



Pontificia Universidad  
**JAVERIANA**  
Cali

## Acta de Correcciones al Documento de Trabajo de Grado

**Santiago de Cali, 16 de Julio de 2024**

**Autor: Oscar Julian Layton Galindo – Diego Fernando Ortiz Meléndez**

**Título del Trabajo de Grado: “DETECCIÓN DE TEJIDO CANCEROSO MAMARIO A PARTIR DE TÉCNICAS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO EN IMÁGENES DE HISTOLOGÍA”**

**Director:**

Como indica el artículo 2.13 de las Directrices para Trabajo de Grado de Maestría, he verificado que el estudiante indicado arriba ha implementado todas las correcciones que los Jurados del Proyecto de Trabajo de Grado definieron que se efectuaran, como consta en el Acta de Evaluación correspondiente.

Firma del Director del Trabajo de Grado

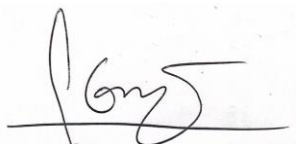
Santiago de Cali, 4 de 06 de 2024

**Ingeniero:**  
**Juan Carlos Martínez Arias**  
**Director Posgrados de Ingeniería**  
**Facultad de Ingeniería y Ciencias**  
**Pontificia Universidad Javeriana - Cali**

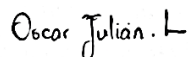
Con el fin de cumplir con los requisitos exigidos por la Universidad para llevar a cabo el Trabajo de Grado y posteriormente optar por el título de Magíster en Ciencia de Datos, nos permitimos presentar a su consideración el proyecto de Trabajo de Grado denominado Detección de Tejido Canceroso Mamario a Partir de Técnicas de Aprendizaje Automático en Imágenes de Histología , el cual será realizado por los estudiantes Diego Fernando Ortiz Melendez y Oscar Julian Layton Galindo con código 8980143 y 8980518 respectivamente, pertenecientes al énfasis en Sistemas y Computación, bajo la dirección del profesor Julian Gil Gonzalez.

El suscrito director del Trabajo de Grado autoriza para que se proceda a hacer la evaluación de este Proyecto ante el Tribunal que para el efecto se designe, toda vez que ha revisado cuidadosamente el documento y avala que ya se encuentra listo para ser presentado oficialmente.

Atentamente,



Firma  
Diego Fernando Ortiz Melendez  
C.C. 1144044580 de Cali



Firma  
Oscar Julian Layton Galindo  
C.C. 1016041826 de Bogotá



Firma  
Julian Gil Gonzalez  
C.C. 1088286439 de Pereira

# Maestría en Ciencia de Datos

## Facultad de Ingeniería y Ciencias

### FICHA RESUMEN

#### TRABAJO DE GRADO DE MAESTRÍA

TITULO: “Detección de Tejido Canceroso Mamario a Partir de Técnicas de Aprendizaje Automático en Imágenes de Histología ”

1. ÉNFASIS: Sistemas y Computación
2. TIPO DE PROYECTO: Aplicado
3. ÁREA DE TRABAJO: Ciencia de Datos
4. ESTUDIANTE (S): Diego Fernando Ortiz – Oscar Julian Layton
5. CORREO ELECTRÓNICO: [diegoortiz@javerianacali.edu.co](mailto:diegoortiz@javerianacali.edu.co) , [ojlayton@javerianacali.edu.co](mailto:ojlayton@javerianacali.edu.co)
6. DIRECCIÓN Y TELÉFONO: 3113732781 ; 3138094975
7. DIRECTOR: Julian Gil Gonzalez
8. VINCULACIÓN DEL DIRECTOR (en la universidad): Cátedra
9. CORREO ELECTRÓNICO DEL DIRECTOR: [julian.gil@javerianacali.edu.co](mailto:julian.gil@javerianacali.edu.co)
10. CO-DIRECTOR(ES) (Si aplica): NA
11. GRUPO O EMPRESA QUE LO AVALA (Si aplica):NA
12. OTROS GRUPOS O EMPRESAS: NA
13. PALABRAS CLAVE (al menos 5): Ciencia de Datos; Machine Learning; Redes Convolucionales; Imágenes Histológicas; Cáncer de mama
14. ODS QUE APLICA EL PROYECTO (Agenda 2030):

**ODS 3: Salud y Bienestar:** El proyecto contribuye a la mejora de la salud y el bienestar de las personas al desarrollar una herramienta que puede detectar tejido canceroso mamario, mejorando así las tasas de supervivencia y reduciendo la mortalidad asociada a esta enfermedad.

**ODS 9: Industria, Innovación e Infraestructura:** El proyecto fomenta la innovación en el campo de la salud y contribuye al desarrollo de tecnologías que pueden ser aplicadas en diagnósticos médicos.

**ODS 5: Igualdad de Género:** El cáncer de mama afecta predominantemente a mujeres, este proyecto al mejorar la detección de tejido canceroso, contribuye a la salud y el bienestar de las mujeres, apoyando indirectamente la igualdad de género al proporcionar herramientas que pueden salvar vidas y mejorar la calidad de vida de las mujeres afectadas por esta enfermedad.

15. FECHA DE INICIO (Desarrollo del proyecto): 2/05/2023
16. RESUMEN

El cáncer de mama es el tipo de cáncer más común en mujeres a nivel mundial y tiene una alta tasa de mortalidad, particularmente en países en vía de desarrollo. La detección temprana de tejido canceroso es esencial para los mejores resultados del tratamiento y las tasas de supervivencia más altas. El análisis visual de imágenes histológicas, que se obtienen de biopsias, es un proceso complejo y subjetivo que requiere de herramientas avanzadas para mejorar la precisión y reducir los errores en el diagnóstico.

En este contexto, la presente investigación desarrolla un modelo de clasificación de imágenes histológicas utilizando técnicas de aprendizaje automático, con el objetivo de detectar tejido canceroso mamario de manera más precisa y eficiente. Se utilizó un conjunto de datos de imágenes histopatológicas públicas para entrenar el modelo. La metodología incluyó la recolección y preprocesamiento de las imágenes, el diseño y entrenamiento del modelo, y la validación y evaluación del rendimiento del modelo.

El modelo que se creó se basó en redes neuronales convolucionales (CNN) y se optimizó mediante el uso de Keras Tuner, una herramienta de hiperparámetros que permite ajustar automáticamente los parámetros del modelo para mejorar su desempeño. Los resultados demuestran una alta precisión en la clasificación de imágenes, lo que confirma la eficacia del modelo para detectar tumores.

Este trabajo no solo mejora la precisión del diagnóstico del cáncer de mama, sino que también brinda una herramienta automatizada que puede ayudar a los profesionales de la salud a detectar el cáncer de mama de manera temprana y precisa, lo que podría aumentar la tasa de supervivencia y la calidad de vida de los pacientes.



Pontificia Universidad  
**JAVERIANA**  
Cali

**DETECCIÓN DE TEJIDO CANCEROSO MAMARIO A PARTIR DE TÉCNICAS  
DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO EN IMÁGENES DE HISTOLOGÍA.**

*Diego Fernando Ortiz Meléndez*

*Código 8980143*

*Oscar Julian Layton Galindo*

*Código 8980518*

*Proyecto Aplicado para optar al título de  
Magíster en Ciencia de Datos*

Director: Julian Gil Gonzalez

**FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS  
MAESTRÍA EN CIENCIA DE DATOS  
SANTIAGO DE CALI  
JUNIO DE 2024**

## TABLA DE CONTENIDO

INTRODUCCIÓN .....	4
1. DEFINICIÓN DEL PROBLEMA.....	6
1.1 Planteamiento del problema .....	6
1.2 Formulación del problema.....	8
1.2.1 Pregunta de investigación.....	8
1.2.2 Preguntas sistematización.....	8
2. OBJETIVOS DEL PROYECTO.....	9
2.1. Objetivo general .....	9
2.2. Objetivos específicos .....	9
3. MARCO TEÓRICO Y ANTECEDENTES.....	10
3.1 Cáncer de mama: Definición y generalidades.....	10
3.2 Clasificación de imágenes.....	14
3.2.1. Tecnologías Actuales .....	15
4. MARCO METODOLÓGICO.....	39
4.1. Comprensión del problema .....	39
4.2. Comprensión de los datos .....	41
4.3. Preparación de los datos .....	45
4.4. Modelado.....	51
5. RESULTADOS.....	52
5.1. Esquema para analizar y preprocesar imágenes .....	52
5.2. Diseño y entrenamiento de modelos .....	54
5.3. Ajustar el modelo mediante optimización de parámetros.....	59
5.3.1. Modelo 1: Aplicación KERAS tuner.....	59
5.3.2. Modelo 2: Transfer learning .....	63
5.4. Análisis de resultados .....	65
6. CONCLUSIONES .....	69
7. BIBLIOGRAFÍA .....	70
8. ANEXOS.....	74

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1:</b> El Perceptrón. Obtenido de [28].	18
<b>Figura 2:</b> Arquitectura de un perceptrón con dos neuronas de entrada. Obtenido de [28].	19
<b>Figura 3:</b> Arquitectura de un Perceptrón Multicapa. Obtenido de [28].	20
<b>Figura 4:</b> Arquitectura de un Perceptrón Multicapa. Obtenido de [29].	21
<b>Figura 5:</b> Funciones de Activación. Obtenido de [28].	23
<b>Figura 6:</b> Un ejemplo de convolución. Fuente propia.	26
<b>Figura 7:</b> Un segundo ejemplo de convolución. Fuente propia.	27
<b>Figura 8:</b> Un ejemplo de convolución 2-D. Obtenido de [26].	27
<b>Figura 9:</b> Filtros y mapas de activación en imágenes histológicas. Fuente propia.	29
<b>Figura 10:</b> Max Pooling en redes convolucionales. Fuente [28].	30
<b>Figura 11:</b> Arquitectura CNN Típica. Fuente [28].	31
<b>Figura 12:</b> Arquitectura AlexNet. Fuente [30].	31
<b>Figura 13:</b> Arquitectura VGG. Fuente: [33].	32
<b>Figura 14:</b> Componente básico del Aprendizaje Residual. Fuente [34].	32
<b>Figura 15:</b> Matriz de confusión simple para la tabulación de resultados. Fuente [21].	34
<b>Figura 16:</b> Diagrama comprensión del problema. Fuente Propia.	40
<b>Figura 17:</b> Diagrama comprensión de los datos. Fuente Propia.	41
<b>Figura 18:</b> Clasificación y etiqueta del proceso Crowdsourcing [51].	42
<b>Figura 19:</b> Imágenes RGBs y máscaras [51].	43
<b>Figura 20:</b> Características imágenes Mask y RGB. Fuente Propia.	44
<b>Figura 21:</b> División de imágenes por Patchify en el conjunto de datos de histología RGB.	47
<b>Figura 22:</b> Parche 4_5 del proceso de división de imágenes.	48
<b>Figura 23:</b> Clasificación de imágenes de histología resultante. Fuente propia.	50
<b>Figura 24:</b> Caracterización del proceso de modelado en Imágenes de Histología. Fuente propia.	51
<b>Figura 25:</b> Llamado de parches de histología de 100x100. Fuente propia.	52
<b>Figura 26:</b> Implementación de la arquitectura de red en KERAS. Fuente propia.	55
<b>Figura 27:</b> Configuración de la aumentación de datos (data augmentation). Fuente propia.	55
<b>Figura 28:</b> Funciones de pérdida y accuracy en datos de validación y entrenamiento. Fuente propia.	57
<b>Figura 29:</b> Matriz de confusión 1er modelo. Fuente propia.	58
<b>Figura 30:</b> Resultados modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.	58
<b>Figura 31:</b> Resultados modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.	61
<b>Figura 32:</b> Matriz de confusión modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.	61
<b>Figura 33:</b> Gráfico del modelo KERAS Tuner. Fuente propia.	62
<b>Figura 34:</b> Resultados modelo con Transfer Learnig. Fuente propia.	64
<b>Figura 35:</b> Matriz de confusión modelo Transfer Learning. Fuente propia.	64
<b>Figura 36:</b> Gráfico modelo Transfer Learning. Fuente propia.	65
<b>Figura 37:</b> Resultado evaluación modelo KERAS Tuner.	67

## LISTA DE TABLAS

<b>Tabla 1:</b> Antecedentes. ....	38
<b>Tabla 2:</b> Clasificación general de tejidos. Fuente propia. ....	45
<b>Tabla 3:</b> Códigos y etiquetas por píxel en imágenes mask. ....	49
<b>Tabla 4:</b> Etiquetas predominantes en parches y su categoría general. Fuente Propia. ....	49
<b>Tabla 5:</b> Implementación de la arquitectura con data augmentation. Fuente propia. ....	56
<b>Tabla 6:</b> Resumen parámetros KERAS Tuner. Fuente propia.....	60
<b>Tabla 7:</b> Resumen parámetros Transfer Learning. Fuente propia. ....	63
<b>Tabla 8:</b> Análisis de resultados.....	66

## INTRODUCCIÓN

El cáncer de mama femenino es ahora el cáncer más común con 2,3 millones de casos diagnosticados anualmente en todo el mundo y un riesgo de volver a contraer la enfermedad de más o menos el 15% [1], [2]. En este sentido, la detección temprana de esta enfermedad es vital para mejorar los resultados del tratamiento y aumentar las tasas de supervivencia de los pacientes [3]. Para lograr un diagnóstico preciso, se requieren procesos médicos que incluyen la obtención de muestras de tejido mamario mediante biopsias que permiten un análisis detallado de las células y tejidos mediante visualización por técnicas histológicas.

El análisis visual de las imágenes de histología por parte de los profesionales médicos puede ser complejo y subjetivo, lo que lleva a la necesidad de contar con herramientas que faciliten la detección temprana y precisa del cáncer de mama. En este contexto, el campo de la ciencia de datos y el aprendizaje automático ofrece soluciones prometedoras al permitir la automatización de procesos de análisis en imágenes médicas, dado que las decisiones de los patólogos son propensas a error [4], por ejemplo, artefactos durante la técnica de fijación de la muestra del tejido, factor que contribuye a un diagnóstico erróneo, así las cosas, alrededor del 20 % de los resultados actuales de los centros de trauma basados en inmunohistoquímica son incorrectos [5].

En este proyecto, se desarrolló un modelo de clasificación de imágenes de histología que permite detectar tejido canceroso mamario utilizando técnicas de aprendizaje automático, así, el objetivo principal es apoyar a los especialistas en mejorar la precisión y eficiencia en el diagnóstico temprano de esta enfermedad. Para lograrlo, se emplearon algoritmos de clasificación supervisada y se aprovechó la información contenida en las imágenes histopatológicas de bases de datos de acceso público para identificar patrones característicos de tejido confirmado con cáncer.

El proyecto se estructuró con base en tres preguntas orientadoras que derivaron de la pregunta de investigación. En primer lugar, se aplicó un esquema de recolección de imágenes histopatológicas disponibles en bases de datos públicas y de consulta permanente para posteriormente llevar a cabo un procesamiento de estas imágenes histológicas, esto permitió recopilar un conjunto de datos de muestras de tejido mamario con diagnóstico confirmado de cáncer. A continuación, se desarrolló un modelo de clasificación utilizando técnicas de aprendizaje automático. Este modelo se entrenó utilizando el conjunto de datos previamente recopilado, con el objetivo de lograr una alta precisión en la detección de tejido canceroso mamario. Finalmente, se realizó la validación del modelo propuesto, optimizando sus parámetros y evaluando su rendimiento mediante pruebas adicionales de conjuntos de datos

para corroborar su capacidad de adaptación a diferentes escenarios y asegurar su confiabilidad. Este proyecto contribuirá al avance en la detección temprana del tejido canceroso mamario, brindando herramientas automatizadas que puedan apoyar a los profesionales de la salud en el diagnóstico oportuno y preciso de esta enfermedad.

## **1. DEFINICIÓN DEL PROBLEMA**

### **1.1 Planteamiento del problema**

La organización Mundial de la Salud estima que las tasas de incidencia y mortalidad de cáncer en 2020 fueron de 19,3 millones nuevos casos diagnosticados y casi 10,0 millones de muertes. El cáncer de mama femenino registró 2,26 millones de casos [6] y sigue siendo una enfermedad de gran importancia en la época actual. Por tal motivo, se han desarrollado avances importantes en el campo que han permitido establecer diagnósticos y tratamientos en diferentes estados de la enfermedad. No obstante, su identificación y tratamiento sigue siendo uno de los grandes desafíos a nivel mundial, dado que las personas que presentan un diagnóstico de cáncer de mama, entre el 5% y el 10 % presentan enfermedad avanzada o metastásica [7].

La detección temprana de neoplasias es fundamental para mejorar los resultados de los tratamientos y, específicamente, aumentar la supervivencia de los pacientes diagnosticados con cáncer. Para lograr un diagnóstico preciso en medicina, es esencial contar con procedimientos médicos invasivos que permitan extraer muestras de tejidos para su posterior análisis. Estos procedimientos se conocen como biopsias y son cruciales para confirmar el diagnóstico, establecer la mejor terapéutica y determinar el pronóstico del paciente. Para el caso de las mujeres, la tasa de incidencia es aún mayor cuando hablamos en términos de cáncer de mama ya que su tasa de mortalidad en la mayoría de los países es preocupante, específicamente aquellos donde se han experimentado cambios rápidos de desarrollo humano, lo cual refleja distintos patrones de riesgo, acceso a medicación y problemas con la detección temprana. En este sentido, las imágenes provenientes de las biopsias sometidas a técnicas de procesamiento histológico juegan un papel crucial [8].

La histología es una rama del conocimiento dedicada al estudio de los tejidos, en la que se analiza su estructura, las células que los forman, así como su relación con los órganos y sistemas orgánicos. Es esencial entender que el cuerpo humano está constituido por células, una matriz extracelular que las envuelve y un líquido extracelular. Este último facilita el transporte de nutrientes, oxígeno y moléculas de señalización, además de ayudar en la eliminación de productos de desecho. [9], Para ser visualizados mediante microscopía óptica, los tejidos requieren de una preparación que involucra tinciones y reacciones, facilitando la interpretación de los cortes microscópicos. Aunque este proceso es crucial para un diagnóstico preciso de tejidos cancerosos, la evaluación de diversas biopsias histológicas ya sea a simple vista o con microscopía básica y avanzada, representa un desafío. Esto se debe a la necesidad de contar con un profesional altamente capacitado para interpretar las

imágenes, así como de tecnologías de análisis avanzadas que permitan detectar lo que el ojo humano y la experiencia médica podrían pasar por alto, evitando así la omisión de diagnósticos positivos para tejido canceroso.

Con lo anterior, la integración de la ciencia de datos y las técnicas de aprendizaje automático promete revolucionar el diagnóstico del cáncer de mama. Los modelos predictivos desarrollados en este proyecto buscan ayudar a los especialistas en el mejoramiento de la precisión en la identificación de tejidos cancerosos, aplicando algoritmos de clasificación supervisada a imágenes histopatológicas. Estos modelos no solo mejoran la capacidad de diagnóstico, sino que también ofrecen la posibilidad de detectar precozmente a aquellos pacientes con alto riesgo de desarrollar cáncer, tal como lo demuestra la superioridad de la mamografía asistida por IA (Inteligencia Artificial), que identifica correctamente al 31% de los pacientes en alto riesgo comparado con el 18% de los métodos convencionales [10].

## **1.2 Formulación del problema**

### **1.2.1 Pregunta de investigación**

Teniendo en cuenta las consideraciones anteriores, se plantea la siguiente pregunta de investigación:

¿Cómo desarrollar un modelo de clasificación de imágenes de histología utilizando técnicas de aprendizaje automático que permita detectar tejido canceroso mamario?

### **1.2.2 Preguntas sistematización**

1. ¿Cómo implementar un esquema para analizar y preprocesar datos de imágenes de muestras de tejido mamario con diagnóstico confirmado de cáncer?
2. ¿Cuál es la mejor técnica de aprendizaje automático que permita detectar las imágenes histológicas de tejido canceroso mamario?
3. ¿Cómo validar y evaluar de manera efectiva el modelo propuesto de detección de tejido canceroso mamario a partir de imágenes de histología?

## **2. OBJETIVOS DEL PROYECTO**

### **2.1. Objetivo general**

Desarrollar un modelo de clasificación de imágenes de histología que permita detectar o predecir el tejido canceroso mamario a partir de técnicas de aprendizaje supervisado con el fin de mejorar la precisión y eficiencia en el diagnóstico de la enfermedad.

### **2.2. Objetivos específicos**

1. Establecer un esquema para analizar y preprocesar imágenes histológicas de muestras de tejido mamario con diagnóstico confirmado de cáncer.
2. Diseñar y entrenar un modelo de aprendizaje automático que permita detectar tejidocanceroso mamario a partir de imágenes histológicas.
3. Ajustar el modelo propuesto mediante la optimización de parámetros y la evaluación del rendimiento desde diversas métricas.

### **3. MARCO TEÓRICO Y ANTECEDENTES**

#### **3.1 Cáncer de mama: Definición y generalidades**

El cáncer es un término amplio que se utiliza para describir un grupo de enfermedades que se caracterizan por el crecimiento descontrolado de células anómalas, las cuales pueden ocasionar problemas graves de salud e incluso la muerte. Por lo general, las células se reproducen, se dividen y mueren de manera ordenada; durante la infancia, este proceso es rápido para favorecer el crecimiento, pero en la edad adulta se limita principalmente a reemplazar células desgastadas o dañadas. El cáncer aparece cuando este proceso escapa a todo control y las células comienzan a dividirse sin freno, generando nuevas células también anómalas que no mueren y pueden invadir otros tejidos. Las alteraciones en el ADN de las células, que en células normales se repararían o llevarían a la muerte celular, persisten en las células cancerosas, permitiendo su proliferación. Estas mutaciones pueden ser heredadas o causadas por factores ambientales como el tabaco o la exposición solar, aunque frecuentemente la causa exacta es desconocida [11].

En 2020, el cáncer de mama resultó siendo la principal causa de muerte entre las mujeres a nivel mundial, causando aproximadamente 685,000 fallecimientos. La mayoría de estos casos y las muertes asociadas se registran en países de ingresos bajos y medianos, donde los recursos y el acceso a tratamientos adecuados son limitados [12], el cáncer de mama suele presentar manifestaciones clínicas poco evidentes y, cuando aparecen, indican un estado avanzado de la enfermedad. Algunos de los síntomas y signos más comunes incluyen una masa palpable en la glándula mamaria, inflamación y edema, cambios en la piel, dolores en el seno o en el pezón, retracción u otros cambios en el pezón, y flujo seroso o purulento por el pezón.

