

Análisis de Células Cancerígenas Aplicando la Teoría de Testores Típicos
Cancer Cell Analysis Applying “Typical Testors” Theory

Alexis Gallegos ¹, Dolores Torres ², Francisco Álvarez ¹, Aurora Torres ¹

¹ Universidad Autónoma de Aguascalientes- Campus Central, Departamento de Ciencias de la Computación,
Aguascalientes, México

² Universidad Autónoma de Aguascalientes- Campus Central, Departamento de Sistemas de Información, Aguascalientes,
México
alexisedm@gmail.com, mdtorres@correo.uaa.mx, fjalvar@correo.uaa.mx, atorres@correo.uaa.mx

Fecha de recepción: 18 de septiembre 2016

Fecha de aceptación: 10 de diciembre 2016

Resumen. El diagnóstico oportuno forma parte de una serie de recomendaciones que permiten detectar enfermedades en etapas tempranas y puedan ser atacadas antes de que conduzcan a problemas serios o incluso la muerte. Debido a su importancia, el diagnóstico médico es un proceso cognoscitivo que debe mantenerse en constante evolución con el objetivo de reducir la posibilidad de un diagnóstico erróneo. En casos de cáncer, el diagnóstico oportuno es determinante para conseguir un pronóstico positivo. Por tanto, se presenta un análisis sobre las características de las células de cáncer, específicamente en cáncer de mama. Dicha patología es de los tipos de cáncer más presente en mujeres alrededor del mundo sin importar el nivel de desarrollo de la región. El propósito del artículo es presentar el uso de testores típicos, es decir, como técnica de reducción de dimensiones para clasificar las células cancerígenas en malignas o benignas; así como el peso informacional de cada variable como índice de importancia.

Palabras Clave: Células de Cáncer, Cáncer de mama, Diagnóstico, Selección de Características.

Abstract. The timely diagnosis is part of a series of recommendations that can detect diseases in early stages to be attacked before they lead to serious problems or even death. Because of its importance, medical diagnosis is a cognitive process that must be kept in constant evolution in order to reduce the possibility of a misdiagnosis. In cases of cancer, timely diagnosis is crucial to achieve a positive prognosis. Thus, an analysis is presented on the features of cancer cells, specifically in breast cancer. This pathology is one of the most common types of cancer in women around the world, regardless of the level of development of the region. The purpose of the article is present the use of typical testors, a technique of reduction of dimensions to classify cancer cells into malignant or benign; as well as get the informational weight of each variable as an index of importance.

Keywords: Cancer cells, Breast Cancer, Diagnosis, Feature Subset Selection.

1 Introducción

La salud es una prioridad para la humanidad; más aún, con patologías cuyo diagnóstico oportuno y correcto puede ser la diferencia entre un pronóstico positivo y uno negativo. Razón por la cual, la medicina es uno de los campos que más podrían beneficiarse con la interacción cercana con la computación y las matemáticas para mejorar procesos como el diagnóstico médico[1].

El diagnóstico es una tarea fundamental para los médicos y forma la base para establecer un tratamiento adecuado[2]. Debido a que el proceso tiene tratamiento humano no se encuentra exento de posibles errores que pueden causar retrasos considerables en la atención médica oportuna del paciente[1].

El diagnóstico oportuno es tan importante en enfermedades comunes como un resfriado, así como para enfermedades de mayor impacto para la salud como lo es el cáncer. Así pues, debido a su importancia, el presente trabajo aplica la técnica de testores típicos a células de cáncer de mama para encontrar el peso informacional y así determinar la influencia de cada una de las variables presentes en esta patología.

El presente trabajo, consta de tres apartados más; de los cuales, el primero abordará el panorama sobre el cáncer y su impacto en la sociedad así como profundizar acerca de su diagnóstico oportuno.

