



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Facultad de Ingeniería de Sistemas e Informática

Escuela Profesional de Ingeniería de Sistemas

**Detección y localización de gliomas cerebrales (tumor)
basados en imágenes de resonancia magnética y
aprendizaje profundo**

TESIS

Para optar el Título Profesional de Ingeniero de Sistemas

AUTOR

Ariana Ayelén SANDOVAL JUAREZ

Diego NORIEGA VELA

ASESOR

Norberto Ulises ROMÁN CONCHA

Lima, Perú

2025



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Sandoval, A. & Noriega, D. (2025). *Detección y localización de gliomas cerebrales (tumor) basados en imágenes de resonancia magnética y aprendizaje profundo*. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ingeniería de Sistemas e Informática, Escuela Profesional de Ingeniería de Sistemas]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios autor/ asesor

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Ariana Ayelén Sandoval Juarez
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	74021009
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-5534-6370
Nombres y apellidos	Diego Noriega Vela
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	72176075
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-1593-3511
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Norberto Ulises Román Concha
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	08510560
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-3302-7539
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Luzmila Elisa Pró Concepción
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	08862360
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Pablo Romero Naupari
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	06182185
Datos de investigación	

Línea de investigación	NO
Grupo de investigación	ITDATA
Agencia de financiamiento	NO
Ubicación geográfica de la investigación	Perú, Lima, Los Olivos Latitud: -11.952240 Longitud: -77.078919 Latitud: 11°57'08.1" Sur Longitud: 77°04'44.1" Oeste
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2024-2025
URL de disciplinas OCDE	Ingeniería de sistemas y comunicaciones https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#2.02.04



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
FACULTAD DE INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA
Escuela Profesional de Ingeniería de Sistemas

Acta Virtual de Sustentación de Tesis

Siendo las 20:00 horas del día 24 de junio del año 2025, se reunieron virtualmente los docentes designados como miembros de Jurado de Tesis, presidido por la Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción, Lic. Pablo Romero Naupari (Miembro) y el Lic. Norberto Ulises Román Concha (Miembro Asesor), usando la plataforma Meet (<https://meet.google.com/bfb-yjqs-cyp>) para la sustentación Virtual de la tesis Intitulada: “**Detección y localización de gliomas cerebrales (tumor) basados en imágenes de resonancia magnética y aprendizaje profundo.**”, del bachiller : Diego Noriega Vela; para obtener el Título Profesional de Ingeniero de Sistemas.

Acto seguido de la exposición de la Tesis, el Presidente invitó del Bachiller a responder las preguntas formuladas por los Miembros del Jurado.

El Bachiller, en el curso de sus intervenciones demostró pleno dominio del tema, al responder con acierto y fluidez las preguntas formuladas por los señores miembros del Jurado.

Finalmente habiéndose efectuado la calificación correspondiente por los miembros del Jurado, el bachiller obtuvo la nota de 19 (diecinueve)

A continuación, la Presidenta del Jurado Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción, declara al bachiller **Ingeniero de Sistemas.**

Siendo 21:00 horas, se levantó la sesión.

Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción
Presidenta

Lic. Pablo Romero Naupari
Miembro

Lic. Norberto Ulises Román Concha
Miembro Asesor



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
FACULTAD DE INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA
Escuela Profesional de Ingeniería de Sistemas

Acta Virtual de Sustentación de Tesis

Siendo las 20:00 horas del día 24 de junio del año 2025, se reunieron virtualmente los docentes designados como miembros de Jurado de Tesis, presidido por la Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción, Lic. Pablo Romero Naupari (Miembro) y el Lic. Norberto Ulises Román Concha (Miembro Asesor), usando la plataforma Meet (<https://meet.google.com/bfb-yjqs-cyp>) para la sustentación Virtual de la tesis Intitulada: “**Detección y localización de gliomas cerebrales (tumor) basados en imágenes de resonancia magnética y aprendizaje profundo.**”, de la bachiller : Ariana Ayelén Sandoval Juárez; para obtener el Título Profesional de Ingeniero de Sistemas.

Acto seguido de la exposición de la Tesis, el Presidente invitó a la Bachiller a responder las preguntas formuladas por los Miembros del Jurado.

La Bachiller, en el curso de sus intervenciones demostró pleno dominio del tema, al responder con acierto y fluidez las preguntas formuladas por los señores miembros del Jurado.

Finalmente habiéndose efectuado la calificación correspondiente por los miembros del Jurado, la bachiller obtuvo la nota de 19 (diecinueve)

A continuación, la Presidenta del Jurado Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción, declara a la bachiller **Ingeniero de Sistemas.**

Siendo 21:00 horas, se levantó la sesión.

Dra. Luzmila Elisa Pró Concepción
Presidenta

Lic. Pablo Romero Naupari
Miembro

Lic. Norberto Ulises Román Concha
Miembro Asesor

Anexo 1

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, Norberto Ulises Roman Concha en mi condición de asesor acreditado con el Dictamen de la UPG o de la EP N°000016-2024-EPISI-FISI/UNMSM de la **tesis/ monografía/ informe de investigación/trabajo académico**, cuyo título es **DETECCIÓN Y LOCALIZACIÓN DE GLIOMAS CEREBRALES (TUMOR) BASADOS EN IMÁGENES DE RESONANCIA MAGNÉTICA Y APRENDIZAJE PROFUNDO**, presentado por los **bachilleres/ magíster/ egresado/ licenciado/ estudiante Sandoval Juarez, Ariana Ayelén y Noriega Vela Diego** para optar el grado* de/ **título*/ especialidad en INGENIERO DE SISTEMAS**, CERTIFICO que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con el **12%** de similitud, nivel PERMITIDO para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional**.

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del grado*/ título*/ especialidad* Título profesional de Ingeniero de Sistemas.

Lima, 30____de junio____de 2025__



Firma del Asesor

Nombres y Apellidos del asesor: NORBERTO ULISES ROMAN CONCHA

DNI: 08510560

* Según corresponda: bachiller, magíster, doctor; título profesional o título de segunda especialidad

La vigencia del presente certificado corresponde a un período de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia.

AGRADECIMIENTO

A nuestros padres, cuyo amor, sacrificio y apoyo incondicional son la luz que guían nuestro camino convirtiéndose en un sostén invaluable a lo largo de este viaje académico.

A nuestros hermanos y familiares, quienes son fuente constante de ánimo y comprensión. A nuestros amigos y compañeros de facultad, por la amistad genuina y los momentos compartidos.

A nuestro asesor Ulises Román Concha, por su dedicación, guía y revisión constante que fueron fundamentales para que este trabajo alcanzara los objetivos propuestos.

A los jurados, por sus observaciones y recomendaciones.

Y, por encima de todo, gracias a Dios.

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
FACULTAD DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS

Detección y localización de gliomas cerebrales (tumor) basados en imágenes
de resonancia magnética y aprendizaje profundo

Autores: Sandoval Juarez, Ariana Ayelén; Noriega Vela, Diego

Asesor: Román Concha, Norberto Ulises

Título: Tesis para optar el Título profesional de Ingeniero de Sistemas

Fecha: Febrero de 2025

RESUMEN

La detección y segmentación de gliomas cerebrales es esencial para un diagnóstico preciso y un tratamiento oportuno. El método más convencional para la detección de tumores implica redes neuronales convolucionales y modelos híbridos. En la presente tesis, se propone un enfoque basado en diversas arquitecturas de aprendizaje profundo para la detección de gliomas, así como otro método para la segmentación de estos tumores a partir de imágenes de resonancias magnéticas. Se utilizó un conjunto de datos de 3929 registros, con sus máscaras correspondientes, provenientes de 110 pacientes con gliomas cerebrales, extraídos de "The Cancer Genome Atlas" en Kaggle, aplicando técnicas de aumento de datos para evitar el desbalance. Para la detección, se desarrolló un modelo híbrido, para lo cual se entrenaron siete modelos de clasificación basados en arquitecturas como ResNet50, InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception y DenseNet121, implementando transferencia de aprendizaje, preprocesamiento de imágenes y validación cruzada. En la segmentación, se utilizó la arquitectura ResUNet. En los resultados, se observó que el modelo híbrido Voting 5 destacó en la detección de gliomas, logrando un rendimiento sobresaliente con una precisión y sensibilidad del 99.73%, superando los resultados previamente reportados en la literatura. Asimismo, en cuanto a la segmentación, la métrica de Tversky indicó un nivel del 92, señalando una notable similitud o superposición entre la máscara de segmentación real y la predicha por el modelo. El mejor modelo de clasificación y segmentación se implementó en una aplicación web con los requisitos necesarios del especialista médico.

Palabras clave: glioma, resonancias magnéticas, aprendizaje profundo, clasificación, segmentación

NATIONAL UNIVERSITY OF SAN MARCOS
FACULTY OF SYSTEMS ENGINEERING AND COMPUTER SCIENCE
PROFESSIONAL SCHOOL OF SYSTEMS ENGINEERING

**DETECTION AND LOCALIZATION OF BRAIN GLIOMAS (TUMOR) BASED
ON MAGNETIC RESONANCE IMAGES AND DEEP LEARNING**

Authors: Sandoval Juarez, Ariana Ayelén; Noriega Vela, Diego

Advisor: Román Concha, Norberto Ulises

Title: Thesis to obtain the Professional Title of Systems Engineer

Date: February 2025

ABSTRACT

The detection and segmentation of brain gliomas is essential for accurate diagnosis and timely treatment. The most conventional method for tumor detection involves convolutional neural networks and hybrid models. In this thesis, an approach based on various deep learning architectures is proposed for glioma detection, as well as another method for the segmentation of these tumors from magnetic resonance imaging. A dataset of 3,929 records, along with their corresponding masks, was used, sourced from 110 patients with brain gliomas, extracted from "The Cancer Genome Atlas" on Kaggle, applying data augmentation techniques to avoid imbalance. For detection, a hybrid model was developed, training seven classification models based on architectures such as ResNet50, InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception, and DenseNet121, implementing transfer learning, image preprocessing, and cross-validation. For segmentation, the ResUNet architecture was employed. The results showed that the hybrid model Voting 5 excelled in glioma detection, achieving outstanding performance with an accuracy and sensitivity of 99.73%, surpassing previously reported results in the literature. Similarly, for segmentation, the Tversky metric reached a level of 92%, indicating a remarkable similarity or overlap between the actual segmentation mask and the one predicted by the model. The best classification and segmentation models were implemented in a web application, incorporating the necessary requirements of the medical specialist.

Keywords: glioma, magnetic resonance image, deep learning, classification, segmentation

INDICE GENERAL

AGRADECIMIENTO	ii
RESUMEN.....	iii
ABSTRACT.....	iv
LISTA DE TABLAS	ix
LISTA DE FIGURAS	x
CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN	1
1.1. Antecedentes.....	1
1.2. Formulación del problema	3
1.2.1. Problema principal	3
1.2.2. Problemas específicos	3
1.3. Importancia.....	4
1.4. Motivación	4
1.5. Objetivos	5
1.5.1. Objetivo principal.....	5
1.5.2. Objetivos específicos	5
1.6. Alcances y limitaciones.....	5
1.7. Organización de la tesis.....	6
CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO.....	8
2.1. Epidemiología de Tumores Cerebrales.....	8
2.2. Aprendizaje Profundo	10
2.3. Aprendizaje Máquina	12
2.4. Técnicas para balanceo de data	12
2.4.1. Oversampling	12
2.4.2. Data Augmentation	12

2.5.	Transfer Learning	13
2.6.	Imágenes de Resonancia Magnética	13
2.7.	Redes Neuronales Convolucionales	14
2.7.1.	Modelo ResNet	16
2.7.2.	Modelo Unet.....	16
2.7.3.	Modelo ResUnet	17
CAPÍTULO III: ESTADO DEL ARTE		18
3.1.	Metodología de la investigación.....	18
3.2.	Planeamiento.....	18
3.3.	Desarrollo	20
3.4.	Resultados.....	21
3.5.	Análisis	25
3.5.1.	¿Qué modelos existen?	25
3.5.2.	¿Qué funcionalidades poseen estos modelos?	26
3.5.3.	¿Qué herramientas se utilizan para la construcción de estos modelos?	27
3.5.4.	¿Qué algoritmos de Deep Learning se han utilizado?	28
3.5.5.	¿Qué métricas se utilizan para evaluar estos modelos?	32
3.6.	Conclusiones de la revisión sistemática de la literatura	34
CAPÍTULO IV: MODELO DE DETECCIÓN Y LOCALIZACIÓN DE GLIOMAS		36
4.1.	Aporte.....	36
4.2.	Preprocesamiento de imágenes para detector.....	38
4.3.	Modelo sistemático para detección de glioma.....	39
4.3.1.	Proceso de aprendizaje de modelos para detección de gliomas	40
4.3.2.	Modelo híbrido	42

4.4.	Preprocesamiento de imágenes para segmentador	44
4.5.	Modelo sistemático para segmentación de glioma	45
4.5.1.	Proceso de aprendizaje de modelos para localización de gliomas	46
4.6.	Herramientas de desarrollo de modelo clasificador y segmentador .	48
CAPÍTULO V: APORTE PRÁCTICO		54
5.1.	Arquitectura	54
5.1.1.	Arquitectura Lógica	54
5.1.2.	Arquitectura Tecnológica	55
5.1.3.	Arquitectura Física	56
5.2.	Requisitos	57
5.2.1.	Requisitos funcionales	57
5.2.2.	Requisitos no funcionales	58
5.3.	Metodología de desarrollo	59
5.3.1.	Primera iteración (Sprint 1): Plan de Implementación	59
5.3.2.	Segunda y tercera iteración (Sprint 2 y 3): Entrenamiento de modelos	64
5.3.3.	Cuarta iteración (Sprint 4): Desarrollo de aplicativo web	65
5.3.4.	Quinta iteración (Sprint 5): Integración de modelos en aplicativo web	65
5.4.	Limitaciones	66
5.5.	Pruebas de Software	66
5.5.1.	Prueba RF-001: Registro de caso	66
5.5.2.	Prueba RF-002: Determinar presencia de glioma	67
5.5.3.	Prueba RF-003: Segmentar glioma	69
5.5.4.	Prueba RF-004: Repositorio de casos	70

5.5.5. Prueba RF-005: Búsqueda por DNI.....	71
5.6. Funcionamiento	72
CAPÍTULO VI: VALIDACIÓN	77
6.1. Dataset	77
6.2. Preprocesamiento.....	77
6.3. Experimentos.....	78
6.4. Resultados.....	84
6.5. Discusión	85
CONCLUSIONES y RECOMENDACIONES	88
Conclusión general.....	88
Conclusiones específicas	88
Recomendaciones.....	89
Trabajos futuros	90
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	91

LISTA DE TABLAS

Tabla 2.1. Tasa de sobrevida de tumores cerebrales más comunes	10
Tabla 3.1. Sintaxis de consulta utilizada en la búsqueda	19
Tabla 3.2. Criterios de selección y exclusión	20
Tabla 3.3. Artículos potenciales y seleccionados.....	21
Tabla 3.4. Artículos seleccionados	22
Tabla 3.5. Modelos	25
Tabla 3.6. Funcionalidades.....	26
Tabla 3.7. Herramientas para la detección de tumores cerebrales	27
Tabla 3.8. Algoritmos Deep Learning para diagnóstico de gliomas.....	28
Tabla 3.9. Métricas consideradas	32
Tabla 4.1. Librerías Python usadas	49
Tabla 5.1. Requisitos funcionales	57
Tabla 5.2. Requisitos no funcionales	58
Tabla 5.3. Plan de iteraciones	59

LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1. Proceso de investigación	21
Figura 4.1. Método general de detección y localización de gliomas	36
Figura 4.2. Método detallado de detección y localización de gliomas.....	37
Figura 4.3. Modelo sistemático para la detección de gliomas.....	39
Figura 4.4. Modelo híbrido para detección de gliomas	43
Figura 4.5. Modelo sistemático para la segmentación de gliomas	45
Figura 5.1. Diagrama de arquitectura lógica.....	55
Figura 5.2. Diagrama de arquitectura tecnológica	56
Figura 5.3. Diagrama de arquitectura física.....	57
Figura 5.4. Prototipo de interfaz de inicio	60
Figura 5.5. Prototipo de interfaz para realizar consulta	61
Figura 5.6. Prototipo de interfaz para buscar por DNI	62
Figura 5.7. Prototipo de interfaz de resultado de glioma detectado	63
Figura 5.8. Prototipo de interfaz de resultado de glioma no detectado	64
Figura 5.9. Registro de caso	67
Figura 5.10. Detección de glioma.....	68
Figura 5.11. Segmentación de glioma	70
Figura 5.12. Estructura de tabla “users”	71
Figura 5.13. Datos de tabla “users”	71
Figura 5.14. Resultado esperado “Buscar por DNI”	72
Figura 5.15. Formulario de prueba con glioma	73
Figura 5.16. Resultado de prueba con glioma	74
Figura 5.17. Formulario de prueba sin glioma	75
Figura 5.18. Resultado de prueba sin glioma	76

Figura 6.1. Esquema de fase de contracción de modelo segmentador	82
Figura 6.2. Esquema de fase de cuello de botella y expansión de modelo segmentador.....	83
Figura 6.3. Comparativa del resultado de segmentación real y propuesto	85
Figura 6.4. Comparación de resultados del modelo propuesto con el estado del arte	86
Figura 6.5. Matriz de Confusión	86

CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN

1.1. Antecedentes

Los tumores cerebrales constituyen un conjunto diverso debido a la variabilidad de las células de las que provienen. En este contexto, se clasifican en dos categorías: lesiones primarias y lesiones secundarias. Las primeras tienen su origen en células del sistema nervioso central, mientras que las segundas proceden de otras partes del cuerpo y pueden generar metástasis en el cerebro (Contreras, 2017). Dentro de los tumores primarios, los gliomas destacan como el tipo maligno más común, originado a partir de un desarrollo anormal de las células gliales. Entre ellos, el glioblastoma multiforme (GBM) es el más frecuente y representa la neoplasia maligna primaria más prevalente en el sistema nervioso central (Okuma y Fernández, 2017). A pesar de los avances terapéuticos, el GBM sigue siendo incurable y presenta una expectativa de vida promedio de 15 meses. De acuerdo con la clasificación de la Organización Mundial de la Salud (OMS), este tumor se clasifica como de grado IV, lo que refleja su alta agresividad y la necesidad de atención inmediata.

Respecto a la ubicación más frecuente de estas afectaciones gliales, suelen situarse en el lóbulo frontal; tras recibir tratamiento de radioterapia, la progresión del tumor sólo puede preverse en las primeras 12 semanas (Rapalino et al., 2016). Es crucial detectar la enfermedad de manera temprana, por lo que se emplean diversos métodos, entre ellos la resonancia magnética. Esta técnica proporciona imágenes detalladas de los órganos y tejidos, utilizando un campo magnético y ondas de radio generadas por computadora, con el fin de identificar con precisión la naturaleza de la enfermedad y evaluar los daños ocasionados.

A nivel global, las enfermedades cardiovasculares y cerebrovasculares figuran entre las principales causas de morbilidad y mortalidad. Estas enfermedades en sus principios se desarrollan desde la infancia y pueden presentarse de manera súbita en edad adulta, impactando negativamente a la sociedad ya que constituye un importante problema de salud que genera una carga mayor que las enfermedades infecciosas (Vigo, 2008).

En Perú, se determinó que la mortalidad del cáncer de encéfalo y otras partes del sistema nervioso fue de 2,9% en el 2016 y dentro del registro poblacional de cáncer de Lima Metropolitana, los casos incidentes de tumores de encéfalo fueron de 3.4% con un total de 2060 casos durante el periodo 2010-2012 según el Minsa (2021).

Frente a estos retos, en el ámbito médico se ha subrayado la relevancia de crear modelos de predicción exactos (Trujillano et al., 2004) para reconocer y clasificar patrones, asistiendo así a los expertos en salud en el diagnóstico y tratamiento de los pacientes. En este marco, se introduce el término de "Deep Learning" o aprendizaje profundo, que se fundamenta en diseñar modelos con diversas capas neuronales, llamadas redes neuronales, para comprender y procesar datos abstractos y realizar conversiones no lineales intrincadas (Hao et al., 2016). Investigaciones de Rehman et al. (2019), Tetik et al. (2021) y Maquen et al. (2023) han empleado estructuras de redes convolucionales como ResNet50, AlexNet, GoogleNet, VGGNet y Auto-Keras para establecer nuevos modelos para la clasificación de tumores cerebrales, logrando altos índices de exactitud al extraer información valiosa y presentar un desempeño sobresaliente en predicción, particularmente cuando se entrenan con grandes conjuntos de datos de múltiples tipos (Wu et al., 2022).

Las redes neuronales de capas profundas, en términos generales, muestran un poder de clasificación superior a métodos convencionales, como los estadísticos, según diversos análisis (Ruiz et al., 2000). Estas redes se han integrado en diversas herramientas de medicina avanzada, desde el manejo de datos moleculares hasta el estudio de imágenes y la interpretación de texto. En el terreno de las imágenes médicas, estas redes han demostrado ser útiles para segmentar y distinguir áreas o zonas específicas en las imágenes, usando estructuras de redes convolucionales y sistemas de tipo codificador-decodificador, como las UNet, y otras técnicas como los bloques residuales o redes secuenciales (Pantazi et al., 2020).

1.2. Formulación del problema

La detección y localización de tumores cerebrales mediante resonancias magnéticas constituye una técnica no invasiva que proporciona imágenes detalladas del cerebro mediante el cual se puede visualizar el tejido e identificar cambios anormales en la estructura y forma del órgano central del sistema nervioso. Si bien, la complejidad de la técnica de imagen mejora la visibilidad de las áreas anormales del cerebro y la convierte en una forma más segura y precisa de detectar enfermedades gracias a los conocimientos de un radiólogo especializado; la interpretación óptima de la resonancia magnética para la detección de tumores cerebrales exige un equipo de alta gama, profesionales capacitados y un enfoque colaborativo entre diversas disciplinas. En ese contexto, surge el problema principal junto con los problemas específicos.

1.2.1. Problema principal

¿Cómo se puede desarrollar una herramienta de apoyo basado en un modelo de aprendizaje profundo que permita detectar y localizar automáticamente gliomas en imágenes por resonancia magnética cerebral, con el objetivo de brindar apoyo al especialista, mejorar la precisión y generar resultados rápidos del diagnóstico de la enfermedad?

1.2.2. Problemas específicos

PE1. ¿Cómo elegir y recopilar un conjunto de datos de imágenes de resonancia magnética cerebral que satisfaga los estándares de calidad requeridos, cantidad y diversidad necesarios para entrenar de manera efectiva un modelo de aprendizaje profundo que detecte y localice gliomas?

PE2. ¿Qué tipo de arquitectura de aprendizaje profundo es más adecuada para detectar y localizar automáticamente gliomas en imágenes de resonancia magnética, garantizando una alta precisión y eficiencia en el procesamiento?

PE3. ¿Cómo evaluar la precisión y robustez del modelo de Deep Learning construido para la detección de gliomas en comparación con los métodos existentes, utilizando métricas de validación estándar y conjuntos de datos de prueba adecuados?

PE4. ¿Cómo diseñar e implementar un sistema práctico e intuitivo que permita a los especialistas de la salud cargar imágenes de resonancia magnética, procesar los datos a través del modelo de aprendizaje profundo, y visualizar los resultados de detección y localización de gliomas de manera clara y accesible?

1.3. Importancia

La implementación de un proyecto destinado a la detección y localización de gliomas cerebrales utilizando algoritmos de Deep Learning es crucial en los ámbitos de la neurología y la oncología. Los gliomas son tumores cerebrales que presentan dificultades para ser detectados y localizados con exactitud debido a su carácter heterogéneo y a la complejidad inherente del cerebro humano (Smith, 2018). Los algoritmos de Deep Learning, pertenecientes al campo del aprendizaje automático, han demostrado su efectividad en la identificación y localización de gliomas en imágenes de resonancia magnética (MRI) (Johnson y Patel, 2020). Estos algoritmos son capaces de aprender a reconocer patrones complejos en grandes volúmenes de datos, lo que los convierte en herramientas particularmente valiosas para analizar las estructuras complejas del cerebro humano (García, 2021).

La ejecución de proyectos de este tipo tiene el potencial de incrementar considerablemente la exactitud y rapidez en la detección y localización de gliomas, lo que podría resultar en un diagnóstico más precoz y en tratamientos más efectivos (López y Fernández, 2019). Asimismo, puede aliviar la carga laboral de los radiólogos y optimizar la eficiencia del sistema de atención sanitaria (Martínez y Sánchez, 2020).

1.4. Motivación

Hay múltiples enfoques y algoritmos para la segmentación de imágenes de resonancia magnética cerebral, sin embargo, cada modelo, analizado previamente, contiene fortalezas y debilidades, por lo cual es fundamental evaluar, comparar y superar el desempeño de cada uno en la detección y

localización de gliomas cerebrales en personas adultas. Siendo este el objetivo del presente trabajo.

1.5. Objetivos

1.5.1. Objetivo principal

Desarrollar un modelo de detección y localización de gliomas cerebrales (tumor) basados en imágenes de resonancia magnética y aprendizaje profundo para mejorar la precisión reportada por el estado del arte y que sirva como un apoyo confiable en el diagnóstico de la enfermedad para los profesionales de la salud.

1.5.2. Objetivos específicos

OE1. Determinar y recolectar el conjunto de datos de imágenes de resonancias magnéticas del cerebro basado en la literatura para el entrenamiento de nuestros modelos de detección y localización.

OE2. Construir un modelo de Deep Learning para la detección y localización de gliomas cerebrales en imágenes de resonancia magnética preprocesadas.

OE3. Validar los resultados obtenidos con el modelo de Deep Learning propuesto

OE4. Desarrollar un sistema web que implemente los modelos de Deep Learning contruidos para el ingreso de data y visualización de resultados.

