

Diego Bartolucci D.^{1,3}, Denisse Karl Sáez^{2,3}, Víctor Castañeda^{2,3}, Carlos F. Navarro^{1,3}

¹ Departamento de Ingeniería Eléctrica, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile.

² Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina de la Universidad de Chile.

³ Technology for Medical Image-Based Clinical Support Systems Lab(Tech4Medics-Lab), Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

INTRODUCCIÓN

El cáncer de mama es la principal causa de muerte por cáncer en mujeres a nivel mundial y existen distintos exámenes para poder evaluar este.

El más utilizado hoy en día corresponde a la mamografía digital, pero este examen presenta dificultades para diferenciar el tejido sano de posibles lesiones en pacientes con una alta densidad mamaria.

Como alternativa existe la tomosíntesis mamaria, examen que mejora la visualización en estas pacientes, pero no existe un programa que permita segmentar y cuantificar esta densidad de manera automática.

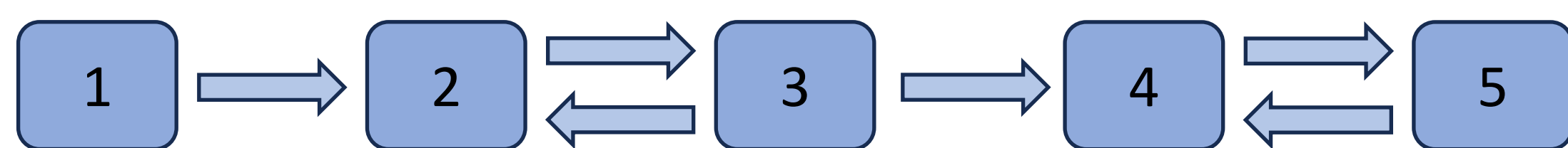
OBJETIVO

Desarrollar un algoritmo utilizando deep learning y visual transformer que permita segmentar y cuantificar la densidad del tejido fibroglandular de la mama en imágenes de tomosíntesis mamaria para mejorar su precisión, con el objeto de ser utilizado como factor de riesgo de cáncer de mama.

MATERIALES Y MÉTODO

Bases de datos utilizadas:

- “Breast Cancer Screening – Digital Breast Tomosynthesis”.
- Datos proporcionados por el Hospital Clínico de la Universidad de Chile (HCUCH).



- 1. Preprocesamiento de los datos:** Se hace un aumento de datos y se aplican transformaciones en las imágenes.
- 2. Entrenamiento del modelo:** Se utiliza la función de pérdida de DiceCELoss.
- 3. Validación del modelo:** Se evalúa el desempeño utilizando la métrica de Dice Score para seleccionar el mejor modelo.
- 4. Fine-tuning del modelo:** Se congela el *encoder* para reentrenar el modelo.
- 5. Evaluación final del modelo:** Se utilizan los datos del Hospital Clínico de la Universidad de Chile para validar el desempeño.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

