

**REPRESENTACIONES LATENTES DE TOMOGRAFÍAS  
COMPUTARIZADAS PARA LA DETECCIÓN DE ANOMALÍAS  
RELACIONADAS CON NEUMONÍA Y COVID-19**

**JUAN PABLO MORENO RIOS**



**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER  
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICOMECÁNICAS  
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA  
BUCARAMANGA**

**2022**

**REPRESENTACIONES LATENTES DE TOMOGRAFÍAS  
COMPUTARIZADAS PARA LA DETECCIÓN DE ANOMALÍAS  
RELACIONADAS CON NEUMONÍA Y COVID-19**

**JUAN PABLO MORENO RIOS**

Una tesis presentada en cumplimiento de los requisitos para el grado de:  
**Ingeniero de Sistemas e Informática**

**Director:**

**Fabio Martínez Carrillo**

**Ph.D en Ingeniería de Sistemas y Computación**



**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER  
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICOMECÁNICAS  
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA  
BUCARAMANGA**

**2022**

## AGRADECIMIENTOS

El autor expresa su agradecimiento:

Este trabajo no pudo haber sido llevado a cabo sin el gran apoyo de mis padres; Hugo Moreno y Myriam Ríos, quienes estuvieron a mi lado en cada paso y vicisitud no solo de este proceso, sino también a lo largo de mi vida y carrera universitaria, especialmente a mi padre por su comprensión y por tener tanta fe en mí incondicionalmente, y a mi madre por recordarme constantemente el esfuerzo y motivaciones al estudiar esta profesión.

A mis abuelas y mis tías, quienes han sido un fuerte fundamento en mi carácter desde mi infancia, principalmente a mi abuelita Graciela, mi tía Alba, y mi prima Johanna, quienes estuvieron para mí en todo momento.

A mi director de proyecto de grado y también profesor, Fabio Martínez, por ser también uno de los grandes pilares durante el pregrado, por no dejar de insistir en la realización del proyecto incluso en los momentos más arduos de su desarrollo. Por ser una gran inspiración, guiarme por los caminos apropiados, su gran apoyo, y su gran capacidad para esperar y ser paciente.

A mis compañeros del grupo de investigación BivL<sup>2</sup>ab, cuyas opiniones, consejos, y sugerencias me fueron de utilidad para pulir todos los aspectos de este proyecto de investigación, desde la elaboración de pruebas hasta el análisis de resultados, en especial a Isaíl, Alejandra, Edgar, Yessid, Max, Franklin, Brayán, y Andrés, quienes no solamente me instruyeron en horas de estudio, sino también en su tiempo libre.

Por último y no menos importante, a mis amigos más cercanos: Juan David, María Fernanda, Sebastián, Santiago, Jorge, y Manuel, por haberme acompañado en los momentos de mayor

algarabía y celebración, pero también de incertidumbre y desgracia. Desde la infancia en el colegio, pasando por la adolescencia, y en la actualidad en mi vida universitaria, estas personas han sido siempre quienes cuya compañía y palabras aprecio más que a cualquier otra, y en su ausencia a las quienes más añoro. Particularmente a Juan David, Santiago y Jorge por ser la voz de la razón en tiempos difíciles y enseñarme a sobrellevar las cosas, a María Fernanda por no solo ser mi amiga sino compañera de estudio desde el principio hasta el fin de la carrera, a Sebastián por su invaluable ser, y a Manuel por su intensidad e insistencia en cuanto a mi bienestar.

# Índice general

	Pág
<b>INTRODUCCIÓN</b> . . . . .	<b>12</b>
<b>1. MARCO TEÓRICO Y TRABAJOS PREVIOS</b> . . . . .	<b>16</b>
1.1. Neumonías Típicas, COVID-19 y Hallazgos Imagenológicos . . . . .	16
1.2. Arquitecturas codificador-decodificador . . . . .	31
1.2.1. Arquitecturas codificador-decodificador Variacionales (VAE) . . . . .	32
1.2.2. Detección de Anomalías . . . . .	34
1.2.3. Reducción de Dimensionalidad . . . . .	36
1.3. Métodos De Cuantificación de Hallazgos Imagenológicos . . . . .	38
<b>2. PLANTEAMIENTO Y JUSTIFICACIÓN DEL PROBLEMA</b> . . . . .	<b>41</b>
<b>3. OBJETIVOS</b> . . . . .	<b>42</b>
<b>4. ENFOQUE PROPUESTO</b> . . . . .	<b>43</b>
4.1. Arquitectura Variacional para la Representación de Patrones Pulmonares . . . . .	44
4.2. Reducción de Dimensionalidad de Representaciones Latentes . . . . .	47
4.3. Conjunto de datos . . . . .	47
4.4. Configuración de la estrategia . . . . .	48
<b>5. EVALUACIÓN Y RESULTADOS</b> . . . . .	<b>50</b>
<b>6. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS</b> . . . . .	<b>59</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA</b> . . . . .	<b>61</b>
<b>A. MÉTRICAS DE RECONSTRUCCIÓN</b> . . . . .	<b>72</b>

**B. MÉTRICAS DE VALIDACIÓN . . . . . 74**

# Índice de figuras

	<b>Pág</b>
Figura 1. Vidrio Esmerilado . . . . .	17
Figura 2. Consolidación Lobar . . . . .	18
Figura 3. Adoquín Desordenado . . . . .	18
Figura 4. Infiltrado Intersticial . . . . .	19
Figura 5. Árbol en Brote . . . . .	20
Figura 7. Cavitación . . . . .	21
Figura 8. Enfisema . . . . .	22
Figura 9. Fibrosis . . . . .	22
Figura 10. Bronquiectasia . . . . .	23
Figura 11. Patrón en Panal de Abeja . . . . .	24
Figura 12. Bullas . . . . .	24
Figura 13. Atelectasia . . . . .	25
Figura 14. Nódulo . . . . .	26
Figura 15. Engrosamiento Pleural . . . . .	26
Figura 16. Neumotórax . . . . .	27
Figura 17. Linfadenopatía . . . . .	28
Figura 18. Efusión Pericárdica . . . . .	28
Figura 19. Quiste . . . . .	29
Figura 20. Codificador Automático Base . . . . .	31
Figura 21. Codificador Automático Variacional . . . . .	33
Figura 22. Diagrama de Etapas . . . . .	44
Figura 23. Arquitectura propuesta . . . . .	45

Figura 24. Matriz de confusión y curva ROC sobre la clasificación de los embebidos . . . . 52

Figura 25. Curva ROC del entrenamiento de la arquitectura propuesta con embebidos de tamaño reducido . . . . . 53

Figura 26. Diagramas de dispersión de los embebidos reducidos . . . . . 54

Figura 27. Diagrama de dispersión de embebidos reducidos con análisis discriminante lineal para adoquín desordenado, efusión pleural, árbol en brote, infiltrado intersticial, y cavitación . . . . . 55

Figura 28. Diagrama de violín del error de reconstrucción para los embebidos . . . . . 57

# Índice de cuadros

	<b>Pág</b>
Tabla 1. Distribución del Conjunto de Datos . . . . .	48
Tabla 2. Evaluación de la red en distintas configuraciones . . . . .	50
Tabla 3. Modelo evaluado en distintos tamaños del vector embebido . . . . .	51
Tabla 4. Resultados Evaluados en PSNR, SSIM y MS-SSIM . . . . .	56

## RESUMEN

**TÍTULO:** REPRESENTACIONES LATENTES DE TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS PARA LA DETECCIÓN DE ANOMALÍAS RELACIONADAS CON NEUMONÍA Y COVID-19 \*

**AUTOR:** JUAN PABLO MORENO RÍOS \*\*

**PALABRAS CLAVE:** Neumonía, COVID-19, Hallazgos Imagenológicos, Autoencoder Variacional, Representación Latente, Detección de Anomalías, Tomografías Axiales Computarizadas.

**DESCRIPCIÓN:** Las neumonías bacterianas, virales, y las causadas por el COVID-19 pueden ser caracterizadas mediante la observación e identificación de hallazgos radiológicos en estudios de tomografías computarizadas (CT, por sus siglas en inglés). Estos hallazgos visuales permiten entre otros la valoración, estratificación de la enfermedad y el seguimiento del paciente. No obstante, este análisis es principalmente observacional, sujeto a la experticia de los radiólogos, lo que conduce a sesgos en el diagnóstico y una consecuente baja especificidad (hasta un 33 % ha sido reportado). Los modelos de aprendizaje profundo han emergido como herramientas claves para apoyar tareas relacionadas con la detección y clasificación y diagnóstico, soportado en la codificación de patrones visuales. Estos modelos, sin embargo, son ajustados bajo esquemas de aprendizaje de muestras de los datos que sean significativas, balanceadas, y estratificadas, con el fin de lograr exitosamente la tarea de modelado. Además su carácter típicamente supervisado puede introducir sesgos relacionados con el aprendizaje particular de las muestras etiquetadas. En este trabajo se propuso un esquema no auto-supervisado que bajo un esquema variacional profundo, es capaz de codificar patrones radiológicos para discriminar entre diferentes neumonías y la clase control. Primero, en el trabajo se ajustó una arquitectura de autoencoder variacional siguiendo una tarea de pretexto relacionada con la construcción. Desde el espacio embebido variacional, se lograron construir descriptores embebidos que en un espacio latente tienen una capacidad de discriminación lineal entre las clases. El método propuesto fue evaluado sobre un estudio retrospectivo de estudios CT que corresponden a 996 pacientes clasificados bajo 3 grupos de datos: Control, COVID-19, y Neumonía. En la tarea de clasificación, el método propuesto logró una sensibilidad del 100 %, y especificidad del 98 % y 95 % para COVID-19 y neumonías típicas respectivamente, evidenciando una clara distinción entre estos tres grupos.

---

\* Trabajo de investigación

\*\* Facultad de Ingenierías Físico-Mecánicas. Escuela de Ingeniería de Sistemas e Informática. Director: Fabio Martínez Carrillo, Ph.D.

## ABSTRACT

**TITLE:** LATENT REPRESENTATIONS OF COMPUTERIZED TOMOGRAPHY SCANS FOR DETECTING ANOMALIES RELATED TO PNEUMONIA AND COVID-19 \*

**AUTHOR:** JUAN PABLO MORENO RIOS \*\*

**KEYWORDS:** Pneumonia, COVID-19, Imaging Findings, Variational Codificador Automático, Latent Representation, Anomaly Detection, Computerized Tomography Scans.

**DESCRIPTION:** Bacterial, Viral, and COVID-19 related Pneumonia can be characterised via observation and identification of imaging findings in computerized tomography (CT) scans, which allows the correct assessment and monitoring of patients. Nonetheless, the evaluation of CT scans is primarily based on observational radiologist analysis, being then subject to bias and highly prone to error, with a low specificity at around 33%. Due to this, supportive computational tools have taken an important role in the underpinning of diagnosis. Deep learning models have cemented themselves as an effective solution for support, detection, and automatic classification of patterns related with, in this case, imaging findings. Regardless, these models are highly dependent on the amount of data samples that are significant, balanced, and stratified, in order to successfully accomplish the modelling task. This project has as purpose the development of a deep variational model capable of inferring radiologic characteristics under schemes of self and unsupervised learning, using data without stratification restrictions, and to produce embedded vectors in a high-dimensional latent space, which were then reduced to two components by means of linear discriminant analysis for the purpose of classification and visualization. These schemes were evaluated on 996 patients under three groups of data: Control, COVID-19, and Typical Pneumonia. On the classification task the resulting embeddings of the proposed schemes reached a sensitivity of 100 %, and specificity of 98 % and 95 % for COVID-19 and Typical Pneumonia respectively, evidencing a clear distinction between the three groups. Lastly the results were corroborated with the state of the art and the schemes were also more thoroughly explored with imaging findings.

---

\* Research work

\*\* Faculty of Physical-Mechanical Engineering. School of Systems and Computer Engineering. Advisor: Fabio Martínez Carrillo

## INTRODUCCIÓN

El COVID-19 ha sido una de las enfermedades más contagiosas y severas del siglo 21, reportando mas de 587 millones de contagios y logrando la dramática cifra de más de 6 millones de muertes<sup>1</sup>. Esta enfermedad causó una de las pandemias más grandes en la historia de la humanidad, presentando una alta variedad en cuanto a síntomas y alteraciones<sup>2</sup>. Particularmente el COVID-19 altera principalmente la funcionalidad de los pulmones, reportándose síntomas relacionados con fiebre, tos, fatiga, y pérdida del gusto y olfato<sup>3</sup>. En cuestión de proporciones, 81 % de los afectados desarrollan neumonías leves, 14 % severas, y 5 % críticas, de las cuales en las últimas dos 50 % exhiben alteraciones pulmonares severas<sup>4</sup>.

La identificación de hallazgos imagenológicos en tomografías computarizadas ha demostrado ser una fuerte herramienta para la caracterización de la enfermedad<sup>5</sup> ya que estos describen visualmente anomalías pulmonares tales como opacidad en vidrio esmerilado, consolidación, cavitación, árbol-en-brote, derrames pleurales, infiltrado intersticial, fibrosis, bullae, entre otros<sup>6</sup>

---

<sup>1</sup> World Health Organization. *COVID-19 Dashboard*. <https://covid19.who.int>. Accessed: 15-08-2022. 2020.

<sup>2</sup> Michael C. Grant y col. "The prevalence of symptoms in 24,410 adults infected by the novel coronavirus (SARS-CoV-2 COVID-19): A systematic review and meta-analysis of 148 studies from 9 countries". En: *PLOS ONE* 15.6 (2020). Ed. por Jennifer A. Hirst, e0234765. DOI: 10.1371/journal.pone.0234765.

<sup>3</sup> *Clinical Characteristics of COVID-19*. 2021.

<sup>4</sup> *Interim Clinical Guidance for Management of Patients with Confirmed Coronavirus Disease (COVID-19)*. 2021.

<sup>5</sup> S. Manigandan y col. "A systematic review on recent trends in transmission, diagnosis, prevention and imaging features of COVID-19". En: *Process Biochemistry* 98 (2020), págs. 233-240. DOI: 10.1016/j.procbio.2020.08.016.

<sup>6</sup> Sana Salehi y col. "Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): A Systematic Review of Imaging Findings in 919 Patients". En: *American Journal of Roentgenology* 215.1 (2020), págs. 87-93. DOI: 10.2214/ajr.20.23034.

7. Es importante resaltar que estos hallazgos imagenológicos son dicentes no solo de neumonía causada por el COVID-19, también son indicadores de neumonías típicas, bacterianas, y virales<sup>8</sup>, con cada tipo de neumonía exhibiendo un patrón específico de estos hallazgos, el cual es mayormente identificable, a excepción de la neumonía por COVID-19, que puede o no exhibir patrones que imitan los de otras neumonías<sup>9</sup>, por lo cual este análisis posee una muy baja especificidad del 33%<sup>10</sup>. Esta combinación de alta precisión y baja especificidad hacen esta alternativa viable, pero su soporte para el correcto diagnóstico es difuso. Por consecuente surge una necesidad de sistemas de apoyo para el diagnóstico basados sobre estos patrones imagenológicos para dar una valoración más concreta, certera, y consistente.

En el ámbito de la inteligencia artificial se han propuesto acercamientos usando aprendizaje profundo con redes neuronales y métodos principalmente convolucionales en el área de las radiologías tanto en neumonías típicas como en neumonías causadas por COVID-19, como es típico al tratar con imágenes y en temas de visión por computador<sup>11</sup>. Más específicamente trabajos de

---

<sup>7</sup> Yan Li y Liming Xia. “Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): Role of Chest CT in Diagnosis and Management”. En: *American Journal of Roentgenology* 214.6 (2020), págs. 1280-1286. DOI: 10.2214/ajr.20.22954.

<sup>8</sup> T. Franquet. “Imaging of pneumonia: trends and algorithms”. En: *European Respiratory Journal* 18.1 (2001), págs. 196-208. eprint: <https://erj.ersjournals.com/content/18/1/196.full.pdf>.

<sup>9</sup> Sat Sharma, Bruce Maycher y Gregg Eschun. “Radiological imaging in pneumonia: recent innovations”. En: *Current Opinion in Pulmonary Medicine* 13.3 (2007), págs. 159-169. DOI: 10.1097/mcp.0b013e3280f3bff4.

<sup>10</sup> Buyun Xu y col. “Chest CT for Detecting COVID-19: A Systematic Review and Meta-Analysis of Diagnostic Accuracy”. En: *Research Square Platform* (2020). DOI: 10.21203/rs.3.rs-20481/v1.

<sup>11</sup> Jiechao Ma y col. “Survey on deep learning for pulmonary medical imaging”. En: *Frontiers of Medicine* 14.4 (2019), págs. 450-469. DOI: 10.1007/s11684-019-0726-4.

estratificación <sup>12</sup>, representaciones profundas <sup>13</sup>, detección de anomalías <sup>14</sup>, y segmentación <sup>15</sup>. Estos esquemas son fundamentalmente elaborados desde enfoques discriminatorios, es decir, se busca modelar un grupo de datos con una frontera que separe los datos comunes de los datos con anomalías. Es por esto que, ante la pasada dinámica de la pandemia y en situaciones del mundo real es natural encontrar conjuntos de datos desbalanceados, donde la cantidad de datos con anomalías superan los datos seleccionados como control, o en lo contrario, donde la cantidad de los datos con anomalías es minúscula comparada con el control. Además, la caracterización de estos patrones es altamente dependiente a un tratamiento estricto de los datos<sup>16</sup>, un etiquetado apropiado, y el previo conocimiento de las distintas afecciones, su nivel de gravedad y que papel toman en el diagnóstico <sup>17</sup>.