Para el siguiente apartado se comentará un poco sobre la evolución de la metodología de testores típicos. Se tratará la metodología aplicada al análisis de las células de cáncer donde se observará la evolución del procesamiento de información y sus resultados.

Finalmente en el apartado de conclusiones, se analizará la información obtenida y una pequeña descripción de trabajos futuros con el propósito de aprovechar los resultados ya obtenidos.

2 Antecedentes

A diferencia de lo que se pueda pensar, el cáncer no es una enfermedad, sino muchas de ellas, en otras palabras, es un término usado para designar alrededor de 200 entidades distintas[3] constituyendo un serio problema para la humanidad debido a las altas tasas de incidencia y mortalidad presentes en el mundo[4], así como problemas de orden psicológico familiar, laboral y económico entre otros[5].

El cáncer es un trastorno caracterizado por un desequilibrio entre la proliferación celular y los mecanismos normales de muerte celular[3]. Las células sanas se multiplican cuando el cuerpo las necesita y mueren cuando se dañan o el cuerpo ya no las necesita, de manera que, cuando el material genético de la célula cambia provoca que crezcan y se dividan descontroladamente y no mueren de manera normal[6].

Existen muchos tipos de cáncer, debido a que puede aparecer en cualquier órgano o tejido. Según Cáncer.org y la American Cancer Society [7], la diferencia entre ellos es su velocidad de crecimiento y propagación; su respuesta al tratamiento. La causa de la mayoría de los tipos de cáncer sigue siendo desconocida, pero se han detectado múltiples factores de riesgo como el alcoholismo, problemas genéticos, obesidad, exposición a la radiación, etc.[6]

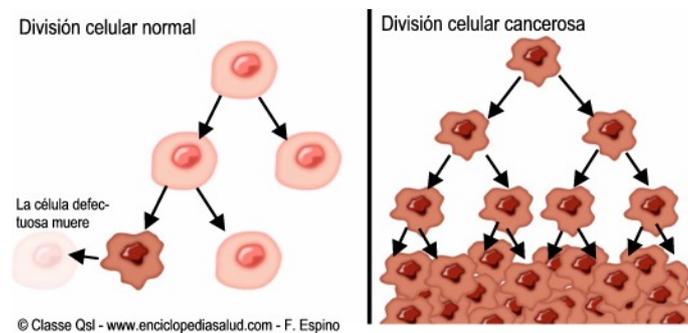


Fig. 1. División Celular normal y cancerosa[8].

La mayoría de los diferentes tipos de cáncer forman una masa anormal de tejido corporal sin ninguna función fisiológica conocida como tumor, masa o neoplasia[7, 9]. Pero, al hablar de un tumor no siempre implica que se tenga desarrollado un cáncer[10]. Existen dos tipos de tumor, el tumor benigno y el maligno. El primero de ellos no implica cáncer[10, 11], aparece en una determinada parte del cuerpo con tendencia de crecimiento lento permaneciendo en un mismo lugar. Rara vez causa problemas graves[12], una vez extirpados, los tumores benignos no suelen reaparecer.

De acuerdo a la Canadian Cancer Society[12], algunas células desarrollan cambios leves que desaparecen sin tratamiento. Otras células desarrollan anomalías genéticas y las nuevas células se vuelven cada vez más anormales hasta convertirse en cáncer. Este proceso puede tomar mucho tiempo hasta que suceda.

Los cambios premalignos pueden variar de acuerdo a su grado de anormalidad[12, 13]:

1. Hiperplasia, se trata del aumento anormal en el número de células. En la mayoría de los casos no significan cambios precancerosos.
2. Atipia, las células lucen significativamente atípicas bajo el microscopio. Algunas veces los cambios son causados por la cicatrización y la inflamación, en lugar de cambios precancerosos.
3. Metaplasia, las células se ven normales, no son del tipo normal como las células del tejido en que se encuentra.
4. Displasia, las células se desarrollan anormalmente, su apariencia y organización ya no son comunes. En la mayoría de los casos, se refiere a condiciones precancerosas.

