(regex(tline, '\d*', 'Match'));

    elseif strfind(tline, '<ymin>')==7

        ymin=str2double(regex(tline, '\d*', 'Match'));

    elseif strfind(tline, '<xmax>')==7

        xmax=str2double(regex(tline, '\d*', 'Match'));

```

```

elseif strfind(tline,'<ymax>')==7
    ymax=str2double(regexptline,'\d*','Match'));
end
end
fclose(fid);

contador=contador+1;

```

Se construye el rectángulo para mostrarlo superpuesto a la imagen a partir de las coordenadas x e y mínimas, calculando su ancho y alto:

```

vertices_pos{k}=[xmin ymin xmax-xmin ymax-ymin];

k=k+1;

```

Si el corte activo (*valor_barra*) coincide con la instancia se muestra el rectángulo superpuesto sobre la imagen:

```

if valor_barra==instancias(j)
    valor_barra
    pos=[xmin ymin xmax-xmin ymax-ymin];
    rectangle('Position',pos,'EdgeColor','m')
end
end
end
end

```

Al disponer de un vector con todas las coincidencias, se puede mostrar un listado con todos los cortes con hallazgos:

```

coincidencias=sort(coincidencias);

linea{10}=sprintf('Cortes con hallazgos:');

coincidencias_texto=strsplit(num2str(coincidencias));

coincidencias_barra=strjoin(coincidencias_texto,' / ');

linea{11}=sprintf('%s',coincidencias_barra);

```

Se hace visible la información almacenada en la variable línea en la ventana de *Mostrar información*:

```

texto_informacion_caso=linea;

set(informacion_caso,'Value',[],'Max',3,'Min',1)

set(titulo_informacion_caso,'Visible','on')

set(informacion_caso,'String',texto_informacion_caso)

```

```
set(informacion_caso,'Visible','on')
```

Se activan las variables globales necesarias para la renderización 3D del nódulo mediante el botón 3D:

```
setappdata(0,'coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS',coincidencias)  
setappdata(0,'vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS',vertices_pos)  
end
```

Un ejemplo de corte segmentado en esta base de datos, ubicado en una región del pulmón derecho próxima a un cuerpo vertebral, se puede visualizar en la Figura 159:

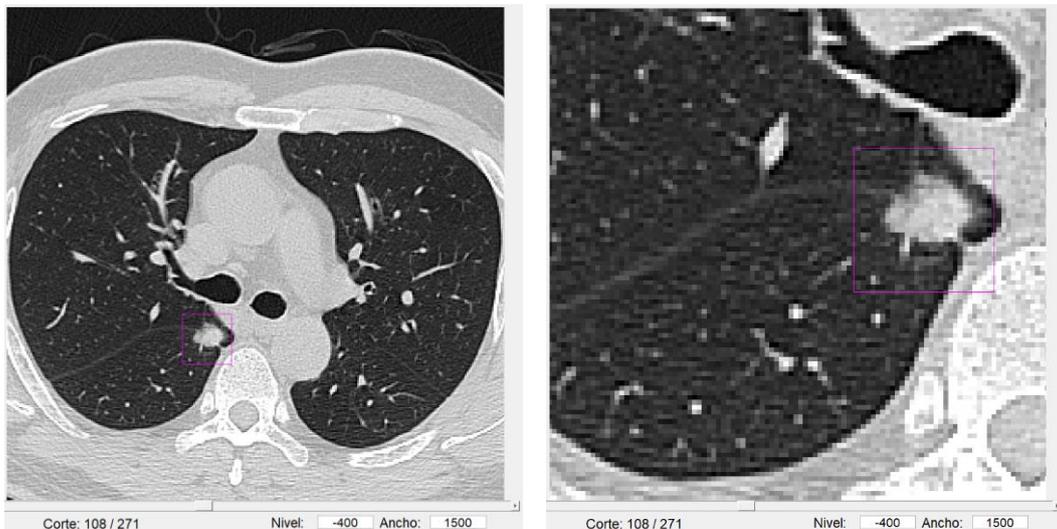


Figura 159. Caso perteneciente a la base de datos Lung PET-CT Diagnosis, con un estadio T=1, identificado como A0009_T-1b_N-0_M_0_

Otro ejemplo, que contiene un cáncer de pulmón en estadio T=1, con un nódulo diagnosticado adyacente a la pared pleural del pulmón derecho, se muestra en la Figura 160:

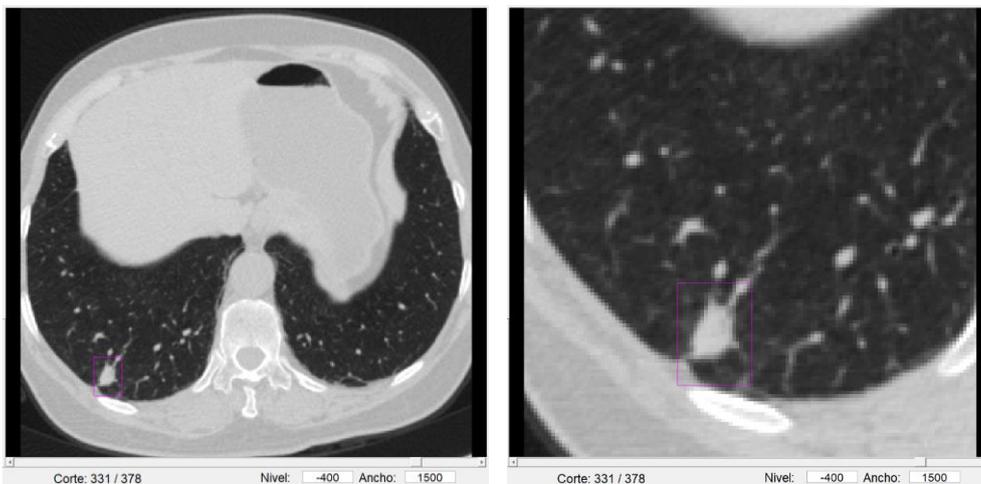


Figura 160. Caso perteneciente a la base de datos Lung PET-CT Diagnosis, con un estadio T=1, identificado como A0244_T-1b_N-0_M_0_

5.4.14.3. Base de datos de mamografía BCDR

En esta subsección se explica el método para presentar la información de la primera de las bases de datos de mamografía, BCDR. Como punto de partida se importa el listado de todos los casos que se muestran en la *listbox* del panel BCDR y el número de orden del elemento seleccionado en ella, que se convierte a una variable de tipo cadena de texto:

```
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%BCDR%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 1 0 0])== 1
    entrada=getappdata(0,'cargar_indicesvalue');
    indice_selec = get(seleccionado_BCDR,'Value')
    numero_BCDR=char(entrada(indice_selec));
```

Se activa la visualización del botón de acceso al análisis estadístico de la lesión segmentada:

```
set(boton_est_mamo,'Visible','on')
```

A continuación, se obtienen las coordenadas de los contornos de las lesiones segmentadas y se muestran superpuestos a la proyección mamográfica activa. Para ello se importan los datos de la hoja de cálculo en la que se guardan las coordenadas de los contornos, así como otros metadatos e información clínica correspondientes a los casos BCDR.

```
[num,txt,raw]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','BCDR');
```

Las coordenadas x e y de cada punto del contorno se encuentran en las columnas 15 y 16. Están desplazadas sistemáticamente un píxel hacia arriba y hacia la izquierda, por lo que se introduce una corrección en sus valores. Para cerrar el contorno se añade al final de cada vector de coordenadas el valor de la primera, y así poder mostrarla correctamente.

```
x_coord=raw{entrada(indice_selec)+1,15};
x_coord=str2num(x_coord)+1;
y_coord=raw{entrada(indice_selec)+1,16};
y_coord=str2num(y_coord)+1;
x_coord=[x_coord x_coord(1)];
y_coord=[y_coord y_coord(1)];
```

Se muestra en la imagen el contorno de la lesión y un recuadro alrededor de ella, ajustado a su tamaño, que facilita su localización sobre la imagen completa sin necesidad de hacer zoom:

```
rectangle('Position',[min(x_coord)-10, min(y_coord)-10,...
    max(x_coord)-min(x_coord)+20, max(y_coord)-min(y_coord)+20],...
    'Edgecolor','r','LineWidth',0.5),hold on,
plot(x_coord,y_coord,'w-','LineWidth',0.5,'Color','green'),hold on,
```

En la Figura 161 se pueden observar tres ejemplos de segmentaciones de lesiones con diagnóstico maligno, incluyendo el contorno construido a través de los vectores de coordenadas de sus puntos y el recuadro que la engloba:

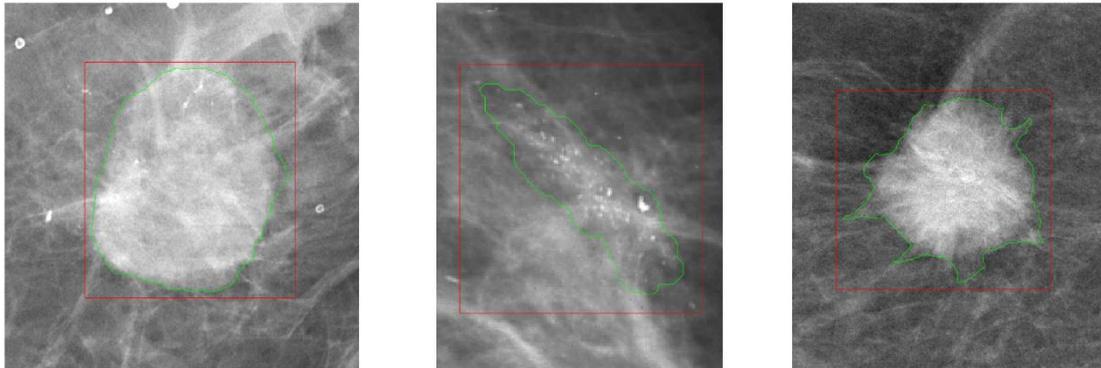


Figura 161. Ejemplo de segmentaciones de un nódulo + microcalcificaciones (izquierda), microcalcificaciones (centro) y nódulo o masa (derecha) las tres con un diagnóstico maligno

Las coordenadas obtenidas anteriormente se almacenan en las variables globales *contorno_lesion_BCDR_x*, *contorno_lesion_BCDR_y* y *recuadro_lesion_BCDR* para que puedan ser cargadas y utilizadas al pulsar el botón de análisis estadístico. En la ventana emergente de análisis estadístico se mostrarán la lesión segmentada y el contorno, como se explicará posteriormente.

```

coordenadas_rectangulo=[min(x_coord)-10,min(y_coord)-10,...
                        max(x_coord)-min(x_coord)+20, max(y_coord)-min(y_coord)+20];
setappdata(0,'recuadro_lesion_BCDR',coordenadas_rectangulo);
setappdata(0,'contorno_lesion_BCDR_x',x_coord);
setappdata(0,'contorno_lesion_BCDR_y',y_coord);

```

Se obtiene la información clínica y radiológica en formato texto, para incorporarla a la ventana de *Mostrar información*. Para cada dato se realiza la correspondiente conversión de formatos, explicación de las abreviaturas y traducción del inglés. Esta información comprende la lateralidad, el tipo de proyección y la presencia de cada tipo de lesión posible en formato pregunta. Los tipos de lesión son: nódulo, calcificación, microcalcificación, adenopatía axilar, distorsión de la arquitectura y distorsión del estroma.

```

lateralidad=char(raw{entrada(indice_selec)+1,14});
lateralidad=lateralidad(end-6:end-4);
if lateralidad(1)=='L' || lateralidad(2)=='L'
    linea{1}=sprintf('Mama Izquierda');
elseif lateralidad(1)=='R' || lateralidad(2)=='R'
    linea{1}=sprintf('Mama Derecha');
end

```

```

if lateralidad(3)=='0'

    linea{2}=sprintf('Proyección: Oblicua');

elseif lateralidad(2)=='C'

    linea{2}=sprintf('Proyección: Cráneo-caudal');

end

```

Para determinar el tipo de lesión:

```

if raw{entrada(indice_selec)+1,2}==1

    linea{3}=sprintf('¿Nódulo?: SÍ');

else

    linea{3}=sprintf('¿Nódulo?: NO');

end

if raw{entrada(indice_selec)+1,3}==1

    linea{4}=sprintf('¿Calcificación?: SÍ');

else

    linea{4}=sprintf('¿Calcificación?: NO');

end

if raw{entrada(indice_selec)+1,4}==1

    linea{5}=sprintf('¿Microcalcificación?: SÍ');

else

    linea{5}=sprintf('¿Microcalcificación?: NO');

end

if raw{entrada(indice_selec)+1,5}==1

    linea{6}=sprintf('¿Adenopatía axilar?: SÍ');

else

    linea{6}=sprintf('¿Adenopatía axilar?: NO');

end

if raw{entrada(indice_selec)+1,6}==1

    linea{7}=sprintf('¿Distorsión de la arquitectura?: SÍ');

else

    linea{7}=sprintf('¿Distorsión de la arquitectura?: NO');

end

if raw{entrada(indice_selec)+1,7}==1

    linea{8}=sprintf('¿Distorsión del estroma?: SÍ');

```

```

else
    linea{8}=sprintf('¿Distorsión del estroma?: NO');
end

```

Se incluyen también la edad, densidad mamaria, clasificación de la lesión, y conjunto de datos (*dataset*) de los 5 disponibles en *BCDR* al que pertenece el caso.

```

if raw{entrada(indice_selec)+1,17}<110
    linea{9}=sprintf('Edad: %d',raw{entrada(indice_selec)+1,17});
else
    edad_provisional=num2str(raw{entrada(indice_selec)+1,17});
    linea{9}=sprintf('Edad: %s',edad_provisional(1:2));
end

linea{10}=sprintf('Densidad mamaria: %d',raw{entrada(indice_selec)+1,18});
linea{11}=sprintf('Clasificación de la lesión: %s',...
    strtrim(raw{entrada(indice_selec)+1,19}));
linea{12}=sprintf('Dataset: %s',raw{entrada(indice_selec)+1,22});

```

Por último, se muestran el título del caso y toda la información obtenida anteriormente:

```

texto_informacion_caso=char(linea);
set(informacion_caso,'Value',[],'Max',3,'Min',1)
set(titulo_informacion_caso,'Visible','on')
set(informacion_caso,'String',texto_informacion_caso)
set(informacion_caso,'Visible','on')

```

5.4.14.4. Base de datos de mamografía *CBIS-DDSM*

Avanzando en la estructura condicional que controla la opción *Mostrar información*, se acondiciona la información y las segmentaciones disponibles para la base de datos *CBIS-DDSM*. Se carga el caso seleccionado en la *listbox* en la que se presentan el listado correspondiente al tipo de lesión y de diagnóstico marcado por el usuario.

```

elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 1 0])== 1
    indices_muestra=getappdata(0,'cargar_indices_muestra');

```

Se hace visible el botón de análisis estadístico de la lesión o lesiones:

```

set(boton_est_mamo,'Visible','on')

```

Para mostrar los contornos se importa la pestaña de la hoja de cálculo que contiene la información adicional proporcionada con la base de datos *CBIS-DDSM*. En este caso no se dispone de los vectores de coordenadas de la lesión, sino de una imagen binaria que contiene la segmentación, de la que se deben extraer las coordenadas del contorno. Se almacenan la ruta a la mamografía completa (*ruta_imagen*) y a la imagen binaria que contiene la segmentación (*ruta_mascara*), y se guardan posteriormente en *imagen_crop* e *imagen_mask*.

```
[num,txt,row]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM');
for i=1:1:length(indices_muestra)
    ruta_imagen=strcat('C:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...
        strtrim(raw{indices_muestra(i)+1,12}));
    ruta_recorte=strcat('C:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...
        strtrim(raw{indices_muestra(i)+1,13}));
    ruta_mascara=strcat('C:\JORCAD\CBIS-DDSM\',...
        strtrim(raw{indices_muestra(i)+1,14}));
    imagen_crop=dicomread(ruta_recorte);
    imagen_mask=dicomread(ruta_mascara);
```

Tras detectar que las imágenes de la máscara (contiene la segmentación) y el recorte pueden estar confundidas para algunos casos, se introduce el siguiente condicional que reconoce como imagen de la máscara la que tiene un mayor tamaño de matriz.

```
if size(imagen_crop,1)>size(imagen_mask,1)&&...
    size(imagen_crop,2)>size(imagen_mask,2)
    imagen_mascara=imagen_crop;
else
    imagen_mascara=imagen_mask;
end
```

La obtención de las coordenadas del contorno de la lesión se realiza como se indica a continuación, para después mostrarlo en la imagen junto con un recuadro que la enmarca.

```
imagen_contorno=edge(imagen_mascara);
[y_coord{i} x_coord{i}]=find(imagen_contorno==1);
rectangle('Position',[min(x_coord{i})-10, min(y_coord{i})-10,...
    max(x_coord{i})-min(x_coord{i})+20,...
    max(y_coord{i})-min(y_coord{i})+20],...
    'Edgecolor','r','LineWidth',0.5),hold on,
plot(x_coord{i},y_coord{i},'.','LineWidth',0.3,'Color','green'),hold on,
```

En la Figura 162 se visualizan tres ejemplos de lesiones segmentadas de diferentes características, generadas a partir de los contornos extraídos como se ha explicado anteriormente:

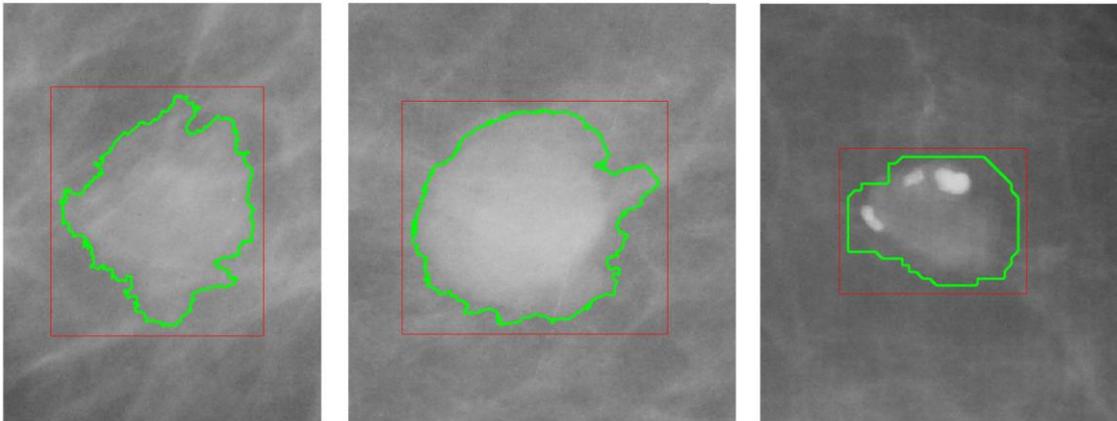


Figura 162. Masa benigna irregular (parte izquierda), masa maligna redondeada (central) y calcificación benigna sin rellamada gruesa (derecha)

Se transfieren los datos necesarios para mostrar la lesión y su contorno en la ventana de datos estadísticos:

```

coordenadas_rectangulo{i}=[min(x_coord{i})-10,
                            min(y_coord{i})-10,max(x_coord{i})-min(x_coord{i})+20,
                            max(y_coord{i})-min(y_coord{i})+20];
end % Cierra el bucle length(indices_muestra)
setappdata(0,'recuadro_lesion_DDSM',coordenadas_rectangulo);
setappdata(0,'contorno_lesion_DDSM_x',x_coord);
setappdata(0,'contorno_lesion_DDSM_y',y_coord);

```

En cuanto al texto que se muestra en la ventana de información del caso, se distinguen aquellos datos propios del caso y que son comunes a todas las lesiones que contiene y los que son específicos de cada una de las lesiones. Los tres primeros datos comunes son la lateralidad, el tipo de proyección y la densidad mamaria:

```

[num,txt,row]=xlsread('C:\JORCAD\DatosGUI.xlsx','DDSM');
lateralidad=row{indices_muestra(1)+1,3};
if strcmp(lateralidad,'LEFT')==1
    linea{1}=sprintf('Mama Izquierda');
elseif strcmp(lateralidad,'RIGHT')==1
    linea{1}=sprintf('Mama Derecha');
end
proyeccion=row{indices_muestra(1)+1,4};

```

```

if strcmp(proyeccion,'CC')==1

    linea{2}=sprintf('Proyección: Cráneo-caudal');

elseif strcmp(proyeccion,'MLO')==1

    linea{2}=sprintf('Proyección: Medio Lateral Oblicua');

end

densidad_mamaria=raw{indices_muestra(1)+1,2};

    linea{3}=sprintf('Densidad mamaria: %s',num2str(densidad_mamaria));

contador_lineas=4;

```

Los datos específicos de cada lesión incluyen el número de anomalía y el tipo de lesión (masa o calcificación). El tipo de masa se comprueba en el siguiente bloque de instrucciones (que identifica el tipo de masa del caso de entre los 20 tipos disponibles):

```

for i=1:1:length(indices_muestra)

    linea{contador_lineas}=sprintf('-----');

    anormalidad=raw{indices_muestra(i)+1,5};

    linea{contador_lineas+1}=sprintf('Número de anomalía: %s',...

                                    num2str(anormalidad));

    masa_o_calc=raw{indices_muestra(1)+1,6};

    if strcmp(masa_o_calc,'mass')==1

        linea{contador_lineas+2}=sprintf('Tipo de lesión: Masa');

    elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1

        linea{contador_lineas+2}=sprintf('Tipo de lesión: Calcificación');

    end

    tipo_forma=raw{indices_muestra(1)+1,7};

    if strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...

        strcmp(tipo_forma,'ARCHITECTURAL_DISTORTION')==1

        linea{contador_lineas+3}=sprintf('Forma de la masa:...

                                        Distorsión de la arquitectura');

    elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...

        strcmp(tipo_forma,'ASSYMETRIC_BREAST_TISSUE')==1

        linea{contador_lineas+3}=sprintf('Forma de la masa:...

                                        Tejido mamario asimétrico');

    elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...

        strcmp(tipo_forma,'FOCAL_ASSYMETRIC_DENSITY')==1

```

```

    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Asimetría de densidad focal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Irregular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR-ARCHITECTURAL_DISTORTION')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Irregular-Distorsión de la arquitectura');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR-ASYMMETRIC_BREAST_TISSUE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Irregular-Asimetría de tejido mamario');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR-FOCAL_ASSYMETRIC_DENSITY')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Irregular-Asimetría de densidad focal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LOBULATED-ARCHITECTURAL_DISTORTION')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Lobulada-Distorsión de la arquitectura');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LOBULATED-IRREGULAR')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Lobulada-Irregular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR-LYMPH_NODE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
                                   Irregular-Nódulo linfático');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'IRREGULAR-OVAL')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Irregular-Oval');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'LYMPH_NODE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Nódulo linfático');

```

```

elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'N\A')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: N/A');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'OVAL')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Oval');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1&&strcmp(tipo_forma,'OVAL-LOBULATED')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Oval-Lobulada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'OVAL-LYMPH_NODE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Oval-Nódulo linfático');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'ROUND')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Redondeada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND-IRREGULAR-ARCHITECTURAL_DISTORTION')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa:...
        Redondeada-Irregular-Distorsión de la arquitectura');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND-LOBULATED')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Redondeada-Lobulada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 && strcmp(tipo_forma,'ROUND-OVAL')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Forma de la masa: Redondeada-Oval');
end

```

Para las calcificaciones se comprueba si su tipo coincide con alguno de los relacionados a continuación (48 tipos posibles):

```

if strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'AMORPHOUS')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: Amorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'AMORPHOUS-PLEOMORPHIC')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
        Amorfa-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'AMORPHOUS-ROUND_AND_REGULAR')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...

```

```

                                Amorfa-Redondeada y regular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: Rugosa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE-LUCENT-CENTER')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Rugosa-Centro luminosos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE-PLEOMORPHIC')==1
linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:Rugosa-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE-ROUND_AND_REGULAR')==1
linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Rugosa-Redondeada y regular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE-ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Rugosa-Redondeada y regular-Centro luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'COARSE-ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTERED')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Rugosa-Redondeada y regular-Centrada en luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'DYSTROPHIC')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: Distrófica');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'EGGSHELL')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:Forma de huevo');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'FINE_LINEAR_BRANCHING')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Fina ramificada lineal ');

```

```

elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LARGE_RODLIKE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Grande y con forma de varilla');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LARGE_RODLIKE-ROUND_AND_REGULAR')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Grande, con forma de varilla, redondeada y regular ');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LUCENT_CENTER')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Centro luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LUCENT_CENTERED')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Centrada en luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'LUCENT_CENTER-PUNCTATE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Centro luminoso y punteada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'MILK_OF_CALCIUM')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Aspecto lácteo-calcio');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 && strcmp(tipo_forma,'N\A')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: N/A');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PLEOMORPHIC')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PLEOMORPHIC-AMORPHOUS')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:Pleomorfa-Amorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...

```

```

    strcmp(tipo_forma,'PLEOMORPHIC-FINE_LINEAR_BRANCHING')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Pleomorfa-Fina ramificada lineal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PLEOMORPHIC-PLEOMORPHIC')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Pleomorfa-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación: Punteada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-AMORPHOUS')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación: Punteada-Amorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-AMORPHOUS-PLEOMORPHIC')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Punteada-Amorfa-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-FINE_LINEAR_BRANCHING')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Punteada-Fina ramificada lineal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-LUCENT_CENTER')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Punteada-Centro luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-PLEOMORPHIC')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Punteada-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'PUNCTATE-ROUND_AND_REGULAR')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Punteada-Redondeada y Regular');

```

```

elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-AMORPHOUS')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Amorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-EGGSHELL')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación: ...
                                   Redondeada y Regular-Forma de huevo');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Centro luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER-DYSTROPHIC')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Centro luminoso-Distrófica');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTERED')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Centrada en luminoso');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-LUCENT_CENTER-PUNCTATE')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Centro luminoso-Punteada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-PLEOMORPHIC')==1
    linea(contador_lineas+3)=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                   Redondeada y Regular-Pleomorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...

```

```

        strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-PUNCTATE')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Redondeada y Regular-Punteada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'ROUND_AND_REGULAR-PUNCTATE-AMORPHOUS')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Redondeada y Regular-punteada-Amorfa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'SKIN')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación: Piel');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'SKIN-COARSE-ROUND_AND_REGULAR')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Piel-Rugosa-Redondeada y Regular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'SKIN-PUNCTATE')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación: Piel-Punteada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'SKIN-PUNCTATE-ROUND_AND_REGULAR')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Piel-Punteada-Redondeada y Regular');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'VASCULAR')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación: Vascolar');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 && ...
        strcmp(tipo_forma,'VASCULAR-COARSE')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Vascolar-Rugosa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(tipo_forma,'VASCULAR-COARSE-LUCENT_CENTERED')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
                                Vascolar-Rugosa-Centrada en luminosos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...

```

```

        strcmp(tipo_forma, 'VASCULAR-COARSE-LUCENT_CENTER-ROUND_AND...
                _REGULAR-PUNCTATE')==1
linea{contador_lineas+3}=sprintf('Tipo de calcificación:...
        Vascular-Rugosa-Centro luminodo-Redondeada y Regular-Punteada');
end

```

La distribución de los márgenes (20 tipos diferentes), en caso de que la lesión sea de tipo masa, se obtiene del siguiente modo:

```

distribucion_margenes=raw{indices_muestra(1)+1,8};
if strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes: Circunscritos');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-ILL_DEFINED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
        Circunscritos- Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-MICROLOBULATED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
        Circunscritos-Microlobulados');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-MICROLOBULATED-ILL_DEFINED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
        Circunscritos-Microlobulados-Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-OBSCURED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
        Circunscritos-Oscurecidos');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-OBSCURED-ILL_DEFINED')==1
    linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
        Circunscritos-Oscurecidos-Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc, 'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes, 'CIRCUMSCRIBED-SPICULATED')==1

```

```

linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Circunscritos-Espiculado');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'ILL_DEFINED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes: Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'ILL_DEFINED-SPICULATED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Mal definidos-Espiculados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'MICROLOBULATED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes: Microlobulados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'MICROLOBULATED-ILL_DEFINED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Microlobulados-Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'MICROLOBULATED-ILL_DEFINED-SPICULATED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Microlobulados-Mal definidos-Espiculados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'MICROLOBULATED-SPICULATED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Microlobulados-Espiculados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1&&strcmp(distribucion_margenes,'N\A')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes: N/A');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'OBSCURED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes: Oscurecidos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'OBSCURED-CIRCUMSCRIBED')==1
linea{contador_lineas+4}=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                Oscurecidos-Circunscritos');

```

```

elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'OBSCURED-ILL_DEFINED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                   Oscurecidos-Mal definidos');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'OBSCURED-ILL_DEFINED-SPICULATED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                   Oscurecidos-Mal definidos-Espiculados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'OBSCURED-SPICULATED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Tipo de márgenes:...
                                   Oscurecidos-Espiculados');
elseif strcmp(masa_o_calc,'mass')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'SPICULATED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Tipo de márgenes:  Espiculados');
end

```

La última característica es la distribución de los márgenes de la calcificación (10 tipos):

```

if strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'CLUSTERED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Distribución: Agrupada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'CLUSTERED-LINEAR')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Distribución: Agrupada-lineal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'CLUSTERED-SEGMENTAL')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Distribución: Agrupada-segmentada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'DIFFUSELY_SCATTERED')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Distribución: Diseminada-difusa');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
    strcmp(distribucion_margenes,'LINEAR')==1
    linea(contador_lineas+4)=sprintf('Distribución: Lineal');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...

```

```

        strcmp(distribucion_margenes,'LINEAR-SEGMENTAL')==1
        linea{contador_lineas+4}=sprintf('Distribución: Lineal-Segmentada');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(distribucion_margenes,'N\A')==1
        linea{contador_lineas+4}=sprintf('Distribución: N/A');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(distribucion_margenes,'REGIONAL')==1
        linea{contador_lineas+4}=sprintf('Distribución: Regional');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(distribucion_margenes,'REGIONAL-REGIONAL')==1
        linea{contador_lineas+4}=sprintf('Distribución: Regional-Regional');
elseif strcmp(masa_o_calc,'calcification')==1 &&...
        strcmp(distribucion_margenes,'SEGMENTAL')==1
        linea{contador_lineas+4}=sprintf('Distribución: Segmentada');
end
end

```

El nivel de evaluación, valorado por los expertos que validaron la base de datos, identifica la categoría *BI-RADS* de la lesión. Se incluye también el tipo de diagnóstico (benigno, benigno sin rellamada o maligno) y el nivel de sutileza relacionado con la facilidad de detección.

```

evaluacion=raw{indices_muestra(1)+1,9};
linea{contador_lineas+5}=sprintf('Nivel de evaluación: %s',...
                                num2str(evaluacion));
patologia=raw{indices_muestra(1)+1,10};
if strcmp(patologia,'BENIGN')==1
        linea{contador_lineas+6}=sprintf('Diagnóstico: Benigna');
elseif strcmp(patologia,'MALIGNANT')==1
        linea{contador_lineas+6}=sprintf('Diagnóstico: Maligna');
elseif strcmp(patologia,'BENIGN_WITHOUT_CALLBACK')==1
        linea{contador_lineas+6}=sprintf('Diagnóstico: Benigna sin rellamada');
end
sutileza=raw{indices_muestra(1)+1,11};
linea{contador_lineas+7}=sprintf('Nivel de sutileza: %s',...
                                num2str(sutileza));
contador_lineas=contador_lineas+8;

```

```
end
texto_informacion_caso=linea;
```

Se presenta el conjunto de información del caso al usuario:

```
set(informacion_caso, 'Value', [], 'Max', 3, 'Min', 1)
set(titulo_informacion_caso, 'Visible', 'on')
set(informacion_caso, 'String', texto_informacion_caso)
set(informacion_caso, 'Visible', 'on')
```

5.4.14.5. Base de datos de mamografía CSAW-S

En la última base de datos (CSAW-S), se obtiene el conjunto de los casos mostrados en la *listbox*, el número de orden del elemento seleccionado:

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio, [0 0 0 0 0 1]) == 1
    indice_selec = get(seleccionado_CSAWS, 'Value');
    caso_selec = getappdata(0, 'caso_CSAWS');
    caso_selec = char(caso_selec);
    nombre_imagen = getappdata(0, 'nombre_imagen_mamografia')
```

Se construye la ruta a la mamografía activa y se importa la imagen:

```
ruta_imagen = strcat('C:\JORCAD\CSAWS\', caso_selec, '\', nombre_imagen);
ruta_imagen = char(ruta_imagen);
imagen = imread(char(ruta_imagen));
h = getappdata(0, 'ref_imagen')
```

La particularidad principal de esta base de datos es que existen segmentaciones para la lesión y para toda la anatomía de la mama. Cada estructura segmentada se encuentra en una imagen independiente dentro de una misma carpeta para cada caso.

Se ejecuta la siguiente secuencia de acciones para cada estructura anatómica: lectura de la imagen, conversión a imagen binaria, localización del contorno de la estructura segmentada y almacenamiento de sus coordenadas en dos vectores para su posterior representación. Las estructuras obtenidas son: lesión (cancerosa), músculo pectoral, piel, pezón, nódulos linfáticos, vasos sanguíneos gruesos, calcificaciones, tejido no mamario y objetos extraños (en caso de existir):

```
%%%%%%%% LESIÓN %%%%%%%%%
ruta_cancer = strcat(ruta_imagen(1:end-4), '_cancer.png')
cancer = imread(ruta_cancer); cancer = im2bw(cancer);
```

```

cancer=edge(cancer);

[y_cancer, x_cancer] = find(cancer==1);

%%%%%%%% MÚSCULO PECTORAL %%%%%%%%%

ruta_pectoral=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_pectoral_muscle.png');

pectoral=imread(ruta_pectoral); pectoral=im2bw(pectoral);

pectoral=edge(pectoral);

[y_pectoral, x_pectoral] = find(pectoral==1);

%%%%%%%% PIEL %%%%%%%%%

ruta_piel=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_skin.png');

piel=imread(ruta_piel); piel=im2bw(piel);

piel=edge(piel);

[y_piel, x_piel] = find(piel==1);

%%%%%%%% PEZÓN %%%%%%%%%

ruta_pezon=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_nipple.png');

pezon=imread(ruta_pezon); pezon=im2bw(pezon);

pezon=edge(pezon);

[y_pezon, x_pezon] = find(pezon==1);

%%%%%%%% NÓDULOS LINFÁTICOS %%%%%%%%%

ruta_nodulos_linf=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_axillary_lymph_nodes.png');

nodulos_linf=imread(ruta_nodulos_linf); nodulos_linf=im2bw(nodulos_linf);

nodulos_linf=edge(nodulos_linf);

[y_nodulos_linf, x_nodulos_linf] = find(nodulos_linf==1);

%%%%%%%% VASOS SANGUÍNEOS GRUESOS %%%%%%%%%

ruta_vasos=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_thick_vessels.png');

vasos=imread(ruta_vasos); vasos=im2bw(vasos);

vasos=edge(vasos);

[y_vasos, x_vasos] = find(vasos==1);

%%%%%%%% CALCIFICACIONES %%%%%%%%%

ruta_calcificacion=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_calcifications.png');

calcificacion=imread(ruta_calcificacion);

calcificacion=im2bw(calcificacion); calcificacion=edge(calcificacion);

[y_calcificacion, x_calcificacion] = find(calcificacion==1);

%%%%%%%% TEJIDO NO MAMARIO %%%%%%%%%

```

```

ruta_tej_no_mamario=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_non-mammary_tissue.png');
tej_no_mamario=imread(ruta_tej_no_mamario);

tej_no_mamario=im2bw(tej_no_mamario); tej_no_mamario=edge(tej_no_mamario);
[y_tej_no_mamario, x_tej_no_mamario] = find(tej_no_mamario==1);

%%%%%% OBJETO EXTRAÑO %%%%%%

ruta_obj_extranno=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_foreign_object.png');
obj_extranno=imread(ruta_obj_extranno);
obj_extranno=im2bw(obj_extranno); obj_extranno=edge(obj_extranno)
[y_obj_extranno, x_obj_extranno] = find(obj_extranno==1);

```

En el caso de la glándula mamaria, se realiza una operación de erosión para que su contorno no se superponga con el de la piel y se puedan distinguir ambas correctamente:

```

%%%%%% GLÁNDULA MAMARIA %%%%%%

ruta_glandula=strcat(ruta_imagen(1:end-4),'_mammary_gland.png');
glandula=imread(ruta_glandula);
glandula=im2bw(glandula);
pincel_glandula=strel('disk',25);
glandula=imerode(glandula,pincel_glandula);
glandula=edge(glandula);
[y_glandula, x_glandula] = find(glandula==1);

```

Se muestran todas las estructuras superpuestas sobre la mamografía, utilizando las instrucciones *plot* y *hold on*, que la mantienen como base de la figura.

```

hold on,plot(x_piel,y_piel, '.', 'LineWidth',0.2,'Color',[0.976 0.843 0.109]),
hold on,plot(x_pectoral,y_pectoral, '.', 'LineWidth',0.2,'Color','cyan'),
hold on, plot(x_cancer,y_cancer, '.', 'LineWidth',0.2,'Color','magenta'),
hold on, plot(x_pezon,y_pezon, '.', 'LineWidth',0.2,'Color','green'),
hold on, plot(x_nodulos_linf,y_nodulos_linf, '.', ...
             'LineWidth',0.2,'Color','red'),
hold on, plot(x_vasos,y_vasos, '.', 'LineWidth',0.2, ...
             'Color',[0.92 0.69 0.12]),
hold on, plot(x_calcificacion,y_calcificacion, '.', 'LineWidth',0.2, ...
             'Color','blue'),
hold on, plot(x_tej_no_mamario,y_tej_no_mamario, '.', 'LineWidth',0.2, ...
             'Color',[0.4940 0.1840 0.5560]),

```

```

hold on, plot(x_obj_extranno,y_obj_extranno, '.', 'LineWidth',0.2,...
             'Color',[0.4660 0.6740 0.1880]),
hold on, plot(x_glandula,y_glandula, '.', 'LineWidth',0.2,...
             'Color',[0.6350 0.0780 0.1840]),hold on,

```

La anatomía mamaria segmentada por partes según la metodología anterior, presenta el siguiente aspecto mostrado en la Figura 163 para una proyección CC (parte izquierda) y una MLO (derecha):

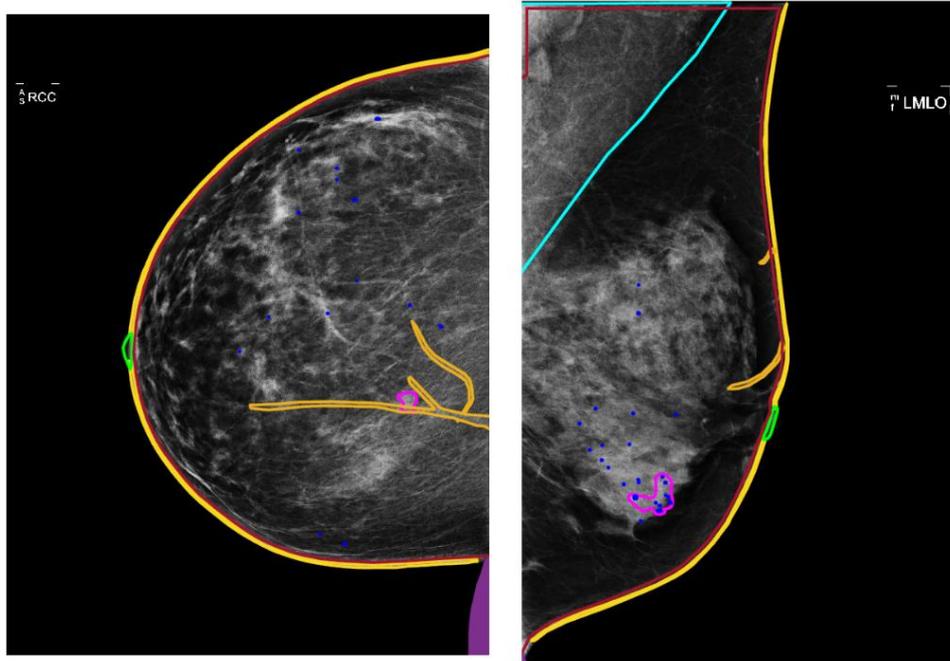


Figura 163. Proyecciones RCC y LMLO en la que se observan tanto la lesión cancerosa como los vasos, calcificaciones, piel, músculo pectoral y el pezón entre otras estructuras

El contorno de 4 lesiones diferentes ampliadas se puede ver en la Figura 164. Independientemente del grado de irregularidad de los bordes, en estos casos se observa la presencia de microcalcificaciones en el interior o en las proximidades de los contornos:

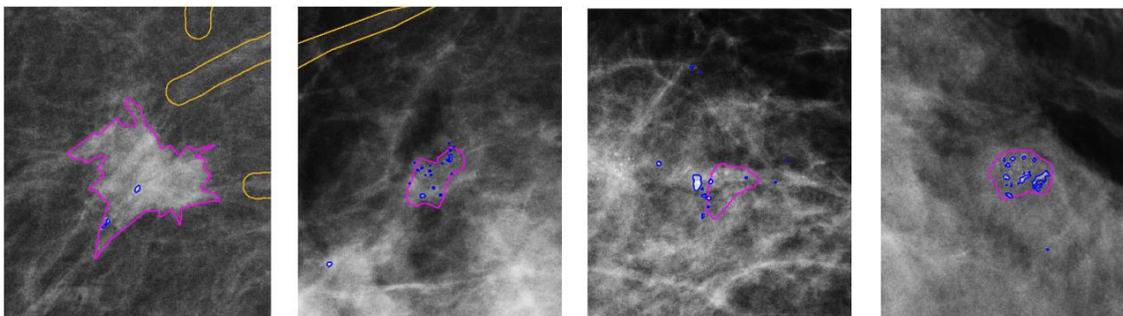


Figura 164. 4 ejemplos de lesiones (cáncer) segmentadas de CSAW-S

Se muestra el botón que permite acceder al análisis estadístico de la lesión:

```
set(boton_est_mamo,'Visible','on')
```

Y se crean las variables globales con los datos para mostrar la lesión y su contorno en la ventana de estadísticas:

```
coordenadas_rectangulo=[min(x_cancer)-10,min(y_cancer)-10,...
    max(x_cancer)-min(x_cancer)+20, max(y_cancer)-min(y_cancer)+20];
setappdata(0,'recuadro_lesion_CSAWS',coordenadas_rectangulo);
setappdata(0,'contorno_lesion_CSAWS_x',x_cancer);
setappdata(0,'contorno_lesion_CSAWS_y',y_cancer);
```

Se escribe en la ventana de información un listado de todas las estructuras mostradas a modo de leyenda. El color de cada línea de texto, expresado en formato RGB, coincide con el del contorno superpuesto a la mamografía para facilitar su identificación visual:

```
linea{1}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(0,255,255)">Músculo pectoral:...
    cyan</Font></html>');
linea{2}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(255,0,255)">Cáncer:...
    magenta</Font></html>');
linea{3}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(249,215,28)">Piel:...
    amarillo</Font></html>');
linea{4}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(0,128,0)">Pezón:...
    verde oscuro</Font></html>');
linea{5}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(255,0,0)">Nódulos...
    linfáticos axilares: rojo</Font></html>');
linea{6}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(255,140,0)">Vasos gruesos:...
    naranja</Font></html>');
linea{7}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(0,0,255)">Calcificaciones:...
    azul</Font></html>');
linea{8}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(119,172,48)">Tejido no mamario:...
    verde</Font></html>');
linea{9}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(126,47,142)">Objetos extraños:...
    morado</Font></html>');
linea{10}=sprintf('<HTML><FONT color="rgb(162,20,47)">Glándula mamaria:...
    granate</Font></html>');
```

Finalmente, se cargan estos datos en la ventana de información:

```

texto_informacion_caso=linea;

set(informacion_caso,'Value',[],'Max',3,'Min',1)

set(titulo_informacion_caso,'Visible','on')

set(informacion_caso,'String',texto_informacion_caso)

set(informacion_caso,'Visible','on')

end

end

```

5.4.15. Botón de activación de la vista en 3D del nódulo

El *botón 3D* se define como un control que está disponible para el usuario después de realizar la importación de un caso de TC de tórax y de haber accedido a la información radiológica y a las segmentaciones mediante el botón *Mostrar información*:

```

boton_3D = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...

    'String','3D','Units','normalized','Position',[0.475 0.355 0.03 0.04],...

    'BackgroundColor',[1 1 .60],'FontSize',13,'FontName','Calibri',...

    'Fontunits','normalized','HandleVisibility','on','Visible','off',...

    'Callback',{@boton_3D_Callback});

```

Su función de llamada *@boton_3D_Callback*, realiza acciones diferentes en función de la base de datos a la que pertenezca el caso.

En primer lugar, se comprueba si existen cortes anotados para el caso activo y se cargan todas las imágenes de la secuencia, obteniendo las rutas que direccionan las localizaciones de los archivos relacionados.

```

function boton_3D_Callback(hObject, eventdata, handles)

    if isequal(get(tc,'Value'),1)

        cortes_annotados = getappdata(0,'existen_cortes_annotados');

        imagenes_LIDC=getappdata(0,'imagenes_LIDC');

        orden_LIDC=getappdata(0,'cargar_nombre_ordenado');

        ruta_base_LIDC=getappdata(0,'cargar_ruta_base');

        ruta_final_LIDC=getappdata(0,'cargar_ruta_final');

```

Se obtiene el listado de imágenes que contienen anotaciones:

```

imagen_GTS = getappdata(0,'imagen_GTS_LIDC');

imagen_GTS = str2double(imagen_GTS);

```

Se identifica el número de nódulos para el caso activo;

```
cambio_nodulos=imagen_GTS([1; diff(imagen_GTS')]~=-1);  
cambio_nodulos=[cambio_nodulos imagen_GTS(end)];
```

Para cada uno de los nódulos del caso se localizan las imágenes de los cortes en que se visualiza:

```
for i=1:1:(length(cambio_nodulos)-1)  
    nodule{i}=imagen_GTS(find(imagen_GTS==cambio_nodulos(i)):...  
        find(imagen_GTS==cambio_nodulos(i+1))-1);  
end  
nodule{end}(end+1)=imagen_GTS(end);
```

Se recuperan las coordenadas de cada uno de los nódulos:

```
x_coord = getappdata(0,'x_coord_LIDC');  
y_coord = getappdata(0,'y_coord_LIDC');
```

Se localizan el mínimo y el máximo de las coordenadas de cada uno de los contornos para establecer el área que debe recortarse para mostrarlo en 3D:

```
for k=1:1:length(nodulo)  
    minimo_x(k)=512; maximo_x(k)=1;  
    for i=find(imagen_GTS==nodulo{k}(1)):1:...  
        (find(imagen_GTS==nodulo{k}(1))+length(nodulo{k}))-1  
        for j=1:1:size(x_coord,2)  
            if min(x_coord{i,j}) < minimo_x(k)  
                minimo_x(k)=min(x_coord{i,j});  
            elseif max(x_coord{i,j}) > maximo_x(k)  
                maximo_x(k)=max(x_coord{i,j});  
            end  
        end  
    end  
end  
end  
for k=1:1:length(nodulo)  
    minimo_y(k)=512; maximo_y(k)=1;  
    for i=find(imagen_GTS==nodulo{k}(1)):1:...  
        (find(imagen_GTS==nodulo{k}(1))+length(nodulo{k}))-1  
        for j=1:1:size(y_coord,2)
```

```

        if min(y_coord{i,j}) < minimo_y(k)
            minimo_y(k)=min(y_coord{i,j});
        elseif max(y_coord{i,j}) > maximo_y(k)
            maximo_y(k)=max(y_coord{i,j});
        end
    end
end
end
end

```

Se añaden 5 cortes en dirección craneal y caudal para ampliar el volumen representado. Para visualizar también la región que rodea al nódulo se determinan unos márgenes en dirección lateral y vertical, cuyo tamaño depende del tamaño del mismo. En concreto se amplía un 25% el tamaño de la segmentación en cada dirección y sentido, utilizando los vectores *margen_nodulo_x*, *margen_nodulo_y*, cuyos valores dependen de las dimensiones principales del nódulo considerado:

```

n=5;
for k=1:1:length(nodulo)
    for i=1:1:n
        nodulo{k}(end+1)=nodulo{k}(end)-1;
        nodulo{k}=[nodulo{k}(1)+1 nodulo{k}];
    end
    margen_nodulo_x(k)=(maximo_x(k)-minimo_x(k))/4;
    margen_nodulo_y(k)=(maximo_y(k)-minimo_y(k))/4;
    minimo_x(k)=minimo_x(k)-margen_nodulo_x(k);
    minimo_y(k)=minimo_y(k)-margen_nodulo_y(k);
    maximo_x(k)=maximo_x(k)+margen_nodulo_x(k);
    maximo_y(k)=maximo_y(k)+margen_nodulo_y(k);
    ancho_x(k)=maximo_x(k)-minimo_x(k);
    alto_y(k)=maximo_y(k)-minimo_y(k);
end

```

Se realiza el recorte de cada una de las imágenes teniendo en cuenta las dimensiones de la región determinadas anteriormente:

```

for k=1:1:length(nodulo)
    for i=1:1:length(nodulo{k})
        imagenes_LIDC_recortadas(:,:,i)=...

```

```

        imcrop(imagenes_LIDC(:,:,nodulo{k}(i)),...
        [minimo_x(k) minimo_y(k) ancho_x(k) alto_y(k)]);

end

```

El vector *mapa alfa*, de 256 elementos de longitud por tratarse de una renderización volumétrica en 8 bits, contiene el mapa de transparencia para el contenido del volumen. Cada uno de sus elementos puede tomar valores entre 0 y 1, siendo 0 el valor correspondiente a transparencia completa y 1 a completamente opaco. La matriz *mapa color* contiene 3 filas de 256 elementos y representa el mapa de colores para el contenido representado siguiendo el código de colores RGB. Cada elemento de la matriz toma también valores entre 0 y 1. No se incluyen los listados completos de valores numéricos, pero se adjunta en la Figura 165 la codificación de colores en función de las UH.

```

mapa_alfa=[vector fila de 256 elementos];

mapa_color=[matriz de 256x3 elementos];

```

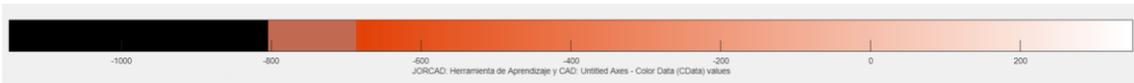


Figura 165. Escala de colores utilizado en la renderización 3D de los nódulos

Se realiza la representación del volumen, estableciendo los mapas de colores y de transparencia, el color de fondo utilizando la opción “Renderizado de volúmenes”. Se añade una nueva figura, que aparece en una nueva ventana emergente, para cada uno de los nódulos.

```

figure,volshow(imagenes_LIDC_recortadas,'BackgroundColor','w',...
    'Lighting',0,'Alphamap',mapa_alfa,'Colormap',mapa_color,
    'Renderer','VolumeRendering'),hold on

clear imagenes_LIDC_recortadas

end

```

En caso de que se haya seleccionado la opción *Otras bases de datos de TC de tórax*, se evalúa cuál de las dos bases de datos que engloba se está explorando:

```

elseif isequal(get(tc2,'Value'),1)

vector_OTROS_TC=[get(SPIE_casoOTROS_TC,'Value'),...

get(LUNG_DIAGNOSIS_casoOTROS_TC,'Value')]

```

En caso de tratarse de *SPIE-AAPM*, cuyos casos contienen únicamente uno o dos nódulos, se cargan las rutas a las imágenes, el listado de imágenes que lo contiene y las coordenadas x e y del centro de masa del nódulo:

```

if vector_OTROS_TC==[1 0]

imagenes_SPIE=getappdata(0,'imagenes_LIDC');

```

```

orden_SPIE=getappdata(0,'cargar_nombre_ordenado');
ruta_base_SPIE=getappdata(0,'cargar_ruta_base');
ruta_final_SPIE=getappdata(0,'cargar_ruta_final');
nodulo1=getappdata(0,'nodulo1');
nodulo1_x=str2double(getappdata(0,'nodulo1_x'));
nodulo1_y=str2double(getappdata(0,'nodulo1_y'));
nodulo1=str2double(strsplit(nodulo1,'/'));
nodulo2=getappdata(0,'nodulo2');
nodulo2_x=str2double(getappdata(0,'nodulo2_x'));
nodulo2_y=str2double(getappdata(0,'nodulo2_y'));
if length(nodulo2)>0
    nodulo2=str2double(strsplit(nodulo2,'/'));
end
n=5;
for i=1:1:n
    nodulo1(end+1)=nodulo1(end)+1;
    nodulo1=[nodulo1(1)-1 nodulo1];
end
if length(nodulo2)>0
    for i=1:1:n
        nodulo2(end+1)=nodulo2(end)+1;
        nodulo2=[nodulo2(1)-1 nodulo2];
    end
end
margen=32;
for i=1:1:length(nodulo1)
    imagenes_SPIE_recortadas(:,:,i)=...
        imcrop(imagenes_SPIE{(:,:,nodulo1(i))},...
            [nodulo1_x-margen nodulo1_y-margen 2*margen 2*margen]);
end
mapa_alfa=[vector fila de 256 elementos];
mapa_color=[matriz de 256x3 elementos];
figure,volshow(imagenes_SPIE_recortadas,'BackgroundColor','w',...

```

```

        'Lighting',0,'Alphamap',mapa_alfa,'Colormap',mapa_color,...
        'Renderer','VolumeRendering'),hold on

clear imagenes_LIDC_recortadas

if length(nodulo2)>0

    imagenes_SPIE_recortadas(:,:,i)= ...

        imcrop(imagenes_SPIE(:,:,nodulo2(i)),...

            [nodulo2_x-margen nodulo2_y-margen 2*margen 2*margen]);

end

mapa_alfa=[vector fila de 256 elementos];
mapa_color=[matriz de 256x3 elementos];

figure,volshow(imagenes_SPIE_recortadas,'BackgroundColor','w',...

    'Lighting',0,'Alphamap',mapa_alfa,'Colormap',mapa_color,...

    'Renderer','VolumeRendering'),hold on

clear imagenes_LIDC_recortadas

```

Para la base de datos *Lung-PET-CT-Diagnosis*:

```

elseif vector_OTROS_TC==[0 1]

    imagenes_LUNG_DIAGNOSIS=getappdata(0,'imagenes_LIDC');

    orden_LUNG_DIAGNOSIS=getappdata(0,'cargar_nombre_ordenado');

    ruta_base_LUNG_DIAGNOSIS=getappdata(0,'cargar_ruta_base');

    ruta_final_LUNG_DIAGNOSIS=getappdata(0,'cargar_ruta_final');

    coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS=...

        getappdata(0,'coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS');

    vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS=...

        getappdata(0,'vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS');

    vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS=cell2mat(vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS)

    margen=24;

    x_min=min(vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS(1:4:end))-margen;

    y_min=min(vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS(2:4:end))-margen;

    ancho=max(vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS(3:4:end))+2*margen;

    alto=max(vertices_pos_LUNG_DIAGNOSIS(4:4:end))+2*margen;

    n=3;% Ampliamos n cortes por delante y por detrás

    for i=1:1:n

        coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS(end+1)=...

```

```

        coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS(end)-1;

        coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS=...

[coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS(1)+1 coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS];
end

for i=1:1:length(coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS)

    imagenes_LD_recortadas(:,:,i)=...

        imcrop(imagenes_LUNG_DIAGNOSIS{:, :, ...

            coincidencias_LUNG_DIAGNOSIS(i)}, [x_min y_min ancho alto]);

end

mapa_alfa=[vector fila de 256 elementos];
mapa_color=[matriz de 256x3 elementos];

figure,volshow(imagenes_LD_recortadas,'BackgroundColor','w',...

    'Lighting',0,'Alphamap',mapa_alfa,'Colormap',mapa_color,...

    'Renderer','VolumeRendering'),hold on

end

end

end

```

En la Figura 166 se pueden ver 4 ejemplos de renderizaciones en 3D de nódulos de diferentes tamaños y localizaciones. Las estructuras vasculares adyacentes, situadas en cortes anteriores y posteriores al plano visualizado pueden visualizarse en la vista en 3D añadiendo información espacial de su entorno.

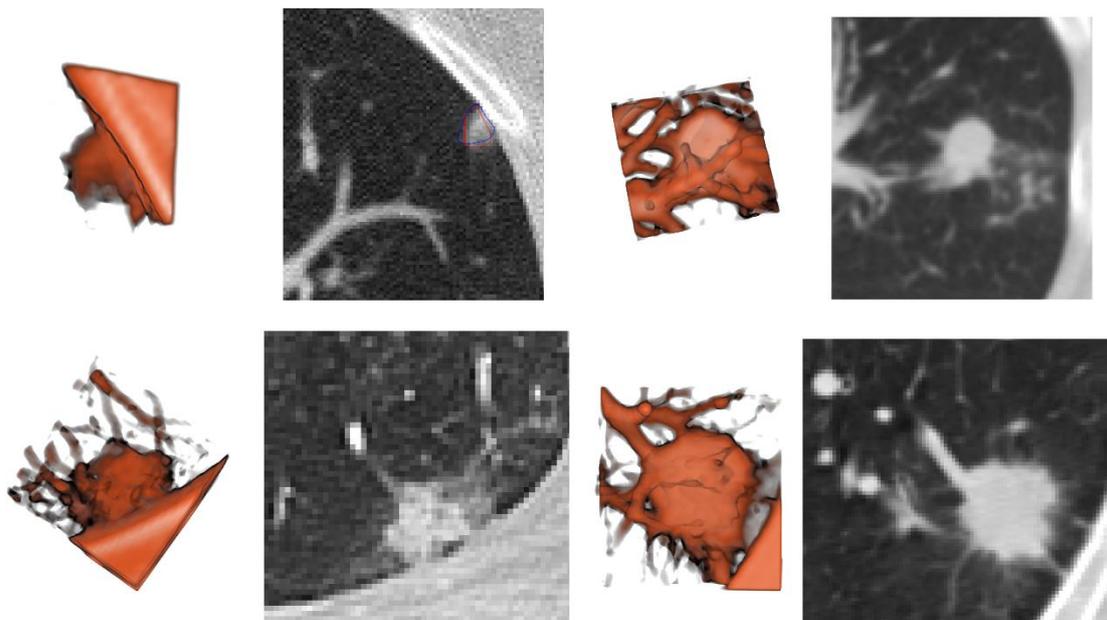


Figura 166. Ejemplos de renderizaciones de nódulos generadas tras pulsar el botón 3D

5.4.16. Botón de análisis estadístico de lesiones en mamografía

El *botón EST*. abre la ventana de análisis estadístico de lesiones en mamografía. Contiene una vista ampliada y reescalada de la lesión con la segmentación adecuadamente adaptada, un histograma de los valores de píxel incluidos en el contorno y una serie de parámetros estadísticos relevantes sobre la distribución de píxeles y el contorno.

```
boton_est_mamo = uicontrol ('Style', 'pushbutton',...
    'String','EST.', 'Units','normalized', 'Position',[0.475 0.355 0.03 0.04],...
    'BackgroundColor',[1 1 .60], 'FontSize',13, 'FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized', 'HandleVisibility','on', 'Visible','off',...
    'Callback',{@boton_est_mamo_Callback});
```

Se verifica si alguna de las tres bases de datos de mamografía está seleccionada. En el siguiente bloque de código se describen los controles relacionados con la base de datos *BCDR*. Se importan en el interior de esta función la mamografía, coordenadas del rectángulo que permite recortar la lesión y las coordenadas *x* e *y* de la segmentación.

```
function boton_est_mamo_Callback(hObject, eventdata, handles)
    vector_tipo_estudio=[get(no_tipo_estudio, 'Value'), get(tc, 'Value'), ...
        get(tc2, 'Value'), get(mgBCDR, 'Value'), ...
        get(mgDDSM, 'Value'), get(CSAWS, 'Value')];

    if isequal(vector_tipo_estudio, [0 0 0 1 0 0])
        recuadro_lesion=getappdata(0, 'recuadro_lesion_BCDR');
        contorno_lesion_x=getappdata(0, 'contorno_lesion_BCDR_x');
        contorno_lesion_y=getappdata(0, 'contorno_lesion_BCDR_y');
        imagen_mamografia=getappdata(0, 'imagen_mamografia');
        imagen_mamografia=imagen_mamografia(:,:,1);
```

Se crea una imagen binaria, con el fondo definido como ceros y el contorno de la lesión como unos, definiendo posteriormente una ROI poligonal.

```
imagen_negro=zeros(size(imagen_mamografia,1),size(imagen_mamografia,2));
for i=1:1:length(contorno_lesion_x)
    imagen_negro(contorno_lesion_y(i), contorno_lesion_x(i))=1;
end
```

```

imagen_binaria =...
        roipoly(imagen_negro, contorno_lesion_x, contorno_lesion_y);
contorno_lesion_x=contorno_lesion_x';
contorno_lesion_y=contorno_lesion_y';

```

Se define una nueva figura, sin barra de menú y herramientas asociada, que contendrá toda la información que se describirá posteriormente.

```

f=figure('Name','Datos estadísticos de la lesión',...
        'NumberTitle','off','Position',[25 50 750 750]);
set(f, 'MenuBar', 'none');
set(f, 'ToolBar', 'none');

```

La función *regionprops* de MATLAB® permite medir diferentes propiedades de regiones conectadas en imágenes binarias. Se calculan el área, perímetro, circularidad, diámetro equivalente y solidez.

La circularidad cuantifica el grado de semejanza de la región con un círculo y toma el valor 1 para un círculo perfecto. Se calcula como se indica en (Ec. 92):

$$Circularidad = \frac{4 \cdot \pi \cdot \text{Área}}{\text{Perímetro}^2} \quad (\text{Ec. 92})$$

El diámetro equivalente se corresponde con el diámetro de un círculo que tiene igual área que la región considerada. Su valor se calcula según (Ec. 93):

$$Diámetro\ equivalente = \sqrt{\frac{4 \cdot \text{Área}}{\pi}} \quad (\text{Ec. 93})$$

La solidez determina la proporción de píxeles de la región con respecto al área de una región de forma convexa que la engloba completamente. Se obtiene de la siguiente forma (Ec. 94):

$$Solidez = \frac{\text{Área}}{\text{Área región convexa}} \quad (\text{Ec. 94})$$

Se calculan y almacenan los valores de las propiedades mediante las siguientes instrucciones:

```

imagen_bin=imagen_binaria;
area=regionprops(imagen_bin,'Area'); valor_area=area.Area
perimetro=regionprops(imagen_bin,'Perimeter');
valor_perimetro=perimetro.Perimeter;

```

```

circularidad=regionprops(imagen_bin,'Circularity');
valor_circularidad=circularidad.Circularity;

diam_equiv=regionprops(imagen_bin,'EquivDiameter');
valor_diam_equiv=diam_equiv.EquivDiameter;

solidez=regionprops(imagen_bin,'Solidity');
valor_solidez=solidez.Solidity;

```

Para mostrar el recorte de la lesión ampliado, adaptado al tamaño de la ventana, y en la parte inferior de la misma, se utilizan las siguientes instrucciones. Se obtienen los factores de escala necesarios y se ajusta proporcionalmente su tamaño en cada dimensión. Se procede a modificar las coordenadas de los píxeles de la lesión para que se adapten a este nuevo recorte.

```

imagen_mamografia_rec=imcrop(imagen_mamografia,recuadro_lesion);
eje_mamo = axes(f,'Position',[0.25 0.05 0.5 0.5],'Xtick',[],'Ytick',[]);
set(eje_mamo,'Units','pixels');
resizePos = get(eje_mamo,'Position');
factor_escala_x=resizePos(3)/recuadro_lesion(3);
factor_escala_y=resizePos(4)/recuadro_lesion(4);
contorno_lesion_x_mod=(double(contorno_lesion_x)-...
    recuadro_lesion(1))*factor_escala_x;
contorno_lesion_y_mod=(double(contorno_lesion_y)-...
    recuadro_lesion(2))*factor_escala_y;
imagen_mamografia_rec= imresize(imagen_mamografia_rec,...
    [resizePos(3) resizePos(3)]);
axes(eje_mamo);

```

Se muestra la imagen del recorte, dibujando el contorno sobre ella:

```

imshow(imagen_mamografia_rec,[min(min(imagen_mamografia_rec))...
    max(max(imagen_mamografia_rec))],hold on,
plot(contorno_lesion_x_mod,contorno_lesion_y_mod,'w-',...
    'LineWidth',0.5,'Color','magenta'),hold on,
set(eje_mamo,'Units','normalized');

```

El resto de parámetros estadísticos que requieren cálculos para su obtención se determinan como se indica, para lo que es necesario realizar una serie de contajes y sumas sobre los valores de píxel de la lesión segmentada.

Se determina la media, según la expresión (Ec. 95):

$$\bar{p}_{lesión} = \frac{\sum_{i=1}^N p_i}{N} \quad (\text{Ec. 95})$$

donde N es el número de píxeles incluidos en el interior del contorno de la lesión.

La desviación típica se obtiene como se indica en la (Ec. 96):

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (p_i - \bar{p}_{lesión})^2}{N - 1}} \quad (\text{Ec. 96})$$

El coeficiente de asimetría se calcula del siguiente modo (Ec. 97):

$$g = \frac{\frac{\sum_{i=1}^N (p_i - \bar{p}_{lesión})^3}{N}}{\left(\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (p_i - \bar{p}_{lesión})^2}{N}} \right)^3} \quad (\text{Ec. 97})$$

El coeficiente de curtosis se obtiene según (Ec. 98):

$$g = \frac{\frac{\sum_{i=1}^N (p_i - \bar{p}_{lesión})^4}{N}}{\left(\frac{\sum_{i=1}^N (p_i - \bar{p}_{lesión})^2}{N} \right)^2} - 3 \quad (\text{Ec. 98})$$

El cálculo de estos descriptores, obtenido en varias etapas intermedias debido a la complejidad de las fórmulas, se describe a continuación:

```

suma=0;
contador=1;
for i=recuadro_lesion(1):1:(recuadro_lesion(1)+recuadro_lesion(3))
    for k=recuadro_lesion(2):1:(recuadro_lesion(2)+recuadro_lesion(4))
        [in,on] = inpolygon(i,k,contorno_lesion_x,contorno_lesion_y);
        if in==1
            suma=suma+double(imagen_mamografia(k,i));
            valor(contador)=double(imagen_mamografia(k,i));
            contador=contador+1;
        end
    end
end

```

```

end

end

media=suma/valor_area;

suma_desv_est=0; suma_cuadrado=0; suma_cubo=0; suma_cuarta=0;

for k=1:1:length(valor)

    aux1=(valor(k)-media)^2; suma_desv_est=suma_desv_est+aux1;

    aux2=(valor(k)-media)^2; suma_cuadrado=suma_cuadrado+aux2;

    aux3=(valor(k)-media)^3; suma_cubo=suma_cubo+aux3;

    aux4=(valor(k)-media)^4; suma_cuarta=suma_cuarta+aux4;

end

desv_est=sqrt((1/(length(valor)-1))*suma_desv_est);

asimetria = ((1/length(valor))*suma_cubo)/...

            sqrt((1/(length(valor))*suma_cuadrado))^3;

kurtosis = ((1/length(valor))*suma_cuarta)/...

            ((1/(length(valor))*suma_cuadrado)^2))-3;

```

Se construye el histograma de valores de píxel de la lesión

```

eje_hist = axes(f,'Position',[0.05 0.6 0.35 0.35],'Xtick',[],'Ytick',[]);

hist(valor,20)

```

Por último, se obtienen los parámetros energía, homogeneidad y entropía. Tras asignar el valor *NaN* a todos los píxeles del recorte no pertenecientes a la lesión, se calcula la matriz de co-ocurrencia de niveles de gris, que permite estudiar la dependencia espacial de los valores de píxel. Esta matriz calcula el número de veces que un determinado valor de píxel ocurre horizontalmente en píxeles adyacentes. Se calcula la matriz de dimensión 5 x 5 para cada lesión.

A partir de la matriz de co-ocurrencia se calculan dos de los parámetros mencionados en el párrafo anterior. La energía se calcula según la (Ec. 99), como la suma cuadrática de los elementos de la matriz:

$$Energía = \sum_{i,j} p_{i,j}^2 \quad (Ec. 99)$$

La homogeneidad está relacionada con la proximidad de la distribución de los elementos de la matriz de co-ocurrencia a su diagonal, y se obtiene según (Ec. 100):

$$Homogeneidad = \sum_{i,j} \frac{p_{i,j}}{1 + |i - j|} \quad (\text{Ec. 100})$$

La entropía es una medida de la aleatoriedad de los valores de píxel que sirve para caracterizar su textura (Ec. 101). Se obtiene mediante la siguiente expresión:

$$Entropía = - \sum p_i \cdot \log_2(p_i) \quad (\text{Ec. 101})$$

Donde p_i representa las cuentas normalizadas de cada uno de los grupos o *bines* del histograma de valores de píxel de la matriz del recorte.

```
imagen_mamografia_rec2=double(imagen_mamografia_rec);
imagen_mamografia_rec2(~imcrop(imagen_bin,recuadro_lesion))=0;
imagen_mamografia_rec2(imagen_mamografia_rec2==0)=NaN;
glcm=graycomatrix(imagen_mamografia_rec2,'NumLevels',5,'GrayLimits',[])
energia = graycoprops(glcm,'Energy');energia=energia.Energy;
homogeneidad = graycoprops(glcm,'Homogeneity');
homogeneidad=homogeneidad.Homogeneity;
entropia=entropy(imagen_mamografia_rec2);
```

Una vez calculados todos los parámetros, se procede a su escritura en la ventana de datos estadísticos, creando un cuadro de texto. Se añaden indicaciones aclaratorias del significado de los parámetros entre corchetes para servir de ayuda a los usuarios.

```
texto=["PÁRÁMETROS CALCULADOS LESIÓN %d",...
"\nÁrea: %d pix.",...
"Perímetro: %.1f pix.",...
"Media ± desv. est.: %.1f ± %.1f u.a.",...
"Diám. equiv.: %.1f pix.",...
"Coef. asimetría: %.2f      [=0 simétrico; >0ó<0 asimétrica]",...
"Coef. Kurtosis: %.2f      [>0 apuntada; <0 aplanada]",...
"Circularidad: %.2f      [1=círculo perfecto]",...
"Solidez: %.2f           [0=muy cóncavo; 1=muy convexo]",...
"Energía: %.2f           [1=imagen constante]",...
"Homogeneidad: %.2f      [1=imagen muy homogénea]",...
"Entropía: %.2f          [mayor si textura imagen aleatoria]"];
```

```

texto(1)=sprintf(texto(1),1);

texto(2)=sprintf(texto(2),valor_area);

texto(3)=sprintf(texto(3),valor_perimetro);

texto(4)=sprintf(texto(4),media,desv_est);

texto(5)=sprintf(texto(5),valor_diam_equiv);

texto(6)=sprintf(texto(6),asimetria);

texto(7)=sprintf(texto(7),kurtosis);

texto(8)=sprintf(texto(8),valor_circularidad);

texto(9)=sprintf(texto(9),valor_solidez);

texto(10)=sprintf(texto(10),energia);

texto(11)=sprintf(texto(11),homogeneidad);

texto(12)=sprintf(texto(12),entropia);

t = annotation('textbox','str',texto,'FontSize',11.5,...

               'FontAngle','italic','Position',[0.425 0.575 0.55 0.375],...

               'HorizontalAlignment','left');

```

En la Figura 167 se muestran dos ejemplos: el de la parte izquierda corresponde a un caso que contiene un grupo de microcalcificaciones, mientras que el de la derecha a un nódulo.

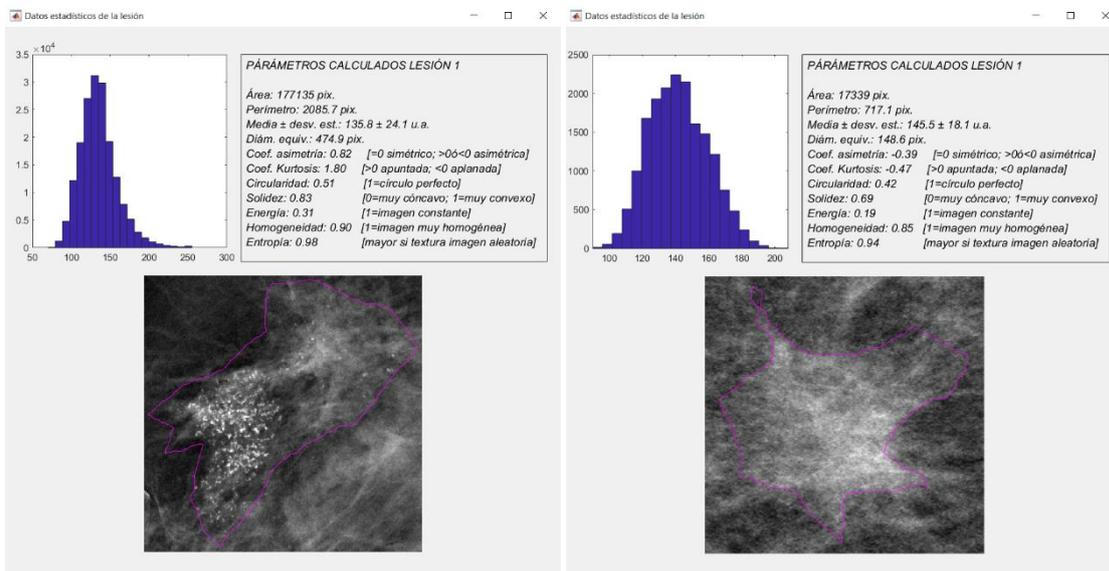


Figura 167. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos de BCDR

El procedimiento para la base de datos CBIS-DDSM presenta algunas particularidades con respecto al caso anterior, debidas principalmente a la existencia de varias lesiones en muchas de las mamografías y al tipo de datos asociado de los contornos. La posición inicial en que se muestra la ventana varía dependiendo del número de lesiones del caso.

```

elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 1 0])

    indices_muestra=getappdata(0,'cargar_indices_muestra');

    for j=1:1:length(indices_muestra)

        f=figure('Name','Datos estadísticos de la lesión',...

                'NumberTitle','off','Position',[25+5*j 50 750 750]);

        set(f, 'MenuBar', 'none');

        set(f, 'ToolBar', 'none');

        recuadro_lesion=getappdata(0,'recuadro_lesion_DDSM');

        contorno_lesion_x=getappdata(0,'contorno_lesion_DDSM_x');

        contorno_lesion_y=getappdata(0,'contorno_lesion_DDSM_y');

        imagen_mamografia=getappdata(0,'imagen_mamografia');

        imagen_mamografia=imagen_mamografia{:, :, 1};

        contorno_lesion_x=contorno_lesion_x';

        contorno_lesion_y=contorno_lesion_y';

        imagen_negro=zeros(size(imagen_mamografia,1),size(imagen_mamografia,2));

        for i=1:1:length(contorno_lesion_x{j})

            imagen_negro(contorno_lesion_y{j}(i),contorno_lesion_x{j}(i))=1;

        end

        pincel_cerrar=strel('disk',1);

        imagen_binaria=imclose(imagen_negro,pincel_cerrar);

        imagen_binaria=imfill(imagen_binaria,'holes');

        imagen_bin=imagen_binaria;

        area=regionprops(imagen_bin,'Area'); valor_area(j)=area.Area

        perimetro=regionprops(imagen_bin,'Perimeter');

        valor_perimetro(j)=perimetro.Perimeter;

        circularidad=regionprops(imagen_bin,'Circularity');

        valor_circularidad(j)=circularidad.Circularity;

        diam_equiv=regionprops(imagen_bin,'EquivDiameter');

        valor_diam_equiv(j)=diam_equiv.EquivDiameter;

        solidez=regionprops(imagen_bin,'Solidity');

        valor_solidez(j)=solidez.Solidity;

        imagen_mamografia_rec=imcrop(imagen_mamografia,recuadro_lesion{j});

        eje_mamo = axes(f,'Position',[0.25 0.05 0.5 0.5],'Xtick',[],'Ytick',[]);

```

```

set(eje_mamo,'Units','pixels');
resizePos = get(eje_mamo,'Position');
factor_escalax=resizePos(3)/recuadro_lesion{j}(3);
factor_escalay=resizePos(4)/recuadro_lesion{j}(4);
contorno_lesion_x_mod{j}=(double(contorno_lesion_x{j})-...
    recuadro_lesion{j}(1))*factor_escalax;
contorno_lesion_y_mod{j}=(double(contorno_lesion_y{j})-...
    recuadro_lesion{j}(2))*factor_escalay;
axes(eje_mamo);
imshow(imagen_mamografia_rec,[min(min(imagen_mamografia_rec))...
    max(max(imagen_mamografia_rec))],hold on,
plot(contorno_lesion_x_mod{j},contorno_lesion_y_mod{j},'.',...
    'LineWidth',0.5,'Color','magenta'),hold on,
set(eje_mamo,'Units','normalized');
suma=0;
contador=1;
for i=recuadro_lesion{j}(1):1:...
    (recuadro_lesion{j}(1)+recuadro_lesion{j}(3))
    for k=recuadro_lesion{j}(2):1:...
        (recuadro_lesion{j}(2)+recuadro_lesion{j}(4))
        [in,on] = inpolygon(i,k,contorno_lesion_x{j},contorno_lesion_y{j});
        if in==1
            suma=suma+double(imagen_mamografia(k,i));
            valor(contador)=double(imagen_mamografia(k,i));
            contador=contador+1;
        end
    end
end
end
media=suma/valor_area(j);
suma_desv_est=0; suma_cuadrado=0; suma_cubo=0; suma_cuarta=0;
for k=1:1:length(valor)
    aux1=(valor(k)-media)^2; suma_desv_est=suma_desv_est+aux1;
    aux2=(valor(k)-media)^2; suma_cuadrado=suma_cuadrado+aux2;

```

```

    aux3=(valor(k)-media)^3; suma_cubo=suma_cubo+aux3;
    aux4=(valor(k)-media)^4; suma_cuarta=suma_cuarta+aux4;
end
eje_hist = axes(f,'Position',[0.05 0.6 0.35 0.35],'Xtick',[],'Ytick',[]);
hist(valor,20)
desv_est=sqrt((1/(length(valor)-1))*suma_desv_est);
asimetria = ((1/length(valor))*suma_cubo)/...
            sqrt((1/(length(valor))*suma_cuadrado))^3;
kurtosis = ((1/length(valor))*suma_cuarta)/...
            ((1/(length(valor))*suma_cuadrado)^2))-3;
imagen_mamografia_rec2=double(imagen_mamografia_rec);
imagen_mamografia_rec2(~imcrop(imagen_bin,recuadro_lesion{j}))=0;
imagen_mamografia_rec2(find(imagen_mamografia_rec2==0)) = NaN;
glcm=graycomatrix(imagen_mamografia_rec2,'NumLevels',5,'GrayLimits',[])
energia = graycoprops(glcm,'Energy');energia=energia.Energy;
homogeneidad = graycoprops(glcm,'Homogeneity');
homogeneidad=homogeneidad.Homogeneity;
entropia=entropy(imagen_mamografia_rec2);
texto=["PÁRAMETROS CALCULADOS LESIÓN %d",...
      "\nÁrea: %d pix.",...
      "Perímetro: %.1f pix.",...
      "Media ± desv. est.: %.1f ± %.1f u.a.",...
      "Diám. equiv.: %.1f pix.",...
      "Coef. asimetría: %.2f      [=0 simétrico; >0ó<0 asimétrica]",...
      "Coef. Kurtosis: %.2f      [>0 apuntada; <0 aplanada]",...
      "Circularidad: %.2f      [1=círculo perfecto]",...
      "Solidez: %.2f      [0=muy cóncavo; 1=muy convexo]",...
      "Energía: %.2f      [1=imagen constante]",...
      "Homogeneidad: %.2f      [1=imagen muy homogénea]",...
      "Entropía: %.2f      [mayor si textura imagen aleatoria]"];
texto(1)=sprintf(texto(1),j);
texto(2)=sprintf(texto(2),valor_area(j));
texto(3)=sprintf(texto(3),valor_perimetro(j));

```

```

texto(4)=sprintf(texto(4),media,desv_est);

texto(5)=sprintf(texto(5),valor_diam_equiv(j));

texto(6)=sprintf(texto(6),asimetria);

texto(7)=sprintf(texto(7),kurtosis);

texto(8)=sprintf(texto(8),valor_circularidad(j));

texto(9)=sprintf(texto(9),valor_solidez(j));

texto(10)=sprintf(texto(10),energia);

texto(11)=sprintf(texto(11),homogeneidad);

texto(12)=sprintf(texto(12),entropia);

t = annotation('textbox','str',texto,'FontSize',11.5,...

               'FontAngle','italic','Position',[0.425 0.575 0.55 0.375],...

               'HorizontalAlignment','left');

imagen_mamografia_rec= imresize(imagen_mamografia_rec,...

                                [resizePos(3) resizePos(3)]);

clear texto

end

```

En la Figura 168 se muestran dos lesiones de la base de datos *CBIS-DDSM* a modo de ejemplo. En la parte izquierda se muestra un grupo de calcificaciones benignas y en la derecha una masa maligna, como denota la irregularidad de sus bordes.

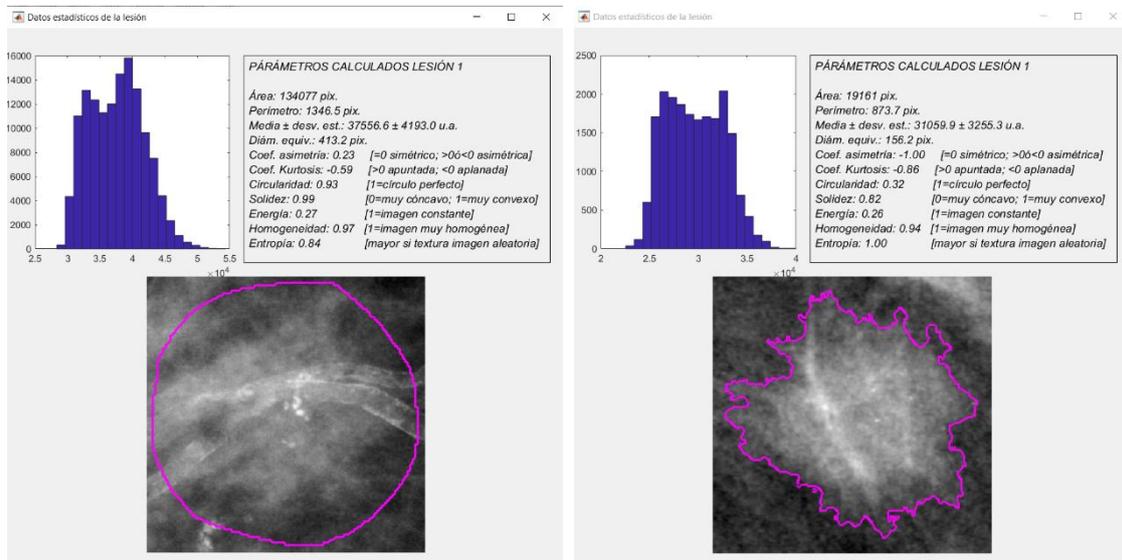


Figura 168. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos diferentes de *CBIS-DDSM*, cada uno con una lesión

Las dos lesiones presentadas en la Figura 169 pertenecen a lesiones diagnosticadas como masas malignas con distorsión de la arquitectura:

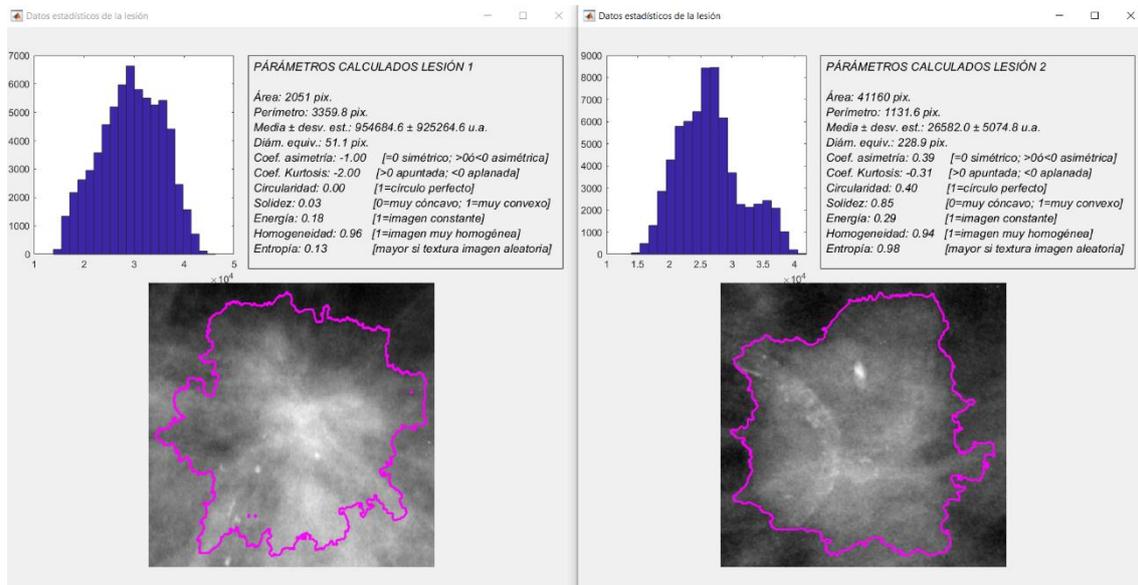


Figura 169. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para un caso de CBIS-DDSM que contiene dos masas malignas con distorsión de la arquitectura

La última opción del condicional corresponde a la base de datos CSAW-S:

```
elseif isequal(vector_tipo_estudio,[0 0 0 0 0 1])

    recuadro_lesion=getappdata(0,'recuadro_lesion_CSAWS');

    contorno_lesion_x=getappdata(0,'contorno_lesion_CSAWS_x');

    contorno_lesion_y=getappdata(0,'contorno_lesion_CSAWS_y');

    imagen_mamografia=getappdata(0,'imagen_mamografia');

    imagen_mamografia=imagen_mamografia{:, :, 1};

    imagen_negro=zeros(size(imagen_mamografia,1),size(imagen_mamografia,2));

    for i=1:length(contorno_lesion_x)

        imagen_negro(contorno_lesion_y(i),contorno_lesion_x(i))=1;

    end

    imagen_binaria=imfill(imagen_negro,'holes');
```

Se crea el lienzo para incluir los diferentes elementos de la ventana:

```
f=figure('Name','Datos estadísticos de la lesión',...

        'NumberTitle','off','Position',[25 50 750 750]);

set(f, 'MenuBar', 'none');
```

```

set(f, 'ToolBar', 'none');
contorno_lesion_x=contorno_lesion_x';
contorno_lesion_y=contorno_lesion_y';
imagen_negro=zeros(size(imagen_mamografia,1),size(imagen_mamografia,2));
for i=1:1:length(contorno_lesion_x)
    imagen_negro(contorno_lesion_y(i),contorno_lesion_x(i))=1;
end
imagen_bin=imagen_binaria;

```

Se determinan las propiedades de la región segmentada en la imagen binaria

```

area=regionprops(imagen_bin,'Area'); valor_area=area.Area
perimetro=regionprops(imagen_bin,'Perimeter');
valor_perimetro=perimetro.Perimeter;
circularidad=regionprops(imagen_bin,'Circularity');
valor_circularidad=circularidad.Circularity;
diam_equiv=regionprops(imagen_bin,'EquivDiameter');
valor_diam_equiv=diam_equiv.EquivDiameter;
solidez=regionprops(imagen_bin,'Solidity');
valor_solidez=solidez.Solidity;
imagen_mamografia_rec=imcrop(imagen_mamografia,recuadro_lesion);

```

Se reescala el tamaño de la lesión y de sus contornos asociados en ambos ejes para que encaje en el espacio disponible dentro de la ventana de datos estadísticos:

```

eje_mamo = axes(f,'Position',[0.25 0.05 0.5 0.5],'Xtick',[],'Ytick',[]);
set(eje_mamo,'Units','pixels');
resizePos = get(eje_mamo,'Position');
factor_escalax=resizePos(3)/recuadro_lesion(3);
factor_escalay=resizePos(4)/recuadro_lesion(4);
contorno_lesion_x_mod=(double(contorno_lesion_x)-...
recuadro_lesion(1))*factor_escalax;
contorno_lesion_y_mod=(double(contorno_lesion_y)-...
recuadro_lesion(2))*factor_escalay;
suma=0;
contador=1;

```

```

for i=recuadro_lesion(1):1:(recuadro_lesion(1)+recuadro_lesion(3))
    for k=recuadro_lesion(2):1:(recuadro_lesion(2)+recuadro_lesion(4))
        [in,on] = inpolygon(i,k,contorno_lesion_x,contorno_lesion_y);
        if in==1
            suma=suma+double(imagen_mamografia(k,i));
            valor(contador)=double(imagen_mamografia(k,i));
            contador=contador+1;
        end
    end
end

media=suma/valor_area;
suma_desv_est=0; suma_cuadrado=0; suma_cubo=0; suma_cuarta=0;
for k=1:1:length(valor)
    aux1=(valor(k)-media)^2; suma_desv_est=suma_desv_est+aux1;
    aux2=(valor(k)-media)^2; suma_cuadrado=suma_cuadrado+aux2;
    aux3=(valor(k)-media)^3; suma_cubo=suma_cubo+aux3;
    aux4=(valor(k)-media)^4; suma_cuarta=suma_cuarta+aux4;
end

eje_hist = axes(f,'Position',[0.05 0.6 0.35 0.35],'Xtick',[],'Ytick',[]);
hist(valor,20)

desv_est=sqrt((1/(length(valor)-1))*suma_desv_est);
asimetria = ((1/length(valor))*suma_cubo)/...
            sqrt((1/(length(valor))*suma_cuadrado))^3;
kurtosis = (((1/length(valor))*suma_cuarta)/...
            ((1/(length(valor))*suma_cuadrado)^2))-3;

imagen_mamografia_rec2=double(imagen_mamografia_rec);
imagen_mamografia_rec2(~imcrop(imagen_bin,recuadro_lesion))=0;
imagen_mamografia_rec2(find(imagen_mamografia_rec2==0)) = NaN;
glcm=graycomatrix(imagen_mamografia_rec2,'NumLevels',5,'GrayLimits',[])
energia = graycoprops(glcm,'Energy');energia=energia.Energy;
homogeneidad = graycoprops(glcm,'Homogeneity');
homogeneidad=homogeneidad.Homogeneity;
entropia=entropy(imagen_mamografia_rec2);

```

```

texto=["PÁRAMETROS CALCULADOS LESIÓN %d",...
      "\nÁrea: %d pix.",...
      "Perímetro: %.1f pix.",...
      "Media ± desv. est.: %.1f ± %.1f u.a.",...
      "Diám. equiv.: %.1f pix.",...
      "Coef. asimetría: %.2f      [=0 simétrico; >0ó<0 asimétrica]",...
      "Coef. Kurtosis: %.2f      [>0 apuntada; <0 aplanada]",...
      "Circularidad: %.2f      [1=círculo perfecto]",...
      "Solidez: %.2f            [0=muy cóncavo; 1=muy convexo]",...
      "Energía: %.2f           [1=imagen constante]",...
      "Homogeneidad: %.2f      [1=imagen muy homogénea]",...
      "Entropía: %.2f          [mayor si textura imagen aleatoria]"];

texto(1)=sprintf(texto(1),1);
texto(2)=sprintf(texto(2),valor_area);
texto(3)=sprintf(texto(3),valor_perimetro);
texto(4)=sprintf(texto(4),media,desv_est);
texto(5)=sprintf(texto(5),valor_diam_equiv);
texto(6)=sprintf(texto(6),asimetria);
texto(7)=sprintf(texto(7),kurtosis);
texto(8)=sprintf(texto(8),valor_circularidad);
texto(9)=sprintf(texto(9),valor_solidez);
texto(10)=sprintf(texto(10),energia);
texto(11)=sprintf(texto(11),homogeneidad);
texto(12)=sprintf(texto(12),entropia);
t = annotation('textbox','str',texto,'FontSize',11.5,...
              'FontAngle','italic','Position',[0.425 0.575 0.55 0.375],...
              'HorizontalAlignment','left');
imagen_mamografia_rec= imresize(imagen_mamografia_rec,...
                                [resizePos(3) resizePos(3)]);
axes(eje_mamo);
imshow(imagen_mamografia_rec,[min(min(imagen_mamografia_rec))...
                              max(max(imagen_mamografia_rec))],hold on,
plot(contorno_lesion_x_mod,contorno_lesion_y_mod,'.',...

```

```

        'LineWidth',0.5,'Color','magenta'),hold on,

set(eje_mamo,'Units','normalized');

end

end

```

En la Figura 170 se presentan dos lesiones de diferentes características. Nótese las formas diferentes de los histogramas, siendo mucho más apuntado el de la parte izquierda, con una clara tendencia hacia valores altos de píxel (densidades de la lesión más elevadas).

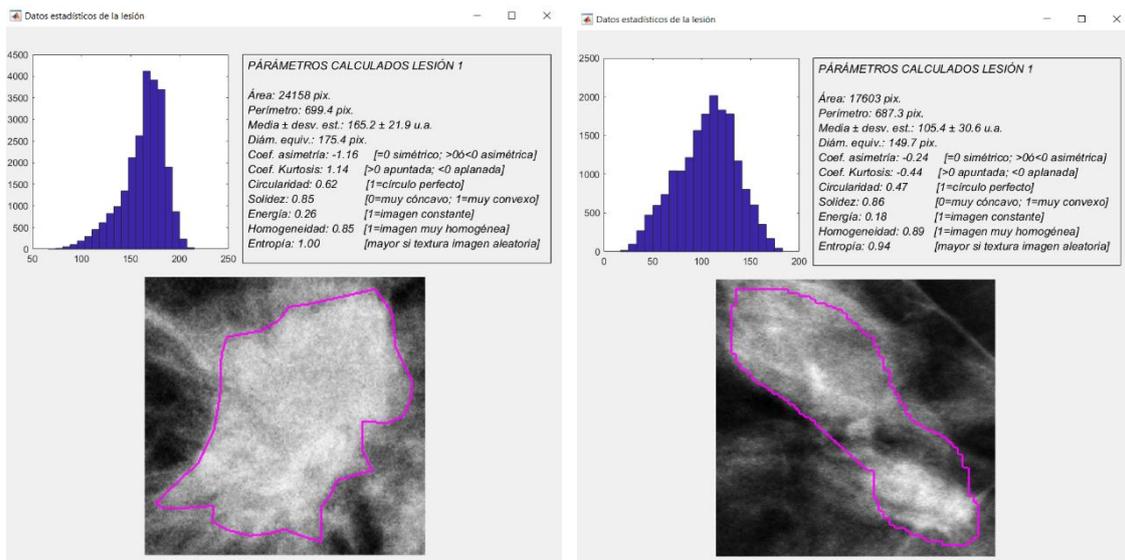


Figura 170. Ejemplo de la ventana de análisis estadístico para dos casos de CSAW-S

5.5. Estructura interna de la aplicación JORCAD: herramienta CAD basada en redes CNN

5.5.1. Panel de botones de selección de redes CNN

Este panel de botones permite utilizar la herramienta CAD basada en Redes Neuronales de Convolución. Contiene un grupo de botones (de selección excluyente entre ellos), llamado *tipo_red*, que permiten elegir entre los dos tipos de sistemas de detección asistida por ordenador (CAD) disponibles: Nódulos en TC de tórax y Mamografía.

```

tipo_red = uibuttongroup('Visible','on','Units','normalized',...

    'BackgroundColor',[1 0.9 0.45],'Position',[0.25 0.87 0.18 0.130],...

    'Selected','off');

```

El título asociado al objeto *tipo_red* es:

```
titulo_tipo_red=icontrol(tipo_red,'Style','text',...
    'String','UTILIZAR REDES NEURONALES',...
    'FontName','Calibri','Fontunits','normalized',...
    'FontSize',0.95,'FontWeight','Bold','Units','normalized',...
    'Position',[0.05 0.70 0.9 0.2],'HandleVisibility','off');
```

La siguiente opción, que no está visible, es la pre-seleccionada por defecto:

```
no_tipo_red=icontrol(tipo_red,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri','FontWeight','Bold',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 20 0.9 0.2],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
```

El usuario dispone de dos opciones, según el tipo de imagen cargada. El botón de selección de redes CNN para detectar nódulos en TC de tórax se define como se muestra a continuación:

```
red_tc = icontrol(tipo_red,'Style','radiobutton',...
    'String',' Nódulos en TC de tórax','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.4 0.9 0.2],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@red_tc_Callback});
```

Para el caso de las mamografías se procede de forma análoga:

```
red_mg = icontrol(tipo_red,'Style','radiobutton',...
    'String',' Mamografía','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1, ...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.1 0.9 0.2],...
    'HandleVisibility','on','Callback',{@red_mg_Callback});
```

En la Figura 171 se muestra la apariencia de este panel:

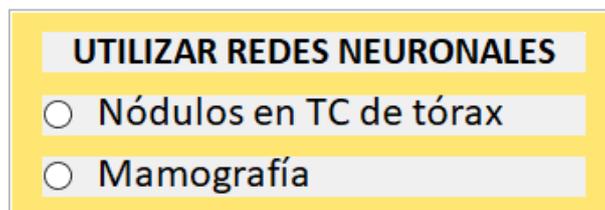


Figura 171. Apariencia del panel de botones de selección de redes CNN

La función de llamada de cada uno de los botones establece qué hacer con el resto de paneles y botones cuando se usan CNNs, controlando su aparición u ocultación. En el caso del TC de tórax, se comprueba si existe un caso de alguna de las tres bases de datos de TC de tórax correctamente seleccionado, y en caso afirmativo se muestran las opciones correspondientes.

```
function red_tc_Callback(hObject, eventdata, handles)
```

Comprueba la existencia de un caso de *LIDC-IDRI* seleccionado y obtiene sus características:

```
vector_estudio_LIDC=[get(tipo_diag0,'Value') get(tipo_diag1,'Value'),...  
                    get(tipo_diag2,'Value') get(tipo_diag3,'Value'),...  
                    get(metodo_diag0,'Value') get(metodo_diag1,'Value') ,...  
                    get(metodo_diag2,'Value') get(metodo_diag3,'Value')];
```

Se obtiene la base de datos activa:

```
vector_estudio = [get(tc,'Value') get(tc2,'Value'),...  
                 get(mgBCDR,'Value') get(mgDDSM,'Value') get(CSAWA,'Value')]
```

Si la selección se corresponde con cualquiera de los dos primeros botones:

```
if isequal(vector_estudio,[1 0 0 0 0])||isequal(vector_estudio,[0 1 0 0 0])  
    set(tipo_CNN,'Visible','on')  
    set(titulo_tipo_CNN,'Visible','on')  
    set(no_tipo_CNN,'Visible','on')  
    set(CNN16,'Visible','on'); set(CNN24,'Visible','on')  
    set(CNN32,'Visible','on'); set(CNN40,'Visible','on')  
    set(CNN48,'Visible','on');  
    set(CNN64,'Visible','off'); set(CNN128,'Visible','off');  
    set(CNN192,'Visible','off') ; set(CNN256,'Visible','off');  
    set(CNN384,'Visible','off')  
    set(conjunto,'Visible','on')  
    set(tipo_CNN,'SelectedObject',no_tipo_CNN);  
    set(boton_CNN,'Visible','on')  
    set(boton_info,'Visible','on')  
    set(boton_importar,'Visible','on')
```

Como en este caso se encuentra activo un caso de *LIDC-IDRI* se mantienen visibles las opciones correspondientes a esa base de datos:

```
set(casoLIDC,'Visible','on')
```

```

set(tipo_diagLIDC, 'Visible', 'on')
set(titulo_tipo_diagLIDC, 'Visible', 'on')
set(metodo_diagLIDC, 'Visible', 'on')
set(titulo_metodo_diagLIDC, 'Visible', 'on')
set(nodiagmet_LIDC, 'Visible', 'on')
set(titulo_nodiagmet_LIDC, 'Visible', 'on')
set(titulo_seleccionado_LIDC, 'Visible', 'on')
set(seleccionado_LIDC, 'Visible', 'on')
set(boton_cargar, 'Visible', 'on')

```

Si se ha seleccionado un caso de una base de datos de mamografía, se muestra un mensaje de advertencia en pantalla:

```

elseif isequal(vector_estudio, [0 0 1 0 0]) || ...
    isequal(vector_estudio, [0 0 0 1 0]) || ...
    isequal(vector_estudio, [0 0 0 0 1])
    msgbox('Por favor, pulse el botón de Redes de mamografía')
    set(tipo_CNN, 'Visible', 'off')
    set(titulo_tipo_CNN, 'Visible', 'off')
    set(no_tipo_CNN, 'Visible', 'off')
    set(CNN64, 'Visible', 'off')
    set(CNN128, 'Visible', 'off')
    set(CNN192, 'Visible', 'off')
    set(CNN256, 'Visible', 'off')
    set(CNN384, 'Visible', 'off')
    set(conjunto, 'Visible', 'off')
    set(boton_CNN, 'Visible', 'off')
end
end

```

La función de llamada al botón de redes CNN de mamografía tiene la siguiente estructura:

```

function red_mg_Callback(hObject, eventdata, handles)
    vector_estudio = [get(tc, 'Value') get(tc2, 'Value'), ...
                    get(mgBCDR, 'Value') get(mgDDSM, 'Value') get(cn, 'Value')]

```

Si se ha seleccionado un caso de una base de datos de TC de tórax, se muestra un mensaje de advertencia en pantalla:

```
if isequal(vector_estudio,[1 0 0 0 0])||isequal(vector_estudio,[0 1 0 0 0])
    msgbox('Por favor, pulse el botón de Redes de TC')
    set(tipo_CNN,'Visible','off')
    set(titulo_tipo_CNN,'Visible','off')
    set(no_tipo_CNN,'Visible','off')
    set(CNN16,'Visible','off')
    set(CNN24,'Visible','off')
    set(CNN32,'Visible','off')
    set(CNN40,'Visible','off')
    set(CNN48,'Visible','off')
    set(conjunto,'Visible','off')
    set(boton_CNN,'Visible','off')
```

En caso de que el caso activo corresponda a una de las tres bases de datos de mamografía:

```
elseif isequal(vector_estudio,[0 0 1 0 0])||...
    isequal(vector_estudio,[0 0 0 1 0])||...
    isequal(vector_estudio,[0 0 0 0 1])
    set(tipo_CNN,'Visible','on')
    set(titulo_tipo_CNN,'Visible','on')
    set(no_tipo_CNN,'Visible','on')
    set(CNN64,'Visible','on')
    set(CNN128,'Visible','on')
    set(CNN192,'Visible','on')
    set(CNN256,'Visible','on')
    set(CNN384,'Visible','on')
    set(conjunto,'Visible','on')
    set(tipo_CNN,'SelectedObject',no_tipo_CNN);
    set(boton_CNN,'Visible','on')
    set(boton_info,'Visible','on')
    set(boton_importar,'Visible','on')
end
```

Si se activa el tipo de red adecuado para el tipo de imagen radiológica cargado se hace visible el panel de botones *tipo_CNN*:

```

tipo_CNN = uibuttongroup('Visible','off',...
    'BackgroundColor',[0.9 0.9 0.9],...
    'Position',[0.430 0.75 .08 0.25],'Selected','off',...
    'SelectionChangedFcn',@seleccion_CNN);
titulo_tipo_CNN=icontrol(tipo_CNN,'Style','text',...
    'String','TIPO DE RED CNN', 'FontName','Calibri',...
    'FontWeight','Bold',... 'Fontunits','normalized','FontSize',1,...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.78 0.9 0.22],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');

```

En la Figura 172 se muestra el efecto de pulsar el botón *red_tc*, que hace aparecer el panel de la parte derecha de la imagen:

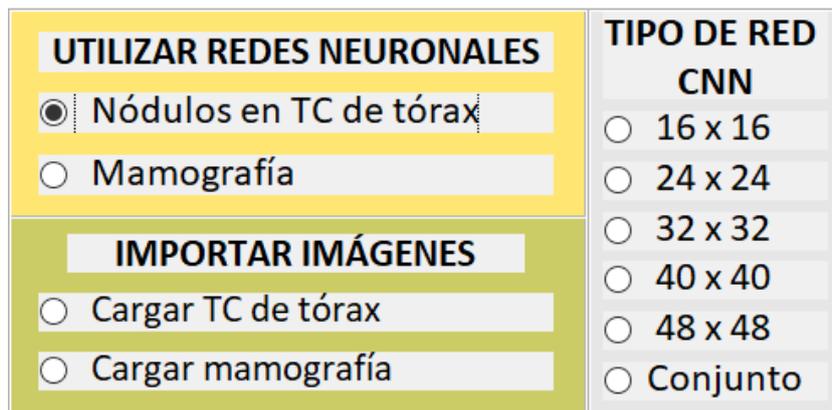


Figura 172. Aparición de los tipos de redes CNN para detectar nódulos en TC de tórax

En la Figura 173 se muestra el efecto de pulsar el botón *red_mg*, que hace aparecer el panel de la parte derecha de la imagen:

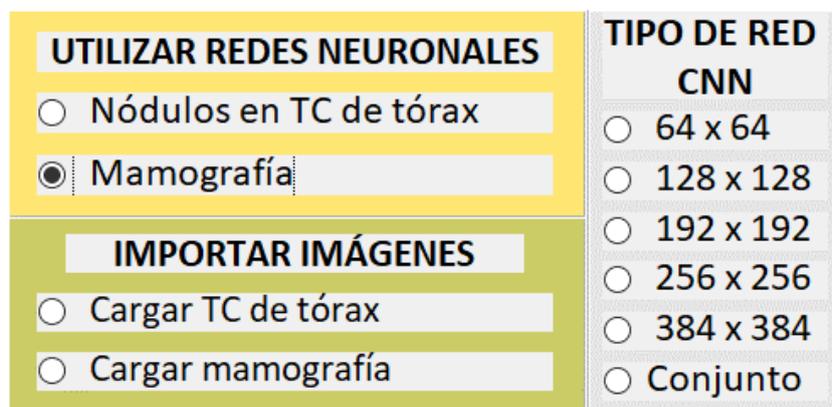


Figura 173. Aparición de tipos de red CNN para la detección de lesiones en mamografías

Además de la opción por defecto, cada tamaño de matriz de datos de entrada (recorte), ya sea 16, 24, 32, 40 o 48 para TC o bien 64, 128, 192, 256 o 384 para mamografía, tiene su control asociado en el panel *tipo_CNN* (incluida la opción no visible seleccionada por defecto):

```
no_tipo_CNN=icontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String','NO','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',14,'FontWeight','Bold',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 20 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN16 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String',' 16 x 16','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.65 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN24 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String',' 24 x 24','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.525 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN32 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String',' 32 x 32','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.40 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN40 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String',' 40 x 40','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.275 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN48 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
    'String',' 48 x 48','FontName','Calibri',...
    'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
    'Units','normalized','Position',[0.05 0.15 0.9 0.1],...
    'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN64 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
```

```

        'String',' 64 x 64','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.650 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN128 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
        'String',' 128 x 128','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.525 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN192 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
        'String',' 192 x 192','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.40 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN256 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
        'String',' 256 x 256','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.275 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');
CNN384 = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
        'String',' 384 x 384','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.150 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');

```

La opción *Conjunto* permite el análisis simultáneo de una imagen con varios tamaños de recorte. Los tipos de análisis conjunto disponible se muestran en una ventana emergente que aparece al pulsar el botón *Aplica CNN*.

```

conjunto = uicontrol(tipo_CNN,'Style','radiobutton',...
        'String',' Conjunto','FontName','Calibri',...
        'Fontunits','normalized','FontSize',1,'Fontunits','normalized',...
        'Units','normalized','Position',[0.05 0.025 0.9 0.1],...
        'HandleVisibility','on','Visible','off');

```

La función de activación neuronal *ReLU* se implementa como se indica a continuación. En caso de llamar a la función con un único parámetro de entrada se aplica la función identidad para

valores positivos, produciendo una salida nula para valores negativos. En caso de llamar a la función con dos parámetros de entrada, el segundo controla la pendiente de la salida para valores de entrada positivos.

```
function salida = reLUparam(varargin)

    if numel(varargin)==1

        matriz=varargin{1};

        for i=1:1:size(matriz,1)

            for j=1:1:size(matriz,2)

                if matriz(i,j) > 0

                    salida(i,j) = matriz(i,j);

                elseif matriz(i,j) <= 0

                    salida(i,j) = 0;

                end

            end

        end

    elseif numel(varargin)==2

        matriz=varargin{1};

        for i=1:1:size(matriz,1)

            for j=1:1:size(matriz,2)

                if matriz(i,j) > 0

                    salida(i,j) = matriz(i,j);

                elseif matriz(i,j) <= 0

                    salida(i,j) = matriz(i,j)*varargin{2};

                end

            end

        end

    else

        error('Demasiados parámetros de entrada')

    end

end
```

Los dos tipos de funciones de activación que han sido estudiados en este trabajo son la tangente hiperbólica, disponible en MATLAB® y la función *ReLU*.