Por lo tanto, en este proyecto de investigación se exploraron modelos de aprendizaje profundo en combinación con modelos probabilísticos para la caracterización de patrones radiológicos imagenológicos en tomografías computacionales, con el fin de centrar su representación bajo

- 
- <sup>12</sup> Jefferson Rodríguez y col. “A COVID-19 Patient Severity Stratification Using a 3d Convolutional Strategy on CT-Scans”. En: *BIVLAB Biomedical Imaging, Vision and Learning Laboratory, Computer Engineering and Informatics School, Universidad Industrial de Santander* (2020).
- <sup>13</sup> Jose Ruano y col. “Deep Learning Representations to Support COVID-19 Diagnosis over CT-Slices”. En: *BIVLAB Biomedical Imaging, Vision and Learning Laboratory, Computer Engineering and Informatics School, Universidad Industrial de Santander* (2020).
- <sup>14</sup> Abhir Bhandary y col. “Deep-learning framework to detect lung abnormality A study with chest X-Ray and lung CT scan images”. En: *Pattern Recognition Letters* 129 (2020), págs. 271-278. DOI: 10.1016/j.patrec.2019.11.013.
- <sup>15</sup> Brahim Ait Skourt, Abdelhamid El Hassani y Aicha Majda. “Lung CT Image Segmentation Using Deep Neural Networks”. En: *Procedia Computer Science* 127 (2018), págs. 109-113. DOI: 10.1016/j.procs.2018.01.104.
- <sup>16</sup> Carlos Vladimiro Gonzalez Zelaya. “Towards Explaining the Effects of Data Preprocessing on Machine Learning”. En: *2019 IEEE 35th International Conference on Data Engineering (ICDE)*. IEEE, 2019. DOI: 10.1109/icde.2019.00245.
- <sup>17</sup> Steven Euijong Whang y Jae-Gil Lee. “Data collection and quality challenges for deep learning”. En: *Proceedings of the VLDB Endowment* 13.12 (2020), págs. 3429-3432. DOI: 10.14778/3415478.3415562.

detección de anomalías y patrones pertenecientes a las neumonías provocadas por el Coronavirus, bacterianas, y virales, para reducir el sesgo e incrementar las diferencias entre estas, mejorando el diagnóstico entre las neumonías con patrones similares.

Se logró implementar un modelo de codificador automático variacional, el cual produjo vectores embebidos en un espacio latente de las imágenes dadas por las tomografías computarizadas, para luego, a partir de estos embebidos, realizar una reducción de dimensionalidad, clasificación y reconstrucción de los datos originales. Se validó que el modelo variacional implementado permite un modelado robusto del COVID-19 y las neumonías típicas. Este esquema propuesto también permitió una identificación y agrupación de los hallazgos imagenológicos asociados a estas enfermedades. Esta tarea fue evaluada con un conjunto de datos extraído y curado apropiadamente de sujetos control, neumonía viral, bacteriana, y COVID-19, brindando no solo una sensibilidad del 100 %, sino también una especificidad del 98 % y 95 % para COVID-19 y neumonías típicas, respectivamente.

## 1. MARCO TEÓRICO Y TRABAJOS PREVIOS

### 1.1. Neumonías Típicas, COVID-19 y Hallazgos Imagenológicos

Los hallazgos imagenológicos en radiologías constituyen una buena parte de la evidencia que permite soportar distintos tipos de neumonías (viral, fúngica, bacteriana, atípica, parasítica, comunitaria, hospitalaria o COVID-19)<sup>18</sup>. En cuanto a estas patologías pulmonares se cuentan con algunos hallazgos tipificados como lo son:<sup>8</sup>

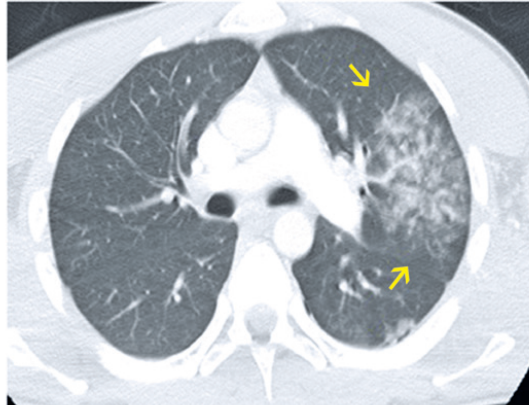
- **Vidrio Esmerilado:** Es un patrón comúnmente asociado a la neumonía viral, bacteriana y fúngica<sup>19</sup>. Este patrón es caracterizado por opacidad en contraste en las observaciones realizadas desde estudios CT. En la figura 1 (recuperada de <sup>20</sup>) se observa un hallazgo típico de vidrio esmerilado.

---

<sup>18</sup> Atsushi Nambu. “Imaging of community-acquired pneumonia: Roles of imaging examinations, imaging diagnosis of specific pathogens and discrimination from noninfectious diseases”. En: *World Journal of Radiology* 6.10 (2014), pág. 779. DOI: 10.4329/wjr.v6.i10.779.

<sup>19</sup> Ahmed H. El-Sherief y col. “Clear Vision Through the Haze: A Practical Approach to Ground-Glass Opacity”. En: *Current Problems in Diagnostic Radiology* 43.3 (2014), págs. 140-158. DOI: 10.1067/j.cpradiol.2014.01.004.

<sup>20</sup> Marina Justi Rosa de Matos y col. “Differential diagnoses of acute ground-glass opacity in chest computed tomography: pictorial essay”. En: *Einstein (São Paulo)* 19 (2021). DOI: 10.31744/einstein\_journal/2021rw5772.



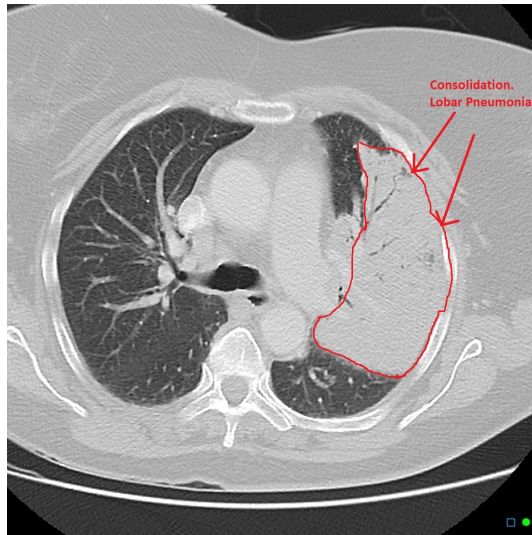
**Figura 1.** Vidrio Esmerilado Periférico en un ejemplo sobre un estudio de CT.

- **Consolidación:** Es un patrón cuya presencia es considerada obligatoria para el diagnóstico de neumonía <sup>21</sup>. Este patrón se observa como una región de textura solida, que cubre una importante región en el pulmón afectado. En la figura 2 (recuperada de <sup>22</sup>) se ilustran hallazgos típicos asociados a este patrón.

---

<sup>21</sup> J. P. Metlay. "Does this patient have community-acquired pneumonia? Diagnosing pneumonia by history and physical examination". En: *JAMA: The Journal of the American Medical Association* 278.17 (1997), págs. 1440-1445. DOI: 10.1001/jama.278.17.1440.

<sup>22</sup> Chris O'Donnell. *Lobar pneumonia - CT findings*. 2014. DOI: 10.53347/rid-32998.



**Figura 2.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con consolidación.

- **Adoquín Desordenado:** Es un patrón asociado a la neumonía fúngica e ideopática (de origen desconocido) <sup>23</sup>. En este patrón se observa una densidad dispersa a lo largo de los pulmones, con patrones en grilla. En la figura 3 (recuperada de <sup>23</sup>) se observan hallazgos típicos, referentes a este patrón.

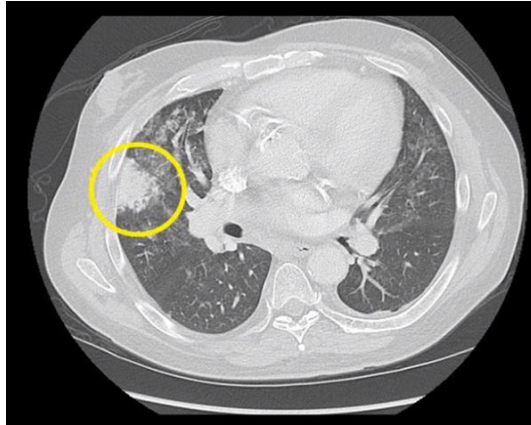


**Figura 3.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con Adoquín Desordenado.

---

<sup>23</sup> Santiago E. Rossi y col. ““Crazy-Paving” Pattern at Thin-Section CT of the Lungs: Radiologic-Pathologic Overview”. En: *RadioGraphics* 23.6 (2003), págs. 1509-1519. DOI: 10.1148/rg.236035101.

- **Infiltrado Intersticial:** Es un patrón generalmente asociado con neumonías virales y bacterianas<sup>24</sup>. Este patrón tiene comparte patrones entre consolidación y vidrio esmerilado, que corresponde a la entrada de liquido en los pulmones. En la figura 4 (recuperada de <sup>25</sup>) se ilustran hallazgos típicos asociados a este patrón.



**Figura 4.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con Infiltrado Intersticial.

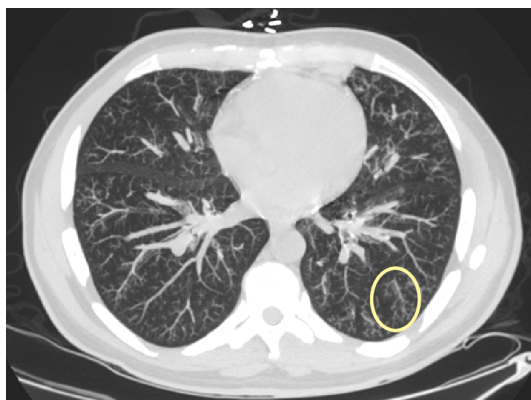
- **Árbol en Brote:** Este patrón es mayormente encontrado en neumonías bacterianas y fúngicas<sup>26</sup>. Estos patrones reflejan patrones texturales con semejanza a árboles extendidos en los pulmones, con diferentes ramificaciones. En la figura 5 (recuperada de <sup>26</sup>) se observa un patrón típico de árbol en brote.

---

<sup>24</sup> J. Collins y E.J. Stern. *Chest Radiology: The Essentials*. Wolters Kluwer Health, 2012, págs. 34,35.

<sup>25</sup> Ashley Davidoff. *Signs and Findings in Interstitial Disease*.

<sup>26</sup> G. Fretz, M. Krause y R. Thurnheer. "Chronic lymphocytic leukaemia, dyspnoea and "tree-in-bud" sign on chest CT scan". En: *Case Reports* 2009.aug18 1 (2009). DOI: 10.1136/bcr.03.2009.1672.



**Figura 5.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con Árbol en Brote.

- **Efusión Pleural:** Es un patrón asociado a las neumonías bacterianas y virales<sup>27</sup>. Este patrón es similar al infiltrado intersticial y debe observarse en diferentes escalas de visualización para hallar una discriminación entre estos hallazgos. En la figura 6 (recuperada de <sup>28</sup>) se observan patrones típicos a estos hallazgos.



**Figura 6.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con efusión pleural.

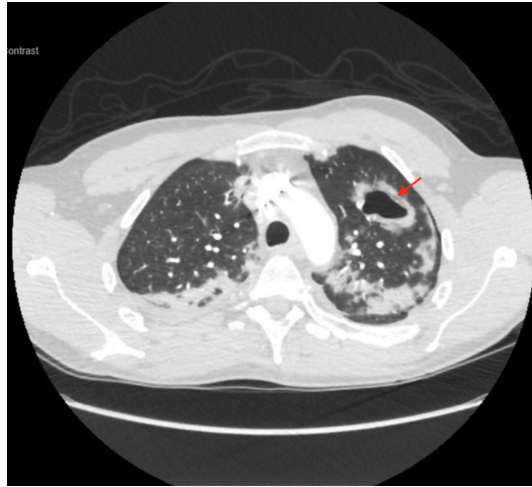
- **Cavitación:** Las cavitaciones pulmonares están asociadas a neumonías fúngicas, bacterianas, y parasíticas. En los estudios CT se puede observar como regiones opacas, con

---

<sup>27</sup> KA Galagan y col. “Color atlas of body fluids”. En: *An Illustrated* 3 (2006), págs. 132-3.

<sup>28</sup> Hael F. Abdulrazeq y col. “Vertebral artery aneurysm rupture and hemothorax in a patient with neurofibromatosis Type-1: A case report and review of the literature”. En: *Heliyon* 5.8 (2019), e02201. DOI: 10.1016/j.heliyon.2019.e02201.

diferenciales de intensidad alrededor. En la figura 7 (recuperada de <sup>29</sup>) se observa un estudio que reporta cavitación.



**Figura 7.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con cavitación.

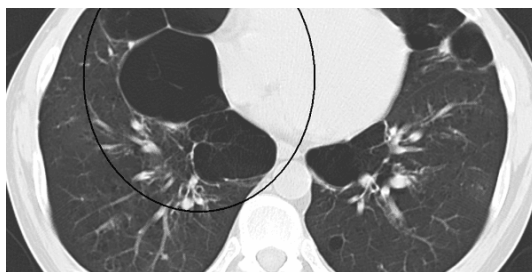
- **Enfisema:** Es un trastorno que incrementa el riesgo de contraer neumonía <sup>30</sup>. Estos patrones reportan múltiples regiones opacas, que conforman una densidad en grilla con regiones afectadas. En la figura 8 (recuperada de <sup>31</sup>) se observa este patrón sobre un estudio de CT.

---

<sup>29</sup> Vijairam Selvaraj y Kwame Dapaah-Afriyie. “Lung cavitation due to COVID-19 pneumonia”. En: *BMJ Case Reports* 13.7 (2020), e237245. DOI: 10.1136/bcr-2020-237245.

<sup>30</sup> Zawn Villines. *COPD and pneumonia: What is the connection?* 2022.

<sup>31</sup> Elizabeth C. Oelsner y col. “Association Between Emphysema-like Lung on Cardiac Computed Tomography and Mortality in Persons Without Airflow Obstruction”. En: *Annals of Internal Medicine* 161.12 (2014), pág. 863. DOI: 10.7326/m13-2570.



**Figura 8.** Visualización de un estudio CT con un patrón típico relacionado con Enfisema.

- **Fibrosis:** Es una condición secundaria asociada a las neumonías virales, bacterianas e ideopáticas <sup>32</sup>. Este patrón recientemente ha llamado la atención por su recurrencia en pacientes post-COVID, lo cual implica limitaciones en la capacidad pulmonar. Se observa una afectación de los pulmones con una densidad porosa, relacionando las afecciones asociadas. La figura 9 (recuperada de <sup>32</sup>) ilustra un hallazgo típico relacionado con fibrosis.



**Figura 9.** Visualización de un estudio CT con Fibrosis Pulmonar Ideopática.

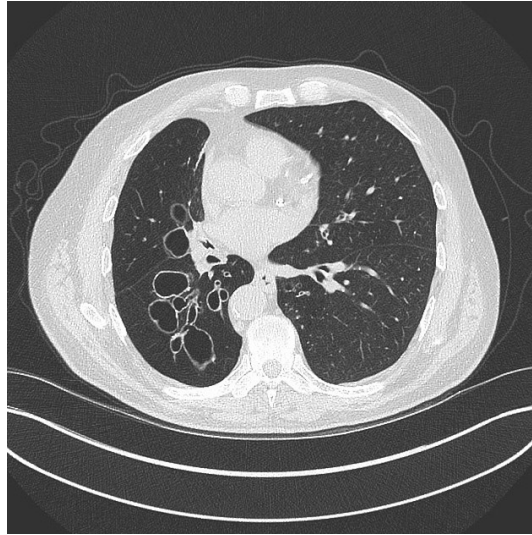
- **Bronquiectasia:** Es una enfermedad asociada a neumonías bacterianas y virales<sup>33</sup>. Estos patrones, vistos en una escala especial del CT, muestra un patrón de grilla circular, con

---

<sup>32</sup> Benjamin Ng y col. "Interleukin-11 is a therapeutic target in idiopathic pulmonary fibrosis". En: *Science Translational Medicine* 11.511 (2019). DOI: 10.1126/scitranslmed.aaw1237.

<sup>33</sup> Ricardo J José y Jeremy S Brown. "Bronchiectasis". En: *British Journal of Hospital Medicine* 75.Sup10 (2014), págs. C146-C151. DOI: 10.12968/hmed.2014.75.sup10.c146.

bordes opacos que ilustran la afectación del tejido pulmonar. La figura 10 (recuperada de <sup>34</sup>) ilustra un estudio CT que reporta patrones de Bronquiectasia



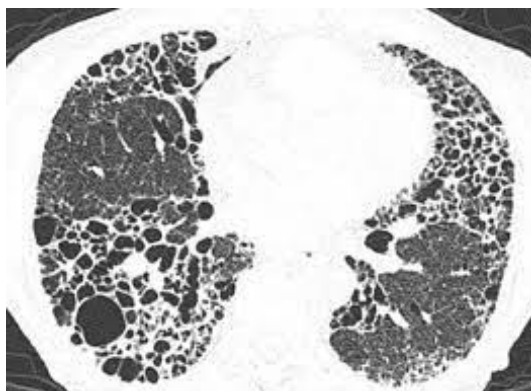
**Figura 10.** Visualización de un estudio CT con Bronquiectasia.

