



Universidad
Mariana

Implementación de una red neuronal para la clasificación de imágenes histológicas de Cáncer de
Mama

Jose David Guaquez Tulcan

Julieth Villarreal Celis

Universidad Mariana
Facultad de Ingeniería
Programa Mecatrónica
San Juan de Pasto

2024

Implementación de una red neuronal para la clasificación de imágenes histológicas de Cáncer de
Mama

Jose David Guaquez Tulcan

Julieth Villarreal Celis

Informe de investigación para optar al título de: Ingenieros Mecatrónicos

Asesor:

MSc. Dagoberto Mayorca Torres

Universidad Mariana
Facultad de Ingeniería
Programa Mecatrónica
San Juan de Pasto

2024

Artículo 71: los conceptos, afirmaciones y opiniones emitidos en el Trabajo de Grado son
responsabilidad única y exclusiva del (los) Educando (s)

Reglamento de Investigaciones y Publicaciones, 2007

Universidad Mariana

Contenido

Introducción	9
1. Resumen del proyecto	11
1.1 Descripción del problema.....	11
1.2 Justificación.....	12
1.3 Objetivos	13
1.3.1 Objetivo general	13
1.3.2 Objetivos específicos.....	13
1.4 Marco referencial	14
1.4.1 Antecedentes	14
1.4.1.1 Database y Criterios de búsqueda.	14
1.4.2 Descripción de resultados.....	15
1.4.2.1 Top 5 más citados.....	15
1.4.2.2 Top 5 últimos 5 años.	17
1.4.3 Análisis de resultados.....	20
1.4.3.1 Top 5 más citados.....	20
1.4.3.2 Top 5 últimos 5 años.	21
1.4.3.3 Análisis de los artículos.....	22
1.4.4 Marco teórico	23
1.4.4.1 El Cáncer de Mama: Tipos y Descripción.	23
1.4.4.2. Métodos de Detección y Biopsia de Lesiones Mamarias No Palpables.	24
1.4.4.3 Anatomía del Tejido Mamario.	25
1.4.4.4. Histopatología y tinción HyE.	25
1.4.4.5. Sistemas de diagnóstico asistido por computadora (DAO).....	26
1.4.4.6. Redes Neuronales.....	26
1.4.4.6.1 Arquitectura de una Red Neuronal.	27
1.4.4.6.2 Selección de métricas para la evaluación del modelo propuesto.	27
1.4.4.7. Imágenes Histológicas.....	28
1.4.4.8 Normalización de Imágenes.....	29
1.4.4.9 Capa convolucional.	31
1.4.4.10 Importancia de la Clasificación de Imágenes Histológicas en Oncología.	32

1.4.5 Marco Conceptual	32
1.5 Metodología	35
1.5.1 Tipo de investigación	35
1.5.2 Línea y sublínea de la investigación	35
1.5.3 Hipótesis de investigación.....	35
1.5.4 Descripción de la metodología.....	36
1.5.4.1 Objetivo 1. Recopilar un conjunto de datos representativo de imágenes histológicas de cáncer de mama y realizar el preprocesamiento de estas..	36
1.5.4.2 Objetivo 2. Implementar una arquitectura de red neuronal adaptada a la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama.	37
1.5.4.3. Objetivo 3. Evaluar la eficacia del modelo mediante métricas de rendimiento. Para la última etapa lo que se busca es validar el desempeño del algoritmo entrenado mediante la obtención de sus métricas estadísticas.	37
2. Presentación de resultados	38
2.1. Análisis e interpretación de resultados.....	38
2.1.1. Análisis del primer objetivo	38
2.1.1.1. Selección de base de datos..	38
2.1.1.2. Interpretación y organización del conjunto de datos.....	41
2.1.1.3 Preprocesamiento de datos.	42
2.1.2. Análisis del segundo objetivo	44
2.1.2.1. Diseño de una red neuronal.....	44
2.1.2.2. Configuración y entrenamiento de la red neuronal.	45
2.1.2.2.1. Diseños preliminares.	45
2.1.2.2.2. Diseños finales.	47
2.1.3. Análisis del tercer objetivo.....	54
2.1.3.1. Análisis de resultados.	54
2.2. Discusión	61
2.2.1. Interpretación de Resultados	61
2.2.2. Contextualización en la Literatura	61
2.2.3. Análisis de Limitaciones	62
2.2.4. Implicaciones Clínicas	62

2.2.5. Recomendaciones para Futuras Investigaciones:	62
3. Conclusiones	63
4. Recomendaciones.....	65
Referencias bibliográficas	66

Índice de Tablas

	Pág.
Tabla 1 Machine learning en el sector de la salud 2022 y 2024.....	14
Tabla 2 Uso de la inteligencia artificial para cáncer de mama o en salud 2022 y 2024.....	14
Tabla 3 Procesamiento del lenguaje natural en atención sanitaria 2023	15
Tabla 4 Selección de métricas para la evaluación del modelo propuesto.....	28
Tabla 5 Estudio detallado de bases de datos.....	39
Tabla 6 Matriz de diseño de la red neuronal.....	44
Tabla 7 Matriz de redes neuronales útiles para clasificación de imágenes.	45
Tabla 8 Datos de entrenamiento por métricas de diseños finales implementados.....	56
Tabla 9 Análisis de la matriz de confusión.....	57
Tabla 10 Análisis de la matriz de confusión fig 15	59

Índice de Figuras

	Pág.
Figura 1	Ejemplo de dos láminas de histopatología de melanomas teñidas con hematoxilina y eosina. 30
Figura 2	Diagrama metodológico 35
Figura 3	A tejido normal; B anomalía benigna; C carcinoma in situ; D carcinoma maligno invasivo. 40
Figura 4	Diagrama de bloques de preprocesamiento 42
Figura 5	Diagrama de procesamiento. 43
Figura 6	Diseño preliminar 1 de la red neuronal. 46
Figura 7	Diseño preliminar 2 de la red neuronal. 47
Figura 8	Diseño final base de la red neuronal 48
Figura 9	Resultados de entrenamiento precisión del diseño base..... 50
Figura 10	Resultados de entrenamiento pérdida del diseño base. 51
Figura 11	Diseño final optimizado con capas adicionales de la red neuronal. 52
Figura 12	Resultados de entrenamiento y precisión del diseño base con capas adicionales y 100 épocas. 53
Figura 13	Resultados De Entrenamiento Perdida Del Diseño Base Con Capas Adicionales Y 100 Epocas..... 54
Figura 14	Diagrama de carga de modelo entrenado. 55
Figura 15	Matriz de confusión del diseño final base de la red neuronal. 56
Figura 16	Matriz de confusión del diseño final optimizado con capas de la red neuronal. y 100 épocas. 59

Introducción

El cáncer de mama es una causa importante de mortalidad a nivel mundial, y la detección temprana es clave para mejorar las tasas de supervivencia. A nivel internacional, la inteligencia artificial, especialmente las redes neuronales convolucionales, ha revolucionado la clasificación de imágenes histológicas, permitiendo diagnósticos más rápidos y precisos. En Colombia, aunque el uso de IA en la detección del cáncer de mama está en etapas iniciales, se están haciendo avances en la integración de estas tecnologías en la salud. En la ciudad de Pasto, Nariño, el acceso a tecnologías avanzadas es limitado, pero la implementación de IA podría mejorar los diagnósticos donde la disponibilidad de especialistas es reducida.

La clasificación precisa de imágenes histológicas es fundamental para un diagnóstico correcto, ya que un error puede llevar a tratamientos inadecuados. Las redes neuronales se entrenan para reconocer patrones en estas imágenes, lo que ayuda a los médicos a tomar decisiones informadas y mejora la eficiencia en el diagnóstico del cáncer de mama.

El proyecto se centra en el análisis de imágenes histológicas de alta resolución teñidas con H&E, enfrentando el desafío de la variabilidad en la forma y estructura de las células cancerosas. Para abordar esto, se utiliza una red neuronal convolucional que segmenta las imágenes en pequeñas regiones, permitiendo una extracción detallada de características clave como la morfología de los núcleos y la arquitectura del tejido. Luego, estos datos segmentados se integran para obtener una clasificación final precisa, mejorando la identificación de patrones asociados con diferentes estados del cáncer, como tejido normal, lesiones benignas y carcinoma.

El proceso de tinción en las muestras histológicas sigue un protocolo de normalización crucial para asegurar la consistencia en la representación de colores y contrastes, lo que es fundamental para una interpretación precisa por la red neuronal. Para capturar características a diferentes escalas, desde la morfología de un núcleo individual hasta la organización de estructuras tisulares más grandes, la red neuronal emplea una combinación de capas convolucionales y totalmente conectadas, optimizando su capacidad de análisis.

Para mejorar el rendimiento y la generalización del modelo, hemos ampliado significativamente el conjunto de datos mediante técnicas de aumento, como rotaciones y duplicaciones de parches de las imágenes. Esto no solo incrementa la diversidad de los datos disponibles para el entrenamiento, sino que también refuerza la robustez del modelo frente a variaciones en las muestras.

En la evaluación del modelo, priorizamos tanto la sensibilidad como la precisión en la clasificación, asegurando que el sistema no solo sea capaz de detectar correctamente los patrones patológicos, sino que también minimice los falsos negativos y falsos positivos. Esta estrategia integral garantiza un diagnóstico más fiable y efectivo, destacando la relevancia del enfoque adoptado en el proyecto.

1. Resumen del proyecto

1.1 Descripción del problema

El cáncer de mama es una de las principales causas de mortalidad en mujeres a nivel mundial, lo que hace que su diagnóstico temprano y preciso sea vital para mejorar las tasas de supervivencia. Las biopsias de mama, analizadas mediante imágenes histológicas teñidas con hematoxilina y eosina (HyE), son una herramienta clave en la detección de este tipo de cáncer. Estas imágenes capturan detalles microscópicos del tejido mamario, permitiendo a los patólogos identificar posibles células cancerosas. Sin embargo, el análisis de estas imágenes presenta varios desafíos que dificultan la precisión del diagnóstico.

El diagnóstico de imágenes histológicas es un proceso que depende en gran medida de la experiencia y el criterio del patólogo. Esta dependencia introduce una variabilidad significativa en los diagnósticos, especialmente en casos donde las diferencias entre tejido normal, benigno y maligno son sutiles. La subjetividad en la interpretación puede resultar en diagnósticos inconsistentes, lo que pone en riesgo la precisión del tratamiento posterior.

Además, las imágenes histológicas de biopsias mamarias son extremadamente complejas, mostrando patrones que varían en forma, tamaño, textura y color. Identificar correctamente las características malignas entre las variaciones normales del tejido es un desafío incluso para los expertos, y errores en esta etapa crítica pueden retrasar el tratamiento adecuado.

Las técnicas convencionales de diagnóstico del cáncer de mama, como la mamografía, el ultrasonido y la biopsia, son fundamentales, pero presentan limitaciones en cuanto a precisión. La mamografía, aunque ampliamente utilizada, tiene una sensibilidad que puede variar entre el 77% y el 95%, especialmente afectada por la densidad mamaria, lo que puede resultar en falsos negativos. Su especificidad es alta, pero no elimina por completo el riesgo de falsos positivos. El ultrasonido, aunque menos sensible que la mamografía, es útil en ciertos casos, como en mujeres con mamas densas, aunque su capacidad para evitar falsos positivos es limitada. Por otro lado, la biopsia, considerada el estándar de oro, ofrece una precisión casi perfecta, pero es invasiva y solo

se utiliza cuando otros métodos sugieren una fuerte sospecha de cáncer. Estas limitaciones, junto con la subjetividad en la interpretación de los resultados, subrayan la necesidad de desarrollar técnicas avanzadas que puedan complementar y mejorar la precisión de los diagnósticos existentes. Además, estas técnicas pueden no ser lo suficientemente robustas para manejar la diversidad de patrones que se encuentran en las imágenes histológicas de diferentes pacientes.

En respuesta a estos desafíos, este proyecto se enfoca en el desarrollo de una red neuronal convolucional (CNN) que optimiza la clasificación de imágenes histológicas de biopsias de mama. A diferencia de los métodos tradicionales que dependen de la extracción manual de características, las CNN tienen la capacidad de aprender automáticamente patrones complejos en las imágenes, mejorando tanto la rapidez como la precisión del diagnóstico.

La arquitectura de la red propuesta está diseñada para capturar información a múltiples escalas, abarcando desde los detalles a nivel celular hasta la estructura general del tejido. Este enfoque integral tiene como objetivo superar las limitaciones de las técnicas actuales, proporcionando una herramienta más eficaz para el diagnóstico del cáncer de mama en entornos clínicos. Al automatizar y mejorar la clasificación de estas imágenes, se espera reducir la variabilidad en los diagnósticos y acelerar el proceso, contribuyendo así a un tratamiento más oportuno y efectivo para los pacientes.

1.2 Justificación

El cáncer de mama es una de las principales amenazas para la salud a nivel global, representando aproximadamente el 25% de todos los casos de cáncer en mujeres y siendo responsable del 15% de las muertes por cáncer en esta población (OPS, 2023). La detección temprana es crucial para mejorar las tasas de supervivencia y la efectividad de los tratamientos. A lo largo de los años, la mamografía ha demostrado ser una herramienta invaluable para la detección primaria del cáncer de mama, permitiendo la identificación de posibles casos en etapas iniciales. Sin embargo, a pesar de los avances en esta área, aún existen desafíos significativos, especialmente en la interpretación precisa de las mamografías debido a la complejidad y variabilidad en la presentación de las imágenes.

Este proyecto se basa en la creciente investigación sobre el uso de redes neuronales convolucionales (CNN) para la clasificación de imágenes médicas. En lugar de depender de métodos tradicionales de extracción manual de características, las CNN tienen la capacidad de aprender patrones complejos de manera automatizada, lo que puede mejorar significativamente la precisión y rapidez en la detección de anomalías en imágenes histológicas de biopsias de mama teñidas con hematoxilina y eosina.

La justificación de esta investigación radica en su potencial para aportar un enfoque innovador al campo mecatrónico, mediante el desarrollo de un sistema de clasificación que pueda integrarse en procesos de diagnóstico existentes. Este estudio no solo busca mejorar la precisión diagnóstica, sino que también pretende proporcionar una base sólida para futuras investigaciones y aplicaciones en la ingeniería biomédica.

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo general

Desarrollo de una arquitectura para clasificación automática de imágenes histológicas de cáncer de mama mediante el uso de redes neuronales.

1.3.2 Objetivos específicos

- Recopilar un conjunto de datos representativo de imágenes histológicas de cáncer de mama y realizar el preprocesamiento de estas.
- Implementar una arquitectura de red neuronal adaptada a la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama.
- Evaluar la eficacia del modelo mediante métricas de rendimiento.