La función de llamada al control *boton_CNN*, llamada *selección_CNN*, establece la creación de una serie de recuadros cuyo tamaño coincide con el de los recortes con el que fueron entrenadas las CNN, que se superponen en la parte superior izquierda de la imagen. Sirven de guía al usuario para seleccionar el tamaño de red CNN.

```
function seleccion_CNN(hObject,evendata,handles)

    vector_tipo_red=[get(red_tc,'Value') get(red_mg,'Value')];

    if isequal(vector_tipo_red,[1 0])

        rectangle(gca,'Position',[5 5 16 16],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[22 5 24 24],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[47 5 32 32],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[80 5 40 40],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[121 5 48 48],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

    elseif isequal(vector_tipo_red,[0 1])

        rectangle(gca,'Position',[50 50 64 64],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[115 50 128 128],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[244 50 192 192],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[436 50 256 256],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

        rectangle(gca,'Position',[693 50 384 384],'EdgeColor','cyan',...
            'LineWidth',2,'LineStyle','-')

    end

end
```

En la Figura 174 se muestra un ejemplo de la acción de esta función para TC de tórax (parte izquierda) y para mamografía (parte derecha):

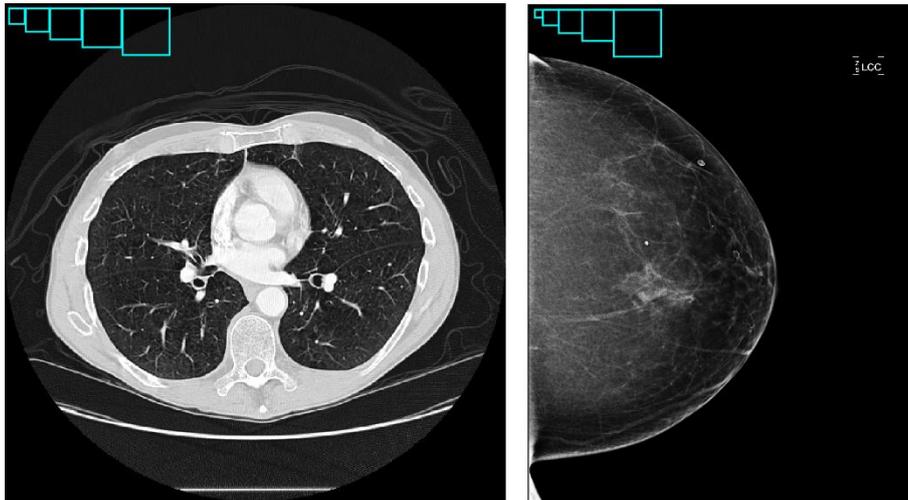


Figura 174. Recuadros guía para la selección del tamaño de red CNN

5.5.2. Botón de aplicación de análisis mediante CNN

Para realizar el análisis de la imagen activa con el tipo de red seleccionado mediante los controles descritos en el apartado anterior, se define el control llamado *boton_CNN* (Figura 175):

```
boton_CNN = uicontrol ('Style', 'pushbutton', 'String', 'Aplica CNN',.....  
    'Units','normalized','Position',[0.435 0.67 0.07 0.07],...  
    'BackgroundColor',[1 1 .60],'FontSize',14,'FontName','Calibri',...  
    'Fontunits','normalized','HandleVisibility','on','Visible','off',...  
    'FontWeight','Bold','Callback',{@boton_CNN_Callback})
```



Figura 175. Aspecto del boton_CNN que ejecuta el análisis de la imagen con redes CNN

En su función de llamada se comprueba inicialmente si existe una imagen cargada en la aplicación. También se borran las anotaciones de la ventana de presentación de imágenes, en caso de que las hubiera.

```
function boton_CNN_Callback(hObject, eventdata, handles)  
    % Comprueba si hay una imagen (mamo o TC cargada)  
    estado_carga=getappdata(0,'estado_carga')
```

```

if isequal(estado_carga,'nada')
    h = msgbox('Importe antes un estudio de imagen',...
              'ATENCIÓN','warn');
    return
end

rect = findall(gcf,'Type','Rectangle');

delete(rect);

```

A continuación, se especifica la ruta a la carpeta en la que se almacenan los recortes en los que se divide la imagen. Su contenido se vacía de forma regular para evitar que se acumulen grandes cantidades de datos. El número y tamaño de cada recorte depende del tipo de red seleccionado, pero es habitual que una imagen se fragmente en varios cientos de recortes.

```
carpeta_recortes = 'D:\JORCAD\REDES\recortes';
```

Se comprueba si la carpeta existe, y en caso de no haber sido creada, el programa muestra un mensaje de advertencia:

```

if ~ isdir (carpeta_recortes)
    mensaje_error = sprintf('Error: El siguiente directorio no existe:\n%s',
    carpeta_recortes);
    uiwait ( warndlg ( mensaje_error ) );
    return;
end

```

Se obtiene un listado de todos los archivos contenidos en la carpeta especificada. A continuación, se eliminan de la carpeta:

```

ruta_recortes = fullfile(carpeta_recortes);
archivos_recortes = dir(ruta_recortes);
for k = 1 : length(archivos_recortes)
    nombre_recorte = archivos_recortes (k).name;
    nombre_completo_recorte = fullfile (ruta_recortes, nombre_recorte);
    fprintf (1, 'Borrando archivo %s\n', nombre_completo_recorte);
    delete(nombre_completo_recorte);
end

```

Se especifica también la ruta de la carpeta donde se almacenan los resultados de los análisis ejecutados, obteniendo los archivos que contiene y eliminándolos.

```
carpeta_resultados='C:\JORCAD\REDES\Resultados';
```

```

ruta_resultados = fullfile(carpeta_resultados);
archivos_resultados = dir(carpeta_resultados);
for k = 1 : length(archivos_resultados)
    nombre_resultados = archivos_resultados(k).name
    nombre_completo_resultados=fullfile(ruta_resultados, nombre_resultados);
    delete(nombre_completo_resultados);
end

```

El siguiente paso consiste en comprobar si hay una imagen cargada actualmente en la pantalla:

```

estado_carga=getappdata(0, 'estado_carga');
display(estado_carga)
vector_CNN=[get(no_tipo_CNN, 'Value'), ...
            get(CNN16, 'Value') get(CNN24, 'Value') get(CNN32, 'Value'), ...
            get(CNN40, 'Value') get(CNN48, 'Value') get(CNN64, 'Value'), ...
            get(CNN128, 'Value') get(CNN192, 'Value') get(CNN256, 'Value'), ...
            get(CNN384, 'Value') get(conjunto, 'Value')];

```

Según el valor del vector de 12 elementos llamado *vector_CNN*, que especifica el tamaño de la red CNN, se cargan los hiperparámetros de la red correspondiente. El listado de hiperparámetros es el siguiente:

- *tamanno*: tamaño de matriz del recorte.
- *tamanno_kernel*: vector de longitud igual al número de capas de convolución, que contiene el tamaño de los filtros de cada capa.
- *tamanno_pool*: vector que indica el tamaño del *pooling* promedio realizado en cada capa.
- *numero_kernel*: vector que contiene el número de filtros por capa.
- *neuronas*: contiene el número de neuronas de la capa completamente conectada.
- *funcion_activacion*: para las redes CNN implementadas en JORCAD (aquellas con mejor capacidad de generalización y que por tanto produjeron mejores resultados sobre el conjunto de datos de test) existen dos tipos de funciones de activación, la tangente hiperbólica y la función *ReLU*.

En el caso de redes de pulmón, el número de capas de convolución es de 3 en todos los modelos entrenados. Sin embargo, para mamografía se han entrenado modelos con diferente número de capas de convolución (4, 5, o 6).

En el siguiente condicional se muestra la carga de hiperparámetros correspondientes a las redes de pulmón para recortes de tamaños 16 x 16, 24 x 24, 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48:

```

if vector_CNN==[0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0]

    tamanno=16;

    tamanno_kernel={[3 5 3]}; tamanno_pool={[1 2 1]};

    numero_kernel={[20 40 60]}; neuronas={[626,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';
elseif vector_CNN==[0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0]

    tamanno=24;

    tamanno_kernel={[5 3 3]}; tamanno_pool={[2 1 2]};

    numero_kernel={[40 40 40]}; neuronas={[626,2]};

    funcion_activacion = reLU';
elseif vector_CNN==[0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0]

    tamanno=32;

    tamanno_kernel={[7 5 3]}; tamanno_pool={[2 1 2]};

    numero_kernel={[20 40 60]}; neuronas={[626,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';
elseif vector_CNN==[0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0]

    tamanno=40;

    tamanno_kernel={[5 5 3]}; tamanno_pool={[2 2 1]};

    numero_kernel={[40 40 40]}; neuronas={[626,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';
elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0]

    tamanno=48;

    tamanno_kernel={[5 3 3]}; tamanno_pool={[2 2 2]};

    numero_kernel={[20 40 60]}; neuronas={[626,2]};

    funcion_activacion = 'reLU'

```

En el caso de la mamografía:

```

elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0]

    tamanno=64;

    tamanno_kernel={[3 3 3 3]}; tamanno_pool={[1 2 2 2]};

    numero_kernel={[20 20 20 20]}; neuronas={[50,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';

elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0]

```

```

    tamanno=128;

    tamanno_kernel={[3 3 3 3 3]}; tamanno_pool={[1 2 2 2 2]};

    numero_kernel={[60 60 60 60 60]}; neuronas={[100,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';

elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0]

    tamanno=192;

    tamanno_kernel={[3 3 3 3 3]}; tamanno_pool={[1 2 2 2 2]};

    numero_kernel={[30 30 30 30 30]}; neuronas={[200,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';

elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0]

    tamanno=256;

    tamanno_kernel={[3 3 3 3 3 3]}; tamanno_pool={[1 2 2 2 2 2]};

    numero_kernel={[20 20 20 20 20 20]}; neuronas={[200,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';

elseif vector_CNN==[0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0]

    tamanno=384;

    tamanno_kernel={[3 3 3 3 3 3]}; tamanno_pool={[1 2 2 2 2 2]};

    numero_kernel={[20 20 20 20 20 20]}; neuronas={[200,2]};

    funcion_activacion = 'reLU';

```

En caso de seleccionar una combinación de varios tipos de red se verifica si se ha cargado un TC o una mamografía. Para TC, una ventana emergente permite seleccionar tres tipos de combinaciones:

- Nódulos de pequeño tamaño: 16 x 16 y 24 x 24.
- Nódulos de tamaño intermedio: 16 x 16, 24 x 24 y 32 x 32.
- Nódulos de tamaño: 40 x 40 y 48 x 48.

```

elseif isequal(vector_CNN,[0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1]) &&...

    isequal(estados_carga,'TC_cargada')==1

    tamanno=[16 24 32 40 48];

    tipo_red_conjunto=[get(red_tc,'Value') get(red_mg,'Value')]

    respuesta_conjunto_TC = questdlg('Elige el tipo de combinación:', ...

    'Conjunto de redes CNN', ...

    'Nódulos pequeños (16 y 24)', 'Nódulos intermedios (24, 32 y 40)', ...

    'Nódulos grandes (40 y 48)', 'Nódulos grandes (40 y 48)');

```

```

texto_respuesta_conjunto_TC=findall(gcf, 'Type', 'text');
set(texto_respuesta_conjunto_TC,'FontSize',36)

```

En la Figura 176 puede verse la ventana emergente que muestra los tipos de combinación de redes seleccionables por el usuario:

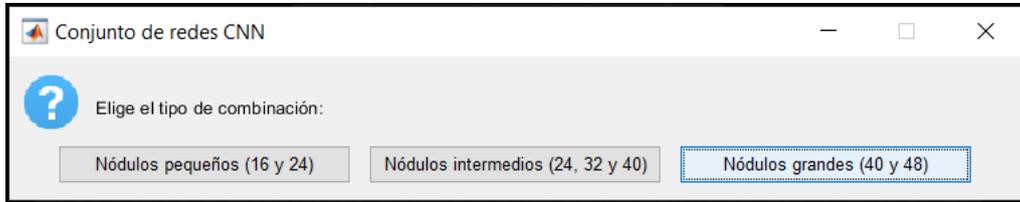


Figura 176. Ventana de selección del tipo de análisis conjunto para nódulos en TC de tórax

La respuesta dada por el usuario se gestiona en el siguiente condicional. La variable *bucle_redes*, que toma el valor del número de redes usadas simultáneamente, permite gestionar el análisis de los recortes, como veremos posteriormente. Los hiperparámetros de forma vectorial se definen en esta situación como una celda de vectores, mientras que los de valor numérico se convierten en vectores.

```

switch respuesta_conjunto_TC
    case 'Nódulos pequeños (16 y 24)'
        bucle_redes=2;
        tamanno=[16 24];
        tamanno_kernel={ [3 5 3] [5 3 3] };
        tamanno_pool={ [1 2 1] [2 1 2] };
        numero_kernel={ [20 40 60] [40 40 40] };
        neuronas={ [626,2] [626,2] };
        funcion_activacion = 'tangente_hiperbolica';
    case 'Nódulos intermedios (24, 32 y 40)'
        bucle_redes=3;
        tamanno=[24 32 40];
        tamanno_kernel={ [5 3 3] [7 5 3] [5 5 3] };
        tamanno_pool={ [2 1 2] [2 1 2] [2 2 1] };
        numero_kernel={ [40 40 40] [20 40 60] [40 40 40] };
        neuronas={ [626,2] [626,2] [626,2] };
        funcion_activacion = 'tangente_hiperbolica';
    case 'Nódulos grandes (40 y 48)'
        bucle_redes=2;

```

```

tamanno=[40 48];

tamanno_kernel={ [5 5 3] [7 7 5]};

tamanno_pool={ [2 2 1] [2 2 1]};

numero_kernel={ [40 40 40] [40 40 40]};

neuronas={ [626,2] [626,2]};

funcion_activacion = 'tangente_hiperbolica';

end

```

De forma análoga, se permite al usuario elegir entre tres tipos de combinaciones para mamografía:

```

elseif isequal(vector_CNN,[0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1]) &&...
    isequal(estado_carga,'mamografia_cargada')==1
    respuesta_conjunto_mamografia =...
    questdlg('Elige el tipo de combinación:', ...
        'Conjunto de redes CNN','Lesiones pequeñas (64 y 128)',...
        'Lesiones intermedios (128, 192 y 256)',...
        'Lesiones grandes (256 y 384)','Lesiones grandes (40 y 48)');
    texto_respuesta_conjunto_TC=findall(gcf, 'Type', 'text');
    set(texto_respuesta_conjunto_TC,'FontSize',36)
end

```

La correspondiente ventana emergente para este caso aparece reflejada en la Figura 177:



Figura 177. Ventana de selección del tipo de análisis conjunto de lesiones en mamografía

Los hiperparámetros cargados para el análisis conjunto en mamografía son:

```

switch respuesta_conjunto_mamografia
    case 'Lesiones pequeñas (64 y 128)'
        bucle_redes=2; tamanno=[64 128];
        tamanno_kernel={ [3 3 3 3] [3 3 3 3 3]};
        tamanno_pool={ [1 2 2 2] [1 2 2 2 2]};
        numero_kernel={ [20 20 20 20] [60 60 60 60 60]};

```

```

    neuronas={ [50,2] [100,2] };

    funcion_activacion = 'reLU';

case 'Lesiones intermedias (128, 192 y 256)'

    bucle_redes=3; tamanno=[128 192 256];

    tamanno_kernel={ [3 3 3 3 3] [3 3 3 3 3] [3 3 3 3 3 3] };
    tamanno_pool={ [1 2 2 2 2 2] [1 2 2 2 2] [1 2 2 2 2 2] };

    numero_kernel={ [60 60 60 60 60] [30 30 30 30 30], ...
                    [20 20 20 20 20 20] };

    neuronas={ [100,2] [200,2] [200,2] };

    funcion_activacion = 'reLU';

case 'Lesiones grandes (256 y 384)'

    bucle_redes=2; tamanno=[256 384];

    tamanno_kernel={ [3 3 3 3 3 3] [3 3 3 3 3 3] };
    tamanno_pool={ [1 2 2 2 2 2] [1 2 2 2 2 2] };

    numero_kernel={ [20 20 20 20 20 20] [20 20 20 20 20 20] };

    neuronas={ [200,2] [200,2] };

    funcion_activacion = 'reLU';

end

```

Un aspecto fundamental que influye tanto en los resultados obtenidos (capacidad del sistema para detectar lesiones), como en el tiempo que dura el análisis, es el espaciado entre los centros de los recuadros recortados. Este espaciado depende del tamaño de matriz del recorte, y con el objetivo de no perder sensibilidad se elige de tal forma que haya un solapamiento en ambas direcciones entre recortes consecutivos. El espaciado seleccionado es igual a la mitad del tamaño del recorte.

```

if tamanno==16
    mov_x=8; mov_y=8;
elseif tamanno==24
    mov_x=12; mov_y=12;
elseif tamanno==32
    mov_x=16; mov_y=16;
elseif tamanno==40
    mov_x=20; mov_y=20;
elseif tamanno==48
    mov_x=24; mov_y=24;

```

```

elseif tamanno==64
    mov_x=32; mov_y=32;
elseif tamanno==128
    mov_x=256; mov_y=256;
elseif tamanno==192
    mov_x=96; mov_y=96;
elseif tamanno==256
    mov_x=128; mov_y=128;
elseif tamanno==384
    mov_x=192; mov_y=192;

```

En el caso de las combinaciones de redes, se definen vectores desplazamiento de tamaño acorde al caso:

```

elseif length(tamanno)==2 && isequal(estados_carga,'TC_cargada')==1
    if tamanno==[16 24]
        mov_x=[8 12]; mov_y=[8 12];
    elseif tamanno==[40 48]
        mov_x=[20 24]; mov_y=[20 24];
    end
elseif length(tamanno)==3 && isequal(estados_carga,'TC_cargada')==1
    mov_x=[12 16 20]; mov_y=[12 16 20];
elseif length(tamanno)==2 && isequal(estados_carga,'mamografia_cargada')==1
    if tamanno==[64 128]
        mov_x=[32 64]; mov_y=[32 64];
    elseif tamanno==[256 384]
        mov_x=[128 192]; mov_y=[128 192];
    end
elseif length(tamanno)==3 && isequal(estados_carga,'mamografia_cargada')==1
    mov_x=[64 96 128]; mov_y=[64 96 128];
end

```

5.5.3. Segmentación y procesamiento de TC de pulmón para su análisis

Una vez establecidas las condiciones del análisis y cargados los hiperparámetros CNN, se segmenta la región correspondiente al parénquima pulmonar para dividirla en recortes, que tras ser procesados, puedan servir como datos de entrada a la red CNN.

Para comenzar este proceso se comprueba en primer lugar si hay una imagen TC cargada y un tamaño de CNN seleccionado. También es necesario reconstruir la ruta completa a la imagen activa. Para ello se capturan tanto los valores de *ruta_final* y *nombre_ordenado*, almacenados durante la carga de imágenes, como el valor actual de la barra de desplazamiento, que se guarda en la variable *cargar_valor_barra*.

```
if strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1 && ...
    not(isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))
    ruta_final=getappdata(0,'cargar_ruta_final')
    nombre_ordenado=getappdata(0,'cargar_nombre_ordenado')
    valor_barra=getappdata(0,'cargar_valor_barra')
    if exist('ruta_final')==0
        h = msgbox('Cargue un estudio TC en el visor',...
            'ATENCIÓN','warn')
        return
    end
```

En función del árbol de carpetas del caso y para evitar problemas con el tipo de variable:

```
if size(ruta_final,1)>size(ruta_final,2)
    ruta_final=strcat(ruta_final,'\ ',nombre_ordenado(valor_barra,:));
else
    ruta_final=strcat(ruta_final,'\ ',nombre_ordenado(valor_barra,:));
    ruta_final=char(ruta_final);
end
```

El proceso de segmentación comienza con la importación de la imagen en formato DICOM y la lectura de su cabecera de datos asociada:

```
imagen=dicomread(ruta_final);
cabecera=dicominfo(ruta_final);
```

Se convierten los valores UH utilizando la pendiente y la ordenada en el origen de la escala de contraste:

```
imagen2=double(imagen).*cabecera.RescaleSlope+cabecera.RescaleIntercept;
```

Se aplica un filtro de suavizado de tipo gaussiano con desviación estándar 2 y la imagen se convierte en binaria con un umbral de clasificación de -300 UH para seleccionar el parénquima pulmonar.

```
imagen3=imgaussfilt(imagen2,2);  
B_N = imagen3 > -300;
```

En la Figura 178 se observa la imagen convertida a formato binario mediante umbral (parte izquierda) y tras aplicar el filtrado gaussiano (parte derecha):

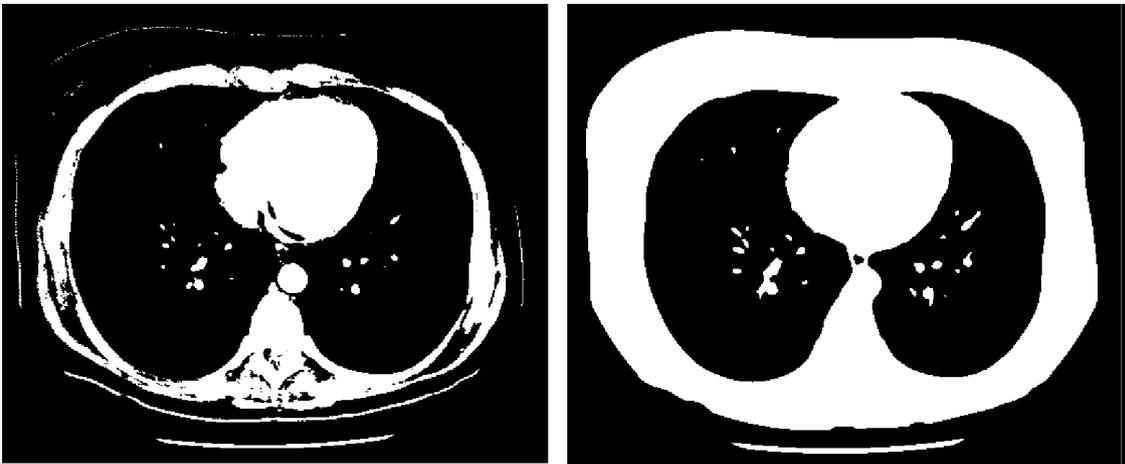


Figura 178. Ejemplo de un corte TC en el que se muestra la imagen binarizada después de separar los píxeles utilizando el umbral -300 y el efecto de aplicar el filtrado gaussiano

Se obtiene la imagen complementaria cambiando los píxeles de valor 0 por 1 y viceversa. También se suprimen las regiones de menor tamaño que las de su alrededor, así como aquellas conectadas a los bordes de la imagen mediante el uso de la función *imclearborder*.

```
B_N = imcomplement(B_N);  
B_N = imclearborder(B_N);
```

En la Figura 179 se muestra la imagen complementaria (parte izquierda) y la supresión de regiones que suelen pertenecer a la camilla del TC y otras zonas anexas (parte derecha):



Figura 179. Efecto de la operación de complemento y de la limpieza de las regiones de pequeño tamaño sobre la imagen de la figura anterior

La función *regionprops* permite obtener diferentes propiedades de estas regiones. Se obtienen las áreas de todas ellas y se ordenan sus valores de menor a mayor.

```
propiedades = regionprops(B_N, 'Area');
todos_Areas = [propiedades.Area];
todos_Areas_ordenado=sort(todos_Areas);
```

De todas ellas, se seleccionan las correspondientes a los pulmones. Dependiendo de la morfología de cada paciente, es posible que las dos estructuras pulmonares no estén conectadas, o que estén unidas en una sola región. Se eliminan las regiones de menor tamaño estableciendo el siguiente condicional:

```
if isequal(size(todos_Areas_B_N_ordenado),[1 1])
    B_N = bwareaopen(B_N,todos_Areas_B_N_ordenado(end)-1);
elseif ge(size(todos_Areas_B_N_ordenado,2),2)
    if todos_Areas_B_N_ordenado(end-1)>2000
        B_N = bwareaopen(B_N,todos_Areas_B_N_ordenado(end-1)-1);
    else
        B_N = bwareaopen(B_N,todos_Areas_B_N_ordenado(end)-1);
    end
end
end
```

Se define un elemento con forma de disco de radio 5 para estructurar morfológicamente las regiones restantes. Se aplica la función *imclose* para cerrar las aberturas que pudieran presentar, mediante la aplicación de una operación de dilatación de la región seguida de una erosión, utilizando en ambas el disco definido anteriormente.

```
pincel0 = strel('disk',5,0);
B_N = imclose(B_N,pincel0);
```

En la Figura 180 se muestra la acción de la operación *imclose* sobre la imagen de referencia para realizar el seguimiento del procesado:



Figura 180. Efecto de la operación de cerrado sobre las regiones del parénquima pulmonar no incluidas en la estructura hasta el momento

En la Figura 181 se puede apreciar cómo una zona del pulmón izquierdo no considerada como parénquima pulmonar es añadida a la región mediante las instrucciones anteriores:

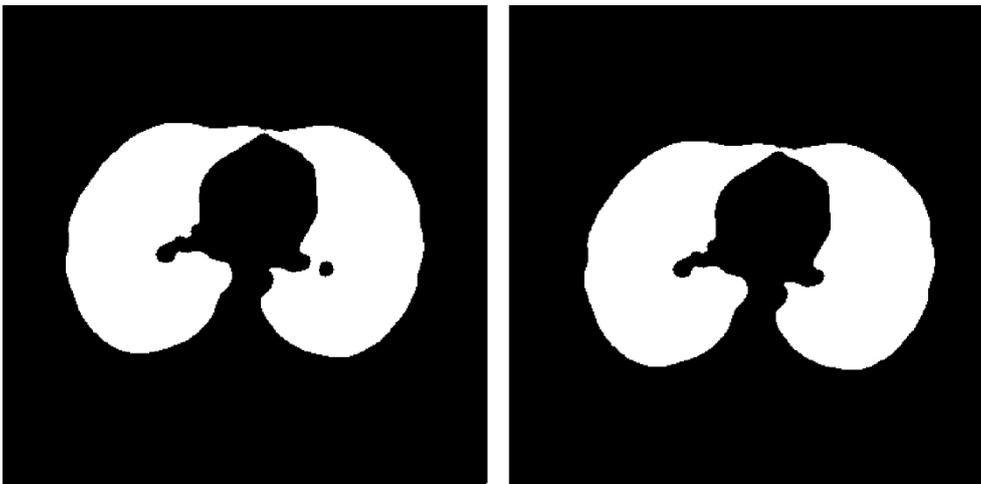


Figura 181. Inclusión de regiones que hasta el momento no habían sido consideradas como parénquima pulmonar mediante las instrucciones anteriormente descritas

Para evitar la presencia de regiones que sean consideradas como parénquima pulmonar, lo que puede ocurrir en los cortes más caudales debido a la presencia de aire en el sistema digestivo, se limpian todas aquellas regiones de las restantes que tengan un área inferior a 300 píxeles:

```
B_N_invertida=~B_N;  
  
propiedades_B_N_invertida = regionprops(B_N_invertida, 'Area');  
todos_Areas_B_N_invertida = [propiedades_B_N_invertida.Area];  
  
todos_Areas_B_N_invertida_ordenado=sort(todos_Areas_B_N_invertida)
```

```
B_N=~bwareaopen(B_N_invertida,300);
```

El efecto de esta operación en otras dos imágenes pertenecientes a diferentes casos puede observarse en la Figura 182 y en la Figura 183:

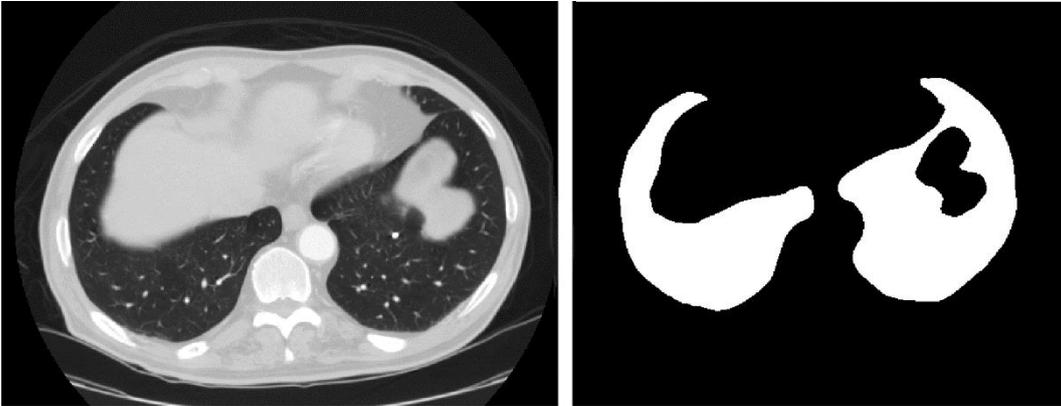


Figura 182. Ejemplo de un caso diferente en el que el procesado no incluye una región hepática que no pertenece al parénquima pulmonar

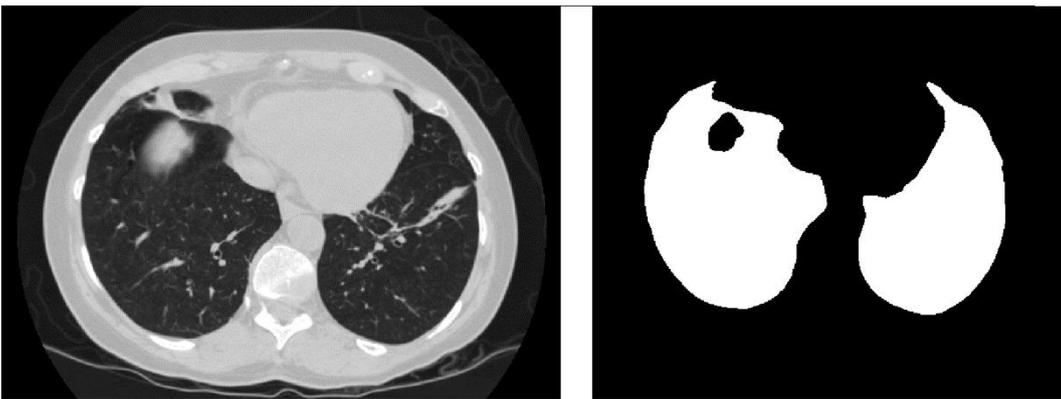


Figura 183. Ejemplo de imagen en la que el procesado descarta una región no perteneciente al pulmón

Una vez completadas estas operaciones de procesado, se etiqueta cada una de las regiones segmentadas (sus píxeles tienen valor unitario), obteniendo el área de las regiones restantes:

```
imagen_etiquetada = bwlabel(B_N);  
propiedades = regionprops(B_N, 'Area');  
todos_Areas = [propiedades.Area];  
todos_Areas_ordenado=sort(todos_Areas);
```

Debido a la morfología tan variable que presenta la región torácica, con grandes cambios entre pacientes y según la zona donde se encuentre el corte axial, se obtiene un índice que representa las regiones etiquetadas como parénquima pulmonar, contemplando los casos desde 1 hasta el caso muy poco frecuente de que haya 4 zonas. Una vez conocida el área o áreas pulmonares, se localiza aquella región cuya área coincide con ese valor mediante la instrucción *find*.

```

if isequal(size(todos_Areas_ordenado),[1 1])
    areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
    indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
    indices=[indice1];
elseif isequal(size(todos_Areas_ordenado),[1 2])
    if todos_Areas_ordenado(end-1)>1024 && todos_Areas_ordenado(end)> 1024
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end-1:end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indices=[indice1 indice2];
    else
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indices=[indice1];
    end
elseif isequal(size(todos_Areas_ordenado),[1 3])
    if ((todos_Areas_ordenado(end-2)> 0.25*...
        mean([todos_Areas_ordenado(end-1) todos_Areas_ordenado(end)])))
        areas_pulmones=[todos_Areas_ordenado(end-2:end)];
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indice3 = find(todos_Areas==areas_pulmones(3));
        indices=[indice1 indice2 indice3];
    elseif (todos_Areas_ordenado(end-1)> 0.25*todos_Areas_ordenado(end))
        areas_pulmones=[todos_Areas_ordenado(end-1:end)];
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indices=[indice1 indice2];
    else
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indices=[indice1];
    end
end

```

```

elseif ge(size(todos_Areas_ordenado,2),4)
    if (todos_Areas_ordenado(end-3)> 0.25*...
        mean([todos_Areas_ordenado(end-1) todos_Areas_ordenado(end)]))
        areas_pulmones=[todos_Areas_ordenado(end-3:end)];
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indice3 = find(todos_Areas==areas_pulmones(3));
        indice4 = find(todos_Areas==areas_pulmones(4));
        indices=[indice1 indice2 indice3 indice4];
    elseif (todos_Areas_ordenado(end-2)> 0.25*
        mean([todos_Areas_ordenado(end-1) todos_Areas_ordenado(end)]))
        areas_pulmones=[todos_Areas_ordenado(end-2:end)];
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indice3 = find(todos_Areas==areas_pulmones(3));
        indices=[indice1 indice2 indice3];
    elseif (todos_Areas_ordenado(end-1)>0.25*todos_Areas_ordenado(end))
        areas_pulmones=[todos_Areas_ordenado(end-1:end)];
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indices=[indice1 indice2];
    else
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indices=[indice1];
    end
end
end

```

Con la información reunida, se genera una imagen binaria segmentada que contiene únicamente aquellos píxeles que pertenecen a las regiones anteriores.

```
img_binaria = ismember(imagen_etiquetada, indices);
```

Se define un nuevo disco de radio 3 para que actúe sobre todos los píxeles contiguos a él, para cambiar la morfología del contorno de una estructura. Utilizando esta herramienta se erosiona la imagen él:

```
pincell = strel('disk',3,0);
img_binaria_final_relleno= imerode(img_binaria, pincell);
```

En la Figura 184 se puede observar cómo esta operación permite evitar la selección de los píxeles más externos pertenecientes al contorno:

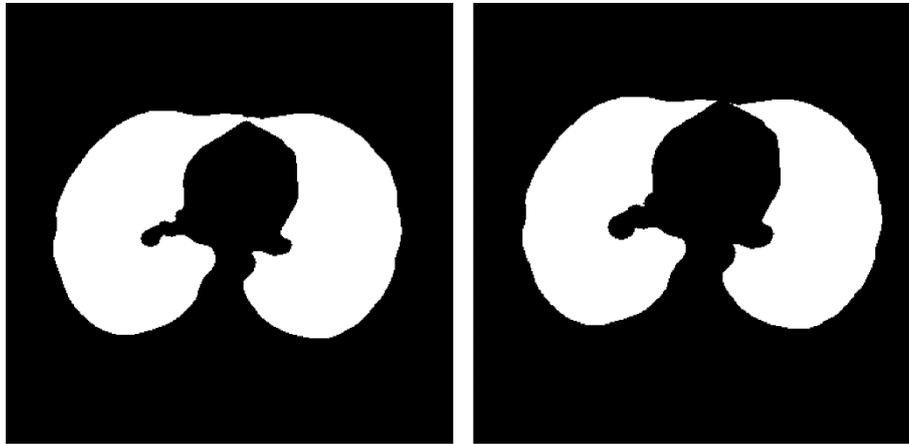


Figura 184. Efecto de la operación de erosión sobre los bordes del parénquima pulmonar

Para mejorar la delimitación del parénquima pulmonar se determinan las coordenadas del polígono convexo que engloba a todas las regiones segmentadas anteriormente, tratándolas como si fueran una sola. A continuación, se obtiene la diferencia entre este polígono y la segmentación hecha anteriormente. De esta forma se pueden recuperar zonas de interés de la región pulmonar que han sido eliminadas en los procesos de segmentación realizados anteriormente. Se etiquetan las regiones generadas de esta forma y luego son ordenadas en función de su área.

```
CH = bwconvhull(img_binaria_final_relleno,'union');
blancos = CH-img_binaria_final_relleno;
imagen_etiquetada_blanco = bwlabel(blanco);
propiedades_blanco = regionprops(imagen_etiquetada_blanco, 'Area');
todos_Areas_blanco = [propiedades_blanco.Area];
todos_Areas_blanco_ordenado = sort(todos_Areas_blanco);
```

Para seleccionar y separar de esta imagen los bloques a añadir en los bordes del pulmón se empieza comprobando si la cuarta región más grande tiene un área mayor de 250, la tercera más grande mayor de 500 o la segunda de 1000. Si se cumple alguna de estas condiciones se seleccionan 4, 3, y 2 regiones extra respectivamente. En caso contrario únicamente la de mayor área.

```
if todos_Areas_blanco_ordenado(end-3)>250
    I_salida1=xor(bwareaopen(blanco,10),...
```

```

        bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-3)-1));
elseif todos_Areas_blanco ordenado (end-2)>500
    I_salida1=xor (bwareaopen (blancos,10),...
        bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-2)-1));
elseif todos_Areas_blanco ordenado (end-1)>1000
    I_salida1=xor (bwareaopen (blancos,10),...
        bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-1)-1));
else
    I_salida1=xor (bwareaopen (blancos,10),...
        bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end)-1));
end
end

```

Para seleccionar únicamente los grandes bloques de la región central.:

```

if todos_Areas_blanco ordenado (end-3)>250
    I_salida2=bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-3)-1);
elseif todos_Areas_blanco ordenado (end-2)>500
    I_salida2=bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-2)-1);
elseif todos_Areas_blanco ordenado (end-1)>1500
    I_salida2=bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end-1)-1);
else
    I_salida2=bwareaopen (blancos,todos_Areas_blanco ordenado (end)-1);
end

imagen_etiquetada_ I_salida2=bwlabel (I_salida2);
propiedades_I_salida2=regionprops (imagen_etiquetada_ I_salida2, 'Area');
todos_Areas_ I_salida2=[propiedades_ I_salida2.Area];
todos_Areas_ I_salida2_ordenado=sort (todos_Areas_ I_salida2);

```

Se dilata esta imagen con un disco de radio 5

```

pincel3 = strel ('disk',5,0);
I_salida2=imdilate (Iout2,pincel3);

```

La segmentación final consiste en

```

imagen_definitiva= I_salida1+img_binaria_final_relleno- I_salida2;
imagen_definitiva=~bwareaopen (imcomplement (imagen_definitiva), 1500);

```

La condición que se establece para distinguir estos dos casos es la comprobación de si las dos regiones de mayor tamaño tienen un área superior a 576 píxeles:

```
if isequal(size(todos_Areas_ordenado), [1 1])
    areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
    indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
    indices=[indice1];
else
    if todos_Areas_ordenado(end-1)>576 && todos_Areas_ordenado(end)>576
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end-1:end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indice2 = find(todos_Areas==areas_pulmones(2));
        indices=[indice1 indice2];
    else
        areas_pulmones = todos_Areas_ordenado(end);
        indice1 = find(todos_Areas==areas_pulmones(1));
        indices=[indice1];
    end
end
end
```

Se rellenan aquellos huecos interiores a los pulmones, si los hubiera:

```
img_binaria_final_relleno=imfill(img_binaria_final,'holes');
```

Para posibilitar el proceso de partición de las regiones pulmonares, se obtienen las coordenadas del vértice superior izquierdo y el ancho y el alto del rectángulo más pequeño que las engloba completamente.

```
propiedades2 = regionprops(img_binaria_final_relleno, 'BoundingBox');
rectangulos=[propiedades2.BoundingBox];
```

Se localizan las coordenadas del centro de cada rectángulo:

```
roi_pulmones=size(rectangulos,2)/4;
```

Los siguientes pasos sirven para obtener los recortes que alimentarán la CNN.

En primer lugar, se introduce una variable para contabilizar el número de recortes. Se crean para cada uno de los pulmones (índice p). Mediante el índice t se tiene en cuenta el número de redes CNN que se aplicarán: red única o bien 2 o 3 en caso de usar una opción combinada.

Se construyen dos vectores, llamados *col_centros* y *fil_centros* que contienen las filas y columnas de los centros de cada uno de los recortes.

```

contador=0;
for p=1:1:roi_pulmones
    for t=1:1:length(tamanno)
        col_centros=round(rectangulos(1+4*(p-1)):mov_x(t):...
            (round(rectangulos(1+4*(p-1))+rectangulos(3+4*(p-1))));
        fil_centros=round(rectangulos(2+4*(p-1)):mov_y(t):...
            round(rectangulos(2+4*(p-1))+rectangulos(4+4*(p-1)));
        for i=1:1:length(fil_centros)
            for j=1:1:length(col_centros)

```

Se obtiene la matriz de píxeles correspondiente al rectángulo sobre la imagen binaria:

```

imagen_recortada=img_binaria_final_relleno(...
    (fil_centros(i)-round(tamanno(t)/2)):...
    (fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)),...
    (col_centros(j)-round(tamanno(t)/2)):...
    (col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)));

```

Para conocer porcentaje del rectángulo ocupado por pulmón, que permitirá decidir si ese recorte es analizado por la red CNN:

```

interseccion=sum(sum(imagen_recortada));

```

Se compara el porcentaje de intersección con el umbral establecido:

```

if interseccion>(0.90*tamanno(t)^2)

```

En caso de superarlo, se extrae el recorte de la imagen original:

```

recorte=imagen2(...
    (fil_centros(i)-round(tamanno(t)/2)):...
    (fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)),...
    (col_centros(j)-round(tamanno(t)/2)):...
    (col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)));

```

Se normaliza la matriz de ese recorte para usarlo como entrada de la red neuronal, comenzando por la localización del máximo en valor absoluto de la matriz:

```

minimo=min(recorte(:));
maximo=max(recorte(:));
if abs(maximo)>abs(minimo)

```

```

        maximo=maximo;
    else
        maximo=abs (minimo);
    end

```

Se divide cada uno de los elementos de la matriz leída entre el máximo en valor absoluto:

```

    for k=1:1:size (recorte,1)
        for l=1:1:size (recorte,2)
            recorte (k,l)=double (recorte (k,l) ./maximo);
        end
    end
end

```

Se almacena la matriz del recorte, nombrando al archivo en función de su localización:

```

    dlmwrite (char (strcat ('D:\JORCAD\REDES\recortes\' ,...
        sprintf ('%s_%s_%s_%s_%s_%s', num2str (tamanno (t)), ...
        num2str (p), num2str (i), num2str (j), ...
        num2str (fil_centros (i)), num2str (col_centros (j))), ...
        '_norm.txt')), recorte, 'precision', '%.8f', 'delimiter', '\t')
    contador=contador+1;

```

Para registrar la información relacionada con la ROI analizada, para su posterior tratamiento en relación con la superposición de información sobre la imagen, se obtienen los siguientes parámetros:

```

    tamanno_red (contador) = tamanno (t);
    pulmon (contador) = p;
    lugar_roi_x (contador) = i;
    lugar_roi_y (contador) = j;
    posicion_roi_x (contador) = fil_centros (i);
    posicion_roi_y (contador) = col_centros (j);
    ruta_imagen_recortes = ruta_final;
    linea_resultados {contador} = [tamanno (t) p i j ...
    fil_centros (i) col_centros (j)];
end
end %Cierra el bucle de los centros de las columnas
end %Cierra el bucle de los centros de las filas

```

```

clear col_centros fil_centros

end          %Cierra el bucle de la longitud de tamanno
end          %Cierra el bucle de los pulmones

```

5.5.4. Segmentación y procesado de mamografías para su análisis

El objetivo de esta sección es describir el proceso de segmentación automático de la glándula mamaria.

En caso de que la imagen activa sea una mamografía, el proceso comienza capturando la ruta de la imagen, leyendo su matriz de valores de píxel y su cabecera de información. Hay que tener en cuenta que en función de la base de datos se importará un formato diferente: *.dcm*, *.tif* o *.png*.

```

elseif strcmp(estado_carga,'mamografia_cargada')==1 &&...
    not(isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))
set(textinfo_TC,'Visible','on')
ruta_final=getappdata(0,'cargar_ruta_final')
if isequal(ruta_final(end-3:end),'.dcm')==1
    imagen=dicomread(ruta_final);
elseif isequal(ruta_final(end-3:end),'.tif')==1
    imagen=imread(ruta_final);
elseif isequal(ruta_final(end-3:end),'.png')==1
    imagen=imread(ruta_final);
end

```

Una vez importada, se transforma en binaria utilizando un umbral y se rellenan los huecos con una operación de tipo *flood fill*, que permite modificar una región conectada siempre que los píxeles cercanos a ella cumplan una serie de propiedades. El algoritmo parte de una serie de nodos y conecta zonas similares. La Figura 185 presenta una mamografía CC convertida en imagen binaria:

```

imagen_binaria = im2bw(imagen,0.05 ) ;
imagen_binaria_final=imfill(imagen_binaria,'holes');

```

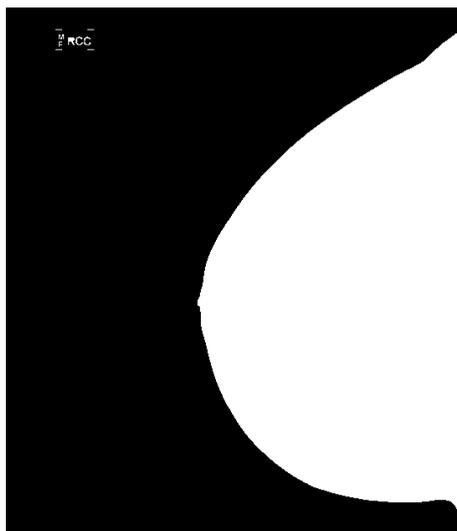


Figura 185. Proyección cráneo-caudal convertida en imagen binaria

Tras aplicar la operación anterior, se realiza una selección adecuada de la glándula mamaria:

Se suavizan los bordes de la región segmentada utilizando un pincel circular de radio 25 píxeles para suavizar su contorno, mediante la operación morfológica *erode*:

```
pincel = strel('disk',25);  
imagen_binaria_final= imerode(imagen_binaria_final, pincel);
```

En la Figura 186 se aprecian los pequeños cambios producidos mediante la operación de suavizado aplicando zoom al contorno de la glándula mamaria del ejemplo anterior.



Figura 186. Cambios en el contorno tras aplicar la operación de suavizado

Es necesario eliminar todas aquellas regiones situadas fuera de la glándula mamaria, ya sean cuerpos extraños, o las letras que indican el tipo de proyección y que pueden haber sido seleccionadas con las operaciones ejecutadas hasta el momento. Para ello se etiqueta y ordena las regiones en función de su área, para mantener únicamente la zona de mayor superficie. Este

proceso resulta mucho menos laborioso que el necesario para delimitar el parénquima pulmonar.

```
propiedades_blanco = regionprops(imagen_binaria_final, 'Area')
todos_Areas_blanco = [propiedades_blanco.Area];
todos_Areas_blanco_ordenado=sort(todos_Areas_blanco)
imagen_binaria_final = bwareaopen(imagen_binaria_final,...
                                todos_Areas_blanco_ordenado(end));
```

Para completar el proceso de eliminación de la imagen resultante de aquellas regiones de área inferior a 10, que suelen corresponder con restos de anotaciones realizadas para identificar la mama y la proyección o bien con objetos extraños.

```
imagen_binaria_final = bwareaopen(imagen_binaria_final,10);
```

En la Figura 187 se puede observar cómo se ha eliminado la anotación MF RCC de la imagen Figura 185:

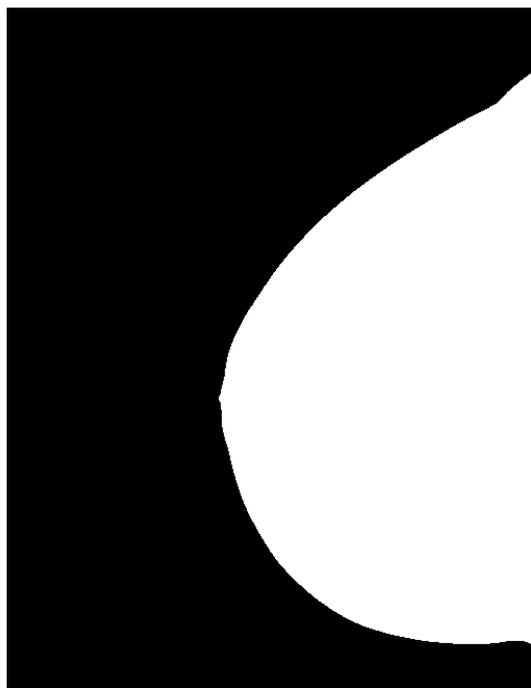


Figura 187. Eliminación de objetos extraños

En la Figura 188 se muestran las etapas progresivas de selección de la glándula mamaria descritas con anterioridad aplicada a una mamografía de la base de datos *CBIS-DDSM*:

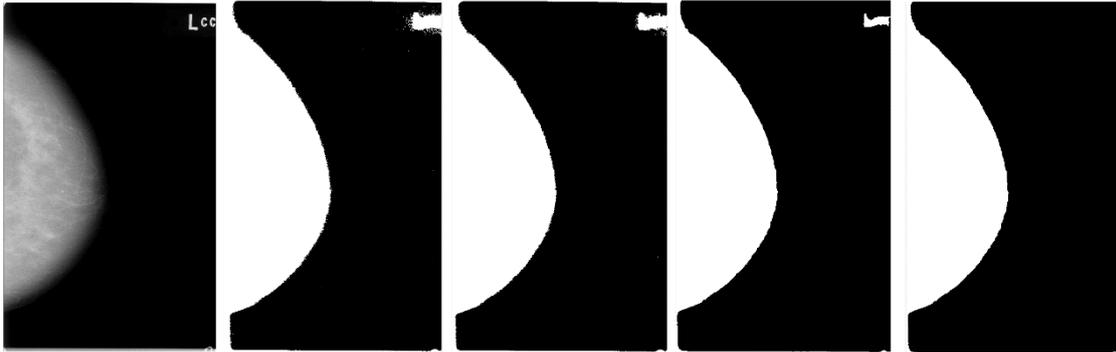


Figura 188. Proceso completo de selección de la glándula mamaria en una proyección CC de la base de datos CBIS-DDSM

Se etiqueta la imagen y se obtienen las coordenadas del rectángulo de menores dimensiones que la incluye completamente con la propiedad 'BoundingBox' y su área:

```
imagen_etiquetada = bwlabel(imagen_binaria_final);
propiedades = regionprops(imagen_binaria_final, 'Area', 'BoundingBox');
area_maxima=max([propiedades.Area]);
posicion_area_maxima=find([propiedades.Area]==area_maxima);
rectangulos=[propiedades(posicion_area_maxima).BoundingBox];
```

Debido a la elevada resolución de las mamografías, se incorpora en esta modalidad la posibilidad de que el usuario analice con el sistema CAD la imagen completa o solamente una parte de ella. Para ello se formula la pregunta, almacenando su respuesta:

```
respuesta_CNN_mamografia = questdlg('Elige el tipo de combinación:', ...
    'Análisis CNN mamografía','<html><font size="5">Analizar ROI',...
    '<html><font size="5">Analizar imagen completa','Imagen completa')
contador=0;
```

El cuadro de diálogo asociado se muestra en la Figura 189:

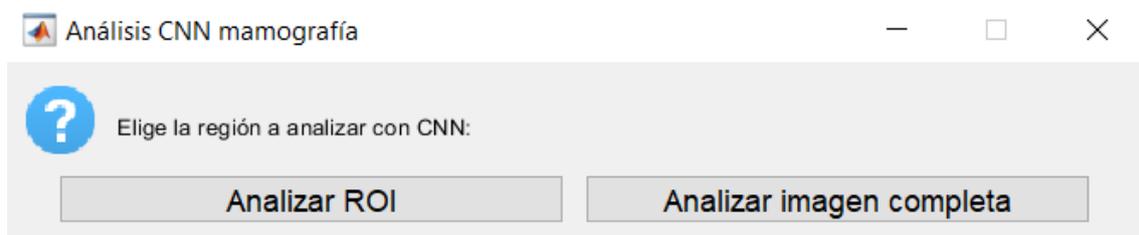


Figura 189. Selección de la región a analizar con CNN en mamografía

En caso de que la respuesta proporcionada sea analizar una ROI, se utiliza la función *imcrop* para que el usuario seleccione con el ratón, comenzando por la esquina superior izquierda y arrastrándolo, un rectángulo en la zona deseada de la imagen:

```

if isequal(respuesta_CNN_mamografia,'<html><font size="5">Analizar ROI')
    set(textoinfo_TC,'String',sprintf('Recortando...'))
    drawnow
    [J,rectangulo_roi]=imcrop(imagen);

```

Se amplía el tamaño del rectángulo seleccionado para que en los bordes de la selección del usuario se posicionen los centros de los recortes más exteriores que van a ser analizados. Se muestra en pantalla, permaneciendo visible durante el proceso de análisis.

```

for t=1:1:length(tamanno)
    rectangulo_roi_ampliado=[rectangulo_roi(1)-tamanno(t)/2...
        rectangulo_roi(2)-tamanno(t)/2 rectangulo_roi(3)+tamanno(t)...
        rectangulo_roi(4)+tamanno(t)];
    rectangle('Position',rectangulo_roi_ampliado,...
        'Curvature',0.2,'EdgeColor','m','LineWidth',2)

```

Una vez establecida la región a analizar, se determina la posición de las columnas y las filas de los centros de los recortes. El desplazamiento de uno a otro lo marcan las variables *mov_x* y *mov_y*:

```

col_centros=round(rectangulo_roi(1):mov_x(t):...
    (round(rectangulo_roi(1))+rectangulo_roi(3)));
fil_centros=round(rectangulo_roi(2):mov_y(t):...
    (round(rectangulo_roi(2))+rectangulo_roi(4)));

```

Se recorren los vectores de columnas y filas para seleccionar las matrices de píxeles de los recortes:

```

for i=1:1:length(fil_centros)
    for j=1:1:length(col_centros)
        if (col_centros(j)<(size(imagen,2)-tamanno(t)/2) &&...
            fil_centros(i)<(size(imagen,1)-tamanno(t)/2)) &&...
            (col_centros(j)>(tamanno(t)/2) &&...
            fil_centros(i)>(tamanno(t)/2))
            imagen_recortada=imagen_etiquetada((fil_centros(i)-
                round(tamanno(t)/2):(fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)-1),...
                (col_centros(j)-round(tamanno(t)/2)):...
                (col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)-1));

```

Se define la variable *interseccion* para conocer el porcentaje del rectángulo ocupado por tejido mamario:

```
interseccion=sum(sum(imagen_recortada))
```

Si el porcentaje de intersección supera el 80%, se procesa el recorte normalizando sus valores de píxel para que pertenezcan al intervalo [-1,1]. Se centran los valores de píxel en torno al promedio, y se divide cada valor entre el máximo (en valor absoluto) de la matriz. Una vez procesado, puede ser utilizado como entrada de la red neuronal.

```
if interseccion>(0.8*tamanno(t)^2)

    recorte=double(imagen((fil_centros(i)-round(tamanno(t)/2)):...
                        (fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)-1),...
                        (col_centros(j)-round(tamanno(t)/2)):...
                        (col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)-1)));

    media = mean(recorte(:));

    recorte = double(recorte)-media;

    minimo=min(recorte(:));

    maximo=max(recorte(:));

    if abs(maximo)>abs(minimo)

        maximo=maximo;

    else

        maximo=abs(minimo);

    end

    for k=1:1:size(recorte,1)

        for l=1:1:size(recorte,2)

            recorte(k,l)=double(recorte(k,l)./maximo);

        end

    end

end
```

Se escribe la matriz normalizada del recorte en un archivo de texto utilizando una nomenclatura que permita identificarlo y leerlo posteriormente de forma sencilla

```
dlmwrite(char(strcat('C:\JORCAD\REDES\recortes\ ',...
                    sprintf('%s_%s_%s_%s_%s', num2str(tamanno(t)), num2str(i), num2str(j), ...
                    num2str(fil_centros(i)), num2str(col_centros(j))), '_norm.txt')), ...
        recorte, 'precision', '%.8f', 'delimiter', '\t')

contador=contador+1;

tamanno_red (contador) = tamanno(t);
```

```

lugar_roi_x (contador) = i;
lugar_roi_y (contador) = j;
posicion_roi_x (contador) = fil_centros(i);
posicion_roi_y (contador) = col_centros(j);
ruta_imagen_recortes = ruta_final;
ruta_final_troceada=strsplit(ruta_final,'\');
ruta_final_troceada=ruta_final_troceada(end);
end % Cierra el if de la intersección
end % Cierra el if que comprueba si el centro está en la imagen
end % Cierra el bucle de los centros de las columnas
end % Cierra el bucle de los centros de las filas
clear col_centros fil_centros
end % Cierra el bucle de la longitud de tamanno

```

En caso de que se desee analizar la mamografía completa:

```

elseif isequal(respuesta_CNN_mamografia,...
                '<html><font size="5">Analizar imagen completa')
set(textinfo_TC, 'String', sprintf('Recortando...'))
drawnow
for t=1:1:length(tamanno)
    col_centros=round(rectangulos(1):mov_x(t):...
                    (round(rectangulos(1))+rectangulos(3)))
    fil_centros=round(rectangulos(2):mov_y(t):...
                    (round(rectangulos(2))+rectangulos(4)))
    for i=1:1:length(fil_centros)
    for j=1:1:length(col_centros)
        if (col_centros(j)<(size(imagen,2)-tamanno(t)/2) &&...
            fil_centros(i)<(size(imagen,1)-tamanno(t)/2))&&...
            (col_centros(j)>(tamanno(t)/2) && fil_centros(i)>(tamanno(t)/2))
            imagen_recortada=imagen_etiquetada((fil_centros(i)-...
            round(tamanno(t)/2):(fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)-1),...
            (col_centros(j)-round(tamanno(t)/2)):...
            (col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)-1));
            interseccion=sum(sum(imagen_recortada));

```

Se evalúa el porcentaje de intersección para comprobar si la región debe ser analizada:

```
if interseccion>(0.8*tamanno(t)^2)
recorte=double(imagen((fil_centros(i)-round(tamanno(t)/2)):...
(fil_centros(i)+round(tamanno(t)/2)-1),(col_centros(j)-...
round(tamanno(t)/2):(col_centros(j)+round(tamanno(t)/2)-1)));
```

Se efectúan las operaciones de normalización de los valores de pixel:

```
media = mean(recorte(:));
recorte = double(recorte)-media;
minimo=min(recorte(:));
maximo=max(recorte(:));
if abs(maximo)>abs(minimo)
    maximo=maximo;
else
    maximo=abs(minimo);
end
for k=1:1:size(recorte,1)
    for l=1:1:size(recorte,2)
        recorte(k,l)=double(recorte(k,l)./maximo);
    end
end
end
```

Se procede a la escritura de los valores numéricos de pixel del recorte:

```
dlmwrite(char(strcat('C:\JORCAD\REDES\recortes\',...
sprintf('%s_%s_%s_%s_%s',num2str(tamanno(t)),num2str(i),num2str(j),...
num2str(fil_centros(i)),num2str(col_centros(j))),'_norm.txt')),...
recorte,'precision','%0.8f','delimiter','\t')
contador=contador+1;
tamanno_red(contador) = tamanno(t);
lugar_roi_x(contador) = i;
lugar_roi_y(contador) = j;
posicion_roi_x(contador) = fil_centros(i);
posicion_roi_y(contador) = col_centros(j);
ruta_imagen_recortes = ruta_final;
```

```

ruta_final_troceada=strsplit(ruta_final,'\');
ruta_final_troceada=ruta_final_troceada(end);

end % Cierra el bucle de la interseccion con la mama

end % Cierra el bucle que comprueba que el rectangulo está en la imagen

end % Cierra el bucle de los centros de las columnas

end % Cierra el bucle de los centros de las filas

clear col_centros fil_centros

end % Cierra el bucle de la longitud de tamanno

end

```

En caso de que no se hayan seleccionado todas las opciones necesarias para proceder al análisis se muestran los correspondientes mensajes de error:

```

elseif strcmp(estado_carga,'nada')==1 &&...

    not(isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))

    msgbox('Para utilizar redes neuronales debes importar imágenes');

elseif isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]) &&...

    strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1

    msgbox('Por favor, selecciona un tamaño de matriz para la CNN')

elseif isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]) &&...

    strcmp(estado_carga,'mamografia_cargada')==1

    msgbox('Por favor, selecciona un tamaño de matriz para la CNN')

elseif strcmp(estado_carga,'nada')==1 &&...

    isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0])

    msgbox('Por favor, selecciona un tamaño de matriz e importa imágenes')

end % Cierra el bucle de segmentacion de TC o mamografia

```

5.5.5. Análisis de recortes con la red CNN seleccionada

5.5.5.1. Arquitecturas con 3 capas de convolución

Para desglosar la programación de esta sección y las operaciones que se realizan en ella hay que considerar varios aspectos importantes:

- El vector *tamaño* puede tener un único elemento o bien 2 o 3 si se ha seleccionado la opción de *Análisis conjunto*, en cuyo caso se realizarán los análisis de forma consecutiva.

- En esta Tesis Doctoral se han entrenado diferentes arquitecturas CNN, con un número diferente de capas de convolución (3, 4, 5 o 6). JORCAD puede ser actualizado y reconfigurado con diferentes modelos entrenados. El número de capas de convolución del modelo cargado se deduce de la longitud del vector *tamanno_kernel*.

En primer lugar, se deben cargar todos los *pesos* y *offsets* de todas las capas del modelo de red seleccionado. La carpeta raíz, que contiene a su vez las 10 carpetas con los mejores modelos entrenados es la siguiente:

```
RutaArch='C:\JOCAD\REDES\';
```

Comienza el bucle condicionado por la longitud del vector *tamanno*:

```
for t=1:1:length(tamanno)
```

Se crea la ruta base hacia los archivos de *pesos* y *offsets*:

```
RutaCoef{t}=strcat(RutaArch,num2str(tamanno(t)));
```

Se construyen las rutas completas, siendo para el caso de tres capas de convolución:

```
if length(tamanno_kernel{t})==3
c0b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer0b.txt'))); %Offsets capa 0
c0W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer0W.txt'))); %Pesos capa 0
c1b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer1b.txt'))); %Offsets capa 1
c1W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer1W.txt'))); %Pesos capa 1
c2b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer2b.txt'))); %Offsets capa 2
c2W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer2W.txt'))); %Pesos capa 2
c3b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer3b.txt'))); %Offsets capa 3
c3W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer3W.txt'))); %Pesos capa 3
c4b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer4b.txt'))); %Offsets capa 4
c4W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t},'\','layer4W.txt'))); %Pesos capa 4
```

Se reformatean los datos contenidos en los archivos para almacenar cada uno de los *kernels* por separado en una matriz:

```
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
format long
j=1;
for i=1:tamanno_kernel{t}(1):length(c0W{t})
kernel0{t}(:,j)=c0W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(1)-1),:); j=j+1;
end
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
```

```

format long

j=1;

for i=1:tamanno_kernel{t}(2):length(c1W{t})

    kernel1{t}(:, :, j)=c1W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(2)-1), :); j=j+1;

end

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

format long

j=1;

for i=1:tamanno_kernel{t}(3):length(c2W{t})

    kernel2{t}(:, :, j)=c2W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(3)-1), :); j=j+1;

end

```

En caso de que el número de capas de convolución sea 4, se leen los *pesos* y *offsets* de las primeras capas igual que en el caso anterior, añadiendo una capa extra. Se indica únicamente la porción de código que se añade con respecto al caso de 3 capas de convolución:

```

elseif length(tamanno_kernel{t})==4

% Se omite código de lectura de c0b, c0W, c1b, c1W, c2b, c2W, c3b, c3W, c4b, c4W

c5b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer5b.txt'))); %Offsets capa 5

c5W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer5W.txt'))); %Pesos capa 5

```

Se reformatean los *pesos* de las 3 primeras capas de convolución de la misma forma descrita, añadiendo una capa adicional en este caso:

```

...

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

format long

j=1;

for i=1:tamanno_kernel{t}(4):length(c3W{t})

    kernel3{t}(:, :, j)=c3W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(4)-1), :); j=j+1;

end

```

Para el caso de 5 capas de convolución se añaden las siguientes instrucciones extra:

```

elseif length(tamanno_kernel{t})==5

% Lectura de c0b, c0W, c1b, c1W, c2b, c2W, c3b, c3W, c4b, c4W, c5b, c5W

C6b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer6b.txt'))); %Offsets capa 6

C6W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer6W.txt'))); %Pesos capa 6

```

Se reordenan los *pesos* de la quinta capa de convolución:

```

...
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
format long
j=1;
for i=1:tamanno_kernel{t}(5):length(c4W{t})
    kernel4{t}(:, :, j)=c4W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(5)-1), :); j=j+1;
end

```

Por último, el caso de 6 capas de convolución:

```

elseif length(tamanno_kernel{t})==6
%Lectura de c0b, c0W, c1b, c1W, c2b, c2W, c3b, c3W, c4b, c4W, c5b, c5W, c6b, c6W
c7b{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer7b.txt'))); %Offsets capa 7
c7W{t}=dlmread(char(strcat(RutaCoef{t}, '\', 'layer7W.txt'))); %Pesos capa 7
...
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA CONV. 6%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
format long
j=1;
for i=1:tamanno_kernel{t}(6):length(c5W{t})
    kernel5{t}(:, :, j)=c5W{t}(i:(i+tamanno_kernel{t}(6)-1), :); j=j+1;
end

```

Se explora la carpeta donde se almacenan las matrices de recortes, teniendo en cuenta el tamaño y la identificación de la imagen abierta. Se obtiene el número total de recortes que contiene.

```

archivos_recortes=dir('C:\JORCAD\REDES\recortes');
contador=1;

```

Para obtener el número de recortes totales a analizar:

```

for i=3:1:size(archivos_recortes,1)
    nombre=archivos_recortes(i).name;
    nombre_troceado=strsplit(nombre, '_');
    contador=contador+1;
end
end
recortes_totales = contador-2;

```

```

contador=1;

set(textoinfo_TC,'Visible','on')

```

En las siguientes instrucciones se aplica la red CNN adecuada a cada recorte de la carpeta. Si la primera parte del nombre del recorte coincide con el tamaño seleccionado por el usuario, se lee el recorte y se actualiza el valor del contador de recortes analizados que se muestra en pantalla.

```

contador_recortes=[0 0 0];

for i=3:1:size(archivos_recortes,1)

    nombre=archivos_recortes(i).name;

    nombre_troceado=strsplit(nombre,'_');

    for z=1:1:length(tamanno)

        if strcmp(nombre_troceado(1),num2str(tamanno(z)))==1

            num=dlmread(strcat('C:\JORCAD\REDES\recortes\',nombre));

            set(textoinfo_TC,'String',sprintf('Analizando: %d / %d',...

                                                contador, recortes_totales))

            drawnow

            if isequal(str2num(cell2mat(nombre_troceado(1))),tamanno(z))

                contador_recortes(z)=contador_recortes(z)+1;

            end

        end

    end

end

```

Las tres primeras capas son comunes a todas las arquitecturas, independientemente de la profundidad de la red. En la primera capa se convoluciona la imagen original con todos los *kernels* de la primera.

```

if length(tamanno_kernel{z})==3

    %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 1%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

    for i=1:1:size(kernel0{z},3)

        if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1

            salida_capa0{z}(:, :, i)=tanh(conv2(num, kernel0{z}(:, :, i), 'valid')+...

                                                c0b{z}(i));

        elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

            salida_capa0{z}(:, :, i)=reLUparam(conv2(num, kernel0{z}(:, :, i), 'valid')+...

                                                c0b{z}(i));

        end

    end

end

```

Se aplica la operación de *pooling* a esta primera capa:

```

for k=1:1:size(salida_capa0{z},3)
    n=0;m=0;
    if tamanno_pool{z}(1)==2
        for i=1:2:(size(salida_capa0{z},1)-1)
            n=n+1;m=0;
            for s=1:2:(size(salida_capa0{z},2)-1)
                m=m+1;
                salida_capa0_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa0{z}(i:i+1,s:s+1,k)));
            end
        end
    elseif tamanno_pool{z}(1)==1
        salida_capa0_pool{z}=salida_capa0{z};
    end
end
end

```

La aplicación de la segunda capa consiste en la convolución del volumen de salida de la primera con todos los *kernels* de la segunda, generando por tanto un nuevo conjunto de datos tridimensional:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 2%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(1):size(kernel1{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
salida_capa1{z}(:, :, s)=tanh(convn(...
                                salida_capa0_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(1)), ...
                                flip(kernel1{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(1))):...
                                (n+1)*numero_kernel{z}(1)), 3), 'valid')+c1b{z}(s));
    s=s+1;
    n=n+1;
elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
salida_capa1{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...
                                salida_capa0_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(1)), ...
                                flip(kernel1{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(1))):...
                                (n+1)*numero_kernel{z}(1)), 3), 'valid')+c1b{z}(s));

```

```

s=s+1;

n=n+1;

end

end

```

Con su correspondiente operación de *pooling* asociada:

```

for k=1:1:size(salida_capal{z},3)

n=0;m=0;

if tamanno_pool{z}(2)==2

for i=1:2:(size(salida_capal{z},1)-1)

n=n+1;m=0;

for s=1:2:(size(salida_capal{z},2)-1)

m=m+1;

salida_capal_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capal{z}(i:i+1,s:s+1,k)));

end

end

elseif tamanno_pool{z}(2)==1

salida_capal_pool{z}=salida_capal{z};

end

end

```

En la tercera capa se convoluciona el volumen de salida de la segunda capa con todos los *kernels* de la tercera capa:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 3%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

s=1;n=0;

for i=1:numero_kernel{z}(2):size(kernel2{z},3)

if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1

salida_capa2{z}(:, :, s)=tanh(convn(...

                                salida_capal_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(2)), ...

                                flip(kernel2{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(2)):...

(n+1)*numero_kernel{z}(2)), 3), 'valid')+c2b{z}(s));

s=s+1;

n=n+1;

elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

```

```

salida_capa2{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...
                                salida_capa1_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(2)),...
                                flip(kernel2{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(2)):...
                                (n+1)*numero_kernel{z}(2)), 3), 'valid')+c2b{z}(s));

s=s+1;

n=n+1;

end

end

```

La operación de *pooling* en la tercera capa se realiza como sigue:

```

for k=1:1:size(salida_capa2{z}, 3)

n=0;m=0;

if tamanno_pool{z}(3)==2

for i=1:2:(size(salida_capa2{z}, 1)-1)

n=n+1;m=0;

for s=1:2:(size(salida_capa2{z}, 2)-1)

m=m+1;

salida_capa2_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa2{z}(i:i+1, s:s+1, k)));

end

end

elseif tamanno_pool{z}(3)==1

salida_capa2_pool{z}=salida_capa2{z};

end

end

```

Se alcanza en este momento la capa de neuronas completamente conectadas. Para cada una de las neuronas se calcula la salida multiplicando cada una de las entradas por el *peso* correspondiente. Tras añadir el valor del *offset* correspondiente a cada una de las neuronas de la capa, se tiene en cuenta el tipo de función de activación para obtener su salida:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

for m=1:1:neuronas{z}(1)

p=0; suma_parcial=0; suma_neurona=0;

for k=1:1:size(salida_capa2_pool{z}, 3)

for i=1:1:size(salida_capa2_pool{z}, 1)

for s=1:1:size(salida_capa2_pool{z}, 2)

```

```

suma_parcial=salida_capa2_pool{z}(i,s,k)*c3W{z}(m+p*neuronas{z}(1));
suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial;

suma_parcial=0;

p=p+1;

end

end

end

if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
    salida_capa3{z}(m)=tanh(suma_neurona+c3b{z}(m));
elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
    salida_capa3{z}(m)=reLUparam(suma_neurona+c3b{z}(m));
end

end

```

La última capa es el clasificador de regresión logística, compuesto por dos neuronas. Se calcula la respuesta de cada una de ellas de forma independiente, teniendo en cuenta las expresiones exponenciales asociadas al modelo:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
salida_capa4{z}(1)=exp(sum(c4W{z}(1:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
    salida_capa3{z}(1:neuronas{z}(1)')+c4b{z}(1));
salida_capa4{z}(2)=exp(sum(c4W{z}(2:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
    salida_capa3{z}(1:neuronas{z}(1)')+c4b{z}(2));
salida_capa4_total{z}=salida_capa4{z}(1)+salida_capa4{z}(2);
clase_SANO(contador)=salida_capa4{z}(1)/salida_capa4_total{z};
clase_NODULO(contador)=salida_capa4{z}(2)/salida_capa4_total{z};

```

En caso de que la activación de la neurona que corresponde a la clase “NÓDULO” supere un determinado umbral, se considera el recorte como un hallazgo CAD. Para aumentar la sensibilidad de detección asumiendo la pérdida de especificidad, que se mantiene sin embargo en niveles aceptables como se demostró en el análisis ROC del funcionamiento de las redes entrenadas, se establece un umbral de clasificación más alto. El valor elegido es 0.90.

Las coordenadas x e y del centro del recorte se obtienen extrayendo sus valores del nombre del archivo del recorte, donde se almacenaron previamente. Se escriben los resultados en un archivo de texto indicando: el número de imagen activa, el tamaño del recorte y sus coordenadas:

```

if clase_NODULO(contador)>0.90
    y=str2double(nombre_troceado(5));

```

```

x=str2double(nombre_troceado(6));

if z==1

    if strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1

        nombre_resultados=strcat('Imagen_',num2str(valor_barra),...

                                '_Tamaño_',num2str(tamanno(z)));

    end

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\',nombre_resultados,'.txt'),...

            [y x clase_NODULO(contador)],'-append','roffset',0)

```

Se muestra en la ventana de visualización de imágenes un rectángulo cuyo color depende de la longitud del vector *tamanno*, es decir si se realiza un análisis único o un análisis conjunto con 2 o 3 tamaños diferentes. Dispone de un fondo sombreado, para que en caso de que se produzcan hallazgos que se solapan aumente la opacidad de la zona marcada.

```

rectangle('Position',[x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)],...

         'FaceColor','[0 1 1 0.2]','EdgeColor','none'),hold on,

```

Se procede de forma análoga a escribir los datos del hallazgo, en caso de que se supere el umbral de clasificación con el segundo tamaño de red, marcando la zona correspondiente en la imagen.

```

elseif z==2

    if strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1

        nombre_resultados=strcat('Imagen_',num2str(valor_barra),...

                                '_Tamaño_',num2str(tamanno(z)));

    end

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\',nombre_resultados,'.txt'),...

            [y x clase_NODULO(contador)],'-append','roffset',0)

    rectangle('Position',[x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)],...

            'FaceColor','[0 1 0 0.2]','EdgeColor','none'),hold on,

```

Y por último se repite la operación en caso de que z pueda tomar el valor 3, es decir un análisis conjunto de nódulos o lesiones de mamografía de tamaño intermedio:

```

elseif z==3

    if strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1

        nombre_resultados=strcat('Imagen_',num2str(valor_barra),...

                                '_Tamaño_',num2str(tamanno(z)));

    end

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\',nombre_resultados,'.txt'),...

```

```

        [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)],...
        'FaceColor', '[1 0 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,
    end
end
end

```

Se borra el contenido de aquellas variables que pudieran interferir en los cálculos en la siguiente iteración del bucle que calcula los resultados de la red CNN:

```

clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3 salida_capa4
clear salida_capa0_pool salida_capa1_pool salida_capa2_pool
clear salida_capa4_total
clear suma_neurona suma_parcial
clear i s k m n p

```

La iteración aumenta en una unidad para que pueda comenzar el análisis del siguiente recorte en una nueva iteración:

```

contador=contador+1;

```

5.5.5.2. Arquitecturas con más de 3 capas de convolución

En caso de que la red CNN tenga más de tres capas de convolución, el código correspondiente a las tres primeras capas es común a todas ellas. Se exponen a continuación las partes diferentes, es decir, a partir de la cuarta capa de convolución.

Se convoluciona el volumen de salida de la tercera capa con todos los filtros de la cuarta capa:

```

elseif length(tamanno_kernel{z})==4
% SE OMITE EL CÓDIGO CORRESPONDIENTE A LAS TRES PRIMERAS CAPAS DE CONVOLUCIÓN
% POR SU SIMILITUD CON EL CASO DE 3 CAPAS
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 4%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(3):size(kernel3{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa3{z}(:, :, s)=tanh(convn(...
            salida_capa2_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(3)),...
            flip(kernel3{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(3)):...
                (n+1)*numero_kernel{z}(3)), 3), 'valid')+c3b{z}(s));
    end
end
end

```

```

s=s+1;

n=n+1;

elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

    salida_capa3{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...

        salida_capa2_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(3)),...

        flip(kernel3{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(3)):...

            (n+1)*numero_kernel{z}(3)), 3), 'valid')+c3b{z}(s));

s=s+1;

n=n+1;

end

end

```

Se efectúa la operación de *pooling* de la cuarta capa:

```

for k=1:1:size(salida_capa3{z}, 3)

n=0;m=0;

if tamanno_pool{z}(4)==2

    for i=1:2:(size(salida_capa3{z}, 1)-1)

n=n+1;m=0;

        for s=1:2:(size(salida_capa3{z}, 2)-1)

            m=m+1;

            salida_capa3_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa3{z}(i:i+1,s:s+1,k)));

        end

    end

elseif tamanno_pool{z}(4)==1

    salida_capa3_pool{z}=salida_capa3{z};

end

end

```

En este caso la quinta capa es la de neuronas completamente conectadas:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

for m=1:1:neuronas{z}(1)

p=0;

suma_parcial=0;

suma_neurona=0;

```

```

for k=1:1:size(salida_capa3_pool{z},3)
for i=1:1:size(salida_capa3_pool{z},1)
for s=1:1:size(salida_capa3_pool{z},2)
suma_parcial=salida_capa3_pool{z}(i,s,k)*c4W{z}(m+p*neuronas{z}(1));
suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial;
suma_parcial=0;
p=p+1;
end
end
end

if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
salida_capa4{z}(m)=tanh(suma_neurona+c4b{z}(m));
elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
salida_capa4{z}(m)=reLUparam(suma_neurona+c4b{z}(m));
end
end
end

```

Y la sexta capa es el clasificador de regresión logística:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 6%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
salida_capa5{z}(1)=exp(sum(c5W{z}(1:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
salida_capa4{z}(1:neuronas{z}(1)')+c5b{z}(1));
salida_capa5{z}(2)=exp(sum(c5W{z}(2:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
salida_capa4{z}(1:neuronas{z}(1)')+c5b{z}(2));
salida_capa5_total{z}=salida_capa5{z}(1)+salida_capa5{z}(2);
clase_SANO(contador)=salida_capa5{z}(1)/salida_capa5_total{z};
clase_NODULO(contador)=salida_capa5{z}(2)/salida_capa5_total{z};

```

Se evalúa la probabilidad de que el recorte pertenezca a la clase correspondiente a lesión, y en caso de superar el umbral del 90% se escriben los datos de la región en la carpeta de resultados, mostrándose el rectángulo translúcido que permite localizar el recorte sobre la imagen:

```

if clase_NODULO(contador)>0.9
y=str2double(nombre_troceado(4));
x=str2double(nombre_troceado(5));
if z==1
if strcmp(estados_carga,'mamografia_cargada')==1

```

```

    nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
end

dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
        [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
        'FaceColor', '[0 1 1 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,

```

El código siguiente se aplica en caso de que se haya efectuado un análisis conjunto con varias redes simultáneamente, aplicando los correspondientes cambios de color en los recortes superpuestos a las imágenes:

```

elseif z==2

    if strcmp(estado_carga, 'mamografia_cargada')==1

        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
            [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
            'FaceColor', '[0 1 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,

elseif z==3

    if strcmp(estado_carga, 'mamografia_cargada')==1

        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
            [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
            'FaceColor', '[1 0 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,

end

end

clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3
clear salida_capa4 salida_capa5
clear salida_capa0_pool salida_capa1_pool salida_capa2_pool
clear salida_capa3_pool salida_capa5_total
clear suma_neurona suma_parcial

clear i s k m n p

```

Se incrementa en una unidad el contador de recortes:

```
contador=contador+1;
```

En caso de que la red CNN tenga 5 capas de convolución, la descripción comienza en la quinta capa. Se convoluciona el volumen de salida de la cuarta capa con todos los *kernels* de la quinta capa.

```
elseif length(tamanno_kernel{z})==5
% SE OMITE EL CÓDIGO CORRESPONDIENTE A LAS CUATRO PRIMERAS CAPAS DE CONVOLUCIÓN
% POR SU SIMILITUD CON EL CASO DE 3 y 4 CAPAS
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 5%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(4):size(kernel4{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
salida_capa4{z}(:, :, s)=tanh(convn(...
                                salida_capa3_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(4)),...
                                flip(kernel4{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(4))):...
                                (n+1)*numero_kernel{z}(4)),3,'valid')+c4b{z}(s));
s=s+1;
n=n+1;
elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
salida_capa4{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...
                                salida_capa3_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(4)),...
                                flip(kernel4{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(4))):...
                                (n+1)*numero_kernel{z}(4)),3,'valid')+c4b{z}(s));
s=s+1;
n=n+1;
end
end
```

Se aplica la operación de *pooling* de la quinta capa:

```
for k=1:1:size(salida_capa4{z},3)
n=0;m=0;
if tamanno_pool{z}(5)==2
for i=1:2:(size(salida_capa4{z},1)-1)
n=n+1;m=0;
```

```

    for s=1:2:(size(salida_capa4{z},2)-1)
        m=m+1;
        salida_capa4_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa4{z}(i:i+1,s:s+1,k)));
    end
end
elseif tamanno_pool{z}(5)==1
    salida_capa4_pool{z}=salida_capa4{z};
end
end
end

```

El código de la capa de neuronas completamente conectadas es el siguiente:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 6%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
for m=1:1:neuronas{z}(1)
    p=0;
    suma_parcial=0;
    suma_neurona=0;
    for k=1:1:size(salida_capa4_pool{z},3)
        for i=1:1:size(salida_capa4_pool{z},1)
            for s=1:1:size(salida_capa4_pool{z},2)
                suma_parcial=salida_capa4_pool{z}(i,s,k)*c5W{z}(m+p*neuronas{z}(1));
                suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial;
                suma_parcial=0;
                p=p+1;
            end
        end
    end
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa5{z}(m)=tanh(suma_neurona+c5b{z}(m));
    elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
        salida_capa5{z}(m)=reLUparam(suma_neurona+c5b{z}(m));
    end
end
end

```

Llegando en último lugar al clasificador de regresión logística:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA7%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
salida_capa6{z}(1)=exp(sum(c6W{z}(1:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
        salida_capa5{z}(1:neuronas{z}(1)')+c6b{z}(1));
salida_capa6{z}(2)=exp(sum(c6W{z}(2:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
        salida_capa5{z}(1:neuronas{z}(1)')+c6b{z}(2));
salida_capa6_total{z}=salida_capa6{z}(1)+salida_capa6{z}(2);
clase_SANO(contador)=salida_capa6{z}(1)/salida_capa6_total{z};
clase_NODULO(contador)=salida_capa6{z}(2)/salida_capa6_total{z}

```

En caso de que la probabilidad de que el hallazgo sea superior al 90%, se obtienen las coordenadas del recorte y se escriben en el archivo de resultados junto con la probabilidad.

```

if clase_NODULO(contador)>0.9
    y=str2double(nombre_troceado(4));
    x=str2double(nombre_troceado(5));
    if z==1
        if strcmp(estados_carga,'mamografia_cargada')==1
            nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
        end
    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
        [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)

```

Se muestra también el rectángulo sombreado superpuesto a la imagen:

```

rectangle('Position',[x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)],...
        'FaceColor','[0 1 1 0.2]','EdgeColor','none'),hold on,

```

Si se trata de un *Análisis Conjunto* con dos tamaños de matriz:

```

elseif z==2
    if strcmp(estados_carga,'mamografia_cargada')==1
        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end
    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
        [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position',[x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)],...
        'FaceColor','[0 1 0 0.2]','EdgeColor','none'),hold on,

```

Para un *Análisis Conjunto* de lesiones de tamaño intermedio (realizado con tres tamaños simultáneamente):

```
elseif z==3
    if strcmp(estado_carga,'mamografia_cargada')==1
        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end
    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
        [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
        'FaceColor', '[1 0 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,
end
end
```

Es importante realizar una limpieza de las variables cuyo valor se modifica en cada iteración de los bucles para que los resultados sean correctos:

```
clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3
clear salida_capa4 salida_capa5 salida_capa6
clear salida_capa0_pool salida_capa1_pool salida_capa2_pool
clear salida_capa3_pool salida_capa5_total salida_capa6_total
clear suma_neurona suma_parcial
clear i s k m n p
contador=contador+1;
```

Y por último, para 6 capas se convoluciona la salida de la quinta capa con todos los *kernels* de la sexta:

```
% SE OMITE EL CÓDIGO CORRESPONDIENTE A LAS CINCO PRIMERAS CAPAS DE CONVOLUCIÓN
% POR SU SIMILITUD CON EL CASO DE 3, 4 Y 5 CAPAS
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 6%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
s=1;n=0;
for i=1:numero_kernel{z}(5):size(kernel5{z},3)
    if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
        salida_capa5{z}(:, :, s)=tanh(convn(...
            salida_capa4_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(5)), ...
            flip(kernel5{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(5)):...
            (n+1)*numero_kernel{z}(5)), 3), 'valid')+c5b{z}(s));
```

```

s=s+1;

n=n+1;

elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1

    salida_capa5{z}(:, :, s)=reLUparam(convn(...

        salida_capa4_pool{z}(:, :, 1:numero_kernel{z}(5)), ...

        flip(kernel5{z}(:, :, (1+n*numero_kernel{z}(5)):...

            (n+1)*numero_kernel{z}(5)), 3), 'valid')+c5b{z}(s));

    s=s+1;

    n=n+1;

end

end

```

Se realiza la operación de *pooling* en la sexta capa:

```

for k=1:1:size(salida_capa5{z}, 3)

    n=0;m=0;

    if tamanno_pool{z}(6)==2

        for i=1:2:(size(salida_capa5{z}, 1)-1)

            n=n+1;m=0;

            for s=1:2:(size(salida_capa5{z}, 2)-1)

                m=m+1;

                salida_capa5_pool{z}(n,m,k)=max(max(salida_capa5{z}(i:i+1,s:s+1,k)));

            end

        end

    elseif tamanno_pool{z}(6)==1

        salida_capa5_pool{z}=salida_capa5{z};

    end

end

```

La capa de neuronas completamente conectadas en este caso es la séptima:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 7%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

for m=1:1:neuronas{z}(1)

    p=0;

    suma_parcial=0;

    suma_neurona=0;

```

```

for k=1:1:size(salida_capa5_pool{z},3)
for i=1:1:size(salida_capa5_pool{z},1)
for s=1:1:size(salida_capa5_pool{z},2)
suma_parcial=salida_capa5_pool{z}(i,s,k)*c6W{z}(m+p*neuronas{z}(1));
suma_neurona=suma_neurona+suma_parcial;
suma_parcial=0;
p=p+1;
end
end
end

if isequal(funcion_activacion,'tangente_hiperbolica')==1
salida_capa6{z}(m)=tanh(suma_neurona+c6b{z}(m));
elseif isequal(funcion_activacion,'reLU')==1
salida_capa6{z}(m)=reLUparam(suma_neurona+c6b{z}(m));
end
end
end

```

Siendo la capa de clasificación la octava, alcanzando por tanto la mayor profundidad de los modelos entrenados en esta Tesis Doctoral:

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%CAPA 8%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
salida_capa7{z}(1)=exp(sum(c7W{z}(1:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
salida_capa6{z}(1:neuronas{z}(1)')+c7b{z}(1));
salida_capa7{z}(2)=exp(sum(c7W{z}(2:2:(2*neuronas{z}(1))).*...
salida_capa6{z}(1:neuronas{z}(1)')+c7b{z}(2));
salida_capa7_total{z}=salida_capa7{z}(1)+salida_capa7{z}(2);
clase_SANO(contador)=salida_capa7{z}(1)/salida_capa7_total{z};
clase_NODULO(contador)=salida_capa7{z}(2)/salida_capa7_total{z}
if clase_NODULO(contador)>0.91
y=str2double(nombre_troceado(4));
x=str2double(nombre_troceado(5));
if z==1
if strcmp(estados_carga,'mamografia_cargada')==1
nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
end
end

```

```

    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
            [y x clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
            'FaceColor', '[0 1 1 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,
elseif z==2
    if strcmp(estado_carga, 'mamografia_cargada')==1
        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end
    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
            [y clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
            'FaceColor', '[0 1 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,
elseif z==3
    if strcmp(estado_carga, 'mamografia_cargada')==1
        nombre_resultados=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)));
    end
    dlmwrite(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', nombre_resultados, '.txt'), ...
            [y clase_NODULO(contador)], '-append', 'roffset', 0)
    rectangle('Position', [x-tamanno(z)/2 y-tamanno(z)/2 tamanno(z) tamanno(z)], ...
            'FaceColor', '[1 0 0 0.2]', 'EdgeColor', 'none'), hold on,
    end
end

clear num salida_capa0 salida_capa1 salida_capa2 salida_capa3
clear salida_capa4 salida_capa5 salida_capa6 salida_capa7
clear salida_capa0_pool salida_capa1_pool salida_capa2_pool
clear salida_capa3_pool salida_capa4_pool
clear salida_capa5_pool salida_capa7_total
clear suma_neurona suma_parcial
clear i s k m n p
contador=contador+1;

end

end

end %Cierra el bucle for que recorre los tamaños para cada recorte

```

```

end % Cierra el bucle que recorre todos los recortes generados

set(textoinfo_TC, 'String', sprintf('Análisis completado'))

drawnow

```

5.5.6. Presentación de resultados: fusión de hallazgos

Antes de que JORCAD presente los resultados en pantalla de forma definitiva y muestre las probabilidades asociadas a los hallazgos, se comprueba la existencia de recortes solapados. Debido a que existe un gran número de posibilidades a la hora de encontrar zonas solapadas, en esta sección se describe el algoritmo diseñado para fusionar recortes y encontrar el recuadro que engloba estas regiones y calcular la probabilidad que le corresponde.

Este proceso debe realizarse con cada grupo de hallazgos CAD que correspondan a un tamaño de *kernel*, controlado por el valor del índice *z*, por lo que el bucle se recorre para cada uno de ellos.

Se comprueba si existe un archivo de resultados con el nombre adecuado, y en caso de no ser así mostrar el mensaje con la información adecuada y no empezar la ejecución del bucle.

Si el tipo de imagen activa es un TC de tórax:

```

for z=1:1:length(tamanno)

    if strcmp(estado_carga, 'TC_cargada')==1 &&...
        not(isequal(vector_CNN, [1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))

        resultado_recortes=strcat('Imagen_', num2str(valor_barra), ...
            '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)), '.txt');

        archivos_recortes=dir('C:\JORCAD\REDES\Resultados\');

    for i=1:1:size(archivos_recortes,1)

        if strcmp(resultado_recortes, archivos_recortes(i).name)

            recortes=dlmread(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\', resultado_recortes));

        else

            estado(z)=2;

        end

    end

end

```

En caso de tratarse de una mamografía:

```

elseif strcmp(estado_carga, 'mamografia_cargada')==1 &&...
    not(isequal(vector_CNN, [1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))

    resultado_recortes=strcat('Imagen_', '_Tamaño_', num2str(tamanno(z)), '.txt');

```

```

archivos_recortes=dir('C:\JORCAD\REDES\Resultados\');
for i=1:1:size(archivos_recortes,1)
    if strcmp(resultado_recortes,archivos_recortes(i).name)
        recortes=dlmread(strcat('C:\JORCAD\REDES\Resultados\',resultado_recortes));
    else
        estado(z)=2;
    end
end
end
end

```

Si se ha creado la variable *recortes* se comprueba para cada uno de ellos si existe otro u otros cuya separación sea igual a la mitad del tamaño del recorte. Esto puede ocurrir en dirección vertical, horizontal o en ambas a la vez. La fila y la columna de la coincidencia se almacena en una celda que contiene parejas de coordenadas. Como la búsqueda se realiza para todos los recortes, cada coincidencia se realizará por duplicado.

```

if exist('recortes','var')==1
k=1;
for i=1:1:(size(recortes,1)-1)
    for j=(i+1):1:size(recortes,1)
        if abs(recortes(i,1)-recortes(j,1))==tamanno(z)/2 &&...
            recortes(i,2)==recortes(j,2)
            coincidencia{k}={i j};
            k=k+1;
        elseif abs(recortes(i,1)-recortes(j,1))==tamanno(z)/2 &&
            abs(recortes(i,2)-recortes(j,2))==tamanno(z)/2
            coincidencia{k}={i j};
            k=k+1;
        elseif recortes(i,1)==recortes(j,1) &&...
            abs(recortes(i,2)-recortes(j,2))==tamanno(z)/2
            coincidencia{k}={i j};
            k=k+1;
        end
    end
end
end
end

```

Si en el bucle anterior se encuentran coincidencias, se transcriben las parejas de coordenadas de la celda *coincidencia* a la variable *vector_c*:

```
if exist('coincidencia','var')==1
    estado(z)=1
    vector_c=[];
    for m=1:1:length(coincidencia)
        numeros=cell2mat(coincidencia{m});
        vector_c(end+1)=numeros(1);
        vector_c(end+1)=numeros(2);
    end
```

Las instrucciones incluidas en el siguiente bucle *while* se ejecutan siempre que exista al menos una coincidencia almacenada en el *vector_c*. Se almacenan las dos primeras coordenadas en la variable *bloques*. Se crean también las variables *indice_prob* para eliminar aquellos que estuvieran repetidos y *prob* para almacenar los valores de probabilidad correspondientes a un bloque. El contenido de estas variables aumentará progresivamente en función del tamaño del bloque.

```
q=1;
while length(vector_c)>=2
    bloques=[vector_c(1) vector_c(2)];
    elementos=[1 2];
    n=1;
    k=3;
    indice_prob=unique(bloques);
    prob=recortes(indice_prob,3);
    prob_promedio(q)=mean(prob);
```

Si se encuentra alguna coincidencia de la pareja de coordenadas en el resto del *vector_c* (a partir de su tercer valor), se añaden sus valores al final de la variable *bloque*, y se actualizan

```
for n=3:2:length(vector_c)
    if length(find(bloques==vector_c(n)))>0 ||...
        length(find(bloques==vector_c(n+1)))>0
        bloques(end+1)=vector_c(n);
        bloques(end+1)=vector_c(n+1);
        elementos(k)=n; k=k+1;
        elementos(k)=n+1; k=k+1;
```

```

end
end

```

Se elimina la pareja de coordenadas que ha sido incluida en un determinado bloque de coincidencias del *vector_c*:

```

vector_c(elementos)=[];
grupo{q}=bloques;
q=q+1;

```

Se actualizan los contenidos de las siguientes variables por haberse modificado el de *bloque*:

```

indice_prob=unique(bloques);
prob=recortes(indice_prob,3);
prob_promedio(q)=mean(prob);
end % Finaliza el bucle while

```

Se considera a continuación la situación en la que se producen simultáneamente hallazgos múltiples (con superposición de recortes) y hallazgos simples (un único recorte aislado).

Para los hallazgos múltiples, se superpone a la imagen el rectángulo que engloba todos aquellos grupos de rectángulos superpuestos obtenidos mediante el algoritmo anterior. También se muestra como mensaje de texto superpuesto en el centro del rectángulo el valor de la probabilidad promedio de todos los recortes pertenecientes al grupo. Estas operaciones se realizan para el análisis efectuado con 1, 2 o 3 redes CNN.

```

for i=1:1:length(grupo)
    grupo{i}=unique(grupo{i});
    min_fila(i)=min(recortes(grupo{i},1))-tamanno(z)/2;
    max_fila(i)=max(recortes(grupo{i},1))+tamanno(z)/2;
    min_columna(i)=min(recortes(grupo{i},2))-tamanno(z)/2;
    max_columna(i)=max(recortes(grupo{i},2))+tamanno(z)/2;
    if z==1
        rectangle('Position',[min_columna(i) min_fila(i)...
            max_columna(i)-min_columna(i) max_fila(i)-min_fila(i)],...
            'EdgeColor','c'),holdon,
        text(min_columna(i)+(max_columna(i)-min_columna(i))/2-tamanno(z)/4,...
            min_fila(i)+(max_fila(i)-min_fila(i))/2,...
            num2str(prob_promedio(i),3),'Color','r')
    elseif z==2
        rectangle('Position',[min_columna(i) min_fila(i)...
            max_columna(i)-min_columna(i) max_fila(i)-min_fila(i)],...

```

```

        'EdgeColor','g'),hold on,
    text(min_columna(i)+(max_columna(i)-min_columna(i))/2-tamanno(z)/4,...
        min_fila(i)+(max_fila(i)-min_fila(i))/2,...
        num2str(prob_promedio(i),3),'Color','w')
elseif z==3
    rectangle('Position',[min_columna(i) min_fila(i)...
        max_columna(i)-min_columna(i) max_fila(i)-min_fila(i)],...
        'EdgeColor','r'),hold on,
    text(min_columna(i)+(max_columna(i)-min_columna(i))/2-tamanno(z)/4,...
        min_fila(i)+(max_fila(i)-min_fila(i))/2,...
        num2str(prob_promedio(i),3),'Color','y')
end
end
end

```

Una vez etiquetados los hallazgos múltiples, se recuadran y se presentan los valores de probabilidad de los hallazgos simples:

```

for i=1:1:size(recortes,1)
    hallazgos_unicos(i)=i;
end
m=1;
for i=1:1:length(grupo)
    for j=1:1:length(grupo{i})
        indices(m)=find(hallazgos_unicos==grupo{i}(j));
        m=m+1;
    end
end
hallazgos_unicos(indices)=[];
clear indices
for i=1:1:length(hallazgos_unicos)
    fila(i)=recortes(hallazgos_unicos(i),1)-tamanno(z)/2;
    columna(i)=recortes(hallazgos_unicos(i),2)-tamanno(z)/2;
    if z==1
        rectangle('Position',[columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)],...
            'EdgeColor','c'),hold on,
    end
end
end

```

```

        text(columna(i)+tamanno(z)/4, fila(i)+tamanno(z)/2, ...
            num2str(recortes(hallazgos_unicos(i),3),3), 'Color', 'r')
elseif z==2
    rectangle('Position', [columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)], ...
        'EdgeColor', 'g'), hold on,
    text(columna(i)+tamanno(z)/4, fila(i)+tamanno(z)/2, ...
        num2str(recortes(hallazgos_unicos(i),3),3), 'Color', 'w')
elseif z==3
    rectangle('Position', [columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)], ...
        'EdgeColor', 'r'), hold on,
    text(columna(i)+tamanno(z)/4, fila(i)+tamanno(z)/2, ...
        num2str(recortes(hallazgos_unicos(i),3),3), 'Color', 'y')
end
end
n_grupos(z)=length(grupo);
hallazgos_unicos(z)=length(hallazgos_unicos);
clear recortes coincidencia fila columna vector_c bloques grupo

```

En caso de no detectar coincidencias, es decir que todos los hallazgos encontrados en la imagen sean de tipo simple, se procede a marcar los recuadros y señalar su probabilidad como se indica a continuación:

```

else % Bucle exist('coincidencia','var')
    estado(z)=0
    for i=1:1:size(recortes,1)
        fila(i)=recortes(i,1)-tamanno(z)/2;
        columna(i)=recortes(i,2)-tamanno(z)/2;
        if z==1
            rectangle('Position', [columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)], ...
                'EdgeColor', 'c'), hold on,
            text(columna(i)+tamanno(z)/4, fila(i)+tamanno(z)/2, ...
                num2str(recortes(i,3),3), 'Color', 'r')
        elseif z==2
            rectangle('Position', [columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)], ...

```

```

        'EdgeColor','g'),hold on,
        text(columna(i)+tamanno(z)/4,fila(i)+tamanno(z)/2,...
            num2str(recortes(i,3),3),'Color','w')
    elseif z==3
        rectangle('Position',[columna(i) fila(i) tamanno(z) tamanno(z)],...
            'EdgeColor','r'),hold on,
        text(columna(i)+tamanno(z)/4,fila(i)+tamanno(z)/2,...
            num2str(recortes(i,3),3),'Color','y')
    end
end
hallazgos_unicos(z)=size(recortes,1);
clear recortes fila columna
    end % Cierra el bucle exist('coincidencia','var')==1
clear grupo bloques prob_promedio vector_c recortes
    end % Cierra el bucle exist('recorte','var')==1
end % Cierra el bucle de la longitud del tamaño

```

Una vez procesados todos los hallazgos, se procede a la escritura del resumen de resultados CAD para el TC de tórax. La información presentada en esta ventana emergente incluye de manera general el tamaño de los recortes, el número total analizado, las zonas con hallazgos múltiples superpuestos y las zonas con hallazgos únicos aislados.