- **Patrón en Panal de Abeja:** Es un patrón asociado al desarrollo de la fibrosis, que a su vez se debe a neumonías intersticiales<sup>35</sup>. Como su nombre lo indica, en los estudios de CT se observa un patrón textural relacionado con un panal de abejas, tal como se ilustra en la figura 11 (recuperada de <sup>35</sup>).

---

<sup>34</sup> Yusra Sheikh y Ian Bickle. *Cystic bronchiectasis*. 2017. DOI: 10.53347/rid-50417.

<sup>35</sup> Hiroaki Arakawa y Koichi Honma. "Honeycomb Lung: History and Current Concepts". En: *American Journal of Roentgenology* 196.4 (2011), págs. 773-782. DOI: 10.2214/ajr.10.4873.



**Figura 11.** Visualización de un estudio CT con Patrón en Panal de Abeja.

- **Bullas:** Son cavitaciones pequeñas y están generalmente relacionadas con enfisema <sup>36</sup>. Son regiones y masas pequeñas, dispersos entre los pulmones. Este patrón puede observarse en la figura 12 (recuperada de <sup>36</sup>).



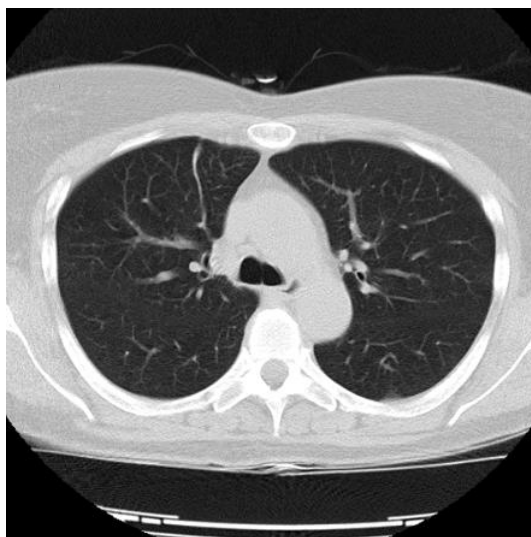
**Figura 12.** Visualización de un estudio CT con Bullas.

- **Atelectasia:** Es una patología común asociada con las neumonías en general <sup>37</sup>. En los estudios CT se observan como líneas engrosadas, vinculadas a afecciones pulmonares. Un ejemplo de este patrón se ilustra en la figura 13 (recuperada de <sup>36</sup>).

---

<sup>36</sup> Luce Cantin, Alexander A. Bankier y Ronald L. Eisenberg. "Multiple Cystlike Lung Lesions in the Adult". En: *American Journal of Roentgenology* 194.1 (2010), W1-W11. DOI: 10.2214/ajr.09.3540.

<sup>37</sup> DG Peroni y AL Boner. "Atelectasis: mechanisms, diagnosis and management". En: *Paediatric respiratory reviews* 1.3 (2000), págs. 274-278.



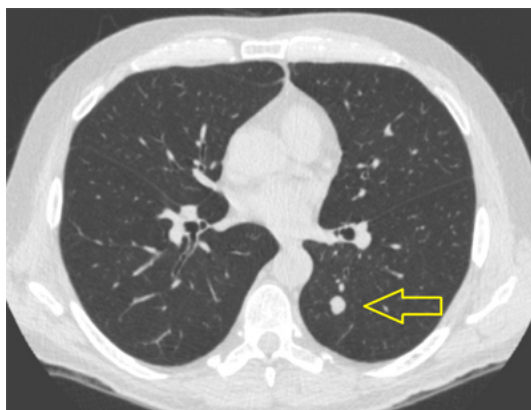
**Figura 13.** Visualización de un estudio CT con Atelectasia.

- **Nódulo:** Es un tipo de patología asociada a la neumonía fúngica<sup>38</sup>. Estos nódulos son precursores del cáncer de pulmón, y se reportan como masas pequeñas aisladas con características de calcificación. Un ejemplo de estos nódulos en estudios T se observa en la figura 14 (recuperada de <sup>39</sup>).

---

<sup>38</sup> Cecilia M. Jude y col. “Pulmonary Coccidioidomycosis: Pictorial Review of Chest Radiographic and CT Findings”. En: *RadioGraphics* 34.4 (2014), págs. 912-925. DOI: 10.1148/rg.344130134.

<sup>39</sup> Annemie Snoeckx y col. “Evaluation of the solitary pulmonary nodule: size matters, but do not ignore the power of morphology”. En: *Insights into Imaging* 9.1 (2017), págs. 73-86. DOI: 10.1007/s13244-017-0581-2.



**Figura 14.** Visualización de un estudio CT con Nódulo.

- **Engrosamiento Pleural:** Es un patrón asociado a las neumonías bacterianas e ideopáticas<sup>40</sup>. Como se observa en la figura 15 (recuperada de <sup>41</sup>), se puede ver afectaciones circundantes en los pulmones.



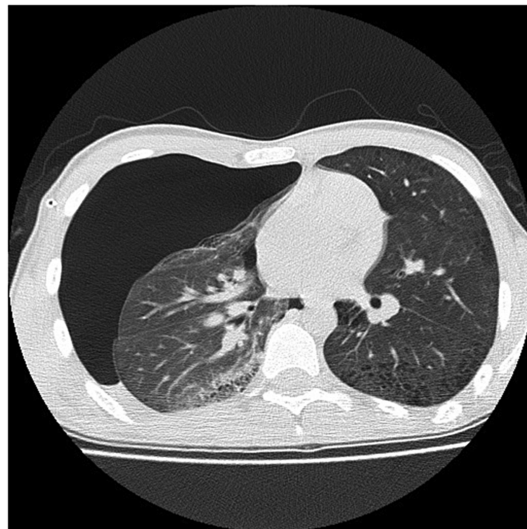
**Figura 15.** Visualización de un estudio CT con Engrosamiento Pleural.

---

<sup>40</sup> Akira Saito y col. "Pleural thickening on screening chest X-rays: a single institutional study". En: *Respiratory Research* 20.1 (2019). DOI: 10.1186/s12931-019-1116-9.

<sup>41</sup> Gonzalo Labarca y col. "A Case of Interstitial Lung Disease With Apical Pleural Thickening: Idiopathic Pleuroparenchymal Fibroelastosis". En: *Archivos de Bronconeumología (English Edition)* 50.1 (2014), págs. 48-49. DOI: 10.1016/j.arbr.2013.12.004.

- **Neumotórax:** O pulmón colapsado, es propio de neumonías fúngicas<sup>42</sup>. En este caso se pierde volumen del pulmón afectado (En la figura 16 recuperada de <sup>43</sup> se observa esta afección ).



**Figura 16.** Visualización de un estudio CT con Neumotórax. Recuperado de <sup>44</sup>

- **Linfadenopatía:** enfermedad relacionada con neumonías bacterianas e intersticiales<sup>45</sup>. Son inflamaciones relacionadas con los nódulos linfáticos y ocasiona obstrucción en los pulmones. En la figura 17 (recuperada de <sup>46</sup>) se observan estas afecciones.

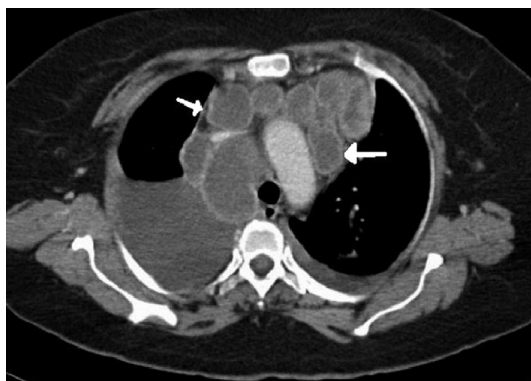
---

<sup>42</sup> J-M. Tschopp y col. "Management of spontaneous pneumothorax: state of the art". En: *European Respiratory Journal* 28.3 (2006), págs. 637-650. DOI: 10.1183/09031936.06.00014206.

<sup>43</sup> Claire McBrien y col. "Recurrent pneumothoraces in a 17-year-old man with mixed connective tissue disease". En: *Thorax* 69.7 (2014), págs. 685-686. DOI: 10.1136/thoraxjnl-2013-203584.

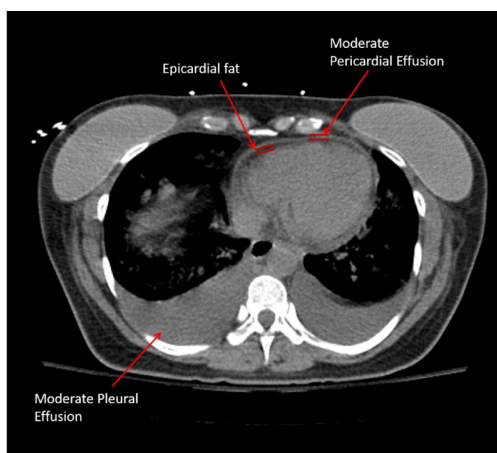
<sup>45</sup> Amit Chopra y col. "Assessment of Mediastinal Lymph Node Size in Pneumococcal Pneumonia with Bacteremia". En: *Lung* 196.1 (2017), págs. 43-48. DOI: 10.1007/s00408-017-0071-9.

<sup>46</sup> B. Jayakrishnan y Omar A. Al-Rawas. "Peripheral Rim Enhancement in Tuberculous Mediastinal Lymph Nodes". En: *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 81.4 (2009), págs. 548-548. DOI: 10.4269/ajtmh.2009.09-0311.



**Figura 17.** Visualización de un estudio CT con Linfadenopatía.

- **Efusión Pericárdica:** Es una condición asociada con neumonías bacterianas<sup>47</sup>. Son inflamaciones relacionada con alguno de los ventrículos del corazón y ocasiona obstrucción en los pulmones. En la figura 18 (recuperada de <sup>48</sup>) se observan estas afecciones.



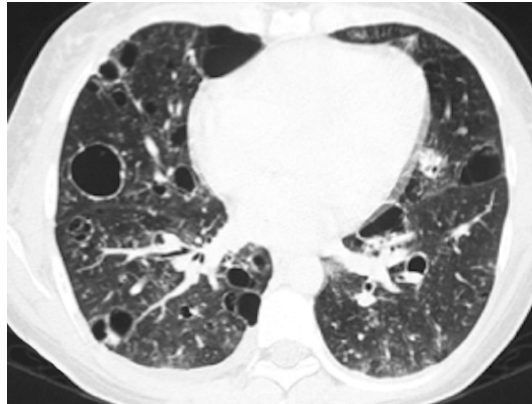
**Figura 18.** Visualización de un estudio CT con Efusión Pericárdica.

---

<sup>47</sup> Andrea Quarti y col. “Pericardiectomy for Pleuropericardial Effusion Complicating Bacterial Pneumonia”. En: *Case Reports in Medicine* 2010 (2010), págs. 1-2. DOI: 10.1155/2010/715953.

<sup>48</sup> Sukesh Manthri y col. “Acute Pericarditis as a Presentation of Adrenal Insufficiency”. En: *Cureus* (2018). DOI: 10.7759/cureus.2474.

- **Quiste:** Es un patrón asociado a neumonías fúngicas e intersticiales <sup>49</sup>. Son patrones asociados a cavitaciones más grandes que las bullas, que reportan también patrones texturales en grillas de círculos. En la figura 19 (recuperada de <sup>50</sup>) se observan estos patrones.



**Figura 19.** Visualización de un estudio CT con Quistes.

Los patrones mencionados anteriormente pueden co-existir en diferentes combinaciones e intensidades, y su cuantificación constituye una herramienta fundamental para la caracterización de las afecciones pulmonares. En los casos de neumonía provocada por COVID-19, la detección de la relación entre estos patrones y la enfermedad es aún más compleja y algunos pacientes desarrollan daño alveolar difuso. En pacientes con estadios tempranos se reporta un alto número de falsos positivos por los síntomas leves reportados, así como otros reportan opacidades pulmonares unilaterales o bilaterales y algunas veces con distribución central y periférica, con sensibilidad baja a través de la identificación entre estas correlaciones, en alrededor del 69 %<sup>51</sup>. También, para algunos pacientes de COVID-19 en estadios intermedios se observa opacidad y hallazgos asociados al vidrio esmerilado. También algunos casos reportan consolidación, en forma nodular

---

<sup>49</sup> Flavia Angélica Ferreira Francisco y col. “Multiple cystic lung disease”. En: *European Respiratory Review* 24.138 (2015), págs. 552-564. DOI: 10.1183/16000617.0046-2015.

<sup>50</sup> Anupam Kumar y col. “Diagnostic approach to the adult with cystic lung disease”. En: () .

<sup>51</sup> Jeffrey P. Kanne y col. “COVID-19 Imaging: What We Know Now and What Remains Unknown”. En: *Radiology* 299.3 (2021), E262-E279. DOI: 10.1148/radiol.2021204522.

o en masa, también incluyendo patrones focales y difusos que imitan otras infecciones. Aunque las características prototípicas de la neumonía por COVID-19 están bien descritas, en la práctica clínica muchos pacientes presentan algunas y no todas las manifestaciones imagenológicas<sup>51</sup>. Estudios más recientes han mostrado que para el COVID-19, el patrón predominante era opacidad en vidrio esmerilado con consolidación periférica ocasional y una ausencia de derrames pleurales y linfadenopatía en todos los casos<sup>52</sup>. Además, en otros estudios se ha reportado la presencia de consolidación, opacidad en vidrio esmerilado, fibrosis y su lateralidad, número de lóbulos afectados<sup>53 54 55 56 57</sup>.

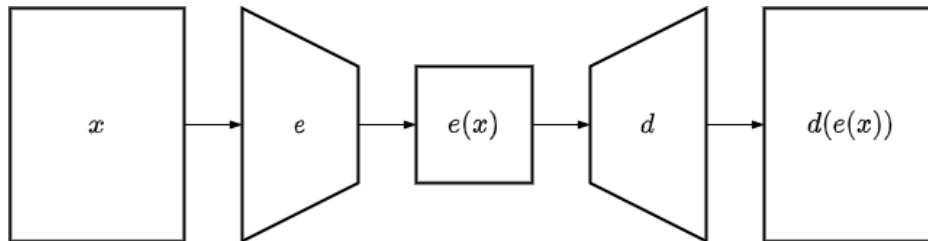
Estos hallazgos radiológicos son altamente variables y su aparición tiene una relación estricta con el avance de las enfermedades pulmonares. Además, muchas de estas afecciones comparten estos hallazgos, lo cual implica un desafío a la hora de caracterizar y soportar un diagnóstico diferencial entre las enfermedades. Es por ello que resulta evidente el desarrollo de herramientas que permitan soportar los análisis, cuantificar patrones, así como también hacer análisis poblacionales.

- 
- <sup>52</sup> Ming-Yen Ng y col. “Imaging Profile of the COVID-19 Infection: Radiologic Findings and Literature Review”. En: *Radiology: Cardiothoracic Imaging* 2.1 (2020), e200034. DOI: 10.1148/ryct.2020200034.
- <sup>53</sup> Wei jie Guan y col. “Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China”. En: *New England Journal of Medicine* 382.18 (2020), págs. 1708-1720. DOI: 10.1056/nejmoa2002032.
- <sup>54</sup> Heshui Shi y col. “Radiological findings from 81 patients with COVID-19 pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study”. En: *The Lancet Infectious Diseases* 20.4 (2020), págs. 425-434. DOI: 10.1016/s1473-3099(20)30086-4.
- <sup>55</sup> Dawei Wang y col. “Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China”. En: *JAMA* 323.11 (2020), pág. 1061. DOI: 10.1001/jama.2020.1585.
- <sup>56</sup> Adam Bernheim y col. “Chest CT Findings in Coronavirus Disease-19 (COVID-19): Relationship to Duration of Infection”. En: *Radiology* 295.3 (2020), pág. 200463. DOI: 10.1148/radiol.2020200463.
- <sup>57</sup> Linlin Zhang y col. “Significance of clinical phenomes of patients with COVID-19 infection: A learning from 3795 patients in 80 reports”. En: *Clinical and Translational Medicine* 10.1 (2020), págs. 28-35. DOI: 10.1002/ctm2.17.

## 1.2. Arquitecturas codificador-decodificador

Las arquitecturas codificador-decodificador, propuestas inicialmente por *Rumelhart y col.*<sup>58</sup>, proyectan la información de entrada en una arquitectura codificador que produce un descriptor embebido, el cual es luego proyectado en una estructura opuesta para recuperar la dimensión original de la información. Este descriptor es un vector embebido, en un espacio latente, el cual se ajusta siguiendo un entrenamiento no supervisado.

Típicamente, los datos originales son proyectados en un espacio euclidiano de baja dimensión, donde la información comprimida retiene las principales propiedades de la información. Todo esto se hace con el propósito de tener una mejor comprensión y visualización de la estructura de los datos, para que estos sean computacionalmente tratables. La estructura general del codificador-decodificador está definida de la siguiente manera:



**Figura 20.** Codificador Automático Base. Propuesto por Rumelhart en 1986

- **Codificador:** Definido como  $e$ , tiene como tarea principal la reducción de dimensionalidad, produciendo una representación latente (vector embebido) de las características originales. Esta representación latente puede ser interpretada como la compresión de los datos desde el espacio inicial de alta dimensión al espacio codificado o latente.
- **Decodificador:** Definido como  $d$ , es el encargado de descomprimir la representación

---

<sup>58</sup> D. E. Rumelhart, G. E. Hinton y R. J. Williams. “Learning Internal Representations by Error Propagation”. En: *Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition, Vol. 1: Foundations*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 1986, 318–362.

usando como referencia el espacio latente donde está ubicada, de manera en la que se minimice la pérdida de información entre compresión y descompresión.

