

Esquemas de mutación para micro evolución diferencial adaptativa (μ SADE) en clasificación de imágenes médicas

Christian Gómez-Magdaleno, Marco Aurelio Sotelo-Figueroa*

Resumen—El diagnóstico asistido por computadora (CAD) en imágenes médicas requiere procesos de segmentación robustos, ya que el procesamiento adecuado de una imagen influye directamente en la calidad de las características extraídas, como ocurre en técnicas de Radiomics. En el presente trabajo se evalúa la técnica de umbralización Multi-Otsu optimizada mediante algoritmos evolutivos, con el objetivo de mejorar la segmentación de radiografías en cuatro regiones relevantes: fondo, tejido blando, hueso y posibles patologías. Se comparó la solución obtenida mediante búsqueda exhaustiva del método clásico de Multi-Otsu con los resultados obtenidos mediante Evolución Diferencial (DE) clásica y una versión de Micro Evolución Diferencial Adaptativa (μ SADE), utilizando dos esquemas de mutación ampliamente empleados en el estado del arte (Best/1 y Rand/1). Las características extraídas de las imágenes segmentadas se emplearon en un proceso de clasificación binaria utilizando una Máquina de Vectores de Soporte (SVM) con kernel lineal. Este proceso se aplicó a tres conjuntos de datos de imágenes médicas correspondientes a COVID-19, tuberculosis y neumonía. Los resultados obtenidos permitieron analizar el impacto de la optimización de umbrales en el desempeño de clasificación y fueron contrastados mediante técnicas estadísticas para evaluar el desempeño de los algoritmos evolutivos en la búsqueda de umbrales óptimos.

Palabras clave—DE, μ SADE, radiomics, segmentación de imágenes, CAD.

Mutation Schemes for Differential Adaptive Microevolution (μ SADE) in Medical Image Classification

Abstract—Computer-aided diagnosis (CAD) of medical images requires robust segmentation processes, as proper image processing directly influences the quality of the extracted features, as seen in radiomics techniques. This work evaluates the Multi-Otsu thresholding technique optimized using evolutionary algorithms, aiming to improve radiograph segmentation into four relevant regions: background, soft tissue, bone, and potential pathologies. The solution obtained through exhaustive search of the classic Multi-Otsu method was compared with results obtained using classical Differential Evolution (DE) and a version of Adaptive Differential Microevolution (μ SADE), employing two mutation schemes widely used in the state of the art (Best/1 and Rand/1). The features extracted from the segmented images were used in a binary classification process using a Support Vector

Machine (SVM) with a linear kernel. This process was applied to three medical image datasets corresponding to COVID-19, tuberculosis, and pneumonia. The results obtained allowed for the analysis of the impact of threshold optimization on classification performance and were compared using statistical techniques to evaluate the performance of evolutionary algorithms in the search for optimal thresholds.

Index Terms—DE, μ SADE, radiomics, image segmentation, CAD.

I. INTRODUCCIÓN

Aunque en años recientes los métodos basados en aprendizaje profundo, como las redes neuronales convolucionales (CNNs) y las arquitecturas U-Net, han definido el estado del arte en segmentación médica [6], estos modelos presentan limitaciones prácticas, ya que requieren grandes volúmenes de datos anotados, elevados recursos computacionales y presentan limitada interpretabilidad al ser considerados modelos de caja negra.

El Diagnóstico Asistido por Computadora (CAD) se ha consolidado como una herramienta fundamental para optimizar la precisión y rapidez en la interpretación de imágenes médicas [6]. Ante la creciente prevalencia de enfermedades respiratorias de alto impacto global, como la tuberculosis, la neumonía y el COVID-19, la capacidad de procesar y analizar radiografías de tórax de manera automatizada se ha convertido en una prioridad para los sistemas de salud [3]–[5], [8]. El flujo de trabajo típico de estos sistemas comienza con la adquisición de la imagen y culmina en la clasificación patológica; sin embargo, su éxito depende críticamente de una etapa intermedia: la segmentación de imágenes. Esta etapa permite delimitar estructuras anatómicas de interés, como el tejido pulmonar, y separar regiones asociadas con anomalías o ruido.

Uno de los métodos más robustos para este propósito es la umbralización de Otsu [2], que busca maximizar la varianza entre clases para separar los niveles de gris. No obstante, cuando se requiere una segmentación multinivel (Multi-Otsu) [18] para distinguir simultáneamente entre fondo, tejido blando, hueso y patologías, la complejidad computacional de la búsqueda exhaustiva crece exponencialmente con el número de umbrales [19]. Esto provoca que el método tradicional resulte ineficiente en aplicaciones que requieren el procesamiento de grandes volúmenes de imágenes o imágenes de alta resolución.

Para abordar esta problemática, las metaheurísticas de optimización han surgido como una alternativa viable. En

Manuscript received on 20/02/2026, accepted for publication on 07/04/2026. Corresponding author is Marco Aurelio Sotelo-Figueroa.

The authors are with Departamento de Estudios Organizacionales, Universidad de Guanajuato, Guanajuato, México. Emails: {c.gomezmagdaleno, masotelo}@ugto.mx.

particular, la Evolución Diferencial (DE) [21] ha demostrado ser eficaz en espacios de búsqueda continuos y complejos. Sin embargo, uno de los principales desafíos en este tipo de algoritmos radica en el ajuste de sus hiperparámetros y en el costo computacional asociado con la evaluación de poblaciones de gran tamaño [1].

La Micro Evolución Diferencial Adaptativa (μ SADE) [22] propone una solución mediante el uso de poblaciones reducidas ($NP = 10$) y mecanismos de auto-adaptación de parámetros, permitiendo optimizar una función con un número reducido de evaluaciones de la función objetivo.

En el presente artículo se evalúa el impacto de optimizar los umbrales de Multi-Otsu mediante los algoritmos evolutivos DE y μ SADE, utilizando los esquemas de mutación Best/1 y Rand/1. La hipótesis central es que una segmentación optimizada permite identificar regiones más precisas para el análisis radiómico, facilitando la extracción de características cuantitativas de textura y forma que a menudo son imperceptibles al ojo humano [7], [9], [10]. Para ello, se utilizaron tres conjuntos de datos de imágenes médicas correspondientes a COVID-19, tuberculosis y neumonía.