Entre los métodos diagnósticos principales se encuentran la mamografía, la ultrasonografía y la resonancia magnética, aunque el diagnóstico definitivo se realiza mediante el estudio histopatológico. En este último se encuentra la citología con la que se realiza de la secreción mamaria o del material obtenido mediante punción - aspiración; la punción aspiración (PAAF) con la que se realiza una punción en la zona sospechosa con una aguja fina guiada ecográficamente pero su negatividad no excluye la posibilidad de un tumor maligno; la punción biopsia con aguja gruesa en la que punciona la lesión palpable con agujas cilíndricas (true-cut) y posteriormente se realiza estudio histológico y, la biopsia excisional con o sin arpon que se realiza en lesiones no palpables, clínicamente detectadas por técnicas de imagen [13].

Los factores pronósticos clave incluyen la edad, el tamaño del tumor, la afectación ganglionar, el grado y tipo histológico, la presencia de receptores hormonales, la expresión genética (HER2,

BRCA,p53) y el desarrollo de metástasis.

- **Epidemiología:**

Es el tumor maligno más frecuente en mujeres y la primera causa de muerte por cáncer en los países desarrollados. Su incidencia está en aumento, pero la mortalidad en descenso gracias a los avances en el tratamiento y al diagnóstico precoz. No, obstante, a pesar de las campañas de prevención y tamizaje implementadas en todo el mundo, las tasas de mortalidad varían entre el 40% en países desarrollados y el 80% en países de ingresos bajos [14].

- **Factores de Riesgo:**

Entre los factores de riesgo asociados al desarrollo de la enfermedad se encuentran [15]:

- Edad mayor a 50 años (con un promedio de diagnóstico de alrededor de 64 años) y menor a 70 años.
- Exposición prolongada a estrógenos endógenos (menarquia temprana y menopausia tardía), uso de estrógenos exógenos (anticoncepción hormonal).
- Antecedentes familiares de cáncer de seno (especialmente familiares de primer grado), raza (el cáncer de mama tiene una mayor incidencia en mujeres de raza blanca que en mujeres de origen hispano o afro).
- Alto nivel socioeconómico, dieta rica en grasas y obesidad.
- Irradiación.
- Nuliparidad.
- Antecedentes personales de otros cánceres como el de ovario, endometrio, colon.
- Síndrome de Klinefelter.

- **Manifestaciones clínicas y diagnóstico**

El cáncer de mama puede presentarse de diversas maneras, desde casos asintomáticos detectables solo mediante estudios de imagen hasta enfermedades avanzadas como el carcinoma inflamatorio. Los signos pueden variar desde la presencia de tumores palpables y sin dolor, con un 30% de los casos mostrando ganglios linfáticos metastásicos palpables, hasta cambios en la piel como retracción, apariencia similar a la piel de naranja y ulceración, que a menudo se acompañan de ganglios linfáticos regionales y metástasis. El

carcinoma inflamatorio se caracteriza por un endurecimiento generalizado de la piel sin una masa claramente palpable. Presentaciones menos frecuentes abarcan lesiones eczematosas en el pezón asociadas a la enfermedad de Paget, secreción serohemática por el pezón y presencia de ganglios linfáticos axilares metastásicos sin tumor mamario detectable al tacto. El diagnóstico se establece mediante una combinación de historia clínica, examen físico, pruebas radiológicas y biopsias [11].

- **Patología**

Alrededor del 20% de la patología mamaria corresponde a tumores benignos, sin embargo, ante los casos de malignidad del restante 80% de los tumores, el 70-85% corresponden a carcinomas infiltrantes (invasores), que se caracterizan principalmente por la presencia de masas palpables durante el examen médico, o por zonas de densidad irregular y bordes poco definidos en la mamografía. El 15-30% restante son carcinomas in situ, que son tumores malignos localizados exclusivamente en el interior de los lobulillos o los conductos de la mama, sin infiltración en los tejidos circundantes. Estos carcinomas in situ se manifiestan particularmente como microcalcificaciones irregulares y de pequeño tamaño en la mamografía, y no son detectables mediante inspección visual o palpación del tejido afectado. Además, aproximadamente el 80% de los tumores malignos tienen su origen en las células epiteliales que recubren los conductos galactóforos (origen ductal), mientras que el 20% restante se origina en las células epiteliales especializadas de los lobulillos galactóforos[4].

- **Clasificación Anatomopatológica de Tumores**

#### **Tumores No Invasivos**

- **Carcinoma Intraductal In Situ:** Conocido también como carcinoma ductal in situ, es un tipo de cáncer donde las células cancerosas están contenidas dentro de los conductos mamarios y no han invadido tejido adyacente [16].
- **Carcinoma Lobulillar In Situ:** Se encuentra en los lóbulos de la glándula mamaria y, aunque no es un cáncer invasivo, indica un riesgo incrementado de desarrollar cáncer invasivo en el futuro [16].

#### **Tumores Invasivos**

- **Ductal Infiltrante o Canalicular Invasor:** Este es el tipo más frecuente de cáncer de mama, representando entre el 70 y el 80% de todos los casos. Se caracteriza por la

capacidad de las células cancerosas de invadir tejidos circundantes fuera de los conductos [16].

- **Lobulillar Invasivo:** Representa alrededor del 10% de los casos. En este tipo, las células cancerosas se diseminan desde los lóbulos mamarios y pueden propagarse a otros tejidos cercanos [16].

- **Estudio Histológico**

La histología estudia estructuras microscópicas de tejidos de animales y plantas, no solo incluye la estructuramicroscópica de tejidos, sino también de células, órganos y sistemas. Es a partir de la invención delmicroscopio se han examinado y analizado diversos tejidos celulares con mucho más detalle a como se realizaba en la antigüedad [17].

Siendo conscientes de la importancia del microscopio y los grandes avances tecnológicos, parece razonable afirmar que con solo el hecho de observar estructuras desde herramientas como el microscopio se llevan a cabo análisis histológicos aceptados y bien realizados por la comunidad científica. Por el contrario, este procedimiento lleva una complejidad mucho mayor, dado que la manipulación de especímenes si se presentan cambios después de que las células y tejidos cambian su habitad natural [18].

El proceso mediante el cual se preparan las células, tejidos que provienen de seres vivos, para poder realizarlo, corresponde a:

- **Toma de muestras:** Una de las formas por las que se obtienen muestras de tejidos para ser observados en microscopio es mediante biopsia, que consiste en tomar un fragmento de tejido del ser vivo mediante una operación quirúrgica y por medio de necropsias que son muestras de seres muertos tomadas inmediatamente después del deceso [19].
- **Fijación:** Es un procedimiento que tiene como fin, detener la vida de células e impedir modificaciones manteniendo la morfología de las estructuras y tejidos. Todo esto es posible con la inmovilización de moléculas proteínicas, este proceso se realiza por medio de agentes químicos llamados fijadores [19], los cuales tienen características propias para detener procesos biológicos y el deterioro de tejidos.
- **Inclusión:** En este proceso de fijación se obtienen consistencias y durezas características deltejido, no obstante, se requiere secciones muy delgadas para ser observadas, esto se logrará con sustancias denominadas de inclusión, las cuales

permiten realizar cortes muy delgados a los tejidos [19].

- **Corte o microtomía:** Una vez que la parafina se ha solidificado y tiene la consistencia adecuada, entonces el tejido está listo para cortarse. Las rebanadas de tejido que se deben obtener para que la muestra permita el paso de la luz del sistema óptico del microscopio deben tener en promedio un espesor de 5-10 micrómetros. Los cortes se obtienen con el micrótomo, que es el instrumento que permite obtener estas rebanadas tan delgadas [20].
- **Desparafinización:** Los cortes deben ser desparafinizados, ya que los colorantes no son miscibles en la parafina y sería imposible teñirlos, por lo que es preciso realizar el proceso inverso: se emplean agentes aclarantes para que reemplacen a la parafina. Tales agentes confieren también transparencia al corte. [20].
- **Rehidratación:** Ahora en el corte los espacios están ocupados por agentes aclarantes, los cuales deben ser reemplazados por alcohol y al final con agua. En este proceso el corte se somete a la rehidratación mediante la inmersión en alcohol en concentración decreciente [20].
- **Tinción:** Los cortes, al ser tan delgados y al haber pasado por el agente aclarante, son totalmente transparentes. A fin de diferenciar estructuras, se tiñen para conferirles contraste. Los cortes pueden ser coloreados con tinciones monocromáticas, bicromáticas o tricromáticas. Este apartado se ampliará más adelante [20].
- **Montaje:** Una vez que el corte ha sido teñido, debe ser protegido para que se conserve. A cada corte se le coloca resina sintética (transparente) y un cubreobjetos [20].

De lo anterior, se establece la clasificación del cáncer de mama según el grado histológico de la siguiente manera:

- **Grado I:** Bien diferenciado.
- **Grado II:** Moderadamente diferenciado.
- **Grado III:** Mal diferenciado.

### 3.2 Clasificación de imágenes

La clasificación de imágenes en el ámbito médico implica el uso de tecnología avanzada para etiquetar imágenes histológicas, identificando tipos específicos de cáncer. A través de algoritmos de aprendizaje automático, se analizan estas imágenes para detectar patrones que indiquen la presencia de la enfermedad, este enfoque permite una identificación rápida y

precisa, esencial para diagnósticos tempranos y tratamientos efectivos, transformando significativamente el proceso de detección del cáncer hacia una mayor eficiencia y precisión.

### **3.2.1. Tecnologías Actuales**

- **TensorFlow**

TensorFlow es una herramienta de aprendizaje profundo creada por Google, inicialmente como DistBelief en 2011 y luego evolucionada a su forma actual en 2015. Es única porque, además de funcionar con los procesadores y tarjetas gráficas comunes, también funciona con unas unidades especiales llamadas TPUs (Unidades de Procesamiento Tensorial). Google diseñó estas TPUs específicamente para mejorar el aprendizaje de las máquinas en tareas complejas como las que se realizan en Google Search o Google Photos. Por ejemplo, se ha informado que una sola TPU puede manejar más de 100 millones de imágenes al día. Aunque todavía no están disponibles para el público, las TPUs hacen que TensorFlow sea especialmente poderoso y rápido comparado con otras herramientas similares.

Otro aspecto interesante de TensorFlow es TensorBoard, una herramienta de visualización que facilita a los usuarios entender y monitorear cómo las máquinas aprenden durante el entrenamiento. Esto es especialmente útil porque configurar y entender redes neuronales profundas puede ser bastante complicado [21].

- **KERAS**

KERAS es una biblioteca de aprendizaje profundo de código abierto escrita en Python. Proporciona una interfaz de alto nivel para crear y entrenar modelos de aprendizaje profundo en diferentes plataformas, como TensorFlow, Microsoft Cognitive Toolkit (CNTK) y Theano. KERAS facilita la creación de redes neuronales artificiales, permitiendo que los desarrolladores se centren en el diseño y la experimentación de modelos en lugar de preocuparse por la implementación de bajo nivel. KERAS cuenta con una gran comunidad de usuarios y ha sido ampliamente adoptado en la industria y la academia debido a su facilidad de uso y flexibilidad [22].

- **Aprendizaje automático**

Una de las grandes intrigas que ha interesado a la humanidad es identificar y conocer como

sucedan las cosas a nuestro alrededor y que factores influyen, en la era digital actual basada en el consumo de recursos y la generación de grandes cantidades de datos a través de dispositivos y avances tecnológicos que hacen uso del internet (IoT) Internet de las cosas, ha permitido enfocar la mirada actual al aprendizaje automático, el cual se ha convertido en una herramienta esencial para optimizar y tomar decisiones en base a lo que los datos plasman.

El aprendizaje automático también conocido como Machine Learning está impactando todos los sectores económicos, políticos y sociales dado que logra solucionar diversos problemas que desde épocas anteriores era difícil abordar, todo esto es posible gracias a los avances en procesamiento computacional que cada vez mejoran y permiten obtener mejores algoritmos y modelos que procesan grandes volúmenes de datos.

En el aprendizaje automático existen dos categorías muy importantes: el aprendizaje supervisado y el aprendizaje no supervisado. En el aprendizaje estadístico supervisado llamado así por [23] se busca diseñar un modelo estadístico que permita estimar o predecir una salida basada en una o más datos de entrada, mientras que el aprendizaje estadístico no supervisado se centra en descubrir patrones ocultos en conjuntos de datos sin etiquetas, algoritmos que permiten segmentar y organizar datos en categorías.

Existe otro tipo de aprendizaje ampliamente utilizado, se trata del aprendizaje por refuerzo, este se ocupa de encontrar acciones adecuadas entre agentes para tomar situaciones adecuadas basada en recompensas [24], considerando los objetivos del presente trabajo de grado se hace necesario abordar temas relacionados con las redes neuronales.

- **Redes Neuronales**

Con el avance de la capacidad de procesamiento computacional, las redes neuronales han adquirido una importancia significativa en la actualidad. Han transformado la inteligencia artificial al posibilitar la creación de modelos capaces de aprender de manera rápida y eficaz, esto resulta especialmente beneficioso en todas las áreas del conocimiento y demás donde existan datos para ser procesados especialmente donde el procesamiento de datos a gran escala es un enfoque de interés.

Las redes neuronales utilizan actualmente en una amplia variedad de aplicaciones, desde motores de búsqueda hasta sistemas de seguridad, y continuarán explorando nuevas utilidades a medida que avance la tecnología. Su empleo cada vez mayor en distintos

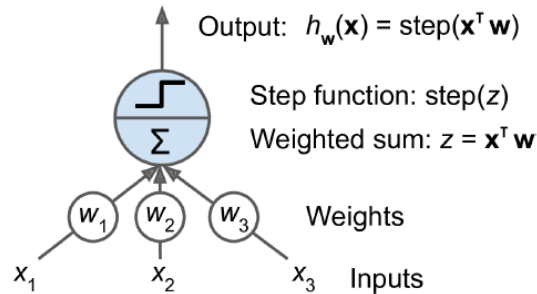
ámbitos ha sido facilitado por el aumento en la capacidad de procesamiento computacional de la actualidad, este último es la razón por la cual se han podido entrenar multitudes de modelos capaces de aprender de manera rápida y eficaz.

El nivel de complejidad y profundidad de una red neuronal para tratar tareas complejas y grandes conjuntos de datos ha permitido diferenciar una red neuronal y el Deep Learning, una red neuronal está basado en la estructura y funcionamiento del cerebro humano (redes neuronales biológicas) y consiste en "una serie de nodos interconectados que procesan información y se comunican entre sí para realizar tareas específicas" [25]. En otras palabras, las redes neuronales artificiales intentan simular el comportamiento de las redes neuronales biológicas, la complejidad y extensión de estas connotan la definición de lo que se le denomina aprendizaje profundo que es "una técnica avanzada de aprendizaje automático que utiliza redes neuronales profundas para analizar grandes cantidades de datos y extraer patrones complejos" [26].

En el campo del aprendizaje profundo (Deep Learning), se han desarrollado diversos modelos y arquitecturas especializadas para solucionar problemas de muchas áreas, algunas de estas son:

- **Procesamiento del Lenguaje Natural (NLP):** Evolucionan usando técnicas de aprendizaje automático permitiendo aprender y adaptarse al lenguaje humano.
- **Transformers:** Modelos como BERT, GPT-3 y T5 han revolucionado el procesamiento del lenguaje natural mejorando la comprensión del contexto y la generación de texto.
- **LSTMs:** Este tipo de arquitecturas de redes neuronales recurrentes son utilizadas en tareas de secuencias de texto para capturar dependencias a largo plazo, así mismo son muy utilizadas para el campo de series de tiempo al capturar información temporal.
- **Redes Neuronales Convolucionales (CNN):** Las CNN son ampliamente utilizadas en tareas de visión artificial como clasificación de imágenes, detección de objetos y segmentación semántica.

Considerando el comportamiento y capacidad de aprendizaje de las redes neuronales artificiales, es claro que siguen una estructura basada en la combinación de muchas unidades básicas denominadas perceptrones. El perceptrón es el modelo de red neuronal más básico y fue introducido por Frank Rosenblatt en 1957 [27], consiste en una única neurona con múltiples entradas y una única salida. Una representación visual que permite caracterizar al perceptrón es por medio de la siguiente figura:



**Figura 1:** El Perceptrón. Obtenido de [28].

La **Figura 1** representa un perceptrón, uno de los modelos más simples y fundamentales en el campo de las redes neuronales artificiales, el cual fue diseñado para tareas de clasificación binaria. Los componentes involucrados en esta son:

- **Entradas (Inputs):** Son las características o variables independientes que se introducen en el perceptrón. En este caso, el perceptrón tiene tres entradas ( $x_1, x_2, x_3, x_4$ ).
- **Pesos (Weights):** Cada entrada tiene un peso asociado ( $w_1, w_2, w_3, w_4$ ). Estos pesos determinan la importancia de cada entrada en la decisión final del perceptrón.
- **Suma Ponderada (Weighted sum):** Las entradas multiplicadas por sus respectivos pesos se suman. Esto matemáticamente se expresa como  $z = \mathbf{X}^T \mathbf{W}$  donde  $\mathbf{X}^T$  es el vector de entradas y  $\mathbf{W}$  es el vector de pesos. Matemáticamente se puede expresar como:

$$z = w_1 x_1 + w_2 x_2 + w_3 x_3$$

La función de activación (Step Function), La suma ponderada  $z$  pasa a través de la función de activación, esn este caso por medio de la función escalón la cual devuelve 1 si  $z$  es mayor que un valor específico y 0 en otro caso diferente.

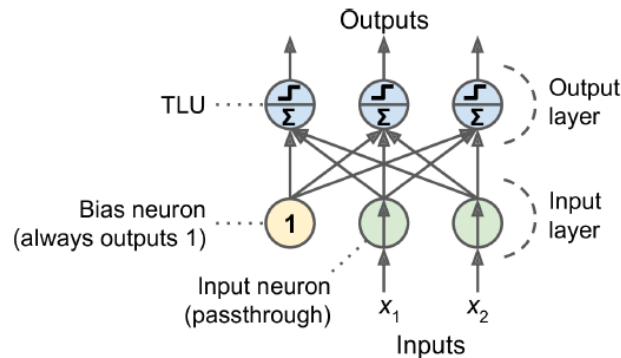
$$step(z) = \begin{cases} 1 & \text{si } z > 0 \\ 0 & \text{e. o. c} \end{cases}$$

La salida del perceptrón de la **Figura 1**, está determinado por  $h_w(\mathbf{x})$  y es el resultado de la función de activación aplicada en la suma ponderada:

$$h_w(\mathbf{x}) = step(\mathbf{X}^T \mathbf{W})$$

El perceptrón sienta las bases para arquitecturas mucho más complejas y da inicios a lo que comúnmente se le denomina perceptrón multicapa. La siguiente imagen representa la

arquitectura de un perceptrón con dos neuronas de entrada y tres de salida. Adicionalmente, cuando todas las neuronas de una capa están conectadas a cada neurona de la capa anterior (es decir, sus neuronas de entrada), la capa se denomina capa completamente conectada o capa densa [28].



**Figura 2:** Arquitectura de un perceptrón con dos neuronas de entrada. Obtenido de [28].

La **Figura 2**, representa la arquitectura de una red con una capa densa y clasifica instancias en tres diferentes clases binarias. Ahora bien, veamos cada componente:

- **Capa de entrada:** Está caracterizada por las neuronas de entrada ( $x_1, x_2$ ) y una neurona de sesgo. Estas neuronas solo pasan los valores de entrada a la siguiente capa.
- **Capa de salida:** En esta existen 3 neuronas en la capa de salida. Cada una de estas neuronas realiza una combinación lineal de las entradas, aplica una función de activación y produce una salida.
- **TLU:** Una TLU (Threshold Logic Unit) funciona de manera similar a una neurona biológica, realizando la suma ponderada de entradas y aplica una función de activación que asigna una salida binaria [28].

La arquitectura consta de una capa completamente conectada (o capa densa) donde cada neurona de la capa actual está conectada a todas las neuronas de la capa anterior. El cálculo de las salidas de esta capa se realiza mediante la siguiente fórmula, desarrollada en [28]:

$$h_{W,b}(X) = \phi(XW + b)$$

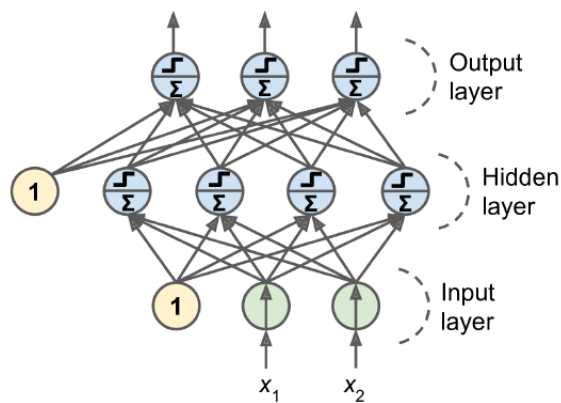
- **X** es la matriz de entradas de la capa actual, cada fila de **X** representa un vector de característica.

- La matriz de pesos  $\mathbf{W}$  contiene todos los pesos de las conexiones. En otras palabras, cada columna de  $\mathbf{W}$  representa los pesos asociados a una neurona de la capa actual.
- El vector de bias  $\mathbf{b}$  contiene todos los pesos de conexión entre la neurona de bias y las neuronas artificiales, cada elemento de  $\mathbf{b}$  es el sesgo asociado a una neurona de la capa actual.
- La función  $\phi$  se llama función de activación y se aplica a la suma ponderada  $\mathbf{XW} + \mathbf{b}$ , existen muchas funciones de activación, se observarán en siguientes apartados del presente trabajo de grado.

Finalmente se tiene que:

- La expresión  $h_{\mathbf{W},\mathbf{b}}(\mathbf{X})$ , representa las salidas de las neuronas de cada capa actual.

Consideremos el hecho de caracterizar una arquitectura con más capas, véase la **Figura 3**, la cual presenta una adicional a la anterior. Esta cuenta con una capa de entrada (Input Layer) que recibe la información por medio de dos neuronas ( $x_1, x_2$ ), una capa oculta denominada (Hidden Layer) que es intermedia y procesa las entradas, finalmente cuenta con una capa de salida (Output Layer) que produce la salida de la red, en la imagen esta capa tiene varias neuronas que producen los valores de salida de la red.

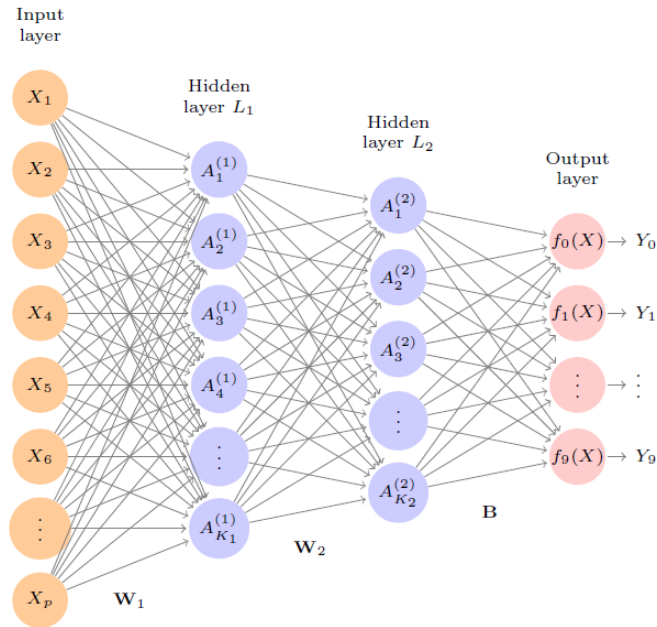


**Figura 3:** Arquitectura de un Perceptrón Multicapa. Obtenido de [28].

Las conexiones de la arquitectura están representadas por líneas, cada conexión tiene un peso asociado y este peso se va ajustando a medida que se va entrenando la red. Una característica interesante es que cada capa oculta está conectada con todas las neuronas de la capa oculta y seguidamente todas las neuronas de la capa oculta con las neuronas de la capa de salida (son capas densas). Cada neurona (excepto las de sesgo) aplican una función de activación a la suma ponderada de sus entradas.