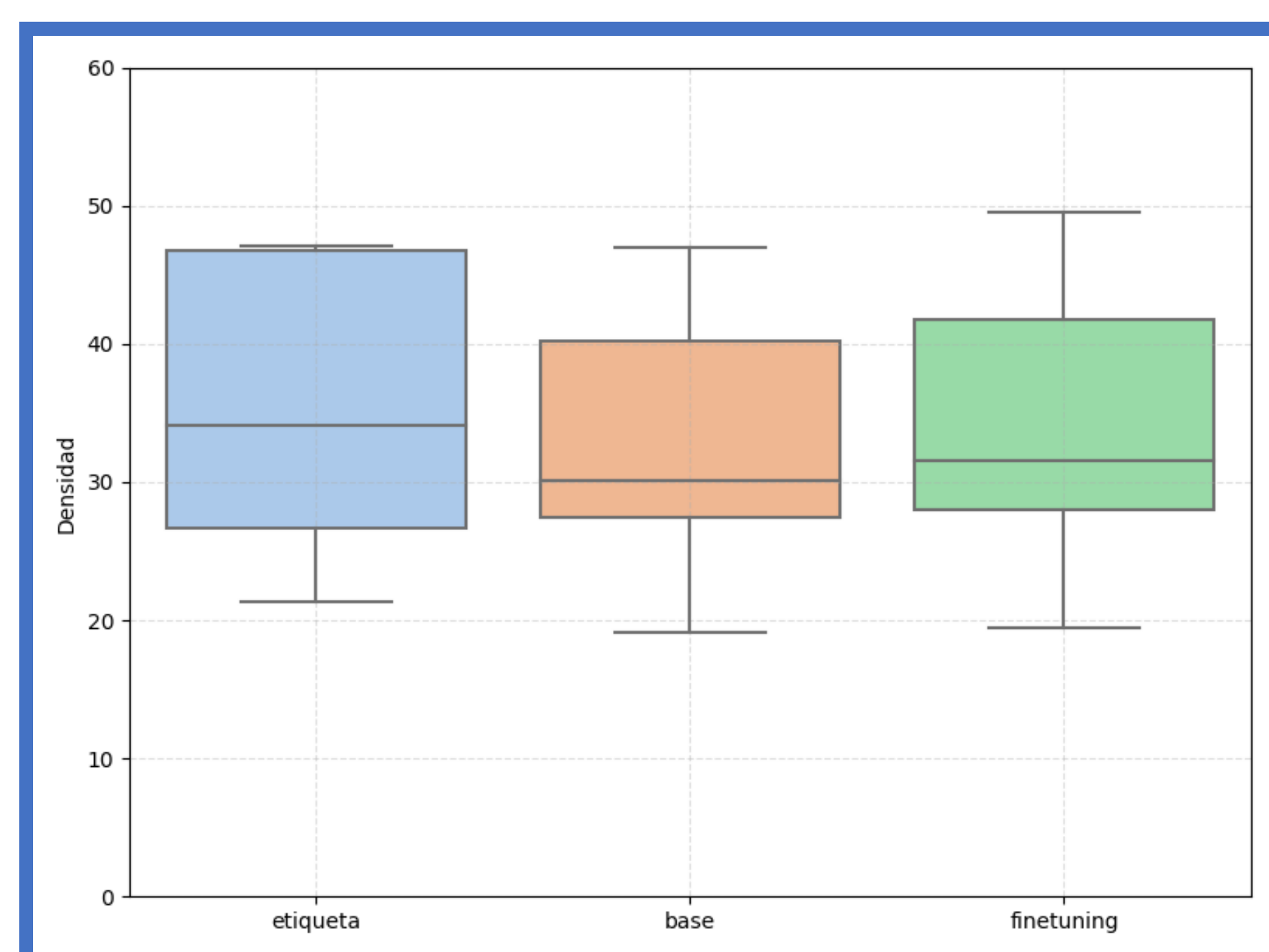


Figura 1.- Distribución de densidad mamaria (%) entre etiqueta de referencia, modelo base y modelo con fine-tuning.

En la Figura 1 se observa que el modelo base tiende a subestimar la densidad en relación con la etiqueta de referencia, mostrando una mediana más baja y mayor dispersión. Tras aplicar el fine-tuning, la distribución se aproxima más a la referencia, con valores centrales más alineados y menor variabilidad. Esto refleja una mejora en la capacidad del modelo para cuantificar la densidad de manera más precisa y estable, además de demostrar su capacidad de adaptarse a las características propias del conjunto de datos y corregir el sesgo inicial en la estimación.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