1.4 Marco referencial

1.4.1 Antecedentes

1.4.1.1 Database y Criterios de búsqueda.

Tabla 1

Machine learning en el sector de la salud 2022 y 2024

<i>Machine learning en el sector de la salud 2022 y 2024</i>	Año
	2022 -2024
Criterios de búsqueda	“MACHINE” AND “LEARNING” AND “HEALTH”
Periodo de búsqueda	2022- 2024
Idioma	Inglés y Español
Filtró por área temática	Ingeniería
Tipo de documentos	Artículos
Número de documentos encontrados de utilidad	4

Tabla 2

Uso de la inteligencia artificial para cáncer de mama o en salud 2022 y 2024

Uso de la inteligencia artificial para cáncer de mama o en salud 2022 y 2024	Año
	2018 -2021
Criterios de búsqueda	“INTELIGENCIA” AND “ARTIFICIAL” AND “CANCER” AND “MAMA” AND “CONVOLUTIONAL” AND “NEURAL” AND”NETWORKS”
Periodo de búsqueda	2022 - 2024
Idioma	Inglés y Español
Filtró por área temática	Ingeniería
Tipo de documentos	Artículos
Número de documentos encontrados de utilidad	5

Tabla 3

Procesamiento del lenguaje natural en atención sanitaria 2023

Procesamiento del lenguaje natural en atención sanitaria 2023	Año
	2018 -2021
Criterios de búsqueda	“NATURAL” AND “LANGUAGE” AND “PROCESSIN” AND “HEALTH” AND “CARE”
Periodo de búsqueda	2023
Idioma	Solo artículos en ingles
Filtró por área temática	Ingeniería
Tipo de documentos	Artículos
Número de documentos encontrados de utilidad	1

1.4.2 Descripción de resultados

1.4.2.1 Top 5 más citados.

[1] Dificultades en la implantación de la inteligencia artificial en la práctica radiológica: lo que el radiólogo necesita saber: la inteligencia artificial (IA) ofrece el potencial de transformar la práctica de la radiología clínica en todo el mundo. Sin embargo, existen desafíos que los radiólogos deben conocer antes de implementar la inteligencia artificial en su práctica diaria. Estos desafíos incluyen cuestiones de cumplimiento normativo, preocupaciones éticas, preocupaciones sobre privacidad y ciberseguridad, sesgos en el aprendizaje automático y la integración segura de la IA en la práctica diaria. En este artículo, resumimos estos temas y su impacto en la radiología clínica. (Nair et al., 2022)

[2] The application of artificial intelligence in improving colonoscopic adenoma detection rate: Where are we and where are we going: el cáncer colorrectal (CCR) es una de las neoplasias malignas más comunes en todo el mundo. La colonoscopia es la técnica de examen crucial en los programas de detección del CCR para la detección temprana de lesiones precursoras y el tratamiento del cáncer colorrectal temprano, que puede reducir significativamente la morbilidad y mortalidad del CCR. Sin embargo, las tasas combinadas de pérdida de pólipos durante la colonoscopia pueden llegar al 22%. La inteligencia artificial (IA) representa una forma prometedora de mejorar la tasa de detección de adenomas colonoscópicos (CDA). Esto puede

ayudar a los endoscopistas a evitar que se pasen por alto pólipos y proporcionar un diagnóstico óptico preciso de lesiones sospechosas. En este artículo, describimos algunos de los estudios más importantes sobre el uso de la IA para la colonoscopia y las direcciones futuras en la aplicación de la IA para mejorar la ADR colonoscópica. (Gan et al., 2023)

[3] Patient journey of individuals tested for HCV in Spain: LiverTAI, a retrospective analysis of EHRs through natural language processing: el estudio LiverTAI tuvo como objetivo superar las barreras para la eliminación del virus de la hepatitis C (VHC) centrándose en pacientes sometidos a pruebas de detección del VHC, utilizando tecnologías de inteligencia artificial para describir sus características demográficas y clínicas previas a las pruebas de los pacientes, reflejando la práctica clínica en el hospital. Este análisis secundario retrospectivo de historias clínicas electrónicas (HCE) utilizó tecnología de procesamiento del lenguaje natural (PNL) para extraer datos clínicos no estructurados. Entre 2.440.358 pacientes, 16.261 fueron sometidos a la prueba del VHC, de los cuales el 83,6% eran seronegativos y el 16,4% seropositivos. Se detectó viremia activa por VHC en el 37,7% de los pacientes, el 18,6% con viremia negativa y el 43,7% con viremia desconocida. Las trayectorias de los pacientes mostraron que los departamentos centrales (gastroenterología, medicina interna y enfermedades infecciosas) y otros, incluidos los departamentos de emergencia, realizaban muchas pruebas de VHC, mientras que la oncología médica iba a la zaga. Las pruebas de PCR y la determinación del genotipo fueron mucho más rápidas en las unidades principales. El estudio concluye destacando la necesidad de mejorar la detección del VHC y las pruebas de reflejos para acelerar el diagnóstico y la derivación a la atención médica, a pesar de los modelos actuales de detección basados en servicios. (Calleja Panero et al., 2023)

[4] El valor de los datos y su aplicabilidad en el Sector Sanitario: actualmente hay demasiadas noticias y/o artículos sobre el uso de la inteligencia artificial (IA) y el Big Data, y esta situación se ha agravado debido a la pandemia donde el foco se ha puesto en su uso y sus diversas aplicaciones en todos los sectores. Ciertas áreas y capacidades tecnológicas están cada vez más presentes en nuestra vida diaria. El sector que mayor crecimiento ha tenido durante la pandemia es sin duda el sistema sanitario. La urgente necesidad ha estimulado y acelerado el uso de estas tecnologías. El uso de datos que permiten tratar en poco tiempo, ver el desarrollo de diversas enfermedades y predecir su estado es lo que motivó su uso y que, dada la situación, ha sido de mínima ayuda. En

este artículo pretendemos explicar los beneficios del uso de la IA y diversas técnicas de Big Data tanto en el estudio y desarrollo de enfermedades como en su prevención, detección, seguimiento y tratamiento. (Herrero-González, 2022)

[5] Introducción al machine learning en Senología: el aprendizaje automático, aprendizaje estadístico o aprendizaje automático es un concepto perteneciente al campo de la informática que hace referencia a la capacidad de las máquinas para construir modelos matemáticos con alto rendimiento predictivo, a partir de grandes lotes de datos utilizando diversas herramientas basadas en estadística, algoritmos. y recursividad, mejorándolas a medida que se añade nueva información. Aunque ya existen varios proyectos en senología, principalmente dirigidos a la interpretación de imágenes en radiología y anatomía patológica, el uso sistemático de esta tecnología como fuente de nuevos conocimientos sigue siendo excepcional, especialmente en términos de almacenamiento de soluciones clínico-terapéuticas. Los especialistas implicados en la senología están obligados a familiarizarse con esta metodología, para poder gestionarla correctamente, lejos de utilizarla con fines lucrativos, máxime cuando los éxitos alcanzados en otros campos sociales permiten comprender su aplicación en la medicina. (Alcobilla Ferrara, 2023)

1.4.2.2 Top 5 últimos 5 años.

[1] Opiniones de los especialistas y residentes de radiología sobre la inteligencia artificial: este estudio investigó la percepción de los radiólogos españoles sobre la implementación de la inteligencia artificial (IA) en su práctica diaria. A través de una encuesta online dirigida a radiólogos y residentes se evaluó su conocimiento sobre tecnologías de la información y la comunicación (TIC) e IA, sin encontrar diferencias significativas por edad o sexo. Sin embargo, se destacó un mayor conocimiento en las personas más jóvenes. La mayoría de los participantes (77,45%) cree que la IA representa una oportunidad para el futuro de la profesión. Las posibles aplicaciones incluían detección, interpretación de imágenes y gestión de pruebas. La mayor preocupación era el posible aumento de la carga de trabajo. El estudio concluye que existe una actitud positiva entre los radiólogos hacia la IA y recomienda implementar programas de formación para fomentar la aceptación. (Catanese et al., 2023)

[2] Biomarcadores en resonancia magnética y su correlación con el test Oncotype: el cáncer de mama (CM) es una patología de alta incidencia y prevalencia que tiene un importante impacto en

la sociedad. La resonancia magnética (MRI) juega un papel clave en la detección y clasificación de esta enfermedad. La prueba Oncotype DX Breast Recurrence Score (ODXRS) orienta el uso de quimioterapia adyuvante en las primeras etapas del cáncer de mama luminal, facilitando tratamientos personalizados. Este artículo tiene como objetivo actualizar la información sobre los biomarcadores de RM según la clasificación BI-RADS y explorar cómo la inteligencia artificial (IA) puede mejorar esta técnica de imagen para correlacionarla con la prueba ODXRS. Investigaciones recientes sobre la IA en la resonancia magnética muestran resultados prometedores y pueden marcar un cambio significativo en la radiología mamaria. (Aranaz Murillo et al., 2024)

[3] Chronic liver disease-associated severe thrombocytopenia in Spain: Results from a retrospective study using machine learning and natural language processing: este estudio retrospectivo multicéntrico tuvo como objetivo evaluar las características clínicas de los pacientes con enfermedad hepática crónica (EPC) y trombocitopenia grave (STP) en España. Utilizando técnicas de procesamiento del lenguaje natural (PNL) y aprendizaje automático, se analizaron datos de registros médicos electrónicos (EHR) de 1.787 pacientes con CLP con TCP grave. Los resultados arrojaron que el 65,2% eran hombres, con una edad promedio de 54,7 años. La cirrosis estuvo presente en el 46% de los pacientes y el 9,1% tenía carcinoma hepatocelular. La mayoría de los pacientes (85,6%) requirieron procedimientos invasivos durante el seguimiento y hubo una asociación significativa entre los procedimientos y los eventos hemorrágicos (33% vs. 8%, $p < 0,0001$). La transfusión de plaquetas fue un tratamiento profiláctico común, administrado al 25,6% de los pacientes sometidos a cirugía, mientras que los agonistas del receptor de TPO se utilizaron sólo en el 3,1% de los casos. Las hospitalizaciones fueron frecuentes (60,9%) y el 14,4% se debieron a eventos hemorrágicos, lo que resultó en una duración media de la hospitalización de 6 días.(Calleja-Panero et al., 2024)

[4] Clasificadores de aprendizaje supervisado no lineales basados en radiómica de la TC cerebral sin contraste para predecir el pronóstico funcional en pacientes con hematoma intracerebral espontáneo: el propósito de este estudio fue evaluar si los clasificadores de aprendizaje supervisado no lineales basados en radiómica cerebral sin contraste (CNSCT) pueden predecir el pronóstico funcional al alta en pacientes con hematoma intracerebral espontáneo (SIH). Se realizó un análisis retrospectivo de un solo centro en pacientes diagnosticados con EHI confirmada por TCCSC entre

enero de 2016 y abril de 2018. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con TCCSC realizado dentro de las 24 horas posteriores al inicio de los síntomas. Al ingreso se recogieron datos clínicos, demográficos y radiómicos. Al alta, los pacientes se clasificaron mediante la escala de Rankin modificada (mRS) en buen pronóstico (mRS0-2) y mal pronóstico (mRS3-6). Luego de la segmentación manual del TCCSC de cada HIE, se obtuvieron las variables radiómicas. La muestra se dividió en una cohorte de entrenamiento y prueba y una cohorte de validación (70-30%, respectivamente). Para construir el modelo se utilizaron diversos métodos y algoritmos de selección de variables. Los clasificadores P-SVM, KNN-E y RF-10 combinados con el método de selección de variables ANOVA mostraron el mejor rendimiento en la cohorte de entrenamiento y prueba (AUC: 0,798, 0,752 y 0,742, respectivamente). En la cohorte de validación, estos modelos predijeron el pronóstico funcional al alta con una sensibilidad de 0,897 (IC 95%: 0,778-1) y una tasa de falsos negativos del 0% para predecir un mal pronóstico funcional. (Serrano et al., 2023)

[5] A serial image analysis architecture with positron emission tomography using machine learning combined for the detection of lung cancer: el objetivo de este estudio fue proponer una arquitectura basada en aprendizaje automático para la detección temprana del cáncer de pulmón mediante tomografía por emisión de positrones/tomografía computarizada (PET/CT). Utilizando un conjunto de datos disponible públicamente, el estudio implementó pasos que incluyen cargar, seleccionar, transformar y equilibrar la distribución de clases. Se han utilizado y evaluado modelos predictivos como Stacking y Boosting utilizando métricas como exactitud, precisión, recuperación y F1-score. Los resultados muestran un rendimiento general del 94% con el método de apilamiento y del 77% con el método de refuerzo. (Guzmán Ortiz et al., 2022)

1.4.3 Análisis de resultados

1.4.3.1 Top 5 más citados.

[1] Dificultades en la implantación de la inteligencia artificial en la práctica radiológica: lo que el radiólogo necesita saber: el potencial transformador de la inteligencia artificial (IA) en la radiología clínica en todo el mundo y destaca cuestiones críticas que deben abordarse antes de su implementación. Estos incluyen el cumplimiento normativo, las preocupaciones éticas, la privacidad y la ciberseguridad, el sesgo en el aprendizaje automático y la integración segura de la IA en la práctica diaria. Estos aspectos son vitales para garantizar la calidad de la atención al paciente y la eficiencia de los servicios de salud.

[2] The application of artificial intelligence in improving colonoscopic adenoma detection rate: Where are we and where are we going: la investigación enfatiza la importancia de la colonoscopia en la detección temprana y el tratamiento del cáncer colorrectal (CCR), aunque la tasa de pérdida de pólipos puede ser alta. La inteligencia artificial (IA) se ha presentado como una herramienta prometedora para mejorar la detección del adenoma colonoscópico (CDA). Se mencionan investigaciones relevantes sobre el uso de inteligencia artificial en colonoscopia y se discuten aplicaciones futuras para mejorar las tasas de detección de pólipos.

[3] Patient journey of individuals tested for HCV in Spain: LiverTAI, a retrospective analysis of EHRs through natural language processing: el estudio LiverTAI se centró en pacientes a los que se les hacía la prueba del virus de la hepatitis C (VHC), utilizando inteligencia artificial para describir sus características demográficas y clínicas, así como los patrones previos a la prueba. Se realizó un análisis retrospectivo de historias clínicas electrónicas de seis hospitales españoles utilizando procesamiento de lenguaje natural para extraer datos no estructurados. El estudio destaca la necesidad de mejorar la detección del VHC y las pruebas de reflejos para acelerar el diagnóstico y la derivación a la atención médica, a pesar de los modelos actuales de detección basados en servicios.

[4] El valor de los datos y su aplicabilidad en el Sector Sanitario: el artículo destaca el aumento de noticias y artículos sobre el uso de la inteligencia artificial (IA) y el big data, especialmente

durante la pandemia, donde se centran en diversas aplicaciones en todos los sectores, especialmente en el sistema sanitario.

[5] Introducción al machine learning en Senología: el aprendizaje automático, una disciplina de la informática, entrena máquinas para crear modelos predictivos precisos a partir de grandes conjuntos de datos utilizando herramientas estadísticas, algoritmos y recursividad.

1.4.3.2 Top 5 últimos 5 años.

[1] Opiniones de los especialistas y residentes de radiología sobre la inteligencia artificial: el estudio exploró la visión de los radiólogos españoles sobre la implementación de la inteligencia artificial (IA) en su práctica diaria a través de una encuesta online dirigida a radiólogos y residentes, se concluye que existe una actitud positiva hacia la IA entre los radiólogos y recomienda la implementación de programas de formación para fomentar su uso.

[2] Biomarcadores en resonancia magnética y su correlación con el test Oncotype: este artículo examina el impacto del cáncer de mama y el papel fundamental de la resonancia magnética (MRI) en su detección y clasificación. Se enfatiza la utilidad de la prueba Oncotype DX Breast Recurrence Score (ODXRS) en el tratamiento adyuvante y la terapia personalizada para el cáncer de mama luminal. El objetivo es actualizar la información sobre biomarcadores de resonancia magnética basada en la clasificación BI-RADS y explorar el potencial de la inteligencia artificial (IA) para mejorar la correlación entre las pruebas de resonancia magnética y ODXRS, lo que podría conducir a cambios significativos en la práctica de la radiología.

[3] Chronic liver disease-associated severe thrombocytopenia in Spain: Results from a retrospective study using machine learning and natural language processing: se evaluó las características clínicas de pacientes con enfermedad hepática crónica (EPC) y trombocitopenia grave (STP). Se analizaron datos de historias clínicas electrónicas (EMR) con EPC y SPT grave mediante procesamiento del lenguaje natural (PNL) y técnicas de aprendizaje automático.

[4] Clasificadores de aprendizaje supervisado no lineales basados en radiómica de la TC cerebral sin contraste para predecir el pronóstico funcional en pacientes con hematoma intracerebral

espontáneo: el estudio evaluó si los clasificadores de aprendizaje supervisado no lineales basados en radiómica cerebral sin contraste (CNSCT) podrían predecir el pronóstico funcional en pacientes con hematoma intracerebral espontáneo (SIH). Se realizó un análisis retrospectivo de pacientes diagnosticados con SIH confirmada por TCCSC. Se recogieron datos clínicos, demográficos y radiológicos al ingreso, y el pronóstico al alta se calificó mediante la escala de Rankin modificada (mRS). Los clasificadores de aprendizaje supervisado P-SVM, KNN-E y RF-10 obtuvieron mejores resultados en la cohorte de capacitación y pruebas.

[5] A serial image analysis architecture with positron emission tomography using machine learning combined for the detection of lung cancer: el estudio propuso una arquitectura basada en el aprendizaje automático para la detección temprana del cáncer de pulmón mediante tomografía por emisión de positrones/tomografía computarizada (PET/CT). Utilizando un conjunto de datos disponible públicamente, se implementaron pasos como cargar, seleccionar, transformar y equilibrar la distribución de clases. Los modelos predictivos como Stacking y Boosting se evaluaron utilizando métricas como exactitud, precisión, recuperación y F1-score. Los resultados mostraron que el rendimiento general fue del 94 % cuando se utilizó el método de apilamiento y del 77 % cuando se utilizó el método de refuerzo. (Guzmán Ortiz et al., 2022)

1.4.3.3 Análisis de los artículos. Los estudios “*A serial image analysis architecture with positron emission tomography using machine learning combined for the detection of lung cancer*” y “*The application of artificial intelligence in improving colonoscopic adenoma detection rate: Where are we and where are we going*” muestran de manera clara el impacto que la inteligencia artificial (IA) está teniendo en la detección temprana de diferentes tipos de cáncer, lo que tiene una conexión directa con el enfoque del proyecto. El primer estudio sobre cáncer de pulmón demuestra que el uso de aprendizaje automático en imágenes PET/CT logró una precisión notable del 94% con la técnica de apilamiento, lo que marca un avance significativo en comparación con los métodos convencionales. Por otro lado, el segundo artículo sobre colonoscopias también revela el poder de la IA para mejorar la detección de pólipos, un campo donde los enfoques tradicionales tienden a fallar. Aunque el estudio no menciona un porcentaje de precisión tan elevado como en el caso del cáncer de pulmón, refuerza la idea de que la IA es clave para superar los desafíos diagnósticos actuales. Comparando ambos estudios, se observa que, aunque los resultados varían

en cifras, ambos coinciden en que la IA no solo mejora la precisión, sino que también ofrece una nueva forma de enfrentar las limitaciones de los métodos tradicionales. Esto se alinea con el proyecto, que busca aplicar redes neuronales convolucionales (CNN) para optimizar la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama, un paso que puede hacer más eficientes y precisos los diagnósticos en este campo.