Los resultados obtenidos mediante los algoritmos evolutivos y la búsqueda exhaustiva del método Multi-Otsu fueron comparados estadísticamente con el objetivo de determinar cuál de las configuraciones produce umbrales más adecuados y un mejor desempeño en la clasificación de las imágenes.

II. MARCO TEÓRICO

A. Radiómica (Radiomics)

La radiómica es un área de la investigación médica enfocada en la extracción automatizada de características cuantitativas a partir de imágenes médicas digitales [23]. A diferencia de la evaluación cualitativa visual tradicional, la radiómica transforma las imágenes en conjuntos de datos estructurados y minables que capturan información sobre el fenotipo de los tejidos. En este estudio, el vector de características radiómicas extraído tras la segmentación abarca estadísticos de primer orden (media y desviación estándar global), descriptores de forma o distribución (número de regiones, área total y área máxima) y características de textura de segundo orden obtenidas a través de la Matriz de Co-ocurrencia de Nivel de Gris (GLCM) [9], tales como el contraste, la energía y la homogeneidad.

B. Segmentación Multi-Otsu

El método de Otsu [20] es una técnica clásica de umbralización global que segmenta una imagen maximizando la varianza entre clases de las intensidades de los píxeles. La umbralización Multi-Otsu [2] es la generalización de este método para problemas multinivel, cuyo objetivo es dividir la imagen en múltiples regiones homogéneas (por ejemplo: fondo, tejido blando, huesos y patologías) encontrando D umbrales óptimos. Matemáticamente, el problema se plantea como un desafío de optimización, donde la función objetivo

a minimizar en este trabajo es la varianza entre clases negativa. La complejidad computacional de la búsqueda exhaustiva crece exponencialmente al aumentar el número de umbrales [19].

C. Evolución Diferencial (DE)

La Evolución Diferencial (DE) [21] es un algoritmo evolutivo de optimización global, estocástico y basado en poblaciones, diseñado principalmente para espacios de búsqueda continuos. El algoritmo opera a través de la evolución generacional de una población de NP vectores de parámetros, utilizando tres operaciones principales: mutación, cruce y selección. Durante la generación G , por cada vector objetivo $x_{i,G}$, el operador de mutación crea un vector mutado $v_{i,G}$. El operador de cruce discretiza la combinación entre el vector objetivo y el vector mutado para generar un vector de prueba $u_{i,G}$. Finalmente, se aplica un proceso de selección, donde el vector que posea el mejor valor de la función objetivo pasa a la siguiente generación.

Esquemas de mutación. La capacidad de exploración y explotación de la Evolución Diferencial depende de su estrategia de mutación.

Rand/1. En este esquema, el vector base y los vectores de diferencia se seleccionan de manera completamente aleatoria ($r1, r2$ y $r3$ son índices mutuamente excluyentes). Al no depender de la mejor solución actual, este esquema fomenta la diversidad poblacional y una amplia exploración del espacio de búsqueda. Su ecuación está dada por:

$$v_{i,G} = x_{r1,G} + F \cdot (x_{r2,G} - x_{r3,G}), \quad (1)$$

donde F representa el factor de mutación o factor de escala, el cual controla la magnitud de la perturbación diferencial.

Best/1. Esta variante sustituye el vector base aleatorio por el mejor individuo encontrado en la población hasta la generación actual ($x_{best,G}$). El algoritmo acelera drásticamente la explotación y convergencia hacia el óptimo global, aunque con un mayor riesgo de convergencia prematura. Se define mediante la ecuación:

$$v_{i,G} = x_{best,G} + F \cdot (x_{r1,G} - x_{r2,G}). \quad (2)$$

D. Micro evolución diferencial adaptativa (μ muSADE)

La variante micro-evolutiva μ SADE [22] trabaja con una población de tamaño drásticamente reducido. Para compensar la complejidad de ajustar los hiperparámetros en poblaciones pequeñas, el algoritmo incorpora un mecanismo de auto-adaptación para los parámetros de control (tanto para el factor de mutación F y la tasa de cruce Cr), permitiendo que el algoritmo optimice dinámicamente estos valores a medida que avanza la evolución [1]. Adicionalmente, el principal desafío de las micro-poblaciones es el rápido agotamiento de la diversidad genética y el estancamiento en mínimos locales. Para mitigar esto, μ SADE integra un mecanismo de reinicio poblacional (restart). Si la población

no logra mejorar la mejor solución global durante un número predeterminado de iteraciones, el algoritmo reinicializa aleatoriamente a la mayoría de los individuos en el espacio de búsqueda. Durante este proceso, se aplica un criterio de elitismo, garantizando la supervivencia del mejor individuo ($e = 1$) para no perder la información óptima descubierta, equilibrando así eficazmente la explotación extrema de la micro-población con una exploración revitalizada.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

A. Conjuntos de datos

Para la evaluación de la metodología propuesta, se utilizaron tres conjuntos de datos públicos de radiografías de tórax, los cuales presentan diferentes características y distribuciones de clases.

COVID-19 Radiography Database

- Descripción: Colección de radiografías de tórax orientada a la detección del virus SARS-CoV-2 [3].
- Formato de imagen: Imágenes cuadradas en formato PNG con una resolución unificada de 299x299 píxeles.
- Distribución de clases (Total: 13,808 imágenes):
 - Clase 0 (Normal): 10,192 imágenes de pulmones sanos.
 - Clase 1 (COVID-19): 3,616 imágenes positivas para COVID-19.

Chest X-Ray Images (Pneumonia)

- Descripción: Conjunto de radiografías de tórax pediátricas utilizado para la clasificación y detección de neumonía [4].
- Formato de imagen: Imágenes en formato JPEG.
- Distribución de clases (Total: 5,856 imágenes):
 - Clase 0 (Normal): 1,583 imágenes de pulmones completamente sanos.
 - Clase 1 (Neumonía): 4,273 imágenes con neumonía (incluye tanto de origen bacteriano como viral).