1.6. Alcances y limitaciones

Se propone un método sistemático para generar un modelo híbrido y de segmentación para la detección y localización de gliomas a partir de una imagen de resonancia magnética cerebral en seres humanos vivos, que considera cuatro fases: preprocesamiento de imágenes para la detección, preprocesamiento de imágenes para la localización, aprendizaje de detección de gliomas y aprendizaje de localización de gliomas.

- El preprocesamiento de imágenes tanto para la detección como para la localización consta de actividades como la normalización y redimensionamiento aplicados para preparar las imágenes antes de aplicar los algoritmos o modelos de aprendizaje.
- El proceso de aprendizaje para la detección de gliomas implica la preparación y división del conjunto de datos en tres partes: entrenamiento, validación y prueba. Se compilan modelos individuales con funciones de pérdida y optimizadores específicos para crear un modelo híbrido que combina cinco modelos individuales utilizando la estrategia de votación.
- El aprendizaje de localización de gliomas consiste en la preparación de datos que contiene el filtrado, la misma división de datos, además de la creación de listas de identificadores de imagen con su respectiva ruta de máscara. También incluye el generador de datos personalizado, la definición de la arquitectura del modelo U-Net, la compilación y entrenamiento del modelo y el guardado de la arquitectura.

1.7. Organización de la tesis

Este trabajo de tesis se estructura en siete capítulos, cuyos apartados se describen de manera breve a continuación:

En el CAPÍTULO 1, se pone énfasis sobre el contexto de diagnosticar oportunamente los tumores cerebrales que pueden ser de tipos primarios o secundarios, tras ello se define el problema y se muestra su importancia mediante resultados estadísticos recolectados de diversas fuentes. Siguiendo esa línea, se plantea el objetivo principal y específicos que regirán el desarrollo del trabajo además de la motivación de la elaboración de la tesis y la propuesta que solucione la problemática.

En el CAPÍTULO 2, se establecen los conceptos clave vinculados con la problemática abordada y la propuesta planteada. En el CAPÍTULO 3, se expone el estado del arte, en el cual se lleva a cabo una revisión sistemática de la literatura actual sobre diversos avances en modelos para la detección y/o

localización de tumores cerebrales primarios, como los gliomas, entre otras anomalías; estas ayudarán a resolver las siguientes interrogantes: Q1: ¿Qué modelos existen?, Q2: ¿Qué funcionalidades poseen los modelos?, Q3: ¿Qué herramientas se utilizan para la construcción de estos modelos?, Q4: ¿Qué algoritmos de Aprendizaje Profundo o Deep Learning se han utilizado? y Q5: ¿Cuáles son las métricas utilizadas para la evaluación de estos modelos?.

En el CAPÍTULO 4, se describe el modelo propuesto como aporte conceptual.

En el CAPÍTULO 5, se describe la arquitectura, las pruebas y el funcionamiento del software como contribución práctica.

En el CAPÍTULO 6, se muestra el proceso llevado a cabo para validar el aporte planteado a través de una serie de experimentos donde se utilizan diversas métricas para evaluar los resultados obtenidos.

En la última sección se detallan las conclusiones y recomendaciones para mejorar los futuros trabajos.

CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO

2.1. Epidemiología de Tumores Cerebrales

Los tumores cerebrales forman un conjunto heterogéneo debido a la variabilidad de las células que los originan. De esta manera, pueden clasificarse en dos grupos: lesiones primarias y lesiones secundarias. Las lesiones primarias tienen su origen en células del sistema nervioso central, mientras que las lesiones secundarias provienen de otros órganos del cuerpo y pueden diseminarse al cerebro como metástasis (Contreras, 2017).

En 1979, la Organización Mundial de la Salud estableció un sistema de clasificación para los tumores primarios del sistema nervioso central (TPSNC), el cual se fundamenta en la célula de origen y la morfología del tumor (Louis, 2007):

- OMS Grado I: Tumores localizados que crecen de manera lenta y tienen baja probabilidad de transformarse en tumores de mayor malignidad.
- OMS Grado II: Tumores de límites difusos que crecen lentamente y que, en algunos casos, tienden a evolucionar hacia tumores de mayor malignidad.
- OMS Grado III: Tumores infiltrantes que contienen células atípicas o anaplásicas, con una tasa mitótica elevada.
- OMS Grado IV: Tumores que se desarrollan y dividen rápidamente (con alta tasa mitótica), pudiendo mostrar vasos neoformados y áreas de necrosis.

Las lesiones OMS Grado I pueden ser extirpadas completamente mediante neurocirugía, ya que son localizadas o tienen bordes definidos. En cuanto a las lesiones OMS Grado II, III y IV, también es posible su remoción, pero la extirpación suele ser parcial, por lo que es necesario un seguimiento mediante imágenes, especialmente en las lesiones OMS Grado III y IV, que requieren tratamiento oncológico, como radioterapia y quimioterapia.

De acuerdo con su histología, la OMS clasifica los tumores primarios en diferentes tipos, como los de origen astrocitario, oligodendrogial, ependimario, de plexo corioide, neuroepiteliales, pineales, embrionarios y de nervios craneales, entre otros (Louis, 2007). En cuanto a la incidencia de tumores según su histología y la edad, la tasa total de incidencia de tumores primarios es de 21.42 por cada 100,000 habitantes, de los cuales 5.42 por cada 100,000 se presentan en pacientes entre 0 y 19 años, mientras que 27.85 por cada 100,000 se encuentran en pacientes mayores de 20 años (Ostrom et al., 2016). En este contexto, Ostrom et al. (2016) afirman que la mayoría de los tumores son benignos (66%), aunque al no confirmarse histológicamente esta presencia, sugieren que la incidencia de tumores malignos podría ser superior al 44% reportado. Además, la mayor parte de los tumores malignos fueron diagnosticados en hombres (55%), mientras que la mayoría de los tumores benignos se dieron en mujeres (64%).

Los tumores cerebrales malignos más comunes son el glioblastoma, el astrocitoma grado 3 y el linfoma, con una incidencia de 3.2, 0.51 y 0.43 por cada 100,000 habitantes, respectivamente; mientras que el meningioma, adenoma hipofisiario y Schwannoma corresponden a los tumores más frecuentes benignos con 7.93, 3.65 y 1.81 por 100000 hab. (Ostrom et al., 2016).

En el grupo etario infantil y en niños pequeños, los tumores más frecuentes son el astrocitoma pilocítico, los tumores germinales y los gliomas malignos, los cuales afectan principalmente el cerebelo y el tronco cerebral. En la adolescencia (de 14 a 19 años), los tumores más comunes son los tumores hipofisarios y el astrocitoma pilocítico, con una prevalencia del 25.4% y 10.1%, respectivamente, y se localizan en la región hipofisaria y en los lóbulos cerebrales (Ostrom et al., 2016).

La tasa de supervivencia está influenciada por la malignidad y la histología del tumor. El glioblastoma (OMS IV) tiene la tasa de supervivencia más baja, con un 39.3% de supervivencia a un año y un 5.5% a tres años. Por otro lado, el

astrocitoma pilocítico (OMS I) presenta la mayor tasa de supervivencia, con un 98% a un año y un 94.2% a tres años. En Europa, la tasa de supervivencia a cinco años para tumores malignos del sistema nervioso central es del 20%, y del 10% en pacientes mayores de 65 años (Visser et al., 2015). La tabla 2.3 muestra las tasas de supervivencia de los tumores primarios más frecuentes:

Tabla 2.1. Tasa de supervivencia de tumores cerebrales más comunes

HISTOLOGÍA	1 AÑO (%)	5 AÑOS (%)	10 AÑOS (%)
Glioblastoma	39.3	5.5	2.9
Astrocitoma GII	74.4	49.7	39.3
Oligodendroglioma GII	94.3	80.9	65.0
Astrocitoma GIII	64.4	29.7	20.9
Oligodendroglioma GIII	83.7	56.7	42.5
Astrocitoma Pilocítico	98.0	94.2	92.0
Meningioma	81.7	64.0	57.1
Linfoma	52.2	33.0	25.6
Méduloblastoma	89.1	73.0	64.7

Nota. CBTRUS 2009-2013. Adaptado de Quinn T. Ostrom, Haley Gittleman, Jordan XI, Courtney Kromer, Yingli Wolinsky, Carol Krinchko, and Jill S. Barnholtz-Sloan, CBTRUS Statistical Report: Primary Brain and Central Nervous System Tumors Diagnosed in the United States in 2009-2013, Neuro Oncol (2016) 18 (suppl 5) v1-v75.

2.2. Aprendizaje Profundo

El aprendizaje profundo, o "deep learning", es una subdisciplina de la inteligencia artificial que ha cobrado gran importancia en el campo de la medicina por su habilidad para analizar grandes cantidades de datos, en particular imágenes médicas. Esta tecnología se fundamenta en redes neuronales artificiales con varias capas de procesamiento, las cuales aprenden y ejecutan tareas de manera autónoma, mejorando a medida que adquieren más experiencia y procesan mayor cantidad de datos.

En la medicina, el aprendizaje profundo se aplica en la detección y clasificación de enfermedades, mejorando la precisión diagnóstica en etapas tempranas, lo que es crucial para reducir la tasa de mortalidad asociada a condiciones graves como el cáncer. Por ejemplo, en la imagenología por microondas, una modalidad emergente en el diagnóstico médico, el aprendizaje profundo ayuda a resolver problemas de dispersión inversa, que son intrínsecamente no lineales y mal planteados, facilitando la identificación de formas y contrastes de objetivos en imágenes médicas (Ruiz, Cavagnaro, & Crocco, 2023).

Además, se ha comprobado que el aprendizaje profundo es eficaz en el procesamiento de grandes volúmenes de datos provenientes de imágenes médicas, superando las limitaciones de las técnicas de aprendizaje automático tradicionales. Esto permite no solo la detección de enfermedades, sino también su clasificación, utilizando diferentes modalidades de imágenes médicas y proporcionando a los profesionales de la salud herramientas para un diagnóstico más rápido y preciso (Rana & Bhushan, 2022).

Los modelos generativos de aprendizaje profundo, como las redes generativas antagónicas y los autoencoders variacionales, también han cobrado importancia en la segmentación semántica, la ampliación de datos y la mejora de algoritmos de clasificación en imágenes médicas de áreas o órganos lesionados (Celard et al., 2022).

Finalmente, las técnicas de aprendizaje profundo se han aplicado con éxito a la segmentación de imágenes médicas, abordando desafíos comunes como la baja precisión en la clasificación de imágenes, la baja resolución de segmentación y el deficiente realce de imágenes, lo que sugiere un camino prometedor para futuras investigaciones en la evolución de los desafíos de segmentación de imágenes médicas (Moorthy & Gandhi, 2022).

2.3. Aprendizaje Máquina

De acuerdo con Talamantes Román (2024), el aprendizaje automático o machine learning (ML) es una rama de la inteligencia artificial que capacita a las máquinas para identificar patrones en los datos y realizar tareas de clasificación o predicción. A medida que procesan la información, los algoritmos ajustan sus parámetros para aprender del entorno. Existen distintos tipos de aprendizaje en ML, como el aprendizaje supervisado, donde los algoritmos aprenden a partir de datos etiquetados por humanos, generalizando y clasificando automáticamente sin intervención posterior. En contraste, el aprendizaje no supervisado no requiere datos etiquetados, ya que la máquina busca relaciones dentro de los datos no estructurados, detectando similitudes, diferencias o anomalías.

2.4. Técnicas para balanceo de data

2.4.1. Oversampling

El Oversampling es un método empleado para corregir el desbalance de clases en un conjunto de datos, en el que algunas clases pueden estar menos representadas en comparación con otras. Según Morillo (2023), en el contexto de imágenes, el oversampling implica la duplicación o replicación de las instancias de las clases menos representadas para igualar su proporción en el conjunto de entrenamiento, sin embargo, se menciona que el incremento del tamaño de las clases minoritarias, puede llevar al riesgo de sobreajuste en ciertos casos, ya que el modelo puede memorizar las instancias repetidas en lugar de aprender patrones generalizables y que para mitigar este problema, el autor aplicó data augmentation.

2.4.2. Data Augmentation

En cuanto a las técnicas para la clasificación de imágenes, el uso de Data Augmentation ha sido crucial para evitar problemas de sobreajuste y mejorar el rendimiento de las redes neuronales. Según Canahualpa y Pachas (2024), el Data Augmentation implica realizar transformaciones en las imágenes de entrenamiento, tales como rotaciones, ajustes en el brillo y el contraste, con el fin de incrementar la diversidad del conjunto de datos. Estas transformaciones

permiten que los modelos entrenen con más variaciones de las imágenes, lo que mejora su capacidad de generalización a nuevos datos. Esta técnica es útil cuando se trabaja con conjuntos de datos limitados, ya que enriquece el entrenamiento de la red y mejora métricas.

2.5. Transfer Learning

Según Shao et al. (2015), el Transfer Learning o aprendizaje por transferencia es una técnica que aprovecha el conocimiento adquirido en una tarea o dominio (llamado dominio fuente) para mejorar el rendimiento en una nueva tarea o dominio (dominio objetivo), especialmente cuando se dispone de pocos datos en el nuevo contexto. A diferencia del aprendizaje tradicional, que asume que los datos de entrenamiento y prueba son similares, el Transfer Learning permite utilizar datos de dominios diferentes pero relacionados, lo que es particularmente útil en áreas como la clasificación de imágenes o el reconocimiento de objetos.

2.6. Imágenes de Resonancia Magnética

Según Sartori et al. (2015), la resonancia magnética (RM) es una técnica de diagnóstico no invasiva que emplea un campo magnético y ondas de radio para generar imágenes detalladas de los órganos y tejidos internos, lo que la convierte en una herramienta particularmente útil para detectar anomalías debido a su alta resolución.

De acuerdo con Rivera et al. (2011), la resonancia magnética cerebral se ha establecido como una herramienta clave en el diagnóstico de enfermedades neurológicas, gracias a su capacidad para ofrecer un excelente nivel de detalle y caracterización de los tejidos. Esta técnica se basa en la interacción de los átomos del cuerpo, principalmente los de hidrógeno, con un campo magnético externo, lo que permite generar imágenes detalladas al medir la respuesta de los protones dentro de los tejidos cuando son sometidos a pulsos de radiofrecuencia

2.7. Redes Neuronales Convolucionales

De acuerdo con el estudio de Salina et al. (2024), se utilizaron redes neuronales convolucionales (CNN) para realizar la clasificación de objetos reciclables en imágenes, subrayando su eficiencia en el procesamiento de imágenes en tiempo real. Las CNN son una estructura potente de aprendizaje profundo, especialmente diseñadas para identificar características visuales en imágenes mediante capas convolucionales que actúan como filtros, detectando patrones como bordes, formas y texturas. El autor menciona que esta técnica es efectiva para la clasificación de imágenes debido a que las primeras capas de la red identifican características simples, mientras que las capas más profundas detectan formas complejas. Este enfoque jerárquico permite a las CNN aprender automáticamente de las imágenes y mejorar su rendimiento a medida que las capas avanzan.

Según Canahualpa y Pachas (2024), las redes neuronales convolucionales (CNN) son una arquitectura de deep learning diseñada específicamente para procesar y clasificar imágenes mediante la extracción automática de características. Las CNN utilizan capas convolucionales que aplican filtros (o kernels) a las imágenes de entrada para identificar patrones locales, como bordes, texturas y formas. A medida que las capas avanzan, se generan representaciones de mayor nivel de abstracción, lo que permite a la red captar relaciones espaciales complejas. Esta capacidad de aprender características visuales de manera jerárquica convierte a las CNN en una herramienta eficaz para tareas como la clasificación de imágenes y la detección de objetos. Durante este proceso, las CNN emplean funciones de activación como ReLU (Rectified Linear Unit), que introducen no linealidades en la red, y técnicas de Pooling para reducir la dimensionalidad, lo que mejora la eficiencia computacional sin perder información clave.

Según Morillo (2023), las redes neuronales convolucionales (CNN) se consideran una de las metodologías más eficientes para clasificar imágenes dermatoscópicas de lesiones en la piel. Las CNN se basan en la aplicación de

capas convolucionales que extraen características relevantes mediante la operación de convolución, utilizando filtros específicos para detectar patrones visuales como bordes, texturas y formas. Estas redes aprovechan las capas profundas para construir representaciones jerárquicas de las características, permitiendo una mayor precisión en la clasificación de imágenes. En el caso particular de las imágenes médicas, las CNN combinan estas características con funciones de activación como ReLU y mecanismos de Pooling, que permiten reducir la dimensionalidad y aumentar la capacidad de generalización del modelo, manteniendo una alta eficiencia en la detección de patrones complejo.

De acuerdo con Talamantes Román (2024), las redes neuronales convolucionales (CNN) desempeñan un papel clave en el aprendizaje profundo, ya que facilitan la extracción de características complejas de las imágenes mediante el uso de capas convolucionales. Estas capas utilizan filtros o kernels que se desplazan a lo largo de la imagen, produciendo una representación de características al realizar operaciones de convolución sobre los datos de entrada. El resultado es un mapa de características que resumen la información visual relevante como bordes, texturas y patrones visuales. La operación de convolución se define mediante la multiplicación elemento por elemento entre el kernel y los píxeles de la imagen, seguida de una suma acumulativa. Adicionalmente, se utiliza el MaxPooling, que permite reducir las dimensiones espaciales de los mapas de activación, condensando la información que corresponde a la entrada de la siguiente capa de convolución. La meta consiste en reducir el número de parámetros preservando las características esenciales y evitando el sobreajuste, extrayendo únicamente el valor máximo de un conjunto de píxeles dentro de una ventana de tamaño fijo, generalmente de 2x2, lo que reduce la sensibilidad frente a pequeñas transformaciones en la imagen, como cambios de posición o escala, mejorando la capacidad de generalización de la red. Además, en las capas de activación se empleó ReLU en las capas ocultas, dado que favorece la convergencia del gradiente y acelera el proceso de entrenamiento, mientras que Softmax fue utilizada en las capas de salida para

los clasificadores multiclase, permitiendo que el modelo asignara probabilidades a cada clase.

Según Aslam et al. (2021), las redes neuronales convolucionales (CNN) son altamente eficientes en la clasificación y segmentación de imágenes debido a su habilidad para procesar de forma eficaz la información local mediante sus diversas capas, lo que las convierte en una herramienta ideal para aplicaciones en diagnóstico médico.

2.7.1. Modelo ResNet

Según Al-Haija et al. (2020), la arquitectura de red neuronal profunda ResNet, o Red Residual, fue diseñada para resolver los problemas de desvanecimiento del gradiente y degradación que ocurren al aumentar el número de capas en las redes convolucionales tradicionales. La innovación principal de ResNet es la incorporación de bloques residuales, que facilitan el flujo de información entre capas a través de conexiones de salto o "skip connections". Estas conexiones permiten que la salida de una capa se añada directamente a la entrada de una capa posterior, lo que mejora el entrenamiento de redes más profundas y previene el desvanecimiento del gradiente.

2.7.2. Modelo Unet

Según Aghayari et al. (2023), el UNet es una red neuronal convolucional de uso común en la segmentación de imágenes, particularmente en campos como la biomedicina y la teledetección. Su diseño se distingue por una estructura en forma de "U", que consta de dos trayectorias principales: el camino de contracción (encoder) y el de expansión (decoder). El encoder aplica convoluciones sucesivas y operaciones de pooling incrementaron los canales y se incrementarán las dimensiones espaciales del vector de entrada, para reducir la dimensionalidad de las imágenes mientras incrementa la profundidad de las características. En contraste, el decoder usa upsampling para restaurar la resolución espacial de las características, las dimensiones de los vectores de entrada, y que estos sean concatenados con las imágenes de la misma

dimensionalidad, lo que permite preservar detalles importantes en el proceso de segmentación. Esta estructura permite a la red captar tanto características globales como locales, lo que es crucial en tareas de segmentación precisa.

2.7.3. Modelo ResUnet

Según Aslam et al. (2021), ResUNet es una integración de las arquitecturas U-Net y ResNet, desarrollada para optimizar la segmentación de imágenes médicas. ResUNet incorpora bloques residuales, una característica de ResNet, que facilitan el flujo directo de información entre capas mediante conexiones de salto (skip connections), lo que acelera el proceso de entrenamiento y mejora la precisión al prevenir la degradación del rendimiento en redes profundas. Esta combinación mejora tanto la capacidad de segmentación de U-Net como la eficiencia de aprendizaje de ResNet, permitiendo realizar tareas de segmentación de forma precisa.

CAPÍTULO III: ESTADO DEL ARTE

En este capítulo se realizó una revisión sistemática de la literatura de manera exhaustiva sobre la detección y localización de tumores cerebrales de tipo primario denominados gliomas, siguiendo un método de cuatro fases: planificación, desarrollo, resultados y análisis; con la finalidad de responder a la interrogante: ¿Cuál es el avance del Deep Learning en la detección y localización de tumores cerebrales de tipo primario denominados gliomas? La revisión de 192 artículos, quedando como base para la tesis 30 artículos que detallamos en las páginas siguientes.

3.1. Metodología de la investigación

Se realizó una revisión de la literatura siguiendo los métodos establecidos por Villegas et al. (2021) y Alban y Mauricio (2019), los cuales se fundamentan en la metodología propuesta por Kitchenham et al. (2007). La revisión consta de cuatro fases: planificación, desarrollo, resultados y análisis. En la etapa de planificación se establecen las preguntas de investigación y se define el procedimiento a seguir, mientras que en la fase de desarrollo se eligen los estudios primarios basándose en los criterios de inclusión y exclusión. La fase de resultados muestra las estadísticas y el análisis de los estudios seleccionados, mientras que la fase de análisis ofrece respuestas a las preguntas de investigación formuladas en la fase de planificación.

3.2. Planeamiento

Con el fin de desarrollar una propuesta con un alto grado de competitividad no solo a nivel nacional sino internacional nos planteamos las siguientes preguntas de investigación sobre la detección y localización de gliomas en el cerebro:

- Q1: ¿Qué modelos existen?
- Q2: ¿Qué funcionalidades poseen estos modelos?
- Q3: ¿Qué herramientas se utilizan para la construcción de estos modelos?
- Q4: ¿Qué algoritmos de Deep Learning se han utilizado?

- Q5: ¿Qué métricas se utilizan para evaluar estos modelos?

Para abordar estas preguntas, se lleva a cabo una búsqueda en revistas indexadas en Scopus y Web of Science (WoS), en el periodo 2018 a 2023, considerando una búsqueda en “title-abs-key words” en Scopus y “topic” en WoS con la cadena:

(detect OR localization OR recognition) AND (“glioma” OR “primary brain tumor” OR “brain tumor”) AND (system OR software OR application OR app OR model) AND (“deep learning” OR “neural networks”) AND (magnetic resonance)

En la Tabla 3.1, se muestra las queries utilizadas en Scopus y WoS, asimismo el total de publicaciones encontradas.

Tabla 3.1. *Sintaxis de consulta utilizada en la búsqueda*

Fuente	Número de resultados encontrados	Sintaxis de consulta
Scopus	92	TITLE-ABS-KEY ((detect OR localization OR recognition) AND ("primary brain tumor" OR "glioma") AND (system OR software OR application OR app OR model) AND ("deep learning" OR "neural networks") AND (MRI OR "magnetic resonance")) AND (LIMIT-TO (DOCTYPE , "ar")) AND ((LIMIT-TO (PUBYEAR , 2023) OR LIMIT-TO (PUBYEAR , 2022) OR LIMIT-TO (PUBYEAR , 2021) OR LIMIT-TO (PUBYEAR , 2020) OR LIMIT-TO (PUBYEAR , 2019) OR LIMIT-TO (PUBYEAR , 2018)) AND (LIMIT-TO (LANGUAGE , "English")))
WoS	70	((TS=((detect OR localization OR recognition) AND (“primary brain tumor” OR “glioma”) AND (system OR software OR application OR app OR model) AND (“deep learning” OR “neural networks”) AND (MRI OR “magnetic resonance”))) AND DT=(Article)) AND LA=(English)) AND PY=(2018-2023)

Fuente. Elaboración propia

Además, para la selección de cada uno de los artículos, se tuvo en consideración determinados criterios propios para ello y también de exclusión, los mismos que se pueden observar en la Tabla 3.2.

Tabla 3.2. Criterios de selección y exclusión

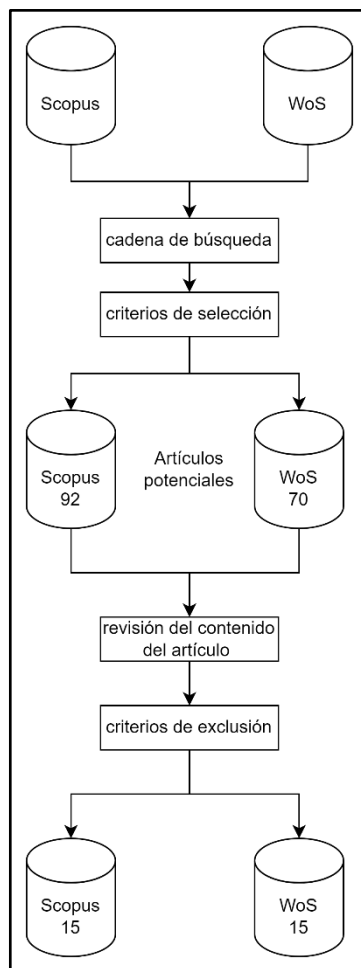
Criterio de Selección	Criterio de Exclusión
Documentos de tipo artículos científicos.	Diagnóstico de otro tipo de tumores.
Estudios sobre el estado del arte del problema.	No se describe el dataset utilizado, origen, tamaño, características.
El idioma del contenido del artículo es el inglés.	No se explica cómo se implementa el algoritmo o algoritmos de Deep Learning utilizados.
Artículos publicados entre los años 2018 a 2023.	No se realiza la validación de los resultados obtenidos en la experimentación.