El objetivo principal de la arquitectura es definir el mejor par codificador-decodificador que retenga la máxima cantidad de información en codificación y el mínimo error de reconstrucción, definido como:

$$(e^*, d^*) = \arg \min_{(e,d) \in E \times D} (x, d(e(x))). \text{ En cuyo caso } \in (x, d(e(x)))$$

Esta ecuación define el error de reconstrucción entre los datos de entrada  $x$  y resultantes  $d(e(x))$ . En el contexto actual los codificadores y decodificadores están compuestos por redes neuronales, los cuales por medio de un proceso iterativo no supervisado se aproximan al mejor par codificador-decodificador para un conjunto específico de datos<sup>59</sup>. La métrica de pérdida es entonces denotada por:  $l = \|x - \hat{x}\|^2$  donde  $\hat{x} = z = d(e(x))$ .

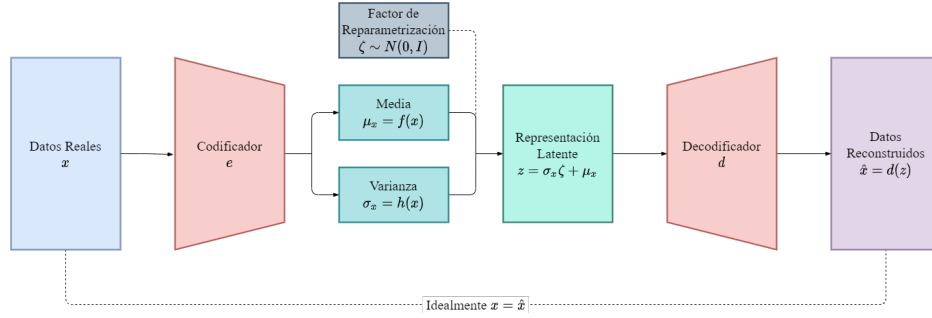
Esta arquitectura ha dado paso para el auge de esquemas generativos con auto-aprendizaje como las Redes Generativas Adversarias (GAN) y codificadores automáticos Variacionales (VAE).

**1.2.1. Arquitecturas codificador-decodificador Variacionales (VAE)** Estas arquitecturas son un tipo especial de codificador-decodificador, que implementan un modelo generativo utilizando como soporte de representación los modelos probabilísticos. A continuación se detalla su funcionamiento en particular.

- **Codificador:** Definido como  $e$ , el codificador es una red neuronal con datos de entrada  $x$ , con pesos y sesgos  $\theta$ , la cual se ajusta una distribución Gaussiana sobre el espacio latente, con media  $\mu_x$  y desviación estándar  $\sigma_x$  regularizadas (aproximadas lo mayor posible a una distribución normal con media 0 y desviación estándar 1). Se toman un número arbitrario de muestras puntuales de esta distribución y con esta se forma una representación latente. Los datos reales son reducidos mediante un cuello de botella entre su dimensión y la

---

<sup>59</sup> Ian Goodfellow y col. *Deep Learning*. MIT Press Ltd, nov. de 2016. 800 págs.



**Figura 21.** Codificador automático variacional. Difiere del codificador automático base en su manera de sintetizar los embebidos.

dimensión del espacio latente, lo que motiva al codificador a aprender una compresión eficiente de los datos. El codificador está denotado por  $e = q_\theta(z | x)$ , y sus datos de salida son parámetros para  $q_\theta(z | x)$ , la cual es una función de densidad de probabilidad Gaussiana en un espacio latente estocástico, de donde se pueden tomar muestras aleatorias para obtener nuevos embebidos que contienen representaciones latentes.

- Decodificador:** Definido como  $d$ , esta red neuronal decodifica el número de muestras producidas por el codificador y calcula el error sobre la reconstrucción, el cual es propagado hacia atrás a través de toda la red. Los datos de entrada son representaciones latentes mientras que los de salida son parámetros de la distribución de probabilidad con pesos y sesgos  $\phi$ . Denótese el decodificador entonces como  $d = p_\phi(x | z)$ . La dimensión de los datos producidos como salida es equivalente a la dimensión de los datos de entrada.
- Métrica de Error:** Para medir la pérdida de información en la reconstrucción de los datos se usan dos términos; la verosimilitud logarítmica negativa  $\log p_\phi(x | z)$  y la divergencia Kullback-Leibler entre  $q_\theta(z | x)$  y  $p(z)$ . El primer término mide la efectividad de la reconstrucción de los datos reales en cuanto a los producidos y el segundo mide la cercanía de la distribución  $q$  a la distribución  $p$ . Debido a que no existe una representación global compartida a través de todos los datos puntuales, la función de pérdida es descompuesta para que su única dependencia sea un dato puntual  $l_i$  denotado de la siguiente manera:

$$l_i(\theta, \phi) = -\mathbb{E}_{z \sim q_\theta(z|x_i)}[\log p_\phi(x_i | z)] + \mathbb{KL}(q_\theta(z | x_i) || p(z))$$

El primer término indica la verosimilitud logarítmica negativa aplicada al iésimo dato puntual respecto a la distribución del codificador sobre las representaciones. Si los datos de salida del codificador no reconstruyen de manera apropiada los datos, en términos estadísticos el decodificador estaría parametrizando una distribución de verosimilitud que no establece una masa de probabilidad apropiada sobre los datos verdaderos. El segundo término, dicho anteriormente, es conocido como la divergencia Kullback-Leibler y mide la pérdida de información con respecto a la probabilidad de ocurrencia de la información en un evento  $\frac{1}{e}$ .

En un codificador automático variacional,  $p$  es una distribución normal con  $\mu = 0$  y  $\sigma^2 = 1$ , o  $p(z) = N(0, 1)$ . El codificador será penalizado a partir de que tan diferentes produzca las representaciones latentes en comparación con esta distribución. El término regularizador mantiene las representaciones latente lo suficientemente diversas, ya que sin aplicarse, el codificador usaría regiones aisladas en el espacio latente para cada dato puntual, lo que podría llevar a que varias representaciones de datos similares no tengan parentesco alguno. El comportamiento anterior es penalizado y las representaciones de datos similares mantienen un parentesco, es decir, adyacencia en el espacio latente <sup>60</sup>.

Finalmente, el entrenamiento de un codificador automático variacional se realiza con gradiente descendiente para optimizar la pérdida con respecto a los parámetros del codificador y decodificador; Para un gradiente descendiente estocástico de tamaño  $\rho$  la actualización de parámetros es denotada por  $\theta \leftarrow \theta - \rho \frac{\partial l}{\partial \theta}$ .

**1.2.2. Detección de Anomalías** Una de las sub-areas en el análisis de información y modelamiento de datos es la detección de anomalías. Particularmente este tipo de modelamiento

---

<sup>60</sup> Diederik P Kingma y Max Welling. “Auto-Encoding Variational Bayes”. En: (dic. de 2013). arXiv: 1312.6114 [stat.ML].

puede emplearse en problemas con un fuerte desbalanceo de los datos de entrenamiento, y sobre todo, cuando los datos de interés son los que tienen una menor proporción en las observaciones recolectadas.

La detección de anomalías permite la identificación de elementos, eventos u observaciones los cuales se encuentran significativamente alejados de la mayoría de los datos y no conforman una noción definida de comportamiento normal <sup>61</sup>. Existen principalmente tres categorías de detección de anomalías; Supervisada, Semi-Supervisada, y No Supervisada. Las primeras dos asumen que un porcentaje o la totalidad del conjunto de datos está etiquetado. Las técnicas de detección de anomalías no supervisadas asumen que los datos no están etiquetados lo cual se adapta mejor a la naturaleza de los datos, convirtiéndolas en una opción atractiva para la caracterización de nuevos hallazgos, la definición de correlaciones ocultas que estén relacionadas con el problema y la definición de nuevos biomarcadores digitales, en cuanto a la caracterización de patologías <sup>61</sup>. A continuación se detallan algunas representaciones de anomalías, usando arquitecturas profundas.

- Detección de Anomalías con codificadores automáticos Usando codificadores automáticos los elementos anómalos son reconstruidos de manera errónea en el proceso de aprendizaje de representaciones latentes para la reconstrucción, debido a la desviación innata que poseen de la mayoría de los datos. Es así como los errores en reconstrucción son usados como claves para la detección de nuevas clases o eventos anómalos. Los codificadores automáticos han demostrado su capacidad para identificar características no-lineales en estos vectores embebidos. En el estado del arte los codificadores automáticos profundos dan lugar a enfoques robustos sobre la detección de anomalías con un alto rendimiento en aplicaciones en el mundo real.
- Detección de Anomalías con Codificadores Automáticos Variacionales Elaborando sobre

---

<sup>61</sup> Varun Chandola, Arindam Banerjee y Vipin Kumar. “Anomaly detection”. En: *ACM Computing Surveys* 41.3 (2009), págs. 1-58. DOI: 10.1145/1541880.1541882.

los codificadores automáticos, la detección de anomalías con codificadores automáticos variacionales puede funcionar a partir de la probabilidad de reconstrucción; una medida probabilística que toma en cuenta la variabilidad de la distribución de variables. Con un trasfondo teórico que la hace más robusta y objetiva, la probabilidad de reconstrucción se hace más atractiva para la detección de anomalías que el error de reconstrucción, el cual es usado por los codificadores automáticos convencionales y los modelos de análisis de componentes principales. Diseños experimentales han comprobado su superioridad frente a otras métricas de detección de anomalías y al usar las características generativas del codificador automático variacional se permite la derivación de la reconstrucción de los datos para el análisis de la causa subyacente de la o las anomalías<sup>62</sup>.

**1.2.3. Reducción de Dimensionalidad** La reducción de dimensionalidad es la transformación de datos desde un espacio de alta dimensión a un espacio de baja dimensión con el objetivo de retener propiedades significativas de los datos originales, idealmente cercanas a las de la dimensión intrínseca <sup>63</sup>. En conjunción con lo anterior, uno de los pilares sobre los cuales se basa la organización de los datos es la detección de áreas compuestas por grupos de objetos que comparten propiedades similares, pero en una alta dimensión, estos grupos también sufren el efecto de dispersión y disimilitud en diversas maneras, lo cual impide la realización eficiente de estrategias de organización de datos comunes <sup>64</sup>.

La reducción de dimensionalidad es comúnmente dividida en acercamientos lineales como PCA y LDA (análisis de componentes principales y análisis discriminante lineal, respectivamente)

---

<sup>62</sup> Jinwon An y Sungzoon Cho. “Variational autoencoder based anomaly detection using reconstruction probability”. En: *Special Lecture on IE 2.1* (2015), págs. 1-18.

<sup>63</sup> Laurens Van Der Maaten, Eric Postma, Jaap Van den Herik y col. “Dimensionality reduction: a comparative”. En: *J Mach Learn Res* 10.66-71 (2009), pág. 13.

<sup>64</sup> C Robert Taylor. “Dynamic programming and the curses of dimensionality”. En: *Applications of dynamic programming to agricultural decision problems*. CRC Press, 2019, págs. 1-10.

o con métodos no lineales como t-SNE y UMAP (embebidos de vecinos estocásticos dispersos y aproximación-proyección de variedades uniformes respectivamente)<sup>65 66</sup>. Por ejemplo, una herramienta estándar para realizar la reducción de dimensionalidad es el PCA (Análisis de Componentes Principales) el cual realiza un mapeo lineal de los datos a un espacio de baja dimensión de tal manera que la varianza de los datos en la representación de baja dimensión es maximizada<sup>67</sup>. Por otra parte el t-SNE (Embebidos de Vecinos Estocásticos t-Distribuidos) es una aproximación no lineal para reducción de la dimensionalidad, donde cada dato en alta dimensionalidad tiene ubicación en un espacio reducido<sup>68</sup>. En este trabajo nos dedicamos a realizar un análisis de reducción de baja dimensionalidad utilizando el LDA (Análisis Discriminante Lineal), el cual se detalla a continuación.

**Análisis Discriminante Lineal** LDA es una generalización del discriminante lineal de Fisher<sup>69</sup>, un método usado originalmente en estadística para encontrar combinaciones lineales de características que identifiquen dos o más clases de objetos o eventos. El resultado de la aplicación del LDA puede ser usada como un clasificador lineal, o más comúnmente para reducción de dimensionalidad antes de realizar la tarea de clasificación. LDA usa variables independientes continuas y una variable categóricamente dependiente, además, es similar al PCA en su fun-

---

<sup>65</sup> Pavel Pudil y Jana Novovičová. “Novel Methods for Feature Subset Selection with Respect to Problem Knowledge”. En: *Feature Extraction, Construction and Selection*. Springer US, 1998, págs. 101-116. DOI: 10.1007/978-1-4615-5725-8\_7.

<sup>66</sup> Chris Ding y col. “Adaptive dimension reduction for clustering high dimensional data”. En: *2002 IEEE International Conference on Data Mining, 2002. Proceedings*. IEEE. 2002, págs. 147-154.

<sup>67</sup> Karl Pearson. “LIII. On lines and planes of closest fit to systems of points in space/”. En: *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science* 2.11 (1901), págs. 559-572. DOI: 10.1080/14786440109462720.

<sup>68</sup> Laurens Van der Maaten y Geoffrey Hinton. “Visualizing data using t-SNE.” En: *Journal of machine learning research* 9.11 (2008).

<sup>69</sup> Patricia Cohen, Stephen G West y Leona S Aiken. *Applied multiple regression/correlation analysis for the behavioral sciences*. Psychology press, 2014.

cionamiento, en particular, la búsqueda de combinaciones de variables que mejor expliquen los datos <sup>70</sup>; LDA intenta modelar explícitamente las diferencias entre las clases de los datos, PCA en contraste no tiene en cuenta las diferencias entre clases y el análisis de factores realizado se convierte entonces en la construcción de combinaciones de características basadas en diferencias en vez de similitudes. El análisis discriminante no es interdependiente; una distinción entre las variables independientes y dependientes debe ser clara. Este método es usado cuando los grupos de datos son conocidos anteriormente, cada caso debe tener un puntaje en una o más métricas de predicción cuantitativa y un puntaje en una métrica grupal <sup>71</sup>. Este análisis es considerado clasificación ya su funcionamiento yace en la distribución de elementos en grupos, clases, o categorías del mismo tipo. Esta técnica cuenta con varias suposiciones: normalidad multivariable, homocedasticidad, multicolinealidad e independencia de los datos, aunque se ha demostrado que este análisis es robusto ante incumplimientos leves de estas suposiciones<sup>72 73</sup>.

### 1.3. Métodos De Cuantificación de Hallazgos Imagenológicos

En el estado del arte se han validado diferentes estrategias computacionales para la cuantificación automatizada de patrones CT asociados al COVID-19, caracterización de hallazgos radiológicos y discriminación de neumonías. Por ejemplo, se han reportado una metodología para la segmentación tridimensional de anomalías mediante una red convolucional con núcleos anisótropos y cuantificación sobre opacidad en vidrio esmerilado y consolidaciones, en el cual computan el porcentaje de opacidad y un puntaje de severidad pulmonar mediante la segmen-

---

<sup>70</sup> A.M. Martinez y A.C. Kak. "PCA versus LDA". En: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 23.2 (2001), págs. 228-233. DOI: 10.1109/34.908974.

<sup>71</sup> Şener Büyüköztürk y Ömay Çokluk-Bökeoğlu. "Discriminant function analysis: Concept and application". En: *Eurasian J Educ Res* 33 (2008), págs. 73-92.

<sup>72</sup> Peter A Lachenbruch y Matthew Goldstein. "Discriminant analysis". En: *Biometrics* (1979), págs. 69-85.

<sup>73</sup> William R Klecka, Gudmund R Iversen y William R Klecka. *Discriminant analysis*. Vol. 19. Sage, 1980.

tación de anormalidades tridimensionales <sup>74</sup>. En otro trabajo se cuantificaron las opacidades en CT usando aprendizaje profundo reforzado multi-escala y correlacionadas con parámetros clínicos y de laboratorio usando Spearman-Rho y un análisis de regresión lineal <sup>75</sup>. También se han propuesto representaciones que operan a nivel de pixel a pixel para lograr recuperar y cuantificar patrones asociados a la neumonía causada por COVID-19 <sup>76</sup>.

También, *Myers y col.* propusieron un modelo multimodal compuesto por variables biológicas y clínicas en combinación con un modelo convolucional, el cual se pone a prueba en el análisis de tomografías. Este acercamiento tiene la finalidad de clasificar el nivel de severidad de la enfermedad del paciente y brinda información útil a la prognosis, pero requiere de una gran cantidad de datos y esto contrapone una dificultad en los contextos de baja densidad de información disponible<sup>77</sup>. *He y col.* propone una herramienta que integra aprendizaje semi-supervisado, que utiliza aprendizaje contrastivo y auto-supervisado para evitar sesgos asociados a la limitación de anotaciones<sup>78</sup>.

Otros trabajos han empleado técnicas de transferencia del aprendizaje para ajustar modelos pre-entrenados en problemas de clasificación de estudios CT <sup>79</sup>. También se han realizado estudios para estratificar el compromiso de la enfermedad según el nivel de severidad observado

---

<sup>74</sup> Shikha Chaganti y col. “Automated Quantification of CT Patterns Associated with COVID-19 from Chest CT”. En: *Radiology: Artificial Intelligence* 2.4 (2020), e200048. DOI: 10.1148/ryai.2020200048.