Chest X-ray Dataset for Tuberculosis Segmentation

- Descripción: Recopilación de radiografías de tórax para la detección de tuberculosis, provenientes de dos fuentes: la Base de Datos del Condado de Montgomery (EE. UU.) y la de Shenzhen (China) [5].
- Formato de imagen: Imágenes de rayos X (este dataset suele incluir máscaras de segmentación pulmonar y metadatos clínicos).
- Distribución de clases (Total: 704 imágenes):
 - Clase 0 (Normal): 359 imágenes de pulmones sanos.
 - Clase 1 (Tuberculosis): 345 imágenes positivas para tuberculosis.

B. Diseño experimental

El flujo computacional de este estudio se dividió en tres etapas principales: segmentación y extracción de características, clasificación y análisis estadístico.

Segmentación y extracción de características. Las imágenes de los conjuntos de datos (COVID-19, Neumonía y Tuberculosis) se procesaron mediante la umbralización multinivel (Multi-Otsu). La función objetivo para la optimización fue la minimización de la varianza entre clases negativa. Se evaluaron cinco métodos para calcular los 3 umbrales:

- Búsqueda exhaustiva (Standard Otsu).
- DE (variantes DE/rand/1 y DE/best/1).
- μ SADE (variantes μ SADE/rand/1 y μ SADE/best/1).

La elección empírica de $D = 3$ umbrales se estableció para aislar conceptualmente cuatro regiones fundamentales: el fondo de la imagen, el tejido óseo, el tejido pulmonar sano y las posibles consolidaciones patológicas, manteniendo la dimensionalidad del problema acotada. Asimismo, se optó por un clasificador de Máquina de Vectores de Soporte (SVM) con kernel lineal para establecer una línea base sólida y transparente sobre la capacidad predictiva de las características radiómicas extraídas, minimizando el riesgo de sobreajuste (overfitting) que presentan clasificadores más complejos en datasets desbalanceados. Tras aplicar los umbrales, se extrajo un vector de características Radiomics por imagen el cual está compuesto por: los valores de los D umbrales, la media y desviación estándar global de la imagen, el número de regiones segmentadas, el área máxima, el área total y descriptores de textura extraídos mediante la Matriz de Co-ocurrencia de Nivel de Gris (GLCM), específicamente contraste, energía y homogeneidad.

Clasificación y validación. Se implementó una Máquina de Vectores de Soporte (SVM) [14] con un kernel lineal para la clasificación binaria. Previo al entrenamiento, los vectores de características se normalizaron mediante estandarización (Z-score). Para manejar el desbalance en los conjuntos de datos, se asignaron pesos inversamente proporcionales a la frecuencia de las clases mediante la configuración `class_weight='balanced'` de la librería Scikit-learn [15]. La validación se realizó mediante Validación Cruzada Estratificada Repetida [15], configurada con 10 particiones (splits) y 4 repeticiones, resultando en 40 iteraciones de entrenamiento y prueba por cada combinación de conjunto de datos, algoritmo y nivel de umbral. El rendimiento se cuantificó utilizando la métrica F1-Score [16].

En la Tabla I se muestran los parámetros usados en los algoritmos evolutivos y en el clasificador SVM.

Análisis estadístico. El análisis estadístico del desempeño de los algoritmos de optimización se realizó utilizando la métrica F1-score. Inicialmente, se aplicó la prueba estadística no paramétrica de Friedman [11] con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$, con el objetivo de determinar la existencia de diferencias significativas entre los métodos evaluados. Tras rechazar la hipótesis nula, se aplicó la prueba post-hoc de Nemenyi [12] para realizar comparaciones por pares e identificar diferencias específicas entre los algoritmos. Ambos procedimientos estadísticos siguen las recomendaciones estandarizadas para la evaluación rigurosa

TABLA I
PARÁMETROS DE CONFIGURACIÓN PARA LOS ALGORITMOS DE OPTIMIZACIÓN Y EL MODELO DE CLASIFICACIÓN.

Etapa Algoritmo	Parámetro	Valor
Parámetros Globales	Número de umbrales (D)	3
	Evaluaciones máximas de la función (max fes)	3000 ($D \times 1000$)
μ SADE	Tamaño de la población (NP)	10
	Iteraciones para reinicio (restart_iters)	10
	Número de individuos elite (e)	1
	Límite inferior del factor de mutación (F_l)	0.1
	Rango superior del factor de mutación (F_u)	0.9
	Probabilidad de actualizar $F(\tau_1)$	0.1
	Probabilidad de actualizar $Cr(\tau_2)$	0.1
DE Estándar	Tamaño de la población (NP)	15 ($5 \times D$)
	Factor de mutación (F)	0.5
	Tasa de cruza (Cr)	0.9
Clasificador SVM	Tipo de Kernel	Lineal
	Estrategia de pesos (class weight)	Balanceado
	Particiones de validación (n_splits)	10
	Repeticiones de validación (n_repeats)	4

de algoritmos de aprendizaje automático sobre múltiples conjuntos de datos [13].

Eficiencia computacional. Aunque en este estudio no se reportan tiempos de ejecución sobre hardware específico, la eficiencia computacional de μ SADE se fundamenta en su diseño algorítmico. De acuerdo con la literatura reciente en segmentación médica, las variantes micro-evolutivas abordan el alto costo computacional mediante una reducción significativa en el número de evaluaciones de la función objetivo por iteración. Mientras que las metaheurísticas estándar, como DE, suelen requerir poblaciones del orden de 100 individuos para mantener la diversidad, μ SADE logra resultados competitivos utilizando una micro-población de únicamente 10 individuos. Esto representa teóricamente una reducción cercana al 90% en la carga de evaluaciones por generación en comparación con enfoques evolutivos convencionales [17].

Adicionalmente, la evaluación de cada individuo dentro de una generación constituye un proceso independiente, lo que permite una paralelización natural del algoritmo mediante la distribución de la carga computacional entre múltiples núcleos de procesamiento. Esta característica puede reducir significativamente el tiempo efectivo de ejecución en escenarios de aplicación clínica.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En esta sección se presentan los resultados obtenidos tras la clasificación de las características radiómicas extraídas de las radiografías de tórax. Los experimentos se centraron en la evaluación de segmentaciones generadas con $D = 3$ umbrales, utilizando un modelo SVM lineal evaluado mediante validación cruzada estratificada (10 particiones y 4 repeticiones).

