

Enfoque de aprendizaje híbrido evolutivo para redes neuronales en la clasificación de casos médicos

Evolutionary hybrid learning approach for neural networks applied to medical instances classification

Erick Estrada Patiño¹, Guadalupe Castilla Valdez¹ , Juan Frausto Solís¹ ,*, Jesús David Terán Villanueva¹,

¹División de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México:
Instituto Tecnológico de Ciudad Madero.

Av. 1o. de Mayo esq. Sor Juana Inés de la Cruz s/n Col. Los Mangos C.P.89440.
Ciudad Madero, Tamaulipas, México.

*Mail: juan.frausto@gmail.com

PALABRAS CLAVE:

Red Neuronal Evolutiva, Algoritmo Genético, Búsqueda dispersa.

RESUMEN

La inteligencia artificial ha ayudado a diversas áreas médicas como lo es el campo del diagnóstico médico, en el que ha servido como un apoyo al profesional de la salud para emitir un diagnóstico. Esto se logra a través de diversas técnicas de inteligencia artificial como lo son los árboles de decisión, agentes inteligentes, máquinas de soporte vectorial, minería de datos o redes neuronales. Una forma de utilizar las redes neuronales para apoyar el diagnóstico médico es usarlas como clasificadores. Esto es, con base en un archivo clínico histórico y representativo, construir un modelo neuronal que permita clasificar nuevos casos. Las redes evolutivas según la literatura representan una herramienta más precisa que las redes neuronales clásicas. En este trabajo se propone el uso de una red neuronal híbrida doblemente evolutiva que evoluciona tanto las topologías como los valores sinápticos de cada topología. La experimentación realizada, muestra que la red neuronal híbrida evolutiva obtiene resultados competitivos con respecto a las redes neuronales evolutivas clásicas.

KEYWORDS:

Evolutionary Neural Network, Genetic Algorithm, Scatter Search.

ABSTRACT

Artificial intelligence has helped several medical areas such as the field of medical diagnosis, in which it has served as a support to the health professional to issue a diagnosis. This is achieved through various techniques of artificial intelligence such as decision trees, intelligent agents, support vector machines, data mining or neural networks. One way to use neural networks to support medical diagnosis is to use it as classifier. This is, based on a historical and representative clinical file, to construct a neural model that allows to classify new cases. Evolutionary networks according to the literature represent a more precise tool than the classical neural networks. In this paper we propose the use of a doubly evolutionary hybrid neural network that evolves both, the topologies and the synaptic values of each topology. Experimentation shows that the evolutionary hybrid neural network obtains competitive results with respect to the classic evolutionary neural networks.

Recibido: 15 de Junio del 2017 • Aceptado: 10 de noviembre del 2017 • Publicado en línea: 15 de diciembre del 2017

1. Introducción

El diagnóstico médico es el resultado de la evaluación por parte de un médico de la sintomatología, la evidencia clínica y observación del caso, en base a su conocimiento y experiencia; sin embargo, existen factores que impiden o dificultan la realización de un diagnóstico de manera correcta. Así, los diagnósticos médicos no siempre resultan sencillos debido a la complejidad en la detección de los síntomas, la diversidad de pacientes y su actitud, así como el entorno y la automedicación complican el diagnóstico. Un diagnóstico equivocado podría llevar al paciente a complicaciones muy graves. Existen dos posibles errores al diagnosticar: un falso positivo y un falso negativo. Un falso positivo se da cuando el médico diagnostica una enfermedad que no tiene el paciente, mientras que un falso negativo se da cuando el médico no diagnostica una enfermedad que sí tiene el paciente. Un falso positivo llevaría a una medicación y/o cirugía innecesaria, mientras que un falso negativo puede llegar a complicar la salud del paciente al no atender la enfermedad a tiempo. En este último caso, y dependiendo de la enfermedad, esto puede llevar al paciente a una medicación tardía, cirugía de emergencia y en un caso extremo a la muerte. [1]

La inteligencia artificial ha ayudado anteriormente al área encargada de la salud a realizar diagnósticos para varias enfermedades [2]. Las redes neuronales en particular han tenido diversas aplicaciones en el área de diagnóstico médico como auxiliares en el diagnóstico [3].

Pese a los esfuerzos previos, se requieren métodos computacionales con mayor precisión para realizar diagnóstico de enfermedades. En este trabajo se presentan los resultados del desarrollo de una red neuronal híbrida evolutiva entrenada con conjuntos de datos médicos y se compara su desempeño con respecto a otras técnicas neuroevolutivas.

2. Marco Teórico

Minería de datos

La minería de datos es un proceso de descubrimiento del conocimiento mediante técnicas que analizan información en grandes volúmenes o volúmenes relevantes.