Fuente. Elaboración propia

3.3. Desarrollo

Una vez completado el proceso de búsqueda y con las investigaciones recientes identificadas, se seleccionaron algunas de ellas según los criterios de inclusión y exclusión establecidos en la Tabla 3.2. En este contexto, fue necesario realizar una revisión detallada del contenido de cada artículo para evaluar su pertinencia y relevancia, considerando la utilidad de los hallazgos en el contexto de la detección y localización de tumores cerebrales. Se determinó que el objeto de estudio era el tipo de tumor cerebral conocido como glioma, por lo que se excluyeron varios artículos que no tenían relación con el tema. Tras esta selección, se analizaron los documentos elegidos, enfocándose en su resumen, introducción, propuesta, resultados y conclusiones, con el objetivo de responder a las preguntas de investigación planteadas. El proceso de investigación se ilustra en la figura 3.1.

La revisión sistemática dio como resultado un total de 149 documentos, de los cuales, tras aplicar los criterios de inclusión y exclusión, se seleccionaron 30 artículos.

Figura 3.1. Proceso de investigación

Fuente. Elaboración propia

3.4. Resultados

En la Tabla 3.4 se muestra el número de documentos potenciales identificados y seleccionados por cada una de las dos fuentes donde se realizó la búsqueda.

Tabla 3.3. Artículos potenciales y seleccionados

Fuente	Artículos potenciales	Artículos seleccionados
Scopus	92	15
WoS	70	15
Total	162	30

Fuente. Elaboración propia

*El total de los artículos potenciales incluye a su vez los artículos que se encontraron de manera repetida en ambas fuentes.

En la Tabla 3.3 se muestra la información más relevante de cada uno de los artículos seleccionados, asimismo el identificador que se le asignó a cada uno de ellos.

Tabla 3.4. Artículos seleccionados

Id	Título	Journal	Cuartil	Índice H	Referencia
A01	Automated Classification of Brain Tumors by Deep Learning-Based Models on Magnetic Resonance Images Using a Developed Web-Based Interface	Konuralp Medical Journal	Q3	125	Tetik et al., (2021)
A02	Brain tumor classification deep learning model using neural networks.	International Journal of Online and Biomedical Engineering	Q2	16	Maquen et al., (2023).
A03	A Brain Tumor Identification and Classification Using Deep Learning based on CNN-LSTM Method	Computers and Electrical Engineering	Q1	84	Vankdothu et al. (2022).
A04	A Deep Multi-Task Learning Framework for Brain Tumor Segmentation	Frontiers in Oncology	Q2	121	Huang et al. (2021)
A05	A Deep Learning-Based Framework for Automatic Brain Tumors Classification Using Transfer Learning	Circuits and systems and signal processing	Q2	60	Rehman et al. (2019)
A06	Active Deep neural Network Features Selection for Segmentation and Recognition of Brain Tumors using MRI Images	Pattern Recognition Letters	Q1	170	Muhammad et al. (2020)
A07	A Deep Learning Model For Brain Tumor Segmentation & Classification Using U-Net & Inception-Net	Bioengineering	Q2	46	Saranya et al (2022)
A08	A Hybrid Approach Based on Deep CNN and Machine	Computational and Mathematical	Q2	64	Haq et al. (2022)

	Learning Classifiers for the Tumor Segmentation and Classification in Brain MRI	Methods in Medicine				
A09	Optimal and Efficient Deep Learning Model for Brain Tumor Magnetic Resonance Imaging Classification and Analysis	Applied Sciences	Q3	101	Ahmed et al. (2022)	
A10	Metaheuristic Optimization-Driven Novel Deep Learning Approach for Brain Tumor Segmentation	BioMed Research International	Q2	167	Kalpana et al. (2022)	
A11	Application of Genetic Algorithm and U-Net in Brain Tumor Segmentation and Classification: A Deep Learning Approach	Computational Intelligence and Neuroscience	Q1	70	Muhammad et al. (2022)	
A12	A Deep Learning Architecture for Meningioma Brain Tumor Detection and Segmentation	Journal of Cancer Prevention	Q3	10	Anita & Kumaran (2022)	
A13	A Deep Probabilistic Sensing and Learning Model for Brain Tumor Classification With Fusion-Net and HFCMIK Segmentation	IEEE Open Journal of Engineering in Medicine and Biology	Q1	13	Ramprasad et al. (2022)	
A14	A hybrid DenseNet121-UNet model for brain tumor segmentation from MR Images	Biomedical Signal and Processing Control	Q1	94	Cinar et al. (2022)	
A15	Classification Framework for Medical Diagnosis of Brain Tumor with an Effective Hybrid Transfer Learning Model	Diagnostics (Basel, Switzerland)	Q2	52	Samee et al. (2022)	
A16	Utilizing Deep Convolutional Generative Adversarial Networks for Automatic Segmentation of Gliomas: An Artificial Intelligence Study	Turkish Neurosurgery	Q4	32	Duman et al. (2022)	
A17	Automatic Semantic Segmentation of Brain Gliomas from MRI Images Using a Deep Cascaded Neural Network	Journal of healthcare engineering	Q3	47	Cui et al. (2018)	

A18	Cascaded hybrid residual U-Net for glioma segmentation	Multimed Tools Applications	Q2	93	Long et al. (2020)
A19	MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques	BMC Medical Informatics and Decision Making	Q2	90	Saeedi et al. (2023)
A20	U-Net Based Segmentation and Characterization of Gliomas	Cancers	Q2	111	Kihira et al. (2022)
A21	MTDCNet: A 3D multi-threading dilated convolutional network for brain tumor automatic segmentation	Journal of Biomedical Informatics	Q1	121	Chen et al. (2022).
A22	Efficient and low complex architecture for detection and classification of Brain Tumor using RCNN with Two Channel CNN	Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences	Q1	48	Kesav Jibukumar y (2022)
A23	An Effective Approach to Detect and Identify Brain Tumors Using Transfer Learning	Applied Sciences (Switzerland)	Q3	101	Ullah et al. (2022)
A24	Binary and Multi-class Classification of Brain Tumors using MRI Images	International Journal of Experimental Research and Review	Q3	79	Gautam et al. (2022)
A25	Znet: Deep Learning Approach for 2D MRI Brain Tumor Segmentation	IEEE Journal of Translational Engineering in Health and Medicine	Q2	34	Ottom et al. (2022)
A26	Brain mr image classification for glioma tumor detection using deep convolutional neural network features	Current Medical Imaging	Q3	31	Latif et al. (2021)
A27	Active deep neural network features selection for segmentation and recognition of brain tumors using MRI images	Pattern Recognition Letters	Q1	170	Sharif et al. (2020)
A28	Application of deep transfer learning for automated brain abnormality classification using MR images	Cognitive Systems Research	Q1	63	Talo et al. (2019)

A29	A New Approach for Brain Tumor Segmentation and Classification Based on Score Level Fusion Using Transfer Learning	Journal of Medical Systems	Q1	100	Amin et al. (2019)
A30	Convolutional neural network based medical image classifier	International Journal of Technology Recent and Engineering	Q4	27	Sundararajan et al. (2019)

Fuente. Elaboración propia

3.5. Análisis

En esta sección se responde las interrogantes planteadas dentro del proceso de planificación.

3.5.1. ¿Qué modelos existen?

Tabla 3.5. Modelos

Id	Modelo	Descripción	Fuente
MD01	Clasificación automatizada en interfaz web	Es el uso de técnicas de inteligencia artificial que utiliza una arquitectura de aprendizaje profundo basada en redes neuronales convolucionales (CNN).	Tetik et al., (2021)
MD02	CNN	Es una red neuronal convolucional (CNN) optimizada mediante el algoritmo de optimización.	Veerappan et al., (2022); Ahmed et al. (2022); Kalpana et al. (2022); Ramprasad et al. (2022); Cinar et al. (2022); Duman et al. (2022); Saeedi et al. (2023); Kihira et al. (2022); Chen et al. (2022); Kesav y Jibukumar (2022); Ullah et al. (2022); Gautam et al. (2022); Ottom et al. (2022); Latif et al. (2021); Sharif et al. (2020); Amin et al. (2019); Sundararajan et al. (2019)
MD03	Combinación de redes neuronales CNN-LSTM	Es la combinación de dos modelos de redes neuronales: CNN (Convolutional Neural Network) y LSTM (Long Short-Term Memory).	Vankdothu et al. (2022).
MD04	Marco de aprendizaje multitarea profundo	Uso de arquitectura de red llamada U-Net	Huang et al. (2021)
MD05	Modelo híbrido	Enfoque integrado basado en redes neuronales convolucionales profundas (Deep CNN) y	Haq et al. (2022); Cinar et al. (2022); Long et al. (2020)

clasificadores de
aprendizaje automático

Fuente. Elaboración propia

3.5.2. ¿Qué funcionalidades poseen estos modelos?

Tabla 3.6. *Funcionalidades*

Id	Funcionalidad	Descripción	Fuente
FU01	Clasificación	Utiliza una capa como salida de clasificación en función a los tipos y/o grados	Tetik et al., (2021). Vankdothu et al. (2022); Rehman et al. (2019); Muhammad et al. (2020); Haq et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Saeedi et al. (2023); Kesav y Jibukumar (2022); Ullah et al. (2022); Latif et al. (2021); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019); Sundararajan et al. (2019)
FU02	Preprocesamiento de datos	Utiliza técnicas de filtrado y normalización	Veerappan et al., (2022). Vankdothu et al. (2022); Rehman et al. (2019); Muhammad et al. (2020); Kalpana et al. (2022); Cinar et al. (2022); Samee et al. (2022); Saeedi et al. (2023)
FU03	Análisis temporal de características	Utiliza las redes neuronales recurrentes (LSTM) para analizar temporalmente las características extraídas por las redes neuronales convolucionales (CNN).	Vankdothu et al. (2022).
FU04	Segmentación	El modelo utiliza un marco de aprendizaje multitarea que aprenda a segmentar tanto las áreas de tumor como las estructuras cerebrales normales de manera simultánea y efectiva.	Huang et al. (2021); Muhammad et al. (2020); Kalpana et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Cinar et al. (2022); Long et al. (2020); Kihira et al. (2022); Chen et al. (2022); Ottom et al. (2022); Amin et al. (2019); Sundararajan et al. (2019)
FU05	Aprendizaje Transferido	Se entrena la red en un conjunto de datos grande y se ajusta para la tarea específica de clasificación de tumores cerebrales.	Huang et al. (2021); Rehman et al. (2019); Samee et al. (2022); Ullah et al. (2022); Talo et al. (2019)
FU06	Aprendizaje Multitarea	Combina la tarea de segmentación de tumores con la tarea de segmentación de estructuras cerebrales normales.	Huang et al. (2021)

FU07	Función de pérdida	El modelo aprende tanto la precisión como la sensibilidad en la segmentación de tumores y estructuras cerebrales normales.	Huang et al. (2021)
FU08	Data Augmentation	Se emplea una técnica de aumento de datos que incorpora operaciones de rotación, traslación y transformación elástica que permite que el modelo sea más robusto y generalizable a diferentes tipos de datos aumentando la capacidad de segmentar tumores.	Huang et al. (2021); Samee et al. (2022); Saeedi et al. (2023); Talo et al. (2019)
FU09	Extracción de características	Utiliza arquitecturas de redes neuronales para extraer características profundas de las imágenes	Tetik et al., (2021). Veerappan et al., (2022). Vankdothu et al. (2022); Rehman et al. (2019); Haq et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Samee et al. (2022)
FU10	Optimización con CSO	Mejora la precisión de la clasificación de los tumores.	Veerappan et al., (2022).
FU11	Selección de características	Reduce la dimensionalidad y selecciona las características más relevantes extraídas por las CNN	Tetik et al., (2021).

Fuente. Elaboración propia

3.5.3. ¿Qué herramientas se utilizan para la construcción de estos modelos?

La implementación de aplicaciones en el ámbito del Deep Learning ha experimentado un notable avance y expansión en el número de herramientas disponibles. Por consiguiente, resulta esencial conocer las herramientas empleadas en los trabajos previamente evaluados (ver Tabla 3.7) con el fin de reducir las opciones y tomar decisiones fundamentadas al elegir las herramientas adecuadas.

Tabla 3.7. Herramientas para la detección de tumores cerebrales

Id	Herramientas	Descripción	Fuente
HE01	Keras	Biblioteca de código abierto y trabaja con Tensor Flow.	Rehman et al. (2019); Chen et al. (2022).
HE02	Tensor Flow	Utilizado para la construcción, entrenamiento y evaluación de las redes neuronales convolucionales.	Rehman et al. (2019); Chen et al. (2022).
HE03	Google Colab	Es una herramienta de Google Research que permite a los usuarios escribir y ejecutar código Python de	Ahmed et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Chen et al. (2022).

HE04	MATLAB R2020	forma libre directamente en el navegador. Ofrece una amplia gama de herramientas y funciones para el análisis, procesamiento y visualización de datos, así como para la creación de algoritmos y modelos matemáticos.	Anita & Kumaran (2022); Ramprasad et al. (2022)
HE05	Python	Lenguaje de programación relacionado al análisis de datos y aprendizaje automático	Tetik et al., (2021). Vankdothu et al. (2022); Rehman et al. (2019); Muhammad et al. (2020); Haq et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Saeedi et al. (2023); Kesav y Jibukumar (2022); Ullah et al. (2022); Latif et al. (2021); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019); Sundararajan et al. (2019)

Fuente. Elaboración propia

3.5.4. ¿Qué algoritmos de Deep Learning se han utilizado?

Hay una amplia variedad de algoritmos de Deep Learning disponibles para la detección y segmentación de gliomas, pero su efectividad varía según el caso. Es crucial analizar los resultados obtenidos por cada algoritmo, así como las modificaciones que se hayan implementado, para evaluar su impacto en los resultados. De esta manera, se puede determinar la efectividad de cada algoritmo y seleccionar el más adecuado para el diagnóstico de gliomas (Ver Tabla 3.8).

Tabla 3.8. Algoritmos Deep Learning para diagnóstico de gliomas

Id	Algoritmos	Descripción	ACC	Fuente
AL01	AlexNet	Una CNN compuesta por cinco capas convolucionales, capas de max-pooling y tres capas totalmente conectadas. El algoritmo utiliza la técnica de retropropagación para reducir la pérdida y los pesos.	97,39%	Rehman et al. (2019); Samee et al. (2022); Amin et al. (2019)
AL02	GoogleNet	Una CNN que cuenta con 22 capas, que incluyen capas convolucionales, capas de max-pooling y capas de concatenación. Se exploran técnicas de transferencia de aprendizaje para mejorar el rendimiento de la red, tanto	97,02%	Rehman et al. (2019), Saranya et al. (2022); Samee et al. (2022); Amin et al. (2019)

		mediante el ajuste fino de la red pre-entrenada como mediante la extracción de características de las capas convolucionales y completamente conectadas.		
AL03	VGG16	La arquitectura VGG16 de CNN, utilizada para tareas de clasificación e identificación, es una red profunda que consta de 16 capas, de las cuales 13 son convolucionales y 3 son completamente conectadas. Emplea la función de activación ReLU y una capa de salida softmax para realizar la clasificación.	98,2%	Rehman et al. (2019); Anita & Kumaran (2022)
AL04	InceptionV3	Se trata de una red neuronal convolucional diseñada para facilitar el análisis de imágenes y la detección de objetos.	92,5%	Muhammad et al. (2020); Sharif et al. (2020)
AL05	Squirrel Search Optimizer	Es una variante de la arquitectura ConvLSTM (Convolutional Long Short-Term Memory) que integra características de las redes neuronales convolucionales y las redes LSTM (Long Short-Term Memory) en ambas direcciones.	97.6%	Saranya et al. (2022)
AL06	SVM-RBF	Se refiere a Support Vector Machine con función de base radial (Radial Basis Function), un algoritmo de aprendizaje automático utilizado para tareas de clasificación y regresión. Este algoritmo se basa en el concepto de máquinas de vectores de soporte (SVM), cuyo objetivo es encontrar un hiperplano óptimo que divida los datos en clases diferenciadas.	98.6%	Haq et al. (2022)
AL07	Faster R-CNN (Region-based Convolutional Neural Network)	Es un método para la detección de objetos en imágenes que emplea una red neuronal convolucional (CNN) junto con una arquitectura de dos etapas, lo que le permite ofrecer mayor eficiencia en comparación con los métodos previos.	97.2%	Haq et al. (2022)

AL08	Region Proposal Network (RPN)	Su objetivo principal es identificar y delinear posibles regiones de interés que luego serán procesadas por un detector de objetos para realizar la clasificación y localización precisa de dichos objetos.	98.2%	Haq et al. (2022)
AL09	Xception	Xception es una arquitectura CNN que emplea convoluciones separables en lugar de las convoluciones convencionales y omite las operaciones de agrupación, lo que mejora el rendimiento y la capacidad de representación de la red.	98.29%	Ahmed et al. (2022)
AL10	DenseNet-169	DenseNet-169 utiliza bloques de capas llamados "bloques densos" que contienen capas de convolución, normalización de lotes y funciones de activación. Estos bloques se repiten varias veces en la arquitectura, lo que permite un aprendizaje profundo y una mejor representación de las características.	95%	Kalpana et al. (2022)
AL11	GA-UNET	Combina dos enfoques populares en el aprendizaje profundo: la red U-Net, que se utiliza para segmentar imágenes, y el algoritmo genético, que se emplea para optimizar los parámetros de la red.	97%	Muhammad et al. (2022)
AL12	U-Net	Se distingue por su diseño en forma de U, compuesto por una parte de codificación y una de decodificación. La sección de codificación es responsable de extraer características significativas de la imagen de entrada mediante capas convolucionales y de reducción de tamaño, lo que permite capturar información contextual en varios niveles de abstracción. El decodificador realiza una upsampling de las características obtenidas en el codificador y las combina con características de la misma resolución espacial para	98%	Cinar et al. (2022); Kihira et al. (2022)

		producir una salida de segmentación detallada.		
AL13	DenseNet121	DenseNet121 se refiere específicamente a una versión de DenseNet que consta de 121 capas, lo que la hace más profunda y capaz de aprender características más complejas y abstractas de las imágenes.	96%	Cinar et al. (2022)
AL14	DCGAN (Red Generativa Antagónica Convolutional Profunda).	Es un tipo de arquitectura de red neuronal utilizada en el campo del aprendizaje automático y la generación de imágenes. DCGAN combina una red generativa (Generative Adversarial Network, GAN) con capas convolucionales profundas para generar imágenes realistas.	90%	Duman et al. (2022)
AL15	2D CNN	Es una arquitectura de red neuronal diseñada específicamente para procesar datos en formato bidimensional, como las imágenes. Utiliza capas convolucionales para extraer características relevantes de las imágenes y capas de pooling para reducir la dimensionalidad.	96.47%	Saeedi et al. (2023)
AL16	MTDC-Net	Introduce una estrategia de convolución dilatada de subprocesos múltiples (MTDC) en la parte del codificador, de modo que las características estructurales de baja dimensión se puedan extraer e integrar mejor	90%	Chen et al. (2022).
AL17	Resnet50	La principal característica de ResNet-50 es el uso de bloques residuales, que permiten a las capas de la red aprender representaciones residuales en lugar de intentar aprender directamente las características deseadas.	92%	Maquen et al. (2023)

AL18	Znet	Se basa en la idea de arquitecturas codificador-decodificador de conexión salteada, y amplificación de datos para propagar las afinidades intrínsecas de un número relativamente menor de tumores delineados por expertos	98 %	Ottom et al. (2022)
AL19	ResNet34	ResNet34 es una variante particular de ResNet, que está compuesta por un total de 34 capas, incluyendo capas convolucionales, capas de agrupamiento y capas completamente conectadas. La estructura de ResNet34 se divide en bloques básicos y bloques de identidad, donde se utilizan conexiones residuales para saltar capas y ayudar a propagar la información de manera más efectiva.	97.86%	Talo et al. (2019)

Fuente. Elaboración propia

3.5.5. ¿Qué métricas se utilizan para evaluar estos modelos?

El uso de métricas de evaluación permite determinar las tasas de acierto de los modelos respecto a las tareas que realiza, el uso de estas métricas es diverso y dependiente de la implementación y funcionalidad de cada propuesta (Ver Tabla 3.9).

Tabla 3.9. Métricas consideradas

Id	Métrica	Descripción	Fuente
MT01	Accuracy	Se obtiene al dividir la cantidad de predicciones correctas realizadas por el modelo entre el total de predicciones efectuadas.	Saranya et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Kalpana et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Samee et al. (2022); Duman et al. (2022); Saeedi et al. (2023); Ullah et al. (2022); Gautam et al. (2022); Ottom et al. (2022);

			Sharif et al. (2020); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019); Sundararajan et al. (2019)
MT02	Precisión	Evalúa cuántos de los casos positivos y negativos fueron correctamente identificados por el modelo. La precisión se calcula dividiendo el número de verdaderos positivos (casos positivos correctamente clasificados) entre la suma de verdaderos positivos y falsos positivos (casos negativos clasificados erróneamente como positivos).	Saranya et al. (2022); Haq et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Samee et al. (2022); Duman et al. (2022); Kesav y Jibukumar (2022); Ullah et al. (2022); Gautam et al. (2022); Latif et al. (2021); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019)
MT03	Tasa de Recuerdo (Recall)	Mide la capacidad del modelo para identificar y recordar todos los casos positivos. Se calcula dividiendo el número de casos positivos correctamente identificados entre la suma de los casos positivos correctamente identificados y los falsos negativos (casos positivos clasificados erróneamente como negativos).	Saranya et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Duman et al. (2022); Saeedi et al. (2023)
MT03	Coeficiente de Similitud de Datos (DSC)	Se obtiene al dividir el tamaño de la intersección de los conjuntos de datos entre el tamaño de su unión.	Haq et al. (2022); Cinar et al. (2022); Cui et al. (2018); Long et al. (2020); Chen et al. (2022); Ottom et al. (2022)
MT04	Sensibilidad	Se obtiene dividiendo el número de verdaderos positivos entre la suma de los verdaderos positivos y los falsos negativos, y se expresa como una proporción o porcentaje.	Haq et al. (2022); Kalpana et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Anita & Kumaran (2022); Cinar et al. (2022); Samee et al.

			(2022); Cui et al. (2018); Long et al. (2020); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019)
MT05	Especificidad	Se obtiene al dividir el número de verdaderos negativos entre la suma de los verdaderos negativos y los falsos positivos, y se expresa como un porcentaje.	Haq et al. (2022); Ahmed et al. (2022); Kalpana et al. (2022); Muhammad et al. (2022); Anita & Kumaran (2022); Cinar et al. (2022); Samee et al. (2022); Talo et al. (2019); Amin et al. (2019)
MT06	Valor Predicho Positivo (PPV)	Se calcula dividiendo el número de verdaderos positivos entre la suma de los verdaderos positivos y los falsos positivos, y se expresa en forma de porcentaje.	Haq et al. (2022); Cui et al. (2018); Amin et al. (2019)
MT07	F-Score	$F\text{-Score} = 2 * (\text{precision} * \text{recall}) / (\text{precision} + \text{recall})$	Ahmed et al. (2022); Ottom et al. (2022); Talo et al. (2019)

Fuente. Elaboración propia

3.6. Conclusiones de la revisión sistemática de la literatura

Se lograron identificar 162 artículos potenciales de las fuentes Scopus y Web of Science (WoS), de este total se seleccionaron 30 de ellos para la presente investigación, además se siguieron los criterios de selección descartando 132 artículos, además se eliminaron artículos duplicados.

Respecto a los modelos que existen para la detección y localización de gliomas, se encontraron cinco modelos entre quienes resaltan las redes neuronales convolucionales (CNN) y los modelos híbridos.

Además, alrededor de 15 funcionalidades corresponden a los modelos encontrados, algunas de ellas se repiten con cierta variación en sus objetivos de trabajo siendo las tareas de preprocesamiento, clasificación y segmentación las más concurrentes.

En base a la información brindada por las literaturas, se registraron 04 herramientas entre las que se incluyen librerías, lenguajes de programación y plataformas de desarrollo, siendo las más utilizadas el lenguaje Python, las librerías Keras y TensorFlow al igual que la plataforma de Google Colab.

Se identificaron 19 algoritmos de Deep Learning relacionados con el tema central del trabajo. Todos poseen alta tasa de precisión, sin embargo, se destaca el uso de las U-Net, ResNet, DenseNet y Xception. Finalmente, respecto a las métricas utilizadas, se hallaron 7 de ellas. Siendo las más usadas el Accuracy, Precisión, Sensibilidad y Especificidad. Esto incide de manera considerable en el objetivo de acertar de manera productiva la detección y localización de la anomalía.

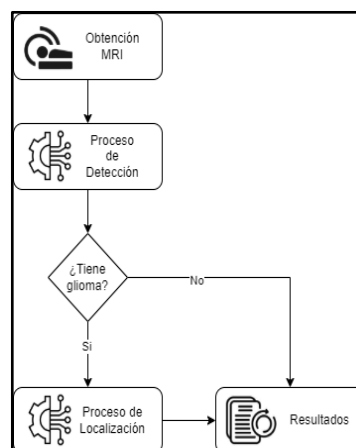
CAPÍTULO IV: MODELO DE DETECCIÓN Y LOCALIZACIÓN DE GLIOMAS

En este capítulo, se presenta el aporte del trabajo, el cual trata de un modelo de clasificación y segmentación de gliomas mediante aprendizaje profundo, que permite detectar la presencia de estas y localizarlas a partir de una imagen de resonancia magnética cerebral en seres humanos vivos. Su objetivo es llevar a cabo estas tareas de manera más precisa, objetiva y rápida, con el fin de asistir al especialista (radiólogo y neurólogo) mediante un diagnóstico preliminar. Los componentes principales son el preprocesamiento de imágenes y los modelos de clasificación y segmentación basados en redes neuronales.