Por otra parte, el tumor maligno puede dar paso a cualquier tipo de cáncer[10]. Las células son completamente deformes y desorganizadas provocando que el tumor crezca descontroladamente invadiendo tejidos cercanos, vasos sanguíneos o vasos linfáticos. Algunos de ellos pueden interferir en las funciones del cuerpo y causar la muerte[12]. Al igual que los tumores benignos, los malignos pueden desaparecer o retirarse pero éstos pueden reaparecer en algún momento.

Para el presente trabajo se analizan células de cáncer de mama, uno de los cánceres tumorales conocidos desde antiguas épocas (Egipto, 1600 a.C. aproximadamente)[14]. Consiste en un tumor maligno desarrollado a partir de células mamarias, generalmente aparecen en las células de los lobulillos, las glándulas productoras de leche[15].

Tal como es reportado por breastcancer.org[15], si no es tratado a tiempo, las células pueden invadir el tejido mamario sano circundante y llegar a los ganglios linfáticos de las axilas, encargados de eliminar sustancias extrañas del cuerpo. Si las células alcanzan los ganglios linfáticos, tendrán acceso al resto del cuerpo.

Hoy en día el cáncer constituye un problema importante de salud debido a su alta incidencia como causa de mortalidad prematura en la población, y a los problemas que genera en orden psicológico familiar, laboral y económico asociado especialmente a los cambios de estilo de vida[5, 14, 16].

En el mundo, el cáncer de mama es una de las principales causas de muerte, con alrededor de 500 mil decesos al año, de los cuales el 70% ocurren en países en desarrollo[16]. Solo en Canadá, conforma la tercera causa de muerte aumentando su tasa de incidencia alrededor de 15% en los últimos 20 años[4]. En España supone el 29% de todos los cánceres diagnosticados con 25, 215 casos para el año 2012[17].

Para el caso de Estados Unidos, una de cada 8 mujeres desarrollará cáncer de mama a lo largo de su vida, representando así el 12% de la población femenina. Además, para el 2016 se esperan 246,660 diagnósticos de cáncer invasivo[18].

En 1986, en Cuba, el cáncer de mama alcanza el primer lugar de tumores malignos con una tasa de 35.1 por cada 100 mil mujeres, situando a Cuba como el segundo lugar entre las 10 localizaciones más frecuentes de cáncer en ambos sexos[4].

Volviendo a México, según el Consenso Mexicano sobre el Diagnóstico y Tratamiento de Cáncer Mamario[16], se sitúa en el primer lugar de mortalidad por tumor maligno en mujeres mayores a 25 años desde 2007.

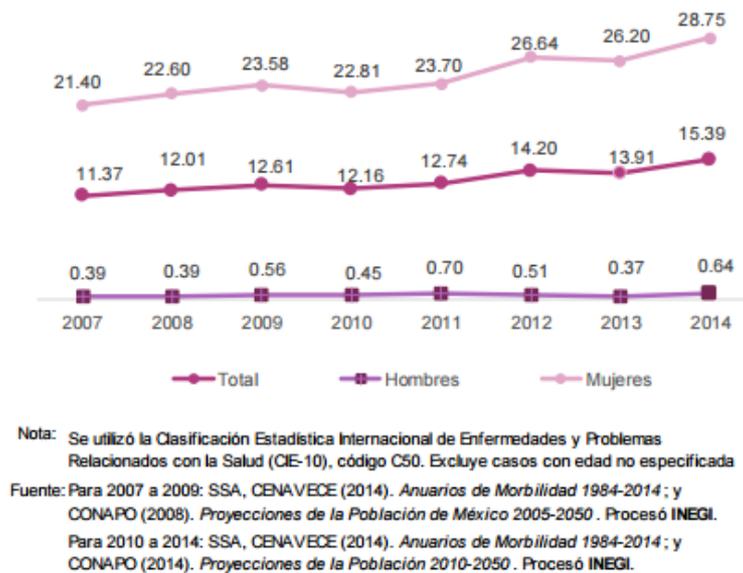


Fig. 2. Incidencia de tumor maligno de mama en población de 20 años o más de 2007 a 2014 por cada 100,000 habitantes de cada sexo. INEGI [19].