El objetivo de la minería de datos es el descubrimiento

de patrones, relaciones y tendencias de información, que en el caso del diagnóstico médico resultan difíciles de detectar fácilmente en humanos, o bien es imposible de realizar sin herramientas computacionales debido al gran volumen de información que se requiere manejar para lograr dichos objetivos. Afortunadamente, tales objetivos se pueden lograr mediante un proceso de extracción de conocimientos comúnmente conocido como KDD (del inglés, Knowledge Discovery Data) [4].

Entre las técnicas de extracción de la información más relevantes se encuentran el algoritmo KNN, perceptron, redes neuronales multicapa, clasificadores bayesianos y árboles de decisión [5].

Algoritmos Evolutivos

Los algoritmos evolutivos son estrategias inspiradas en la evolución de las especies, los cuales han sido aplicados con éxito a la optimización [6].

En este tipo de algoritmos, las especies o poblaciones sufren un proceso de adaptación a su ambiente, mejorando o adquiriendo características necesarias y perdiendo características no deseables. Esto se debe a que, en cada generación, los nuevos individuos heredan características de sus padres y para adaptarse a su ambiente sufren pequeños cambios o perturbaciones. Los más aptos sobreviven para reproducirse y seguir pasando sus características a los nuevos individuos mientras que los menos adaptados mueren [7].

Redes Neuronales

Las redes neuronales son una herramienta de clasificación y predicción basadas en el comportamiento del cerebro humano. Una de sus principales características es la simplicidad de su estructura, debido a que están compuestas por dos elementos básicos. El primer elemento son las neuronas, las cuales son unidades simples de procesamiento que están limitadas a hacer cálculos matemáticos relativamente sencillos. El segundo elemento son las conexiones de las neuronas, esto es la forma en la que ellas se comunican y es lo que hace que esta estructura simple sea muy poderosa. Las redes neuronales pueden definirse como un conjunto de nodos interconectados que transforman valores de entrada en uno o varios valores de salida deseados.

De manera más simple podemos decir que: las neuronas son unidades simples de procesamiento, que

reciben información y la procesan mediante funciones de entrada y activación para producir algún valor, que será propagado a otras neuronas; y la topología de la red es el modo en que estas neuronas están interconectadas con otras neuronas, y de esta manera transmiten la información de la entrada, procesándola varias veces según la cantidad de neuronas que existan hasta llegar a la o las salidas.

Una de las principales características que tienen las redes neuronales es que sus mecanismos de aprendizaje las hacen auto adaptables, es decir, la sintonización de sus parámetros para producir las salidas se hace de manera automática en un proceso de aprendizaje basado en ejemplos. Así, no se manejan probabilidades de ocurrencia ni reglas de decisión, sino que la red se ajusta dependiendo de los casos con los que haya aprendido y es capaz de dar una respuesta aceptable a situaciones completamente desconocidas.

Redes Neuronales Evolutivas

Las redes neuronales evolutivas son un híbrido entre las redes neuronales artificiales y los algoritmos evolutivos, con el fin de proporcionar de un método de aprendizaje evolutivo a las redes neuronales. La estrategia tradicional para evolucionar redes neuronales ha sido a través de algoritmos genéticos, lo cual da como resultado una población de redes neuronales, las cuales mediante operadores genéticos se recombinan buscando una mejor red neuronal. En realidad, el algoritmo realiza una búsqueda en el espacio de soluciones, con el fin de encontrar una red neuronal con buen desempeño.

Lo anterior se refiere a que, dado un problema, la población se va adaptando paulatinamente a éste; para así encontrar un comportamiento ideal. A diferencia de las redes neuronales tradicionales, éstas tienen una adaptación superior al problema y eliminan el problema del sobre entrenamiento de las redes neuronales tradicionales.

La evolución en redes neuronales evolutivas puede dividirse en 3 bloques significativos. La evolución de los pesos y umbrales de la red, la evolución de la topología de la red, y la evolución de las reglas de aprendizaje [8].

Cuando la evolución se realiza en los pesos de una red neuronal, estos se van ajustando dependiendo de su aptitud, la cual está definida por el error de clasificación de la red neuronal. Por otro lado, la evolución de la topología se refiere a un ajuste automático de la topología de la red neuronal; en este caso el algoritmo

cambia las conexiones de las neuronas y el número de capas hasta encontrar la red neuronal con el mejor desempeño. Finalmente, la evolución de las reglas de aprendizaje, se refiere a la selección automática de dichas reglas, con el propósito de poder adaptar los pesos de las conexiones rápidamente.

3. Propuesta de solución

Redes neuronales híbridas evolutivas

La hibridación de redes neuronales y algoritmos evolutivos da lugar a las redes neuronales evolutivas. En este trabajo se presenta un tipo de red evolutiva en la que, tanto las topologías de red como sus valores sinápticos son afectados por un proceso de evolución para mejorar su desempeño.