La representación visual de la arquitectura muestra por medio de flechas las direcciones en la

cual la información fluye o en términos más comunes se “propaga”, pasando por cada capa oculta hasta llegar a la capa de salida. Es de esta forma que se ha caracterizado una arquitectura que ayuda a comprender los aspectos más significativos básicos del objeto de estudio del presente trabajo de grado, e inicia la caracterización de nuevos términos adyacentes en este camino.



**Figura 4:** Arquitectura de un Perceptrón Multicapa. Obtenido de [29].

Considérese la **Figura 4** que muestra una notación de la arquitectura donde el input está formado por un vector de  $p$  variables  $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_p)$  y constituye una función no lineal para predecir una respuesta  $\mathbf{Y}$  [29]. El modelo tiene la forma:

$$f(\mathbf{x}) = w_0 + \sum_{k=1}^K w_k h_k(\mathbf{x})$$

$$f(\mathbf{x}) = w_0 + \sum_{k=1}^K w_k \varphi_1 \left( w_{k0} + \sum_{j=1}^p w_{kj} x_j \right)$$

Donde  $K$  hace referencia a las  $A_k$  activaciones donde  $k=1, 2, \dots, K$ .

$$A_k = h_k(\mathbf{x}) = \varphi_1 \left( w_{k0} + \sum_{j=1}^p w_{kj} x_j \right)$$

Ahora bien, para la expresión matemática de la arquitectura presentada en la **Figura 4**.

considérese las capas ocultas 1 y 2:

$$A_k^{(1)} = \varphi_1 \left( w_{k0}^{(1)} + \sum_{j=1}^p w_{kj}^{(1)} x_j \right) \quad \text{donde } k = 1, 2, \dots, K_1$$

Para la segunda capa oculta se tiene:

$$A_l^{(2)} = \varphi_2 \left( w_{l0}^{(2)} + \sum_{k=1}^{K_1} w_{lk}^{(2)} A_k^{(1)} \right) \quad \text{donde } l = 1, 2, \dots, K_2$$

En consecuencia:

$$f(x_i) = \varphi_2 \left( w_{i0}^{(2)} + \sum_{k=1}^{K_1} w_{ik}^{(2)} \varphi_1 \left( w_{k0}^{(1)} + \sum_{j=1}^p w_{kj}^{(1)} x_{ij} \right) \right) \quad \text{donde } k = 1, \dots, K_1 ; i = 1, \dots, K_2$$

Luego [29] permite establecer:

$$f(x_i) = w_0 + \sum_{k=1}^K w_k^{(2)} \varphi_1 \left( w_{k0}^{(1)} + \sum_{j=1}^p w_{kj}^{(1)} x_{ij} \right) \quad \text{donde } k = 1, \dots, K \quad \text{y } i = 1, \dots, n$$

En esta expresión,  $\varphi_2$  y  $\varphi_1$  son las funciones de activación para las capas de salida y oculta respectivamente.

### Funciones de activación.

Las funciones de activación son un elemento imprescindible en el funcionamiento de redes neuronales. Estas funciones se aplican a la suma ponderada de las entradas que recibe cada neurona, determinando si esta se activará o no se activará y en qué grado. Las funciones de activación más usadas son La función paso, La Sigmoide, la Tangente Hiperbolica, La ReLU, etc. Ver la **Figura 5**:

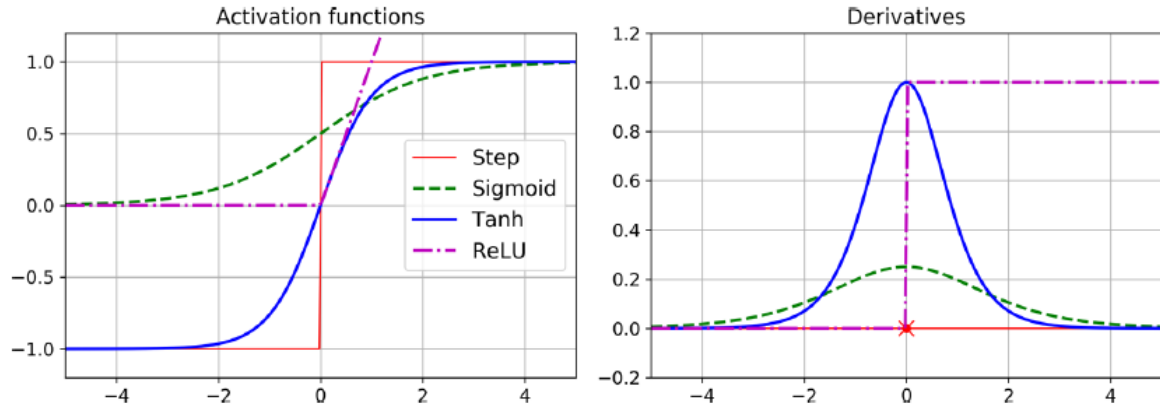


Figura 5: Funciones de Activación. Obtenido de [28].

- **Función Sigmoide:** También es conocida como logística.

$$\sigma(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$$

- **Función Tangente Hiperbólica (Tanh):**

$$\tanh(x) = \frac{\sinh(x)}{\cosh(x)} = \frac{e^x - e^{-x}}{e^x + e^{-x}}$$

- **Función ReLU (Rectified Linear Unit):** Conocida como Unidad rectificada Lineal.

$$\text{ReLU}(x) = \max(0, x)$$

- **Función paso (step):**

$$\text{step}(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x > 0 \\ 0 & \text{e. o. c} \end{cases}$$

- **Softmax:** Se le conoce también como función exponencial normalizada y es usada en contextos de clasificación multiclase.

$$\text{softmax}(x) = \frac{e^{x_k}}{\sum_{l=1}^k e^{x_l}}$$

Durante el proceso de entrenamiento de las redes neuronales, se usan algoritmos de aprendizajes basados en gradientes, específicamente se usa el backpropagation que requiere calcular gradientes de la función de pérdida (o error) con respecto a parámetros de la red (pesos y sesgos entre las relaciones de las neuronas). Aquí en este proceso es importante considerar las derivadas

de las funciones de activación ya que permiten calcular de forma eficiente este proceso de aprendizaje. "el cálculo de los gradientes a través de la red neuronal depende fundamentalmente de las derivadas de las funciones de activación aplicadas en cada neurona" [26].

### **Función de costo**

El funcionamiento del costo o función de costo (loss) en redes neuronales es esencial en el proceso de entrenamiento de la red neuronal, dado que indica cómo bien la red funciona en relación con sus valores reales. A la función de costo también se le denomina la función de pérdida y es la que calcula la distancia entre el valor real y el valor predicho. En otras palabras, evalúa la cantidad de errores que comete la red al hacer predicciones.

En la mayoría de los casos, la función de costo devuelve valores positivos; a medida que el valor de costo se acerca a cero, las predicciones de la red son más precisas, lo que traduce a que un error menor implica mejores predicciones, en otras palabras, el valor de costo es cero cuando las predicciones se corresponden exactamente con el valor real.

### **Aprendizaje de una red neuronal**

El proceso por el cual una red neuronal artificial modifica sus pesos y parámetros internos utilizando datos de entrenamiento se conoce como aprendizaje en una red neuronal. Este proceso posibilita a la red neuronal artificial realizar tareas como el clasificar imágenes, reconocer voz y predecir valores numéricos, etc.

Aunque hay muchas formas diferentes de enseñar a una red neuronal, el más común es el de proporcionar a la red Neuronal datos de entrada y las respuestas correctas correspondientes. En modelos de aprendizaje supervisado el método más utilizado ajusta pesos y sesgos en la red durante el entrenamiento, es denominado backpropagation y calcula errores entre la salida predicha y salida real del modelo [26]. Considerando lo anterior, este procedimiento calcula el error y luego lo propaga hacia atrás a través de la arquitectura de la red para poder ajustar repetidamente los pesos en la red.

Adicionalmente, uno de los algoritmos más famosos en este proceso de optimización y usado en conjunto con el backpropagation es el método de gradiente descendiente, este algoritmo según [26] permite minimizar la función de costo, actualizando parámetros en la dirección opuesta al gradiente de la función. Adicionalmente especifica que la tasa de aprendizaje determina el tamaño de los pasos para alcanzar el mínimo local.

Hay variantes del descenso del gradiente que difieren en la cantidad de datos usados para calcular el gradiente de la función de costo y a su vez permitir hacer un entrenamiento mucho más eficiente computacionalmente hablando, entre estos se tienen:

- **Descenso de gradiente por lotes (comúnmente llamado Batch gradient descent):** La característica más importante de esta variante, es el cálculo del gradiente de la función de costo para los parámetros y usando todo el conjunto de datos de entrenamiento [26]. En otras palabras, usa todas las muestras para hacer el cálculo del error y posteriormente hacer la actualización de pesos en la red. El entrenamiento usando este esquema también se le denomina entrenamiento por batch o por lotes.
- **Gradiente Descendiente Estocástico:** Consiste en usar una muestra para actualizar todos los pesos.
- **Descenso del gradiente por mini lotes:** Esta toma lo mejor de los anteriores, divide el conjunto de datos en subconjuntos denominados mini-lotes y se realiza una actualización para cada mini lote.

## Redes Convolucionales

Este tipo de redes también se le conocen como redes neuronales convolucionales o CNN (Convolutional Neural Networks) y son redes especializadas para procesar imágenes. El uso de este tipo de redes ha tomado relevancia y su nombre convolucional radica en el empleo de una operación matemática llamada convolución [26]. Este tipo de redes es actualmente usado en el campo de visión artificial abstraen información espacial para extraer características visuales, aspecto destacable en el presente trabajo de grado.

Una definición formal de la convolución está denotada por:

- **Definición:** Sean  $f, g$  funciones, la convolución de  $f, g$  se denota por  $f * g$  y se define así:

$$(f * g)(t) = \int_{-\infty}^{\infty} f(k)g(t - k)dk$$

En terminología de redes convolucionales, el primer argumento “ $f$ ” de la convolución es denominado entrada y el segundo denotado por “ $g$ ” como núcleo, es común llamar al resultado mapa de características [26].

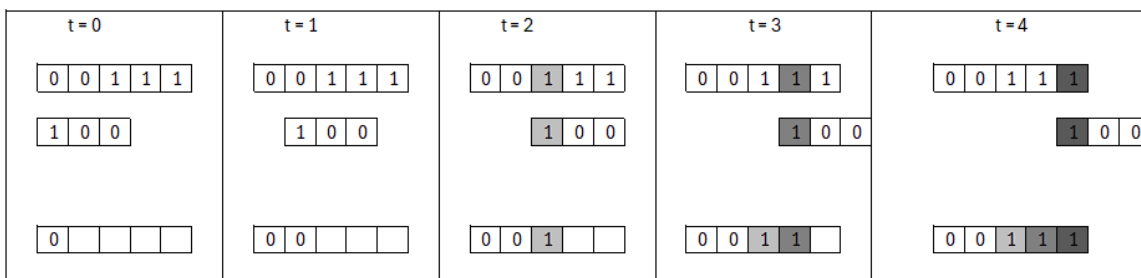
Para el caso discreto, ha de considerarse que  $t$  puede tomar solo valores enteros, ahora bien, si  $f,$

$g$  están definidos en el mismo número  $t$ , se tiene:

- **Definición:** Sean  $f, g$  funciones definidas en el conjunto de los enteros, la convolución discreta de  $f * g$  se define como:

$$(f * g)(t) = \sum_{i=-\infty}^{\infty} f(t)g(t + i)$$

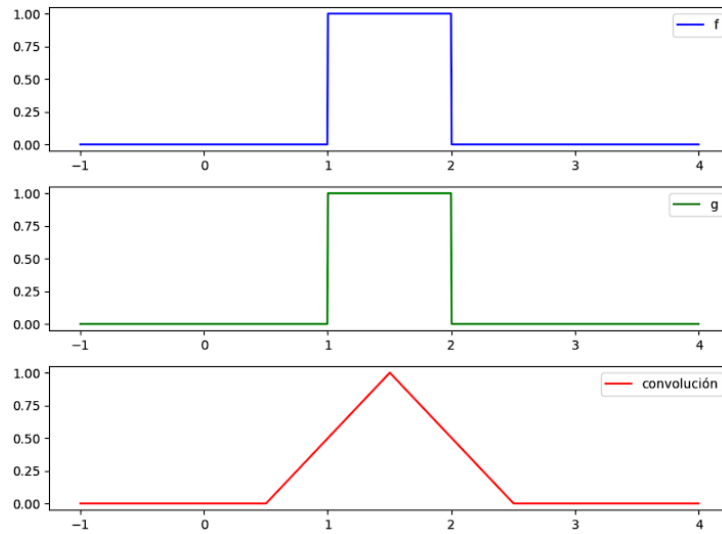
Internamente lo que hace la operación convolución en una red neuronal es extraer características visuales de las imágenes aplicando conjunto de filtros. Obsérvese el siguiente ejemplo, donde se logra identificar que cada paso de convolución es una multiplicación elemento por elemento de valores y una suma de elementos resultantes.



**Figura 6:** Un ejemplo de convolución. Fuente propia.

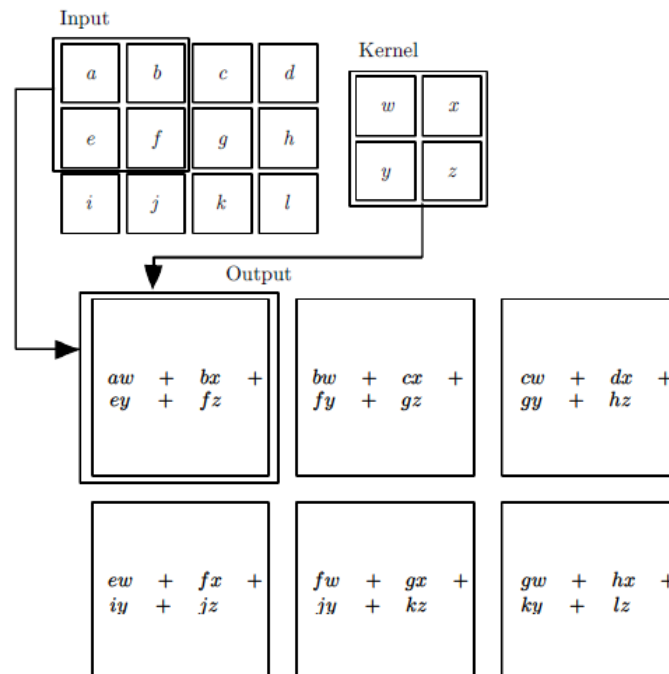
En la **Figura 6**, se logra observar una línea de valores denominada entrada  $s:(0,0,1,1,1)$  y un filtro de tamaño 3 caracterizado por  $f:(1,0,0)$ , cuando  $t=1$ , el valor de la convolución está determinada por  $(0,0, , , )$ , a medida que el filtro se traslada una unidad los valores coincidentes del filtro con  $s$ , se multiplican y suman generando la convolución. Véase cuando  $t=4$  en la **Figura 6** donde se representa la convolución (o mapa de características) por  $s:(0,0,1,1,1)$ .

Para el caso continuo se tiene la siguiente **Figura 7**, en la cual se observan dos funciones:  $f, g$ . Aquí  $f$  hace referencia a la función de entrada y la función  $g$  al núcleo. A medida que  $g$  se traslada se calcula el área entre las funciones, resultando la función denominada convolución.



**Figura 7:** Un segundo ejemplo de convolución. Fuente propia.

Para el caso de una convolución 2D se considera la siguiente **Figura 8**, la cual representa el paso de un filtro (kernel) de tamaño 2x2 sobre una entrada 3x4 (en el ámbito de imágenes histológicas denominado como parche o imagen R, G, B). Esta operación interna del filtro 2x2 sobre los píxeles genera un mapa de activación de tamaño 2x3 y es el resultado de desplazar el filtro en el input a una unidad, a esto se le denomina generalmente stride.



**Figura 8:** Un ejemplo de convolución 2-D. Obtenido de [26].

Para el caso de una imagen con tres canales (R, G, B) se tiene la **Figura 9**, donde se representa

una arquitectura básica de red convolucional (CNN), aquí se evidencia una imagen de histología del presente trabajo de grado, esta arquitectura tiene las siguientes características:

- **Entrada (Input):** La entrada a la arquitectura son imágenes histológicas con tres canales, cada canal representa una característica específica de la imagen. Ha de considerarse que estos parches de imágenes son de tamaño  $100 \times 100$  pixeles.
- **Primera capa convolucional:** Un filtro al ser una pequeña representación que se desliza sobre la entrada (imagen histológica) extrae características relevantes y las condensa en una capa denominada mapa de activación. En la **Figura 9** se observa en el índice (B) 4 nuevas capas de tamaño  $100 \times 100$ , esto indica que se usaron 4 filtros que detectan patrones específicos generando cuatro canales diferentes, en otras palabras, se usan 4 filtros de tamaño  $10 \times 10$  que generan 4 mapas de activación. Una notación a esta visualización está determinada por:

$$W_1[10,10,1,4] \text{ stride } 1$$

$W_1[10 : \text{Largo filtro}, 10 : \text{Ancho filtro}, 3 : \text{Canales(RGB)}, 4 : \text{mapas activacion}] \text{ con stride } 1$

- **Segunda capa convolucional:** Esta capa convolucional está representada por 8 mapas de activación de tamaño  $50 \times 50$ , esto significa que se han usado 8 filtros de tamaño  $10 \times 10$  en la capa anterior para generar los 8 mapas de activación, el tamaño de los mapas de activación  $50 \times 50$  es el resultado de usar un stride de tamaño 2, la notación de la representación está dada por:

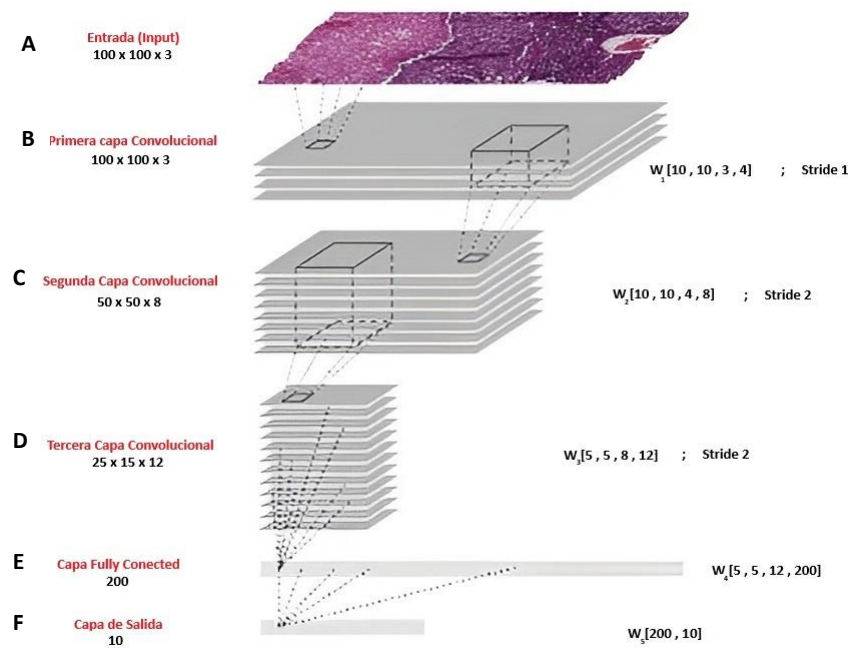
$$W_2[10,10,4,8] \text{ stride } 2$$

$W_2[10 : \text{Largo filtro}, 10 : \text{Ancho filtro}, 4 : \text{\#mapas act. capa anterior}, 4 : \text{mapas activacion}] \text{ con stride } 2$

- **Tercera capa convolucional:** En la **Figura 9** presentada, se observan 12 capas de activación de tamaño  $25 \times 25$ , esta cantidad de mapas de activación indican el uso de 12 filtros de tamaño  $5 \times 5$  en la segunda capa convolucional. El pasar de mapas de tamaño  $50 \times 50$  a  $25 \times 25$  indica el uso de un stride 2.

$$W_3[5,5,8,12] \text{ stride } 2$$

$W_3[5 : \text{Largo filtro}, 5 : \text{Ancho filtro}, 8 : \text{\#mapas act. capa anterior}, 12 : \text{mapas activacion}] \text{ con stride } 2$



**Figura 9:** Filtros y mapas de activación en imágenes histológicas. Fuente propia.

- **Capa fully conected:** Este es el paso de llevar toda la información de las capas convolucionales anteriores a un flatten, en esta representación la capa es de 200 neuronas conectadas y la elección de 200 neuronas es otro valor que destacar por el experto.

$$W_4[25,25,12,200]$$

$W_4[25$  : Largo mapas act , 25: Ancho mapas act , 12: #mapas act. capa anterior , 200: Neuronas]

- **Capa de Salida:** La salida de la capa convolutacional indica la cantidad de categorías que la red Convolutacional debe clasificar. Cada píxel en la salida representa la activación de un filtro en una posición específica, en este ejemplo la cantidad de neuronas de salida es 10.

$$W_5[200,10]$$

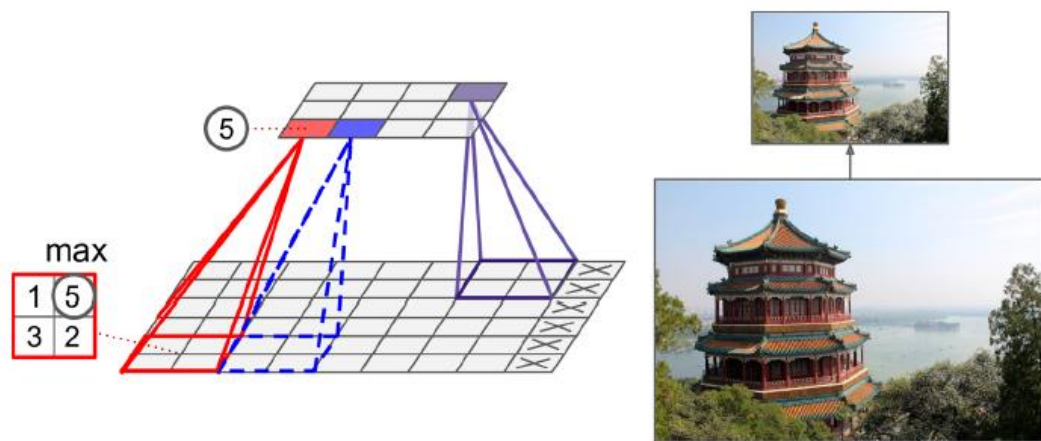
### Capas Pooling:

La técnica de max pooling es una operación comúnmente utilizada en las redes neuronales convolucionales (CNN) para reducir la dimensionalidad espacial de las características extraídas por las capas convolucionales [26] . Su funcionamiento y uso está en auge debido a las grandes mejoras de este tipo de estrategias para reducir complejidades de redes convolucionales.