Como se puede observar en la figura 2, se hace un análisis de la incidencia de cáncer de mama entre 2007 y 2014 mostrando que en los hombres la incidencia es muy baja y relativamente estable, mientras que en las mujeres manteniendo su tendencia a la alza alcanzando para 2014 28.75 casos por cada 100 mil mujeres mayores a 20 años. Mientras que en la figura 3 se analiza la incidencia en mujeres por entidad federativa en 2013, de los cuales Campeche (117.15 casos), Colima (94.24), Aguascalientes (63.33) y Veracruz (62.36) superan la media nacional de 28.90 casos por cada 100 mil mujeres[19].

El promedio de edad con diagnóstico de cáncer de mama es de 53 años en México, representando casi un década menos comparado con Estados Unidos de América, Canadá y algunos países de Europa, donde el promedio está alrededor de los 60 años. Hasta el 11% de las mujeres con diagnóstico de este tipo de cáncer es de 40 años, siendo mayores que en el caso de países desarrollados[16].

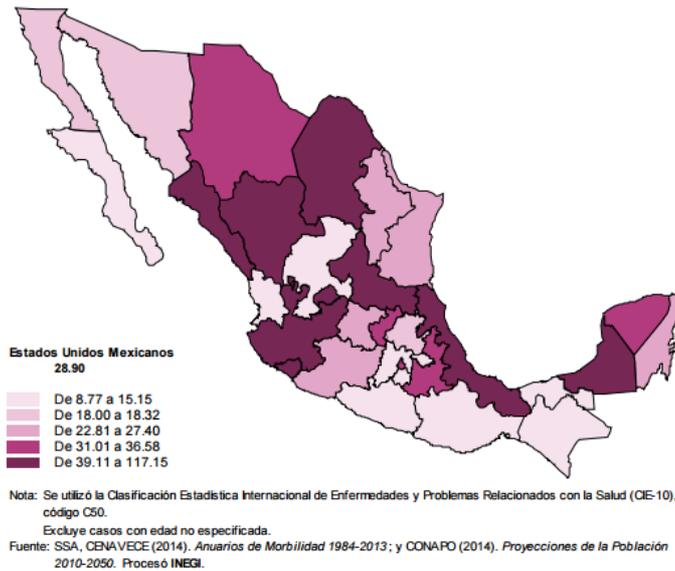


Fig. 3. Incidencia de tumor maligno de mama por entidad federativa de 2007 a 2014, por cada 100,000 mujeres mayores a 20 años. INEGI[19]

Ya con un panorama sobre el impacto que tiene el cáncer en el mundo y, más específicamente, en México se dará paso a tratar la metodología de testores típicos utilizada para el análisis de células benignas y malignas de cáncer de mamá.

3 Metodología

3.1 Conceptos Básicos

El enfoque Lógico Combinatoria del Reconocimiento de Patrones se realiza bajo dos perspectivas: la selección de subconjuntos de características y la selección de objetos[20]. Para el fin de este artículo se expondrá el cálculo de testores típicos correspondientes a la selección de subconjuntos de características.

El problema de selección de subconjuntos de características consiste en seleccionar un subconjunto de variables de un conjunto mayor, con el objetivo de que dicho subconjunto sea suficiente para clasificar y reducir el espacio de características[21]. Su importancia radica en los siguientes puntos[21, 22]:

- Eficiencia y precisión en la clasificación y descripción de fenómenos en los que interviene un número considerable de variables,
- Reducción en requerimientos de medición y almacenamiento,
- Reducción en tiempo de entrenamiento y utilización.