4.1. Aporte

Se propone un modelo de clasificación y segmentación de gliomas mediante aprendizaje profundo, que permite detectar la presencia de estas y localizarlas a partir de una imagen de resonancia magnética cerebral en seres humanos vivos. Su propósito es realizar dichas tareas de una manera más precisa, rápida y objetiva, en beneficio de colaborar con el especialista (radiólogo y neurólogo) gracias a un diagnóstico previo. Los componentes principales son el preprocesamiento de imágenes y el modelo de detección y segmentación basados en redes neuronales.

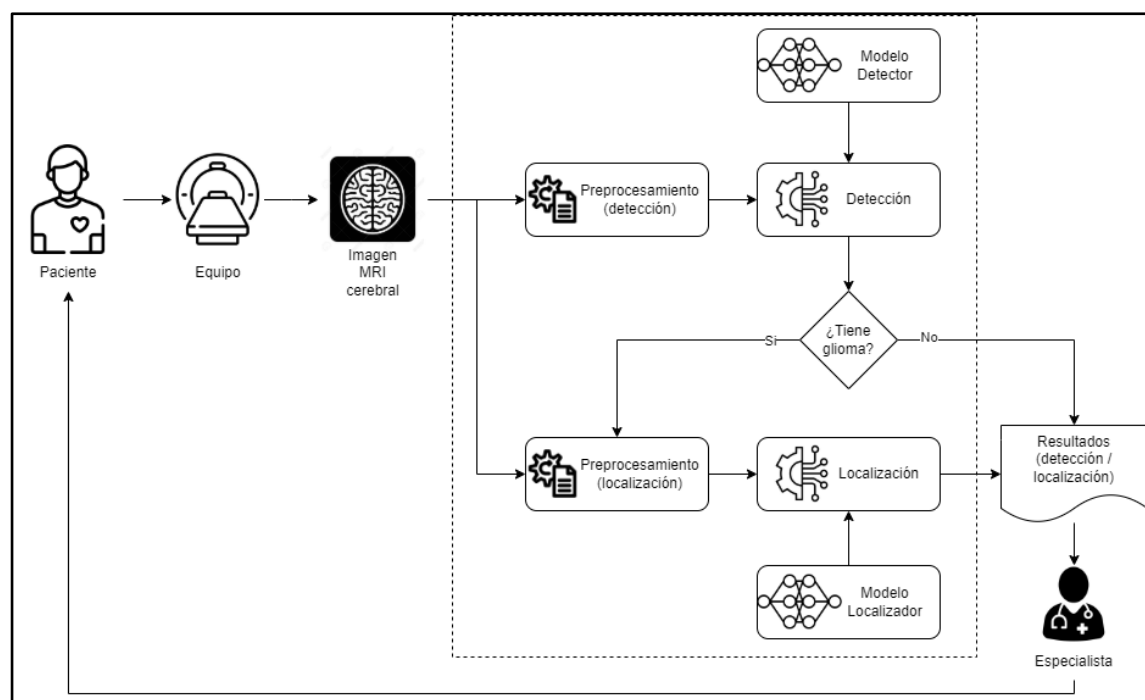
Figura 4.1. *Método general de detección y localización de gliomas*



Fuente. Elaboración propia

En la Figura 4.1, el proceso general para la detección y localización de gliomas inicia con la obtención de imágenes de resonancia magnética (MRI) del paciente. Estas imágenes son procesadas mediante un modelo de detección basado en inteligencia artificial, que evalúa la presencia de gliomas. Si se detecta un glioma, se procede a un modelo de localización que determina su ubicación exacta en la imagen. Finalmente, los resultados obtenidos se presentan al especialista para su análisis y diagnóstico.

Figura 4.2. Método detallado de detección y localización de gliomas



Fuente. Elaboración propia

En la Figura 4.2, se muestra el modelo detallado del método de detección y localización de gliomas, como se mencionó anteriormente se utiliza como entrada una imagen de resonancia magnética cerebral de un paciente, obtenida mediante un equipo especializado. La imagen se somete inicialmente a un preprocesamiento específico que la adapta para su análisis en los modelos de detección y localización. En primer lugar, se utiliza un clasificador que implementa un modelo híbrido de red neuronal artificial basado en CNN, previamente entrenado, para determinar la presencia o ausencia de gliomas.. En caso de detectarse la presencia de glioma, la imagen se somete a un modelo de

segmentación basado en ResUNet, que identifica y resalta la ubicación precisa del glioma, proporcionando así el resultado final del modelo que combina la detección y localización, para su análisis por parte del especialista.

La aplicación de estos modelos permite una mayor precisión en la identificación de patologías cerebrales, como tumores, aneurismas y lesiones vasculares, lo que resulta en un diagnóstico más temprano y preciso (Pashaei et al., 2018). Además, esta técnica también puede ser utilizada para el seguimiento de la evolución de la enfermedad en pacientes con demencia y otras enfermedades neurodegenerativas (Puente-Castro et al., 2020).

4.2. Preprocesamiento de imágenes para detector

El preprocesamiento consiste en normalizar (Grenot et al., 2019) y redimensionar la imagen de entrada con el propósito de tener una mayor homogeneidad. Las imágenes fueron escaladas a un tamaño uniforme de 256x256 píxeles con tres canales (RGB), y las intensidades de los píxeles se ajustaron a un rango de 0 a 1, estandarizando los valores para su posterior uso en el modelo. A partir del dataset inicial, se eliminaron columnas innecesarias como el identificador del paciente, y se prepararon las máscaras de segmentación. Posteriormente, el conjunto de datos se dividió en un 85% para entrenamiento y un 15% para pruebas, aplicando una subdivisión del 15% dentro del conjunto de entrenamiento para validación. Finalmente, se utilizaron generadores de datos para procesar y alimentar las imágenes en lotes al modelo.

```
# Cargar el conjunto de datos
cerebro_df = cargar_datos('data_mask.csv')
cerebro_df_train = eliminar_columnas(cerebro_df, ['patient_id'])
cerebro_df_train['mask'] =
convertir_a_cadena(cerebro_df_train['mask'])

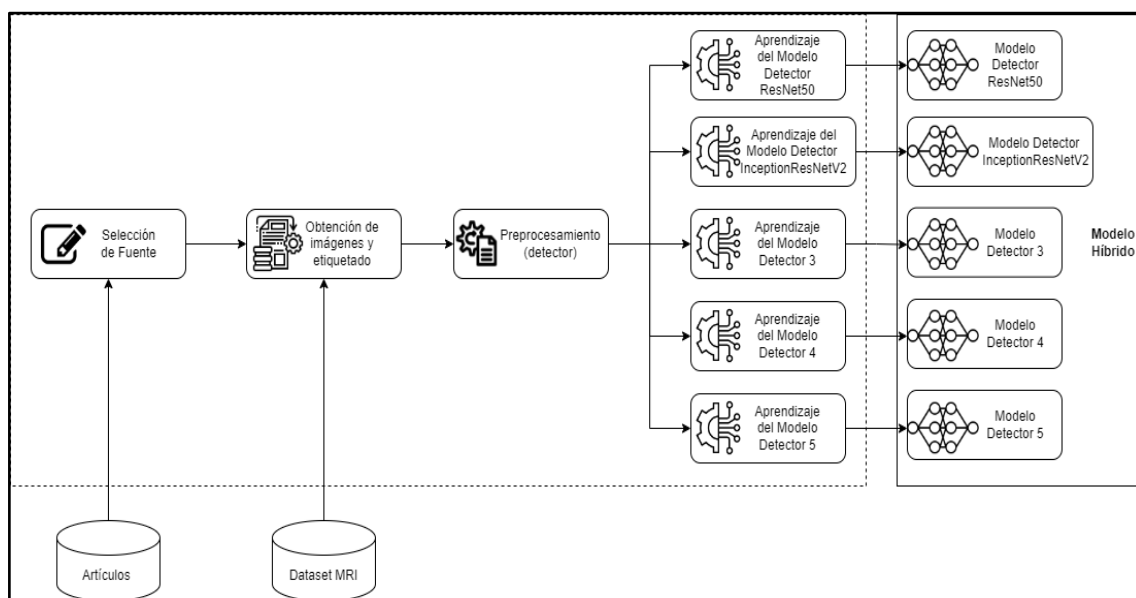
# Dividir datos en entrenamiento y prueba
train, test = dividir_datos(cerebro_df_train, test_size=0.15)

# Definir generadores de datos
train_generator = definir_generador(train, subset='training')
valid_generator = definir_generador(train, subset='validation')
test_generator = definir_generador(test)
```

4.3. Modelo sistemático para detección de glioma

El método consiste en generar un modelo híbrido de aprendizaje profundo para la detección de gliomas cerebrales. Este proceso abarca varias etapas, que incluyen la selección de la fuente de datos, la adquisición y el etiquetado del conjunto de datos, el preprocesamiento para el detector, y finalmente, el entrenamiento de los cinco modelos que tienen como base ResNet50 (Sharma et al., 2023), InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception y DenseNet121.

Figura 4.3. Modelo sistemático para la detección de gliomas



Fuente. Elaboración propia

A partir de la selección de fuentes, se tomó en cuenta el trabajo de Buda et al. (2019), quienes utilizaron imágenes de gliomas extraídas del Atlas del Genoma del Cáncer para anotarlas y dibujar manualmente cada caso y ponerlas a disposición del público en un repositorio. Después, se procedió a la obtención y etiquetado de imágenes mediante consultas a conjuntos de datos provenientes de la bibliografía, seleccionando un conjunto de imágenes de resonancia magnética (MRI) con sus respectivas etiquetas de presencia o ausencia de tumores, así como máscaras que indican la localización de los tumores en cada imagen.

Posteriormente, se equilibraron los datos mediante la técnica de aumento de datos (Shorten y Khoshgoftaar, 2019) para obtener similar cantidad de registros para presencia y no presencia de máscara de glioma, dejando el conjunto de datos con 5112 registros. Cada conjunto de datos se divide a su vez en un conjunto de entrenamiento (85 por ciento de todo el conjunto de datos) y un conjunto de prueba (15 por ciento de todo el conjunto de datos).

Una vez obtenido el conjunto de imágenes finalizado, se realizó un preprocesamiento especial para esta primera fase de detección cuyo procedimiento detallado se describe en el punto 4.3. Posteriormente, se llevó a cabo el proceso de aprendizaje de los modelos. Este proceso fue similar para los cinco modelos base, con diferentes arquitecturas de aprendizaje profundo, cada modelo se entrenó y validó por separado antes de combinarse en un modelo híbrido para mejorar el modelo final de detección.

El mejor modelo híbrido obtenido será capaz, de la forma más óptima, determinar la presencia o no del glioma cerebral para una imagen MRI cerebral de un paciente.

4.3.1. Proceso de aprendizaje de modelos para detección de gliomas

Para el desarrollo del proceso de aprendizaje para los modelos de detección de gliomas, los datos preprocesados se dividen en tres conjuntos: entrenamiento, validación y prueba, y se suministran al modelo a través de generadores de datos en lotes.

Se emplearon como modelos base las arquitecturas pre-entrenadas ResNet50 (Sharma et al., 2023), InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception y DenseNet121. Para cada uno de estos modelos se aplicó la técnica de transferencia de aprendizaje, esto implica reutilizar las representaciones aprendidas previamente congelando las capas base del modelo para evitar su actualización durante el entrenamiento, de manera que solo se ajusten las capas superiores (cabeceras) personalizadas. A esta cabecera se le añade una capa

densa para la clasificación y una capa de salida final adaptada para una clasificación binaria (presencia o no de gliomas).

```
INICIAR modelo base con ResNet50 pre-entrenado (con pesos de ImageNet)
sin la capa superior (include_top=False)
CONFIGURAR entrada del modelo para imágenes de tamaño 256x256 con 3
canales (RGB)
```

```
# Congelación de las capas
PARA cada capa en el modelo base HACER:
    ESTABLECER layer.trainable = False # Congelar pesos de las capas
base
```

```
# Agregar cabecera personalizada para la clasificación
AGREGAR capa de pooling promedio 2D con tamaño de filtro 4x4
APLANA la salida del modelo
AGREGAR capa densa (fully connected) con 256 neuronas y activación
ReLU
AGREGAR capa de dropout con tasa de 0.3 (para evitar sobreajuste)
AGREGAR otra capa densa con 256 neuronas y activación ReLU
AGREGAR otra capa de dropout con tasa de 0.3
AGREGAR capa de salida con 2 neuronas (para clasificación binaria) y
activación softmax
```

```
# Compilación del modelo
COMPILAR el modelo con:
    - Función de pérdida: entropía cruzada categórica
(categorical_crossentropy)
    - Optimizador: Adam (para ajustar los pesos)
    - Métrica de evaluación: precisión (Accuracy)
```

```
# Definir callbacks para el entrenamiento
DEFINIR parada temprana (EarlyStopping):
    - Monitorizar la métrica 'val_loss' (pérdida de validación)
    - Modo 'min' (minimización)
    - Paciencia de 70 épocas
```

```
DEFINIR checkpointer para guardar el mejor modelo:
    - Guardar el modelo con la menor pérdida de validación
('val_loss')
    - Guardar en el archivo 'clasificador-resnet50-pesos.hdf5'
```

```
# Entrenamiento del modelo
ENTRENAR el modelo con los siguientes parámetros:
    - Datos de entrenamiento (train_generator)
    - Número de épocas definido (num_epochs)
    - Tamaño del lote: 16
    - Datos de validación (valid_generator)
    - Utilizar callbacks: parada temprana y checkpointer
```

```
# Guardar la arquitectura del modelo para su uso futuro
CONVERTIR la arquitectura del modelo a formato JSON
GUARDAR el archivo JSON en './modelos/clasificador-resnet50.json'
```

```
# Fin del proceso
```

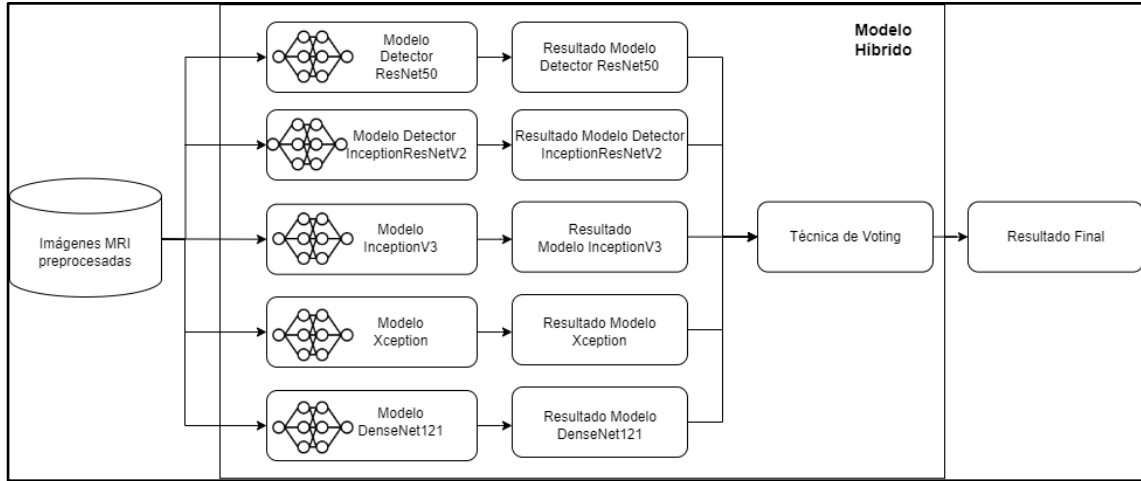
Cada modelo se compila utilizando la función de pérdida de entropía cruzada categórica, el optimizador Adam para la actualización de los pesos, y se configura Accuracy como la métrica de evaluación. Además, se implementan técnicas como la parada temprana para evitar el sobreajuste. Este mecanismo monitorea la pérdida de validación, y en caso de que esta métrica deje de mejorar, se detiene el entrenamiento, almacenando el mejor modelo logrado hasta ese momento.

Finalmente, el modelo se entrena durante un número específico de épocas, monitoreando la pérdida de validación para prevenir el sobreajuste. Al concluir el entrenamiento, se guardan tanto la arquitectura como los pesos del modelo, que luego se cargan para realizar la evaluación. En esta fase, se realiza la predicción sobre el conjunto de pruebas, obteniendo la clase predicha para cada imagen, la cual se compara con las etiquetas originales para calcular la precisión final del modelo. Este proceso se realizó de manera iterativa hasta obtener los mejores resultados posibles de cada uno de los cinco modelos, los cuales serán aprovechados en un modelo híbrido. Este modelo híbrido integrará las cinco arquitecturas mencionadas y será implementado en la aplicación web para la detección de gliomas en imágenes de resonancia magnética cerebral.

4.3.2. Modelo híbrido

Para obtener un modelo de detección mejorado, se consideró realizar un modelo híbrido (representado en la Figura 4.4) que consiste en el conjunto de los cinco mejores modelos de aprendizaje profundo entrenados y se combinaron utilizando una estrategia de toma de decisiones como la Voting (Votación), donde se considera el resultado mayoritario de los modelos con el propósito de generar un resultado superior a los anteriores modelos reduciendo la probabilidad de errores en comparación con los modelos desarrollados individualmente.

Figura 4.4. Modelo híbrido para detección de gliomas



Fuente. Elaboración propia

Para llevar a cabo este proceso, se cargan los cinco modelos previamente entrenados junto con sus respectivos pesos. Cada modelo se compila con la función de pérdida de entropía cruzada categórica, el optimizador Adam para actualizar los pesos, y se utiliza la métrica Accuracy para evaluar el rendimiento. Las imágenes se dividen en conjuntos de entrenamiento y prueba, y se genera un generador de datos para las imágenes de prueba. Con los modelos cargados y los datos preparados, se procede a la predicción, obteniendo la clase predicha a partir de las salidas de cada modelo, que luego son almacenadas en variables separadas. A continuación se realiza el proceso de Voting siguiendo la siguiente fórmula matemática:

$$Si \sum_{i=1}^k R_i > \frac{k}{2} \Rightarrow R = 1, \text{ donde } R \in \{0,1\}, k \in 2\mathbb{N} + 1$$

La expresión indica que, si la suma de R_i (valores de predicción de los modelos independientes) desde $i = 1$ hasta k (número de modelos independientes) es mayor o igual a la mitad de k ($k/2$) entonces R toma el valor de 1, además este puede ser únicamente 0 o 1 y k solo puede tomar números impares positivos.

Las predicciones originales se obtienen del conjunto de prueba y, al final, se calcula la precisión del modelo híbrido al comparar las predicciones combinadas con las predicciones originales.

4.4. Preprocesamiento de imágenes para segmentador

En este estudio, se implementó una clase personalizada llamada `DataGenerator` para el preprocesamiento de imágenes para la segmentación de gliomas utilizando `ResUNet`. El flujo de trabajo de esta clase comienza con la redimensión de las imágenes y las máscaras a un tamaño uniforme de 256x256 píxeles; luego, las imágenes de resonancia en formato RGB se convierten en arreglos numéricos de tipo `float64` con una profundidad de 3 canales, uno por cada banda de color (rojo, verde, azul), mientras que las máscaras se estructuran como arreglos de un solo canal (profundidad 1) dado que son imágenes binarias, en las que cada píxel indica la presencia o no de tumor.

Posteriormente, se realiza la estandarización de las imágenes y máscaras, donde se resta la media de cada una y se divide por su desviación estándar, tanto para las imágenes de resonancia como para sus máscaras. En el caso de las máscaras, se amplía su dimensión de profundidad, de 256x256 a 256x256x1, para garantizar compatibilidad con la arquitectura del modelo.

Finalmente, se realiza la binarización de las máscaras, que implica la conversión de las imágenes de máscara a representaciones binarias, donde los píxeles que pertenecen a la región de interés son etiquetados como 1, mientras que los píxeles correspondientes al fondo se establecen en 0. Esto se logra mediante una operación de umbral, donde cualquier valor distinto de cero se convierte en 1, mientras que los valores nulos permanecen como tal. A continuación, se muestra en pseudocódigo el método generador de data parte de la clase `DataGenerator` personalizada.

```
Método generador de data:
  Crear arreglos vacíos:
    X con tamaño (16, 256, 256, 3)
    Y con tamaño (16, 256, 256, 1)
```

```

Para cada i en rango del tamaño del lote:
    Definir ruta de imagen y máscara para el archivo i
    Leer imagen y máscara desde sus respectivas rutas
    Redimensionar imagen y máscara a tamaño (256, 256)
    Convertir imagen y máscara a tipo de dato float64

    Estandarizar cada imagen y máscara:
        img = (img - promedio(img)) / desviación_estándar(img)
        mask = (mask - promedio(mask)) / desviación_estándar(mask)

    Asignar imagen al arreglo X en la posición i
    Expandir dimensión de máscara de (256, 256) a (256, 256, 1)
    Asignar máscara al arreglo Y en la posición i

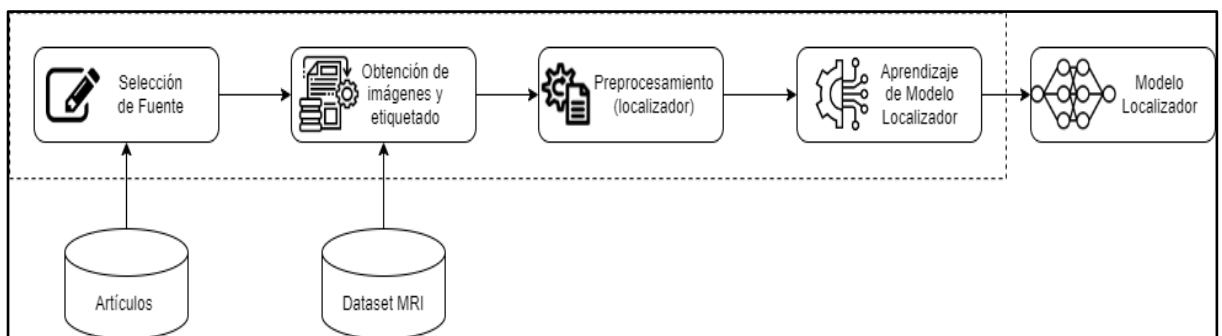
Normalizar Y con un umbral binario:
    Si Y > 0, establecer en 1; de lo contrario, 0
Retornar X e Y

```

4.5. Modelo sistemático para segmentación de glioma

El método consiste en desarrollar un modelo de aprendizaje profundo enfocado en la segmentación de gliomas cerebrales. Este proceso abarca diversas etapas, que incluyen la selección de la fuente de datos, la adquisición y etiquetado del conjunto de imágenes, el preprocesamiento para el detector, y finalmente, el entrenamiento del modelo basado en la arquitectura ResUNet.

Figura 4.5. *Modelo sistemático para la segmentación de gliomas*



Fuente. Elaboración propia

Los procesos de selección de la fuente y adquisición de imágenes con su respectivo etiquetado son comunes tanto para el modelo de detección como para el de segmentación. Sin embargo, a diferencia del modelo de detección, el

preprocesamiento para esta fase está orientado a trabajar con imágenes y máscaras para la segmentación. Además, en este caso se emplea la arquitectura ResUNet, especialmente diseñada para tareas de segmentación.

Una arquitectura ResUNet consiste en una CNN U-Net (Alom et al., 2019) que incluye bloques residuales que conectan directamente las capas de la red. La estructura de esta se compone de cinco etapas principales: en las primeras fases, se llevan a cabo operaciones convolucionales y de submuestreo para extraer características relevantes de las imágenes. Posteriormente, se integran bloques residuales para conectar directamente capas de la red, lo que facilita el flujo de información y ayuda a mitigar problemas de degradación del gradiente. Las etapas de escalado subsiguientes combinan la información extraída con detalles de resolución más alta de las etapas anteriores. Finalmente, la arquitectura culmina con una operación de convolución para generar una salida segmentada, proporcionando una máscara binaria que identifica la ubicación y extensión del tumor cerebral en la imagen de resonancia magnética.

El mejor modelo de localización obtenido será capaz, de la forma óptima, destacar la ubicación del glioma para una imagen MRI cerebral de un paciente.

4.5.1. Proceso de aprendizaje de modelos para localización de gliomas

El proceso de obtención del modelo de aprendizaje profundo localizador se divide en tres etapas principales: calibración, entrenamiento-validación y pruebas. Comenzamos con la calibración, donde configuramos las métricas para el modelo ResUNet. Esto implica compilar el modelo utilizando el optimizador Adam con la función de pérdida personalizada focal_tversky y la métrica tversky. Además, ajustamos el conjunto de datos de entrenamiento-validación y configuramos un mecanismo de parada temprana que utiliza la métrica de valor de pérdida personalizada focal_tversky.

En la etapa de entrenamiento-validación, ejecutamos el modelo construido y monitoreamos su desempeño a través de la función de pérdida personalizada. El objetivo es obtener el modelo con la menor pérdida posible, entrenando

durante un número determinado de épocas. Durante este proceso, guardamos el mejor modelo en un archivo JSON junto con sus pesos en un archivo hdf5, lo que nos permite recuperar este modelo óptimo.