El algoritmo híbrido desarrollado (RNHE) consiste en un algoritmo genético para la evolución de las topologías, el cual contiene un algoritmo de Búsqueda Dispersa mediante el cual se implementa la evolución de los valores sinápticos de las topologías generadas mediante los operadores genéticos. Los Algoritmo 1 y Algoritmo 2 ilustran los pseudocódigos del algoritmo genético y búsqueda dispersa respectivamente.

Algorithm 1 Evolución Topológica

```

1: procedure ALGORITMOGENETICO
2:   generaciones ← número de generaciones
3:   for i = 0 to generaciones do
4:     for cada hijo do
5:       seleccionarPadres()
6:       generarHijo()
7:       perturbarHijo()
8:       ajusteSinaptico()
9:   remplazar()

```

Algoritmo 1. Estructura del algoritmo genético que evoluciona las topologías de red.

Algorithm 2 Ajuste Sináptico

```

1: procedure BUSQUEDADISPERSA
2:    $p \leftarrow \text{obtenerP}()$ 
3:    $\text{refset} \leftarrow \text{obtenerRefSet}(p)$ 
4:   while  $\text{refset.mejora}()$  do
5:      $\text{generarCombinaciones}()$ 
6:      $\text{obtenerHijos}()$ 
7:      $\text{busquedaLocalHijos}()$ 
8:      $\text{actualizarRefSet}()$ 

```

Algoritmo 2. Estructura del algoritmo de búsqueda dispersas que ajusta los valores sinápticos de la red.

La topología de red neuronal es codificada en un genotipo, que es una estructura representativa de la red. En él, se encuentran las neuronas, su identificador y su número de aparición histórico; por otra parte, también se encuentran codificadas las conexiones existentes con toda su información: su nodo de origen, destino, su peso sináptico y si se encuentra habilitada o no. En la Figura 1 se ilustra la codificación del genotipo de red.

Red Neuronal			
Neuronas			
ID: 1 ID Hist: 1 Tipo: Entrada	ID: 2 ID Hist: 2 Tipo: Entrada	ID: 3 ID Hist: 7 Tipo: Oculta	ID: 4 ID Hist: 3 Tipo: Salida
Conexiones			
ID Origen: 1 ID Destino: 4 Peso: 0.4724 Habilitada: Si	ID Origen: 2 ID Destino: 4 Peso: 0.3278 Habilitada: No	ID Origen: 2 ID Destino: 3 Peso: -0.4835 Habilitada: Si	ID Origen: 3 ID Destino: 4 Peso: 0.9264 Habilitada: Si

Figura 1. Estructura del genotipo de red neuronal.

El proceso implica la definición de un conjunto de redes neuronales, las cuales fungirán como una población que evolucionará a lo largo de las iteraciones; es decir, cambiando y ajustándose hasta producir una configuración que obtenga un buen desempeño. En la Figura 2 se ilustra una típica población de redes neuronales.

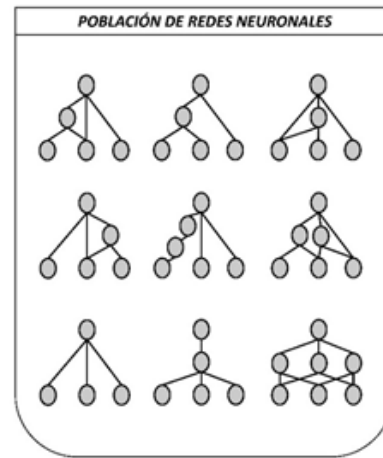


Figura 2. Representación gráfica de una población de redes neuronales.

Construcción de la población inicial

El algoritmo construye la población inicial generando un conjunto de redes neuronales básicas iguales; es decir, redes sin capas ocultas y totalmente conectadas, cuyos valores sinápticos son generados aleatoriamente. Como función de entrada se utiliza la función sumatoria dada por la Ecuación (1) y como función de activación la función sigmoidea que se presenta en la ecuación (2). Este tipo de población tenderá a incrementar el tamaño de las topologías, propiciando de esta forma una exploración más eficiente, debido a que las topologías mínimas requieren un menor tiempo de procesamiento.

$$VFE = \sum (v_{\text{origen, actual}} * w_{\text{origen, actual}}) - \text{umbral}_{\text{actual}} \quad (1)$$

Dónde:

actual = Neurona actual

origen = neurona que incide en ella

umbral = umbral de la neurona

v = valor enviado la de la neurona origen a la neurona actual

w = peso o significancia de la conexión de la neurona

origen a la neurona actual

VFE = Valor de la función de entrada

$$VFA = \frac{1}{1 + e^{-VFE}} \quad (2)$$

Dónde:

VFE = Valor de la función de entrada

VFA = Valor de la función de activación

Esta población inicial es el punto de partida para la evolución de topologías que se realizará a lo largo de los siguientes procesos.

Evolución topológica

El algoritmo evoluciona topologías básicas para tratar de encontrar una red cuyo número de neuronas y conexiones sea solo el necesario, es decir; se evita la formación de conexiones o neuronas que perjudican o poco ayudan al desempeño de la red.