A. Rendimiento de clasificación

Para medir la robustez y capacidad predictiva de las características extraídas por cada algoritmo de optimización, se analizó el rendimiento a través de diversas métricas, destacando el F1-Score debido al desbalance de clases presente en los conjuntos de datos. La Tabla II resume el F1-Score promedio y su respectiva desviación estándar para cada variante algorítmica en los tres conjuntos de datos, así como el promedio global.

Como se observa en la Tabla II, el conjunto de datos de Neumonía presentó la tarea de clasificación más sencilla para el modelo, alcanzando valores de F1-Score superiores a 0.93 en todos los casos. En contraste, la detección de COVID-19 resultó ser el desafío más complejo, con puntuaciones cercanas a 0.51. A nivel algorítmico, las variantes micro-evolutivas demostraron ser competitivas. Específicamente, μ SADE/rand/1 obtuvo el mejor rendimiento global (0.7117) y logró los mejores resultados individuales en los conjuntos de COVID-19 y Tuberculosis. Por su parte, μ SADE/best/1 igualó el mejor rendimiento en el conjunto de Neumonía (0.9395) junto con DE/best/1. Todas las variantes metaheurísticas superaron el rendimiento promedio de la búsqueda exhaustiva tradicional (Standard Otsu), la cual obtuvo el desempeño global más bajo (0.7102).

El bajo rendimiento observado en el conjunto de COVID-19 ($F1 \approx 0.51$) evidencia las limitaciones de la umbralización global en esta patología. A diferencia de la neumonía bacteriana, que suele presentar consolidaciones densas y bien delimitadas [4], el COVID-19 se manifiesta frecuentemente mediante opacidades intersticiales en 'vidrio esmerilado' de baja densidad y bordes difusos [25]. Estas sutiles transiciones de intensidad se mezclan con el tejido blando sano en el histograma global de la imagen, dificultando que el método Multi-Otsu encuentre un umbral de separación claro sin generar sub-segmentación. [24]

TABLA II
RENDIMIENTO DE CLASIFICACIÓN (F1-SCORE PROMEDIO $\pm$ DESVIACIÓN ESTÁNDAR) PARA SEGMENTACIÓN CON $D = 3$ UMBRALES.

Algoritmo	COVID-19	Neumonía	Tuberculosis	Promedio Global
μ SADE/rand/1	0.5156 $\pm$ 0.014	0.9390 $\pm$ 0.009	0.6803 $\pm$ 0.0545	0.7117
μ SADE/best/1	0.5155 $\pm$ 0.0152	0.9395 $\pm$ 0.0090	0.6779 $\pm$ 0.0566	0.7110
DE/best/1	0.5152 $\pm$ 0.0156	0.9395 $\pm$ 0.0090	0.6779 $\pm$ 0.0566	0.7109
DE/rand/1	0.5150 $\pm$ 0.0155	0.9394 $\pm$ 0.0090	0.6779 $\pm$ 0.0566	0.7108
Standard Otsu	0.5132 $\pm$ 0.0173	0.9392 $\pm$ 0.0091	0.6781 $\pm$ 0.0567	0.7102

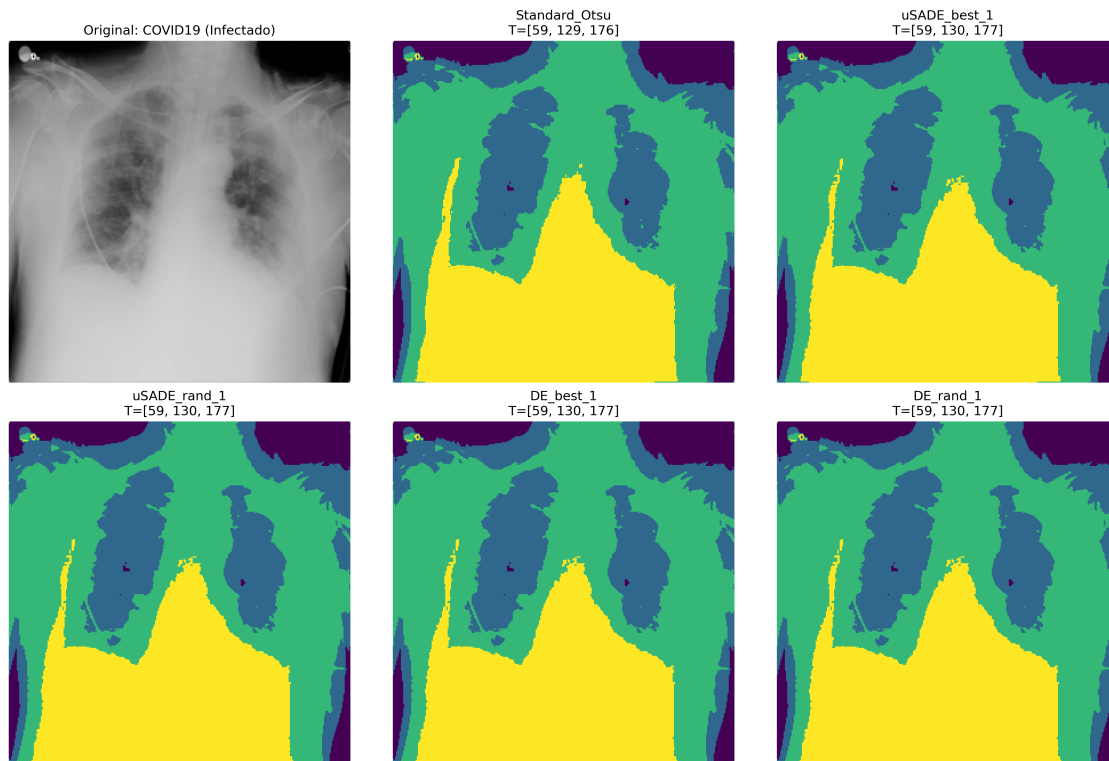


Fig. 1. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de COVID-19 (Infectado).