1.4.4 Marco teórico

1.4.4.1 El Cáncer de Mama: Tipos y Descripción. El cáncer de mama es uno de los tipos de cáncer más comunes y representa la principal causa de muerte por cáncer entre mujeres en todo el mundo. Aunque afecta mayormente a mujeres, también puede presentarse en hombres, aunque es un fenómeno raro (OPS, 2023).

Tipos de Cáncer de Mama:

- **Cáncer de Mama Benigno:** Se refiere a crecimientos anormales en el seno que no son cancerosos y no se diseminan más allá del área donde se originaron. Ejemplos comunes incluyen fibroadenomas y quistes, que, en general, no representan un riesgo grave para la salud.
- **Carcinoma Ductal In Situ (CDIS):** Es un tipo de cáncer de mama no invasivo, donde las células cancerosas se encuentran dentro de los conductos mamarios, sin invadir el tejido circundante. Aunque se considera una etapa temprana del cáncer, el CDIS puede volverse invasivo si no se trata a tiempo.
- **Tejido Normal o Hiperplasia:** En ocasiones, se observan cambios anormales en las células mamarias que, aunque no son cancerosos, podrían aumentar el riesgo de desarrollar cáncer en el futuro. Un ejemplo es la hiperplasia ductal atípica, una afección benigna que indica un mayor riesgo de cáncer de mama.
- **Cáncer de Mama Invasivo (Infiltrante):** Este tipo de cáncer se ha extendido desde los conductos o lóbulos mamarios hacia los tejidos circundantes del seno. Puede propagarse a otras partes del cuerpo a través del sistema linfático o sanguíneo. Es la forma más común de cáncer de mama e incluye varios subtipos, como el carcinoma ductal invasivo y el carcinoma lobulillar invasivo.

1.4.4.2. Métodos de Detección y Biopsia de Lesiones Mamarias No Palpables. Existen varios métodos avanzados para el descubrimiento y biopsia de lesiones mamarias no palpables (Pina et al., 2004). Estos métodos, utilizados en función de la naturaleza y ubicación de las lesiones, se describen a continuación:

Métodos de detección:

- **Estereotaxia:** Este método se utiliza principalmente para detectar microcalcificaciones en el tejido mamario. La estereotaxia guía la biopsia al proporcionar una imagen tridimensional precisa de la lesión.
- **Ultrasonido:** Es especialmente útil para detectar nódulos mamarios. El ultrasonido es una herramienta no invasiva que utiliza ondas sonoras para crear imágenes del interior del seno, facilitando la identificación de áreas sospechosas.
- **Resonancia Magnética (RM):** Se emplea para identificar lesiones que no son visibles con la estereotaxia o el ultrasonido. La RM es altamente sensible y se utiliza en casos donde otros métodos no han sido concluyentes.

Métodos de Biopsia:

- **Biopsia Quirúrgica con Marca de Arpón Metálico:** Considerada la técnica más clásica y confiable, esta biopsia es precisa, pero puede ser invasiva, lo que resulta en un procedimiento agresivo para enfermedades benignas y un costo elevado.
- **Punción Fina:** Este método es fácil de realizar, pero tiene limitaciones significativas debido a la posibilidad de producir falsos positivos y negativos, lo que puede afectar la precisión del diagnóstico.
- **Biopsia con Aguja Gruesa:** Permite obtener múltiples muestras cilíndricas con alta fiabilidad diagnóstica, especialmente útil para nódulos mamarios. Sin embargo, su eficacia en la detección de microcalcificaciones es limitada, con un mayor riesgo de falsos negativos.
- **Biopsia Asistida por Vacío:** Este método mejora la calidad de las muestras obtenidas, lo que resulta en diagnósticos más precisos, especialmente para casos de microcalcificación, superando las limitaciones de métodos anteriores.

- **Biopsia Quirúrgica Percutánea:** Este procedimiento permite la extirpación completa de lesiones más pequeñas que la cánula utilizada. Ofrece una fiabilidad similar a la biopsia quirúrgica tradicional, pero con un enfoque menos invasivo y agresivo.

1.4.4.3 Anatomía del Tejido Mamario. La comprensión de la anatomía del tejido mamario es fundamental para conocer su estructura y función en el cuerpo humano. Según Hassiotou & Geddes (2013), el tejido mamario está compuesto por varios elementos básicos que desempeñan funciones cruciales, especialmente durante la lactancia.

- **Glándulas Mamarias:** Son las estructuras responsables de la producción de leche durante la lactancia. Están formadas por numerosos lóbulos, y cada lóbulo contiene pequeños alvéolos que producen y almacenan la leche.
- **Conductos Mamarios:** Estos conductos transportan la leche desde los alvéolos hasta el pezón, donde se libera durante la lactancia. Los conductos se ramifican a través del tejido mamario, formando una red compleja que facilita el flujo de la leche.
- **Tejido Adiposo:** También conocido como tejido graso, forma una parte sustancial del tejido mamario. Este tejido no sólo proporciona soporte estructural a las glándulas mamarias, sino que también contribuye a la forma y el tamaño de la mama.
- **Tejido Conectivo:** Compuesto por fibras de colágeno y elastina, este tejido proporciona soporte y estructura a todo el tejido mamario. Es esencial para mantener la integridad de los conductos mamarios y los pezones, asegurando su funcionalidad.
- **Vasos Sanguíneos y Linfáticos:** El tejido mamario es altamente vascularizado, con una densa red de vasos sanguíneos y linfáticos. Estos vasos son cruciales para el suministro de nutrientes y oxígeno, la eliminación de desechos, y la respuesta inmune en el tejido mamario.
- **Pezones y Areolas:** Los pezones son estructuras prominentes en el centro de cada seno, a través de las cuales se libera la leche durante la lactancia. Las areolas, áreas pigmentadas que rodean los pezones, contienen glándulas sebáceas y sudoríparas que ayudan a mantener la lubricación y la protección de la piel en esta zona.

1.4.4.4. Histopatología y tinción HyE. La histopatología es una rama de la medicina que se dedica al estudio de las enfermedades mediante el examen microscópico de muestras de tejido. En

este campo, la tinción con hematoxilina y eosina (H&E) desempeña un papel fundamental en el diagnóstico de diversas patologías. Esta técnica de tinción es esencial para que los patólogos puedan observar y evaluar diferentes características histológicas, como la presencia de células cancerosas, inflamación, necrosis, fibrosis y otros cambios patológicos en los tejidos.

La combinación de hematoxilina y eosina es particularmente valiosa porque permite diferenciar claramente entre tejidos normales y anormales, lo que es crucial para un diagnóstico preciso. Esto, a su vez, facilita el desarrollo de planes de tratamiento efectivos y personalizados para los pacientes. La tinción H&E sigue siendo una herramienta indispensable en la práctica clínica y en la investigación médica, ya que proporciona información visual detallada que es esencial para la comprensión de la patología subyacente (Lutz et al., 2022).

1.4.4.5. Sistemas de diagnóstico asistido por computadora (DAO). Los sistemas asistidos por computadora (DAO) han revolucionado la detección del cáncer al incorporar algoritmos inteligentes y técnicas avanzadas para apoyar a los profesionales médicos en el proceso de diagnóstico. Estos sistemas son capaces de analizar una variedad de imágenes médicas, como mamografías, resonancias magnéticas, tomografías computarizadas y biopsias digitales, proporcionando información adicional que ayuda a identificar el cáncer y otras neoplasias malignas.

Al ofrecer un análisis detallado y preciso de las imágenes, los sistemas DAO mejoran la capacidad de los médicos para detectar anomalías que podrían pasar desapercibidas con una evaluación visual tradicional. Esto no solo aumenta la precisión en el diagnóstico, sino que también contribuye a una intervención más temprana y efectiva, lo cual es crucial para mejorar los resultados en los pacientes (Cintra, 2021).

1.4.4.6. Redes Neuronales. Una red neuronal es un enfoque de la inteligencia artificial que permite a las computadoras procesar datos de una manera que se inspira en el funcionamiento del cerebro humano. Este método es un tipo de “machine learning” conocido como aprendizaje profundo. Utiliza nodos o "neuronas" interconectados organizados en una estructura de capas que imitan la arquitectura cerebral. Estas redes crean un sistema adaptable que permite a las

computadoras aprender de sus errores y mejorar su desempeño de forma continua. Gracias a este mecanismo, las redes neuronales artificiales pueden resolver problemas complejos, como la generación de resúmenes de documentos o el reconocimiento facial, con una precisión cada vez mayor (aws, s.f.).

1.4.4.6.1 Arquitectura de una Red Neuronal. Las redes neuronales profundas, también conocidas como redes de aprendizaje profundo, se componen de múltiples capas ocultas que contienen millones de neuronas artificiales interconectadas. Cada conexión entre los nodos está representada por un valor numérico llamado "peso". Este peso puede ser positivo, indicando que un nodo estimula a otro, o negativo, indicando que lo suprime. Los nodos con valores de peso más altos tienen una mayor influencia en el comportamiento de los demás nodos.

En teoría, las redes neuronales profundas son capaces de mapear cualquier tipo de entrada a cualquier tipo de salida. Sin embargo, esta flexibilidad viene con un costo: requieren una cantidad significativamente mayor de entrenamiento en comparación con otros métodos de machine learning. Mientras que una red más simple podría requerir cientos o miles de ejemplos de datos para entrenarse, una red neuronal profunda necesita millones de ejemplos para alcanzar un rendimiento óptimo (aws, s.f.).

1.4.4.6.2 Selección de métricas para la evaluación del modelo propuesto. La selección de las métricas de evaluación ha sido cuidadosamente considerada para garantizar una comprensión profunda y precisa del rendimiento del modelo. Estas métricas nos permiten evaluar diferentes aspectos del modelo en relación con las categorías:

Tabla 4.

Selección de métricas para la evaluación del modelo propuesto

Métrica	Descripción	Aporte
Loss	Mide la diferencia entre las predicciones del modelo y los resultados reales. Es esencial para entender cuán bien el modelo está aprendiendo durante el proceso de entrenamiento. Una menor pérdida indica un modelo más preciso y eficiente, lo que es fundamental para nuestro objetivo de diferenciar entre las categorías.	Decidimos usar la métrica de pérdida porque es fundamental durante la fase de entrenamiento del modelo. Nos permite entender cómo el modelo está aprendiendo y ajustarse para minimizar errores. Un <i>Loss</i> bajo indica que el modelo está haciendo predicciones más precisas, lo cual es esencial para que, en etapas posteriores, tengamos una base sólida sobre la cual medir las demás métricas.
Accuracy	Es una métrica general que nos muestra la proporción de predicciones correctas en relación con el total de predicciones. Aunque es útil, no siempre es suficiente cuando se trata de categorías desbalanceadas, como en nuestro caso, donde algunas categorías pueden estar más representadas que otras.	Su inclusión es vital porque nos brinda una visión global de qué tan bien se desempeña el modelo. Nos permite medir la proporción de predicciones correctas y, en casos donde las categorías estén balanceadas, es una referencia rápida de si el modelo está acertando en la mayoría de los casos.
F1-score	combina precisión y exhaustividad (recall) en una sola métrica, proporcionando un equilibrio cuando las categorías tienen diferentes tamaños.	Es particularmente importante porque nos da un equilibrio entre la precisión y el <i>recall</i> , especialmente útil cuando enfrentamos categorías con diferentes cantidades de datos o donde los errores tienen implicaciones graves.
Precisión	Nos muestra cuántas de las predicciones positivas del modelo son verdaderamente positivas, lo que es especialmente crítico en la categoría <i>Invasivo</i> , donde los falsos positivos pueden llevar a alarmas innecesarias.	Fue seleccionada porque queremos reducir los falsos positivos, especialmente en la categoría <i>Invasivo</i> . Diagnosticar erróneamente una condición invasiva puede tener consecuencias emocionales y clínicas no deseadas.
Recall	Indica cuántos de los verdaderos positivos fueron correctamente identificados, lo cual es vital en la categoría <i>Benigno</i> para minimizar el riesgo de falsos negativos.	Se escogió porque no podemos permitirnos pasar por alto casos relevantes, particularmente en la categoría <i>Benigno</i> , donde la falta de detección podría retrasar un tratamiento necesario

1.4.4.7. Imágenes Histológicas. Las imágenes histológicas son representaciones visuales de secciones o cortes de muestras biológicas que han sido preparadas cuidadosamente para su estudio

microscópico. Estas muestras son usualmente muy delgadas, con un grosor de aproximadamente 5 micrómetros (μm), y se colocan entre dos láminas de vidrio. La primera lámina, conocida como portaobjetos, es más gruesa y sirve como base; la segunda, llamada cubreobjetos, es mucho más fina y cubre la muestra.

Para preparar la muestra histológica, primero se deshidrata y se tiñe, lo que resalta los detalles celulares y tisulares que son de interés para el análisis. Una vez colocada entre el portaobjetos y el cubreobjetos, la muestra está lista para ser observada bajo un microscopio óptico. Este procedimiento es una rutina fundamental en las prácticas histológicas y es ampliamente utilizado tanto por estudiantes como por profesionales en el campo de la biología y la medicina (Hilario, 2007).

1.4.4.8 Normalización de Imágenes. La normalización de imágenes es un proceso esencial en el preprocesamiento de datos para aplicaciones de visión por computadora, especialmente en tareas como la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama mediante redes neuronales convolucionales (CNN). El objetivo principal de este proceso es estandarizar las imágenes para mejorar su calidad y consistencia, optimizando así su utilidad para el entrenamiento de modelos de inteligencia artificial.

En el ámbito de la histología, las imágenes pueden presentar una considerable variabilidad en términos de iluminación, contraste y coloración. Estas diferencias surgen debido a las diversas condiciones de adquisición y las técnicas de preparación empleadas. La normalización aborda esta variabilidad, ajustando las características de las imágenes para que sean más uniformes y comparables entre sí.

Técnicas Comunes de Normalización

- **Ajuste de Contraste y Brillo:** Esta técnica se utiliza para mejorar la visibilidad de las características críticas dentro de las imágenes. Al ajustar el contraste y el brillo, se facilita la detección automática de patrones por parte del modelo.
- **Normalización por Canales:** Se normalizan los valores de los píxeles en cada canal de color (como rojo, verde y azul) para que sigan una distribución estándar, generalmente centrada en

cero y con una desviación estándar de uno. Esto ayuda a que el modelo trate los datos de manera más uniforme.

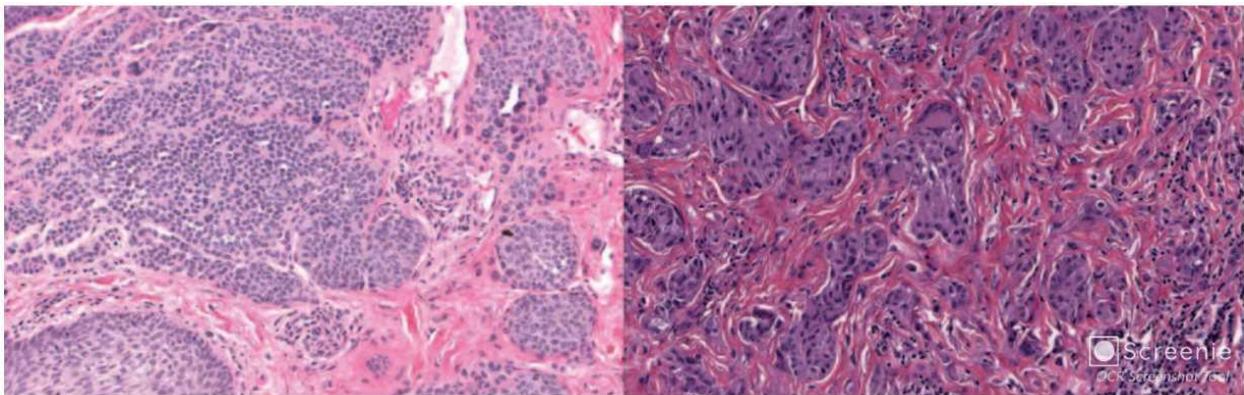
- **Ecualización del Histograma:** Esta técnica redistribuye los valores de intensidad de los píxeles en la imagen, haciendo que el histograma resultante sea más uniforme. Esto puede mejorar la claridad y resaltar detalles importantes en las imágenes.