El término de testor fue introducido a los problemas de Reconocimiento de Patrones por Zhuravlev en la ex Unión Soviética[23]. Como idea básica se tiene que un testor es un subconjunto de características, el cual no puede confundir cualquier par de sub-descripciones de diferentes clases. Es otras palabras, es el conjunto características que permite distinguir entre dos clases de objetos[20, 24].

Por tanto, un testor puede definirse como: “un conjunto de características T es testor si y solo si cuando todas las características eliminadas, excepto aquellas en T, no hay algún par de sub-descripciones similares en dos clases diferentes”[23, 24]. A pesar de que Zhuravlev solo hace mención de dos clases en su definición, claramente puede extenderse a n clases sin salir del concepto[25].

Dentro del conjunto de los testores se encuentran los testores típicos, los cuales según Shucloper[25], se trata de testores que cada características es esencial, esto es, si al eliminar una característica el conjunto no resulta un testor[24, 25]. Formalmente es definido como: “Un conjunto de características T es un testor típico si y solo si T es un testor y no existe otro testor T^0 , el cual $T^0 \subset T$ ”[23, 24].

Al encontrar un testor típico, se consigue una irreducible combinación de características, en el cual cada característica es determinante para mantener las diferencias entre clases[23].

Finalmente, el peso informacional es una herramienta que proporciona resultados tangibles[26], presentando matemáticamente la importancia de cada característica para que un objeto pertenezca a una clase o a otra[27, 28].

En apartado 3.1 se expone la descripción del cálculo de testores típicos y el peso informacional de cada característica sobre datos de células de cáncer de mama.

3.2 Framework

Para aplicar los conceptos anteriores, se tiene una base de datos de la Universidad de California proveniente de su Machine Learning Repository. La fuente de datos es Diagnóstico de Cáncer de Mama de Winsconsin (Winsconsin Diagnostic Breast Cancer)[29].

Dicha fuente de datos contiene características calculadas a partir de una imagen digitalizada de la célula perteneciente al tejido de mama. Cabe destacar que el análisis no se realizó con las imágenes de la célula, sino con la información que se obtuvo a partir del procesamiento de imágenes realizado por Nick Street, William Wolberg y O. L. Mangasarian en "Nuclear Feature Extraction for Breast Tumor Diagnosis"[30].

La base de datos descrita por la Universidad de California define 11 características, de las cuales, la primera, representa el diagnóstico de la célula y 10 son características del núcleo de las células obtenidas a partir del análisis de imágenes digitalizadas de una masa fina de tejido mama. Las características son explicadas a continuación[30, 31]:

1. Diagnóstico (Maligno o benigno),
2. Radio. Se refiere a la medida promedio de la longitud de líneas radiales definidas desde el centro a un punto de límite de la célula.
3. Textura. Es medida por medio de la varianza de la intensidad en escala de grises en los pixeles de la imagen digitalizada.
4. Perímetro. La distancia total comprendida en el borde de la célula localizada por puntos por medio de un sistema de visión por computadora.
5. Área. Se define en este caso como el número de pixeles que se encuentran en el interior del límite celular.
6. Suavidad, variación local en las longitudes del radio.
7. Compacidad. Combinación del perímetro y área de la célula en la fórmula $\text{perímetro}^2/\text{área}$. Es una característica de forma que se minimiza en una célula con límite regular e incrementa con células irregulares.
8. Concavidad. Analiza las irregularidades en la forma del núcleo de la célula. Street, Wolberg y Mangasarian miden el número y la severidad de las concavidades en el núcleo.



Fig. 4. Puntos cóncavos en el núcleo celular[30].

9. Puntos cóncavos, número de puntos cóncavos en el contorno.
10. Simetría. Es calculada localizando la línea más larga que pase por el centro de la célula y se trazan líneas perpendiculares a dicha línea. Se mide la diferencia de longitudes en las dos direcciones de la línea central.