B. Análisis estadístico

Para validar si las diferencias observadas en el F1-Score son estadísticamente significativas, se aplicó la prueba no paramétrica de Friedman sobre los resultados de las 40 iteraciones de validación cruzada. El ranking promedio generado por la prueba se detalla en la Tabla III.

TABLA III
RANKING PROMEDIO DE LA PRUEBA DE FRIEDMAN BASADO EN LA MÉTRICA F1-SCORE ($D = 3$).

Algoritmo	Ranking Promedio
μ SADE/best/1	2.82
μ SADE/rand/1	2.93
DE/best/1	3.00
DE/rand/1	3.03
Standard Otsu	3.22

El análisis estadístico respalda el desempeño de las estrategias propuestas. La variante μ SADE/best/1 se posicionó

como el mejor método en el ranking global de Friedman (2.82), seguida de cerca por μ SADE/rand/1 (2.93). En contraste, el método Multi-Otsu estándar quedó relegado a la última posición (3.22). Estos resultados sugieren que μ SADE no solo reduce significativamente el costo computacional inherente al cálculo de múltiples umbrales, al operar con una micro-población de únicamente 10 individuos, sino que también es capaz de identificar configuraciones de umbrales que generan características radiómicas con mejor desempeño predictivo que las obtenidas mediante búsqueda exhaustiva. En conjunto, estos hallazgos evidencian un balance favorable entre eficiencia computacional y eficacia de clasificación para sistemas CAD.

C. Análisis visual de la segmentación

Para complementar los resultados estadísticos y cuantitativos descritos anteriormente, se llevó a cabo un análisis cualitativo del rendimiento del algoritmo. Las Figuras

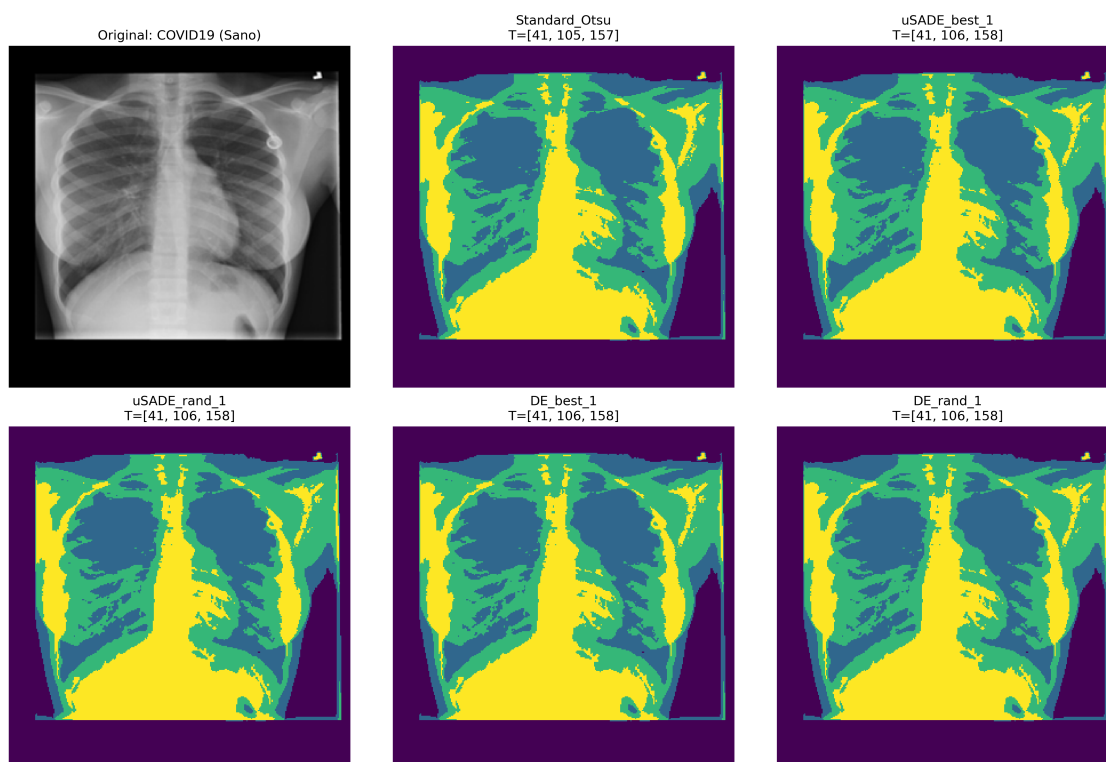


Fig. 2. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de COVID-19 (Sano).