<sup>75</sup> Christoph Mader y col. “Quantification of COVID-19 Opacities on Chest CT – Evaluation of a Fully Automatic AI-approach to Noninvasively Differentiate Critical Versus Noncritical Patients”. En: *Academic Radiology* 28.8 (2021), págs. 1048-1057. DOI: 10.1016/j.acra.2021.03.001.

<sup>76</sup> Elif Soya y col. “Pixel-based analysis of pulmonary changes on CT lung images due to COVID-19 pneumonia”. En: *Cosmoderma* 12 (2022), pág. 6. DOI: 10.25259/jcis\_172\_2021.

<sup>77</sup> Laura C. Myers y col. “Characteristics of Hospitalized Adults With COVID-19 in an Integrated Health Care System in California”. En: *JAMA* 323.21 (2020), pág. 2195. DOI: 10.1001/jama.2020.7202.

<sup>78</sup> Xuehai He y col. “Sample-Efficient Deep Learning for COVID-19 Diagnosis Based on CT Scans”. En: (2020). DOI: 10.1101/2020.04.13.20063941.

<sup>79</sup> Halgurd S. Maghdid y col. “Diagnosing COVID-19 Pneumonia from X-Ray and CT Images using Deep Learning and Transfer Learning Algorithms”. En: (mar. de 2020). arXiv: 2004.00038 [eess.IV].

en los estudios CT. En este caso, se han propuesto estrategias profundas que aprenden representaciones volumétricas a partir de anotaciones de severidad <sup>12</sup>. En otras aproximaciones se han empleado esquemas multi-tarea para resolver representaciones que operan en secuencias de tomografías y radiografías para la detección y segmentación de hallazgos <sup>80</sup>. Uno de los componentes principales en el soporte computacional es evidenciar las regiones sospechosas que han detectado los modelos, como soporte de explicabilidad y fundamento clínico para adoptar las decisiones. En este sentido, *Panwar y col.* presenta una arquitectura en la cual se utiliza Grad-CAM y transferencia de aprendizaje tanto en tomografías como en radiografías, produciendo un mecanismo robusto que detecta casos de covid en  $\leq 2$  segundos. *Gozes y col.* desarrolla un ciclo en inteligencia artificial para la detección y seguimiento automático al paciente con múltiples conjuntos de datos internacionales en configuraciones 2D y 3D, obteniendo una alta precisión del 88% <sup>81</sup>.

---

<sup>80</sup> Md Zahangir Alom y col. *COVID-MTNet: COVID-19 Detection with Multi-Task Deep Learning Approaches*. 2020. DOI: 10.48550/ARXIV.2004.03747.

<sup>81</sup> Harsh Panwar y col. "A deep learning and grad-CAM based color visualization approach for fast detection of COVID-19 cases using chest X-ray and CT-Scan images". En: *Chaos, Solitons & Fractals* 140 (2020), pág. 110190. DOI: 10.1016/j.chaos.2020.110190.

## 2. PLANTEAMIENTO Y JUSTIFICACIÓN DEL PROBLEMA

La actual valoración de neumonías causadas por COVID-19, virus y bacterias mediante hallazgos imagenológicos en tomografías computarizadas sufre de una baja especificidad ya que los métodos de diagnóstico están altamente sujetos a la experiencia del radiólogo encargado. Estos sesgos se deben a la complejidad y el parentesco entre los patrones exhibidos por neumonía debido a COVID-19 y otras neumonías. Los métodos computacionales de aprendizaje de máquina han demostrado ser herramientas importantes en la caracterización y apoyo al análisis y diagnósticos de estudios CT, para entre otras, caracterizar hallazgos asociados a las neumonías. Típicamente estas estrategias son supervisadas e implementadas bajo esquemas de aprendizaje profundo convolucional.

Sin embargo, estas representaciones dependen altamente del tratamiento de datos antes de su aplicación, el cual puede no ser posible en escenarios reales donde no se cuenta con la capacidad o posibilidad de realizarse. Los trabajos del estado del arte en general requieren de grandes cantidades de datos, y anotaciones con alto grado de acuerdo entre expertos, para lograr un ajuste apropiado en las representaciones. Es así que se deben priorizar en arquitecturas que puedan ser flexibles en el entrenamiento, realizando entrenamientos débilmente supervisados y que permitan discriminar entre neumonías y hallazgos radiológicos relacionados con otras patologías. La pregunta de investigación se define de la siguiente manera: ¿Cómo describir, diferenciar, y clasificar neumonías a partir de la representación en vectores latentes de anomalías pulmonares presentes en tomografías computarizadas?

### 3. OBJETIVOS

#### Objetivo general

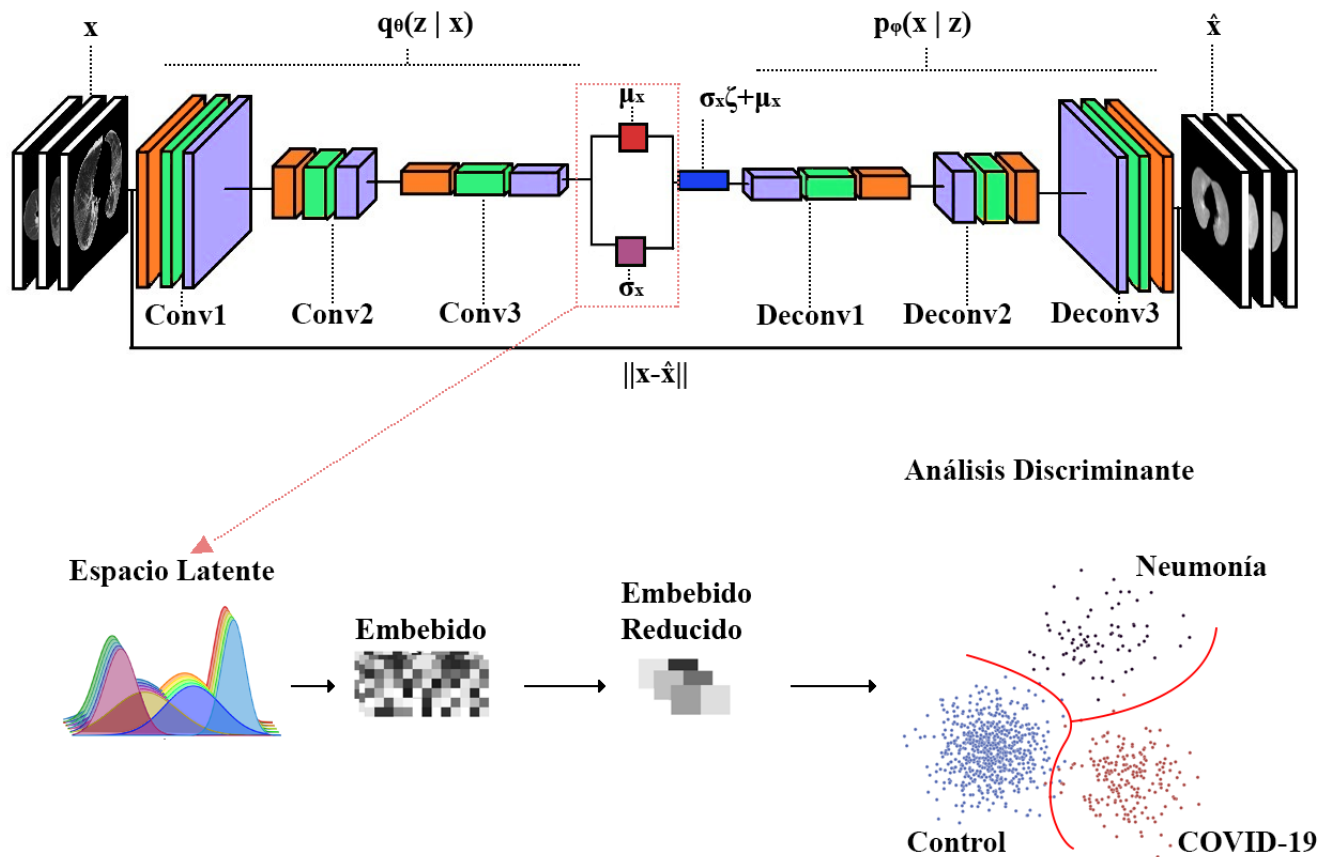
Desarrollar una arquitectura variacional profunda para el modelado de vectores latentes relacionados con hallazgos radiológicos.

#### Objetivos específicos

- Seleccionar un conjunto de datos de tomografías computarizadas de pacientes diagnosticados con COVID-19, así como también de pacientes control y diagnosticados con neumonías típicas
- Explorar esquemas de autoencoders variacionales para la caracterización de patrones radiológicos bajo un esquema de entrenamiento de anomalías.
- Implementar un modelo variacional profundo para la representación latente de patrones pulmonares asociados a la enfermedad.
- Validar el esquema profundo desarrollado en el marco de detección de anomalías y con respecto a la capacidad de identificar imágenes diagnosticadas con COVID-19, según una representación embebida.

#### **4. REPRESENTACIONES EN EL ESPACIO PARA LA DETECCIÓN DE NEUMONÍA USANDO UN ENFOQUE PROFUNDO VARIACIONAL**

Este proyecto de investigación propone una técnica de detección de anomalías, implementando un codificador automático variacional, que permite la caracterización de patrones pulmonares en un espacio latente. Las etapas del proceso se encuentran ilustradas en la figura 22. Inicialmente se recolectaron un conjunto de estudios de tomografías, sobre los cuales, expertos radiólogos determinaron las imágenes que contienen los hallazgos más significativos. Estas imágenes se usaron para entrenar el modelo variacional, bajo un esquema no supervisado. Este esquema logra producir embebidos que contienen las representaciones latentes, que pueden ser usados como descriptores de patrones pulmonares y seguir una discriminación entre tipos de neumonía y COVID-19.



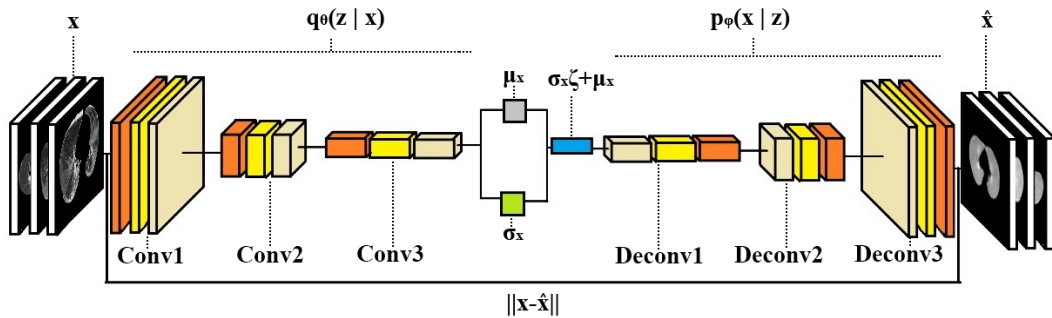
**Figura 22.** Diagrama de etapas para la identificación de anomalías con VAE y LDA. Al entrenar un VAE con todos los grupos de datos se puede evidenciar una separación clara entre las distintas anomalías

#### 4.1. Arquitectura Variacional para la Representación de Patrones Pulmonares

En este trabajo se adoptó una arquitectura profunda de tipo *codificador-decodificador*, para aprender un conjunto de secuencias de CT ( $\mathbf{x}$ ), compuesto por  $N$  muestras ( $\mathbf{x} = \{x^{(i)}\}_{i=1}^N$ ), bajo una tarea de reconstrucción. Así, la representación profunda puede aprender descriptores complejos, compactos y en una baja dimensión, sin el requerimiento de reglas de discriminación que puedan sesgar la representación. Además, estos descriptores pueden ser usados para encontrar fronteras que indiquen hallazgos radiológicos asociados con cierta deficiencia pulmonar, y puede

evidenciar hallazgos que no son fácilmente encontrados por expertos radiólogos, durante una observación típica.

Teniendo en cuenta el objetivo de producir estos descriptores latentes, en este espacio se adoptó un modelo de codificación automática variacional (VAE), que codifica un vector latente, asumiendo que los datos son generados de un proceso aleatorio. Un esquema general del codificador automático variacional implementado, se ilustra en la figura 23, en la cual se actúa en conjunción con modelos probabilísticos para establecer distribuciones de datos y su reconstrucción a partir de estos <sup>60</sup>. En cuanto al componente codificador se ajusta una representación latente  $p_\theta(z)$ , a través de capas convolucionales, y sintetizando la distribución de probabilidad  $p_\theta(x|z)$ , para cada píxel de la imagen, en este caso  $x$  es la representación original de la imagen y  $z$  representa un vector latente aleatorio. En cuanto al decodificador, se genera una reconstrucción  $\hat{x}$  desde la representación latente, usando un esquema de deconvolución.



**Figura 23.** Arquitectura propuesta. Con base en el modelo variacional propuesto por Kingma se diseñó esta red simple para organizar datos en distribuciones normales.

La representación latente es una matriz embebida en un espacio euclidiano de alta dimensión, la cual está compuesta por los valores de probabilidad de un dato puntual, es decir, la probabilidad dada del valor de cada píxel de la imagen, dados por la media y varianza aprendidos del codificador. Particularmente, el espacio latente se compone de un conjunto de variables aleatorias  $z$ , calculadas desde una distribución  $p_\theta$ , siguiendo un proceso variacional que consiste de dos etapas:

- 1. Un valor  $z^{(i)}$  es generado a partir de una distribución a priori  $p_\theta(z)$ . Este valor se genera

a partir del muestreo de  $\mu_x + \sigma_x$  mediante un factor de reparametrización aleatorio  $\zeta$  de manera que  $z = \mu_x + \zeta\sigma_x$ , lo que permite que la red pueda propagar el error hacia atrás para optimizar sus parámetros  $\theta$ .

- **2.** Un valor  $x^{(i)}$  es generado a partir de una distribución condicional  $p_\theta(x|z)$

Entonces, la arquitectura se ajusta para aprender a modelar la distribución condicional  $p_\theta(x|z)$ , mientras a su vez, se genera una reconstrucción  $\hat{\mathbf{x}}$  de los cortes CT. El modelo se ajusta, minimizando el modelo de reconstrucción  $\|X - \hat{X}\|$ , así como también respecto a la divergencia Kullback-Leibler:  $\mathbb{KL}(q_\theta(z | x_i) || p(z))$ . Es así, que el modelo aprende desde datos de alta dimensión  $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{W \times H}$  y reconstruye su ubicación  $z$  en la distribución  $p_\theta(z)$ .

El entrenamiento del modelo está basado en la hipótesis de que cada clase de imágenes posee características propias compartidas entre todas las imágenes de la clase. Asimismo el codificador automático variacional es capaz de reconstruir cada imagen, pero las distribuciones en el espacio latente están claramente definidas y separadas, de manera que se notan diferencias claves entre clases.

Para validar lo anterior, se optimiza el entrenamiento de la red con un término de reparametrización: la verosimilitud logarítmica negativa, la cual está dada por

$$l_i(\theta, \phi) = -\mathbb{E}_{z \sim q_\theta(z|x_i)}[\log p_\phi(x_i | z)]$$

La evaluación del modelo en la fase de pruebas se realiza combinando el parámetro de verosimilitud logarítmica negativa ilustrado anteriormente y la divergencia Kullback-Leibler. Para el puntaje total se saca un promedio de los límites inferiores calculados sobre cada imagen y su reconstrucción, y finalmente se propaga el error resultante en reversa a través de la red.

Una vez obtenida la representación latente, estos descriptores pueden ser usados para establecer si existen o no relaciones entre las diferencias de cada enfermedad y sus patrones anómalos. En este caso particular se busca modelar distintas distribuciones generales de los datos a partir de tres conjuntos de datos diferentes e identificar si estas distribuciones están correlacionadas fuertemente a cada clase. La complejidad de la cuantificación de estas propiedades es muy alta,

por lo cual para lidiar con esta tarea fue implementada una arquitectura similarmente compleja pero con configuración simple.

## 4.2. Reducción de Dimensionalidad de Representaciones Latentes

Una vez entrenada la arquitectura variacional, tanto las muestras de entrenamiento como las de prueba son procesadas por la arquitectura para obtener su correspondiente descriptor latente. Es decir, en esta fase cada imagen tendrá su correspondiente vector latente, que representa su vector en baja dimensión. Con los vectores latentes que corresponden a los dos conjuntos tanto de entrenamiento como pruebas se implementa y ajusta un método de reducción de dimensionalidad.

En este caso particular se implementó el análisis discriminante lineal.

Desde el análisis discriminante lineal (LDA) multi-clase se parte de la suposición que cada clase  $C$  posee una media  $\mu_i$  y la misma covarianza  $\sigma$ . A partir de esto se busca encontrar un subespacio el cual contiene la variabilidad de las clases. La dispersión entre la variabilidad de las clases se denota de la siguiente manera:

$$\sigma_b = \frac{1}{C} \sum_{i=1}^C (\mu_i - \mu)(\mu_i - \mu)^T$$

De esta manera al analizar los embebidos de tamaño 512 y 2048 unidades obtenemos embebidos de 2 unidades. Por último se realiza una regresión logística multinomial <sup>82</sup> con los embebidos reducidos.

## 4.3. Conjunto de datos

El trabajo propuesto fue validado con un conjunto de cortes CT previamente seleccionados por las expertas como imágenes con hallazgos radiológicos predominantes. Es decir, del total de datos inicialmente se realizó una selección de los cortes más predominantes para el estudio.