Finalmente, en la etapa de pruebas, evaluamos el mejor modelo obtenido durante el entrenamiento-validación con un conjunto de datos independiente. Calculamos la precisión tversky y, si es superior a las obtenidas previamente, guardamos este modelo como el definitivo. En caso contrario, volvemos a realizar el proceso desde la etapa de calibración para buscar un modelo con un rendimiento mejor.

```
# Cargar los datos y dividir en conjuntos de entrenamiento, validación
y prueba
LEER el archivo 'data_mask.csv' para obtener imágenes con glioma
FILTRAR imágenes con glioma y dividir en datos de entrenamiento,
validación y prueba (85% - 7.5% - 7.5%)

# Crear listas de identificadores de imágenes y máscaras para el
modelo
CREAR listas 'train_ids', 'train_mask' con rutas de imágenes de
entrenamiento
CREAR listas 'val_ids', 'val_mask' con rutas de imágenes de validación

# Generadores de datos para cargar imágenes en lotes
CREAR 'training_generator' y 'validation_generator' usando
DataGenerator

# Definir el modelo ResUNet
DEFINIR input_shape como (256, 256, 3) para entrada de imagen RGB
INICIAR ResUNet con capas convolucionales y de pooling:

# Fase de Contracción
PARA cada fase en Fase1 a Fase4 HACER:
    APLICAR bloque de convolución y normalización (16-128 filtros)
    APLICAR normalización batch
    APLICAR MaxPooling2D para reducir dimensiones

# Cuello de Botella
APLICAR capa de convolución 2D (256 filtros)

# Fase de Expansión (Upsampling)
PARA cada fase en Fase de Escalada1 a Fase de Escalada4 HACER:
    APLICAR upsample_concat para escalar y concatenar imágenes
    APLICAR bloque de convolución y normalización (128-16 filtros)

# Capa de salida
AGREGAR capa de salida Conv2D con activación 'sigmoid' para
clasificación binaria

# Definir funciones de pérdida personalizadas (Focal Tversky Loss)
```

```

DEFINIR función tversky para calcular precisión entre predicción y
verdad
DEFINIR focal_tversky como función de pérdida ajustada con parámetro
gamma (0.7)

# Compilación y configuración de callbacks
COMPILAR el modelo con:
    - Función de pérdida: focal_tversky
    - Optimizador: Adam (lr=0.05, epsilon=0.15)
    - Métrica: tversky

DEFINIR EarlyStopping para monitorear 'val_loss' con paciencia de 20
CONFIGURAR ModelCheckpoint para guardar pesos en 'ResUNet-pesos.hdf5'

# Entrenamiento del modelo
ENTRENAR el modelo con:
    - Generador de entrenamiento: training_generator
    - Generador de validación: validation_generator
    - Callbacks: EarlyStopping y ModelCheckpoint

# Guardado de la arquitectura del modelo en formato JSON
CONVERTIR la arquitectura a formato JSON y GUARDAR en
'./modelos/ResUNet-modelo-segmentador.json'

# Fin del proceso

```

4.6. Herramientas de desarrollo de modelo clasificador y segmentador

La selección de la herramienta adecuada resulta fundamental para lograr el éxito en el proyecto de detección de gliomas mediante Deep Learning. Por esta razón, se opta por utilizar Google Colab para llevar a cabo este proyecto, y se cuenta con varias razones para respaldar esta elección. Google Colab es una plataforma gratuita en línea que proporciona una infraestructura de cómputo basada en la nube sumamente potente, destinada al desarrollo y entrenamiento de modelos de aprendizaje profundo. Esto implica que no se requiere una inversión significativa en hardware para el proyecto, ya que Google Colab brinda acceso a GPUs de alta calidad, lo cual acelera el proceso de entrenamiento de los modelos.

Además, Google Colab ofrece un entorno altamente colaborativo, lo que posibilita compartir cuadernos de Jupyter y colaborar en tiempo real con otros miembros del equipo. Esta característica resulta especialmente beneficiosa para el equipo de investigadores que están involucrados en el desarrollo y la mejora

constante del detector de gliomas mediante Deep Learning, ya que les permite trabajar juntos en el mismo entorno, compartir conocimientos y avanzar conjuntamente.

En tercer lugar, la herramienta cuenta con una amplia gama de bibliotecas que serán de gran utilidad en el desarrollo de los modelos de aprendizaje profundo, como por ejemplo Google Drive para la importación de datos. Esto simplifica el proceso de importación y procesamiento de datos de resonancia magnética, lo que agiliza y facilita el trabajo con este tipo de información.

En cuanto al lenguaje de programación empleado en el proyecto, Python es un lenguaje de alto nivel, interpretado e interactivo, muy utilizado en el campo de la inteligencia artificial y el aprendizaje automático. Las bibliotecas utilizadas para su implementación incluyen aquellas diseñadas para la visualización de datos, el preprocesamiento y el entrenamiento de modelos de clasificación y segmentación.

Tabla 4.1. *Librerías Python usadas*

Actividad	Nombre	Descripción
Manejo y visualización de datos	numpy	NumPy es una destacada biblioteca de Python que ofrece una potente estructura de matriz n-dimensional, permitiendo llevar a cabo operaciones matemáticas en matrices y vectores con gran velocidad y eficiencia.
	random	La biblioteca random de Python es una herramienta conveniente que ofrece funciones para generar números aleatorios y realizar diversas operaciones relacionadas con la aleatoriedad.
	glob	Una biblioteca de Python que permite realizar búsquedas de archivos mediante patrones de nombres.
	os	Una biblioteca de Python que proporciona funciones para interactuar con el sistema operativo, como crear y eliminar archivos y directorios.

		pandas	Facilita el trabajo con estructuras de datos flexibles, como los DataFrames, que proporcionan una manera eficiente de organizar, filtrar, limpiar y transformar datos de forma intuitiva y sencilla.
		matplotlib	Una biblioteca de trazado de datos de Python que permite la creación de gráficos 2D y 3D para visualizar datos de una manera atractiva y legible.
		cv2	La biblioteca OpenCV de Python (Open Source Computer Vision Library) es una biblioteca de procesamiento de imágenes y visión por computadora que se utiliza para la manipulación de imágenes, el análisis de vídeo y la detección de características.
		seaborn	Es una biblioteca de visualización de datos en Python, construida sobre matplotlib, que ofrece una interfaz de alto nivel para generar gráficos estadísticos atractivos y detallados.
Preprocesamiento división de datos	y	train_test_split	Es una función de la biblioteca sklearn (scikit-learn) de Python que se emplea para dividir un conjunto de datos en los subconjuntos de entrenamiento y prueba.
		ImageDataGenerator	ImageDataGenerator es una clase de la biblioteca Keras en Python que permite generar automáticamente lotes de imágenes en tiempo real durante el entrenamiento de redes neuronales convolucionales (CNN). Esta clase proporciona varias técnicas de aumento de datos (data augmentation) para enriquecer y diversificar el conjunto de datos de entrenamiento, lo que contribuye a mejorar la capacidad de generalización y el rendimiento del modelo.
Creación de modelos de Clasificación y Segmentación		tensorflow	Es una biblioteca de aprendizaje automático de código abierto en Python, desarrollada por Google, que se emplea para crear y entrenar modelos de aprendizaje automático y redes neuronales.
		Sequential	Sequential es una clase de la biblioteca Keras en Python que se utiliza para construir modelos de redes neuronales de forma secuencial.

ResNet50	Importa la implementación pre-entrenada de la arquitectura ResNet50 desde la biblioteca <code>tensorflow.keras.applications</code>. Esta implementación permite utilizar y aprovechar los beneficios de ResNet50 sin tener que construir la arquitectura desde cero o entrenarla desde el inicio.
Model y load_model	Estas clases son utilizadas para trabajar con modelos de redes neuronales en TensorFlow. La clase Model es la base para construir y entrenar modelos de redes neuronales en TensorFlow. Permite definir la arquitectura de un modelo, especificando las capas y las conexiones entre ellas. Además, proporciona métodos para compilar el modelo con una función de pérdida, un optimizador y métricas de evaluación, y para entrenar y evaluar el modelo con datos de entrenamiento y prueba. La función load_model, por otro lado, es utilizada para cargar modelos previamente guardados en archivos. Esto permite reutilizar modelos entrenados en diferentes sesiones o entornos de trabajo sin tener que volver a entrenarlos desde cero. Los modelos se guardan en archivos en un formato compatible con TensorFlow, como el formato de archivo HDF5 (.h5).
EarlyStopping ModelCheckpoint	y Estas clases son utilizadas como devoluciones de llamada (callbacks) durante el entrenamiento de modelos de redes neuronales en TensorFlow. La clase EarlyStopping es un callback que interrumpe el entrenamiento del modelo si no se detecta una mejora en una métrica específica durante un número determinado de épocas. Esto ayuda a prevenir el sobreajuste y detiene el proceso de entrenamiento cuando el modelo deja de mejorar en el conjunto de datos de validación. La clase ModelCheckpoint es una devolución de llamada que guarda el modelo después de cada época de entrenamiento o cuando se alcanza una mejora en una métrica específica. Esto permite guardar el modelo en un archivo en el disco, lo que facilita su reutilización

	posterior, evaluación o implementación en producción.
layers y optimizers	Importa las subclases layers y optimizers desde el módulo tensorflow.keras. Esto permite acceder a las capas (layers) y a los optimizadores (optimizers) proporcionados por la biblioteca Keras en TensorFlow.
glorot_uniform	Importa la inicialización glorot_uniform desde el módulo tensorflow.keras.initializers. Esta inicialización se utiliza para establecer los pesos iniciales de las capas en un modelo de redes neuronales en TensorFlow.
plot_model	Importa la función plot_model desde el módulo tensorflow.keras.utils. Esta función se utiliza para visualizar la arquitectura de un modelo de redes neuronales en forma de diagrama.
accuracy_score	Se importa la función accuracy_score desde el módulo sklearn.metrics. Esta función se utiliza para calcular la precisión de un modelo de aprendizaje automático al clasificar datos.
confusion_matrix	Se importa la función confusion_matrix desde el módulo sklearn.metrics. Esta función se emplea para calcular la matriz de confusión, una herramienta comúnmente utilizada para evaluar el rendimiento de un modelo de clasificación.
classification_report	Se importa la función classification_report desde el módulo sklearn.metrics. Esta función se utiliza para generar un informe de clasificación que resume las métricas clave de rendimiento de un modelo de clasificación.
DataGenerator	Importa la clase DataGenerator desde el módulo utilities. Esta clase DataGenerator es una utilidad personalizada para generar datos de manera eficiente durante el entrenamiento de modelos de aprendizaje automático.
focal_tversky, tversky_loss, tversky	Importa las funciones focal_tversky, tversky_loss y tversky desde el módulo

	utilities. Estas funciones son utilidades personalizadas relacionadas con la métrica de evaluación y la función de pérdida conocida como Tversky.
prediction	Importa la función "prediction" desde el módulo "utilities". La función "prediction" es una utilidad personalizada que se utiliza para realizar predicciones utilizando un modelo entrenado en el contexto específico del proyecto o código fuente al que se hace referencia.
files	Importa la función "files" desde el módulo "google.colab" en el entorno de Google Colab. Esta función se utiliza para interactuar con archivos en el entorno de Colab, permitiendo cargar archivos desde el sistema local a la sesión de Colab o descargar archivos generados en Colab al sistema local.

Fuente. Elaboración propia

CAPÍTULO V: APOORTE PRÁCTICO

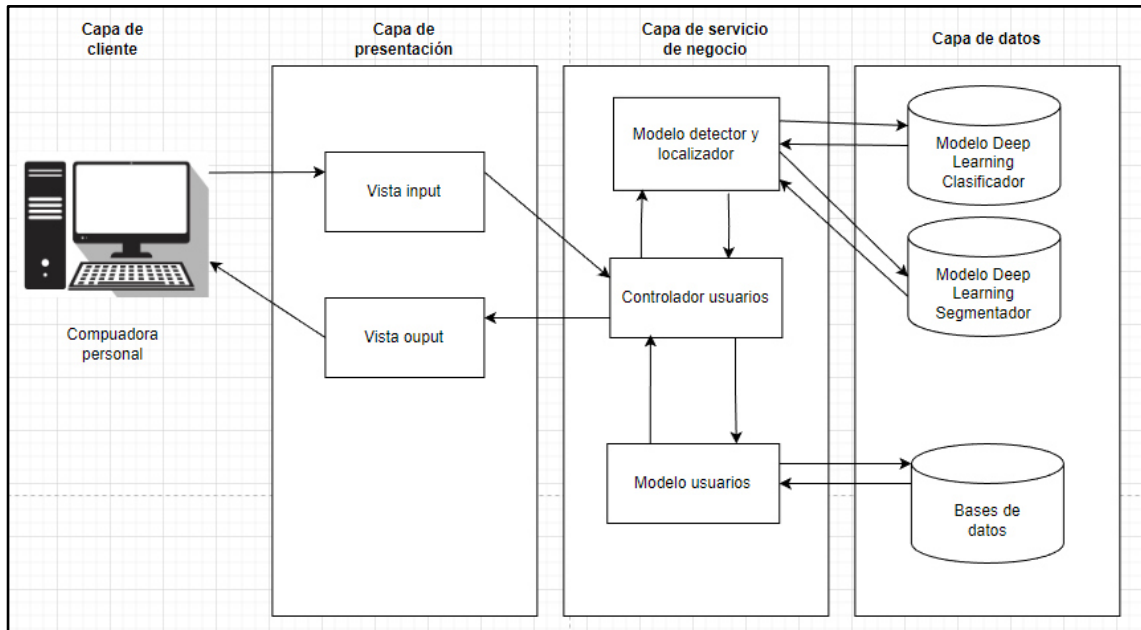
En este capítulo, se expone el proceso de desarrollo de la aplicación web para la detección y localización de gliomas cerebrales. Se detallan la arquitectura, los requisitos funcionales y no funcionales, el diseño de la base de datos, las pruebas realizadas, el funcionamiento del sistema y las limitaciones del aplicativo.

5.1. Arquitectura

5.1.1. *Arquitectura Lógica*

Se presenta una arquitectura lógica basada en cuatro capas: cliente, presentación, servicio de negocio y datos. La parte interesada interactúa desde la capa del cliente con una computadora personal con acceso a internet, que se comunica con la capa de presentación mediante la interfaz de usuario. La función principal de la interfaz de usuario es permitir que el usuario cargue una imagen de resonancia magnética del cerebro que se desea procesar además de realizar una consulta de los resultados obtenidos en el caso ya esté registrado. La capa de presentación se comunica con el clasificador (modelo detector) en la capa de servicio de negocio, que utiliza un modelo previamente entrenado para detectar la presencia o ausencia de un glioma en la capa de datos. Si se detecta la presencia de la anomalía, el proceso continúa con la segmentación, que utiliza otro modelo previamente entrenado para delimitar la sección donde se detectó el glioma. Una vez que se ha segmentado la anomalía, el resultado final se muestra al usuario mediante la interfaz de respuesta. Si no se detecta la presencia del glioma durante la clasificación, se proporciona la sentencia de “glioma no detectado” al usuario mediante la misma interfaz de respuesta.

Figura 5.1. Diagrama de arquitectura lógica

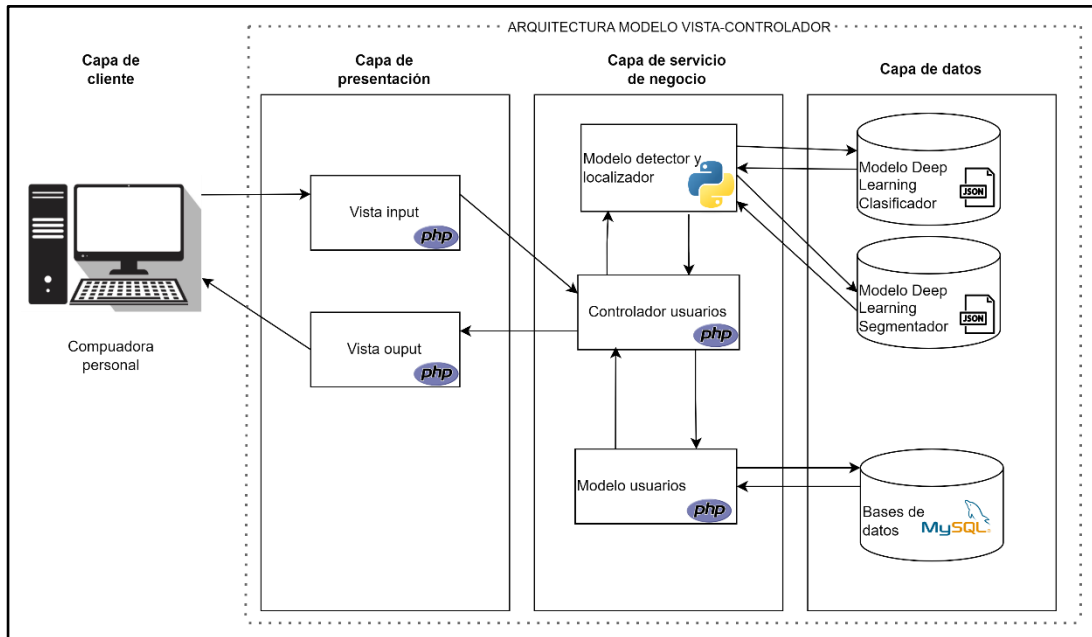


Fuente. Elaboración propia

5.1.2. Arquitectura Tecnológica

Se desarrolla una página web utilizando lenguaje de programación Hypertext Preprocessor (PHP) para implementar la arquitectura propuesta basado en el modelo. Esta página constituye el medio a los usuarios para realizar un registro previo y subir una imagen de resonancia magnética que se comunica con un archivo Python utilizado para la clasificación y segmentación de los gliomas. Este archivo utiliza modelos de tipo JavaScript Object Notation (JSON) previamente entrenados para realizar dichas tareas. En caso de la detección de la presencia de un glioma en la imagen, se genera otra imagen con el glioma segmentado visible y descargable en la interfaz de la página web. Cabe resaltar, que el usuario que ya se encuentre registrado puede realizar una consulta de los resultados obtenidos debido a que también se cuenta con una conexión a base de datos MySQL para llevar a cabo esa actividad.

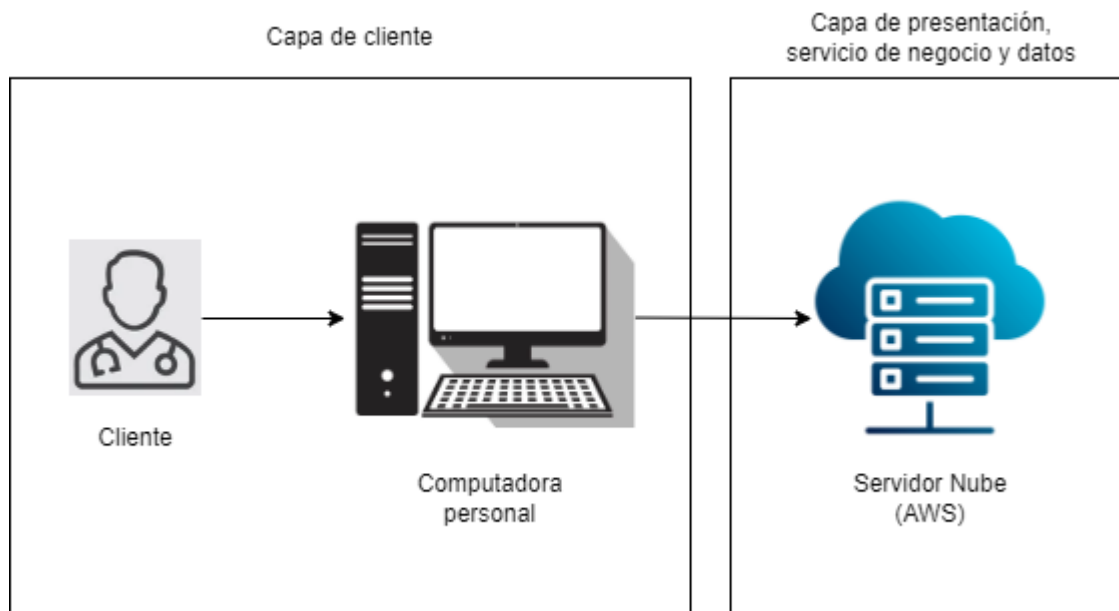
Figura 5.2. Diagrama de arquitectura tecnológica



Fuente. Elaboración propia

5.1.3. Arquitectura Física

La implementación física de la arquitectura se realiza mediante un servidor en la nube, para este caso específico lo alojaremos en una instancia EC2 de AWS conectado a un dominio web público. En este servidor se aloja la página web, que cuenta con la instalación de Apache y MySQL. El servidor almacena los datos de los usuarios, las imágenes subidas y generadas, así como las bibliotecas de Python y los archivos en formato JSON obtenidos en la fase de entrenamiento de los modelos de clasificación y segmentación. Los clientes acceden al sistema a través de sus computadoras personales utilizando un navegador y accediendo al dominio correspondiente.

Figura 5.3. Diagrama de arquitectura física

Fuente. Elaboración propia

5.2. Requisitos

5.2.1. Requisitos funcionales

Los requisitos funcionales hacen referencia a las funciones y comportamientos que se espera que el sistema muestre cuando un usuario interactúa con él. Cada requisito funcional tiene un identificador, donde las dos primeras letras indican su tipo y el número corresponde a su secuencia. Las columnas de nombre y descripción ofrecen una definición breve y detallada de cada requisito.

Tabla 5.1. Requisitos funcionales

ID de Requisito	Nombre del requisito	Descripción del requisito
RF-001	Registrar caso para análisis de glioma en imagen MRI cerebral de un ser humano.	El caso para análisis de glioma estará compuesto por la información del usuario (DNI, nombres, apellidos) junto con una imagen MRI del cerebro.
RF-002	Determinar presencia o no de glioma en imagen MRI cerebral de un ser humano.	Con base al análisis de la imagen MRI cerebral se debe hacer uso del modelo clasificador entrando y determinar la presencia o no de glioma en la imagen.
RF-003	Localizar ubicación de glioma en imagen MRI	Con base al resultado positivo al detectar presencia de glioma en el análisis previo de clasificación de la

	cerebral de un ser humano.	imagen MRI cerebral, se debe hacer uso del modelo segmentador entrando y determinar la ubicación del glioma en la imagen.
RF-004	Construir un repositorio de datos de análisis de gliomas en imágenes MRI cerebral.	Es necesario registrar los siguientes datos para cada caso de análisis de glioma cerebral: DNI Nombres Apellidos Imagen MRI cerebral Presencia de tumor, donde 1 indica presencia y 0 la no presencia.
RF-005	Búsqueda de casos de análisis de glioma	Se debe poder buscar el caso de análisis de glioma según el DNI del usuario.

Fuente. Elaboración propia

5.2.2. Requisitos no funcionales

En la tabla se presentan las definiciones de los requisitos no funcionales que influyen en el desarrollo de la herramienta.

Tabla 5.2. *Requisitos no funcionales*

ID de Requisito	Nombre del requisito	Descripción del Requisito
RNF-001	Usabilidad	La interfaz de usuario de la página web debe ser fácil de entender y utilizar, permitiendo a los usuarios interactuar con el sistema sin complicaciones y realizar las acciones necesarias de manera clara.
RNF-002	Rendimiento	La página web debe tener tiempos de respuesta rápidos para cargar y procesar las imágenes MRI, de modo que los usuarios puedan obtener los resultados de los análisis de manera eficiente. El tiempo de respuesta establecido para el análisis en tiempo real debe ser menor a 20 segundos, si demora más que eso debe considerarse un error.
RNF-003	Almacenamiento	El sistema debe contar con un almacenamiento adecuado para guardar de manera segura y eficiente las imágenes MRI, así como los datos de los usuarios y los resultados de los análisis de glioma realizados.
RNF-004	Adaptabilidad a dispositivos	La página web debe ser compatible y adaptarse de manera adecuada a diferentes dispositivos, como computadoras de escritorio, tablets y dispositivos móviles, para permitir a los usuarios acceder y utilizar el sistema desde diferentes plataformas.

Fuente. Elaboración propia

5.3. Metodología de desarrollo

En el desarrollo del proyecto se utilizó la metodología ágil Scrum, dividiendo el trabajo en 5 iteraciones. La adopción de Scrum permite adaptarse a los cambios y ajustar el progreso según los resultados obtenidos a lo largo de la investigación. Al estructurar el proyecto en iteraciones breves, se facilita tanto la gestión del tiempo como la comunicación efectiva.

A continuación, se presenta el plan de iteraciones, en el que se detallan las principales actividades realizadas en cada una de ellas.

Tabla 5.3. *Plan de iteraciones*

Iteración	Descripción
1	Definición de requisitos funcionales y no funcionales, definición de las arquitecturas de software y la elaboración de prototipos
2	Entrenamiento de modelo de clasificación.
3	Entrenamiento de modelo de segmentación.
4	Desarrollo de aplicativo web: Desarrollo de vistas e implementación de base de datos.
5	Desarrollo de aplicativo web: Integración con modelos de clasificación y segmentación y despliegue en dominio público.

Fuente. Elaboración propia

5.3.1. Primera iteración (Sprint 1): Plan de Implementación

Durante la etapa inicial del proyecto, se llevó a cabo la definición de los requisitos funcionales y no funcionales detallados en la sección 5.2. Para asegurar la precisión y relevancia de estos requisitos, se contó con la colaboración de personal médico altamente calificado. Asimismo, se realizó una cuidadosa conceptualización de la arquitectura de software que se implementaría, la cual se encuentra detallada en la sección 5.1. Por último, se procedió al desarrollo de las diversas interfaces de software, las cuales se presentarán a continuación.

La interfaz de inicio se centra en la simplicidad y la facilidad de uso con un diseño limpio y minimalista. Contiene dos botones principales, el primero (realizar nueva

consulta) constituye el paso para el registro de datos del paciente cuya imagen se desea analizar, mientras que la segunda (buscar por DNI) permite consultar los resultados brindados por la base de datos acerca del identificador del paciente.

Figura 5.4. *Prototipo de interfaz de inicio*

Detector y segmentador de gliomas

https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm

Detector y segmentador de gliomas

Herramienta de diagnóstico y segmentación de gliomas en imágenes MRI usando deep learning

¿Que desea realizar?

Realizar nueva consulta Buscar por DNI

Detector de gliomas por Diego Noriega y Ariana Sandoval Tesis UNMSM

Fuente. Elaboración propia

La interfaz para realizar consulta es accedida desde el botón “Realizar nueva consulta” ubicado en la interfaz principal, esta interfaz está conformada por un pequeño formulario donde se puede digitar la información del paciente (DNI, Nombres y Apellidos). Asimismo, contiene el botón (Añadir Archivo) a partir del cual se puede seleccionar la imagen de resonancia magnética cerebral; además, también contiene una sección que permite arrastrar la imagen a analizar y un pequeño cuadro para tener una vista previa del archivo subido. Por último, se agrega el botón “Realizar Consulta” para el análisis de la imagen adjuntada.