La **Figura 10** muestra una capa max pooling, en este ejemplo se usa un filtro de tamaño 2x2 con

un stride de tamaño 1. La proyección de la capa max pooling en su mapa de activación está dado por el máximo valor del píxel (5) que fue captado por el campo receptivo de valores (1,5,3,2), este proceso de aplicar max pooling logra una reducción del tamaño de las representaciones, manteniendo las características más relevantes.

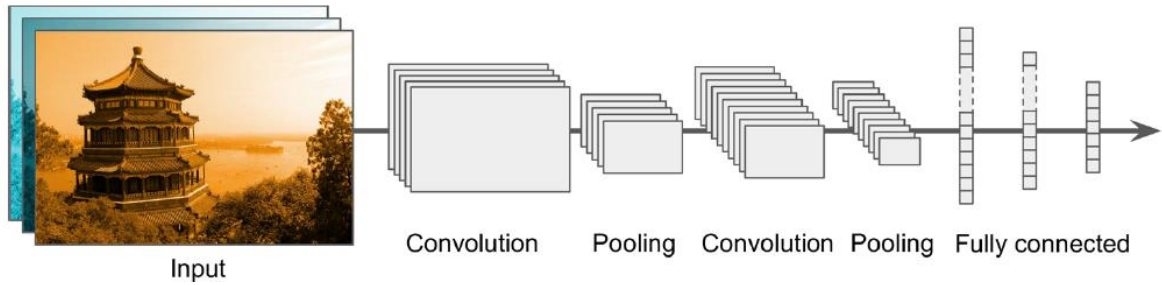
Lo anterior implica diversos beneficios, algunos de ellos son: la disminución del número de parámetros, la disminución en la complejidad computacional del modelo y sobre todo puede traducirse en una técnica para reducir el sobre ajuste. Algunas variantes de esta estrategia es el min pooling y el average pooling, estas toman el valor mínimo y promedio de las regiones receptoras por el filtro.



**Figura 10:** Max Pooling en redes convolucionales. Fuente [28].

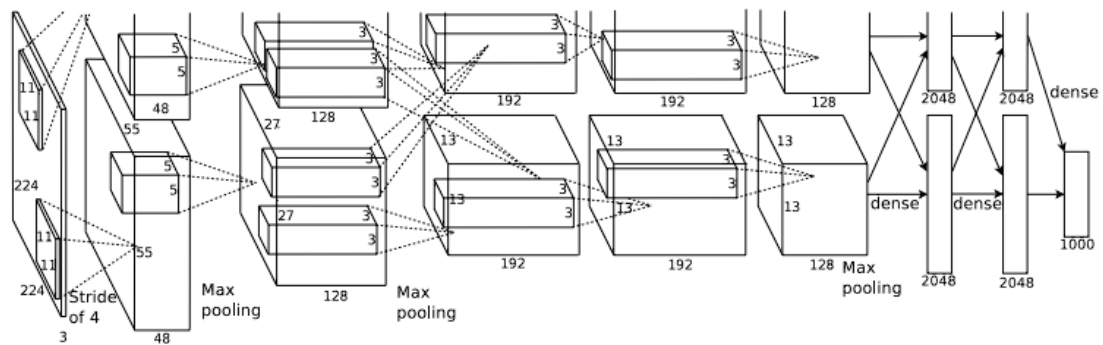
## Arquitecturas de Redes Convolucionales

En los apartados anteriores se ha descrito una red convolucional típica cuya arquitectura es muy similar a la presentada en la **Figura 11**, esta consta de 2 capas convolucionales que permite extraer características visuales de los datos (imágenes), dos capas pooling que reducen la dimensionalidad manteniendo las características más relevantes y tres capas totalmente conectadas (fully connected), que realizan la tarea de clasificación a medida que la red va avanzando suele volverse más profunda (con más características).



**Figura 11:** Arquitectura CNN Típica. Fuente [28].

La anterior arquitectura básica es la base de otras desarrolladas a lo largo de los años y que han repercutido en competencias como el caso de ImageNet que es un desafío a nivel mundial basado en estimar fotografías y se ha encargado de repercutir en este campo ayudando a dar visibilidad el desempeño de modelos de aprendizaje [10]. Una de las arquitecturas CNN más reconocidas es AlexNet y fue quien fue la ganadora en 2012, demostrando el potencial de estas metodologías a nivel mundial en el ámbito de reconocimiento de imágenes [11], véase **Figura 12**.



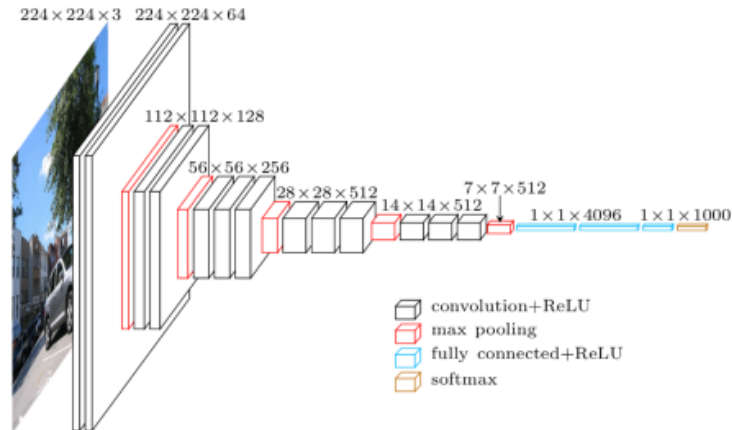
**Figura 12:** Arquitectura AlexNet. Fuente [30].

La arquitectura AlexNet constaba de:

- 5 capas convolucionales.
- 3 capas fully connected (densamente conectadas).
- Funciones de activación ReLU (Rectified Linear Unit) en todas las capas.
- Capas de max pooling después de algunas capas convolucionales.
- Normalización de respuesta local en las primeras capas convolucionales.
- Uso de dropout en las capas fully connected para evitar el sobreajuste.

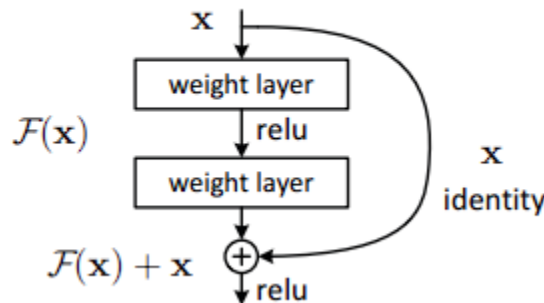
Una de las características más notorias en esta arquitectura fue el uso de GPU's para acelerar el entrenamiento de la red, ver [31]. Después de este gran logro en tareas de competencias de ImageNet surgían nuevos grupos con arquitecturas más innovadoras, como es el caso de VGG, que usó una red de profundidad con filtros de convolución muy pequeños 3x3 y filtros maxpooling

de tamaño  $2 \times 2$  con un stride igual a 2. La cantidad de parámetros entrenados fue 138 y 144 millones [32].



**Figura 13:** Arquitectura VGG. Fuente: [33].

El éxito de VGGNet ha impulsado el desarrollo de arquitecturas CNN aún más profundas y complejas, como ResNet.



**Figura 14:** Componente básico del Aprendizaje Residual. Fuente [34].

La principal innovación de ResNet radica en la incorporación de conexiones residuales "atajos" entre las capas de la red. Su objetivo se centraba en diseñar una red que no aprendiera secuencialmente desde  $x$  a  $H(x)$ , sino que aprendiera la diferencia llamada residual  $F(x)$  para luego adicionar el residual de entrada.

A diferencia de las redes, que exhiben un mayor error de entrenamiento a medida que aumenta la profundidad, los experimentos realizados en ImageNet muestran que las redes residuales extremadamente profundas son fáciles de optimizar y mejoran la precisión [34]. Este tipo de arquitecturas son ampliamente conocidas dado que han obtenido excelentes resultados en competencias a nivel mundial.

Algunas investigaciones que han sido importantes y han ganado reconocimiento en el ámbito investigativo para objetivos del presente proyecto se han clasificado en dos grandes grupos, las de carácter metodológico y las de carácter médico. En la primera clasificación de carácter metodológico se encuentran aquellas que su estructura de procesamiento se basa en clasificación de imágenes de histología para algún tipo de cáncer usando modelos de aprendizaje profundo o modelos de clasificación clásicos, entre estos se destaca el trabajo investigativo de [30] quien lleva el nombre “Breast cancer histopathological image classification using Convolutional Neural Networks”, el cual utiliza redes neuronales convolucionales para clasificar imágenes de histología de cáncer de mama en diferentes subtipos lográndose altos niveles de precisión en la clasificación [30]. Otra investigación en el campo es llamada [35] "Breast Cancer Classification Using Deep Learning Techniques on Histopathological Images" estos investigadores aplicaron redes neuronales convolucionales para clasificar imágenes de histología de cáncer de mama en diferentes etapas de la enfermedad. Al lograr una alta precisión en la clasificación de las imágenes, se ha catalogado en uno de los grandes trabajos en este campo [36].

Para mejorar la precisión y la objetividad del análisis de imágenes histopatológicas de mama (BHIA), los enfoques de redes neuronales artificiales (ANN) se utilizan ampliamente en las tareas de segmentación y clasificación de imágenes histopatológicas. En esta revisión, presentan una descripción general completa de las técnicas BHIA basadas en ANN. En primer lugar, clasificaron los sistemas BHIA en redes neuronales clásicas y profundas para una investigación en profundidad. Luego, presentaron los estudios relevantes basados en sistemas BHIA, para después, analizar los modelos existentes para descubrir los algoritmos más adecuados. Finalmente, proporcionaron conjuntos de datos de acceso público, junto con sus enlaces de descarga, para comodidad de los futuros investigadores [13].

### Métricas de Desempeño en Machine Learning

- **Accuracy:** Es una métrica utilizada para evaluar la eficacia de modelos en tareas de clasificación. Específicamente, el accuracy mide la proporción de predicciones correctas (tanto verdaderos positivos como verdaderos negativos) entre el total de casos examinados [21].
- **Precision:** La cercanía de mediciones repetidas (de la misma cantidad) entre sí [37].
- **Recall:** Mide la capacidad del modelo para encontrar todas las instancias relevantes en un conjunto de datos.
- **F1 Score:** Combina la precisión y la sensibilidad en una sola métrica que es el promedio armónico de ambas, es útil cuando se necesita un balance entre precisión y sensibilidad.
- **La matriz de confusión** es una herramienta que proporciona una representación detallada del desempeño de un modelo de clasificación. Indica el número de predicciones correctas

e incorrectas que hace el modelo, desglosadas por cada clase. La matriz es especialmente útil para entender cómo se comporta el modelo en términos de cada tipo de clasificación correcta e incorrecta (verdaderos positivos, falsos positivos, verdaderos negativos, falsos negativos) [21].

		True/Observed Class	
		Positive	Negative
Predicted Class	Positive	True Positive (TP) Count	False Positive (FP) Count
	Negative	False Negative (FN) Count	True Negative (TN) Count

**Figura 15:** Matriz de confusión simple para la tabulación de resultados de clasificación de dos clases. Fuente [21].

- **Verdadero Positivo (TP):** Número de casos donde el modelo predijo correctamente la clase positiva.
- **Falso Positivo (FP):** Número de casos donde el modelo predijo incorrectamente como positiva una clase que es negativa.
- **Falso Negativo (FN):** Número de casos donde el modelo predijo incorrectamente como negativa una clase que es positiva.
- **Verdadero Negativo (TN):** Número de casos donde el modelo predijo correctamente la clase negativa.

### Desajuste y sobreajuste:

Cuando hablamos de modelos de aprendizaje automático, nos referimos a su rendimiento y precisión, que se traducen en errores de predicción. Imagina que estamos diseñando un modelo de aprendizaje automático. Un buen modelo es aquel que puede generalizar correctamente cualquier nuevo dato de entrada dentro del dominio del problema. Esto nos permite hacer predicciones sobre datos futuros que el modelo nunca ha visto antes. Ahora, supongamos que queremos evaluar qué tan bien nuestro modelo de aprendizaje automático se desempeña al aprender y generalizar nuevos datos. Para hacerlo, debemos considerar dos conceptos clave: el sobreajuste y el desajuste. Estos son los principales responsables del bajo rendimiento de los algoritmos de aprendizaje automático [38].

## Underfitting

El underfitting ocurre cuando un modelo estadístico o un algoritmo de aprendizaje automático es, muy simple para capturar las complejidades de los datos, lo que resulta en un rendimiento deficiente tanto en los datos de entrenamiento como en los datos de prueba, es decir, un modelo con underfitting es inexacto, las principales razones para el underfitting son:

- **Modelo demasiado simple:** El modelo no puede representar adecuadamente las complejidades presentes en los datos.
- **Características inadecuadas:** Las características utilizadas para entrenar el modelo no reflejan correctamente los factores que influyen en la variable objetivo.
- **Tamaño insuficiente del conjunto de entrenamiento:** El conjunto de datos utilizado para entrenar el modelo es demasiado pequeño.
- **Regularización excesiva:** La regularización restringe al modelo y dificulta la captura efectiva de los datos.

Para abordar el problema del underfitting, se debe considerar modelos más complejos, mejorar la representación de características y reducir la regularización [39].

## Overfitting

El overfitting ocurre cuando un modelo no hace predicciones precisas en datos de prueba, esto sucede cuando el modelo se entrena con una cantidad excesiva de datos y aprende del ruido y las entradas inexactas en el conjunto de datos, las causas del overfitting son los métodos no paramétricos y no lineales, que pueden construir modelos poco realistas debido a su mayor libertad, para evitar el overfitting, se puede utilizar algoritmos lineales o ajustar parámetros como la profundidad máxima en árboles de decisión [38].

## Regularización

La regularización es una técnica en aprendizaje automático utilizada para reducir el overfitting en modelos predictivos, especialmente en situaciones donde el entrenamiento es muy ajustado a los datos de entrenamiento, pero no generaliza bien a nuevos datos [40]. Las formas más comunes de regularización son:

- **Dropout:** Se refiere a la técnica donde durante el entrenamiento, algunas neuronas son

aleatoriamente ignoradas o "apagadas". Esto ayuda a hacer el modelo más robusto, evitando que dependa demasiado de cualquier entrada individual y mejorando la generalización.

- **Regularización L1 y L2:** Estas son técnicas que modifican la función de pérdida durante el entrenamiento al añadir un término de penalización basado en los coeficientes del modelo [40].
  - **L1 (Regularización Lasso):** Añade un término de penalidad equivalente al valor absoluto de la magnitud de los coeficientes. Esto puede resultar en modelos donde algunos de los coeficientes pueden ser exactamente cero, lo que es útil para la selección de características [40].
  - **L2 (Regularización Ridge):** Añade un término de penalidad que es el cuadrado de la magnitud de los coeficientes. Esto tiende a distribuir el error entre todos los términos, pero no establece coeficientes a cero [40].

Estas técnicas ayudan a simplificar los modelos y a evitar el overfitting al añadir estos términos de penalización, lo que hace que los pesos de las características no sean demasiado grandes, lo que podría indicar un modelo demasiado ajustado a los datos de entrenamiento.

Considerando lo anterior, es necesario mencionar [41] una investigación que lleva el nombre "Breast Cancer Classification and Prognosis Using Support Vector Machines and Artificial Neural Networks" En este estudio, se compararon dos modelos de clasificación clásicos, Support Vector Machines (SVM) y Redes Neuronales Artificiales (ANN), para clasificar imágenes de histología de cáncer de mama. Se evaluaron diferentes características extraídas de las imágenes y se obtuvieron resultados prometedores. Aspectos claves para el desarrollo del presente proyecto.

En la segunda clasificación de antecedentes propuesta en el presente trabajo de grado se pretende caracterizar los aspectos clínicos más importantes a la hora de involucrarse en investigaciones sobre el cáncer. En este orden de ideas se hace necesario considerar trabajos de investigación como el desarrollado por, [36] el cual lleva el nombre "Tumor Classification in Breast Histopathology Images Using Texture feature analysis". Este estudio analiza las características de textura de las imágenes histológicas de tejido mamario para la segmentación y clasificación de tumores de mama. Utiliza técnicas de análisis de textura, como matrices de co-ocurrencia de niveles de gris (GLCM) y transformada de wavelet. Este trabajo involucra la rugosidad, homogeneidad y contraste, para identificar patrones distintivos en las imágenes histológicas.

Como tercera investigación de referencia tenemos el estudio adelantado por [42] aborda la

creación de un modelo basado en Aprendizaje Profundo (Deep Learning, DL) y redes neuronales convolucionales para ayudar en la detección precoz del cáncer de tipo melanoma. Este proyecto se motiva por la importancia de la detección temprana del cáncer para mejorar las tasas de supervivencia y la calidad de vida de los pacientes. Utiliza técnicas avanzadas de procesamiento de imágenes y aprendizaje automático, apoyándose en la transferencia de aprendizaje para mejorar la eficacia del modelo desarrollado, se concluye que el modelo tiene un porcentaje de predicción del 91.73%. No obstante, para enriquecer la investigación se hizo una recopilación de diferentes investigaciones.

NOMBRE DEL ARTÍCULO	AUTOR/AÑO	OBJETIVOS	METODOLOGÍAS UTILIZADAS	RESULTADOS
<b>Breast Cancer Dataset, Classification and Detection Using Deep Learning [43]</b>	Muhammad Shahid Iqbal, Waqas Ahmad, Roohallah Alizadehsani, Sadiq Hussain, Rizwan Rehman, 2022.	Revisar métodos computacionales y de patología digital para el diagnóstico de cáncer de mama, con un enfoque especial en aprendizaje profundo.	Revisión de datasets públicos relacionados con el diagnóstico de cáncer de mama y métodos existentes de aprendizaje profundo. Introducción de repositorios de código disponibles públicamente.	Se presentan desafíos actuales y direcciones futuras para el diagnóstico basado en aprendizaje profundo, introduciendo datasets y códigos fuente relacionado
<b>Breast Cancer Histopathological Images Segmentation Using Deep Learning [44]</b>	Wafaa Rajaa Drioua, Nacéra Benamrane, Lakhdar Sais, 2022.	Proporcionar dos enfoques para la segmentación semántica de imágenes histopatológicas de cáncer de mama, uno no supervisado utilizando un autoencoder y otro supervisado mejorando la arquitectura U-Net.	Utilización de un autoencoder para la segmentación no supervisada y una arquitectura mejorada de U-Net para la segmentación supervisada, evaluadas en un conjunto de datos públicos de imágenes histológicas de cáncer de mama.	Los métodos de segmentación presentados demostraron ser competitivos con métodos modernos, logrando medidas de desempeño como precisión, recall, precisión y puntaje F1 en niveles altos comparables a otros métodos avanzados.
<b>herramienta de código abierto para detección de cáncer de mama en imágenes histopatológicas [45]</b>	C. Perez, T. Vásquez, A. Mulet, C. Vásquez y P. Romero. 2022.	Desarrollar una herramienta de código abierto para la detección automática de cáncer de mama en imágenes histopatológicas.	Uso de técnicas de aprendizaje automático y aprendizaje profundo para procesar y analizar imágenes histopatológicas.	Logró un rendimiento destacado en la clasificación y detección de cáncer de mama, facilitando el diagnóstico temprano.
<b>Analysis of neural networks trained with evolutionary algorithms for the classification of breast cancer histological images [46]</b>	João Pedro Miranda Miguel, Leandro Alves Neves, Alessandro Santana Martins, Marcelo Zanchetta do Nascimento, Thaína A. Azevedo Tosta, 2023.	Evaluar el uso de algoritmos evolutivos en la formación de redes neuronales para la clasificación de imágenes histológicas de cáncer de mama.	Se analizaron algoritmos evolutivos como algoritmo genético, evolución diferencial, optimización por enjambre de partículas (PSO) y sus variantes adaptativas en el entrenamiento de redes neuronales para clasificar imágenes teñidas con hematoxilina y eosina.	Los algoritmos de evolución diferencial con islas y migración, y la optimización por enjambre de partículas mostraron los resultados más prometedores, con un AUC máximo de 0.70 y 0.71 respectivamente para características de color y textura en el conjunto de datos evaluado.
<b>Modelling-based joint embedding of histology and genomics using</b>	Vaishnavi Subramanian, Tanveer Syeda-	Explorar los beneficios de modelar datos multimodales para la predicción de la supervivencia del cáncer de	Utilización de análisis de correlación canónica penalizada (pCCA) para integrar datos de histología y genómica, con	Demostración de la eficacia del método propuesto en datos simulados y en datos de cáncer de mama del TCGA, con índices

<b>canonical correlation analysis for breast cancer survival prediction [47]</b>	Mahmood, Minh N. Do, 2024.	mama utilizando el análisis de correlación canónica (CCA).	enfoques innovadores para generar embeddings que mejoran la predicción de supervivencia.	de concordancia promedio de hasta el 68.32% y capacidad de interpretación mejorada.
<b>Predicting Breast Cancer Risk from Histopathology Images using Hybrid Deep Learning Classifier [48]</b>	G Sajiv, G. Ramkumar, S. Shanthi, Arunachalam Chinnathambi, Sulaiman Ali Alharbi / 2024.	Mejorar la precisión en el diagnóstico precoz del cáncer de mama mediante el análisis automatizado de imágenes histopatológicas.	Utilización de un sistema híbrido que combina un Perceptrón Multicapa (MLP) y un clasificador LightGBM para procesar imágenes histopatológicas de cáncer de mama.	El modelo alcanzó una alta precisión de clasificación del 98.28%, demostrando ser altamente efectivo y superando a los enfoques tradicionales en la detección automatizada del cáncer de mama.
<b>A systematic review on deep learning-based automated cancer diagnosis models [49]</b>	Ritu Tandon, Shweta Agrawal, Narendra Pal Singh Rathore, Abhinava K. Mishra, Sanjiv Kumar Jain / 2024.	Revisar sistemáticamente los modelos de DL para el diagnóstico automatizado del cáncer, enfocándose en las principales categorías de cáncer como el de mama, pulmón, hígado, cerebro y cuello uterino.	Análisis comparativo de diferentes modelos de aprendizaje profundo (DL) para el diagnóstico temprano del cáncer utilizando artículos de investigación recientes.	Se encontró que los modelos basados en redes neuronales convolucionales (CNN) alcanzaron una precisión apreciable y se destacaron por su uso de modelos preentrenados para el diagnóstico automatizado de cáncer.