Beneficios de la Normalización:

- **Mejora la Estabilidad y Convergencia del Modelo:** Al reducir la variabilidad no deseada, el modelo puede entrenarse de manera más eficiente y estable.
- **Mitigación de Variaciones Irrelevantes:** La normalización ayuda a minimizar el impacto de diferencias no significativas, como cambios en la iluminación, lo que permite al modelo concentrarse en las características realmente importantes.
- **Facilitación de la Extracción de Características:** Al estandarizar las imágenes, la red neuronal puede extraer características relevantes de manera más efectiva, lo que se traduce en una mayor precisión del modelo.

Figura 1

Ejemplo de dos láminas de histopatología de melanomas teñidas con hematoxilina y eosina.



En la figura 1 podemos observar dos imágenes histológicas, *ambas teñidas con hematoxilina y eosina, pero con apariencias drásticamente diferentes. Las imágenes fueron obtenidas escaneando las láminas a 20X usando un Aperio Scanscope. (Macenko et al., 2009).* la diferencia en la visualización de los componentes celulares es notable y fundamental para el diagnóstico

patológico. La hematoxilina tiñe los núcleos de las células de un color azul oscuro o morado, resaltando su forma y densidad, lo que permite identificar características anormales o malignas en la disposición nuclear, como la hiperchromasia o la pleomorfia, indicativas de cáncer. Por otro lado, la eosina tiñe el citoplasma y la matriz extracelular de un color rosado, lo que proporciona contraste y permite evaluar la arquitectura general del tejido, destacando el orden o desorden estructural. Esta diferenciación clara entre los núcleos y el citoplasma facilita la identificación de patrones celulares y tisulares, lo que resulta esencial para clasificar con precisión el tipo de tejido y su estado patológico, optimizando la interpretación en diagnósticos como el cáncer de mama.

1.4.4.9 Capa convolucional. La capa convolucional es el núcleo de una red neuronal convolucional (CNN), desempeñando un papel crucial al realizar la mayoría de los cálculos esenciales dentro de la red. Esta capa está compuesta por tres elementos fundamentales: los datos de entrada, un filtro, y un mapa de características resultante.

Cuando se toma una imagen en color como entrada, esta se representa como una matriz tridimensional de píxeles. Las dimensiones de esta matriz corresponden a la altura, la anchura y la profundidad, siendo esta última la encargada de representar los canales de color (rojo, verde y azul, o RGB). En este contexto, se introduce un filtro o kernel, que actúa como un detector de características. Este filtro se desplaza por los diferentes campos receptivos de la imagen, identificando patrones específicos, como bordes, texturas, o formas.

Este proceso se conoce como convolución y es la técnica que da nombre a la capa convolucional. Durante la convolución, el filtro extrae y resalta las características relevantes de la imagen, creando un mapa de características que es luego utilizado por la red para aprender y clasificar patrones complejos. La capacidad de esta capa para detectar y analizar características clave es fundamental para el éxito de las CNN en tareas como la clasificación de imágenes, el reconocimiento facial y la detección de objetos (Calvo, 2017).

1.4.4.10 Importancia de la Clasificación de Imágenes Histológicas en Oncología. Las imágenes histológicas, obtenidas a partir de biopsias o células bajo un microscopio, son fundamentales en la oncología moderna. Estas imágenes permiten a los patólogos examinar las características morfológicas de las células y tejidos, lo cual es esencial para varios aspectos críticos del manejo del cáncer:

- **Diagnóstico Preciso:** La observación detallada de las imágenes histológicas permite identificar la presencia de células cancerosas, determinar su tipo y grado, lo que es clave para un diagnóstico correcto y personalizado.
- **Planificación del Tratamiento:** Las características detectadas en las imágenes histológicas guían la elección del tratamiento más adecuado, ya sea cirugía, radioterapia o quimioterapia, optimizando así las probabilidades de éxito.

A pesar de la precisión que los patólogos humanos pueden alcanzar en la clasificación de estas imágenes, este es un proceso que requiere mucho tiempo y está sujeto a la fatiga y a la variabilidad entre observadores:

- **Consistencia y Reproducibilidad:** La clasificación automatizada mediante redes neuronales reduce la variabilidad humana, ofreciendo diagnósticos más consistentes y reproducibles.
- **Escalabilidad y Eficiencia:** Al automatizar el proceso de clasificación, se puede gestionar un volumen mucho mayor de casos que los que un patólogo humano podría manejar, reduciendo los tiempos de espera y permitiendo intervenciones más tempranas.

1.4.5 Marco Conceptual

Para la comprensión del proyecto, se debe tener claro los siguientes conceptos.

- **Cáncer de mama:** El cáncer de mama es una enfermedad en la que las células malignas crecen de manera descontrolada en el tejido mamario. Este crecimiento puede manifestarse en forma de bultos o tumores, y detectar la enfermedad a tiempo es fundamental para asegurar un tratamiento efectivo. El riesgo de desarrollar cáncer de mama aumenta con factores como los antecedentes familiares, la edad y el sexo. Las mamografías y las biopsias son los métodos de

diagnóstico más comunes. En cuanto al tratamiento, puede variar desde la cirugía y la radioterapia hasta la quimioterapia o la terapia dirigida, dependiendo del tipo y la etapa del cáncer. La prevención y la detección temprana son claves; por eso, es crucial mantenerse informado y realizarse controles periódicos. (Anat, 2013).

- **Histología mamaria:** La histología mamaria es el estudio microscópico del tejido de las mamas. Este examen detallado permite analizar la estructura y función de las células mamarias, lo que ayuda a identificar cambios o anomalías a nivel celular. En el contexto del cáncer de mama, la histología es esencial para determinar el tipo de tejido afectado, lo que guía las decisiones sobre el tratamiento. Este enfoque es crucial para un diagnóstico preciso, la clasificación de los tumores y la comprensión de la biología que influye en las estrategias terapéuticas. (Hassiotou & Geddes, 2013).
- **Anomalías histopatológicas:** Las anomalías histopatológicas son alteraciones en la estructura y composición de los tejidos, detectadas a través de la histopatología, que es la disciplina que estudia las enfermedades a nivel celular y tisular. En el caso de la mama, estas anomalías pueden manifestarse como cambios en la forma y organización de las células, así como en la estructura del tejido, incluyendo una proliferación celular descontrolada. Identificar estas anomalías es fundamental para diagnosticar enfermedades como el cáncer de mama, ya que brindan información clave sobre la naturaleza y gravedad de la enfermedad, lo que ayuda a guiar las decisiones clínicas y el tratamiento. (Hy Line, 2017).
- **Machine learning:** La inteligencia artificial es una disciplina científica que se enfoca en la creación de sistemas que aprenden de manera automática. Estos sistemas son capaces de identificar patrones complejos en los datos, lo que les permite hacer predicciones de manera eficiente. (González A, 2022).
- **Función de activación:** A la salida de una neurona, puede haber un filtro, una función limitadora o un umbral que modifica el valor resultante o establece un límite que debe superarse para continuar hacia otra neurona. Esta función se conoce como función de activación. Es una función que transmite la información generada por la combinación lineal

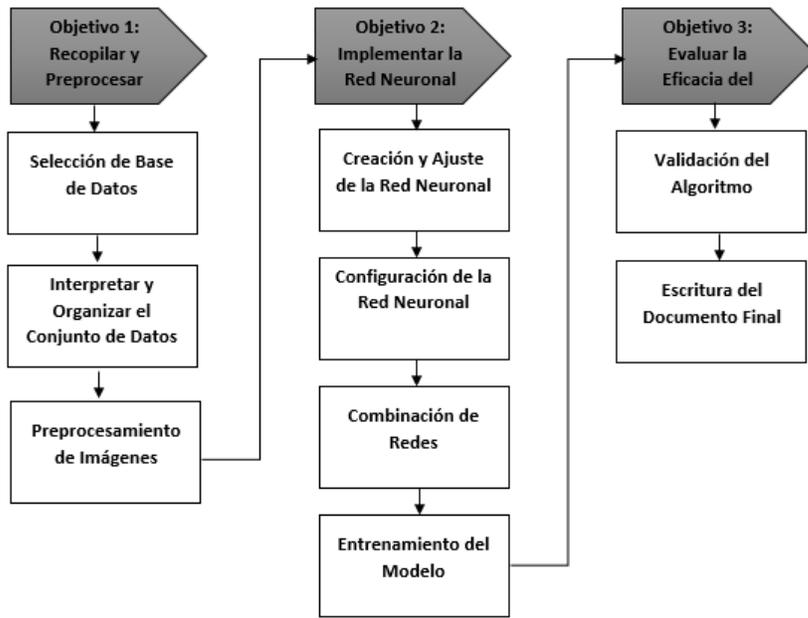
de los pesos y las entradas, actuando como el medio para que la información se transmita a través de las conexiones de salida. La información puede transmitirse sin cambios, mediante una función identidad, o bien no transmitirse en absoluto. Dado que el objetivo es que la red neuronal resuelva problemas cada vez más complejos, las funciones de activación generalmente introducen no linealidad en los modelos. (Tech, 2020).

- **Función kernel:** La función de kernel es una función matemática utilizada en las máquinas de soporte vectorial. Esta función permite transformar un problema de clasificación no lineal en el espacio dimensional original en un problema de clasificación lineal más sencillo en un espacio dimensional mayor.
- **Procesamiento de imágenes:** El procesamiento de imágenes consiste en aplicar técnicas para manipular y analizar imágenes con el fin de extraer información relevante. Esto incluye mejorar la calidad de la imagen, reconocer patrones y objetos, y tomar decisiones basadas en la información visual. En este campo, se utilizan algoritmos y herramientas para realizar operaciones como el filtrado, la segmentación y la extracción de características. (Taquiá, 2017).

1.5 Metodología

Figura 2

Diagrama metodológico



1.5.1 Tipo de investigación

Investigación cuantitativa cuasi experimental.

1.5.2 Línea y sublínea de la investigación

Diseño y Desarrollo Mecatronico en la sub línea de Sistemas Inteligentes.

1.5.3 Hipótesis de investigación

H0: La implementación de una arquitectura de red neuronal para clasificar imágenes histológicas de cáncer de mama en cuatro categorías: tejido normal, lesión benigna, carcinoma in situ y carcinoma invasivo identificará con precisión los patrones y las características distintivas de cada tipo de tejido.

H1: La implementación de una arquitectura de red neuronal, para la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama, que integra información de diferentes niveles de estructura,

facilitara la identificación precisa de patrones y características distintivas de ciertas anomalías, contribuyendo a la automatización del proceso de diagnóstico en imágenes histológicas.

HY: La implementación de una arquitectura de redes neuronales en el sector sanitario, especialmente en la interpretación de imágenes médicas como rayos X, biopsias y resonancias magnéticas, permitirá identificar patrones de enfermedades con mayor precisión. Esto aumentará la eficacia del diagnóstico y tratamiento médico, además de facilitar la detección temprana de diversas enfermedades.

HX: El estudio de la clasificación de las imágenes histológicas del cáncer de mama en categorías puede conducir al desarrollo de herramientas de diagnóstico asistido por computadora que aumenten la precisión del diagnóstico y la velocidad del proceso. Esto puede tener un impacto positivo en la detección temprana y el tratamiento del cáncer de mama, mejorando así los resultados clínicos de los pacientes.

1.5.4 Descripción de la metodología

A continuación, se describe el diseño metodológico que se ha empleado en el proyecto para el correcto desarrollo de los objetivos planteados en el documento.

1.5.4.1 Objetivo 1. Recopilar un conjunto de datos representativo de imágenes histológicas de cáncer de mama y realizar el preprocesamiento de estas. El objetivo de esta fase consiste en seleccionar conjuntos de datos que proporcionen imágenes histológicas de pacientes diagnosticados con cáncer de mama. Dichas imágenes deben exhibir la capacidad de discernir diversas anomalías en los tejidos, las cuales han sido evaluadas y categorizadas por especialistas en la materia de cáncer de mama. Es crucial que las imágenes estén debidamente etiquetadas por profesionales expertos en la materia, garantizando así la autenticidad y precisión de la información proporcionada.

Fase 1.1 Selección de base de datos; esta fase permite contar con datos confiables y previamente etiquetados, donde se obtiene imágenes histológicas de biopsia de mama teñidas con hematoxilina y eosina.

Fase 1.2 Interpretar y organizar el conjunto de datos; dependiendo de la previa etiqueta, se organizará por carpetas las imágenes con tejido normal, lesiones benignas, carcinoma in situ y carcinoma invasivo.

Fase 1.3 Preprocesamiento de imágenes; en esta etapa se normalizar el tamaño y resolución de las imágenes para garantizar la consistencia en la entrada del modelo.

1.5.4.2 Objetivo 2. Implementar una arquitectura de red neuronal adaptada a la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama.

- Fase 2.1 Implementación de una red neuronal; En esta fase, se comienza creando una red neuronal desde cero mediante la adición de capas personalizadas. Posteriormente, se identifica una arquitectura preexistente adecuada para la tarea de clasificación de imágenes, en este caso, una ResNet50.
- Fase 2.2 Configurar la red neuronal; se definirá capas, funciones de activación y parámetros específicos para la clasificación de imágenes de esta naturaleza.
- Fase 2.3 Se combinan ambas redes para mejorar la capacidad de la red en la tarea de clasificar imágenes, ajustándose a la complejidad del problema.
- Fase 2.4 Entrenamiento de la red neuronal; tomando los datos siniestrados por las imágenes de la base de datos se entrena el algoritmo de aprendizaje y se producen resultados.

1.5.4.3. Objetivo 3. Evaluar la eficacia del modelo mediante métricas de rendimiento. Para la última etapa lo que se busca es validar el desempeño del algoritmo entrenado mediante la obtención de sus métricas estadísticas.

- Fase 3.1 Validación del algoritmo; algoritmo; para esta fase se procede a evaluar el algoritmo con métricas como su precisión, pérdida, recall y F1-score las cuales permiten visualizar el desempeño del algoritmo.
- Fase 3.2 Escritura del documento final: durante el desarrollo del proyecto investigativo se irá redactando los resultados a través del documento final del proyecto de grado.

2. Presentación de resultados

2.1. Análisis e interpretación de resultados

2.1.1. Análisis del primer objetivo

2.1.1.1. Selección de base de datos. Este estudio se centró en realizar un análisis de una base de datos representativa de imágenes histológicas de cáncer de mama. Con este fin, se llevó a cabo un estudio detallado para identificar una base de datos adecuada y diversa que contenga imágenes representativas de diversos tipos de enfermedades y afecciones. Luego se evaluó la calidad de las imágenes en función de la resolución, la claridad de las estructuras celulares, el contraste y la consistencia de la tinción histológica. Además, se identifican características clave de las imágenes, como la presencia de células tumorales y la arquitectura del tejido, que son fundamentales para el diagnóstico del cáncer de mama.

Se seleccionó una base de datos de imágenes histológicas teñidas con H&E, clasificadas previamente por especialistas en cuatro categorías: tejido normal, tejido benigno, carcinoma in situ y carcinoma invasivo. Cada categoría contiene 50 imágenes en formato .tiff, un formato que conserva de manera óptima la información visual crucial para el análisis. De estas imágenes, 30 se utilizaron para entrenar nuestra red neuronal, mientras que los 20 restantes se reservaron para pruebas y validación del modelo. Además, contamos con una base de datos complementaria que incluye imágenes panorámicas SVS de 10 pacientes, lo que nos permite realizar un análisis más amplio y robusto en el diagnóstico del cáncer de mama. (Araújo et al., 2017).

Tabla 5

Estudio detallado de bases de datos

Criterio	Estudio 1	Estudio 2	Estudio 3
Nombre	BACH - Breast Cancer Histology Dataset	BreakHis - Breast Cancer Histopathological Database	TCGA
Disponibilidad pública	Si	Si	si
Tamaño del conjunto	400 imágenes	7909 imágenes	Miles de imágenes
Tipo de imágenes	Imágenes histológicas de biopsias de mama (tinción H&E)	Imágenes histológicas de cáncer de mama, tanto benignas como malignas	Imágenes histológicas y datos clínicos de diferentes tipos de cáncer, incluyendo mama.
Formato Archivo	TIFF	PNG	TIFF
Diversidad de clases	Alta (4 clases normal, benigno, carcinoma in situ, carcinoma invasivo)	Baja (2 clases benigno, maligno)	Muy alta (Divisas clases según el tipo de estudio y tipo de cáncer)
ventaja	Permite clasificación multicategoría y su formato es de alta calidad.	Gran cantidad de imágenes (7,909) con distintas ampliaciones y formato fácil de usar.	Alta calidad de imagen en formato tiff e imágenes detalladas con anotaciones clínicas.
desventaja	Conjunto de datos pequeño (400 imágenes) y menor calidad de imagen.	Solo permite clasificación binaria y la calidad de imagen es limitada en formato PNG.	Archivos grandes, requiere mayor capacidad de procesamiento y almacenamiento, por lo tanto más difícil de manejar.