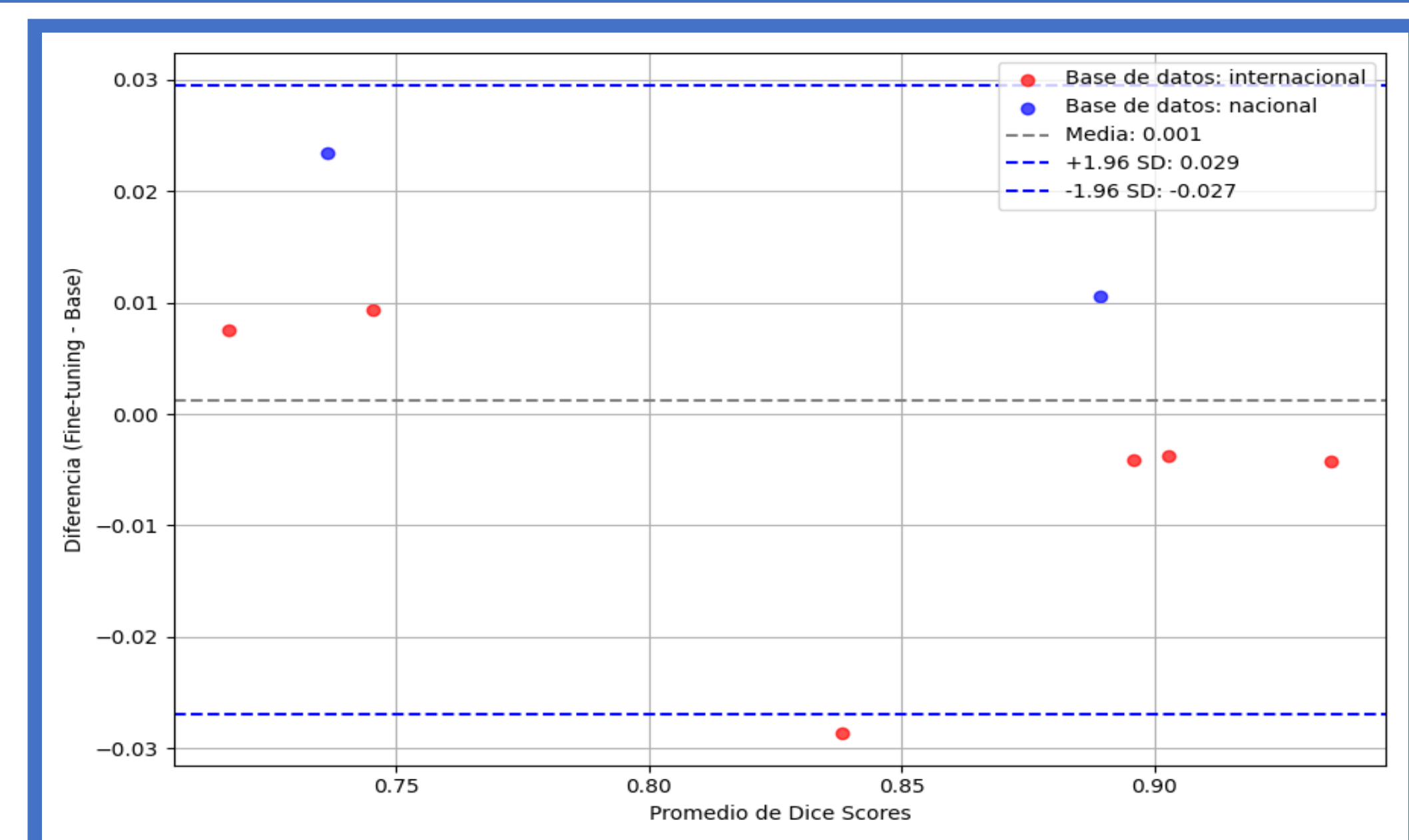


Figura 2.- Comparación de los Dice Score obtenidos en el modelo base y el modelo fine-tuning a través de un gráfico de Bland-Altman.

En la Figura 2 se presenta el análisis de Bland-Altman entre los valores Dice Score por el modelo base y el modelo de fine-tuning. Se aprecia que la mayoría de las diferencias se concentra alrededor de cero, lo que refleja una buena concordancia promedio. No obstante, existe un caso que se ubica fuera de los límites de acuerdo, lo que evidencia variabilidad en pacientes específicos. En conjunto, el gráfico respalda la validez del modelo para estimar la densidad, aunque pone de manifiesto la necesidad de seguir optimizándolo para reducir la dispersión en escenarios complejos.