**Tabla 1:** Antecedentes.

## 4. MARCO METODOLÓGICO

En el campo de análisis de datos, se utiliza ampliamente el modelo CRISP-DM (Cross-Industry Standard Process for Data Mining), que ha sido ampliamente aceptado como una referencia clave dentro del sector industrial y académico; siendo citada e interpretada recurrentemente a través diversos textos literarios, artículos o materiales vinculados directamente a lo largo del desarrollo tecnológico, dado que proporciona una metodología sistemática para el desarrollo de proyectos.

Para el desarrollo del presente trabajo de grado enfocado en la detección de tejido canceroso en imágenes histológicas se hace énfasis en las diferentes etapas de esta metodología descrita por quienes describen de forma sistemática el proceso general CRISP-DM en contextos de ciencia de datos. Ellos destacan e identifican las mejores prácticas y fases del proceso describiéndose en seis fases de las cuales se tomarán las primeras (cinco) en el desarrollo. La contribución de [50] permitió identificar las mejores prácticas y las diferentes fases del proceso. Esto permitió caracterizar la estructura del presente escrito.

### 4.1. Comprensión del problema

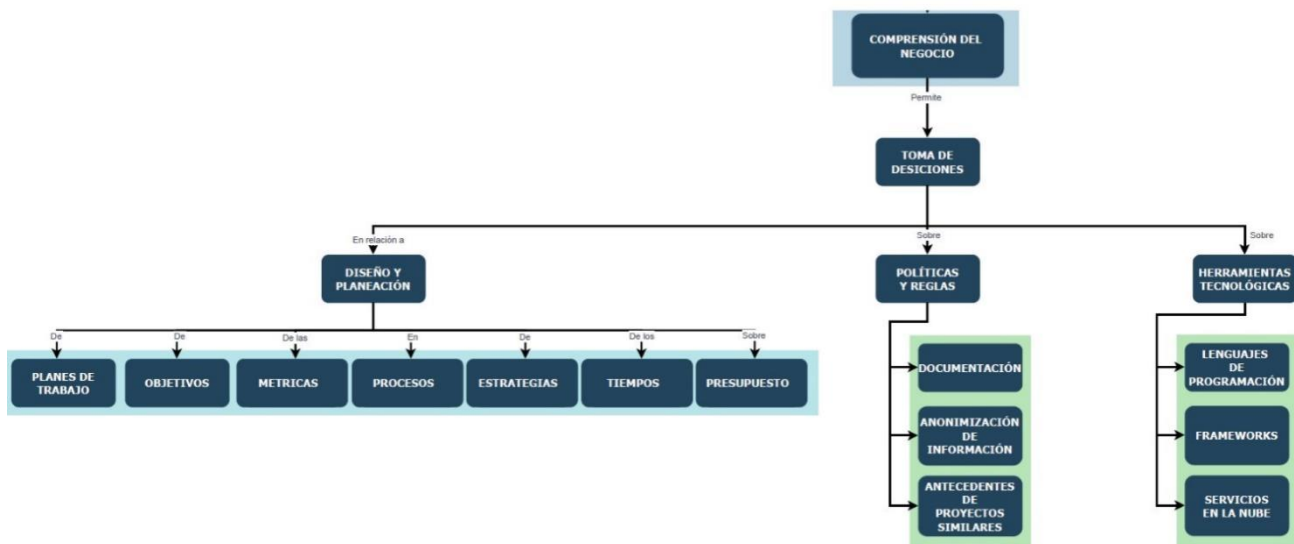
El cáncer de mama es el cáncer más común a nivel mundial y representa una importante carga para la salud pública, con 2.261.419 nuevos casos notificados en 2020 [51], lo que nos da a entender la importancia de detectar y tratar esta enfermedad de manera oportuna.

Nuestra investigación se centró en profundizar nuestra comprensión sobre el cáncer de mama mediante un minucioso análisis de imágenes histopatológicas. Estas imágenes nos permitieron examinar detenidamente las múltiples formas en que se manifiesta esta enfermedad, incluyendo diferentes etapas y subtipos. Dada la diversidad con la que se presenta el cáncer de mama, su diagnóstico puede ser particularmente desafiante. Síntomas inicialmente considerados leves pueden esconder condiciones más serias, resultando en diagnósticos tardíos y tratamientos menos efectivos.

En respuesta a esta problemática, desarrollamos un enfoque multidisciplinario que integra técnicas de procesamiento de imágenes y aprendizaje automático, nuestro fin es desarrollar una herramienta analítica que incremente la precisión en la detección y clasificación del cáncer.

Mediante nuestro estudio logramos desarrollar un sistema inteligente que puede analizar y distinguir patrones presentes en los datos histopatológicos; como resultado, hemos podido identificar señales indicativas del cáncer con una impresionante exactitud, este desarrollo abre la puerta a un diagnóstico más temprano y exacto, lo que es muy importante para mejorar las tasas de supervivencia y la calidad de vida de las pacientes como se definió en la Conferencia de Consenso Internacional de St Gallen para la terapia primaria de personas con cáncer de mama temprano 2023 las barreras relacionadas con los sistemas de atención médica y los pacientes se identificaron como factores comunes que contribuyen al diagnóstico avanzado del cáncer de mama. Estas barreras crean escenarios clínicos en los que los pacientes no son diagnosticados hasta que su cáncer ya ha progresado a etapas localmente avanzadas o metastásicas [52], dando a los pacientes pocas posibilidades de sobrevivir a la enfermedad.

El desarrollo metodológico del presente trabajo de grado parte de la comprensión del negocio y la toma de decisiones basadas en el diseño y planeación, tomándose algunas decisiones para el desarrollo de este, obsérvese la **Figura 16** la cual proporciona información relevante sobre la comprensión de la problemática y los diferentes enfoques que llevaron la toma de decisiones.



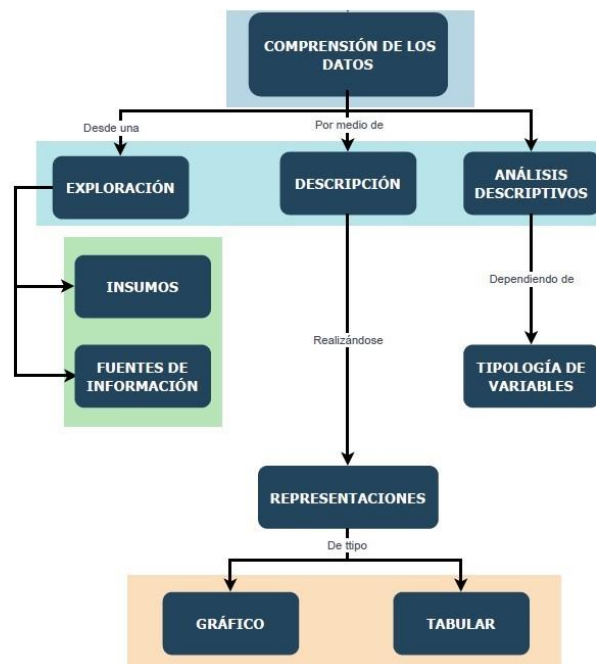
**Figura 16:** Diagrama comprensión del problema. Fuente Propia.

Para el desarrollo efectivo de nuestra investigación, empleamos un enfoque colaborativo, utilizando plataformas como Google Colab y drive, las cuales permitieron un trabajo conjunto y en tiempo real, esto facilitó el intercambio de ideas y el progreso constante del proyecto, este entorno colaborativo nos permitió realizar revisiones y seguimientos periódicos con el director del proyecto para alinear nuestras estrategias y garantizar la calidad del trabajo.

El lenguaje de programación que se utilizó para el desarrollo del proyecto fue Python, lo elegimos por su robustez y amplio soporte en el campo del análisis de datos y aprendizaje automático, Python nos proporcionó las herramientas necesarias para manejar, procesar y analizar las imágenes histopatológicas de nuestra base de datos.

Nos beneficiamos enormemente del amplio conjunto de estudios e investigaciones que nos brindó la Pontificia Universidad Javeriana en nuestro proyecto. Gracias a los convenios establecidos por la universidad con diversas instituciones, hemos obtenido acceso a varios artículos y publicaciones recientes relacionados al cáncer de mama, este valioso depósito de información resultó crucial para asegurar que nuestras estrategias e implementación fueran consistentes con los estudios más actuales.

#### 4.2. Comprensión de los datos



**Figura 17:** Diagrama comprensión de los datos. Fuente Propia.

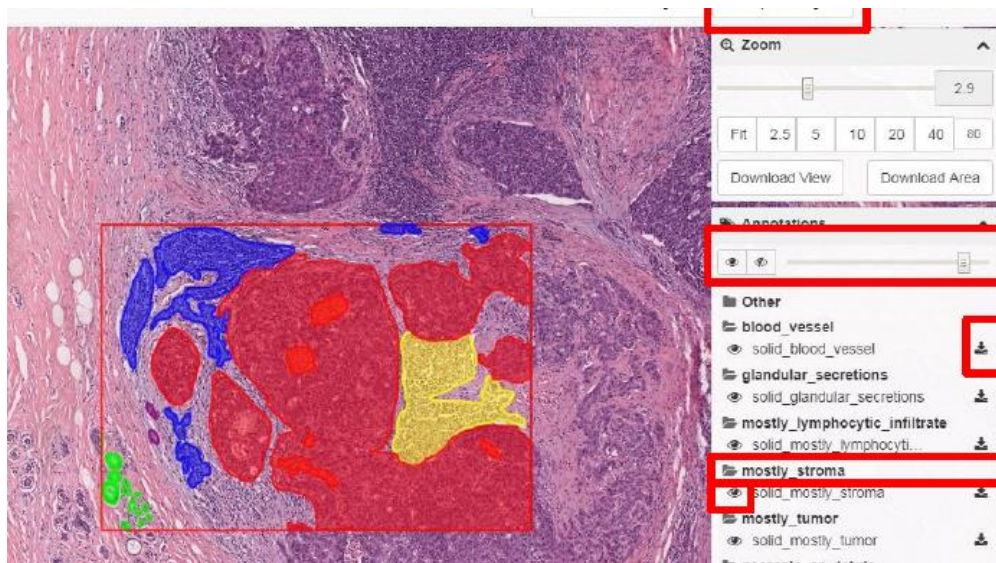
En tipos de proyectos que implican análisis de imágenes histológicas para la detección de tejido canceroso, es imprescindible dedicar tiempo en la comprensión y preparación adecuada de los datos como parte fundamental, con la finalidad de adquirir un conocimiento profundo y sólido sobre los datos disponibles. En este orden de ideas, este tipo de insumos hace referencia a imágenes histológicas de las cuales se extraerá información cuidadosamente para poder identificar estructuras de tejido.

El proceso de caracterización de imágenes histológicas fue producto de una metodología y/o técnica llamada Crowdsourcing, la cual se entiende como la utilización conjunta y colaborativa de personas sin experiencia y especializadas en la realización de actividades relacionadas con el examen y evaluación visual microscópica. En este proceso se obtiene la participación de un grupo diverso que consistía en 20 estudiantes de medicina, (tres) residentes de patología y (dos) residentes senior o profesorado dentro del ámbito.

En este proceso de etiquetado o anotación entre los expertos, se clasificaban los tejidos en diferentes clases, entre las que se destacan [50]:

- **Clases de tipo dominante:** tumores, estroma, regiones ricas en linfocitos y necrosis.
- **Clases no predominantes:** incluyen artefactos, tejido adiposo, vasos sanguíneos, sangre (glóbulos rojos intravasculares o extravasados), secreciones glandulares y material mucoide extracelular.
- **clases desafiantes:** incluyen células plasmáticas, infiltrados inflamatorios mixtos (por ejemplo, neutrófilos).

Este proceso de etiquetado o clasificación de tejidos fue llevado a cabo por un API REST denominada DSA (el cual permitía dibujar los contornos de las regiones de tejido en las diapositivas o áreas de interés (ROI), obsérvese visualizaciones en una instancia pública del DSA en <https://goo.gl/cNM4EL> ) y adicionalmente convertía a un formato de imagen de mascara donde los valores de pixeles codificaban las clases o regiones.



**Figura 18:** Clasificación y etiqueta del proceso Crowdsourcing [51]

Cabe decir que de este proceso se genera un conjunto de 151 imágenes de portaobjetos que

eran teñidos en hematoxilina y correspondían a 151 casos de cáncer de mama confirmados histológicamente, estos tejidos fijados con este compuesto hacen parte de tomas de muestra de cáncer de mama triple negativo (TNBC), el cual representa un subgrupo de tumores de mama definidos por la falta de expresión del receptor de estrógeno (ER) y que es usualmente muy agresivo [53]. Cada una de las imágenes fueron nombradas de forma diferente:

TCGA-A1-AOSS-DX1\_xmin45749\_ymin25055.png

A1 hace referencia al centro/hospital donde fue atendido el paciente, AOSS es la identificación única del paciente (id), DX1 hace referencia al id del ROI y xmin45749 junto con ymin25055 hace referencia a las dimensiones de la imagen.

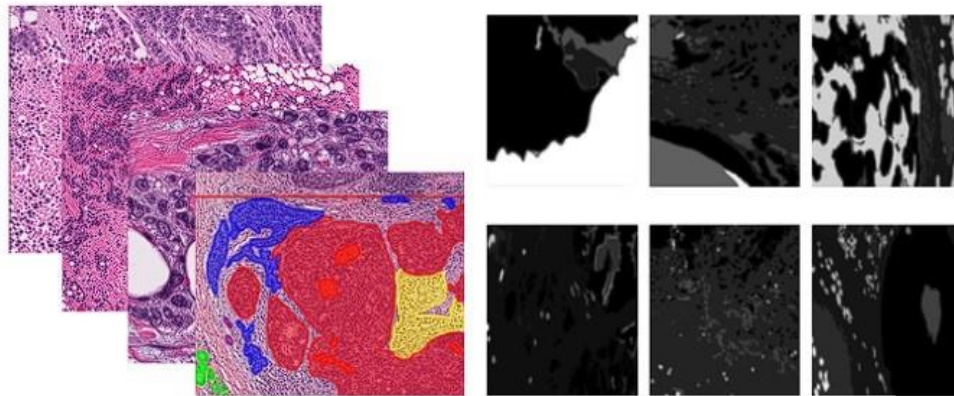
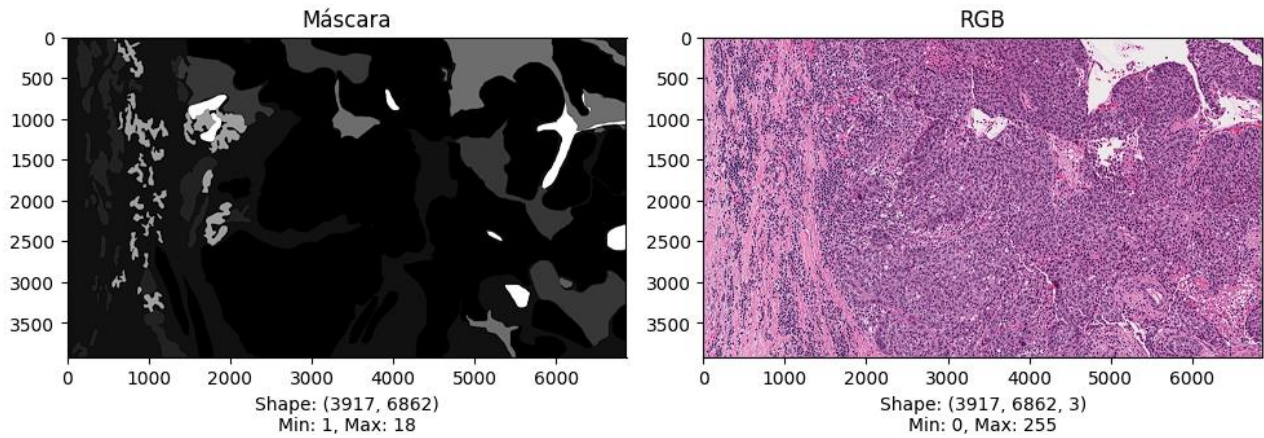


Figura 19: Imágenes RGBs y máscaras [51].

El conjunto de datos contiene imágenes RGBs, a simple vista pueden ser clasificadas por expertos y su característica es que esencialmente de diferentes colores en la Figura 19 se observan regiones de color azul, rojo, amarillo, etc. estas clasificaciones fueron especificadas en un proceso de Crowdsourcing, para poder obtener estas clasificaciones debemos hablar de las imágenes “Masks” que son aquellas que resaltan áreas de interés en pixeles de las imágenes histológicas originales, este conjunto de imágenes llamadas mask son de color negro (Véase la Figura 20).

Estas máscaras se utilizan para segmentar y destacar regiones específicas en las imágenes originales. En conclusión, las imágenes RGBs hacen referencia a las imágenes histológicas originales resultado del proceso de tamizaje y fijación de biopsias, representan los tejidos o muestras biológicas en su forma completa y muestran información a color, mientras que las Mask contienen la información clasificada después de un proceso de validación de expertos y son las que se tomarán para el proceso de etiquetado.



**Figura 20:** Características imágenes Mask y RGB. Fuente Propia.

Considerando que el conjunto de imágenes fue producto de un proceso de crowdsourcing. Se caracteriza el conjunto de datos con las etiquetas identificadas por los expertos. Por esta razón se procede a agrupar las imágenes por tipo de etiqueta, para poder identificar la cantidad de anotaciones. (considérese el hecho que en cada imagen pueden existir distintas clasificaciones y estas clasificaciones son identificadas en las imágenes Mask por medio de sus píxeles.

Algunas características del conjunto de tejidos encontrados en las 151 imágenes mask permiten clasificar el conjunto de imágenes en 5 grandes grupos: Tejido Normal, Inflamación y respuesta inmune, Tumor y Cáncer, Necrosis y restos celulares y estructuras de soporte. Algunos de estos tejidos son normales, como la grasa o los vasos sanguíneos, otros están relacionados con la lucha contra infecciones, como las células del sistema inmune. También están los tumores, que son grupos de células que crecen de manera descontrolada, y la necrosis, que es cuando las células mueren. Cada uno de estos grupos tienen características imprescindibles para ser analizadas, En consecuencia, el objetivo final del procesamiento de imágenes que servirán de insumo para modelos es organizar los diferentes tejidos encontrados en las 151 imágenes histológicas y clasificarlas en los grupos definidos en la **Tabla 2**.

CATEGORÍA	DEFINICIÓN	OBSERVACIONES
<b>0: Tejido normal</b>	normal_acinus_or_duct	Acinos o ductos normales, tejido no maligno.
	fat	Tejido adiposo, no maligno.
	nerve	Tejido nervioso, no maligno.
	skin_adnexa	Anexos cutáneos, estructuras normales de la piel.
	blood_vessel	Vasos sanguíneos, estructuras normales.
<b>1: Inflamación y respuesta inmune</b>	lymphocytic_infiltrate	Infiltración linfocítica, respuesta inmune.
	plasma_cells	Células plasmáticas, respuesta inmune.
	other_immune_infiltrate	Otras infiltraciones inmunes, respuesta inmune.
<b>2: Tumor y cáncer</b>	tumor	Área identificada como tumor maligno.
	dcis	Carcinoma ductal in situ, una forma de cáncer.
<b>3: Necrosis y restos celulares</b>	necrosis_or_debris	Áreas de necrosis o restos celulares.
	glandular_secretions	Secreciones glandulares.
	mucoide_material	Material mucoide.
<b>4: Estructuras de soporte y otras categorías</b>	stroma	Tejido de soporte en la muestra.
	blood	Sangre presente en la muestra.
	lymphatics	Vasos linfáticos.
	angioinvasion	Invasión de vasos sanguíneos.
	undetermined	Áreas no determinadas o inciertas.
	other	Otras estructuras o áreas no clasificadas.
	outside_roi	Áreas fuera de la región de interés en la muestra.
	exclude	Áreas que deben ser excluidas del análisis.
metaplasia_NOS	Metaplasia no especificada, cambio no maligno.	

**Tabla 2:** Clasificación general de tejidos. Fuente propia.

### 4.3. Preparación de los datos

Una vez se entendió la dinámica de los dos conjuntos de imágenes Mask y RGBs, se procede a establecer un esquema para poder almacenar las imágenes en un repositorio común para que los integrantes del presente trabajo de grado pudiesen trabajar de forma simultánea sin problemas, para esto se toma Google Drive como herramienta de almacenamiento. Este proceso de recopilación fue un aspecto a destacar dado que una plataforma de almacenamiento como Drive permite trabajar de forma simultánea.

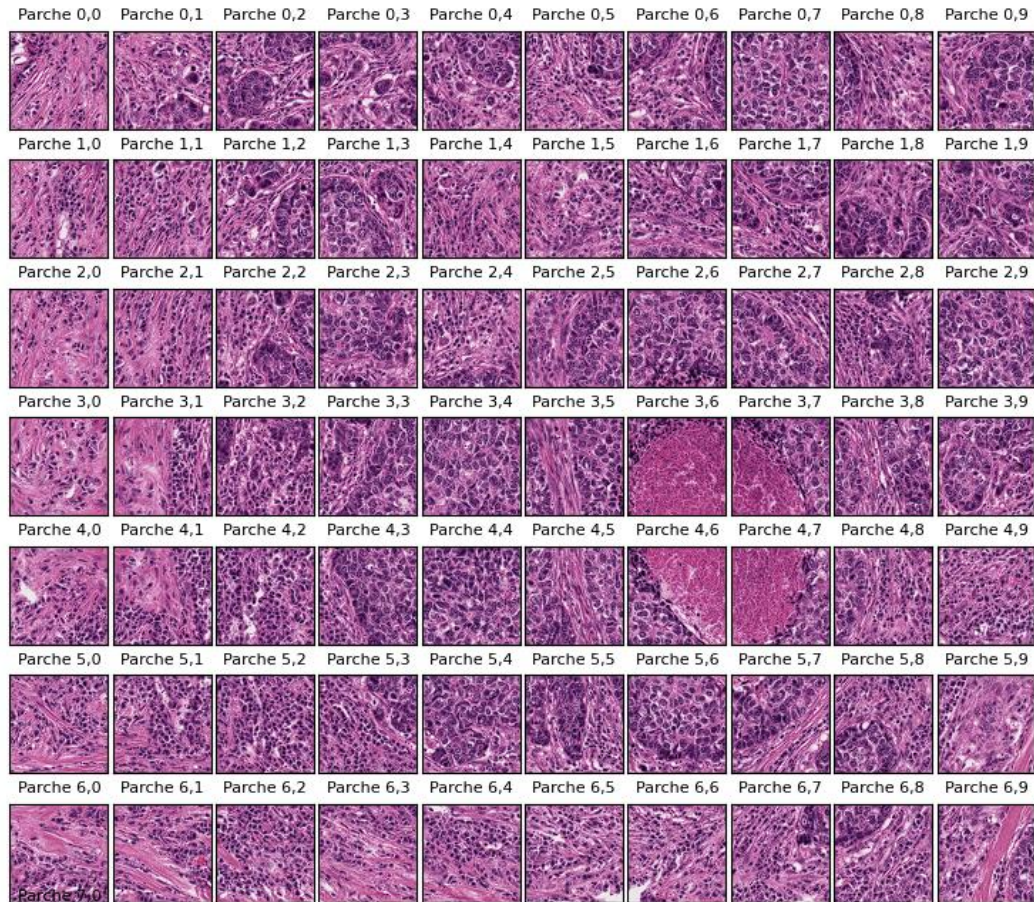
Esta etapa de preparación de los datos es fundamental para el desarrollo del proyecto y similares en ciencia de datos, es una fase que a menudo consume gran parte del tiempo del proyecto y no es la excepción en el actual trabajo de grado, es bueno establecer que una consecución de insumos de buena calidad y completitud generará modelos y análisis de calidad. Se presenta la siguiente figura 6 la cual se diseña por el equipo de trabajo y toma los aspectos más relevantes de la preparación de datos en la metodología CRISP-DM (Cross-Industry Standard Process for Data Mining).