Se distinguen tres posibles resultados diferentes. En el primer escenario se han producido hallazgo de los dos tipos:

```

for i=1:1:length(tamanno)
    if strcmp(estado_carga,'TC_cargada')==1 &&...
        not(isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))
        posicion=[0.35 (0.5-(i-1)*0.12) 0.20 0.15];
    if isequal(estado(i),1)
        h = msgbox({sprintf('Tamaño de matriz:  %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
            sprintf('Recortes analizados:  %d', contador_recortes(i));...
            sprintf('Zonas con hallazgos múltiples:  %d', n_grupos(i));...
            sprintf('Zonas con hallazgos únicos:  %d', hallazgos_unicos(i))},...
            'Resumen de resultados');
    end
end

```

Se añade un botón de confirmación centrado para cerrar la ventana tras leer la información:

```

set(h,'Units','normalized','position',posicion);
set(findobj(h,'style','pushbutton'),'Visible','on',...
    'HorizontalAlignment','center')
ah = get( h, 'CurrentAxes' );
ch = get( ah, 'Children' );
set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' );

```

En la Figura 190 se muestra una ventana de resumen para una imagen analizada con tamaño de matriz de 24 x 24 en la que se analizaron 318 recortes:

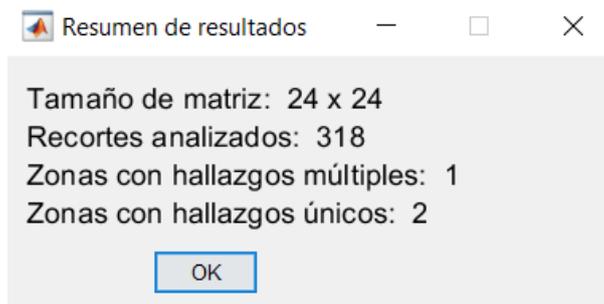


Figura 190. Ejemplo de resumen con hallazgos de dos tipos

En el segundo escenario únicamente se han producido hallazgos aislados:

```

elseif isequal(estado(i),0)
h = msgbox({sprintf('Tamaño de matriz:  %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
    sprintf('Recortes analizados:  %d', contador_recortes(i));...
    sprintf('Zonas con hallazgos únicos:  %d', hallazgos_unicos(i))},...
    'Resumen de resultados');
set(h,'Units','normalized','position', posicion);

set(findobj(h,'style','pushbutton'),'Visible','on',...
    'HorizontalAlignment','center')
ah = get( h, 'CurrentAxes' );
ch = get( ah, 'Children' );
set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' );

```

En este caso el aspecto de la ventana de resultados sería el mostrado en la Figura 191:

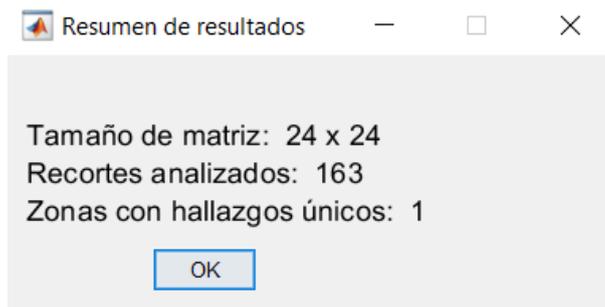


Figura 191. Análisis de una imagen con un hallazgo de tipo único

La tercera opción corresponde al caso de que no se hayan producido hallazgos en la imagen analizada:

```
elseif isequal(estado(i),2)
    h=msgbox(sprintf('Tamaño de matriz: %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
    sprintf('Recortes analizados: %d', contador_recortes(i));...
    sprintf('No de han encontrado hallazgos: %d x %d',...
            tamanno(i), tamanno(i)),'Aviso')
    set(h,'Units','normalized', 'position', posicion);
    set(findobj(h,'style','pushbutton'),'Visible','on',...
        'HorizontalAlignment','center')
    ah = get( h, 'CurrentAxes' );
    ch = get( ah, 'Children' );
    set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' );
end
```

En la Figura 192 se muestra el resumen de una imagen sin hallazgos reseñables:

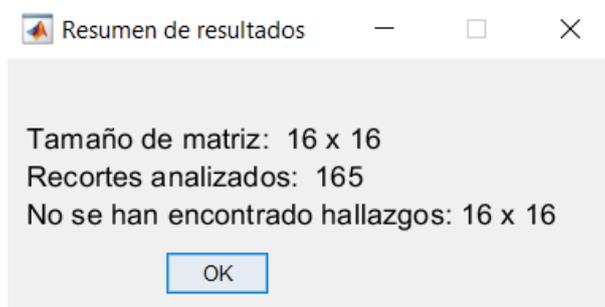


Figura 192. Ventana de resultados para una imagen TC sin hallazgos CAD

Una vez procesados todos los hallazgos, se procede a la escritura del resumen de resultados CAD para la mamografía, en el que se contemplan también las tres situaciones descritas anteriormente.

```

elseif strcmp(estado_carga,'mamografia_cargada')==1 &&...
    not(isequal(vector_CNN,[1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0]))
posicion=[0.35 (0.5-(i-1)*0.12) 0.20 0.15];
if isequal(estado(i),1)
    h = msgbox({sprintf('Tamaño de matriz: %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
    sprintf('Recortes analizados: %d', contador_recortes(i));...
    sprintf('Zonas con hallazgos múltiples: %d', n_grupos(i));...
    sprintf('Zonas con hallazgos únicos: %d', hallazgos_unicos(i))},...
        'Resumen de resultados');
    set(h,'Units','normalized', 'position',posicion); %makes box bigger
    set(findobj(h,'style','pushbutton'),'Visible','on',...
        'HorizontalAlignment', 'center')
    ah = get( h, 'CurrentAxes' );
    ch = get( ah, 'Children' );
    set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' ); %makes text bigger
elseif isequal(estado(i),0)
    h = msgbox({sprintf('Tamaño de matriz: %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
    sprintf('Recortes analizados: %d', contador_recortes(i));...
    sprintf('Zonas con hallazgos únicos: %d', hallazgos_unicos(i))},...
        'Resumen de resultados');
    set(h,'Units','normalized', 'position', posicion); %makes box bigger
    ah = get( h, 'CurrentAxes' );
    ch = get( ah, 'Children' );
    set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' ); %makes text bigger
elseif isequal(estado(i),2)
h=msgbox({sprintf('Tamaño de matriz: %d x %d', tamanno(i), tamanno(i));...
    sprintf('Recortes analizados: %d', contador_recortes(i));...
    sprintf('No se han encontrado hallazgos: %d x %d',...
        tamanno(i), tamanno(i))},'Aviso')
set(h,'Units','normalized','position', posicion);
set(findobj(h,'style','pushbutton'),'Visible','on',...
    'HorizontalAlignment', 'center')
ah = get( h, 'CurrentAxes' );

```

```
ch = get( ah, 'Children' );  
set( ch, 'FontSize', 11, 'HorizontalAlignment', 'left' ); %makes text bigger  
end  
  
end % Cierra el condicional de modalidad  
end % Cierra el bucle de la longitud del tamaño  
end % Cierra el boton de Aplicar CNN
```

El aspecto de la ventana es análogo al del caso de TC de tórax, pero el tamaño de matriz corresponde a las CNN de mamografía (Figura 193):

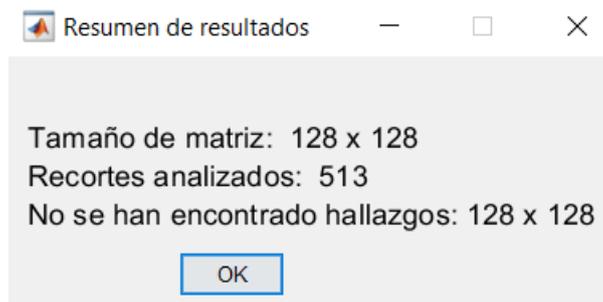


Figura 193. Resumen de resultados para una mamografía sin hallazgos CAD

6. Estudio 3: Validación de la aplicación educativa JORCAD por expertos

6.1. Objetivos del Estudio 3

La tercera etapa del desarrollo metodológico se centró en la validación de la aplicación de software educativo JORCAD por expertos en el área del radiodiagnóstico mediante la realización de una actividad formativa. El software de desarrollo propio JORCAD, cuyo proceso de creación fue descrito en el Capítulo 5 (Estudio 2), integra un sistema CAD de detección basado en CNN con casos anotados pertenecientes a bases de datos de imágenes radiológicas. En este capítulo (Estudio 3) se evalúa la utilidad del software educativo JORCAD destinado a la formación de residentes de radiodiagnóstico y otras especialidades médicas y estudiantes de últimos cursos del grado en medicina.

La metodología utilizada para validar el software y evaluar su utilidad educativa fue la realización de una actividad formativa interactiva de aprendizaje y uso del software dirigido a expertos en radiodiagnóstico, seguida de un proceso de evaluación basado en su juicio y percepciones. La actividad formativa fue Acreditada por el Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca, con el título “Utilización práctica de la herramienta informática JORCAD de aprendizaje y detección asistida por ordenador”, número de identificación del curso 5506, correspondiente al año 2022.

Los contenidos de dicha actividad formativa fueron eminentemente prácticos, aunque se impartieron también contenidos teóricos fundamentales para la comprensión del funcionamiento y las utilidades disponibles en la aplicación. Los participantes recibieron una sesión teórica inicial que exponía dichos contenidos y un tutorial de uso de JORCAD en el que describían detalladamente las herramientas y opciones del software y cómo utilizarlas.

A continuación, los participantes expertos utilizaron la aplicación en una estación de trabajo dedicada (ordenador portátil con JORCAD instalado y conectado a un monitor diagnóstico) para analizar una serie de casos propuestos. Los casos evaluados correspondían a las dos modalidades radiológicas implementadas en el software: TC de tórax y mamografía.

El método utilizado para que los expertos evaluaran una gran diversidad de aspectos relacionados con JORCAD fue la realización de un conjunto de encuestas que contenían una serie de ítems valorables de acuerdo a una escala de Likert de 5 puntos. Las 5 encuestas generales comprendían la evaluación de la sesión teórica inicial y el tutorial de manejo del software (14 ítems), la usabilidad general del software (16 ítems), las herramientas de navegación y exploración de casos para seleccionar casos y opciones de visualización (15 ítems), la utilidad del módulo CAD basado en redes CNN tanto para el análisis de casos como su utilidad formativa (12 ítems) y finalmente la evaluación de las capacidades educativas de JORCAD (10 ítems).

Además, cada uno de los casos propuestos fue valorado después de su análisis y evaluación mediante una encuesta específica para establecer su grado de dificultad, la utilidad de la herramienta CAD basada en redes CNN para su análisis y la utilidad de estudiar el caso utilizando JORCAD para la formación de residentes en el área del radiodiagnóstico. Cada participante cumplimentó 32 encuestas de este tipo, una por cada caso analizado.

Para que los expertos expresaran sus percepciones y opiniones se formularon unas preguntas de respuesta abierta relacionadas con los aspectos fuertes, puntos débiles y posibles sugerencias de mejora del software.

Una muestra representativa de la población de expertos del Servicio de Radiodiagnóstico del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (15 especialistas en Radiodiagnóstico y 11 Residentes) formaron parte del proceso de validación llevado a cabo a través de una actividad formativa interactiva.

Los objetivos correspondientes al estudio 3 se enumeran a continuación:

- Validar la utilidad práctica del software con propósitos educativos JORCAD y estudiar su utilidad para la formación de residentes en el área del radiodiagnóstico.
- Evaluar la percepción de los participantes expertos con respecto a los contenidos teóricos impartidos relacionados con JORCAD y sus etapas de desarrollo.
- Valorar la utilidad del tutorial de uso de JORCAD impartido individualmente a cada participante experto.
- Evaluar la usabilidad del software y de sus controles y herramientas asociados.
- Evaluar la utilidad de las herramientas incluidas en JORCAD para la exploración y análisis de casos radiológicos.
- Evaluar la utilidad de los resultados proporcionados por el sistema CAD basado en redes CNN y la presentación de sus resultados.
- Valorar la utilidad educativa del software JORCAD.
- Evaluar el grado de dificultad asociado al uso de JORCAD.
- Valorar la utilidad de incluir el uso de software como JORCAD en los programas formativos de la especialidad médica de radiodiagnóstico.
- Evaluar la complejidad y variedad de los casos que pueden ser consultados con JORCAD.
- Obtener el *feedback* de los participantes expertos con respecto a las capacidades y el potencial de JORCAD para usos educativos.

6.2. Hipótesis del Estudio 3

Las hipótesis planteadas para la fase de validación educativa de la aplicación JORCAD son las siguientes:

- La aplicación JORCAD tiene utilidad educativa para la formación de residentes de radiodiagnóstico y en general para la formación en el área de la radiología de residentes de otras especialidades y alumnos de últimos cursos del grado en medicina.

- El sistema CAD basado en redes CNN diseñado y entrenado produce efectos positivos en el análisis e interpretación de imágenes radiológicas.
- La herramienta CAD desarrollada podría tener utilidad en la práctica clínica.
- La forma de presentar los casos en JORCAD resulta útil para el aprendizaje.
- La herramienta CAD es útil para asistir a los radiólogos como “segunda lectura” del estudio de imagen.
- El software JORCAD resulta fácil e intuitivo de utilizar y cuenta con un conjunto de herramientas que permiten explorar y analizar casos de TC de tórax y mamografía adecuadamente.
- Es posible acceder mediante JORCAD a una muestra amplia y variada de casos, con diferentes grados de dificultad asociados, lo que incrementa las posibilidades de aprendizaje de los residentes a partir de su análisis.

6.3. Metodología de validación de la aplicación JORCAD

En esta sección se describe la metodología de validación educativa de la herramienta de software JORCAD, desarrollada para la formación de residentes de radiología y otras especialidades médicas, así como estudiantes de medicina de últimos cursos. El software fue validado a través de una actividad formativa dirigida a expertos en Radiodiagnóstico en la que utilizaron de forma práctica e individual el software JORCAD para estudiar, analizar y detectar hallazgos patológicos en un conjunto de casos radiológicos de TC de tórax y mamografía. La herramienta de IA basada en redes CNN constituye un pilar fundamental de JORCAD dentro del flujo de trabajo, proporcionando una segunda opinión que complementa la exploración visual del especialista o residente. Todas las lesiones pertenecientes a los casos disponen de segmentaciones realizadas por expertos de prestigio en la modalidad, así como diferentes datos clínicos y radiológicos de interés, que pueden ser consultados por los usuarios de JORCAD.

La metodología de investigación utilizada adopta un enfoque cuantitativo descriptivo-inferencial durante la obtención de la información derivada del uso del software y en el proceso de análisis de los resultados. El procedimiento de validación del software utilizado en este estudio está basado en el juicio de expertos, un método ampliamente descrito y establecido para la evaluación especializada de software (Cabero & Llorente, 2013; Myllyaho et al., 2021).

Toda la investigación educativa en esta Tesis Doctoral ha sido desarrollada de acuerdo a las guías éticas para la investigación educativa (British Educational Research Association, 2018).

Un total de 26 expertos del Servicio de Radiodiagnóstico del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca, compuesto por 15 especialistas y 11 residentes, completó la actividad formativa de validación de JORCAD, evaluando diferentes aspectos a través de una serie de encuestas relacionadas con la usabilidad del software, sus herramientas de navegación de casos, la utilidad del módulo CAD para el aprendizaje y las capacidades educativas de JORCAD. Además, los casos presentados fueron valorados después de su análisis, para establecer la utilidad de JORCAD para la formación de residentes en el campo del radiodiagnóstico.

La muestra de participantes, que fueron reclutados de acuerdo a su interés en participar en la validación de JORCAD unida a su disponibilidad para las fechas propuestas, supone una parte significativa de la población de expertos en radiodiagnóstico del Hospital Universitario de Salamanca. Los 15 especialistas en radiodiagnóstico contaban con años de experiencia previa informando estudios de TC de tórax y mamografía. Los residentes se encontraban en el primero, segundo y tercer años de formación, de los cuatro que dura su programa de formación.

En los diferentes subapartados de esta sección se describen las herramientas utilizadas para validar la aplicación JORCAD y evaluar los resultados derivados de la actividad formativa.

En la sección *6.3.1. Inscripción y presentación de objetivos* se expone la información relacionada con los objetivos de la actividad formativa proporcionada a los potenciales participantes dentro de la población de especialistas en radiodiagnóstico y residentes de la especialidad para motivar su implicación y participación en la misma.

En la siguiente subsección *6.3.2 Entrevista inicial* se describen los contenidos planteados a los participantes expertos inscritos para conocer su experiencia profesional en el caso de los especialistas y su grado de formación en el de los residentes, junto con su grado de utilización y experiencia en el uso del CAD y otro software relacionado con la radiología. Se resumen los datos obtenidos en dichas encuestas.

En los dos siguientes apartados se describen los propósitos y objetivos de cada una de las encuestas planteadas durante la actividad formativa, describiendo los ítems que contienen, qué aspecto concreto se evalúa con cada uno de ellos y los grados de escala Likert utilizados para su valoración. El subapartado *6.3.3. Encuestas de valoración generales* se centra en las 5 encuestas generales de valoración de la sesión teórica inicial y el tutorial de uso de JORCAD, de la usabilidad del software, de valoración de las herramientas de exploración, visualización y presentación de casos, y también en la evaluación del módulo CAD basado en redes CNN y en las capacidades formativas y educativas del software. Por otra parte, en *6.4.4 Encuestas de valoración de los casos* se describen detalladamente las etapas del proceso de análisis de cada caso particular y su encuesta asociada.

En *6.3.5 Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador* se explica el método utilizado para analizar la consistencia y fiabilidad de las respuestas a las encuestas proporcionadas por los participantes en la actividad.

6.3.1. Inscripción y presentación de objetivos

Antes de la sesión de presentación de la actividad, en la que se expusieron la motivación, contenidos y organización de la misma, así como los fundamentos teóricos en los que está basado JORCAD, se puso a disposición de los potenciales participantes (especialistas y residentes del servicio de radiodiagnóstico del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca) una hoja de inscripción, presentada en la Figura 194, para que aquellos interesados en realizarla proporcionaran sus datos personales y un documento que contenía información relacionada con sus objetivos y el método de evaluación empleado para validar el software, mostrada en la Figura 1954.

HOJA DE INSCRIPCIÓN – DATOS DE LOS PARTICIPANTES

Curso de Formación Específica: Utilización práctica de la herramienta informática JORCAD de aprendizaje y detección asistida por ordenador basada en redes neuronales de convolución.

Acreditado por el Centro de Formación Permanente de la USAL

Nombre:	
Apellidos:	
DNI:	
Correo electrónico:	

Nombre:	
Apellidos:	
DNI:	
Correo electrónico:	

Figura 194. Hoja de inscripción de los participantes en la actividad formativa de validación de JORCAD

Ambos documentos fueron presentados individualmente a cada potencial participante en la actividad formativa, atendiendo a cualquier duda que les surgiera en relación con los objetivos y el método de evaluación presentados en la Figura 195.

Objetivos y metodología de evaluación

Validar las dos vertientes del software JORCAD a partir de la experiencia derivada de su utilización por parte de usuarios expertos (facultativos especialistas en Radiodiagnóstico) y usuarios con conocimientos avanzados, pero en etapa de formación (residentes de Radiodiagnóstico):

- Herramienta formativa para el aprendizaje en Radiodiagnóstico basado en el análisis de casos.

- Herramienta de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basada en Redes Neuronales de Convolución (CNN).

Los fundamentos en los que se basa JORCAD y la formación inicial teórica se imparten en una sesión común a todos los participantes, en la que se informa además de la organización, estructura y duración de la actividad.

La formación práctica (uso de la aplicación de forma individual en una estación de trabajo) estará dividida en 4 fases:

1. Aprendizaje del uso de la aplicación: tutorial de manejo y uso guiado
2. Análisis de casos de Tomografía Computarizada de tórax
3. Análisis de casos de Mamografía
4. Evaluación del software mediante encuestas

Durante la formación práctica, cada participante responderá a una entrevista inicial, y cumplimentará además una serie de encuestas para evaluar diferentes aspectos:

- A. Valoración de la sesión inicial y el tutorial de manejo
- B. Encuesta usabilidad del software
- C. Encuesta exploración de casos
- D. Encuesta herramienta CAD
- E. Encuesta evaluación educativa

Con objeto de monitorizar el progreso de las fases B y C de la formación práctica, cada participante evaluará aspectos relacionados con la utilidad del CAD y la validez educativa de JORCAD para cada uno de los casos propuestos:

- F. Encuestas de los 32 casos de TC de tórax y mamografía

Figura 195. Objetivos y metodología de evaluación de la actividad formativa de validación de JORCAD entregados a los participantes

Un grupo importante de especialistas y residentes decidieron participar en la actividad en este momento y quedaron emplazados a la sesión teórica inicial.

El día de la presentación de la sesión teórica además de los expertos mencionados anteriormente, acudieron otros con los que no se pudo contactar anteriormente. También se les facilitó la hoja de inscripción consiguiendo incrementar el tamaño de la muestra.

6.3.2. Entrevista inicial

Al inicio de las sesiones individuales de uso de JORCAD, a cada participante se le realizó una entrevista inicial para conocer la labor asistencial que realizaba en ese momento, su experiencia previa con las dos modalidades radiológicas objeto de estudio, así como su grado de utilización de herramientas de software de formación en radiodiagnóstico y uso de sistemas CAD de

diagnóstico y detección. El modelo recaba información diferente en función de si el participante es un facultativo especialista o un residente (Figura 196).

Se preguntó a los especialistas acerca de su experiencia previa informando las dos modalidades radiológicas objeto de estudio y sobre su dedicación actual. En el caso de los residentes se deseaba conocer el año de residencia y el tiempo dedicado a las rotaciones específicas de ambas modalidades hasta la fecha de realización de la parte práctica.

ENTREVISTA INICIAL	
Fecha:	<input type="text"/>
Participante:	<input type="checkbox"/> Especialista en Radiodiagnóstico <input type="checkbox"/> Especialista en formación en Radiodiagnóstico
Grado de participación en la evaluación del software:	<input type="checkbox"/> TC de Tórax y mamografía <input type="checkbox"/> Solo TC de tórax <input type="checkbox"/> Solo mamografía
<u>FACULTATIVOS ESPECIALISTAS:</u>	
¿Informa actualmente estudios de alguna de las siguientes áreas?	<input type="checkbox"/> TC de Tórax y mamografía <input type="checkbox"/> Solo TC de tórax <input type="checkbox"/> Solo mamografía
¿Dispone de experiencia previa en TC de tórax?	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No
Indique el número de años aproximado:	<input type="text"/>
¿Dispone de experiencia previa en mamografía?	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No
Indique el número de años aproximado:	<input type="text"/>
<u>RESIDENTES:</u>	
Año de formación MIR:	<input type="text"/>
¿Ha rotado por el área de tórax?:	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No
Duración aproximada de la rotación:	<input type="text"/>
¿Ha rotado por el área de mamografía?	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No
Duración aproximada de la rotación:	<input type="text"/>

Figura 196. Entrevista inicial a los participantes. Parte I: tipo de participante, experiencia laboral en las modalidades de imagen de interés

Según los resultados de las entrevistas, todos los especialistas en radiodiagnóstico informaban en el momento de realización de la actividad estudios de TC de tórax, siendo la dedicación principal de 7 de ellos, mientras que el resto realizaba esta tarea durante sus jornadas de guardia. Su experiencia profesional se encontraba en el intervalo entre 7 y 32 años, con un valor promedio de 17.5 ± 7.9 años. En lo que respecta a la mamografía, 6 de ellos informaban estas exploraciones y tenían una experiencia promedio en esta modalidad de 15.8 ± 2.0 años, con un intervalo de valores entre 7 y 20 años. La dedicación principal de 4 de ellos era la mamografía en el momento de realización de la actividad. La experiencia media en mamografía considerando

al grupo completo de participantes, ya que la mayor parte de ellos se habían dedicado a ella en algún momento de su carrera profesional, se reducía a 9.6 ± 7.3 años.

En el caso de los residentes, tres de ellos se encontraban en el primer año de su formación como especialistas, cuatro en el segundo año y otros cuatro en el tercero. Cuatro de ellos habían completado la rotación específica, de 3 meses de duración en esta área de la radiología, mientras que dos de ellos la estaban realizando en el momento que tuvo lugar la validación. Solamente tres de los residentes habían finalizado su rotación de 3 meses en mamografía. Todos los residentes, incluidos aquellos no mencionados anteriormente, reciben una formación básica común en todas las modalidades radiológicas al comienzo de su periodo de residencia en el hospital.

La segunda parte de la entrevista se centró en la utilización de bases de datos de imágenes radiológicas, herramientas virtuales y software de formación en radiodiagnóstico, indicando el área de aplicación y el tipo de software empleado, así como su experiencia con sistemas CAD, ya sea software comercial o con algún sistema de libre distribución o desarrollado en algún centro universitario u hospitalario en el que hubieran trabajado (ver Figura 197).

BASES DE DATOS Y SOFTWARE DE FORMACIÓN:

¿Conoce alguna base de datos anotada de imágenes de TC de tórax? Sí No

Indique el área de aplicación:

¿Conoce alguna base de datos anotada de imágenes de mamografía? Sí No

Indique el área de aplicación:

¿Ha utilizado alguna vez una herramienta de formación virtual en Radiología? Sí No

Señale la modalidad radiológica:

Indique la localización y el tipo de aplicación:

Indique el tipo de software:

Comercial Libre distribución Desarrollado en Hospital / Universidad Otro

CAD:

¿Dispone de experiencia previa en el uso de herramientas de Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador? Sí No

Señale la modalidad radiológica:

Indique la localización y el tipo de aplicación:

Indique el tipo de software:

Comercial Libre distribución Desarrollado en Hospital / Universidad Otro

Figura 197. Entrevista inicial a los participantes. Parte II: experiencia en el uso de bases de datos, software de formación en radiología y sistemas CAD

Dos especialistas y un residente conocían la existencia de bases de datos anotadas de casos de TC de tórax. En el caso de la mamografía el grado de conocimiento era mayor, ya que 6 facultativos especialistas y 1 residente así lo señalaron. El uso de software de aprendizaje en radiodiagnóstico estaba más extendido siendo 9 especialistas y 9 residentes los que además de conocer diversas herramientas lo utilizaban de forma frecuente. Las herramientas de software más utilizadas eran atlas de anatomía radiológica segmentada, con la posibilidad de consultar imágenes de tomografía computarizada, resonancia magnética y ecografía. Los participantes expertos hacían uso de este software en todo tipo de dispositivos, desde ordenadores personales, hasta tabletas y teléfonos móviles. En la mayor parte de los casos se trataba de software de libre distribución, al existir una gran variedad de aplicaciones de calidad para este fin. Cuatro de los participantes mencionaron también que hacían uso de páginas webs de casos radiológicos resueltos y comentados, siendo algunas de ellas de pago.

En cuanto al uso de sistemas CAD, 7 de los participantes mencionaron haberlo utilizado en su práctica profesional. En todos los casos se trataba de CAD en mamografía. Durante un tiempo, el hospital dispuso de una licencia para el uso de una aplicación de CAD comercial, que analizaba las mamografías adquiridas en uno de los equipos, por lo que contaban con experiencia en este campo. Conviene destacar que solo uno de los residentes había tenido contacto previo con este tipo de software, durante la realización de una actividad formativa parcialmente dedicada a esta cuestión.

6.3.3. Encuestas de valoración generales

Tras completar las sesiones prácticas, cuyos contenidos se desarrollarán en secciones posteriores, y como parte del proceso de evaluación del software, todos los participantes cumplimentaron una serie de encuestas para evaluar múltiples aspectos de JORCAD.

Cada ítem propuesto fue valorado en una escala Likert de 5 pasos, siendo la graduación más común (aunque no la única): totalmente en desacuerdo, en desacuerdo, neutral, de acuerdo, totalmente de acuerdo.

Adicionalmente, se plantearon tres preguntas de respuesta abierta para conocer las opiniones y propuestas de los participantes con respecto a los puntos débiles y fuertes del software, junto con posibles sugerencias de mejora.

Las 5 encuestas planteadas fueron:

- Sesión inicial y tutorial de manejo del software
- Usabilidad general del software
- Exploración y análisis de casos
- Herramienta CAD basada en redes neuronales de convolución
- Utilidad del software como herramienta educativa y formativa

La primera encuesta (A) se centra en la evaluación de la utilidad de las sesiones teóricas y el tutorial en el que se explica el funcionamiento y las opciones de uso de la aplicación. Los principales objetivos son recolectar información de participantes expertos acerca de su nivel de comprensión de la utilización del software y sus bases teóricas de funcionamiento, incluyendo conceptos relacionados con el análisis CAD. Los ítems que incluye aparecen reflejados en la Tabla 74:

ID	La sesión inicial y el tutorial de manejo del software me han permitido conocer...
A.1	Los objetivos de la actividad formativa interactiva
A.2	Las bases de datos de imágenes accesibles mediante la aplicación
A.3	Los fundamentos teóricos en los que se basa el sistema CAD implementado en JORCAD
A.4	Las opciones generales disponibles en el software
A.5	Los métodos para navegar entre los diferentes casos pertenecientes a cada base de datos
A.6	Cómo importar un estudio de imagen en la aplicación
A.7	Las herramientas de presentación y visualización de imágenes (lupa, desplazamiento, ancho/nivel de ventana, barra de desplazamiento...)
A.8	Cómo acceder y consultar la información adicional disponible para las bases de datos
A.9	Cómo localizar y mostrar los nódulos segmentados en TC de tórax
A.10	Cómo mostrar las lesiones segmentadas en mamografía (masas/ calcificaciónes/ microcalcificaciones)
A.11	El manejo del módulo dedicado a CAD basada en redes neuronales de convolución
A.12	Cómo interpretar los resultados del análisis de la herramienta CAD
A.13	Las herramientas adicionales de vista en 3D de nódulos
A.14	Cómo utilizar la herramienta de análisis estadístico de lesiones en mamografía

Tabla 74. Ítems para evaluar las opiniones de los participantes en relación a los contenidos teóricos de la actividad y el tutorial de uso del software

La segunda encuesta (B) evalúa la usabilidad general del software, incluyendo su interfaz, opciones, ventanas y organización de las mismas. Para un software educativo, un entorno de trabajo intuitivo combinado con un fácil acceso a las opciones y velocidad de cálculo constituyen aspectos clave que animan a los usuarios a obtener los máximos beneficios de la aplicación y extender el tiempo de uso. Esta encuesta (ver Tabla 75) evalúa aspectos específicos de JORCAD, tales como las opciones del software, su presentación y apariencia, accesibilidad, facilidad de uso, la presentación, manipulación y análisis de imágenes, así como la relación jerárquica entre controles y los flujos de trabajo:

ID	Usabilidad general del software
B.1	La organización de ventanas en la interfaz del programa mantiene la información accesible en todo momento
B.2	La distribución de cuadros de opciones de las bases de datos presenta los datos de forma clara y accesible
B.3	Los paneles, cuadros de diálogo, menús y botones aparecen y se ocultan en función de las acciones a realizar en cada momento
B.4	Las herramientas de selección de casos, carga e importación se localizan, ocultan y usan de forma intuitiva
B.5	Los epígrafes de los cuadros y secciones permiten identificar con facilidad su función
B.6	La lista de casos seleccionables en función de las opciones marcadas se presenta adecuadamente en pantalla
B.7	La secuencia de botones: cargar caso, importar imágenes, análisis CAD y mostrar información establece un circuito sencillo para el manejo de un caso
B.8	Los mensajes de error mostrados son útiles para corregir sus causas
B.9	Las herramientas de modificación del ancho y nivel de ventana permiten ajustar adecuadamente la visualización de imágenes
B.10	Los controles integrados en el ratón resultan útiles para el manejo de imágenes
B.11	La barra de herramientas de zoom permite aumentar y disminuir el tamaño de la región visualizada intuitivamente
B.12	El panel de selección de opciones CAD resulta intuitivo para establecer las condiciones del análisis
B.13	La opción de importación de imágenes no pertenecientes a las bases de datos incluidas en JORCAD es de fácil uso
B.14	La ventana de Información del caso presenta los datos disponibles de forma comprensible
B.15	El manejo de la vista en 3D permite visualizar el nódulo desde diferentes ángulos y distancias
B.16	En la ventana de análisis estadístico se presentan los datos de forma fácilmente interpretable

Tabla 75. Contenidos de la encuesta relacionada con la usabilidad general del software

La tercera encuesta (C) se centra en las herramientas de exploración y análisis de casos incluidos en la aplicación. Una parte importante de JORCAD es la integración de las bases de datos de imágenes anotadas en la estructura del software, que permite acceder a los casos en función de sus propiedades. Con los ítems en la Tabla 76, los participantes evaluaron la accesibilidad a los casos, las segmentaciones en los cortes de TC y las proyecciones de mamografía, la presentación de la información asociada los casos. Además, valoraron las utilidades añadidas de visualización de nódulos en 3D y el análisis estadístico de las lesiones en mamografía.

ID	Exploración y análisis de casos
C.1	El entorno de trabajo permite analizar los casos de forma ágil y comprensible
C.2	El software clasifica y presenta los casos de las bases de datos de TC de tórax de forma adecuada
C.3	Las características relacionadas con el tipo y la forma de los nódulos disponibles permiten acceder a una amplia variedad de casos
C.4	El software informa adecuadamente del progreso de carga de la secuencia de imágenes de TC
C.5	La barra de desplazamiento permite modificar el corte de imagen seleccionado adecuadamente
C.6	La información relacionada con los casos de TC de tórax se muestra de forma clara y fácilmente interpretable en la ventana de <i>Mostrar Información</i>
C.7	Resulta sencillo localizar aquellos cortes con lesiones segmentadas
C.8	Los nódulos segmentados en TC de tórax se diferencian claramente de los tejidos sanos circundantes
C.9	La herramienta de visualización de nódulos en 3D permite conocer mejor la morfología del nódulo
C.10	El software clasifica y presenta los casos de las bases de datos de mamografía de forma adecuada
C.11	Las características relacionadas con el tipo y forma de las lesiones mamográficas disponibles permiten acceder a una amplia variedad de casos
C.12	La información relacionada con los casos de mamografía se muestra de forma clara en la ventana de <i>Mostrar información</i>
C.13	Las lesiones segmentadas en mamografía se distinguen con facilidad de los tejidos circundantes
C.14	El análisis estadístico de las lesiones de mamografía segmentadas (<i>Radiómica</i>) aporta información útil para la interpretación de caso
C.15	Visualizar la lesión ampliada y su histograma de valores de píxel asociado permite conocer mejor su morfología

Tabla 76. Contenidos de la encuesta relacionada con las herramientas de exploración y análisis de casos

La cuarta encuesta (D) evaluaba el sistema CAD basado en CNN (los resultados que produce y su utilidad educativa). La implementación de los modelos CNN entrenados en JORCAD es el núcleo del software. Las características del sistema CAD, su funcionalidad, funcionamiento y presentación de resultados fueron evaluados a través de la encuesta descrita en la Tabla 77. Su propósito también era conocer las opiniones de los expertos acerca de la utilidad del CAD en la práctica clínica y como herramienta formativa.

ID	Herramienta CAD basada en redes neuronales de convolución
D.1	El software informa del número de recortes procesados y analizados por la herramienta CAD
D.2	La disponibilidad de redes CNN entrenadas con diferentes tamaños de recorte permite adaptar el análisis al tipo de caso examinado
D.3	La información aportada por el análisis conjunto de redes específicas para diferentes tamaños de nódulos y lesiones mamográficas resulta útil para la interpretación de los casos presentados
D.4	El uso de este tipo de sistemas CAD de detección resulta de utilidad en la práctica clínica
D.5	Resulta beneficioso que el software tenga una alta sensibilidad aunque realice un mayor número de detecciones en zonas no patológicas
D.6	La presentación de hallazgos radiológico del CAD en pantalla mediante zonas sombreadas de intensidad variable resulta adecuada para focalizar la atención en zonas concretas e interpretar los resultados visualmente
D.7	Mostrar los valores de probabilidad de los hallazgos CAD ayuda en la tarea de detección de lesiones
D.8	La ventana de resumen de resultados del análisis ayuda a conocer el desempeño general del análisis CAD para una imagen determinada
D.9	La posibilidad de analizar una región concreta de la imagen refuerza la confianza en la detección
D.10	El sistema CAD basado en redes CNN constituye una herramienta útil para el aprendizaje basado en el análisis de casos en el área de TC de tórax
D.11	El sistema CAD basado en redes CNN constituye una herramienta útil para el aprendizaje basado en el análisis de casos en el área de mamografía
D.12	El número de regiones (recortes) marcados por el algoritmo CAD cumple con mis expectativas

Tabla 77. Contenidos de la encuesta de evaluación de la herramienta CAD implementada en JORCAD

La encuesta (E) se centra en la evaluación del potencial y las capacidades educativas de JORCAD. Esta última encuesta valoraba las capacidades educativas de JORCAD y sus posibles usos futuros (Tabla 78). También incluía una evaluación de la facilidad de uso del software y de la complejidad de los casos estudiados en las sesiones prácticas. La valoración de los ítems utilizaba diferentes escalas de Likert para su valoración, que se detallan en la sección de resultados.

ID	Utilidad del software como herramienta educativa y formativa
E.1	Evalúe la utilidad educativa de JORCAD para la formación de residentes en la especialidad de Radiodiagnóstico
E.2	Evalúe la utilidad educativa específica del módulo CAD basado en redes neuronales
E.3	Disponer de bases de datos anotadas con segmentaciones validadas por expertos y otra información adicional resulta útil para el aprendizaje en Radiodiagnóstico
E.4	Valore la utilidad de las opciones disponibles en el software para el aprendizaje
E.5	Valore el grado de dificultad asociado al uso del software
E.6	Evalúe la complejidad de los casos de TC de tórax presentados y analizados
E.7	Evalúe la complejidad de los casos de mamografía presentados y analizados
E.8	La combinación de bases de datos anotadas con sistemas CAD potencia las capacidades educativas de JORCAD
E.9	¿Recomendaría incluir el uso de una herramienta de este tipo en los programas de formación de especialistas en Radiodiagnóstico y otras especialidades médicas relacionadas?
E.10	¿Cree que la utilización de sistemas CAD es adecuada para la formación de futuros especialistas médicos en el área del Radiodiagnóstico?

Tabla 78. Evaluación de la utilidad educativa de JORCAD

En las encuestas relacionadas con los aspectos educativos (D y E), se realizó una comparación estadística entre las respuestas de los especialistas y los residentes mediante el test no-paramétrico de la U de Mann-Whitney. Para cada aspecto valorado se comprueba la validez de la hipótesis nula, que establece que ambas muestras provienen de la misma población, o si por el contrario existen diferencias significativas entre ambos grupos.

6.3.4. Encuestas de valoración de los casos

Durante las sesiones prácticas individuales de la actividad formativa, cada uno de los participantes (especialista en Radiodiagnóstico o residente) analizaron 32 casos utilizando el software JORCAD. De ellos, 16 correspondían a la tarea de detección de nódulos en TC de tórax y 16 a la detección de lesiones en mamografía (nódulos, masas, calcificaciones o grupos de microcalcificaciones). A continuación, se explica la metodología seguida para analizar cada caso:

- Lectura y comprensión de su ficha explicativa.

- Utilización de las herramientas del software JORCAD para seleccionarlo y cargar e importar las imágenes.
- Para TC de tórax, explorar los grupos de cortes referidos en la ficha (existen de 1 a 4 grupos según el caso). Para focalizar la atención de los participantes, cada grupo de cortes contiene al menos un nódulo. En mamografía, explorar la proyección objetivo (cráneo-caudal o medio-lateral oblicua) y la proyección complementaria en busca de lesiones.
- A continuación, el participante utiliza el sistema CAD de detección para analizar aquellos cortes que considere sospechosos, tantos como requiera en función de la complejidad del caso y su confianza en los resultados obtenidos. Los especialistas y residentes pueden elegir el tamaño de recorte para detectar la lesión, dependiendo de los hallazgos sospechosos que quieran corroborar, en base a la inspección visual previa. Además, en la modalidad de mamografía los participantes pueden seleccionar la posición y el tamaño de la región de la imagen que quieren escanear con el CAD, marcando una o varias ROIs con el cursor.
- Evaluación de los resultados del CAD: resumen (tamaño del recorte, número de recortes analizados y número de hallazgos) y examinar la localización de los hallazgos CAD simples o múltiples en las imágenes, como puede verse en la Figura 198. En este paso pueden realizar una reevaluación de su opinión médica teniendo en consideración los resultados del CAD.

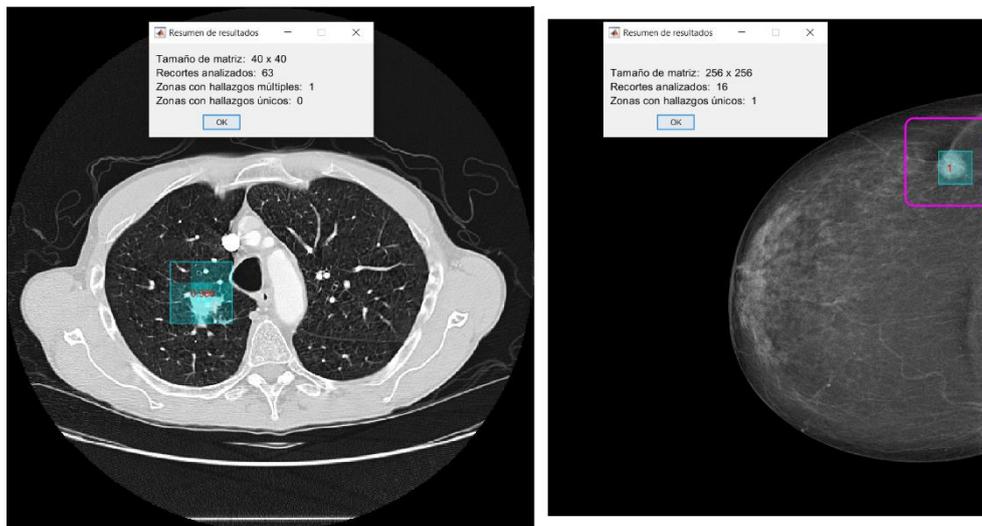


Figura 198. Ejemplos de análisis CAD para las dos modalidades

- Utilización del botón de Mostrar Información para cargar las segmentaciones de los expertos que revisaron y anotaron la base de datos correspondiente, denominadas "ground truth".
- Revisión de otros datos clínicos y radiológicos proporcionados con la base de datos. Para TC de tórax, examinar la vista en 3D del nódulo, y en mamografía explorar la ventana de análisis estadístico para ver una vista magnificada de la lesión, su histograma de valores de píxel asociado y los parámetros calculados en JORCAD de acuerdo a sus características morfológicas.

- Con toda la información disponible (la propia opinión del experto, los resultados del análisis CAD y las anotaciones de los expertos o “ground truth”), el participante dispone de un conjunto de datos para juzgar el caso, y pasará a responder su encuesta asociada.
- Encuesta del caso: para recopilar las opiniones e impresiones derivadas del uso del software y correlacionarlas con el tipo de caso, los participantes completaron una encuesta corta consistente en tres preguntas valoradas mediante una escala de Likert graduada en 5 pasos. En el pie de tabla se detallan las valoraciones posibles para cada pregunta.

En la Tabla 79 se muestran los ítems de una encuesta de valoración de casos (F):

ID	Encuesta genérica de valoración
F.1	Valore la dificultad del caso *
F.2	Vale la utilidad de la herramienta CAD para analizar el caso **
F.3	Valore la utilidad educativa de JORCAD para analizar el caso. ¿Cómo recomendaría el caso para que un residente o estudiante revisara o analizara cada caso utilizando JORCAD? ***

*1: Muy fácil; 2: Fácil; 3: Dificultad intermedia; 4: Dificultad alta; 5: Dificultad muy alta

**1: Sin utilidad; 2: Algo útil; 3: Útil; 4: Muy útil; 5: Extremadamente útil

***1: Sin utilidad; 2: Algo recomendable; 3: Recomendable; 4: Bastante recomendable; 5: Muy educativo

Tabla 79. Encuesta para evaluar la utilidad educativa de JORCAD para la formación de residentes en Radiología

6.3.5. Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador

El nivel de acuerdo entre expertos se evalúa calculando el coeficiente de correlación intraclass (ICC) (Koo & Li, 2016). La principal razón para utilizar esta medida de fiabilidad es que es adecuada para escalas de evaluación ordinales cuando existen bastantes valores repetidos, como ocurre en este trabajo. Además, permite evaluar el grado de concordancia y el grado absoluto de acuerdo entre observadores “intercambiables” para cuestiones del mismo tipo, haciendo correcciones en las fórmulas.

El modelo seleccionado es el de efectos aleatorios bidireccionales, ya que todos los participantes respondieron a todos los ítems propuestos, y a que los resultados pueden generalizarse a una población más amplia a partir de la muestra de individuos seleccionada. El tipo de coeficiente calculado es ICC (2, k), que considera la media de k evaluadores, junto con sus intervalos de confianza asociados.

La obtención de los coeficientes ICC para el grupo completo de participantes, y para los especialistas y residentes como conjuntos separados permite comparar sus grados de acuerdo. Como regla general, valores de ICC por debajo de 0.5 se consideran poco fiables, entre 0.5 y 0.75 como moderadamente fiables, entre 0.75 y 0.90 como de buena fiabilidad y mayores de 0.90 como de fiabilidad excelente.

Para realizar la comparación estadística de las valoraciones de los grupos de expertos (especialistas y residentes) se utiliza la prueba U de Mann-Whitney. Partiendo de que las observaciones de ambos grupos son independientes y que las variables son ordinales, se plantea la siguiente hipótesis nula: la mediana de la distribución asociada a cada uno de ellos es la misma.

En caso de que el p-valor de la prueba estadística sea inferior al nivel de significación estadística seleccionado (0.05), se rechaza la hipótesis nula. Por tanto, se puede concluir que las medianas de las muestras son diferentes, siendo esta diferencia estadísticamente significativa. El valor 0.05 es el elegido habitualmente, ya que cuanto menor sea el valor del nivel de significación, se reduce la posibilidad de que el resultado se deba al azar.

6.4. Estructura, organización y contenidos de la actividad formativa

En esta sección se incluye una descripción de la estructura y organización de la actividad formativa y se exponen los contenidos impartidos en los diferentes apartados.

La actividad formativa incluyó una sesión teórica relacionada con los aspectos básicos de la IA en radiología, las aplicaciones de las CNN en sistemas CAD, y las etapas fundamentales necesarias para la creación del software JORCAD, explicando las diferentes bases de datos y repositorios de imágenes anotadas utilizados.

Después, se impartió un tutorial individualizado en una estación de trabajo dedicada. Los contenidos del tutorial fueron: uso de los menús del software, opciones, utilidades y flujos de trabajo, cómo utilizar el módulo CAD basado en redes CNN y cómo acceder a la información asociada a los casos.

El núcleo principal de la actividad formativa consistió en dos sesiones prácticas interactivas (de alrededor de 2.5 horas de duración cada una) en las que cada participante utilizó JORCAD para evaluar y analizar una serie de casos de TC de tórax y mamografía. Durante estas sesiones los participantes respondieron a una serie de encuestas cortas relacionadas con cada uno de ellos para obtener información sobre la utilidad del software y sus capacidades educativas.

Tras la finalización de las sesiones prácticas, se propusieron una serie de encuestas a los participantes expertos para conocer sus impresiones acerca de JORCAD y la actividad de aprendizaje organizada. Esta evaluación incluyó aspectos como la valoración de los aspectos tratados en la sesión teórica, la utilidad del tutorial, la usabilidad del software, la evaluación de las utilidades de navegación entre los casos, el funcionamiento y las capacidades educativas del módulo CAD implementado en JORCAD y el potencial educativo del software en general.

Todos los participantes cumplieron las encuestas propuestas, asistieron a la sesión teórica y realizaron las sesiones prácticas, en las que analizaron todos los casos de TC de tórax y mamografía propuestos.

6.4.1. Sesión teórica inicial

En la sesión teórica inicial se presentó la actividad formativa y se explicaron los fundamentos teóricos y el proceso de desarrollo del software JORCAD. Fue impartida al conjunto de los participantes expertos en el Servicio de Radiodiagnóstico del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). En la Figura 199 se muestra una fotografía tomada antes de impartir la sesión en la sala de sesiones de dicho Servicio.



Figura 199. Fotografía tomada durante la preparación previa a la sesión teórica inicial en la sala de sesiones del Servicio de Radiodiagnóstico del CAUSA

En la Figura 200 se muestra la diapositiva de presentación de la sesión teórica:

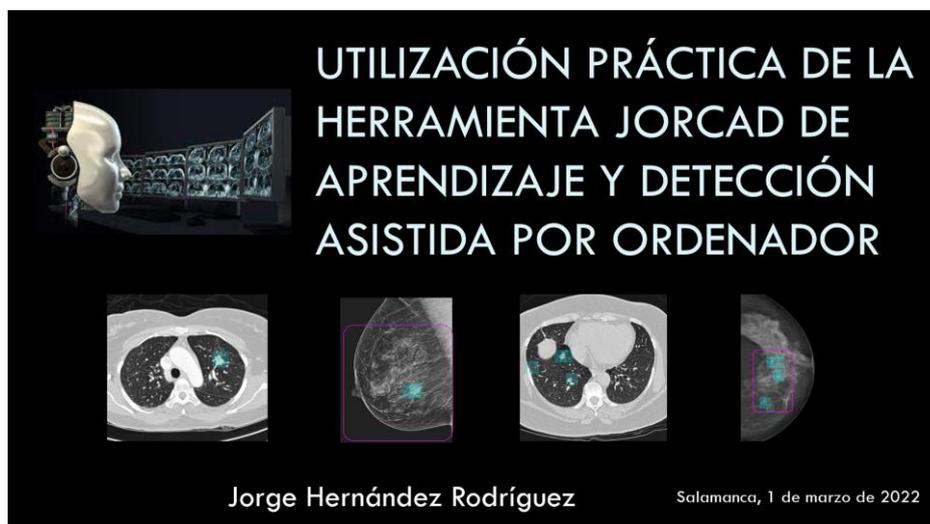


Figura 200. Sesión teórica inicial. Diapositiva 1. Presentación de la actividad formativa de validación de la herramienta JORCAD

La actividad fue acreditada por el Centro de Formación Permanente de la USAL, como se informó al inicio de la sesión (Figura 201). Todos aquellos participantes que la completaron recibieron un certificado acreditativo.



Figura 201. Sesión teórica inicial. Diapositiva 2. La actividad fue acreditada por el Centro de Formación Permanente de la USAL

El índice en el que se estructuró la sesión se presenta en la Figura 202. En primer lugar, se informó a los asistentes (especialistas en Radiodiagnóstico y residentes de la especialidad) de la motivación para la realización de la actividad, enmarcada en el desarrollo de la presente Tesis Doctoral. Se incidió en que su principal objetivo consistía en la validación del software JORCAD.

A continuación, se expusieron una serie de conceptos relacionado con la IA y sus aplicaciones en el campo del Radiodiagnóstico. El punto 3 del índice se centró en el núcleo de la presentación, enfocado en las etapas involucradas en el desarrollo del software JORCAD. Se explicaron las bases de datos utilizadas para entrenar el sistema CAD implementado, aquellas que pueden explorarse mediante la aplicación, los fundamentos del sistema CAD basado en CNN y el diseño, partes y funcionamiento de JORCAD. Finalmente, se describió la organización de la actividad para coordinar su realización con los participantes e informarles del lugar de realización, horarios y acciones a realizar.

Índice
1) Motivación de la actividad
2) Inteligencia Artificial en Radiología
3) Etapas en la creación del software JORCAD
a) Bases de datos de imágenes radiológicas
b) Redes Neuronales de Convolución (CAD)
c) Diseño, partes y funcionamiento
4) Organización de la actividad

Figura 202. Sesión teórica inicial. Diapositiva 3. Índice de contenidos impartidos

Se hizo un énfasis especial en la principal finalidad de la actividad formativa: validar una herramienta de software de desarrollo propio (Figura 203). El método utilizado es la validación derivada del uso de la misma por parte de usuarios expertos. Debido a la existencia de dos perfiles de participantes claramente diferenciados, se consideran dos grupos de expertos: especialistas en Radiodiagnóstico y especialistas en formación en Radiodiagnóstico (residentes). Se informó de que se cumplimentarían una serie de encuestas de valoración sobre diferentes aspectos relacionados con la aplicación JORCAD, así como preguntas de respuesta abierta en las que podrían reflejar sus percepciones, opiniones y plantear sugerencias.

Motivación

- ❶ Validación de un software de desarrollo propio: JORCAD
 (parte de una Tesis Doctoral)
 - ❑ Herramientas de las que dispone para TC de tórax y mamografía:
 - Exploración de casos de bases de datos con anotaciones
 - Sistema de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basado en redes neuronales de convolución
 - ❑ Utilización por parte de usuarios expertos:
 - Especialistas en Radiodiagnóstico
 - Especialistas en formación en Radiodiagnóstico
 Encuestas de valoración y opinión derivadas de su uso
- ❷ Actividad acreditada con certificación del Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca

Figura 203. Sesión teórica inicial. Diapositiva 4. Motivación de la actividad formativa

La exposición relacionada con el uso de la IA en Radiología, se centraba inicialmente en exponer una serie de definiciones y conceptos previos, para enmarcar el sistema CAD implementado en JORCAD (basado en redes CNN), para describir posteriormente algunas aplicaciones clínicas relevantes de la IA en Radiología (Figura 204):



2) Inteligencia Artificial en Radiología

Definiciones, conceptos y aplicaciones

Figura 204. Sesión teórica inicial. Diapositiva 5. Apartado 2: IA en radiología

Se presentaron los conceptos de Inteligencia Artificial (IA) y *Machine Learning* (ML), definiendo los algoritmos de *Deep Learning* o Aprendizaje Profundo (DL) y sus interrelaciones (Figura 205):



Inteligencia Artificial en Radiodiagnóstico



Inteligencia Artificial (IA): capacidad de un ordenador u otra máquina de simular o presentar un comportamiento inteligente. Tareas matemáticas abstractas y formales.

Machine Learning (ML): conjunto de técnicas y algoritmos que permiten a un sistema de IA extraer información de datos y aprender de la experiencia. No es necesario un “operador humano que programe todos los conocimientos”.

Deep Learning (DL): Conjunto de algoritmos de aprendizaje de ML. Habitualmente basados en redes neuronales, sistemas que incorporan un elevado número de capas. Consiguen altos niveles de abstracción a partir de los datos de entrada y riqueza en los datos de salida.

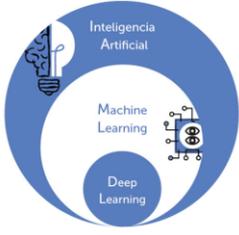


Figura 205. Sesión teórica inicial. Diapositiva 6. Definiciones de IA, ML y DL

Entre los diferentes modelos computacionales utilizados en radiodiagnóstico, las Redes Neuronales Artificiales de Convolución (CNN), como se ha explicado en el *Estudio 1: Desarrollo de un sistema CAD basado en redes CNN*, son el tipo de sistema implementado en JORCAD (Figura 206). Se realizó una descripción de las diferencias conceptuales entre las redes neuronales “clásicas”, de tipo perceptrón multicapa, y las redes CNN.

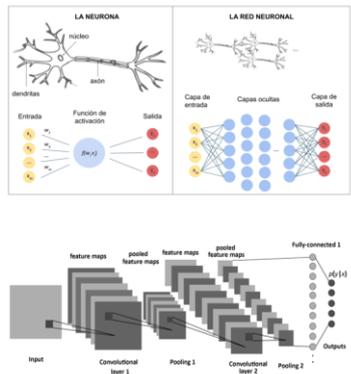


Inteligencia Artificial en Radiodiagnóstico



Red Neuronal Artificial (ANN): modelo computacional formado por capas de subunidades funcionales, neuronas artificiales, que están interconectadas para transmitir señales y generar una salida para unos datos de entrada determinados.

Red Neuronal de Convolución (CNN): Tipo de ANN. Estructura análoga a un sistema nervioso biológico (simula el córtex visual). Tienen en cuenta la información espacial de los datos de entrada. Basadas en la convolución de los datos de entrada (imágenes o recortes) con diferentes tipos de filtros unido a operaciones de pooling.



JORCAD tiene implementadas redes CNN de Deep Learning

Figura 206. Sesión teórica inicial. Diapositiva 7. Definiciones de ANN y CNN

Dentro del amplio abanico de aplicaciones de la IA se pueden distinguir cinco grandes bloques: detección de lesiones o patologías, clasificación o diagnóstico, cuantificación, segmentación y sistemas de reconocimiento de voz, que fueron presentados con algunos ejemplos (Figura 207). Los dos sistemas desarrollados en esta Tesis Doctoral e implementados en JORCAD permiten

abordar la detección e identificación de nódulos pulmonares en TC de tórax y la detección de lesiones de diferentes tipos (masas, nódulos, calcificaciones y grupos de microcalcificaciones) en mamografías.



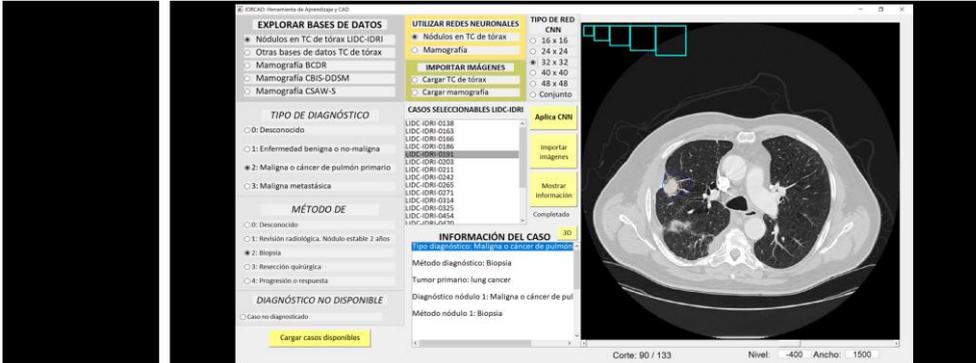
IA en Radiodiagnóstico: Aplicaciones clínicas



- Detección de lesiones o patologías:** identificación de nódulos pulmonares en TC de tórax, detección de lesiones en mamografía, detección de pólipos en colonografía TC, lesiones en radiografía simple de tórax, hallazgos en TC cerebral, cáncer de próstata en Resonancia Magnética ...
- Clasificación o diagnóstico:** estadiaje de gliomas, grado de malignidad de nódulos tiroideos, enfermedades intersticiales de pulmón, grado de malignidad de nódulos de pulmón, grado de fibrosis hepática y tipos de masas ...
- Cuantificación:** volumen de nódulos, hierro en el hígado, respuesta en tumores cerebrales sólidos, edema tras infarto cerebral ...
- Segmentación:** múltiples órganos en TC y RM, segmentación de órganos de riesgo y volúmenes tumorales en radioterapia ...
- Reconocimiento de voz:** transcripción de informes radiológicos

Figura 207. Sesión teórica inicial. Diapositiva 8. Aplicaciones clínicas de la IA en Radiodiagnóstico, destacando la detección y clasificación de lesiones

En este punto de la exposición comenzó la descripción de las etapas seguidas para el desarrollo del software JORCAD (Figura 208). Se trata de una herramienta de aprendizaje que contiene un sistema CAD de detección basado en redes neuronales CNN para el análisis de casos de TC torácico y de mamografía.



3) Etapas en la creación del software JORCAD

Herramienta de aprendizaje y sistema CAD de detección basado en redes neuronales de convolución para el análisis de casos

Figura 208. Sesión teórica inicial. Diapositiva 9. Apartado 3: Etapas en la creación del software JORCAD

Para la construcción de los modelos CNN, y su entrenamiento, validación y test se ha empleado el lenguaje de programación *Python* en el entorno de desarrollo *Spyder*, utilizando la librería de

funciones *Theano* para la realización de cálculos con tensores multidimensionales, orientada al desarrollo de sistemas de IA (ver Figura 209). El desarrollo de la interfaz gráfica de usuario (GUI) de JORCAD se realizó en el entorno de desarrollo MATLAB®, asó como todas las operaciones de procesado, manejo, almacenamiento y distribución de imágenes radiológicas.

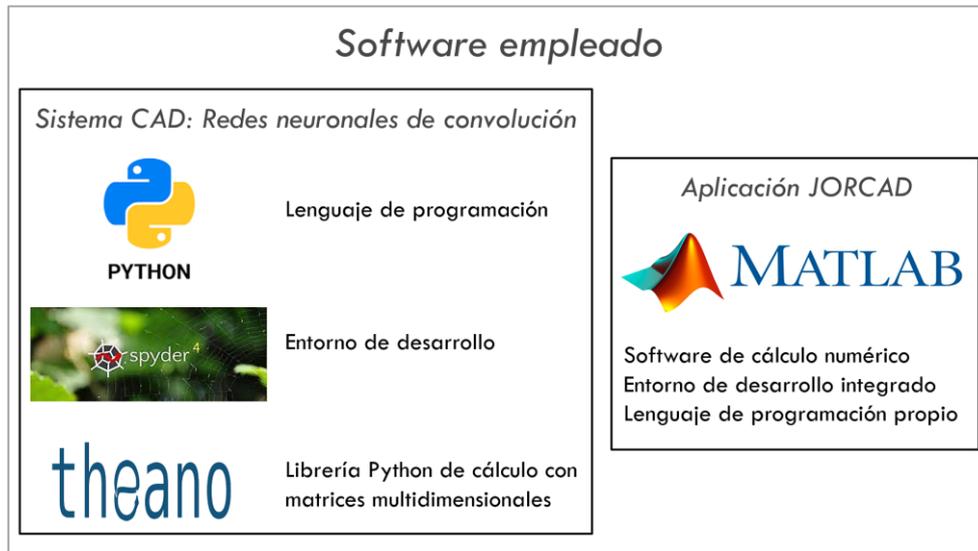


Figura 209. Sesión teórica inicial. Diapositiva 10. Entornos de programación y software utilizado para el desarrollo de JORCAD y del sistema CAD implementado en él

A continuación, se describieron de forma resumida algunas de las características principales de las bases de datos de imágenes radiológicas utilizadas para el desarrollo de JORCAD (Figura 210). Constituyen los ingredientes básicos sin los que no se podrían desarrollar sistemas CAD y aplicaciones educativas o formativas.



Figura 210. Sesión teórica inicial. Diapositiva 11. Encabezado del apartado dedicado a la descripción de las bases de datos de imágenes radiológicas

En la Figura 211 se describen las características generales de las bases de datos utilizadas y sus usos principales: preparación de los conjuntos de datos que alimentan las redes neuronales

y uso educativo gracias a las anotaciones y metadatos que acompañan a las bases de datos. La extracción de recortes requiere utilizar las anotaciones con las ubicaciones de las lesiones proporcionadas con cada base de datos, cuyo formato puede consistir en coordenadas del centro de masas, vectores de coordenadas de los contornos, regiones de interés de forma geométrica rectangular o incluso imágenes segmentadas que deben ser procesadas para obtener la información. La información clínica y radiológica que acompaña a los casos permite enriquecer su estudio y acceder de forma sistemática y comparativa a casos de una determinada tipología o comparar lesiones según sus características.

Bases de datos de imágenes utilizadas

- Cada base de datos: formatos de archivo y ordenación de casos propia.
- Diferentes herramientas para extraer imágenes e información (algunas de desarrollo propio).
- Muchas pertenecen al repositorio de bases de datos *The Cancer Imaging Archive (TCIA)*.
- **Primer uso: extracción de recortes para entrenamiento, validación y test de las redes neuronales (preparación de datasets)**
 - Dos tipos: lesiones y no lesiones.
 - TC de tórax: LIDC-IDRI
 - Mamografía: BCDR y CBIS-DDSM
- **Segundo uso: exploración y análisis de casos (utilidad educativa)**
 - Seis bases de datos utilizadas: 3 para TC de tórax y 3 para mamografía.
 - Reordenación de los estudios de imagen para su importación.
 - Organización de los datos clínicos disponibles para su presentación.
 - Adaptación de las segmentaciones disponibles para superponer en imágenes.

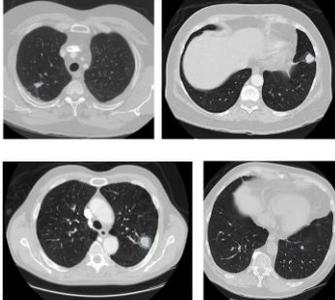


Figura 211. Sesión teórica inicial. Diapositiva 12. Manejo y extracción de información de las bases de datos. Usos: preparación de datasets y utilidad educativa

Las principales características de la base de datos *Lung Image Database Consortium Image Collection (LIDC-IDRI)* se expusieron como se muestra en la Figura 212. El elevado número de casos y de nódulos anotados explica la popularidad de esta base de datos entre la comunidad científica.

Lung Image Database Consortium image collection (LIDC-IDRI)

- ❑ National Cancer Institute (NHI), Foundation for the National Institutes of Health (FNIH) y Food and Drug Administration (FDA)
- ❑ Estudios de TC diagnósticos y de screening
- ❑ 1010 pacientes (1016 TCs anotados)
- ❑ 244527 imágenes
- ❑ 157 TCs con diagnóstico
- ❑ 2476 nódulos de tamaño superior a 3 mm
- ❑ Hasta 4 segmentaciones por nódulo y corte



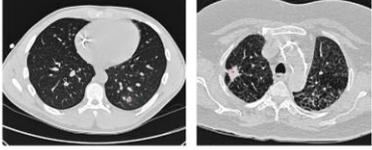
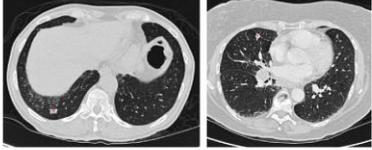
Armato III, S.G., Hadjiiski, L.M., Tourassi, G.D., Drukker, K., Giger, M.L., Li, F., Redmond, G., Farahani, K., Kirby, J.S., Clarke, L.P. (2015). Guest Editorial: LUNGx Challenge for computerized lung nodule classification: reflections and lessons learned. *Journal of Medical Imaging, SPIE-Intl Soc Optical Eng.* DOI: <https://10.1117/1.jmi.2.020103>

Figura 212. Sesión teórica inicial. Diapositiva 13. Descripción de la base de datos de TC de tórax LIDC-IDRI

La siguiente base de datos es *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* (Figura 213), de menor tamaño que la anterior, pero que contiene un conjunto de nódulos de morfología, grado de malignidad y localizaciones muy variadas:

SPIE-AAPM Lung CT Challenge

- ❑ American Association of Physicists in medicine (AAPM) y National Cancer Institute (NCI)
- ❑ 70 pacientes y 70 TCs
- ❑ 22489 imágenes
- ❑ 83 nódulos clasificados en 4 categorías
 - ❑ Nódulo benigno
 - ❑ Nódulo maligno
 - ❑ Nódulo sospecho de malignidad
 - ❑ Cáncer de pulmón primario

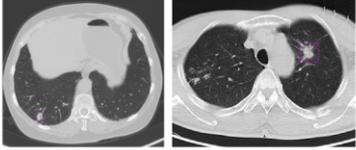
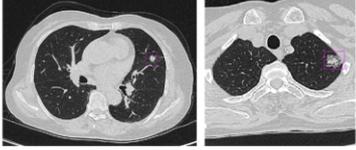
Armato 3rd, S.G., McLennan, G., Bidaut, L., et al. The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A completed reference database of lung nodules on CT scans. *Medical Physics*, 38: 915-931, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1118/1.3528204>.

Figura 213. Sesión teórica inicial. Diapositiva 14. Descripción de la base de datos de TC de tórax SPIE-AAPM Lung CT Challenge

Las características principales de la tercera base de datos de TC torácico, *Large scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis (LUNG-PET-CT-Dx)* se presentan en la Figura 214. Entre sus fortalezas, gracias a que contiene estudios de la modalidad híbrida PET-CT, utilizada para el estadiaje de tumores en oncología, permite disponer de una clasificación TMN e histopatológica de los 355 casos que contiene, junto con segmentaciones en cada uno de los cortes de interés.

Large scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis (LUNG-PET-CT-Dx)

- ❑ Universidad de Harbin (China), Computer and Cancer Institute (Harbin Medical University Hospital)
- ❑ Estudios de TC diagnósticos y de screening
- ❑ 355 pacientes con cáncer de pulmón
- ❑ Estadificación completa de los tumores
- ❑ Miles de cortes anotados
- ❑ Contiene también estudios PET

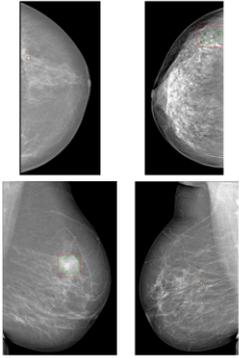
Li, P., Wang, S., Li, T., Lu, J., HuangFu, Y., & Wang, D. (2020). A Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis [Data set]. *The Cancer Imaging Archive*. <https://doi.org/10.7937/TCIA.2020.NNC2-0461>

Figura 214. Sesión teórica inicial. Diapositiva 15. Descripción de la base de datos de TC de tórax Lung PET-CT diagnosis

A continuación, se describieron las bases de datos de mamografía, siendo la primera *Breast Cancer Digital Repository (BCDR)*, creada a partir de una colaboración hispano-portuguesa (Figura 215). El elevado número de lesiones que contiene, clasificadas por tipo de diagnóstico y de lesión, la convierten en una herramienta muy potente para el entrenamiento de sistemas CAD, siendo además muy útil para la formación de residentes en esta subespecialidad del radiodiagnóstico.

Breast Cancer Digital Repository (BCDR)

- Colaboración entre Universidad de Oporto, la Fundación para la Ciencia y la Tecnología (INEGI) y el Centro Extremeño de Tecnologías Avanzadas (CETA-CIEMAT)
- Compuesta por 5 conjuntos de datos
 - 2 de ellos de mamografía digital de campo completo (FFDM)
 - 3 de mamografías digitalizadas
- Proyecciones cráneo-caudal y medio lateral oblicua
- 1884 lesiones segmentadas
 - (1348 demostradas mediante biopsia)
- Casos clasificados por tipo de diagnóstico y de lesión



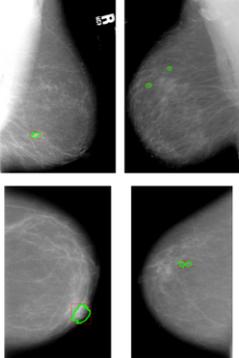
Guevara Lopez, M.A., González Posada, N., Moura, D.C., Ramos Pollán, R., et al. (2012) BCDR: A breast cancer digital Repository. 15th International Conference on Experimental Mechanics. Project IMED-2. Development of Machine Learning Classifiers for Biomedical Image and Data Analysis.

Figura 215. Sesión teórica inicial. Diapositiva 16. Descripción de la base de datos de mamografía BCDR

En segundo lugar, el repositorio *Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS-DDSM)*, surgido a partir de la base de datos original *Digital Database for Screening Mammography (DDSM)*, se describe en la Figura 216. Al igual que la anterior, incluye miles de mamografías, con un elevado número de lesiones clasificadas por tipo y diagnóstico. El cribado realizado a partir de la base de datos original de la que procede mejora la accesibilidad y disponibilidad a la información.

Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS-DDSM)

- Massachusetts General Hospital, University of South Florida, Sandia National Laboratories, Stanford University.
- Subconjunto e la base de datos Digital Database for Screening Mammography (DDSM): actualizaciones de formato, estandarización
- 1566 pacientes
- Proyecciones cráneo-caudal y medio lateral oblicua
- Clasificación de las lesiones por tipo y de diagnóstico
- Información detallada del tipo y forma de lesión (elevado número de categorías)



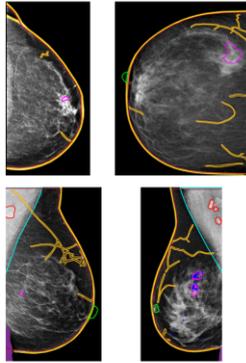
Rebecca Sawyer Lee, Francisco Gimenez, Assaf Hoogi, Kanae Kawai Miyake, Mia Gorovoy & Daniel L. Rubin. (2017) A curated mammography data set for use in computer-aided detection and diagnosis research. Scientific Data volume 4, Article number: 170177. DOI: <https://doi.org/10.1038/sdata.2017.177>

Figura 216. Sesión teórica inicial. Diapositiva 17. Descripción de la base de datos de mamografía CBIS-DDSM

Por último, *CSAW-S Mammography screening database* incluye un conjunto de mamografías de un programa de cribado para la detección precoz del cáncer de mama (Figura 217), que contiene lesiones cancerosas de una amplia tipología, además de disponer de la anatomía de la mama segmentada por partes, lo que realza su utilidad práctica con fines educativos.

CSAW-S Mammography screening database

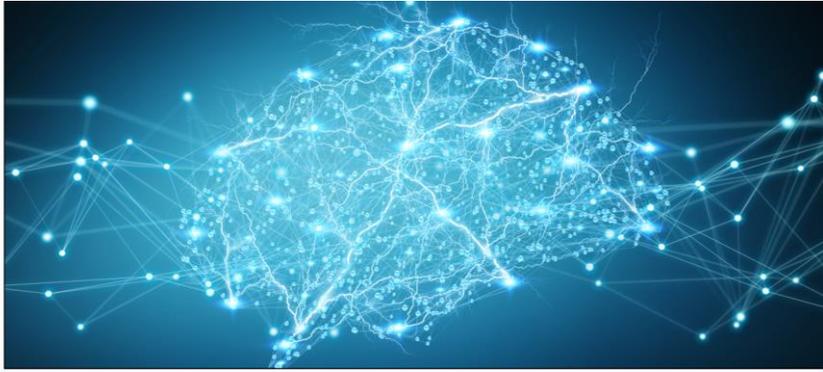
- Colaboración entre Hologic® y el programa de cribado de cáncer de mama de la ciudad de Estocolmo.
- Imágenes de pacientes con cáncer de mama
- 338 proyecciones anotadas
- Contiene segmentaciones de lesiones cancerosas realizadas por expertos y diferentes estructuras



Christos Matsoukas, Albert Bou i Hernandez, Yue Lin, et al. Adding Seemingly Uniform Labels Helps in Low Data Regimes. Proceedings of the 37th International Conference on Machine Learning, ICML 2020, 13-18 July 2020, Virtual Event. Volume 119 (6775-6784), Year 2020.

Figura 217. Sesión teórica inicial. Diapositiva 18. Descripción de la base de datos de mamografía CSAW-S

En el apartado (b) relacionado con las etapas de creación de JORCAD, se describe el desarrollo del sistema CAD basado en redes neuronales de convolución (Figura 218):



b) Redes Neuronales de Convolución (CNN)

Creación de conjuntos de datos de datos de entrenamiento, validación y test
Proceso de entrenamiento. Evaluación de resultados de funcionamiento

Figura 218. Sesión teórica inicial. Diapositiva 19. Encabezado de la sección dedicada a las redes CNN

Las tres fases de desarrollo del módulo CAD incorporado en JORCAD son la creación de los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test, el entrenamiento de las redes neuronales y ajuste de hiperparámetros y finalmente la evaluación de resultados y validación

del funcionamiento de las redes para comprobar su capacidad de generalización analizando imágenes radiológicas desconocidas para el sistema (Figura 219).

Etapas en el desarrollo de JORCAD: redes CNN

- 1 Creación de los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test:
 - o Recorte de imágenes: lesiones (en base a anotaciones) y no lesiones.
 - o Para 5 tamaños en TC de tórax y 5 en mamografía.
 - o Selección del número de recortes de cada tamaño y tipo. Data augmentation.
 - o Procesado de los recortes para alimentar las redes CNN.
- 2 Ajuste de hiperparámetros y entrenamiento de las redes neuronales en Python
 - o Simulaciones para diferentes combinaciones de hiperparámetros.
 - o Para 5 tamaños en TC de tórax y 5 en mamografía.
 - o Monitorización del proceso de entrenamiento.
 - o Obtención de métricas de clasificación, análisis ROC, estudio de la evolución de la función de coste
- 3 Análisis y evaluación de resultados
 - o Comparación del desempeño de los diferentes modelos entrenados
 - o Selección de las mejores redes CNN en base a este análisis
 - o Validación de resultados: desempeño de las redes con otras bases de datos

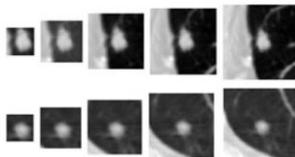
Figura 219. Sesión teórica inicial. Diapositiva 20. Principales etapas para la preparación de conjuntos de datos, entrenamiento de redes CNN y evaluación de su desempeño

Para compensar la dificultad de disponer de un elevado número de muestras de lesiones se emplean las técnicas de *Data Augmentation*. Éstas permiten incrementar el número de recortes disponibles, como se muestra en los ejemplos de la Figura 220, mediante transformaciones rígidas (rotaciones, traslaciones y combinaciones de ambas). Muestra además la división del conjunto de recortes (correspondientes a recortes de lesiones y no-lesiones) para el entrenamiento, validación y test.

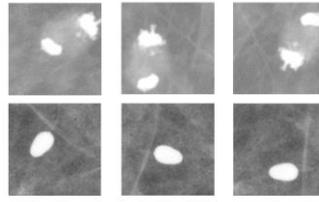
Técnica de Data Augmentation

División y distribución de los datos de entrada:
75% del total para entrenamiento
12,5% para validación / 12,5% para test

Vistas de dos nódulos para matrices 16x16, 24x24, 32x32, 40x40 y 48x48



Dos ejemplos de generación de tres lesiones mamográficas a partir de una original para 256x256



Combinaciones de rotaciones y traslaciones aleatorias para generar 12 recortes de lesiones de tamaño 32x32

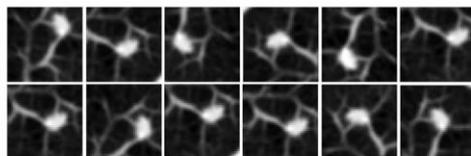


Figura 220. Sesión teórica inicial. Diapositiva 21. Algunos ejemplos de aplicación de la técnica de Data Augmentation para nódulos en TC de tórax y lesiones en mamografía

En la Figura 221 se muestra el número de recortes disponibles, una vez procesados y aplicados los métodos de *Data Augmentation*, para cada tamaño de matriz utilizado para TC de tórax. Cabe destacar el elevado número de muestras disponibles, que se encuentran entre 130208 (16 x 16), llegando hasta 212264 (48 x 48).

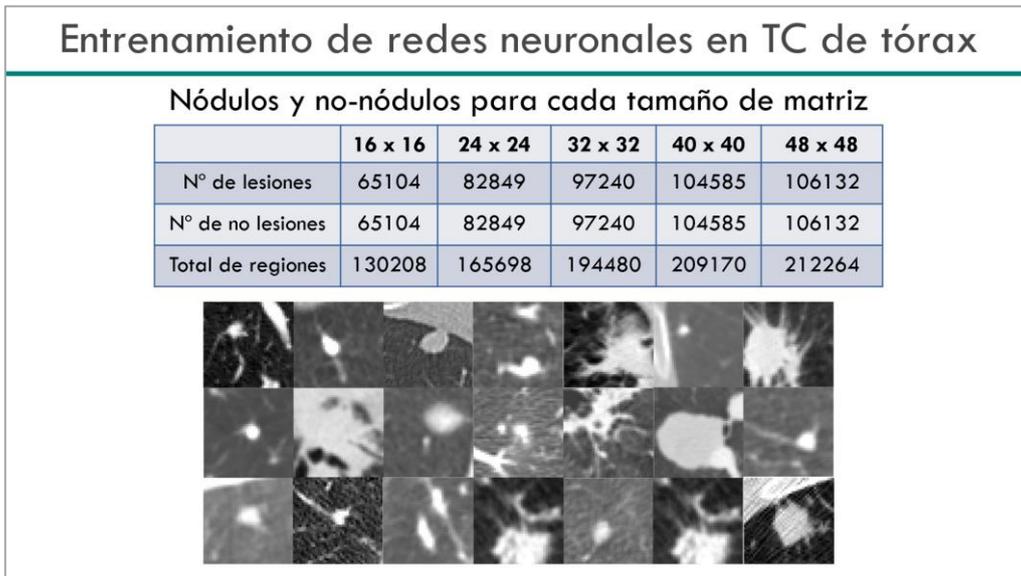


Figura 221. Sesión teórica inicial. Diapositiva 22. Número de recortes o patches correspondientes a nódulos y no-nódulos para cada tamaño de matriz

Para mamografía, y debido al considerable aumento de tamaño de los recortes que engloban los diferentes tipos de lesiones y por tanto el volumen de datos a analizar por las CNNs, el número de recortes preparados para cada tamaño es de 6000, que incluyen 3000 lesiones y 3000 recortes de no-lesiones, como se explica en la Figura 222. También influye el menor número de lesiones disponibles para esta modalidad en relación al caso de los nódulos en TC de tórax.

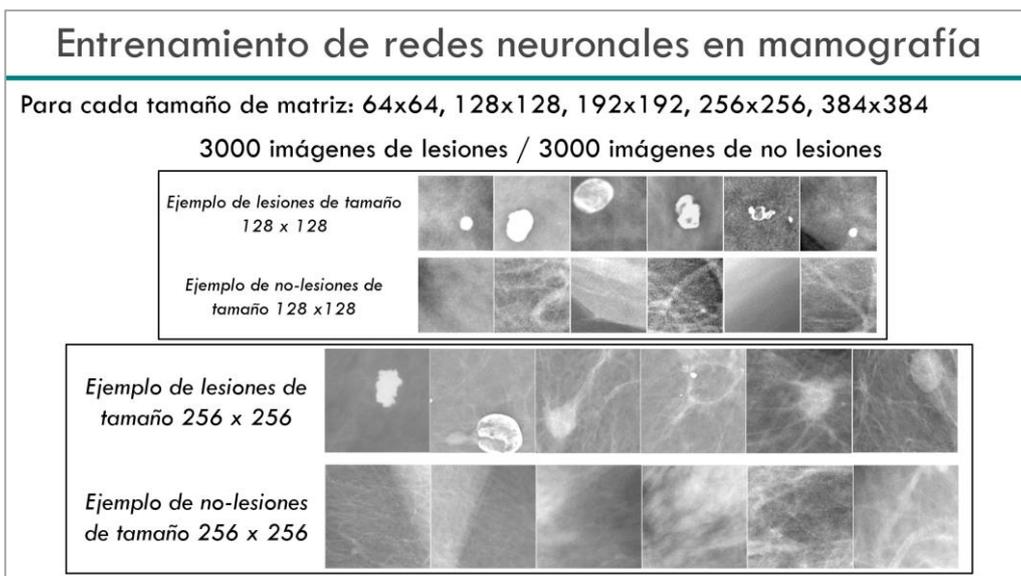


Figura 222. Sesión teórica inicial. Diapositiva 23. Número de recortes o patches correspondientes a lesiones y no-lesiones de mamografía para cada tamaño de matriz

Durante la sesión se explicó detalladamente la arquitectura de las redes CNN utilizadas, como se muestra en la Figura 223 . El número de capas de convolución utilizado en el caso del TC torácico fue de 3, mientras que en mamografía, debido a la flexibilidad que proporciona el mayor tamaño de los recortes, se ensayaron configuraciones con 4, 5 y 6 capas de convolución, propias de los algoritmos de DL. El diagrama deja patente la reducción dimensional de las matrices en estas primeras capas, que suelen llevar asociada una etapa de *pooling*. Tras el aprendizaje de características en las capas de convolución, se realiza el proceso de clasificación: las redes constan de una capa completamente conectada y un clasificador de regresión logística, que permiten calcular la probabilidad de pertenencia a las dos clases consideradas.

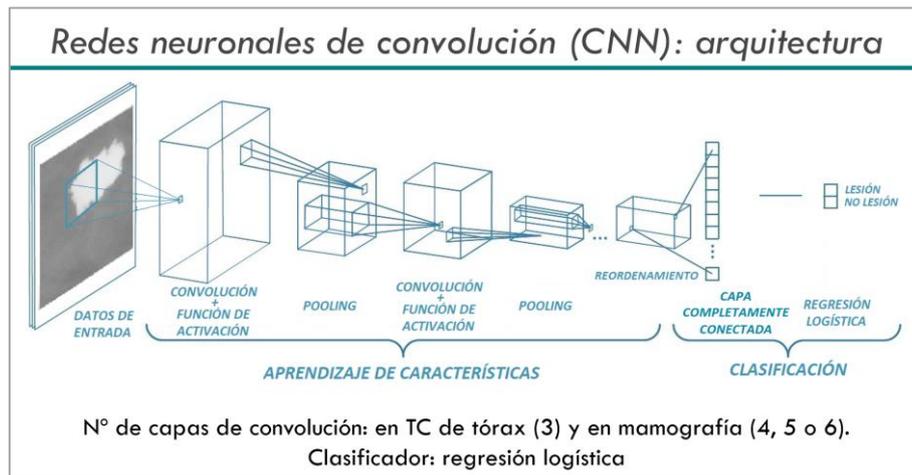


Figura 223. Sesión teórica inicial. Diapositiva 24. Diagrama de la arquitectura de las redes CNN entrenadas, mostrando las diferentes capas y su función

Para una arquitectura determinada y un tamaño de recorte concreto, es posible ajustar un gran número de hiperparámetros, relacionados en la Figura 224. El ajuste de sus valores es fundamental para garantizar la convergencia del algoritmo de aprendizaje, permitiendo extraer características relevantes de los recortes usados para el entrenamiento que confieran a las redes CNN una óptima capacidad de generalización. Es importante elegir de forma adecuada el momento en el que se detiene el proceso de entrenamiento para evitar fenómenos indeseados como el *overfitting*.

Arquitectura y ajuste de hiperparámetros de las redes
○ Algoritmo de aprendizaje (stochastic gradient descent)
○ Constante de tasa de aprendizaje
○ Número de capas de convolución (3, 4, 5, 6)
○ Número de kernels de convolución por capa (variable entre 10 y 60)
○ Tamaño de los kernels de convolución de cada capa (desde 3x3 hasta 15x15)
○ Tipo de función de activación neuronal (tangente hiperbólica, reLU)
○ Tamaño del batch de imágenes (en función del número de muestras)
○ Método de early stopping (mejora por epoch, actualización de la paciencia)
○ N° de epochs e iteraciones (controladas por tamaño del batch y early stopping)
○ N° de neuronas de la capa completamente conectada
○ Clasificador: regresión logística

Figura 224. Sesión teórica inicial. Diapositiva 25. Algoritmos, técnicas e hiperparámetros ajustables en una red CNN

Se describió de forma somera a los participantes el proceso de análisis e interpretación de resultados, utilizado para seleccionar las redes con mejor capacidad de generalización, y por tanto mejor funcionamiento (Figura 225). Se fundamenta en el estudio de los parámetros de la matriz de confusión, el cálculo de parámetros como la exactitud y la precisión, y la obtención de curvas ROC, que se obtienen relacionando la sensibilidad y especificidad de un modelo para un umbral de detección variable.

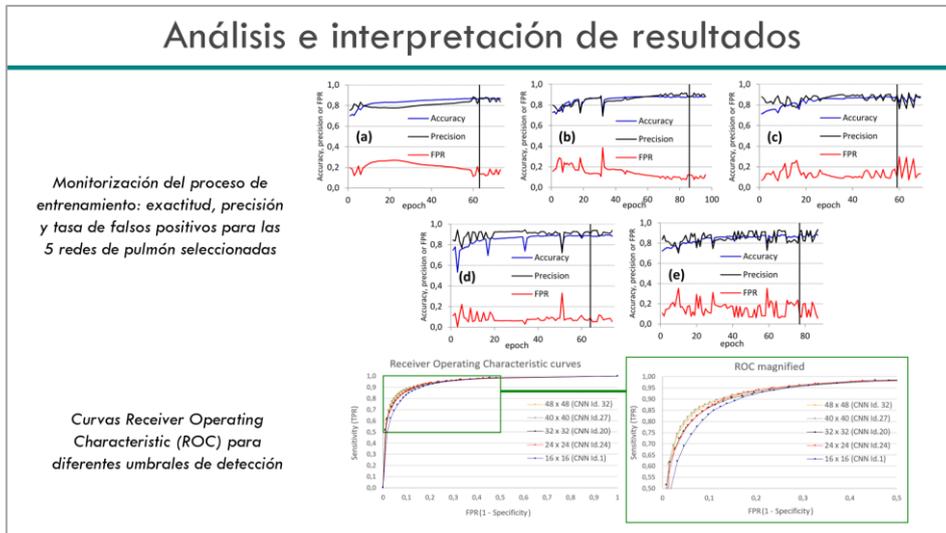


Figura 225. Sesión teórica inicial. Diapositiva 26. Monitorización del proceso de entrenamiento de redes CNN, evaluación de su funcionamiento y análisis de resultados

En la Figura 226 se muestra el encabezamiento de la sección en la que se describió el diseño, partes y funcionamiento de la herramienta de aprendizaje JORCAD. Esta aplicación fue desarrollada en la plataforma de cálculo y programación MATLAB® (The Mathworks Inc.). Ha sido concebida como una herramienta de software educativo para el aprendizaje basada en la exploración y análisis de casos anotados pertenecientes a diferentes bases de datos, aunque permite también analizar imágenes propias del usuario, combinado con el uso de un sistema CAD basado en redes CNN para la detección de nódulos en TC de tórax y lesiones en mamografías.



Figura 226. Sesión teórica inicial. Diapositiva 27. Presentación de la herramienta JORCAD

Las tres etapas principales que comprende su diseño son el desarrollo de su interfaz, la programación de sus controles y utilidades para permitir la integración de las bases de datos de imágenes en la aplicación y finalmente la implementación del sistema CAD anteriormente descrito (*Estudio 1*) en JORCAD (Figura 227):

La interfaz de JORCAD consiste en una Interfaz Gráfica de Usuario (GUI) que contiene una serie de paneles, botones y ventanas. La arquitectura del software tiene dos componentes principales: por una parte, las imágenes radiológicas, segmentaciones, otros metadatos e información asociada pertenecientes a las bases de datos. Todos ellos fueron incorporados en la aplicación reformateando y adaptando sus contenidos a los propósitos didácticos y características de JORCAD. Por otra parte, el sistema CAD se sustenta en la integración de los modelos de redes CNN entrenados (utilización de los archivos que contienen los parámetros entrenados, *pesos* y *offsets*), con algoritmos de segmentación y procesamiento que permitan analizar adecuadamente las imágenes y finalmente una presentación precisa e intuitiva de los resultados del análisis para su interpretación por parte del usuario.

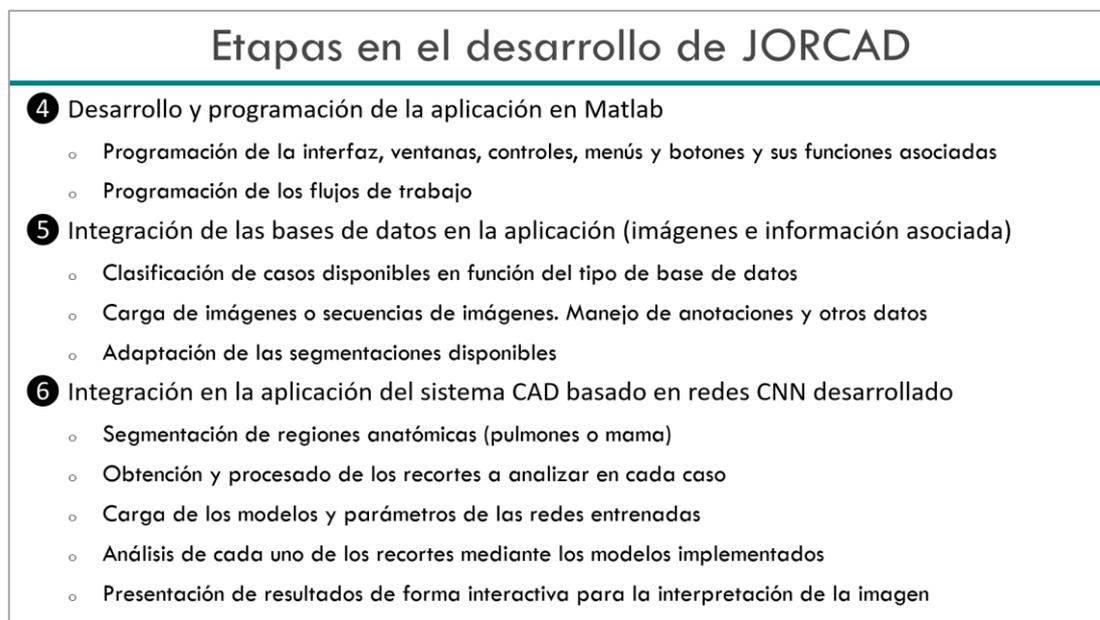


Figura 227. Sesión teórica inicial. Diapositiva 28. Principales etapas de desarrollo del software JORCAD en el entorno de programación MATLAB®

En la Figura 228 se muestra la interfaz de JORCAD con las opciones de selección de bases de datos, activación del sistema CAD e importación de imágenes propias del usuario y los espacios destinados a la presentación de imágenes, opciones de selección de casos y de visualización de su información asociada.

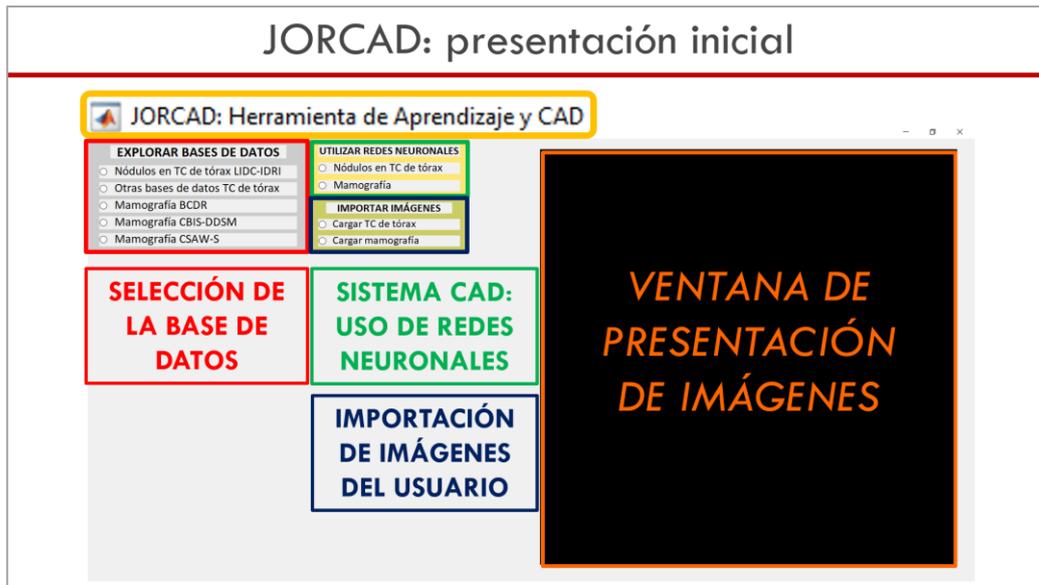


Figura 228. Sesión teórica inicial. Diapositiva 29. Contenido y partes de la Interfaz Gráfica de Usuario de JORCAD

Para que los participantes se familiarizaran con los flujos de trabajo y la secuencia de botones y menús para analizar un caso, se presentó el diagrama mostrado en la Figura 229. Mediante una secuencia intuitiva de uso de los paneles y botones, el usuario de JORCAD puede cargar un caso del tipo deseado, importar sus imágenes y visualizarlas, analizarlas mediante las redes CNN, consultar las segmentaciones realizadas por los expertos que anotaron la base de datos y explorar la información asociada al caso.

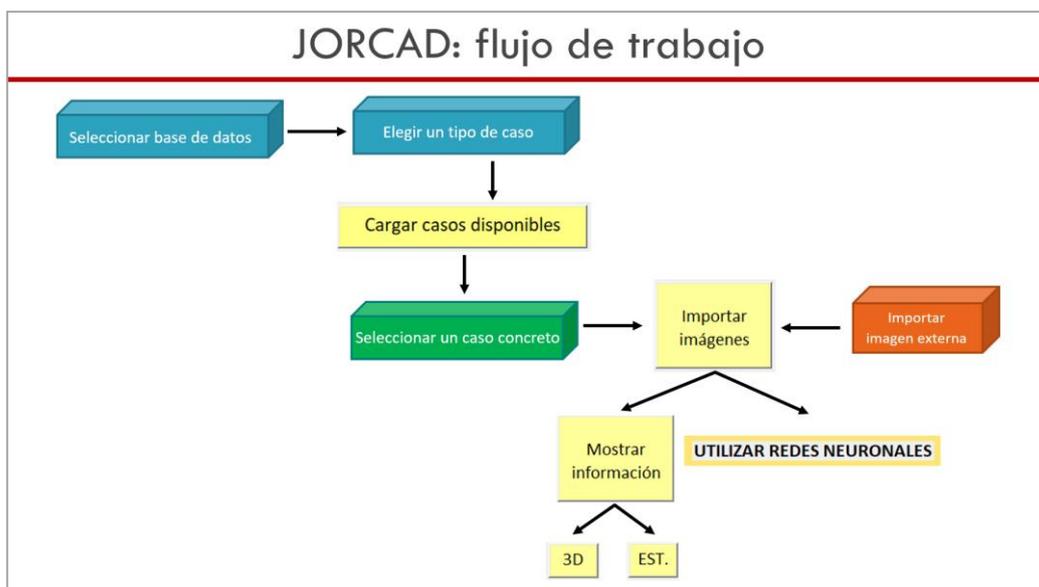


Figura 229. Sesión teórica inicial. Diapositiva 30. Esquema del flujo de trabajo y la secuencia de acciones necesaria para analizar un caso con JORCAD

Al utilizar cualquiera de las dos primeras opciones del panel de selección de bases de datos, se despliegan las opciones disponibles para acceder a los casos de TC de tórax incorporados en JORCAD. Cada base de datos dispone de un panel propio, como observarse en la Figura 230:

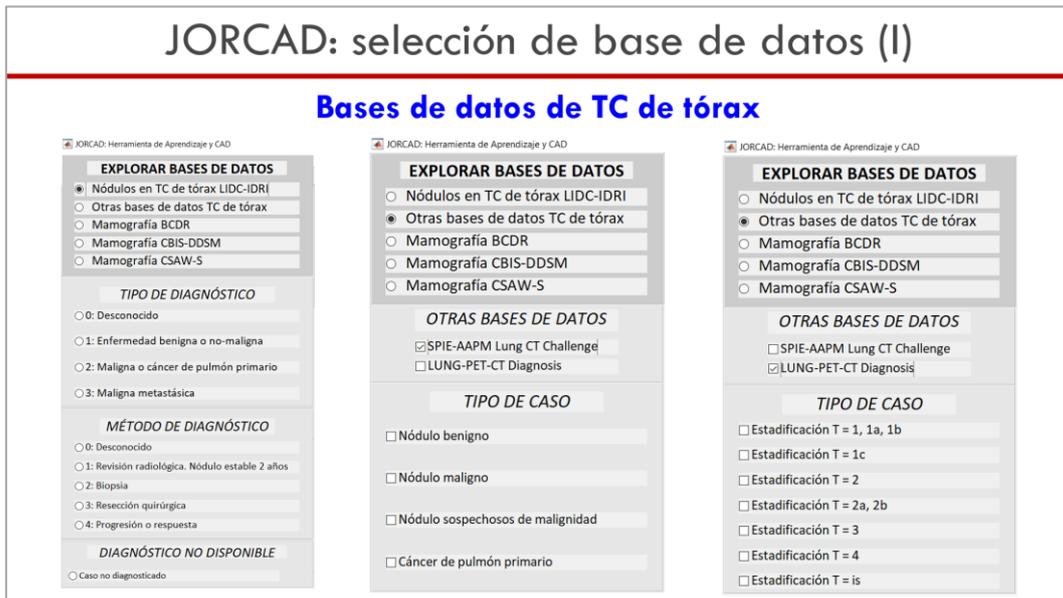


Figura 230. Sesión teórica inicial. Diapositiva 31. Paneles de selección de casos para las tres bases de datos de TC de tórax

Mediante las tres últimas opciones del panel de selección de bases de datos es posible acceder a los casos de mamografía (Figura 231) encuadrados en los botones *Mamografía BCDR*, *Mamografía CBIS-DDSM* y *Mamografía CSAW-S*:

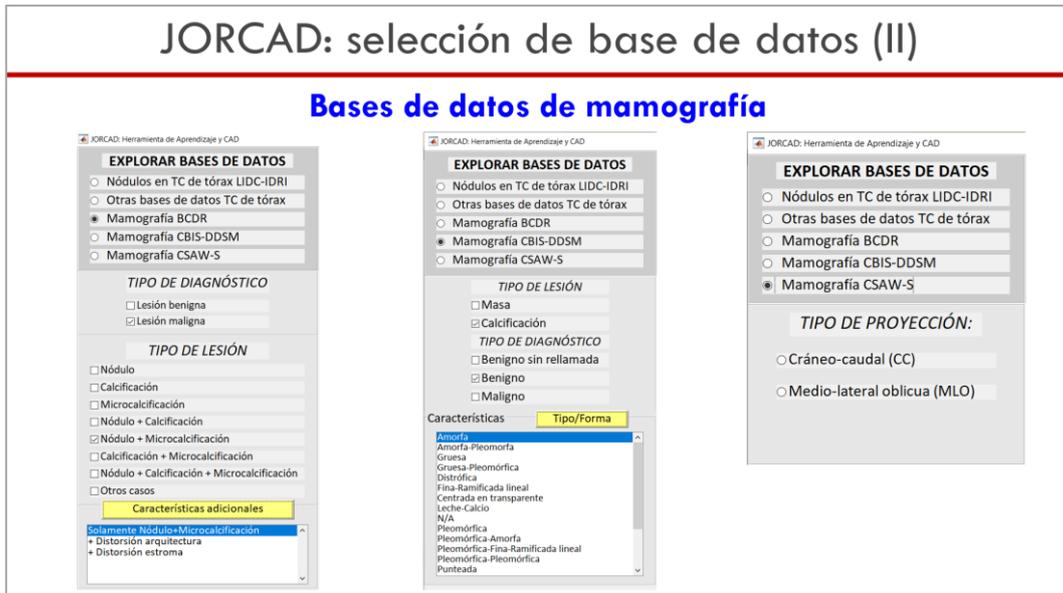


Figura 231. Sesión teórica inicial. Diapositiva 32. Paneles de selección de casos para las tres bases de datos de mamografía

El botón de *Cargar casos disponibles* muestra en pantalla el listado de casos de una determinada base de datos que cumple los criterios elegidos por el usuario. En función de las opciones desplegadas anteriormente, se mostrará el panel de selección de casos de la base de datos activa (Figura 232):

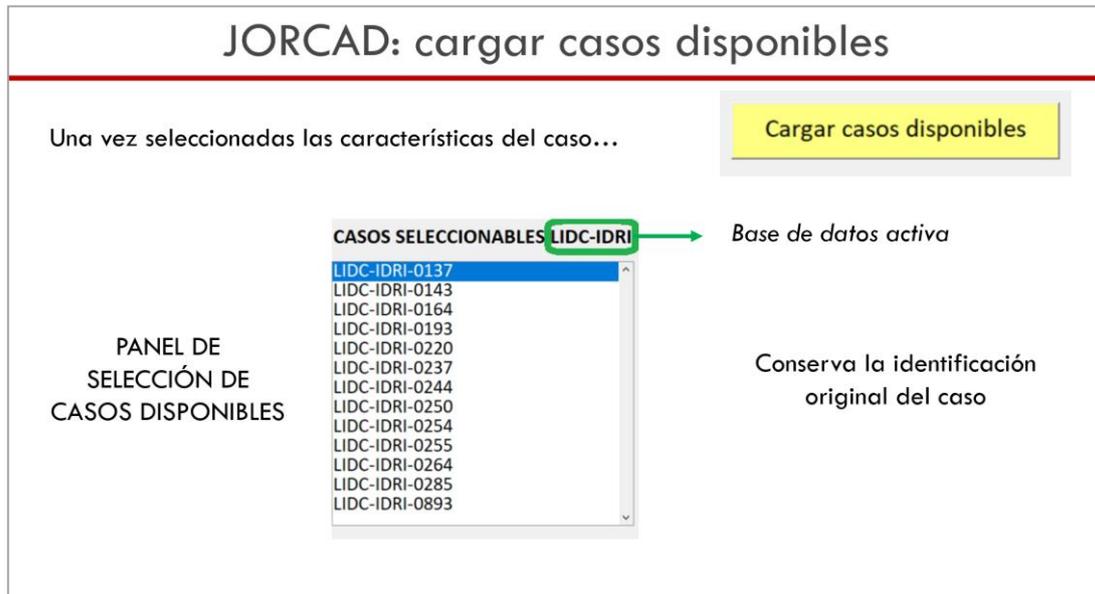


Figura 232. Sesión teórica inicial. Diapositiva 33. Uso del botón *Cargar casos disponibles*

Una vez efectuada la selección del caso, el botón *Importar imágenes* permite cargar las imágenes correspondientes, mostrando el avance del progreso en el caso de secuencias de imágenes de TC, como se muestra en la Figura 233:

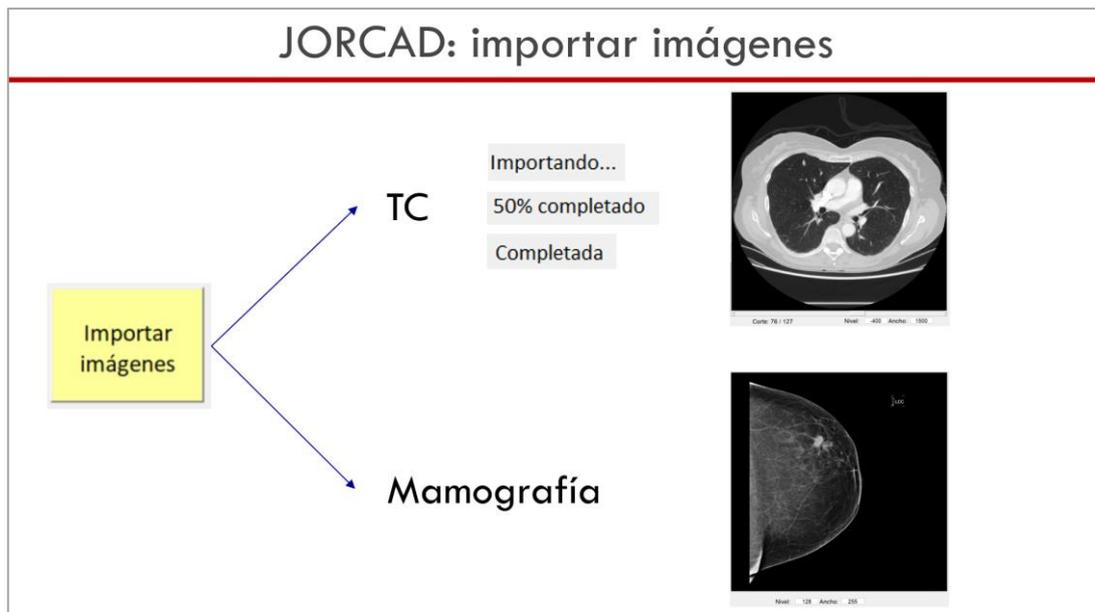


Figura 233. Sesión teórica inicial. Diapositiva 34. Botón *Importar imágenes*

En la Figura 234 se presentaron las opciones de visualización que incluyen el cambio de corte visualizado mediante una barra de desplazamiento, la modificación del ancho y nivel de ventana (tanto con el cursor como introduciendo sus valores numéricos por teclado), el zoom y la herramienta de desplazamiento:

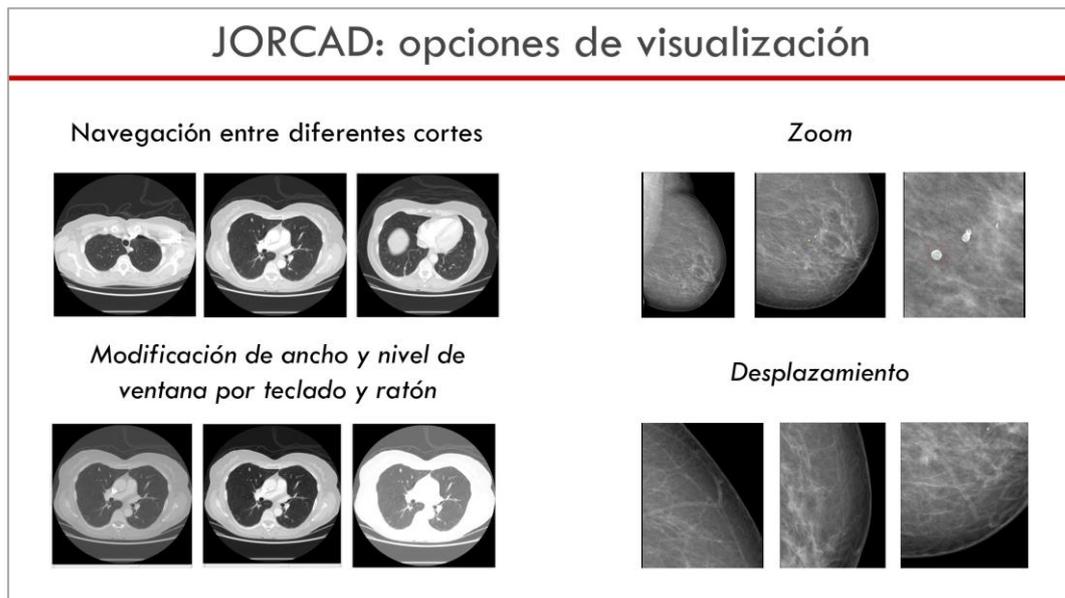


Figura 234. Sesión teórica inicial. Diapositiva 35. Opciones de visualización para optimizar la presentación de la información clínica

El botón *Mostrar información* presenta todos aquellos datos clínicos y radiológicos asociados al caso activo, mostrando las lesiones segmentadas en mamografía y los nódulos segmentados en caso de existir en el corte de TC torácico visualizado. En la parte izquierda de la Figura 235 se muestra un ejemplo para un caso de mamografía de la base de datos BCDR y en la parte derecha un TC de *Lung-PET-CT Diagnosis*.

