

Autoencoders para la extracción de descriptores en imágenes hiperespectrales de la piel

Pablo Toledo Margalef^{1,2,3}[0000-0002-3980-8862], Pablo Navarro^{2,3}[0000-0003-2180-449X], Tábata Hünemeier⁵[0000-0002-3156-2079], Alexandre C. Pereira^{4,6}[0000-0002-7782-5540], and Rolando Gonzalez-Jose^{1,3}[0000-0002-8128-9381]

¹ Instituto Patagónico de Ciencias Sociales y Humanas, CENPAT, CONICET

² Departamento de Informática Trelew, UNPSJB

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina

⁴ Heart Institute (InCor), University of Sao Paulo Medical School, Brazil (A.C.P.)

⁵ Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, USP, São Paulo, Brasil

⁶ Harvard Medical School, Boston, MA 02115, USA

Resumen En este estudio, presentamos un enfoque innovador para la extracción de indicadores clave a partir de imágenes hiperespectrales de la piel facial, utilizando técnicas de aprendizaje profundo. La detección temprana y el diagnóstico preciso de enfermedades cutáneas son de suma importancia en la salud pública, especialmente considerando su asociación con afecciones graves como el melanoma. Nuestro método codifica las imágenes mediante autoencoders, los cuales son procesados a través de un análisis de componentes principales (PCA) para identificar patrones significativos para la piel. Estos indicadores no solo capturan características visuales, como tono y textura, sino que también muestran correlaciones con mediciones clínicas cruciales, incluida la presión arterial y los niveles de colesterol, lo cual proporciona indicadores útiles en la evaluación de la salud cutánea.

Keywords: autoencoders, deep learning, imágenes hiperespectrales, dermatología

1. Introducción

Debido a que los problemas de la piel a menudo pueden ser manifestaciones de enfermedades sistémicas graves, como el melanoma, los dermatólogos están ganando reconocimiento por su posición única en el sistema de salud. Factores como la edad y la ubicación geográfica influyen en el impacto de las enfermedades de la piel en las poblaciones, y su diagnóstico y tratamiento están fuertemente ligados al examen de las zonas afectadas [3]. Estudios recientes buscan introducir soluciones de aprendizaje profundo a la segmentación y predicción de enfermedades de la piel como el cáncer [4].

Presentamos un método basado que, utilizando arquitecturas ya entrenadas, es capaz de extraer indicadores a partir de un conjunto de imágenes hiperespectrales el cual muestra un alto nivel de correlación con rasgos visibles como la

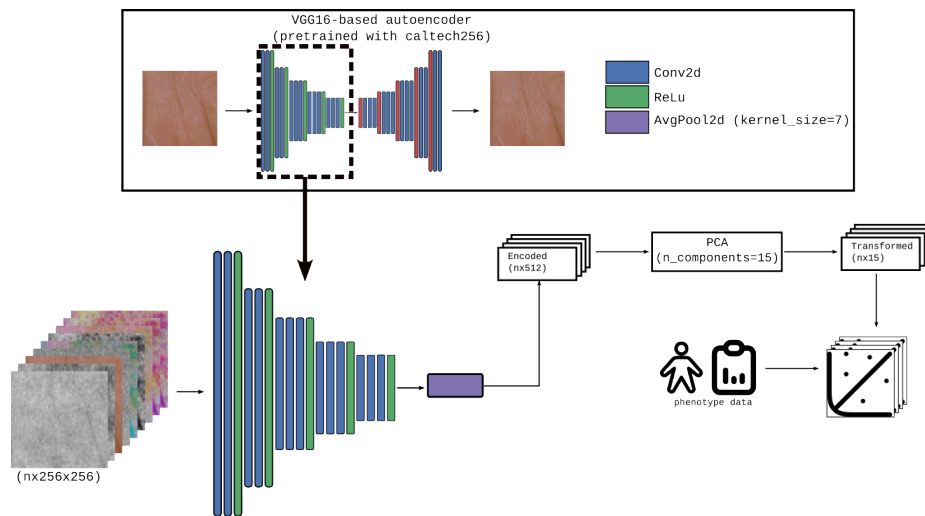


Figura 1. Overview general del método. Utilizado un autoencoder basado en VGG16 pre-entrenado con el dataset Caltech256 se codifica cada imagen del dataset. Luego se realiza un análisis de componentes principales ($n_{components} = 15$) por cada banda presente en el dataset y se calculan correlaciones con los atributos asociados a cada individuo.

pigmentación de la piel como con mediciones clínicas como los niveles de presión arterial o los niveles de colesterol (Figura 1).

2. Materiales y Métodos

Dataset

Se utilizó un conjunto de imágenes hiperespectrales del rostro capturadas con VISIA™ Skin Analysis, fabricado por Canfield Scientific, Inc como continuación al Baependi Heart Study [2]. Usando cinco aproximaciones hiperespectrales: RGB, ultravioleta (*UV*), y otras tres que resaltan la irrigación sanguínea, los depósitos de bacterias en los poros, y la pigmentación y decoloración de la piel. Estas últimas, denominadas *blood*, *porosity* y *pigmentation* respectivamente.

También contamos con datos fenotípicos asociados a cada individuo perteneciente al dataset (Cuadro 1) y el indicador ITA (que cuantifica la pigmentación de la piel) [1] calculado a partir de las imágenes RGB. Si bien el estudio cuenta con imágenes de 1096 individuos, en este trabajo utilizamos 380 (210 masculino, 170 femenino) que poseen tanto imágenes como datos asociados.