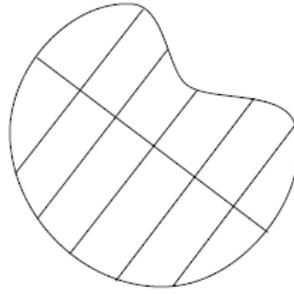


Fig. 5. Segmentos usados para el cálculo de la simetría[30].

11. Dimensión Fractal. Se calcula a partir de la “aproximación costa” definida por Madelbrot. Se trata de una característica de forma, a mayor valor corresponde a mayor probabilidad de malignidad.

La fuente de datos consta de 569 instancias, de los cuales 357 son registros de células benignas y 212 de células malignas. Dicha fuente conforma la matriz de aprendizaje con la descripción de los objetos a analizar[32].

Para realizar un pre-procesamiento de la información, es necesario un análisis profundo en búsqueda de registros duplicados y contradicciones (misma información pero diagnóstico diferente). Al finalizar el procesamiento se cuenta con 141 instancias benignas únicas y 146 instancias únicas malignas.

El siguiente paso es encontrar la Matriz de Diferencias (MD) basado en criterios de comparación obtenidos a partir de literatura especializada o de la experiencia de un especialista, en este caso un patólogo. Una MD se obtiene a partir de la comparación de cada instancia de una clase con las instancias del resto de las clases asignando en la MD un 0 cuando son iguales y un 1 cuando se consideran diferentes[25, 32].

Ahora, se determina la Matriz Básica (MB), la cual consta de las filas básicas de la matriz de diferencias[21, 32]. Una fila iq es básica si no existe una fila ip que sea subfila de iq , es decir; siendo ip e iq filas de la MD, se dice que ip es subfila de iq si para todo elemento de $iq=0$ se cumple que $ip=0$ y además existe al menos un elemento $iq=1$ en el que $ip=0$. [21, 25]

Lo siguiente es la identificación de Testores Típicos, los cuales son representados por una serie de registros que representan el conjunto de características mínimas necesarias para la identificación de clases de acuerdo con la descripción del objeto. Un subconjunto $\tau = \{X_{i_1}, \dots, X_{i_s}\}$ es un Testor Típico si al eliminar alguna característica deja de ser testor[25].

A continuación, en el apartado de Conclusiones se describirán los resultados obtenidos al proceso descrito.

4 Conclusiones

Como se pudo observar a lo largo del artículo, el cálculo de testores típicos puede ser aplicado a cualquier área del conocimiento. Por tanto es necesaria la presencia de especialistas en el tema abordado. En este caso fue necesaria el apoyo de un experto en Patología.

Los testores típicos y su peso informacional obtenidos se presentan la tabla 1 a continuación:

Características	Testores Típicos		Peso Informacional
	1	2	
Radio	0	1	50%
Textura	1	1	100%
Perímetro	1	1	100%
Área	1	0	50%
Suavidad	1	1	100%
Compacidad	1	1	100%
Puntos Cóncavos	1	1	100%
Simetría	1	1	100%
Dimensión Fractal	1	1	100%

Tabla 2. Testores Típicos y Peso Informacional.

Se observa que ocho de las características observadas son críticas para determinar si una célula es benigna o maligna, éstas son las marcadas con 100% de peso informacional. En cambio el Radio y el Área obtuvieron el 50%, esto significa que para clasificar una célula se puede prescindir de una u otra variable pero no ambas, es decir, se debe conocer al menos una de ellas para tomar una decisión precisa.

Es importante mencionar que es posible que una característica obtenga un peso informacional de 0%, lo cual significa que no influye en la clasificación y puede ser eliminada del conjunto de características. Así, es posible reducir el número de características y facilitar la comprensión del problema y su comportamiento.

