Descargado el: 9-11-2026 ISSN 1727-897X

ARTÍCULO ORIGINAL

Clasificación de cáncer de mama con técnicas de análisis de la componente principal-Kernel PCA, algoritmos de máquina de vectores de soporte y regresión logística

Classification of breast cancer with analysis techniques of the principal component-Kernel PCA, support vector machine algorithms and logistic regression

Rosana Pirchio[1]

[1] Universidad Tecnológica Nacional, Argentina

Cómo citar este artículo:
Pirchio R. Clasificación de cáncer de mama con técnicas de análisis de la componente principal-Kernel PCA, algoritmos de máquina de vectores de soporte y regresión logística. **Medisur** [revista en Internet]. 2022 [citado 2026 Nov 9]; 20(2):[aprox. 10 p.]. Disponible en: https://medisur.sld.cu/index.php/medisur/article/view/5370

Resumen

Fundamento: existen muchas herramientas computacionales para administrar imágenes y conjuntos de datos; reducir la dimensión de estos favorece el manejo de la información.
Objetivo: reducir la dimensión de un conjunto de datos para un mejor manejo de la información.
Métodos: se utilizó el conjunto de datos de Breast Cancer Wisconsin (información de biopsias - células nucleares) y la plataforma Python Jupyter. Se implementaron técnicas de análisis de la componente principal (PCA) y Kernel PCA (kPCA) para reducir la dimensión a 2, 4, 6. Se hizo una validación cruzada para seleccionar los mejores hiperparámetros de los algoritmos de máquina de vectores de soporte y regresión logística. La clasificación se realizó con el training test original, training test (PCA y kPCA) y training test (datos transformados de PCA y kPCA). Se analizó la exactitud, precisión, exhaustividad, recuperación y el área bajo la curva.
Resultados: la PCA con seis componentes explicó la tasa de variación casi en 90 %. Los mejores hiperparámetros hallados para máquina de soporte de vectores: kernel lineal y C = 100, para regresión logística fueron C = 100, Newton-cg solución (solver) e I2. Los mejores resultados de las métricas fueron para PCA 2 y 4(0,99; 0,99; 1; 0,99; 0,99). Para el training set con datos originales fueron 0,96; 0,95; 0,99; 0,97; 0,95. Para regresión logística los mejores resultados fueron para kPCA con seis componentes. Los resultados estadísticos fueron iguales a 1. Para el training set con datos originales, esos valores fueron 0,96; 0,95; 0,99; 0,97; 0.95.
Conclusiones: los resultados de las métricas mejoraron utilizando PCA y kPCA.

Palabras clave: aprendizaje automático, inteligencia artificial, manejo de datos

Abstract

Background: there are many computational tools for managing images and data sets; reducing the size of these favors the management of information.
Objective: reduce the data set size for better information management.
Methods: the Breast Cancer Wisconsin data set (biopsy information - nuclear cells) and the Python Jupyter platform were used. Principal Component Analysis (PCA) and Kernel PCA (kPCA) techniques were implemented to reduce the dimension to 2, 4, 6. Cross-validation was made to select the best hyperparameters of the regression and support vector machine algorithms Logistics. The classification was carried out with the original training test, training test (PCA and kPCA) and training test (data transformed from PCA and kPCA). Accuracy, precision, completeness, recovery, and area under the curve were analyzed.
Results: the PCA with six components explained the variation rate by almost 90%. The best hyperparameters found for the vector support machine: linear kernel and C = 100, for logistic regression were C = 100, Newton-cg solution (solver) and I2. The best results of the metrics were for PCA 2 and 4 (0.99, 0.99, 1, 0.99, 0.99). For the training set with original data they were 0.96; 0.95; 0.99; 0.97; 0.95. For logistic regression the best results were for kPCA with 6 components. The statistical results were equal to 1. For the training set with original data, these values were 0.96; 0.95; 0.99; 0.97; 0.95.
Conclusions: the results of the metrics improved using PCA and kPCA.

Key words: machine learning, artificial intelligence, data management

Aprobado: 2022-01-24 13:29:41

Correspondencia: Rosana Pirchio. Universidad Tecnológica Nacional, Argentina. rosanapirchio@cnea.gob.ar

INTRODUCCIÓN

El diagnóstico precoz del cáncer de mama es fundamental para asegurar el mejor tratamiento y así aumentar la vida de las pacientes.

Existen muchas herramientas computacionales disponibles para administrar imágenes y conjuntos de datos. Un conjunto de datos muy conocido es el de cáncer de mama de Wisconsin[1] que se analizó para muchos estudios.