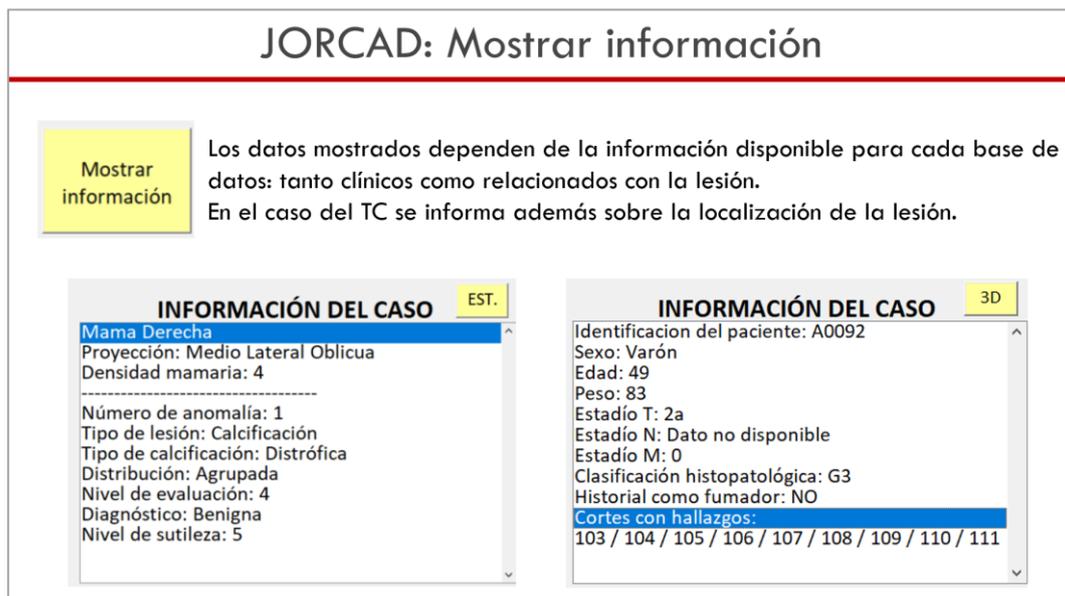


Figura 235. Sesión teórica inicial. Diapositiva 36. Ventana de presentación de la información clínica y otros metadatos asociados al caso cargado

Para utilizar el sistema CAD, en primer lugar debe elegirse el tipo de red CNN (Figura 236). Los tamaños de matriz seleccionables son función de la modalidad radiológica. La opción *Conjunto* permite realizar un análisis simultáneo con diferentes tamaños de recorte, adaptado al tamaño de lesión que se desea localizar. La selección se realiza sobre una ventana emergente que contiene tres botones.

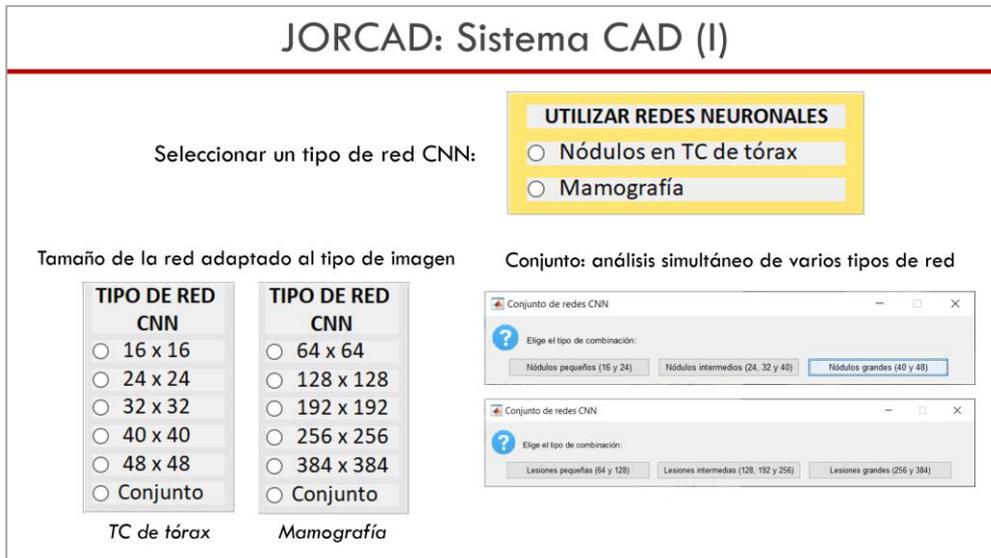


Figura 236. Sesión teórica inicial. Diapositiva 37. Uso del panel del sistema CAD: selección del tipo y tamaño de la red CNN

Todos aquellos recortes considerados como hallazgos (con una probabilidad de ser lesión superior al umbral establecido) se muestran en la imagen recuadrados y sombreados, como puede verse en la Figura 237. Pueden existir dos tipos de regiones: aisladas o zonas múltiples superpuestas, que involucren a un número y disposición variable de recortes. Cada tipo de hallazgo se muestra con su probabilidad asociada. En caso de utilizar la opción de análisis conjunto, cada tamaño de recorte tiene un color diferente. Los resultados del análisis se resumen en una ventana emergente tras su finalización.

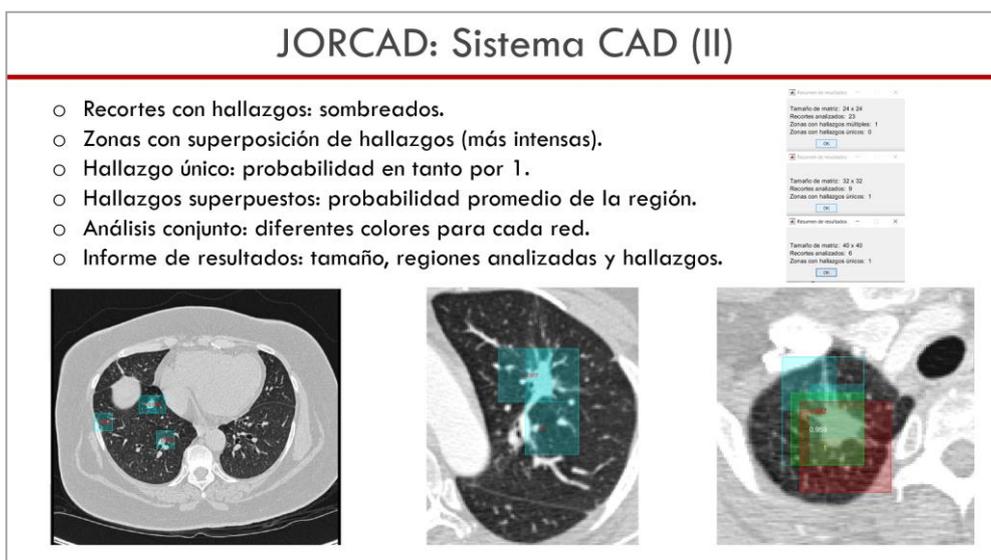


Figura 237. Sesión teórica inicial. Diapositiva 38. Presentación de resultados derivados del uso del sistema CAD

En mamografía, el usuario puede analizar la imagen completa o una región concreta seleccionando una ROI rectangular del tamaño deseado (Figura 238). El mayor tamaño de matriz de las mamografías y de los recortes asociados, involucran un mayor tiempo de análisis y procesado. Realizar una selección agiliza la exploración de un caso determinado, aunque exige al usuario hacer suposiciones a priori sobre la localización de las posibles lesiones. Es posible realizar tantos análisis de ROIs como considere necesario. La presentación de resultados es análoga al caso anterior.

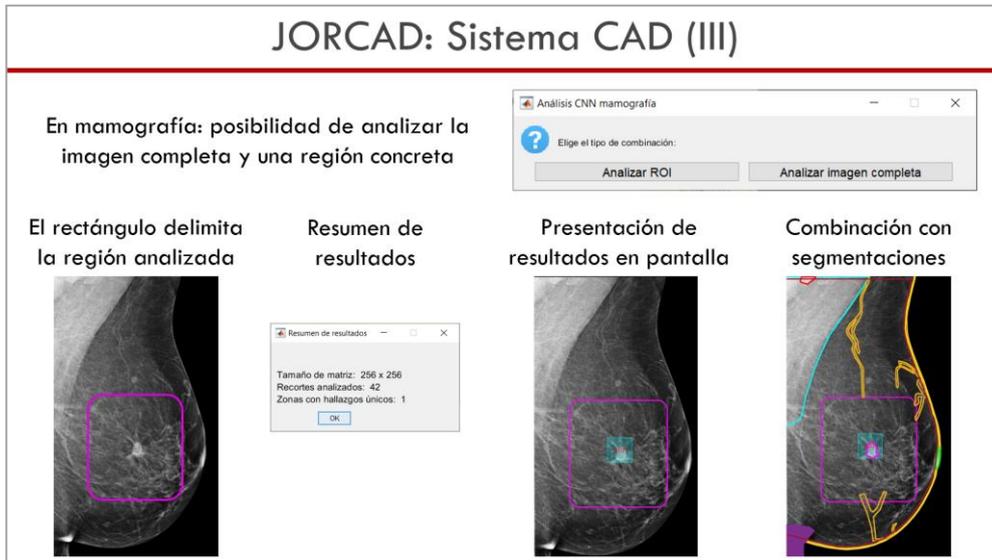


Figura 238. Sesión teórica inicial. Diapositiva 39. Análisis y presentación de resultados derivados del uso del sistema CAD en mamografía

JORCAD dispone de dos utilidades adicionales, una para cada modalidad radiológica. En el caso de los nódulos anotados permite visualizarlos en 3D gracias a la generación de un renderizado tridimensional de su morfología. Para mamografía, la ventana de análisis estadístico permite observar una vista ampliada de la lesión, su histograma de valores de píxel asociados y una serie de descriptores matemáticos calculados en base a las segmentaciones disponibles (Figura 239):

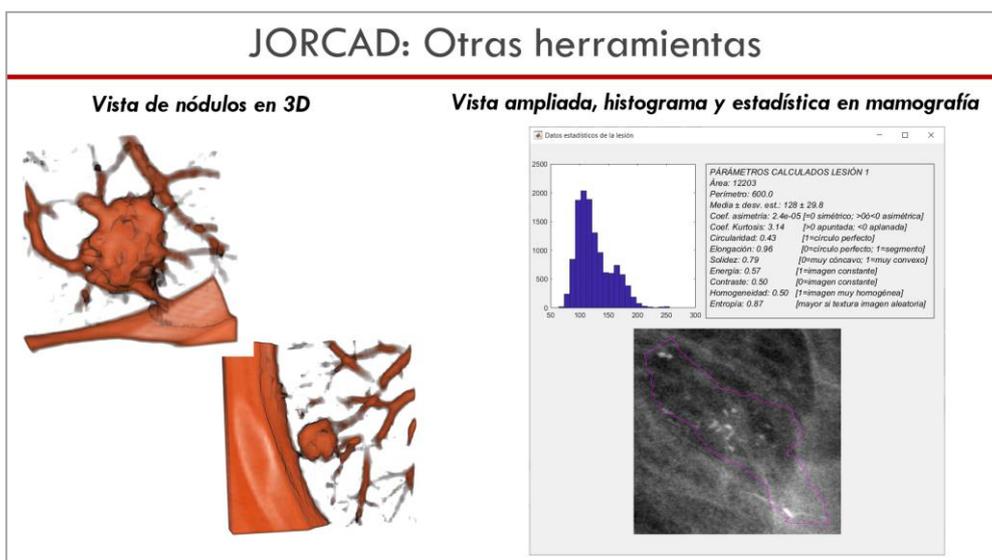


Figura 239. Sesión teórica inicial. Diapositiva 40. Otras herramientas: visualización de nódulos en 3D y análisis estadístico de lesiones de mamografía

En el último bloque de la sesión se informó a los asistentes de la organización de la actividad para su planificación, indicando la duración de los diferentes bloques, las opciones para su realización, el lugar de celebración y los horarios (Figura 240).



Figura 240. Sesión teórica inicial. Diapositiva 41. Información relacionada con la organización de la actividad para programar la formación práctica de los participantes

En la Figura 241 se indica la duración de los tres bloques en los que se dividieron las sesiones prácticas, siendo el primero el tutorial y la explicación de las utilidades del software, el segundo el análisis de los casos de TC de tórax y el tercero el de los casos de mamografía.

Organización de la actividad

3 BLOQUES FORMACIÓN PRÁCTICA (duración aproximada)

- Tutorial de manejo y utilidades del software (1 hora)
Entrevista inicial y casos de presentación.
- Análisis de nódulos pulmonares TC de tórax (1.5 horas)
- Análisis de mamografías (1.5 horas)

*Encuestas de valoración del software y sus herramientas
(intercalado en los tres bloques anteriores)*

Figura 241. Sesión teórica inicial. Diapositiva 42. Organización de la parte práctica de la actividad formativa

Se mostró un mapa de la ubicación de la estación de trabajo para realizar las sesiones prácticas individuales para orientar a los participantes en la actividad mediante un plano del hospital

(Figura 242). Se indicó a los participantes que el autor de esta Tesis Doctoral impartiría el tutorial a todos los usuarios, y les asistiría durante el análisis de los primeros casos de cada modalidad, estando presente en todo momento durante la realización de la actividad para resolver cualquier incidencia, comentar aspectos relevantes de los casos y responder a cualquier duda o pregunta de los participantes.



Figura 242. Sesión teórica inicial. Diapositiva 43. Accesos al lugar de celebración de la actividad. Servicio de Radiofísica del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca

Debido a la dificultad a la hora de disponer de tiempo para realizar la actividad, tanto por parte de los especialistas como de los residentes, se ofreció la mayor flexibilidad posible (ver Figura 243). La mayor parte de los participantes completó la actividad en una única sesión, aunque algunos prefirieron repartir las sesiones de acuerdo a lo mostrado en las opciones 2 y 3. Todos los participantes completaron los dos bloques de formación práctica, por lo que ninguno utilizó la opción 4.

Organización de la actividad: horario parte práctica

¿Cuándo realizo el curso?

VOY A REALIZAR LA ACTIVIDAD COMPLETA		
OPCIÓN 1	Los tres bloques en una sesión	4 horas
OPCIÓN 2	Primera sesión: bloque 1 + bloque 2 (TC)	2.5 horas
	Segunda sesión: bloque 3 (mamografía)	1.5 horas
OPCIÓN 3	Primera sesión: bloque 1	1 hora
	Segunda sesión: bloque 2 (TC)	1.5 horas
	Tercera sesión: bloque 3 (mamografía)	1.5 horas
VOY A REALIZAR UNA PARTE		
OPCIÓN 4	Los dos bloques en una sesión (2 bloques)	2.5 horas

Figura 243. Sesión teórica inicial. Diapositiva 44. Opciones de realización de la parte práctica de la actividad ofrecidas a los participantes

Los participantes en la actividad, después de elegir una de las modalidades concertaron una cita a lo largo de los meses de marzo y abril, bien por correo electrónico o de forma presencial (Figura 244) en función de su disponibilidad. La mayor parte de participantes completaron la actividad formativa en horario de tarde.

Organización de la actividad: horario parte práctica

Marzo 2022						
Lu	Ma	Mi	Ju	Vi	Sá	Do
	1	2	3	4	5	6
7	8	9	10	11	12	13
14	15	16	17	18	19	20
21	22	23	24	25	26	27
28	29	30	31			

Abril 2022						
Lu	Ma	Mi	Ju	Vi	Sá	Do
				1	2	3
4	5	6	7	8	9	10
11	12	13	14	15	16	17
18	19	20	21	22	23	24
25	26	27	28	29	30	

Mañana: concertamos cita
Tarde: a vuestra disposición

Mi correo
jorgehr@saludcastillayleon.es

Figura 244. Sesión teórica inicial. Diapositiva 45. Calendario para la organización de las sesiones prácticas y datos de contacto

Tras la finalización de la sesión (Figura 245) se emplazó a los participantes a las sesiones prácticas, agradeciendo su colaboración.

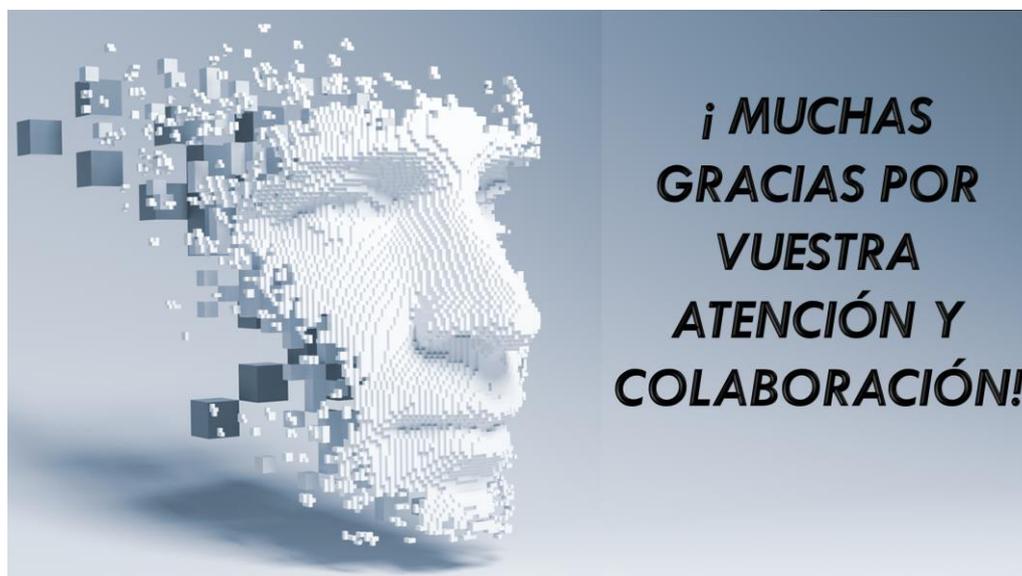


Figura 245. Diapositiva 46. Sesión teórica inicial. Despedida de la sesión

6.4.2. Tutorial de uso de JORCAD

La actividad formativa continuó con las sesiones prácticas individuales impartidas a cada uno de los participantes. Antes de comenzar el análisis de casos con JORCAD, se explicó individualmente en un tutorial el uso de la aplicación y las herramientas de las que dispone, cuya imagen de presentación se muestra en la Figura 246:



Figura 246. Tutorial JORCAD. Diapositiva 1. Presentación del tutorial

El esquema seguido para desarrollar esta presentación incluye 9 puntos relacionados con el manejo de JORCAD (Figura 247). El objetivo era describir tanto la función de cada control como el modo de utilizarlo, para conseguir que los participantes pudieran utilizar JORCAD de forma autónoma en el menor tiempo posible. Una vez finalizado, comenzó el análisis de los primeros casos por parte de los participantes expertos, como se expondrá en la siguiente subsección:

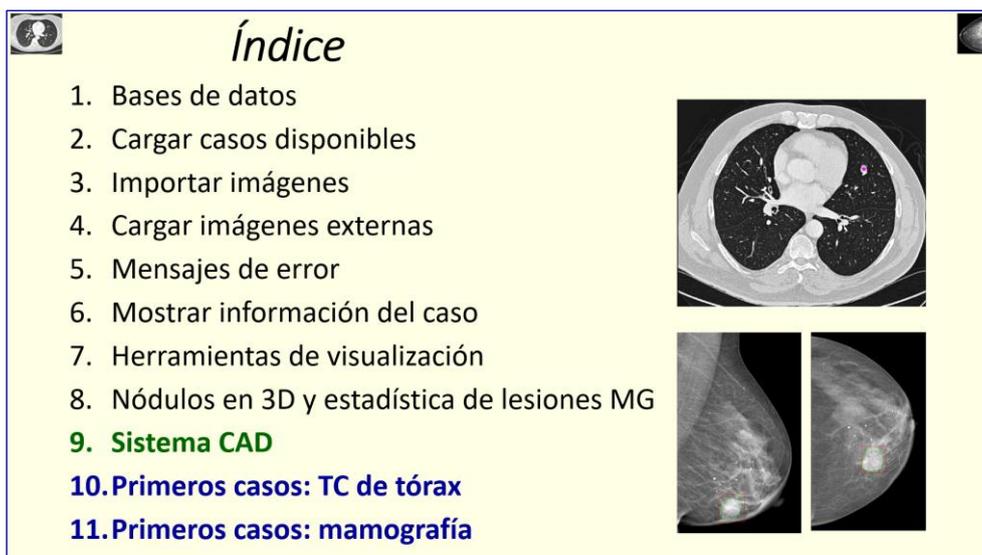


Figura 247. Tutorial JORCAD. Diapositiva 2. Índice de contenidos

Se explicaron las diferentes bases de datos incorporadas en JORCAD, mostrando el panel de selección de casos de JORCAD que le corresponde detalladamente. En la Figura 248, correspondiente a la modalidad de TC de tórax se incidió en las características de los tipos de casos de *LIDC-IDRI* (con y sin diagnóstico disponible) y de las segmentaciones de los nódulos. Estas pueden consultarse en todos los cortes en los que se visualiza el nódulo y han sido efectuadas por un número variable de radiólogos expertos (se muestran con colores diferentes) según las características de cada nódulo.

Figura 248. Tutorial JORCAD. Diapositiva 3. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax *LIDC-IDRI*. Características y tipología de casos seleccionables

La segunda base de datos de TC torácico, de tamaño significativamente inferior a la primera, contiene nódulos clasificados en cuatro categorías diferentes, como se muestra en la Figura 249. La indicación del centro de masas de cada nódulo facilita su identificación en las imágenes.

Figura 249. Tutorial JORCAD. Diapositiva 4. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax *SPIE-AAPM*. Características y tipología de casos seleccionables

Todos los casos que contiene la tercera base de datos corresponden a pacientes diagnosticados con cáncer de pulmón, y disponen de estadidaje TNM para la lesión segmentada, así como de una clasificación histopatológica del tumor. Sus características principales aparecen en la Figura 250, indicando el tipo de segmentación disponible y la información adicional:

TUTORIAL DE JORCAD: Bases de datos (III)
Lung-PET-CT Diagnosis Database (Lung Diagnosis)

EXPLORAR BASES DE DATOS

- Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
- Otras bases de datos TC de tórax
- Mamografía BCDR
- Mamografía CBIS-DDSM
- Mamografía CSAWS

OTRAS BASES DE DATOS

- SPIE-AAPM Lung CT Challenge
- LUNG-PET-CT Diagnosis

TIPO DE CASO

- Estadificación T = 1, 1a, 1b
- Estadificación T = 1c
- Estadificación T = 2
- Estadificación T = 2a, 2b
- Estadificación T = 3
- Estadificación T = 4
- Estadificación T = is

Características de casos seleccionables:

- 355 TCs
- Estadificación TNM completa del tumor en cada caso
- Dispone además de series de imágenes PET para cada uno de los casos
- En JORCAD: agrupados según el estadio T
- Segmentaciones: recuadro de tamaño variable que engloba la lesión en todos los cortes en que se visualiza
- Datos adicionales: sexo, peso, edad, clasificación histopatológica del tumor e historial fumador.

Figura 250. Tutorial JORCAD. Diapositiva 5. Panel de selección de casos de la base de datos de TC de tórax Lung PET-CT Diagnosis. Características y tipología de casos seleccionables

A continuación, se expusieron los aspectos más relevantes de las bases de datos de mamografía. En la Figura 251, se detallan las características de la base de datos BCDR, en la que se puede acceder a un elevado número de casos con un total de 1884 lesiones segmentadas, agrupadas según su diagnóstico en benignas o malignas, estando subdivididas en diferentes tipos de lesión con unas características adicionales asociadas.

TUTORIAL DE JORCAD: Bases de datos (IV)
Breast Cancer Digital Repository (BCDR)

EXPLORAR BASES DE DATOS

- Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
- Otras bases de datos TC de tórax
- Mamografía BCDR
- Mamografía CBIS-DDSM
- Mamografía CSAWS

TIPO DE DIAGNÓSTICO

- Lesión benigna
- Lesión maligna

TIPO DE LESIÓN

- Nódulo
- Calcificación
- Microcalcificación
- Nódulo + Calcificación
- Nódulo + Microcalcificación
- Calcificación + Microcalcificación
- Nódulo + Calcificación + Microcalcificación
- Otros casos

Características adicionales

- Solamente Nódulo
- + Adenopatía axilar
- + Distorsión arquitectura
- + Distorsión estroma
- + Distorsión arquitectura y Distorsión estroma

Características de casos seleccionables:

- 906 estudios de pacientes
- 2850 mamografías
- 2 datasets de imágenes digitales
- 3 datasets de imágenes digitalizadas
- 1884 lesiones segmentadas
- Segmentaciones: solo lesiones confirmadas con biopsia
- Segmentaciones: adaptadas al contorno de la lesión
- Clasificación: según tipo de diagnóstico y de lesión
- 8 tipos de lesión diferente
- 18 subtipos de lesión
- Otros datos: proyección, edad, densidad mamaria...

Figura 251. Tutorial JORCAD. Diapositiva 6. Panel de selección de casos de la base de datos de mamografía BCDR. Características y tipología de casos seleccionables

En la Figura 252 se presentan todos los tipos de lesiones que pueden consultarse en esta base de datos, siendo nódulo, calcificación y microcalcificación los principales, existiendo también combinaciones de todos ellos. La presencia de adenopatías y distorsiones asociadas enriquece la variedad de casos que contiene.

TUTORIAL DE JORCAD: Bases de datos (V)
Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS-DDSM)

EXPLORAR BASES DE DATOS

- Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
- Otras bases de datos TC de tórax
- Mamografía BCDR
- Mamografía CBIS-DDSM
- Mamografía CSAWS

TIPO DE LESIÓN

- Masa
- Calcificación

TIPO DE DIAGNÓSTICO

- Benigno sin rellamada
- Benigno
- Maligno

Características **Tipo/Forma**

- Amorfa
- Amorfa-Pleomorfa
- Gruesa
- Gruesa-Pleomórfica
- Distrófica
- Fina-Ramificada lineal
- Centrada en transparente
- Leche-Calcio
- N/A
- Pleomórfica
- Pleomórfica-Amorfa
- Pleomórfica-Fina-Ramificada lineal
- Pleomórfica-Pleomórfica
- Punteada

1566 pacientes

2620 mamografías

Subconjunto seleccionado de la base de datos DDSM

Versión actualizada y estandarizada

3569 lesiones segmentadas

Clasificación: según tipo de diagnóstico (2) y de lesión (3)

Posibilidad de seleccionar tipo y forma de la lesión:

- 21 tipos de masas
- 48 tipos de calcificaciones

Otros datos: densidad mamaria, nivel de anomalía, tipo de distribución de calcificaciones o tipo de márgenes para las masas, nivel de evaluación, nivel de sutileza...

Figura 252. Tutorial JORCAD. Diapositiva 7. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos BCDR

La base de datos que contiene un mayor número de mamografías es *CBIS-DDSM*, incluyendo hasta 3569 lesiones segmentadas (Figura 253). Permite consultar una gran variedad de casos en función del tipo y forma de las lesiones, agrupadas en 21 tipos de masas y 48 tipos de calcificaciones y grupos de microcalcificaciones.

TUTORIAL DE JORCAD: Bases de datos (V)
Curated Breast Imaging Subset of DDSM (CBIS-DDSM)

EXPLORAR BASES DE DATOS

- Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
- Otras bases de datos TC de tórax
- Mamografía BCDR
- Mamografía CBIS-DDSM
- Mamografía CSAWS

TIPO DE LESIÓN

- Masa
- Calcificación

TIPO DE DIAGNÓSTICO

- Benigno sin rellamada
- Benigno
- Maligno

Características **Tipo/Forma**

- Amorfa
- Amorfa-Pleomorfa
- Gruesa
- Gruesa-Pleomórfica
- Distrófica
- Fina-Ramificada lineal
- Centrada en transparente
- Leche-Calcio
- N/A
- Pleomórfica
- Pleomórfica-Amorfa
- Pleomórfica-Fina-Ramificada lineal
- Pleomórfica-Pleomórfica
- Punteada

1566 pacientes

2620 mamografías

Subconjunto seleccionado de la base de datos DDSM

Versión actualizada y estandarizada

3569 lesiones segmentadas

Clasificación: según tipo de diagnóstico (2) y de lesión (3)

Posibilidad de seleccionar tipo y forma de la lesión:

- 21 tipos de masas
- 48 tipos de calcificaciones

Otros datos: densidad mamaria, nivel de anomalía, tipo de distribución de calcificaciones o tipo de márgenes para las masas, nivel de evaluación, nivel de sutileza...

Figura 253. Tutorial JORCAD. Diapositiva 8. Panel de selección de casos de la base de datos de mamografía CBIS-DDSM. Características y tipología de casos seleccionables

En la Figura 254, se recoge la tipología completa de masas y calcificaciones disponible en esta base de datos. La forma la masa y su tipo de márgenes y el tipo de calcificación o microcalcificaciones junto con su distribución determinan las categorías disponibles.

Figura 254. Tutorial JORCAD. Diapositiva 9. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos CBIS-DDSM

Por último, la base de datos CSAW-S (Figura 255) es un repositorio de mamografías con segmentaciones de las lesiones cancerosas y otras regiones anatómicas de la mama. Las imágenes están agrupadas según el tipo de proyección.

Figura 255. Tutorial JORCAD. Diapositiva 10. Tipos de lesiones correspondientes a la base de datos CSAW-S

El primero de los botones que tiene que emplear el usuario, una vez elegido el tipo de caso que desea estudiar es el de *Cargar casos disponibles*. Al pulsarlo, aparece automáticamente la

ventana de casos seleccionables, conservando la nomenclatura original de la base de datos correspondiente, como se muestra en los ejemplos de la Figura 256.

Figura 256. Tutorial JORCAD. Diapositiva 11. Cómo acceder a los casos que cumplen los criterios marcados: botón Cargar casos disponibles

Una vez elegido un caso del listado seleccionable, el usuario pulsará el botón de *Importar imágenes* (Figura 257), situado a la derecha de la ventana de casos seleccionables. En el caso del TC se mostrará el progreso del proceso de carga indicando el inicio, la mitad del proceso y su finalización.

Figura 257. Tutorial JORCAD. Diapositiva 12. Importación de imágenes en JORCAD

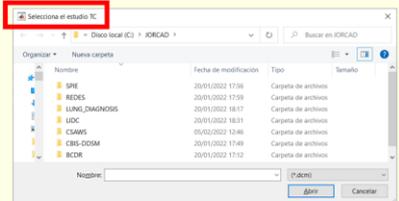
Para importar y visualizar cualquier imagen no perteneciente a las bases de datos citadas, se utiliza el panel de *Importar imágenes externas* (Figura 258). Una vez cargadas pueden analizarse utilizando el sistema CAD.

TUTORIAL DE JORCAD: Cargar imágenes externas

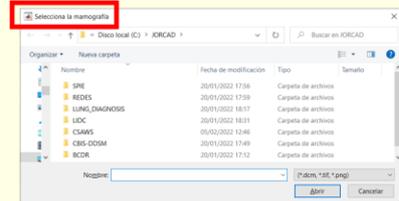
IMPORTAR IMÁGENES

Cargar TC de tórax
 Cargar mamografía

Hacer clic en la opción deseada



Seleccionar el conjunto de imágenes
(usar las teclas CONTROL y SHIFT)



Seleccionar la imagen deseada

Figura 258. Tutorial JORCAD. Diapositiva 13. Cargar imágenes no pertenecientes a alguna de las bases de datos implementadas

JORCAD incorpora una serie de mensajes de error para informar a los usuarios en caso de que realicen alguna selección incorrecta o no hayan completado la secuencia de pasos necesaria para ejecutar una determinada tarea. Cada base de datos requiere seleccionar una serie de características antes de poder mostrar los casos que las cumplen. Los tipos de red CNN son específicos para una modalidad concreta. En la Figura 259 se presentan algunos de estos mensajes:

TUTORIAL DE JORCAD: Mensajes de error

- En el texto se indica la acción a realizar
- Posibles causas:
 - Selección incompleta o incorrecta de parámetros de la base de datos
 - Falta algún paso previo por completar para realizar la acción solicitada
 - Selección de un tipo de CNN no adecuado

ATENCIÓN

Por favor, selecciona un tipo de diagnóstico y de lesión

OK

ATENCIÓN

Importe antes un estudio de imagen

OK

ATENCIÓN

Por favor, pulse el botón de Redes de mamografía

OK

ATENCIÓN

Por favor, selecciona un tipo de lesión y de diagnóstico

OK

ATENCIÓN

Por favor, pulse el botón de Redes de TC

OK

Figura 259. Tutorial JORCAD. Diapositiva 14. Mensajes de error y su utilidad

El botón *Mostrar Información* presenta en pantalla los datos asociados al caso activo. La información accesible depende de la base de datos considerada, e incluye desde datos del paciente como el sexo, la edad o su historial como fumador, hasta características de la lesión como su clasificación *BI-RADS* o el nivel de sutileza con el que es detectable. En la Figura 260 se muestra un ejemplo para cada una de las 6 bases de datos:

TUTORIAL DE JORCAD: Mostrar información (I)

○ Para mostrar la información asociada al caso pulsar el botón:

Mostrar información

- La información adicional disponible depende de la base de datos considerada
- Muestra información variada: datos demográficos (edad, peso...), tipo de estudio, tipo y método de diagnóstico, características de las lesiones (bordes, márgenes, clasificación TNM del tumor...)

INFORMACIÓN DEL CASO

Identificación del paciente: A0017
Sexo: Mujer
Edad: 59
Peso: 46
Estadio T: 2
Estadio N: Datos no disponibles
Estadio M: 0
Clasificación histopatológica: G1
Historial como fumador: NO
Cortes con hallazgos: 24 / 25 / 26 / 27 / 41 / 42 / 43 / 44

INFORMACIÓN DEL CASO

Número de nódulos: 1
NÓDULO 1
Coordenada X: 375
Coordenada Y: 323
Imagen central: 70
Diagnóstico final: Malignant nodule
Imágenes con nódulo visible: 67 / 68 / 69 / 70 / 71 / 72 / 73

INFORMACIÓN DEL CASO

Tipo diagnóstico: Enfermedad benigna o no-maligna
Método diagnóstico: Biopsia
Tumor primario: reactive mesothelial cells
-----CORTES ANOTADOS-----
Imagen Nº: 219
Imagen Nº: 218
Imagen Nº: 217
Imagen Nº: 216
Imagen Nº: 215
Imagen Nº: 214
Imagen Nº: 157
Imagen Nº: 156
Imagen Nº: 155
Imagen Nº: 154
Imagen Nº: 153

INFORMACIÓN DEL CASO

Mama Izquierda
Proyección: Cráneo-caudal
¿Nódulo?: SI
¿Calcificación?: SI
¿Microcalcificación?: NO
¿Adenopatía axilar?: NO
¿Distorsión de la arquitectura?: NO
¿Distorsión del estroma?: NO
Edad: 59
Densidad mamaria: 3
Clasificación de la lesión: Benign
Dataset: D01

INFORMACIÓN DEL CASO

Mama Izquierda
Proyección: Cráneo-caudal
Densidad mamaria: 3
Número de anomalía: 1
Tipo de lesión: Calcificación
Tipo de calcificación: Pleomorfa
Distribución: Agrupada
Nivel de evaluación: 4
Diagnóstico: Benigna
Nivel de sutileza: 3

INFORMACIÓN DEL CASO

Músculo pectoral: cyan
Cáncer: magenta
Piel: amarillo
Pezón: verde oscuro
Nódulos linfáticos axilares: rojo
Vasos gruesos: naranja
Calcificaciones: azul
Tejido no mamario: verde
Objetos extraños: morado
Glándula mamaria: granate

Figura 260. Tutorial JORCAD. Diapositiva 15. El botón *Mostrar información (I)* permite acceder a la información clínica y metadatos el caso

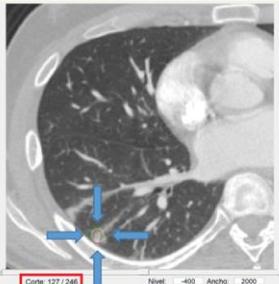
Los usuarios del programa, tal y como se explica en la Figura 261, deben conocer que al pulsar el botón de *Mostrar información* se muestran también las segmentaciones en el caso de mamografía y el listado de cortes anotados en el caso del TC. Si el número del corte activo en TC coincide con una imagen del citado listado, se visualizan además los contornos sobre la imagen activa.

TUTORIAL DE JORCAD: Mostrar información (II)

○ Para mostrar las segmentaciones disponibles para el caso activo:

- En mamografía, muestra en pantalla las segmentaciones disponibles para esa base de datos.
- En TC, muestra un listado de los cortes anotados por los radiólogos encargados de analizar la base de datos.

Mostrar información



Corte: 127/246 Nivel: -409 Ancho: 2000

IMPORTANTE: En TC, si queremos visualizar en pantalla la segmentación de la lesión en forma de contorno, tenemos que tener activo alguno de los cortes anotados.

INFORMACIÓN DEL CASO 3D

-----CORTES ANOTADOS-----
Imagen Nº: 171
Imagen Nº: 170
Imagen Nº: 169
Imagen Nº: 168
Imagen Nº: 167
Imagen Nº: 131
Imagen Nº: 130
Imagen Nº: 129
Imagen Nº: 128
Imagen Nº: 127
Imagen Nº: 126
Imagen Nº: 104

Figura 261. Tutorial JORCAD. Diapositiva 16. El botón *Mostrar información (II)* permite mostrar las segmentaciones disponibles y el listado de cortes de TC con contornos anotados

JORCAD tiene implementadas una serie de utilidades en los botones del ratón, además de la barra de desplazamiento para cambiar de plano de imagen (Figura 262). La cantidad de desplazamiento puede ser de una imagen, diez imágenes o la cantidad elegida por el usuario según la acción de ratón o teclado realizada:

TUTORIAL DE JORCAD: herramientas de visualización (I)

- **Rueda del ratón: navegación por los diferentes planos axiales**
Avanza o retrocede una imagen axial por paso
- **Barra de desplazamiento** Corte: 55 / 133
Observa en todo momento el número de corte visualizado en la pantalla y el total de imágenes



- Avanza o retrocede una única imagen
- Cada clic avanza o retrocede 10 imágenes
- Desplaza y arrastra la barra para avanzar o retroceder el número de imágenes deseado

Figura 262. Tutorial JORCAD. Diapositiva 17. Herramientas de visualización: barra de desplazamiento y rueda del ratón

La modificación del ancho y el nivel de ventana, aplicable a ambas modalidades radiológicas puede realizarse tanto por teclado introduciendo los correspondientes valores numéricos, como con acciones del ratón (arrastre y doble clic del botón izquierdo), tal y como se detalla en la Figura 263:

TUTORIAL DE JORCAD: herramientas de visualización (II)

- **Modificación del ancho y nivel de ventana:**
 Nivel: Ancho: Posibilidad de introducir por teclado el valor deseado

Arrastre del ratón pulsando el botón derecho:



- Dirección **vertical**: modificación del **nivel** de ventana
- Dirección **horizontal**: modificación del **ancho** de ventana
- En cualquier otra dirección: modificación simultánea de ambos valores

Doble clic con el botón izquierdo del ratón:



Regresamos a los valores iniciales de presentación de la imagen

Figura 263. Tutorial JORCAD. Diapositiva 18. Herramientas para modificar el ancho y el nivel de ventana de las imágenes visualizadas

El control del zoom y la herramienta de desplazamiento, especialmente útiles para mamografía debido a su mayor resolución espacial, se explicó mediante la Figura 264. El manejo de estas utilidades, junto con las explicadas en las anteriores diapositivas es clave para que los participantes comiencen a analizar los casos de forma fluida desde el principio. Es posible

aumentar o disminuir el zoom mediante clics de ratón o recuadrando la zona a ampliar arrastrando el cursor.



TUTORIAL DE JORCAD: herramientas de visualización (III)



○ Modificación del zoom y desplazamiento (pan):

Al posicionar el cursor sobre la imagen aparece barra de herramientas: 

Lupa de aumento (+): 

- Clic izquierdo sobre la imagen para acercar el zoom
- Clic con el botón izquierdo y arrastrar sobre la imagen dibujando un rectángulo: zona de la imagen aumentada

Lupa de disminución (-): 

- Hacer clic izquierdo sobre la imagen para alejar el zoom

Deshacer zoom y restaurar la vista: pulsar sobre el icono con forma de casa 

Desplazamiento sobre una imagen aumentada: 

- Clic izquierdo sobre la herramienta con forma de mano y arrastrar hasta la posición deseada

Figura 264. Tutorial JORCAD. Diapositiva 19. Herramientas para modificar zoom y realizar desplazamientos

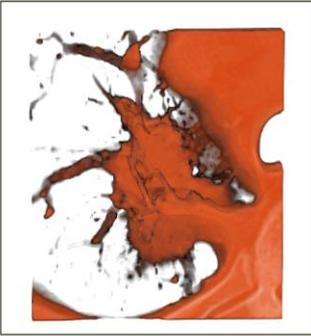
Para complementar la información proporcionada por las bases de datos, y la que proviene del sistema CAD, que se explicará posteriormente, se programaron dos utilidades adicionales en JORCAD. La correspondiente al TC torácico es la herramienta de visualización de nódulos en 3D, que se utiliza como puede verse en la Figura 265:



TUTORIAL DE JORCAD: Nódulos en 3D



○ Generación de una vista en 3D del nódulo mediante el botón 3D



Aparece una ventana emergente:

- Clic izquierdo y arrastre: cambio del ángulo de visualización 3D
- Clic derecho y arrastre en dirección vertical: acercar o alejar la vista en 3D

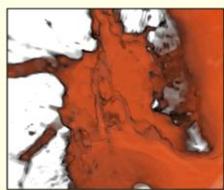



Figura 265. Tutorial JORCAD. Diapositiva 20. Herramienta de visualización de nódulos en 3D

En el caso de las lesiones de mamografía, el botón *EST.* activa la aparición de la ventana de datos estadísticos (Figura 266). En ella se muestra el histograma de valores de píxel de la región segmentada, una vista ampliada con sus contornos asociados y una serie de parámetros

numéricos, relacionados con el tamaño, forma, la distribución estadística de sus valores de pixel y la textura de la región.

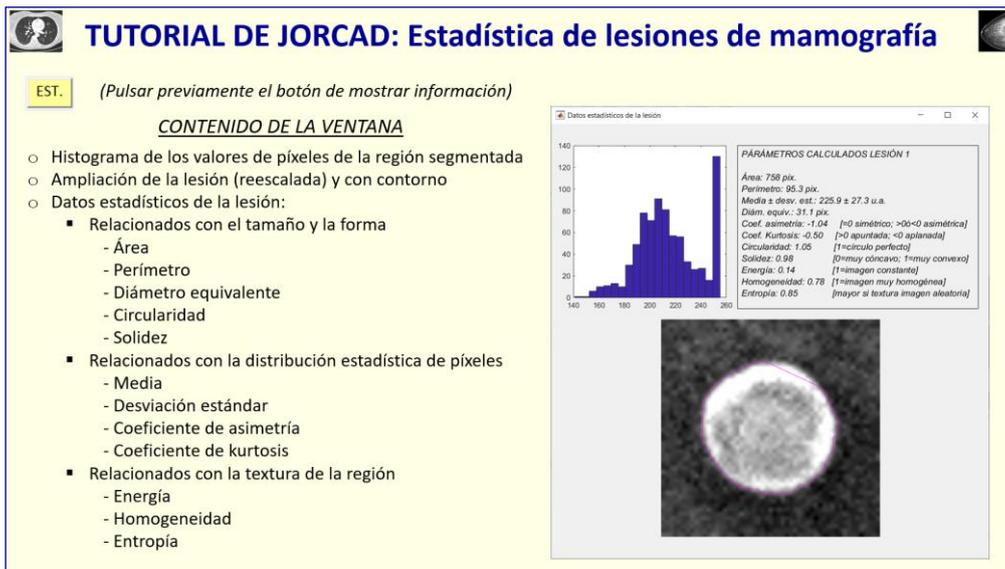


Figura 266. Tutorial JORCAD. Diapositiva 21. Ventana de análisis cuantitativo de lesiones en mamografía. Vista ampliada de la región segmentada

Para utilizar el sistema CAD basado en redes CNN, en primer lugar se selecciona la modalidad en el panel titulado *UTILIZAR REDES NEURONALES* (ver Figura 267). Al pulsar en nódulos en TC de tórax, aparece automáticamente el panel *TIPO DE RED CNN*, mostrando los 5 tamaños disponibles para esa modalidad, junto con la opción *Conjunto*. El análisis de la imagen comienza al pulsar el botón *Aplica CNN*.

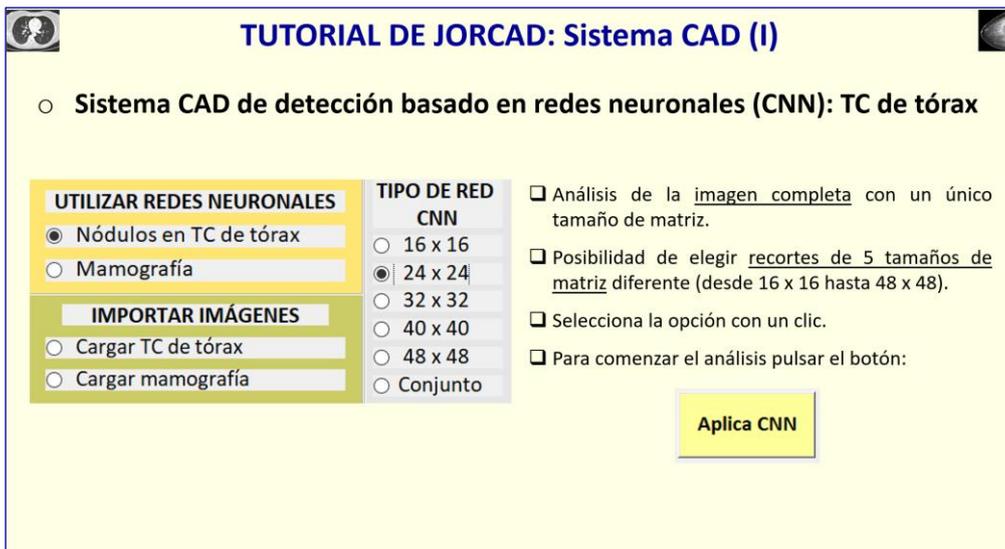


Figura 267. Tutorial JORCAD. Diapositiva 22. Utilización del sistema CAD basado en redes CNN para la detección de nódulos en TC de tórax: selección del tipo y comienzo del análisis

Si se selecciona la opción *Mamografía*, los 5 tamaños disponibles aparecen en pantalla, con la correspondiente opción *Conjunto* (ver Figura 268). Al pulsar el botón *Aplica CNN*, aparece una

ventana emergente que permite seleccionar entre dos opciones: analizar la mamografía completa o bien recuadrar una determinada zona de interés para su análisis. Realizar esta selección permite agilizar el proceso, debido a que el tiempo de procesado de los recortes de mayor tamaño propios de la mamografía es más largo.

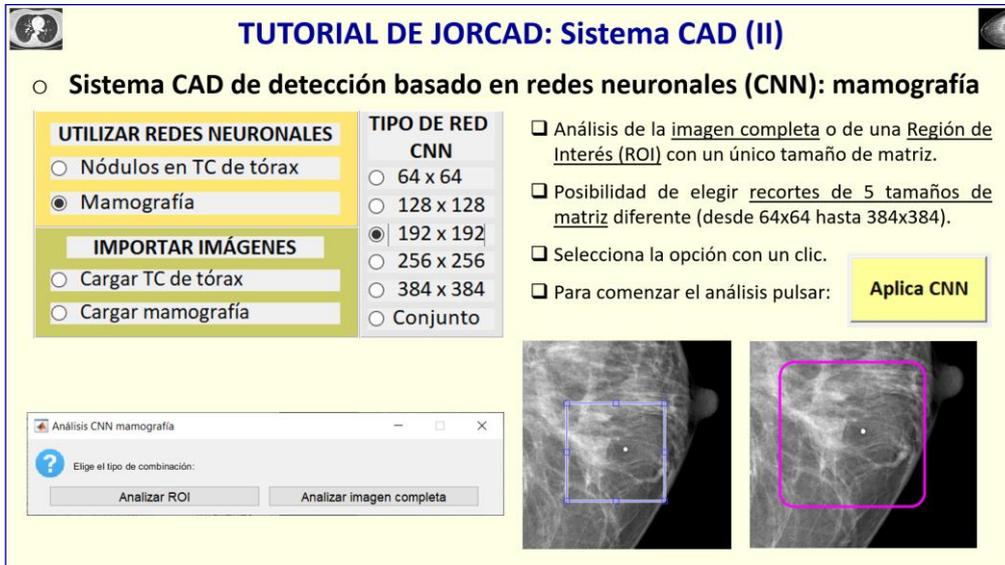


Figura 268. Tutorial JORCAD. Diapositiva 23. Utilización del sistema CAD basado en redes CNN para la detección de lesiones en mamografía: selección del tipo y comienzo del análisis

La opción *Conjunto* realiza varios análisis consecutivos de la imagen activa dividiéndola en recortes de tamaño variable en función del tipo de lesión que se quiera localizar: de pequeño tamaño, de tamaño intermedio o de tamaño grande. Los recuadros mostrados inicialmente en la parte superior izquierda de la imagen activa sirven como guía para elegir el tamaño del recorte que alimenta las redes CNN entrenadas (Figura 269).

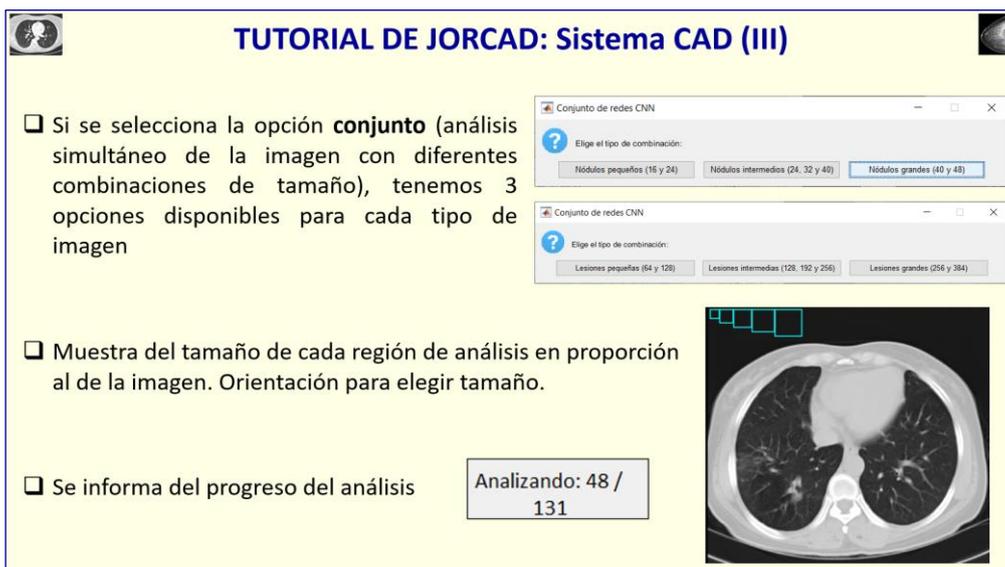


Figura 269. Tutorial JORCAD. Diapositiva 24. Opción de análisis conjunto empleando varios tamaños de matriz simultáneamente

Los hallazgos CAD se presentan en forma de recuadros sombreados cuando la probabilidad de que un determinado recorte contenga una lesión supere el umbral establecido (en 0.90 para esta actividad formativa). Al analizarse recortes superpuestos en ambas direcciones, puede darse el caso de que varias zonas adyacentes produzcan resultados positivos. Las regiones comunes a esos hallazgos presentan un tono más oscuro debido a la superposición. Ambos casos se muestran en la Figura 270:

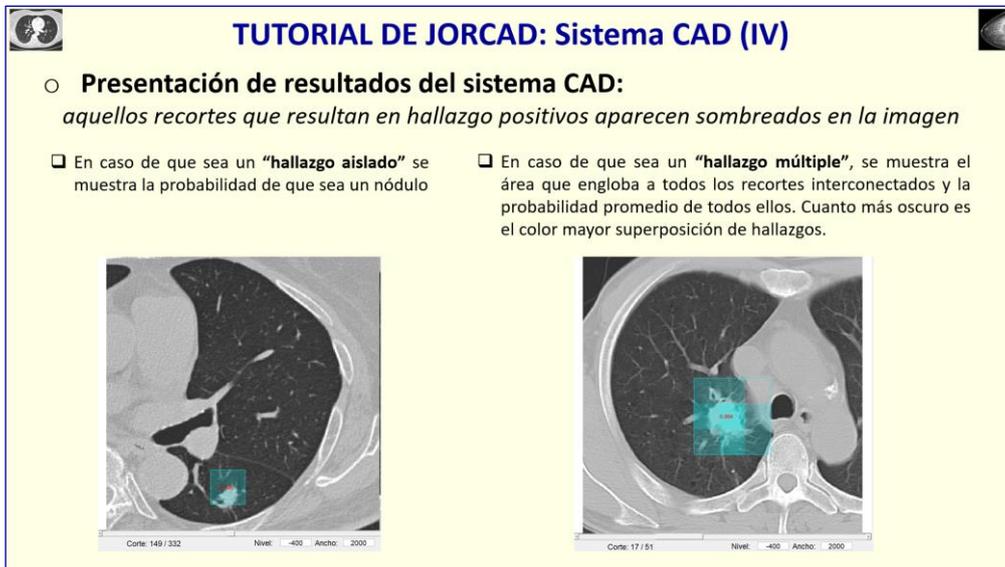


Figura 270. Tutorial JORCAD. Diapositiva 25. Presentación de hallazgos del sistema CAD

Al finalizar el análisis se presenta en pantalla la ventana de resumen de resultados, que recoge el número total de recortes analizados y los hallazgos únicos y múltiples realizados por el sistema CAD. En la Figura 271 aparecen algunos ejemplos de análisis.

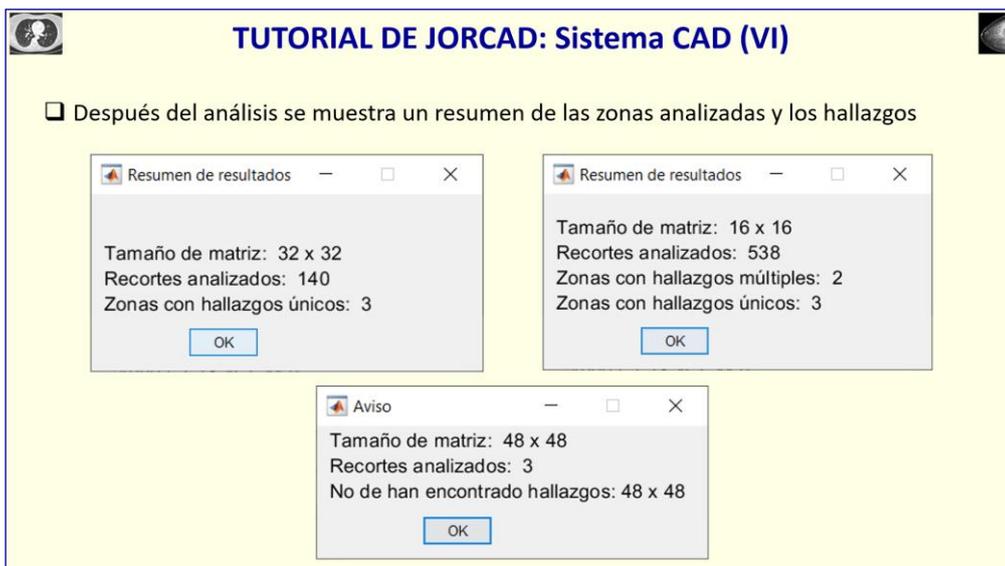


Figura 271. Tutorial JORCAD. Diapositiva 26. Ventana que presenta el resumen de resultados del análisis CAD

Para finalizar el tutorial, se detalló a los participantes los aspectos a valorar en la encuesta breve a cumplimentar tras analizar un caso, presentada en la Figura 272. Los tres ítems que contiene se evalúan en una escala Likert de 5 puntos, graduada de acuerdo su contenido. El primero está relacionado con la dificultad del caso, mientras que los dos siguientes valoran aspectos relacionados con la utilidad educativa de JORCAD: por una parte, la utilidad del sistema CAD y el grado de recomendación que asignarían los participantes expertos al caso para que fuera estudiado y analizado por un residente.

TUTORIAL DE JORCAD: Sistema CAD (VI)					
○ Encuesta de valoración de un caso					
Caso 1: TC de tórax. Valore...	VALORACIÓN				
<i>El grado de dificultad del caso</i>	Muy fácil	Fácil	Medio	Alta	Muy elevada
<i>La utilidad del sistema CAD para el análisis del caso</i>	Muy poco útil	Poco útil	Útil	Bastante útil	Muy útil
<i>Valore la utilidad educativa de JORCAD para el análisis del caso. ¿Cómo de recomendable es para un residente revisar y analizar el caso utilizando JORCAD?</i>	Sin utilidad	No aporta demasiado	Recomendable	Bastante recomendable	Caso muy didáctico

Figura 272. Tutorial JORCAD. Diapositiva 27. Modelo de encuesta de valoración de un caso tras su análisis con tres ítems a evaluar

6.4.3. Análisis de los primeros casos: TC de tórax

A continuación, se desarrollaron las dos sesiones prácticas de análisis de casos. Para que el participante experto no se enfrentara directamente al uso del programa desde el primer caso, el planteamiento adoptado consistió en que observara cómo utilizar el software en uno o en los dos primeros casos de cada modalidad, aunque siempre las acciones y el análisis se realizaban bajo sus indicaciones y criterio.

Se explicó con detalle cada uno de los pasos seguidos para familiarizar a los participantes con las acciones a realizar. En caso de que algún participante considerara que estaba listo para analizar el segundo caso siguiendo este mismo procedimiento, pasaba a tomar el control de la estación de trabajo.

Gracias a un sistema de doble pantalla, podían visualizar simultáneamente en la aplicación JORCAD en un monitor diagnóstico de alta resolución y las fichas de presentación de los casos en el monitor secundario. En la Figura 273, se aprecia en primer término el ordenador portátil en el que está instalado, en cuya pantalla se presentaba el tutorial y las fichas de presentación de los casos, y en segundo término el monitor diagnóstico en el que se utilizaba JORCAD. Sobre la mesa se aprecian el listado de asistencia de los participantes en la actividad y la entrevista inicial y encuestas a cumplimentar. Nótese la presencia de un segundo ratón para asistir al participante en caso de ser necesario.

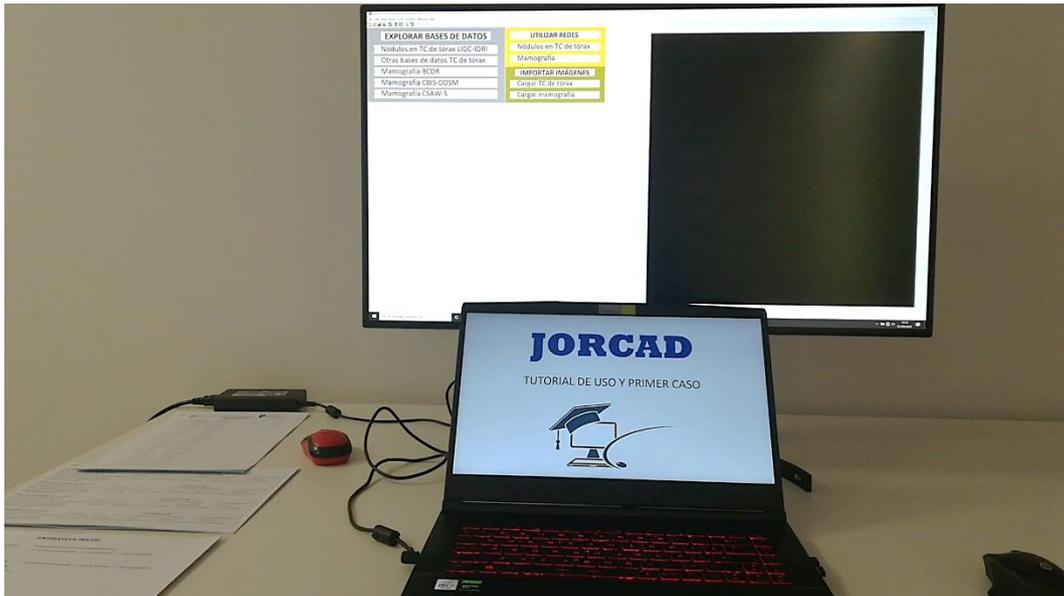


Figura 273. Aspecto de la estación de trabajo dedicada a la realización de las sesiones prácticas de uso de JORCAD

En esta subsección se describen cuatro casos, aunque como se mencionó anteriormente algunos participantes ya analizaron algunos de ellos de forma “autónoma”. La diapositiva de presentación de estos casos puede observarse en la Figura 274:



Figura 274. Primeros casos. Diapositiva 1. Explicación de las fichas de apoyo para analizar los primeros casos con JORCAD

Para cada caso, y en una pantalla accesoria al monitor de diagnóstico utilizado para ejecutar JORCAD, se presentó una ficha adaptada a cada caso. En estos casos iniciales, las explicaciones son más detalladas que en los bloques posteriores, para servir de guía al participante. A medida que avanza la actividad y aumenta la curva de aprendizaje, se requiere un menor número de indicaciones.

En la parte izquierda de la ficha se indica la acción a realizar y en la derecha la opción que debe ser seleccionada, como se muestra para el primero de los casos de TC de tórax en la Figura 275:



PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (I)



- 1.- **Seleccione la base de datos:** Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
- 2.- **Tipo de diagnóstico:** Caso no diagnosticado
- 3.- **Método de diagnóstico:** Caso no diagnosticado
- 3.- **Cargar casos disponibles:** Cargar casos disponibles
- 4.- **Seleccionar el caso:** LIDC-IDRI-0008
5. **Usar el botón** Importar imágenes
- 6.- **Progreso de la importación...**

Importando...
50% completado
Completada

Figura 275. Primeros casos. Diapositiva 2. Selección de la base de datos, tipo y método de diagnóstico, número de caso e importación de la serie de imágenes TC

En cada caso se focaliza la atención de los participantes en uno o varios intervalos de imágenes. Cada uno de ellos contiene al menos un nódulo que debe ser detectado. En la Figura 276 se proporcionan una serie de pautas que orientan sobre la elección de un tamaño de recorte determinado en función del tipo de lesión a localizar con el sistema CAD. Hay que tener en cuenta que el enfoque multi-tamaño del recorte utilizado para entrenar las redes CAD hace que cada una de ellas esté más especializada en detectar lesiones próximas o inferiores a su tamaño, sin perjuicio de que puedan realizar detecciones positivas en nódulos de mayor tamaño.



PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (II)



- 7.- **Explorar:** Cortes 70-75.
- 8.- **Localizar:** Ubicación de los posibles nódulos
- 9.- **Seleccionar:** Corte central del nódulo

¿Qué tipo de red utilizar para analizar la imagen?

- a) Guía: sospecha sobre el tamaño de la lesión según imagen explorada
- b) Usar la orientación con los recuadros mostrados en la parte superior de la imagen
- c) Cada red está especializada en tamaños de lesión iguales o inferiores a ella
- d) Las de mayor tamaño también detectan lesiones pequeñas, pero mejor utilizar una de las 3 más pequeñas (16, 24 o 32) en ese caso

Figura 276. Primeros casos. Diapositiva 3. Consejos para ayudar en la selección del tipo adecuado de red para el análisis. Primera región a explorar para el caso 1

En cada caso se recomiendan uno o varios tamaños para analizar la imagen. Se recalcó a los participantes que esta indicación tenía carácter orientativo para todas las imágenes. En todo momento tenían libertad para seleccionar el tamaño deseado, repetir el análisis con diferentes tamaños de recorte o incluso utilizar la opción *Conjunto*. Tras comenzar el análisis CAD (*Aplica CNN*), se informa del progreso y su finalización al usuario, así como de la forma de interpretar el resumen de resultados y los hallazgos CAD superpuestos a las imágenes (Figura 277).




PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (III)

10.- Análisis CAD (I): **Tamaño 24x24**

Activar análisis CAD: **Aplica CNN**

Progreso del análisis: Analizando: 107 / 317

Finalización del análisis: Análisis completado

Interpretación del resumen de resultados
(nº de recortes analizados y hallazgos)

Interpretación de los resultados en pantalla
(zonas de la imagen marcadas; probabilidades)

Figura 277. Primeros casos. Diapositiva 4. Progreso del análisis CAD e interpretación de resultados

En este caso se incluyó una segunda región a explorar (cortes 85 al 95), que contiene un segundo nódulo, como se indica en la Figura 278. La indicación de localizar el corte central del nódulo tiene también un carácter de recomendación u orientativo, ya que el análisis se podía realizar en cualquier sección del nódulo, por lo que se dejó a criterio del participante experto la elección de los cortes a analizar con el CAD.




PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (IV)

11.- Explorar: **Cortes 85-95**

12.- Localizar: **Ubicación de los posibles nódulos**

13.- Seleccionar: **Corte central del nódulo**

14.- Análisis CAD (II): **Tamaño 24x24 o 16x16**

Interpretación del resumen de resultados

Interpretación de los resultados en pantalla

Figura 278. Primeros casos. Diapositiva 5. Focalización de la atención del participante en la segunda región para proceder a su exploración y análisis

Para conocer la localización de los nódulos se pulsa el botón de *Mostrar información*. De esta forma se activa la visualización de las segmentaciones “ground truth”, realizadas por los radiólogos expertos que realizaron las anotaciones de la base de datos. Esta tarea puede realizarse una vez revisadas las imágenes de cada grupo, o al completar el análisis de ambas. Para obtener una vista 3D de los nódulos se recordó a los usuarios la existencia de la opción 3D y que tras finalizar el caso debían cumplimentar su encuesta de valoración (Figura 279).

PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (V)

15.- Pulsar: **Mostrar información** **Muestra segmentaciones sobre la imagen**

Nódulo 1 Nódulo 2

16. Pulsar: **3D**

17. Responder: **Encuesta de valoración del caso**

Figura 279. Primeros casos. Diapositiva 6. Consulta de las segmentaciones e información del caso. Recordatorio relativo a la encuesta asociada al caso

Al final de cada uno de los casos propuestos, se adjuntaban una serie de imágenes con algunos cortes en los que se visualizaban los nódulos a localizar, con diferentes propuestas de análisis CAD y sus resultados asociados. La primera para este caso se realizó sobre el corte 72 (de un total de 133) y con un tamaño de recorte de 24 x 24 (ver Figura 280). El nódulo marcado estaba ubicado en una de las regiones con hallazgos múltiples del pulmón derecho:

PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 1 (VI)

NÓDULO 1: ejemplos de análisis

Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 24 x 24
 Recortes analizados: 169
 Zonas con hallazgos múltiples: 2
 Zonas con hallazgos únicos: 2

Corte: 72 / 133 Nivel: -581 Ancho: 1414

Figura 280. Primeros casos. Diapositiva 7. Ejemplo de análisis CAD para el primer nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24

El participante, tras realizar la exploración visual de las imágenes del caso, los análisis CAD que considerara oportunos, y consultar las anotaciones de los especialistas o “ground truth” dedicaba a examinar esta información el tiempo que consideraba necesario. En algunos podía tratarse de una exploración rápida. Sin embargo, en determinadas ocasiones su consulta ayudaba a completar la información e incluso motivar un análisis adicional de alguna imagen (Figura 281).

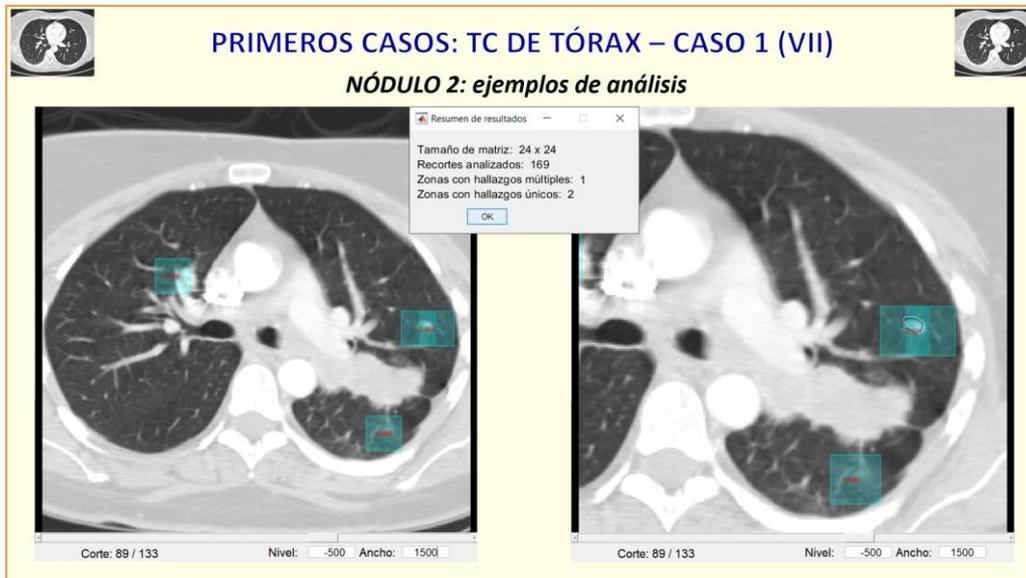


Figura 281. Primeros casos. Diapositiva 8. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 24x24

El segundo nódulo fue marcado por la herramienta CAD en la imagen 90 con un tamaño de 16 x 16, en el que además se detectaba un falso positivo debido a la morfología del extremo de un vaso (Figura 282). Finalmente, el participante completaba la encuesta de valoración del caso expuesta en el epígrafe anterior.

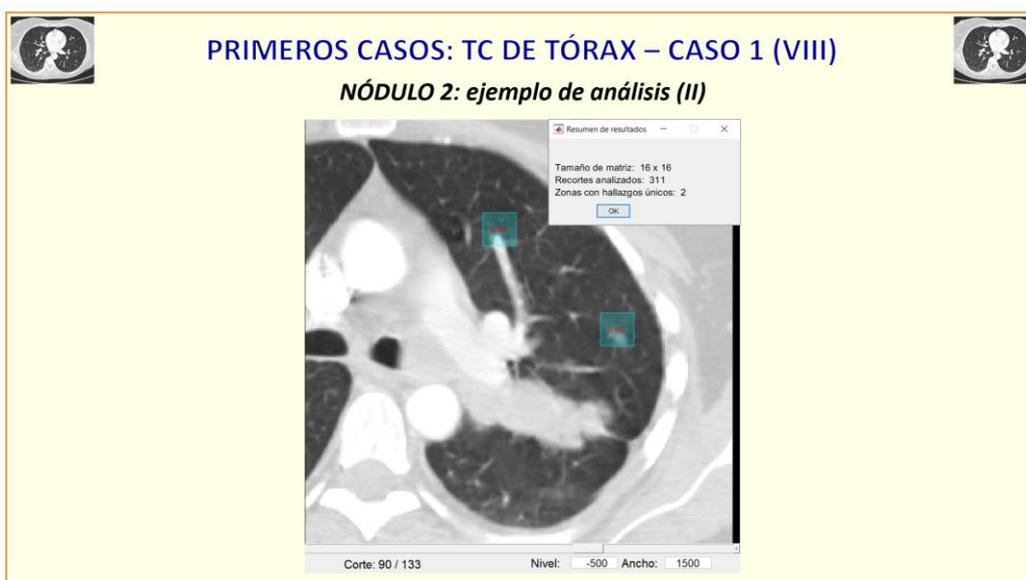


Figura 282. Primeros casos. Diapositiva 9. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 16 x 16

En el segundo de los casos de TC torácico, cuya ficha se presenta en la Figura 283, la ficha muestra toda la información necesaria para su análisis de forma más resumida. Esta estructura es la que se seguirá en todos los casos subsiguientes para simplificar la labor de los participantes. El caso contenía 2 nódulos de pequeño tamaño, localizados en diferentes zonas. Fue diagnosticado como maligno metastásico confirmado mediante biopsia a nivel de paciente, aunque en la ventana de información se podía acceder al diagnóstico a nivel de nódulo.

PRIMEROS CASOS: TC DE TÓRAX – CASO 2 (I)	
1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de diagnóstico:	Maligna metastásica
3.- Método de diagnóstico:	Biopsia
4.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-161
5.- Explorar (I):	Cortes 160-170
6.- Seleccionar (I):	Corte intermedio del nódulo
7.- Análisis redes CAD(I):	Tamaño 24x24
8.- Explorar (II):	Cortes 175-185
9.- Seleccionar (II):	Corte intermedio del nódulo
10.- Análisis redes CAD(II):	Tamaño 24x24
11.- Pulsar (I y II):	Mostrar Información
12.- Pulsar (I y II):	Nódulos en 3D

Figura 283. Primeros casos. Diapositiva 10. Ficha completa correspondiente al segundo caso de localización de nódulos en TC de tórax

El primero de los nódulos estaba adherido a la pared torácica del pulmón derecho, y a pesar de su pequeño tamaño, el sistema CAD lo localizó en dos planos de imagen diferentes (Figura 284):

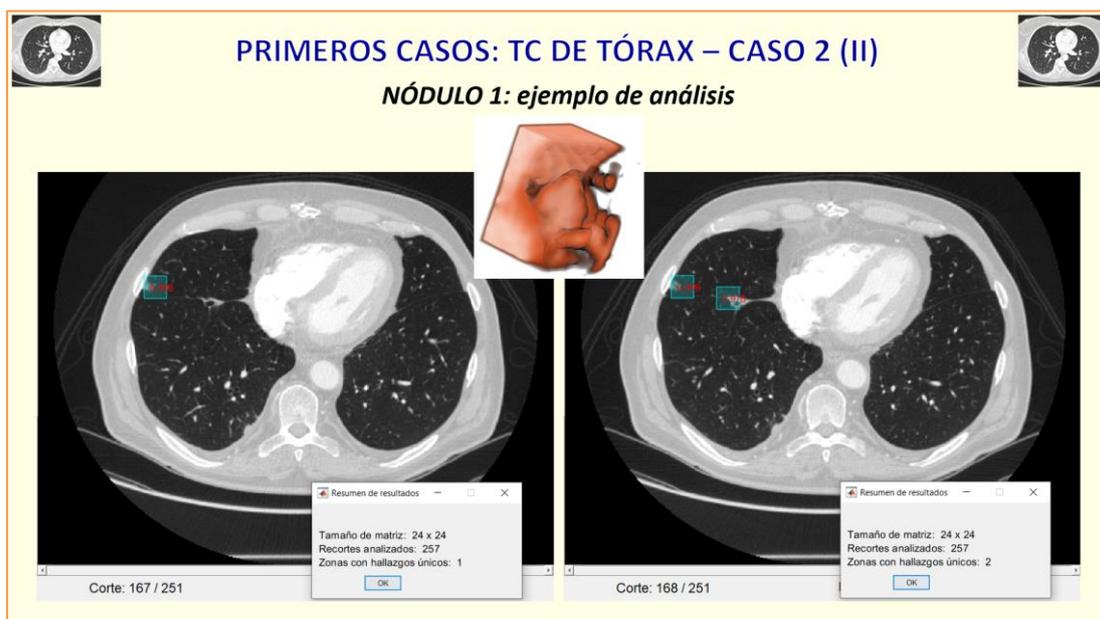


Figura 284. Primeros casos. Diapositiva 11 Ejemplo de análisis CAD para el primer nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24 en diferentes planos axiales

La detección del segundo, situado en el pulmón izquierdo, por el sistema CAD se muestra en la Figura 285 y en la Figura 286. La sensibilidad del sistema CAD es muy alta en las imágenes 178 y 179, siendo menos específico para la 177, por la similitud de dos regiones adyacentes con recortes de tipo nódulo.

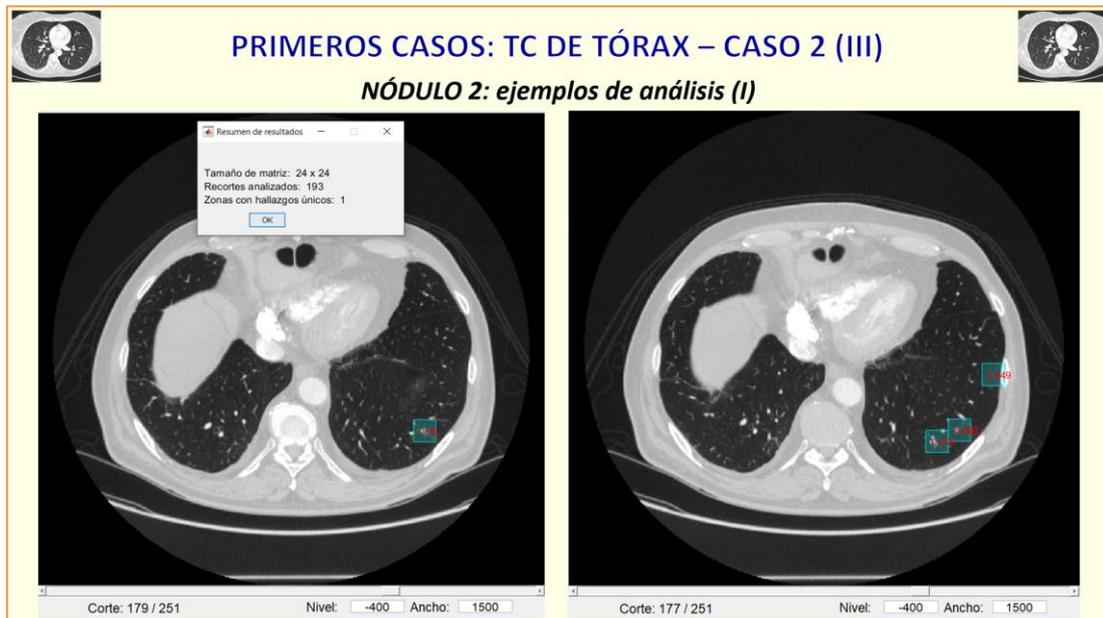


Figura 285. Primeros casos. Diapositiva 12. Ejemplo de análisis CAD para el segundo nódulo con un tamaño de recorte de 24 x 24 en diferentes planos axiales

En la Figura 286 se muestra además un ejemplo de vista tridimensional del nódulo en la que se aprecian las estructuras vasculares próximas a él:

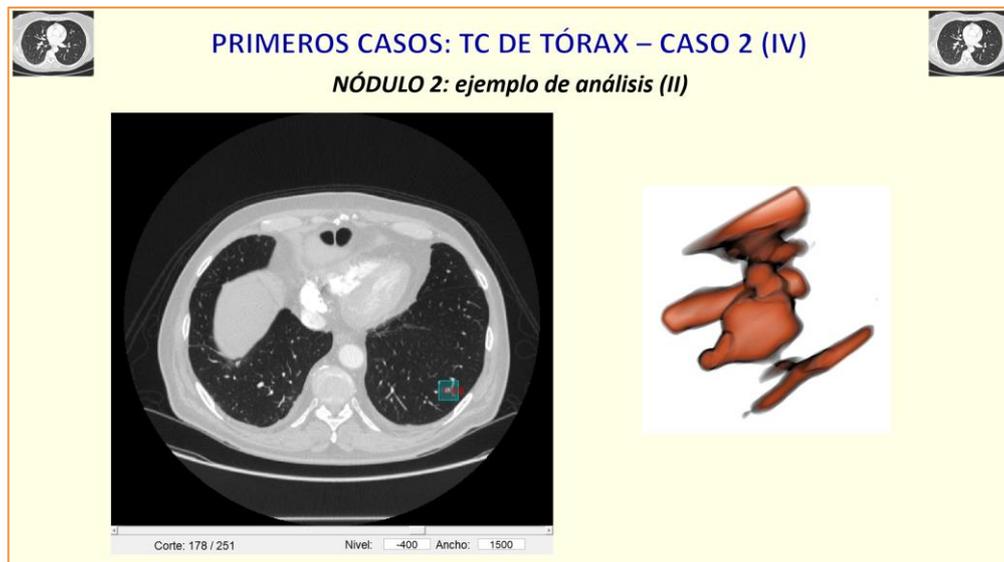


Figura 286. Primeros casos. Diapositiva 13. Vista del segundo nódulo en 3D, localizado por el sistema CAD en el corte número 178

6.4.4. Análisis de los primeros casos: mamografía

Para esta modalidad de imagen se analizaron dos casos iniciales cuyas fichas eran más detalladas, para que posteriormente los participantes analizaran los 14 casos restantes. Hay que tener en cuenta que este conjunto de casos fue abordado después de completar el bloque completo de TC de tórax, por lo que el manejo del software de los participantes era más fluido.

En la Figura 287 se puede observar el aspecto del monitor diagnóstico durante la utilización de la aplicación JORCAD para analizar un caso de mamografía. En la ventana de presentación de imágenes se muestra el resultado de un análisis efectuado mediante la red CNN de mamografía para el tamaño 128 x 128.

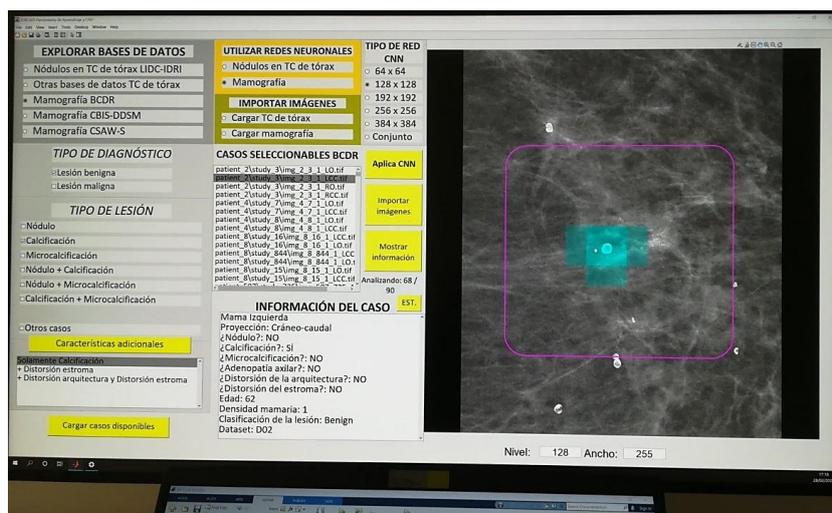


Figura 287. Punto de vista del participante durante el análisis de un caso de mamografía mediante la herramienta CAD

El primer caso pertenecía a la base de datos CSAW-S. En la ficha (Figura 288) se proporcionan los datos necesarios para localizar e importar las mamografías:

PRIMEROS CASOS: MAMOGRAFÍA – CASO 1 (I)

- 1.- Seleccione la base de datos: **CSAW-S**
- 2.- Tipo de diagnóstico: **Cáncer**
- 3.- Tipo de proyección: **Cráneo-caudal (CC)**
- 4.- Cargar casos disponibles: 
- 5.- Seleccionar el caso: **AD112_CC**
- 6.- Usar el botón: 

Figura 288. Primeros casos. Diapositiva 14. Ficha de presentación del primer caso de mamografía perteneciente a la base de datos CSAW-S

El software muestra en primer plano la proyección complementaria, sobre la que se puede hacer zoom y desplazamientos para explorar las zonas de interés (Figura 289). Disponer de ambas vistas permite a conocer la ubicación de las posibles lesiones y facilita su detección. Hasta que no se cierre la ventana emergente que contiene la proyección complementaria no se puede analizar la imagen problema, y acceder a todas las opciones de la interfaz de JORCAD. Utilizando el botón *Importar imágenes* podía volver a abrirse esta ventana.

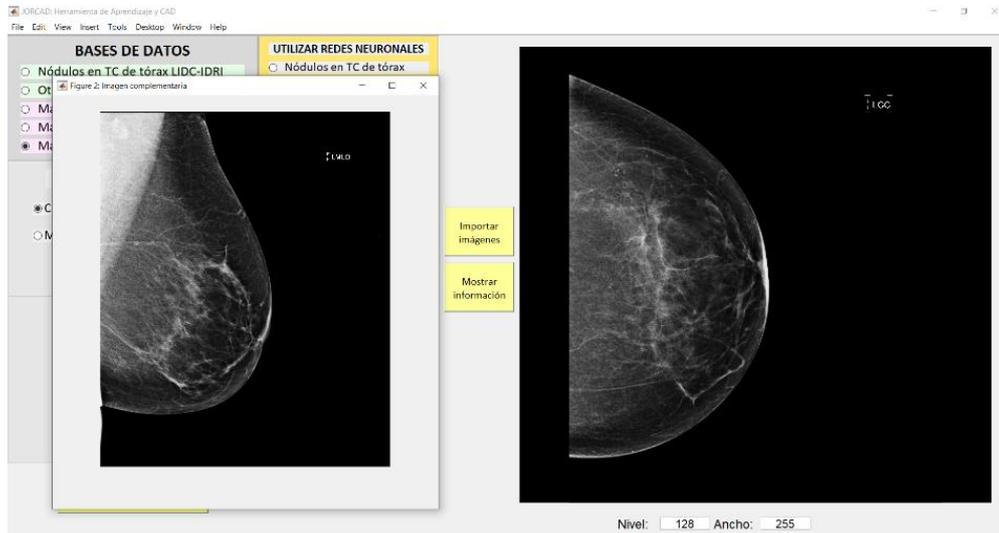


Figura 289. Presentación de las imágenes en pantalla tras pulsar *Importar imágenes*

Los participantes en la actividad examinaban en este momento la imagen complementaria, que sirve como guía para ubicar la localización de las posibles lesiones al disponer de una vista de la misma desde un ángulo diferente. En función del tamaño de la lesión, seleccionaban el tipo de red CNN para analizar la imagen (Figura 290).

Dependiendo de la base de datos considerada podían disponer de información a priori sobre el tipo de lesión a detectar, o bien no disponer de ningún dato.

PRIMEROS CASOS: MAMOGRAFÍA – CASO 1 (II)

7.- Examinar la imagen: **Ubicación de las posibles masas, nódulos, microcalcificaciones o combinaciones (tercios medio y posterior)**

¿Qué tipo de red utilizar para analizar la imagen?

- a) Guía: sospecha sobre el tamaño de la lesión según imagen explorada
- b) Usar la orientación con los recuadros mostrados en la parte superior de la imagen
- c) Cada red está especializada en tamaños de lesión iguales o inferiores a ella
- d) Las de mayor tamaño también detectan lesiones pequeñas

8.- Seleccionar: **Región de Interés (ROI) alrededor de la zona sospechosa**

9.- Análisis CAD: **Tamaño 128x128 o 64x64**

Interpretación del resumen de resultados

Interpretación de los resultados en pantalla

Figura 290. Primeros casos. Diapositiva 15. Consejos para explorar la imagen y elegir el tipo de red CNN más adecuado para analizar el caso

En la Figura 291 se muestra la ventana de selección de la zona a analizar (ROI o imagen completa) y cómo se muestra una ROI seleccionada mediante el ratón por el usuario en pantalla, antes de que JORCAD comience a procesar los recortes realizados:

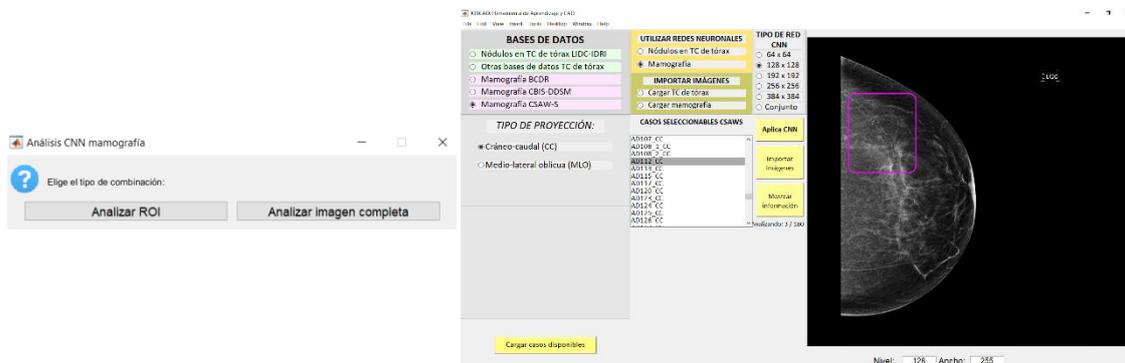


Figura 291. Ventana de selección de la región a analizar y ejemplo sobre la mamografía del primer caso

Una vez realizados los análisis CAD necesarios, se indicó cómo acceder a las segmentaciones y los datos asociados relativos al tipo de lesión y de caso (botón *Mostrar Información*), así como a la ventana en la que realiza el análisis estadístico de los valores de píxel de la lesión en la que se muestran su histograma y una vista ampliada de la misma (Figura 292).

PRIMEROS CASOS: MAMOGRAFÍA – CASO 1 (III)

11.- Localización y datos: Mostrar información

Muestra segmentaciones sobre la imagen

12. Pulsar: EST. **Histograma, estadísticas y vista ampliada de la lesión**

13. Responder: **Encuesta de valoración del caso**

Figura 292. Primeros casos. Diapositiva 16. Acceso a la información y segmentación asociada al caso y al histograma, estadísticas y vista ampliada de la lesión

Como primer ejemplo de análisis del caso, si se sitúa la ROI en una zona como la que se observa en la Figura 293, el sistema CAD efectúa dos hallazgos para la CNN de 128 x 128, uno de ellos simple y otro múltiple, que se corresponden con un verdadero positivo, ya que es la lesión segmentada por los expertos que anotaron la base de datos, y un falso positivo.

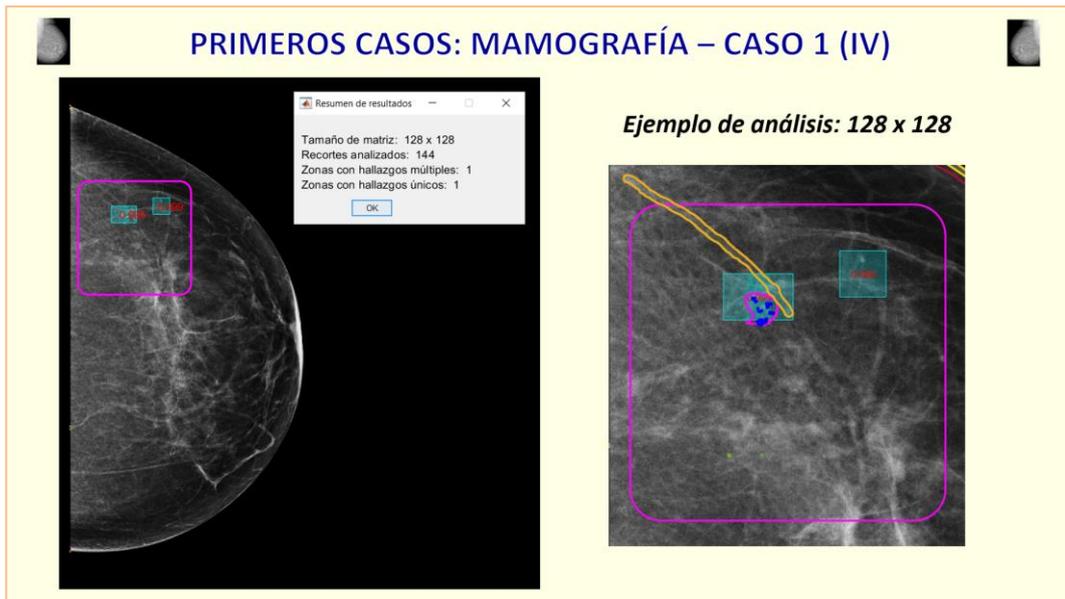


Figura 293. Primeros casos. Diapositiva 17. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 128 x 128

Un análisis con un menor tamaño de matriz (Figura 294) produce un mayor número de hallazgos, siendo algo menos específico que en el ejemplo anterior. En la zona que contiene la lesión confluyen 6 recortes clasificados como lesión por la red CNN, lo que indica una probabilidad muy alta de que contenga un hallazgo verdadero.

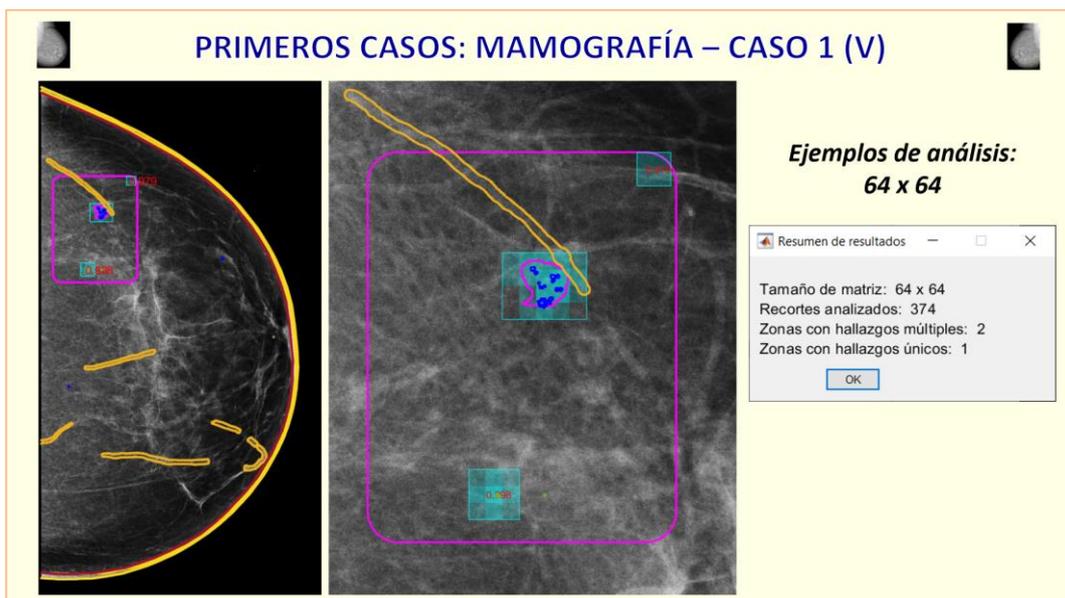


Figura 294. Primeros casos. Diapositiva 18. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 64 x 64

El tercer análisis, mostrado en la Figura 295, muestra dos hallazgos únicos. Debido al pequeño tamaño de la lesión, como muestran los parámetros calculados en la ventana derecha, la marca CAD se realiza únicamente en un recorte que la engloba completamente, produciéndose además la detección de un falso positivo. La lesión, de circularidad moderada y bastante

convexa, presenta una gran entropía debido a las múltiples microcalcificaciones que contiene. Los valores de píxel de las pequeñas regiones calcificadas se corresponden con la cola situada en la parte derecha del histograma.

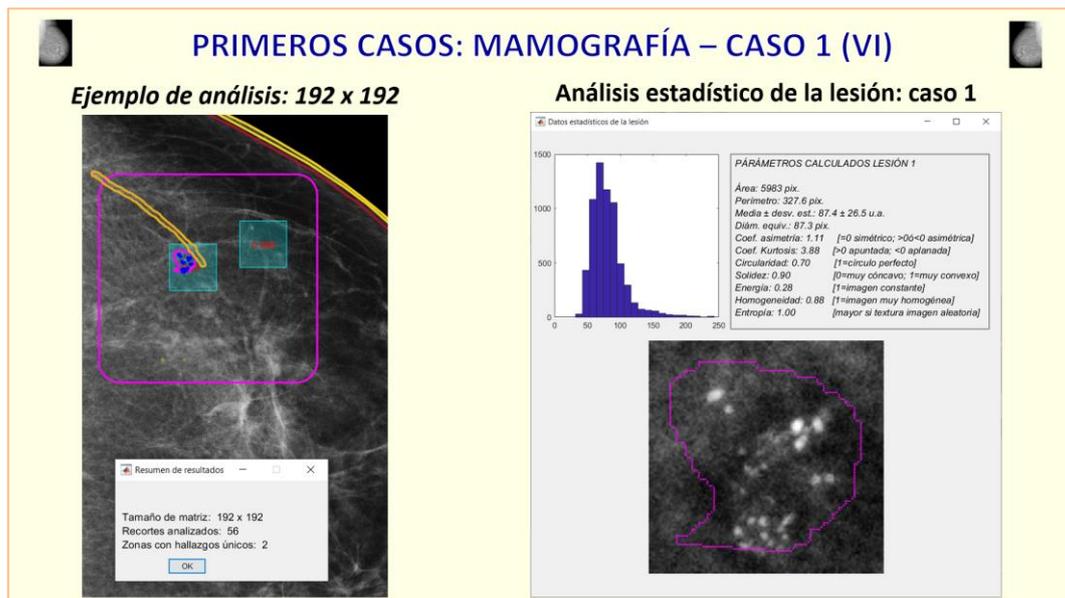


Figura 295. Primeros casos. Diapositiva 19. Ejemplo de análisis CAD con un tamaño de recorte de 192 x 192

La ficha del segundo de los casos de mamografía puede consultarse en la Figura 296. Su extensión era de una única dispositiva, una vez familiarizados los participantes con la metodología de análisis de casos. Correspondía con una calcificación benigna de pequeño tamaño, parcialmente formada y de difícil localización al tratarse de una mama densa y con una gran proporción de tejido glandular.



Figura 296. Primeros casos. Diapositiva 20. Ficha de presentación del segundo caso de mamografía

La Figura 297 presenta los resultados de varios análisis CAD realizados con tamaños de matriz pequeños y en diferentes ROIs, demostrando una muy buena sensibilidad y una buena especificidad.

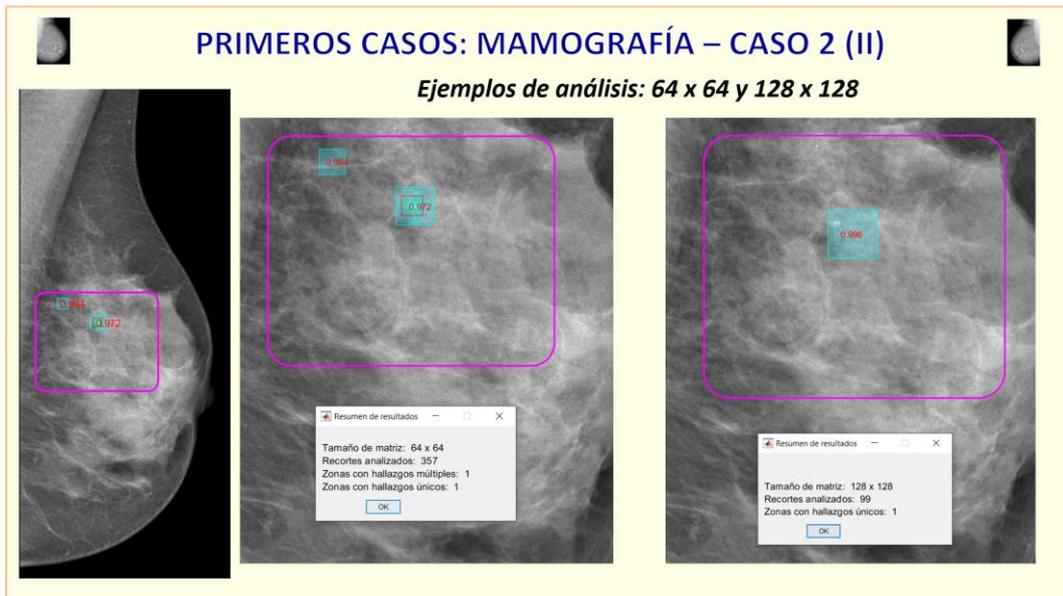


Figura 297. Primeros casos. Diapositiva 21. Ejemplos de análisis del caso 2 con tamaños de matriz de 64 x 64 y 128 x 128.

El mayor contenido proporcional en calcio con respecto al caso anterior se refleja claramente en la mayor cola del histograma en la zona de valores de píxel altos (ver Figura 298). Además, presenta una mayor circularidad y solidez y un coeficiente de curtosis negativo, propio de regiones con un histograma más tendente a la planitud que en el caso anterior.

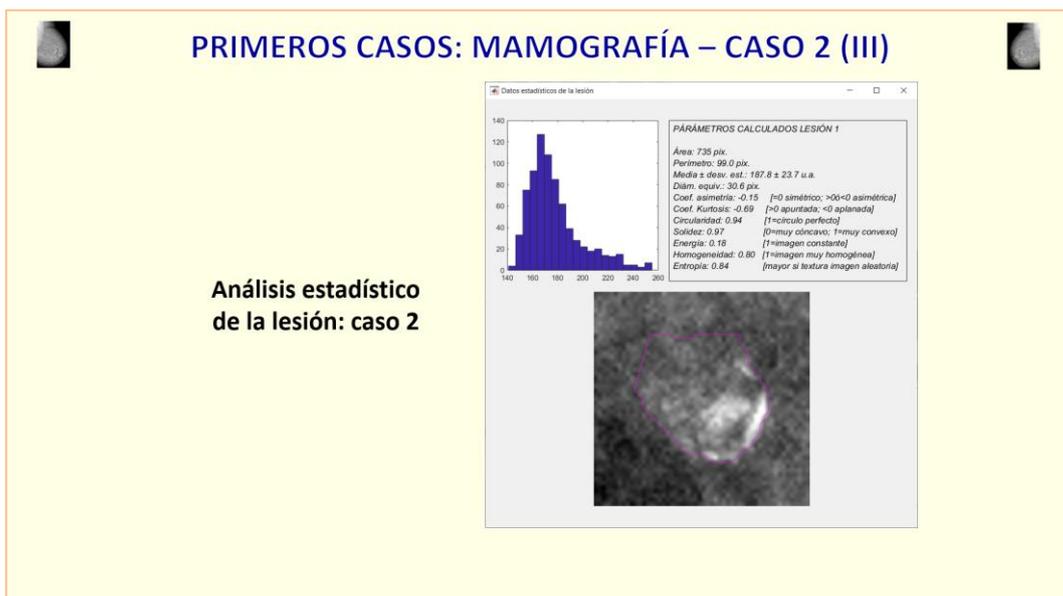


Figura 298. Primeros casos. Diapositiva 22. Ventana de análisis estadístico del caso 2

6.4.5. Análisis de casos de TC de tórax (casos 3 hasta 16)

Conviene recordar que como autor de esta Tesis Doctoral estuve presente en todo momento durante la realización de las sesiones prácticas de la actividad formativa junto a cada uno de los participantes para comentar cualquier duda que les surgiera sobre el uso de JORCAD o sobre otros aspectos relacionados con los casos planteados o el funcionamiento del sistema CAD.

El caso 3 fue analizado de forma autónoma por todos los participantes en la actividad. Pertenece a la base de datos *LIDC-IDRI* y tenía un diagnóstico asignado (ver Figura 299). Contenía dos zonas de interés, la primera de ellas con dos nódulos anotados y la segunda con otro nódulo, como se indica a los participantes en la ficha. Los tres nódulos eran de pequeño tamaño, y por tanto detectados con mayor sensibilidad por las redes de menor tamaño de matriz: 16 x 16 y 24 x 24.

	CASO 3: TC de tórax	
1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI	
2.- Tipo de caso:	Maligna o cáncer de pulmón primario	
3.- Tipo de caso:	Resección quirúrgica	
4.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0290	
5.- Explorar (I):	Cortes 85-95 (2 nódulos)	
6.- Seleccionar:	Corte intermedio de cada nódulo	
7.- Análisis redes CAD(I):	Tamaño 24x24 o 16x16	
8.- Explorar (II):	Cortes 105-110 (1 nódulo)	
9.- Análisis redes CAD(II):	Conjunto (nódulos pequeños)	
10.- Pulsar:	Mostrar Información	
11.- Pulsar:	Nódulos en 3D	

Figura 299. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 3

El primer nódulo, localizado en el pulmón izquierdo, fue localizado por el sistema CAD con diferentes tamaños de red, como se muestra en la Figura 300:

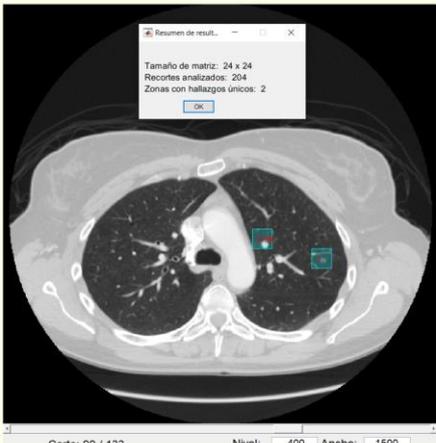
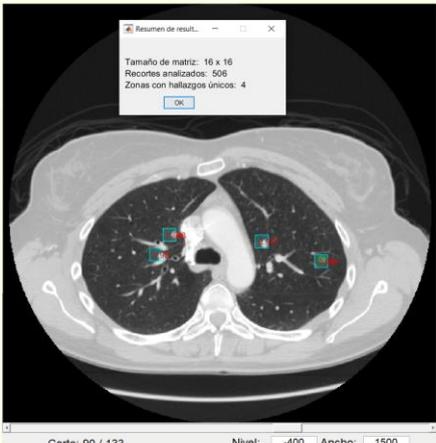
	NÓDULO 1: ejemplos de análisis	
		

Figura 300. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 1 con tamaños de matriz de 16 x 16 y 24 x 24

El segundo nódulo únicamente se visualizaba en un corte, y estaba ubicado en el pulmón derecho, próximo a la columna vertebral (Figura 301). La red de 16 x 16 le asignó una probabilidad el 96.4 % de que fuera un nódulo.