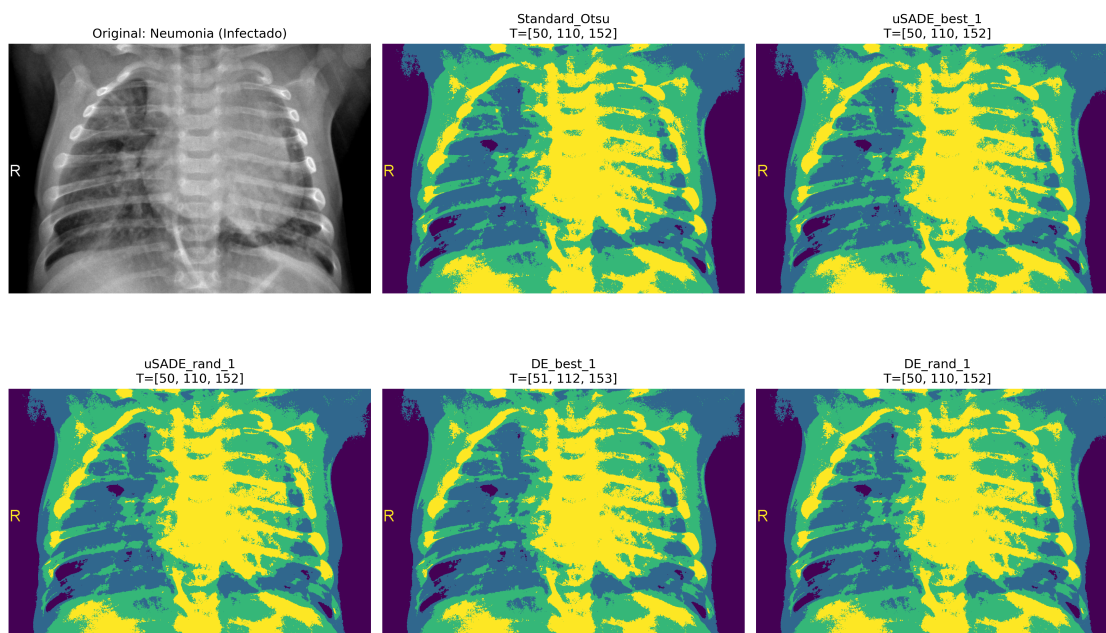


Fig. 3. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de Neumonía (Infectado).

1, 2, 3, 4, 5, 6, ilustran los resultados de la segmentación multinivel obtenidos mediante cada algoritmo al procesar muestras representativas de pacientes sanos y enfermos procedentes de los tres conjuntos de datos evaluados.

Interpretación: El mejor desempeño observado de las variantes micro-evolutivas en el ranking de Friedman (Tabla III) se refleja visualmente en una mejor supresión del ruido de

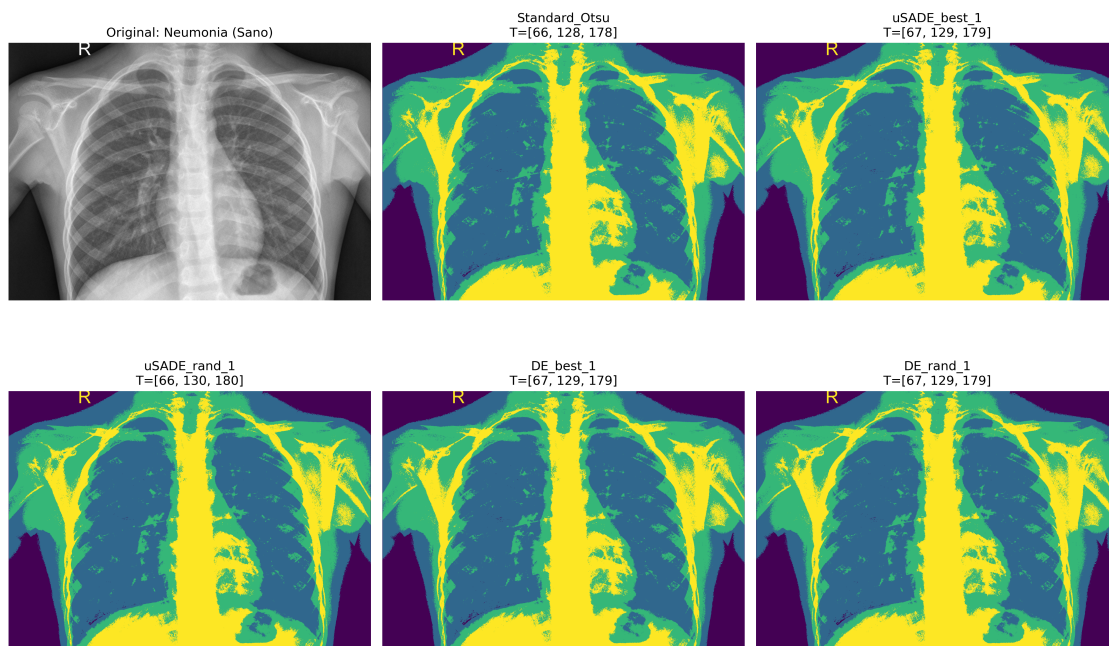


Fig. 4. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de Neumonía (Sano).

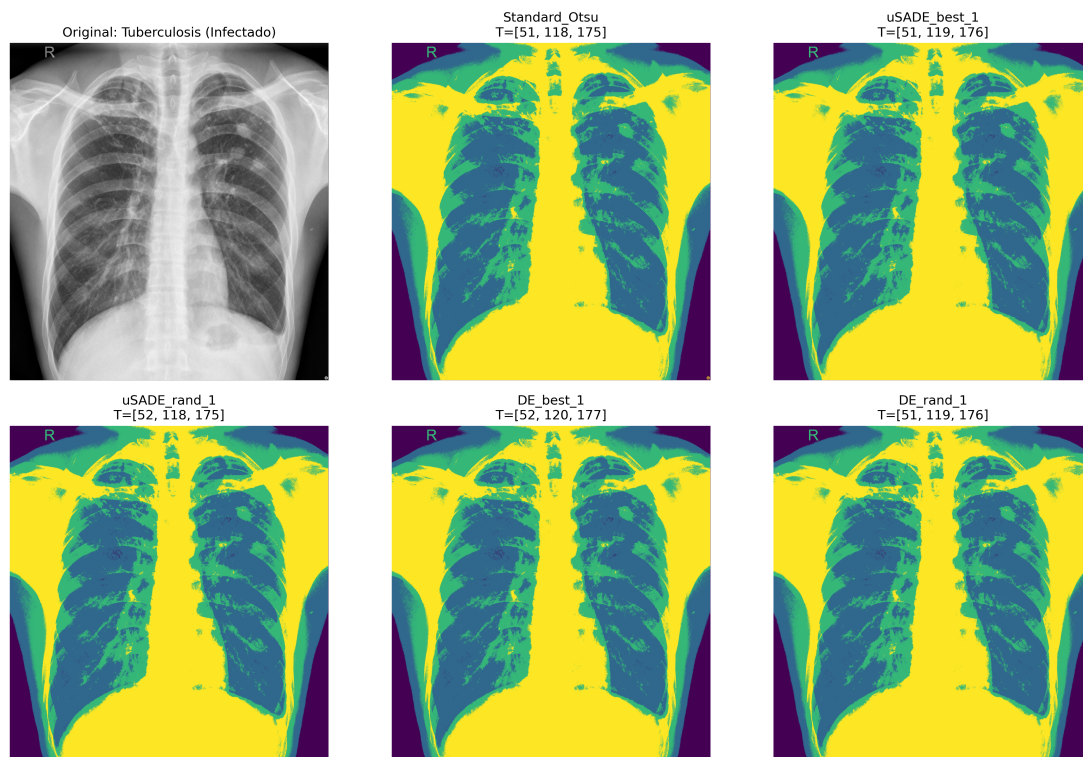


Fig. 5. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de Tuberculosis (Infectado).

fondo y una separación más clara de las regiones anatómicas relevantes.