---

<sup>82</sup> William H Greene. *Econometric Analysis PDF eBook: Global Edition*. 2014, págs. 803-306.

En total, en este trabajo se trataron 996 pacientes pertenecientes a tres grupos, 579 pertenecientes a control, 175 a neumonía ocasionada por COVID-19, y 242 a neumonías típicas. Cabe destacar que este conjunto de datos posee un carácter desbalanceado, por lo cual la aproximación no etiquetada a partir del codificador automático variacional resulta ideal. Cada volumen contiene entre 30 y 80 cortes, entre los cuales dos radiólogas seleccionaron y etiquetaron 4666 con las enfermedades y anotaciones especiales pertenecientes a hallazgos radiológicos. En la tabla 1 se resume la distribución de los datos para entrenamiento y pruebas.

Los cortes son originalmente de un tamaño de 512x512 píxeles, a cada uno se le realizó y aplicó una máscara manualmente para eliminar datos irrelevantes, como son otros órganos y tejidos sin relación a los pulmones, y por último se redujeron a una cuarta parte de su tamaño original (256x256 píxeles) mediante reducción de escala del vecino más cercano <sup>83</sup>.

En las imágenes de COVID-19 y neumonías se encuentran presentes los conjuntos de patrones visuales representativos de las enfermedades respectivas, y en las imágenes del grupo control estos anomalías no están presentes. El conjunto de datos tratados se organizó de la siguiente manera:

	Control	COVID-19	Neumonías Típicas
Entrenamiento	2343	963	383
Pruebas	694	208	75
<b>Total</b>	<b>3037</b>	<b>1171</b>	<b>458</b>

**Tabla 1.** Distribución del conjunto de datos. Se organizó proporcionalmente la cantidad de cortes destinados a entrenamiento y a pruebas para balancear el aprendizaje del codificador automático variacional

#### 4.4. Configuración de la estrategia

El esquema variacional es entrenado con todos los datos sin etiquetar, teniendo solo en cuenta el error de reconstrucción y el modelado de la distribución de la que se hipotetiza que vienen los datos. El codificador automático variacional se configuró mediante un estudio manual de

---

<sup>83</sup> *Nearest Neighbor Image Scaling*. 2007.

combinación de parámetros. Los parámetros están definidos como un total de 31 capas, 7 de ellas convolucionales, regularizadores l1 y l2, activaciones neurales GELU, optimizador Adam con valor de  $1 \times 10^{-4}$  en tasa de aprendizaje, 120 iteraciones de entrenamiento, un tamaño de lotes de 32, dimensión del espacio latente de 512 y de 2048, y pesos iniciales aleatorios a través de las dos subredes. Al finalizar la etapa de entrenamiento se extrajeron los vectores embebidos de las representaciones en el espacio latente generados por el esquema, y con estos se realizó la tarea de clasificación. Cada vector tiene una dimensión de 512 valores escalares.

Una vez obtenidos los embebidos, los cuales en su forma original de alta dimensión son clasificados con una red *softmax* simple entre las tres clases, luego reducidos mediante un análisis discriminante lineal a un espacio bidimensional, y nuevamente clasificados con la red *softmax*, para comparar el efecto de la extracción de características. La clasificación mediante *softmax* permite una discriminación lineal, lo cual es de principal interés en este trabajo para exponer espacios embebidos, cuya discriminación es lineal. Ya que para usar *LDA* se necesitan las etiquetas de los datos, se usaron dos modalidades de división de los datos: multi-clase y binaria. En la modalidad multi-clase se usaron los tres grupos originales, mientras que en la binaria los grupos de COVID-19 y neumonías típicas fueron acogidos por una sola clase, la clase anómala. Se usaron parámetros predeterminados en el algoritmo *LDA*.

## 5. EVALUACIÓN Y RESULTADOS

A continuación se muestran los resultados obtenidos por la metodología propuesta. El experimento inicial consiste de dos etapas de ablación. Es de sumo interés aclarar el uso de muestras de todas las clases en la etapa de entrenamiento para que el modelo aprenda una representación multi-clase con los datos, y luego establezca diferencias marcadas entre cada clase.

En la primera etapa de evaluación se realizó un estudio de parámetros, considerando modelos variacionales con distintas configuraciones. En este caso se contemplaron diferentes capas convolucionales. El modelo 1 está compuesto por 1 sola capa convolucional que a su vez contiene 256 filtros. El modelo 2 está constituido por 3 capas convolucionales cada una con 128, 256, y 256 filtros, respectivamente. El modelo 3 está formado por 6 capas; la primera con 64 filtros, el siguiente par con 128 filtros, el par que le sigue a este con 256 filtros, y una última capa con 512 filtros. En la tabla 2 se resumen los resultados obtenidos con respecto a las métricas de exactitud, precisión, sensibilidad, y valor del F1-score. En este caso cabe destacar el comportamiento del modelo 2, el cual logra el mejor balance entre los resultados y el número de parámetros requeridos para su entrenamiento. Es por ello, que esta configuración se seleccionó para la segunda etapa y experimentos posteriores. Para este modelo se obtuvo una exactitud del 81.17%, una precisión del 79.68%, una tasa de verdaderos positivos del 81%, y un valor F1-score del 80.28%.

Modelo	Configuración de la Red	Exactitud	Precisión	Sensibilidad	F1
Modelo 1	1 Capa (256)	0.7625	0.7089	0.7625	0.7314
Modelo 2	3 Capas (128, 256, 256)	0.8117	0.7968	0.8117	0.8028
Modelo 3	6 Capas (64, 128, 128, 256, 256, 512)	0.8096	0.8005	0.8096	0.8047

**Tabla 2.** Evaluación de la red en distintas configuraciones. Se evidencia que la mejor configuración para la red es una simple, cuyas capas tengan una cantidad moderada de filtros.

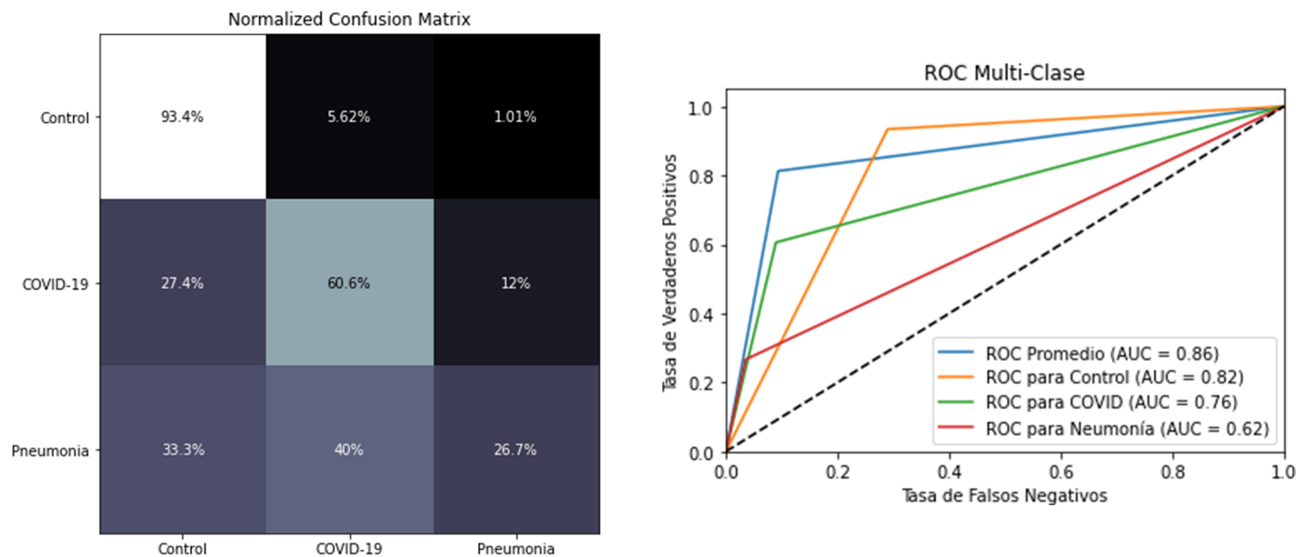
En la segunda etapa de evaluación se realizó un estudio de parámetros adicional, esta vez para el tamaño de valores del vector embebido. Fueron considerados cuatro tamaños a manera general

para estimar el rango aproximado de valores en los cuales se almacena información significativa en el vector. Los resultados de esta etapa se pueden observar en la tabla 3. Se percibe 512 como el tamaño más apropiado para almacenar características significativas en los vectores latentes, ya que al evaluarse sobre este se obtiene mayor puntuación en las métricas definidas.

Tamaño de Embebido	Exactitud	Precisión	Sensibilidad	F1
64	0.7615	0.7535	0.7615	0.7569
128	0.8127	0.7846	0.8127	0.7913
512	0.8117	0.7968	0.8117	0.8028
2048	0.7451	0.7539	0.7451	0.7491

**Tabla 3.** Modelo evaluado en distintos tamaños del vector embebido. Se notan valores máximos cuando el embebido es de tamaño 512, los cuales empiezan a decaer a un mayor tamaño.

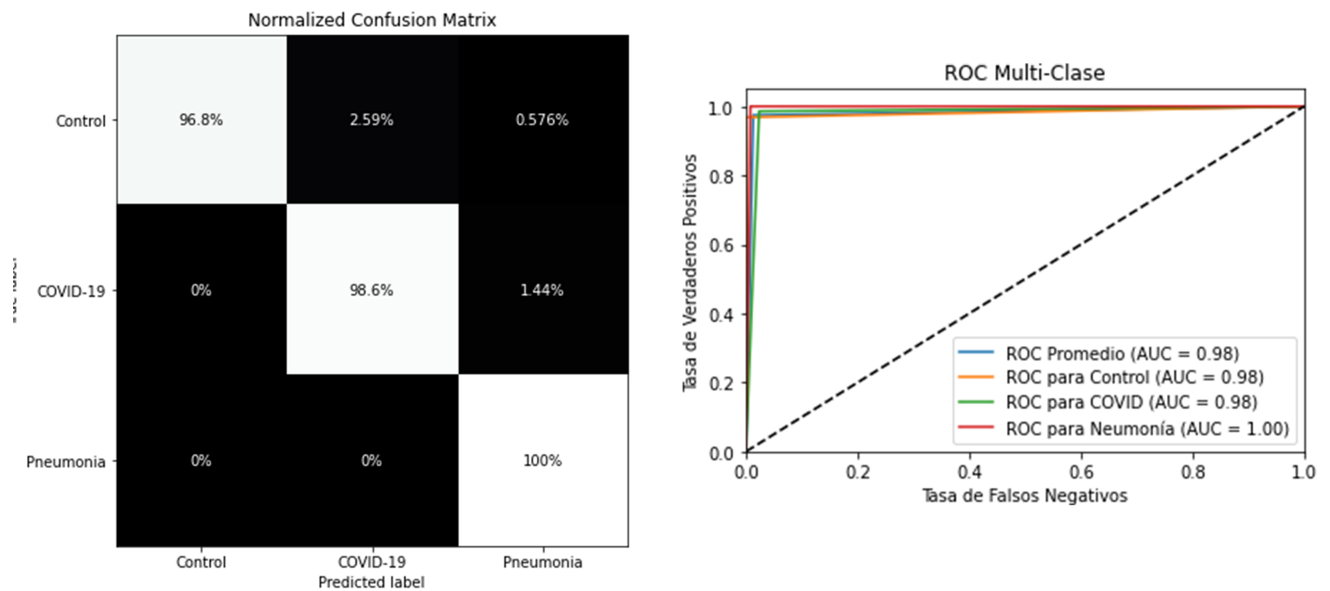
Los resultados de clasificación obtenidos fueron a su vez sintetizados en matrices de confusión, y un estudio del análisis de la curva ROC, ilustrado en la figura 24. Previos a la reducción, de la totalidad de los vectores tipo control extraídos un 93 % fueron correctamente clasificados. Asimismo un 60.6 % de los vectores tipo COVID-19 fueron correctamente clasificados, y un 26.6 % de los vectores tipo neumonía fueron correctamente clasificados. En este caso se puede evidenciar, que la arquitectura ajustada y los resultantes vectores embebidos son capaces de discriminar entre control y alguna patología asociada a patrones de neumonía (COVID-19 o neumonía). En un análisis más preciso se llevó a cabo el procedimiento de la curva ROC, la cual detalla el comportamiento de la arquitectura a través de su aprendizaje.



**Figura 24.** Matriz de confusión y curva ROC sobre la clasificación de los embebidos.

Se nota una tasa de falsos negativos particularmente alta, y la incapacidad del esquema de diferenciar entre COVID-19 y neumonías típicas. En la curva ROC se exhibe un área bajo la curva promedio del 86%. Sin embargo, también cabe destacar un bajo comportamiento para los patrones asociados a la neumonía. Esta evaluación y descriptores fueron realizados sobre los embebidos crudos, extraídos de la arquitectura variacional, sin ningún tipo de ajuste o conocimiento de la clase. En este sentido es entendible su baja sensibilidad entre clases, además que muchos valores estimados en el vector embebido pueden compartirse entre clases, dificultando la discriminación.

Es así, que entonces se decidió hacer una reducción de dimensionalidad de los embebidos guiados por las clases correspondientes en cada estudio. Para ello, se utilizó un análisis de discriminación lineal. Al realizar la clasificación usando esta reducción dimensional se obtuvo una clasificación correcta del 96.8% (672) de los pacientes pertenecientes control fueron correctamente clasificados, y un 98.6% (205) y 100% (75) de los pacientes COVID-19 y neumonía respectivos fueron clasificados como tal. En la figura 25 se detallan los resultados.

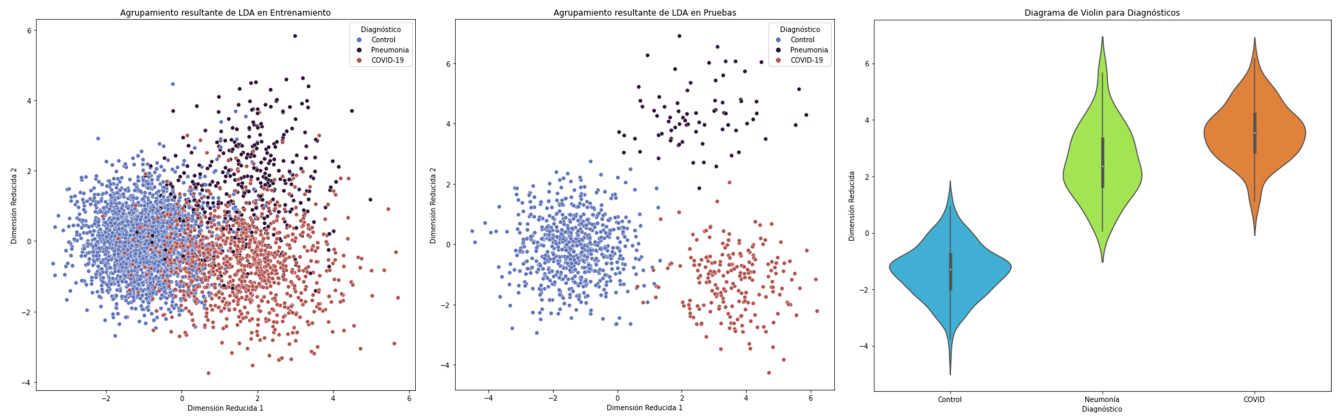


**Figura 25.** Matriz de confusión y curva ROC del entrenamiento de la arquitectura propuesta con embebidos de tamaño reducido.

Se puede evidenciar una tasa de falsos negativos y falsos positivos idónea y un ROC promedio de 98 %, lo que indica una validación mucho más precisa que la anterior, con precisión y sensibilidad competentes. Esto es un gran avance en la clasificación, tal que los falsos negativos son inexistentes, y los falsos positivos son mínimos. Esta clasificación destaca mayormente en comparación con la anterior debido a la separación de características latentes realizada por el análisis discriminante, ya que este utilizando las etiquetas de los datos identifica un comportamiento general entre cada grupo y realiza una segmentación de los datos mediante la reducción y simplificación de características desde el espacio latente. También cabe resaltar la naturaleza fuertemente desbalanceada de los datos del estudio, lo cual hace más desafiante el proceso de aprendizaje y discriminación.