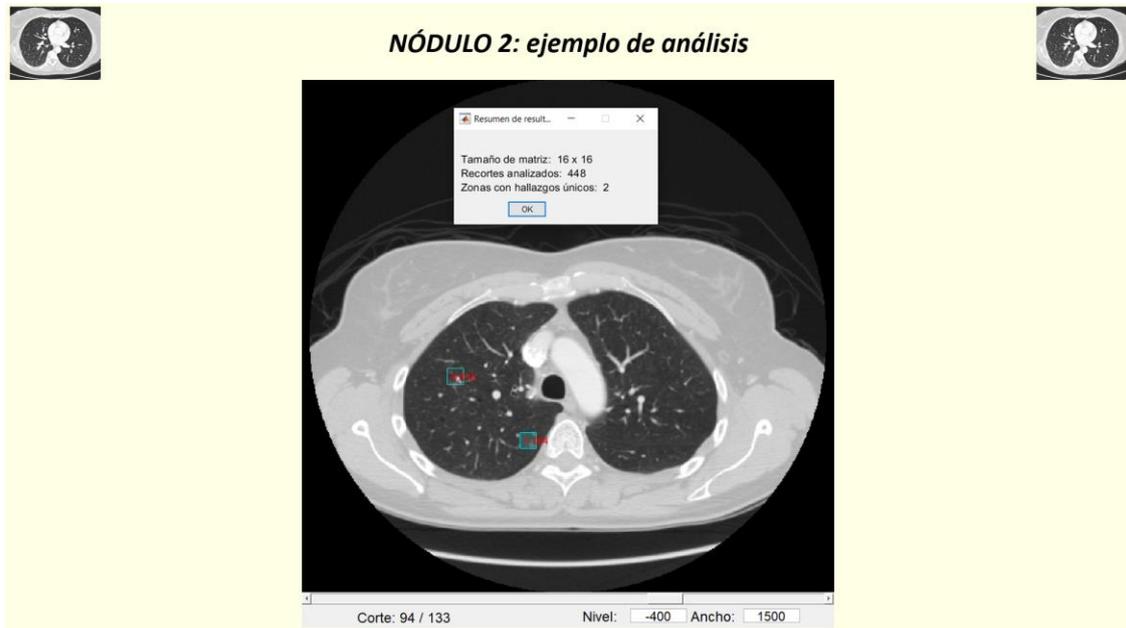


Figura 301. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 2

El tercer nódulo, ubicado en el lóbulo superior del pulmón derecho, fue localizado con una alta especificidad por el sistema CAD, como puede verse en la Figura 302:

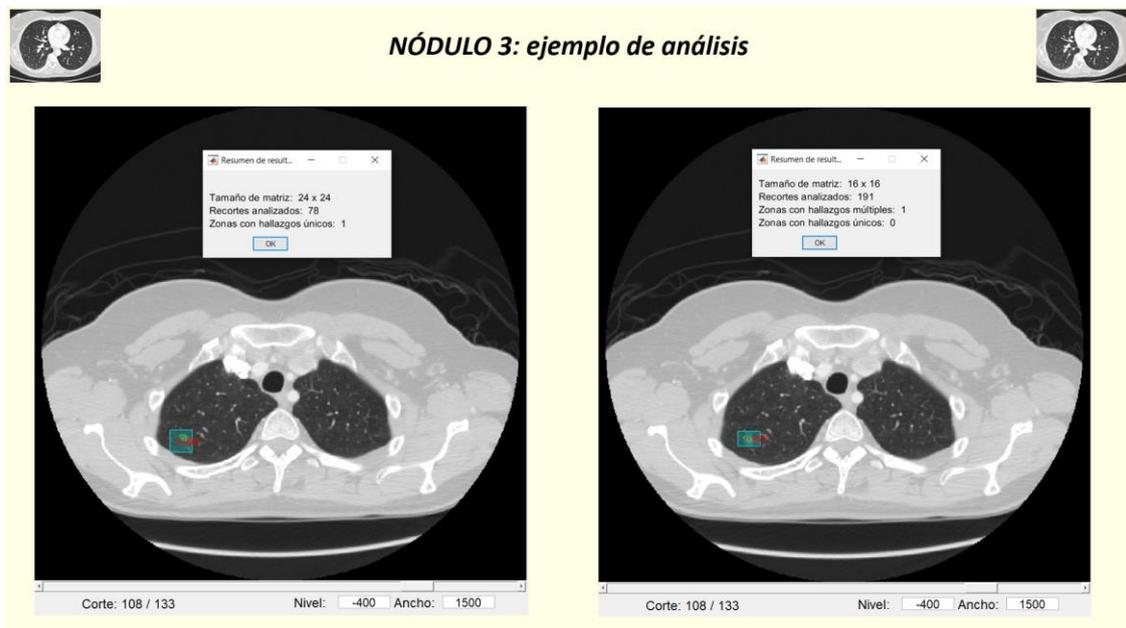


Figura 302. Casos TC de tórax. Caso 3: ejemplos de análisis del nódulo 3

El caso 4 fue diagnosticado como de tipo maligno metastásico. Los participantes tenían que localizar dos nódulos diferentes en un único grupo de 15 cortes junto con un nódulo adicional en otra zona (ver Figura 303).



CASO 4: TC de tórax



<ol style="list-style-type: none"> 1.- Base de datos: 2.- Tipo de diagnóstico: 3.- Método de diagnóstico: 4.- Cargar el caso: 4.- Explorar (I): 5.- Seleccionar (I): 6.- Análisis redes CAD (I): 7.- Explorar (II): 8.- Análisis redes CAD (II): 9.- Pulsar: 10.- Pulsar: 	<p>Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI</p> <p>Maligna metastásica</p> <p>Progresión o respuesta</p> <p>LIDC-IDRI-0091</p> <p>Cortes 90-100</p> <p>Corte intermedio del nódulo</p> <p>Tamaño 24x24</p> <p>Cortes 30-45 (2 nódulos)</p> <p>Tamaño 32x32 o 24x24</p> <p>Mostrar Información</p> <p>Nódulos en 3D</p>
--	---

Figura 303. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 4

El primero de los nódulos, próximo a una estructura vascular del pulmón derecho, podía detectarse con el sistema CAD en diferentes planos de imagen, como puede verse en la Figura 304 y en la Figura 305. En dos de los cortes analizados (números de imagen 94 y 96) el nódulo segmentado fue el único hallazgo del sistema CAD (con marcas superpuestas), mientras que en otra de las imágenes se produjo una detección adicional (falso positivo).



NÓDULO 1: ejemplos de análisis (I)





Corte: 96 / 197 Nivel: -400 Ancho: 1500



Corte: 95 / 197 Nivel: -400 Ancho: 1500

Figura 304. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

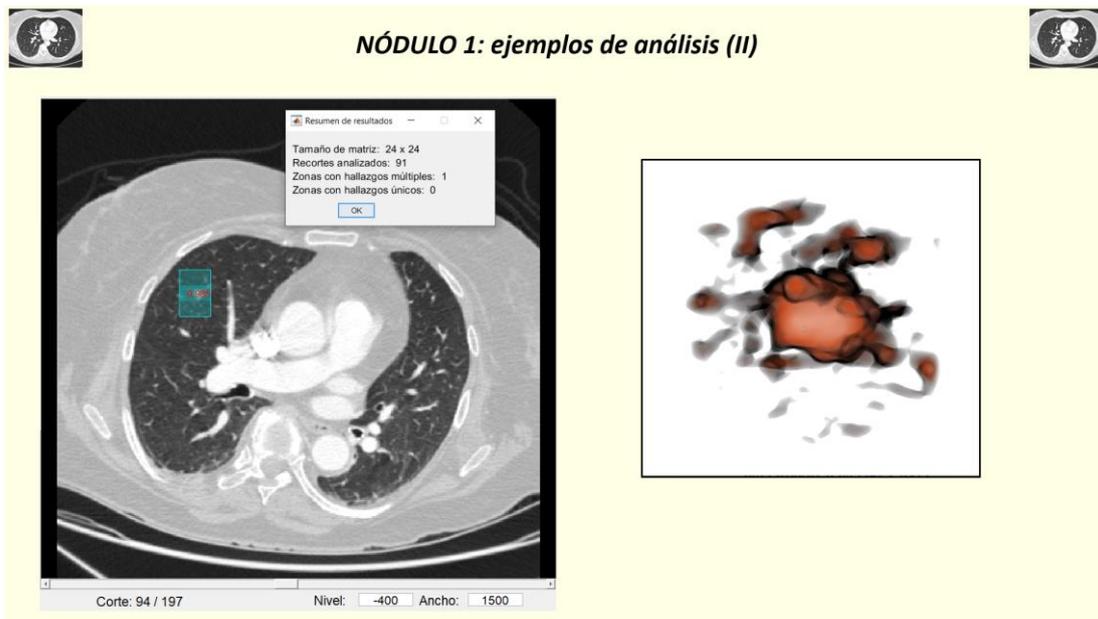


Figura 305. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

El segundo nódulo tenía una morfología muy diferente a otros nódulos estudiados hasta el momento, ya que su centro presentaba unos valores de UH muy bajos. El sistema CAD muestra una elevada sensibilidad de detección para tamaños de red intermedios como 24 x 24 y 32 x 32 en diferentes cortes, como puede apreciarse en la Figura 306, Figura 307 y Figura 308.

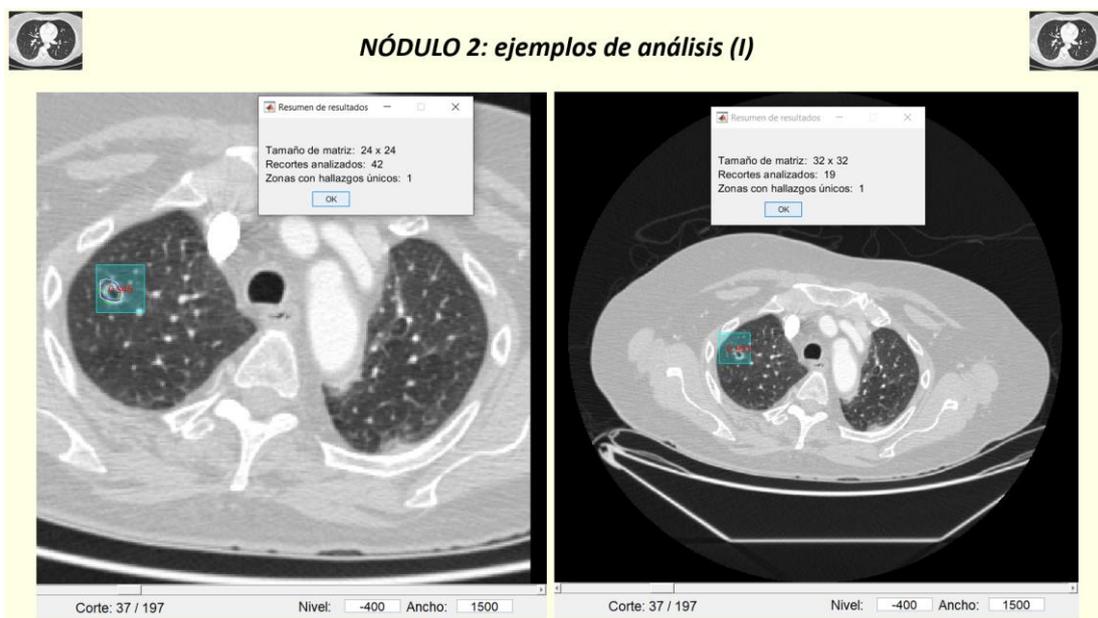


Figura 306. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (I)

Este nódulo fue segmentado por los cuatro expertos que anotaron la base de datos LIDC-IDRI.

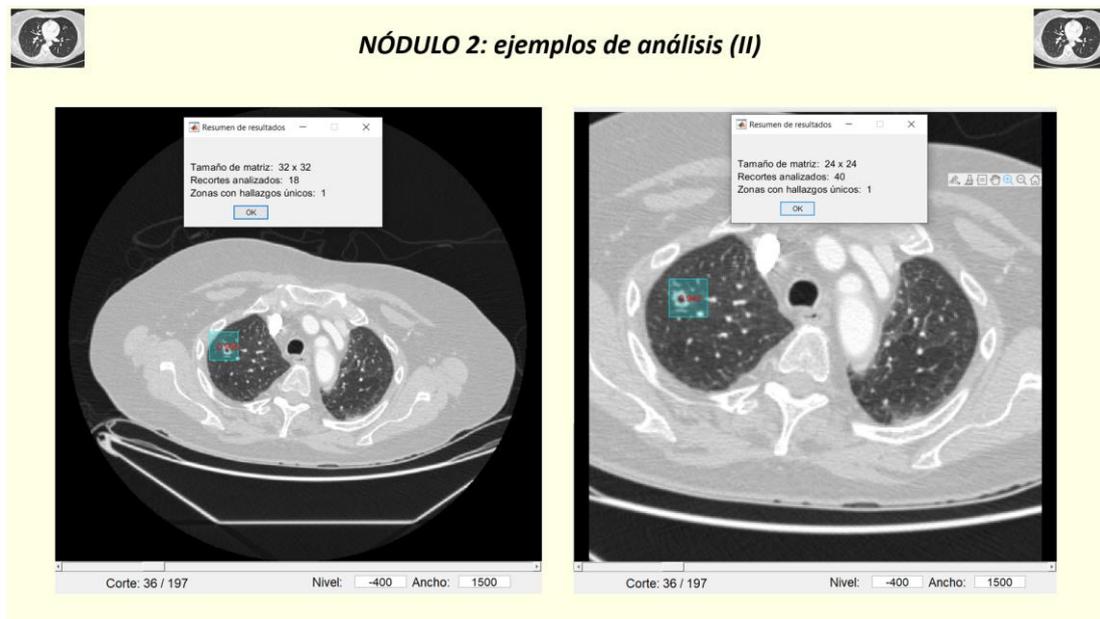


Figura 307. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (II)

En el corte 35, el nódulo fue detectado en dos recortes diferentes, como puede observarse en la parte izquierda de la Figura 308:

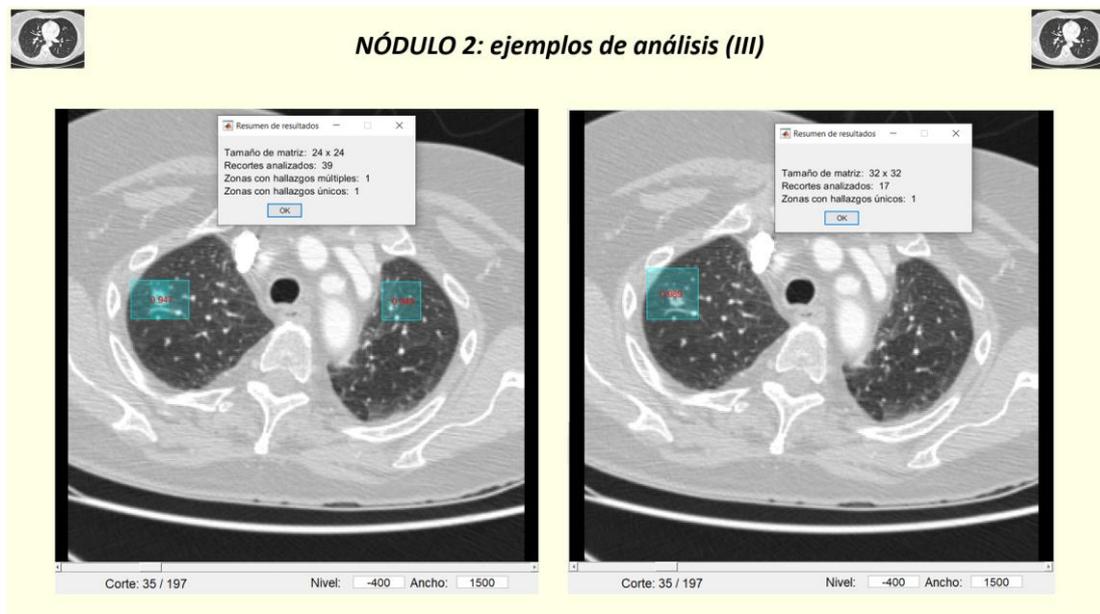


Figura 308. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 2 (III)

El tercer nódulo, localizado en la parte posterior del lóbulo superior derecho del pulmón derecho tenía una morfología y aspecto similar a otras estructuras presentes en las mismas imágenes, como puede apreciarse en la Figura 309.

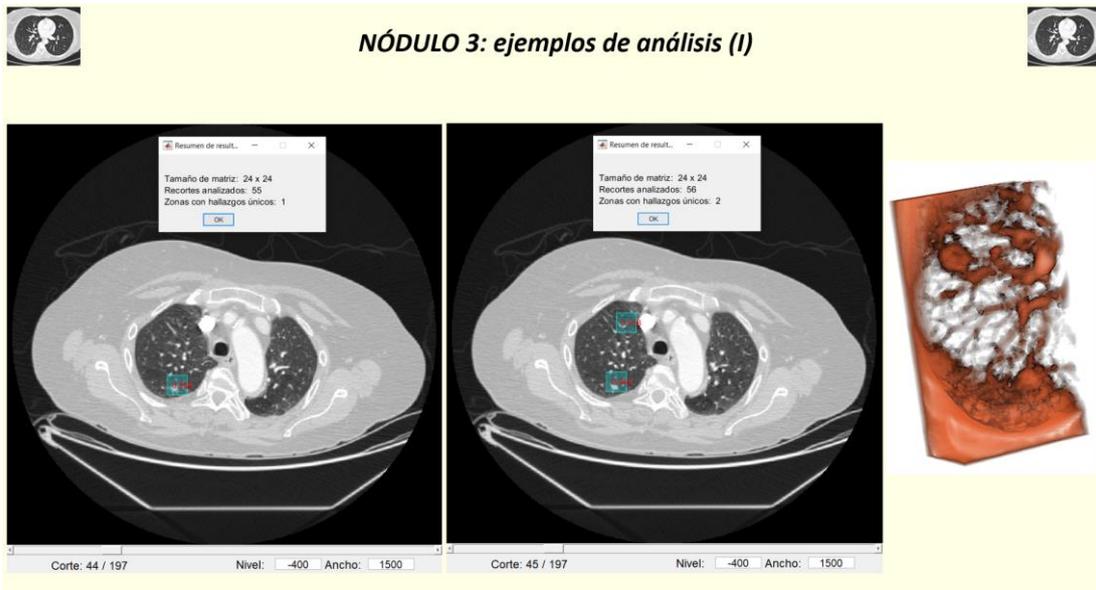


Figura 309. Casos TC de tórax. Caso 4: ejemplos de análisis del nódulo 3 (I)

El caso 5 pertenecía a la base de datos SPIE-AAPM y contenía 2 nódulos en diferentes localizaciones (Figura 310). Fue diagnosticado como cáncer de pulmón primario, lo que hace especialmente importante su localización para proceder a su tratamiento.



CASO 5: TC de tórax



1.- Base de datos:	SPIE-AAPM Lung CT Challenge
2.- Tipo de caso:	Cáncer de pulmón primario
3.- Cargar el caso:	LUNGx-CT004 (dos nódulos anotados)
4.- Explorar:	Cortes 72-87
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis redes CAD (I):	Tipo 32 x 32
7.- Explorar:	Cortes 30-50
8.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
9.- Análisis redes CAD (II):	Tipo Conjunto (tamaño intermedio)
10.- Pulsar:	Mostrar Información
11.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 310. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 5

La Figura 311 demuestra que, aunque el corte del nódulo no sea central, el sistema presenta una gran sensibilidad de detección. Se pueden observar detecciones realizadas en 6 planos de imagen diferentes para el nódulo 1 del caso.

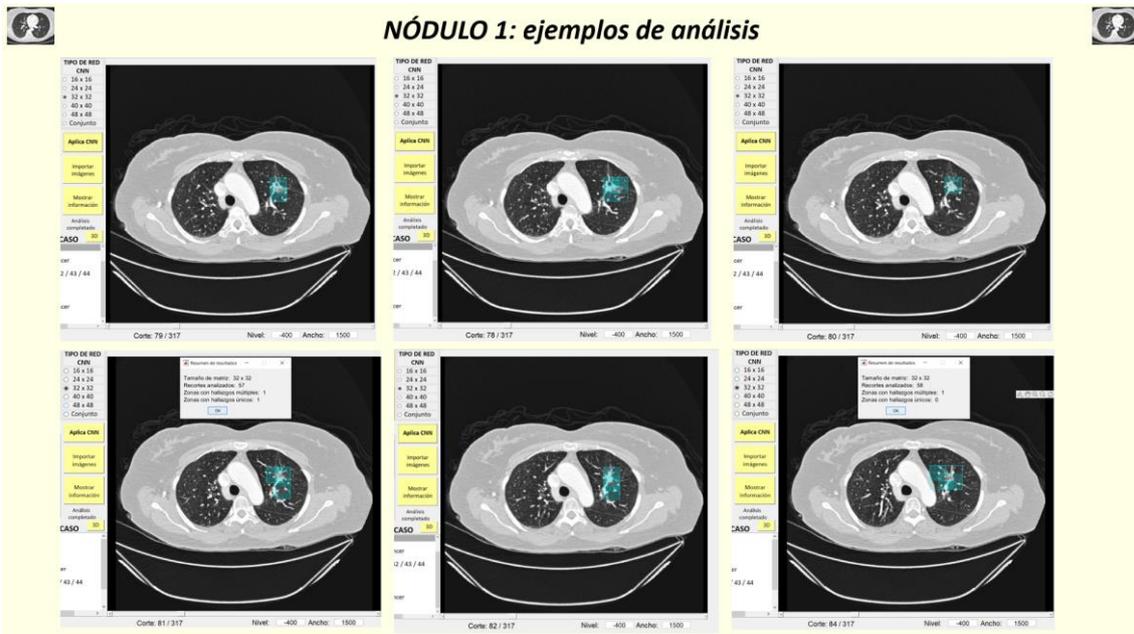


Figura 311. Casos TC de tórax. Caso 5: ejemplos de análisis del nódulo 1

El nódulo 2 es el de mayor tamaño de los presentados en la actividad. En la Figura 312 se muestra el resultado de su análisis con varias redes simultáneamente (*Análisis conjunto*), con un color diferente para cada tamaño, existiendo superposición en todos ellos. Las imágenes izquierda y central de la fila superior corresponden a nódulos grandes (2 tamaños de recorte), mientras que la central a nódulos de tamaño intermedio (tres análisis y por tanto colores diferentes).

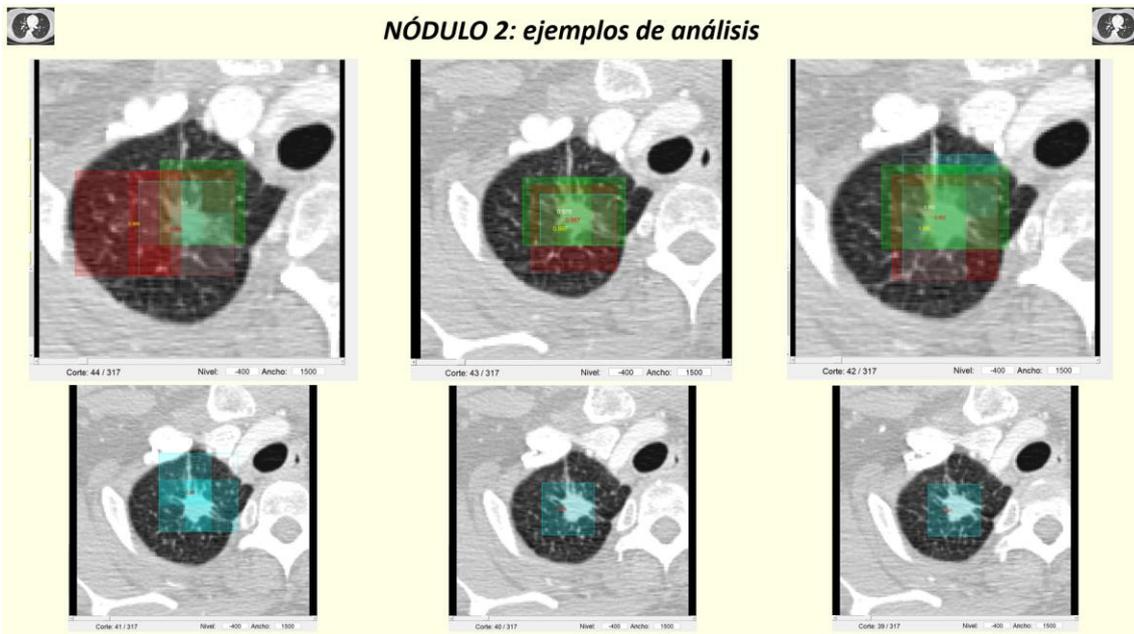


Figura 312. Casos TC de tórax. Caso 5: ejemplos de análisis del nódulo 2

El caso 6 también forma parte de la base de datos *SPIE-AAPM* y contiene un único nódulo benigno de pequeño tamaño, localizado en el pulmón derecho (Figura 313):



CASO 6: TC de tórax



- 1.- Base de datos: **SPIE-AAPM Lung CT Challenge**
- 2.- Tipo de Caso: **Nódulo benigno**
- 3.- Cargar el caso: **LUNGx-CT030**
- 4.- Explorar: **Cortes 100-110**
- 5.- Seleccionar: **Corte intermedio del nódulo**
- 6.- Análisis redes CAD: **Tipo 32x32, 24x24 o 16x16**
- 7.- Pulsar: **Mostrar Información**
- 8.- Pulsar: **Nódulos en 3D**

Figura 313. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 6

A pesar de su pequeño tamaño, la red CNN de tamaño 32 x 32 localiza el nódulo en diferentes cortes, con hallazgos que se solapan en varios de ellos, como puede apreciarse en la Figura 314.

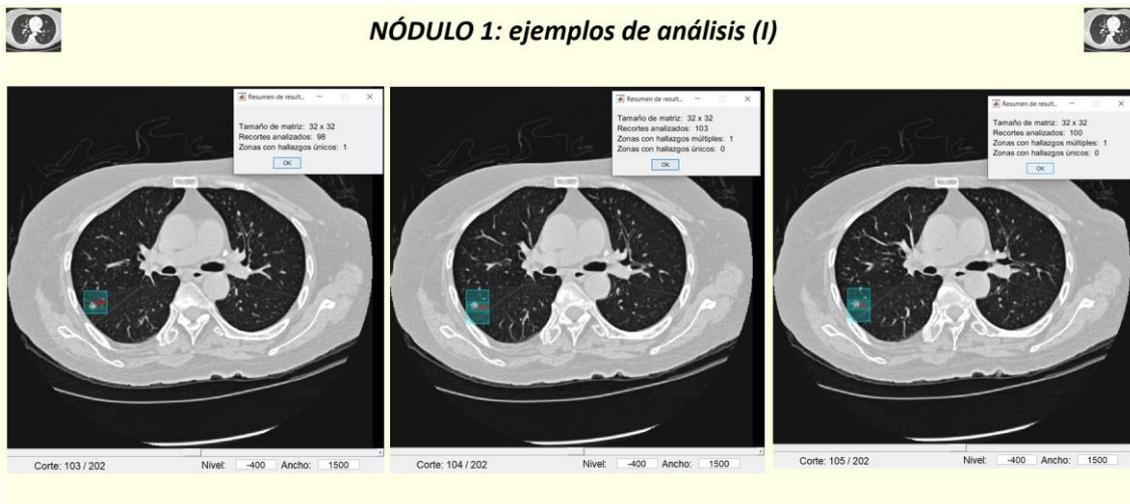


Figura 314. Casos TC de tórax. Caso 6: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

En la vista en 3D se aprecia cómo el nódulo está próximo a una estructura vascular (ver Figura 315), siendo también detectado por tamaños de red menores, como 24 x 24 y 16 x 16.

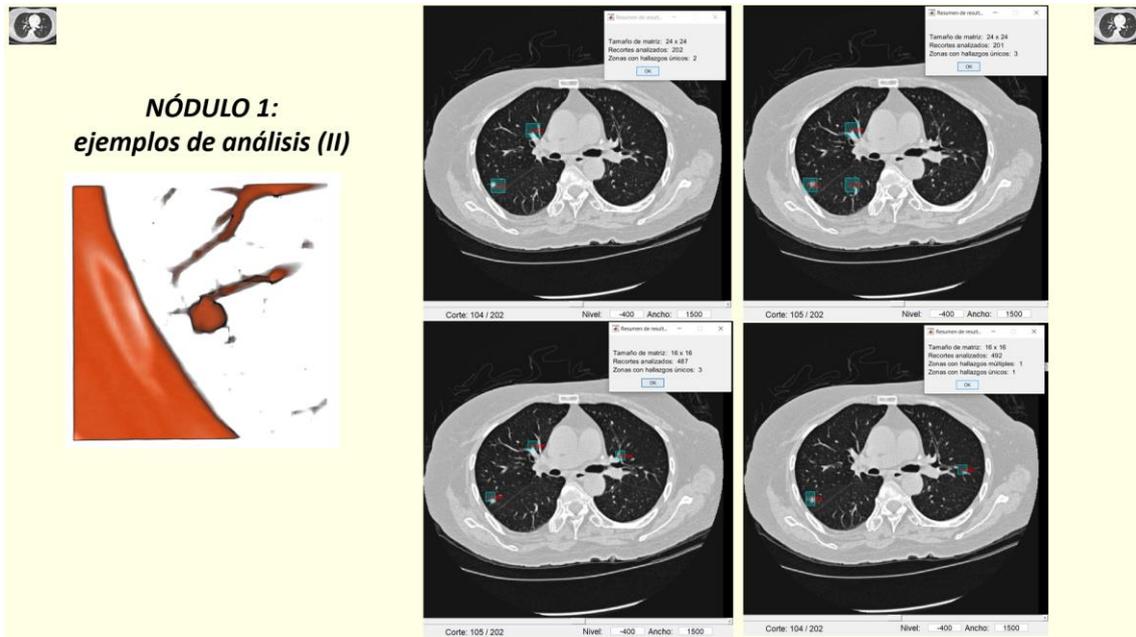


Figura 315. Casos TC de tórax. Caso 6: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

El caso 7, perteneciente a la base de datos LIDC-IDRI presentaba una mayor complejidad, al contener 4 nódulos (Figura 316), distribuidos en 3 grupos de cortes. Los participantes desconocían en cuál de los tres bloques existían 2 nódulos anotados, al formar parte del proceso de resolución del caso.



CASO 7: TC de tórax



<ol style="list-style-type: none"> 1.- Base de datos: 2.- Tipo de diagnóstico: 3.- Método de diagnóstico: 4.- Cargar el caso: 4.- Explorar: 5.- Seleccionar: 6.- Análisis redes CAD (I): 7.- Explorar: 8.- Seleccionar: 9.- Análisis redes CAD (II): 10.- Pulsar: 11.- Pulsar: 	<p>Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI</p> <p>Caso no diagnosticado</p> <p>Caso no diagnosticado</p> <p>LIDC-IDRI-0003 (4 nódulos anotados)</p> <p>Cortes 60-70</p> <p>Corte intermedio del nódulo</p> <p>Tipo 24x24 o 32x32</p> <p>Cortes 72-87</p> <p>Corte intermedio del nódulo</p> <p>Tipo 24x24</p> <p>Mostrar Información</p> <p>Nódulos en 3D</p>
--	--

Figura 316. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 7

El primer nódulo, de fondo oscurecido, tenía una morfología menos habitual en comparación con otros tipos de nódulos, a pesar de lo cual fue detectado por el sistema CAD en diferentes planos de imagen (Figura 317).

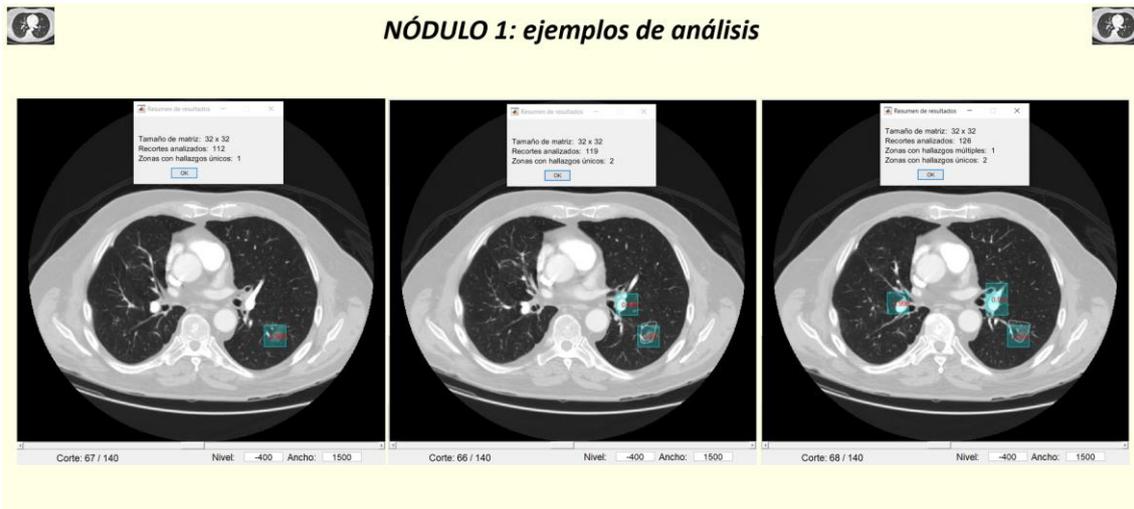


Figura 317. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis del nódulo 1

El segundo nódulo, de tamaño grande y bordes irregulares fue detectado por las redes de 40 x 40 y 48 x 48 con una alta probabilidad, muy cercana al 100% (ver Figura 318).

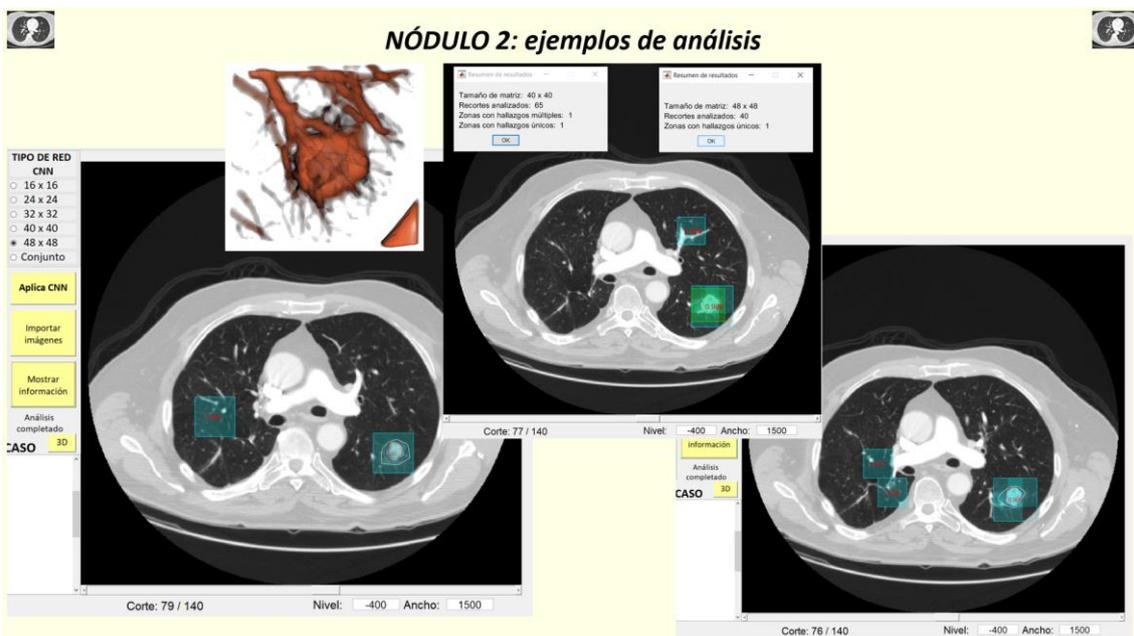


Figura 318. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis del nódulo 2

Los dos nódulos situados en la misma zona se visualizaban incluso simultáneamente en algunos de los cortes, como puede observarse en la parte izquierda de la Figura 319. Uno de ellos se encontraba adherido a la pared cardiaca, mientras que el otro lo estaba a la pared torácica del pulmón izquierdo. Otras zonas a revisar por su similitud con nódulos fueron marcadas, especialmente en las protuberancias en la pared torácica de la parte inferior del pulmón derecho.

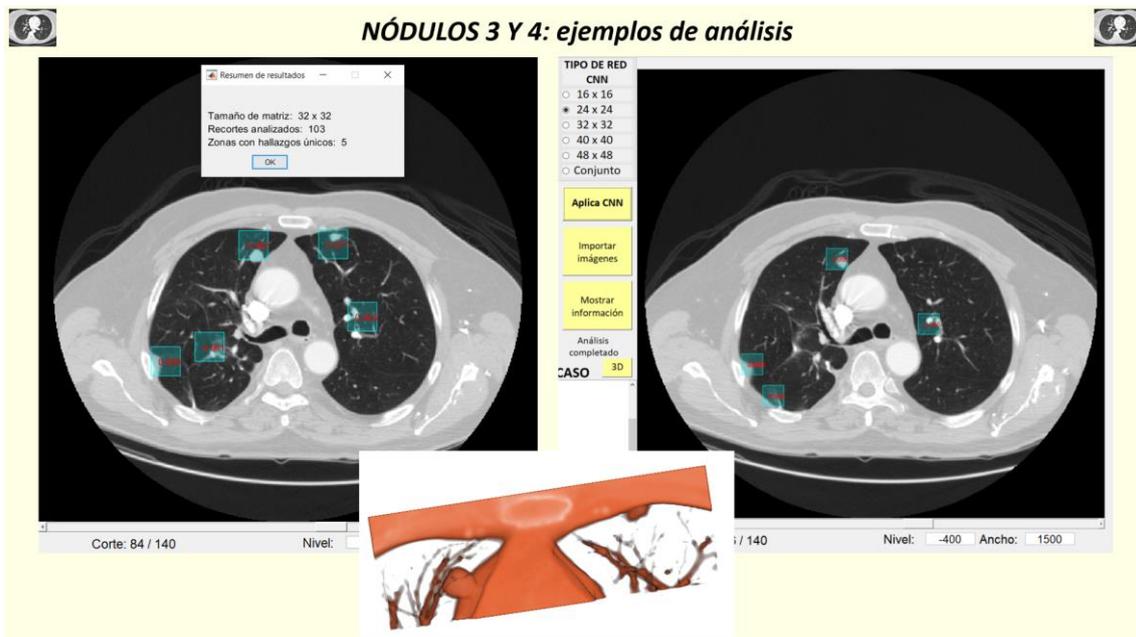


Figura 319. Casos TC de tórax. Caso 7: ejemplos de análisis de los nódulos 3 y 4

El caso 8, perteneciente a la base de datos *LIDC-IDRI* (Figura 320), contenía un único nódulo de pequeño tamaño, situado en el pulmón derecho y adherido a una estructura vascular, lo que dificultaba su localización. Fue detectado por las redes CNN de tamaño de recorte 32 x 32 y 40 x 40 en los dos cortes en que se visualizaba, demostrando una alta sensibilidad.



CASO 8: TC de tórax



1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de Diagnóstico:	Maligna o cáncer de pulmón primaria
3.- Método de diagnóstico:	Biopsia
4.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0522
4.- Explorar:	Cortes 170-190
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis CAD:	Tamaño 40x40 o 32x32
7.- Pulsar:	Mostrar Información
8.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 320. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 8

El nódulo fue detectado junto con otros recortes para el tamaño 32 x 32, sin embargo la probabilidad asociada al verdadero positivo fue la mayor (97.9%), como se observa en la Figura 321.

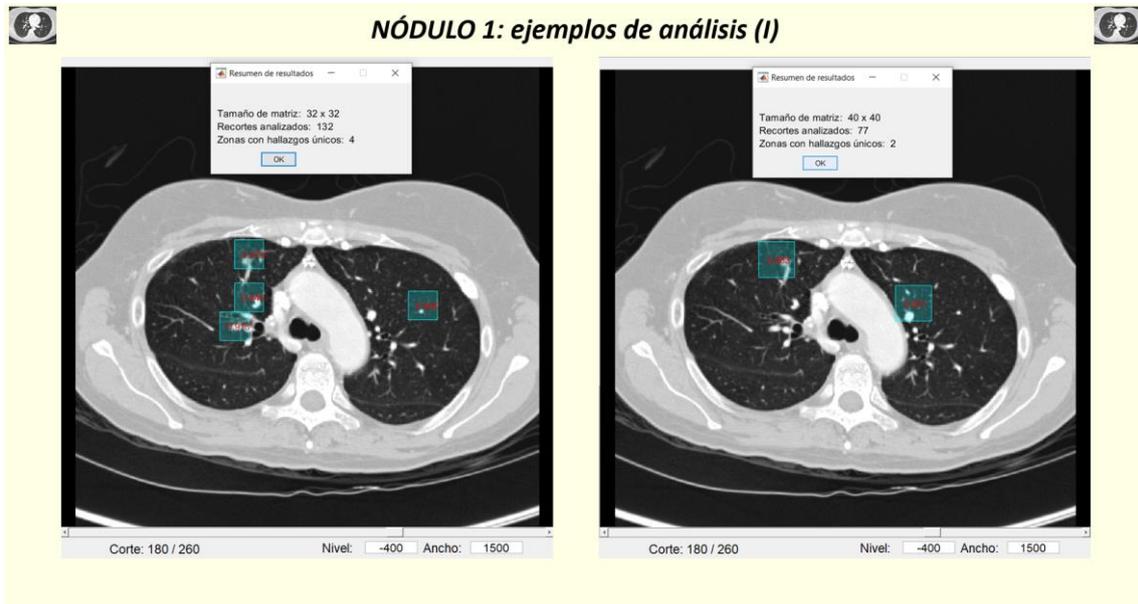


Figura 321. Casos TC de tórax. Caso 8 ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

Con tamaños de red intermedios y altos el sistema realizó el hallazgo del nódulo, pero también localizó un falso positivo, compatible con un pequeño nódulo circular (Figura 322).

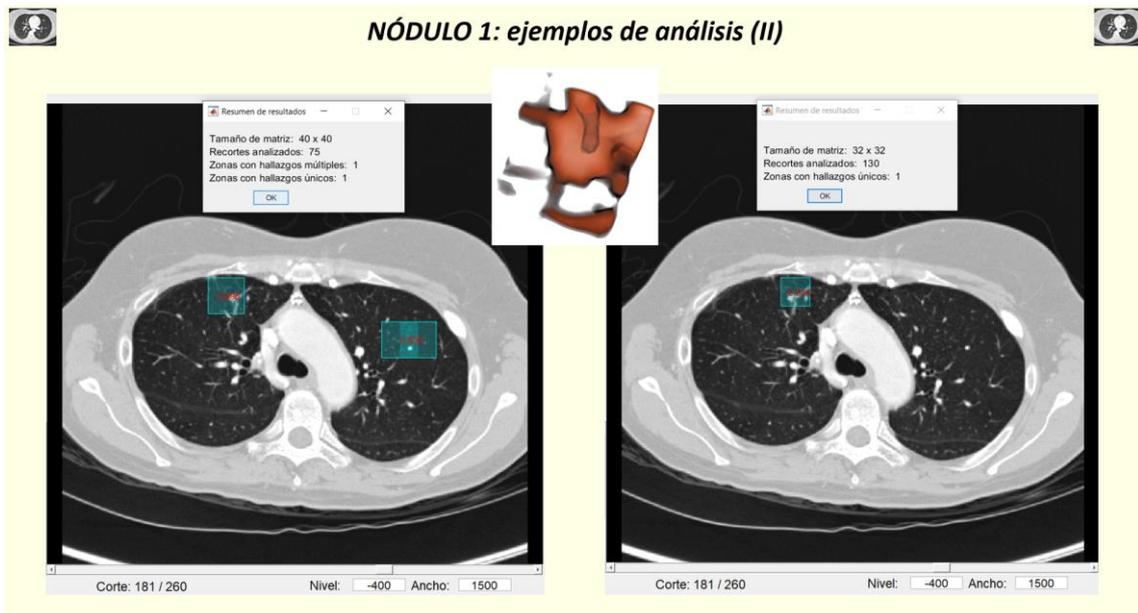


Figura 322. Casos TC de tórax. Caso 8: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

El número 9 es el único de la serie de 16 casos que pertenece a la base de datos *Lung PET-CT Diagnosis* (Figura 323). El paciente presenta un cáncer de pulmón en estadio T=1c con una lesión anotada en el pulmón derecho.



CASO 9: TC de tórax



1.- Base de datos:	Otras bases de datos de TC de tórax LUNG-PET-CT Diagnosis
2.- Tipo de caso:	Estadificación T=1c
3.- Cargar el caso:	A0086_T-1c_N-0_M-0_ (1 lesión anotada)
4.- Explorar:	Cortes 20-30
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis redes CAD:	Tipo 32x32 y Conjunto (nód. intermedios)
7.- Pulsar:	Mostrar Información
8.- Pulsar:	Nódulos en 3D
9.- Explorar:	Cortes 45-55
10.- Análisis redes CAD:	Tipo 24x24 o 32x32

Figura 323. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 9

El sistema CAD localiza la lesión independientemente del tamaño de recorte seleccionado, como puede verse en la Figura 324 para tamaños de matriz de 32 x32 y 40 x 40. Observar la forma irregular de los bordes de la lesión en la vista en 3D:



NÓDULO 1: ejemplos de análisis (I)



TIPO DE RED:

- CNN
- 16 x 16
- 24 x 24
- 32 x 32
- 40 x 40
- 48 x 48
- Conjunto

Aplica CNN

Importar imágenes

Mostrar información

Análisis completado

CASO 3D

TIPO DE RED:

- CNN
- 16 x 16
- 24 x 24
- 32 x 32
- 40 x 40
- 48 x 48
- Conjunto

Aplica CNN

Importar imágenes

Mostrar información

Análisis completado

CASO 3D

TIPO DE RED:

- CNN
- 16 x 16
- 24 x 24
- 32 x 32
- 40 x 40
- 48 x 48
- Conjunto

Aplica CNN

Importar imágenes

Mostrar información

Análisis completado

CASO 3D



Figura 324. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

La utilización del análisis conjunto, en el caso de la Figura 325 para nódulos intermedios, refuerza la confianza del usuario en el CAD, debido al marcaje simultáneo de la zona de interés por las diferentes redes:

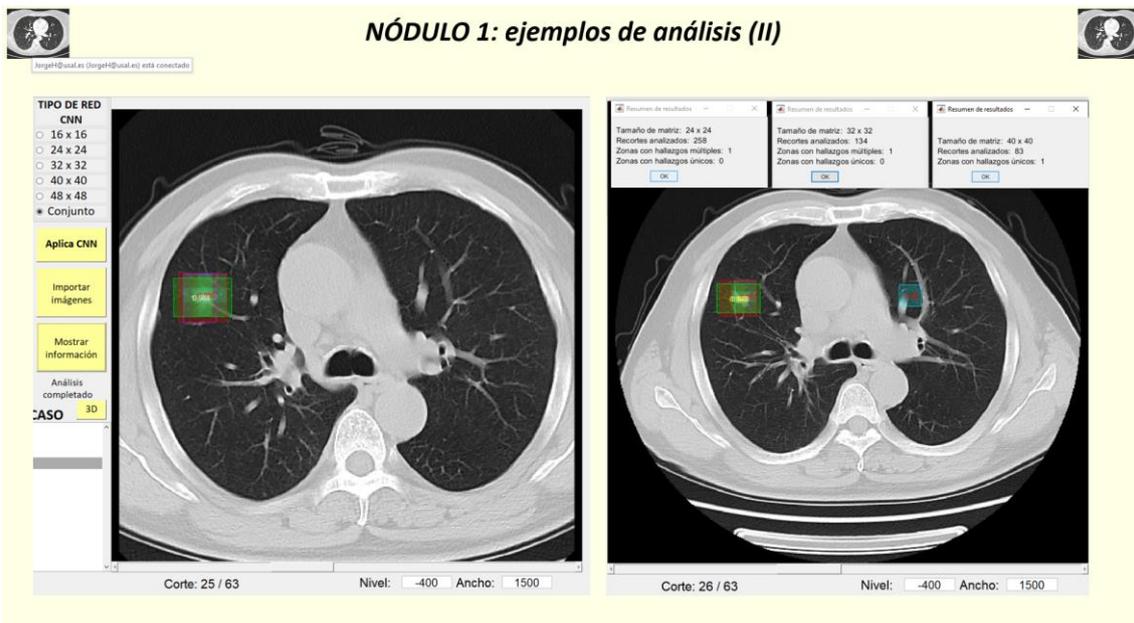


Figura 325. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

Aunque no estaba anotado originalmente en la base de datos, al no ser la lesión cancerosa confirmada mediante biopsia, el paciente presentaba otro nódulo en la región caudal del pulmón izquierdo, muy próximo a la pared torácica. En la Figura 326 puede apreciarse cómo es localizado por el CAD con una alta probabilidad asociada:

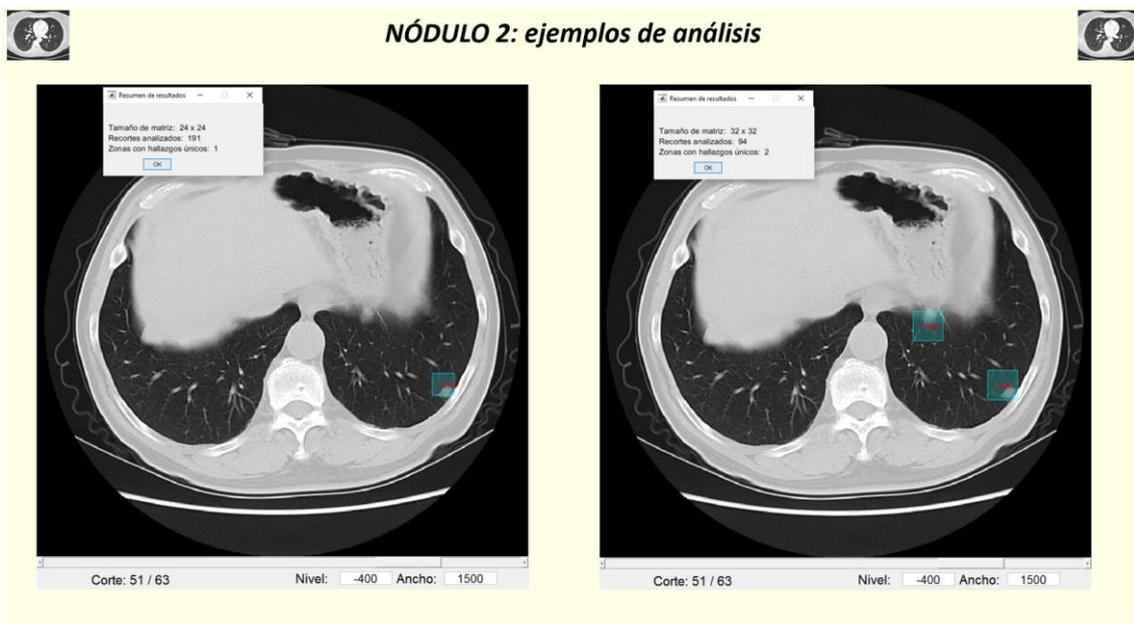


Figura 326. Casos TC de tórax. Caso 9: ejemplos de análisis del nódulo 2

Debido a la complejidad del caso 10, con 4 lesiones anotadas, es el único cuya ficha de presentación se divide en dos diapositivas. En la primera (Figura 327) se informa del tipo e identificación del caso y la zona que contiene el primer nódulo.



CASO 10: TC de tórax (I)



1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de diagnóstico:	Caso no diagnosticado
3.- Método de diagnóstico:	Caso no diagnosticado
3.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0628 (4 lesiones anotadas)
4.- Explorar:	Cortes 80-90
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis redes CAD:	Tipo 24x24

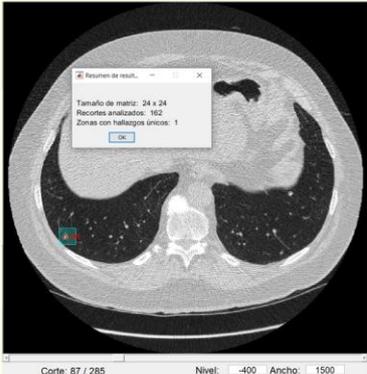
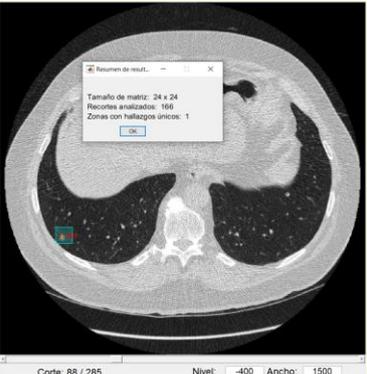
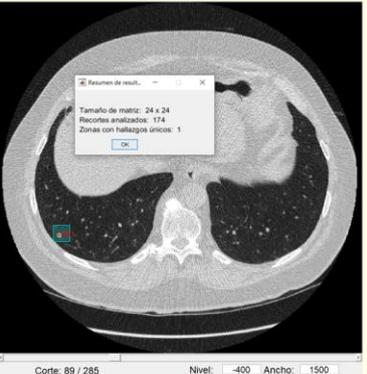
Figura 327. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 10 (I)

En la Figura 328 se observa cómo es localizado por las redes CNN en tres imágenes diferentes con un tamaño de 24 x 24. El espesor de corte utilizado en la reconstrucción de imágenes en este estudio TC es muy fino.



NÓDULO 1: ejemplos de análisis



Corte: 87 / 285 Nivel: -400 Ancho: 1500
Corte: 88 / 285 Nivel: -400 Ancho: 1500
Corte: 89 / 285 Nivel: -400 Ancho: 1500

Figura 328. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 1

Los otros tres nódulos del caso se referencian en la Figura 329, encontrándose uno de ellos en el intervalo de imágenes de la 140 hasta la 145, mientras que los otros dos pertenecen al 160-175.



CASO 10: TC de tórax (II)



- | | |
|--------------------------|-----------------------------|
| 7.- Explorar: | Cortes 140-145 |
| 8.- Seleccionar: | Corte intermedio del nódulo |
| 9.- Análisis redes CAD: | Tipo 16x16 |
| 10.- Explorar: | Cortes 160-175 (2 nódulos) |
| 11.- Seleccionar: | Corte intermedio del nódulo |
| 12.- Análisis redes CAD: | Tipo 32x32 |
| 13.- Seleccionar: | Corte intermedio del nódulo |
| 14.- Análisis redes CAD: | Tipo 24x24 |
| 15.- Pulsar: | Mostrar Información |
| 16.- Pulsar: | Nódulos en 3D |

Figura 329. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 10 (II)

El nódulo 2 se localiza en la pared costal del pulmón derecho, y es uno de los de menor tamaño que pueden encontrarse en los casos incluidos en la actividad formativa (ver Figura 330), por lo que se analizó con un tamaño de recorte de 16 x 16:



NÓDULO 2: ejemplos de análisis

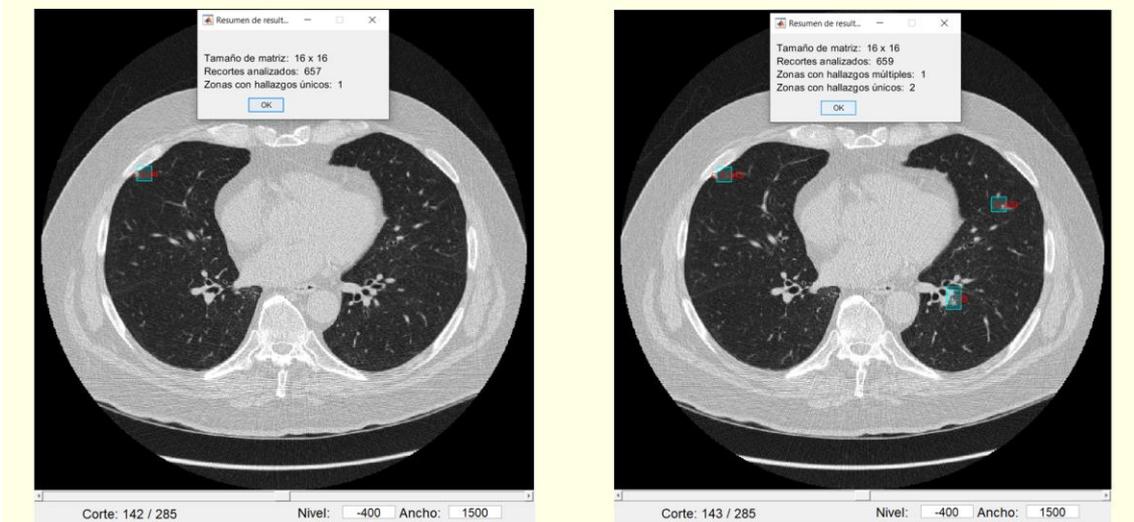


Figura 330. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 2

El tercero, de tamaño intermedio, fue detectado de forma óptima mediante redes de tamaño 24 x 24 y 32 x 32. En los tres casos mostrados en la Figura 331 se produjeron hallazgos múltiples del CAD en la zona del verdadero positivo (pulmón derecho):

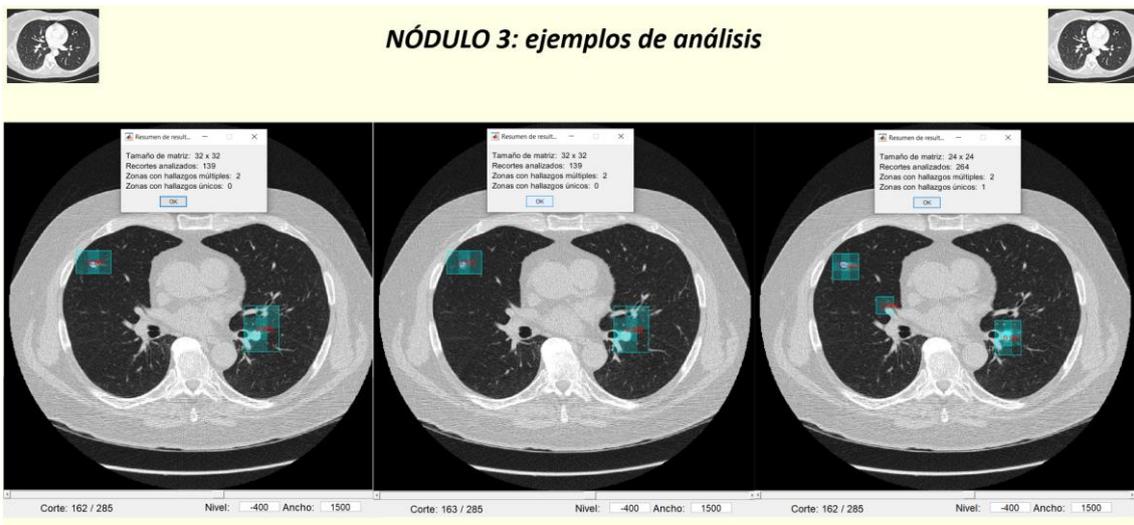


Figura 331. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 3

En la Figura 332 se presentan dos ejemplos de análisis para el cuarto y último nódulo del caso, cuya sutileza a la hora de ser detectado era bastante elevada al no presentar unos bordes bien definidos:

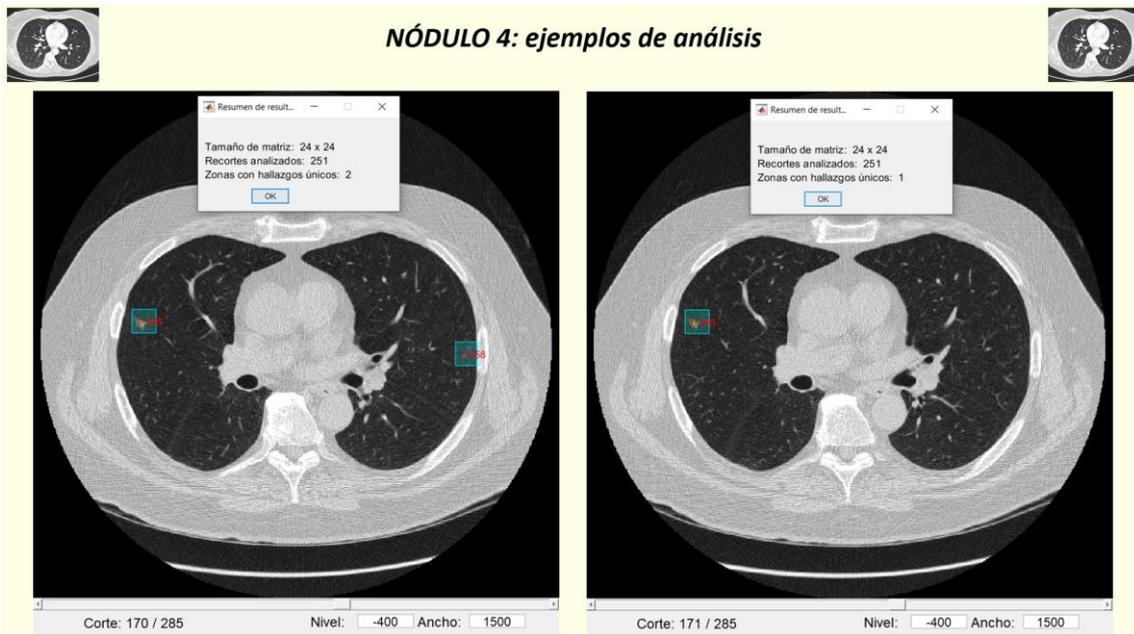


Figura 332. Casos TC de tórax. Caso 10: ejemplos de análisis del nódulo 4

El caso 11 incluye un nódulo diagnosticado como benigno o no-maligno de la base de datos LIDC-IDRI, y que ha permanecido estable durante diferentes revisiones radiológicas (Figura 333). Además de él, los participantes tenían que localizar otros dos de menor tamaño.



CASO 11: TC de tórax



1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de diagnóstico:	Enfermedad benigna o no-maligna
3.- Método de diagnóstico:	Revisión Radiológica. Nódulo estable.
3.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0171
4.- Explorar:	Cortes 20-30
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis redes CAD:	Tipo 32x32 y Conjunto (nód. intermedios)
7.- Explorar:	Cortes 35-45
8.- Análisis redes CAD:	Tipo 16x16 o 24x24
9.- Explorar:	Cortes 45-55
10.- Análisis redes CAD:	Tipo 32x32 o 16x16
11.- Pulsar:	Mostrar Información
12.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 333. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 11

Debido a su tamaño, el primer nódulo puede visualizarse en diferentes cortes. Su análisis mediante redes de 40 x 40, además de localizar el VP (con una probabilidad del 100%), produce otros hallazgos que deben ser descartados (Figura 334).



NÓDULO 1: ejemplos de análisis



TIPO DE RED CNN

- 16 x 16
- 24 x 24
- 32 x 32
- 40 x 40
- 48 x 48
- Conjunto



Figura 334. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 1

El nódulo 2 fue segmentado por los cuatro expertos que anotaron la base de datos *LIDC-IDRI*, mostrándose 3 ejemplos de su detección por el sistema CAD en la Figura 335.

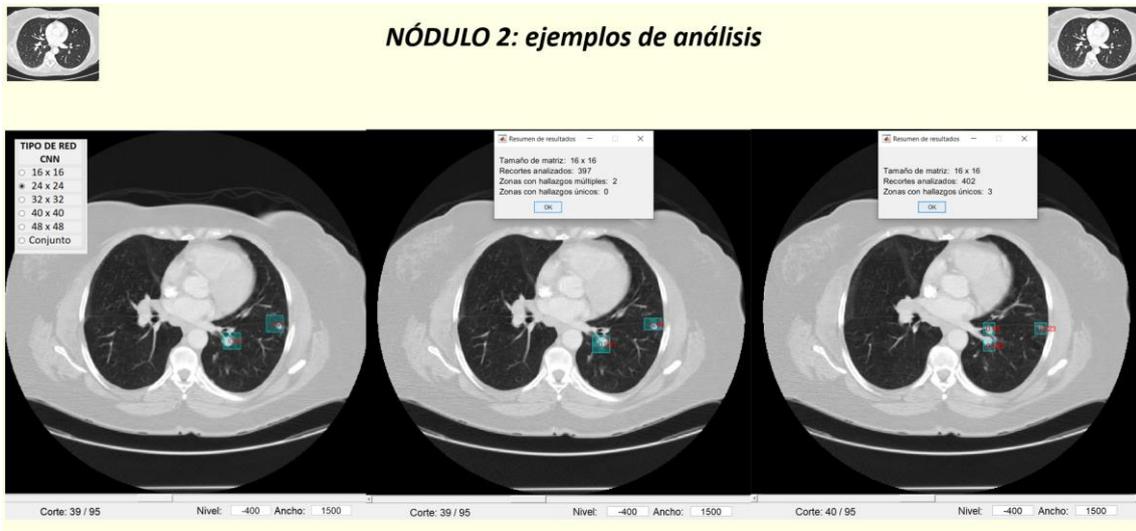


Figura 335. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 2

La apariencia del tercer nódulo, si se tiene en cuenta su entorno varía mucho entre los dos cortes en que se visualiza, estando aislado en la imagen 49 o unido al extremo de un vaso en la imagen número 50. En ambos casos es detectado por las redes CNN del sistema CAD con diferentes tamaños de matriz (Figura 336).

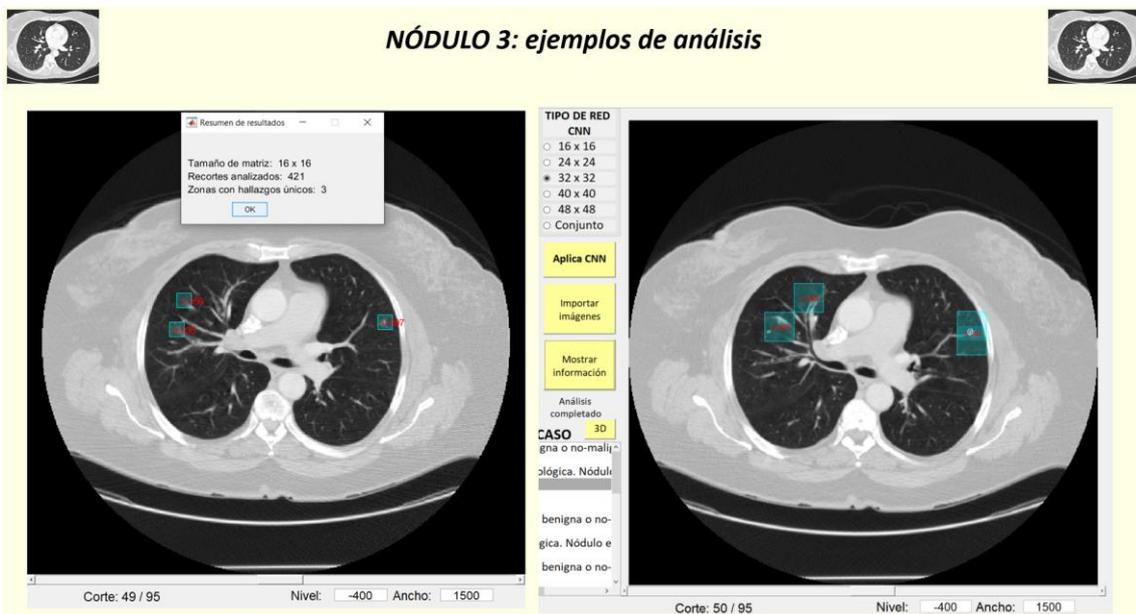


Figura 336. Casos TC de tórax. Caso 11: ejemplos de análisis del nódulo 3

El caso 12, de *SPIE-AAPM Lung CT Challenge*, incluye un único nódulo benigno anotado, como puede apreciarse en la Figura 337:



CASO 12: TC de tórax



1.- Base de datos:	SPIE-AAPM Lung CT Challenge
2.- Tipo de Caso:	Nódulo benigno
3.- Cargar el caso:	LUNGx-CT023
4.- Explorar:	Cortes 55-65
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis redes CAD:	Tipo 32x32 o 24x24
7.- Pulsar:	Mostrar Información
8.- Pulsar:	Nódulos en 3D

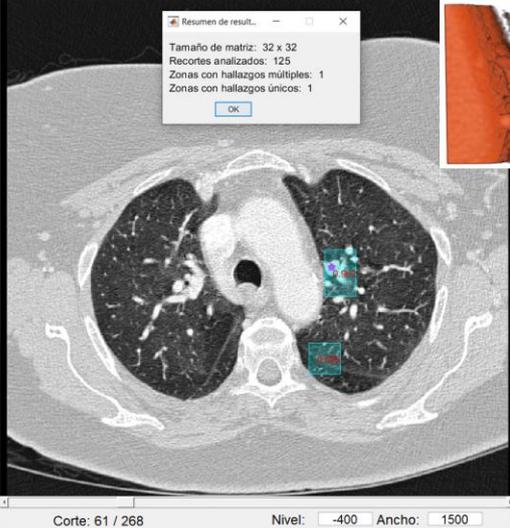
Figura 337. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 12

La dificultad del caso estriba en la ubicación del nódulo entre el corazón y múltiples vasos cuyas formas son muy diferentes debido a sus orientaciones con respecto al plano de imagen. El nódulo está unido a varios de ellos (Figura 338). La complejidad de su detección queda reflejada en la vista tridimensional mostrada en la imagen.

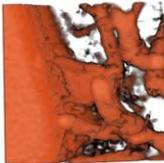


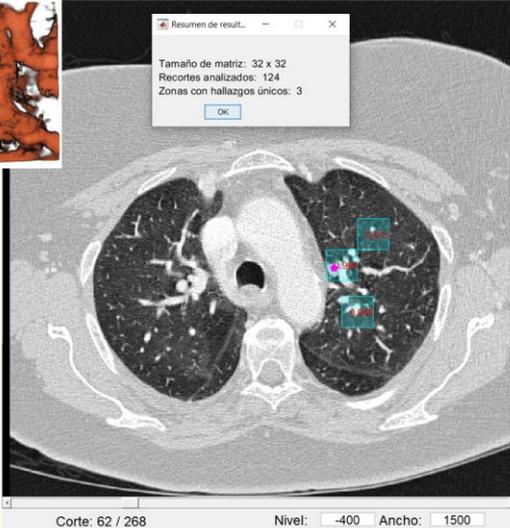
NÓDULO 1: ejemplos de análisis (I)





Corte: 61 / 268 Nivel: -400 Ancho: 1500





Corte: 62 / 268 Nivel: -400 Ancho: 1500

Figura 338. Casos TC de tórax. Caso 12: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

Con un tamaño menor al de los ejemplos anteriores, como el 24 x 24, los resultados proporcionados por el CAD también son positivos, aunque con una especificidad ligeramente menor (Figura 339).

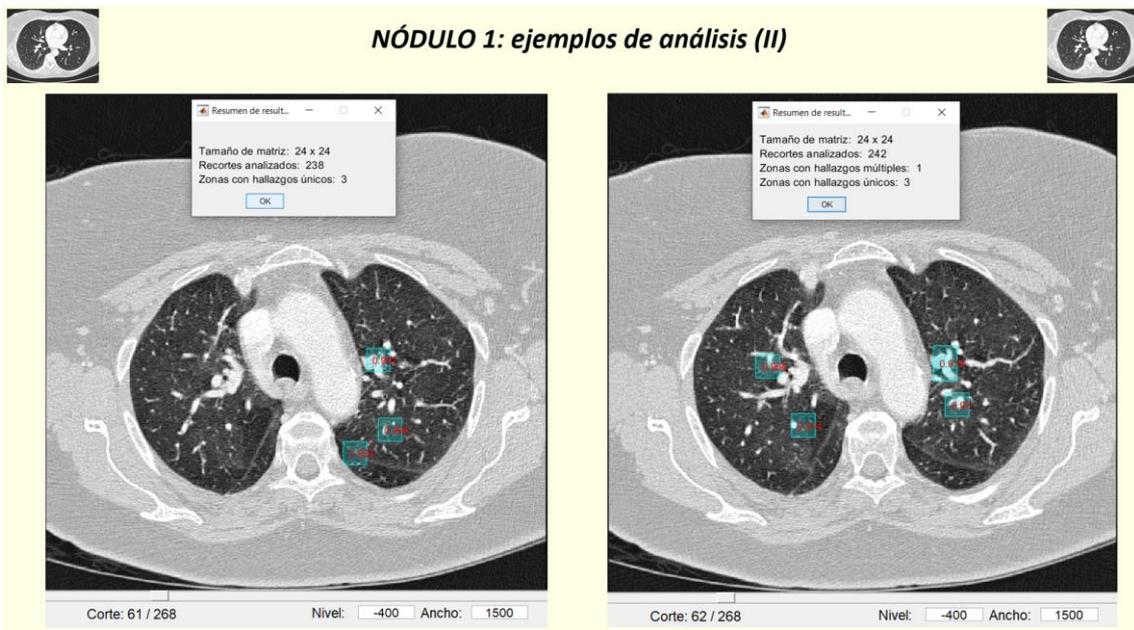


Figura 339. Casos TC de tórax. Caso 12: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

El caso 13 fue diagnosticado mediante resección quirúrgica como enfermedad maligna metastásica, y contenía un único nódulo (ver Figura 340):

CASO 13: TC de tórax

1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de diagnóstico:	Maligna metastásica
3.- Método de diagnóstico:	Resección quirúrgica
4.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0193
5.- Explorar:	Cortes 70-80
6.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
7.- Análisis redes CAD:	Tipo 16x16, 24x24 ó 32x32
8.- Pulsar:	Mostrar Información
9.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 340. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 13

La dificultad de detección radica en su forma alargada, que guarda similitud con la orientación de numerosos vasos sanguíneos en los planos axiales del TC. Tanto la red de 16 x 16 como la de 32 x 32 detectó su presencia, con una mayor probabilidad en para la primera (Figura 341).

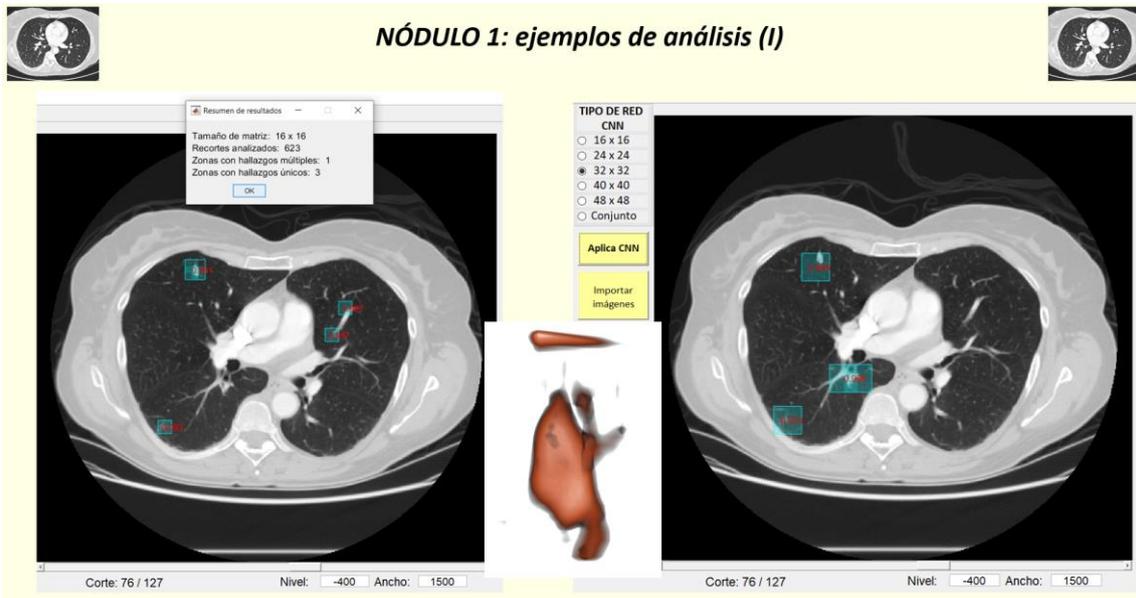


Figura 341. Casos TC de tórax. Caso 13: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

En otra imagen no central, en la que la detección resulta más complicada, tanto la red de 24 x 24 (hallazgo múltiple) como la de 32 x 32 (hallazgo único) produjeron resultados positivos, como puede observarse en la Figura 342.

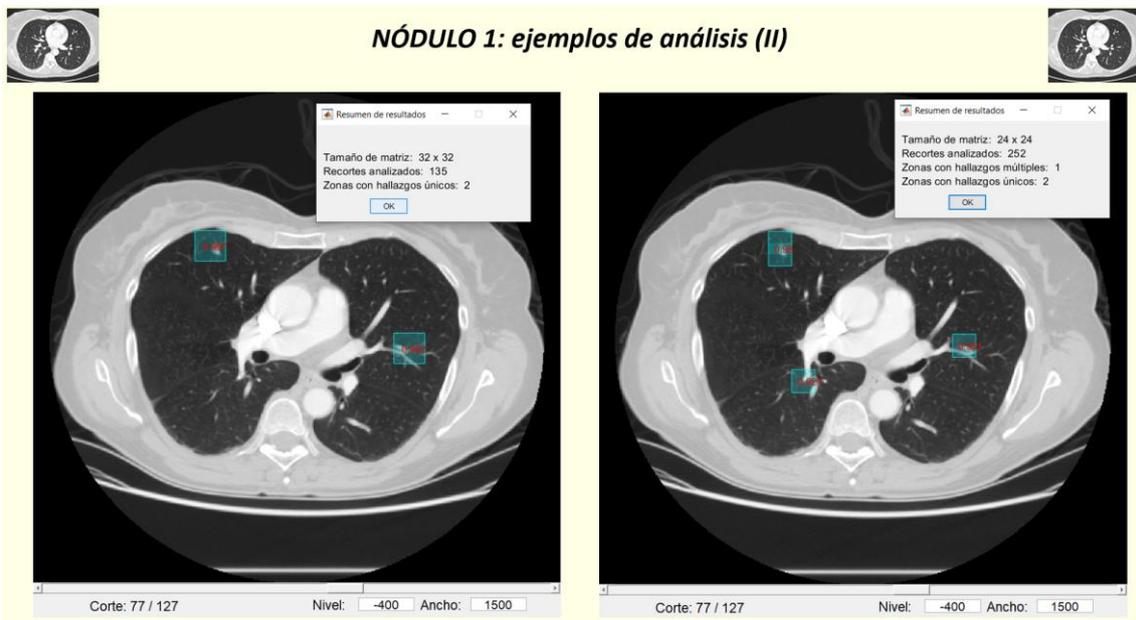


Figura 342. Casos TC de tórax. Caso 13: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

Otro caso con el mismo diagnóstico que el anterior, aunque esta vez establecido mediante biopsia se presenta en la Figura 343. Los participantes tenían que localizar dos nódulos en un intervalo único de cortes.



CASO 14: TC de tórax



<ol style="list-style-type: none"> 1.- Base de datos: 2.- Tipo de diagnóstico: 4.- Método de diagnóstico: 5.- Cargar el caso: 6.- Explorar: 7.- Seleccionar: 8.- Análisis redes CAD: 9.- Pulsar: 10.- Pulsar: 	<p>Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI</p> <p>Maligna metastásica</p> <p>Biopsia</p> <p>LIDC-IDRI-0159</p> <p>Cortes 70-80 (2 nódulos)</p> <p>Corte intermedio del nódulo</p> <p>Tamaño 40x40, 32x32, 24x24</p> <p>Mostrar Información</p> <p>Nódulos en 3D</p>
--	---

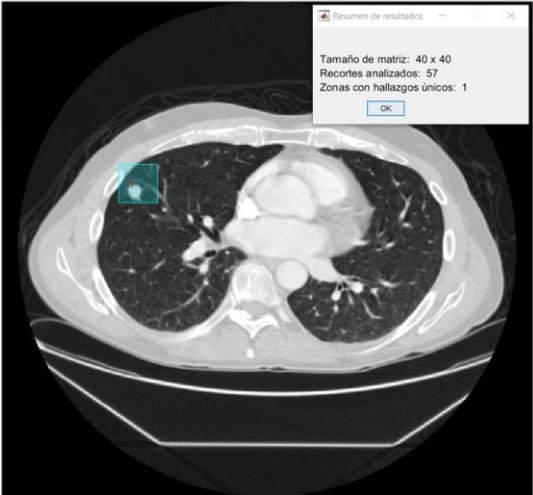
Figura 343. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 14

El que presentaba una menor dificultad debido a su mayor tamaño fue detectado en múltiples cortes por el sistema CAD, como se observa en la Figura 344 y en la Figura 345.



NÓDULO 1: ejemplos de análisis (I)





Corte: 75 / 137 Nivel: -400 Ancho: 1500



Corte: 73 / 137 Nivel: -400 Ancho: 1500

Figura 344. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

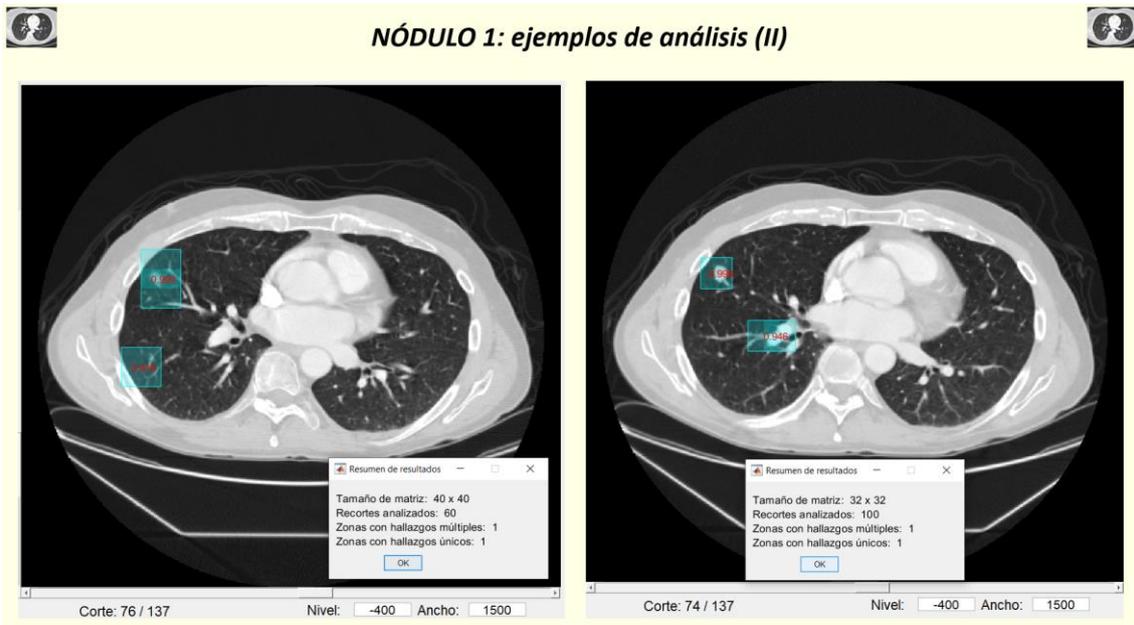


Figura 345. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

La dificultad del caso radicaba en realizar una correcta detección del segundo de los nódulos, de tamaño mucho más reducido y situado en las proximidades del de menor tamaño, a pesar de los cual podía pasar desapercibido. La vista en 3D muestra simultáneamente la localización de ambos nódulos (Figura 346).

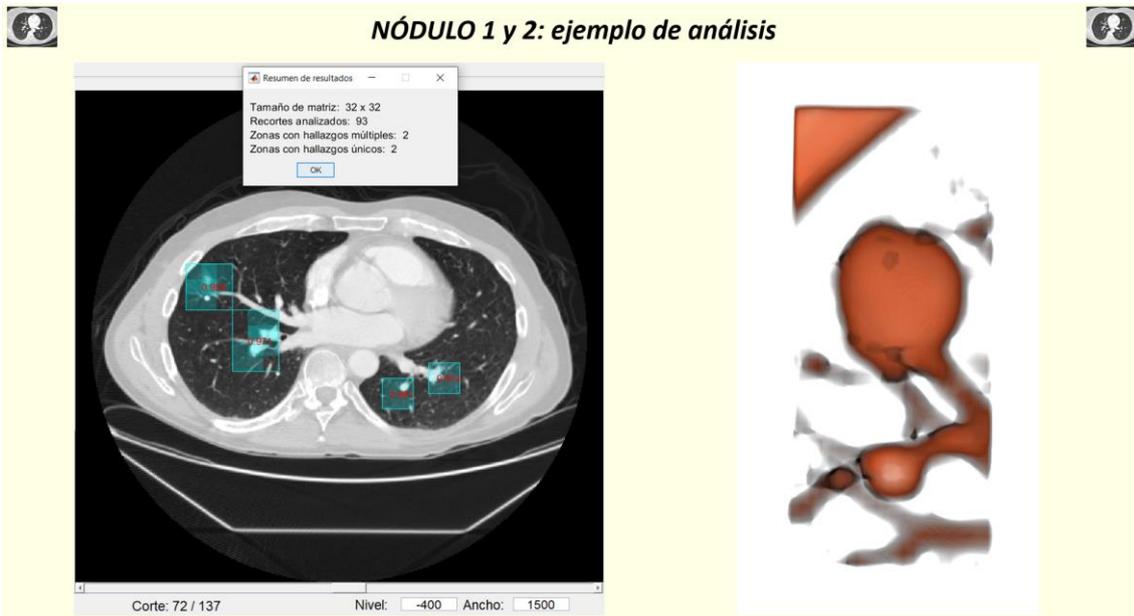


Figura 346. Casos TC de tórax. Caso 14: ejemplos de análisis del nódulo 1 (III)

El penúltimo caso presentaba de nuevo más de dos nódulos en diferentes ubicaciones y pertenecían a un caso de la base de datos LIDC-IDRI (Figura 347):



CASO 15: TC de tórax



1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de Diagnóstico:	Maligna metastásica
3.- Método de diagnóstico:	Progresión o respuesta
3.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0129
4.- Explorar:	Cortes 103-110
5.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
6.- Análisis CAD:	Tamaño 16x16 o 24x24
7.- Explorar:	Cortes 120-130
8.- Seleccionar:	2 nódulos (corte intermedio)
9.- Análisis CAD(II):	Tamaño 24x24
10.- Pulsar:	Mostrar Información
11.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 347. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 15

El primer nódulo, situado en el pulmón izquierdo fue detectado mediante hallazgos múltiples por la red de 16 x 16 en los dos únicos cortes en los que se visualizaba, a pesar de su pequeño tamaño, como puede verse en la Figura 348.

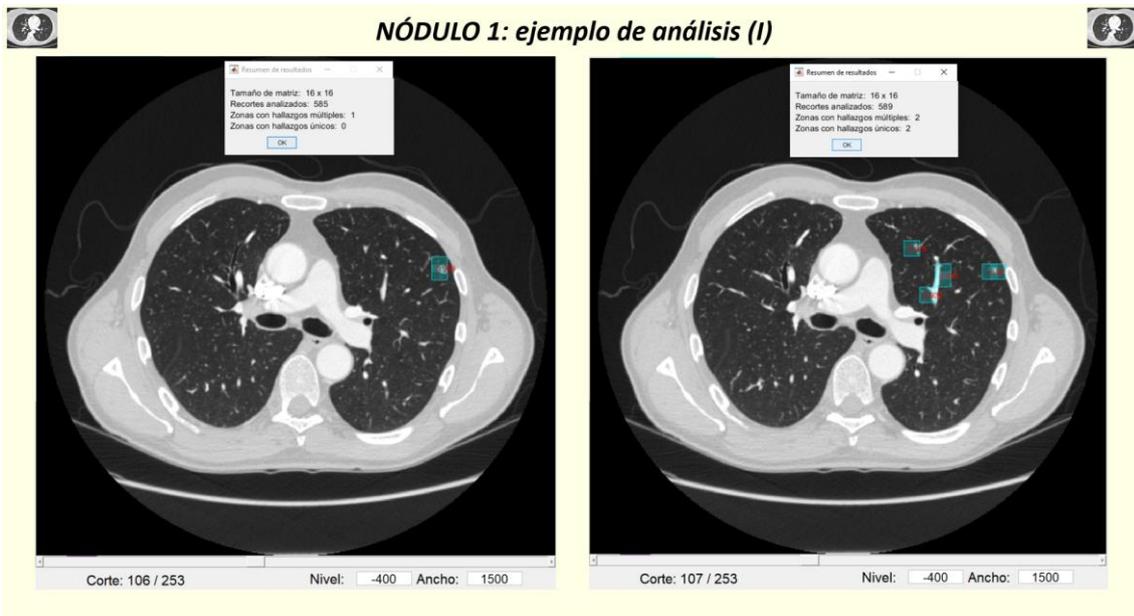


Figura 348. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

Estos hallazgos se convirtieron en únicos al utilizar la red de 24 x 24, que mantuvo la buena sensibilidad demostrada por la red de 16 x 16 (Figura 349):

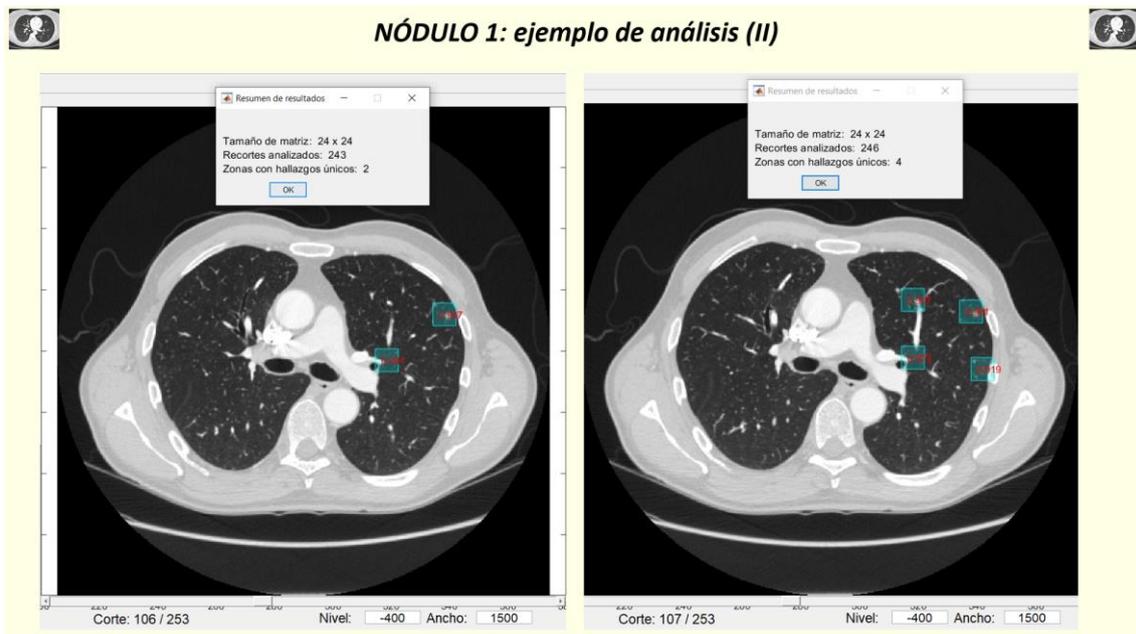


Figura 349. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

Otro ejemplo de dos nódulos que son visibles simultáneamente en el mismo corte puede apreciarse en ambas imágenes de la Figura 350. Existen otras estructuras vasculares de gran similitud a nódulos, que también fueron también localizadas por el CAD.

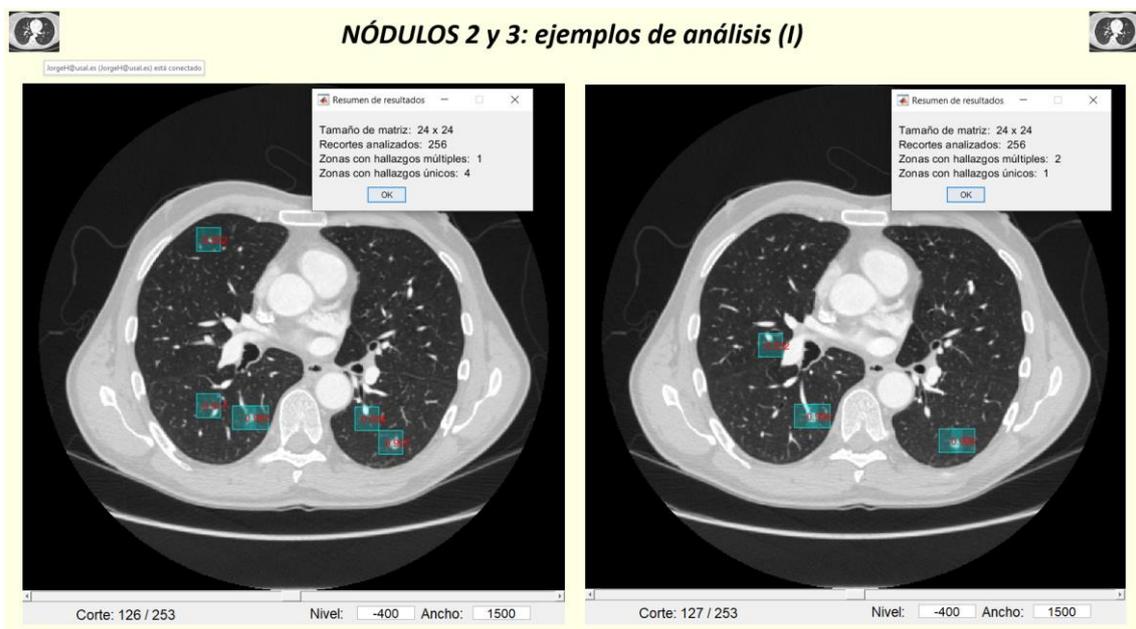


Figura 350. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis de los nódulos 2 y 3 (I)

Incluso en aquellos cortes en los que prácticamente no se visualiza el nódulo del pulmón izquierdo, las redes de tamaño 16 x 16 y 24 x 24 continúan detectando ambos nódulos, aunque con algo menos de especificidad (Figura 351).

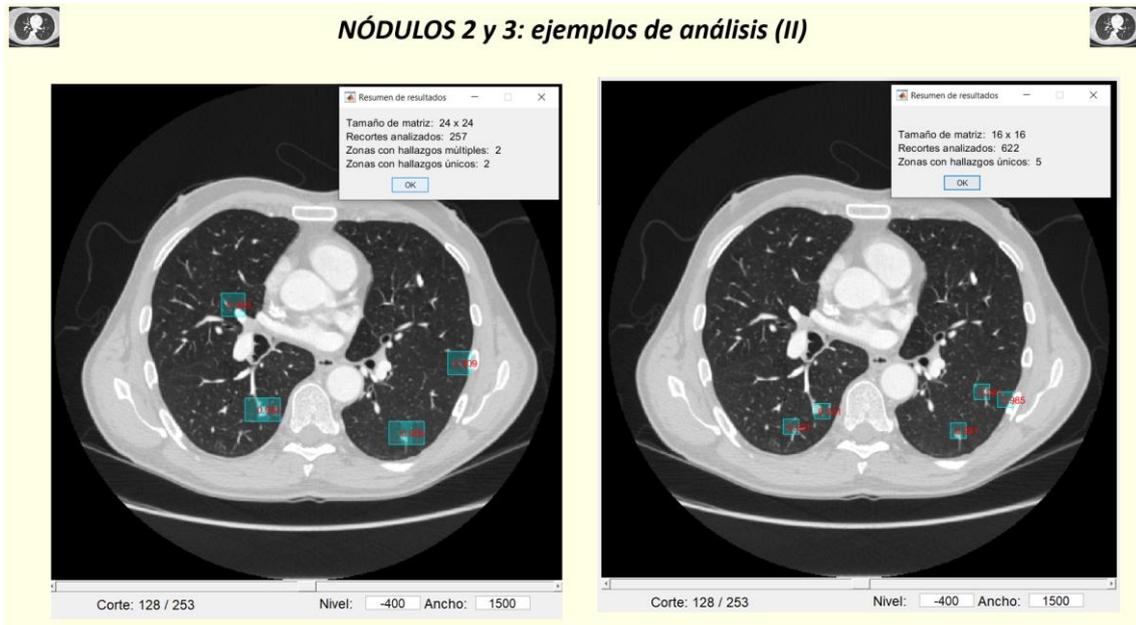


Figura 351. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de análisis de los nódulos 2 y 3 (II)

En la Figura 352 se muestra la vista en 3D de los nódulos a localizar en este caso.

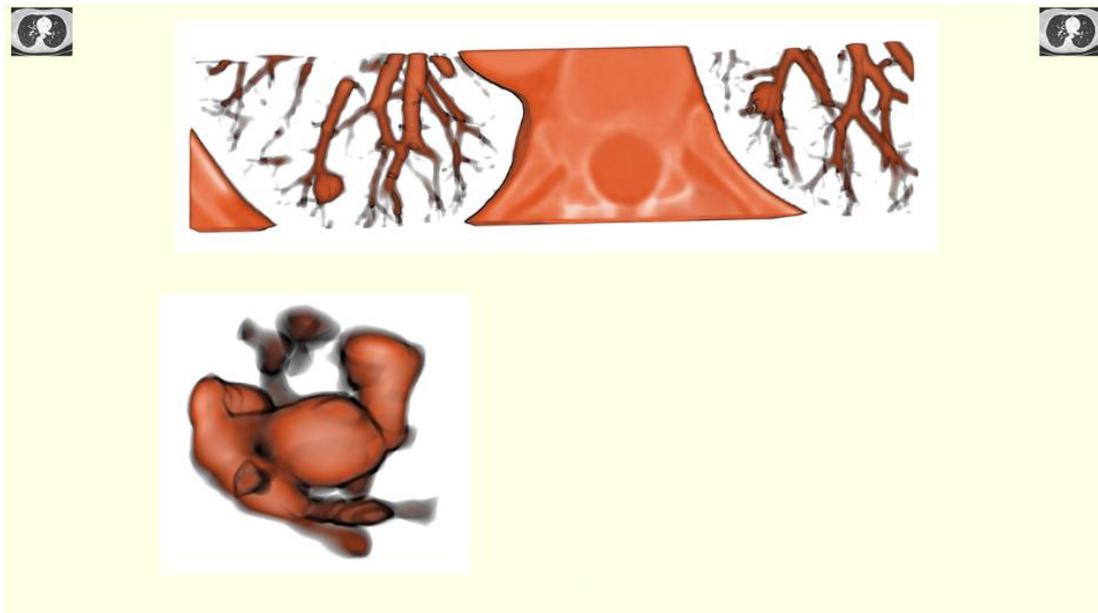


Figura 352. Casos TC de tórax. Caso 15: ejemplos de vistas en 3D de nódulos

Además de los nódulos que se indican en las fichas de los casos, existen otros como en este caso. En la Figura 353 se pueden observar dos de ellos, con dificultades de detección muy dispares. El de la parte izquierda es de pequeño tamaño y se encuentra próximo a la pared cardiaca,

mientras que de la imagen derecha se encuentra en un corte caudal, en el pulmón derecho siendo sencillo de localizar gracias a su tamaño.

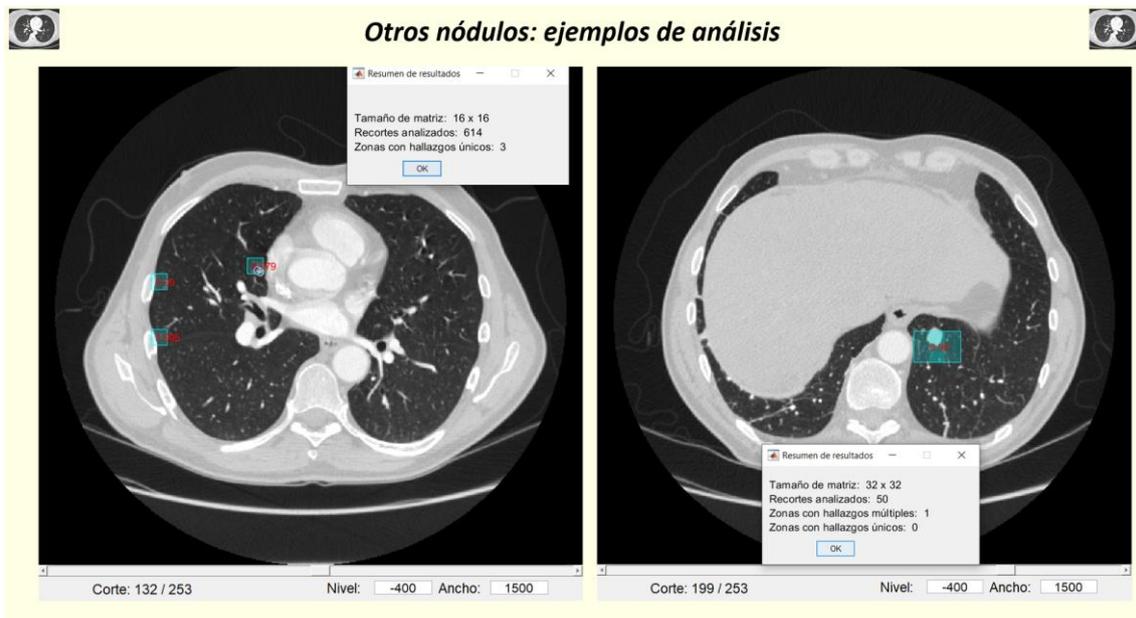


Figura 353. Casos TC de tórax. Caso 15: otros nódulos

El último de los casos del bloque de TC de tórax, trataba un caso no diagnosticado de LIDC-IDRI que incluía un único nódulo.



CASO 16: TC de tórax



1.- Base de datos:	Nódulos en TC de tórax LIDC-IDRI
2.- Tipo de diagnóstico:	Caso no diagnosticado
3.- Método de diagnóstico:	Caso no diagnosticado
4.- Cargar el caso:	LIDC-IDRI-0593 (1 nódulo anotado)
5.- Explorar:	Cortes 60-70
6.- Seleccionar:	Corte intermedio del nódulo
7.- Análisis redes CAD:	Tipo 24x24 o 16x16
8.- Pulsar:	Mostrar Información
9.- Pulsar:	Nódulos en 3D

Figura 354. Casos TC de tórax. Ficha de presentación del caso 16

Su dificultad de detección era elevada al ser de tamaño muy pequeño y no excesivamente redondeado. A pesar de ello la red CNN de tamaño 24 x 24 mostró una excelente sensibilidad y especificidad de detección, como puede observarse en la Figura 355:

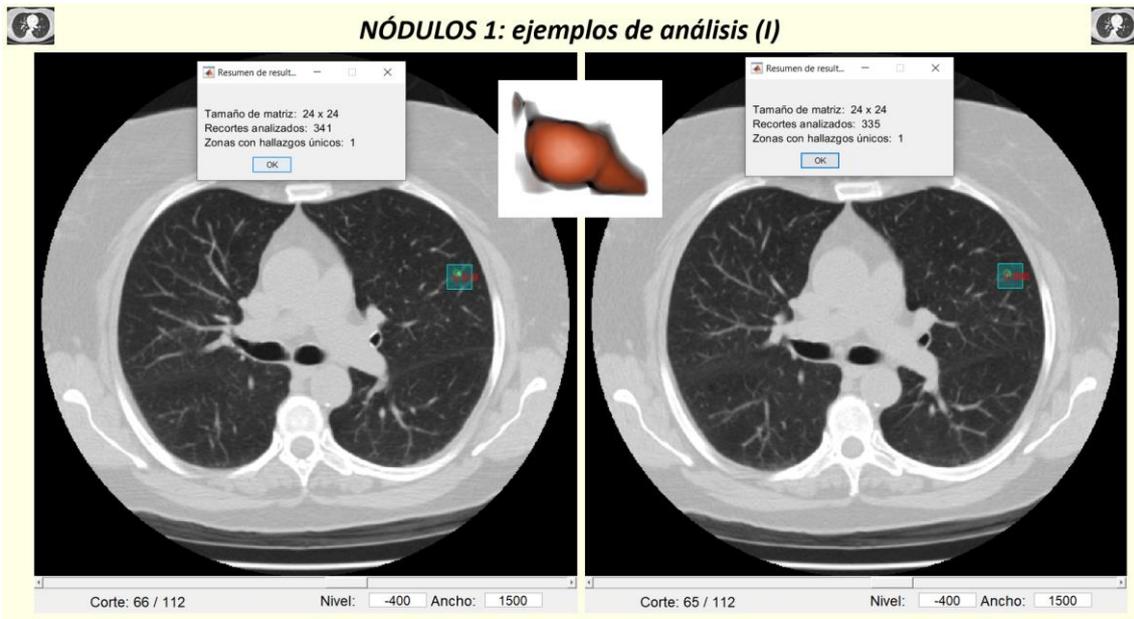


Figura 355. Casos TC de tórax. Caso 16: ejemplos de análisis del nódulo 1 (I)

La sensibilidad del CAD con un tamaño de 16 x 16 también era muy buena, detectando el pequeño nódulo en los dos cortes en los que era visible, aunque presentaba una menor especificidad que la red de 24 x 24 (ver Figura 356).

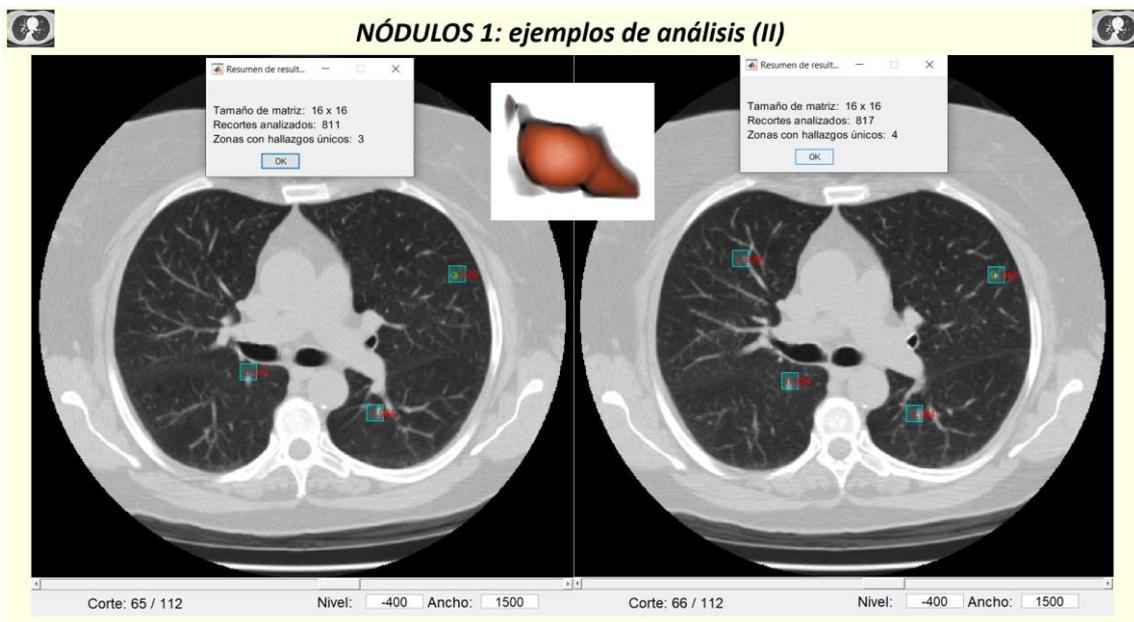


Figura 356. Casos TC de tórax. Caso 16: ejemplos de análisis del nódulo 1 (II)

6.4.6. Análisis de casos de mamografía (casos 3 hasta 16)

El tercer caso pertenecía la base de datos *CBIS-DDSM* y fue diagnosticado como una masa maligna, con forma de masa irregular-distorsión de la arquitectura y tipo de márgenes microlobulados-mal definidos-espiculados. Su categoría *BI-RADS* es 4 y fue etiquetado con un nivel de sutileza de 4 evaluado en una escala de 1 a 5 (Figura 357).