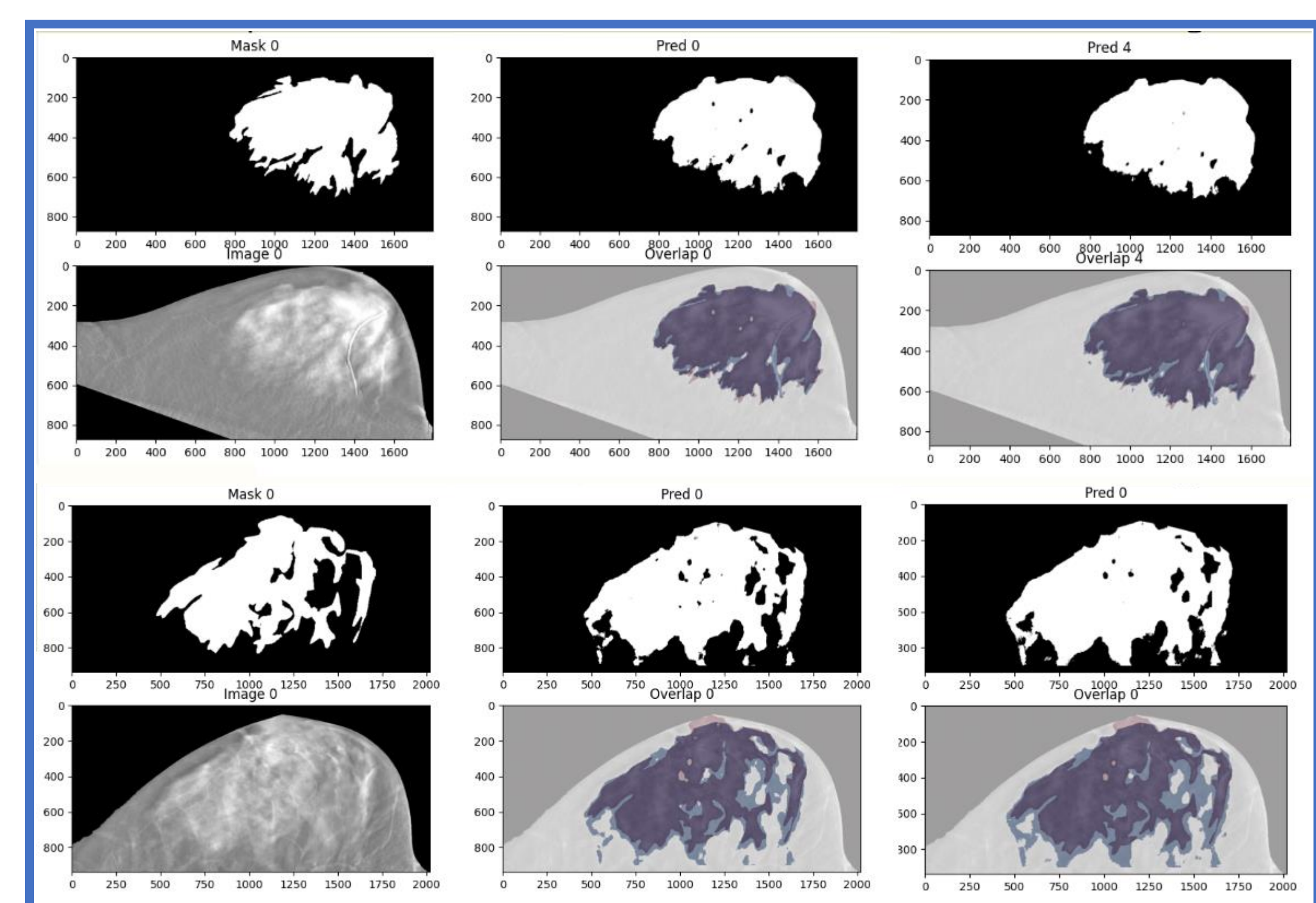


Figura 3.- Comparación entre máscara de referencia (Mask), predicciones de los modelos (Pred) y superposición sobre la imagen original (Overlap).

En la Figura 3 se aprecia que la máscara de referencia delimita adecuadamente el tejido fibroglandular, mientras que el modelo base tiende a sobresegmentar al incluir regiones que no corresponden a tejido real. Sin embargo, al aplicar fine-tuning, el modelo logra corregir en gran medida este problema y, en las imágenes de solapamiento, se observa una mayor coincidencia con la anatomía, lo que finalmente permite una cuantificación de la densidad más precisa y confiable.

CONCLUSIONES

- Se logró desarrollar un modelo basado en deep learning y visual transformer para segmentar y cuantificar automáticamente el tejido fibroglandular en tomosíntesis mamaria.
- El modelo base mostró un desempeño con datos internacionales con un Dice Score de 0.82. A través del fine-tuning se obtuvo un Dice Score de 0.83, mejorando los resultados obtenidos anteriormente.
- El modelo desarrollado demuestra ser competitivo, superando los resultados previamente descritos en el estado del arte.
- Se identificaron limitaciones como:
 - La variabilidad anatómica del tejido.
 - Los pocos datos para entrenamiento.
 - Las diferencias en los criterios de etiquetado entre conjuntos.

REFERENCIAS

- [1] Gastounioti, A., Pantalone, et al., «Fully Automated Volumetric Breast Density Estimation from Digital Breast Tomosynthesis». <https://doi.org/10.1148/radiol.2021210190>.
- [2] Buda, M., et al., «“Breast Cancer Screening- Digital Breast Tomosynthesis (BCS-DBT).”» The Cancer Imaging Archive. <https://doi.org/10.7937/e4wt-cd02>
- [3] Bustamante Ríos, F., Rivas Parraguez S., «Estimación de la densidad mamaria en imágenes de mamografía digital y tomosíntesis mediante inteligencia artificial.». <https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/201122>
- [4] World Health Organization, «New global breast cancer initiative highlights renewed commitment to improve survival». <https://www.who.int/news/item/08-03-2021-new-global-breast-cancer-initiative-highlights-renewed-commitment-to-improve-survival>.

DATOS DE CONTACTO

Diego Bartolucci: diegobartoluccid@gmail.com
 Víctor Castañeda: vcastane@uchile.cl
 Denisse Karl: dkarl@uchile.cl