Algunos autores desarrollaron un modelo para la evaluación del riesgo de cáncer de mama y el diagnóstico temprano a partir del conjunto de datos mencionado anteriormente. Implementaron la selección de características de cáncer de mama usando análisis de los principales componentes (PCA) y la clasificación (riesgo y diagnóstico) usando máquina de vectores de soportes (SVM).[2] Otros autores utilizaron el mismo conjunto de datos y cinco clasificadores famosos como el árbol de decisión (DT), el vecino más cercano (KNN), la regresión logística (LR), Naïve Bayes (*Gaussian NB*) y SVM.[3] En otra publicación se midió el efecto de la reducción de la dimensionalidad utilizando el análisis de componentes independientes (ICA) en los sistemas de apoyo a la toma de decisiones de cáncer de mama con varios clasificadores, como la red neuronal artificial (ANN), el vecino más cercano □ (□-NN), la red neuronal de función de base radial (RBFNN), y se investigó SVM.[4]

El objetivo de este estudio fue implementar las técnicas de reducción de dimensionalidad PCA y la escasamente utilizada kernel PCA para una mejor gestión de los datos. También otro objetivo fue clasificar los datos utilizando los algoritmos SVM y LR para analizar la ventaja de la reducción de las características.

MÉTODOS

La base de datos de cáncer de mama de Wisconsin utilizada contenía información de biopsias e información de los núcleos de las células. Contenía 569 muestras y 30 atributos (características) con 357 casos benignos y 212 casos malignos.

Se calcularon los atributos: radio, textura, perímetro, área, suavidad, compacidad, puntos cóncavos, simetría, dimensión fractal para cada núcleo celular de una biopsia.

Posteriormente se evalúo el valor medio, la desviación estándar (SE) y el peor o el mayor valor (valor medio de los tres valores más grandes) de los atributos calculados para cada imagen.

En este estudio se utilizó la plataforma *Python Jupyter* y se implementaron herramientas de *Scikit-learn*. El análisis del conjunto consistió en varios pasos, en primer lugar se observó la correlación de características utilizando la función de mapa de calor y se pudo encontrar una alta correlación entre algunas características.

El siguiente paso fue separar un 80 % del conjunto de datos (455 muestras con su clasificación) para entrenamiento del modelo (x_training, y_training) y un 20 % (144 muestras sin su clasificación) para pruebas del modelo (x_test, y_test) utilizando un valor *de* y*_predicted*. La calidad del modelo se evalúa obteniendo cantidades estadísticas significativas a partir de la comparación del y_test con respecto al y_predicted. Posteriormente estos valores fueron utilizados en la etapa de clasificación.

Se implementaron los algoritmos PCA[5] y Kernel PCA para reducir la dimensión de los atributos (eran 30) a 2, 4 y 6 con el objeto de facilitar el manejo de los datos, pero sin pérdida de información. Se normalizó el conjunto de datos de entrenamiento y de prueba con una función gaussiana, utilizando la función *StandardScaler.*

Los algoritmos PCA y kPCA fueron obtenidos desde la librería de *Phyton de Scikit-learn*. Dichos algoritmos fueron solamente aplicados a las variables x_training, x_test.

Se elaboró un gráfico de porcentaje de variación de la varianza explicada para las 6 componentes principales y un mapa de calor para 2, 4 y 6 componentes principales. También se realizó un gráfico de la visualización del subespacio reducido con 2 componentes principales para PCA y kPCA (polinomio kernel y grado dos).

Una vez que los datos fueron procesados se procedió a seleccionar dos algoritmos lineales, SVM[6] y LR, para realizar aprendizaje de máquina supervisado. En esta parte se clasificaron los datos.

La selección de los mejores hiperparámetros de los algoritmos SVM y LR se realizó con una función de validación cruzada, *GridSearchCV*, para el conjunto de entrenamiento con 30 características, con las siguientes

consideraciones:

Para SVM se utilizó una grilla de parámetros:

{'C': [1, 10, 100, 1000], 'kernel': ['linear']}, {'C': [1, 10, 100, 1000], 'gamma': [0.001, 0.0001, 1, 10, 100], 'kernel': ['rbf']}, {'C': [1, 10, 100, 1000], 'degree': [1, 2, 3, 5, 7], 'kernel': ['poly']}].

Para LR, la grilla de parámetros usada fue:

[{'solver' : ['newton-cg', 'lbfgs'], 'C': [0.001, 0.01, 0.1, 1, 10, 100, 1000], 'penalty': ['none', 'l2']}, {'solver' : ['liblinear'], 'C': [0.001, 0.01, 0.1, 1, 10, 100, 1000], 'penalty': ['l1']}]

Se calcularon los valores de las métricas: exactitud, precisión, exhaustividad, F1 y AUC (área bajo la curva) y también se obtuvo la matriz de confusión para cada caso.[3]

Según los mejores hiperparámetros, se llevó a cabo la clasificación para los componentes PCA y kPCA 2 y utilizando el conjunto de entrenamiento, para PCA y kPCA para 2, 4, 6 componentes principales utilizando el conjunto de pruebas - transformado con la reducción de dimensión. El mejor modelo se encontró analizando las métricas. También se construyó la función de decisión. Finalmente, se compararon los resultados de la clasificación en el espacio latente con la misma clasificación en el espacio de entrada original.