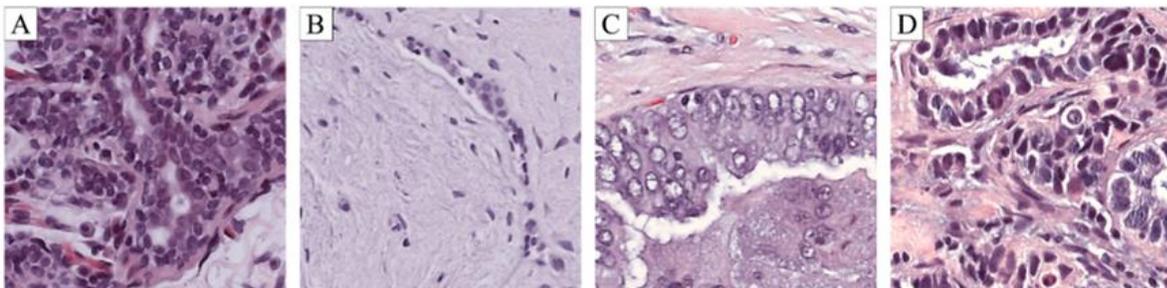
En la tabla 5 se observa una comparativa entre 3 base de datos distintas que estaban a disponibilidad pública, la base de datos seleccionada fue BACH para el proyecto debido a que ofrece una clasificación más detallada y completa, ya que contiene las cuatro categorías principales de tejido relevantes en el diagnóstico del cáncer de mama: normal, benigno, carcinoma in situ y carcinoma invasivo.

La elección de BACH es óptima en comparación con otras bases de datos, ya que permite un balance entre diversidad de categorías, alta calidad de imagen en formato TIFF y compatibilidad pública, lo que facilita el desarrollo de un sistema más preciso y efectivo para la detección del cáncer de mama. Además, el formato TIFF asegura una mejor captura de detalles, superando la limitación de formatos más comprimidos como PNG, que pueden perder información importante en el análisis histológico.

Los estudios previos que han utilizado la base de datos BACH han demostrado el potencial del aprendizaje profundo para la clasificación automática de imágenes histológicas de cáncer de mama, destacando la capacidad de las redes neuronales convolucionales (CNN) para identificar con precisión las cuatro categorías clave: tejido normal, lesiones benignas, carcinoma in situ y carcinoma invasivo. Investigaciones como las de “A robust deep learning approach for automatic histological image classification” y “Breast Cancer Histopathology Image Classification using CNN” han validado que el uso de esta base de datos permite a los modelos aprender patrones complejos en las imágenes, mejorando significativamente la precisión del diagnóstico automatizado. Estos trabajos no solo destacan la utilidad de BACH por su clasificación detallada y rica en información clínica, sino que también confirman que es una base sólida para el desarrollo de herramientas de diagnóstico asistido por ordenador (CAD), lo que la convierte en una excelente opción para proyectos que buscan mejorar la detección temprana del cáncer de mama a través de técnicas avanzadas de inteligencia artificial.

Figura 3

A tejido normal; B anomalía benigna; C carcinoma in situ; D carcinoma maligno invasivo.



- Tejido Normal: Este tejido tiene una estructura bien organizada y células que se ven como deberían, sin signos de crecimiento anormal.

- **Tejido Benigno:** Aunque muestra un crecimiento extra de células, estas siguen siendo no cancerosas. La estructura del tejido sigue siendo relativamente normal, aunque puede verse más densa o con pequeños cambios, pero no invade otros tejidos.
- **Carcinoma In Situ:** Aquí las células ya presentan características cancerosas o anormales, pero se encuentran confinadas dentro de un área específica, como un ducto o lobulillo, sin haber invadido el tejido circundante.
- **Carcinoma Invasivo:** En este caso, las células cancerosas han comenzado a invadir los tejidos cercanos, rompiendo la barrera natural que normalmente las mantendría contenidas. Las estructuras son desorganizadas y las células muestran claramente signos de cáncer avanzado.

2.1.1.2. Interpretación y organización del conjunto de datos. Para mejorar el orden de esta base de datos se la almaceno por categorías en una nube drive para su uso posterior.

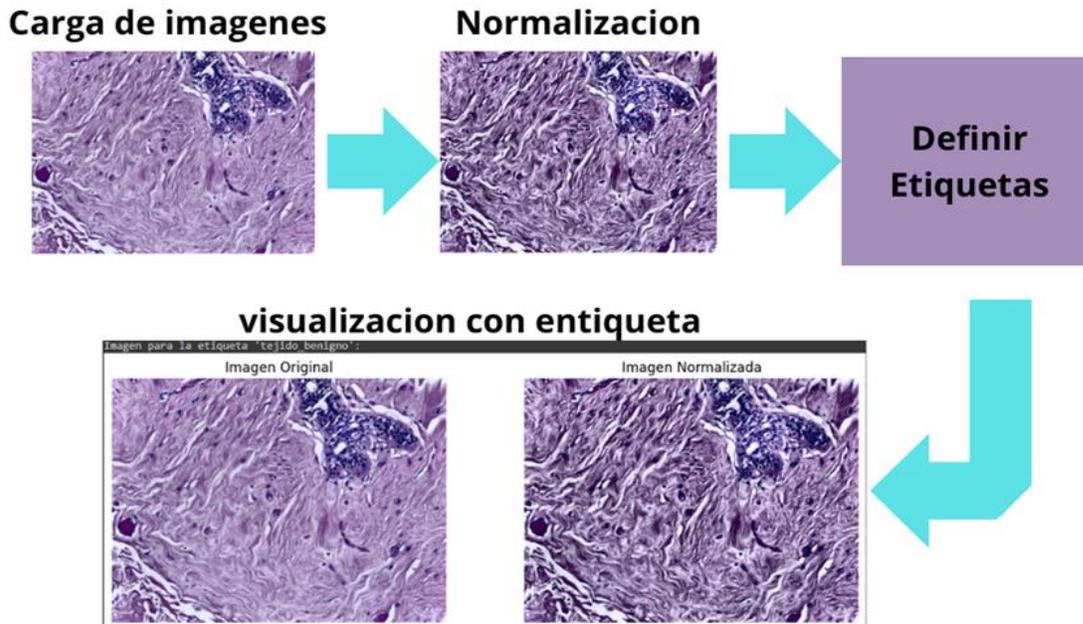
Para su uso trabajamos en el entorno de Google Colab que es una plataforma en línea que permite ejecutar y desarrollar código en Python directamente en un navegador. Ofrece un entorno basado en Jupyter Notebooks, lo que facilita la ejecución de bloques de código, la visualización de datos y la escritura de notas o explicaciones en un mismo documento. Para el desarrollo de este proyecto, el primer paso fue el uso de la base datos con el entorno, por lo cual se usaron las librerías “!apt-get install openslide-tools” y “!pip install openslide-python” ya que nos facilitan trabajar con imágenes histológicas en tanto su lectura y procesamiento.

Estas líneas de código instalan las herramientas necesarias para trabajar con imágenes en Google Colab, que pueden resultar útiles en aplicaciones médicas, investigaciones científicas o proyectos de visión por computadora que requieren análisis de imágenes de alta resolución.

2.1.1.3 Preprocesamiento de datos.

Figura 4

Diagrama de bloques de preprocesamiento



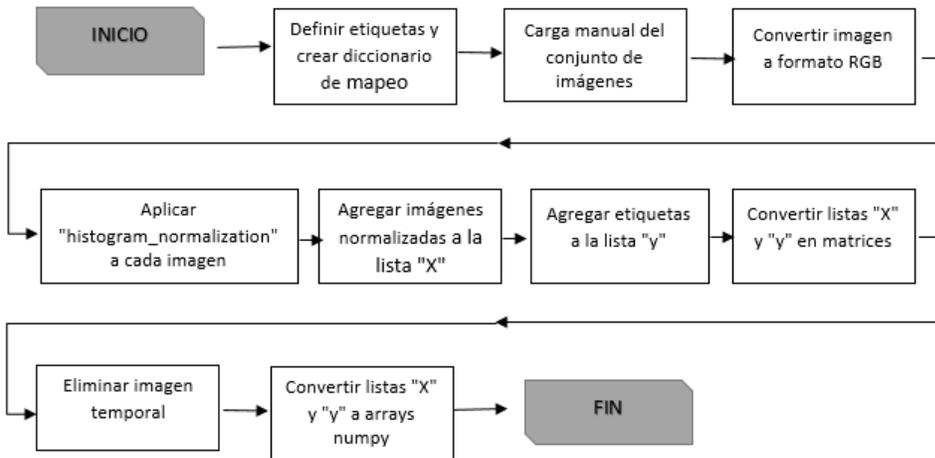
En la figura 3 se observa un diagrama del preprocesamiento de las imágenes histológicas como primer paso para optimizar su calidad y uniformidad antes de su uso en la red neuronal, este proceso incluye ajustes de brillo y contraste, normalización del color, eliminación de artefactos, segmentación de regiones de interés y mejora de la resolución, para esto se usaron métodos como:

- Función de “`histogram_normalization`”: Esta función normaliza el histograma de una imagen en el espacio colorimétrico LAB (Luminancia, Verde y Rojo, Azul y Amarillo), La normalización del histograma ayuda a mejorar el contraste y la calidad de la imagen, lo que puede resultar útil para la detección de características en aplicaciones de visión por computadora, como la clasificación de las imágenes histológicas. La función utiliza el método CLAHE (ecualización de histograma adaptativo limitado y mejorado por contraste) para mejorar la distribución de la luminancia en la imagen.
- Definición de etiquetas: Se definen las etiquetas para las diferentes clases de tejido mamario: `tejido_normal`, `tejido_benigno`, `in_situ`, `carcinoma_invasivo`.

- Asignación de etiquetas a índices: Se crea un diccionario “label_to_index” para asignar etiquetas a índices numéricos.

Figura 5

Diagrama de procesamiento.



En la figura 4 se observa el proceso que comienza con la creación de etiquetas que representan distintos tipos de tejido mamario, asignando un valor numérico a cada una para facilitar su identificación. A continuación, se cargan manualmente las imágenes correspondientes a cada categoría, una a una. Cada imagen es cuidadosamente convertida al formato RGB para garantizar una correcta visualización de los colores. Luego, se aplica una técnica de normalización del histograma mediante la función "histogram_normalization", que realza la calidad de la imagen al ajustar su luminosidad y contraste, revelando detalles que de otro modo podrían pasar desapercibidos. Las imágenes procesadas se almacenan en una lista "X", mientras que sus etiquetas se guardan en una lista "y". Finalmente, estas listas se convierten en arrays de numpy, preparándolas para ser utilizadas en futuros modelos de aprendizaje automático, asegurando así una clasificación más precisa y eficiente.

La normalización de imágenes es un elemento crucial en nuestro enfoque para mejorar la precisión en el análisis de imágenes histológicas de cáncer de mama. Aplicando el método CLAHE en el espacio colorimétrico LAB, ajustamos la luminancia y realzamos el contraste de las imágenes, lo que estabiliza las características visuales críticas para la red neuronal convolucional. Este

proceso no solo reduce la variabilidad en la iluminación y coloración de las imágenes, sino que también garantiza que la CNN extraiga características más precisas y relevantes asociadas con el cáncer de mama e indentifique patrones relevantes con mayor exactitud. Al hacerlo, optimizamos la capacidad del modelo para generalizar en datos nuevos, lo que se traduce en diagnósticos más fiables y clínicamente significativos. En esencia, la normalización de imágenes es más que un simple ajuste técnico; es un paso fundamental que refuerza la robustez del modelo y potencia su capacidad para ofrecer resultados precisos en la clasificación automatizada del cáncer de mama, lo que impacta directamente en la calidad del diagnóstico y el cuidado de los pacientes. (Macenko et al., 2009).

2.1.2. Análisis del segundo objetivo

2.1.2.1. Diseño de una red neuronal.

Tabla 6

Matriz de diseño de la red neuronal

Etapa	Paso	Descripción
Construcción del modelo	Selección de la arquitectura	Se elige la arquitectura adecuada para la red neuronal como convolucional (CNN), recurrente (RNN), siamesa o generativa adversaria.
	Definición de capas	Se definen las capas de convolución, activación y agrupación conectadas a la red.
	Compilación del modelo	Se utiliza una función de pérdida un optimizador para compilar el modelo a su entrenamiento.
Entrenamiento	Entrenamiento del modelo	Se entrena el modelo usando el conjunto de datos de entrenamiento y se ajustan los pesos de la red.
	Validación del modelo	Se evalúa el rendimiento con el conjunto de datos de validación para ajustar hiperparámetros.

Una vez comprendida nuestra etapa de diseño se procedió a decidir que arquitectura de red neuronal utilizar.

Tabla 7

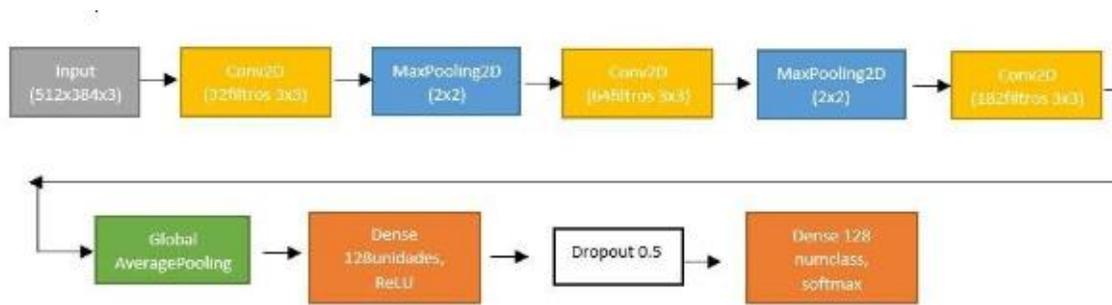
Matriz de redes neuronales útiles para clasificación de imágenes.

Red Neuronal	Descripción	Ejemplos
Red neuronal convolucional (CNN)	diseñada para procesar datos de imágenes utilizando capas convolucionales para detectar características en diferentes regiones de la imagen. Son muy eficaces para la clasificación de imágenes por su capacidad de aprender características jerárquicas.	VGG, ResNet, Inception, MobileNet
Red neuronal recurrente (RNN)	Adecuado para procesar flujos de datos como mensajes de texto o series temporales. Puede resultar útil para tareas como la creación de descripciones de imágenes o la detección de objetos en secuencias de vídeo.	LSTM, GRU
Red neuronal siamesa	Se utiliza para comparar la similitud entre dos imágenes. Esto es útil en aplicaciones donde es necesario comparar imágenes, como verificación de identidad o búsqueda de imágenes similares.	Siamese Network

Debido a nuestro problema, se diseñó una red neuronal para detectar patrones en biopsias de cáncer de mama (imágenes), la mejor opción es utilizar redes neuronales convolucionales (CNN), que son efectivas para extraer las características relevantes de las imágenes a diferencia de la RNN que se le dificulta capturar patrones por pérdidas de información, la red neuronal siamesa se enfoca más en la comparación de patrones de imágenes similares.

2.1.2.2. Configuración y entrenamiento de la red neuronal.

2.1.2.2.1. Diseños preliminares. Después de eso, se creó la estructura CNN, incluida la cantidad de capas convolucionales, el tamaño de los filtros, la cantidad de neuronas en capas densas, funciones de activación y capas de regularización como Dropout para evitar el sobreajuste. Se realizaron dos diseños preliminares antes de la versión optimizada:

Figura 6*Diseño preliminar 1 de la red neuronal.*

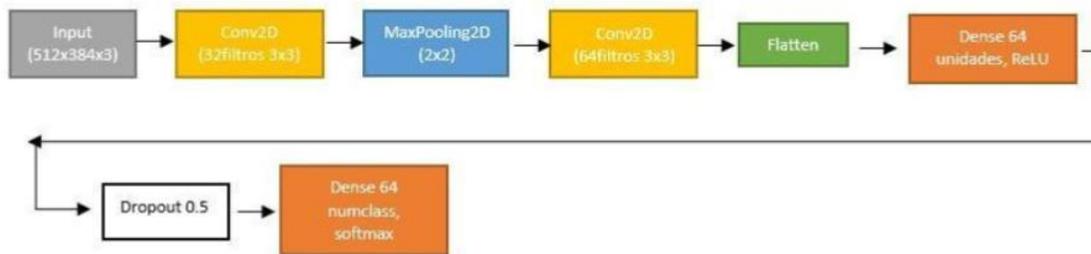
En la figura 5, se muestra el diseño preliminar 1, un modelo inicia con capas convolucionales que aplican filtros de diferentes tamaños (32, 64 y 128) usando activación ReLU, lo que permite extraer características clave de las imágenes. Posteriormente, las capas de MaxPooling2D reducen la dimensionalidad de manera efectiva, conservando la información esencial. Se añade una capa de GlobalAveragePooling2D para promediar las activaciones y simplificar la estructura del modelo, seguido de una capa densa de 128 unidades con activación ReLU para introducir no linealidad. Además, se incorpora Dropout al 50% para prevenir el sobreajuste, aunque este ajuste puede ralentizar el proceso de entrenamiento y requerir más iteraciones para la convergencia, especialmente con conjuntos de datos limitados. Finalmente, la capa de salida usa softmax para la clasificación, mientras que el modelo se compila con el optimizador Adam y la pérdida de entropía cruzada categórica, buscando un equilibrio entre generalización y precisión. Aunque esta arquitectura puede limitar la capacidad de aprendizaje profundo del modelo, es adecuada para datasets pequeños donde el objetivo es evitar el sobreajuste.