Partiendo del hecho de tener un conjunto de imágenes Mask y RGBs en sus dimensiones originales, se procede a establecer criterios de división y manipulación de estas las imágenes histológicas, dado que al tener altas resoluciones se podrían presentar desafíos significativos debido a su tamaño y complejidad, para ello se investiga la librería “patchify” la cual brinda propiedades idóneas en la manipulación de imágenes en Python, este paso fue necesario en esta fase de preparación de datos, dado que permite un manejo eficiente de las altas resoluciones permitiendo una transformación idónea de los datos permitiendo análisis detallados de estructuras y patrones específicos de tejidos.

Obsérvese el proceso resultante del uso de patchify en la división de imágenes histológicas RGB (Ver **Figura 21**), en esta división se divide en parches de 500x500 pixeles (solo para este ejemplo), para conocer como es el proceso de almacenamiento, es importante denotar que en el siguiente ejemplo se hace referencia a la imagen RBG cuyo nombre es:

`TCGA-A7-A0CE-DX1_xmin58461_ymin18750_MPP-0.2500.png`

Es importante destacar como se van organizando las imágenes, así como los nombres asignados a cada parche. Esta nomenclatura se asimila a “Parche (a,b)”, donde “a” pertenece a la fila y “b” pertenece a la columna.



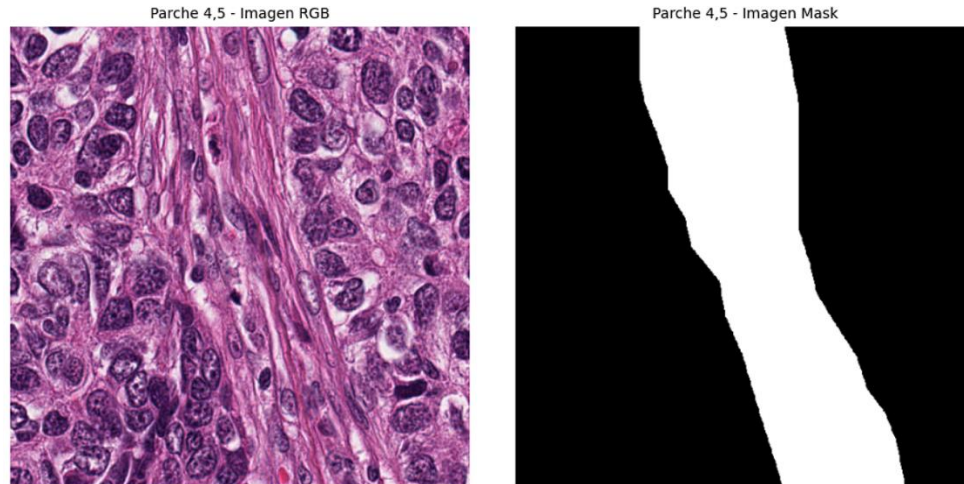
**Figura 21:** División de imágenes por Patchify en el conjunto de datos de histología RGB.

Esta división es realizada para cada imagen RGB y Mask pero en tamaño  $100 \times 100$  de forma simultánea y se procede a realizar una modificación del nombre de las imágenes divididas para poder identificarlas al momento de almacenarlas. Véase el renombre asignado a los parches de la fila 0 en la **Figura 21**.

TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_0.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_1.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_2.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_3.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_4.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_5.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_6.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_7.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_8.png  
 TCGA-A7-A0CE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_0\_9.png

El uso de algoritmos de transformación de imágenes diseñados en Python nos permitió dividir las imágenes en secciones uniformes, logrando así este objetivo. Observemos como queda el parche 4\_5 resultado del proceso (Véase la **Figura 22**).

TCGA-A7-AOCE-DX1\_xmin58461\_ymin18750\_MPP-0.2500\_patch\_4\_5.png



**Figura 22:** Parche 4\_5 del proceso de división de imágenes.

Considerando lo anterior y la **Tabla 3**, se definió una métrica para poder establecer el valor predominante del tejido, esta regla está definida en asignar el tejido que predomina en cada parche considerando que debe tener más del 50% de este para convertirse en la patología mayoritaria, en este caso para el parche 4\_5 mask se realiza una distribución de frecuencias de los pixeles de la imagen y se le asigna el tejido predominante. Es decir, si `patch_4_5_mask.png` en su extensión el 51% tiene el pixel 2, esta mascarará 4\_5 se le asignará la etiqueta stroma como se muestra en la siguiente **Tabla 3**. El proceso se realiza para todos los parches de tamaño *100x100* generados. Si un parche no cumple la regla del 50%, se elimina y no se considera como insumo para modelos.

LABEL	GT_CODE
outside_roi	0
tumor	1
stroma	2
lymphocytic_infiltrate	3
necrosis_or_debris	4
glandular_secretions	5
blood	6
exclude	7
metaplasia_NOS	8
fat	9
plasma_cells	10

other_immune_infiltrate	11
mucooid_material	12
normal_acinus_or_duct	13
lymphatics	14
undetermined	15
nerve	16
skin_adnexa	17
blood_vessel	18
angioinvasion	19
dcis	20
other	21

**Tabla 3:** Códigos y etiquetas por píxel en imágenes mask.

Al realizar el proceso de clasificación de todos los conjuntos de parches según la patología predominante, se procede a clasificarlos en 5 grandes agrupaciones. Considerando que el objetivo del procesamiento de los parches es poderlos clasificar en los grupos definidos en la **Tabla 4** caracterizados por (Tejido normal, Inflamación y respuesta inmune, Tumor y cáncer, Necrosis y restos celulares, Estructuras de soporte y otras categorías).

ETIQUETA PREDOMINANTE DEL PARCHÉ	CATEGORÍA	LABEL
<b>9, 13, 16, 17, 18</b>	tejido_normal	0
<b>3, 10, 11</b>	inflamacion_respuesta_inmune	1
<b>1, 20</b>	tumor_y_cancer	2
<b>4, 5, 12</b>	necrosis_restos_celulares	3
<b>0, 2, 6, 7, 8, 14, 15, 19, 21</b>	estructuras_soporte_otros	4

**Tabla 4:** Etiquetas predominantes en parches y su categoría general. Fuente Propia.

El resumen del proceso realizado en los conjuntos de imágenes Mask y RGBs está dado por:

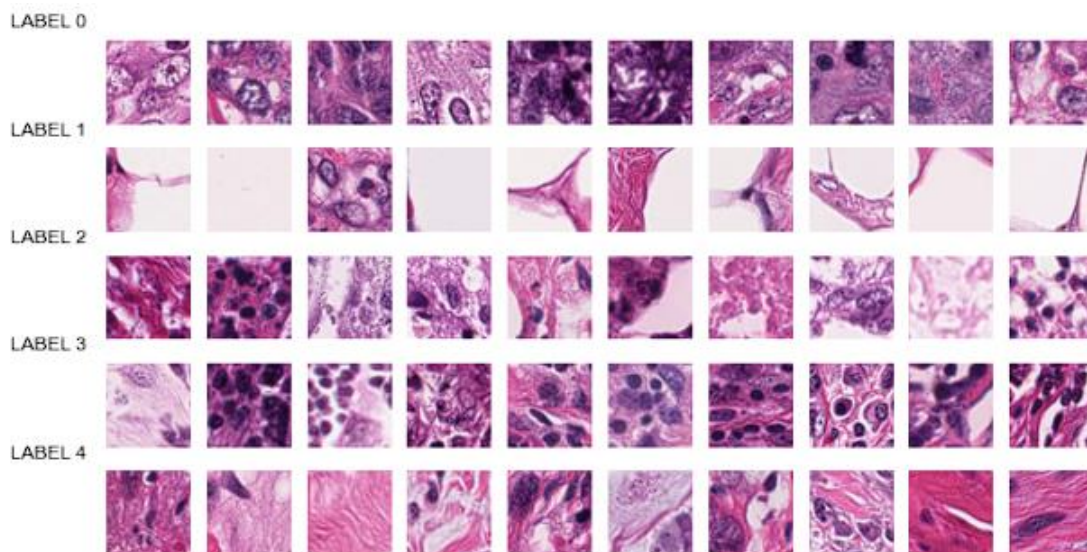
1. Tomar cada imagen de las 151 disponibles haciendo correspondencia entre RGB y Mask.
2. Dividir cada par de imágenes en 100x100 píxeles para tener insumos de igual dimensión (Todo esto por medio de patchify).
3. Almacenar todos los parches (imágenes divididas) considerando una nomenclatura para su fácil identificación.
4. Asignar una etiqueta a cada parche existente en cada una de las imágenes histológicas considerando la métrica de clasificación determinada por el equipo de trabajo de grado.
5. Clasificar todos los parches en carpetas de Google Drive considerando la clasificación (en este proceso se obtienen 5 carpetas para RGB y 5 para Mask denominadas Tumor, stroma,

necrosis, blood\_vessel, inflammatory, otros).

6. Eliminar los parches que no tienen una categoría dominante.

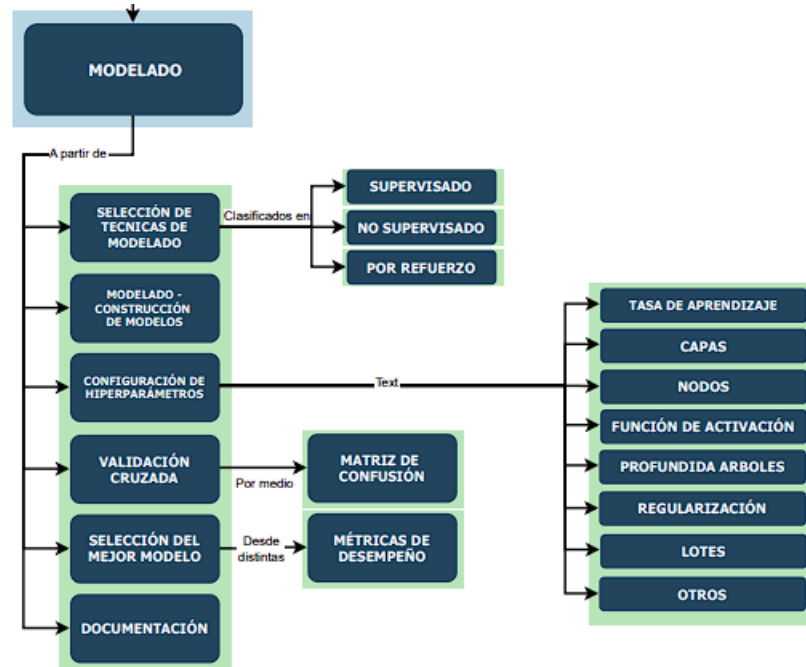
Posteriormente, se realizó un análisis descriptivo de la clasificación generada en el proceso anteriormente descrito para tomar decisiones y consolidar el conjunto imágenes que sirve de insumo para el diseño de modelos. Una de las claves en la preparación de datos (imágenes) fue realizar una exhaustiva anotación de las imágenes. Se etiquetó cada una con su respectiva etapa del cáncer o característica histológica, lo cual resultó crucial para tener un conjunto completo y preciso para el desarrollo de modelos.

Considerando lo anterior, la agrupación de parches según su tipo permite tener un compilado de imágenes etiquetadas según su clasificación, este trabajo da lugar a un insumo importante para el desarrollo de modelos convolucionales, dado que cada uno de los parches de tamaño 100x100 tiene ahora su respectiva etiqueta. Véase la **Figura 23** que permite visualizar grupos de parches de histología según su clasificación.



**Figura 23:** Clasificación de imágenes de histología resultante. Fuente propia.

#### 4.4. Modelado



**Figura 24:** Caracterización del proceso de modelado en Imágenes de Histología. Fuente propia.

Para realizar el primer modelo a partir del conjunto de datos se hizo una caracterización de todos los elementos necesarios para una debida ruta de trabajo, esta ruta de trabajo colaborativo se reúne en la **Figura 24**, quien detalla de forma específica las características destacables que se toman para realizar el entrenamiento de modelos convolucionales.

## 5. RESULTADOS

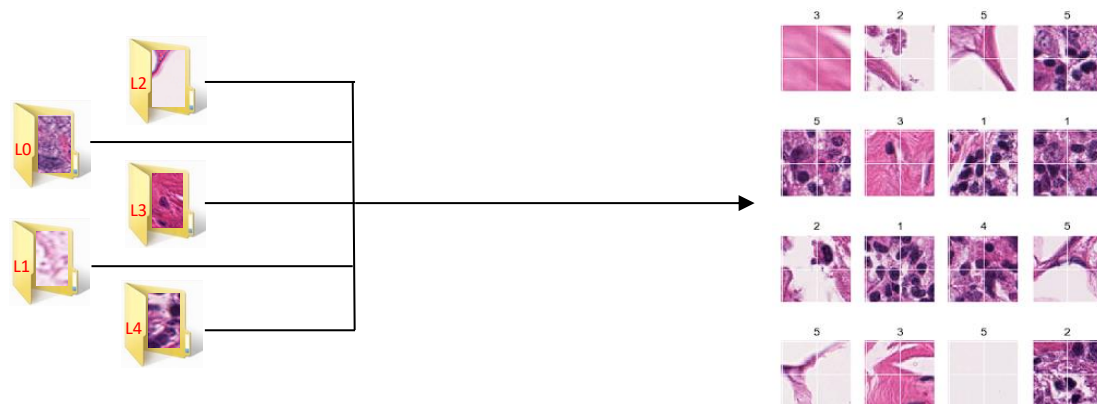
Para revisar los resultados obtenidos del proyecto se dará respuesta a cada uno de los objetivos específicos.

### 5.1. Esquema para analizar y preprocesar imágenes

De acuerdo con la información que se recopiló se procede a establecer un esquema que nos permita procesar las imágenes histológicas.

#### 1. Preparación de Datos

- Se desarrolla programa en Python que permite acceder a diferentes rutas y organizar grupos de imágenes (parche, etiqueta), incluyendo un proceso para cambiar su orden para un debido procesamiento.
- En la
- 
- **Figura 25** se muestra cómo se obtienen las imágenes para ser procesadas por arquitecturas de redes convolucionales.



**Figura 25:** Llamado de parches de histología de 100x100. Fuente propia.

#### 2. División de datos en entrenamiento y test.

Uso de `train_test_split` de `sklearn` para separación del conjunto de imágenes en datos de entrenamiento (`X_train`, `y_train`) y prueba (`X_test`, `y_test`) para validar la capacidad de generalización del modelo.

#### 3. Configuración de librerías

Llamar las librerías tensorflow junto con KERAS, importando los módulos Model, Dense, Dropout, Flatten, Input.

Estos frameworks como TensorFlow y KERAS son fundamentales en el campo del aprendizaje automático y la inteligencia artificial debido a su capacidad para simplificar y acelerar el desarrollo de modelos complejos, como lo son los modelos basados en redes convolucionales.

#### **4. Diseño y construcción de arquitecturas de redes CNN**

Diseño de una arquitectura CNN utilizando KERAS, con múltiples capas convolucionales, capas de pooling y capas densas para extraer y procesar características espaciales complejas de las imágenes.

Inclusión de capas de Dropout y técnicas de regularización directamente en la arquitectura para mejorar la generalización del modelo.

#### **5. Definición de Técnicas de Regularización**

Definir técnicas de regularización adicionales, considerando la arquitectura de red se establecen posibles decisiones a la hora de tener un sobreajuste o subajuste del modelo entre las que se destacan: Early stopping (parada anticipada), Regularización L1 (también llamada regresión Ridge), Regularización L2 (Denominada regresión LASSO), validación de usar una red elástica (combinación de las regularizaciones L1 y L2).

#### **6. Esquema de entrenamiento**

Configuración de esquemas de entrenamiento dinámicos basados en Batch y Mini Batch para optimizar el uso de recursos y acelerar el proceso de aprendizaje.

Experimentación con diferentes optimizadores como Adam y SGD para encontrar la configuración que ofrece la mejor convergencia en términos de pérdida y precisión.

#### **7. Configuración del modelo y callbacks**

Selección detallada de funciones de activación y pérdida, optimización de la arquitectura y hiperparámetros. Implementación de callbacks para monitorizar el rendimiento del modelo en tiempo real, guardar automáticamente los mejores modelos y registrar los parámetros y

resultados durante el entrenamiento para análisis posteriores.

## 5.2. Diseño y entrenamiento de modelos

Diseñar y entrenar modelos de aprendizaje profundo, como las redes neuronales convolucionales (CNN), es crucial en el ámbito de la inteligencia artificial y el aprendizaje automático, especialmente para tareas complejas como la clasificación de imágenes de tejido humano. La configuración de la arquitectura de estos modelos y el uso de herramientas avanzadas como KERAS para procesar la información representan avances significativos en este campo. Por ello, es fundamental definir arquitecturas CNN que permitan clasificar y caracterizar imágenes histológicas de manera eficiente y precisa, por consiguiente, se desarrolla la siguiente una arquitectura inicial de clasificación de imágenes.

### Definición de la Arquitectura CNN

Para la creación del primer modelo CNN, se utilizó KERAS con las siguientes especificaciones:

- **Capa de Entrada (Input Layer):** Recibe las imágenes histológicas en un formato tridimensional (altura, anchura y 3 canales de color). Esta capa es crucial para definir la estructura y el tamaño de los datos de entrada que serán procesados por la red.
- **Primera Capa Convolucional (Conv2D Layer):** Esta capa aplica 15 filtros de convolución de tamaño 3x3 a las imágenes de entrada. Los filtros se deslizan sobre las imágenes, detectando características locales como bordes, texturas y patrones específicos de las imágenes histológicas. La función de activación ReLU se utiliza para introducir no linealidades y mejorar la capacidad del modelo para capturar características complejas. El padding=" SAME" asegura que las dimensiones de la salida sean las mismas que las de la entrada, manteniendo la información espacial.
- **Capa Densa (Dense Layer):** Esta capa completamente conectada con 16 unidades aplica la función de activación ReLU para introducir no linealidades en el modelo, ayudando a aprender combinaciones complejas de las características extraídas por la capa convolucional. Es aplicada después de la capa de aplanamiento.
- **Capa de Dropout:** Aplica una tasa de dropout del 20%, lo que significa que durante cada iteración del entrenamiento, el 20% de las neuronas de esta capa serán desactivadas aleatoriamente. Esto ayuda a prevenir el sobreajuste, mejorando la generalización del modelo.
- **Capa de Salida (Output Layer):** Esta capa aplica la función de activación softmax para convertir las salidas en probabilidades de pertenencia a cada clase, permitiendo la clasificación en una de las 5 clases (0,1,2,3,4).

Obsérvese en la **Figura 26** el código usando KERAS:

```
def get_conv_model_A(num_classes, img_size=100, compile=True):
    print("using", num_classes, "classes")
    inputs = tf.keras.Input(shape=(img_size, img_size, 3), name="input_1") #Capa de entrada
    layers = tf.keras.layers.Conv2D(15, (3, 3), activation="relu", padding="SAME")(inputs)
    layers = tf.keras.layers.Flatten()(layers)
    layers = tf.keras.layers.Dense(16, activation=tf.nn.relu)(layers)
    layers = tf.keras.layers.Dropout(0.2)(layers)
    predictions = tf.keras.layers.Dense(num_classes, activation=tf.nn.softmax, name="output_1")(layers)
    model = tf.keras.Model(inputs = inputs, outputs=predictions)
    if compile:
        model.compile(optimizer='adam',
                      loss='sparse_categorical_crossentropy',
                      metrics=['accuracy'])
    return model
```

**Figura 26:** Implementación de la arquitectura de red en KERAS. Fuente propia.

### Probando diferentes hiperparámetros

Se realizaron varias modificaciones en la arquitectura de red utilizando lo anteriormente mencionado, con la finalidad de entrenar y diseñar arquitecturas de redes convolucionales para la clasificación de parches RGB. La precisión (accuracy) se utilizó como métrica principal para evaluar el rendimiento del modelo. En el transcurso del entrenamiento, se realizan ajustes en la arquitectura de la red convolucional y los hiperparámetros con el fin de aumentar la precisión, ver **Anexo 1**.

En el **Anexo 1** podemos ver los primeros entrenamientos de modelos convolucionales, observando la información contenida, no existe un modelo que tenga buenas métricas. Para dar solución a esto, se procede a establecer un data augmentation o aumentación de los datos para poder obtener o captar características de las imágenes. La implementación en KERAS está dada por la siguiente configuración (ver **Figura 27**):

```
# Configuración para el aumento de datos
train_datagen = ImageDataGenerator(
    rotation_range=30,
    width_shift_range=0.1,
    height_shift_range=0.1,
    shear_range=0.15,
    zoom_range=0.15,
    horizontal_flip=True,
    vertical_flip=False,
    fill_mode='reflect'
)
```

**Figura 27:** Configuración de la aumentación de datos (data augmentation) en KERAS. Fuente propia.

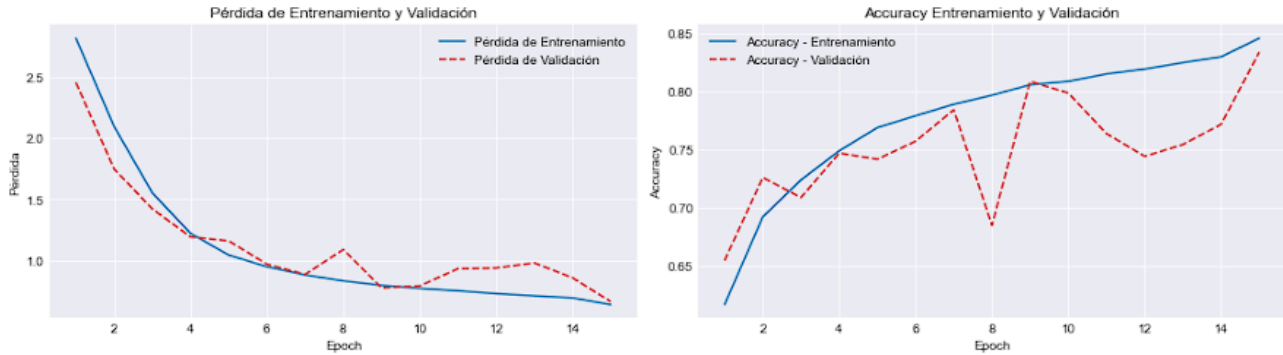
El proceso de entrenamiento genera los siguientes resultados, los cuales mejoran considerablemente, ver **Tabla 5**.