La clasificación se realizó con SVM y herramientas de regresión logística. Se llevó a cabo una validación cruzada para seleccionar los mejores hiperparámetros de esos modelos, con el conjunto original y con el conjunto de dimensión reducida. Se transformaron los datos de *testing* con la reducción de dimensión aprendida en el primer paso. Luego se aplicó la función de clasificación aprendida en el paso anterior. Finalmente se determinó el mejor modelo en función de las métricas evaluadas previamente.

También se compararon con trabajos realizados por diferentes autores.

RESULTADOS

Es importante observar la matriz de correlación para comprobar si algunas características contienen la misma información. En la Figura 1 se muestra la matriz de correlación con los 30 atributos o características. (Fig. 1).

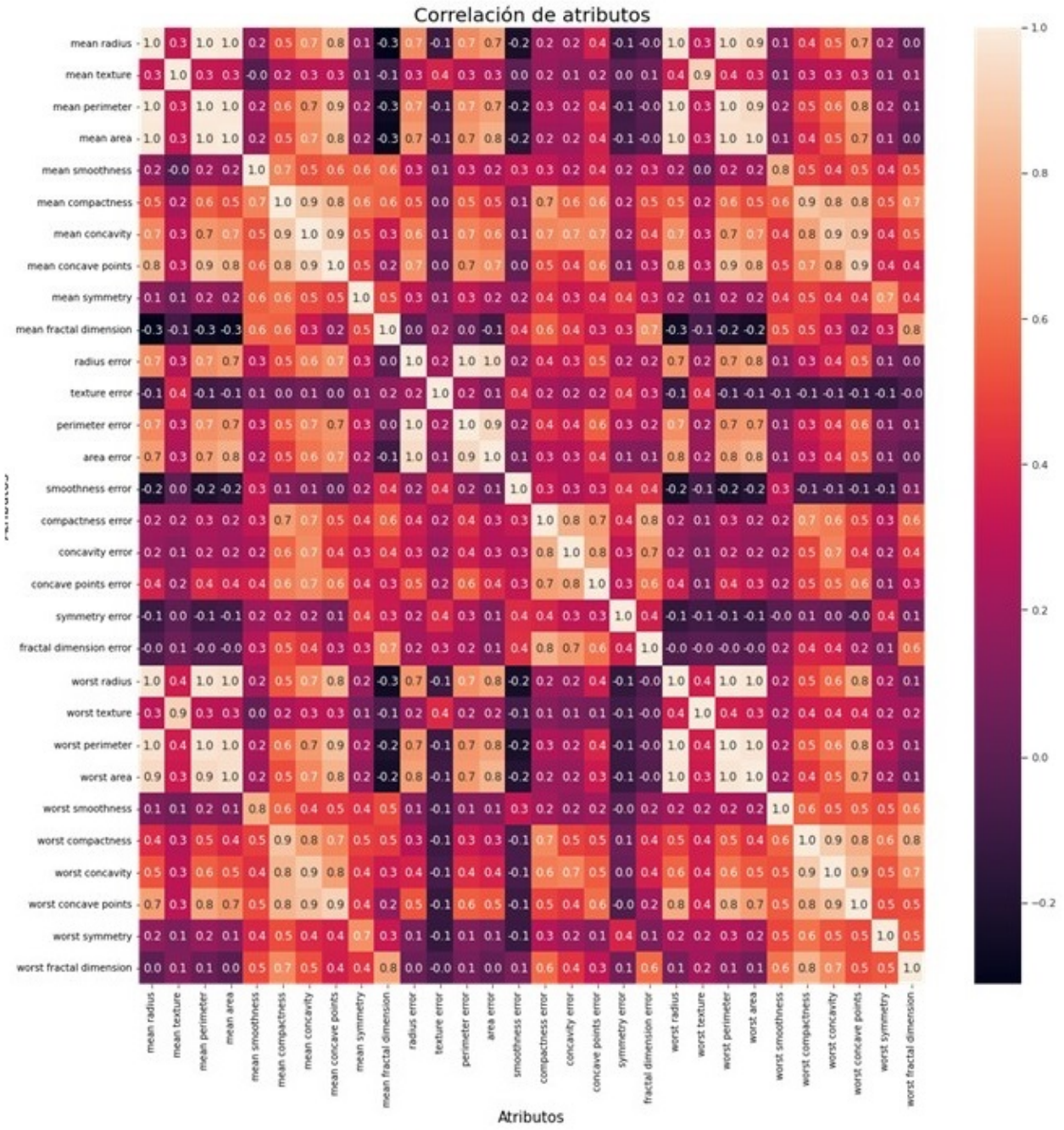


Fig. 1. Matriz de correlación de 30 atributos desde la base de datos de cáncer de mama de Wisconsin.
Fuente: elaboración propia.