En contextos donde el conjunto de datos es pequeño, la aplicación de Dropout en la capa de salida puede servir como una forma adicional de regularización. Esto puede ayudar a evitar que el modelo ajuste demasiado las predicciones finales a las peculiaridades del conjunto de entrenamiento, promoviendo una mejor generalización en datos no vistos, además puede ayudar a reducir la confianza excesiva del modelo en las predicciones finales. Esto puede ser útil para evaluar cómo el modelo se comporta en presencia de incertidumbre, lo que puede ser relevante para analizar la robustez del modelo ante posibles variaciones en los datos.

Adam desarrolla paquetes de entrenamiento individuales para cada parámetro del modelo, lo que permite un entrenamiento más rápido y estable para calcular el primer y segundo promedio móvil en orden de gradientes de parámetros. Incluye también un sesgo de corrección para mejorar tu robustez y confiabilidad; es adecuado para problemas de clasificación de imágenes múltiples.

Figura 7

Diseño preliminar 2 de la red neuronal.



En la figura 7 se muestra un diseño preliminar 2 en este diseño utiliza capas convolucionales (Conv2D) y de reducción de dimensionalidad (MaxPooling2D) similares al diseño 1. Comienza con una capa Conv2D de 32 filtros seguida de MaxPooling para reducir la dimensionalidad, luego otra capa Conv2D de 64 filtros con MaxPooling para mayor invariancia. Una capa Flatten convierte los datos en un vector unidimensional para las capas densas. Se incluye una capa densa con 32 neuronas y activación ReLU para aprender relaciones no lineales, seguida de una capa Dropout al 50% para evitar el sobreajuste. La capa de salida utiliza softmax para la clasificación, y el modelo se compila con entropía cruzada categórica, optimizador Adam y métrica de precisión.

2.1.2.2.2. Diseños finales. En cada iteración, los datos de entrada pasan a través de las capas de la red, desde la entrada hasta la capa de salida. Las capas convolucionales extraen características, las capas MaxPooling reducen la dimensionalidad, y las capas densas procesan las características aplanadas para producir la salida final.

Después de calcular la pérdida, el modelo ajusta sus pesos para minimizar esta pérdida utilizando el optimizador Adam. Este proceso se repite en cada iteración o época, con el objetivo de mejorar la precisión del modelo. Durante el entrenamiento, el modelo se valida periódicamente

utilizando el conjunto de prueba. Esto permite monitorear el rendimiento del modelo en datos no vistos y ajustar parámetros como la tasa de aprendizaje y el número de épocas.

Figura 8

Diseño final base de la red neuronal



En la figura 8 se muestra el diseño final base, este modelo combina la arquitectura avanzada ResNet50 que proviene de "Residual Network," y el "50" indica que la red tiene 50 capas. ResNet50 es ampliamente utilizada en tareas de clasificación de imágenes y ha sido una de las arquitecturas más influyentes en el campo de la visión por computadora con capas personalizadas para abordar la clasificación de imágenes. Primero, dividimos las imágenes en dos grupos: el 80% se utiliza para entrenar el modelo y el 20% restante se reserva para probar su rendimiento. Para gestionar las etiquetas durante el entrenamiento, las convertimos al formato "one-hot" el cual es un formato donde cada etiqueta se representa como un vector binario en el que solo una posición está activada (con valor 1) y todas las demás posiciones están desactivadas (con valor 0). Esto facilita que el modelo identifique y clasifique correctamente las categorías durante el proceso de aprendizaje.

La arquitectura del modelo comienza con la red preentrenada ResNet50, que se utiliza para extraer características avanzadas de las imágenes. Para evitar modificar las características ya aprendidas por ResNet50, sus capas se congelan, es decir, no se actualizan durante el entrenamiento. Después de la salida de ResNet, se añade una capa de GlobalAveragePooling2D, que reduce la salida a un vector simple, facilitando el manejo en las capas siguientes. Luego, se introduce una capa densa con 64 neuronas y activación ReLU, diseñada para aprender características específicas relacionadas con el problema en cuestión. Para evitar el sobreajuste, se emplea una capa de Dropout que apaga aleatoriamente el 30% de las neuronas durante el

entrenamiento. Finalmente, una capa de salida con activación softmax genera la probabilidad de pertenencia a cada una de las clases.

El Dropout se ha ajustado al 30% en la capa de salida para equilibrar la regularización sin comprometer la capacidad de predicción del modelo. Anteriormente, con un Dropout del 50%, se elimina demasiada información durante el entrenamiento, lo que ralentizaba el proceso y dificulta la convergencia del modelo. Reducir el Dropout al 30% permite mantener una cantidad adecuada de información en la etapa final, mejorando así la estabilidad del modelo y facilitando una clasificación más precisa, mientras se sigue evitando el sobreajuste de manera efectiva.

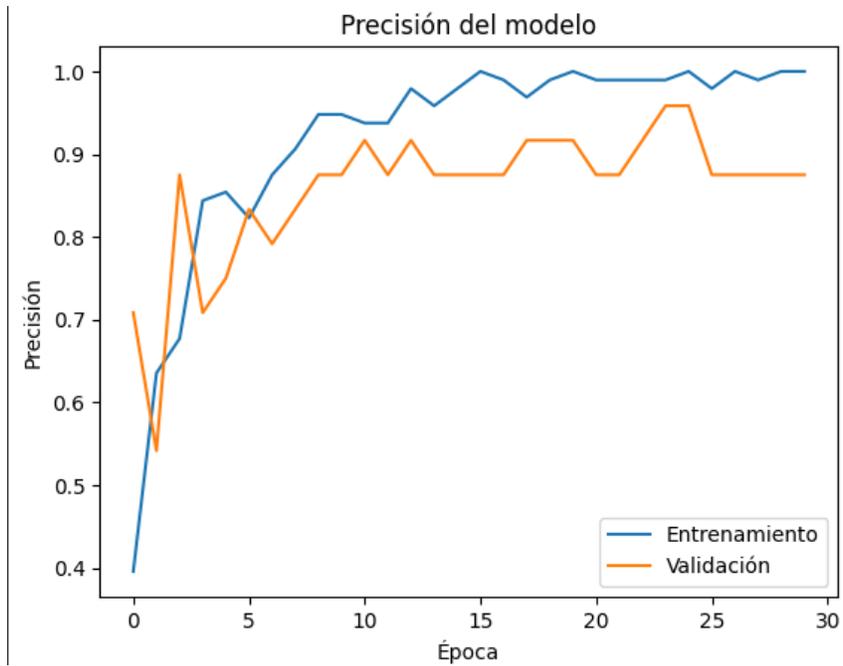
El entrenamiento del modelo se lleva a cabo durante 30 épocas, utilizando un tamaño de lote de 32 imágenes a la vez. Durante este proceso, se emplea la función de pérdida de entropía cruzada categórica para ajustar los pesos del modelo, mientras que el optimizador Adam se encarga de realizar estos ajustes. La precisión del modelo se utiliza como métrica principal para evaluar su rendimiento, asegurando que el modelo sea capaz de clasificar las imágenes con la mayor exactitud posible.

La pérdida de entropía cruzada compara las predicciones del modelo con las respuestas correctas, penalizando más las predicciones incorrectas. Durante el entrenamiento, el modelo ajusta sus pesos para minimizar esta pérdida, lo que mejora su precisión. La validación cruzada divide el conjunto de datos en varias partes. El modelo se entrena en una porción y se prueba en otra para verificar su capacidad de generalización. Este proceso se repite varias veces, garantizando que el modelo funcione bien con datos que no ha visto antes, evitando que aprenda solo los patrones específicos de los datos de entrenamiento.

Para el entrenamiento de esta red neuronal se estableció un límite de épocas (epochs) debido a que se sufría de un error debido a el formato de las imágenes, ya que los archivos “.tiff” tenían un alto coste computacional por lo cual se tomó la idea de convertir toda la base de datos en archivos PNG debido a que la pérdida de información es mínima y conservan las características esenciales.

Figura 9

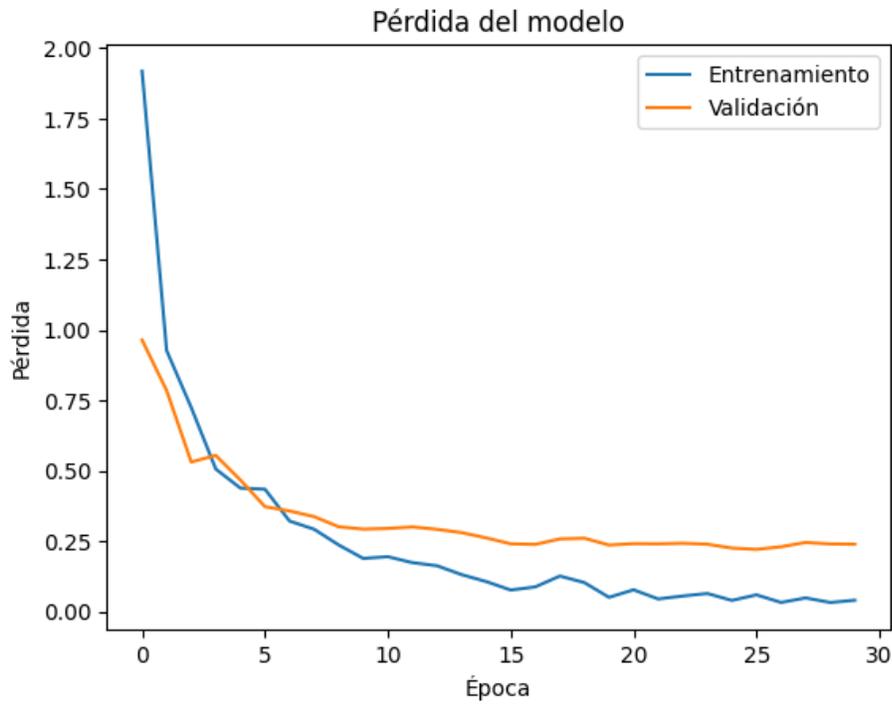
Resultados de entrenamiento precisión del diseño base



En la figura 9 se puede observar una gráfica en que la red neuronal en las 30 épocas, la precisión mostró un notable aumento. Comenzando con una precisión del 39.58% en la primera época, el modelo experimentó una mejora constante a lo largo del entrenamiento. Aunque hubo algunas fluctuaciones menores, la precisión se mantuvo alta, alrededor del 87.50% al final de la última época, teniendo un buen desempeño, pero se puede mejorar.

Figura 10

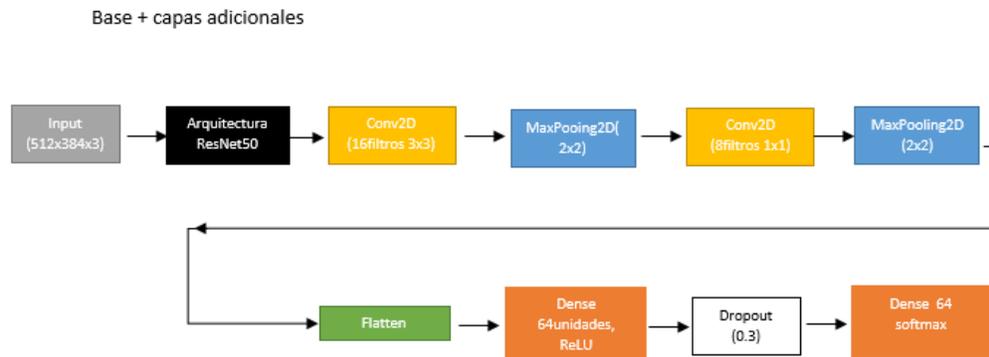
Resultados de entrenamiento perdida del diseño base.



En la figura 10 se observa una gráfica en cuanto a la pérdida, se observó una disminución constante durante el entrenamiento. Iniciando con una pérdida de 1.9184 en la primera época, el modelo mostró una reducción continua en los valores de pérdida. La pérdida descendió de manera notable, llegando a 0.0407 en la última época. Aunque hubo algunas oscilaciones menores en las épocas intermedias, la tendencia general fue a la baja. La disminución constante en la pérdida refleja una mejora en la capacidad del modelo para reducir el error en sus predicciones

Figura 11

Diseño final optimizado con capas adicionales de la red neuronal.

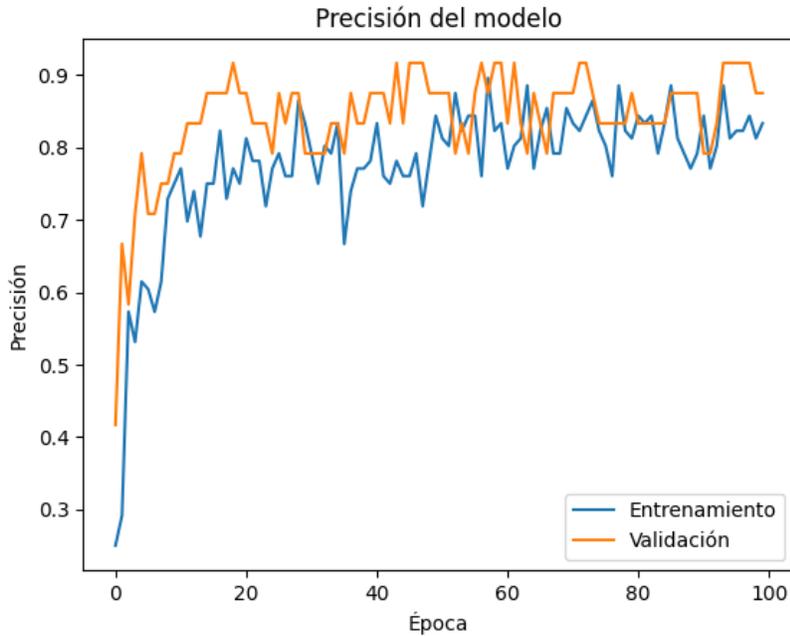


En la figura 11 se observa el diseño final optimizado de la red neuronal este código implementa una red neuronal convolucional que se basa en la arquitectura preentrenada ResNet50, conocida por su eficacia en tareas de clasificación de imágenes. En lugar de utilizar el modelo completo, se carga ResNet50 sin las capas de salida originales usando (`include_top=False`), permitiendo que se añadan capas adicionales específicas para el problema a resolver.

A partir de la salida de ResNet50, se añade una nueva capa convolucional con 64 filtros y una función de activación ReLU, seguida de una capa de max pooling para reducir la dimensionalidad espacial de las características. Luego, se introduce otra capa convolucional con 32 filtros de tamaño 1x1, lo que permite ajustar la dimensionalidad de las características sin cambiar la resolución de las imágenes. Esta es seguida por una capa de max pooling, que utiliza un tamaño de 1x1, luego se emplea una capa de Global Average Pooling, que convierte las características de la última capa convolucional en un vector de características de tamaño fijo, agregando las dimensiones espaciales. Este vector se pasa a una capa densa con 8 unidades y activación ReLU, seguida de una capa de dropout c del 30% para evitar el sobreajuste durante el entrenamiento. on una tasa

Figura 12

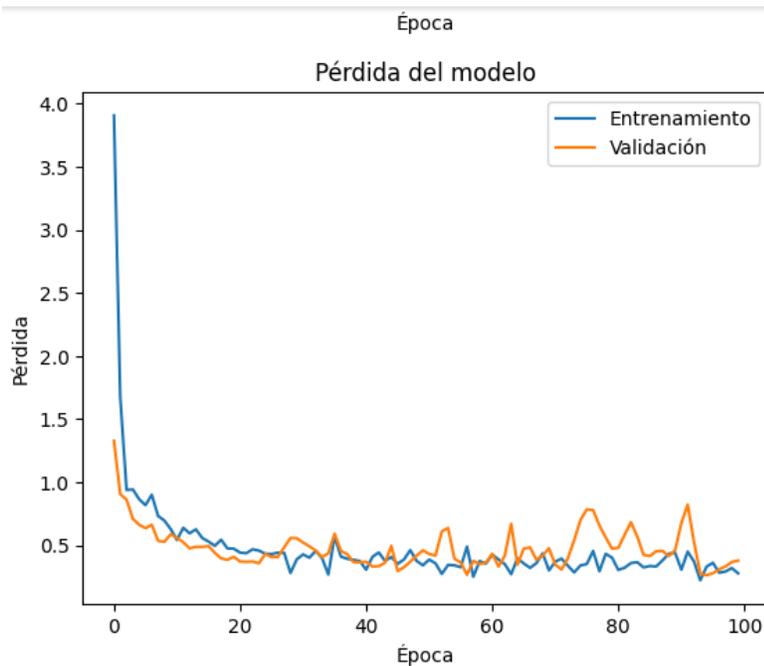
Resultados de entrenamiento y precisión del diseño base con capas adicionales y 100 épocas.