Las redes neuronales clásicas utilizan una organización por capas, si bien la red evolutiva comparte las características de las capas de entrada y salida con las redes clásicas, las capas intermedias u ocultas evolucionan de forma natural hacia una organización diferente. En las redes neuronales clásicas se definen capas ocultas que tienen una cantidad fija de neuronas en la capa oculta, así como las conexiones; y estas no cambian durante el entrenamiento que se realiza a lo largo de las iteraciones.

El objetivo de la evolución topológica es generar nuevas neuronas y conexiones donde sea necesario. Esto se hace a través de un algoritmo genético el cual mediante mecanismos de cruce de topologías y perturbaciones genera nuevas topologías, mediante agregación de neuronas y conexiones, guiando así hacia topologías de mejor desempeño.

Selección de Padres

La selección de las topologías de red que fungirán como padres para generar un nuevo individuo se realizan mediante un torneo binario. El proceso de selección de una topología padre consiste en la elección aleatoria de dos topologías de red existentes en la población, estas son comparadas y aquella topología que tenga un desempeño superior será seleccionada como padre. Lo mismo ocurre en el proceso de selección del segundo padre. Esto nos garantiza que nunca se utilizará el peor de los elementos en la población como padre y debido a la aleatoriedad se puede conservar la diversidad y evitar el estancamiento prematuro del proceso de evolución de topologías.

Cruza

El procedimiento de cruce tiene la misión de generar,

a partir de los padres, una topología hija la cual tenga en su estructura neuronal información de los dos padres, sin embargo, la estructura de conexión de las neuronas se verá influenciada en el tipo de conectividad de ambos padres para evitar crear topologías infactibles. En la Figura 3 se ilustra un procedimiento de cruce.

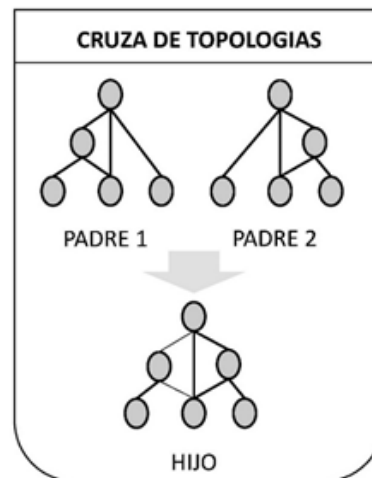


Figura 3. Representación gráfica de la cruce de dos topologías para la creación de una nueva topología.

La red neuronal hija hereda las neuronas provenientes de ambos padres. La selección de los arcos que heredará la red hija es un proceso más largo que involucra condiciones para evitar producir hijos infactibles. Cada arco de los padres se intenta copiar a la red neuronal hija, verificando que en la red hija no exista ya un arco con ese tipo de conexión. Un caso particular de las cruza es cuando se tienen arcos deshabilitados. Estos arcos deben de deshabilitarse en la red neuronal hija si al menos uno de los dos padres tiene el arco deshabilitado.

Perturbación

La perturbación o mutación de las topologías consiste en modificar ligeramente la topología de red para ayudar a explorar mejor el espacio de soluciones. Se definieron dos tipos de perturbación, una agrega un nodo en la capa oculta de la red y otra agrega un arco no existente en la red neuronal.

Para agregar un nodo a la red neuronal se debe seleccionar un arco de la red neuronal que se encuentre habilitado, este arco será deshabilitado posteriormente. Se agrega una nueva neurona la cual tendrá una conexión de origen correspondiente a la neurona de origen del arco seleccionado; y como destino el destino del arco seleccionado. Esta neurona pertenece a la capa

oculta de la red neuronal.

Para agregar un arco a la red neuronal se deben seleccionar dos neuronas de la red neuronal, las cuales fungirán como origen y destino de la conexión y deben de cumplir con los siguientes requisitos: la neurona de origen no puede ser una neurona de capa de salida, la neurona de destino no puede ser una neurona de la capa de entrada y la neurona de destino no puede tener una ramificación hacia delante que incluya a la neurona de origen ya que esto generaría un ciclo.

De cumplir con estas condiciones, entonces es factible la creación del arco. Éste se crea entre las neuronas seleccionadas y obtiene un valor sináptico aleatorio. En la Figura 4 se ilustra una perturbación sináptica en la que un nodo es añadido a la red neuronal.

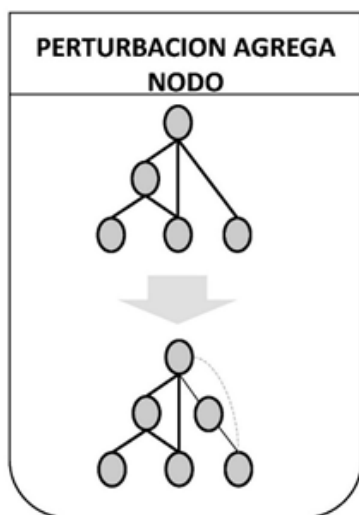


Figura 4. Representación gráfica del proceso de perturbación a la red neuronal.