Finalmente como trabajo a futuro se tiene la creación de una Metaheurística con el propósito de contrastar sus resultados con los del cálculo de Testores Típicos; por tanto, se busca entrenar la metaheurística y clasificar nuevas instancias de células de acuerdo con la matriz básica.

Referencias

- [1] S. O. Lugo-Reyes, G. Maldonado-Colín, and C. Murata, "Inteligencia artificial para asistir el diagnóstico clínico en medicina," *Artificial Intelligence to Assist Clinical Diagnosis in Medicine.*, Article vol. 61, no. 2, pp. 110-120, 2014.
- [2] J. Díaz Novás, B. Gallego Machado, and A. León González, "El diagnóstico médico: bases y procedimientos," vol. 22, ed. Cuba: Biblioteca Virtual en Salud de Cuba, 2006, p. 11.
- [3] *Tratamiento del cáncer: oncología médica, quirúrgica y radioterapia.* Distrito Federal, MÉXICO: Editorial El Manual Moderno, 2016.
- [4] E. Garrido Fuente, "Neoplasia de mama," El Cid Editor, Córdoba, AR2016, Available: <http://site.ebrary.com/lib/univeraguascalientessp/docDetail.action?docID=11203437>.
- [5] E. Garrido Fuente, "Factores de riesgos ambientales y genéticos: influencia en el cáncer de mama," El Cid Editor, Córdoba, AR2015, Available: <http://site.ebrary.com/lib/univeraguascalientessp/docDetail.action?docID=11087163>.
- [6] M. Plus. (2015). *Cáncer*. Available: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/001289.htm> Available: <https://medlineplus.gov/cancer.html>
- [7] S. A. c. e. Cáncer. (2016). *¿Qué es el cáncer? Una guía para pacientes y sus familias*. Available: <http://www.cancer.org/espanol/cancer/aspectosbasicossobreelcancer/que-es-el-cancer>
- [8] (2007). *Oncología y Cáncer*. Available: <http://www.encyclopediasalud.com/categorias/oncologia-y-cancer/articulos/cancer>
- [9] "Tumor," ed. U.S.A.: University of Meryland, Medical Center, 2012.
- [10] T. Ocete Calvo. (2016). *Diferencia entre tumor y cáncer*. Available: <http://www.bekiasalud.com/articulos/diferencias-tumor-cancer/>
- [11] (2014). *Tumor*. Available: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/001310.htm>
- [12] *Types of Tumours*. Available: <http://www.cancer.ca/en/cancer-information/cancer-101/what-is-cancer/types-of-tumours/?region=on>
- [13] (2014). *Cómo entender su informe de patología: Hiperplasia atípica*. Available: <http://www.cancer.org/espanol/servicios/comocomprendersudiagnostico/entiendasuinformedepatologia/patologiadel seno/patologia-hiperplasia-atipica>
- [14] E. Garrido Fuente, "Medios diagnósticos en la detección precoz del cáncer de mamas," 2015.
- [15] breastcancer.org. (2014). *¿Qué es el Cáncer de mama?* Available: <http://www.cancer.gov/about-cancer/understanding/what-is-cancer>
- [16] J. Cárdenas Sánchez, J. E. Bargalló Rocha, A. Erazo Valle, A. Poitevin Chachón, C. Vicente Valero, and V. Pérez Sánchez, "Consenso Mexicano sobre diagnóstico y tratamiento de cáncer mamario," vol. 6, ed. México: Masson Doyman México S.A., 2015, p. 149.
- [17] A. Santaballa Bertrán. (2015). *Cáncer de Mama*. Available: <http://www.seom.org/en/informacion-sobre-el-cancer/info-tipos-cancer/cancer-de-mama-raiz/cancer-de-mama?format=pdf>
- [18] breastcancer.org. (2016). *U.S. Breast Cancer Statistics*. Available: http://www.breastcancer.org/symptoms/understand_bc/statistics
- [19] INEGI, "Estadísticas a Propósito del... Día Mundial de la Lucha contra el Cáncer de Mama," in *Estadísticas Nacionales*, ed. México: Instituto Nacional de Estadística y Geografía, 2015.
- [20] Y. Villuendas Rey, *Esquema para el pre-procesamiento de conjuntos de entrenamiento de clasificadores del vecino más cercano basado en extensiones a la teoría de los conjuntos aproximados*. Havana, CUBA: Editorial Universitaria, 2014.