En la figura 12 se observa una gráfica que durante el entrenamiento de la red neuronal, la precisión mostró una mejora progresiva y consistente a lo largo de las 100 épocas. Al inicio, la precisión era de aproximadamente 70.0%, lo que indicaba que el modelo estaba realizando una cantidad significativa de errores en la clasificación. Sin embargo, a medida que el entrenamiento avanzaba, la precisión aumentó de manera gradual, alcanzando un valor de aproximadamente 89.0% al final de la época 100. Este incremento en la precisión demuestra que el modelo está aprendiendo de manera efectiva y ajustándose a los datos

Figura 13

Resultados de entrenamiento pérdida del diseño base con capas adicionales y 100 épocas.



En la figura 13 se observa una gráfica de la pérdida durante el entrenamiento de la red neuronal presentó una disminución constante a lo largo de las 100 épocas. Al inicio, la pérdida era de aproximadamente 0.72, indicando un nivel considerable de error entre las predicciones del modelo y los valores reales. Con el avance del entrenamiento, la pérdida se redujo progresivamente, alcanzando alrededor de 0.45 al final de la época 100. Este descenso en la pérdida refleja una mejora en la capacidad del modelo para ajustar sus predicciones a los datos reales. Sin embargo, en las últimas épocas, la tasa de reducción de la pérdida se estabilizó, lo que podría indicar que el modelo está cerca de su capacidad de ajuste óptimo.

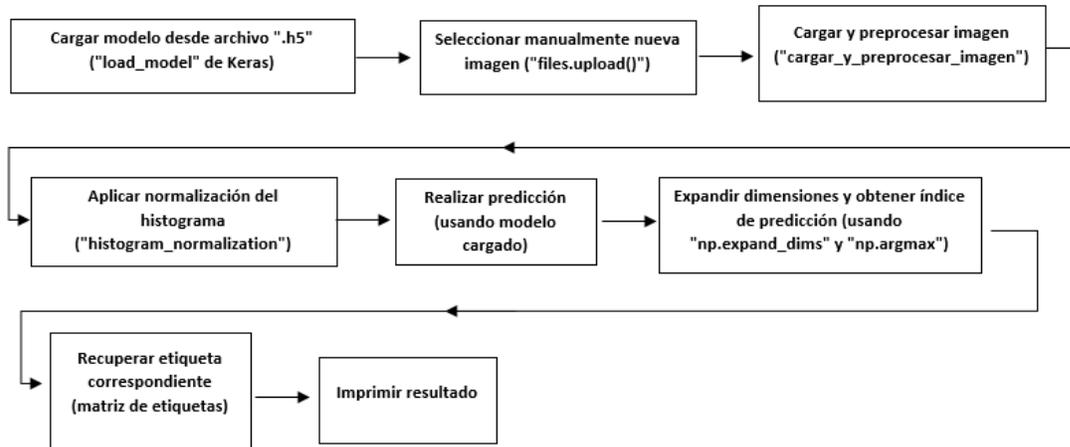
2.1.3. Análisis del tercer objetivo

2.1.3.1. Análisis de resultados. Se utilizó una métrica clave de exactitud (accuracy) para evaluar el rendimiento de los modelos de arquitectura neuronal.

Para la validación del algoritmo se realiza una carga del modelo entrenando especificando una ruta la cual es “cáncer_mama.h5” y se establecen las funciones de normalización y de carga y pre procesamiento.

Figura 14

Diagrama de carga de modelo entrenado.



El proceso comienza cargando un modelo previamente entrenado desde un archivo ".h5" usando Keras, lo que permite al sistema utilizar toda la información necesaria para realizar predicciones. Luego, se selecciona y carga manualmente una nueva imagen. Esta imagen se convierte en una matriz de píxeles y se ajusta mediante la normalización del histograma para que su formato sea similar al de las imágenes con las que el modelo fue entrenado. Después, el modelo analiza la imagen, predice la categoría a la que pertenece, y finalmente se muestra la etiqueta correspondiente al usuario. Este flujo asegura que el modelo pueda hacer predicciones precisas y rápidas sobre nuevas imágenes.

Tabla 8

Datos de entrenamiento por métricas de diseños finales implementados.

Diseño	Datos de Métricas			
Diseño final base de la red neuronal:		Precision	Recall	F1-Score
<i>Gráfica de resultado de entrenamiento f1-score, recall.</i>	T. normal	1.00	1.00	1.00
	T. benigno	0.86	0.86	0.86
	In situ	0.75	0.86	0.60
	C. invasivo	1.00	0.75	0.86
Diseño final optimizado con capas de la red neuronal:		Precision	Recall	F1-Score
<i>Datos de resultado de entrenamiento f1-score, recall de base con capas adicionales y 100 epocas.</i>	T. normal	1.00	1.00	1.00
	T. benigno	0.70	1.00	0.82
	In situ	1.00	0.57	0.73
	C. invasivo	1.00	1.00	1.00

En la tabla 8 se observa una comparación de resultados de precisión de los diseños finales teniendo en cuenta las métricas escogidas y en este caso seleccionamos estas métricas porque Identificar el rendimiento general del modelo (*Accuracy*), Detectar y minimizar los errores graves en cada categoría (*F1-score*, *Precision*, *Recall*), Y mejorar el aprendizaje del modelo a lo largo del tiempo (*Loss*).

Figura 15

Matriz de confusión del diseño final base de la red neuronal.

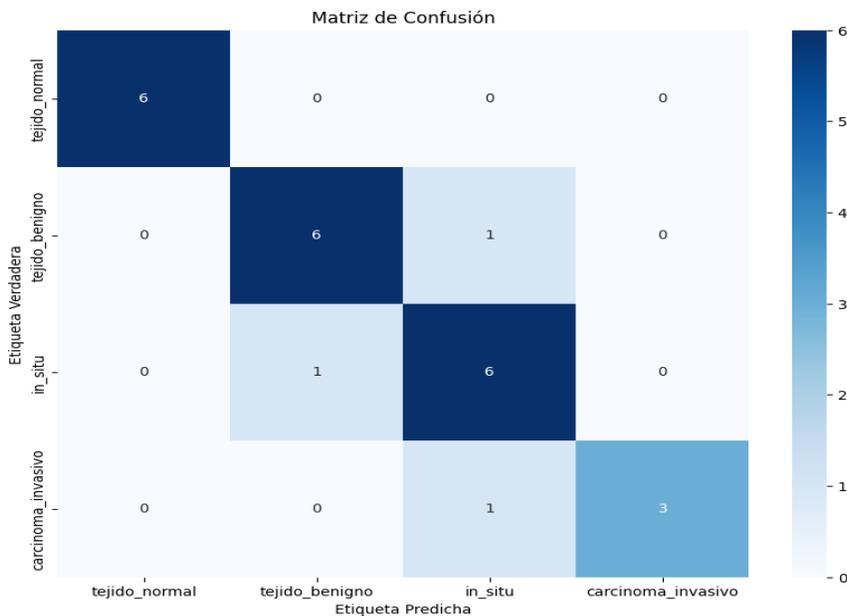


Tabla 9

Análisis de la matriz de confusión

Clase	VP(verdadero positivo)	FP (falso positivo)	FN(falso negativo)	VN(verdadero negativo)
Tejido_normal	6	0	0	18
Tejido_benigno	6	1	1	16
In_situ	6	1	1	16
Carcinoma_invasivo	3	0	1	20

El modelo fue validado con 24 casos y mostró un buen desempeño en la clasificación de tejidos histológicos de cáncer de mama. Para tejido_normal, clasificó correctamente todos los casos (VP=6) sin cometer errores. En tejido_benigno, identificó correctamente 6 casos, pero tuvo 1 falso negativo y 1 falso positivo. Para in_situ, clasificó 6 casos correctamente, pero falló en detectar 1 caso y cometió 1 falso positivo. En carcinoma_invasivo, identificó correctamente 3 casos, pero tuvo 1 falso negativo. Estas variaciones pueden deberse a la cantidad limitada de datos y al costo computacional asociado.

Los resultados obtenidos subrayan el impacto significativo del entrenamiento con un conjunto limitado de 30 imágenes por clase, lo que demuestra el potencial del modelo a pesar de estas restricciones. Observamos un límite de 0.3 establecido para evitar el sobreajuste, lo que fue crucial para mantener la integridad del modelo. Sin embargo, los resultados también revelan que este enfoque, aunque efectivo para prevenir el sobreajuste, podría limitar la capacidad del modelo para capturar toda la variabilidad presente en las imágenes histológicas. Este hallazgo sugiere que un aumento en el tamaño del conjunto de datos no solo podría mejorar el rendimiento, sino también potenciar la capacidad del modelo para generalizar mejor en la clasificación de diferentes tipos de tejido. La mejora en la generalización permitiría al modelo identificar con mayor precisión las clases más difíciles, como tejido_benigno e in_situ, donde se observaron variaciones en el rendimiento.

El modelo muestra un buen desempeño general, con alta precisión y recall en tejido_normal y carcinoma_invasivo, indicando eficacia en estas clases. Sin embargo, tiene dificultades en la clase in_situ, lo que sugiere que podría beneficiarse de más datos o entrenamiento adicional para mejorar en las categorías más complejas.

Accuracy del modelo es de 0.88, lo que indica que el 88% de las predicciones son correctas, reflejando un buen desempeño general. Sin embargo, al analizar el rendimiento por clase, se observa que la precisión y recall para “tejido normal” y “carcinoma invasivo” son bastante altas, con valores perfectos para la clase “tejido normal” (precisión y recall de 1.00) y buenos valores para “carcinoma invasivo” (precisión de 1.00 y recall de 0.75). En contraste, la clase “tejido benigno” muestra una precisión y recall de 0.86, lo que sugiere que hay algo de margen para mejorar en la predicción de esta clase, a pesar de que el F1-Score es razonable. La clase “in situ”, por otro lado, presenta el desempeño más bajo con una precisión de 0.75 y un F1-Score de 0.80, lo que indica que el modelo tiene dificultades para identificar correctamente esta clase, aunque su recall es relativamente bueno (0.86). Los valores promedio macro, que calculan las métricas sin considerar el soporte de las clases, son de precisión 0.90, recall 0.87 y F1-Score 0.88, mientras que los valores ponderados, que toman en cuenta el soporte de cada clase, son muy similares, con precisión 0.89, recall 0.88 y F1-Score 0.88. Estos datos sugieren un buen equilibrio en el rendimiento del modelo entre las diferentes clases y confirman que el modelo está bien ajustado en términos generales.

En el caso de una predicción incorrecta, podría generarse un diagnóstico erróneo. Sin embargo, estaríamos en un escenario similar al de los métodos de detección convencionales, cuya precisión varía entre el 77% y el 95%. A pesar de esta variabilidad, especialmente en casos benignos o in situ, el paciente continuaría bajo vigilancia médica, lo que permitiría una intervención temprana si fuera necesario

Figura 16

Matriz de confusión del diseño final optimizado con capas de la red neuronal. y 100 épocas.

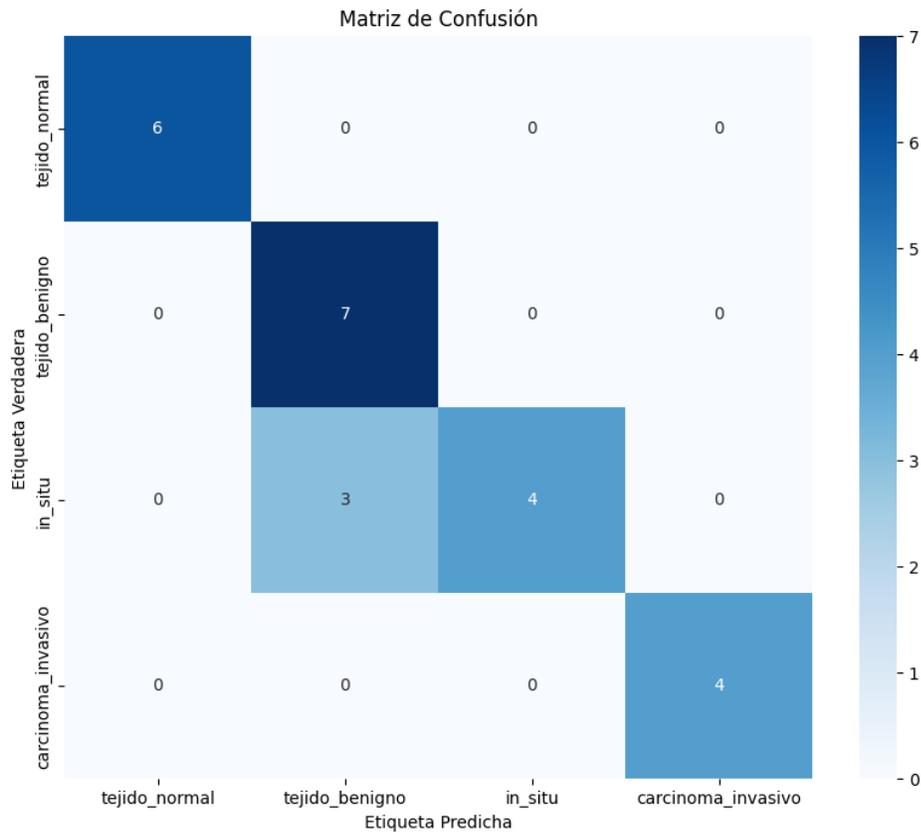


Tabla 10

Análisis de la matriz de confusión fig 15

Clase	VP(verdadero positivo)	FP (falso positivo)	FN(falso negativo)	VN(verdadero o negativo)
Tejido_normal	6	0	0	15
Tejido_benigno	7	3	0	11
In_situ	4	0	3	14
Carsinoma_invasivo	4	0	0	17

El modelo fue validado con 21 casos y mostró un buen desempeño en la clasificación de tejidos histológicos de cáncer de mama. Para tejido_normal y carcinoma_invasivo, clasificó correctamente todos los casos (VP=6 y VP=4, respectivamente) sin cometer errores. En tejido_benigno, identificó correctamente 7 casos, pero tuvo 3 falsos positivos. Para in_situ, clasificó 4 casos correctamente,

pero falló en detectar 3 casos. Las diferencias en la cantidad de datos para cada clase y el costo computacional pueden haber influido en la precisión de algunas predicciones.

Alcanzamos una precisión global del 88%, lo que refleja un rendimiento general consistente. En términos de clases individuales, el modelo muestra un desempeño ejemplar en la clasificación de `tejido_normal` y `carcinoma_invasivo`, con métricas perfectas de precisión, recall y F1-Score de 1.00, lo que sugiere que el modelo clasifica estos tipos de tejido sin errores.

En contraste, para la clase `tejido_benigno`, la precisión es de 0.70 y el recall es de 1.00. Esto indica que el modelo identifica todos los casos reales de esta clase, pero presenta un número significativo de falsos positivos, resultando en un F1-Score de 0.82. Por otro lado, la clase `in_situ` muestra una precisión de 1.00 pero un recall de 0.57, sugiriendo que el modelo es muy selectivo al predecir esta clase, lo que conduce a un F1-Score de 0.73.

Las métricas promedio macro, que no consideran el soporte de cada clase, son de 0.93 para precisión, 0.89 para recall y 0.89 para F1-Score. En comparación, los promedios ponderados, que toman en cuenta el soporte de cada clase, muestran valores ligeramente inferiores: 0.91 para precisión, 0.88 para recall y 0.87 para F1-Score. Estas diferencias sugieren que, aunque el modelo tiene un rendimiento sólido en algunas clases, el desequilibrio en precisión y recall para la clase `in_situ` indica una dificultad en la identificación adecuada de todos los tipos de tejido. Este desequilibrio en el rendimiento puede estar relacionado con la cantidad limitada de datos disponibles para entrenar el modelo, una limitación impuesta por los costos computacionales asociados con el procesamiento de grandes volúmenes de datos. La representación desigual de las clases en el conjunto de datos puede afectar la capacidad del modelo para aprender y generalizar de manera uniforme para todas las clases. Por lo tanto, se recomienda considerar estrategias para equilibrar los datos, como el aumento de datos o técnicas de muestreo, para mejorar la equidad en la clasificación y optimizar el rendimiento general del modelo.