Por otro lado, se estudió el porcentaje de variación explicada para 1 - 6 componentes principales y se observó que 2 componentes tenían una razón de varianza explicada de 64 %, 4 componentes un 80 % y 6 componentes un 90 %, aproximadamente.

En la figura 2 se muestran diferentes mapas de calor (x-train preprocesado usando *StandardScaler*) para a) 6 PCA, b) 4 PCA y c) 2

PCA. Esta es otra forma de analizar cómo la varianza se explica para 2, 4 y 6 componentes principales. (Fig. 2).

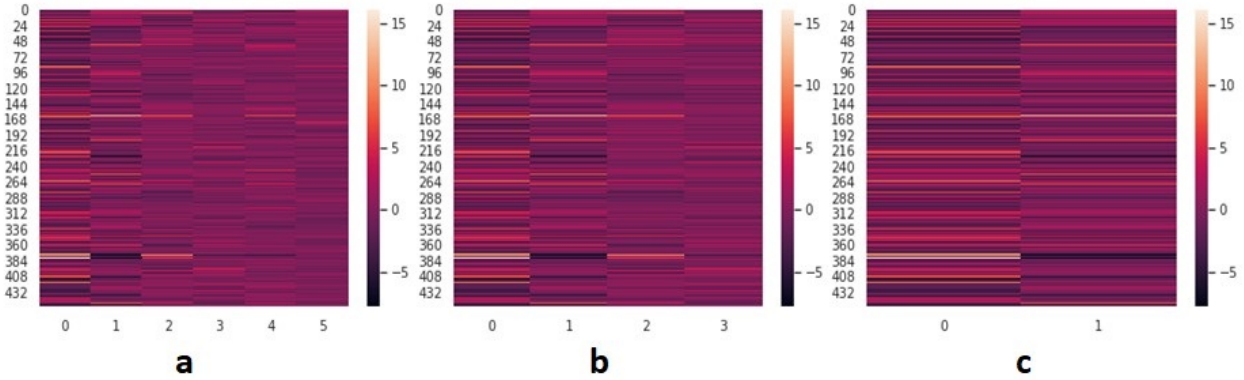


Fig. 2. Mapa de calor para a) 6 *PCA* b) 4 *PCA* c) 2 *PCA*.
Fuente: elaboración propia.

En la figura 3 se muestra la visualización del subespacio reducido para 2 componentes principales con las muestras de color rojo correspondientes a lesiones malignas y de color verde a lesiones benignas. Con los datos transformados por PCA se logran separar las 2 clases o sea las lesiones malignas de las benignas, mediante un hiperplano. (Fig. 3).