Figura 5.5. Prototipo de interfaz para realizar consulta

Detector y segmentador de gliomas

https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/?c=users&a=NuevaConsulta

Detector y segmentador de gliomas

Herramienta de diagnóstico y segmentación de gliomas en imágenes MRI usando deep learning

Input

Por favor ingrese sus datos y la imagen MRI

DNI
Ingrese DNI

Nombres
Ingrese nombres

Apellidos
Ingrese apellidos

Ingrese su Archivo **Elegir Archivo**

o arrastre su archivo a esta zona

Realizar Consulta

Detector de gliomas por Diego Noriega y Ariana Sandoval

Tesis UNMSM

Fuente. Elaboración propia

La interfaz buscar por DNI se accede desde el botón “Buscar por DNI”, esta está conformada por un formulario de un solo campo, donde podremos digitar el DNI del paciente que previamente ya se hizo un análisis. Por último, se agrega el botón “Buscar” para la búsqueda de los resultados.

Figura 5.6. Prototipo de interfaz para buscar por DNI

Detector y segmentador de gliomas

https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/?c=users&a=BuscarDNI

Detector y segmentador de gliomas

Herramienta de diagnóstico y segmentación de gliomas en imágenes MRI usando deep learning

Input
Por favor ingrese sus datos y la imagen MRI

DNI

Buscar

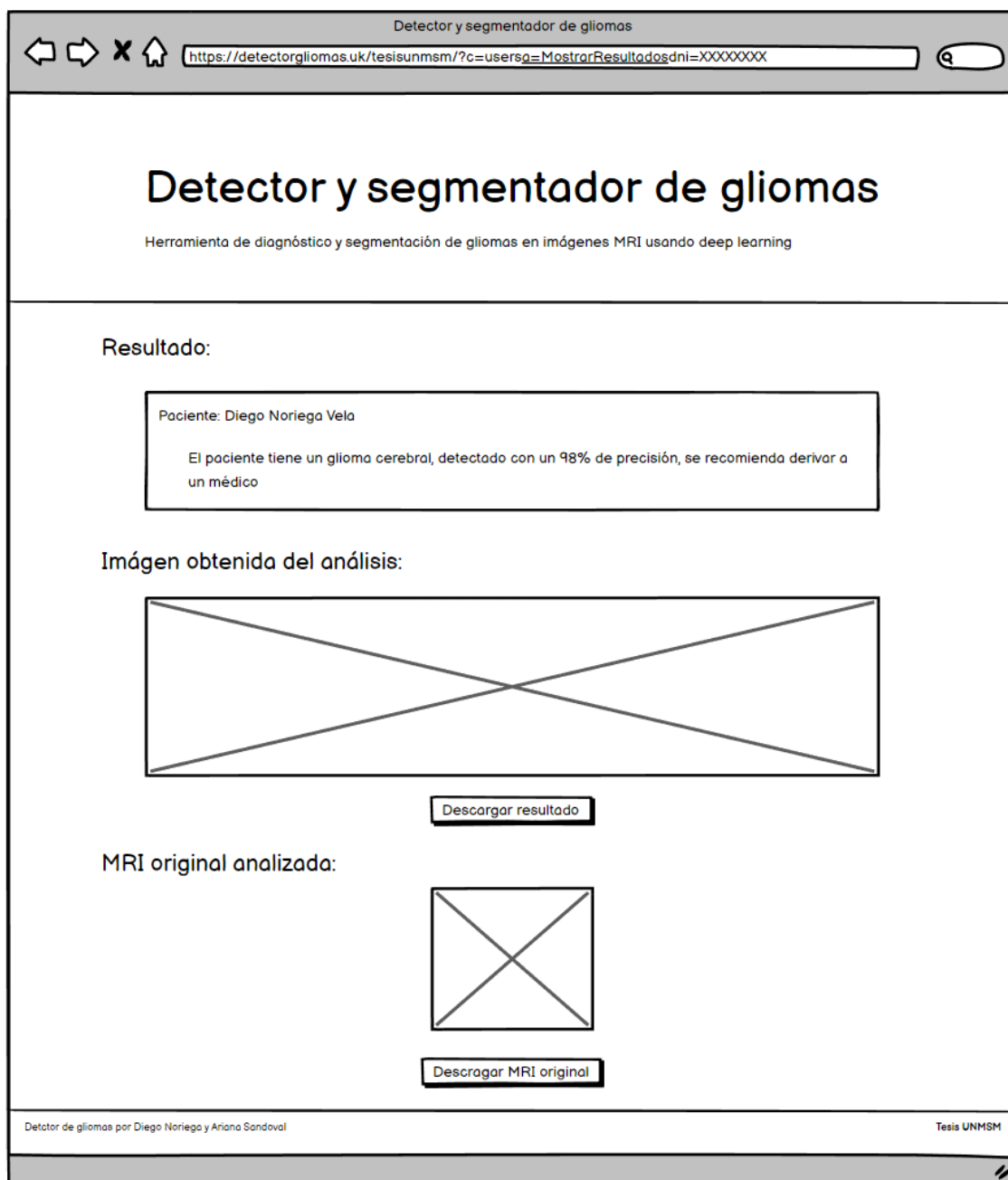
Detector de gliomas por Diego Noriega y Ariana Sandoval

Tesis UNMSM

Fuente. Elaboración propia

La interfaz de resultado de glioma detectado es accedida desde el botón “Realizar consulta” de la interfaz del mismo nombre y también desde el botón “Buscar” de la interfaz “Buscar por DNI”, siempre que en ambos casos la imagen MRI asociada al paciente contenga un glioma. La interfaz muestra el resultado textual que indica la presencia de tumor junto con la precisión del análisis, a continuación, se muestra la imagen obtenida del análisis donde se puede observar el tumor localizado y finalmente se muestra la imagen de MRI original de la que se hizo el análisis, ambas imágenes pueden ser descargadas desde su botón “Descargar” respectivo.

Figura 5.7. Prototipo de interfaz de resultado de glioma detectado

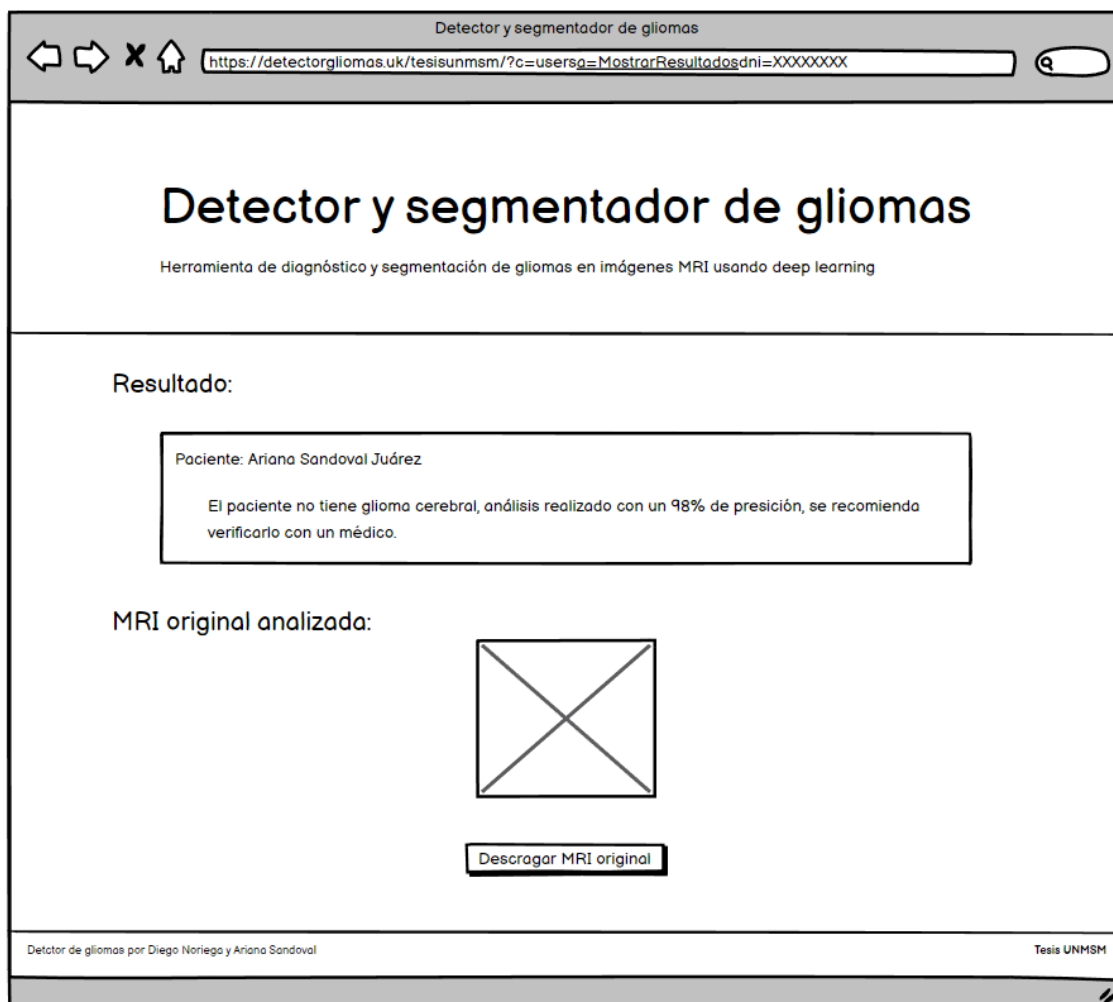


Fuente. Elaboración propia

La interfaz de resultado de glioma no detectado es accedida desde el botón “Realizar consulta” de la interfaz del mismo nombre y también desde el botón “Buscar” de la interfaz “Buscar por DNI”, siempre que en ambos casos la imagen

MRI asociada al paciente no contenga un glioma. La interfaz muestra el resultado textual que indica que no se ha detectado la presencia de tumor y finalmente se muestra la imagen de MRI original de la que se hizo el análisis, que puede ser descargada desde el botón “Descargar MRI original”.

Figura 5.8. Prototipo de interfaz de resultado de glioma no detectado



Fuente. Elaboración propia

5.3.2. Segunda y tercera iteración (Sprint 2 y 3): Entrenamiento de modelos

Durante la segunda fase del proyecto, se realizaron una serie de experimentos con el objetivo de determinar el mejor modelo para la clasificación de gliomas cerebrales. Esta etapa se desarrolló usando Google Colab e involucró la recopilación y el preprocesamiento de datos del dataset obtenido, seguido de

esto se realizó la construcción del modelo para posteriormente realizar el entrenamiento con las correspondiente validación y pruebas del modelo basado en arquitectura ResNet, tal como se detalla en el capítulo 4 del presente estudio.

En la tercera fase del proyecto implica que ya se halló el mejor modelo para la clasificación de gliomas cerebrales, pues la segmentación sólo se realizará en imágenes con glioma cerebral detectado. Para la obtención del modelo de segmentación se realizó la construcción basada en ResUNet, para luego realizar el entrenamiento de esta construcción y así obtener el mejor modelo, para posteriormente hacer las validaciones en la etapa de evaluación del modelo, el flujo realizado se especifica en la sección 4.

5.3.3. Cuarta iteración (Sprint 4): Desarrollo de aplicativo web

En la cuarta fase desarrollamos el aplicativo web aprovechando las interfaces ya realizadas. Nuestro enfoque se basa en seguir una arquitectura ya mencionada en secciones anteriores, aplicando Modelo-Vista-Controlador (MVC) para garantizar un diseño robusto y fácil mantenimiento, separando la lógica del negocio con la presentación de la información y la interacción con el usuario. Asimismo, se desarrolló la base de datos MySQL, donde se desplegó la base de datos llamada “tesis_glioma” con una tabla “users” para almacenar los datos de los usuarios.

5.3.4. Quinta iteración (Sprint 5): Integración de modelos en aplicativo web

Durante la quinta y última fase se ha completado el desarrollo de un archivo ejecutable en Python que incorpora modelos previamente entrenados para la clasificación y segmentación de imágenes de resonancia magnética (MRI). Este archivo permite detectar y segmentar tumores en las imágenes de MRI que se proporcionan como entrada a través del sistema web.

Este ejecutable produce una salida que indica si se ha detectado un tumor o no. En caso de detección positiva, también proporciona una imagen en formato JPG

con la ubicación resaltada del glioma en la imagen MRI suministrada. Esta salida se utiliza posteriormente en el sistema web para mostrar los resultados correspondientes.

El sistema se implementó en un servidor local que utiliza xampp, para exponer este servidor local a través de la red se utilizó Cloudflare Tunnel que nos permite hacerlo a través de la red de Cloudflare, haciendo el servidor local accesible desde Internet sin necesidad de exponer directamente la infraestructura al público.

5.4. Limitaciones

La fase de entrenamiento de nuestros modelos requiere un considerable tiempo de cómputo, generalmente entre 10 y 15 horas en la plataforma de Google Colab en la nube dependiendo de los parámetros que confi. Esto implica la necesidad de contar con un poderoso sistema de cómputo, lo que a su vez prolonga los ciclos de prueba y error para lograr el mejor modelo tanto para la clasificación como para la segmentación. Además, es necesario llevar a cabo la validación clínica, certificación y licencia del sistema antes de poder utilizarlo oficialmente en instituciones de salud pública o privada, así como en dependencias estatales. Finalmente, el proyecto está limitado a un entorno de desarrollo y ejecución local, para lograr una mayor disponibilidad y escalabilidad, se recomienda migrar el proyecto a una plataforma de nube.

5.5. Pruebas de Software

Enfocamos el desarrollo de las pruebas de software al cumplimiento de los requisitos funcionales.

5.5.1. Prueba RF-001: Registro de caso

- **Resumen**

Se debe registrar caso para análisis de glioma en imagen MRI cerebral de un ser humano.

- **Precondiciones**

La página <https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/> debe estar cargada desde un navegador

- **Acción**

Dentro de la interfaz “Inicio” se debe hacer click al botón “Realizar consulta”

Dentro de la interfaz “Realizar consulta” se debe llenar los datos del usuario:

- DNI, debe contener 8 caracteres
- Nombres, debe contener solo cadenas de caracteres
- Apellidos, debe contener solo cadenas de caracteres
- Imagen MRI, la cual debe ser de cualquier formato de imagen (jpg, tiff...)

- **Datos**

Los datos de prueba usados serán los siguientes:

- DNI: 72176075
- Nombres: Diego
- Apellidos: Noriega Vela
- Imagen MRI: Imagen “TCGA_CS_5393_19990606_6.jpg”

- **Resultados esperados**

Se debe tener registrado al usuario dentro de la base de datos. Para la prueba realizada se debe haber registrado los datos del paciente como se muestra a continuación:

Figura 5.9. Registro de caso

users_dni	users_nombres	users_apellidos	users_img	users_tumor
72176075	Diego	Noriega Vela	TCGA_CS_5393_19990606_6.jpg	1

Fuente. Elaboración propia

5.5.2. Prueba RF-002: Determinar presencia de glioma

- **Resumen**

Determinar presencia o no de glioma en imagen MRI cerebral de un ser humano.

- **Precondiciones**

La página <https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/> debe estar cargada desde un navegador

- **Acción**

Dentro de la interfaz “Inicio” se debe hacer click al botón “Realizar consulta”

Dentro de la interfaz “Realizar consulta” se debe llenar los datos del usuario:

- DNI, debe contener 8 caracteres
- Nombres, debe contener solo cadenas de caracteres
- Apellidos, debe contener solo cadenas de caracteres
- Imagen MRI, la cual debe ser de cualquier formato de imagen (jpg, tiff...)

- **Datos**

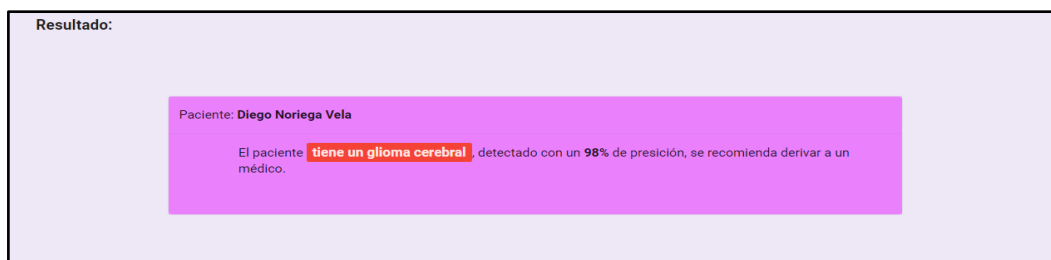
Los datos de prueba usados serán los siguientes:

- DNI: 72176075
- Nombres: Diego
- Apellidos: Noriega Vela
- Imagen MRI: Imagen “TCGA_CS_5393_19990606_6.jpg”

- **Resultados esperados**

Se debe cargar la página de resultado (ya sea “Glioma detectado” o “Glioma no detectado”). Para la prueba realizada se debe obtener la interfaz “Resultado: Glioma detectado”, obteniendo la siguiente sección:

Figura 5.10. Detección de glioma



Fuente. Elaboración propia

5.5.3. Prueba RF-003: Segmentar glioma

- **Resumen**

Localizar ubicación de glioma en imagen MRI cerebral de un ser humano.

- **Precondiciones**

La página <https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/> debe estar cargada desde un navegador

- **Acción**

Dentro de la interfaz “Inicio” se debe hacer click al botón “Realizar consulta”

Dentro de la interfaz “Realizar consulta” se debe llenar los datos del usuario:

- DNI, debe contener 8 caracteres
- Nombres, debe contener solo cadenas de caracteres
- Apellidos, debe contener solo cadenas de caracteres
- Imagen MRI, la cual debe ser de cualquier formato de img (jpg, tiff...)

- **Datos**

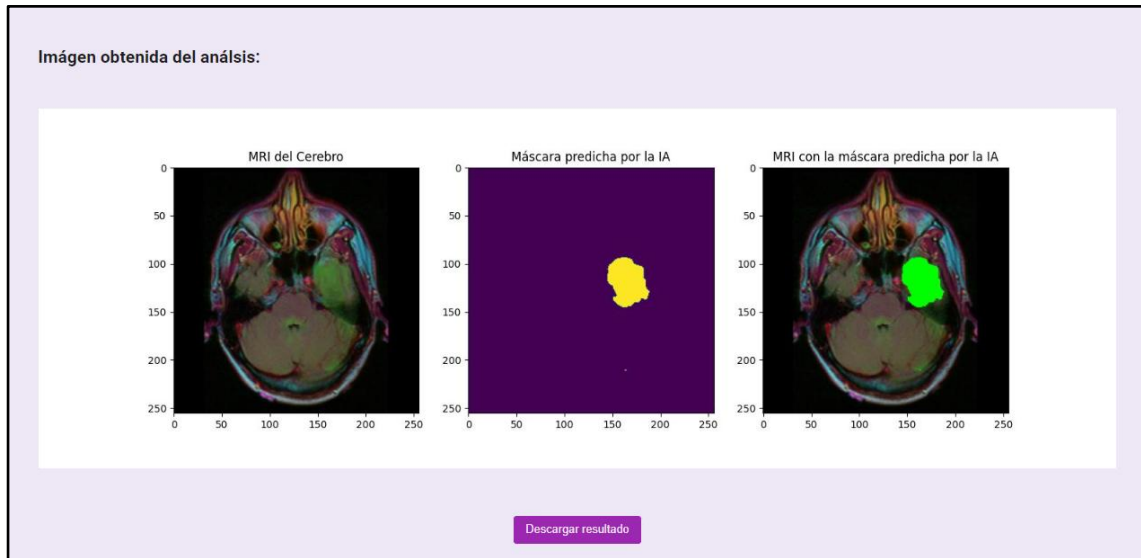
Los datos de prueba usados serán los siguientes:

- DNI: 72176075
- Nombres: Diego
- Apellidos: Noriega Vela
- Imagen MRI: Imagen “TCGA_CS_5393_19990606_6.jpg”

- **Resultados esperados**

Se debe cargar la página de resultado. Para la prueba realizada se debe obtener la interfaz “Resultado: Glioma detectado”, donde obtendremos la siguiente sección:

Figura 5.11. Segmentación de glioma



Fuente. Elaboración propia

5.5.4. Prueba RF-004: Repositorio de casos

- **Resumen**

Construir un repositorio de datos de análisis de gliomas en imágenes MRI cerebral.

- **Precondiciones**

La página <https://detectorgliomas.uk/phpmyadmin/> debe estar cargada desde un navegador

- **Acción**

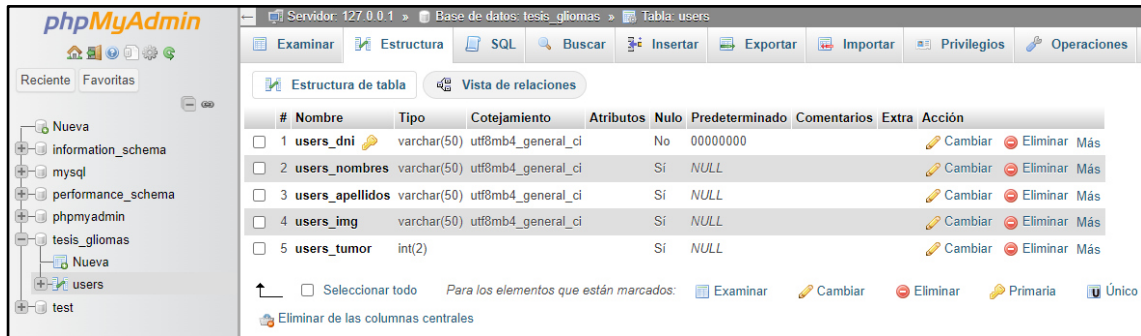
Dentro de la interfaz, debemos ir a la base de datos “tesis_glioma” y dentro de esta acceder a la tabla “users”

- **Datos**

- **Resultados esperados**

Se debe cargar la página mostrando la estructura de la tabla:

Figura 5.12. Estructura de tabla “users”



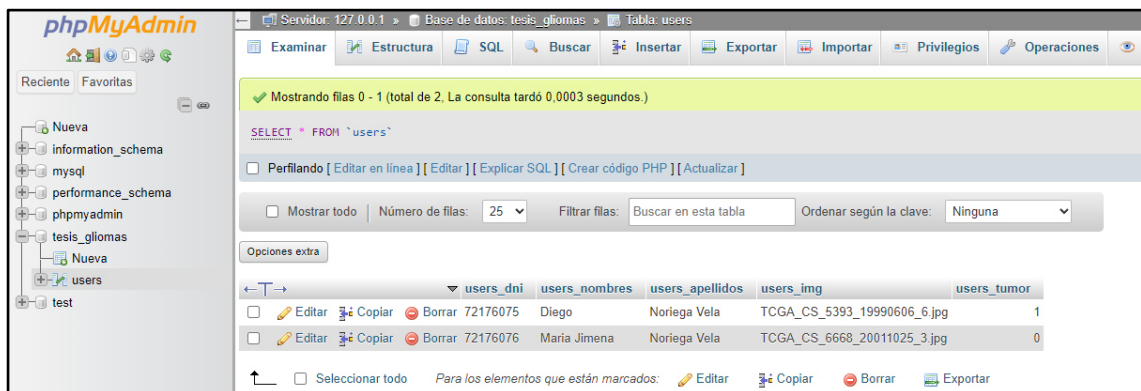
The screenshot shows the phpMyAdmin interface with the 'users' table structure displayed. The table has five columns: users_dni, users_nombres, users_apellidos, users_img, and users_tumor. Each column has a checkbox for selection and a set of actions (Cambiar, Eliminar, Más).

#	Nombre	Tipo	Cotejamiento	Atributos	Nulo	Predeterminado	Comentarios	Extra	Acción
1	users_dni	varchar(50)	utf8mb4_general_ci		No	00000000			Cambiar Eliminar Más
2	users_nombres	varchar(50)	utf8mb4_general_ci		Sí	NULL			Cambiar Eliminar Más
3	users_apellidos	varchar(50)	utf8mb4_general_ci		Sí	NULL			Cambiar Eliminar Más
4	users_img	varchar(50)	utf8mb4_general_ci		Sí	NULL			Cambiar Eliminar Más
5	users_tumor	int(2)			Sí	NULL			Cambiar Eliminar Más

Fuente. Elaboración propia

Se muestra también los usuarios almacenados:

Figura 5.13. Datos de tabla “users”



The screenshot shows the phpMyAdmin interface with the data of the 'users' table displayed. The table has five columns: users_dni, users_nombres, users_apellidos, users_img, and users_tumor. The data is shown in a table with two rows.

	users_dni	users_nombres	users_apellidos	users_img	users_tumor
☐ Editar ☐ Copiar ☐ Borrar	72176075	Diego	Noriega Vela	TCGA_CS_5393_19990606_6.jpg	1
☐ Editar ☐ Copiar ☐ Borrar	72176076	Maria Jimena	Noriega Vela	TCGA_CS_6668_20011025_3.jpg	0

Fuente. Elaboración propia

5.5.5. Prueba RF-005: Búsqueda por DNI

- **Resumen**

Búsqueda de casos de análisis de glioma.

- **Precondiciones**

La página <https://detectorgliomas.uk/tesisunmsm/> debe estar cargada desde un navegador.