Algoritmo de Búsqueda Dispersa para Ajuste Sináptico

El principal objetivo de este procedimiento es aprovechar las nuevas topologías generadas ajustando sus valores sinápticos para obtener un mejor desempeño con relación al desempeño que produce el valor generado en el momento de la cruce y mutación. La posibilidad de mejorar el desempeño mediante un ajuste sináptico de las nuevas topologías generadas es debido a que una topología generada puede ser muy buena, sin embargo, los valores sinápticos adquiridos de los padres mediante el proceso de cruce no le favorecen y podría ser eliminada de la población, es por eso que un proceso de ajuste sináptico mejora su desempeño

haciéndola competitiva respecto a las otras.

Para facilitar y agilizar el proceso de ajuste, los valores sinápticos de la red se representan en un vector numérico y se somete a una mejora mediante un algoritmo de búsqueda dispersa.

Definición del conjunto inicial diverso o conjunto P

El conjunto inicial P está constituido por un conjunto de soluciones aleatorias y el vector sináptico perteneciente a la red neuronal evaluada. La razón de que se incluyan estos valores y no se parta de un conjunto totalmente aleatorio es aprovechar topologías que presentan ya un buen ajuste sináptico, en las cuales los cambios en el procedimiento de cruce o perturbación fueron mínimos, y por tanto, los pesos en esta topología podrían estar cerca de una buena solución.

Definición y criterios para el conjunto de referencia o conjunto R

El conjunto R es un subconjunto del conjunto inicial P, y se construye seleccionando de P las mejores soluciones considerando su valor de calidad y un conjunto de soluciones diversas. En el algoritmo desarrollado, el 50% de las soluciones de R se seleccionan de P aplicando un criterio de la calidad, y el resto se seleccionan considerando las mejores de P en cuanto a un criterio de diversidad. Como ya se mencionó, una mitad del conjunto R consiste de un subconjunto de P formado por las soluciones élite seleccionadas de P; aquí se agregan los vectores sinápticos no repetidos que tienen el mejor desempeño.

La segunda mitad está constituida por las soluciones restantes que están más dispersas con respecto a las existentes en el conjunto de referencia. En este caso la métrica usada para medir la diversidad de los vectores sinápticos es la diferencia aritmética acumulada de cada posición del vector con respecto a las mismas posiciones del conjunto de referencia.

Combinación

Este proceso evalúa cada combinación binaria del conjunto de referencia sin incluir combinaciones repetidas.

Se plantean 3 tipos de combinaciones diferentes con la misma probabilidad y se escoge una al azar. El primer tipo de combinación fragmenta los padres en bloques para construir el nuevo vector sináptico a partir de esos

bloques.

El segundo tipo de cruce recorre cada posición del vector sináptico y selecciona al azar el valor de uno de los dos padres. El tercer tipo de cruce obtiene el promedio aritmético de cada posición del vector padre y lo asigna a la posición del vector hijo.

Búsqueda local

Este procedimiento realiza un ajuste al vector hijo generado con el fin de mejorar su calidad. Al tratarse de un vector de números reales esta tarea puede ser complicada. Sin embargo, el tipo de configuración de la búsqueda encuentra un equilibrio entre la profundidad de búsqueda y el tiempo de realización de esta.

Por cada posición del vector, se realiza una perturbación aleatoria la cual se encuentra acotada en la configuración del algoritmo; si esta perturbación mejora el desempeño de la red se guarda en otra estructura y el vector regresa a su estado original. Al terminar de recorrer el vector se evalúa la perturbación que tuvo la mejor mejora y esta es aceptada en el vector. Se establece el valor de la perturbación en la posición del vector. El proceso vuelve a iniciar en el vector y se detiene cuando no se encuentren mejoras en una iteración.

4. Trabajos relacionados

Un método de cruce de topológica conocido como SimBa tiene como objetivo eliminar uno de los problemas de las cruces tradicionales como lo es el problema de la permutación, esto lo hace seleccionando topologías con características similares de la población; después por cada topología realizan un análisis de la contribución de cada neurona y reordenan de acuerdo a este parámetro para posteriormente asociar las neuronas y reclasificarlas [9].

En dicho trabajo se muestra que el algoritmo produce redes con topologías mínimas con un desempeño competitivo con respecto a los enfoques tradicionales.

Por otra parte, la evolución de las conexiones y pesos mediante algoritmos genéticos para el caso médico ha sido previamente publicado [10]. En ese trabajo se analizan la instancia médica Pima-Indian Diabetes y se realizan dos tipos de propuestas, un pre procesamiento a la instancia de trabajo para obtener la información más relevante y una hibridación de un algoritmo genético con el algoritmo Back Propagation para la optimización de pesos. La aportación más relevante de esa

publicación es la hibridación del algoritmo genético con Back Propagation, en la cual se optimizan los valores sinápticos de la red neuronal. Estos autores concluyen que la hibridación produce resultados superiores a los que obtiene una red neuronal estándar con aprendizaje Back Propagation.