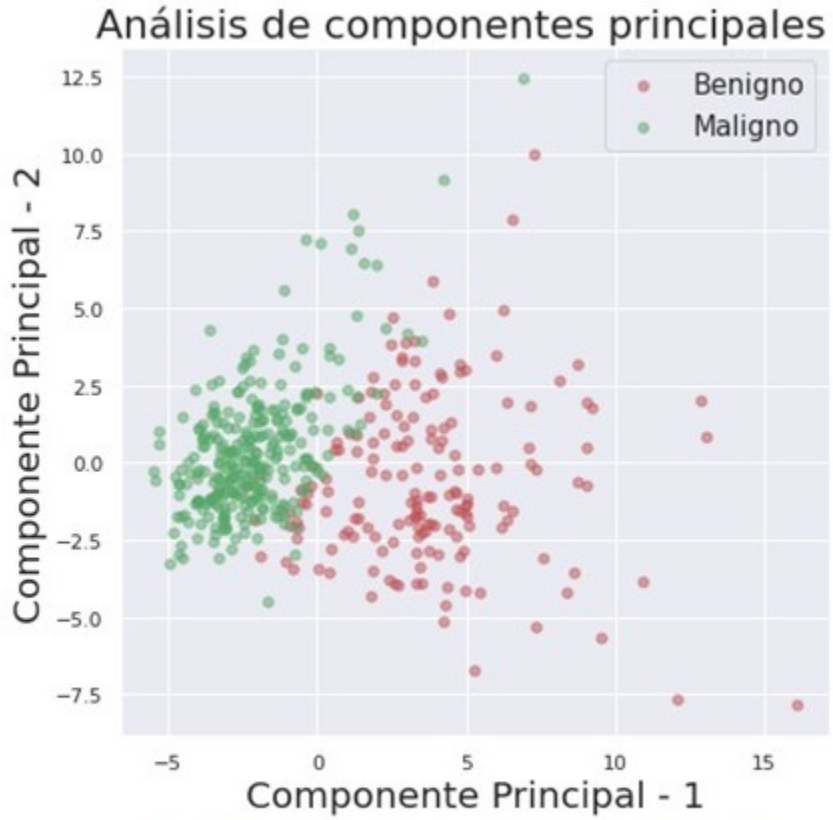


Fig. 3. Visualización del espacio reducido con 2 *PCA* y con " *y-train*".
Fuente: elaboración propia.

La figura 4 muestra los mapas de calor para a) 6 kPCA b) 4 kPCA c) 2 kPCA y se observa cómo la varianza se explica por 6, 4 y 2 componentes. La mayor variación de información se mostró para 2 y 4 componentes. (Fig. 4).

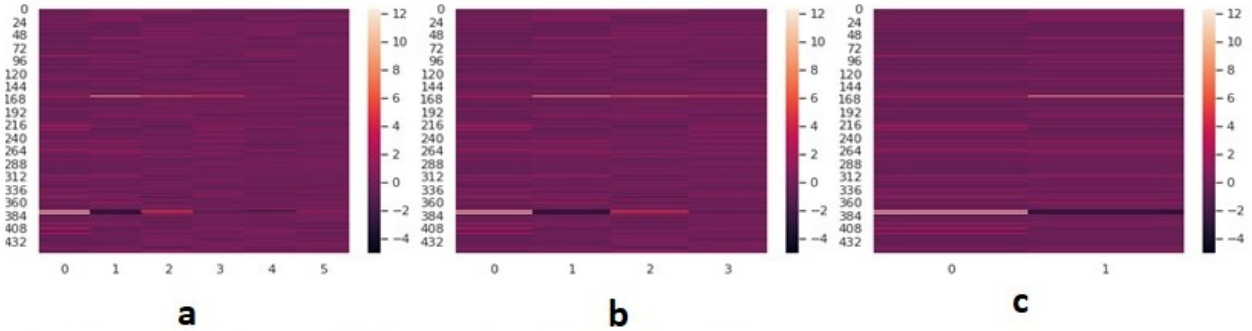


Fig 4. Mapa de calor para a) 6 *kPCA* b) 4 *kPCA* c) 2 *kPCA*.
Fuente: elaboración propia.

En la figura 5 se muestra la visualización del subespacio reducido con 2 componentes principales (2 kPCA) con las muestras de color rojo y verde correspondientes a lesiones malignas y benignas, respectivamente. (Fig. 5).