Caso 3: Mamografía



1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Masa
3.- Tipo de diagnóstico:	Maligno
4.- Tipo/Forma:	Irregular - Distorsión de la arquitectura
5.- Examinar la imagen:	Mass-Training_P_00086_RIGHT_CC
6.- Análisis CAD:	Tamaño 256x256
7.- Localización y datos:	Mostrar información
8.- Distribución de píxeles	Botón EST.
9.- Encuesta del caso	

Figura 357. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 3

La red CNN de 256 x 256 localizó la lesión independientemente de la ROI seleccionada (Figura 358), considerando también sospechosa otra distorsión de la arquitectura próxima.

Ejemplo de análisis: 256 x 256

Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 256 x 256

Recortes analizados: 89

Zonas con hallazgos múltiples: 2

Zonas con hallazgos únicos: 0

OK

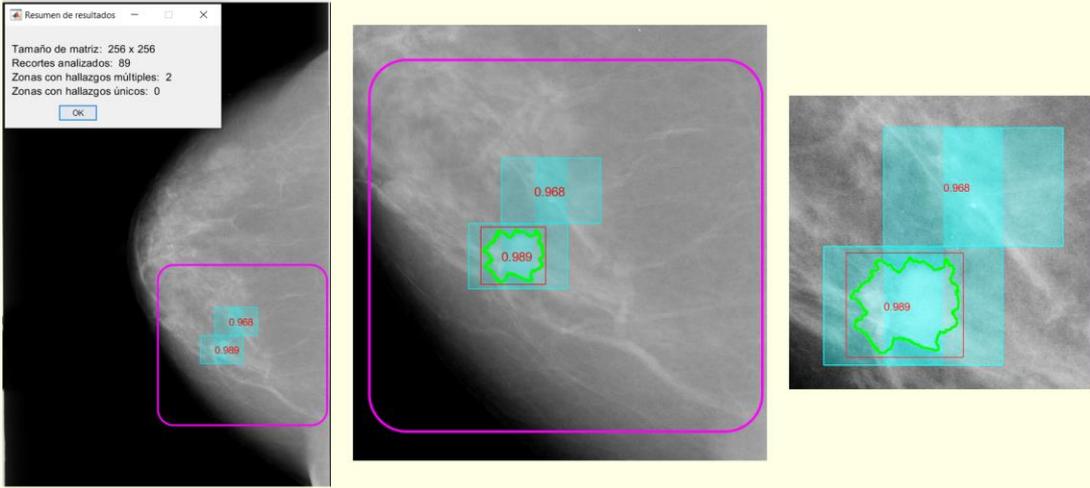


Figura 358. Casos de mamografía. Caso 3: ejemplos de análisis con matriz 256 x 256

La lesión fue también localizada en la imagen complementaria como un hallazgo único de alta probabilidad. La vista ampliada muestra claramente los bordes espiculados y mal definidos de la masa, cuyo histograma se desplaza hacia valores altos de píxel, como muestra el coeficiente de curtosis (Figura 359). La masa presenta además una baja circularidad y energía.

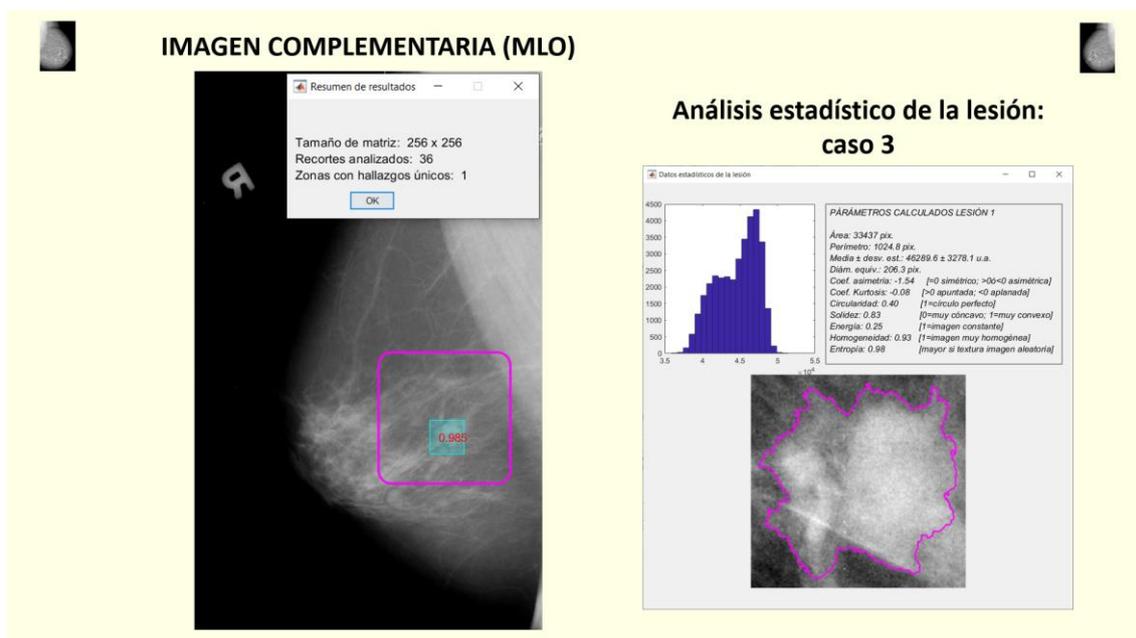


Figura 359. Casos de mamografía. Caso 3: análisis de la imagen complementaria y análisis estadístico de la lesión

El caso 4, formaba parte de la base de datos CSAW-S y contenía una lesión cancerosa de forma redondeada (ver Figura 360) y bordes mal definidos por su similitud en densidad con el tejido circundante.

Caso 4: Mamografía

1.- Base de datos:	CSAW-S
2.- Tipo de proyección:	Medio-lateral oblicua (MLO)
3.- Tipo de lesión:	Cáncer
4.- Examinar la imagen:	AD125_LO
5.- Análisis CAD:	Tamaño 256x256
6.- Localización y datos:	Mostrar información
7.- Distribución de píxeles	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 360. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 4

El tamaño de la lesión impedía que fuera englobada completamente por los recortes de tamaño 256 x 256, hecho que no impedía que la red CNN marcara un hallazgo a partir de vistas parciales de la lesión, como puede observarse en la Figura 361.

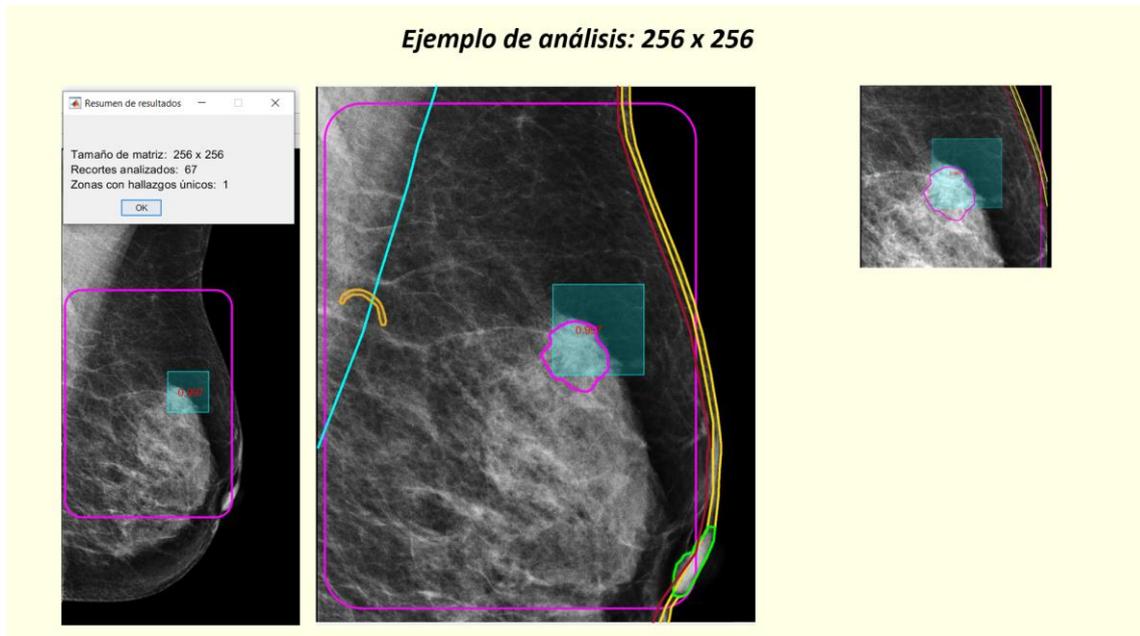


Figura 361. Casos de mamografía. Caso 4: ejemplos de análisis con matriz 256 x 256

Sin embargo, los recortes de 384 x 384 sí la englobaban completamente, localizando también la lesión (Figura 362):

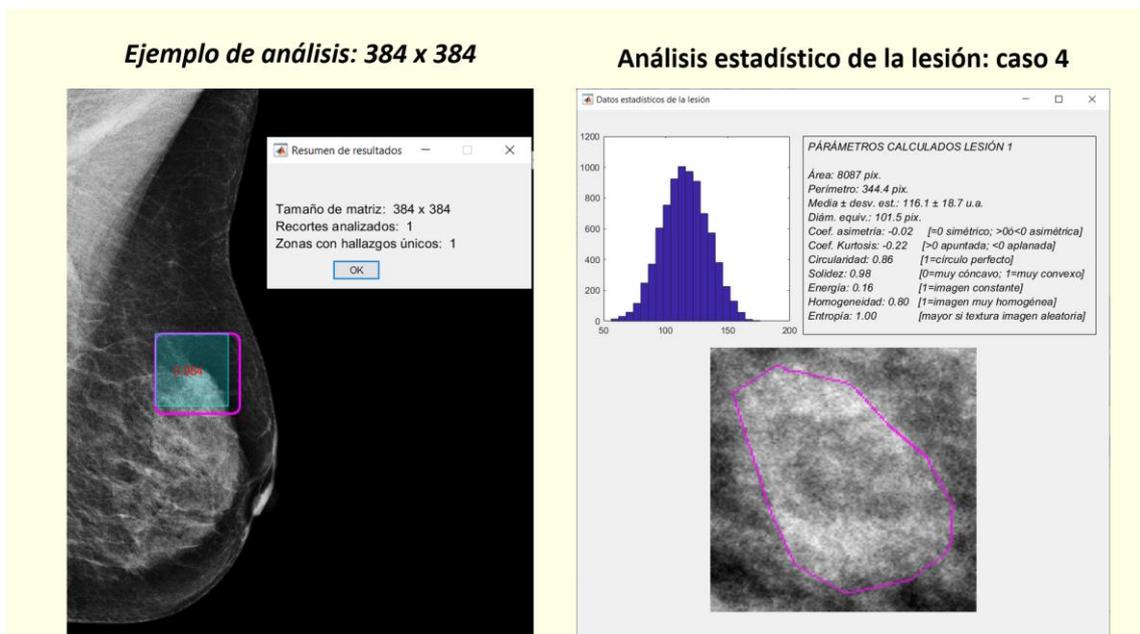


Figura 362. Casos de mamografía. Caso 4: ejemplos de análisis con matriz 384 x 384 y análisis estadístico de la lesión

La ficha del caso 5 se presenta en la Figura 363. Corresponde a la base de datos *BCDR*, y contiene una lesión benigna de tipo solamente nódulo + calcificación.

CASO 5: Mamografía

1.- Base de datos:	Mamografía BCDR
2.- Tipo de diagnóstico:	Lesión benigna
3.- Tipo de lesión:	Nódulo + Calcificación
4.- Carácter. adicionales:	Solamente Nódulo + Calcificación
5.- Cargar el caso:	patient_287/study_379/img_287_379_1_RCC
6.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión
7.- Análisis CAD:	Tamaño 192x192 o 256x256
8.- Localización y datos:	Mostrar Información
9.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
10.- Encuesta del caso	

Figura 363. Casos de mamografía. Ficha de presentación del caso 5

La Figura 364 y Figura 365 contienen ejemplos de análisis con redes CNN de tamaños 192 x 192 y 256 x 256. Se puede comprobar cómo una red de tamaño intermedio produce hallazgos múltiples de probabilidad máxima.

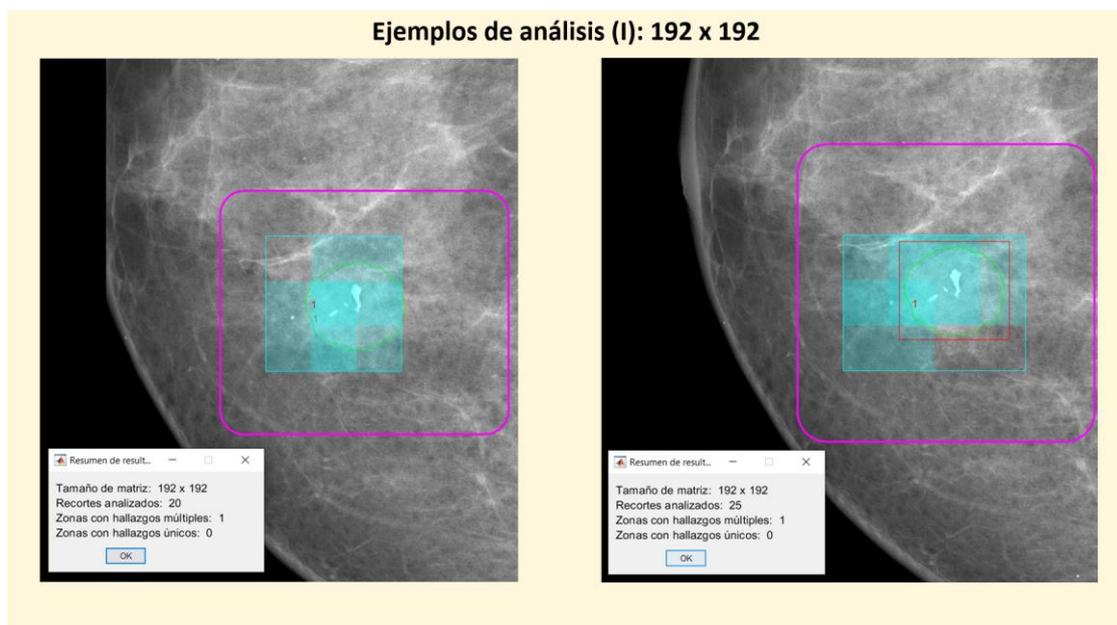


Figura 364. Casos mamografía. Caso 5: ejemplos de análisis (I) [192 x 192]

Las redes de mayor tamaño realizan hallazgos únicos, como se muestra en los tres ejemplos de la Figura 365.

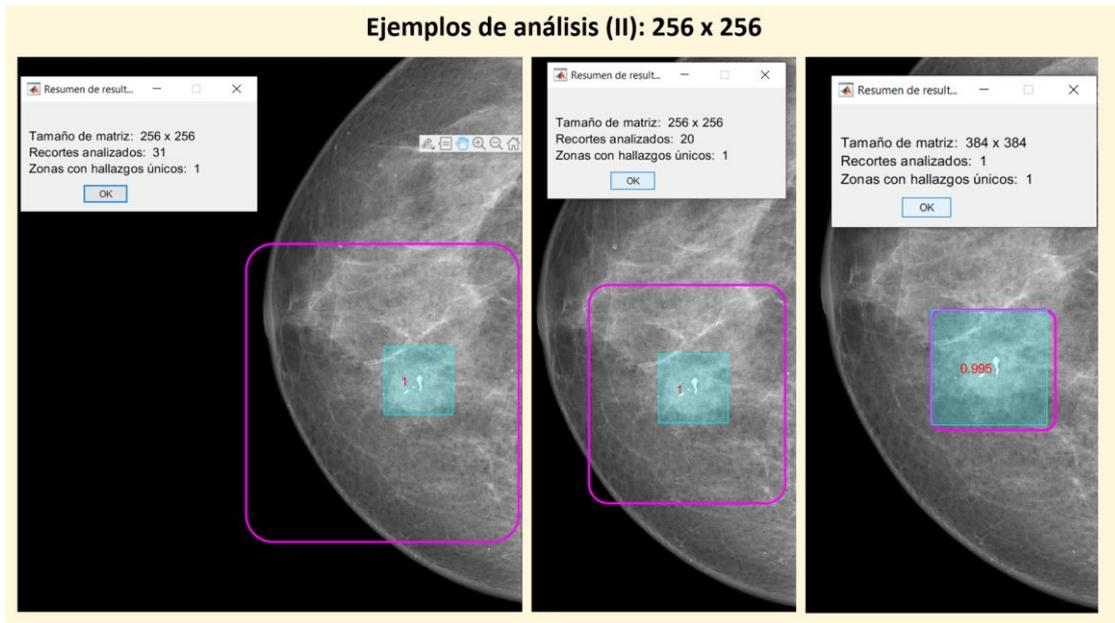


Figura 365. Casos mamografía. Caso 5: ejemplos de análisis (II) [256 x 256 y 384 x 384]

En la Figura 366 se muestra la ventana de análisis estadístico de la lesión. De muy alta circularidad y solidez, presenta un histograma bastante simétrico, de no ser por el tejido calcificado del interior, reflejado en el bin de valores de píxel más altos.

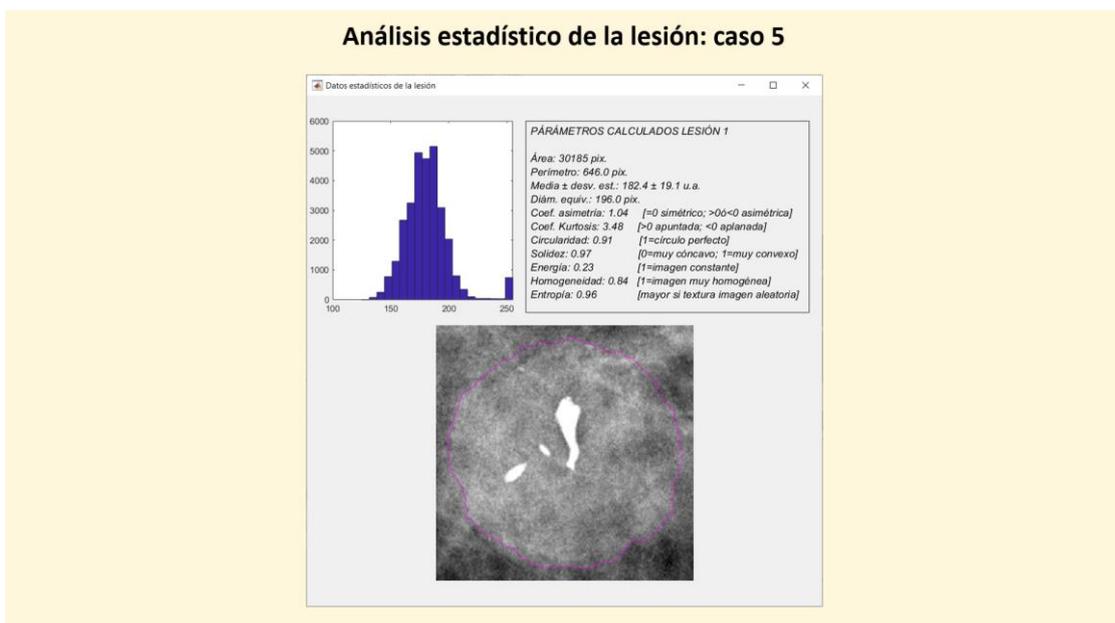


Figura 366. Casos mamografía. Caso 5: análisis estadístico de la lesión

La Figura 367 presenta el caso número 6, consistente en una proyección MLO con una lesión cancerosa redondeada de pequeño tamaño, difícil de identificar según indicaron los participantes expertos, ya que podría pasar desapercibida al no destacar sobre otras zonas de la imagen aparentemente más sospechosas.

CASO 6: Mamografía

- 1.- Base de datos: **CSAW-S**
- 2.- Tipo de proyección: **Medio-lateral oblicua (MLO)**
- 3.- Cargar el caso: **AD046_LO**
- 4.- Examinar la imagen: **Localizar la lesión (cáncer)**
- 5.- Análisis CAD: **Tamaño 256X256**
- 6.- Localización y datos: **Mostrar Información**
- 7.- Análisis de la lesión: **Botón EST.**
- 8.- Encuesta del caso

Figura 367. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 6

En la Figura 368 se muestra cómo era detectada por la red de tamaño 256 x 256, ya sea con una ROI de pequeño tamaño (parte izquierda) o con una mucho mayor (parte derecha):

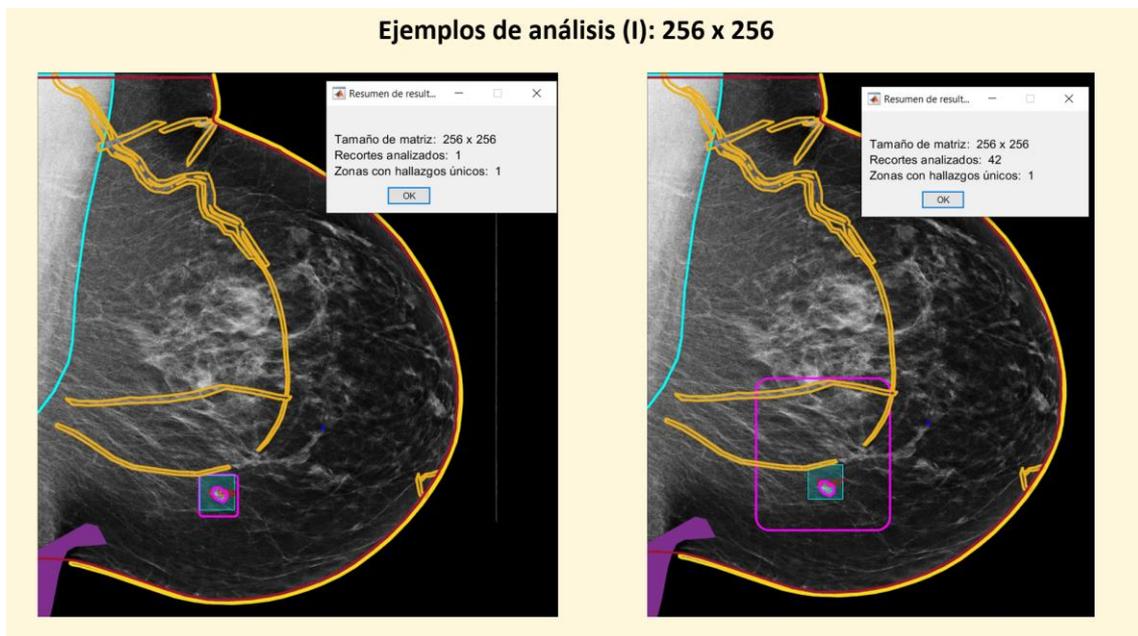


Figura 368. Casos mamografía. Caso 6: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]

Para 384 x 384 el CAD realizó también la anotación, en dos *patches* simultáneamente, como se observa en la Figura 369. La lesión presentaba una alta convexidad y homogeneidad, con un histograma asociado muy simétrico. Su valor promedio de píxel asociado permite identificarla con respecto al tejido circundante.

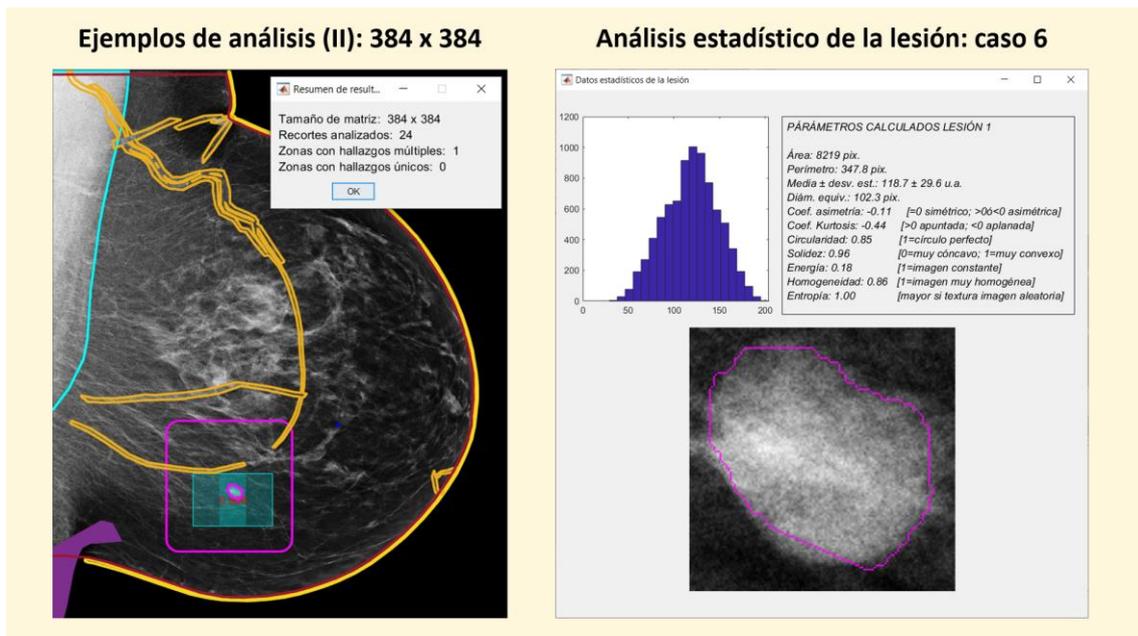


Figura 369. Casos mamografía. Caso 6: ejemplos de análisis (II) [384 x 384] y análisis estadístico de la lesión

La ficha de presentación del caso 7 se muestra en la Figura 370, de nuevo dedicado a la exploración de una proyección oblicua de una paciente de la base de datos CSAW-S.

CASO 7: Mamografía

1.- Base de datos:	CSAW-S
2.- Tipo de proyección:	MLO
3.- Cargar el caso:	AD0035_LO
4.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión
5.- Análisis CAD:	Tamaño 256 x256
6.- Localización y datos:	Mostrar Información
7.- Análisis de lesión:	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 370. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 7

Al tratarse de una masa, la red de 256 x 256 marcó la lesión, ya sea como hallazgo múltiple o simple, teniendo en cuenta la diferente localización de los recortes cuya ubicación depende de la ROI seleccionada por el usuario del CAD (Figura 371).

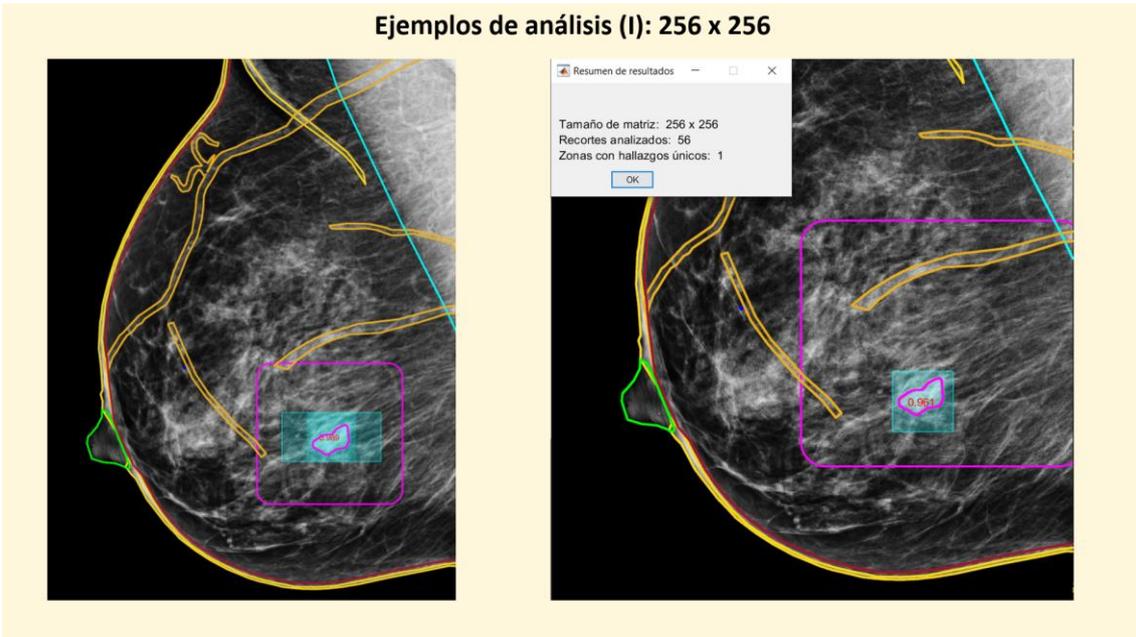


Figura 371. Casos mamografía. Caso 7: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]

También la red de 384 x 384 localizó la lesión, como se observa en la Figura 372. El histograma es apuntado y con asimetría negativa, presentado una circularidad intermedia.

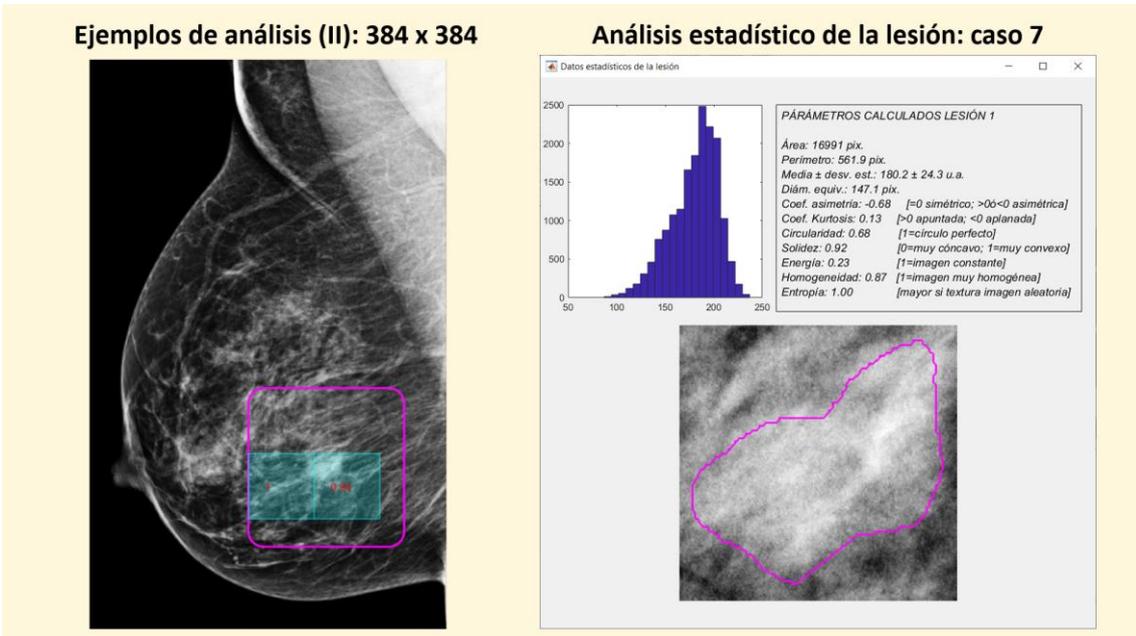


Figura 372. Casos mamografía. Caso 7: ejemplos de análisis (II) [384 x 384] y análisis estadístico de la lesión

El caso número 9 contenía una masa diagnosticada como maligna de la base de datos *CBIS-DDSM* (Figura 373) de forma lobulada y márgenes oscurecidos. El nivel de evaluación (categoría *BI-RADS*) anotado por los expertos que revisaron la base de datos fue de 3, al igual que su nivel de sutileza.

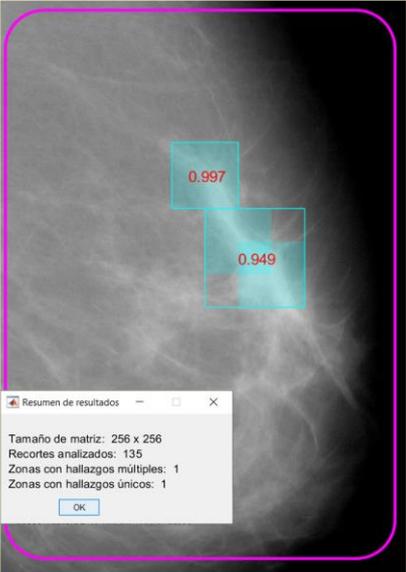
CASO 8: Mamografía

1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Masa
3.- Tipo de diagnóstico:	Maligno
4.- Características adicionales	Lobulada
5.- Cargar el caso:	Mass-Training_P_00149_LEFT_MLO
6.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión
7.- Análisis CAD:	Tamaños 256x256 y 384x384
8.- Localización y datos:	Mostrar Información
9.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
10.- Encuesta del caso	

Figura 373. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 8

Tanto la masa propiamente dicha como la distorsión de la arquitectura asociada fueron marcadas por la red CNN, como muestran los múltiples hallazgos de la Figura 374.

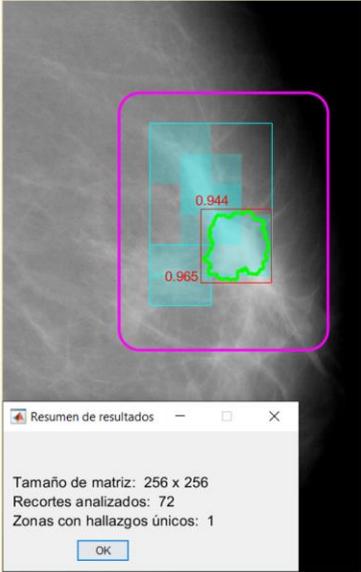
Ejemplos de análisis (I): 256 x 256



Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 256 x 256
 Recortes analizados: 135
 Zonas con hallazgos múltiples: 1
 Zonas con hallazgos únicos: 1

OK



Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 256 x 256
 Recortes analizados: 72
 Zonas con hallazgos únicos: 1

OK

Figura 374. Casos mamografía. Caso 8: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]

Los bordes oscurecidos de la masa se aprecian en la vista ampliada de la Figura 375, siendo destacable el elevado coeficiente de curtosis y la baja circularidad, debido a la forma irregular de los márgenes.

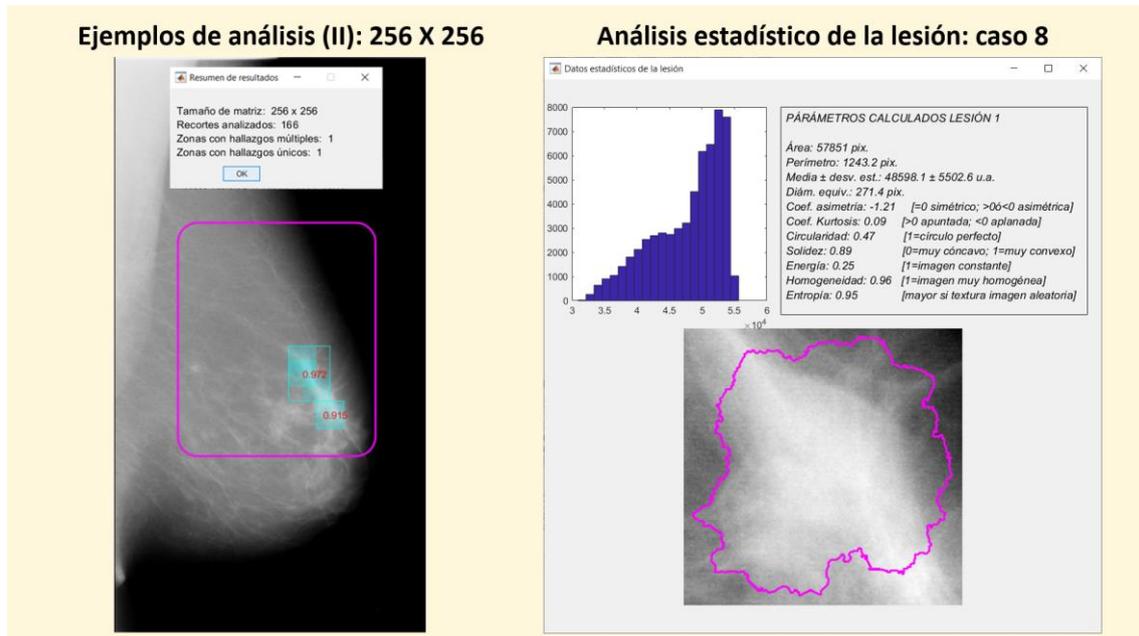


Figura 375. Casos mamografía. Caso 8: ejemplos de análisis (II) [256 x 256] y análisis estadístico de la lesión

La Figura 376 correspondía a unos de los dos casos de la actividad formativa con más de una lesión. Contenía tres calcificaciones diagnosticadas como benignas, de tipo centro transparente, que a pesar al ser etiquetadas con un nivel de sutileza 3 resultaban complicadas de identificar. Por el contrario, su categoría BI-RADS asociada fue 2.

CASO 9: Mamografía

1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Calcificación
3.- Tipo de diagnóstico:	Benigno sin rellamada
4.- Caract. adicionales:	Centro transparente
5.- Cargar el caso:	Calc_Training_P_00476_RIGHT_CC
6.- Examinar la imagen:	Localizar tres lesiones
7.- Análisis CAD:	Tamaño 128x128 o 64x64
8.- Localización y datos:	Mostrar información
9.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
10.- Encuesta del caso	

Figura 376. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 9

Al tratarse de lesiones de pequeño tamaño, las redes de menor tamaño de matriz como 128 x 128 produjeron resultados óptimos, demostrando además una elevada especificidad, como puede observarse en la Figura 377.

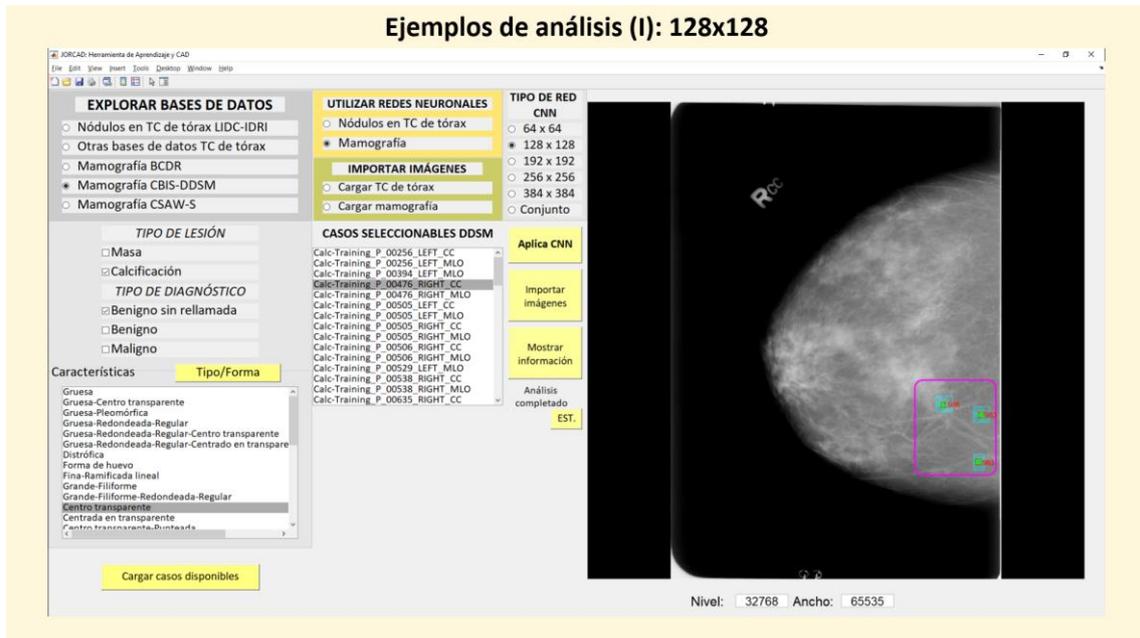


Figura 377. Casos mamografía. Caso 9: ejemplos de análisis (I) [128 x 128]

También la red de 64 x 64 localizó las calcificaciones, aunque con algo menos de especificidad que la de 128 x 128 (Figura 378).

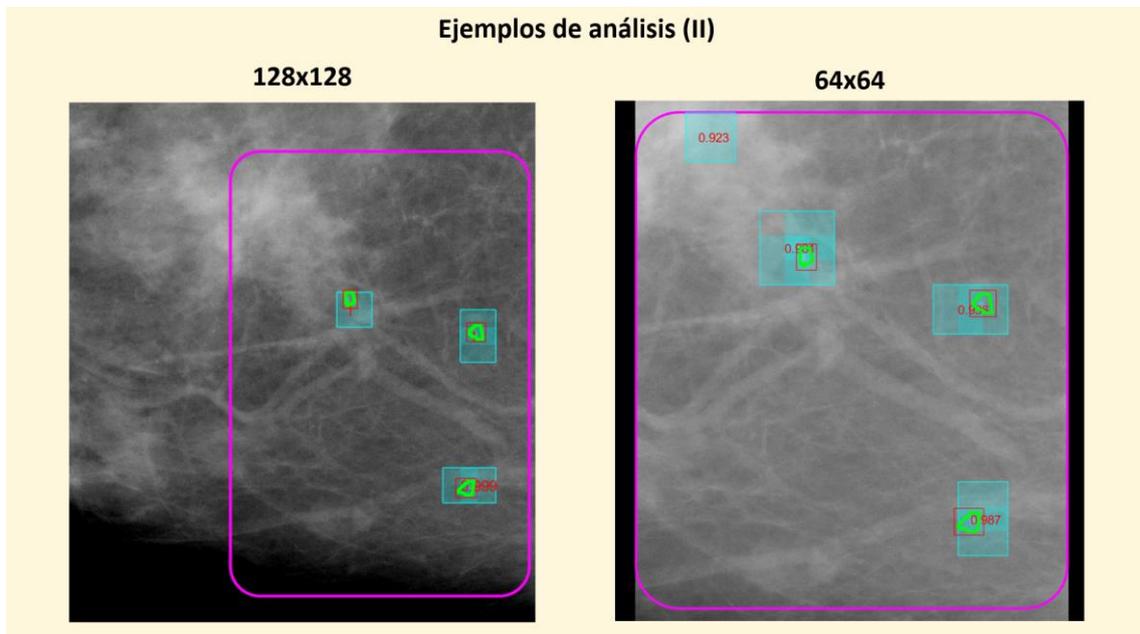


Figura 378. Casos mamografía. Caso 9: ejemplos de análisis (II) [128 x 128 y 64 x 64]

Se observa una gran similitud en los histogramas y el análisis estadístico de las tres lesiones (Figura 379), de muy pequeño tamaño como indica su diámetro equivalente en píxeles. La cola de la parte derecha del histograma indica la parte calcificada de la lesión. Teniendo en cuenta la forma de las segmentaciones, el coeficiente de curtosis es en este caso negativo.

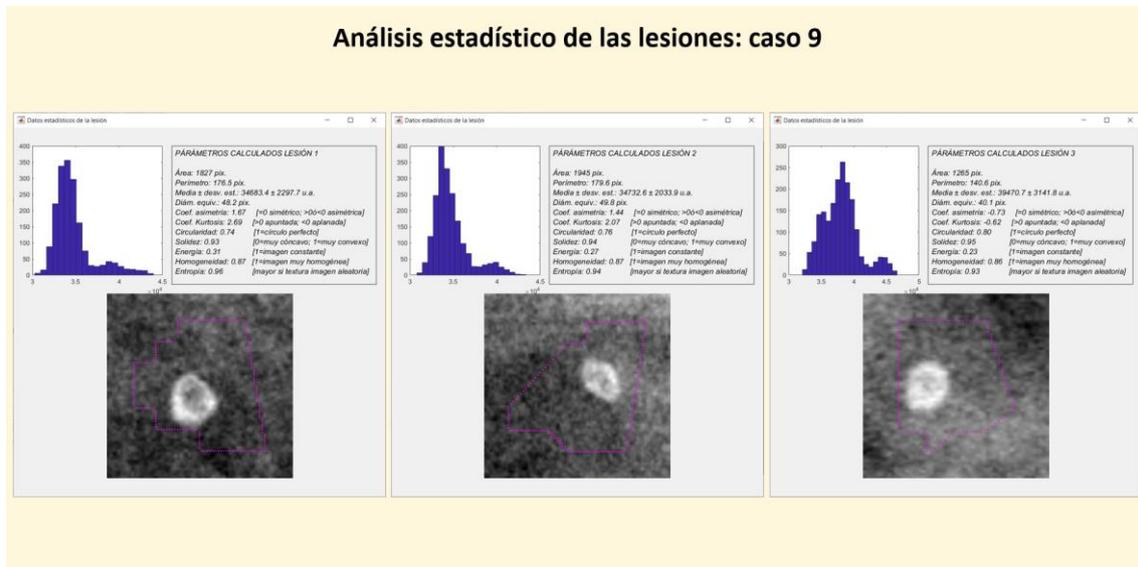


Figura 379. Casos mamografía. Caso 9: análisis estadístico de la lesión

La ficha del caso 10 presentaba una masa maligna lobulada de la base de datos *CBIS-DDSM* en una proyección cráneo-caudal Figura 380. Cabe destacar el elevado nivel de sutileza y de evaluación de la lesión que consta en la *ground truth* del caso. Los bordes mal definidos de la lesión concuerdan con su carácter maligno.

CASO 10: Mamografía

1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Masa
3.- Tipo de diagnóstico:	Maligna
4.- Caract. adicionales:	Lobulada
5.- Cargar el caso:	Mass_Training_P_00313_RIGHT_CC
6.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión
7.- Análisis CAD:	Tamaño 256x256 o 384x384
8.- Localización y datos:	Mostrar información
9.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
10.- Encuesta del caso	

Figura 380. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 10

En la Figura 381 puede observarse cómo la masa es anotada por el sistema CAD en tres recortes superpuestos, asignándole una probabilidad promedio del 99.5% de corresponder a una lesión.

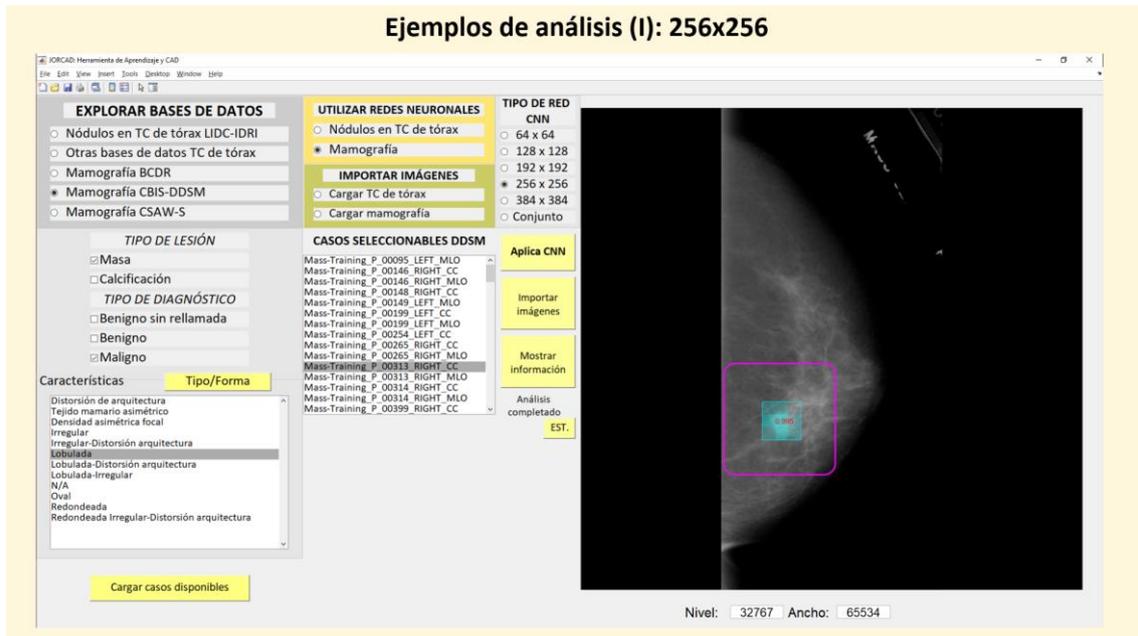


Figura 381. Casos mamografía. Caso 10 ejemplos de análisis (I) [256 x 256]

La Figura 382 recoge otros ejemplos de análisis y el análisis estadístico de la lesión:

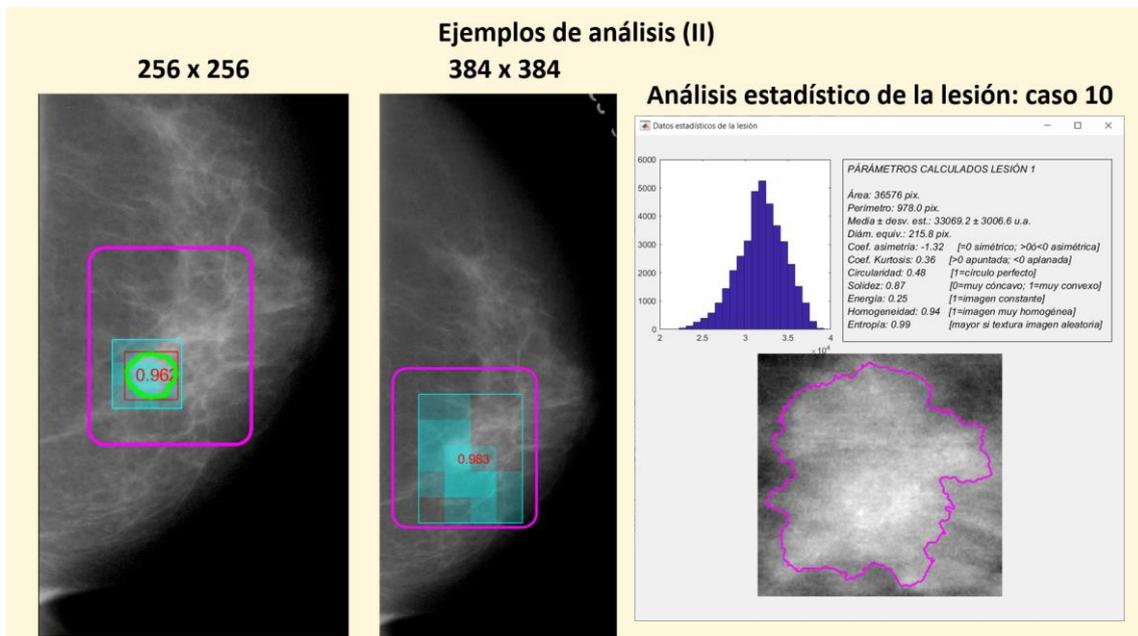


Figura 382. Casos mamografía. Caso 10: ejemplos de análisis (II) [256 x 256 y 384 x 384] y análisis estadístico de la lesión

La ficha del caso 11 corresponde a una lesión cancerosa de la base de datos CSAW-S (Figura 383). Los participantes examinaron la proyección medio-lateral-oblicua.

CASO 11: Mamografía

1.- Base de datos:	CSAW-S
2.- Tipo de proyección:	Medio lateral-oblicua
3.- Cargar el caso:	AD092_LO
4.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión (cáncer)
5.- Analizar:	Tamaño 64x64, 128x128 o 192x192
6.- Localización y datos:	Mostrar información
7.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 383. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 11

Debido a su pequeño tamaño, la densidad mamaria y su sutileza, esta lesión era difícil de visualizar en la mamografía. Sin embargo, las tres redes de menor tamaño 64 x 64, 128 x 128 y 192 x 192 proporcionaron resultados positivos, demostrando su elevada sensibilidad, como puede visualizarse en la Figura 384.

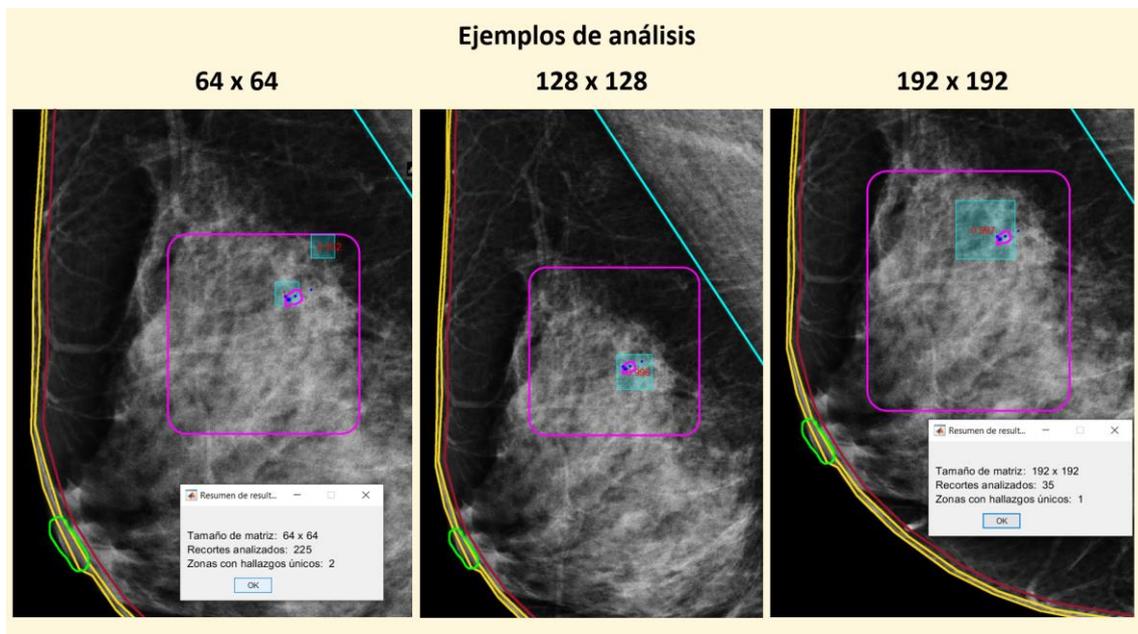


Figura 384. Casos mamografía. Caso 11: ejemplos de análisis [64 x 64, 128 x 128 y 192 x 192]

En la vista ampliada de la lesión se observa una calcificación poco formada en su interior y otras incipientes de menor tamaño (Figura 385), aunque apenas perceptibles en el histograma, de forma plana como indica su coeficiente de curtosis prácticamente nulo.

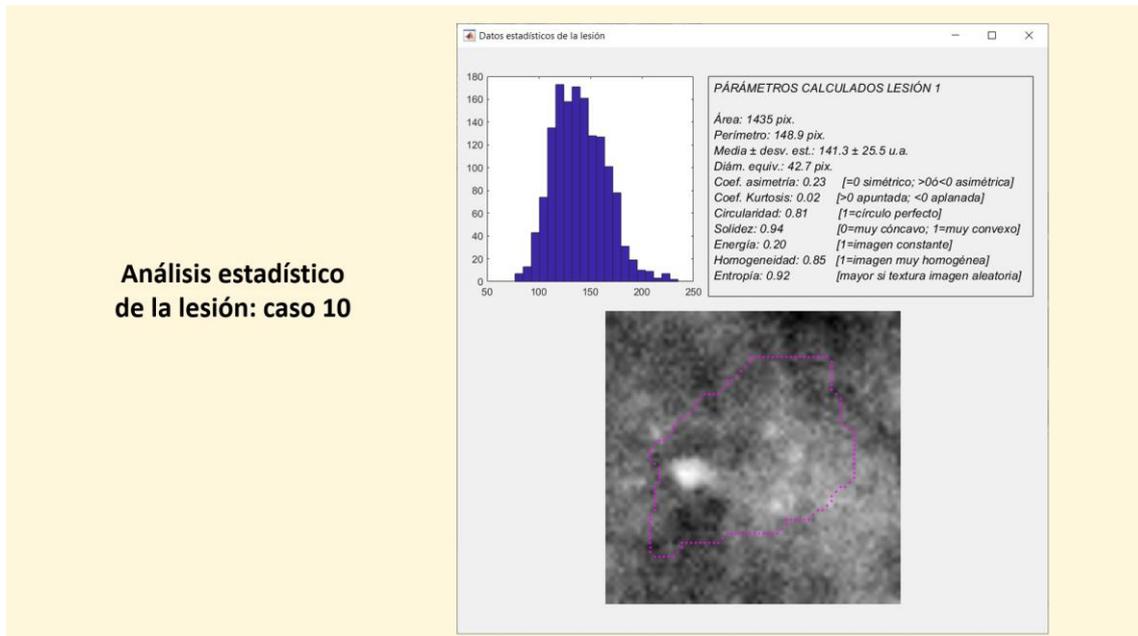


Figura 385. Casos mamografía. Caso 11: análisis estadístico de la lesión

En el caso 12, los participantes tenían que localizar un grupo de microcalcificaciones diagnosticadas como cáncer en la unión de los cuadrantes superior e inferior (ver Figura 386).

CASO 12: Mamografía

1.- Base de datos:	CSAW-S
2.- Tipo de proyección:	Medio lateral-oblicua
3.- Cargar el caso:	AD131_2_LO
4.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión (cáncer)
5.- Análisis CAD:	Tamaños 128 x 128 o 64 x64
6.- Localización y datos:	Mostrar información
7.- Análisis de la lesión:	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 386. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 12

En la Figura 387 se pueden observar diferentes análisis con tamaño de matriz de 128 x 128, que muestran una sensibilidad y especificidad óptima para este caso.

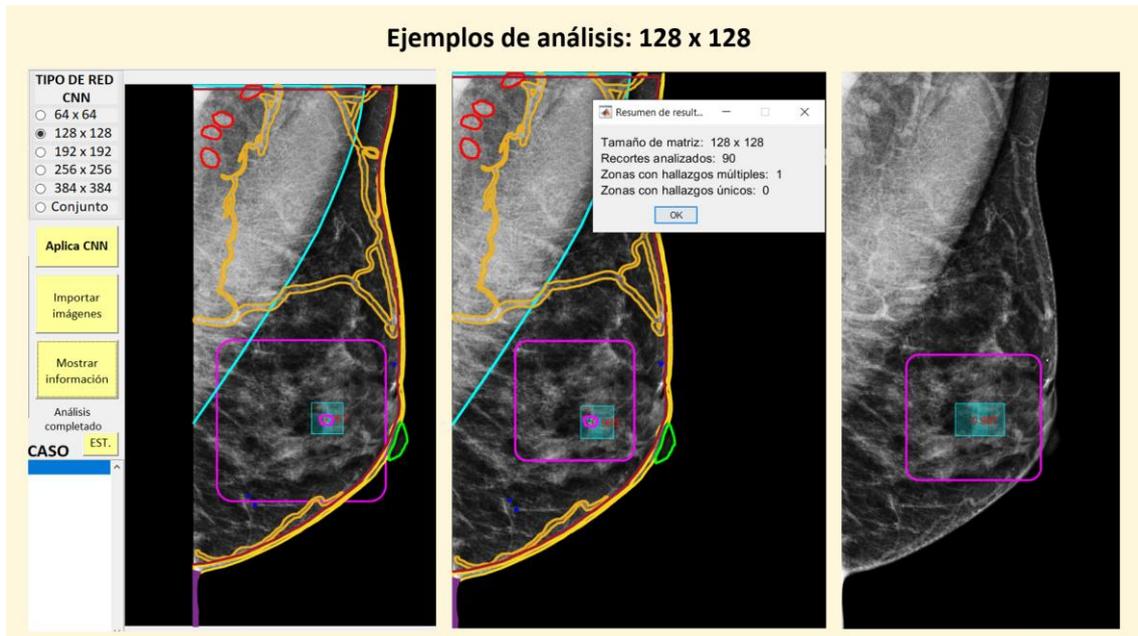


Figura 387. Casos mamografía. Caso 12: ejemplos de análisis (I) [128 x 128]

Los hallazgos múltiples para las redes CNN de 64 x 64 y 192 x 192 confirman la presencia de la lesión (Figura 388), llamando la atención sobre posibles zonas sospechosas cercanas.

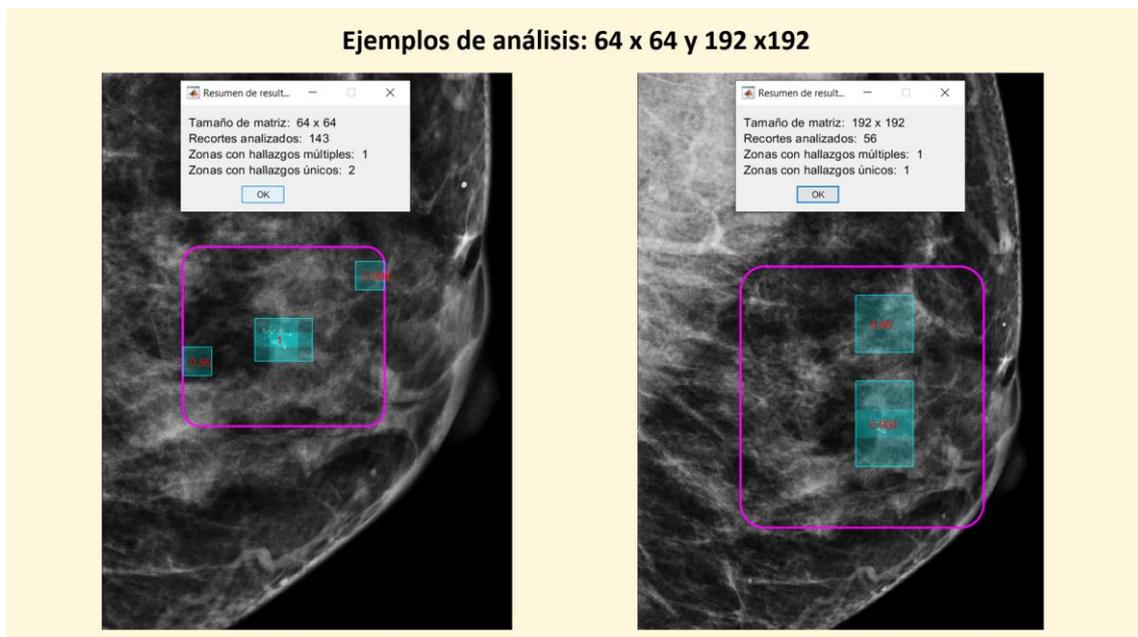


Figura 388. Casos mamografía. Caso 12: ejemplos de análisis (I) [64 x 64 y 192 x 192]

Para localizar estos grupos de microcalcificaciones se requiere una exploración detallada de la imagen con el apoyo de las herramientas de zoom y desplazamiento, aunque el análisis se efectúe en un monitor de alta resolución. La vista ampliada permite diferenciar claramente las microcalcificaciones (Figura 389).

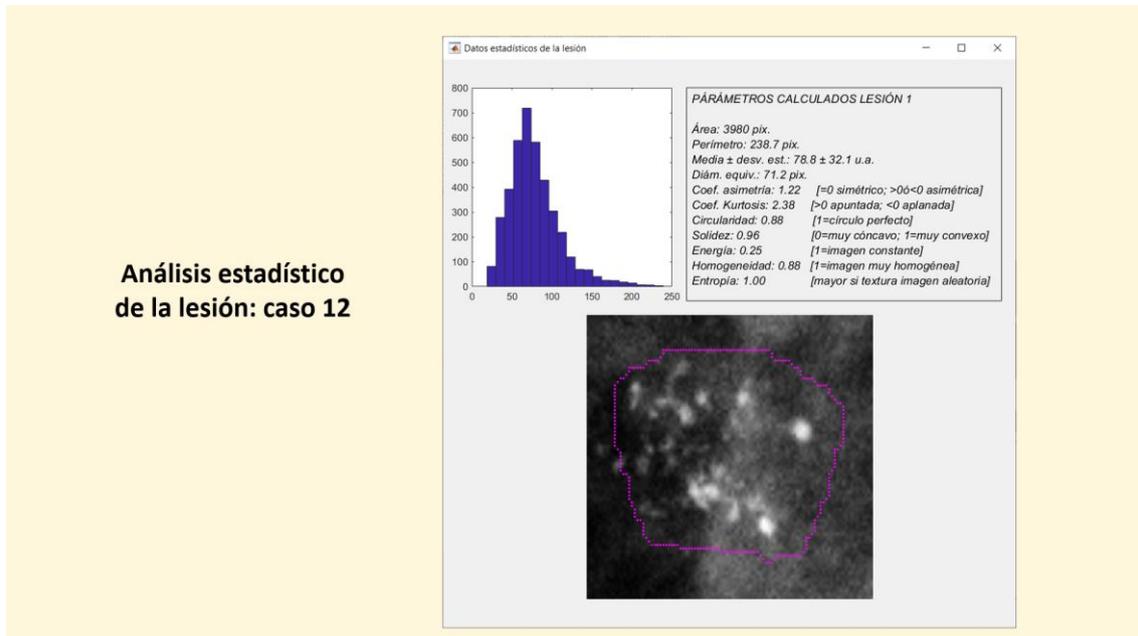


Figura 389. Casos mamografía. Caso 12: análisis estadístico de la lesión

La ficha del caso 13 (Figura 390) corresponde al único caso que contiene dos masas, de carácter maligno y forma irregular.

CASO 13: Mamografía

1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Masa
3.- Tipo de diagnóstico:	Maligno
4.- Características adicionales:	Irregular
5.- Examinar la imagen:	Mass_Training_00432_LEFT_CC
6.- Análisis CAD:	Tamaño 256x256
7.- Localización y datos:	Mostrar información
8.- Distribución de píxeles	Botón EST.
9.- Encuesta del caso	

Figura 390. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 13

Como puede visualizarse en la Figura 391, las masas fueron detectadas por el sistema CAD con redes de tamaño 256 x 256 cuando la región analizada contiene a las dos y también cuando se analizan por separado. Una tercera zona sospechosa en el cuadrante inferior interno no produjo un falso positivo a pesar de su forma.

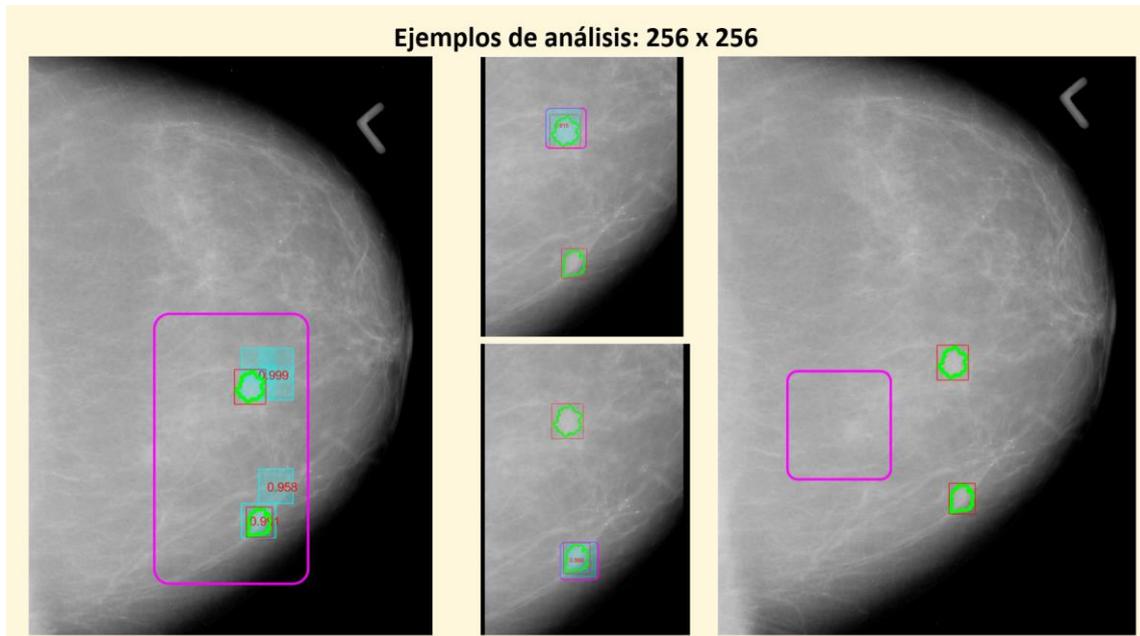


Figura 391. Casos mamografía. Caso 13: ejemplos de análisis (I) [256 x 256]

En la Figura 392 se presentan las dos masas de forma irregular y con márgenes espiculados. Fueron categorizadas como BI-RADS 4 por los especialistas que anotaron la base de datos. Las características de los bordes y la distribución de datos del histograma son indicadores de su malignidad.

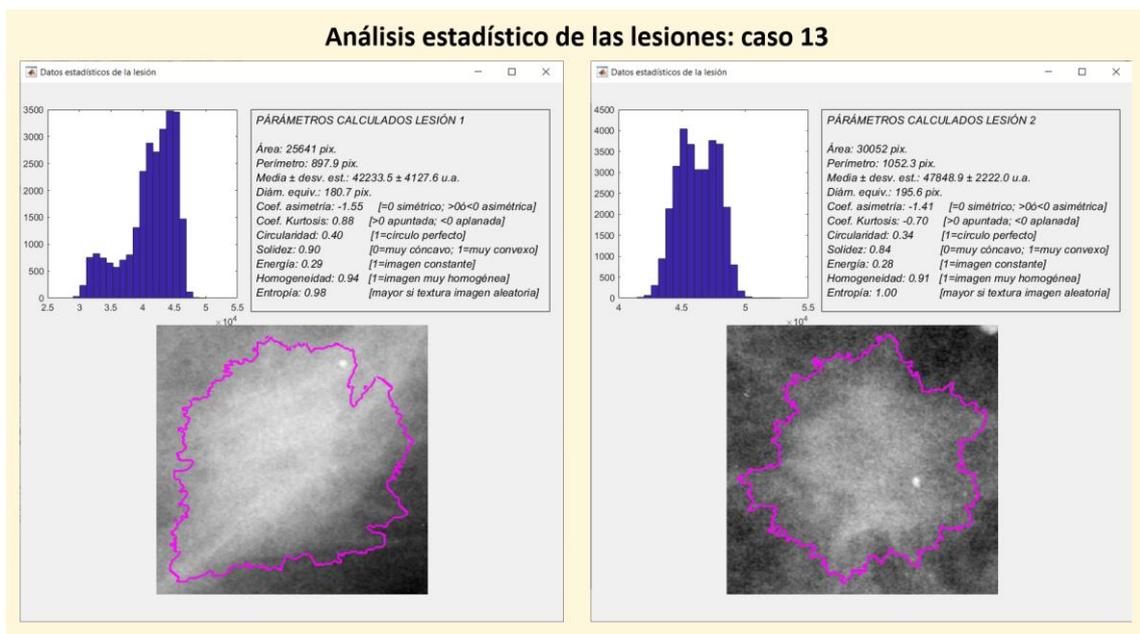


Figura 392. Casos mamografía. Caso 13: análisis estadístico de las lesiones

El siguiente caso contiene una lesión cancerosa próxima a un grupo disperso de microcalcificaciones de la base de datos CSAW-S (Figura 393):

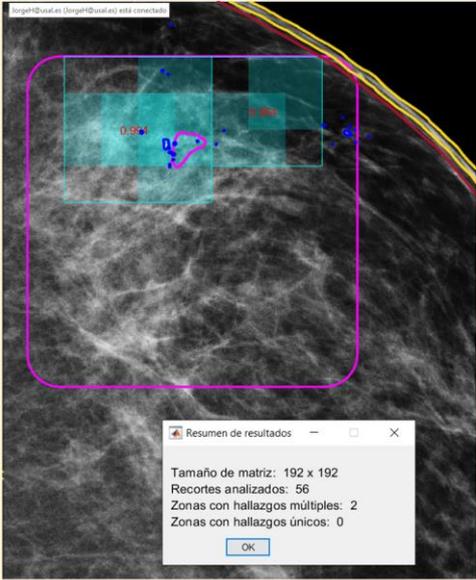
CASO 14: Mamografía

1.- Base de datos:	CSAW-S
2.- Tipo de proyección:	Cráneo-caudal (CC)
3.- Cargar el caso:	AD015_CC
4.- Examinar la imagen:	Localizar la lesión (cáncer)
5.- Análisis CAD:	Tamaños 128x128 o 192x192
6.- Localización y datos:	Mostrar información
7.- Distribución de píxeles:	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 393. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 14

Debido a las características de la lesión, de pequeño tamaño, resulta más adecuado realizar el análisis con redes como las utilizadas en la Figura 394.

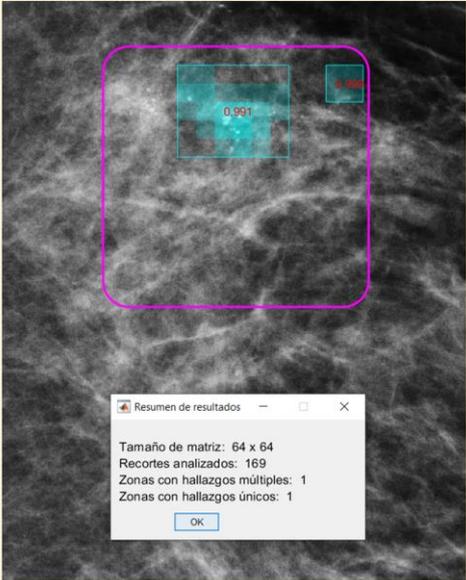
Ejemplos de análisis: 192 x192 y 64 x 64



Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 192 x 192
Recortes analizados: 56
Zonas con hallazgos múltiples: 2
Zonas con hallazgos únicos: 0

OK



Resumen de resultados

Tamaño de matriz: 64 x 64
Recortes analizados: 169
Zonas con hallazgos múltiples: 1
Zonas con hallazgos únicos: 1

OK

Figura 394. Casos mamografía. Caso 14: ejemplo de análisis (II) [64 x 64 y 192 x 192]

También fue localizada por 128 x 128 (Figura 395). A pesar de estar rodeada por microcalcificaciones, la lesión segmentada apenas contiene.

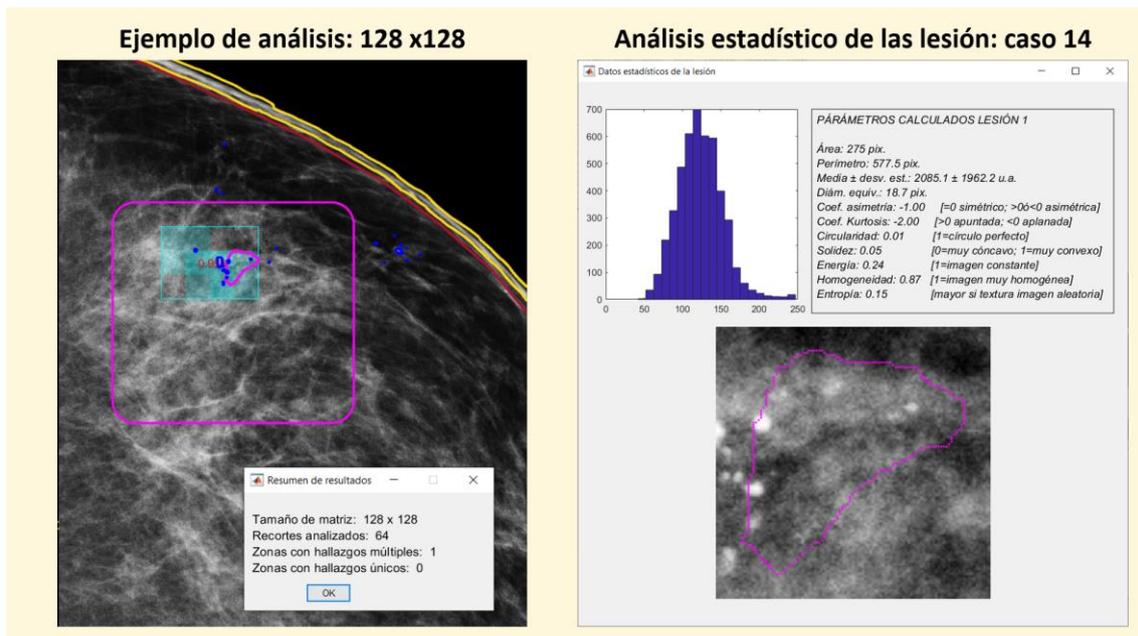


Figura 395. Casos mamografía. Caso 14: ejemplo de análisis (I) [128 x 128] y datos estadísticos de la lesión

La Figura 396 muestra la ficha de presentación del caso 15, en el que se encuentra una masa de carácter maligno y forma oval:

CASO 15: Mamografía

1.- Base de datos:	CBIS-DDSM
2.- Tipo de lesión:	Masa
3.- Tipo de diagnóstico:	Maligno
4.- Tipo/Forma:	Oval
5.- Examinar la imagen:	Mass-Training_P_000396_LEFT_CC
6.- Análisis CAD:	Tamaño 256x256
6.- Localización y datos:	Mostrar información
7.- Distribución de píxeles	Botón EST.
8.- Encuesta del caso	

Figura 396. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 15

Las redes CNN de tamaños 256 x 256 y 384 x 384 detectaron la masa en aquellos recortes que la contenían, como se puede ver en la Figura 397.

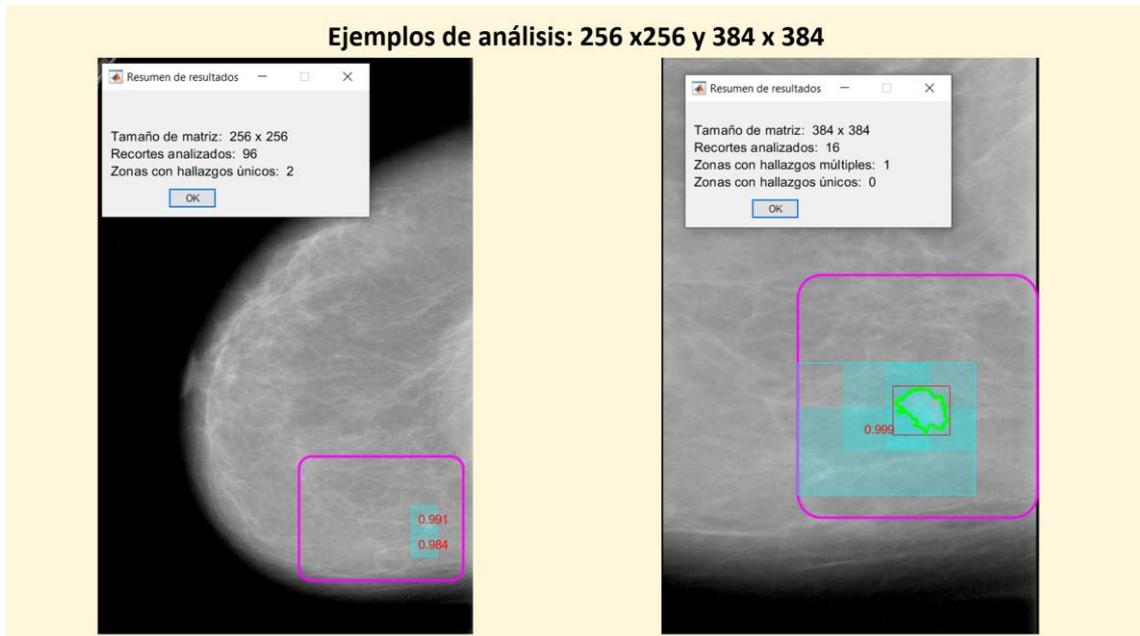


Figura 397. Casos mamografía. Caso 15: ejemplo de análisis (256 x 256 y 384 x 384)

La variedad de texturas en el interior de la masa causa que el histograma tenga una forma aplanada, con coeficiente de curtosis muy negativo, con múltiples concavidades, por lo que la solidez y circularidad de la lesión son bajas (Figura 398). Se trata de una lesión de tipo *BI-RADS* 5.

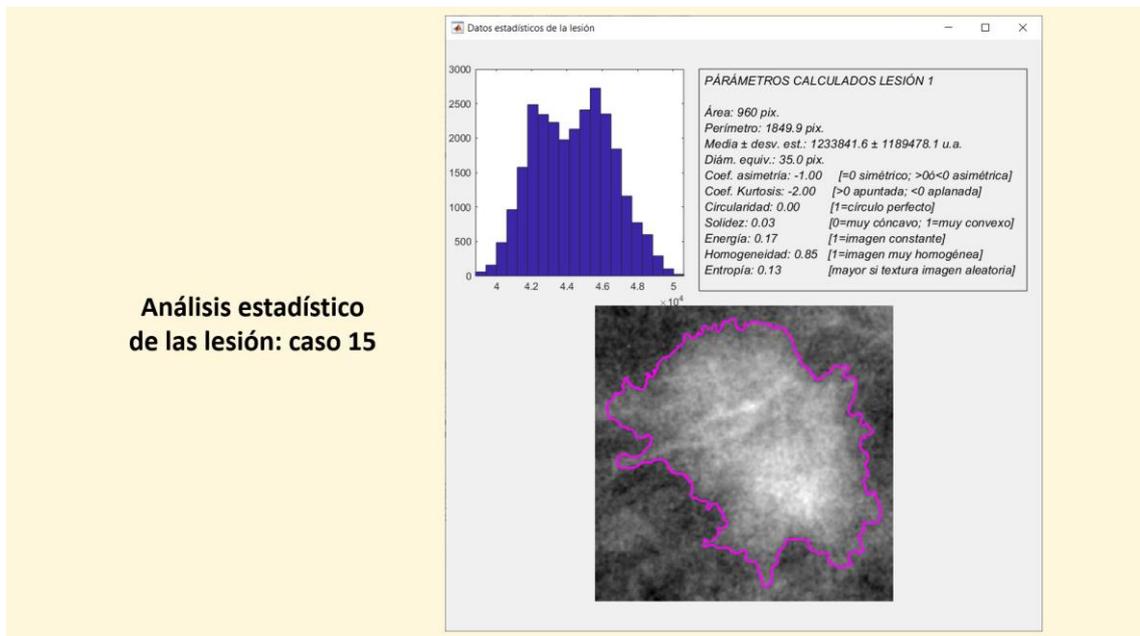


Figura 398. Casos mamografía. Caso 15: análisis estadístico de la lesión

El último caso de mamografía planteaba a los participantes una mamografía que contenía una lesión benigna etiquetada como nódulo + calcificación (Figura 399):

CASO 16: Mamografía

1.- Base de datos:	BCDR
2.- Tipo de lesión:	Benigna
3.- Tipo de diagnóstico:	Nódulo + Calcificación
4.- Tipo/Forma:	Solamente Nódulo + Calcificación
5.- Examinar la imagen:	patient194_study262\img_194_262_1_LCC
6.- Análisis CAD:	Tamaño 128x128 ó 64x64
7.- Localización y datos:	Mostrar información
8.- Distribución de píxeles	Botón EST.
9.- Encuesta del caso	

Figura 399. Casos mamografía. Ficha de presentación del caso 16

Al existir dos calcificaciones, ambas son detectadas por el CAD con los tamaños de matriz pequeños de 64 x 64 y 128 x 128, aunque solamente una de ellas disponía de diagnóstico confirmado (Figura 400).

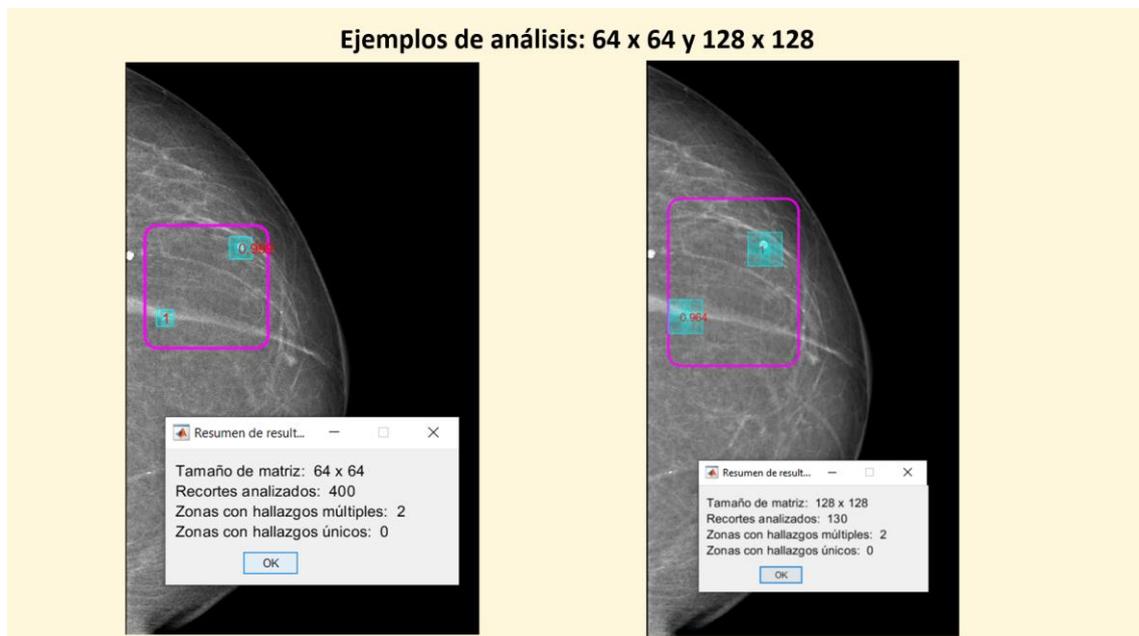


Figura 400. Casos mamografía. Caso 16: ejemplos de análisis CAD [64 x 64 y 128 x 128]

La vista ampliada muestra una calcificación parcialmente formada con forma de media luna. El pico de la parte derecha indica la zona calcificada (Figura 401).

Análisis estadístico de las lesión: caso 16

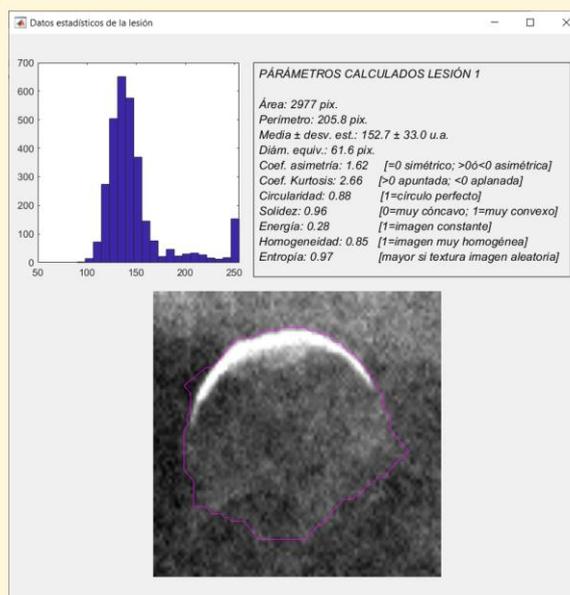


Figura 401. Casos mamografía. Caso 16: análisis estadístico de la lesión

6.5. Resultados de la validación de la actividad formativa

La primera subsección presenta los resultados de las encuestas A hasta la E, mientras que la segunda estudia los resultados de las encuestas de valoración de los casos. En la tercera se realiza un análisis estadístico del acuerdo interobservador utilizando los coeficientes ICC

En esta sección se presentan y analizan los resultados de la validación del software derivados de la actividad formativa interactiva. La subsección 6.5.1 *Encuestas de evaluación generales* incluye los resultados de las encuestas generales A-E, analizando su distribución y las valoraciones de sus diferentes ítems. En la subsección siguiente, 6.5.2. *Encuestas de valoración de los casos* se estudian las encuestas de resultados de los casos, analizando las respuestas proporcionadas por el grupo de participantes para cada caso y modalidad, así como la variabilidad de cada experto a la hora de valorar los diferentes casos. En 6.5.3 *Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador* se realiza un análisis estadístico del acuerdo de ambos tipos utilizando coeficientes ICC. Finalmente se recogen las percepciones, propuestas y opiniones expresadas por los participantes a partir de las preguntas de respuesta abierta formuladas.

6.5.1. Encuestas de evaluación generales

A continuación, se presentan los resultados obtenidos durante la fase de evaluación de la actividad. Los apartados de la (A) hasta la (E) contienen tablas con los resultados de las encuestas junto a un resumen de los ítems evaluados.

- A) Evaluación de la utilidad de la sesión teórica y el tutorial impartidos durante la actividad. La Tabla 80 refleja la opinión de los participantes con respecto a los objetivos y los conceptos expuestos estas partes de la actividad formativa.

ID	Ítems	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	N
A.1	Objetivos de la actividad formativa	4.73	0.45	0	0	0	26.9	73.1	26
A.2	Bases de datos disponibles	4.81	0.40	0	0	0	19.2	80.8	26
A.3	Principios teóricos del CAD	4.62	0.50	0	0	0	38.5	61.5	26
A.4	Opciones generales del software	4.65	0.49	0	0	0	34.6	65.4	26
A.5	Métodos para acceder a los casos	4.81	0.40	0	0	0	19.2	80.8	26
A.6	Importar imágenes o series	4.96	0.20	0	0	0	3.8	96.2	26
A.7	Herramientas de presentación y visualización de casos	4.88	0.33	0	0	0	11.5	88.5	26
A.8	Acceso a la información adicional	4.77	0.43	0	0	0	23.1	76.9	26
A.9	Mostrar nódulos segmentados en TC	4.69	0.47	0	0	0	30.8	69.2	26
A.10	Mostrar lesiones segmentadas en mamografía	4.65	0.56	0	0	3.8	26.9	69.2	26
A.11	Utilización del módulo CAD	4.69	0.55	0	0	3.8	23.1	73.1	26
A.12	Interpretación de los resultados CAD	4.69	0.47	0	0	0	30.8	69.2	26
A.13	Herramienta de visualización de nódulos en CT	4.46	0.71	0	0	11.5	30.8	57.7	26
A.14	Análisis estadístico de lesiones en mamografía	4.54	0.71	0	0	11.5	23.1	65.4	26

1: Totalmente de acuerdo; 2: En desacuerdo; 3: Neutral; 4: De acuerdo; 5: Totalmente de acuerdo

Tabla 80. Resultados de la encuesta relacionada con la sesión teórica y el tutorial de la actividad formativa

Como puede observarse en la Tabla 80, la media de las valoraciones para todos los ítems propuestos se encuentra en el intervalo entre 4.46 y 4.96 en una escala Likert graduada desde 1 a 5, indicando un grado muy alto de acuerdo. Los ítems que mostraron respuestas más positivas fueron el conocimiento de los métodos de importación de imágenes (4.96), las herramientas de presentación y visualización de los casos (4.88), los métodos para acceder a los casos pertenecientes a los diferentes repositorios (4.81) y las bases de datos accesibles mediante JORCAD (4.81). Esto confirma que los participantes recibieron una información previa adecuada para conocer el tipo de casos a accesibles mediante la aplicación y cómo acceder a ellos.

La dispersión o variabilidad en las respuestas fue baja, ya que en la mayor parte de ítems un 100% de las respuestas se encuadró en las categorías 4 o 5, presentando únicamente cuatro de ellas una valoración de 3 del 3.8% al 11.5% de los participantes expertos.

De acuerdo con las respuestas a esta encuesta se puede inferir que la percepción de todos los participantes es homogénea y muy alta en relación con el nivel de comprensión de las bases teóricas de JORCAD y el funcionamiento del software.

B) Evaluación de la usabilidad del software, sus controles y organización de menús y ventanas. La Tabla 81 refleja los resultados de la segunda encuesta propuesta:

ID	Ítems	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	N
B.1	Organización y accesibilidad de la interfaz	4.81	0.40	0	0	0	19.2	80.8	26
B.2	Presentación de los paneles de opciones de las bases de datos	4.73	0.53	0	0	3.8	19.2	77.0	26
B.3	Accesibilidad a los controles del software	4.65	0.48	0	0	0	34.6	65.4	26
B.4	Usabilidad de la selección e importación de casos	4.77	0.51	0	0	3.8	15.4	80.8	26
B.5	Información proporcionada por los títulos	4.65	0.56	0	0	3.8	26.9	69.2	26
B.6	Presentación de los casos seleccionables	4.77	0.43	0	0	0	23.1	76.9	26
B.7	Flujo de trabajo para manejar los casos	4.88	0.33	0	0	0	11.5	88.5	26
B.8	Utilidad de los mensajes de error	4.46	0.65	0	0	7.7	38.5	53.8	26
B.9	Herramientas de ajuste de visualización de imágenes	4.50	0.65	0	0	7.7	34.6	57.7	26
B.10	Manejo de las imágenes con las opciones del ratón	4.81	0.40	0	0	0	19.2	80.8	26
B.11	Usabilidad de la barra de herramientas de zoom	4.65	0.56	0	0	3.8	26.9	69.3	26
B.12	Facilidad de uso del panel de opciones CAD	4.73	0.45	0	0	0	26.9	73.1	26
B.13	Herramientas para importar imágenes externas	4.42	0.70	0	0	11.5	34.6	53.8	26
B.14	Ventana de presentación de la información del caso	4.77	0.43	0	0	0	23.1	76.9	26
B.15	Opciones de manipulación de la vista en 3D de nódulos	4.54	0.65	0	0	7.7	30.8	61.5	26
B.16	Interpretabilidad del análisis estadístico	4.65	0.49	0	0	0	34.6	65.4	26

1: Totalmente de acuerdo; 2: En desacuerdo; 3: Neutral; 4: De acuerdo; 5: Totalmente de acuerdo

Tabla 81. Resultados de la encuesta relacionada con la usabilidad del software

La usabilidad general del software fue valorada con puntuaciones promedio en el intervalo [4.42 - 4.88] con desviaciones estándar inferiores a 0.70. Para todos los ítems, la moda de la distribución de datos fue 5 por una diferencia significativa. Es destacable mencionar que las mejores valoraciones fueron otorgadas al flujo de trabajo para manejar los casos (4.88) y la organización de la interfaz (4.81), las herramientas de importación y selección de casos (4.77), la ventana de presentación de la información (4.77) y los controles para manejar las imágenes importadas (4.81). Al igual que en la encuesta A, solamente un número residual de respuestas se asignaron al valor 3.

La opinión de los participantes expertos en relación a la usabilidad del software, incluyendo el flujo de trabajo y la utilización de las opciones de selección de casos y manipulación de imágenes es muy positiva, lo que concuerda con su curva rápida curva de aprendizaje a la hora de utilizar JORCAD, que les permitía actuar de forma autónoma tras explorar un número reducido de casos.

C) Evaluación de los participantes sobre aspectos relacionados con las herramientas del software para la exploración y análisis de casos. La Tabla 82 presenta los resultados de la tercera encuesta, relacionados con el manejo, presentación y análisis de casos, junto con la opinión acerca de la variedad de casos presentados.

ID	Items	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	N
C.1	Entorno del software para el análisis de casos	4.81	0.40	0	0	0	19.2	80.8	26
C.2	Clasificación y presentación de los casos de TC de tórax	4.88	0.33	0	0	0	11.5	88.5	26
C.3	Variedad de nódulos consultables	4.73	0.53	0	0	3.8	19.2	77.0	26
C.4	Información del proceso de carga de imágenes	4.77	0.51	0	0	3.8	15.4	76.8	26
C.5	Utilidad de la barra de desplazamiento entre cortes	4.77	0.59	0	0	7.7	7.7	84.6	26
C.6	Presentación de la información de los casos de TC de tórax	4.85	0.37	0	0	0	15.4	84.6	26
C.7	Identificación de los cortes con nódulos segmentados	4.77	0.43	0	0	0	23.1	76.9	26
C.8	Diferenciación de las segmentaciones de los nódulos	4.69	0.47	0	0	0	30.8	69.2	26
C.9	Herramienta 3D para conocer la morfología del nódulo	4.08	0.89	0	3.8	23.1	34.6	38.5	26
C.10	Presentación y clasificación de los casos de mamografía	4.65	0.49	0	0	0	34.6	63.4	26
C.11	Variedad de las lesiones de mamografía consultables	4.85	0.37	0	0	0	15.4	84.6	26
C.12	Presentación de la información de los casos de mamografía	4.85	0.37	0	0	0	15.4	84.6	26
C.13	Diferenciación de las segmentaciones en mamografía	4.58	0.70	0	0	3.8	30.8	65.4	26
C.14	Utilidad del análisis estadístico de lesiones en mamografía	4.46	0.71	0	0	11.5	30.8	67.7	26
C.15	Utilidad de la vista ampliada de la lesión y el histograma	4.54	0.76	0	0	15.4	15.4	69.2	26

1: Totalmente de acuerdo; 2: En desacuerdo; 3: Neutral; 4: De acuerdo; 5: Totalmente de acuerdo

Tabla 82. Resultados de la encuesta relacionada con las herramientas del software para el análisis y exploración de casos

Todos los ítems en esta encuesta recibieron una valoración promedio entre 4.46 y 4.88, con la excepción de la herramienta para la visualización de nódulos en 3D, puntuada por debajo de la media. Los participantes expertos valoraron positivamente la clasificación y presentación de los casos de TC de tórax y mamografía (4.88 y 4.85 respectivamente) mientras que la variedad de casos de mamografía (4.85) recibió una valoración ligeramente superior a la de nódulos de TC de tórax (4.73). En lo que se refiere a las segmentaciones de las lesiones, la percepción fue algo más satisfactoria para los nódulos y la identificación de sus contornos asociados.

Cabe destacar también la buena valoración recibida por el análisis estadístico, histograma y vista ampliada de la lesión que complementa la exploración de casos de mamografía, a pesar se du carácter cuantitativo.

D) Evaluación de los participantes sobre la herramienta CAD basada en redes CNN. La Tabla 83 muestra los resultados de la encuesta relacionada con la usabilidad de esta herramienta y su impacto en el aprendizaje y en la práctica clínica, incluyendo una comparación estadística entre las respuestas de los especialistas y los residentes.

ID	Ítems	\bar{x}	σ_x	1(%)	2(%)	3(%)	4(%)	5(%)	N
D.1	Información acerca del número de recortes procesados	4.77	0.43	0	0	0	23.1	76.9	26
	<i>Especialistas</i>	4.87	0.35	p (U-Mann Whitney) = 0.18					15
	<i>Residentes</i>	4.64	0.51						11
D.2	Utilidad de las redes CNN para tamaños de recorte variable	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.53	0.52	p (U-Mann Whitney) = 0.61					15
	<i>Residentes</i>	4.64	0.51						11
D.3	La opción de análisis conjunto CNN mejora el aprendizaje	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.60	0.51	p (U-Mann Whitney) = 0.79					15
	<i>Residentes</i>	4.55	0.52						11
D.4	Utilidad de esta herramienta CAD en la práctica clínica	4.50	0.71	0	3.8	0	38.5	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.73	0.46	p (U-Mann Whitney) = 0.05					15
	<i>Residentes</i>	4.18	0.87						11
D.5	Alta sensibilidad versus especificidad	4.12	0.95	0	7.7	15.	34.6	42.3	26
	<i>Especialistas</i>	4.27	0.88	p (U-Mann Whitney) = 0.36					15
	<i>Residentes</i>	3.91	1.04						11
D.6	Presentación de los hallazgos CAD como zonas sombreadas	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.67	0.49	p (U-Mann Whitney) = 0.29					15
	<i>Residentes</i>	4.45	0.52						11
D.7	Conocer la probabilidad de los hallazgos CAD resulta útil	4.42	0.58	0	0	3.8	50.0	46.2	26
	<i>Especialistas</i>	4.53	0.52	p (U-Mann Whitney) = 0.30					15
	<i>Residentes</i>	4.27	0.65						11
D.8	La ventana resumen de resultados CAD es útil	4.42	0.64	0	0	7.7	42.3	50.0	26
	<i>Especialistas</i>	4.67	0.62	p (U-Mann Whitney) = 0.01					15
	<i>Residentes</i>	4.09	0.54						11
D.9	El análisis CAD refuerza la confianza	4.85	0.37	0	0	0	15.4	84.6	26
	<i>Especialistas</i>	4.87	0.35	p (U-Mann Whitney) = 0.74					15
	<i>Residentes</i>	4.82	0.41						11
D.10	Utilidad para el aprendizaje de los casos de TC de tórax	4.73	0.53	0	0	3.8	19.2	76.9	26
	<i>Especialistas</i>	4.80	0.56	p (U-Mann Whitney) = 0.23					15
	<i>Residentes</i>	4.64	0.50						11
D.11	Utilidad para el aprendizaje de los casos de mamografía	4.65	0.56	0	0	3.8	26.9	69.2	26
	<i>Especialistas</i>	4.67	0.62	p (U-Mann Whitney) = 0.70					15
	<i>Residentes</i>	4.64	0.51						11
D.12	La cantidad de hallazgos CAD cumple mis expectativas	4.54	0.65	0	0	7.7	30.8	61.5	26
	<i>Especialistas</i>	4.73	0.46	p (U-Mann Whitney) = 0.10					15
	<i>Residentes</i>	4.27	0.79						11

1: Totalmente de acuerdo; 2: En desacuerdo; 3: Neutral; 4: De acuerdo; 5: Totalmente de acuerdo

Tabla 83. Resultados de la encuesta relativa a la herramienta CAD basada en redes CNN

De acuerdo con las opiniones de los expertos, particularmente el grupo de los especialistas, el CAD es una herramienta muy útil para el aprendizaje y su uso refuerza la confianza. Las opciones de JORCAD para la detección automática de lesiones y la presentación de resultados fueron también evaluadas muy positivamente. Podría utilizarse en la práctica clínica, teniendo en cuenta la valoración de esta encuesta.

Existen diferencias estadísticamente significativas entre grupos a la hora de evaluar la utilidad del CAD en la práctica clínica, la utilidad de la ventana de resumen de resultados CAD y el número de anotaciones CAD, habiendo sido valorados todos estos ítems más positivamente por los especialistas.

Las valoraciones a todas las cuestiones planteadas en esta encuesta (con la excepción de D.2) son más positivas para el grupo de expertos especialistas que para el de los residentes. En varias de ellas la diferencia promedio es de 0.5 puntos en la escala de Likert.

La moda en todos los ítems que se plantean se corresponde con la respuesta “Totalmente de acuerdo” a excepción de la valoración de la utilidad del valor numérico de la probabilidad del hallazgo, para el que la respuesta más frecuente (aunque por poca diferencia) fue “De acuerdo”.

- E) Evaluación de los participantes relativa a la utilidad educativa del software, teniendo en cuenta el tipo de participante (especialista en Radiodiagnóstico o residente). La utilidad educativa de JORCAD fue analizada mediante un conjunto de 10 ítems propuestos a los participantes. Fueron evaluados usando tres escalas de valoración diferentes, dependiendo del tipo de pregunta. Como puede verse en la Tabla 84, la utilidad educativa de JORCAD fue valorada con una escala de 5 puntos que abarca desde la falta de utilidad (1) hasta extremadamente útil (5).

ID	Ítems	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	N
E.1	Utilidad de JORCAD para la formación de residentes	4.54	0.65	0	0	7.7	30.8	61.5	26
	<i>Especialistas</i>	4.53	0.64	p (U-Mann Whitney) = 0.90					15
	<i>Residentes</i>	4.55	0.69						11
E.2	Utilidad educativa del módulo CAD	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.60	0.51	p (U-Mann Whitney) = 0.79					15
	<i>Residentes</i>	4.55	0.52						11
E.3	Las bases de datos anotadas son útiles para el aprendizaje	4.77	0.51	0	0	3.8	15.4	80.8	26
	<i>Especialistas</i>	4.67	0.62	p (U-Mann Whitney) = 0.26					15
	<i>Residentes</i>	4.91	0.30						11
E.4	Utilidad de las opciones del software para el aprendizaje	4.19	0.82	0	0	19.2	42.3	38.5	26
	<i>Especialistas</i>	4.20	0.78	p (U-Mann Whitney) = 0.93					15
	<i>Residentes</i>	4.18	0.75						11

1: Sin utilidad; 2: Ligeramente útil; 3: Moderadamente útil; 4: Muy útil; 5: Extremadamente útil

Tabla 84. Resultados de la encuesta educativa (I) relacionada con la utilidad educativa de JORCAD

Los tres primeros ítems fueron calificados como “Extremadamente útiles”, ya que los expertos encontraron muy útil el proceso de analizar los casos con un software CAD, así como la exploración de bases de datos anotadas. Los dos grupos coincidieron a la hora de señalar la utilidad de JORCAD para revisar casos y aprender de forma activa.

La similitud en las respuestas de ambos grupos de expertos es mayor que en la encuesta D), siendo reseñable que los residentes respondieron muy positivamente sobre la utilidad de las bases de datos anotadas para el aprendizaje.

A continuación, se preguntó a los participantes en el estudio acerca de la dificultad de uso del software y de la complejidad de los 16 casos de CT de tórax y 16 casos de mamografía analizados. Los resultados, valorados en función del grado de dificultad, se muestran en la Tabla 85:

ID	Items	\bar{x}	σ_x	1(%)	2(%)	3(%)	4(%)	5(%)	N
E.5	Dificultad de uso de JORCAD	1.88	0.71	30.8	50.0	19.2	0	0	26
	<i>Especialistas</i>	1.93	0.70	p (U-Mann Whitney) = 0.67					15
	<i>Residentes</i>	1.82	0.75						11
E.6	Complejidad de los casos de TC de tórax	2.96	0.77	0	23.1	65.4	3.8	7.7	26
	<i>Especialistas</i>	3.07	0.96	p (U-Mann Whitney) = 0.85					15
	<i>Residentes</i>	2.82	0.40						11
E.7	Complejidad de los casos de mamografía	3.23	0.82	0	19.2	42.3	34.6	3.8	26
	<i>Especialistas</i>	3.27	0.88	p (U-Mann Whitney) = 0.69					15
	<i>Residentes</i>	3.18	0.75						1

1: Muy fácil; 2: Fácil; 3: Dificultad intermedia; 4: Difícil; 5: Muy difícil

Tabla 85. Resultados de la encuesta educativa (II) relacionada con la facilidad de uso del software y la complejidad de los casos analizados

Una mayoría de los expertos consideró JORCAD como muy fácil o fácil de utilizar. Con respecto a la complejidad de los casos, hubo una mayor variabilidad en las puntuaciones, aunque la tendencia principal fue la de evaluarlos como de dificultad intermedia. Los casos de mamografía fueron considerados más difíciles. Por último, la Tabla 86 refleja los aspectos relacionados con la adecuación y utilidad de JORCAD para la formación en Radiología.

ID	Items	\bar{x}	σ_x	1(%)	2(%)	3(%)	4(%)	5(%)	N
E.8	Las bases de datos anotadas en combinación con el CAD mejoraran las capacidades educativas de JORCAD	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.67	0.49	p (U-Mann Whitney) = 0.29					15
	<i>Residentes</i>	4.45	0.52						11
E.9	JORCAD en los programas de formación de residentes en Radiodiagnóstico	4.58	0.50	0	0	0	42.3	57.7	26
	<i>Especialistas</i>	4.60	0.51	p (U-Mann Whitney) = 0.79					15
	<i>Residentes</i>	4.55	0.52						11
E.10	Utilidad de la herramienta CAD incluida en JORCAD para la formación de residentes en Radiodiagnóstico	4.54	0.51	0	0	0	46.2	53.8	26
	<i>Especialistas</i>	4.53	0.52	p (U-Mann Whitney) = 0.95					15
	<i>Residentes</i>	4.55	0.52						11

1: Totalmente en desacuerdo; 2: Algo de acuerdo; 3: De acuerdo; 4: Bastante de acuerdo; 5: Totalmente de acuerdo

Tabla 86. Resultados de la encuesta educativa (III) relacionada con las capacidades y el potencial educativo de JORCAD

Los resultados de las comparaciones estadísticas no muestran diferencias significativas entre grupos. Ambos coinciden a la hora de evaluar la utilidad educativa de JORCAD como “muy útil” o “extremadamente útil”, junto con sus capacidades y potencial. Los participantes recomiendan la introducción de JORCAD en los programas de formación de residentes en Radiodiagnóstico.