Images per folder	30000	Val loss	0,66348141
Batch size	128	Val accuracy	0,83343786
epochs	15	conv layers	4
Learning rate	5,00E-05	Pooling layers	4
optimizer	Adam	Dropout layers	1
loss	0,63889045	Dense layers	2
accuracy	0,77728546	time	3.71 horas
Activation functions	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']		
conv_details	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]		
dense_details	[{'units': 1024}, {'units': 5}]		

**Tabla 5:** Implementación de la arquitectura con data augmentation. Fuente propia.

El modelo ha sido entrenado con un conjunto de datos que contiene un máximo de 30,000 imágenes por carpeta. Durante el entrenamiento, se utilizaron lotes de tamaño 128 y se ejecutaron 15 épocas. Se empleó el optimizador Adam con una tasa de aprendizaje muy pequeña. La función de pérdida alcanzó un valor de 0.6389 y la precisión (accuracy) en el conjunto de entrenamiento fue del 77.73%, mientras que la pérdida en el conjunto de validación fue de 0.6635 y la precisión fue del 83.34%.

La arquitectura de la red neuronal convolucional utilizada consistió en 4 capas convolucionales y 4 capas de pooling, con una capa de dropout para regularización. La red se completó con 2 capas densas. Las funciones de activación utilizadas fueron ReLU para las capas convolucionales y densas, y softmax para la capa de salida para la clasificación multiclase. Los detalles de las capas convolucionales incluyeron filtros de tamaño 3x3 con 32, 64, 128 y 256 filtros respectivamente. En las capas densas, se utilizaron 1024 unidades en la primera capa y 5 unidades en la capa de salida.

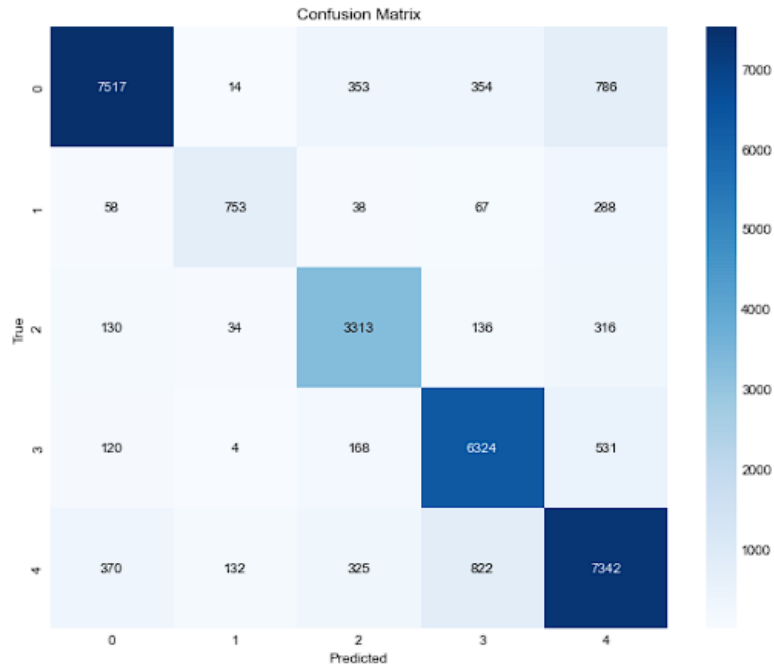


**Figura 28:** Funciones de pérdida y accuracy para datos de validación y entrenamiento. Fuente propia.

Los gráficos en la **Figura 28** muestra el rendimiento de un modelo de aprendizaje automático durante el entrenamiento. El primer gráfico muestra la precisión del modelo a lo largo del tiempo, la línea del gráfico muestra que la precisión del modelo ha ido aumentando gradualmente a medida que avanza el entrenamiento. Esto indica que el modelo está aprendiendo a clasificar las muestras correctamente con mayor frecuencia.

El segundo gráfico muestra la pérdida del modelo a lo largo del tiempo. La línea del gráfico muestra que la pérdida del modelo ha ido disminuyendo gradualmente a medida que avanza el entrenamiento, esto indica que el error del modelo se está reduciendo. En general, los dos gráficos muestran que el modelo está aprendiendo y mejorando durante el entrenamiento, la precisión del modelo está aumentando y la pérdida del modelo está disminuyendo lo que sugiere que el modelo es capaz de clasificar las muestras correctamente con mayor frecuencia.

Dado lo anterior se hace necesario diseñar la matriz de confusión del modelo, que es una herramienta crucial para evaluar el rendimiento de un modelo de clasificación. Esta matriz proporciona un análisis detallado no solo de las predicciones acertadas sino también de los errores cometidos por el modelo. Al revisar métricas derivadas de la matriz de confusión, como precisión, recall, score F1 y accuracy, obtenemos una visión integral del rendimiento del modelo. Los resultados de este análisis se muestran en la **Figura 29**.



**Figura 29:** Matriz de confusión 1er modelo. Fuente propia.

La mayoría de las predicciones del modelo se concentran en la diagonal de la matriz de confusión, lo que indica un buen rendimiento general y una alta precisión en las clasificaciones correctas para cada clase. aunque se observan algunos errores notables, como en la clase 0 hay 786 falsos positivos hacia la clase 4 y 354 hacia la clase 3, lo que sugiere que el modelo tiene dificultades para diferenciar entre estas clases, así mismo, la clase 4 presenta 822 falsos negativos hacia la clase 3 y 325 hacia la clase 2, indicando una confusión frecuente entre estas clases. Además, la clase 2 muestra una cantidad significativa de falsos positivos hacia la clase 3 (168) y la clase 4 (325), lo que también sugiere áreas de confusión.

	precision	recall	f1-score	support
Class 0	0.92	0.83	0.87	9024
Class 1	0.80	0.63	0.70	1204
Class 2	0.79	0.84	0.82	3929
Class 3	0.82	0.88	0.85	7147
Class 4	0.79	0.82	0.80	8991
accuracy			0.83	30295
macro avg	0.82	0.80	0.81	30295
weighted avg	0.84	0.83	0.83	30295

**Figura 30:** Resultados modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.

- **Desempeño General:** La accuracy global del modelo es del 83%, lo que indica un buen desempeño en general para la clasificación de imágenes histológicas.
- **Clase 0:** El modelo es muy preciso para la Clase 0, con una precisión del 92% y una

puntuación F1 de 0.87. Sin embargo, la exhaustividad es un poco menor (0.83), lo que indica que algunas instancias no son identificadas.

- **Clase 2 y Clase 3:** Estas clases muestran un balance adecuado entre precisión y recall, con puntuaciones F1 de 0.82 y 0.85 respectivamente, indicando un buen desempeño del modelo.
- **Clase 4:** La precisión y el recall son ambos altos, resultando en una puntuación F1 de 0.80, lo que demuestra un buen balance y rendimiento para esta clase también.

En resumen, el modelo tiene un buen desempeño general en la clasificación de imágenes histológicas, pero hay margen para mejorar, especialmente en la Clase 1, para asegurar un equilibrio adecuado entre precisión y recall en todas las clases.

### 5.3. Ajustar el modelo mediante optimización de parámetros

Se procede a implementar diferentes estrategias o arquitecturas que nos permitan realizar una comparación con el modelo inicial planteado en el punto anterior.

#### 5.3.1. Modelo 1: Aplicación KERAS tuner

Para mejorar los resultados obtenidos y optimizar la configuración de hiperparámetros del modelo, se utilizó Keras Tuner, una biblioteca especializada en la sintonización automática de hiperparámetros. Esta herramienta permite explorar sistemáticamente diversas configuraciones de hiperparámetros, identificando la combinación óptima que maximiza la precisión, el recall y la puntuación F1 del modelo, los hiperparámetros tenidos en cuenta a la hora de realizar el proceso de optimización son:

1. Filtros de la primera capa convolucional (conv\_1\_filter):  
**Valores probados:** 32, 48, 64, 80, 96, 112, 128.  
**Rango:** 32 a 128, incrementos de 16.
2. Tamaño del kernel de la primera capa convolucional (conv\_1\_kernel):  
**Valores probados:** 3, 5.
3. Filtros de la segunda capa convolucional (conv\_2\_filter):  
**Valores probados:** 32, 48, 64.  
**Rango:** 32 a 64, incrementos de 16.

4. Tamaño del kernel de la segunda capa convolucional (conv\_2\_kernel):  
**Valores probados:** 3, 5.
5. Unidades de la primera capa densa (dense\_1\_units):  
**Valores probados:** 512, 640, 768, 896, 1024.  
**Rango:** 512 a 1024, incrementos de 128.
6. Tasa de aprendizaje (learning\_rate):  
**Valores probados:** 0.01, 0.001, 0.0001.

En la **Tabla 6** podemos ver el resumen de los parámetros definidos en el modelo:

Images per folder	2000	Val loss	0.6032
Batch size	128	Val accuracy	0.9129
epochs	50	conv layers	2
learning rate	0.0001	Pooling layers	2
optimizer	Adam	Dropout layers	1
loss	0.44	Dense layers	2
accuracy	0.9415	time	2,05
Activation functions	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']		
conv_details	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]		
dense_details	[{'units': 1024}, {'units': 5}]		

**Tabla 6:** Resumen parámetros KERAS Tuner. Fuente propia.

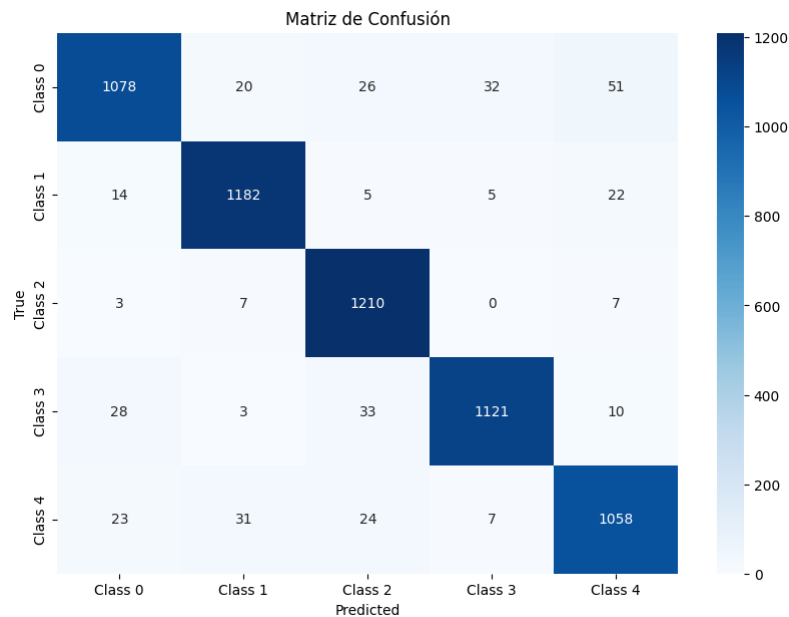
La motivación para utilizar KERAS Tuner radica en su capacidad para ajustar de manera eficiente y automática aspectos críticos del modelo, como el número de neuronas en las capas, las tasas de aprendizaje y otros parámetros que pueden tener un impacto significativo en el rendimiento del modelo, la búsqueda de hiperparámetros no sólo busca mejorar la precisión y la eficiencia del modelo, sino también prevenir problemas como el overfitting, como puede observarse en la evolución del 'accuracy' y la 'pérdida' a lo largo de las épocas en las gráficas proporcionadas, ver resultados **Figura 31**.

	precision	recall	f1-score	support
0	0.940663	0.893123	0.916277	1207.0000
1	0.950925	0.962541	0.956698	1228.0000
2	0.932203	0.986145	0.958416	1227.0000
3	0.962232	0.938075	0.950000	1195.0000
4	0.921603	0.925634	0.923614	1143.0000
accuracy	0.941500	0.941500	0.941500	0.9415
macro avg	0.941525	0.941104	0.941001	6000.0000
weighted avg	0.941698	0.941500	0.941281	6000.0000

**Figura 31:** Resultados modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.

Los resultados obtenidos después de la optimización con KERAS Tuner muestran mejoras significativas en la precisión y robustez del modelo. Observando las métricas de evaluación:

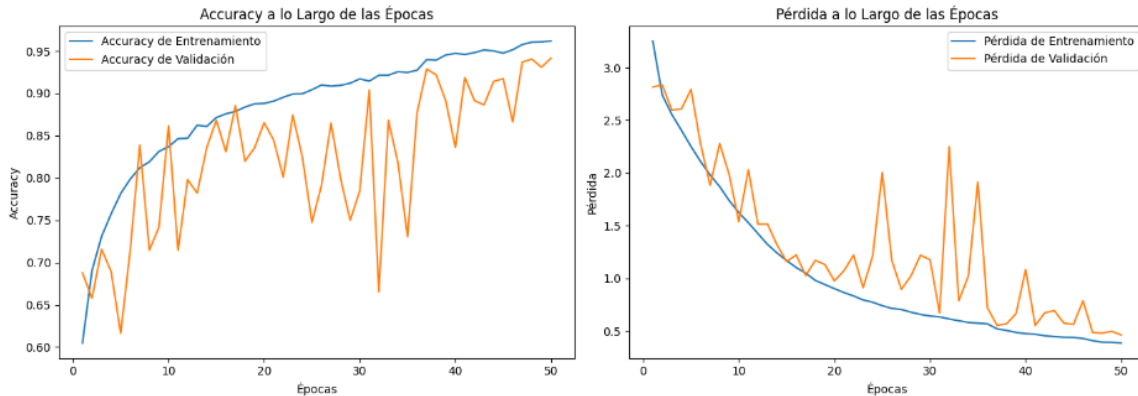
- **Precisión:** Las clases tienen altos valores de precisión, destacando especialmente la clase 1 y la clase 3 con precisiones del 95.09% y 96.22% respectivamente, lo que indica que el modelo es muy efectivo en identificar correctamente estas categorías sin confundirlas con otras.
- **Recall:** El recall también es alto en todas las clases, con la clase 2 alcanzando un impresionante 98.61%, lo que sugiere que el modelo es excelente en detectar casi todos los verdaderos positivos de esta categoría.
- **F1-Score:** Los valores de F1-score son consistentemente altos, siendo un balance entre la precisión y el recall, lo cual indica que el modelo equilibra bien tanto la precisión como la capacidad de recall.



**Figura 32:** Matriz de confusión modelo con KERAS Tuner. Fuente propia.

Además, al analizar la matriz de confusión **Figura 32**.

- La Matriz de Confusión muestra que la mayoría de las predicciones se alinean correctamente en la diagonal, indicando clasificaciones precisas. Sin embargo, se observan algunos errores significativos, como en la clase 0, donde hay 32 falsos positivos que se clasificaron erróneamente como clase 4. Esto sugiere que hay ciertas áreas en las que el modelo puede confundirse.



**Figura 33:** Gráfico del modelo KERAS Tuner. Fuente propia.

Curvas de entrenamiento y validación ver **Figura 33**.

#### Accuracy a lo largo de las épocas:

- **Accuracy de Entrenamiento (línea azul):** Aumenta rápidamente durante las primeras épocas y luego se estabiliza alrededor del 85% a 90%, lo que indica que el modelo aprende de manera efectiva a partir de los datos de entrenamiento.
- **Accuracy de Validación (línea naranja):** La precisión en la fase de validación comienza de manera similar a la de entrenamiento, pero muestra más fluctuaciones, se mantiene entre el 75% y el 85%, por debajo de la precisión del entrenamiento. Esta variabilidad y la diferencia con respecto a la precisión del entrenamiento sugieren que podría haber un ligero sobreajuste, ya que el modelo funciona consistentemente mejor con los datos de entrenamiento que con los de validación.

#### Pérdida a lo largo de las épocas:

- **Pérdida de Entrenamiento (línea azul):** Disminuye de manera constante, lo que indica que el modelo está mejorando y minimizando el error en el conjunto de entrenamiento.

- **Pérdida de Validación (línea naranja):** Aunque sigue una tendencia decreciente, muestra picos significativos en ciertas épocas. Esto puede ser indicativo de problemas en el modelo, como el sobreajuste o la sensibilidad a la variabilidad en el conjunto de validación.

La utilización de KERAS Tuner ha permitido mejorar la arquitectura del modelo y los hiperparámetros de manera efectiva, mejorando notablemente el rendimiento en términos de precisión y generalización, la implementación de este enfoque de optimización ha sido crucial para alcanzar un balance adecuado y para mitigar problemas potenciales como el overfitting o underfitting, logrando así un modelo robusto y eficiente para la clasificación de las imágenes.

### 5.3.2. Modelo 2: Transfer learning

El modelo de Transfer Learning utilizando VGG ha demostrado gran eficacia, aprovechando las características aprendidas de la red preentrenada, los parámetros del modelo entrenado los podemos ver en **Tabla 7**.

Images per folder	9000	Val loss	1.182
Batch size	128	Val accuracy	0.7975
epochs	15	conv layers	Utiliza capas de VGG16
learning rate	0.0001	Pooling layers	Utiliza capas de VGG16
optimizer	Adam	Dropout layers	1 (Dropout(0.4))
loss	1.18	Dense layers	2 (Dense (1024), Dense(num_classes))
accuracy	0.818	time	1,50 horas
Activation functions	['relu', 'softmax']		
conv_details	Utiliza capas de VGG16 con filtros predefinidos		
dense_details	[{'units': 1024}, {'units': num_classes}]		

**Tabla 7:** Resumen parámetros Transfer Learning. Fuente propia.

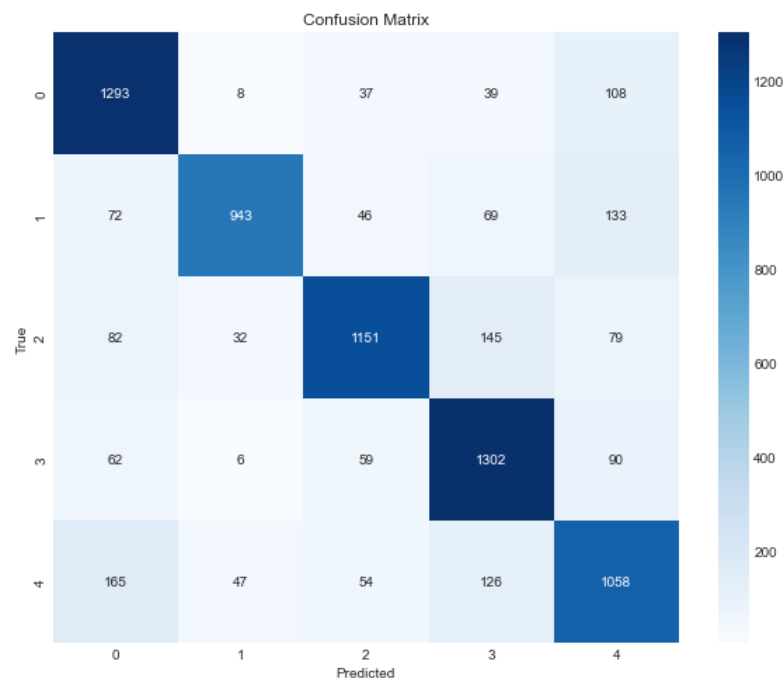
Las métricas de precisión, recall y F1-score son buenas y muestran un balance adecuado, lo que indica que el modelo se adapta bien a las variaciones de las clases, el accuracy general alcanza el 81%, lo que señala una notable capacidad de clasificar correctamente nuevas instancias ver **Figura 34**.

	precision	recall	f1-score	support
Class 0	0.77	0.87	0.82	1485
Class 1	0.91	0.75	0.82	1263
Class 2	0.85	0.77	0.81	1489
Class 3	0.77	0.86	0.81	1519
Class 4	0.72	0.73	0.73	1450
accuracy			0.80	7206
macro avg	0.81	0.80	0.80	7206
weighted avg	0.80	0.80	0.80	7206

**Figura 34:** Resultados modelo con Transfer Learnig. Fuente propia.

- **Clase 0:** Muestra una gran capacidad para identificar correctamente sus imágenes con un alto recall del 87%.
- **Clase 1 y Clase 2:** Presentan precisiones entre el (91% y 85%), aunque el recall para la Clase 1 es algo más bajo (75%), sugiriendo una posible mejora en la sensibilidad.
- **Clase 3 y Clase 4:** Tienen un buen equilibrio entre precisión y recall, aunque la Clase 4 muestra una precisión relativamente baja (72%) comparada con las otras clases.

### Matriz de Confusión

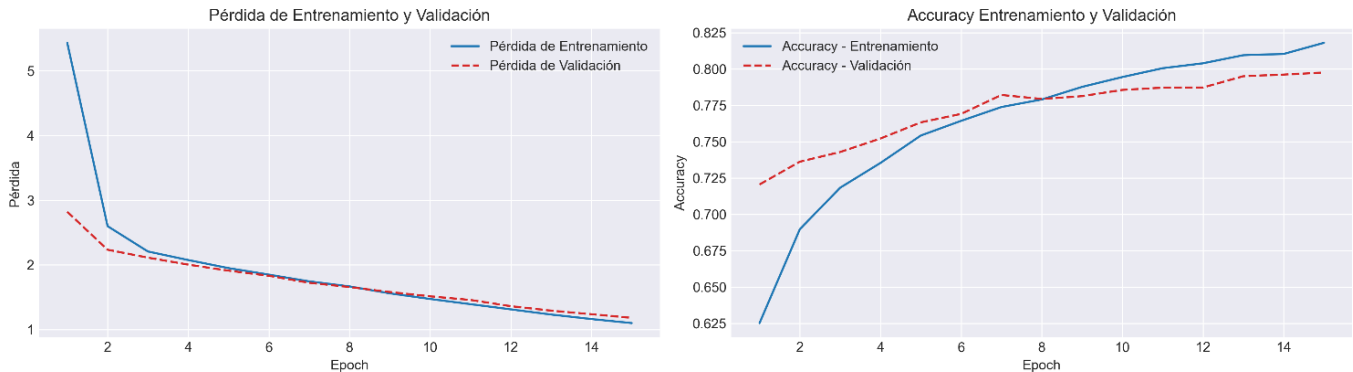


**Figura 35:** Matriz de confusión modelo Transfer Learning. Fuente propia.

La matriz de confusión muestra buenos resultados con altos números en la diagonal principal, lo cual es indicativo de buenas tasas de verdaderos positivos, existen algunos errores entre

categorías similares, esto puede requerir mejoras, se podría ajustar el preprocesamiento de datos o modificando la arquitectura del modelo.