- [21] M. D. Torres Soto, A. Torres Soto, and E. Ponce de León Sentí, "Algoritmo Genético y Testores Típicos en el Problema de Selección de Subconjuntos de Características," Available: [http://www.iiisci.org/journal/CV\\$/risici/pdfs/C415DR.pdf](http://www.iiisci.org/journal/CV$/risici/pdfs/C415DR.pdf)
- [22] I. Guyon and A. Elisseeff, "An Introduction to Variable and Feature Selection," vol. 3, ed: Journal of Machine Learning Research, 2003.
- [23] J. A. Carrasco-Ochoa, J. Ruiz-Shulcloper, and L. A. De la Vega Doría, "Feature Selection Using Typical E: Testors, Working on Dynamical Data," *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis and Applications*, Available: <https://books.google.com.mx/books?id=mzefGf2hG4C&pg=PA685&lpg=PA685&dq=zhuravlev+testores&source=bl&ots=JgQLDgGDmq&sig=aGnuAA2gFHhhV1c-seEUWzrONtA&hl=es-419&sa=X#v=onepage&q=zhuravlev%20testores&f=false>
- [24] J. A. Santos, A. Carrasco, and J. F. Martínez, "Feature Selection using Typical Testors applied to Estimation of Stellar Parameters," *Computación y Sistemas*, vol. 8, pp. 15-23
- [25] J. Ruíz Shulcloper, E. Alba Cabrera, and M. Lazo Cortés, "Introducción a la Teoría de Testores," ed: Departamento de Ingeniería Electrica, CINVESTAV-IPN, 1995, p. 197.
- [26] D. Torres, E. Ponce de León, A. Torres, A. Ochoa, and E. Díaz, "Hybridization of Evolutionary Mechanisms for Featured Subset Selection in Unsupervised Learning," *MICAI 2009: Advances in Artificial Intelligence*, pp. 610-621 Available: <https://books.google.com.mx/books?id=atqYTbU8gO0C&printsec=frontcover#v=onepage&q&f=false>
- [27] M. D. Torres Soto, A. Torres Soto, M. d. l. L. Torres Soto, L. Bermudez Rosales, and E. E. Ponce de León Sentí, "Factores Predisponentes en Relajación Residual Neuromuscular," *Research in Computing Science*, vol. 93, pp. 163–174 Available: http://www.rcs.cic.ipn.mx/2015_93/
- [28] M. O. Cotilla, "Un Recorrido por la Sismología de Cuba," 1 ed. Cuba: Editorial Complutense, S. A., 2006.
- [29] W. H. Wolberg, N. Street, and O. L. Mangasarian, "Wisconsin Diagnostic Breast Cancer (WDBC)," U. o. California, Ed., ed. USA, 1995.
- [30] W. N. Street, W. H. Wolberg, and O. L. Mangasarian, "Nuclear Feature Extraction For Breast Tumor Diagnosis," *International Symposium on Electronic Imaging: Science and Technology*, vol. 1905, pp. 861-870
- [31] W. H. Wolberg, W. N. Street, D. M. Heisey, and O. L. Mangasarian, "Computer-derived nuclear features distinguish malignant from benign breast cytology," *Human Pathology*, vol. 26, no. 7, pp. 792-796, 1995.
- [32] Y. Santiesteban Algaza and A. Pons Porrata, "LEX: A New Algorithm for the Calculus of all Typical Testors," vol. 1, p. 85–95