- **Acción**

Dentro de la interfaz “Inicio” se debe hacer click al botón “Buscar por DNI”
Dentro de la interfaz “Buscar por DNI” se debe llenar los datos del usuario:

- DNI, debe contener 8 caracteres

- **Datos**

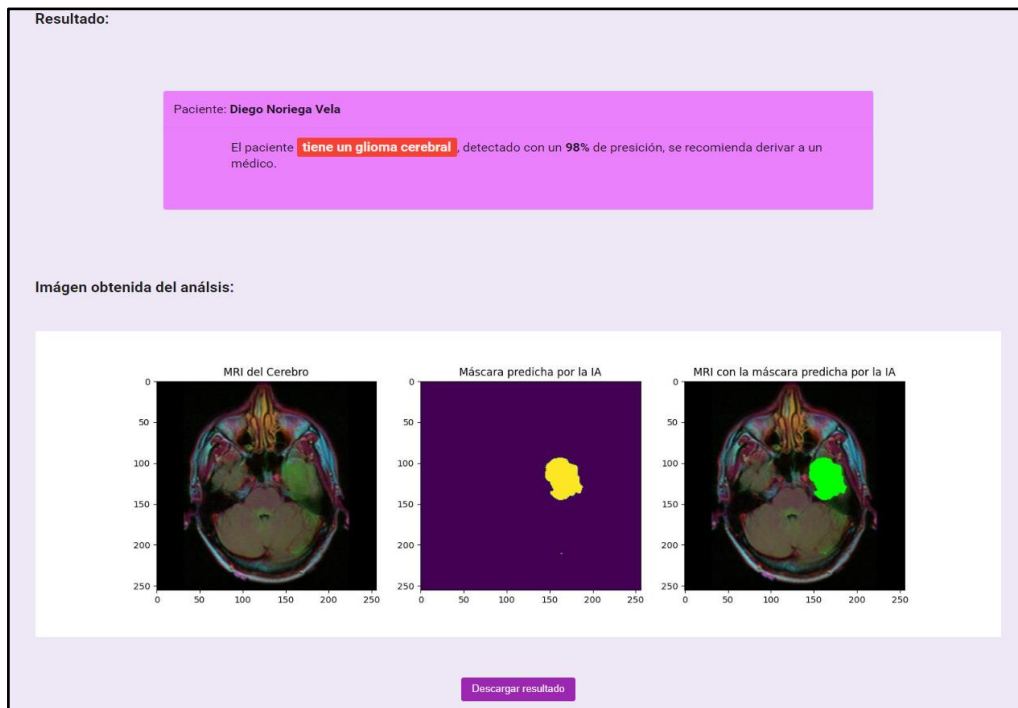
Los datos de prueba usados serán los siguientes:

- DNI: 72176075

- **Resultados esperados**

Se debe cargar la página de resultado. Para la prueba realizada se debe obtener la interfaz “Resultado: Glioma detectado”, donde obtendremos la siguiente sección:

Figura 5.14. Resultado esperado “Buscar por DNI”



Fuente. Elaboración propia

5.6. Funcionamiento

En esta sección mostraremos el funcionamiento de nuestro sistema con dos posibles escenarios, el primero cuando se realiza una consulta y esta resulta con presencia de glioma y otro caso donde el resultado de la consulta indica la no presencia de glioma.

El primer caso se requiere hacer una consulta de la resonancia magnética de la paciente Ariana Sandoval, para esto se accede al aplicativo web, ingresando a

la sección de realizar nueva consulta donde se ingresan los siguientes datos al formulario:

- DNI: 74021009
- Nombres: Ariana Ayelén
- Apellidos: Sandoval Juárez
- Imagen MRI: Se sube la imagen de nombre “TCGA_HT_7680_19970202_6.jpg” desde nuestra computadora local.

Figura 5.15. *Formulario de prueba con glioma*

Input
Por favor ingrese sus datos y la imagen MRI

DNI
74021009

Nombres
Ariana Ayelén

Apellidos
Sandoval Juárez

Seleccione una imagen: No se eligió ningún archivo

O arrastre el archivos a esta zona

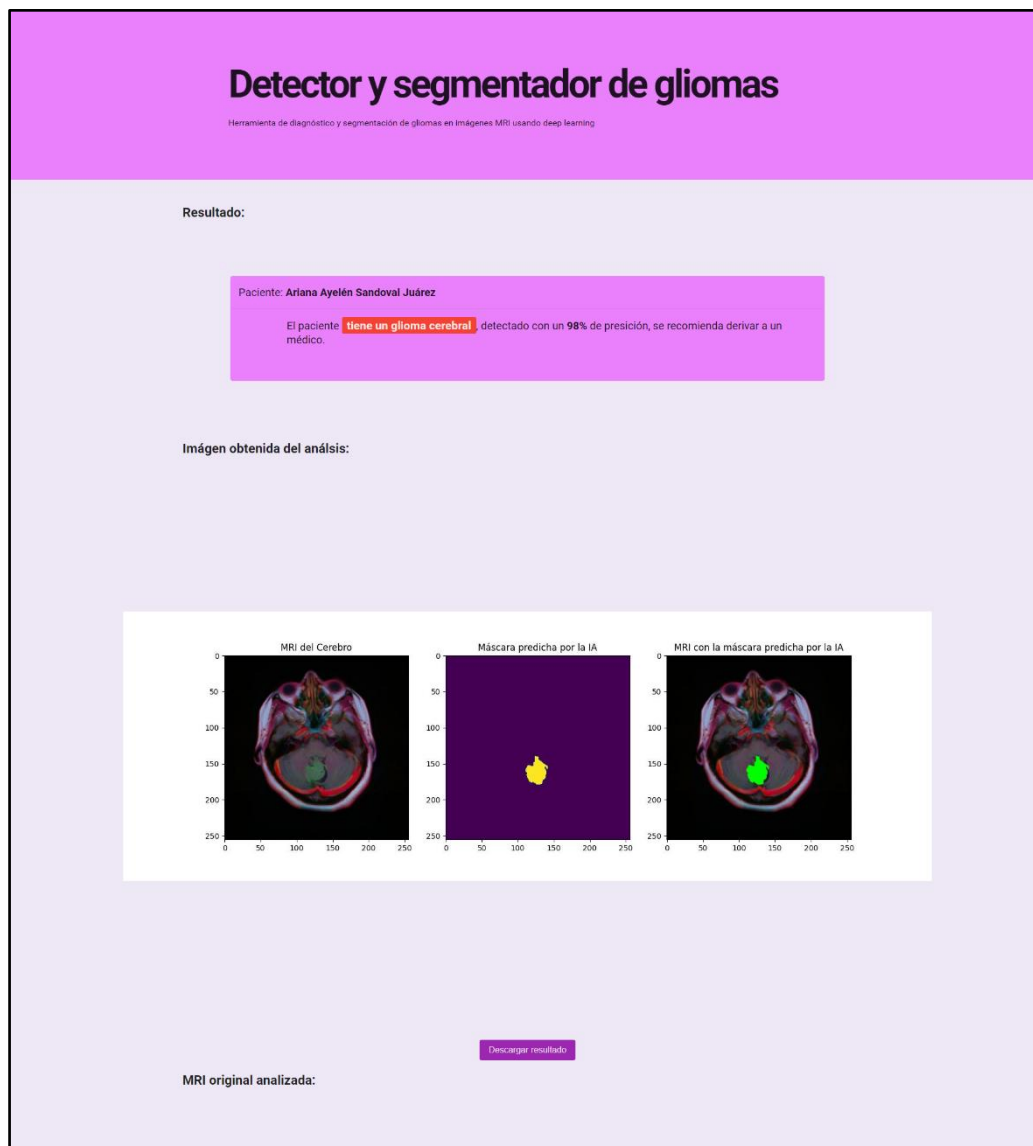
Realizar Consulta

Complete el formulario

Fuente. Elaboración propia

Una vez lleno el formulario, se procede a realizar la consulta, donde obtendremos el resultado, que en este caso es glioma detectado:

Figura 5.16. Resultado de prueba con glioma



Fuente. Elaboración propia

La página resultante nos muestra una sección indicando el estado del paciente, que en este caso detectó glioma en la imagen MRI analizada, esto lo indica en un texto junto con la precisión de la detección, por otro lado, se muestra el resultado de la segmentación de tumor con una opción de descarga, asimismo, en la parte inferior de la página se muestra la imagen MRI original de la que se hizo el análisis también con la opción de descarga correspondiente.

El siguiente caso se realiza la consulta del paciente Diego Noriega, de igual manera que el caso anterior, se accede al aplicativo web, ingresando a la sección de realizar nueva consulta donde se ingresan los siguientes datos al formulario:

- DNI: 72176075
- Nombres: Diego
- Apellidos: Noriega Vela
- Imagen MRI: Se sube la imagen de nombre “TCGA_HT_8563_19981209_6.jpg” desde nuestra computadora local.

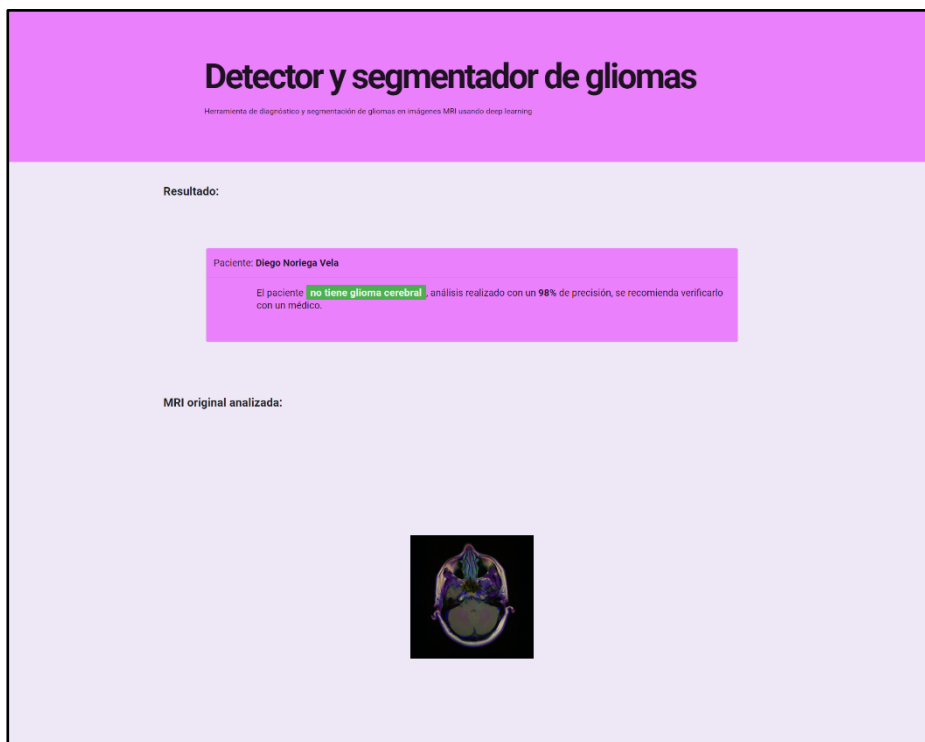
Figura 5.17. *Formulario de prueba sin glioma*

The screenshot shows a web form with a purple header bar containing the text 'Input' and 'Por favor ingrese sus datos y la imagen MRI'. Below the header, there are four input fields: 'DNI' with the value '72176075', 'Nombres' with the value 'Diego', and 'Apellidos' with the value 'Noriega Vela'. The fourth field is for the MRI image, labeled 'Seleccione una imagen:' with a file selection button 'Elegir archivo' and the filename 'TCGA_HT_...81209_6.jpg'. Below the filename is a dashed blue box with the text 'O arrastre el archivos a esta zona'. To the right of the dashed box is a small thumbnail image of a brain scan. At the bottom center is a purple button labeled 'Realizar Consulta'. At the bottom left, in red text, is the instruction 'Complete el formulario'.

Fuente. Elaboración propia

A continuación, se procede a realizar la consulta, donde obtendremos el resultado, que en este caso es glioma no detectado:

Figura 5.18. *Resultado de prueba sin glioma*



Fuente. Elaboración propia

El resultado del análisis nos arroja que no se ha detectado glioma, indicando esto con su porcentaje de precisión respectivo, asimismo, se muestra la imagen MRI original analizada con su botón de descarga correspondiente.

CAPÍTULO VI: VALIDACIÓN

Este apartado se centra en la validación de las propuestas para la clasificación y segmentación de gliomas utilizando modelo de aprendizaje profundo. A través de experimentos numéricos, se evalúa la eficacia, precisión y robustez de los modelos propuestos. Estos experimentos no solo servirán para validar las técnicas, sino que también proporcionarán una comprensión más profunda de las características y desafíos únicos asociados con la clasificación y segmentación de gliomas cerebrales.

6.1. Dataset

El conjunto de datos utilizado para desarrollar el modelo fue obtenido de la plataforma Kaggle, bajo el nombre "LGG Segmentation Dataset". Este conjunto incluye imágenes de resonancia magnética cerebral junto con máscaras de segmentación de anomalías en imágenes de recuperación de inversión atenuada por fluido (FLAIR). Las imágenes provienen del archivo de imágenes del cáncer (TCIA) y corresponden a 110 pacientes de la colección de gliomas de bajo grado del Atlas del Genoma del Cáncer (TCGA), con datos disponibles de FLAIR y agrupación genómica. El dataset contiene un total de 3,929 registros, de los cuales 1,373 corresponden a casos con presencia de glioma y 2,556 a casos sin glioma.

Tabla 6.1. *Resumen de dataset de entrada*

Fuente	Nombre del Dataset	Tipo de imagen	Total de imágenes
kaggle	LGG Segmentation Dataset	.tif	3929

6.2. Preprocesamiento

Durante el preprocesamiento para la detección de glioma de una imagen de entrada, se aplican dos operaciones principales. En primer lugar, se normaliza la imagen dividiendo cada valor de píxel entre 255, lo que ajusta los valores de un rango de 0 a 255 a un rango de 0 a 1. Esta normalización asegura que la

distribución de intensidad de los píxeles esté en el mismo rango. Luego, la imagen se redimensiona a un tamaño de 256x256x3 para imágenes en color, lo que implica convertirla en un tensor 3D con las mismas dimensiones.

Posteriormente, se equilibraron los datos mediante la técnica de aumento de datos (Shorten y Khoshgoftaar, 2019) para obtener similar cantidad de registros para presencia y no presencia de máscara de glioma, dejando el conjunto de datos con 5112 registros (cuyas características están en la Tabla 6.1.2). El conjunto de datos se divide en dos partes: un 85% se destina al conjunto de entrenamiento y el 15% restante se utiliza para el conjunto de prueba.

Tabla 6.2. *Características de dataset original y preprocesado*

Dataset MRI de Kaggle	Dataset MRI de Kaggle preprocesado
Número de imágenes: 3929	Número de imágenes: 5112
Tipo de data: Imagen .tif	Tipo de data: Imagen .tif
Número de MRI sin máscara: 2556	Número de MRI sin máscara: 2556
Número de MRI con máscara: 1373	Número de MRI con máscara: 2556

6.3. Experimentos

Se empleó el lenguaje de programación Python junto con las bibliotecas Keras, TensorFlow, Pandas, Numpy e ImageDataGenerator para desarrollar, entrenar, validar y evaluar los distintos modelos de aprendizaje automático. Los modelos ResNet50, InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception, DenseNet121 y ResUnet se entrenaron en una notebook de Colab de la plataforma de Google.

Se utiliza ImageDataGenerator de Keras para preprocesar los datos de entrenamiento y prueba. Se ajusta el tamaño de las imágenes a (224,224) y se utiliza la función preprocess_input para un preprocesamiento adicional. Además se crea un generador de flujo de datos para los conjuntos de entrenamiento y prueba.

Para el aprendizaje de transferencia se utilizaron los cinco modelos incluidos en la biblioteca de Keras y pre-entrenados con ImageNet congelando los pesos del modelo y agregando una cabecera de clasificación al modelo base; en este caso, se agrega una capa de agrupación global promedio, una capa densa y una capa de salida con activación softmax. Se suministra lotes de datos de entrenamiento al modelo, los lotes de datos del generador de entrenamiento usados en cada época (total de datos dividido por el tamaño del lote), se utiliza un total de 100 épocas consideradas las veces que el modelo pasará por el conjunto de datos de entrenamiento completo; también se suministra los datos de validación al modelo y la cantidad de lotes de datos del generador que serán usados para la validación en cada época para finalmente realizar acciones como guardar el modelo o detener el entrenamiento temprano si no se observan mejoras.

Dentro de estos llamados, se define la función de pérdida a minimizar durante el entrenamiento. La “categorical_crossentropy” es utilizada por tratarse de una clasificación multiclase. También se utiliza el optimizador “adam” y la métrica “accuracy”. Para detener el entrenamiento si no hay mejora después de cierto número de épocas, se utiliza la parada temprana (earlystopping) cuyos parámetros considerados son “val_loss” para monitorear la pérdida de validación del modelo, “min” para buscar la minimización de la métrica monitorizada (“val_loss” y si la pérdida de validación no mejora después de 70 épocas consecutivas, se detiene el entrenamiento. Adicionalmente, mientras el modelo entrena, se usa “ModelCheckpoint” para guardarlo solo si este muestra una mejora basado en la pérdida de validación.

En resumen, se entrenaron 6 modelos de clasificación de gliomas cerebrales, utilizando variantes de redes neuronales con transferencia de aprendizaje y número de épocas en el entrenamiento (Tabla 6.3).

Tabla 6.3. *Aplicación de los Modelos de clasificación entrenados*

Id	Modelo	Aprendizaje por Transferencia	Épocas	Clases	Data Augmentation
-----------	---------------	--------------------------------------	---------------	---------------	--------------------------

M1	ResNet50	Sí	100	2	Sí
M2	InceptionResNetV2	Sí	100	2	Sí
M3	InceptionV3	Sí	100	2	Sí
M4	Xception	Sí	100	2	Sí
M5	DenseNet121	Sí	100	2	Sí
M6	Híbrido 05	-	-	2	Sí
M7	Híbrido 03	-	-	2	Sí

Fuente. Elaboración propia

Las variantes de los modelos entrenados basados en ResNet50, InceptionV3, Xception, DenseNet121 se diferencian en el número de épocas de entrenamiento y el uso o no de aumento de datos. Considerando las características mencionadas en la Tabla 6.3 se propuso validar en tres escenarios el desempeño de las técnicas para la clasificación:

- Primer escenario: Entrenar 6 modelos de clasificación usando data augmentation.
- Segundo escenario: Entrenar los 3 mejores modelos de clasificación usando data augmentation.
- Tercer escenario: Entrenar los 5 mejores modelos de clasificación usando data augmentation.

Asimismo, para el análisis de rendimiento, se utilizaron las siguientes métricas:

Precisión (Precision): Es la proporción de identificaciones positivas verdaderas frente al total de identificaciones positivas (verdaderas positivas más falsas positivas). Esta métrica es especialmente importante cuando el costo de los falsos positivos es alto.

$$Precision = \frac{Verdaderos\ Positivos(VP)}{Verdaderos\ Positivos\ (VP) + Falsos\ Positivos(FP)}$$

Recall (Sensibilidad o Tasa de Verdaderos Positivos): Es la proporción de verdaderos positivos en relación con el total de casos positivos reales, es decir, la suma de verdaderos positivos y falsos negativos. Esta métrica es crucial cuando el costo de los falsos negativos es significativo.

$$Recall = \frac{Verdaderos\ Positivos(VP)}{Verdaderos\ Positivos\ (VP) + Falsos\ Negativos(FN)}$$

F1-Score: Es la media armónica entre la precisión y el recall. Esta métrica es útil cuando se busca un equilibrio entre ambas, sin que haya una preferencia clara por una sobre la otra.

$$F1 - Score = 2 \cdot \frac{(Pr\ Precisión \cdot Recall)}{(Pr\ Precisión + Recall)}$$

Por otro lado, para la segmentación de las imágenes se define una clase “DataGenerator” personalizado para entrenar el modelo ResUnet de Keras, se inicializa las variables de instancia con los valores proporcionados, se crea una función que devuelve el número de lotes por época, también para obtener un lote de datos con sus máscaras correspondientes y, al final de cada época, se llama al método “on_epoch_end” para actualizar los índices. En paralelo, se leen las imágenes y las máscaras, las redimensiona, las estandariza y las agrega a dos vectores.

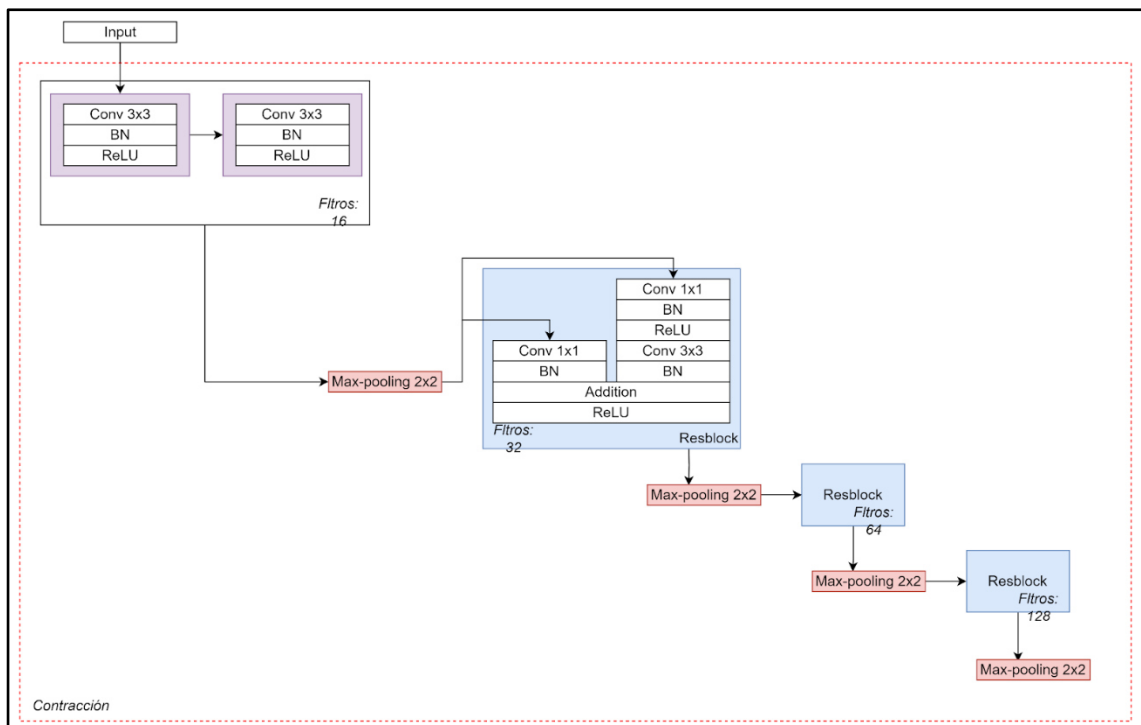
Se filtran los registros del DataFrame que tienen una máscara, sugiriendo que hay interés en imágenes que tienen cierta característica como la enfermedad del glioma. Se divide el conjunto de datos en conjuntos de entrenamiento, validación y prueba. El 15% de los datos se reserva para validación y prueba, y luego ese 15% se divide nuevamente a la mitad para obtener conjuntos separados de validación y prueba. Se crean listas de rutas de las imágenes y máscaras para alimentar al generador de datos que, definida en la clase “DataGenerator”, son utilizados para el entrenamiento del modelo de ResUnet.

Se define una función que simule un bloque residual y su ruta principal consiste en dos capas convolucionales seguidas de normalización por lotes, la primera tiene un tamaño de kernel de (1,1) y la segunda de (3,3). La inicialización de los pesos se realiza utilizando la inicialización “he_normal”, luego se define la

conexión de salto o ruta corta que consta de una capa adicional; ambas rutas se suman (para evitar el problema del desvanecimiento del gradiente y que la red aprenda funciones de identidad) y se aplica una función de activación “ReLU” devolviendo la salida del bloque residual. También se define la función de escalado “Upsampling” y concatenación, los cuales aumentan el tamaño espacial de la imagen por un factor de 2 en ambas dimensiones y combinan las características escaladas con las características de una capa anterior, respectivamente.

Para la arquitectura del modelo ResUnet, se define la forma de entrada (imagen de 256x256 RGB), la primera fase que consta de dos capas convolucionales seguidas de una capa de “pooling”, la fase que utiliza la función creada de bloques residuales seguidos de capas de “pooling” (Figura 6.1).

Figura 6.1. Esquema de fase de contracción de modelo segmentador

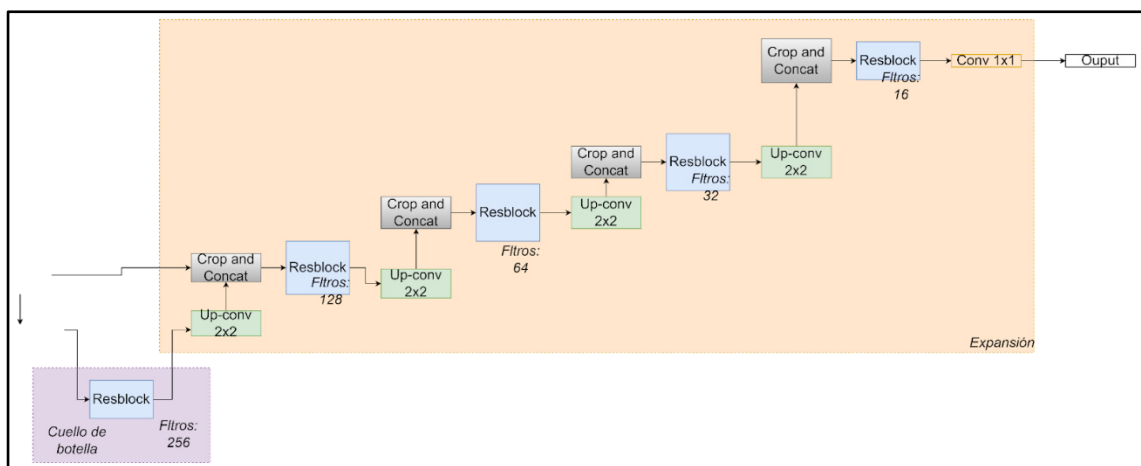


Fuente. Elaboración propia

También se construye el cuello de botella del modelo utilizando un bloque residual sin pooling (Figura 6.2) y en las fases de escalado se realiza un proceso

inverso al de las fases anteriores utilizando la función de concatenación y escalamiento previo seguido de los bloques residuales. Como capa de salida, se utiliza una convolución 1x1 para producir una imagen de segmentación, para ello se usa la función de activación “sigmoid” donde se obtiene valores entre 0 y 1, los cuales indican qué tan probable el pixel pertenece a la clase de interés. Finalmente se llama a la función “Model” para utilizar la API funcional de Keras.