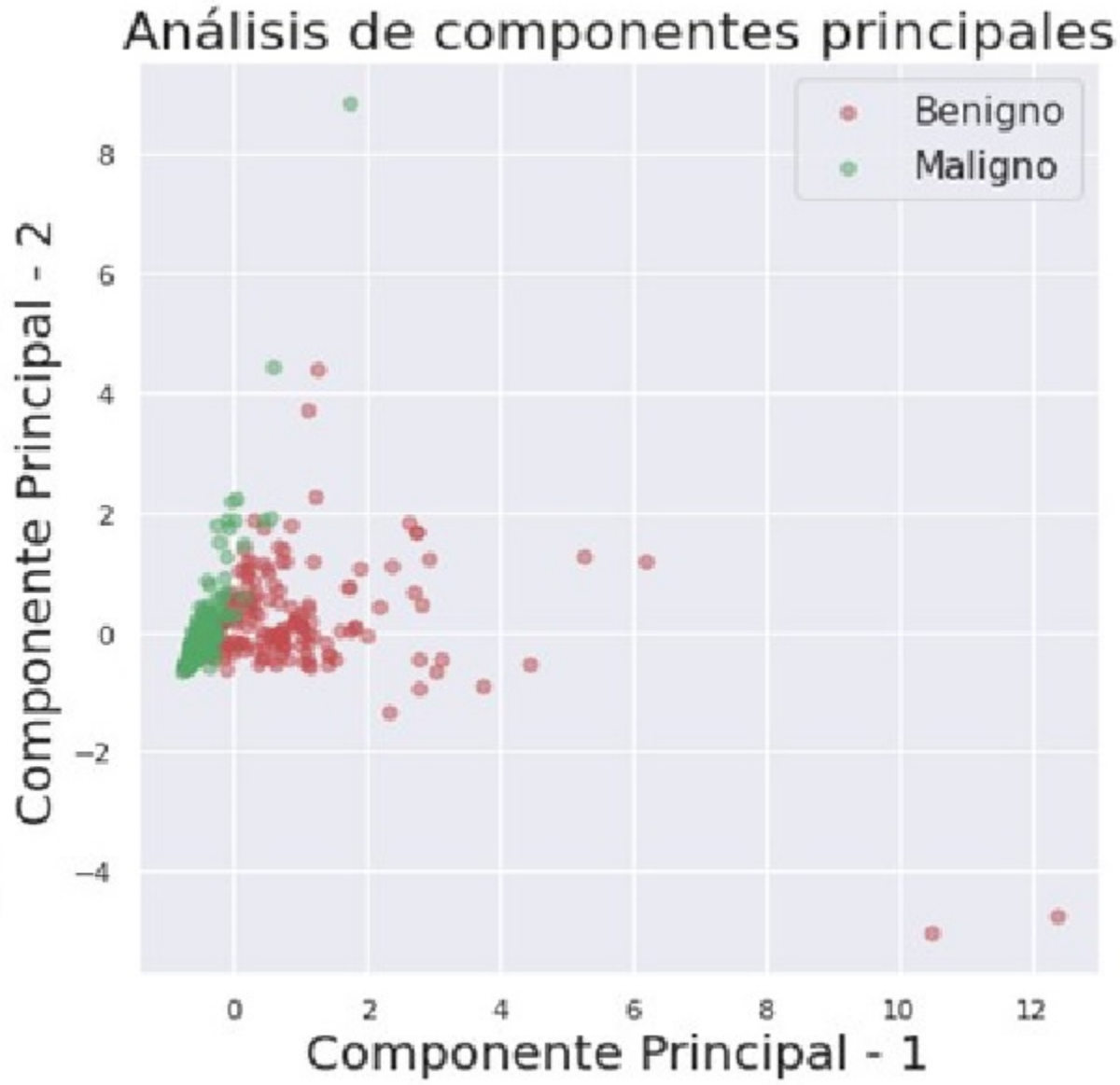


Fig. 5. Visualización del subespacio reducido con 2 *kPCA y-train.*
Fuente: elaboración propia.

Después de aplicar las técnicas de PCA y kPCA, se realizó una validación cruzada para encontrar el mejor hiperparámetro para SVM y LR. Para el algoritmo SVM fueron: kernel linear y C = 100 y para el algoritmo LR fueron C = 100, solver Newton-cg e l2.

La tabla 1 muestra los valores de las métricas de SVM y LR para 2 PCA con un conjunto de pruebas transformado y un conjunto de pruebas y entrenamiento original. Se obtuvieron los mejores valores de las métricas cuando se utilizó el conjunto de prueba transformado. (Tabla 1).

Tabla 1. Métricas calculadas aplicando algoritmos *SVM* y *LR*, 2 *PCA* con conjunto de testeo transformado y con conjunto de testeo y entrenamiento originales

Métrica	SVM / kernel linear, C=100		LR/Newton-cg, I2, C=100	
	2PCA/ conjunto de testeo transformado	Conjunto de testeo y entrenamiento originales	2 PCA/ conjunto de testeo transformado	Conjunto de testeo y entrenamiento originales
Exactitud	0,99	0,96	0,99	0,96
Precisión	0,99	0,95	0,99	0,95
Exhaustividad	1,00	0,99	1,00	0,99
F-1	0,99	0,97	0,99	0,97
AUC	0,99	0,95	0,99	0,95

En la tabla 2 se muestran las métricas estadísticas para el algoritmo SVM, para 2-6 PCA y 2-6 kPCA utilizando un conjunto de pruebas transformado. Los mejores resultados de las métricas estudiadas fueron para 2 - 4 PCA. (Tabla 2).

Tabla 2. Métricas calculadas aplicando algoritmo *SVM*, para 2-6 *PCA* y 2-6 *kPCA* con el conjunto de testeo transformado

Métrica	2-4 PCA	6 PCA	2 kPCA	4 kPCA	6 kPCA
Exactitud	0,99	0,99	0,95	0,97	0,96
Precisión	0,99	0,97	0,93	0,99	0,99
Exhaustividad	1,00	1,00	0,99	0,97	0,96
F1	0,99	0,99	0,96	0,98	0,97
AUC	0,99	0,93	0,99	0,99	0,99

En la tabla 3 se muestran los valores de las métricas obtenidas aplicando LR Newton-cg I2, C = 100, 2-6 PCA 2-6 kPCA con valores de prueba transformados. Los mejores resultados de las métricas estudiadas fueron para 6 kPCA y para 2, 4, 6 PCA. (Tabla 3).