Al optimizar los $D = 3$ umbrales, el algoritmo simplifica la distribución de intensidades de la imagen, proporcionando

al clasificador SVM un conjunto de características radiómicas de textura y forma más robusto y discriminativo.

Estos resultados sugieren que la eficacia de μ SADE no solo radica en su eficiencia computacional, sino también en

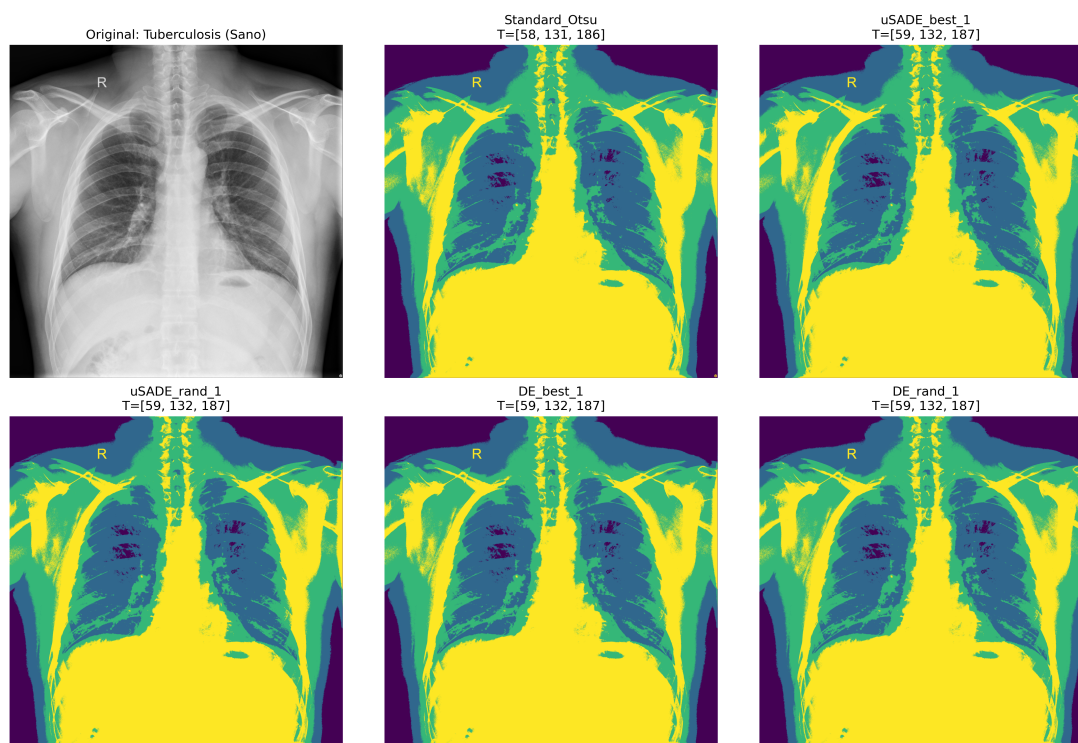


Fig. 6. Comparativa visual cualitativa de la segmentación del Dataset de Tuberculosis (Sano).

su capacidad para generar regiones de interés (ROI) más descriptivas para el diagnóstico asistido por computadora.

V. CONCLUSIONES

En el presente trabajo se presentó una evaluación de los algoritmos DE y μ SADE aplicados a la segmentación multinivel de radiografías de tórax para la detección de patologías respiratorias. A través de la comparación de distintos esquemas de mutación y métodos tradicionales, se han extraído las siguientes conclusiones fundamentales:

En primer lugar, los resultados experimentales demuestran que el uso de micro-poblaciones ($NP = 10$) con mecanismos de reinicio y auto-adaptación no solo es computacionalmente eficiente, sino que mantiene un rendimiento competitivo y ligeramente superior a la búsqueda exhaustiva del método de Otsu estándar y a los de la DE, destacando principalmente por su potencial para reducir la carga computacional.

En segundo lugar, se validó que la calidad de la segmentación impacta directamente en la etapa de Radiomics. Las características extraídas mediante los umbrales optimizados permitieron que el clasificador SVM alcanzara un F1-Score superior a 0.93 en el conjunto de Neumonía, demostrando que una correcta delimitación de tejidos facilita la identificación de patrones patológicos cuantitativos. No obstante, el bajo rendimiento en el conjunto de COVID-19 (0.51) subraya la complejidad intrínseca de esta enfermedad y sugiere que, en futuros trabajos, se debe

explorar un mayor número de niveles de umbral ($D > 3$) o la combinación con técnicas de aprendizaje profundo.

Finalmente, este estudio confirma que los algoritmos micro-evolutivos son una alternativa poderosa para sistemas de diagnóstico asistido por computadora (CAD) que requieren precisión diagnóstica sin comprometer los recursos computacionales. Como trabajo futuro, se propone integrar métricas de calidad de imagen adicionales en la función objetivo y extender el uso de μ SADE a tomografías computarizadas (CT) para análisis volumétrico.

El desarrollo e implementación de sistemas CAD para el análisis de imágenes médicas conlleva responsabilidades éticas fundamentales. Es imperativo subrayar que la metodología aquí propuesta está concebida estrictamente como una herramienta de apoyo a la decisión clínica y no como un sistema diseñado para sustituir el juicio del profesional de la salud. Asimismo, se reconoce que los modelos basados en datos pueden heredar sesgos presentes en los conjuntos de datos de origen, por lo que una eventual validación en un entorno clínico real requeriría asegurar la representatividad demográfica y el manejo anonimizado de la información del paciente.