El dataset posee imágenes de las orientaciones de frente y del semi perfil izquierdo y derecho, aunque en esta oportunidad trabajaremos solamente con la orientación frontal y la región de la frente. Y un tamaño de 2376×3648 píxeles. Para poder anonimizar las fotografías y obtener un conjunto de datos limpio y con menor cantidad de ruidos se segmentaron de manera manual las regiones

ITA	20,46 ± (03,80)
Edad	48,49 ± (14,65)
Presión sistólica	130,10 ± (19,47)
Presión diastólica	78,99 ± (11,85)
Glucosa	93,70 ± (21,16)
HBA1C	5,74 ± (00,73)
Triglicéridos	131,19 ± (60,63)
Colesterol HDL	47,18 ± (11,15)
Colesterol LDL	124,54 ± (33,93)
IMC	26,21 ± (04,96)

Cuadro 1. Datos asociados dentro del dataset

Atributo	r	PC	Banda
ITA	-0.85	1	rgb
edad	-0.32	2	uv
sistólica	0.24	3	rgb
diastólica	0.23	3	rgb
colesterol HDL	0.22	2	bpigpor ^a
HBA1C	-0.18	7	pigmentation
IMC	0.16	1	rgb
colresterol LDL	0.16	7	rgb
Triglicéridos	0.16	1	bporuv ^b

Cuadro 2. Correlaciones significativas ($P < 5 \times 10^{-2}$) entre diferentes PCs de distintas bandas, ordenados de mayor a menor por su valor absoluto.

^a blood-pigmentation-porosity

^b blood-porosity-uv

de la frente y ambas mejillas sobre las aproximaciones RGB (para luego ser replicada en las demás bandas) de 256×256 píxeles, resultando en 5 imágenes por individuo y 1900 imágenes en total.

Flujo de trabajo

Los procesamientos y resultados se generaron utilizando las librerías PyTorch y NumPy con el lenguaje de programación Python. Utilizamos un autoencoder, una arquitectura capaz de resumir de manera eficiente sus datos de entrada en una representación de menor dimensionalidad. Para este trabajo utilizamos un autoencoder pre-entrenado ⁷ basado en VGG16 [5] con el dataset Caltech256 ⁸. Debido a que este modelo solamente admite entradas de a tres canales, en el caso de las bandas espectrales distintas al RGB (uv, *pigmentation*, *blood* y *porosity*), además de procesarlas por separado, decidimos combinarlas de a tres para generar nuevas bandas artificiales (Figura ??). En el caso de bandas como uv, *pigmentation* y *blood*, para poder ser procesadas se replica su contenido en los tres canales requeridos.

Cada imagen del dataset fue codificada utilizando el modelo y luego sometida a una capa adicional de *average pooling* con *kernel size* = 7 para reducir su tamaño de $(512 \times 7 \times 7)$ a $(512 \times 1 \times 1)$. Esta representación codificada fue utilizada como entrada para un Análisis de Componentes Principales (PCA) de 15 componentes para cada banda.

3. Resultados

Los Componentes Principales derivados de cada banda se correlacionaron con los diversos datos asociados (Cuadro 3), evidenciando asociaciones significativas

⁷ <https://github.com/Horizon2333/imagenet-autoencoder>

⁸ <https://data.caltech.edu/records/nyy15-4j048>

principalmente con imágenes en el espectro visible (RGB). Sin embargo, también se observaron correlaciones con las bandas compuestas (*blood-pigmentation-porosity* y *blood-porosity-uv*).

Atributo	r	PC	Banda
ITA	-0.85	PC1	rgb
edad	-0.32	PC2	uv
sistólica	0.24	PC3	rgb
diastólica	0.23	PC3	rgb
colesterol HDL	0.22	PC2	blood-pigmentation-porosity
HBA1C	-0.18	PC7	pigmentation
IMC	0.16	PC1	rgb
colesterol LDL	0.16	PC7	rgb
Triglicéridos	0.16	PC1	blood-porosity-uv

Cuadro 3. Correlaciones significativas ($P < 5 \times 10^{-2}$) entre diferentes PCs de distintas bandas, ordenados de mayor a menor por su valor absoluto

4. Conclusiones y futuros trabajos

Mostramos cómo, utilizando autoencoders ya entrenados, es posible la extracción de indicadores sobre un conjunto de datos multidimensional como las imágenes hiperespectrales y mostramos su correlación con fenotipos como la pigmentación de la piel.

En futuros estudios, replicaremos estos análisis en las demás regiones faciales. Asimismo, se examinará el contenido de cada banda espectral y su relevancia biológica. Además, se investigará la relación entre los indicadores generados en este trabajo y los datos genómicos presentes en el dataset utilizado, con el objetivo de cuantificar la influencia de los factores genéticos en lo observado en las imágenes.

Referencias

1. CHARDON, A., et al.: Skin colour typology and suntanning pathways. *International Journal of Cosmetic Science* **13**(4), 191–208 (Aug 1991). <https://doi.org/10.1111/j.1467-2494.1991.tb00561.x>, <http://dx.doi.org/10.1111/j.1467-2494.1991.tb00561.x>
2. Egan, K.J., et al.: Cohort profile: the baependi heart study—a family-based, highly admixed cohort study in a rural brazilian town. *BMJ Open* **6**, e011598 (10 2016). <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2016-011598>
3. Matthews, N.H., et al.: Epidemiology of Melanoma. 1. pp. 3–22 (Nov 2017). <https://doi.org/10.15586/codon.cutaneousmelanoma.2017.ch1>
4. Natha, P., et al.: Advancing Skin Cancer Prediction: A Deep Dive into Hybrid PCA-Autoencoder. *Int. J. Intell. Syst. Appl. Eng.* **12**(8s), 442–449 (2024), <https://ijisae.org/index.php/IJISAE/article/view/4144>
5. Simonyan, K., et al.: Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition. arXiv (Sep 2014). <https://doi.org/10.48550/arXiv.1409.1556>