6.5.2. Encuestas de valoración de los casos

A lo largo de las sesiones prácticas, los participantes revisaron y analizaron una serie de casos de TC de tórax y mamografía de acuerdo a las indicciones de la ficha del caso. Justo después de completar cada caso, respondieron a una encuesta de tres ítems, como se explicó en la metodología de evaluación de la actividad formativa. Los resultados promedio y la distribución de valoraciones para cada caso se muestran en la Tabla 87 y en la Tabla 88:

ID	Dificultad del caso*					Utilidad del CAD para analizar el caso**					Utilidad de JORCAD para la formación de residentes***					N						
	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	\bar{x}		σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)
T1	2.62	0.64	3.8	34.6	57.7	3.8	0	3.96	0.82	0	0	34.6	34.6	30.8	3.62	0.75	0	3.8	42.3	42.3	11.5	26
T2	3.15	0.68	0	11.5	65.4	19.2	3.8	4.19	0.75	0	0	19.2	42.3	38.5	4.00	0.69	0	0	23.1	53.8	23.1	26
T3	3.42	0.90	0	19.2	26.9	46.2	7.7	4.15	0.93	0	7.7	11.5	38.5	7.7	4.08	0.80	0	3.8	15.4	50.0	30.8	26
T4	2.42	0.64	3.8	53.8	38.5	3.8	0	3.69	0.79	0	0	50.0	30.8	19.2	3.58	0.76	0	3.8	46.2	38.5	11.5	26
T5	1.73	0.67	38.5	50.0	11.5	0	0	3.50	0.81	0	3.8	57.7	23.1	15.4	3.38	0.90	0	15.4	42.3	30.8	11.5	26
T6	2.35	0.63	3.8	61.5	30.8	3.8	0	3.62	0.90	0	7.7	42.3	30.8	19.2	3.54	0.95	0	11.5	42.3	26.9	19.2	26
T7	2.81	0.98	7.7	30.8	38.5	19.2	3.8	3.62	0.90	0	7.7	42.3	30.8	19.2	3.54	0.86	0	7.7	46.2	30.8	15.4	26
T8	3.15	0.78	0	23.1	38.5	38.5	0	3.85	0.88	0	3.8	34.6	34.6	26.9	3.81	0.98	0	7.7	34.6	26.9	30.8	26
T9	2.35	0.85	15.4	42.3	34.6	7.7	0	3.58	0.86	0	7.7	42.3	34.6	15.4	3.58	0.86	0	7.7	42.3	34.6	15.4	26
T10	3.19	0.80	0	15.4	57.7	19.2	7.7	3.88	0.71	0	0	30.8	50.0	19.2	3.92	0.63	0	0	23.1	61.5	15.4	26
T11	2.88	0.71	0	30.8	50.0	19.2	0	3.65	0.75	0	0	50.0	34.6	15.4	3.65	0.89	0	7.7	38.5	34.6	19.2	26
T12	3.31	0.79	0	15.4	42.3	38.5	3.8	3.73	0.83	0	7.7	26.9	50.0	15.4	3.88	0.82	0	3.8	26.9	46.2	23.1	26
T13	2.58	0.64	0	50.0	42.3	7.7	0	3.65	0.69	0	0	46.2	42.3	11.5	3.58	0.86	0	7.7	42.3	34.6	15.4	26
T14	2.77	0.86	3.8	34.6	46.2	11.5	3.8	3.77	0.86	0	3.8	38.5	34.6	23.1	3.77	0.86	0	3.8	38.5	34.6	23.1	26
T15	2.88	0.82	0	34.6	46.2	15.4	3.8	4.04	0.77	0	0	26.9	42.3	30.8	3.92	0.74	0	0	30.8	46.2	23.1	26
T16	4.27	0.72	0	0	15.4	42.3	42.3	4.19	0.69	0	0	15.4	50.0	34.6	4.19	0.69	0	0	15.4	50.0	34.6	26

*1: Muy fácil; 2: Fácil; 3: Dificultad intermedia; 4: Difícil; 5: Muy difícil

**1: Sin utilidad; 2: Ligeramente útil; 3: Moderadamente útil; 4: Muy útil; 5: Extremadamente útil

***1: Sin utilidad; 2: De poco interés; 3: Recomendable; 4: Bastante recomendable; 5: Muy didáctico o educativo

Tabla 87. Resultados de las encuestas de análisis de casos: 16 casos de TC de tórax

ID	Dificultad del caso*					Utilidad del CAD para analizar el caso**					Utilidad de JORCAD para la formación de residentes***					N						
	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	\bar{x}	σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)	\bar{x}		σ_x	1 (%)	2 (%)	3 (%)	4 (%)	5 (%)
M1	3.12	0.59	0	11.5	65.4	23.1	0	4.00	0.89	0	3.8	26.9	34.6	34.6	4.08	0.84	0	3.8	19.2	42.3	34.6	26
M2	2.62	0.80	3.8	46.2	34.6	15.4	0	3.85	0.83	0	3.8	34.6	38.5	23.1	3.73	0.87	0	11.5	23.1	50.0	15.4	26
M3	3.27	0.67	0	11.5	50.0	38.5	0	4.23	0.76	0	0	19.2	38.5	42.3	4.19	0.80	0	0	23.1	34.6	42.3	26
M4	2.85	0.83	0	38.5	42.3	15.4	3.8	3.77	0.76	0	0	42.3	38.5	19.2	3.96	0.82	0	0	38.5	30.8	30.8	26
M5	2.62	0.70	0	42.6	50.0	0	3.8	3.65	0.85	0	7.7	38.5	38.5	15.4	3.81	0.98	0	7.7	34.6	26.9	30.8	26
M6	3.50	1.11	0	23.1	26.9	26.9	23.1	4.08	0.98	0	3.8	34.6	15.4	46.2	3.96	1.04	0	7.7	30.8	19.2	42.3	26
M7	2.88	0.82	0	34.6	46.2	15.4	3.8	3.92	0.75	0	3.8	23.1	53.8	19.2	3.96	0.77	0	3.8	23.1	53.8	19.2	26
M8	2.96	0.72	0	26.9	50.0	23.1	0	3.92	0.85	0	3.8	26.9	42.3	26.9	3.81	0.90	0	3.8	42.3	26.9	26.9	26
M9	3.31	0.88	0	15.4	50.0	23.1	11.5	4.00	0.75	0	0	34.6	42.3	23.1	3.92	0.69	0	0	30.8	50.0	19.2	26
M10	2.54	0.76	3.8	50.0	34.6	11.5	0	3.69	0.84	0	3.8	42.3	34.6	19.2	3.81	0.94	0	7.7	34.6	30.8	26.9	26
M11	3.81	0.94	0	7.7	30.8	34.6	26.9	4.19	0.85	0	0	26.9	26.9	46.2	4.23	0.86	0	0	26.9	23.1	50.0	26
M12	2.96	0.72	0	23.1	61.5	11.5	3.8	4.00	0.80	0	0	34.6	34.6	30.8	4.08	0.85	0	0	30.8	30.8	38.5	26
M13	3.23	0.82	0	15.4	53.8	23.1	7.7	4.15	0.83	0	0	26.9	30.8	42.3	4.15	0.83	0	0	30.8	26.9	42.3	26
M14	3.08	0.69	0	19.2	53.8	23.1	3.8	3.96	0.66	0	0	26.9	53.8	19.2	4.04	0.77	0	3.8	19.2	50.0	26.9	26
M15	2.85	0.83	0	38.5	42.3	15.4	3.8	3.92	0.67	0	0	30.8	50.0	19.2	3.96	0.60	0	0	23.1	61.5	15.4	26
M16	3.15	1.01	0	34.6	23.1	34.6	7.7	3.73	0.87	0	7.7	30.8	38.5	23.1	3.81	0.90	0	7.7	26.9	42.3	23.1	26

*1: Muy fácil; 2: Fácil; 3: Dificultad intermedia; 4: Difícil; 5: Muy difícil

**1: Sin utilidad; 2: Ligeramente útil; 3: Moderadamente útil; 4: Muy útil; 5: Extremadamente útil

***1: Sin utilidad; 2: De poco interés; 3: Recomendable; 4: Bastante recomendable; 5: Muy didáctico o educativo

Tabla 88. Resultados de las encuestas de análisis de casos: 16 casos de mamografía

La dificultad de los casos fue valorada de forma diferente, no solo dependiendo del caso sino también de la modalidad, mostrando opiniones significativamente diferentes entre expertos para alguno de los casos. La experiencia individual de cada participante experto y su dedicación laboral actual son factores importantes que influyen sus respuestas a esta cuestión.

La utilidad del CAD fue calificada como “útil” o “muy útil” para la mayoría de los casos, independientemente de su dificultad. Claramente, los participantes consideraron que el CAD era más útil para mamografía, una modalidad diagnóstica más difícil y delicada de interpretar, que además puede incluir una gran variedad de tipos de lesión. Para 5 de los casos de mamografía, la herramienta CAD fue considerada como “extremadamente útil” por una mayoría de los expertos.

La aplicación JORCAD fue considerada como “bastante recomendable” para la formación de residentes en un gran número de casos y por un gran número de expertos para TC de tórax y

mamografía. Al igual que en el ítem anterior, fue evaluado como “muy educativo” por una mayoría de expertos en varios casos de mamografía, y por un porcentaje relevante en el resto.

En la Figura 402 se presentan como ejemplo dos resúmenes de las fichas proporcionadas a los participantes para dos de los casos considerados más didácticos, entre los 16 planteados durante las sesiones prácticas de la actividad, según sus respuestas. Se trata del segundo y décimo caso de TC de tórax, etiquetados como T2 y T10. En las secciones anteriores se describieron con detalle todos los casos analizados en la actividad. T2 se corresponde con un caso diagnosticado como enfermedad maligna metastásica, y contiene dos nódulos de pequeño tamaño, localizados en cortes diferentes. Uno de ellos está situado junto a la pared torácica en el pulmón derecho, mientras que el otro se encuentra próximo a estructuras vasculares en el pulmón izquierdo. T10 es un caso para el que no se dispone de diagnóstico, en el cual los participantes tenían que localizar 4 nódulos en tres grupos de cortes, incluyendo dos de muy pequeño tamaño. Para todos los nódulos de estos dos casos, el CAD realizó detecciones con una alta probabilidad asociada, manteniendo también una elevada especificidad.

FICHA RESUMEN DEL CASO 2 DE TC DE TÓRAX	
<i>Base de datos:</i>	LIDC-IDRI
<i>Diagnóstico (Tipo/Método):</i>	Maligna metastásica / Biopsia
<i>Identificación del caso:</i>	LIDC-IDRI-161
<i>Explorar cortes (I):</i>	160-170
<i>Tamaños CAD recomendados (I):</i>	16 x 16, 24 x 24
<i>Explorar cortes (II):</i>	175-185
<i>Tamaños CAD recomendados (II):</i>	16 x 16, 24 x 24
FICHA RESUMEN DEL CASO 10 DE TC DE TÓRAX	
<i>Base de datos:</i>	LIDC-IDRI
<i>Diagnóstico (Tipo/Método):</i>	No diagnosticado
<i>Identificación del caso:</i>	LIDC-IDRI-0628
<i>Explorar cortes (I):</i>	80-90 (1 nódulo)
<i>Tamaños CAD recomendados (I):</i>	24 x 24
<i>Explorar cortes (II):</i>	140-150 (1 nódulo)
<i>Tamaños CAD recomendados (II):</i>	16x16
<i>Explorar cortes (III):</i>	160-180 (2 nódulos)
<i>Tamaños CAD recomendados (III):</i>	24 x 24

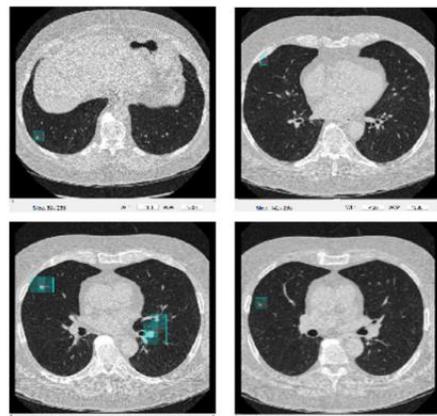
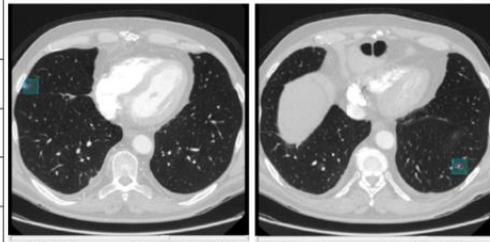
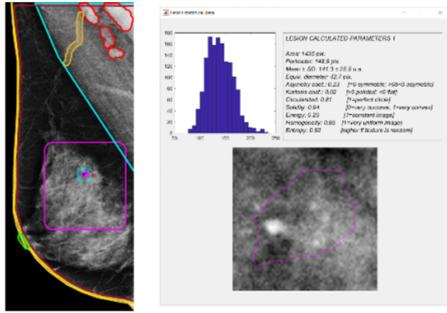


Figura 402. Casos de TC de tórax más útiles para la formación de residentes con JORCAD según las valoraciones de los participantes

Para mamografía, los participantes encontraron los casos M11 y M13 como los más interesantes para el aprendizaje por parte de los residentes. Las fichas-resumen de los casos se pueden ver en la Figura 403. La primera contiene un pequeño grupo de microcalcificaciones difícil de visualizar en una vista MLO y diagnosticado como cáncer. El caso M13, también diagnosticado como maligno, contiene dos masas que pueden ser confundidas con otras estructuras o incluso

pasar desapercibidas a la hora de informar la mamografía. Las dos lesiones recibieron una alta clasificación *BI-RADS*, como reflejan las anotaciones de la base de datos.

FICHA RESUMEN DEL CASO 11 DE MAMOGRAFÍA	
Base de datos:	CSAW-S
Identificación del caso:	AD092_LO
Tipo de diagnóstico:	Cáncer
Tipo de proyección:	Mediolateral oblicua (MLO)
Tipo de lesión:	Desconocido (a priori)
Características adicionales:	Desconocido (a priori)
Tamaños CAD recomendados:	64 x 64, 128 x 128, 192 x 192



FICHA RESUMEN DEL CASO 13 DE MAMOGRAFÍA	
Base de datos:	CBIS-DDSM
Identificación del caso:	Mass_Training_00432_LEFT_CC
Tipo de diagnóstico:	Lesión maligna
Tipo de proyección:	Cráneo-caudal (CC)
Tipo de lesión:	Masa (2 lesiones)
Características adicionales:	Irregular
Tamaños CAD recomendados:	192 x 192, 256 x 256

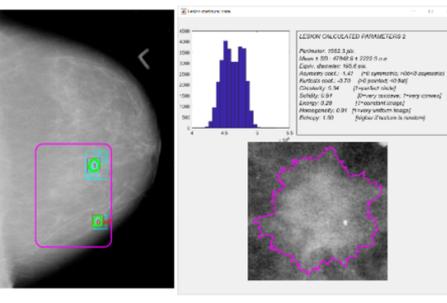


Figura 403. Casos de mamografía más útiles para la formación de residentes con JORCAD según las valoraciones de los participantes

En las tres figuras siguientes se puede observar una representación gráfica de la evaluación promedio de los casos de TC torácico y mamografía para cada participante. Cada punto representa la valoración promedio de los 16 casos de una determinada modalidad, para cada uno de los 3 ítems de la encuesta, mientras que las barras de error corresponden a la desviación estándar.

En la Figura 404 se presentan las evaluaciones de la dificultad de los casos:

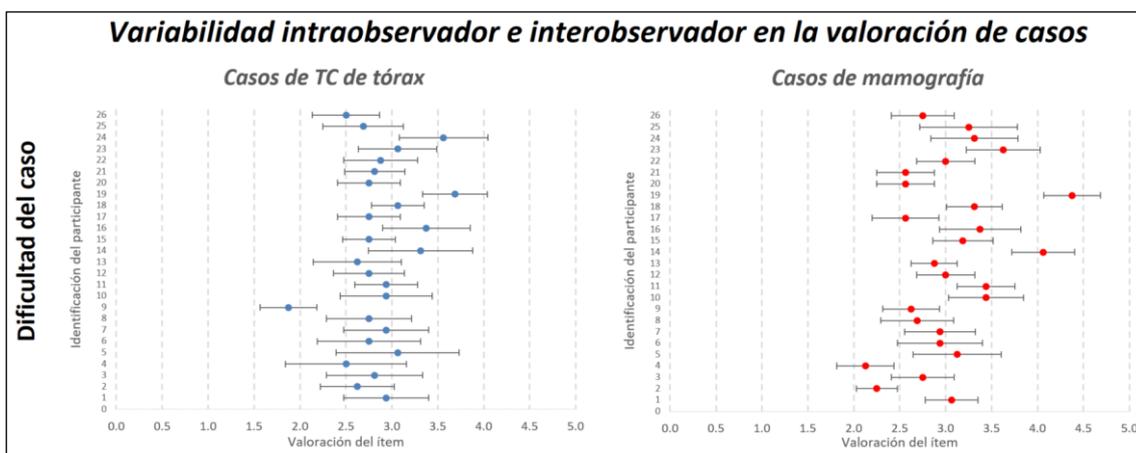


Figura 404. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Dificultad del caso

Al estudiar la dificultad de los casos, se observa que existe una menor variabilidad entre participantes para el TC torácico, aunque muchos de ellos consideraron los casos de mamografía más difíciles.

En la Figura 405 se observan las valoraciones relativas a la utilidad educativa del módulo CAD:

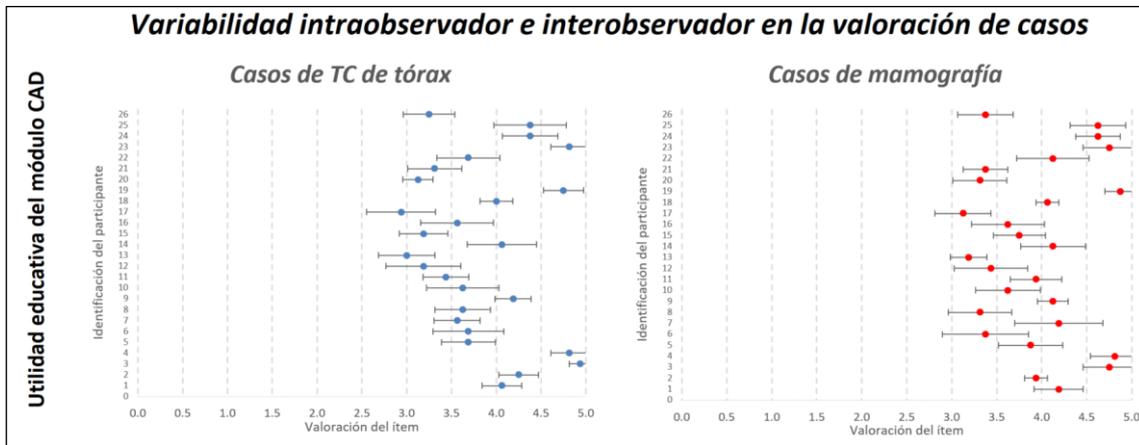


Figura 405. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Utilidad educativa del módulo CAD

Las valoraciones de la utilidad educativa del módulo CAD están claramente desplazadas hacia puntuaciones más altas, pero con un rango de variación mayor entre los expertos con respecto al ítem anterior. Casi la mitad de los participantes valoraron la utilidad educativa del módulo CAD como “muy útil” o “extremadamente útil” como promedio para ambas modalidades de imagen (la media de puntuaciones en la escala Likert fue de 3.8 para los casos de TC de tórax y 3.9 para mamografía).

Las valoraciones de la utilidad educativa global de JORCAD se muestran en la Figura 406:

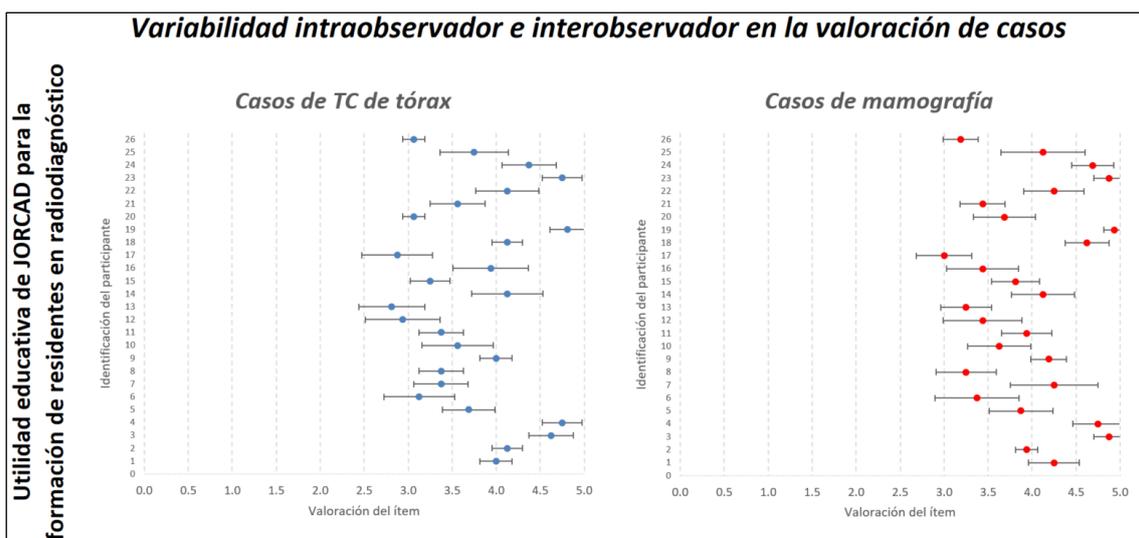


Figura 406. Evaluación de las encuestas de casos en función del participante experto: TC de tórax en la parte izquierda y mamografía en la derecha. Utilidad educativa de JORCAD para la formación de residentes en radiodiagnóstico

Con respecto a la utilidad de JORCAD para la formación de residentes, todos los participantes consideraron el software al menos como “recomendable”, mientras que la mitad de ellos lo valoró como “bastante recomendable” o “muy educativo”, con puntuaciones promedio de 3.8 para el TC torácico y 4.0 para mamografía. Se puede inferir una tendencia global a la hora de considerar el software más educativo para mamografía a partir de los gráficos.

De acuerdo con el análisis estadístico de los resultados de las encuestas y las puntuaciones que los participantes expertos otorgaron a los casos, junto con sus percepciones y opiniones, se puede concluir que el software JORCAD es una herramienta útil para la formación de futuros especialistas. La combinación del sistema CAD diseñado con casos anotados pertenecientes a bases de datos validadas potencia el aprendizaje, ofreciendo una segunda opinión y cambiando el paradigma utilizado tradicionalmente en la formación de especialistas. La inclusión de software como JORCAD en los programas de formación de Residentes, tanto de Radiodiagnóstico como de otras especialidades médicas, tendría un efecto positivo sobre los conocimientos de base adquiridos por los Residentes.

6.5.3. Análisis de la fiabilidad intraobservador e interobservador

En las secciones previas se mostraron y analizaron los resultados de las encuestas de valoración, reflejando el grado de satisfacción, dificultad percibida en el manejo del software y el análisis de los casos planteados o la utilidad educativa de JORCAD entre otros aspectos. En esta sección se realiza una evaluación del grado de concordancia entre expertos (considerando el grupo completo y los subgrupos de especialistas y residentes por separado). Los resultados de este análisis se muestran en la Tabla 89 y en la Tabla 90.

Id. de la encuesta	ICC (2, k) [Intervalo de confianza]					
	Consistencia			Acuerdo absoluto		
	Todos los participantes	Especialistas	Residentes	Todos los participantes	Especialistas	Residentes
A	0.93 [0.88-0.96]	0.93 [0.90-0.98]	0.93 [0.75-0.96]	0.93 [0.87-0.96]	0.93 [0.90-0.98]	0.93 [0.73-0.96]
B	0.87 [0.78-0.93]	0.87 [0.85-0.97]	0.87 [0.53-0.93]	0.87 [0.77-0.93]	0.87 [0.84-0.97]	0.87 [0.51-0.92]
C	0.90 [0.84-0.95]	0.90 [0.81-0.96]	0.92 [0.82-0.97]	0.89 [0.81-0.94]	0.89 [0.79-0.96]	0.89 [0.77-0.96]
D	0.84 [0.74-0.92]	0.82 [0.64-0.93]	0.85 [0.67-0.95]	0.83 [0.71-0.91]	0.81 [0.63-0.92]	0.82 [0.63-0.94]
E.1 - E.4	0.72 [0.50-0.86]	0.69 [0.32-0.89]	0.78 [0.44-0.93]	0.68 [0.43-0.84]	0.67 [0.31-0.88]	0.72 [0.34-0.91]
E.6 - E.7	0.79 [0.52-0.90]	0.78 [0.36-0.93]	0.79 [0.21-0.94]	0.77 [0.78-0.90]	0.79 [0.38-0.93]	0.72 [0.03-0.92]
E.8 - E.10	0.87 [0.75-0.94]	0.94 [0.85-0.98]	0.77 [0.35-0.93]	0.87 [0.76-0.94]	0.93 [0.85-0.98]	0.78 [0.38-0.94]

Tabla 89. Evaluación de la fiabilidad interobservador para las encuestas 1 hasta la 5 con coeficientes ICC en función del grupo de expertos

Existe una muy buena consistencia y acuerdo absoluto entre los participantes expertos en relación a las encuestas de evaluación generales (A-D). La fiabilidad de los datos es excelente para la sesión teórica y los aspectos relacionados con el tutorial y las herramientas de exploración y análisis de casos, siendo muy buena en lo referente a la usabilidad del software y la herramienta CAD. Para las encuestas A-B la consistencia y el acuerdo absoluto son considerablemente más altos para el grupo de especialistas, mientras que este comportamiento se invierte para las encuestas C y D, donde es ligeramente más alto para los residentes. También existe un buen grado de acuerdo entre los expertos con respecto a las capacidades educativas del módulo CAD y las capacidades y el potencial educativo del software JORCAD. El nivel de acuerdo es menor en la evaluación de la complejidad.

Tipo de caso	Pregunta	ICC (2, k) [Intervalo de confianza]					
		Consistencia			Acuerdo absoluto		
		Todos los participantes	Especialistas	Residentes	Todos los participantes	Especialistas	Residentes
TC	Dificultad del caso	0.77 [0.61-0.88]	0.72 [0.47-0.89]	0.81 [0.60-0.94]	0.67 [0.47-0.82]	0.55 [0.27-0.80]	0.76 [0.51-0.92]
	CAD educativo	0.95 [0.91-0.97]	0.94 [0.89-0.98]	0.96 [0.92-0.99]	0.94 [0.90-0.97]	0.93 [0.87-0.93]	0.96 [0.91-0.99]
	JORCAD educativo	0.95 [0.91-0.97]	0.95 [0.90-0.98]	0.95 [0.90-0.99]	0.94 [0.90-0.97]	0.93 [0.87-0.97]	0.95 [0.90-0.98]
MG	Dificultad del caso	0.90 [0.83-0.95]	0.89 [0.79-0.96]	0.90 [0.79-0.97]	0.88 [0.80-0.94]	0.87 [0.75-0.95]	0.88 [0.76-0.96]
	CAD educativo	0.92 [0.87-0.96]	0.89 [0.79-0.96]	0.96 [0.90-0.99]	0.92 [0.87-0.96]	0.88 [0.78-0.95]	0.95 [0.89-0.98]
	JORCAD educativo	0.92 [0.88-0.96]	0.90 [0.80-0.96]	0.95 [0.90-0.99]	0.92 [0.87-0.96]	0.89 [0.79-0.96]	0.95 [0.90-0.99]

Tabla 90. Evaluación de la consistencia interobservador para la evaluación de las encuestas de los casos considerando los dos grupos de expertos

Como puede observarse en la Tabla 90, la consistencia y el acuerdo interobservador para las valoraciones de los casos alcanza valores elevados, siendo superior a 0.90 en la mayor parte de situaciones. La consistencia es ligeramente mayor que el acuerdo absoluto para todas las preguntas y grupos. La dificultad de los casos de TC de tórax es una excepción, ya que ambas medidas de fiabilidad son menores de 0.81. El acuerdo para el grupo de especialistas es solamente de 0.55 para este ítem. La dificultad de los casos de mamografía alcanzó una consistencia excelente (0.90) y casi para el acuerdo absoluto (0.88).

En lo referente a la utilidad educativa del sistema CAD en particular y del software JORCAD para analizar casos, todos los valores analizados muestran un acuerdo y consistencia excelente (desde 0.88 a 0.96). La modalidad para la que los participantes mostraron un mayor grado de acuerdo a la hora de valorar las capacidades educativas del software fue la TC de tórax, aunque por una pequeña diferencia. Si consideramos los grupos de expertos, los residentes muestran más consistencia y acuerdo absoluto en todos los ítems, específicamente para la dificultad de los casos de TC de tórax y el valor educativo de los de mamografía.

6.5.4. Preguntas de respuesta abierta: puntos fuertes, débiles y sugerencias

Para completar la información adquirida durante la actividad formativa, se formularon tres preguntas de respuesta abierta a los participantes para conocer sus opiniones y argumentos. La primera estaba relacionada con los puntos fuertes del software, siendo la respuesta más común su sencillez de uso, menús amigables, flujo de trabajo intuitivo y a presentación de la información. Algunos de los participantes mencionaron la utilidad del sistema CAD como un “segundo lector” y consideraron que su uso es importante no solo en la práctica clínica, sino también en el proceso de formación. El aumento de la confianza en los hallazgos realizados por los participantes gracias al uso de JORCAD fue significativo, especialmente para los residentes. La confirmación de un hallazgo sospechoso usando su probabilidad asociada contribuye en ese sentido.

Los participantes consideraron que la variedad de los casos presentados fue adecuada para detectar diferentes tipos de lesiones. En definitiva, la posibilidad de seleccionar diferentes tipos de lesiones incrementa las posibilidades de aprendizaje.

La superposición de regiones correspondientes a los hallazgos CAD fue valorada positivamente por los usuarios expertos. Los participantes coincidieron al considerar que la sensibilidad para la detección de nódulos era alta, siendo especialmente útil para detectar pequeños nódulos. Algunos expertos valoraron positivamente la capacidad de JORCAD para detectar diferentes tamaños y morfologías de nódulos, incluso aquello próximo a estructuras vasculares. Otro hecho referenciado por los participantes fue que la posibilidad de utilizar redes CNN adaptadas a diferentes tamaños de recorte fue útil para localizar nódulos y resolver posibles dudas.

La extracción de características cuantitativas de las lesiones de mamografía o *Radiómica* fue considerada como un punto fuerte por algunos de los participantes, ya que las métricas cuantitativas son útiles para caracterizar las lesiones de forma más precisa. Después de comparar sus propios hallazgos con las anotaciones de los expertos incorporadas en las bases de datos, los participantes expertos consideraron que el sistema CAD tenía una alta fiabilidad. Otra apreciación realizada fue que el software presentaba las regiones sospechosas adecuadamente para centrar la atención del lector.

Algunos consideraron que el sistema era de gran ayuda para la formación de residentes a partir del análisis de casos. Otro aspecto mencionado fue que el uso del software podría extenderse para ganar experiencia después de completar el periodo de residencia, así como en la práctica clínica.

A continuación, se les preguntó acerca de los puntos débiles de JORCAD. El aspecto más referido fue la detección de falsos positivos, ya que otras estructuras anatómicas como vasos o tubos bronquiales fueron marcadas por el software ocasionalmente. Únicamente dos de los participantes reportaron incidencias relacionadas con falta de rapidez a la hora de importar estudios TC con un elevado número de imágenes en un caso y al analizar una imagen con un área de parénquima pulmonar grande con redes CNN de pequeño tamaño del recorte.

En determinadas situaciones, el tamaño de la CNN tiene que ser seleccionado con atención para detectar algunos tipos de nódulos, ya que su rendimiento es mejor dependiendo del tipo de casos. Para otros tipos de nódulos no es crítico el tamaño seleccionado, ya que el nódulo es detectado independientemente de la red CNN elegida. De acuerdo a la opinión de algunos

radiólogos experimentados, la vista de los nódulos en 3D no contribuye a mejorar el aprendizaje de los residentes.

Entre las sugerencias realizadas por los participantes cabe destacar que realizar un aumento del número de muestras con las que se entrenaron las CNN podría evitar la detección de estructuras vasculares. Un especialista indicó que habría incluido más casos dudosos en la actividad formativa, aunque reconoció que el número de casos que se pueden estudiar mediante JORCAD es mucho mayor y que solo una pequeña muestra de ellos fue analizada.

Otro especialista sugirió que sería útil presentar los casos los residentes en orden creciente de dificultad. La generación de reconstrucciones multiplanares de los nódulos detectados por el CAD, en lugar de las vistas en 3D, fue sugerido para mejorar el aprendizaje. Debido a que los nódulos de pequeño tamaño son los más difíciles de detectar, uno de los participantes indicó que se debería hacer más énfasis en este tipo de lesiones.

7. Discusión y conclusiones

7.1. Discusión sobre el Estudio 1: desarrollo de un sistema CAD basado en redes CNN

En este estudio se han construido conjuntos de recortes correspondientes a nódulos y no-nódulos con diferentes tamaños de matriz a partir de la base de datos de nódulos en TC de tórax *LIDC-IDRI*. También se han creado conjuntos de datos de tipo lesión y no-lesión para el entrenamiento y comprobación de redes CNN de mamografía, utilizando imágenes pertenecientes a las bases de datos *BCDR* y *CBIS-DDSM*.

Para comprobar la influencia de los hiperparámetros y optimizar el funcionamiento de las redes, se entrenaron más de 50 modelos para la modalidad de TC de tórax y más de 130 para la de mamografía. Se ha registrado el proceso de entrenamiento de cada una de ellas, calculando una serie de métricas que permiten evaluar su capacidad de clasificación y comparar los resultados obtenidos.

El número de recortes utilizados es alto para los tamaños de matriz considerados en la modalidad de TC de tórax (Tabla 12) en comparación con otras publicaciones (Shen et al., 2015). Su número es de 130208 para el tamaño de 16 x 16, incrementándose hasta 165264 para 24 x 24 y 194060 para 32 x 32, 207832 para 40 x 40 y llegando hasta 211599 para el mayor tamaño de matriz de 48 x 48. Este hecho es fundamental ya que resulta imprescindible disponer de tamaños de muestra de entrenamiento, validación y test que sean extensos y representativos de la multiplicidad de características y tipos que pueden presentar las lesiones. Debido a que las redes aprenden extrayendo información de estos datos con un alto nivel de abstracción, las prestaciones que presenta un sistema CAD se sustentan en los conjuntos de datos creados.

En el caso del TC de tórax, al aumentar el tamaño de matriz, la complejidad de los datos se incrementa, pero por otra parte el número de muestras de entrenamiento aumenta, así que los parámetros tienen más oportunidades para adaptar y aprender sus valores. Los mejores resultados obtenidos corresponden a 40 x 40 (exactitud sobre el conjunto de test del 89.3% utilizando como función de activación la tangente hiperbólica y 91.4% con *ReLU*), mientras que para 48 x 48 las exactitudes fueron del 88.9% y del 91.3% respectivamente. Esto indica que el segundo efecto (incremento del número de muestras) supera la dificultad de aprender patrones más complejos.

Los resultados para el tamaño que alcanzó una menor exactitud de clasificación, el de 16 x 16 no se alejan de los valores óptimos obtenidos para matrices mayores, ya que en este caso el error sobre test utilizando la tangente hiperbólica fue del 87.1% siendo del 88.6% utilizando la función *ReLU*.

Teniendo en cuenta el mayor tamaño de las matrices de recortes utilizadas en mamografía (debido a su mayor resolución espacial) el enfoque adoptado para seleccionar el número de

recortes a utilizar para esta modalidad fue diferente. Como ejemplo que ilustra la importancia de este hecho, una matriz de tamaño 256 x 256 contiene el mismo número de píxeles que 64 de tamaño 32 x 32, por lo que 1000 recortes de 256 x 256 se pueden considerar equivalentes en lo referente al coste de computación a 64000 recortes de 32 x 32. Por tanto, la cantidad de recortes utilizada en las CNN de esta modalidad (6000), de los cuales 3000 corresponden a lesiones y 3000 a no-lesiones para los tamaños de 64 x 64, 128 x 128, 192 x 192 y 256 x 256, constituye una muestra significativa para el desarrollo de sistemas CAD en mamografía. Esta muestra es similar o incluso supera los tamaños muestrales usados para el desarrollo de estos sistemas en la bibliografía (Arevalo et al., 2016; de Moor et al., 2018). Debido a limitaciones impuestas por la capacidad de cálculo disponible, se utilizaron 1500 recortes de cada tipo para 384 x 384.

Las redes CNN de mamografía entrenadas con estos conjuntos de recortes alcanzaron exactitudes sobre los datos de test del 99.2% (16 x 16) y 94.4% (24 x 24), siendo su valor de 89.47% para 192 x 192 y 88.40% para 256 x 256. Presentan una capacidad de clasificación similar a otras publicaciones de la literatura científica (Al-antari et al., 2020; Chougrad et al., 2018).

El tamaño de los conjuntos de datos de nódulos y no-nódulos es igual para equilibrar la exactitud (incluye todos los datos) y la precisión (afecta al funcionamiento con los nódulos o las lesiones de mamografía): para TC de tórax existe una diferencia menor que el 2% entre ambos parámetros para la mejor *epoch* de validación en todos los casos.

Exceptuando el caso de 16 x 16, para el que la exactitud es mayor que la precisión esencialmente durante todo el proceso de entrenamiento (90.4% frente 89.9% respectivamente sobre la mejor *epoch*), en el resto de tamaño sus curvas de evolución se cruzan varias veces durante el entrenamiento (Figura 51).

Para mamografía la precisión es superior a la exactitud durante el proceso de entrenamiento para los tamaños de 64 x 64 y 128 x 128, demostrando un mejor comportamiento sobre las lesiones que sobre las no-lesiones. Esta tendencia se invierte, aunque mostrando pequeñas diferencias entre ambos parámetros para 192 x 192 y 256 x 256. Por último, para 384 x 384 la precisión vuelve a ser algo mejor que la exactitud.

La división de los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test se ha realizado en porcentajes similares a los encontrados en la bibliografía (Alshamrani et al., 2022). Es importante seleccionar un balance adecuado entre el número de muestras que contiene cada uno de ellos, lo que permite realizar un aprendizaje adecuado de los parámetros de la CNN. Esta división permite a su vez evaluar sus capacidades de generalización y seleccionar la mejor etapa de entrenamiento utilizando un número adecuado de matrices de recorte.

El principal objetivo de este tipo de sistemas CAD es conseguir una muy alta sensibilidad de detección (tasa de VP), de forma que no se descarta ningún hallazgo radiológico sospechoso, mientras que el número de falsos positivos (FP) se mantiene bajo. Para obtener el máximo número de recortes de nódulos y poder aumentar la sensibilidad de detección, se utilizaron todos los nódulos de *LIDC-IDRI* independientemente del número de radiólogos que los anotaron. En el caso de la mamografía se incluyeron todas las lesiones encontradas en los *datasets* de las bases de datos *BCDR* (considerando las imágenes obtenidas en los mamógrafos digitales) y *CBIS-*

DDSM (excepto para los tamaños de 256 x 256 y 384 x 384, en los que se descartaron algunas lesiones).

El hecho de haber utilizado una mezcla de bases de datos de mamografía para entrenar y comprobar el funcionamiento de las redes CNN mejora las tasas de detección obtenidas, como se demuestra en la literatura científica (Abdelhafiz et al., 2019).

Una desventaja inherente al CAD es el número de FP detectados, un hecho que puede resultar desalentador para los especialistas en radiodiagnóstico que utilicen estos sistemas. Esto debe ser tenido en consideración especialmente en los programas de cribado del cáncer de pulmón mediante TC o en los de detección precoz del cáncer de mama, debido a las consecuencias negativas que producen las rellamadas a pacientes por sospechas debidas a un FP que obligan a realizar pruebas de imagen adicionales o biopsias. En esta Tesis Doctoral se han obtenido tasas de FP para TC de tórax por debajo del 14% o incluso del 10% para los tamaños de matriz grandes, como puede verse en la Tabla 24 (función de activación tangente hiperbólica) y en la Tabla 25 (función de activación *ReLU*). En los conjuntos de datos de entrenamiento se consiguen porcentajes en torno al 6%.

En el caso de la mamografía las tasas de FP se mantienen en valores muy bajos (0.80% y 1.33%) sobre los datos de test siendo 0.40% y 0.00% para entrenamiento, para los tamaños de 64 x 64 y 128 x 128 respectivamente (Tabla 51). Estos valores se mantienen en 1.73% y 8.40% para 192 x 192 y 256 x 256 respectivamente, incrementándose pero sin superar el 16% para los conjuntos de test (11.20% para 192 x 192 y 15.73% para 256 x 256). Las tasas de FP son similares o incluso inferiores en algunos casos a los obtenidos para la otra modalidad radiológica de este Estudio, siendo una característica deseable de los sistemas CAD basados en redes CNN desarrollados.

La pequeña diferencia existente entre la exactitud y precisión (Tabla 23) de entrenamiento y de test para TC de tórax, unida al alto número de muestras de test, son buenos indicadores de las capacidades de generalización de las redes CNN entrenadas. El proceso de entrenamiento se detiene adecuadamente para evitar el *overfitting* y el *underfitting*, como se refleja en la evolución de las funciones de coste (Figura 52). Pruebas realizadas con criterios de detención menos restrictivos han demostrado una mejora de resultados sobre el conjunto de entrenamiento, pero sin producir un incremento de las capacidades de generalización de las redes CNN.

En mamografía el comportamiento referido en el párrafo anterior presenta una mayor variabilidad (Tabla 52). Existen redes que presentan unos resultados excelentes en este aspecto, con unas pérdidas despreciables de exactitud y precisión entre los conjuntos de datos de entrenamiento y de test (CNN especializadas en la detección de grupos de microcalcificaciones). Sin embargo, para tamaños de matriz mayores (CNN especializadas en la detección de masas) la pérdida de exactitud y precisión se encuentra entre el 3.4% y el 8.2%, valores mayores que para TC de tórax pero que pueden considerarse adecuados dada la complejidad de los recortes analizados. Mención aparte merece la CNN de 384 x 384, entrenada con la mitad de recortes, y que sufre una pérdida de exactitud y precisión en torno al 17%, mostrando por tanto signos de *overfitting*.

Otro indicativo que permite descartar la presencia de *underfitting* y *overfitting* es la evolución de las pérdidas de las funciones de coste presentadas en la Figura 52 (correspondiente a la mejor red de cada tamaño de TC de tórax). El proceso de aprendizaje se detiene cuando las mejoras en la clasificación de las muestras de entrenamiento no tienen impacto sobre el conjunto de datos de validación.

En la Figura 73 se representó este comportamiento para el caso de mamografía. Las redes CNN alcanzaron la mejor etapa de validación al comenzar a divergir los valores de la función de pérdidas de los conjuntos de datos de entrenamiento frente a los de validación y test. Esto queda patente para los casos de 64 x 64 (a), 128 x 128 (b) y 256 x 256 (d). En el caso de 192 x 192 (c) estas diferencias son mayores, siendo más acentuadas aún para 384 x 384 (e).

El momento en el que se produce la detención del proceso de entrenamiento en las etapas finales permite descartar cualquier posibilidad futura de mejora en los resultados de clasificación sobre los conjuntos de datos de test, que muestran una tendencia a incrementarse progresivamente.

Los cambios porcentuales registrados en la Tabla 23 son indicativos del buen poder de generalización de las redes entrenadas para la detección de nódulos pulmonares. La reducción de la tasa de VP se encuentra en el intervalo [-1.9; -3.4] y la de VN [-0.3; 3.6] presentando valores similares, excepto en el caso de 24 x 24 en el que la pérdida de VN es prácticamente nula.

La comparativa de las dos funciones de activación (tangente hiperbólica frente a la unidad lineal rectificadora (*ReLU*)) utilizadas en el caso de TC de tórax para las redes con mejor capacidad de generalización de cada uno de los 5 tamaños, permite concluir que se obtienen menores errores de clasificación con *ReLU* en todos los casos. El porcentaje de error sobre los datos de test se reduce entre un -1.48% (16 x 16) y un -2.41 % (48 x 48) gracias a las no linealidades introducidas mediante *ReLU*. En el caso de los datos de validación el rango de reducciones es similar, encontrándose entre el -1.30% (16 x 16) y el -2.50% (40 x 40).

En todos los casos se observó una convergencia más rápida del algoritmo de aprendizaje hacia la solución óptima por el uso de la función ReLU, que va desde una reducción de 12 *epochs* para 16 x 16 hasta una drástica disminución de 51 *epochs* en el caso del tamaño de matriz más grande de 48 x 48.

Las mejoras introducidas por el uso de ReLU son mucho más significativas en el caso de la mamografía. Los resultados mejoraron un 1.87% (64 x 64), 9.87% (128 x 128), 13.07% (192 x 192) y un 8.54% (256 x 256). En esta modalidad resulta clave la elección de la función de activación neuronal. Resulta destacable que la exactitud obtenida mediante el uso de *ReLU*, tampoco fue superado por otras funciones de activación de uso tradicional como la sigmoidea u otras de más reciente introducción como *softmax* o *Leaky ReLU*.

Los valores del área bajo la curva ROC (AUC) para RC de tórax se encuentran en el intervalo [0.936-0.951] utilizando la tangente hiperbólica, siendo para la función ReLU [0.948 – 0.967]. La tasa de FP para la que la sensibilidad alcanza el 90% es inferior para el caso de ReLU, encontrándose sus valores entre el 7.47% de 48 x 48 y el 14.5% de 32 x 32.

Los valores de AUC obtenidos para la función de activación *ReLU* son superiores para tres de los tamaños de matriz analizados en comparación con los correspondientes a la tangente hiperbólica: +0.013 para 16 x 16, +0.013 para 24 x 24 y +0.017 para 48 x 48. Sin embargo, para los otros dos tamaños no se han encontrado diferencias significativas, ya que para 32 x 32 y 40 x 40 el área es ligeramente inferior para *ReLU*. Esto refleja el hecho de que una mejor exactitud sobre el conjunto de test para el umbral de clasificación del 50%, no tiene por qué traducirse en un incremento general de las capacidades de clasificación utilizando umbrales variables (AUC).

Todas las curvas ROC tienen formas similares, consiguiendo sensibilidades por encima del 90%, con una tasa de FP relativamente baja. Los valores bajo la curva ROC obtenidos son similares o superiores a otros valores publicado en la literatura científica (Alakwaa et al., 2017; Shen et al., 2017; Tran et al., 2019).

Las redes CNN han sido comprobadas con recortes de nódulos pertenecientes a una base de datos independiente (*SPIE-AAPM*), mostrando altas sensibilidades (superiores al 96%), mejores que las obtenidas para *LIDC-IDRI*.

Los valores del área bajo la curva ROC (AUC) para 4 de los 5 tamaños de mamografía son elevados, confirmando la buena capacidad de detección de lesiones de estos sistemas sobre conjuntos de datos de test de *BCDR* y *CBIS-DDSM*. En el caso de 64 x 64 y 128 x 128, los valores son muy próximos al valor máximo alcanzable, siendo de 0.996 y 0.984 respectivamente. La tasa de FP para la que se alcanza una sensibilidad del 90% es muy baja en ambos casos, siendo prácticamente nula (0.1%) para 64 x 64 y del 2.1% para 128 x 128.

El valor de AUC para 192 x 192 es de 0.932 y para 256 x 256 de 0.942. Para 384 x 384 el AUC se reduce a un 0.796.

Las curvas ROC obtenidas a partir del análisis de recortes de lesiones y no-lesiones pertenecientes a la base de datos *CSAW-S* indican una capacidad de generalización algo inferior a la obtenida para las otras dos bases de datos: 0.988 (64 x 64), 0.939 (128 x 128), 0.927 (192 x 192), 0.912 (256 x 256), 0.742 (384 x 384). Cuatro de los valores continúan siendo superiores a 0.9. Aunque el tamaño muestral utilizado en este caso es inferior a los 1500 recortes anteriores, resulta reseñable que las CNN mantengan este buen comportamiento con recortes de *CSAW-S*, ya que esta base de datos contiene casos diagnosticados como malignos y cuya dificultad de detección es elevada.

Los valores de AUC obtenidos en esta tesis Doctoral son comparables a los reportados en otras publicaciones científicas (Arevalo et al., 2016; Ribli et al., 2018; Savelli et al., 2020).

Esto implica que las mejoras en la exactitud de clasificación sobre los conjuntos de datos de validación y de test, motivadas por un mejor aprendizaje de los datos de entrenamiento (como demuestra la reducción de errores de clasificación también sobre este conjunto) no tiene por qué traducirse necesariamente en una mejora significativa de la curva ROC.

Debido a la mayor resolución espacial propia de las imágenes de mamografía, por utilizar unos tamaños de píxel de detección menores, los recortes que engloban las lesiones para esta modalidad tienen tamaños de matriz asociados de mayor tamaño. Esto incrementa significativamente el volumen de los datos de entrada a las redes CNN, especialmente si se

utiliza un enfoque multi-tamaño del recorte como en esta Tesis Doctoral, imponiendo restricciones en el número de recortes a utilizar para entrenar estos sistemas.

Además, existen determinados casos en las bases de datos cuyos tamaños de lesión son muy grandes, y que no plantean un reto real a la hora de su detección, cuyo uso ha sido descartado tanto para el entrenamiento de las redes CNN como para su validación con datos externos.

En mamografía hay que tener presente un elemento adicional que supone una dificultad añadida al proceso de creación y entrenamiento de sistemas CAD. Se trata de la gran variabilidad de tipos de lesión existentes. Es muy habitual en la literatura científica el desarrollo de sistemas CAD específicamente diseñados para la detección bien de masas o nódulos, o de calcificaciones y microcalcificaciones. El sistema desarrollado en esta Tesis permite detectar ambos tipos de lesiones, incluyendo aquellas que son combinaciones de ambas o que introducen elementos adicionales como distorsiones de la arquitectura o del estroma.

Al haber empleado la filosofía de no realizar un reescalado de las lesiones para no generar datos artificiales no encontrados clínicamente en las imágenes, cada uno de los 5 tamaños utilizados (desde 64 x 64 hasta 384 x 384) resultará estar especializado en detectar determinados tipos de lesiones.

Teniendo en cuenta esto, las redes de 64 x 64 y 128 x 128 están especializadas en la detección de diferentes tipos de calcificaciones y grupos de microcalcificaciones. La de 192 x 192 resulta un muy buen detector de este tipo de lesiones, aunque incluye también en su repertorio la detección de masas de pequeño tamaño. Las CNN de 256 x 256 y 384 x 384 pueden abordar la tarea de detectar microcalcificaciones, ya que al ser entrenadas aprenderán algunos casos de ese tipo, pero debido a la gran cantidad de masas con diferentes morfologías y tipo de bordes que analizan, esta es la tarea de aprendizaje que abordarán de forma más frecuente, por lo que serán redes CNN especializadas en la detección de masas y nódulos.

A medida que aumenta el tamaño de las matrices también lo hace significativamente la complejidad de los patrones y características a los que se enfrentarán las CNN. Una cuestión a responder es si disponer de un mayor número de parámetros ajustables de las redes es capaz de compensar el incremento de complejidad que se produce al aumentar el tamaño de los datos de entrada. A partir de la comparación del número de parámetros ajustables de cada una de las arquitecturas CNN y los resultados de clasificación obtenidos (Tabla 27 para TC de tórax y Tabla 54 y Tabla 55 para mamografía), se puede observar que existe una complicada interrelación entre la complejidad de los patrones a extraer de las imágenes y los tamaños de matriz analizados por las CNN. Incrementar el número de parámetros no garantiza obtener mejores resultados: existen CNNs de matrices grandes que son clasificadas con mejor exactitud con respecto a sistemas de matrices pequeñas con mayor número de parámetros. Esto puede deberse al carácter no-lineal y selectivo del proceso de extracción de características mediante las combinaciones de operaciones de convolución y *pooling*.

Se observa que una de las propiedades beneficiosas del uso de ReLU, la aceleración de la convergencia del algoritmo de descenso de gradiente hacia el mínimo global, se cumple en los modelos entrenados para TC de tórax que se comparan en la Tabla 25 y la Tabla 26. Se produce

una reducción significativa del número de etapa en la que se producen los mejores resultados de validación, que oscila entre las 12 epochs para 16 x 16 y 51 en el caso de 48 x 48.

Las técnicas de regularización basadas en la penalización de los valores de los *pesos*, ya sea mediante la combinación de términos de tipo L1 y L2, o aplicándolos de forma independiente, produce pequeñas mejoras en la exactitud de clasificación (-0.07%), siempre que se seleccionen los coeficientes de ponderación de los términos añadidos a la función de coste adecuadamente. Una reducción excesiva de los valores de los *pesos* por aplicar este método puede empeorar significativamente los resultados del entrenamiento.

En relación al proceso de ajuste de los valores de los hiperparámetros para la detección de nódulos en TC de tórax se han podido inferir una serie de hechos.

Para tres de los tamaños, los mejores resultados se obtuvieron con (40, 40, 40) filtros por capa y para los otros con un número creciente filtros con la profundidad (20, 40, 60). Por ello no se puede concluir si es mejor utilizar el mismo número de filtros por capa o un número creciente conforme aumenta la profundidad de la red. Sin embargo, en base a los resultados obtenidos en el Estudio 1, se puede afirmar que:

- Utilizar un número decreciente de filtros con la profundidad compromete el rendimiento de las redes CNN.
- Al reducir el número de filtros por debajo de 40 empeoran también los resultados. Los peores valores se corresponden con las CNN con identificaciones Id.3, Id, e Id.12, donde los *kernels* utilizados fueron (10, 20, 30), (30, 20, 10) y (20, 20, 20). Los errores sobre los conjuntos de datos de test fueron del 15% o superiores, resultando en exactitudes por debajo del 85%.
- Incrementar el número de filtros no mejora el resultado una vez se ha sobrepasado un umbral, incrementando el tiempo de entrenamiento sin obtener efectos positivos.
- Se debe evitar la tendencia a utilizar filtros de mayor tamaño al aumentar el tamaño de los datos de entrada a la red. El uso de filtros de pequeño tamaño (3 x 3 o 5 x 5) combinado con operaciones de *pooling* mejora los resultados. Para filtros de pequeño tamaño, existe una menor reducción de tamaño en los mapas de características, a lo que se une que las neuronas barren más partes de los mapas de entrada a cada capa, lo que permite que se establezcan conexiones de mayor valor.
- La influencia de las operaciones de *pooling* en los resultados producidos por las redes CNN es positiva. Cuando no se aplican este tipo de operaciones en ninguna capa los resultados son peores. En caso de utilizar una única operación, la exactitud mejora cuando se aplica sobre una capa profunda. La combinación de dos operaciones de *pooling* realza los resultados, al controlar el número de neuronas en la capa completamente conectada, lo que facilita la tarea de clasificación.

En relación al proceso de ajuste de los valores de los hiperparámetros para la detección de lesiones en mamografías se ha podido constatar que:

- Las redes CNN con mejor capacidad de generalización se han obtenido para tamaños de filtro pequeños, 3 x 3, no habiendo detectado mejoras al utilizar filtros de mayor tamaño los 5 tamaños de recorte analizados.

- Es importante seleccionar el número de neuronas de la capa completamente conectada para permitir la correcta clasificación de los recortes como lesiones o no-lesiones. A medida que aumenta el tamaño de matriz se debe incrementar su número, pero sin superar un umbral para el que la CNN tendería a producir *overfitting*. El número óptimo encontrado para 64 x 64 fue de 50 neuronas, para 128 x 128 de 100, para 192 x 192 y 256 x 256 de 200, y para 384 x 384 de 300.

- La elección de la constante de tasa de aprendizaje debe tener en cuenta el tamaño de matriz. Los tres menores tamaños de este Estudio produjeron mejores resultados con un valor de 0.075, mientras que para optimizar los resultados de 256 x 256 y 384 x 384 fue necesario reducir su valor hasta 0.01.

- De acuerdo con los resultados obtenidos, el uso de matrices de mayor tamaño requiere arquitecturas de mayor profundidad. Los sistemas de DL entrenados produjeron los mejores resultados con 4 capas de convolución para 64 x 64, 5 capas para 128 x 128 y 192 x 192 y 6 capas para 256 x 256 y 384 x 384. Esta conclusión no es general, ya que otros parámetros como el número de *kernels* por capa también influyen a la hora de seleccionar un número de capas.

- La utilización de operaciones de *pooling* debe garantizar una reducción dimensional de las matrices de entrada para que las neuronas de la capa completamente conectada dispongan de un número de conexiones adecuada. El uso de 1 o 2 operaciones no garantiza este hecho y produce por tanto peores resultados. El número de operaciones de *pooling* utilizado debe ser una o dos unidades inferior al número de capas de convolución utilizado.

- Si bien es importante disponer de un número de filtros que permita generar un número adecuado de mapas de características, aumentar su número por encima de un determinado umbral no produce una mejora de los resultados. Para cuatro de los tamaños considerados, los mejores resultados se produjeron con 20 o 30 filtros por capa. Solamente en un caso, y por una pequeña diferencia, resultó óptimo el uso de 60 filtros por capa.

- El uso de un número creciente o decreciente de *kernels* por capa no supone una mejora de la capacidad de generalización de las CNN con respecto al uso de un número constante de *kernels* por capa.

Las dificultades a la hora de disponer de conjuntos de datos anotados que cubran la gran variedad de tipos de nódulos que pueden presentarse en los pacientes se supera, al menos parcialmente, al utilizar bases de datos como *LIDC-IDRI*. Sería necesario realizar tests más exhaustivos para inferir los efectos de la técnica de *data augmentation* sobre las capacidades de generalización. Otro aspecto que puede implementarse en las redes CNN entrenadas es su combinación para reducir el número de FP e incrementar la sensibilidad, y su incorporación a una plataforma de aprendizaje dedicada a la formación de especialistas en radiodiagnóstico.

En la literatura científica, es habitual que para realizar una determinada tarea se utilice una arquitectura prefijada con un número de capas, tamaños y número de filtros concretos, así como los valores de los otros hiperparámetros ajustables. Teniendo en cuenta la influencia que tiene

su elección en los resultados obtenidos sobre los conjuntos de datos creados en esta Tesis Doctoral, realizar una optimización de estos valores constituye una etapa fundamental en el desarrollo de sistemas CAD basados en CNN en particular, y sistemas de ML en general. La necesidad de adaptar la profundidad de las CNN al tamaño de matriz de los datos como se ha analizado para las redes de mamografía, la distribución de las operaciones de *pooling*, o la constante de tasa de aprendizaje, hecho constatado tanto en TC de tórax como en mamografía son ejemplos que ilustran este hecho.

7.2. Discusión sobre el Estudio 2: desarrollo de la aplicación educativa JORCAD

Los requerimientos de una herramienta de software son el conjunto de necesidades o expectativas que deben satisfacer para ejecutar sus funciones. La aplicación JORCAD debe por tanto cumplir los objetivos generales establecidos para el Estudio 2. La evaluación de los requerimientos de JORCAD, que pueden estar relacionados con su diseño, interfaz, utilidades implementadas, flujos de trabajo, así como con su rendimiento y resultados que proporciona, se realiza en términos de su funcionalidad durante el desarrollo del software. Realizar una documentación exhaustiva de las funcionalidades del software, como la expuesta en el capítulo 5 (*Estudio 2*) es un paso clave para poder realizar una correcta validación del software desarrollado.

Las especificaciones de un software pueden ser descritas de maneras muy diferentes, pero en general incluyen el conjunto de características que posee y las acciones o procesos que puede realizar, expuestas de forma tal que el usuario pueda comprobar su funcionalidad.

La arquitectura del software desarrollado consta de una interfaz gráfica de usuario en la que se han definido todos los controles (botones, menús, ventanas, pantallas, listados) y las acciones que pueden realizar, estableciendo relaciones entre ellos para definir los flujos de trabajo. Los elementos adicionales necesarios para el funcionamiento de JORCAD son una hoja de cálculo que contiene toda la información diagnóstica de las diferentes bases de datos (y en algunos casos datos relacionados con las segmentaciones), llamada *DatosGUI*, los archivos de *pesos* y *offsets* aprendidos, necesarios para la ejecución del módulo CAD basado en redes CNN (carpeta REDES) y el entramado de carpetas que contienen las imágenes radiológicas de cada una de las 6 bases de datos utilizadas.

La programación de la aplicación JORCAD fue abordada de forma modular, ya que el número de líneas de código asciende a algo más de 9000. Partiendo de una planificación inicial de las utilidades a implementar, resultó fundamental establecer los controles necesarios para cada una de ellas, establecer los flujos de trabajo y distribuir los espacios disponibles en la *GUI*.

Estos módulos de código pueden ser clasificados como se indica a continuación:

- *Paneles de botones (seleccionar la base de datos, cargar imágenes externas, LIDC-IDRI, otras bases de datos de TC de tórax, BCDR, CBIS-DDSM, CSAW-S, Redes Neuronales de Convolución).*

- *Controles de Aparición y ocultación de menús.*
- *Pantallas de selección de casos (LIDC-IDRI, otras bases de datos de TC de tórax, BCDR, CBIS-DDSM y CSAW-S).*
- *Botones principales (Cargar casos disponibles, Importar imágenes, Mostrar información, Aplicar CNN, Mostrar vista en 3D, Mostrar análisis estadístico de lesiones en mamografía), incluyendo su función de llamada dependiente de la base de datos seleccionada. Cada uno de estos módulos incluye secciones dedicadas a las acciones a ejecutar para cada una de las 6 bases de datos implementadas.*

Al existir controles de tipo botón aislado, grupos de botones que pueden ser *radio button*, *check boxes*, o listados interactivos (*listboxes*), la elección de uno u otro debe adecuarse a la función que deben realizar.

Para ejecutar las acciones que implican una selección entre varias opciones por parte del usuario se programaron diferentes tipos de controles en función del número de posibilidades disponibles. Si el número es reducido (menos de 8 opciones) se utilizaron controles de tipo *radio button* o *check boxes*, que permiten elegir entre un conjunto de opciones mutuamente exclusivas. Ejemplo de ello son el panel de selección de bases de datos (5 opciones), el tipo de lesión o diagnóstico de la lesión en cualquiera de las 6 bases de datos (entre 2 y 8 opciones) o el tamaño de la CNN (6 opciones para cada modalidad, incluyendo cada uno de los 5 tamaños y la opción de análisis conjunto).

Sin embargo, en otras ocasiones el número de opciones disponibles puede llegar a ser muy elevado, en cuyo caso fueron establecidas mediante controles de tipo *listbox*. Este es el caso de los paneles de selección de casos (en el que pueden presentarse cientos de casos en determinadas situaciones) o los tipos de lesión en mamografía.

Por ejemplo, para presentar al usuario los casos que contienen una masa maligna lobulada pertenecientes a *CBIS-DDSM* o para seleccionar el caso *LUNGx-CT012* de la base de datos *SPIE-AAPM Lung CT Challenge* se han utilizado controles de tipo *listbox*.

Las acciones que no plantean al usuario de JORCAD la posibilidad de elegir opciones y que conectan los diferentes nodos del flujo de trabajo se establecieron mediante controles de tipo *button*. Los botones principales son 6 y su funcionamiento ha sido descrito en el *Estudio 2*. Por ejemplo, se ha creado el botón aislado *Aplica CNN* para dar la orden de analizar la imagen mediante el tipo de red CNN, que comienza por segmentar la región de interés y su división en una serie de recortes que son procesados uno a uno por la red neuronal, y finaliza con la presentación de las probabilidades de detección y los recortes con hallazgos sobre las imágenes.

Existen otros botones secundarios que facilitan la selección de los diferentes tipos de lesiones en las bases de datos de mamografía que contienen miles de casos anotados (*BCDR* y *CBIS-DDSM*).

A la hora de organizar la interfaz de la aplicación se ha intentado maximizar la cantidad de información presentada en pantalla al usuario, evitando en la medida de lo posible la utilización de ventanas auxiliares o emergentes y la ocultación de paneles de selección para no incrementar la complejidad de uso de JORCAD. Sin embargo, en algunas ocasiones es necesario recurrir a ventanas emergentes para presentar adecuadamente la información, como por ejemplo las estadísticas de lesiones de mamografía, el resumen de resultados del análisis CAD mediante CNN o determinados mensajes de error.

El código se ha programado secuencialmente siguiendo las distintas etapas del flujo de trabajo, ya que hasta que no se completara una etapa del mismo, no se podía avanzar en las tareas a realizar.

En la Figura 407 se muestra un diagrama del flujo de trabajo en JORCAD. Siguiendo el eje central de la figura desde la parte superior se puede observar la cadena de acciones a realizar. Es importante señalar que en cualquiera de los puntos principales se puede volver atrás, para cambiar alguna de las elecciones, como por ejemplo el caso seleccionado o el tipo de lesión elegida. Si lo que se decide es cambiar de base de datos, se puede volver a reiniciar el flujo de trabajo tantas veces como se desee.

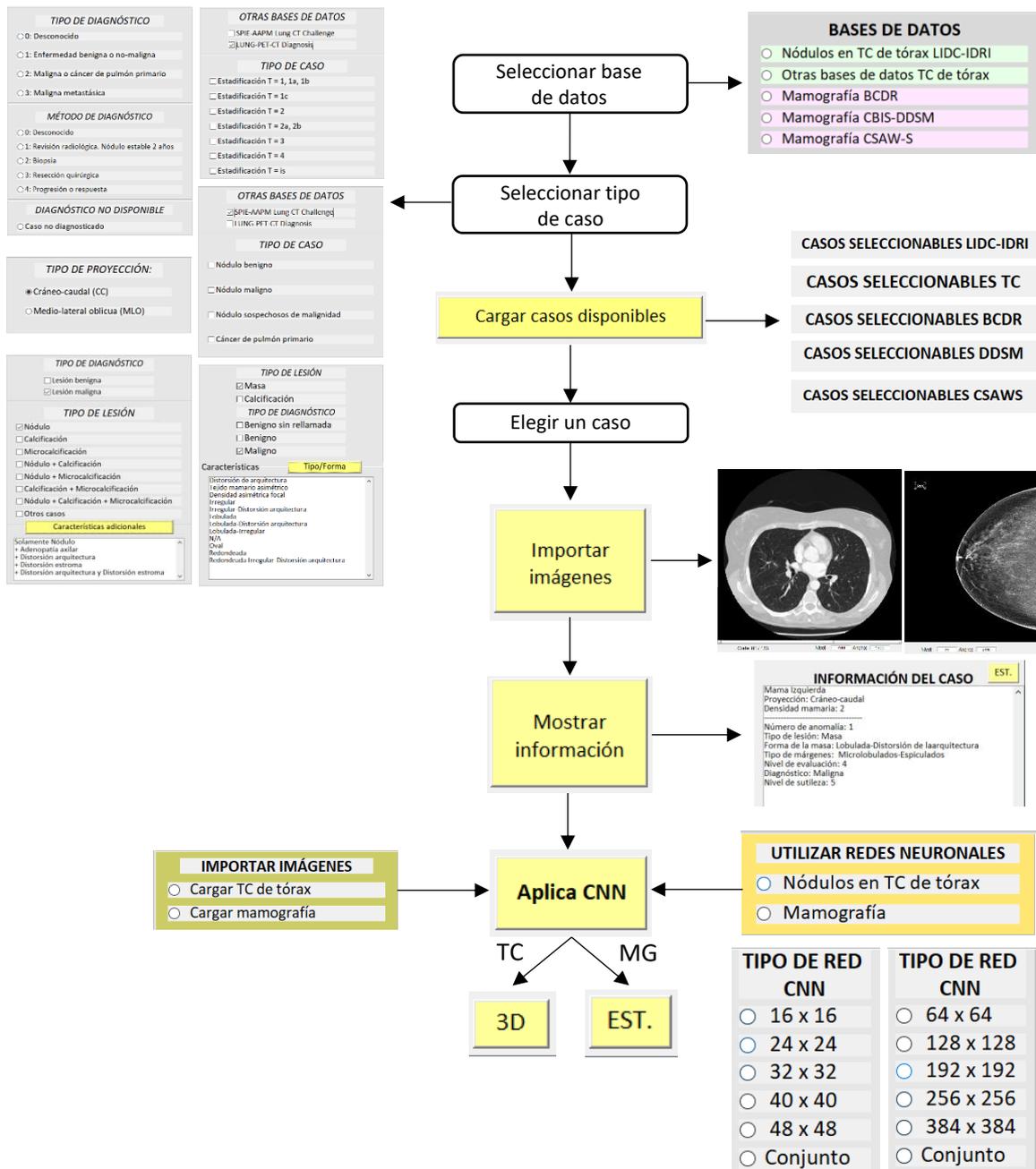


Figura 407. Diagrama del flujo de trabajo: las acciones a realizar se representan en el eje central, y se ejecutan desde la parte superior hacia la inferior

El proceso de depuración de errores y comprobación del correcto funcionamiento de JORCAD, consistió en chequear una muestra representativa de casos de cada una de las 6 bases de datos. Se comprobó desde la muestra correcta de los listados, hasta la importación de las imágenes, la correcta presentación de la información asociada al caso y las segmentaciones, hasta el análisis CAD de series de imágenes TC y mamografías de diversas características.

Se revisaron las combinaciones de selecciones erróneas que pudiera efectuar el usuario al utilizar los paneles de opciones, así como el uso de botones en momentos inadecuados del flujo de trabajo. A partir de ellas se generaron una serie de mensajes de error, que aparecen como una ventana emergente indicando en un mensaje informativo la causa que los produjo, e impidiendo el avance en el análisis de un caso hasta que se subsanen sus causas. Un ejemplo de este tipo de mensajes aplicado a la base de datos *BCDR* sería el mensaje: “Por favor, seleccione un tipo de diagnóstico y de lesión”, que aparece cuando el usuario intenta cargar las *Características adicionales* sin haber seleccionado previamente un tipo de diagnóstico y de lesión.

JORCAD integra las imágenes radiológicas y la información proporcionada por las bases de datos permitiendo acceder a ellas de forma sencilla e intuitiva. Dada la disparidad de formas de presentación de las segmentaciones entre las diferentes bases de datos, que incluso requieren el procesamiento de imágenes para acceder a los contornos de las lesiones, se ha reformateado para que el usuario pueda visualizarlas superpuestas a las imágenes con un solo clic.

Tras la finalización de la programación y el proceso de depuración, se elaboraron sendas presentaciones para explicar los fundamentos teóricos y la organización de JORCAD y el tutorial de uso que fueron explicados a los participantes en la actividad educativa objeto del *Estudio 3*.

Para que la integración de las redes CNN entrenadas en JORCAD pueda funcionar adecuadamente, es necesario un correcto procesamiento y delimitación del parénquima pulmonar y la glándula mamaria. Esta tarea es especialmente complicada en el caso del TC debido a los cambios de morfología entre imágenes y pacientes. Se debe maximizar la cantidad de parénquima delimitado para evitar la pérdida de posibles nódulos adheridos a la pared torácica o cardíaca o las zonas del árbol bronquial cercanas al mediastino.

Para que exista una correcta interacción del usuario con la herramienta CAD, los resultados deben presentarse de forma intuitiva y visual. La representación de los hallazgos como recortes coloreados cuyo nivel de transparencia disminuye al superponerse a otras zonas sospechosas facilita la interpretación del análisis CAD. La probabilidad de detección, mostrada también sobre las imágenes, ya sea para un hallazgo aislado o como promedio de hallazgos múltiples superpuestos, aunque no sea concluyente puede orientar en la toma de decisiones.

El ajuste del umbral de clasificación permite obtener el balance entre sensibilidad y especificidad deseado para la tarea de detección. Debido a los elevados valores de sensibilidad obtenidos para las redes CNN entrenadas y para reducir el número de FP marcados por el CAD a valores muy bajos se estableció el umbral de clasificación en 0.9 para TC de tórax y mamografía. De este modo se sacrifica un pequeño porcentaje de la sensibilidad sin comprometer apenas la capacidad de detección de nódulos o lesiones, evitando uno de los principales problemas asociados a los sistemas CAD, que es tener que revisar y descartar un elevado número de FP. Como ha sido reportado en la literatura científica, el problema de los FP contribuye a desanimar a los especialistas en radiodiagnóstico (Saradhi & Thanikaiselvan, 2021), aunque este tipo de hallazgos puede ser descartado con relativa facilidad en muchos casos, como investigaron (Mahoney & Meganathan, 2011).

La posibilidad de obtener el máximo rendimiento de los sistemas CAD se fundamenta en la interacción del binomio especialista en radiodiagnóstico-CAD, como han estudiado algunos autores (Jorritsma et al., 2015). Según señalan en su investigación, es habitual que el profesional muestre un bajo nivel de confianza en los resultados proporcionados por el algoritmo de ML, que puede llevarle incluso a ignorar verdaderos positivos correctamente marcados por el CAD, como se ha demostrado en diferentes publicaciones (De Boo et al., 2012). También es frecuente la situación opuesta, en la que un exceso de confianza en los resultados de los algoritmos automáticos puede forzar a aceptar falsos positivos inicialmente descartados (disminución de la especificidad del radiólogo) o a aceptar un falso negativo al no chequear una determinada zona en base a los resultados del CAD, con las consiguientes consecuencias negativas para el paciente.

Mediante el uso de aplicaciones como JORCAD, los residentes en formación pueden tener un primer contacto con el uso de sistemas CAD, en un contexto educativo ajeno a la presión y responsabilidad que conllevan las decisiones tomadas en la práctica clínica, que les permita conseguir el nivel de confianza adecuado en estas herramientas.

JORCAD puede ser ejecutado en cualquier ordenador personal con instalaciones de MATLAB® de cualquier versión de 2015 o posteriores. Mediante la utilización de la herramienta MATLAB® *Compiler Runtime* (MCR) puede ser ejecutado incluso sin tener instalada una versión completa. El otro requerimiento es disponer de la hoja de cálculo que contiene la información de las bases de datos y las carpetas con los casos de las bases de datos.

El desarrollo de software en medicina y otras ciencias biomédicas habitualmente es realizado por personas interesadas en el campo de la informática y cuyo objetivo es crear software que cumpla una determinada función, como ocurre en esta Tesis Doctoral (Silva et al., 2017). Seguir recomendaciones que faciliten la interpretación del código y hacer especial énfasis en el proceso de validación y depuración del funcionamiento de las aplicaciones creadas son buenas prácticas que deberían adoptarse.

El software permite consultar y analizar una gran cantidad de casos anotados con segmentaciones validadas: 1027 TCs torácicos en *LIDC-IDRI*, 69 TCs en *SPIE-AAPM* y 355 TCs pertenecientes a *Lung-PET-CT-Diagnosis*, 3761 mamografías anotadas de *BCDR*, 3568 mamografías de *CBIS-DDSM* y 338 de la base de datos *CSAW-S*.

La IA ha evolucionado de forma imparable durante estos últimos años, encontrándose actualmente en su momento de máximo apogeo, ya que su uso se ha extendido a un número cada vez más amplio de aplicaciones y disciplinas. Los primeros desarrollos de la investigación de esta Tesis Doctoral se produjeron en 2016, con la preparación de los conjuntos de datos de entrenamiento a partir de las bases de datos de imágenes. El número de publicaciones relacionadas con la IA en ese año fue de 194194 según <https://ourworldindata.org/grapher/number-artificial-intelligence-publications>. En el año 2021, este número se incrementó hasta 334497.

El uso de técnicas de ML basadas en CNN en aquel entonces formaba parte del estado del arte, ya que un gran número de sistemas tradicionalmente se habían fundamentado en la extracción “manual” de características de las imágenes y el posterior uso de sistemas de clasificación de un gran número de tipos y complejidades. La aparición de sistemas basados en píxeles, supuso una revolución al eliminar las incertidumbres asociadas a la obtención de descriptores de las imágenes que hacían que los resultados fueran muy dependientes tanto de su elección como del procesamiento de las imágenes.

Hoy en día, debido al rápido desarrollo de estos sistemas y al incremento de grupos de trabajo dedicados al desarrollo de IA, y en concreto de sistemas CAD en radiología, integrados tanto en universidades como en el mundo empresarial han surgido diferentes tipos de sistemas, provocando un cambio significativo en el estado del arte. Un hecho significativo a favor de la elección de las CNN para esta investigación es que muchos de estos nuevos sistemas son desarrollos que las utilizan como pilar básico, ya sean las redes *3D-CNN híbridas* que emplean la función de base radial (RBF), redes *CNN recurrentes* (R-CNN), redes *R-CNN rápidas* o redes de tipo *You Only Look Once* (YOLO).

En cuanto al uso de la IA en la práctica clínica, un estudio del año 2020 elaborado por el Instituto de Ciencia de Datos del Colegio Americano de Radiología (ACR) indicó que únicamente un 30% del total de especialistas en radiodiagnóstico utilizaban la IA en su práctica clínica habitual (Allen et al., 2021). Alrededor del 70% de los profesionales que participaron en la encuesta no tenían planes de realizar inversiones para la adquisición de sistemas de IA. Otro hecho llamativo fue que alrededor del 80% del total de radiólogos que no utilizaban la IA consideraba que su utilización no le iba a reportar beneficio alguno. Resultados como el de esta encuesta, que parece contradecir el auge de los sistemas de IA, justifican la necesidad de desarrollar aplicaciones como JORCAD que puedan demostrar no solamente la utilidad clínica del CAD sino también sus capacidades educativas para estudiantes y residentes en fase de aprendizaje.

Uno de los objetivos a cumplir una vez desarrollada la aplicación JORCAD es realizar una validación del sistema desde un punto de vista educativo, para comprobar su utilidad como instrumento para la formación de especialistas.

El enfoque basado en la interpretación autónoma de casos por parte de estudiantes de medicina y residentes tiene potencial como herramienta educativa complementaria a los métodos de formación tradicionalmente utilizados, que se basan en la observación del análisis de casos por parte de un supervisor o tutor, para que una vez adquiridas las competencias y experiencias adecuadas comencen a realizar determinadas tareas de forma independiente.

Desde un punto de vista educativo, la disponibilidad de herramientas básicas de manipulación de imágenes, la disponibilidad de casos anotados clasificados de acuerdo al tipo de hallazgo y el acceso a diagnósticos confirmados y segmentaciones validadas por expertos con amplia experiencia en la modalidad radiológica considerada resultan importantes para juzgar la validez de la herramienta.

Desde un punto de vista clínico, la validez del sistema CAD depende de sus capacidades de generalización para analizar correctamente casos de diferentes tipos. Dotar a un software como JORCAD de un sistema CAD con buenas capacidades de detección y validado mediante el análisis de un amplio número de recortes, incrementa su valor educativo.

7.3. Discusión sobre el Estudio 3: validación de la aplicación educativa JORCAD

La IA tiene un gran potencial para la formación de residentes, ya que proporciona un apoyo adicional al diagnóstico y permite adaptar el proceso de aprendizaje de manera individualizada (Simpson & Cook, 2020). Según estos autores, su uso evita algunas de las desventajas asociadas

a los métodos de aprendizaje tradicionales. El proceso de validación basado en el juicio de expertos, como el utilizado en esta Tesis Doctoral, resulta útil para valorar el potencial de la IA.

Las aplicaciones de la IA cubren otros aspectos más allá de la interpretación y análisis de imágenes, como por ejemplo la evaluación automática de la calidad de imagen, la extracción de información cuantitativa de imágenes o segmentaciones, conocida como *Radiómica*, y la adaptación de la dificultad de los casos estudiados por los residentes de acuerdo con sus progresos en el aprendizaje o la evaluación de las competencias adquiridas (Richardson, Garwood, et al., 2021). Tradicionalmente, los residentes han informado estudios radiológicos de una lista de trabajo de casos asignados, con la ayuda y supervisión de un especialista en radiodiagnóstico. La IA puede adaptar de forma dinámica la dificultad de los casos a sus avances y monitorizar con detalle su curva de aprendizaje. Sin embargo, los autores de este artículo resaltan la importancia de que los residentes aprendan a realizar ciertas tareas de forma individualizada, antes de utilizar las herramientas de IA para mejorar sus capacidades y rendimiento. De no ser así, la IA puede incluso llegar a generar ansiedad entre los profesionales de la radiología.

Se han realizado análisis específicos acerca de las necesidades relacionadas con el uso de la IA en radiología (Tejani et al., 2021), destacando la importancia de extender la formación básica en IA a todos los residentes, reservando aquellos aspectos más avanzados a aquellos especialmente interesados en estas herramientas. Esta formación les permitirá identificar las áreas de interés y aplicaciones que podrían beneficiarse del uso de la IA y detectar los puntos débiles en los flujos de trabajo que utilizan IA o sistemas CAD. Las opiniones expresadas en las encuestas de evaluación de la actividad formativa de JORCAD acerca de la implementación de sistemas CAD y otras herramientas relacionadas en los programas formativos de radiodiagnóstico coinciden con las expresadas en el citado trabajo.

Forney & McBride (2020) elaboraron un artículo que desarrollaba los aspectos fundamentales relacionados con la IA en los programas de formación de residentes de radiodiagnóstico. Cubría aspectos como el nivel de comprensión y conocimientos que deben adquirir sobre IA y sus aplicaciones clínicas y los métodos para evaluar la utilidad de estos sistemas. También proporcionaba una guía sobre recursos disponibles para el aprendizaje en IA. Los autores enfatizaron la importancia de realizar un análisis crítico antes de integrar estos algoritmos en la práctica clínica, contribuyendo a optimizar los procedimientos y mejorar el cuidado de los pacientes.

Schuur et al., (2021) exploraron la disponibilidad de contenidos educativos en IA en 100 programas formativos en radiodiagnóstico, destacando la necesidad de ampliar las materias tratadas, aumentar su grado de especialización y crear nuevas herramientas educativas. En las instituciones académicas y hospitales universitarios, el contenido educativo ofrecido con mayor frecuencia consiste en lecciones magistrales sobre conceptos básicos y el uso de material escrito proporcionado a los alumnos. Los autores observaron una mayor implicación de las compañías comerciales y entidades profesionales en transmitir conocimientos relacionados con la IA. Transcurridos varios años desde el surgimiento de la IA y sus múltiples aplicaciones, existen una serie de retos en la formación de los estudiantes de grado y residentes en contenidos especializados relacionados con ella.

Gorospe-Sarasúa et al., (2022) señalaron que existe una convergencia entre lo que denominan "tareas del residente" y las tareas realizadas por los sistemas de IA como el CAD. Para evitar la pérdida de competencias y habilidades, los autores enfatizaron la necesidad de aprender a realizar estas tareas en primer lugar sin ayuda del software, para evitar consecuencias negativas sobre el aprendizaje. La utilización de software como JORCAD puede ser útil para evitar los

problemas mencionados en el trabajo anterior, ya que su uso obliga a los residentes a leer por sí mismos los estudios de imagen en primer lugar, para que después consulten la información asociada al caso y realicen un análisis CAD del mismo. Además, les da acceso a las anotaciones de radiólogos expertos o “*ground truth*” para confirmar o descartar sus hallazgos. Todavía existe una falta de evidencia relacionada con los beneficios del uso de sistemas de formación basados en IA con respecto a los métodos tradicionales, por lo cual el proceso de validación de JORCAD, enmarcado en el proceso de validación de esta tesis, puede ser de utilidad.

La experiencia relacionada con el uso de la IA en un programa concreto de formación de residentes en radiodiagnóstico fue evaluada por (Collado-Mesa et al., 2018). Su trabajo se fundamentó en un estudio observacional basado en la realización de un cuestionario web. De acuerdo a sus resultados, los residentes tienden a estar más preocupados por la introducción de las herramientas CAD en la práctica clínica que los especialistas en radiodiagnóstico, y por lo tanto muestran un mayor grado de implicación a la hora de aprender conceptos relacionados con la IA. Los autores de este artículo observaron que los especialistas que participaron en la encuesta tenían poco contacto con la literatura científica relacionada. Este hecho coincide con las reacciones de ambos grupos de participantes en la actividad formativa JORCAD.

Los estudiantes del grado en Medicina comparten la confianza en el potencial de los sistemas de IA en radiología, apuntando a la necesidad de incluir en su formación contenidos relacionados con ella, como demostraron los resultados de una encuesta formulada por Pinto et al., (2018). Los estudiantes reconocieron los avances aportados por estos algoritmos y mostraron un bajo nivel de preocupación respecto de las consecuencias negativas que pueden implicar en relación a sus futuros trabajos en el área del radiodiagnóstico. Otra investigación dirigida a conocer las opiniones y actitudes de los estudiantes de medicina acerca de la IA fue realizada en España por Caparrós & Sendra (2021). Elaboraron una encuesta dirigida a estudiantes de grado, de la que concluyeron que, aunque existe un conocimiento general relativo a las aplicaciones de la IA en la vida diaria, todavía no es así para sus aplicaciones en la radiología. Los estudiantes reflejaron la necesidad de extender la formación básica en IA durante la educación universitaria de grado.

Un primer paso para optimizar la implementación de herramientas de aprendizaje online y software de IA en Radiología consiste en establecer las necesidades y recabar las opiniones de los residentes y los especialistas al respecto. Ooi et al., (2021) realizaron una investigación relacionada con estos aspectos, que indicó la necesidad de que la formación en IA debería empezar durante la residencia e integrarse en los programas oficiales de las especialidades.

Las conclusiones de los trabajos anteriormente citados fueron compartidas por los participantes expertos que validaron la aplicación JORCAD, ya que mostraron su disposición a aprender conceptos relacionados con la IA, su convencimiento respecto de la importancia de este tipo de software en la práctica clínica y los beneficios que tendría incluir un programa como JORCAD en el programa formativo de la especialidad.

Qurashi et al., (2021) propusieron un cuestionario a través de la plataforma *Google Forms* dirigido a un grupo de profesionales de la radiología de ámbito nacional, demostrando la falta de implementación de la IA en sus departamentos. Esto contrasta con el interés que demostraron en recibir formación en aplicaciones CAD e IA. De los grupos profesionales incluidos en su estudio, fueron los especialistas en radiología los que mostraron un menor nivel de confianza en estos sistemas. Aunque fueron una minoría entre los participantes en la validación de JORCAD, algunos especialistas se mostraron algo reacios a combinar el análisis clásico de imágenes con otro tipo de información numérica, como las probabilidades asociadas a los hallazgos CAD o el análisis de parámetros estadísticos relacionados con las lesiones.

El periodo de residencia en radiodiagnóstico es muy heterogéneo dependiendo del país, como demostraron Sosna et al., (2021). Su investigación reflejó importantes diferencias en lo que se refiere a la duración del periodo o los salarios, pero en lo relativo al método de aprendizaje, la mayor parte de los programas estaban basados en diagnosticar un caso en presencia de un tutor especialista. Sin embargo, el uso de recursos de formación online está en clara expansión, acelerado por el efecto de la pandemia de COVID-19, por lo que es previsible que estas nuevas herramientas de software formativas jueguen un papel muy importante en la radiología durante los próximos años. Kundu, (2021) argumentó sobre los riesgos de los sistemas de IA, entre los que se encuentra el exceso de confianza en los resultados que generan, una desconfianza en las propias capacidades del especialista cuando no puede apoyarse en un sistema de IA, así como el desapego generalizado hacia las profesiones relacionadas con el radiodiagnóstico debido a la creciente automatización y dependencia del software. El autor señala que el éxito de estos sistemas empieza por mantener a los especialistas como los elementos clave de la radiología, a la vez que se utilizan la IA para facilitar la realización de ciertas tareas y para mejorar su eficacia. Este hecho fue reconocido por los participantes en la validación de JORCAD, que destacaron el papel de “segunda opinión” de los sistemas CAD y su importante labor complementaria.

De acuerdo a las entrevistas iniciales propuestas al inicio de la actividad JORCAD, la mayor parte de los participantes utilizaban herramientas online de anatomía radiológica, mientras que algunos de ellos estaban suscritos a páginas web que presentan casos resueltos y comentados para su estudio. Solamente 4 de los 26 expertos, cuya dedicación principal es la interpretación de mamografías, tenían experiencia previa en el uso de una herramienta CAD, al haber sido usuarios de un software comercial durante unos meses. Estos expertos señalaron las semejanzas entre este software y JORCAD en lo referente a los hallazgos CAD detectados por el programa. Richardson, Adams, et al., (2021) realizaron un excelente trabajo de revisión que incluyó un gran número de herramientas de software de IA y cursos online relacionados, junto con un listado de páginas web de contenido educativo para profesionales de la radiología interesados en la IA.

El uso de la IA para lo que se ha denominado Educación de Precisión en radiología, fue explorado por Duong et al., (2019). Las aplicaciones educativas de la IA en medicina han tenido normalmente un papel secundario en comparación con sus usos clínicos. En este trabajo se abre la puerta a una formación personalizada gracias a la IA, identificando el tipo de aprendizaje requerido por cada estudiante y realizando una mejor selección de casos a analizar. Además, el aprendizaje se fundamenta en una estrategia basada en la revisión de casos (como en la validación del software JORCAD) y nuevas experiencias de aprendizaje que modelan situaciones reales encontradas en la práctica clínica.

La herramienta de software JORCAD puede ser utilizada de forma independiente por estudiantes y residentes sin la asistencia de un tutor o supervisor. Aunque sea un concepto diferente, comparte algunas similitudes con la metodología de Aula Invertida utilizada en radiología, descrita en la investigación de O’Connor et al., (2016). Los autores evaluaron sus beneficios comparando los resultados de tests realizados antes y después de la actividad formativa impartida a una cohorte de estudiantes. Este nuevo enfoque demostró resultados superiores en lo que se refiere a aspectos académicos y de satisfacción del alumnado en comparación con el enfoque tradicional basado en lecciones magistrales. Los resultados que obtuvieron concuerdan con las opiniones expresadas por los usuarios de JORCAD, que comentaron que la actividad formativa les había parecido una experiencia muy positiva, destacando las capacidades de JORCAD para el autoaprendizaje.

Una evolución de los sistemas de IA que mejora la interacción persona-computadora, conocida como “IA explicable” fue presentado por Sorantin et al., (2021). Tradicionalmente, los sistemas de IA tienden a ser cajas negras cuya bondad de funcionamiento depende de la bondad del

conjunto de datos con los que han sido entrenados. Estos nuevos sistemas pueden cooperar realizando aquellas tareas simples, tediosas y que consumen demasiado tiempo, mientras que los procesos complejos y las decisiones finales sobre el diagnóstico deberían recaer en la experiencia de los especialistas.

Auloge et al. (2020) elaboraron una encuesta para evaluar los conocimientos de los estudiantes acerca de la IA, y en particular sobre su relación con la radiología intervencionista. Una mayoría de los sujetos que respondieron mostró un alto grado de confianza en que los futuros empleos en radiología no se verán afectados negativamente por la IA, aunque un porcentaje no despreciable consideró a la IA como una amenaza. Este hecho justifica la pérdida de popularidad a lo largo de los últimos años de algunas especialidades médicas como el radiodiagnóstico en países como Francia. Los autores opinan que se debe informar adecuadamente sobre los potenciales de la IA, ya que su propósito es aumentar las capacidades de los radiólogos, ayudando en tareas difíciles y rutinarias, permitiendo una mejora global de los resultados.

Los hallazgos CAD que realiza el software JORCAD se superponen cuando una lesión se encuentra contenida parcialmente en varios recortes contiguos. Esto es una prueba de que aquellas lesiones no centradas en un recorte son detectadas adecuadamente por las redes CNN entrenadas.

La posibilidad de analizar solamente una parte de las mamografías con el CAD, en lugar de la imagen completa, sirve para incrementar la confianza en los hallazgos cuando estos se encuentran en la zona prevista por el radiólogo. Además, aceleran el proceso de análisis ya que evitan tener que procesar zonas de la mamografía que no son relevantes.

De acuerdo con las opiniones de los participantes, particularmente el grupo de los especialistas, el CAD constituye una herramienta muy útil para el aprendizaje y refuerza su confianza. Las opciones implementadas en JORCAD para la detección automática de lesiones y la presentación de los resultados derivados del análisis fueron valoradas también muy positivamente. Según los resultados de las encuestas propuestas, JORCAD podría utilizarse en la práctica clínica.

Las bases de datos de imágenes radiológicas que contienen anotaciones son cruciales no solo a la hora de entrenar redes CNN, sino también para el desarrollo de software educativo. Permiten transmitir el conocimiento de los expertos que las han creado y servir como base educativa para mejorar la formación de los futuros especialistas en radiodiagnóstico.

El software JORCAD puede ser ampliado para incluir otras bases de datos diferentes, ya sean de las mismas u otras modalidades radiológicas. Además, su módulo CAD puede ser actualizado cargando los parámetros de otros modelos de redes CNN entrenados sobre nuevos conjuntos de imágenes extendidos.

Existe una notable diferencia en la forma en que los participantes acogieron y revisaron la información cuantitativa extraída de las imágenes, mostrándose la mayoría receptivos mientras que una minoría fue reticente al uso de datos numéricos. Software como JORCAD puede ayudar a estos últimos a familiarizarse con este tipo de datos cuantitativos gracias a su forma de presentarlos.

El problema de la especificidad de los sistemas CAD ha sido ampliamente referenciado en la literatura científica, existiendo una amplia variedad de técnicas para reducir el número de falsos positivos (Saradhi & Thanikaiselvan, 2021). Los FPs están asociados con la dificultad de los procesos involucrados en la detección de lesiones en imágenes radiológicas. Según las opiniones de los participantes tras el uso de JORCAD, un elevado número de detecciones de FPs puede

desmotivar al utilizar herramientas CAD. Sin embargo, tener que descartar un número reducido de hallazgos no patológicos es positivo durante el proceso de aprendizaje, ya que incrementa la especificidad de los residentes. Esta tarea ayuda a que los residentes aprendan a identificar patrones normales en las imágenes, que son los encontrados con mayor frecuencia.

Un total de 26 participantes completaron la actividad formativa. Teniendo en cuenta el alto grado de especialización que se requería para participar en ella, un grupo formado por 15 especialistas en Radiodiagnóstico y 11 residentes de la especialidad puede considerarse como una muestra adecuada para validar JORCAD. Existe una muy buena consistencia y grado de acuerdo absoluto en las respuestas de ambos grupos de participantes.

El hecho de que la actividad formativa organizada para la validación de JORCAD fuera interactiva, con sesiones prácticas en las que los participantes utilizaron el software de forma individual en una estación de trabajo dedicada durante varias horas, aumentó su interés por participar activamente en el proceso de validación y cumplimentar las encuestas de valoración. Después de la finalización de la actividad formativa, está siendo considerada para formar a los residentes en la detección de nódulos pulmonares en TC de tórax y lesiones en mamografías.

En esta validación educativa no se ha realizado una evaluación formal de los resultados del aprendizaje después de la finalización de la actividad. Las conclusiones están basadas en las opiniones de los especialistas, por lo que futuras líneas de investigación estarán dirigidas a cuantificar el grado de aprendizaje mediante la realización de tests pre- y post- uso de JORCAD.

La estructura organizativa de la actividad educativa de validación de JORCAD primaba los contenidos prácticos sobre los teóricos. Como se refiere en la literatura científica la mayor parte de programas formativos en IA están dedicados a exponer sesiones teóricas en la que se imparten contenidos teóricos básicos relacionados con ella (Schuur et al., 2021). La necesidad de una mayor cantidad de contenidos prácticos justifica el enfoque adoptado para la actividad educativa. Además, la motivación e implicación de los participantes es mayor con este tipo de formación, al plantear retos y exigencias que las lecciones de tipo magistral no imponen.

La utilidad de la IA o los sistemas CAD basados en ML orientados a la formación de residentes en radiodiagnóstico es aún una tarea en fase de evaluación, siendo necesaria una mayor cantidad de evidencia científica para demostrar su superioridad con respecto a las metodologías tradicionales, así como algunos de sus beneficios asociados. Los objetivos a cumplir para contribuir en esta dirección presentan diferencias respecto del método de validación por expertos utilizado, el que la experiencia y el juicio de estos profesionales permite establecer la idoneidad del software para el fin perseguido. En futuros trabajos relacionados con esta Tesis Doctoral, se estudiará la efectividad mediante la evaluación de conocimientos previos y posteriores al uso de la herramienta JORCAD, dirigidos a grupos específicos con necesidades formativas que el software puede ayudar a cubrir.

Durante el periodo de inscripción se buscaba contar con la participación de dos grupos diferenciados de profesionales, especialistas en radiodiagnóstico y residentes. Aunque con niveles de responsabilidad diferentes, ambos colectivos soportan una elevada carga de trabajo por la creciente demanda y el aumento de indicaciones clínicas de la radiología. La formación reglada de residentes está estructurada en una serie de periodos de rotación para cubrir las diferentes áreas de la especialidad, cuya rigidez en cuanto a duración puede en determinados

momentos dificultar la adquisición de una mayor cantidad de conocimientos y habilidades o permitir prolongar más su formación en una determinada modalidad o aparato.

El hecho de que JORCAD fuera utilizado en la práctica durante la formación de residentes motivaría la realización de actualizaciones periódicas. Tanto los conjuntos de casos accesibles y sus utilidades de selección asociadas como la herramienta CAD basada en redes CNN pueden ser modificados para cubrir otra modalidad o aplicación o incluir conjuntos de imágenes actualizadas. Debido al creciente interés en la creación de bases de datos, motivado por el auge de la IA, cada vez se dispone de un mayor número y variedad, adquiridas con técnicas avanzadas y que contienen elevadas cantidades de casos seleccionados y validados.

Un paso interesante para facilitar y extender el uso a herramientas educativas dentro de la comunidad radiológica de un hospital sería su integración dentro de los Sistemas de Información Radiológicos y Sistemas de Distribución y Almacenamiento de imágenes. La accesibilidad segura y controlada a estos sistemas permitiría la asignación de permisos a un determinado perfil profesional (como por ejemplo residentes) para su uso, permitiendo disponer de un espacio para el alojamiento de los bases de datos de imágenes y la propia aplicación y archivos asociados.

Los sistemas CAD implementados en herramientas educativas como JORCAD, debido a su finalidad de uso no están sujetos al mismo nivel de exigencia que los utilizados en la práctica clínica, aunque cuanto mejor capacidad de detección o diagnóstico presenten, más próxima a la realidad será la experiencia de sus usuarios. Los recursos utilizados para el desarrollo de sistemas CAD utilizados en la práctica clínica para el diagnóstico y detección de lesiones son mucho mayores, ya sea en lo referente a la accesibilidad a repositorios de imagen como en los recursos informáticos y programadores de software expertos. Esto se debe a las pruebas de acreditación que deben garantizar que cumplen unos estándares de funcionamiento y calidad de los resultados.

Para dividir los distintos aspectos evaluables de JORCAD y facilitar a los participantes su valoración, se agruparon los ítems en cinco grandes bloques, presentados como encuestas a los participantes expertos. El método de valoración elegido fue el uso de una escala *Likert* de 5 puntos, intentando que el significado de cada grado de la escala fuera el mismo en la mayor parte de las cuestiones planteadas. La excepción fue la encuesta dedicada a la valoración educativa de JORCAD, en la que se emplearon 3 escalas de valoración diferentes.

El objetivo del primer bloque era evaluar los contenidos teóricos impartidos en la sesión previa y el tutorial antes del uso de la aplicación. Los dos siguientes se centraban en la valoración de la usabilidad del software (interfaz, controles, flujos de trabajo) y en las herramientas de JORCAD que posibilitan el análisis y exploración de casos radiológicos. Debido a las características de los ítems que se evaluaban en estos tres bloques, no se consideró que el hecho de separar la muestra de expertos en sus dos grupos constituyentes (especialistas y residentes) fuera a aportar información adicional útil. Hay que tener en cuenta que ambos grupos disponen de suficiente experiencia en el uso de herramientas informáticas y han recibido una amplia formación académica.

En la cuarta y quinta encuesta, dedicadas a la evaluación de la herramienta CAD basada en redes CNN y a la utilidad educativa del software JORCAD respectivamente, se consideraron las respuestas del grupo completo y de cada uno de los subgrupos por separado. Conocer la percepción de los participantes sobre la herramienta CAD era un aspecto principal del proceso de validación, que complementa la evaluación cuantitativa del proceso de entrenamiento y análisis de resultados realizado en el *Estudio 1*. El otro aspecto clave a evaluar era la utilidad educativa de JORCAD, ya que conocer las percepciones de especialistas y residentes por separado tiene en cuenta puntos de vista que en muchos aspectos de la práctica de la radiología son muy diferentes.

El método seleccionado para dotar a los participantes de una experiencia de uso que les permitiera responder a todos estos ítems tras haberse formado su propio criterio y opinión, fue la resolución de un total de 32 casos radiológicos (16 de TC de tórax y 16 de mamografía) mediante el uso autónomo de la herramienta educativa, basándose en las directrices de utilización del software y la metodología de análisis de los casos explicadas. Para evitar periodos largos de uso del software sin recibir *feedback* de los participantes (hasta la finalización de la actividad no se cumplimentaban la mayor parte de las encuestas de valoración) y a la vez obtener una información valiosa sobre los contenidos de JORCAD, se propuso una encuesta corta de valoración (3 ítems) para cada uno de los casos. De esta forma se podía conocer la opinión de cada participante sobre la dificultad del mismo, la utilidad del CAD para su análisis, y el grado de validez educativo para residentes que aporta analizar este caso con JORCAD.

La primera encuesta, mostró que los contenidos de la sesión teórica y del tutorial permitieron alcanzar un buen grado de comprensión de los principios teóricos y de las opciones generales disponibles en la aplicación, pero sobre todo en lo relacionado a cómo acceder a los casos, importar las imágenes y las opciones de presentación de las mismas (valoraciones promedio de 4.81, 4.96 y 4.88 para los ítems relacionados). La utilización del módulo CAD también recibió valoraciones positivas (4.69), siendo algo menor el grado de comprensión de las herramientas adicionales de nódulos en 3D y análisis estadístico de lesiones en mamografía.

Debido a que analizar un caso involucra una serie de etapas encadenadas, desde la selección del tipo de caso, la carga del listado disponible, la importación de imágenes y su exploración, su análisis mediante el CAD y la consulta de la información adicional y segmentaciones *ground truth*, resulta reseñable que el ítem que recibió una valoración más positiva en la segunda encuesta fue el relacionado con el *Flujo de trabajo para manejar los casos* (B.7 – 4.88). La evaluación de muchas de las etapas mencionadas anteriormente, así como su accesibilidad, manejo y usabilidad recibieron también valoraciones muy positivas y homogéneas, encontrándose en el intervalo [4.42-4.81].

En el tercer bloque no se encontraron diferencias significativas en la valoración que los participantes proporcionaron para las herramientas de exploración y análisis de casos de TC de tórax y mamografía (variedad de lesiones, clasificación de los casos, presentación de las segmentaciones y herramientas adicionales). A excepción de la herramienta 3D de visualización de nódulos, a la que los expertos consideraron menos útil, el resto de ítems fueron valorados en promedio entre 4.46 y 4.88 (siendo 4 de acuerdo y 5 totalmente de acuerdo).

La cuarta encuesta pretendía evaluar dos vertientes relacionadas con la herramienta CAD basada en redes CNN: por una parte, aspectos técnicos relacionados con su sensibilidad, la cantidad de hallazgos efectuados y su presentación en las imágenes, mientras que por otra parte se centraba en su utilidad para el aprendizaje en cada modalidad y su efecto en la confianza a la hora de detectar lesiones. Las valoraciones de esta segunda vertiente fueron elevadas (ítems D.9 - 4.85, D.10 - 4.73 y D.11 - 4.65) y en general algo superiores a las de la primera.

El grupo de especialistas valoró de forma más positiva que los residentes la utilidad del CAD implementado en JORCAD en la práctica clínica (diferencias estadísticamente significativas), lo que puede deberse a un enfoque más relacionado con su labor asistencial. Los especialistas mostraron también un mayor grado de satisfacción en cuanto al número de hallazgos de la herramienta CAD, afirmando en mayor medida que cumplía con sus expectativas.

Entre los aspectos principales analizados en la quinta y última encuesta general se encontraba la valoración de la utilidad de JORCAD para la formación de residentes (E.1) y la eficacia educativa del CAD (E.2) y de las bases de datos de imágenes radiológicas (E.3). Con valoraciones promedio respectivas de 4.54, 4.58 y 4.77 (siendo 5 la moda en todos los casos) se puede concluir que la percepción de los participantes expertos respecto a estas cuestiones fue muy positiva, no encontrándose diferencias significativas entre especialistas y residentes.

Los participantes expertos también valoraron la dificultad de uso de JORCAD como fácil o muy fácil y consideraron la complejidad de los casos de TC de tórax y mamografía en promedio como *Intermedia*, aunque la distribución para mamografía está claramente orientada hacia dificultades más altas (un 34.6% de los participantes valoraron la complejidad como *Difícil*).

Asimismo, recomendaron con un grado alto de acuerdo la inclusión de JORCAD en el programa formativo de residentes de la especialidad de radiodiagnóstico. La combinación de bases de datos con un sistema CAD realzó las capacidades educativas del software, según las respuestas de los participantes, con algo más de acuerdo por parte del grupo de especialistas.

En las encuestas de valoración de los casos de ambas modalidades, se observa que además de la heterogeneidad inherente a su dificultad (en el caso de TC de tórax los participantes resolvieron casos que contenían un único nódulo de tamaño cercano a 6 mm y otros en los que debían localizar hasta 4 nódulos cuyo tamaño era de 3 mm o inferior) juega un papel relevante la propia experiencia del participante. La utilidad del CAD, que fue valorada más positivamente en el caso de mamografía que en el de TC de tórax, parece presentar una relación directa con la mayor dificultad del caso. Esto lo ilustra que en algunos de los casos de mamografía que fueron considerados más difíciles el CAD fue valorado como *Extremadamente útil* por una mayoría de los participantes.

El análisis de todos los casos de TC de tórax mediante JORCAD fue considerado como *Recomendable* o *Muy recomendable* a nivel didáctico, mientras que para la mayor parte de los casos de mamografía esta valoración fue de *Bastante recomendable* o de *Caso muy didáctico o educativo*.