5. Experimentación

Se compararon tres variantes del algoritmo propuesto: red neuronal híbrida evolutiva RNHE, red neuronal híbrida evolutiva sin búsqueda local y red neuronal híbrida evolutiva sin ajuste sináptico. Además se comparó la variante que integra evolución de pesos y topologías RNHE con otros enfoques de solución evolutivos del estado del arte [9] [10].

Se utilizaron los conjuntos de datos Pima-Indian Diabetes y Breast-Cancer provenientes del Repositorio de Conjuntos de Datos de Prueba de Aprendizaje de Datos [11] para evaluar las diferentes variantes del algoritmo propuestos.

El conjunto de datos Pima-Indian Diabetes reporta estudios de 768 mujeres de al menos 21 años de edad que tienen ascendencia Pima; de estas instancias 500 casos son negativos de diabetes y 268 casos son positivos. El conjunto de datos cuenta con 9 atributos, del 1 al 8 corresponden a atributos descriptivos del caso y el 9 corresponde a la clase.

El conjunto de datos Breast-Cancer reporta estudios de 286 individuos, los cuales han padecido cáncer de pecho y de los cuales 201 no tuvieron reincidencia del padecimiento y 85 si tuvieron reincidencia. El conjunto de datos cuenta con 10 atributos, del 1 al 9 corresponden a atributos descriptivos del caso y el 10 corresponde a la clase.

La evaluación se realiza dividiendo el conjunto de instancias en 60% para entrenamiento de la red neuronal y en 40% para validación de la red neuronal.

La experimentación del algoritmo fue realizada en el clúster Ehécatl en un nodo con un procesador Intel Xeon de 10 núcleos y 64 gigabytes de RAM. Respecto al algoritmo, éste fue desarrollado en el lenguaje JAVA versión 6.0 y se usaron hilos de procesamiento.

Se realizaron 30 ejecuciones por cada conjunto de datos, los resultados presentados muestran el valor promedio de la efectividad de clasificación de la red (ECR); este indicador de desempeño representa el porcentaje de casos correctamente clasificados frente al total de casos de validación para la instancia y una

comparativa estadística entre los resultados obtenidos de acuerdo a las diferentes variantes del algoritmo.

6. Resultados

En este trabajo se desarrolló un método híbrido evolutivo empleando algoritmos genéticos y de búsqueda dispersa; en este algoritmo se evolucionan topologías utilizando el algoritmo genético y pesos mediante búsqueda dispersa. Se presentan los resultados de las pruebas comparativas para analizar el desempeño de diferentes variantes del algoritmo y se aplicó además la prueba estadística no paramétrica de Wilcoxon para determinar si existen diferencias significativas en el desempeño de la variante híbrida evolutiva RNHE y cada una de las otras dos variantes. Se utilizó un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$ y la hipótesis nula de que "Ambos algoritmos tienen igual desempeño". Se observó que el método híbrido evolutivo RNHE tiene un desempeño estadísticamente superior a las otras variantes analizadas, por lo que se utiliza para compararlo con los resultados de los algoritmos reportados en el estado del arte. Las Tablas 1 y 2 muestran los resultados comparativos de desempeño de las tres variantes desarrolladas utilizando las instancias Pima-Indian Diabetes y Breast-Cancer respectivamente.

Tabla 1. Resultados de efectividad de clasificación para el conjunto Pima-Indian Diabetes

Método	Mejor ECR	ECR Promedio	Peor ECR	P-value y tipo de diferencia
Red neuronal híbrida evolutiva	82.1%	79.1%	77.2%	_____
Red neuronal híbrida evolutiva sin búsqueda local	82.1%	77.6%	75%	$P_v : 0.000004$ La diferencia es significativa
Red Neuronal híbrida evolutiva sin ajuste sináptico	72.4%	67.7%	64.2%	$P_v : 0.000002$ La diferencia es significativa

Tabla 2. Resultados de efectividad de clasificación para el conjunto Breast-Cancer

Método	Mejor ECR	ECR Promedio	Peor ECR	P-value y tipo de diferencia
Red neuronal híbrida evolutiva	85.2%	79.8%	72.1%	_____
Red neuronal híbrida evolutiva sin búsqueda local	84.3%	77.9%	73.9%	$P_v : 0.000018$ La diferencia es significativa
Red Neuronal híbrida evolutiva sin ajuste sináptico	83.4%	76.1%	70.4%	$P_v : 0.000002$ La diferencia es significativa

Por otra parte, se compara el desempeño de la red neuronal híbrida propuesta con los resultados del estado del arte reportados en los trabajos de Dragoni y Gowda que usan el enfoque Back Propagation y Back Propagation evolutivo y utilizan el conjunto de datos Pima-Indian Diabetes [9] [10]. Los resultados se presentan en la Tabla 3 donde se observa claramente la superioridad del algoritmo híbrido evolutivo.