REFERENCES

- [1] J. Brest, S. Greiner, B. Boskovic, M. Mernik, and V. Zumer, "Self-adapting control parameters in differential evolution: A comparative study on numerical benchmark problems," *IEEE Trans. Evol. Comput.*, vol. 10, no. 6, pp. 646–657, 2006.

- [2] N. Otsu, "A threshold selection method from gray-level histograms," *IEEE Trans. Syst., Man, Cybern.*, vol. 9, no. 1, pp. 62–66, 1979, doi: 10.1109/TSMC.1979.4310076.
- [3] T. Rahman, "COVID-19 Radiography Database," Kaggle. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/tawsifurrahman/covid19-radiography-database>. Accessed: Mar. 31, 2026.
- [4] P. Mooney, "Chest X-Ray Images (Pneumonia)," Kaggle. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/paultimothymooney/chest-xray-pneumonia>. Accessed: Mar. 31, 2026.
- [5] T. Mandal, "Chest X-ray Dataset for Tuberculosis Segmentation," Kaggle. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/iamtapendu/chest-x-ray-lungs-segmentation>. Accessed: Mar. 31, 2026.
- [6] L. H. Eadie, P. Taylor, and A. P. Gibson, "Recommendations for research design and reporting in computer-assisted diagnosis to facilitate meta-analysis," *J. Biomed. Inform.*, vol. 45, no. 2, pp. 390–397, 2012.
- [7] S. S. F. Yip and H. J. W. L. Aerts, "Applications and limitations of radiomics," *Phys. Med. Biol.*, vol. 61, no. 13, pp. R150–R166, 2016.
- [8] X. Qi, Z. Jiang, Q. Yu, C. Shao, H. Zhang, H. Yue, B. Ma, Y. Wang, C. Liu, X. Meng, S. Huang, J. Wang, Y. Xu, and J. Gu, "Radiomics nomogram for the prediction of 2019 novel coronavirus pneumonia in patients with pulmonary anomalies," *Eur. Radiol.*, vol. 30, no. 11, pp. 5891–5900, 2020.
- [9] R. M. Haralick, K. Shanmugam, and I. Dinstein, "Textural features for image classification," *IEEE Trans. Syst., Man, Cybern.*, vol. SMC-3, no. 6, pp. 610–621, 1973.
- [10] P. Lambin, E. Rios-Velazquez, R. Leijenaar, S. Carvalho, R. G. P. M. van Stiphout, P. Granton, C. M. L. Zegers, R. Gillies, R. Boellard, A. Dekker, and H. J. W. L. Aerts, "Radiomics: Extracting more information from medical images using advanced feature analysis," *Eur. J. Cancer*, vol. 48, no. 4, pp. 441–446, 2012.
- [11] M. Friedman, "The use of ranks to avoid the assumption of normality implicit in the analysis of variance," *J. Am. Stat. Assoc.*, vol. 32, no. 200, pp. 675–701, 1937.
- [12] P. B. Nemenyi, "Distribution-free multiple comparisons," Ph.D. thesis, Princeton Univ., Princeton, NJ, 1963.
- [13] J. Demšar, "Statistical comparisons of classifiers over multiple data sets," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 7, pp. 1–30, 2006.
- [14] C. Cortes and V. Vapnik, "Support-vector networks," *Mach. Learn.*, vol. 20, no. 3, pp. 273–297, 1995.
- [15] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, J. Vanderplas, A. Passos, D. Cournapeau, M. Brucher, M. Perrot, and É. Duchesnay, "Scikit-learn: Machine learning in Python," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 12, pp. 2825–2830, 2011.
- [16] T. Fawcett, "An introduction to ROC analysis," *Pattern Recognit. Lett.*, vol. 27, no. 8, pp. 861–874, 2006.
- [17] C. Gómez-Magdaleno, A. Espinal, J. A. Soria-Alcaraz, and M. A. Sotelo-Figueroa, "Micro Self Adaptive Differential Evolution applied to medical image segmentation," in *Proc. ISCI*, 2025, to appear.
- [18] M. Lando and J. Sklansky, "A fast method for multi-level thresholding," *J. Math. Imaging Vis.*, vol. 1, no. 2, pp. 121–137, 1983, doi: 10.1007/BF00123163.
- [19] S. Sarkar, S. Das, and S. S. Chaudhuri, "A multilevel color image thresholding scheme based on minimum cross entropy and differential evolution," *Pattern Recognit. Lett.*, vol. 54, pp. 27–35, 2015, doi: 10.1016/j.patrec.2014.11.009.
- [20] C. Wang, J. Yang, and H. Lv, "Otsu multi-threshold image segmentation algorithm based on improved particle swarm optimization," in *Proc. IEEE 2nd Int. Conf. Inf. Commun. Signal Process. (ICICSP)*, 2019, pp. 440–443, doi: 10.1109/ICICSP48821.2019.8958573.
- [21] R. Storm and K. Price, "Differential evolution—a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces," *J. Glob. Optim.*, vol. 11, no. 4, pp. 341–359, 1997, doi: 10.1023/A:1008202821328.
- [22] G. León, A. Espinal, J. A. Soria-Alcaraz, and M. A. Sotelo-Figueroa, "Micro Differential Evolution Algorithm with Self-adaptation for Numerical Optimization," in *Proc. Int. Seminar Comput. Intell. (ISCI)*, P. Melin and O. Castillo, Eds., Cham: Springer, 2025, pp. 257–265, doi: 10.1007/978-3-031-88279-117.
- [23] M. E. Mayerhoefer, A. Materka, G. Langs, I. Häggström, P. Szczypiński, P. Gibbs, and G. Cook, "Introduction to Radiomics," *J. Nucl. Med.*, vol. 61, no. 4, pp. 488–495, 2020, doi: 10.2967/jnumed.118.222893.
- [24] M. Sezgin and B. Sankur, "Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation," *J. Electron. Imaging*, vol. 13, no. 1, pp. 146–165, 2004.
- [25] M. Chung *et al.*, "CT imaging features of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV)," *Radiology*, vol. 295, no. 1, pp. 202–207, 2020.