7.4. Conclusiones

1.- Los conjuntos de datos de entrenamiento, validación y test compuestos por recortes generados en esta investigación a partir de las bases de datos de imágenes utilizadas mediante diferentes técnicas de procesamiento son adecuados para entrenar sistemas de Inteligencia Artificial con algoritmos de aprendizaje supervisado.

2.- Los resultados de funcionamiento obtenidos para las Redes Neuronales de Convolución creadas (CNN) y entrenadas en esta Tesis Doctoral son similares a los reportados en otras publicaciones de la literatura científica que utilizan estos métodos de aprendizaje automático.

- El enfoque multi-tamaño del recorte permite disponer de redes CNN entrenadas con diferentes tamaños de matriz adaptadas a la detección de una gran variedad de nódulos en TC de tórax y lesiones en mamografía.

3.- La evaluación objetiva de la capacidad de generalización de los modelos CNN entrenados mediante la exactitud de clasificación, precisión y tasa de falsos positivos sobre los conjuntos de datos de test demostró un alto potencial de detección, comparable a los observados en la bibliografía.

- La exactitud de clasificación obtenida para nódulos en TC de tórax varía entre el 89.2% (48 píxeles x 48 píxeles) y el 87.1 % (16 x 16) utilizando como función de activación neuronal la tangente hiperbólica, y entre el 91.3% (48 x 48) y el 88.6% (16 x 16) usando la unidad lineal rectificadora (*ReLU*) como función de activación.
- Las redes CNN de mamografía entrenadas permitieron alcanzar una exactitud de clasificación entre el 97.3% (64 x 64) y el 78.1% (256 x 256) usando la tangente hiperbólica, mientras que utilizando la unidad lineal rectificadora (*ReLU*) los resultados se encuentran entre el 99.2% (64 x 64) y el 86.7% (256 x 256).
- La tasa de falsos positivos para los modelos entrenados se mantiene en valores inferiores al 10% para los conjuntos de datos analizados en la mayor parte de situaciones.

4.- El análisis de la capacidad de detección de las mejores CNN entrenadas para cada uno de los tamaños, basado en el estudio de las Características Operativas del Receptor (ROC) y el área bajo las curvas (AUC) cuyo valor ideal es la unidad, demuestra que los sistemas desarrollados poseen una gran capacidad para diferenciar nódulos en TC de tórax o lesiones en mamografía frente a tejido normal.

- Los valores de AUC para las CNN dedicadas a la detección de nódulos en TC de tórax se encuentran en el intervalo [0.936 - 0.951] usando la tangente hiperbólica, y [0.946 - 0.967] utilizando la función *ReLU*. Los test de sensibilidad de detección de nódulos realizados sobre una base de datos independiente (*SPIE-AAPM*) proporcionan tasas de verdaderos positivos por encima del 85.6% en todos los casos, y superiores al 96% para los tamaños de recorte de 40 x 40 y 48 x 48.
- Las redes CNN especializadas en la detección de lesiones de mamografía consiguen valores muy elevados de sensibilidad a bajos valores de tasa de falsos positivos, encontrándose su AUC entre 0.932 y 0.996 para imágenes de las bases de datos *BCDR* y *CBIS-DDSM*, y entre 0.912 y 0.988 para imágenes independientes pertenecientes a *CSAW*

S. La red de 384 x 384 píxeles presenta valores inferiores por su menor conjunto de datos de entrenamiento.

5.- El proceso de optimización del funcionamiento de las redes CNN mediante el entrenamiento de un conjunto de modelos con diferentes valores de los hiperparámetros ajustables ha demostrado ser efectivo para conseguir una alta sensibilidad y especificidad, permitiendo descartar combinaciones inadecuadas de hiperparámetros.

- El proceso de optimización muestra la importancia de seleccionar la distribución óptima de filtros en cada capa, el uso de filtros de pequeño tamaño de matriz combinados con operaciones de *pooling* y la elección del valor adecuado de la constante de tasa de aprendizaje.
- Las características de no-linealidad introducidas por la función de activación *ReLU* incrementan las capacidades de aprendizaje de las redes CNN, permitiendo obtener resultados significativamente mejores en las áreas de TC de tórax y mamografía.
- La utilización de filtros de convolución de pequeño tamaño combinados con operaciones de *pooling* permite una reducción dimensional adecuada de las matrices de entrada e incrementa las capacidades de aprendizaje asociadas a las tareas de detección de nódulos en TC de tórax y de lesiones en mamografías.
- El tamaño de recorte en mamografía se relaciona con el tipo de lesión en que se especializa cada CNN, teniendo las de menor tamaño una capacidad de detección óptima de calcificaciones y microcalcificaciones de diferentes tipos y distribuciones, presentando las de tamaño intermedio y grande muy buena capacidad de detección de masas y nódulos con diferentes formas y tipos de márgenes.

6.- El sistema CAD basado en redes CNN desarrollado constituye una herramienta de apoyo que proporciona una “segunda opinión” al especialista en radiodiagnóstico en el análisis de imágenes de TC y mamografías.

- En TC de tórax, el uso de redes de 16 x 16 y 24 x 24 píxeles, incrementa la sensibilidad de detección de nódulos de pequeño tamaño que pueden pasar inadvertidos con mayor facilidad, produciendo un mayor número de falsos positivos. Para detectar nódulos de tamaño clínicamente relevante, resulta recomendable utilizar las CNN de 32 x 32, 40 x 40 y 48 x 48, por presentar una mejor capacidad de generalización y una alta sensibilidad en la detección de nódulos de tamaño intermedio, sin perder capacidad de detección de nódulos de pequeño tamaño.
- Las redes CNN de mamografía asisten al especialista en radiodiagnóstico en la detección de una amplia tipología de lesiones. El entrenamiento de dichas redes con una combinación de recortes pertenecientes a dos bases de datos diferentes constituye un valor añadido, ya que no es habitual el uso de esta técnica en los estudios encontrados en la bibliografía.

7.- La herramienta de software educativo desarrollada (JORCAD) permite reforzar el proceso de aprendizaje de los residentes de radiodiagnóstico y de otras especialidades médicas durante su periodo formativo, gracias a la integración de casos pertenecientes a bases de datos de imágenes radiológicas con el sistema CAD entrenado.

- La sencillez de los flujos de trabajo implementados, y la disponibilidad de *ground truths* y segmentaciones validadas posibilita que el usuario aprenda de forma autónoma.

- El gran número y tipología de exámenes contenidos en JORCAD permite estudiar una amplia variedad de casos radiológicos.
- El diseño modular y ampliable de la herramienta facilita la incorporación de nuevos modelos CNN entrenados o conjuntos de casos pertenecientes a otros repositorios de imagen.

8.- La organización de una actividad educativa interactiva destinada a expertos en el área de radiodiagnóstico (especialistas médicos y residentes), ha permitido evaluar y validar la utilidad del software JORCAD y sus capacidades formativas mediante el análisis práctico de una serie de casos propuestos de TC de tórax y mamografía.

9.- El diseño de la metodología de validación basado en el análisis de un conjunto de encuestas enfocadas en diferentes aspectos del software, permitió conocer la percepción de los participantes sobre JORCAD.

- El grupo de 26 especialistas en radiodiagnóstico y residentes de la especialidad constituye una muestra representativa de expertos que proporciona un alto grado de fiabilidad al proceso de validación y a los resultados de la actividad formativa en que se fundamenta.
- El análisis de fiabilidad y el grado de concordancia entre las respuestas proporcionadas por los participantes expertos demostró una muy buena consistencia y acuerdo absoluto tanto para la valoración de las encuestas generales como a la hora de evaluar los casos analizados durante la actividad formativa.

10.- El grupo de expertos que formó parte de la validación de JORCAD a través de una actividad formativa interactiva evaluó sus capacidades educativas muy positivamente, resaltando su utilidad para la formación de residentes en radiodiagnóstico.

11.- Las bases de datos anotadas son herramientas valiosas para la formación de residentes en radiodiagnóstico cuando, como se ha realizado en la aplicación JORCAD, se organizan y clasifican los casos que contienen de acuerdo a las características de las lesiones.

12.- La combinación de bases de datos con herramientas CAD implementadas en JORCAD es útil para el aprendizaje del residente, no solamente incrementando la confianza del mismo cuando los hallazgos marcados por el CAD coinciden con sus predicciones, sino también llamando la atención sobre zonas que pueden pasar inadvertidas.

13.- La usabilidad del software JORCAD, las herramientas de navegación de casos y el módulo de detección CAD basado en redes CNN en particular, fueron muy bien valorados por los participantes expertos.

14.- Existe una percepción general de satisfacción entre los expertos, ya sean especialistas o residentes, hacia nuestro software, por lo que consideramos que este tipo de aplicaciones podrían tener una buena aceptación entre los profesionales médicos dedicados al radiodiagnóstico.

15.- La implementación de herramientas basadas en Inteligencia Artificial, como la desarrollada en esta Tesis Doctoral, y su integración en los programas de formación de residentes en radiodiagnóstico y en otras especialidades médicas que trabajan con imágenes radiológicas, constituye una herramienta complementaria que podría contribuir a mejorar los procesos de

adquisición de habilidades diagnósticas y toma de decisiones, potenciando el aprendizaje autónomo.

7.5. Contribuciones

- Desarrollo de un sistema de Detección Asistida por Ordenador (CAD) basado en Redes Neuronales de Convolución (CNN) para la detección de nódulos pulmonares en tomografía computarizada (TC) de tórax y diferentes tipos de lesiones en mamografía.

- Análisis detallado de la influencia de los hiperparámetros en el funcionamiento de las CNN para establecer un marco que permita seleccionar el tipo de red más adecuado para una aplicación determinada.

- Establecimiento de un método de comprobación y validación del funcionamiento de sistemas CAD basados en CNN, mediante el cálculo de diferentes parámetros de la matriz de confusión y la construcción de sus Curvas de Respuesta Característica (ROC) utilizando umbrales de clasificación variables.

- Desarrollo de una aplicación educativa (JORCAD) para la formación de residentes de radiodiagnóstico y otras especialidades médicas, así como estudiantes de últimos cursos del grado en medicina en el área del radiodiagnóstico. Esta aplicación integra una serie de bases de datos de imágenes de TC de tórax y mamografía, clasificando los casos, y presentando las segmentaciones y la información clínica y radiológica que contienen al usuario de forma visual y atractiva. La aplicación JORCAD integra los sistemas CAD basados en IA desarrollados, proporcionando una herramienta adicional y complementaria para el aprendizaje de los residentes.

- Establecimiento de un procedimiento para validar la aplicación desarrollada mediante el juicio de un grupo de expertos con experiencia en el campo del radiodiagnóstico, basado en la utilización práctica de JORCAD durante una actividad educativa para el estudio y análisis de una serie de casos de forma programada.

- Creación de un conjunto de encuestas planteadas para evaluar diferentes aspectos relacionados con la aplicación y sus herramientas, y que posibiliten la realización de un análisis estadístico de las respuestas para establecer conclusiones acerca de su utilidad práctica y educativa.

- Organización de una actividad formativa que incluye la impartición de una sesión teórica, tutoriales de manejo y sesiones prácticas de uso de la aplicación por parte de los participantes. Preparación del material docente (presentaciones, tutoriales, selección de casos de cada modalidad radiológica y preparación de fichas que asistan durante su análisis) e impartición de las sesiones teóricas y las prácticas de forma individual.

7.6. Publicaciones derivadas de estos estudios

● Hernández-Rodríguez, Jorge; Rodríguez-Conde, María José; Santos Sánchez, José-Ángel; Cabrero-Fraile, Francisco-Javier. (2023). *Development and validation of an educational software based in artificial neural networks for training in radiology (JORCAD) through an interactive learning activity*. HELIYON. Volume 9. Issue (4). Heliyon 9 (2023) e14780. ISSN 2405-8440. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e14780>.

EDITOR: ELSEVIER.

INDEXADA EN: *Journal Citation Reports (JCR) (Category: Multidisciplinary Sciences-SCIE), Scopus (Subject area: Multidisciplinary), Web of Science™ Science Citation Index Expanded™ (SCIE), PubMed.*

ABSTRACT: *The use of Computer Aided Detection (CAD) software has been previously documented as a valuable tool to improve specialist training in Radiology. This research assesses the utility of an educational software tool aimed to train residents in Radiology and other related medical specialties and students from Medicine degree. This in-house developed software, called JORCAD, integrates a CAD system based in Convolutional Neural Networks (CNNs) with annotated cases from radiological image databases. The methodology followed for software validation was expert judgement after completing an interactive learning activity. Participants received a theoretical session and a software usage tutorial and afterwards utilized the application in a dedicated workstation to analyze a series of proposed cases of thorax computed tomography (CT) and mammography. A total of 26 expert participants from the Radiology Department at Salamanca University Hospital (15 specialists and 11 residents) fulfilled the activity and evaluated different aspects through a series of surveys: software usability, case navigation tools, CAD module utility for learning and JORCAD educational capabilities. Participants also graded imaging cases to establish JORCAD usefulness for training radiology residents. According to the statistical analysis of survey results and expert cases scoring, along with their opinions, it can be concluded that JORCAD software is a useful tool for training future specialists. The combination of CAD with annotated cases from validated databases enhances learning, offering a second opinion and changing the usual training paradigm. Including software as JORCAD in residency training programs of Radiology and other medical specialties would have a positive effect on trainees' background knowledge.*

“El uso de software de Detección Asistida por Ordenador (CAD) ha sido documentado como una herramienta muy valiosa para mejorar la formación de especialistas en radiodiagnóstico. Esta investigación evalúa la utilidad de una herramienta de software educativa destinada a la formación de residentes en radiodiagnóstico y otras especialidades médicas relacionadas, así como a estudiantes del grado en Medicina. Este software de desarrollo propio, llamado JORCAD, integra un sistema CAD basado en Redes Neuronales de Convolución (CNNs) con casos anotados pertenecientes a bases de datos de imágenes radiológicas. La metodología utilizada para la validación del software fue el juicio de expertos después de completar una actividad interactiva de aprendizaje. Se impartió a los participantes una sesión teórica y un tutorial de uso del software y después utilizaron la aplicación en una estación de trabajo dedicada para analizar una serie de casos propuestos de tomografía computarizada de tórax (TC) y mamografía. Un total de 26 participantes expertos del Servicio de Radiodiagnóstico del Hospital Universitario de Salamanca (15 especialistas en radiodiagnóstico y 11 residentes) completaron la actividad y evaluaron diferentes aspectos a través de una serie de encuestas: usabilidad del software, herramientas de navegación de casos, utilidad del módulo CAD para el aprendizaje y capacidades educativas de JORCAD. Los participantes también valoraron los casos

de imagen, para establecer la utilidad de JORCAD para la formación de residentes de radiodiagnóstico. De acuerdo con el análisis estadístico de los resultados de las encuestas y las valoraciones de los casos por parte de los expertos, junto con sus opiniones, se puede concluir que el software JORCAD es una herramienta útil para formar a futuros especialistas. La combinación del CAD con casos anotados de bases de datos validadas mejora el aprendizaje, ofreciendo una segunda opinión y cambiando el paradigma habitual utilizado para la formación. Incluir software como JORCAD en los programas formativos de residencia en radiodiagnóstico y otras especialidades médicas, tendría un efecto positivo en los conocimientos de base adquiridos por los residentes.”

● Hernández Rodríguez, Jorge; Cabrero Fraile, Francisco Javier; Rodríguez Conde, María José. (2022). *Convolutional Neural Networks for multi-scale lung nodule classification in CT: influence of hyperparameter tuning on performance*. TEM Journal (Technological Ecosystems for enhancing Multiculturality). Volume 11, Issue 1, pages 297-306, February 2022, ISSN 2217-8309, ISSN (online) 2217-8333. <https://doi.org/10.18421/TEM111-37>.

EDITOR: UIKTEN. Association for Information Communication Technology Education and Science.

INDEXADA EN: Scopus (Computer Science - Miscellaneous. Information Systems. Education. Information Systems. Information Systems and Management. Management of Technology and Innovation. Strategy and management), Clarivate Web of Science Group, DOAJ (open global trusted), Emerging Sources Citation Index (ESCI) Core Collection, ERIHPLUS (European Reference Index for the humanities and social sciences), CEEOL (Central and Eastern European Online Library), EBSCOhost.

ABSTRACT: *In this study, a system based in Convolutional Neural Networks for differentiating lung nodules and non-nodules in Computed Tomography is developed. Multi-scale patches, extracted from LIDC-IDRI database, are used to train different CNN models. Adjustable hyperparameters are modified sequentially, to study their influence, evaluate learning process and find each size best performing network. Classification accuracies obtained are superior to 87% for all sizes with areas under Receiver Operating Characteristic in the interval (0.936-0.951). Trained models are tested with nodules from an independent database, providing sensitivities above 96%. Performance of trained models is similar to other published articles and show good classification capacities. As a basis for developing CAD systems, recommendations regarding hyperparameter tuning are provided.*

“En este estudio se desarrolla un sistema basado en Redes Neuronales de Convolución para diferenciar entre nódulos pulmonares y no-nódulos en Tomografía Computarizada. Se utilizan recortes multi-escala, extraídos de la base de datos LIDC-IDRI para entrenar diferentes modelos de CNN. Los hiperparámetros ajustables son modificados secuencialmente para estudiar su influencia, evaluar el proceso de aprendizaje y encontrar la red con un mejor funcionamiento para cada uno de los tamaños. Las exactitudes de clasificación obtenidas son superiores al 87% para todos los tamaños, con áreas bajo la Curvas Características de Operación en el intervalo (0.936-0.951). Los modelos entrenados fueron comprobados con nódulos de una base de datos independiente, proporcionando sensibilidades por encima del 96%. El funcionamiento de los modelos entrenados es similar a otros artículos publicados, mostrando una buena capacidad de clasificación. Con objeto de que sirva como base para el desarrollo de sistemas CAD, se proporcionan recomendaciones relacionadas con el ajuste de los valores de los hiperparámetros.”

● Hernández Rodríguez, Jorge; Cabrero Fraile, Francisco Javier; Rodríguez Conde, María José; Gómez Llorente, Pablo Luis. (2016). *Computer Aided Detection and Diagnosis in medical imaging: a review of clinical and educational applications*. TEEM '16: Proceedings of the Fourth International Conference on Technological Ecosystems for Enhancing Multiculturality. November 2-4, 2016. Pages 517–524. ISBN: 9781450347471. <https://doi.org/10.1145/3012430.3012567>.

EDITOR: *Association for Computing Machinery (ACM), New York, NY, United States. International Conference Proceedings Series (ICPS)*.

ABSTRACT: Computer Aided Detection and Diagnosis, known as CAD, is a fundamental tool for assisting radiologists in the image interpretation task. Since the 1980s, its popularity has grown, and it has become an important area of research in computer science, generating a great amount of published papers and many software systems. A wide variety of computer algorithms, such as image processing techniques, classification systems and artificial intelligence approaches, such as Artificial Neural Networks (ANNs), have been used in this field. CAD applications have extended to an increasing number of image modalities, as for example radiography, ultrasound, computed tomography (CT), mammography, magnetic resonance imaging (MRI), and positron emission tomography (PET) and to a great number of diseases, such as lung cancer, breast cancer, colon cancer, Alzheimer's disease, spine cancer, aneurysm, interstitial lung diseases... In this paper, a review of the fundamentals of some of these CAD systems, with special emphasis on those schemes based on ANNs, will be conducted. An analysis of methods and results obtained in clinical practice and a report of the advantages derived from its use (mainly focused in mammography, thoracic and colonic CT) will also be presented. In the last section, a compilation of CAD papers related with medical education and specialists' training reveals that this area has not been developed by many researchers. CAD schemes with educational purposes have been created for learning patterns in error making by radiology trainees, identifying regions where false positive detection is more probable, and predicting case difficulty for improving the learning process. The use of Computer Aided Education related with CAD software and Content-based image retrieval techniques have also been utilized as methods for enhancing learning.

“El Diagnóstico y Detección Asistido por Ordenador, conocido como CAD, es una herramienta fundamental para asistir a los especialistas en radiodiagnóstico en las tareas relacionadas con la interpretación de imágenes. Desde la década de 1980, su popularidad ha crecido, convirtiéndose en una importante área de investigación de las ciencias de la computación, generando una gran cantidad de artículos científicos y muchos sistemas de software. En este campo se ha utilizado una amplia variedad de algoritmos informáticos, que incluyen técnicas de procesamiento de imagen, sistemas de clasificación y enfoques basados en Inteligencia Artificial, como las Redes Neuronales Artificiales (ANNs). Las aplicaciones del CAD se han extendido a un número creciente de modalidades de imagen, como por ejemplo la radiografía, los ultrasonidos, la tomografía computarizada (TC), mamografía, imagen por resonancia magnética (MRI) y tomografía de emisión de positrones (PET), así como a un gran número de patologías, tales como el cáncer de pulmón, de mama o de colon, o metástasis vertebrales, la enfermedad de Alzheimer, aneurismas o enfermedades intersticiales de pulmón... En este artículo se realiza una revisión de los fundamentos de algunos de estos sistemas CAD, con especial énfasis en aquellos sistemas basados en ANNs. También se presenta un análisis de los métodos y resultados obtenidos en la práctica clínica, reportando las ventajas derivadas de su uso (centrado principalmente en la mamografía y en estudios TC de tórax y colonografía TC). En la última sección se realiza una recopilación de artículo relacionados con las aplicaciones del CAD en el campo de la educación médica y la formación de especialistas, que revela que esta área no ha sido desarrollada por muchos investigadores. Los sistemas CAD con

propósitos educativos han sido creados para aprender patrones en los errores cometidos por los especialistas en formación en radiodiagnóstico, identificando las regiones donde la detección de falsos positivos es más probable, y prediciendo la dificultad de los casos para mejorar el proceso de aprendizaje. La Educación Asistida por Ordenador relacionada con el software CAD, y las técnicas de recuperación de imágenes basadas en su contenido, han sido también utilizadas como métodos que mejoran el aprendizaje.”

- Hernández Rodríguez, Jorge; Rodríguez Conde, María José; Cabrero Fraile, Francisco Javier. (2016). *Artificial neural networks applications in computer aided diagnosis: system design and use as an educational tool*. TEEM '16: Proceedings of the Fourth International Conference on Technological Ecosystems for Enhancing Multiculturality. November, 2-4, 2016. Pages 1201–1208. ISBN: 9781450347471. <https://doi.org/10.1145/3012430.3012670>.

EDITOR: *Association for Computing Machinery (ACM), New York, NY, United States. International Conference Proceedings Series (ICPS)*.

ABSTRACT: *This paper describes the motivation, state-of-the-art, hypotheses and research objectives of the Doctoral Thesis "Artificial Neural Networks applications in Computer Aided Diagnosis. System design and use as an educational tool". A description of the investigation approaches and methodologies, the current dissertation status and expected contributions is also presented. At the time of writing, this dissertation is in its first year of development. Its central topic is Computer Aided Diagnosis and Detection (CAD), a valuable automated tool for specialists who interpret medical images, that provides information which can be used as a "second opinion" or supplementary data in their decision making process. Developing CAD schemes based in the machine learning models called Artificial Neural Networks (ANNs), which could be applied to different image modalities, is the main objective of the first phase of the dissertation. Their integration in a software environment that allows the user to handle and access to information efficiently is of key importance in the process. The validation of the system in clinical practice and the investigation of their possible uses as an educational tool for trainees during residency programs is the second phase.*

“Este artículo describe la motivación, estado del arte, hipótesis y objetivos de investigación de la Tesis Doctoral “Aplicación de las Redes Neuronales Artificiales al diseño de sistemas de Detección Asistida por Ordenador en TC de tórax y mamografía. Desarrollo de la aplicación educativa JORCAD y utilización como herramienta formativa”. Presenta una descripción de los enfoques y metodologías de investigaciones adoptadas, el estado de la Tesis en el momento de su elaboración y las contribuciones esperadas. Durante la escritura de este trabajo, la Tesis se encontraba en el primer año de desarrollo. Su tema central es el Diagnóstico y Detección Asistidos por Ordenador (CAD), una herramienta automática de gran valor para los especialistas que interpretan imágenes médicas, ya que les proporciona información que puede ser utilizada como una segunda opinión o datos suplementarios en el proceso de toma de decisiones. El desarrollo de sistemas CAD basados en modelos de aprendizaje automático llamados Redes Neuronales Artificiales (ANNs), que pueden aplicarse a diferentes modalidades de imagen, es el principal objetivo de esta fase de la Tesis Doctoral. Su integración en un entorno de software que permita al usuario acceder y manejar la información de forma eficiente tiene una importancia clave. La validación del sistema en la práctica clínica y la investigación de sus posibles usos como herramienta educativa para especialistas en formación durante el periodo de residencia es la segunda fase.”

REFERENCIAS

- A. G. Marques, L. F. de F. Souza, M. A. dos Santos, J. J. da Costa Nascimento, R. M. Sarmento, I. B. Lucena, I. C. L. Silva, & P. P. R. Filho. (2022). Automatic Segmentation of Hemorrhagic Stroke on Brain CT Images Using Convolutional Neural Networks Through Fine-Tuning. *2022 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN)*, 01-08. <https://doi.org/10.1109/IJCNN55064.2022.9892354>
- Abdelhafiz, D., Bi, J., Ammar, R., Yang, C., & Nabavi, S. (2020). Convolutional neural network for automated mass segmentation in mammography. *BMC bioinformatics*, *21(Suppl 1)*, 192. <https://doi.org/10.1186/s12859-020-3521-y>
- Abdelhafiz, D., Yang, C., Ammar, R., & Nabavi, S. (2019). Deep convolutional neural networks for mammography: Advances, challenges and applications. *BMC Bioinformatics*, *20(11)*, Article 11. <https://doi.org/10.1186/s12859-019-2823-4>
- Abdelrahman, L., Al Ghamdi, M., Collado-Mesa, F., & Abdel-Mottaleb, M. (2021). Convolutional neural networks for breast cancer detection in mammography: A survey. *Computers in Biology and Medicine*, *131*, 104248. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.104248>
- Agarwal, V., & Carson, C. (2015). *Using Deep Convolutional Neural Networks to predict semantic features of lesions in mammograms* (C231n Course Project Reports).
- Alakwaa, W., Nassef, M., & Badr, A. (2017). Lung Cancer Detection and Classification with 3D Convolutional Neural Network (3D-CNN). *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, *8(8)*. <https://doi.org/10.14569/IJACSA.2017.080853>
- Al-antari, M. A., Al-masni, M. A., Choi, M.-T., Han, S.-M., & Kim, T.-S. (2018). A fully integrated computer-aided diagnosis system for digital X-ray mammograms via deep learning detection, segmentation, and classification. *International Journal of Medical Informatics*, *117*, 44-54. <https://doi.org/10.1016/j.ijmedinf.2018.06.003>
- Al-antari, M. A., Han, S.-M., & Kim, T.-S. (2020). Evaluation of deep learning detection and classification towards computer-aided diagnosis of breast lesions in digital X-ray mammograms. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, *196*, 105584. <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2020.105584>
- Allen, B., Agarwal, S., Coombs, L., Wald, C., & Dreyer, K. (2021). 2020 ACR Data Science Institute Artificial Intelligence Survey. *Journal of the American College of Radiology*, *18(8)*, 1153-1159. <https://doi.org/10.1016/j.jacr.2021.04.002>

- Alshamrani, K., Alshamrani, H. A., Alqahtani, F. F., & Almutairi, B. S. (2022). Enhancement of Mammographic Images Using Histogram-Based Techniques for Their Classification Using CNN. *Sensors (Basel, Switzerland)*, 23(1), 235. <https://doi.org/10.3390/s23010235>
- Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A. J., Al-Dujaili, A., Duan, Y., Al-Shamma, O., Santamaría, J., Fadhel, M. A., Al-Amidie, M., & Farhan, L. (2021). Review of deep learning: Concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *Journal of Big Data*, 8(1), 53. <https://doi.org/10.1186/s40537-021-00444-8>
- American Association of Physicists in Medicine. (2007). *The Measurement, Reporting, and Management of Radiation Dose in CT* (Report of the AAPM Task Group 23 of the Diagnostic Imaging Council CT Committee).
- American Cancer Society. (2015). *Cancer Facts & Figures 2015*. <https://www.cancer.org/research/cancer-facts-statistics/all-cancer-facts-figures/cancer-facts-figures-2015.html>
- Anthimopoulos, M., Christodoulidis, S., Ebner, L., Christe, A., & Mougiakakou, S. (2016). Lung pattern classification for interstitial lung diseases using a deep convolutional neural network. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 35(5), 1207-1216. <https://doi.org/10.1109/TMI.2016.2535865>
- Arevalo, J., González, F. A., Ramos-Pollán, R., Oliveira, J. L., & Guevara Lopez, M. A. (2016). Representation learning for mammography mass lesion classification with convolutional neural networks. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2015.12.014>
- Armato III, S. G., Hadjiiski, L., Tourassi, G. D., Drukker, K., Giger, M. L., Li, F., Redmond, G., Farahani, K., Kirby, J. S., & Clarke, L. P. (2015). Guest Editorial: LUNGx Challenge for computerized lung nodule classification: Reflections and lessons learned. *Journal of Medical Imaging SPIE-International Society of Optical Engineering*, 2(2), 020103. <https://doi.org/10.1117/1.jmi.2.2.020103>
- Armato III, S. G., McLennan, G., Bidaut, L., McNitt-Gray, M. F., Meyer, C. R., Reeves, A. P., Zhao, B., Aberle, D. R., Henschke, C. I., Hoffman, E. A., & Croft, B. Y. (2011). The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A Completed Reference Database of Lung Nodules on CT Scans. *Medical Physics*, 38(2), 915-931. <https://doi.org/10.1118/1.3528204>
- Armato III, S. G., Samuel, G., Hadjiiski, L., Tourassi, G. D., Drukker, K., Giger, M. L., Li, F., Redmond, G., Farahani, K., Kirby, J. S., & Clarke, L. P. (2015). SPIE-AAPM-NCI Lung Nodule Classification Challenge Dataset. *The Cancer Imaging Archive*. <https://doi.org/10.7937/K9/TCIA.2015.UZLSU3FL>

- Armato, S. G., Drukker, K., Li, F., Hadjiiski, L., Tourassi, G. D., Engelmann, M. L., Giger, M. L., Redmond, G., Farahani, K., Kirby, J. S., & Clarke, L. P. (2016). LUNGx Challenge for computerized lung nodule classification. *Journal of Medical Imaging*, 3(4), 044506. <https://doi.org/10.1117/1.JMI.3.4.044506>
- Armato, S. G., McLennan, G., Bidaut, L., McNitt-Gray, M. F., Meyer, C. R., Reeves, A. P., Zhao, B., Aberle, D. R., Henschke, C. I., Hoffman, E. A., Kazerooni, E. A., MacMahon, H., van Beek, E. J. R., Yankelevitz, D., Biancardi, A. M., Bland, P. H., Brown, M. S., Engelmann, R. M., Laderach, G. E., ... Clarke, L. P. (2011). The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A Completed Reference Database of Lung Nodules on CT Scans. *Medical Physics*, 38(2), 915-931. <https://doi.org/10.1118/1.3528204>
- Auloge, P., Garnon, J., Robinson, J. M., Dbouk, S., Sibilia, J., Braun, M., Vanpee, D., Koch, G., Cazzato, R. L., & Gangi, A. (2020). Interventional radiology and artificial intelligence in radiology: Is it time to enhance the vision of our medical students? *Insights into Imaging*, 11(1), 127. <https://doi.org/10.1186/s13244-020-00942-y>
- Ayer, T., Alagoz, O., Chhatwal, J., Shavlik, J. W., Kahn, C. E., & Burnside, E. S. (2010). Breast Cancer Risk Estimation with Artificial Neural Networks Revisited: Discrimination and Calibration. *Cancer*, 116(14), Article 14. <https://doi.org/10.1002/cncr.25081>
- Ayer, T., Ayvaci, M. U., Liu, Z. X., Alagoz, O., & Burnside, E. S. (2010). Computer-aided diagnostic models in breast cancer screening. *Imaging in medicine*, 2(3), Article 3. <https://doi.org/10.2217/IIM.10.24>
- Ayer, T., Chen, Q., & Burnside, E. S. (2013). Artificial Neural Networks in Mammography Interpretation and Diagnostic Decision Making. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2013. <https://doi.org/10.1155/2013/832509>
- Balleyguier, C., Kinkel, K., Fermanian, J., Malan, S., Djen, G., Taourel, P., & Helenon, O. (2005). Computer-aided detection (CAD) in mammography: Does it help the junior or the senior radiologist? *European Journal of Radiology*, 54(1), 90-96. <https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2004.11.021>
- Bastien, F., Lamblin, P., Pascanu, R., Bergstra, J., Goofellow, I., Bergeron, A., Bouchard, N., Warde-Farley, D., & Bengio, Y. (2012). Theano: New features and speed improvements. *arXiv, abs/1211.5590*. <http://arxiv.org/abs/1211.5590>
- Bergstra, J., Breuleux, O., Bastien, F., Lamblin, P., Pascanu, R., Desjardins, G., Turian, J., Warde-Farley, D., & Bengio, Y. (2010). *Theano: A CPU and GPU Math Compiler in Python* (p. 24). <https://doi.org/10.25080/Majora-92bf1922-003>

- Boone, D., Mallet, S., McQuillan, J., Taylor, S. A., Altman, D. G., & Halligan, S. (2015). Assessment of the Incremental Benefit of Computer-Aided Detection (CAD) for Interpretation of CT Colonography by Experienced and Inexperienced Readers. *PLoS One*, *10*(9), e0136624. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0136624.eCollection2015>
- British Educational Research Association. (2018). *Ethical Guidelines for Educational Research*. 4th edn. <https://www.bera.ac.uk/researchers-resources/publications/ethical-guidelines-for-educational-research-2018>
- Bushberg, J. T., Seibert, J. A., Leidholdt, E. W., & Boone, J. M. (2011). *The essential physics of medical imaging* (3a Ed.). Lippincott Williams & Wilkins.
- C. Li, J. Xu, Q. Liu, Y. Zhou, L. Mou, Z. Pu, Y. Xia, H. Zheng, & S. Wang. (2021). Multi-View Mammographic Density Classification by Dilated and Attention-Guided Residual Learning. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, *18*(3), 1003-1013. <https://doi.org/10.1109/TCBB.2020.2970713>
- Cabero, C., & Llorente, M. C. (2013). The Application Of Expert Judgment As A Technique For Evaluating Information And Communication Technologies (ICT). *Revista de Tecnología de Información y Comunicación en Educación*, *7*, 11-22. <https://doi.org/10.51302/tce.2015.27>
- Cai, H., Huang, Q., Rong, W., Song, Y., Li, J., Wang, J., Chen, J., & Li, L. (2019). Breast Microcalcification Diagnosis Using Deep Convolutional Neural Network from Digital Mammograms. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, *2019*, 2717454. <https://doi.org/10.1155/2019/2717454>
- Caparrós, G., & Sendra, F. (2021). Medical students' perceptions of the impact of artificial intelligence in radiology. *Radiologia (Eng. Ed.)*, *50033-8338*(21), 00084-00089. <https://doi.org/10.1016/j.rx.2021.03.006>
- Chakraverty, S., Sahoo, D. M., & Mahato, N. R. (2019). McCulloch–Pitts Neural Network Model. In S. Chakraverty, D. M. Sahoo, & N. R. Mahato (Eds.), *Concepts of Soft Computing: Fuzzy and ANN with Programming* (pp. 167-173). Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-13-7430-2_11
- Chan, H. P., Sahiner, B., Helvie, M. A., Petrick, N., Roubidoux, M. A., Wilson, T. E., Adeler, D. D., Paramagul, C., Newman, J. S., & Sanjay-Gopal, S. (1999). Improvement of radiologists' characterization of mammographic masses by using computer-aided diagnosis: An ROC study. *Radiology*, *212*(3), 817-27. <https://doi.org/10.1148/radiology.212.3.r99au47817>
- Chen, H., Xu, J., Ma, Y., & Ma, B. (2010). Neural network ensemble based computer-aided diagnosis for differentiation of lung nodules on CT images: Clinical evaluation. *Academic Radiology*, *17*(5), 595-602. <https://doi.org/10.1016/j.acra.2009.12.009>

- Chen, Y. T., Chen, Y. L., Chen, Y. Y., Huang, Y. T., Wong, H. F., Yan, J. L., & Wang, J. J. (2022). Deep Learning-Based Brain Computed Tomography Image Classification with Hyperparameter Optimization through Transfer Learning for Stroke. *Diagnostics (Basel, Switzerland)*, 12(4), 807. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12040807>
- Cheng, J.-Z., Ni, D., Chou, Y.-H., Qin, J., & Tiu, C.-M. (2016). Computer-Aided Diagnosis with Deep Learning Architecture: Applications to Breast Lesions in US Images and Pulmonary Nodules in CT Scans. *Nature*, 6. <https://doi.org/10.1038/srep24454>
- Cheng, P. M., Montagnon, E., Yamashita, R., Pan, I., Cadrin-Chênevert, A., Perdigón Romero, F., Chartrand, G., Kadoury, S., & Tang, A. (2021). Deep Learning: An Update for Radiologists. *RadioGraphics*, 41(5), 1427-1445. <https://doi.org/10.1148/rg.2021200210>
- Chevalier, M., Leyton, F., Nogueira, M. S., Oliveira, M., & Da Silva, T. A. (2012). *Imaging of the Breast—Technical Aspects and Clinical Implication: Vol. Image Quality Requirements for Digital Mammography in Breast Cancer Screening*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/30973>
- Chevalier, M., & Torres, R. (2010). *Mamografía digital*. 11(1), 11-26. <https://revistadefisicamedica.es/index.php/rfm/article/view/90>
- Cho, Y., Kim, J. S., Lim, T. H., Lee, I., & Choi, J. (2021). Detection of the location of pneumothorax in chest X-rays using small artificial neural networks and a simple training process. *Scientific Reports*, 11(1), 13054. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92523-2>
- Chong, A., Weinstein, S. P., McDonald, E. S., & Conant, E. F. (2019). Digital Breast Tomosynthesis: Concepts and Clinical Practice. *Radiology*, 292(1), 1-14. <https://doi.org/10.1148/radiol.2019180760>
- Chougrad, H., Zouaki, H., & Alheyane, O. (2018). Deep Convolutional Neural Networks for breast cancer screening. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 157, 19-30. <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2018.01.011>
- Clark, K., Vendt, B., Smith, K., Freymann, J., Kirby, J., Koppel, P., Moore, S., Phillips, S., Maffitt, D., Pringle, M., Tarbox, L., & Prior, F. (2013). The Cancer Imaging Archive (TCIA): Maintaining and Operating a Public Information Repository. *Journal of Digital Imaging*, 26(6), 1045-1057. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s10278-013-9622-7>
- Clark, K., Vendt, B., Smith, K., Freymann, J., Kirby, J., Koppel, P., Moore, S., Phillips, S., Maffitt, D., Pringle, M., Tarbox, L., & Prior, F. (2013). The Cancer Imaging Archive (TCIA): Maintaining and Operating a Public Information Repository. *Journal of Digital Imaging*, 26(6), 1045-1057. <https://doi.org/10.1007/s10278-013-9622-7>
- Collado-Mesa, F., Alvarez, E., & Arheart, K. (2018). The Role of Artificial Intelligence in Diagnostic Radiology: A Survey at a Single Radiology Residency Training Program. *Journal of the*

<https://doi.org/10.1016/j.jacr.2017.12.021>

- Dastres, R., & Soori, M. (2021). Artificial Neural Network Systems. *International Journal of Imaging and Robotics*, 21(1), 13-25.
- De Boo, D. W., van Hoorn, F., van Schuppen, J., Schijf, L., Scheerder, M. J., Freling, N. J., Mets, O., Weber, M., & Schaefer-Prokop, C. M. (2012). Observer training for computer-aided detection of pulmonary nodules in chest radiography. *European Radiology*, 22(8), Article 8. <https://doi.org/10.1007/s00330-012-2412-7>
- de Moor, T., Rodriguez-Ruiz, A., Gubern Mérida, A., Mann, R., & Teuwen, J. (2018, febrero). *Automated soft tissue lesion detection and segmentation in digital mammography using a u-net deep learning network*. IWBI 2018At: Atlanta, Georgia, Atlanta, Georgia. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1802.06865>
- Deepak, S., & Ameer, P. M. (2019). Brain tumor classification using deep CNN features via transfer learning. *Computers in Biology and Medicine*, 111, 103345. <https://10.1016/j.combiomed.2019.103345>
- Dembrower, K., Lindholm, P., & Strand, F. (2019). A multimillion mammography image dataset and populationbased screening cohort for the training and evaluation of deep neural networks: the cohort of screen-aged women (CSAW). *Journal of Digital Imaging*, 33(2), 1-6. <https://doi.org/10.1007/s10278-019-00278-0>
- Devi, K. G., & Radhakrishnan, R. (2015). Automatic Segmentation of Colon in 3D CT images and Removal of Opacified Fluid Using Cascade Feed Forward Neural Network. *Computational and Mathematical methods in Medicine*, 2015(670739), 1-15. <https://doi.org/10.1155/2015/670739>
- Doi, K. (2007). Computer-Aided Diagnosis in Medical Imaging: Historical Review, Current Status and Future Potential. *Computerized medical imaging and graphics*, 31(4-5), 198-201. <https://doi.org/10.1016/j.compmedimag.2007.02.002>
- Dubrovina, A., Kisilev, P., Ginsburg, B., Hashoul, S., & Kimmel, R. (2016). Computational mammography using deep neural networks. *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering: Imaging & Visualization*, 1-5.
- Duong, M. T., Rauschecker, A. M., Rudie, J.-D., Chen, P.-H., Cook, T.-S., Bryan, R. N., & Mohan, S. (2019). Artificial intelligence for precision education in radiology. *British Journal of Radiology*, 92(1103), Article 1103. <https://doi.org/10.1259/bjr.20190389>
- Eshmawi, A. A., Khayyat, M., Algarni, A. D., & Hilali-Jaghdam, I. (2022). An Ensemble of Deep Learning Enabled Brain Stroke Classification Model in Magnetic Resonance Images.

Journal of Healthcare Engineering, 2022, 7815434.
<https://doi.org/10.1155/2022/7815434>

- European Society of Radiology (ESR). (2020). *European Training Curriculum for Radiology: Curriculum for the Level I and Level II Training Programme*. European Union of Medical Specialists.
- F. Shi, J. Wang, J. Shi, Z. Wu, Q. Wang, Z. Tang, K. He, Y. Shi, & D. Shen. (2021). Review of Artificial Intelligence Techniques in Imaging Data Acquisition, Segmentation, and Diagnosis for COVID-19. *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, 14, 4-15.
<https://doi.org/10.1109/RBME.2020.2987975>
- Fan, M., Li, Y., Zheng, S., Peng, W., Tang, W., & Li, L. (2019). Computer-aided detection of mass in digital breast tomosynthesis using a faster region-based convolutional neural network. *Deep Learning in Bioinformatics*, 166, 103-111.
<https://doi.org/10.1016/j.ymeth.2019.02.010>
- Fatan, M., Lavi, B., Hoff, G., & Puig, G. (2018). A Deep Convolutional Neural Network for Lung Cancer Diagnostic. *arXiv*, 1804. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1804.08170>
- Firmino, M., Morais, A. H., Mendonça, R. M., Dantas, M. R., & Hequis, H. R. (2014). Computer-aided detection system for lung cancer in computed tomography scans: Review and future prospects. *Biomedical Engineering online*, 13. <https://doi.org/10.1186/1475-925X-13-41>
- Forney, M. C., & McBride, A. F. (2020). Artificial Intelligence in Radiology Residency Training. *Seminars in Musculoskeletal Radiology*, 24(1), 74-80. <https://doi.org/10.1055/s-0039-3400270>
- G. K. Abraham, P. Bhaskaran, & V. S. Jayanthi. (2019). *Lung Nodule Classification in CT Images Using Convolutional Neural Network*. 199-203.
<https://doi.org/10.1109/ICACC48162.2019.8986213>
- Ganesan, A., Alakhras, M., Brennan, P. C., & Mello-Thoms, C. (2018). A review of factors influencing radiologists' visual search behaviour. *Journal of Medical Imaging and Radiation Oncology*, 62(6), 747-757. <https://doi.org/10.1111/1754-9485.12798>
- Gao, M., Bagci, U., Lu, L., Wu, A., Buty, M., Shin, H., Papadakis, G. Z., Depeursinge, A., Summers, R. M., Xu, Z., & Mollura, D. J. (2018). Holistic classification of CT attenuation patterns for interstitial lung diseases via deep convolutional neural networks. *Computer methods in biomechanics and biomedical engineering. Imaging & visualization*, 6(1), 1-6.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1080/21681163.2015.1124249>

- García-Orellana, C. J., Gallardo-Caballero, R., Macías-Macias, M., & González-Velasco, H. (2007). *SVM and neural networks comparison in mammographic CAD*. 3204-3207. <https://doi.org/10.1109/IEMBS.2007.4353011>
- Ge, J., Sahiner, B., Hadjiiski, L., Chan, H.-P., Wei, J., Helvie, M. A., & Zhou, C. (2006). Computer aided detection of clusters of microcalcifications on full field digital mammograms. *Medical Physics*, 33(8), Article 8. <https://doi.org/10.1118/1.2211710>
- Ghojogh, B., & Crowley, M. (2019). Linear and Quadratic Discriminant Analysis: Tutorial. *arXiv*, 1906.02590. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1906.02590>
- Giger, M. L., Chan, H.-P., & Boone, J. (2008). Anniversary Paper: History and status of CAD and quantitative image analysis: The role of Medical Physics and AAPM. *Medical Physics*, 35(12), 5799-5820. <https://doi.org/10.1118/1.301355526>
- Global Burden of Disease Cancer Collaboration, Fitzmaurice, C., Abate, D., Abbasi, N., Abbastabar, H., & Abd-Allah, F. (2019). Global, Regional, and National Cancer Incidence, Mortality, Years of Life Lost, Years Lived With Disability, and Disability-Adjusted Life-Years for 29 Cancer Groups, 1990 to 2017: A Systematic Analysis for the Global Burden of Disease Study. *JAMA Oncology*, 5(12), 1749-1768. <https://doi.org/10.1001/jamaoncol.2019.2996>
- Golosio, B., Masala, G. L., Piccioli, A., Oliva, P., Carpinelli, M., Cataldo, R., Cerello, P., De Carlo, F., Falaschi, F., Fantacci, M. E., Gargano, G., Kasae, P., & Torsello, M. (2009). A novel multithreshold method for nodule detection in lung CT. *Medical Physics*, 36(8), 3607-3618.
- Gorospe-Sarasúa, L., Muñoz-Olmedo, J. M., Sendra-Portero, F., & de Luis-García, R. (2022). Challenges of Radiology education in the era of artificial intelligence. *Radiologia (English Edition)*, 64(1), Article 1. <https://doi.org/10.1016/j.rxeng.2020.10.012>
- Guevara Lopez, M. A., González Posada, N., Moura, D., Pollán, R., Franco-Valiente, J., Ortega, C., Del Solar, M., Díaz-Herrero, G., Pereira M A Ramos, I., Pinheiro Loureiro, J., Cardoso Fernandes, T., & Ferreira M Araújo, B. (2012). *BCDR: A BREAST CANCER DIGITAL REPOSITORY*. 1065-1066.
- Guevara-López, M. A., Posada, N., Moura, D., Ramos-Pollán, R., Franco-Valiente, J., Ortega, C., Del Solar, M., Díaz-Herrero, G., Ramos, I., Loureiro, J., Fernandes, T., & Araújo, B. (2012, julio 22). BCDR: A breast cancer digital repository. 2012. P. 1065-6. *ICEM15: 15th International Conference on Experimental Mechanics, FEUP-EURASEM-APAET*.
- Guo, Z., Xie, J., Wan, Y., Zhang, M., Qiao, L., Yu, J., Chen, S., Li, B., & Yao, Y. (2022). A review of the current state of the computer-aided diagnosis (CAD) systems for breast cancer

- diagnosis. *Open Life Sciences*, 17(1), 1600-1611. <https://doi.org/10.1515/biol-2022-0517>
- Hassan, N. M., Hamad, S., & Mahar, K. (2022). Mammogram breast cancer CAD systems for mass detection and classification: A review. *Multimedia Tools and Applications*, 81(14), 20043-20075. <https://doi.org/10.1007/s11042-022-12332-1>
- He, X., Sahiner, B., Gallas, B. D., Chen, W., & Petrick, N. (2014). Computerized characterization of lung nodule subtlety using thoracic CT images. *Physics in Medicine and Biology*, 59(4), 897-910. <https://doi.org/10.1088/0031-9155/59/4/897>
- Heath, M., Bowyer, K., Kopans, D., Kegelmeyer, W. P., Moore, R., Chang, K., & Munishkumaran, S. (1998). Current status of the Digital Database for Screening Mammography. *Digital Mammography. Computational Imaging and Vision*, 13. https://doi.org/10.1007/978-94-011-5318-8_75
- Heath, M., Bowyer, K., Kopans, D., Moore, R., & Kegelmeyer, W. P. (2001). The Digital Database for Screening Mammography. *Proceedings of the Fifth International Workshop on Digital Mammography*, 212-218.
- Hua, K.-L., Hsu, C.-H., Hidayati, S. C., Chen, W.-H., & Chen, Y. J. (2015). Computer-aided classification of lung nodules on computed tomography images via deep learning technique. *OncoTargets and therapy*, 8, 2015-2022. <https://doi.org/10.2147/OTT.S80733>
- Huang, W., Xue, Y., & Wu, Y. (2019). A CAD system for pulmonary nodule prediction based on deep three-dimensional convolutional neural networks and ensemble learning. *PLoS One*, 14(7), e0219369. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219369.eCollection2019>
- Hussain, Z., Gimenez, F., Yi, D., & Rubin, D. (2017). *Differential Data Augmentation Techniques for Medical Imaging Classification Tasks*. 979-984. PMID: 29854165 PMCID: PMC5977656
- Inoue, H. (2018). Data Augmentation by Pairing Samples for Images Classification. *ArXiv*, 1801.02929. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1801.02929>
- Itri, J. N., Tappouni, R. R., McEachern, R. O., Pesch, A. J., & Patel, S. H. (2018). Fundamentals of Diagnostic Error in Imaging. *RadioGraphics*, 38(6), 1845-1865. <https://doi.org/10.1148/rg.2018180021>
- Jiang, Y., Nishikawa, R. M., Schmidt, R. A., Metz, C. E., Giger, M. L., & Doi, K. (1999). Improving breast cancer diagnosis with computer aided diagnosis. *Academic Radiology*, 6(1), 22-33. [https://doi.org/10.1016/s1076-6332\(99\)80058-0](https://doi.org/10.1016/s1076-6332(99)80058-0)

- Jorritsma, W., Cnossen, F., & van Ooijen, P. M. A. (2015). Improving the radiologist–CAD interaction: Designing for appropriate trust. *Clinical Radiology*, 70(2), 115-122. <https://doi.org/10.1016/j.crad.2014.09.017>
- Jung, N. Y., Kang, B. J., Kim, H. S., Cha, E. S., Lee, J. H., Park, C. S., Whang, I. Y., Kim, S. H., An, Y. Y., & Choi, J. J. (2014). Who could benefit the most from using a computer-aided detection system in full-field digital mammography? *World Journal of Surgical Oncology*, 12(1), 168. <https://doi.org/10.1186/1477-7819-12-168>
- Kaheel, H., Hussein, A., & Chehab, A. (2021). AI-Based Image Processing for COVID-19 Detection in Chest CT Scan Images. *Frontiers in Communications and Networks*, 2. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frcmn.2021.645040>
- Kallergi, M. (2004). Computer-aided diagnosis of mammographic microcalcification clusters. *Medical Physics*, 31(2), Article 2.
- Kersting, K. (2018). Machine Learning and Artificial Intelligence: Two Fellow Travelers on the Quest for Intelligent Behavior in Machines. *Frontiers in Big Data*, 1(6). <https://doi.org/10.3389/fdata.2018.00006>
- Koo, T., & Li, M. Y. (2016). A Guideline of Selecting and Reporting Intraclass Correlation Coefficients for Reliability Research. *Journal of Chiropractic Medicine*, 15(2), 155-163. <https://doi.org/10.1016/j.jcm.2016.02.012>
- Kooi, T., Litjens, G., van Ginneken, B., Gubern-Mérida, A., Sánchez, C. I., Mann, R., den Heeten, A., & Karssemeijer, N. (2017). Large scale deep learning for computer aided detection of mammographic lesions. *Medical Image Analysis*, 35, 303-312. <https://doi.org/10.1016/j.media.2016.07.007>
- Kundu, S. (2021). How will artificial intelligence change medical training? *Communications Medicine*, 1(8), Article 8. <https://doi.org/10.1038/s43856-021-00003-5>
- Lai, M. (2015). Deep learning for medical image segmentation. *arXiv*, 1505.02000. <http://arxiv.org/abs/1505.02000>
- Lampert, T. A., Stumpf, A., & Gançarski, P. (2016). An Empirical Study Into Annotator Agreement, Ground Truth Estimation, and Algorithm Evaluation. *IEEE Transactions on Image Processing*. <https://doi.org/10.1109/TIP.2016.2544703>
- LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521, 436-444. <https://doi.org/10.1038/nature14539>
- Lee, C. S., Nagy, P. G., Weaver, S. J., & Newman-Toker, D. E. (2013). Cognitive and System Factors Contributing to Diagnostic Errors in Radiology. *American Journal of Roentgenology*, 201(3), 611-617. <https://doi.org/10.2214/AJR.12.10375>

- Lee, R. S., Gimenez, F., Hoogi, A., Miyake, K. K., Gorovoy, M., & Rubin, D. L. (2017). A curated mammography data set for use in computer-aided detection and diagnosis research. *Scientific Data*, 4, 170177.
- Li, F., Aoyama, M., Shiraishi, J., Abe, H., Li, Q., Suzuki, K., Engelmann, R., Sone, S., Macmahon, H., & Doi, K. (2004). Radiologists' performance for differentiating benign from malignant lung nodules on high-resolution CT using computer-estimated likelihood of malignancy. *American Journal of Roentgenology*, 183(5), 1209-1215. <https://doi.org/10.2214/ajr.183.5.1831209>
- Li, H., Niu, J., Li, D., & Zhang, C. (2021). Classification of breast mass in two-view mammograms via deep learning. *IET Image Processing*, 15(2), 454-467. <https://doi.org/10.1049/jpr2.12035>
- Li, P., Wang, S., Li, T., Lu, J., HuangFu, Y., & Wang, D. (2020). A Large-Scale CT and PET/CT Dataset for Lung Cancer Diagnosis. *The Cancer Imaging Archive*. <https://doi.org/10.7937/TCIA.2020.NNC2-0461>
- Li, W., Cao, P., Zhao, D., & Wang, J. (2016). Pulmonary Nodule Classification with Deep Convolutional Neural Networks on Computed Tomography Images. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2016(6215085). <https://doi.org/10.1155/2016/6215085>
- LISA lab. (2015). *Deep Learning Tutorial*. <https://www.e-booksdirectory.com/details.php?ebook=10650>
- Lisboa, P. J., & Taktak, A. F. G. (2006). The use of artificial neural networks in decision support in cancer: A systematic review. *Neural Networks: The Official Journal of the International Neural Network Society*, 19(4), Article 4. <https://doi.org/10.1016/j.neunet.2005.10.007>
- Luo, P., Quian, W., & Romilly, P. (2005). CAD-Aided Mammogram training. *Academic Radiology*, 12, 1039-1048. <https://doi.org/10.1016/j.acra.2005.04.011>
- Lyu, J., & Ling, S. H. (2018). *Using Multi-level Convolutional Neural Network for Classification of Lung Nodules on CT images*. 686-689. <https://doi.org/10.1109/EMBC.2018.8512376>
- M. G. Ertosun & D. L. Rubin. (2015). *Probabilistic visual search for masses within mammography images using deep learning*. 1310-1315. <https://doi.org/10.1109/BIBM.2015.7359868>
- Ma, F., Yu, L., Liu, G., & Niu, Q. (2015). Computer aided mass detection in mammography with temporal change analysis. *Computer Science and Information Systems*, 12(4), Article 4. <https://doi.org/10.2298/CSIS141230049M>
- Mahnken, A. H., Baumann, M., Meister, M., Schmitt, V., & Fischer, M. R. (2011). Blended learning in radiology: Is self-determined learning really more effective? *European Journal of Radiology*, 78(3), 384-387. <https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2010.12.059>

- Mahoney, M. C., & Meganathan, K. (2011). False Positive Marks on Unsuspecting Screening Mammography with Computer-Aided Detection. *False Positive Marks on Unsuspecting Screening Mammography with Computer-Aided Detection*, 24, 772-777. <https://doi.org/10.1007/s10278-011-9389-7>
- Mammone, A., Turchi, M., & Cristianini, N. (2009). Support vector machines. *WIREs Computational Statistics*, 1(3), 283-289. <https://doi.org/10.1002/wics.49>
- Mang, T., Graser, A., Schima, W., & Maier, A. (2007). CT colonography: Techniques, indications, findings. *European Journal of Radiology*, 61(3), 388-399. <https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2006.11.019>
- Manickavasagam, R., Selvan, S., & Selvan, M. (2022). CAD system for lung nodule detection using deep learning with CNN. *Medical & biological engineering & computing*, 60(1), 221-228. <https://doi.org/10.1007/s11517-021-02462-3>
- Matsoukas, C., Hernandez, A. B. I., Liu, Y., Dembrower, K., Miranda, G., Konuk, E., Haslum, J. F., Zouzos, A., Lindholm, P., Strand, F., & Smith, K. (2020). *Adding Seemingly Uninformative Labels Helps in Low Data Regimes*. International Conference on Machine Learning (ICML 2020).
- McBee, M. P., Awan, O. A., Colucci, A. T., Ghobadi, C. W., Kadom, N., Kansagra, A. P., Tridandapani, S., & Auffermann, W. F. (2018). Deep Learning in Radiology. *Academic Radiology*, 25(11), 1472-1480. <https://doi.org/10.1016/j.acra.2018.02.018>
- Mdletshe, S., Nel, A. L., Rainford, L., & Lawrence, H. A. (2019). Computer-aided detection tool development for teaching chest radiograph pattern recognition to undergraduate radiography students: A context needs and capability analysis. *Health SA Gesondheid*, 15(24), 1322. <https://doi.org/10.4102/hsag.v24i0.1322>
- Murchison, J. T., Ritchie, G., Senyszak, D., Nijwening, J. H., van Veenendaal, G., Wakkie, J., & van Beek, E. J. R. (2022). Validation of a deep learning computer aided system for CT based lung nodule detection, classification, and growth rate estimation in a routine clinical population. *PLOS ONE*, 17(5), e0266799. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0266799>
- Mylyaho, L., Raatikainen, M., Männistö, T., Mikkonen, T., & Nurminen, J. K. (2021). Systematic literature review of validation methods for AI systems. *Journal of Systems and Software*, 181(111050). <https://doi.org/10.1016/j.jss.2021.111050>
- N. Dhungel, G. Carneiro, & A. P. Bradley. (2015). *Automated Mass Detection in Mammograms Using Cascaded Deep Learning and Random Forests*. 1-8. <https://doi.org/10.1109/DICTA.2015.7371234>

- N. Wu, K. J. Geras, Y. Shen, J. Su, S. G. Kim, E. Kim, S. Wolfson, L. Moy, & K. Cho. (2018). *Breast Density Classification with Deep Convolutional Neural Networks*. 6682-6686. <https://doi.org/10.1109/ICASSP.2018.8462671>
- Neri, E., Faggioni, L., Regge, D., Vagli, P., Turini, F., Cerri, F., Picano, E., Giusti, S., & Bartolozzi, C. (2011). CT colonography: Role of a second reader CAD paradigm in the initial training of radiologists. *European Journal of Radiology*, 80(2), 303-309. <https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2010.07.014>
- Nielsen, M. A. (2015). *Neural Networks and Deep Learning*. Determination Press.
- Nishio, M., Noguchi, S., Matsuo, H., & Murakami, T. (2020). Automatic classification between COVID-19 pneumonia, non-COVID-19 pneumonia, and the healthy on chest X-ray image: Combination of data augmentation methods. *Scientific Reports*, 10(1), 17532. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74539-2>
- O'Connor, E. E., Fried, J., McNulty, N., Shah, P., Hogg, J. P., Lewis, P., Zeffiro, T., Agarwal, V., & Reddy, S. (2016). Flipping Radiology Education Right Side Up. *Academic Radiology*, 23(7), Article 7. <https://doi.org/10.1016/j.acra.2016.02.011>
- Ooi, S. K. G., Makmur, A., Soon, A. Y. Q., Fook-Chong, S., Liew, C., Sia, S. Y., Ting, Y. H., & Lim, C. Y. (2021). Attitudes toward artificial intelligence in radiology with learner needs assessment within radiology residency programmes: A national multi-programme survey. *Singapore Medical Journal*, 62(3), Article 3. <https://doi.org/10.11622/smedj.2019141>
- Park, H. J., Kim, S. M., La, Y. B., Jang, M., Kim, B., Jang, J. Y., Lee, J. Y., & Lee, S. H. (2019). A computer-aided diagnosis system using artificial intelligence for the diagnosis and characterization of breast masses on ultrasound: Added value for the inexperienced breast radiologist. *Medicine (Baltimore)*, 98(3), e14146. <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000014146>
- Park, J. J., Kim, K. A., Nam, Y., Choi, M. H., Choi, S. Y., & Rhie, J. (2020). Convolutional-neural-network-based diagnosis of appendicitis via CT scans in patients with acute abdominal pain presenting in the emergency department. *Scientific Reports*, 10(1), 9556. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66674-7>
- Park, S. H., Goo, J. M., & Jo, C. H. (2004). Receiver Operating Characteristic (ROC) Curve: Practical Review for Radiologists. *Korean Journal of Radiology*, 5(1), 11-18. <https://doi.org/10.3348/kjr.2004.5.1.11>
- Petrick, N., Haider, M., Summers, R. M., Yeshwant, A. C., Brown, L., Iuliano, E. M., Louie, A., Choi, J. R., & Pickhardt, P. J. (2008). CT Colonography with Computer-aided Detection as a

- Second Reader: Observer Performance Study. *Radiology*, 246(1), 148-156.
<https://doi.org/10.1148/radiol.2453062161>
- Pfeiffer, D. E. (2020). Clinical Mammography Physics. En *Clinical Imaging Physics* (pp. 77-88).
<https://doi.org/10.1002/9781118753798.ch5>
- Pickhardt, P. J., Yee, J., & Johnson, C. D. (2018). CT colonography: Over two decades from discovery to practice. *Abdominal radiology (New York)*, 43(3), 517-522.
<https://doi.org/10.1007/s00261-018-1501-8>
- Pinto, D., Giese, D., Brodehl, S., Chon, S. H., Staab, W., Kleinert, R., Maintz, D., & Baebler, B. (2018). Medical students' attitude towards artificial intelligence: A multicentre survey. *European Journal of Radiology*, 29(4), Article 4. <https://doi.org/10.1007/s00330-018-5601-1>
- Qurashi, A. A., Alanazi, R. K., Alhazmi, Y. M., Almohammadi, A. S., Alsharif, W. M., & Alshamrani, K. M. (2021). The Use of Artificial Intelligence in Medical Imaging: A Nationwide Pilot Survey of Trainees in Saudi Arabia. *Journal of Multidisciplinary Healthcare*, 23(14), Article 14. <https://doi.org/10.2147/JMDH.S340786>
- Reeves, A. P., & Biancardi, A. M. (2011). *The Lung Image Database Consortium (LIDC) Nodule Size Report*. /lidc/, October 27, 2011
- Reeves, A. P., Biancardi, A. M., Apanasovich, T. V., Meyer, C. R., MacMahon, H., van Beek, E. J. R., Kazerooni, E. A., Yankelevitz, D., McNitt-Gray, M. F., McLennan, G., Armato III, S. G., Henschke, C. I., Aberle, D. R., Croft, B. Y., & Clarke, L. P. (2007). The lung image database consortium (LIDC): A comparison of different size metrics for pulmonary nodule measurements. *Academic Radiology*, 14(12), 1475-1485.
<https://doi.org/10.1016/j.acra.2007.09.005>
- Ribli, D., Horváth, A., Unger, Z., Pollner, P., & Csabai, I. (2018). Detecting and classifying lesions in mammograms with Deep Learning. *Scientific reports*, 8(1), Article 1.
<https://doi.org/10.1038/s41598-018-22437-z>
- Richardson, M. L., Adams, S. J., Agarwal, A., Aufferman, W. F., Bhattacharya, A. K., Consul, K., Fotos, J. S., Kelahan, L. C., Lin, C., Lo, H. S., Nguyen, X. V., Salkowski, L. R., Sin, J. M., Thomas, R. C., Wassef, S., & Ikuta, I. (2021). Review of Artificial Intelligence Training Tools and Courses for Radiologists. *Academic Radiology*, 28(9), Article 9.
<https://doi.org/10.1016/j.acra.2020.12.026>
- Richardson, M. L., Garwood, E. R., Lee, Y., Li, M. D., Lo, H. S., Nagaraju, A., Nguyem, X. V., Probyn, L., Rajiah, P., Sin, J., Wasnik, A. P., & Xu, K. (2021). Noninterpretive Uses of Artificial Intelligence in Radiology. *Academic Radiology*, 28(9), Article 9.
<https://doi.org/10.1016/j.acra.2020.01.012>

- Rojas, R. (1996). *Neural Networks: A systematic Introduction*. Springer-Verlag, Berlin.
- Roth, H., Lu, L., Liu, J., Yao, J., Seff, A., Cherry, K., Kim, L., & Summers, R. (2016). Improving Computer-aided Detection using Convolutional Neural Networks and Random View Aggregation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 35(5), 170-181. <https://doi.org/10.1109/TMI.2015.2482920>
- Rubin, G. D. (2015). Lung nodule and cancer detection in computed tomography screening. *Journal of thoracic imaging*, 30(2), 130-138. <https://doi.org/10.1097/RTI.0000000000000140>
- Sahiner, B., Hadjiiski, L. M., Chan, H.-P., Shi, J., Cascade, P. N., Ella A. Kazerooni, Chuan Zhou, Jun Wei, Aamer R. Chughtai, Chad Poopat, Thomas Song, Jadranka S Nojkova, Luba Frank, & Anil Attili. (2007). *Effect of CAD on radiologists' detection of lung nodules on thoracic CT scans: Observer performance study*. 6515, 65151D. <https://doi.org/10.1117/12.709851>
- Sali, L., Delsanto, S., Sacchetto, D., Correale, L., Falchini, M., Ferraris, A., Gandini, G., Grazzini, G., lafrate, F., Iussich, G., Morra, L., Laghi, A., Mascacchi, M., & Regge, D. (2018). Computer-based self-training for CT colonography with and without CAD. *European Journal of Radiology*, 28(1), 4783-4791. <https://doi.org/10.1007/s00330-018-5480-5>
- Santos, C. F., & Papa, J. P. (2022). Avoiding Overfitting: A Survey on Regularization Methods for Convolutional Neural Networks. *ACM Computing Surveys*, 54(10), 1-25. <https://doi.org/10.1145/3510413>
- Saradhi, M. P., & Thanikaiselvan, V. (2021). Multiscale CNN with compound fusions for false positive reduction in lung nodule detection. *Artificial Intelligence in Medicine*, 113(102017). <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2021.102017>
- Savelli, B., Bria, A., Molinara, M., Marrocco, C., & Tortorella, F. (2020). A multi-context CNN ensemble for small lesion detection. *Artif Intell Med*, 103, 101749. <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2019.101749>
- Schuur, F., Rezazade, M. H., & Ranschaert, E. (2021). Training opportunities of artificial intelligence (AI) in radiology: A systematic review. *European Journal of Radiology*, 31(8), Article 8. <https://doi.org/10.1007/s00330-020-07621-y>
- Sethi, G., & Saini, B. (2015). Computer aided diagnosis system for abdomen diseases in computed tomography images. *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, 36. <https://doi.org/10.1016/j.bbe.2015.10.008>
- Shefer, E., Altman, A., Behling, R., Goshen, R., Gregorian, L., Roterman, Y., Uman, I., Wainer, N., Yagil, Y., & Zarchin, O. (2013). State of the Art of CT Detectors and Sources: A Literature Review. *Current Radiology Reports*, 1(1), 76-91. <https://doi.org/10.1007/s40134-012-0006-4>

- Shen, W., Zhou, M., Yang, F., Yang, C., & Tian, J. (2015). Multi-scale Convolutional Neural Networks for Lung Nodule Classification. *Information Processing in Medical Imaging*, 24, 588-599. https://doi.org/10.1007/978-3-319-19992-4_46
- Shen, W., Zhou, M., Yang, F., Yu, D., Dong, D., Yang, C., Zang, Y., & Tian, J. (2017). Multi-crop Convolutional Neural Networks for lung nodule malignancy suspiciousness classification. *Pattern Recognition*, 61, 663-673. <https://doi.org/10.1016/j.patcog.2016.05.029>
- Shi, Z., He, L., Suzuki, K., Nakamura, T., & Itoh, K. (2009). Survey on Neural Networks Used for Medical Image Processing. *International Journal of Computing Science and Mathematics*, 3(1), 86-100. PMID: 26740861 PMCID: PMC4699299
- Shin, H.-C., Roth, H. R., Gao, M., Lu, L., & Xu, Z. (2016). Deep Convolutional Neural Networks for Computer-Aided Detection: CNN Architectures, Dataset Characteristics and Transfer Learning. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(5), 1285-1298. <https://doi.org/10.1109/TMI.2016.2528162>
- Shiraishi, J., Katsuragawa, S., Ikezoe, J., Matsumoto, T., Kobayashi, T., Komatsu, K., Matsui, M., Fujita, H., Kodera, Y., & Doi, K. (2000). Development of a digital image database for chest radiographs with and without a lung nodule: Receiver operating characteristic analysis of radiologists' detection of pulmonary nodules. *American Journal of Roentgenology*, 174(1), 71-74. <https://doi.org/10.2214/ajr.174.1.1740071>
- Shorten, C., & Khoshgoftaar, T. M. (2019). A survey on Image Data Augmentation for Deep Learning. *Journal of Big Data*, 6(1), Article 1. <https://doi.org/10.1186/s40537-019-0197-0>
- Siegel, R. L., Miller, K. D., & Jemal, A. (2017). Cancer Statistics, 2017. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 67(1), Article 1. <https://doi.org/10.3322/caac.21387>
- Silva, L. B., Jimenez, J. C., Blomberg, N., & Oliveira, L. J. (2017). General guidelines for biomedical software development. *F1000Res*, 6(273). <https://doi.org/10.12688/f1000research.10750.2>
- Simpson, S. A., & Cook, T. S. (2020). Artificial Intelligence and the Trainee Experience in Radiology. *Journal of the American College of Radiology*, 17(11), Article 11. <https://doi.org/10.1016/j.jacr.2020.09.028>
- Singh, G., Al'Aref, S., Lee, B., Lee, J., Tan, S., Lin, F., Chang, H.-J., Shaw, L. J., & Baskaran, L. (2021). End-to-End, Pixel-Wise Vessel-Specific Coronary and Aortic Calcium Detection and Scoring Using Deep Learning. *Diagnostics*, 11(2), 215. <https://doi.org/10.3390/diagnostics11020215>

- Smith, K., Clark, K., Bennett, W., Nolan, T., Kirby, J., Wolfsberger, M., Moulton, J., Vendt, B., & Freyman, J. (2015). Data from CT_Colonography. *The Cancer Imaging Archive*. <https://doi.org/10.7937/K9/TCIA.2015.NWTESAY1>
- Soffer, S., Ben-Cohen, A., Shimon, O., Amitai, M. M., Greenspan, H., & Klang, E. (2019). Convolutional Neural Networks for Radiologic Images: A Radiologist's Guide. *Radiology*, 290(3), 590-606. <https://doi.org/10.1148/radiol.2018180547>
- Sorantin, E., Grasser, M. G., Hemmelmayer, A., Tschauener, S., Hrzic, F., Weiss, V., Lacekova, J., & Holzinger, A. (2021). The augmented radiologist: Artificial intelligence in the practice of radiology. *Pediatric Radiology*, 52(11), Article 11. <https://doi.org/10.1007/s00247-021-05177-7>
- Sorkhei, M., Liu, Y., Azizpour, H., Azavedo, E., Dembrower, K., Ntoula, D., Zouzos, A., Strand, F., & Smith, K. (2021). CSAW-M: An Ordinal Classification Dataset for Benchmarking Mammographic Masking of Cancer. *arXiv Computer Vision and Pattern Recognition*, arXiv:2112.01330. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2112.01330>
- Sosna, J., Pyatigorskaya, N., Krestin, G., Denton, E., Stanislav, K., Morozov, S., Kumamaru, K. K., Jhankaria, B., Mildenerger, P., Foster, B., Schouman-Clayes, E., Bradey, A., Akata, D., Brkljacic, B., Grassi, R., Plako, A., Papanagiotou, H., Maksimovic, R., & Lexa, F. (2021). International survey on residency programs in radiology: Similarities and differences among 17 countries. *Clinical Imaging*, 79, 230-234. <https://doi.org/10.1016/j.clinimag.2021.05.011>
- Sree, S. V., Ng, E. Y., Acharya, R. U., & Faust, O. (2011). Breast imaging: A survey. *World Journal of Clinical Oncology*, 2(4), 171-178. <https://doi.org/10.5306/wjco.v2.i4.171>
- Srivastava, S., Hinton, G., Krizhevsky, A., & Salakhutdinov, R. (2014). Dropout: A simple way to prevent neural networks from overfitting. *The Journal of Machine Learning Research*, 15(1), Article 1.
- Suárez-Ortega, C., & Franco-Valiente, J. M. (2013). Using CAD systems and e-Learning in radiologists training. 172-176. <https://doi.org/10.1109/HealthCom.2013.6720661>
- Suckling, J., Parker, J., Dance, D. R., Astley, H. I., Boggis, C., & Ricketts, I. (1994). The Mammographic Image Analysis Society Digital Mammogram Database. *Exerpta Medica. Exerpta Medica. International Congress Series*, 1069, 375-378. <https://www.repository.cam.ac.uk/handle/1810/250394>
- Sujatha, K., Chandrashaker REDDY, b, Ponmagal, R. S., & Su-Qun, C. (2020). Analysis of CT images for detection of Colorectal Cancers using Hybrid Artificial Neural Networks and Fire Fly Algorithm. *Third International Conference on Computing and Network Communications (CoCoNet'19)*, 171, 1517-1526. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2020.04.162>

- Sung, H., Ferlay, J., Siegel, R. L., Laversanne, M., Soerjomataram, I., Jemal, A., & Bray, F. (2021). Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. *CA: A cancer Journal for Clinicians*, 71(3), 209-249. <https://doi.org/10.3322/caac.21660>
- Suzuki, K. (2012a). A review of computer-aided diagnosis in thoracic and colonic imaging. *Quantitative Imaging in Medicine and Surgery*, 2(3), 163-176. <https://doi.org/10.3978/j.issn.2223-4292.2012.09.02>
- Suzuki, K. (2012b). Pixel based machine learning in medical imaging. *International Journal of Biomedical Imaging*, 2012(792079). <https://doi.org/10.1155/2012/792079>
- Suzuki, K., & Doi, K. (2005). How can a massive training artificial neural network (MTANN) be trained with a small number of cases in the distinction between nodules and vessels in thoracic CT? *Academic Radiology*, 12, 1331-1341. <https://doi.org/1.1016/j.acra.2005.06.017>
- Suzuki, K., Hiroyuki, Y., Näppi, J., Armato, S. G., & Dachman, A. H. (2008). Mixture of expert 3D massive-training ANNs for reduction of multiple types of false positives in CAD for detection of polyps in CT colonography. *Medical Physics*, 35(2), 694-703. <https://doi.org/10.1118/1.2829870>
- Tang, Y.-X., Tang, Y.-B., Peng, Y., Yan, K., Bagheri, M., Redd, B. A., Brandon, C. J., Lu, Z., Han, M., Xiao, J., & Summers, R. M. (2020). Automated abnormality classification of chest radiographs using deep convolutional neural networks. *npj Digital Medicine*, 3(1), 70. <https://doi.org/10.1038/s41746-020-0273-z>
- Teichgräber, U., Ingwersen, M., Bürckenmeyer, F., Malouhi, A., Arndt, C., Herzog, A., Franiel, T., Mentzel, H. J., & Aschenbach, R. (2021). Structured work-based learning in undergraduate clinical radiology immersion experience. *BMC Medical Education*, 21(1), 167. <https://doi.org/10.1186/s12909-021-02592-0>
- Tejani, A. S., Fielding, J. R., & Peshock, R. M. (2021). What Should Radiology Residency and Fellowship Training in Artificial Intelligence Include? A Trainee's Perspective- Radiology In Training. *Radiology*, 299(2), Article 2. <https://doi.org/10.1148/radiol.2021204406>
- Theano Development Team. (2016). Theano: A Python framework for fast computation of mathematical expressions. *arXiv*, abs/1605.02688. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1605.02688>
- Ting, K. M. (2017). Confusion Matrix. En C. Sammut & G. I. Webb (Eds.), *Encyclopedia of Machine Learning and Data Mining* (pp. 260-260). Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7687-1_50

- Tokisa, T., Miyake, N., Maeda, S., Kim, H., & Tan, J. K. (2012). Detection of lung nodule on temporal substracion images based on artificial neural networks. *International Journal of Fuzzy Logic and Intelligent Systems*, 12(2), 137-142. <https://doi.org/0.5391/IJFIS.2012.12.2.137>
- Tran, G. S., Nghien, T. P., Nguyen, V. T., Luong, C. M., & Burio, J.-C. (2019). Improving Accuracy of Lung Nodule Classification Using Deep Learning with Focal Loss. *Journal of Healthcare Engineering*, 2019(5156416). <https://doi.org/10.1155/2019/5156416>
- Trieu, P. D. Y., Lewis, S. J., Li, T., Ho, K., Wong, D. J., Tran, O. T. M., Puslednik, L., Black, D., & Brennan, P. C. (2021). Improving radiologist's ability in identifying particular abnormal lesions on mammograms through training test set with immediate feedback. *Scientific Reports*, 11(1), 9899. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-89214-3>
- Trilisky, I., Dackman, A. H., Wroblewski, K., Vannier, M. W., & Horne, J. M. (2014). CT Colonography with Computer-aided Detection: Recognizing the Causes of False-Positive Reader Results. *Radiographics*, 34, 1885-1905. <https://doi.org/10.1148/rg.347130053>
- Van Zelst, J. C., Tan, T., Mann, R. M., & Karssemeijer, N. (2020). Validation of radiologists' findings by computer-aided detection (CAD) software in breast cancer detection with automated 3D breast ultrasound: A concept study in implementation of artificial intelligence software. *Acta Radiologica*, 61(3), 312-320. <https://doi.org/10.1177/0284185119858051>
- Vásquez, A., Palazuelos, G., Pinzon, B. A., & Romero, J. (2017). Blended Learning in Radiology: Evaluation of a Nationwide Training Program on Breast Imaging. *Journal of the American College of Radiology*, 15(3 Pt A), 458-462. <https://doi.org/10.1016/j.jacr.2017.11.008>
- Vavasseur, A., Muscari, F., Meyrignac, O., Nodot, M., Dedouit, F., Revel-Mouroz, P., Dercle, L., Rozenblum, L., Wang, L., Maulat, C., Rousseau, H., Ota, P., Dercle, L., & Mokrane, F. Z. (2020). Blended learning of radiology improves medical students' performance, satisfaction, and engagement. *Insights Imaging*, 11(1), 61. <https://doi.org/10.1186/s13244-020-00865-8>
- Wang, L. (2022). Deep Learning Techniques to Diagnose Lung Cancer. *Cancers*, 14(22), 5569. <https://doi.org/10.3390/cancers14225569>
- Wang, Q., Zheng, Y., Yang, G., Jin, W., Chen, X., & Yin, Y. (2018). Multiscale Rotation-Invariant Convolutional Neural Networks for Lung Texture Classification. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 22(1), 184-195. <https://doi.org/10.1109/JBHI.2017.2685586>
- Willeminck, M. J., Koszek, W. A., Hardell, C., Wu, J., Fleischmann, D., Harvey, H., Folio, L. R., Summers, R. M., Rubin, D. L., & Lungren, M. P. (2020). Preparing Medical Imaging Data

- for Machine Learning. *Radiology*, 295(1), 4-15.
<https://doi.org/10.1148/radiol.2020192224>
- Winkel, D. J., Brantner, P., Lutz, J., Korkut, S., Linxen, S., & Heye, T. J. (2019). Gamification of Electronic Learning in Radiology Education to Improve Diagnostic Confidence and Reduce Error Rates. *AJR American Journal of Roentgenology*, 214(3), 618-623.
<https://doi.org/10.2214/AJR.19.22087>
- Yamada, Y., Shiomi, E., Hashimoto, M., Abe, T., Matsusako, M., Saida, Y., & Ogawa, K. (2017). Value of a Computer-aided Detection System Based on Chest Tomosynthesis Imaging for the Detection of Pulmonary Nodules. *Radiology*, 287(1), 333-339.
<https://10.1148/radiol.2017170405>
- Yasaka, K., Akai, H., Kunimatsu, A., Kiryu, S., & Abe, O. (2018). Deep learning with convolutional neural network in radiology. *Japanese Journal of Radiology*, 36(4), 257-272.
<https://doi.org/10.1007/s11604-018-0726-3>
- Ye, F.-Y., Lyu, G.-R., Li, S.-Q., You, J.-H., Wang, K.-J., Cai, M.-L., & Su, Q.-C. (2021). Diagnostic performance of ultrasound computer-aided diagnosis software compared with that of radiologists with different levels of expertise for thyroid malignancy: A multicenter prospective study. *Ultrasound in Medicine & Biology*, 47(1), 114-124.
<https://doi.org/10.1016/j.ultrasmedbio.2020.09.0194>
- Yu, X., Zeng, N., Liu, S., & Zhang, Y.-D. (2019). Utilization of DenseNet201 for diagnosis of breast abnormality. *Machine Vision and Applications*, 30(7), Article 7.
<https://doi.org/10.1007/s00138-019-01042-8>
- Zenghao, S., He, L., Suzuki, K., Nakamura, H., & Itoh, H. (2009). Survey on neural networks used for medical image processing. *International Journal of Computational Science*, 3(1), 86-100. <https://doi.org/PMCID: PMC4699299>. PMID: 26740861
- Zhang, J., Silber, J. I., & Mazurowski, M. A. (2015). Modeling false positive error making patterns in radiology trainees for improved mammography education. *Journal of Biomedical Informatics*, 54, 50-57. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2015.01.007>
- Zhang, Q., Wang, H., Yoon, S. W., Won, D., & Srihari, K. (2019). Lung Nodule Diagnosis on 3D Computed Tomography Images Using Deep Convolutional Neural Networks. *25th International Conference on Production Research Manufacturing Innovation: Cyber Physical Manufacturing August 9-14, 2019 | Chicago, Illinois (USA)*, 39, 363-370.
<https://doi.org/10.1016/j.promfg.2020.01.375>

ANEXO I: Resultados de las entrevistas y las encuestas del Estudio 3

A.I.1 Datos de las encuestas iniciales

Identificación del participante	Tipo de participante	Grado de participación	Informa	Experiencia en TC	Tiempo en TC	Experiencia en MG	Tiempo en MG	Año de residencia
	1: especialista 2: residente	1: todo 2:TC 3: MG	1: todo 2:TC 3: MG	0: no 1: sí	En años	0: no 1: sí	En años	1: R1; 2:R2 3: R3; 4:R4
1	1	1	1	1	30	1	10	-
2	1	1	1	1	10	1	15	-
3	1	1	1	1	15	1	15	-
4	1	1	1	1	17	1	15	-
5	1	1	1	1	30	1	20	-
6	1	1	1	1	20	1	15	-
7	1	1	3	1	7	1	20	-
8	1	1	1	1	15	1	3	-
9	1	1	2	1	15	1	2	-
10	1	1	2	1	22	1	3	-
11	1	1	2	1	7	1	0.25	-
12	1	1	1	1	20	1	15	-
13	1	1	1	1	10	0	0	-
14	1	1	1	1	14	1	4	-
15	1	1	2	1	30	1	2	-
16	1	1	1	1	30	1	10	-
17	1	1	1	1	10	1	15	-
18	2	1	-	-	-	-	-	2
19	2	1	-	-	-	-	-	1
20	2	1	-	-	-	-	-	3
21	2	1	-	-	-	-	-	2
22	2	1	-	-	-	-	-	2
23	2	1	-	-	-	-	-	3
24	2	1	-	-	-	-	-	3
25	2	1	-	-	-	-	-	1
26	2	1	-	-	-	-	-	3

Tabla 91. Entrevistas iniciales (I): tipo de participante, grado de participación y experiencia profesional

Software de aprendizaje	Tipo	Software CAD	Tipo
0: no 1: sí	1: comercial 2: libre 3: hospital o universidad 0: otro	0: no 1: sí	1: comercial 2: libre 3: hospital o universidad 0: otro
0	0	1	1
1	1	0	0
1	2	1	1
0	0	1	1
0	0	0	0
1	1	0	0
0	0	1	1
1	1	0	0
0	0	0	0
1	1	0	0
0	0	1	1
1	2	1	1
1	2	0	0
1	1	0	0
1	1	1	1
0	0	0	0
1	1	1	1
1	1	0	0
1	1	0	0
1	1	0	0
1	2	0	0
1	1	0	0
1	1	0	0
1	2	0	0
1	1	0	0
0	0	0	0

Tabla 93. Entrevistas iniciales (III): experiencia en el uso de software de aprendizaje y herramientas CAD

A.I.2 Resultados de las encuestas de valoración generales (A-E)

Los ítems aparecen numerados a continuación de la letra identificativa de la encuesta. En las diferentes columnas se muestran las valoraciones de los 26 participantes en la actividad.

Participante	A.1	A.2	A.3	A.4	A.5	A.6	A.7	A.8	A.9	A.10	A.11	A.12	A.13	A.14
1	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
2	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5
4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
6	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
7	5	5	4	5	5	5	5	5	4	4	4	4	4	4
8	4	5	5	4	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5
9	5	5	5	4	4	5	5	4	5	5	5	5	4	4
10	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
11	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	3	4
12	4	4	4	4	5	5	5	4	4	4	5	4	3	3
13	4	4	4	4	4	5	5	4	4	3	4	4	4	3
14	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
15	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
16	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
17	5	5	4	4	5	5	5	5	4	4	4	4	3	3
18	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
19	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5
20	4	5	4	4	4	5	4	4	4	4	4	4	4	4
21	4	5	5	4	5	5	4	5	4	4	4	5	4	5
22	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5
23	5	5	4	5	5	5	5	5	4	5	4	4	4	4
24	4	5	4	5	5	5	5	4	5	4	5	5	5	5
25	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
26	5	4	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4

Tabla 94. Valoraciones de la encuesta A por parte de los participantes expertos

Participante	B.1	B.2	B.3	B.4	B.5	B.6	B.7	B.8	B.9	B.10	B.11	B.12	B.13	B.14	B.15	B.16
1	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	4	5	4	5	5	4
2	4	5	5	5	4	4	5	4	4	5	5	4	4	4	4	5
3	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	4	5	5
4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
6	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
7	4	3	4	3	4	4	4	4	5	5	5	4	4	4	5	4
8	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5
9	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5
10	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
11	5	4	5	4	4	5	5	4	4	5	5	5	5	5	4	5
12	5	5	4	5	4	5	5	4	4	4	4	5	4	4	5	4
13	4	5	4	4	4	5	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4
14	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	4	5
15	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
16	5	5	5	5	5	5	5	3	5	5	5	5	5	5	5	5
17	5	5	4	5	3	4	5	5	4	4	3	4	3	5	3	4
18	4	4	5	4	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	4	5
19	5	5	4	5	5	5	5	4	3	4	5	5	5	5	3	5
20	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	5	4	4
21	5	5	4	5	5	4	5	4	4	5	4	5	5	5	4	5
22	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	4	5	5	5	4
23	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4
24	5	5	5	5	4	4	5	5	5	5	5	5	4	4	5	5
25	5	5	4	5	5	5	5	3	4	5	5	5	3	5	5	5
26	5	5	4	5	5	5	5	5	4	5	4	5	3	5	4	4

Tabla 95. Valoraciones de la encuesta B por parte de los participantes expertos

Participante	C.1	C.2	C.3	C.4	C.5	C.6	C.7	C.8	C.9	C.10	C.11	C.12	C.13	C.14	C.15
1	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
2	5	5	5	5	5	5	5	5	4	4	5	5	5	5	5
3	5	5	5	5	5	5	5	5	3	4	5	5	5	5	5
4	5	5	5	5	5	5	5	5	3	5	5	5	5	3	4
5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
6	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
7	5	5	5	4	5	5	4	5	4	4	5	4	4	5	3
8	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
9	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	4	5	5
10	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	3
11	4	5	5	4	5	5	4	5	3	4	5	4	4	4	4
12	4	4	4	4	3	5	4	4	4	4	4	5	2	4	3
13	4	5	3	3	5	4	4	4	3	4	5	4	4	4	5
14	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5
15	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
16	5	5	4	5	5	4	5	5	4	5	5	5	5	4	5
17	5	4	5	5	5	4	5	4	3	4	4	5	5	3	4
18	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5
19	5	5	5	5	5	5	5	4	3	5	5	5	4	5	5
20	4	4	4	4	3	4	4	4	2	4	4	4	4	3	3
21	5	5	5	5	5	5	4	4	4	4	5	5	4	4	5
22	5	5	4	5	5	5	5	4	5	5	5	5	4	4	5
23	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	4
24	4	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5
25	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
26	5	5	5	5	5	5	5	4	4	5	5	5	5	4	5

Tabla 96. Valoraciones de la encuesta C por parte de los participantes expertos

Participante	D.1	D.2	D.3	D.4	D.5	D.6	D.7	D.8	D.9	D.10	D.11	D.12
1	5	4	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5
2	5	4	4	5	4	4	4	4	5	5	5	5
3	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5
4	5	5	4	4	5	5	4	5	5	5	5	5
5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
6	5	5	5	5	2	5	5	5	5	5	5	5
7	4	4	4	4	3	5	4	4	5	5	5	4
8	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
9	5	4	5	5	4	4	4	5	4	5	5	5
10	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5
11	5	4	4	4	5	4	4	5	5	5	4	4
12	5	4	4	5	4	4	5	4	4	3	3	4
13	4	4	4	5	4	4	5	3	5	4	4	4
14	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
15	5	5	5	4	5	5	4	5	5	5	4	5
16	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5
17	4	5	4	5	3	4	4	4	5	5	5	3
18	4	5	5	4	5	5	4	4	5	4	5	5
19	5	4	4	4	5	5	4	4	5	5	4	4
20	4	4	5	2	2	4	3	3	4	4	4	3
21	5	5	4	4	3	4	4	5	5	4	4	4
22	4	4	4	5	4	4	4	4	5	5	5	4
23	5	5	5	4	4	5	5	4	5	5	5	5
24	5	5	5	4	5	4	5	5	5	5	5	5
25	5	4	4	5	3	5	5	4	5	5	5	5
26	5	5	5	4	4	4	4	4	4	4	4	4

Tabla 97. Valoraciones de la encuesta D por parte de los participantes expertos

Participante	E.1	E.2	E.3	E.4	E.5	E.6	E.7	E.8	E.9	E.10
1	5	5	5	4	2	3	4	5	5	5
2	5	5	5	4	2	3	2	5	5	5
3	5	5	5	5	1	2	3	5	5	5
4	4	4	5	5	1	3	2	5	5	4
5	5	5	5	4	3	3	4	5	5	5
6	4	4	4	5	2	3	3	5	4	4
7	5	5	5	3	3	3	3	5	5	5
8	4	4	4	4	2	2	3	4	4	4
9	5	5	5	4	2	2	2	5	5	5
10	5	5	5	4	1	4	4	4	4	4
11	4	4	4	5	2	3	3	4	4	4
12	3	4	5	3	2	3	4	4	4	4
13	4	4	3	3	3	2	3	4	4	4
14	5	5	5	5	2	5	4	5	5	5
15	5	5	5	5	1	5	5	5	5	5
16	5	5	5	5	1	3	4	5	5	5
17	5	5	5	4	1	2	2	4	5	5
18	4	4	5	4	2	3	3	4	4	4
19	5	5	5	4	1	3	4	4	5	5
20	3	4	4	3	2	2	2	4	4	4
21	4	4	5	3	3	3	3	4	4	4
22	5	4	5	5	2	3	3	5	5	4
23	5	5	5	4	2	3	3	5	4	5
24	5	5	5	5	1	3	4	5	5	5
25	5	5	5	4	3	3	4	5	5	5
26	4	4	5	5	2	3	3	4	4	4

Tabla 98. Valoraciones de la encuesta E por parte de los participantes expertos

A.I.3 Resultados de las encuestas de valoración de los casos de TC de tórax

Caso TC	T1.1	T1.2	T1.3	T2.1	T2.2	T2.3	T3.1	T3.2	T3.3	T4.1	T4.2	T4.3	T5.1	T5.2	T5.3	T6.1	T6.2	T6.3
1	3	4	4	3	5	4	3	4	4	1	4	4	3	4	4	3	4	4
2	2	4	4	2	5	5	4	5	5	3	4	4	3	4	4	2	4	4
3	2	5	4	3	5	5	4	5	5	1	5	5	2	5	5	2	5	4
4	2	5	4	3	4	4	5	5	5	1	5	5	2	5	5	1	5	5
5	3	3	3	3	4	4	5	3	3	1	4	4	1	4	4	3	3	3
6	2	5	3	2	4	3	3	5	3	1	3	2	2	3	2	2	3	3
7	3	4	4	4	4	4	3	4	4	2	4	3	3	4	3	2	3	3
8	3	5	4	4	3	4	3	4	3	2	3	3	2	3	3	2	3	3
9	1	4	4	2	5	4	2	4	4	1	4	4	2	4	4	1	5	4
10	2	4	3	3	4	4	4	5	5	2	3	3	2	3	3	2	3	3
11	3	3	3	4	4	4	3	4	4	2	3	3	2	3	3	3	3	3
12	2	3	3	3	4	3	4	5	4	2	3	2	2	2	2	2	2	2
13	3	3	3	3	3	3	4	4	4	1	3	2	2	3	3	3	2	2
14	3	5	5	3	5	5	4	4	4	1	3	3	2	3	4	4	4	4
15	3	3	3	3	3	3	2	2	3	2	3	3	2	3	3	3	3	3
16	3	5	5	5	5	5	2	3	4	2	3	3	3	3	3	4	4	4
17	2	3	2	3	4	4	2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	4	3
18	3	4	4	3	5	4	2	4	4	2	3	4	3	4	4	4	4	5
19	3	4	4	4	5	4	3	5	5	3	5	5	4	5	5	5	5	5
20	3	3	3	3	3	3	4	4	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3
21	3	3	4	3	4	4	4	4	4	2	3	3	2	3	3	3	3	3
22	2	4	3	3	5	5	4	5	5	2	3	4	3	4	4	3	3	4
23	2	5	4	3	4	5	4	5	5	2	5	4	2	5	5	3	4	4
24	4	5	5	3	4	4	4	5	5	1	4	4	3	4	3	4	5	5
25	3	4	3	4	5	4	3	5	4	1	3	3	2	5	5	3	4	3
26	3	3	3	3	3	3	4	3	4	2	3	3	2	3	3	2	3	3

Tabla 99. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (1 al 6)

Caso TC	T7.1	T7.2	T7.3	T8.1	T8.2	T8.3	T9.1	T9.2	T9.3	T10.1	T10.2	T10.3	T11.1	T11.2	T11.3	T12.1	T12.2	T12.3
1	3	4	4	1	4	4	2	4	4	4	4	4	3	3	3	4	4	4
2	3	5	4	3	4	4	2	4	4	4	4	4	2	4	4	3	4	4
3	4	5	5	1	5	5	2	5	4	3	5	5	3	5	5	4	5	5
4	2	5	5	1	5	5	1	5	5	2	4	4	2	4	4	4	5	5
5	4	3	3	1	4	4	1	4	4	5	4	4	3	3	3	4	4	4
6	4	4	3	1	3	2	2	3	3	4	3	4	3	3	3	4	4	4
7	2	3	3	2	4	3	2	3	3	3	4	4	3	3	3	3	3	3
8	3	4	3	2	3	3	3	3	4	3	4	4	2	3	3	3	3	3
9	2	4	4	1	4	4	1	4	4	3	4	4	2	4	4	2	4	4
10	4	5	5	2	3	3	3	3	3	2	3	3	4	4	4	5	5	5
11	4	4	4	2	3	3	2	3	3	3	4	4	3	3	3	3	4	4
12	3	3	2	2	3	2	2	2	2	4	4	4	2	3	2	3	4	4
13	3	3	3	1	3	2	1	2	2	3	3	3	2	3	2	4	4	4
14	4	5	5	1	3	3	2	3	3	5	5	5	4	4	5	4	4	4
15	3	3	3	2	3	3	2	3	3	3	4	3	3	3	3	4	4	4
16	3	3	4	2	3	3	3	3	4	3	3	3	4	4	5	3	3	3
17	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	3	4	4	2	2	2
18	3	4	4	2	3	4	3	4	4	3	4	4	3	4	4	3	4	5
19	4	4	5	3	5	5	4	5	5	4	5	5	4	5	5	3	4	5
20	2	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	2	3	3	2	3	3
21	3	3	4	2	3	3	3	4	3	3	4	4	3	3	3	2	2	3
22	4	4	5	2	3	4	4	4	5	3	3	4	3	3	4	3	3	4
23	4	5	5	2	5	4	3	5	5	3	5	5	3	5	5	3	5	5
24	4	5	5	1	4	4	3	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4
25	2	4	3	1	3	3	3	4	3	2	5	4	3	5	4	4	3	3
26	3	3	3	2	3	3	2	3	3	2	3	3	2	3	3	3	3	3

Tabla 100. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (7 al 12)

Caso TC	T13.1	T13.2	T13.3	T14.1	T14.2	T14.3	T15.1	T15.2	T15.3	T16.1	T16.2	T16.3
1	3	4	4	2	4	4	3	4	4	5	5	5
2	2	4	4	2	4	4	2	4	4	4	4	4
3	3	4	4	2	5	5	3	5	4	5	5	5
4	2	5	5	4	5	5	2	5	5	5	5	5
5	2	4	4	3	4	4	3	4	4	5	5	5
6	2	3	2	2	3	3	4	4	4	5	5	5
7	3	4	4	1	3	3	4	4	4	4	4	4
8	3	4	3	3	4	3	2	4	4	5	4	4
9	2	4	4	2	4	4	2	5	4	3	4	4
10	3	3	3	3	3	3	2	3	3	4	4	4
11	3	3	3	3	3	3	3	4	3	4	4	4
12	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	4	4
13	2	3	2	2	2	2	3	3	3	4	4	4
14	2	4	3	3	4	4	4	4	4	5	5	5
15	2	3	4	3	4	4	3	4	4	3	3	3
16	3	3	3	3	3	3	5	5	5	5	4	5
17	3	3	3	4	4	4	3	3	3	3	3	3
18	3	4	4	3	4	4	4	4	4	3	4	4
19	3	5	5	4	5	5	3	5	5	5	5	5
20	2	3	3	3	3	3	2	3	3	4	4	3
21	2	3	3	2	3	4	3	3	3	4	4	4
22	2	3	3	2	3	3	2	4	5	4	4	4
23	4	4	5	3	5	5	3	5	5	5	5	5
24	4	4	4	5	5	5	3	5	5	5	3	4
25	2	5	5	3	5	5	2	5	4	4	5	4
26	2	3	3	2	3	3	2	3	3	4	3	3

Tabla 101. Resultados de las encuestas de valoración de casos de TC de tórax (13 al 16)

A.I.4 Resultados de las encuestas de valoración de los casos de mamografía

Caso MG	M1.1	M1.2	M1.3	M2.1	M2.2	M2.3	M3.1	M3.2	M3.3	M4.1	M4.2	M4.3	M5.1	M5.2	M5.3	M6.1	M6.2	M6.3
1	3	5	5	2	4	4	3	4	5	3	5	5	3	4	4	3	3	3
2	2	4	4	2	4	4	2	4	4	2	4	4	2	4	4	3	4	4
3	3	5	5	2	5	4	3	5	5	4	4	5	3	5	5	2	5	5
4	2	5	5	2	5	4	2	5	5	2	5	5	2	5	5	2	3	3
5	3	4	4	3	3	3	3	3	3	2	4	4	2	4	4	5	5	5
6	3	3	3	2	3	2	4	5	5	3	4	4	2	2	3	2	3	3
7	3	2	2	3	4	4	3	5	5	4	5	5	2	4	5	2	2	2
8	4	3	4	1	2	2	3	5	4	3	4	4	2	3	2	3	3	3
9	3	4	4	2	4	4	2	4	4	2	4	4	2	4	4	3	4	4
10	3	3	3	2	3	3	4	4	4	4	4	4	3	3	3	4	5	5
11	3	4	4	3	3	3	4	4	4	3	3	3	3	4	4	4	4	4
12	4	4	4	3	3	3	4	4	4	3	4	4	2	2	2	4	5	5
13	2	3	3	3	3	4	3	4	3	3	3	3	2	3	3	2	3	2
14	4	4	4	4	4	4	4	5	5	3	3	3	3	3	3	5	5	5
15	3	4	4	4	4	4	3	4	4	2	3	3	3	3	4	4	5	5
16	4	5	5	4	4	4	4	4	4	3	3	3	3	3	3	5	5	4
17	3	4	4	2	3	2	3	3	3	2	3	3	2	3	3	3	3	3
18	3	4	4	3	4	4	4	4	5	3	4	5	3	4	5	4	5	5
19	4	5	5	3	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
20	3	3	3	2	3	4	3	3	3	2	3	4	2	4	3	3	3	3
21	3	3	4	2	4	4	3	3	4	2	3	3	3	3	3	3	4	4
22	3	5	5	2	4	4	4	5	5	3	3	4	3	4	4	2	3	3
23	3	5	5	4	5	5	3	5	5	4	5	5	3	4	5	4	5	5
24	3	5	5	2	5	5	4	5	5	2	4	5	3	4	5	5	5	5
25	4	5	5	3	5	5	3	5	3	3	3	3	3	5	5	5	5	5
26	3	3	3	3	4	3	3	3	3	2	3	3	2	3	3	4	4	3

Tabla 102. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (1 al 6)

Caso MG	M7.1	M7.2	M7.3	M8.1	M8.2	M8.3	M9.1	M9.2	M9.3	M10.1	M10.2	M10.3	M11.1	M11.2	M11.3	M12.1	M12.2	M12.3
1	3	4	4	3	4	4	3	4	4	3	4	4	4	4	4	3	5	5
2	2	4	4	2	4	4	3	4	4	2	4	4	3	4	4	2	4	4
3	2	5	5	3	5	5	3	3	4	2	5	5	4	5	5	3	4	5
4	2	5	5	2	5	5	2	5	5	1	5	5	4	5	5	2	5	5
5	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	4	4	4	4	4	3	4	4
6	3	4	4	2	2	2	3	3	3	4	4	4	5	5	5	2	3	3
7	2	4	4	2	5	5	4	4	4	2	4	4	4	5	5	3	5	5
8	3	4	4	3	3	3	4	4	4	2	3	3	3	3	3	2	3	3
9	2	4	4	2	4	4	3	5	4	3	4	4	4	4	5	3	4	5
10	3	3	3	4	4	4	4	4	3	3	3	5	5	5	3	3	3	4
11	3	4	4	3	4	4	4	5	5	3	3	3	5	5	5	3	4	4
12	3	4	4	3	3	3	2	3	3	3	3	2	3	3	3	3	4	4
13	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	4
14	4	4	4	4	4	3	3	3	4	4	4	4	5	5	5	5	5	5
15	4	4	4	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	4	4	3	4	4
16	4	4	4	3	3	3	5	5	5	3	3	3	3	3	3	3	3	3
17	2	2	2	4	4	4	4	4	4	2	2	2	2	3	3	2	3	3
18	3	4	4	3	4	5	2	4	4	3	4	5	4	4	5	4	4	5
19	5	5	5	4	5	5	5	5	5	4	5	5	4	5	5	4	5	5
20	3	4	5	3	3	4	3	4	4	2	3	4	2	3	3	2	3	3
21	2	3	3	2	4	3	4	4	4	2	3	3	3	4	4	3	3	3
22	4	5	5	3	4	4	3	4	4	2	3	3	4	5	5	3	4	4
23	3	5	5	4	5	5	3	4	4	2	5	5	5	5	5	4	5	5
24	3	4	4	4	5	5	2	4	4	3	5	5	5	5	5	3	5	5
25	2	4	4	3	5	3	5	5	5	2	4	3	5	5	5	3	5	3
26	2	3	3	2	3	3	3	5	3	2	3	3	3	3	4	3	4	3

Tabla 103. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (7 al 12)

Caso MG	M13.1	M13.2	M13.3	M14.1	M14.2	M14.3	M15.1	M15.2	M15.3	M16.1	M16.2	M16.3
1	4	5	5	3	4	4	2	4	4	4	4	3
2	3	4	4	2	4	4	2	4	4	2	3	3
3	2	5	5	3	5	5	2	5	5	3	5	3
4	3	5	5	2	4	5	2	5	5	2	5	2
5	5	5	5	3	4	4	2	4	4	4	5	3
6	3	3	3	3	4	4	4	4	4	2	2	3
7	4	5	5	3	4	4	3	5	5	3	4	4
8	2	3	3	3	3	3	3	4	4	2	3	4
9	3	5	5	2	4	4	3	4	4	3	4	3
10	4	4	4	3	3	3	4	4	4	2	3	4
11	3	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4
12	3	3	4	3	4	4	3	4	4	2	2	2
13	3	3	3	3	3	4	3	3	3	4	4	3
14	5	5	5	4	4	4	4	4	4	4	4	3
15	3	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	3
16	3	4	3	2	3	2	3	3	3	2	3	5
17	3	3	3	3	4	3	2	3	3	2	3	4
18	3	4	4	4	4	5	3	4	4	4	4	2
19	4	5	4	4	5	5	5	4	5	5	4	5
20	2	3	5	3	3	4	2	5	4	4	3	3
21	3	4	4	2	3	3	2	3	3	2	3	4
22	3	5	5	3	5	5	3	3	4	3	4	3
23	4	5	5	4	5	5	3	3	4	5	5	3
24	4	5	5	3	4	4	4	5	4	3	4	2
25	2	4	3	4	5	5	2	4	4	3	5	5
26	3	3	3	3	4	4	2	3	3	4	3	3

Tabla 104. Resultados de las encuestas de valoración de casos de mamografía (13 al 16)