Tabla 3. Comparativa de efectividad de clasificación del algoritmo propuesto RNHE y algoritmos del estado del arte

Método	Mejor ECR	ECR Promedio
Red neuronal simple con Back Propagation [9]	75.26%	73.08%
Red neuronal evolutiva con Back Propagation [10]	77.7%	77.7%
Red neuronal híbrida evolutiva (este trabajo)	82.1%	79.1%

Comparándonos contra otro enfoque evolutivo, Dragoni también reporta en su trabajo resultados para el enfoque NEAT en el conjunto de datos Pima-Indian Diabetes [9]. Para este caso, se realizó una evaluación con Wilcoxon para determinar si existen diferencias significativas entre los algoritmos. Se utilizó un nivel

de significancia de $\alpha = 0.05$ y la hipótesis nula de que "Ambos algoritmos tienen igual desempeño". En la tabla 4 se pueden observar los resultados de desempeño y resultado de la evaluación estadística donde se obtiene como resultado que el algoritmo RNHE es equivalente al enfoque NEAT.

Tabla 4. Comparativa de efectividad de clasificación de RNHE contra el enfoque NEAT

Método	Mejor ECR	ECR Promedio	Desviación estándar	P-value y tipo de diferencia
NEAT [9]	82.91%	79.55%	0.0221	P v : 0.308615 Se acepta la hipótesis nula
Red neuronal híbrida evolutiva (este trabajo)	82.1%	79.1%	0.0149	

Por otro lado, también se realiza la comparativa con el enfoque SimBa propuesto por Dragoni, esto para el conjunto de datos Pima-Indian Diabetes [9]. En la Tabla 5 se muestran los resultados donde se muestra un desempeño competitivo del algoritmo propuesto contra el enfoque evolutivo SimBa.

Tabla 5. Comparativa de efectividad de clasificación contra enfoque SimBa

Método	Mejor ECR	ECR Promedio
Red neuronal evolutiva con cruza SimBa [9]	87.13%	83.83%
Red neuronal híbrida evolutiva (este trabajo)	82.1%	79.1%

7. Conclusiones

La técnica híbrida de redes neuronales con algoritmos evolutivos que se propone muestra un desempeño competitivo frente a estrategias para reorganizar topologías de forma inteligente como SimBa y un desempeño estadísticamente equivalente al enfoque de neuroevolución por topologías incrementales NEAT. La técnica propuesta también muestra un desempeño superior frente a las redes neuronales con aprendizaje Back Propagation. Las variantes del algoritmo que fueron evaluadas muestran una superioridad estadística

de la técnica híbrida evolutiva RNHE, que implementa la evolución de topologías y pesos. Los resultados muestran que es posible mejorar el desempeño de una red neuronal con evolución topológica incorporando evolución en el ajuste sináptico de los pesos. Esta mejora se puede explicar debido a que mientras la evolución de las topologías aporta una mayor capacidad de exploración, la evolución del ajuste sináptico de los pesos incrementa su capacidad de explotación, lo cual le permite escapar de óptimos locales de manera rápida para lograr una exploración más eficiente del espacio de soluciones.

Como trabajo futuro se considera importante investigar sobre nuevas técnicas de perturbación topológica, así como la implementación de otras meta-heurísticas para la realización de los ajustes sinápticos; esto con el fin de explorar nuevas redes que mejoren la calidad de las soluciones.

Reconocimientos

Los autores agradecen a CONACYT, Tecnológico Nacional de México y PRODEP por su apoyo a este trabajo. Un reconocimiento especial al Laboratorio Nacional de Tecnologías de la Información del Instituto Tecnológico de Ciudad Madero por el acceso al cluster de computación de alto desempeño. Este trabajo ha sido parcialmente apoyado por el Proyecto CONACYT 254498 por lo que brindamos un agradecimiento muy especial a CONACYT. El autor Erick Estrada Patiño agradece al Conacyt por su apoyo por la beca brindada durante sus estudios de posgrado.