Tabla 3. Métricas calculadas aplicando algoritmo LR Newton-cg I2, C=100, 2-6 *PCA* 2-6 *kPCA* con el conjunto de testeo transformado

Métrica	2, 4, 6 PCA	2 kPCA	4 kPCA	6 kPCA
Exactitud	0,99	0,96	0,98	1,00
Precisión	0,99	0,95	0,99	1,00
Exhaustividad	1	0,99	0,99	1,00
F1	0,99	0,97	0,99	1,00
AUC	0,99	0,92	0,98	1,00

También se obtuvo matriz de confusión para 2 kPCA, b) 4 kPCA c) 6 kPCA utilizando el algoritmo LR.

La figura 6 muestra la función de decisión (hiperplano), con sus correspondientes márgenes, utilizando el algoritmo SVM como clasificador y con el conjunto de pruebas transformado a) 2 PCA, b) 2 kPCA y c) 2 PCA entrenando el modelo SVM usando los datos de entrenamiento modificados. (Fig. 6).

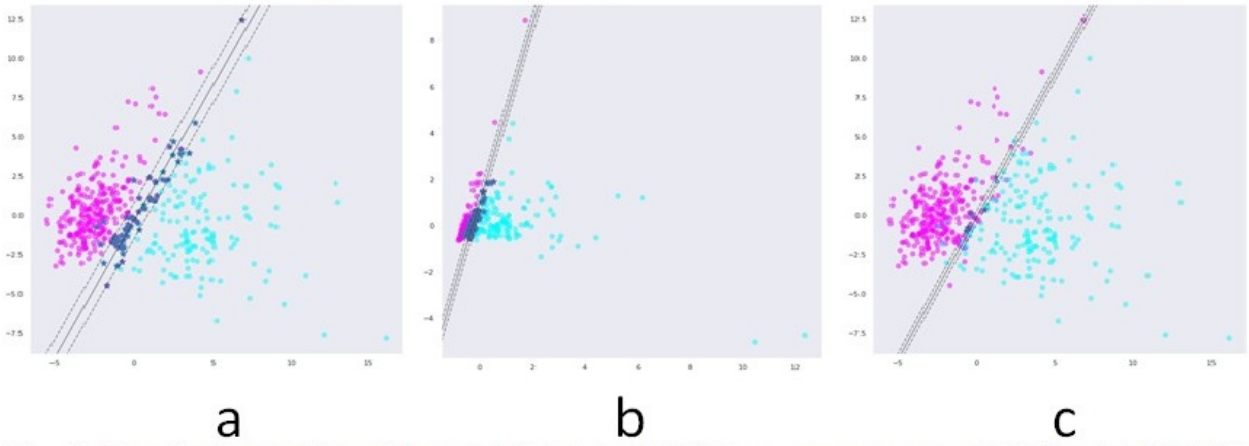


Fig. 6. Función de decisión utilizando el algoritmo SVM con, *x - test y-train* modificadas a) 2 *PCA*, b) 2 *kPCA* y c) 2 *PCA* entrenando el modelo SVM con los datos de entrenamiento modificados.
Fuente: elaboración propia.

DISCUSIÓN

En la matriz de correlación se observó que hay varias características que tienen la misma información y podrían reducirse, por ejemplo, el caso de la peor concavidad, la peor compacidad y los peores puntos cóncavos.

También se estudió el porcentaje de la variación explicada para 1 - 6 componentes principales y los valores calculados fueron elevados, por lo cual, a partir de dicha información se podría aplicar satisfactoriamente el algoritmo PCA y kPCA. Esta misma conclusión se dedujo desde la observación de los mapas de calor para 6 PCA, 4 PCA y 2 PCA. La mayor variación de información se mostró para 2 PCA.

Cuando se graficaron la 2 PCA versus 1 PCA, se pudo observar que, efectivamente, con los datos transformados por PCA se logran separar las 2 clases o sea las lesiones malignas de las benignas, mediante un hiperplano. Entonces, a partir de esto se podría aplicar algún algoritmo tipo SVM, LR u otro para la clasificación. (Tener en cuenta que cada componente representa una combinación de algunas características.)

El análisis explicado previamente se repitió para el algoritmo kPCA y en los mapas de calor para 6 kPCA, 4 kPCA y 2 kPCA, se observó la mayor variación de información para 2 y 4 componentes. En tanto que en la visualización del subespacio reducido con 2 componentes principales también se observó que con un hiperplano podrían separarse las dos clases de lesiones, malignas y benignas.

Cuando se aplicaron los algoritmos SVM y LR para 2 PCA con un conjunto de pruebas transformado y un conjunto de pruebas y entrenamiento original, se obtuvieron los mejores valores de las métricas cuando se utilizó el conjunto de prueba transformado.

Por otro lado, cuando se aplicó el algoritmo SVM con los mejores hiperparámetros calculados para 2 - 6 PCA y 2 - 6 kPCA utilizando un conjunto de pruebas transformado, se observó que los mejores resultados de las métricas estudiadas fueron para 2 - 4 PCA.