### Curvas de Aprendizaje



**Figura 36:** Gráfico modelo Transfer Learning. Fuente propia.

- **Pérdida de Entrenamiento y Validación:** Las curvas de pérdida muestran un descenso abrupto en las primeras épocas, lo que es una señal que el modelo logra aprender rápidamente las características esenciales del conjunto de datos, Cuando las curvas de entrenamiento y validación se juntan, indica que el modelo no se sobreajusta.
- **Accuracy de Entrenamiento y Validación:** A lo largo del entrenamiento, estas curvas demuestran una mejora continua: la curva de validación casi refleja la curva de entrenamiento antes de alcanzar la estabilidad al final. Esto implica una gran capacidad para generalizar nuevos datos, manteniendo la coherencia durante el proceso.

### 5.4. Análisis de resultados

Se procede a realizar el análisis comparativo de los modelos, ver **Tabla 8**

CARACTERÍSTICA	MODELO PROPIO INICIAL	MODELO KERAS TUNER	MODELO TRANSFER LEARNING CON VGG
<b>(Accuracy)</b>	0.83	0.94	0.80
<b>F1-Score</b>	0.81	0.94	0.80
<b>Pérdida de Validación</b>	Ligera divergencia	Converge adecuadamente	Converge bien
<b>Volatilidad en Precisión de Validación</b>	Alta	Baja	Moderada
<b>Matriz de Confusión - Mejor Clase</b>	Clase 2 y 3 bien clasificadas	Alto rendimiento en todas las clases	Buena precisión general, debilidad en clase 4

<b>Observaciones de Entrenamiento</b>	Inicio de sobreajuste y volatilidad en precisión	Mejora y convergencia estables	Mejora constante, estancamiento al final
---------------------------------------	--	--------------------------------	--

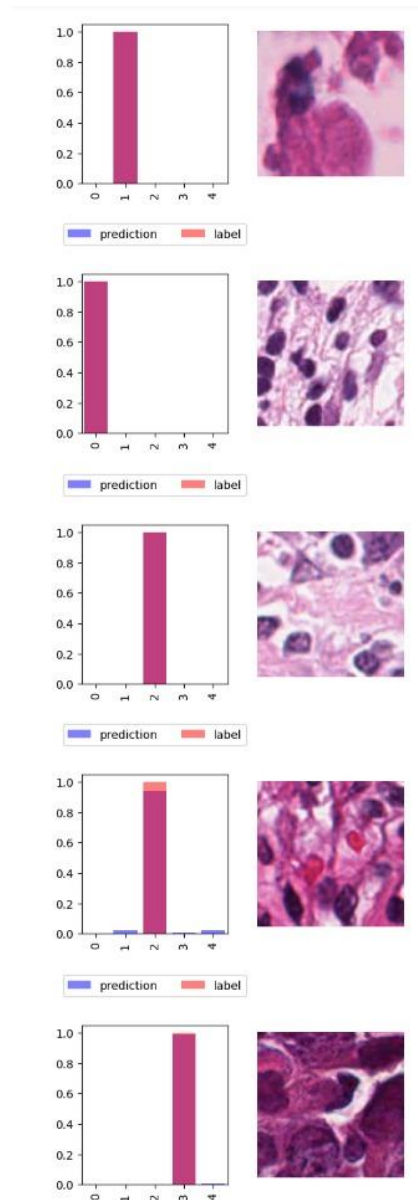
**Tabla 8:** Análisis de resultados.

Evaluando los tres modelos en términos de robustez, generalización y precisión, el Modelo KERAS Tuner destaca con el mejor rendimiento general en todas las métricas y la estabilidad en la pérdida y precisión a lo largo del entrenamiento, el modelo también muestra menor diferencia entre las precisiones de entrenamiento y validación, lo que indica que está generalizando mejor que los otros dos modelos.

Dado esto se selecciona el Modelo KERAS Tuner para la implementación final, los resultados obtenidos con el modelo optimizado mediante KERAS Tuner muestran una mejora significativa en todas las métricas de evaluación en comparación con el modelo propio inicial y el modelo de Transfer Learning con VGG, la precisión, recall y f1-score superiores indican que el modelo optimizado tiene una mayor capacidad para identificar correctamente el tejido canceroso, minimizando tanto los falsos positivos como los falsos negativos.

El uso de data augmentation en el proceso de entrenamiento contribuyó positivamente a mejorar la capacidad de generalización del modelo, permitiéndole aprender de manera efectiva las características relevantes de las imágenes histológicas; la configuración de una tasa de aprendizaje adecuada y el uso de técnicas de regularización, como dropout, ayudaron a prevenir el sobreajuste, asegurando que el modelo se mantuviera estable frente a nuevos de datos.

Evaluando el modelo, podemos observar en la **Figura 37** las predicciones obtenidas de 5 imágenes aleatorias de tamaño  $100 \times 100$ , contrastando las etiquetas reales con las probabilidades de clasificación en las 5 categorías:



**Figura 37:** Resultado evaluación modelo KERAS Tuner.

Los resultados muestran que el modelo Keras Tuner tiene una alta precisión en la clasificación de las imágenes histológicas, en la **Figura 37** se presentan dos barras para cada imagen:

- **Barras de color morado:** Estas representan las predicciones del modelo, cada barra indica la probabilidad que el modelo asigna a cada clase de tejido (0, 1, 2, 3, 4) para la imagen correspondiente. La altura de la barra representa la confianza del modelo en su predicción para esa clase.
- **Barras de color rojo:** Estas representan las etiquetas reales de las imágenes, es decir, la

clase correcta a la que pertenece cada imagen según los datos etiquetados.

En la **Figura 37** se observa que las barras moradas (predicciones) se encuentran alineadas casi completamente con las barras rojas (etiquetas reales). Esto indica que el modelo clasifica muy bien las imágenes casi en su totalidad, la coincidencia cercana entre las barras moradas y rojas indica que el modelo tiene un buen rendimiento en la detección de tejido canceroso mamario a partir de imágenes histológicas.

## 6. CONCLUSIONES

Finalmente podemos concluir que el uso de Keras Tuner en el proyecto permitió optimizar la arquitectura del modelo de aprendizaje profundo, los resultados obtenidos muestran que el modelo ajustado con Keras Tuner tiene un mejor desempeño que los modelos anteriores en términos de precisión, recall y puntuación F1, evidenciando mejoras en la capacidad de generalización y accuracy.

El modelo de clasificación de imágenes histológicas desarrollado en este proyecto tiene gran potencial de mejorar la detección temprana del cáncer de mama, la precisión y la confiabilidad del modelo optimizado pueden reducir la probabilidad de errores en el diagnóstico y disminuir los costos asociados a los análisis de laboratorio. Al identificar correctamente el tejido canceroso con gran precisión, el modelo puede ayudar a los profesionales de la salud a tomar decisiones mejor informadas y oportunas en el tratamiento de los pacientes con cáncer.

La integración de técnicas avanzadas de aprendizaje automático en el análisis de imágenes médicas representa un gran avance en la lucha contra el cáncer, este proyecto demuestra que los modelos de redes neuronales convolucionales y optimizados con herramientas como Keras Tuner, pueden ofrecer soluciones efectivas para la detección temprana del cáncer de mama, esto se traduce en mayores tasas de supervivencia y mejor calidad de vida para los pacientes, además, el uso de estos modelos puede estandarizar y mejorar la precisión del diagnóstico en el campo clínico, contribuyendo a un sistema de salud más eficiente y confiable.

El modelo optimizado con Keras Tuner proporciona un rendimiento superior en términos de métricas de evaluación y adicional también demuestra la importancia de la optimización de hiperparámetros en el desarrollo de modelos de aprendizaje profundo, este enfoque puede ser aplicado a otros tipos de cáncer y enfermedades, ampliando el impacto positivo de las técnicas de aprendizaje automático en el campo médico. La integración de este modelo en el ámbito clínico puede ser un paso significativo hacia diagnósticos más precisos y tratamientos más eficaces, mejorando así los resultados para los pacientes y contribuyendo a la lucha contra el cáncer.

## 7. BIBLIOGRAFÍA

- [1] H. Sung, J. Ferlay, R. L. Siegel, M. Laversanne, I. Soerjomataram, A. Jemal y F. Bray, «American Cancer Society Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries,» *Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN*, pp. 209-249, 2021.
- [2] Cancer Research U.K., «Cancer Research U.K.,» [En línea]. Available: <https://www.cancerresearchuk.org/health-professional/cancer-statistics/statistics-by-cancer-type/breast-cancer#heading-Zero>.
- [3] P. T. Truong, V. Bernstein, E. Wai, B. Chua, C. Speers y I. A. Olivotto, «Age-related variations in the use of axillary dissection: a survival analysis of 8038 women with T1–ST2 breast cancer,» *International Journal of Radiation Oncology, Biology and Physics*, pp. 794-803, 2022.
- [4] M. Hammond, D. Hayes, M. Dowsett, D. Allred, K. Hagerty, S. Badve, P. Fitzgibbons, G. Francis y N. Goldstein, «College of American Pathologists guideline recommendations for immunohistochemical testing of estrogen and progesterone receptors in breast cancer,» *American Society of Clinical Oncology*, 2010.
- [5] G. Shamaï, Y. Binenbaum, R. Slossberg, I. Duek, Z. Gil y R. Kimmel, «Artificial Intelligence Algorithms to Assess Hormonal Status From Tissue Microarrays in Patients With Breast Cancer,» 2019.
- [6] J. Ferlay, M. Colombet, I. Soerjomataram, D. M. Parkin, M. Piñeros, A. Znaor y F. Bray, «Cancer Statics for the year 2020: An overview,» *INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER*, pp. 778-789, 2021.
- [7] V. Harding, J. Krell, R. Ramaswami, C. Twelves y J. Stebbing, «Document details - 'Being there' for women with metastatic breast cancer: A pan-European patient survey,» *British Journal of Cancer*, pp. 1543-1548.
- [8] C. E. DeSantis, F. Bray , J. Ferlay, J. Lortet-Tieulent, B. O. Anderson y A. Jemal, «International Variation in Female Breast Cancer Incidence and Mortality Rates,» *National Library of Medicine*, vol. 10, pp. 1495-1506, 2015.
- [9] L. Gartner y J. Hiatt, *Histología*, Barcelona: Elsevier, 2011.
- [10] C. Crespo Garay, «National Geography,» Abril 2023. [En línea]. Available: <https://www.nationalgeographicla.com/ciencia/2023/04/un-metodo-basado-en-inteligencia-artificial-detecta-el-cancer-del-futuro>. [Último acceso: 11 Junio 2023].
- [11] Á. Herrera-Gómez, S. A. Ñamendys-Silva y A. Meneses-García, *Manual de Oncología*, Ciudad de México: McGraw-Hill Education, 2018.
- [12] A. F. Rositch, K. Unger-Saldaña, . R. J. DeBoer, A. Ng'ang'a y B. J. Weiner, «The role of dissemination and implementation science in global breast cancer control programs: Frameworks, methods, and examples,» *National Library of Medicine*, vol. 126, p. 2394–2404, 2020.
- [13] X. Zhou, C. Li, M. Mamunur Rahaman, Y. Yao, S. Ai, C. Sun, Q. Wang, Y. Zhang, M. Li, X.

- Li, T. Jiang, D. Xue, S. Qi y Y. Teng, «A Comprehensive Review for Breast Histopathology Image Analysis Using Classical and Deep Neural Networks,» *National Natural Science Foundation of China*, 2020.
- [14] Ó. Gamboa, . L. A. Buitrago, T. Lozano, S. Dieleman, C. Gamboa, . É. León Guzmán, M. Gil y J. Fuentes, «Costos directos de la atención del cáncer de mama en Colombia,» *Revista Colombia de cancerología*, vol. 20, nº 2, pp. 52-60, 2016.
- [15] S. Łukasiewicz , M. Czezelewski, . A. Forma, J. Baj, R. Sitarz y A. Stanisławek, «Breast Cancer—Epidemiology, Risk Factors, Classification, Prognostic Markers, and Current Treatment Strategies An Updated Review,» *Multidisciplinary Digital Publishing Institute*, 2021.
- [16] G. García de Vinuesa Calvo, «CLASIFICACIÓN ANATOMOPATOLÓGICA,» *Rev Esp Patol Torac*, vol. 29, nº 2, pp. 13-24, 2017.
- [17] J. P. Miranda Miguel, L. Alves Neves, A. Santana Martins, M. Zanchetta do Nascimento y T. A. Azevedo Tosta, «Analysis of neural networks trained with evolutionary algorithms for the classification of breast cancer histological images,» *Expert Systems with Applications*, 2023.
- [18] C. Arenas, «Técnica de Histología,» *Departamento de Biología Celular y Tisular*, 2010.
- [19] D. Mejia Verdial, F. Paredes, T. Licon Rivera y L. Salinas Gómez, «HISTOLOGÍA: DESDE SU ORIGEN HASTA LA ACTUALIDAD,» *Cient. Esc. Univ. Cienc. Salud*, vol. 3, nº 1, pp. 47-57, 2019.
- [20] R. G. Alquicira, M. R. Lemus y T. I. F. v. d. Goes, *Histología y biología celular*, 3e Ed., Ciudad de México: McGraw-Hill Education, 2017.
- [21] R. Sharda y D. Delen, *Analytics, data science, artificial intelligence systems for decision support*, Harlow: Pearson Education, 2021.
- [22] GAMCO, «Keras: Concepto y Definiciones,» 16 03 2024. [En línea]. Available: [https://gamco.es/glosario/keras/#:~:text=Keras%20es%20una%20biblioteca%20de,Toolkit%20\(CNTK\)%20y%20Theano..](https://gamco.es/glosario/keras/#:~:text=Keras%20es%20una%20biblioteca%20de,Toolkit%20(CNTK)%20y%20Theano..)
- [23] G. James, D. Witten, T. Hastie y R. Tibshirani, «An Introduction to Statistical Learning,» *Springer*, vol. 112, p. 18, 2017.
- [24] C. Bishop y N. Nasrabadi, «Patter recognition and machine learning,» *Springer*, vol. 4, nº 4, p. 738, 2006.
- [25] D. Rumelhart y J. McClelland, *Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition.*, MIT Press, 1986.
- [26] I. Goodfellow, Y. Bengio y A. Courville, *Deep Learning.*, MIT Press, 2016.
- [27] C. M. Bishop, «Pattern Recognition and Machine Learning,» *Springer*, 2006.
- [28] A. Géron, «Hands-on machine learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow,» *Reilly Media, Inc.*, 2022.
- [29] J. Gareth, *An introduction to statistical learning*, New York: Springer, 2023.
- [30] F. Alexandre, . L. S. Oliveira y C. Petitjean, «Breast cancer histopathological image classification using Convolutional Neural Networks,» *2016 International Joint*

- Conference on Neural Networks (IJCNN)*, pp. 2560-2567, 2016.
- [31] A. Krizhevsky, I. Sutskever y G. E. Hinton, «ImageNet classification with deep convolutional neural networks," *Advances in neural information processing systems*,"» 2012. [En línea]. Available: [https://proceedings.neurips.cc/paper\\_files/paper/2012/file/c399862d3b9d6b76c8436e924a](https://proceedings.neurips.cc/paper_files/paper/2012/file/c399862d3b9d6b76c8436e924a). [Último acceso: 20 Febrero 2024].
- [32] K. Simonyan y A. Zisserman, «Vey deep convolutional networks for large-scale image recognition,» *arxiv*, 2015.
- [33] J. Shaikh, «Analytics Vidhya,» 15 Junio 2023. [En línea]. Available: <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2017/08/10-advanced-deep-learning-architectures-data-scientists/>. [Último acceso: 1 Marzo 2024].
- [34] K. He, X. Zhang, S. Ren y J. Sun, «Deep Residual Learning for Image recognition,» *Microsoft Research*, 2015.
- [35] V. K. Reshma, N. Arya, S. Sayeed Ahmad, I. Wattar, S. Mekala, S. Joshi y D. Krah, «Detection of Breast Cancer Using Histopathological Image Classification Dataset with Deep Learning Techniques,» *BioMed Research International*, 2022.
- [36] A. Belsare, M. M. Mushrif , M. A. Pangarkar y N. Meshram, «Classification of breast cancer histopathology images using texture feature analysis,» *TENCON 2015 - 2015 IEEE Region 10 Conference*, pp. 1-5, 2015.
- [37] P. Tan, M. Steinbach y A. Karpatne, *Introduction to data mining*, Harlow, England: Pearson Educación, 2019.
- [38] B. Keating, *Forecasting & Predictive Analytics.*, McGraw-Hill Interamericana, 2019.
- [39] Geeks for Geeks, «Geeks for Geeks,» 11 Marzo 2024. [En línea]. Available: Cuando hablamos de modelos de aprendizaje automático, nos referimos a su rendimiento y precisión, que se traducen en errores de predicción. Imagina que estamos diseñando un modelo de aprendizaje automático. Un buen modelo es aquel que puede generalizar co.
- [40] R. Ruizendaal, «Towards data science,» 12 Mayo 2017. [En línea]. Available: <https://towardsdatascience.com/deep-learning-3-more-on-cnns-handling-overfitting-2bd5d99abe5d>.
- [41] E. E. Ebrahim Ali y W. Zhi Feng, «Breast Cancer Classification using Support Vector Machine and Neural Network,» *International Journal of Science and Research (IJSR)*, 2014.
- [42] L. Merino Ulizarna, *Breast cancer histopathological image classification using Convolutional Neural Networks*, Madrid: Breast cancer histopathological image classification using Convolutional Neural Networks, 2022.
- [43] M. S. Iqbal, W. Ahmad, R. Alizadehsani, S. Hussain y R. Rehman, «Breast Cancer Dataset, Classification and Detection Using Deep Learning,» *Healthcare (Basel).*, vol. 10, nº 12, 2022.
- [44] N. B. S. Wafaa Rajaa Drioua, «Breast Cancer Histopathological Images Segmentation Using Deep Learning,» *National Library of Medicine*, vol. 23, nº 17, 2023.

- [45] C. A. Pérez Marrero, T. Vázquez Romaguera, A. Mulet De Los Reyes, C. R. Vázquez Seisdedos y F. Perdígón Romero, «HistoBCAD: herramienta de código abierto para detección de cáncer de mama en imágenes histopatológicas,» *Medisur*, vol. 20, nº 2, 2022.
- [46] J. P. M. Miguel, L. A. Neves, A. S. Martins y T. A. A. T. Marcelo Zanchetta do Nascimento, «Analysis of neural networks trained with evolutionary algorithms for the classification of breast cancer histological images,» *Expert Systems with Applications*, vol. 231, 2023.
- [47] V. Subramanian, T. Syeda Mahmood y M. N. Do, «Modelling-based joint embedding of histology and genomics using canonical correlation analysis for breast cancer survival prediction,» *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 149, 2024.
- [48] G. Sajiv, G. Ramkumar, S. Shanthi, A. Chinnathambi y S. A. Alharbi, «Predicting Breast Cancer Risk from Histopathology Images using Hybrid Deep Learning Classifier,» *Medical Engineering & Physics*, 2024.
- [49] R. Tandon, S. Agrawal, N. P. S. Rathore, A. K. Mishra y S. K. Jain, «A systematic review on deep learning-based automated cancer diagnosis models,» *Journal of Cellular and Molecular Medicine*, vol. 28, nº 6, 2024.
- [50] M. Amgad, «upplementary Information. Structured crowdsourcing enables convolutional segmentation of histology images,» *Bioinformatic*, vol. 35, nº 18, pp. 3461-3467, 2019.
- [51] H. Sung, J. Ferlay y R. Siegel, «Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries,» *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, pp. 191-280, 2021.
- [52] G. Curigliano, H. Burstein y M. Gnant, «Understanding breast cancer complexity to improve patient outcomes: The St Gallen International Consensus Conference for the Primary Therapy of Individuals with Early Breast Cancer 2023,» de *Annals of Oncology*, Vienna, 2023.
- [53] M. L. Plasilova, B. Hayse, B. K. Killelea, N. R. Horowitz, A. B. Chagpar y D. R. Lannin, «Features of triple-negative breast cancer: Analysis of 38,813 cases from the national cancer database,» *Medicine (Baltimore)*, vol. 95, nº 35, p. e4614, 2016.
- [54] IMAGINET, «ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge (ILSVRC),» [En línea]. Available: <https://www.image-net.org/challenges/LSVRC/>. [Último acceso: 12 Marzo 2024].

## 8. ANEXOS

### Anexo 1.: Implementación de las arquitecturas de red CNN en KERAS.

images per folder	Batch size	Epochs	lr	Optimizer	Loss	Accuracy	Val loss	Val accuracy	Conv layers	Pooling layers	Dropout layers	Dense layers	Activation functions	Conv_details	Dense_details
60	32	7	0,001	RMSprop	2,00577	0,32925	3,18143	0,26667	3	3	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}	{'units': 512}, {'units': 6}
300	32	7	0,001	RMSprop	2,66727	0,30871	1,32837	0,36444	3	3	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}	{'units': 512}, {'units': 6}
300	128	16	0,001	RMSprop	1,38843	0,33649	1,04729	0,54667	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}	{'units': 512}, {'units': 6}
300	128	10	0,001	Adam	0,9291	0,52419	0,82962	0,58667	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}	{'units': 512}, {'units': 6}
300	128	10	0,001	Adam	0,78969	0,61733	0,62862	0,73111	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}	{'units': 512}, {'units': 6}
300	128	10	0,001	Adam	0,74288	0,60619	0,71929	0,67111	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}	{'units': 512}, {'units': 6}
1000	128	10	0,001	Adam	1,61328	0,21851	1,61082	0,19467	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}	{'units': 512}, {'units': 6}
2000	128	10	0,001	Adam	1,24556	0,37679	1,16097	0,497	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}	{'units': 512}, {'units': 6}

<b>2000</b>	256	20	0,001	RMSprop	0,66358	0,71929	2,28007	0,63967	4	4	2	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>6000</b>	256	20	0,001	RMSprop	0,67121	0,71144	2,69802	0,49	4	4	2	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>6000</b>	256	20	0,001	RMSprop	0,77611	0,67777	1,44978	0,5	4	4	2	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>20000</b>	256	20	0,001	RMSprop	0,7047	0,68931	6,96543	0,3464	4	4	2	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>20000</b>	256	20	0,001	RMSprop	0,58743	0,71995	8,57845	0,21682	4	4	3	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>20000</b>	128	20	0,001	RMSprop	0,73764	0,66284	4,88223	0,41096	3	3	3	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>500</b>	128	10	0,001	Adam	0,71294	0,66617	0,52566	0,79467	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>1000</b>	128	10	0,001	Adam	0,87818	0,52703	0,86808	0,63067	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}]	[{'units': 512}, {'units': 6}]
<b>1000</b>	128	5	0,001	Adam	1,20512	0,39326	1,10366	0,504	4	4	1	2	['relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'relu', 'softmax']	[{'filters': 32, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 64, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 128, 'kernel_size': (3, 3)}, {'filters': 256, 'kernel_size': (9, 9)}]	[{'units': 512}, {'units': 5}]