REFERENCIAS

- [1] Suárez, J. Desarrollo de un sistema de diagnóstico asistido por computador para detección de nódulos pulmonares en tomografía computarizada multicorte. Tesis PhD., Santiago de Compostela: Universidad de Santiago de Compostela, 2009.
- [2] Bustamante, F., Chavarría, E. El desarrollo de la computación y su influencia en la medicina. *Revista costarricense de ciencias médicas*; Scielo. 1992, 13(1), 59-70.
- [3] Delgado, A. Aplicación de las redes neuronales en medicina. *Revista de la facultad de medicina de la universidad nacional de Colombia*; Scielo. 1999, 47(4), 221-223.
- [4] Durán E., Costaguta, R. Minería de datos para descubrir estilos de aprendizaje. *Revista iberoamericana de educación*; OEI. 2007, 42(2), 1-10.
- [5] Hernández, J. Introducción a la minería de datos, Madrid: Pearson Prentice Hall, 2004.
- [6] Reeves, C. R. Genetic Algorithms. *Handbook of Metaheuristics*, New York, Springer, 2010, pp. 109-141.
- [7] Coello, C., Gary, L., Van Veldhuizen, D. *Evolutionary algorithms for solving multi-objective problems vol. 5*, New York: Springer, 2007.
- [8] Castillo, P., Castellano, J., Merelo, J., Prieto, A. Diseño de redes neuronales artificiales mediante algoritmos evolutivos. *Revista iberoamericana de inteligencia artificial*; Redalyc. 2001, 5(14), 2-32.
- [9] Dragoni, M., Azzini, A., Tettamanzi, A. SimBa: A novel similarity-based crossover for neuro-evolution. *Neurocomputing*; Elsevier. 2014, 130(1), 108-122.
- [10] Gowda, A., Manjunath, A., Jayaram, M. Application of genetic algorithm optimized neural network connection on weights for medical diagnosis of pima indians diabetes. *International journal on soft computing*; AIRCC. 2011, 2(2), 15-23.
- [11] Blake, C., Merz, C. *UCI repository of machine learning databases*, 1998.
- [12] García, A. *Inteligencia artificial: fundamentos, práctica y aplicaciones*, Madrid: RC Libros, AlfaOmega, 2012.
- [13] Trujillano, J., March, J., Sorribas, A. Aproximación metodológica al uso de redes neuronales artificiales para la predicción de resultados en medicina. *Medicina clínica*, Elsevier. 2004, 22(s1), 59-67.
- [14] Fogel, L., Owens, A., Walsh, M. On the Evolution of Artificial Intelligence (Artificial intelligence generated by natural evolution process). *Proceedings of the Fifth National Symposium on Human Factors in Electronics*; IEEE. 1964, 63-76.
- [15] McCulloch, W., Pitts, W. Logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *Bulletin of mathematical biophysics*; Springer. 1943, 5(4), 115-133.
- [16] Ömer, Y., Mesut, T., Turgut, K. Artificial neural networks in the diagnosis of acute appendicitis. *The american journal of emergency medicine*; Elsevier. 2012, 30(7), 1245-1247.
- [17] Ortiz, D., Villa, F., Velásquez, J., Una comparación entre estrategias evolutivas y RPROP para la estimación de redes neuronales. *Avances en sistemas e informática*; Redalyc. 2007, 4(2), 135-144.

SEMBLANZA



Erick Estrada Patiño nació en la ciudad de Tampico. Es egresado del Instituto Tecnológico de Ciudad Madero obteniendo el título de Ingeniero en Sistemas Computacionales en 2015. A fungido como apoyo en el desarrollo web del congreso LANTI 2015 y SMIO 2016. Sus áreas de interés principales son la minería de datos y algoritmos metaheurísticos. Actualmente es estudiante de Posgrado en el programa de Maestría en Ciencias de la Computación dentro del Instituto Tecnológico de Ciudad Madero.



Juan Frausto Solís tiene el grado de Doctor en Ingeniería Eléctrica y Ciencias Computacionales por el Instituto Nacional Politécnico de Grenoble. Pertenecer al Sistema Nacional de Investigadores y actualmente forma parte del cuerpo académico de Posgrado en el Instituto Tecnológico de Ciudad Madero en el área de ciencias de la computación. Sus áreas de interés principales son la inteligencia artificial, el cómputo masivo y la optimización.



Guadalupe Castilla Valdez tiene el grado de Maestra en Ciencias por el Instituto Tecnológico de León, en Guanajuato, y el grado de Doctora en Ciencias en Computación por el Instituto Tecnológico de Tijuana en Baja California. Actualmente forma parte del cuerpo académico de Posgrado en el Instituto Tecnológico de Ciudad Madero en el área de ciencias de la computación. Sus áreas de interés incluyen inteligencia artificial y problemas de optimización combinatoria mono-objetivo y multi-objetivo.



Jesús David Terán Villanueva egresado del Instituto Tecnológico de Tijuana en el 2014, realizó un posgrado relacionado con la predicción de características reológicas del crudo con modificadores empleando redes neuronales. Sus áreas de especialidad están relacionadas con la inteligencia artificial, en particular: en el uso de heurísticas y metaheurísticas para resolver problemas de optimización; sistemas difusos como controladores; y redes neuronales para clasificación y regresión; entre otros. Trabajó en un proyecto de cátedras CONACYT relacionado con la minería de procesos y actualmente es profesor de tiempo completo en la Universidad Autónoma de Tamaulipas.