En el caso de una predicción incorrecta, podría generarse un diagnóstico erróneo. Sin embargo, estaríamos en un escenario similar al de los métodos de detección convencionales, cuya precisión varía entre el 77% y el 95%. A pesar de esta variabilidad, especialmente en casos benignos o in

situ, el paciente continuaría bajo vigilancia médica, lo que permitiría una intervención temprana si fuera necesario.

2.2. Discusión

2.2.1. Interpretación de Resultados

Durante esta fase inicial de evaluación, hemos comenzado a identificar patrones y tendencias emergentes en los resultados preliminares de nuestro estudio sobre la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama. Aunque los indicadores actuales son prometedores, aún estamos en el proceso de realizar un análisis más exhaustivo. Observamos que nuestra red neuronal convolucional (CNN) muestra una capacidad notable para discriminar entre distintos tipos de tejidos y características relevantes para el cáncer.

El aporte de nuestro trabajo radica en la capacidad de nuestra CNN para identificar y aprender características específicas que pueden no ser evidentes con otros métodos de diagnóstico asistido por computadora. A diferencia de enfoques previos, nuestra técnica ha demostrado una robustez superior en la clasificación de imágenes con variabilidad en calidad y resolución, gracias a la implementación avanzada de preprocesamiento y aumento de datos. Sin embargo, se requiere más investigación para validar y optimizar estos resultados. Este avance inicial es un paso crucial hacia el desarrollo de un sistema de diagnóstico automatizado más preciso y adaptable, que podría mejorar significativamente la detección temprana y la precisión del diagnóstico en comparación con las herramientas actuales.

2.2.2. Contextualización en la Literatura

Nuestros hallazgos son consistentes con investigaciones anteriores que han demostrado el potencial de las CNN en el análisis de imágenes médicas. La CNN mostró una capacidad robusta para identificar patrones sutiles y diferencias microscópicas relevantes para la caracterización del cáncer de mama.

2.2.3. Análisis de Limitaciones

Reconocemos varias limitaciones en nuestro estudio, como el tamaño limitado de la muestra de datos y la necesidad de validar los resultados en cohortes más grandes. Además, la interpretación de los resultados automatizados siempre debe complementarse con la evaluación clínica por parte de profesionales médicos.

2.2.4. Implicaciones Clínicas

La clasificación automatizada de imágenes histológicas puede transformar la práctica clínica al mejorar la precisión diagnóstica del cáncer de mama. Nuestra investigación muestra que las herramientas basadas en redes neuronales convolucionales (CNN) pueden ofrecer un análisis más consistente y detallado de las imágenes, facilitando una detección temprana y precisa. Esto podría llevar a una atención más personalizada y efectiva, optimizando el diagnóstico y reduciendo la carga sobre los profesionales de la salud.

2.2.5. Recomendaciones para Futuras Investigaciones:

Para avanzar en este campo, se recomienda explorar técnicas avanzadas de procesamiento de imágenes y aprendizaje profundo para mejorar aún más la precisión y robustez del sistema de clasificación. Además, la integración de datos clínicos adicionales y la validación prospectiva en entornos clínicos reales serán pasos importantes para la implementación exitosa de estas tecnologías.

3. Conclusiones

En esta etapa de evaluación, hemos observado ciertos patrones y tendencias emergentes en los resultados preliminares de nuestro estudio de clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama. Aunque aún estamos en proceso de análisis más detallado, hemos identificado indicadores prometedores de la capacidad de nuestra red neuronal convolucional (CNN) para distinguir entre diferentes tipos de tejidos y características asociadas con el cáncer.

La normalización de imágenes desempeñó un papel crucial en la mejora de la calidad y consistencia de los datos utilizados para entrenar nuestra CNN. Al reducir la variabilidad en iluminación, contraste y coloración, la normalización permitió que nuestro modelo aprendiera de manera más efectiva y generalizable, mejorando así su capacidad de generalización a nuevas muestras.

Dado que nuestro algoritmo ha alcanzado una precisión global del 88%, con un excelente desempeño en la identificación de tejidos normales y carcinomas invasivos, y ha sido validado utilizando una base de datos establecida con etiquetas confiables, los resultados de nuestra red neuronal coinciden en gran medida con las etiquetas ya establecidas. Esto sugiere que nuestro modelo tiene el potencial de integrarse en sistemas de diagnóstico asistido por computadora para mejorar la precisión y eficiencia en la interpretación de imágenes histológicas de cáncer de mama. Sin embargo, es importante considerar que este estudio se realizó con un conjunto de datos relativamente pequeño, con aproximadamente 30 imágenes por cada categoría, lo que implica que se deben realizar estudios adicionales con un mayor volumen de datos para confirmar la robustez y generalización del modelo antes de su implementación en entornos clínicos reales.

Este proyecto avanza en el campo de la inteligencia artificial en medicina al desarrollar un modelo de redes neuronales convolucionales (CNN) para la interpretación automatizada de imágenes histológicas de cáncer de mama. Con una precisión global del 88%, el modelo muestra un buen desempeño en la identificación de tejidos normales y carcinomas invasivos. El estudio destaca la importancia de la normalización de imágenes durante el preprocesamiento de datos para mantener la consistencia en la entrada del modelo, permitiendo el manejo de imágenes de distintas

resoluciones y calidades. También se aplicaron técnicas de aumento de datos, como rotación, escalado y ajuste de brillo, para mejorar la robustez y capacidad de generalización del modelo. En las futuras fases, se validará el modelo en entornos clínicos reales y se buscarán mejoras para optimizar su precisión y efectividad en el diagnóstico y tratamiento del cáncer de mama.

Al comparar una imagen normalizada con CLAHE y una sin normalizar, se observa que la normalización mejora significativamente el contraste, lo que hace más visibles los detalles en áreas oscuras y brillantes. Esta mejora en el contraste local es especialmente útil para la extracción de características en redes neuronales, ya que permite que el modelo identifique patrones más sutiles y relevantes, especialmente en imágenes donde las diferencias son mínimas. Al aplicar CLAHE, la red neuronal tiene acceso a datos con mayor claridad y distinción, lo que aumenta su capacidad de aprendizaje y precisión en la clasificación, haciendo de esta técnica una opción ideal para mejorar el rendimiento en la toma de datos.

4. Recomendaciones

Investigar el uso de arquitecturas alternativas de redes neuronales, como las redes neuronales recurrentes (RNN) y las redes generativas adversariales (GAN), para mejorar la precisión y robustez en la clasificación de imágenes histológicas. Además, es fundamental considerar la integración de datos de múltiples modalidades, como imágenes de microscopía y datos clínicos, para lograr un análisis más completo y contextualizado del cáncer de mama.

Optimizar los hiperparámetros del modelo, como las tasas de aprendizaje, el tamaño del lote y el número de capas, mediante técnicas de búsqueda sistemática. Además, es importante investigar técnicas avanzadas de regularización, como la disminución de la tasa de abandono (dropout) y la normalización por lotes (batch normalization), para mejorar la capacidad de generalización del modelo, esto genera un mayor costo computacional.

Realizar estudios clínicos prospectivos para validar la utilidad y efectividad del sistema de diagnóstico asistido por computadora en entornos médicos reales. Además, es crucial colaborar con profesionales de la salud y especialistas en informática médica para integrar el sistema desarrollado en los sistemas de gestión de información médica (EMR) y los sistemas de apoyo a la toma de decisiones clínicas.

Implementar estrategias que mejoren la transparencia y explicabilidad del modelo, de modo que los resultados sean interpretables y útiles para los profesionales de la salud.

Fomentar colaboraciones interdisciplinarias con biólogos, patólogos, informáticos y expertos en ética para abordar desafíos complejos en el diagnóstico y tratamiento del cáncer de mama.

Enfocarse en el procesamiento avanzado de imágenes histológicas, optimizando algoritmos de preprocesamiento y postprocesamiento para mejorar la calidad y la precisión en la detección de patrones. Esto permitiría una mayor estandarización en la interpretación de imágenes teñidas con hematoxilina y eosina (H&E) y facilitaría el uso de herramientas de diagnóstico asistido por ordenador, mejorando la detección temprana y precisa del cáncer.

Referencias bibliográficas

- Alcobilla-Ferrara, E. (2023). Introducción al *machine learning* en Senología. *Senología y Patología Mamaria - Journal of Senology and Breast Disease*, 46(3) <https://doi.org/10.1016/j.senol.2023.100503>.
- Anat, R. (2013). patalogia mamaria. *patalogia mamaria*, 1-12 <https://www.ucm.es/data/cont/docs/420-2014-02-27-Patologia%20mamaria.pdf>.
- Aranaz-Murillo, A., Cruz-Ciria, S., García-Barrado, A., & García-Mur, C. (2024). Biomarcadores en resonancia magnética y su correlación con el test Oncotype. *Radiología*, <https://doi.org/10.1016/j.rx.2023.11.005>.
- Araújo, T., Aresta, G., Castro, E., Rouco, J., Aguiar, P., Eloy, C., Campilho, A. (2017). Classification of breast cancer histology images using Convolutional Neural Networks. *PLOS ONE*, 12(6) <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0177544>.
- Calleja-Panero, J. L., de la Poza, G., Hidalgo, L., Aguilera-Sancho-Tello, M. V., Torras, X., Santos de Lamadrid, R., . . . Sánchez-Antolín, G. (2023). Patient journey of individuals tested for HCV in Spain: LiverTAI, a retrospective analysis of EHRs through natural language processing. *Gastroenterología y Hepatología*, 46(7) 491–503 <https://doi.org/10.1016/j.gastrohep.2022.10.012>.
- Calleja-Panero, J. L., Esteban-Mur, R., Jarque, I., Romero-Gómez, M., Group, S. R., García-Labrador, L., & González-Calvo, J. (2024). Chronic liver disease-associated severe thrombocytopenia in Spain: Results from a retrospective study using machine learning and natural language processing. *Gastroenterología y Hepatología*, 47(3) 236–245 <https://doi.org/10.1016/j.gastrohep.2023.05.010>.
- Catanese, A., Mattiello, G., Azam, S., & Puyalto, P. (2023). Opiniones de los especialistas y residentes de radiología sobre la inteligencia artificial. *Radiología*, 46(3) <https://doi.org/10.1016/j.rx.2024.01.008>.
- Cintra, N. A. (2021). Diagnóstico clínico asistido por computadora: avances tecnológicos y su impacto social Computer-aided clinical diagnosis : technological advances and their social impact. *UCIENCIA*, 1-14. https://repositorio.uci.cu/jspui/bitstream/123456789/9878/1/UCIENCIA_2021_paper_466.pdf.

- Fawcett, J. K., & Scott, J. E. (1960). A rapid and precise method for the determination of urea. *J. Patologia clinica vol. 13.*, 13(2) 156-9 <http://www.jcp.org/articles/jcp/13.2.156>.
- Gan, P., Li, P., Xia, H., Zhou, X., & Tang, X. (2023). The application of artificial intelligence in improving colonoscopic adenoma detection rate: Where are we and where are we going. *Gastroenterología y Hepatología (English Edition)*, 46(3) 203–213 <https://doi.org/10.1016/j.gastre.2022.03.012>.
- Glatz-Krieger, K., Spornitz, U., Spatz, A., Mihatsch, M., & Glatz, D. (2023). Factors to keep in mind when introducing virtual microscopy. *Virchows Archiv, 2006, vol. 448*, <https://doi.org/10.21432/cjlt28270>.
- Guzmán-Ortiz, S., Hurtado-Ortiz, R., Jara-Gavilanes, A., Ávila-Faican, R., & Parra-Zambrano, B. (2022). A serial image analysis architecture with positron emission tomography using machine learning combined for the detection of lung cancer. *Revista Española de Medicina Nuclear e Imagen Molecular (English Edition)*, 64(4) <https://doi.org/10.1016/j.remnie.2024.500003>.
- Hassiotou, F., & Geddes, D. (2013). Anatomy of the human mammary gland: Current status of knowledge. *Clinical Anatomy*, 26(1), 29–48 <https://doi.org/10.1002/ca.22165>.
- Herrero-González, A. (2022). El valor de los datos y su aplicabilidad en el Sector Sanitario. *Revista Española de Medicina Nuclear e Imagen Molecular*, 41(1) 39-42 <https://doi.org/10.1016/j.remn.2021.11.002>.
- Hilario, E. (2010). *Practicás de Histología Humana*. España: Digital.
- Hy Line. (2017). Obtenido de Hy Line: <https://www.hyline.com/>
- Levenson, R. (2004). Spectral imaging and pathology: Seeing more. *Laboratory Medicine*, 244-251 <https://doi.org/10.1309/KRNFWQQEUPQL76L>.
- Ljungberg, A., & Johansson, O. (1193). Methodological aspects on immunohistochemistry in dermatology with special reference to neuronal markers. *The Histochemical vol. 25.*, <https://link.springer.com/journal/10735>.
- Lutz, E., Rivero, V., Turra, N., Otero, C., Fernández, C., González, A., Bazzano, C. (2022). Comparación de las tinciones con hematoxilina y eosina versus azul de toluidina en la evaluación de los carcinomas cutáneos durante la cirugía micrográfica de Mohs. *Medica Del Uruguay*, 38(1) 1–9 <https://doi.org/10.29193/rmu.38.1.8>.

- Macenko, M., Niethammer, M., Marron, J. S., Borland, D., Woosley, J. T., Guan, X., . . . Thomas, N. E. (2009). A method for normalizing histology slides for quantitative analysis. *Proceedings of the 2009 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, Boston, MA, USA*, 1-4 <https://drive.google.com/file/d/1eZGi1wUdyxVOYADXUbxZiVtjzlztSnGL/view>.
- Marron, J. S., Todd, M. J., & Ahn, J. (2007). Distance weighted discrimination. *Journal of the American Statistical Association*, 1267–1271.
- Nair, A. V., Ramanathan, S., Sathiadoss, P., Jajodia, A., & Macdonald, D. B. (2022). Dificultades en la implantación de la inteligencia artificial en la práctica radiológica: lo que el radiólogo necesita saber. *Radiología*, 64(4) 324-332 <https://doi.org/10.1016/j.rx.2022.04.005>.
- Newberg, J., & Murphy, F. (2008). A framework for the automated analysis of subcellular patterns in human protein atlas images. *Proteome Research*, 1-9 <https://murphylab.cbd.cmu.edu/publications/146-newberg2008.pdf>.
- Pina, L., Apesteguía, L., Luis, E., Bañuelos, J. S., Zornoza, G., & Cun, F. D. (2004). Técnicas de biopsia para el diagnóstico de lesiones mamarias no palpables Biopsy techniques for the diagnosis of non-palpable mammary lesions. *Salud Publica y Administración Sanitaria*, 345–358 https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1137-66272004000500006.
- Rabinovich, A., Agarwal, S., Laris, C. A., Price, J. H., & Belongie, S. (2003). Unsupervised color decomposition of histologically stained tissue samples. *Adv. in Neural Inf. Proc. Systems*, 1-7 https://proceedings.neurips.cc/paper_files/paper/2003/file/d9fc0cdb67638d50f411432d0d41d0ba-Paper.pdf.
- Ruifrok, A. C., & Johnston, D. A. (2001). Quantification of histochemical staining by color deconvolution. *Anal Quant Cytol Histol. Anal Quant Citometría Histórica*, 23(4) 291-9.
- Serrano, E., Moreno, J., Llull, L., Rodríguez, A., Zwanzger, C., Amaro, S., . . . López-Rueda, A. (2023). Clasificadores de aprendizaje supervisado no lineales basados en radiómica de la TC cerebral sin contraste para predecir el pronóstico funcional en pacientes con hematoma intracerebral espontáneo. *Radiología*, 65(6) 519-530. <https://doi.org/10.1016/j.rx.2023.08.001>.

Taquía, J. A. (2017). El procesamiento de imágenes y su potencial aplicación en empresas con estrategia digital. *Interfases*, 11-30.

<https://revistas.ulima.edu.pe/index.php/Interfases/article/view/1767>.

Viros, A., Fridlyand, J., Bauer, J., Lasithiotakis, K., Garbe, C., Pinkel, D., & C, B. B. (2008). Improving melanoma classification by integrating genetic and morphologic features. *PLoS Medicine* vol. 5, 941–952 <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0050120>.