Cuando se aplicó el algoritmo LR, con los mejores hiperparámetros calculados, para 2 - 6 PCA y 2 - 6 kPCA con valores de prueba transformados, se observó que los mejores resultados de las métricas estudiadas fueron para 6 kPCA y para 2, 4, 6 PCA.

Del análisis de matriz de confusión para 2 kPCA, b) 4 kPCA c) 6 kPCA utilizando el algoritmo LR, se observó que la mejor matriz encontrada fue para 6 kPCA.

Los resultados obtenidos en este trabajo, para PCA con los algoritmos de clasificación SVM y LR, están de acuerdo con los de Galarza Hernández,[7] y levemente mejores con respecto a los resultados de Mushtaq et. Al.[3]

En la última parte de este trabajo se graficó la función de decisión obtenida usando el algoritmo SVM con el conjunto de pruebas transformado 2 PCA, 2 kPCA y 2 PCA entrenando el modelo SVM usando los datos de entrenamiento modificados. Para la primera figura se observaron márgenes amplios, significando que hay muchos puntos mezclados, en tanto que para la última figura se ve que los márgenes son muy delgados, menos puntos mezclados. Para la segunda figura, aunque los puntos están más compactados se puede ver que la clasificación sería muy buena. También se puede ver cómo las pendientes de los hiperplanos, rectas, son diferentes para cada caso.

Se puede concluir que en este estudio se aplicaron las técnicas PCA y kPCA y los algoritmos SVM y LR para el diagnóstico de los datos de la base de cáncer de mama de Wisconsin. Se encontró que la exactitud, precisión, exhaustividad, F1 y las AUC se pueden mejorar considerablemente aplicando los siguientes pasos:

- Normalización de las características.
- Reducción de dimensionalidad.
- Validación cruzada.
- Optimización de hiperparámetros.

Los mejores resultados de clasificación se alcanzaron para PCA 2, 4 y para 6 kPCA empleando los algoritmos SVM y LR, respectivamente. Por lo tanto, trabajar en el espacio latente mejoró las puntuaciones de las métricas. También los resultados de PCA con SVM y LR coinciden con valores de bibliografía.

En el futuro se podrían utilizar más métricas y se podrían usar otras bases de imágenes/datos.

Agradecimientos

A los profesores y compañeros del doctorado de la Universidad Tecnológica Nacional por siempre estar dispuestos a colaborar con sus pares.

Conflicto de intereses

No existen.

Contribuciones de los autores

Conceptualización: Rosana Pirchio.

Curación de datos: Rosana Pirchio.

Análisis formal: Rosana Pirchio.

Investigación: Rosana Pirchio.

Metodología: Rosana Pirchio.

Visualización: Rosana Pirchio.

Redacción del borrador original: Rosana Pirchio.

Redacción, revisión y edición: Rosana Pirchio.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Universidad de California. Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic). In: UCI Machine Learning Repository Wisconsin [Internet]. Irvine: Universidad de California; 2000. [cited 7 Sep 2020] Available from: https://archive.ics.uci.edu/ml/setsets/Breast Cancer Wisconsin (Diagnostic).

2. Akinnuwesi BA, Macaulay BO, Aribisala BS. Breast cancer risk assessment and early diagnosis using Principal Component Analysis and support vector machine techniques. Informatics in Medicine Unlocked. 2020 ; 21: 1-13.

3. Mushtaq Z, Yaqub A, Hassan A, Su SF. Performance Analysis of Supervised Classifiers Using PCA Based Techniques on Breast Cancer, 2019. In: International Conference on Engineering and Emerging Technologies. Lahore: IEEE; 2019. p. 1-6. Available from: https://ieeexplore.ieee.org/document/8711868.

4. Mert A, Kilic N, Bilgili E, Akan A. Breast Cancer Detection with Reduced Feature Set. Comput Math Methods Med. 2015 ; 2015: 265138.

5. Saxena S, Gyanchandani M. A Model for Classification of Wisconsin Breast Cancer Datasets using Principal Component Analysis and Back Propagation Neural Network. IJSR. 2019 ; 8 (7): 1324-7.

6. You H, Rumbe G. Comparative Study of Classification Techniques on Breast Cancer FNA Biopsy Data. Int J Interact Multim Artif Intell. 2010 ; 1: 5-12.

7. Galarza Hernández J. Reducción de dimensionalidad en Machine Learning. Diagnóstico de cáncer de mama basado en datos genómicos y de imagen [Internet]. Valencia: Universitat Politècnica de València; 2017. [cited 6 Jul 2021] Available from: https://riunet.upv.es/handle/10251/92565.