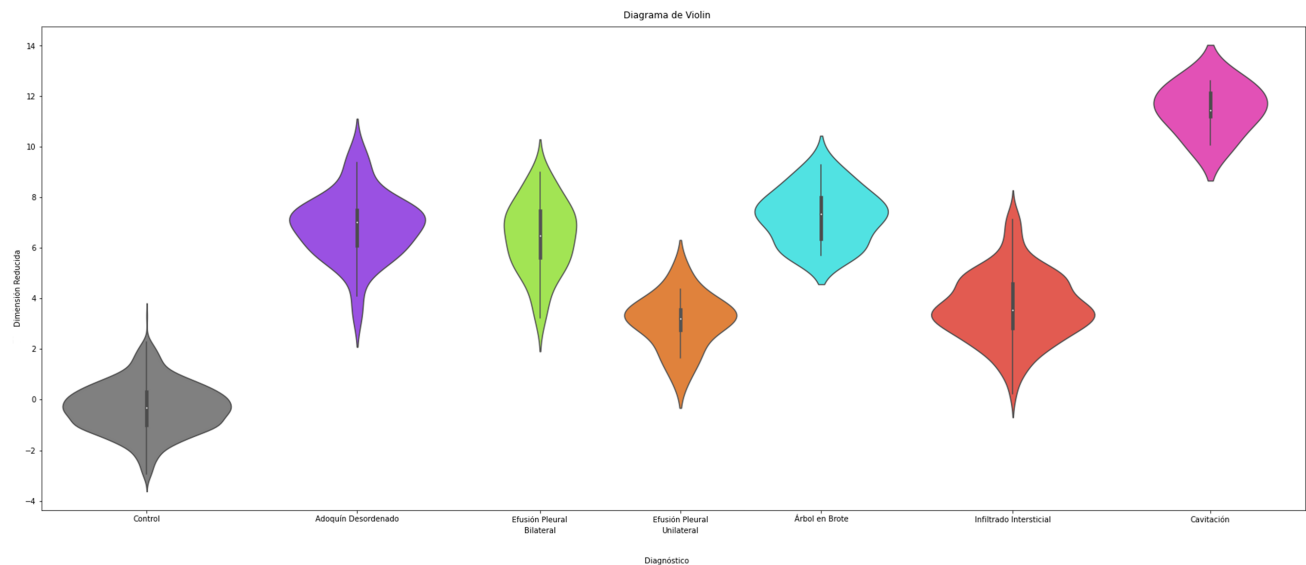
En los diagramas presentados en la figura 26 se representa detalladamente el modelado de la población de los embebidos reducidos con análisis lineal discriminante. En este caso el diagrama en la izquierda muestra la distribución de los vectores embebidos, en baja dimensionalidad, para las tres clases en entrenamiento. El diagrama en el centro muestra la distribución de los

vectores embebidos en el conjunto de pruebas. En el diagrama de violín de la derecha se resumen las poblaciones de las tres muestras, mostrando un alto nivel de discriminación en la distancia donde subyace el principal eje de reducción



**Figura 26.** Diagramas de dispersión y de violín de los embebidos reducidos. En estos diagramas se pueden visualizar las distribuciones y características de las poblaciones modeladas.

En un experimento adicional se redujeron los embebidos con base a algunas de las anotaciones extras hechas sobre los hallazgos imagenológicos hechos por los expertos. En la figura 27 se condensan los resultados obtenidos para los diferentes hallazgos radiológicos y la capacidad de la metodología propuesta para discriminar entre ellos.



**Figura 27.** Diagrama de dispersión de embebidos reducidos con análisis discriminante lineal para control, adoquín desordenado, efusión pleural, árbol en brote, infiltrado intersticial, y cavitación en orden respectivo.

Las características que poseen estos patrones siguen un patrón gaussiano (en el caso de control, adoquín desordenado, efusión pleural, y cavitación) y un patrón bimodal (árbol en brote, infiltrado intersticial). Se puede observar también la ubicación única de las distribuciones tipo control y cavitación, y la clara diferencia entre efusión pleural unilateral y bilateral. Se puede notar que los patrones de adoquín desordenado, efusión pleural, árbol en brote y filtrado intersticial comparten un rango de valores; esto es debido a que en varias muestras del conjunto de datos se encuentran múltiples combinaciones entre estas patologías.

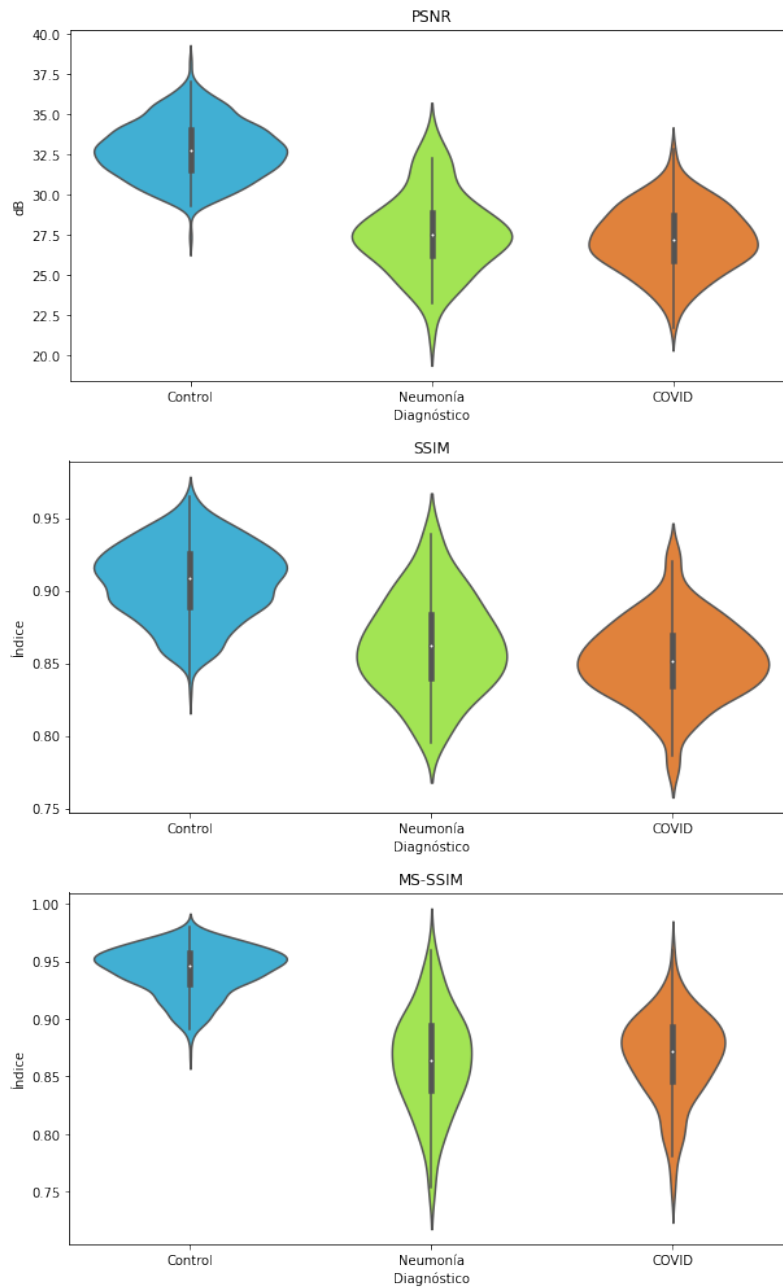
A continuación en la figura 4 se enuncian los valores obtenidos para las métricas de reconstrucción con base a los vectores embebidos producidos por la arquitectura propuesta. La cuantificación de estos valores es de suma importancia para el trabajo, debido a que demuestra la capacidad de asimilación a los datos originales de la arquitectura. En la siguiente tabla se ilustran los resultados para entrenamiento y pruebas. El valor promedio del índice de PSNR se encuentra en alrededor de  $31dB$ . Valores PSNR típicamente aceptables en imágenes de 8 bits se encuentran en el rango de  $30dB$  y  $50dB$ , donde un mayor valor indica una mejor calidad. Los

valores de similitud estructural se encuentran tanto en entrenamiento como pruebas en alrededor del 89 %, lo cual indica una calidad de reconstrucción sobresaliente. En cuanto a la similitud estructural multi-escala los resultados mejoran un poco, estos estando en alrededor del 91 % y 92 % en entrenamiento y pruebas respectivamente.

	PSNR	SSIM	MS-SSIM
Entrenamiento	31.0887	0.8913	0.9191
Pruebas	31.2158	0.8916	0.9201

**Tabla 4.** Resultados Evaluados en PSNR, SSIM y MS-SSIM

Con el propósito de visualizar a profundidad, en la figura 28 se ilustran los diagramas de violín para cada métrica de error de reconstrucción respectiva.



**Figura 28.** Diagrama de violín del error de reconstrucción en las distintas métricas para los embebidos. Se puede notar un índice de reconstrucción mayor al 75 % en la mayoría de la población.

Es claro en las tres métricas que las muestras de clase control mantienen una calidad de reconstrucción superior a las otras clases; en PSNR su valor se encuentra entre  $26dB$  y  $40dB$ , en SSIM

cuenta con un índice entre 82 % y 100 %, y en MS-SSIM entre 85 % y 100 %, de una manera más condensada.

## 6. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

En este trabajo se exploró una arquitectura variacional de aprendizaje profunda en conjunción con análisis discriminante lineal, dentro de un marco de detección de anomalías, para la síntesis y caracterización de patrones ocultos dicentes de síntomas causados por COVID-19 y neumonías típicas en los pulmones. El método presentado evidenció la reducción y clasificación competente de patrones ocultos relacionados a las enfermedades. No obstante se pudo denotar la dependencia del esquema propuesto del etiquetado de los datos previamente a su clasificación. El esquema propuesto toma como base un modelo de aprendizaje profundo de codificación automática en conjunción con modelos probabilísticos. Lo anterior permitió la inferencia del modelado de una población general robusta a partir de pocos datos puntuales.

Al explorar distintas combinaciones de capas en la red para maximizar su eficiencia y exactitud se encontró que la combinación apropiada corresponde a una red con pocas capas y gran cantidad de filtros. Se utilizaron tres técnicas para combatir los problemas de sobre-ajuste, desvanecimiento y explosión de gradiente: capas de descarte, capas de normalización por lotes, y activaciones neuronales con *GELU* (Unidades de Error Lineal Gaussianas). Adicionalmente se recalca que el cálculo del error del esquema propuesto está compuesto por dos términos: el término de regularización y el término de reconstrucción, cada uno con un peso correspondiente. Si se le da mayor importancia al término de reconstrucción la predicción correspondiente a cada imagen será más precisa, pero esto no quiere decir que la extracción de características mejore. Sin embargo, si se le da una mayor importancia al término de regularización, el esquema tratará de esparcir y diluir las características latentes, con el objetivo de acercar sus distribuciones correspondientes lo mayor posible a una distribución normal estándar. Por lo dicho anteriormente se debe explorar un balance entre los dos términos para obtener la caracterización óptima.

Este trabajo demuestra que los codificadores automáticos variacionales posan como una alternativa viable a métodos convencionales de clasificación con inteligencia profunda convolucional, con una implementación como herramienta de soporte en el pronóstico y seguimiento de la

enfermedad. En los trabajos a futuro se puede incorporar la clasificación e identificación de patrones asociados con las distintas neumonías. También usar métodos de reducción de dimensionalidad no lineales y codificadores automáticos variacionales condicionales y de información. Como perspectivas de este trabajo se espera poder hacer un ajuste y validación en otros tipos de neumonía, que hoy en día siguen siendo relevantes para el soporte y atención clínica. Además con base en los resultados obtenidos se explorarán nuevas alternativas no supervisadas que permitan mayor sensibilización entre patologías que comparten hallazgos radiológicos.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abdulrazeq, Hael F. y col. “Vertebral artery aneurysm rupture and hemothorax in a patient with neurofibromatosis Type-1: A case report and review of the literature”. En: *Helijon* 5.8 (2019), e02201. DOI: 10.1016/j.helijon.2019.e02201 (vid. pág. 20).
- Alom, Md Zahangir y col. *COVID-MTNet: COVID-19 Detection with Multi-Task Deep Learning Approaches*. 2020. DOI: 10.48550/ARXIV.2004.03747 (vid. pág. 40).
- An, Jinwon y Sungzoon Cho. “Variational autoencoder based anomaly detection using reconstruction probability”. En: *Special Lecture on IE* 2.1 (2015), págs. 1-18 (vid. pág. 36).
- Arakawa, Hiroaki y Koichi Honma. “Honeycomb Lung: History and Current Concepts”. En: *American Journal of Roentgenology* 196.4 (2011), págs. 773-782. DOI: 10.2214/ajr.10.4873 (vid. pág. 23).
- Bernheim, Adam y col. “Chest CT Findings in Coronavirus Disease-19 (COVID-19): Relationship to Duration of Infection”. En: *Radiology* 295.3 (2020), pág. 200463. DOI: 10.1148/radiol.2020200463 (vid. pág. 30).
- Bhandary, Abhir y col. “Deep-learning framework to detect lung abnormality A study with chest X-Ray and lung CT scan images”. En: *Pattern Recognition Letters* 129 (2020), págs. 271-278. DOI: 10.1016/j.patrec.2019.11.013 (vid. pág. 14).
- Büyüköztürk, Şener y Ömay Çokluk-Bökeoğlu. “Discriminant function analysis: Concept and application”. En: *Eurasian J Educ Res* 33 (2008), págs. 73-92 (vid. pág. 38).

- Cantin, Luce, Alexander A. Bankier y Ronald L. Eisenberg. “Multiple Cystlike Lung Lesions in the Adult”. En: *American Journal of Roentgenology* 194.1 (2010), W1-W11. DOI: 10.2214/ajr.09.3540 (vid. pág. 24).
- Chaganti, Shikha y col. “Automated Quantification of CT Patterns Associated with COVID-19 from Chest CT”. En: *Radiology: Artificial Intelligence* 2.4 (2020), e200048. DOI: 10.1148/ryai.2020200048 (vid. pág. 39).
- Chandola, Varun, Arindam Banerjee y Vipin Kumar. “Anomaly detection”. En: *ACM Computing Surveys* 41.3 (2009), págs. 1-58. DOI: 10.1145/1541880.1541882 (vid. pág. 35).
- Chopra, Amit y col. “Assessment of Mediastinal Lymph Node Size in Pneumococcal Pneumonia with Bacteremia”. En: *Lung* 196.1 (2017), págs. 43-48. DOI: 10.1007/s00408-017-0071-9 (vid. pág. 27).
- Clinical Characteristics of COVID-19*. 2021 (vid. pág. 12).
- Cohen, Patricia, Stephen G West y Leona S Aiken. *Applied multiple regression/correlation analysis for the behavioral sciences*. Psychology press, 2014 (vid. pág. 37).
- Collins, J. y E.J. Stern. *Chest Radiology: The Essentials*. Wolters Kluwer Health, 2012, págs. 34,35 (vid. pág. 19).
- Davidoff, Ashley. *Signs and Findings in Interstitial Disease* (vid. pág. 19).
- Ding, Chris y col. “Adaptive dimension reduction for clustering high dimensional data”. En: *2002 IEEE International Conference on Data Mining, 2002. Proceedings*. IEEE. 2002, págs. 147-154 (vid. pág. 37).

- El-Sherief, Ahmed H. y col. "Clear Vision Through the Haze: A Practical Approach to Ground-Glass Opacity". En: *Current Problems in Diagnostic Radiology* 43.3 (2014), págs. 140-158. DOI: 10.1067/j.cpradiol.2014.01.004 (vid. pág. 16).
- Francisco, Flavia Angélica Ferreira y col. "Multiple cystic lung disease". En: *European Respiratory Review* 24.138 (2015), págs. 552-564. DOI: 10.1183/16000617.0046-2015 (vid. pág. 29).
- Franquet, T. "Imaging of pneumonia: trends and algorithms". En: *European Respiratory Journal* 18.1 (2001), págs. 196-208. eprint: <https://erj.ersjournals.com/content/18/1/196.full.pdf> (vid. págs. 13, 16).
- Fretz, G., M. Krause y R. Thurnheer. "Chronic lymphocytic leukaemia, dyspnoea and "tree-in-bud" sign on chest CT scan". En: *Case Reports* 2009.aug18 1 (2009). DOI: 10.1136/bcr.03.2009.1672 (vid. pág. 19).
- Galagan, KA y col. "Color atlas of body fluids". En: *An Illustrated* 3 (2006), págs. 132-3 (vid. pág. 20).
- Goodfellow, Ian y col. *Deep Learning*. MIT Press Ltd, nov. de 2016. 800 págs. (vid. pág. 32).
- Grant, Michael C. y col. "The prevalence of symptoms in 24,410 adults infected by the novel coronavirus (SARS-CoV-2 COVID-19): A systematic review and meta-analysis of 148 studies from 9 countries". En: *PLOS ONE* 15.6 (2020). Ed. por Jennifer A. Hirst, e0234765. DOI: 10.1371/journal.pone.0234765 (vid. pág. 12).
- Greene, William H. *Econometric Analysis PDF eBook: Global Edition*. 2014, págs. 803-306 (vid. pág. 47).

- Guan, Wei jie y col. “Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China”. En: *New England Journal of Medicine* 382.18 (2020), págs. 1708-1720. DOI: 10.1056/nejmoa2002032 (vid. pág. 30).
- He, Xuehai y col. “Sample-Efficient Deep Learning for COVID-19 Diagnosis Based on CT Scans”. En: (2020). DOI: 10.1101/2020.04.13.20063941 (vid. pág. 39).
- Interim Clinical Guidance for Management of Patients with Confirmed Coronavirus Disease (COVID-19)*. 2021 (vid. pág. 12).
- Jayakrishnan, B. y Omar A. Al-Rawas. “Peripheral Rim Enhancement in Tuberculous Mediastinal Lymph Nodes”. En: *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 81.4 (2009), págs. 548-548. DOI: 10.4269/ajtmh.2009.09-0311 (vid. pág. 27).
- José, Ricardo J y Jeremy S Brown. “Bronchiectasis”. En: *British Journal of Hospital Medicine* 75.Sup10 (2014), págs. C146-C151. DOI: 10.12968/hmed.2014.75.sup10.c146 (vid. pág. 22).
- Jude, Cecilia M. y col. “Pulmonary Coccidioidomycosis: Pictorial Review of Chest Radiographic and CT Findings”. En: *RadioGraphics* 34.4 (2014), págs. 912-925. DOI: 10.1148/rg.344130134 (vid. pág. 25).
- Kanne, Jeffrey P. y col. “COVID-19 Imaging: What We Know Now and What Remains Unknown”. En: *Radiology* 299.3 (2021), E262-E279. DOI: 10.1148/radiol.2021204522 (vid. págs. 29, 30).
- Kingma, Diederik P y Max Welling. “Auto-Encoding Variational Bayes”. En: (dic. de 2013). arXiv: 1312.6114 [stat.ML] (vid. págs. 34, 45).

- Klecka, William R, Gudmund R Iversen y William R Klecka. *Discriminant analysis*. Vol. 19. Sage, 1980 (vid. pág. 38).
- Kumar, Anupam y col. “Diagnostic approach to the adult with cystic lung disease”. En: () (vid. pág. 29).
- Labarca, Gonzalo y col. “A Case of Interstitial Lung Disease With Apical Pleural Thickening: Idiopathic Pleuroparenchymal Fibroelastosis”. En: *Archivos de Bronconeumología (English Edition)* 50.1 (2014), págs. 48-49. DOI: 10.1016/j.arbr.2013.12.004 (vid. pág. 26).
- Lachenbruch, Peter A y Matthew Goldstein. “Discriminant analysis”. En: *Biometrics* (1979), págs. 69-85 (vid. pág. 38).
- Li, Yan y Liming Xia. “Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): Role of Chest CT in Diagnosis and Management”. En: *American Journal of Roentgenology* 214.6 (2020), págs. 1280-1286. DOI: 10.2214/ajr.20.22954 (vid. pág. 13).
- Ma, Jiechao y col. “Survey on deep learning for pulmonary medical imaging”. En: *Frontiers of Medicine* 14.4 (2019), págs. 450-469. DOI: 10.1007/s11684-019-0726-4 (vid. pág. 13).
- Maaten, Laurens Van der y Geoffrey Hinton. “Visualizing data using t-SNE.” En: *Journal of machine learning research* 9.11 (2008) (vid. pág. 37).
- Mader, Christoph y col. “Quantification of COVID-19 Opacities on Chest CT – Evaluation of a Fully Automatic AI-approach to Noninvasively Differentiate Critical Versus Noncritical Patients”. En: *Academic Radiology* 28.8 (2021), págs. 1048-1057. DOI: 10.1016/j.acra.2021.03.001 (vid. pág. 39).

- Maghdid, Halgurd S. y col. “Diagnosing COVID-19 Pneumonia from X-Ray and CT Images using Deep Learning and Transfer Learning Algorithms”. En: (mar. de 2020). arXiv: 2004.00038 [eess.IV] (vid. pág. 39).
- Manigandan, S. y col. “A systematic review on recent trends in transmission, diagnosis, prevention and imaging features of COVID-19”. En: *Process Biochemistry* 98 (2020), págs. 233-240. DOI: 10.1016/j.procbio.2020.08.016 (vid. pág. 12).
- Manthri, Sukesh y col. “Acute Pericarditis as a Presentation of Adrenal Insufficiency”. En: *Cureus* (2018). DOI: 10.7759/cureus.2474 (vid. pág. 28).
- Martinez, A.M. y A.C. Kak. “PCA versus LDA”. En: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 23.2 (2001), págs. 228-233. DOI: 10.1109/34.908974 (vid. pág. 38).
- Matos, Marina Justi Rosa de y col. “Differential diagnoses of acute ground-glass opacity in chest computed tomography: pictorial essay”. En: *Einstein (São Paulo)* 19 (2021). DOI: 10.31744/einstein\_journal/2021rw5772 (vid. pág. 16).
- McBrien, Claire y col. “Recurrent pneumothoraces in a 17-year-old man with mixed connective tissue disease”. En: *Thorax* 69.7 (2014), págs. 685-686. DOI: 10.1136/thoraxjnl-2013-203584 (vid. pág. 27).
- Metlay, J. P. “Does this patient have community-acquired pneumonia? Diagnosing pneumonia by history and physical examination”. En: *JAMA: The Journal of the American Medical Association* 278.17 (1997), págs. 1440-1445. DOI: 10.1001/jama.278.17.1440 (vid. pág. 17).
- Myers, Laura C. y col. “Characteristics of Hospitalized Adults With COVID-19 in an Integrated Health Care System in California”. En: *JAMA* 323.21 (2020), pág. 2195. DOI: 10.1001/jama.2020.7202 (vid. pág. 39).

Nambu, Atsushi. “Imaging of community-acquired pneumonia: Roles of imaging examinations, imaging diagnosis of specific pathogens and discrimination from noninfectious diseases”. En: *World Journal of Radiology* 6.10 (2014), pág. 779. DOI: 10.4329/wjr.v6.i10.779 (vid. pág. 16).

*Nearest Neighbor Image Scaling*. 2007 (vid. pág. 48).

Ng, Benjamin y col. “Interleukin-11 is a therapeutic target in idiopathic pulmonary fibrosis”. En: *Science Translational Medicine* 11.511 (2019). DOI: 10.1126/scitranslmed.aaw1237 (vid. pág. 22).

Ng, Ming-Yen y col. “Imaging Profile of the COVID-19 Infection: Radiologic Findings and Literature Review”. En: *Radiology: Cardiothoracic Imaging* 2.1 (2020), e200034. DOI: 10.1148/ryct.2020200034 (vid. pág. 30).

O'Donnell, Chris. *Lobar pneumonia - CT findings*. 2014. DOI: 10.53347/rid-32998 (vid. pág. 17).

Oelsner, Elizabeth C. y col. “Association Between Emphysema-like Lung on Cardiac Computed Tomography and Mortality in Persons Without Airflow Obstruction”. En: *Annals of Internal Medicine* 161.12 (2014), pág. 863. DOI: 10.7326/m13-2570 (vid. pág. 21).

Organization, World Health. *COVID-19 Dashboard*. <https://covid19.who.int>. Accessed: 15-08-2022. 2020 (vid. pág. 12).

Panwar, Harsh y col. “A deep learning and grad-CAM based color visualization approach for fast detection of COVID-19 cases using chest X-ray and CT-Scan images”. En: *Chaos, Solitons & Fractals* 140 (2020), pág. 110190. DOI: 10.1016/j.chaos.2020.110190 (vid. pág. 40).

- Pearson, Karl. “LIII. iOn lines and planes of closest fit to systems of points in space/i”. En: *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science* 2.11 (1901), págs. 559-572. DOI: 10.1080/14786440109462720 (vid. pág. 37).
- Peroni, DG y AL Boner. “Atelectasis: mechanisms, diagnosis and management”. En: *Paediatric respiratory reviews* 1.3 (2000), págs. 274-278 (vid. pág. 24).
- Pudil, Pavel y Jana Novovičová. “Novel Methods for Feature Subset Selection with Respect to Problem Knowledge”. En: *Feature Extraction, Construction and Selection*. Springer US, 1998, págs. 101-116. DOI: 10.1007/978-1-4615-5725-8\_7 (vid. pág. 37).
- Quarti, Andrea y col. “Pericardiectomy for Pleuropericardial Effusion Complicating Bacterial Pneumonia”. En: *Case Reports in Medicine* 2010 (2010), págs. 1-2. DOI: 10.1155/2010/715953 (vid. pág. 28).
- Rodríguez, Jefferson y col. “A COVID-19 Patient Severity Stratification Using a 3d Convolutional Strategy on CT-Scans”. En: *BIVLAB Biomedical Imaging, Vision and Learning Laboratory, Computer Engineering and Informatics School, Universidad Industrial de Santander* (2020) (vid. págs. 14, 40).
- Rossi, Santiago E. y col. ““Crazy-Paving” Pattern at Thin-Section CT of the Lungs: Radiologic-Pathologic Overview”. En: *RadioGraphics* 23.6 (2003), págs. 1509-1519. DOI: 10.1148/rg.236035101 (vid. pág. 18).
- Ruano, Jose y col. “Deep Learning Representations to Support COVID-19 Diagnosis over CT-Slices”. En: *BIVLAB Biomedical Imaging, Vision and Learning Laboratory, Computer Engineering and Informatics School, Universidad Industrial de Santander* (2020) (vid. pág. 14).

- Rumelhart, D. E., G. E. Hinton y R. J. Williams. “Learning Internal Representations by Error Propagation”. En: *Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition, Vol. 1: Foundations*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 1986, 318–362 (vid. pág. 31).
- Saito, Akira y col. “Pleural thickening on screening chest X-rays: a single institutional study”. En: *Respiratory Research* 20.1 (2019). DOI: 10.1186/s12931-019-1116-9 (vid. pág. 26).
- Salehi, Sana y col. “Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): A Systematic Review of Imaging Findings in 919 Patients”. En: *American Journal of Roentgenology* 215.1 (2020), págs. 87-93. DOI: 10.2214/ajr.20.23034 (vid. pág. 12).
- Selvaraj, Vijairam y Kwame Dapaah-Afriyie. “Lung cavitation due to COVID-19 pneumonia”. En: *BMJ Case Reports* 13.7 (2020), e237245. DOI: 10.1136/bcr-2020-237245 (vid. pág. 21).
- Sharma, Sat, Bruce Maycher y Gregg Eschun. “Radiological imaging in pneumonia: recent innovations”. En: *Current Opinion in Pulmonary Medicine* 13.3 (2007), págs. 159-169. DOI: 10.1097/mcp.0b013e3280f3bff4 (vid. pág. 13).
- Sheikh, Yusra y Ian Bickle. *Cystic bronchiectasis*. 2017. DOI: 10.53347/rid-50417 (vid. pág. 23).
- Shi, Heshui y col. “Radiological findings from 81 patients with COVID-19 pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study”. En: *The Lancet Infectious Diseases* 20.4 (2020), págs. 425-434. DOI: 10.1016/s1473-3099(20)30086-4 (vid. pág. 30).
- Skourt, Brahim Ait, Abdelhamid El Hassani y Aicha Majda. “Lung CT Image Segmentation Using Deep Neural Networks”. En: *Procedia Computer Science* 127 (2018), págs. 109-113. DOI: 10.1016/j.procs.2018.01.104 (vid. pág. 14).

- Snoeckx, Annemie y col. “Evaluation of the solitary pulmonary nodule: size matters, but do not ignore the power of morphology”. En: *Insights into Imaging* 9.1 (2017), págs. 73-86. DOI: 10.1007/s13244-017-0581-2 (vid. pág. 25).
- Soya, Elif y col. “Pixel-based analysis of pulmonary changes on CT lung images due to COVID-19 pneumonia”. En: *Cosmoderma* 12 (2022), pág. 6. DOI: 10.25259/jcis\_172\_2021 (vid. pág. 39).
- Taylor, C Robert. “Dynamic programming and the curses of dimensionality”. En: *Applications of dynamic programming to agricultural decision problems*. CRC Press, 2019, págs. 1-10 (vid. pág. 36).
- Tschopp, J-M. y col. “Management of spontaneous pneumothorax: state of the art”. En: *European Respiratory Journal* 28.3 (2006), págs. 637-650. DOI: 10.1183/09031936.06.00014206 (vid. pág. 27).
- Van Der Maaten, Laurens, Eric Postma, Jaap Van den Herik y col. “Dimensionality reduction: a comparative”. En: *J Mach Learn Res* 10.66-71 (2009), pág. 13 (vid. pág. 36).
- Villines, Zawn. *COPD and pneumonia: What is the connection?* 2022 (vid. pág. 21).
- Wang, Dawei y col. “Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China”. En: *JAMA* 323.11 (2020), pág. 1061. DOI: 10.1001/jama.2020.1585 (vid. pág. 30).
- Whang, Steven Euijong y Jae-Gil Lee. “Data collection and quality challenges for deep learning”. En: *Proceedings of the VLDB Endowment* 13.12 (2020), págs. 3429-3432. DOI: 10.14778/3415478.3415562 (vid. pág. 14).

Xu, Buyun y col. “Chest CT for Detecting COVID-19: A Systematic Review and Meta-Analysis of Diagnostic Accuracy”. En: *Research Square Platform* (2020). DOI: 10.21203/rs.3.rs-20481/v1 (vid. pág. 13).

Zelaya, Carlos Vladimiro Gonzalez. “Towards Explaining the Effects of Data Preprocessing on Machine Learning”. En: *2019 IEEE 35th International Conference on Data Engineering (ICDE)*. IEEE, 2019. DOI: 10.1109/icde.2019.00245 (vid. pág. 14).

Zhang, Linlin y col. “Significance of clinical phenomes of patients with COVID-19 infection: A learning from 3795 patients in 80 reports”. En: *Clinical and Translational Medicine* 10.1 (2020), págs. 28-35. DOI: 10.1002/ctm2.17 (vid. pág. 30).

## A. MÉTRICAS DE RECONSTRUCCIÓN

Las métricas usadas para evaluar el esquema propuesto en este proyecto y tener una representación más clara y mejor cuantificada de los resultados se describen a continuación. Se tienen en cuenta las siguientes métricas de similitud entre dos imágenes para evaluar la reconstrucción:

- **Proporción Máxima de Señal a Ruido (PSNR):** Es el término que define la relación entre el máximo poder posible de una señal y el poder de ruido corruptor que afecta la fidelidad de su representación. Está expresado en cantidad logarítmica usando la escala de decibeles. Un valor aceptable está entre los  $30dB$  y  $50dB$  para imágenes con 8 bits de profundidad. Dada una imagen de dimensión  $n \times m$   $I$  y su aproximación  $K$  se calcula el error cuadrático medio entre las dos de la siguiente manera:

$$MSE = \frac{1}{mn} \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=1}^{n-1} [I(i, j) - K(i, j)]^2$$

El valor PSNR está definido entonces por:

$$PSNR = 10 \cdot \log_{10} \left( \frac{MAX_I^2}{MSE} \right)$$

- **Métrica del Índice de Similitud Estructural (SSIM):** Esta métrica radica en la predicción de la calidad percibida de imágenes incorporando los términos de enmascarado de luminancia y contraste, calculando la interdependencia entre píxeles en el espacio. Estas dependencias contienen información estructural de los objetos en la escena visual. Dadas dos sub-imágenes  $x$  y  $y$  su similitud estructural está dada por:

$$SSIM(x, y) = \frac{(2\mu_x\mu_y+c_1)(2\sigma_{xy}+c_2)}{(\mu_x^2+\mu_y^2+c_1)(\sigma_x^2+\sigma_y^2+c_2)}$$

Donde  $c_i = (k_i L)^2$ ,  $L$  siendo el rango dinámico entre píxeles ( $L = 1$  en este caso particular) y  $k_1 = 0,01, k_2 = 0,03$  por defecto.

- **Métrica del Índice de Similitud Estructural Multi-Escala (MS-SSIM):** Esta forma avanzada de la SSIM se conduce sobre múltiples escalas a través de un proceso de varias etapas de sub-muestreo, lo que lo hacen una métrica muy robusta y complementaria a la SSIM. Dadas dos sub-imágenes  $x$  y  $y$  su similitud estructural multi-escala está dada por:

$$MS-SSIM(x, y) = [l_M(x, y)]^{\alpha M} \cdot \prod_{j=1}^M [c_j(x, y)]^{\beta j} [s_j(x, y)]^{\gamma j}$$

## B. MÉTRICAS DE VALIDACIÓN

Para el cálculo de las métricas de validación se tienen en cuenta cuatro términos del análisis estadístico que evalúan las predicciones y son:

- **Verdaderos Positivos (VP):** Indican los elementos correctamente predichos como positivos. Particularmente corresponden a las tomografías correctamente predichas como pertenecientes al grupo control en este caso.
- **Falsos Positivos (FP):** Indican los elementos incorrectamente predichos como positivos. En este caso corresponden a los tomografías incorrectamente predichas como parte del grupo de control.
- **Verdaderos Negativos (VN):** Indican a los elementos correctamente predichos como negativos. En este caso particular describe las tomografías correctamente identificadas como anómalas, que pertenecen a los grupos de neumonías típicas o COVID-19.
- **Falsos Negativos (FN):** Indican los elementos incorrectamente predichos como negativos. En el caso de este experimento hacen parte de este calificador las tomografías con anomalías que fueron clasificadas como pertenecientes al grupo control.

Con los términos anteriores las siguientes métricas de validación:

- **Exactitud:** Se define como la proporción de predicciones correctas entre el número total de predicciones. Es la fracción de la suma de verdaderos positivos y verdaderos negativos entre la suma de los verdaderos positivos, verdaderos negativos, falsos positivos, y falsos negativos. Se denota por:

$$ACC = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN}$$

- **Precisión:** Se define como la proporción de predicciones correctamente positivas entre todos los elementos positivos. Es la fracción entre los verdaderos positivos y la cantidad total de positivos. Se denota por:

$$PPV = \frac{VP}{VP + FP}$$

- **Sensibilidad:** Se define como la proporción de predicciones correctamente positivas entre todas las predicciones correctamente positivas y las predicciones incorrectamente negativas. Es la fracción de los verdaderos positivos entre la suma de los verdaderos positivos y los falsos negativos. Se denota por:

$$VPR = \frac{VP}{VP + FN}$$

- **Especificidad:** Se define como la proporción de predicciones correctamente negativas entre las predicciones correctamente negativas y las predicciones incorrectamente positivas. Es la fracción de los verdaderos negativos entre la suma de los verdaderos negativos y los falsos positivos. Se denota por:

$$VNR = \frac{VN}{VN + FP}$$

- **Valor F1:** Se define como la media armónica entre la precisión y la sensibilidad, y se denota por:

$$F1 = \frac{2(PPV * VPR)}{PPV + VPR}$$

- **Curva ROC:** Es una curva que mide el rendimiento de un modelo a lo largo de sus etapas de clasificación, usando como parámetros la tasas de verdaderos positivos y falsos negativos.