Figura 6.2. Esquema de fase de cuello de botella y expansión de modelo segmentador



Fuente. Elaboración propia

Para la evaluación del modelo segmentador se usan las métricas basadas en Tversky y las funciones de pérdida. El índice de Tversky mide la similitud entre dos conjuntos, se acerca a 1 cuando las predicciones son perfectas y se acerca a 0 cuando son incorrectas, para ello se instancian las etiquetas verdaderas, predicciones, verdaderos positivos, falsos negativos, falsos positivos y el parámetro “alpha” de 0.7 que pondera los falsos negativos. La función de pérdida de Tversky es la diferencia de 1 con el índice de tal manera que, si el resultado es 0, indica predicciones perfectas. También se declara la pérdida focal Tversky como una modificación de lo anterior, con la diferencia que da más peso a los errores difíciles de clasificar, pudiendo mejorar el rendimiento del modelo en casos difíciles.

Compilando el modelo, se inicializa el optimizador Adam con una tasa de aprendizaje (“lr”) de 0.05 y un valor de epsilon de 0.1 y junto con la función de pérdida focal (discutida anteriormente) y el índice de tversky se evalúa el rendimiento del modelo durante el entrenamiento. Este se detiene si no mejora después de 20 épocas mediante la técnica de la parada temprana. Finalmente, después de usar el generador de datos para 100 épocas y validar el modelo, se guarda la arquitectura en formato JSON.

6.4. Resultados

La Tabla 6.4.1 muestra el Accuracy, la Precisión y la Sensibilidad obtenida de los siete modelos de clasificación indicados en la Tabla 6.3.1, a partir de ello, se verifica que el modelo Voting05 (Híbrido) tiene el promedio más alto de precisión y sensibilidad, siendo el modelo elegido para la detección de gliomas.

Tabla 6.4. *Tabla de resultados por cada modelo entrenado*

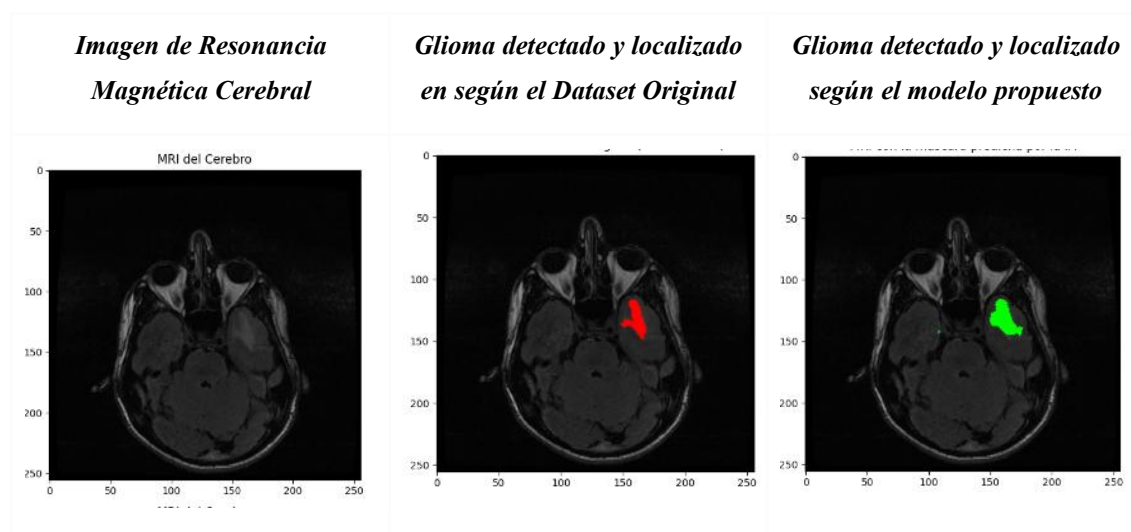
Modelo	Accuracy	Precisión		Sensibilidad		F1-Score	
		0	1	0	1	0	1
ResNet50	97.57	97	96	99	93	97.99	94.48
InceptionResNetV2	99.48	100	98	99	99	99.50	98.50
InceptionV3	98.61	98	97	99	95	98.50	95.99
Xception	97.74	99	97	99	98	99.00	97.50
DenseNet121	96.88	98	98	99	95	98.50	96.48
Híbrido05	99.73	99	100	100	98	99.50	98.99

Híbrido03	99.47	98	100	100	98	98.99	98.99
-----------	-------	----	-----	-----	----	-------	-------

Fuente. Elaboración propia

Por el lado del modelo localizador (segmentador), la métrica de Tversky indica un nivel de 92, lo cual indica un alto nivel de similitud o superposición entre la máscara de segmentación real y la predicha por el modelo (Figura 6.3)

Figura 6.3. Comparativa del resultado de segmentación real y propuesto

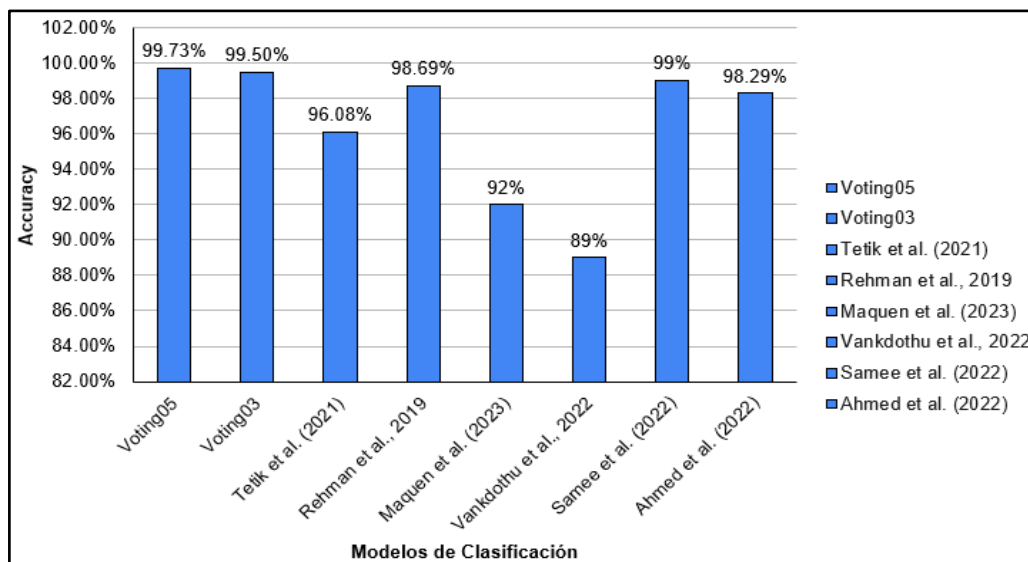


Fuente. Elaboración propia

6.5. Discusión

Comparando los resultados de investigaciones anteriores con los resultados del estudio (Tabla 6.4), se puede apreciar que en la figura que las métricas alcanzadas en esta investigación han sido superiores en los indicadores alcanzados en otros estudios similares sobre el mismo tema. Asimismo, se destaca que en la investigación se utiliza un modelo híbrido que propuso clasificar el glioma y que, en su entrenamiento y pruebas se utilizó un conjunto de datos con más de 5000 imágenes además de usar varios modelos de redes neuronales convolucionales (CNN).

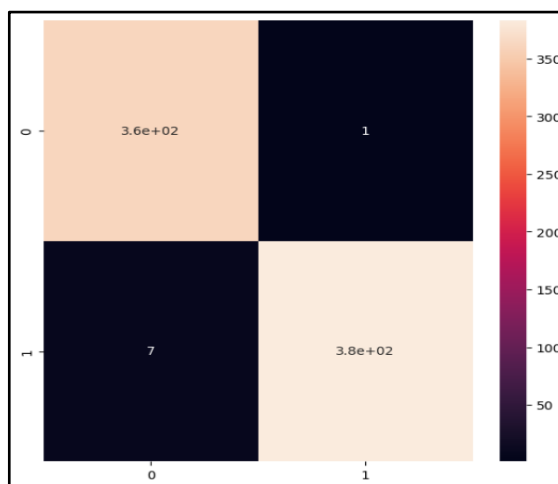
Figura 6.4. Comparación de resultados del modelo propuesto con el estado del arte



Fuente. Elaboración propia

El modelo predictivo posee cuatro cuadrantes: Verdaderos positivos donde se predice la presencia de glioma y es realmente glioma, aquellos casos donde el modelo predice la presencia de glioma, pero no lo es (Falsos positivos), casos donde el modelo predice que no hay presencia de glioma y realmente no hay glioma (verdaderos negativos) y casos donde el modelo predice que no hay presencia de glioma y sí la hay (falsos negativos o errores de omisión).

Figura 6.5. Matriz de Confusión



Fuente. Elaboración propia

Los modelos realizados son consistentes, ya que fueron realizados bajo similares condiciones y con aplicación de Data Augmentation. Con los resultados se concluye que es posible detectar en las imágenes si hay un caso de glioma cerebral. Tal como se muestra en la Figura 6.5, los casos en los que el modelo predice incorrectamente el glioma cerebral es de 1 (Falsos Positivos), mientras que el número de casos en los que el modelo predice incorrectamente que no hay presencia de glioma cerebral es de 7 (Falsos negativos).

CONCLUSIONES y RECOMENDACIONES

Conclusión general

Se logró desarrollar modelos para la detección y localización de gliomas cerebrales mediante el empleo de técnicas avanzadas de Deep Learning implementadas de manera integral en un aplicativo web. Estos se basan en el análisis de imágenes de resonancias magnéticas cerebrales preprocesadas, incorporando un modelo de clasificación y otro de segmentación que utiliza redes neuronales convolucionales profundas y transferencia de aprendizaje. Los resultados obtenidos demostraron un rendimiento destacado, con una precisión del 99.73% en el mejor modelo híbrido de clasificación y una métrica Tversky de 92 en segmentación, superando los estándares reportados en la literatura. Los resultados obtenidos validan la idoneidad del modelo propuesto como una herramienta confiable de apoyo, capaz de mejorar tanto la precisión como la rapidez en el diagnóstico de gliomas. Además, su fácil acceso mediante una aplicación web facilita su uso, contribuyendo significativamente a la práctica clínica y a la toma de decisiones médicas más informadas.

Conclusiones específicas

CE1. Se llevó a cabo una revisión de la literatura para analizar los métodos, modelos y variables empleados en la detección y segmentación de gliomas. En paralelo, se recopiló un conjunto de datos compuesto por 3929 registros de resonancias magnéticas, correspondientes a casos de gliomas de 110 pacientes provenientes de cinco instituciones diferentes, extraídos de "The Cancer Genome Atlas" disponible en la plataforma Kaggle. Este conjunto de datos obtenido se ha sometido a técnicas de aumento de datos para lograr un equilibrio en los casos, y se procedió con el preprocesamiento necesario para llevar a cabo los experimentos para la construcción de los modelos de clasificación y segmentación.

CE2. Se ha llevado a cabo la construcción de modelos de clasificación y segmentación basados en Deep Learning. Para la obtención del modelo de

clasificación híbrido se ha utilizado arquitecturas como ResNet50, InceptionResNetV2, InceptionV3, Xception y DenseNet121. Estos modelos han sido sometidos a técnicas de transfer learning, incorporando además una capa densa final personalizada para la detección de gliomas. En cuanto a la construcción del modelo para la segmentación, es decir, la localización del glioma, se implementó una arquitectura de ResUNet.

CE3. Durante la validación cruzada, se lograron resultados superiores al 98% en todos los modelos que son parte del modelo híbrido para la clasificación, este último el cual integra todas las arquitecturas previas ha alcanzado una exactitud del 99.5%. Este rendimiento supera los resultados reportados en la literatura. Para evaluar la precisión del modelo segmentador, se empleó la métrica de Tversky, obteniendo un nivel del 92, lo que indica un alto grado de similitud entre la máscara de segmentación real y la predicha por el modelo.

CE4. Se implementaron los modelos de clasificación y segmentación en una aplicación web amigable, diseñada según los requerimientos de los especialistas médicos. La aplicación permite cargar imágenes de resonancia magnética, procesarlas con los modelos, visualizar resultados de manera clara y comprensible, y registrar datos en un repositorio para futuras consultas.

Recomendaciones

1. Ampliar el enfoque según grado del glioma utilizando datos adicionales como imágenes histopatológicas que ayudaría con la personalización del tratamiento y predicción del pronóstico.
2. Investigar modelos de segmentación tridimensional para obtener medidas más precisas del volumen tumoral que serviría como base de estudios sobre la evolución del tumor y una planificación quirúrgica.
3. Utilizar las imágenes de resonancia magnética con datos clínicos del paciente e implementar modelos predictivos para estimar respuestas a diferentes tipos de terapias.

Trabajos futuros

Exploración de las implicaciones legales relacionadas con la implementación de este proyecto en una institución de salud, así como los requisitos necesarios para obtener la certificación que respalde su utilización en el entorno médico de hospitales o clínicas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ahmed Hamza, M., Abdullah Mengash, H., Alotaibi, S. S., Hassine, S. B. H., Yafoz, A., Althukair, F., Othman, M., & Marzouk, R. (2022). Optimal and Efficient Deep Learning Model for Brain Tumor Magnetic Resonance Imaging Classification and Analysis. *Applied Sciences*, 12(15), 7953. <https://doi.org/10.3390/app12157953>
- Alban, M. y Mauricio, D. (2019). Predicting University Dropout through Data Mining: A Systematic Literature. *Indian Journal of Science and Technology*, 12(4), <https://doi.org/10.17485/ijst/2019/v12i4/139729>
- Amin, J., Sharif, M., Yasmin, M., Saba, T., Anjum, M. A., & Fernandes, S. L. (2019). A new approach for brain tumor segmentation and classification based on score level fusion using transfer learning. *Journal of Medical Systems*, 43(11), 326. <https://doi.org/10.1007/s10916-019-1453-8>
- Anita JN, Kumaran S. A Deep Learning Architecture for Meningioma Brain Tumor Detection and Segmentation. *J Cancer Prev* 2022;27:192-198. <https://doi.org/10.15430/JCP.2022.27.3.192>
- Celard, P., Iglesias, E. L., Sorribes-Fdez, J. M., Romero, R., Vieira, A. S., & Borrajo, L. (2022). A survey on deep learning applied to medical images: from simple artificial neural networks to generative models. *Neural Computing and Applications*.
- Chen, W., Zhou, W., Zhu, L., Cao, Y., Gu, H., & Yu, B. (2022). MTDCNet: A 3D multi-threading dilated convolutional network for brain tumor automatic segmentation. *Journal of Biomedical Informatics*, 133(104173), 104173. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2022.104173>
- Cinar, N., Ozcan, A., & Kaya, M. (2022). A hybrid DenseNet121-UNet model for brain tumor segmentation from MR Images. *Biomedical Signal Processing and Control*, 76(103647), 103647. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2022.103647>
- Contreras, L. E. (2017). Epidemiología de tumores cerebrales. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 28(3), 332-338.
- Contreras, L. E. (2017). Epidemiología de tumores cerebrales. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 28(3), 332-338.
- Cui, S., Mao, L., Jiang, J., Liu, C., & Xiong, S. (2018). Automatic semantic segmentation of brain gliomas from MRI images using a deep cascaded neural network. *Journal of healthcare engineering*, 2018, 1–14. <https://doi.org/10.1155/2018/4940593>

- Duman, E. A., Sagiroglu, S., Celtikci, P., Demirezen, M. U., Borcek, A. O., Emmez, H., & Celtikci, E. (2022). Utilizing deep convolutional generative adversarial networks for automatic segmentation of gliomas: An artificial intelligence study. *Turkish Neurosurgery*, 32(1), 16–21. <https://doi.org/10.5137/1019-5149.JTN.29217-20.2>
- Ejaz Ul Haq, Huang Jianjun, Xu Huarong, Kang Li, Lifan Weng, "A Hybrid Approach Based on Deep CNN and Machine Learning Classifiers for the Tumor Segmentation and Classification in Brain MRI", *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, vol. 2022, Article ID 6446680, 18 pages, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/6446680>
- García, L. (2021). Deep learning in neuro-oncology: A review. *Neuro-Oncology Journal*, 23(4), 567-578.
- Gautam, S., Ahlawat, S., & Mittal, P. (2022). Binary and multi-class classification of brain tumors using MRI images. *International Journal of Experimental Research and Review*, 29, 1–9. <https://doi.org/10.52756/ijerr.2022.v29.001>
- Hao, X., Zhang, G., & Ma, S. (2016). Deep learning. *International Journal of Semantic Computing*, 10(03), 417-439.
- Huang, H., Yang, G., Zhang, W., Xu, X., Yang, W., Jiang, W., & Lai, X. (2021). A deep multi-task learning framework for brain tumor segmentation. *Frontiers in Oncology*, 11, 690244.
- Johnson, A., & Patel, J. (2020). Deep learning for detection of brain tumors: A study. *Journal of Neuroimaging*, 30(1), 12-19.
- Kesav, N., & Jibukumar, M. G. (2022). Efficient and low complex architecture for detection and classification of Brain Tumor using RCNN with Two Channel CNN. *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, 34(8), 6229–6242. <https://doi.org/10.1016/j.jksuci.2021.05.008>
- Kihira, S., Mei, X., Mahmoudi, K., Liu, Z., Dogra, S., Belani, P., Tsankova, N., Hormigo, A., Fayad, Z. A., Doshi, A., & Nael, K. (2022). U-Net based segmentation and characterization of gliomas. *Cancers*, 14(18), 4457. <https://doi.org/10.3390/cancers14184457>
- Kitchenham, B.A.; and Charters, S. (2007). Guidelines for performing systematic literature reviews in software engineering version 2.3. Retrieved January 9, 2014, from http://www.elsevier.com/__data/promis_misc/525444systematicreviewsguide.pdf
- Latif, G., Iskandar, D. N. F. A., Alghazo, J., & Butt, M. M. (2021). Brain MR image classification for Glioma Tumor detection using deep convolutional neural

- network features. *Current Medical Imaging Reviews*, 17(1), 56–63.
<https://doi.org/10.2174/1573405616666200311122429>
- Long, J., Ma, G., Liu, H. *et al.* Cascaded hybrid residual U-Net for glioma segmentation. *Multimed Tools Appl* **79**, 24929–24947 (2020).
<https://doi.org/10.1007/s11042-020-09210-z>
- López, M., & Fernández, D. (2019). Deep learning for brain tumor classification. *Medical Image Analysis*, 53, 64–75.
- Louis, D. N. (Ed.). (2007). *WHO classification of tumours of the central nervous system* (No. 1). WHO.
- M. V. S. Ramprasad, M. Z. U. Rahman and M. D. Bayleyegn, "A Deep Probabilistic Sensing and Learning Model for Brain Tumor Classification With Fusion-Net and HFCMIK Segmentation," in *IEEE Open Journal of Engineering in Medicine and Biology*, vol. 3, pp. 178-188, 2022, doi: 10.1109/OJEMB.2022.3217186.
- Maquen-Niño, G. L. E., Sandoval-Juarez, A. A., Veliz-La Rosa, R. A., Carrión-Barco, G., Adrianzén-Olano, I., Vega-Huerta, H., & De-La-Cruz-VdV, P. (2023). Brain tumor classification deep learning model using neural networks. *International Journal of Online and Biomedical Engineering (iJOE)*, 19(09), 81–92.
<https://doi.org/10.3991/ijoe.v19i09.38819>
- Martínez, P., & Sánchez, A. (2020). Deep learning algorithms for brain tumor MRI images classification: A review. *Artificial Intelligence in Medicine*, 102, 101789.
- Moorthy, J., & Gandhi, U. (2022). A Survey on Medical Image Segmentation Based on Deep Learning Techniques. *Big Data and Cognitive Computing*, 6(4), 117.
- Muhammad Arif, Anupama Jims, Ajesh F., Oana Geman, Maria-Daniela Craciun, Florin Leuciuc, "Application of Genetic Algorithm and U-Net in Brain Tumor Segmentation and Classification: A Deep Learning Approach", *Computational Intelligence and Neuroscience*, vol. 2022, Article ID 5625757, 11 pages, 2022.
<https://doi.org/10.1155/2022/5625757>
- Okuma, C. & Fernández, R. (2017). Evaluación de gliomas por técnicas avanzadas de resonancia magnética. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 28(3), 360–377.
- Ostrom, Q. T., Gittleman, H., Xu, J., Kromer, C., Wolinsky, Y., Kruchko, C., & Barnholtz-Sloan, J. S. (2016). CBTRUS statistical report: primary brain and other central

- nervous system tumors diagnosed in the United States in 2009–2013. *Neuro-oncology*, 18(suppl_5), v1-v75.
- Ottom, M. A., Rahman, H. A., & Dinov, I. D. (2022). Znet: Deep learning approach for 2D MRI brain tumor segmentation. *IEEE Journal of Translational Engineering in Health and Medicine*, 10, 1800508. <https://doi.org/10.1109/JTEHM.2022.3176737>
- Pantazi, X., Moshou, D. & Bochtis, D. (2020) Artificial Intelligence in Agriculture Intelligent Data Mining and Fusion Systems in Agriculture, *Springer*, 17-101, 10.1016/b978-0-12-814391-9.00002-9
- R. Kalpana, M. Anto Bennet, Abdul Wahab Rahmani, "Metaheuristic Optimization-Driven Novel Deep Learning Approach for Brain Tumor Segmentation", *BioMed Research International*, vol. 2022, Article ID 2980691, 15 pages, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/2980691>
- Rehman, A., Naz, S., Razzak, M. I., Akram, F., & Imran, M. (2019). A Deep Learning-Based Framework for Automatic Brain Tumors Classification Using Transfer Learning. *Circuits, Systems, and Signal Processing*. doi:10.1007/s00034-019-01246-3
- Rana, M., & Bhushan, M. (2022). Machine learning and deep learning approach for medical image analysis: diagnosis to detection. *Multimedia Tools and Applications*.
- Rapalino O, Batchelor T, González RG. (2016). Intra-axial brain tumors. *Handb Clin Neurol*, 135, 253-74.
- Resolución Directoral N.º 024–2016-EF/50.01. Programa Presupuestal 0024 Prevención y Control del Cáncer (2021). https://www.minsa.gob.pe/presupuestales/doc2021/ANEXO2_6.pdf
- Ruiz, Á. Y., Cavagnaro, M., & Crocco, L. (2023). An Effective Framework for Deep-Learning-Enhanced Quantitative Microwave Imaging and Its Potential for Medical Applications. *Sensors*, 23(2), 643.
- Ruiz, J. C., Pitarque, A., & Roy, J. F. (2000). Las redes neuronales como herramientas estadísticas no paramétricas de clasificación. *Psicothema*, 12(Su2), 459-463.
- Saeedi, S., Rezayi, S., Keshavarz, H., & R Niakan Kalhori, S. (2023). MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 23(1), 16. <https://doi.org/10.1186/s12911-023-02114-6>

- Samee, N. A., Mahmoud, N. F., Atteia, G., Abdallah, H. A., Alabdulhafith, M., Al-Gaashani, M. S. A. M., Ahmad, S., & Muthanna, M. S. A. (2022). Classification framework for medical diagnosis of brain tumor with an effective hybrid transfer learning model. *Diagnostics (Basel, Switzerland)*, 12(10), 2541. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12102541>
- Saranya G, Azhagu Kowshik A M, Cibiraj M, Hariharan P, Harish Ramana Kumar G, 2022. "A Deep Learning Model For Brain Tumor Segmentation & Classification Using U-Net & Inception-Net" *ESP Journal of Engineering & Technology Advancements* 2(4): 20-23.
- Sharif, M. I., Li, J. P., Khan, M. A., & Saleem, M. A. (2020). Active deep neural network features selection for segmentation and recognition of brain tumors using MRI images. *Pattern Recognition Letters*, 129, 181–189. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2019.11.019>
- Smith, J. (2018). Challenges in the detection and treatment of gliomas. *Neuro-Oncology Journal*, 20(3), 284-286.
- Sundararajan*, R. K., Department of Computer Science & Engineering, Srinivasa Ramanujan Centre, SASTRA Deemed University, Kumbakonam, Tamil Nadu, India., Sivagurunathan, Venkatesh, Pandian M, J., Department of Computer Science & Engineering, Srinivasa Ramanujan Centre, SASTRA Deemed University, Kumbakonam, Tamil Nadu, India., Department of Mathematics, Srinivasa Ramanujan Centre, SASTRA Deemed University, Kumbakonam, Tamil Nadu, India., & Department of Computer Science & Engineering, Srinivasa Ramanujan Centre, SASTRA Deemed University, Kumbakonam, Tamil Nadu, India. (2019). Convolutional neural network based medical image classifier. *International Journal of Recent Technology and Engineering*, 8(3), 4494–4499. <https://doi.org/10.35940/ijrte.c6810.098319>
- Talo, M., Baloglu, U. B., Yıldırım, Ö., & Rajendra Acharya, U. (2019). Application of deep transfer learning for automated brain abnormality classification using MR images. *Cognitive Systems Research*, 54, 176–188. <https://doi.org/10.1016/j.cogsys.2018.12.007>
- Tetik, B., Ucuzal, H., Yaşar, Ş., & Çolak, C. (2021). Automated classification of brain tumors by deep learning-based models on magnetic resonance images using a developed web-based interface. *Konuralp tıp dergisi*. <https://doi.org/10.18521/ktd.889777>
- Trujillano, J., March, J., & Sorribas, A. (2004). Aproximación metodológica al uso de redes neuronales artificiales para la predicción de resultados en medicina. *Med Clin (Barc)*, 122(Supl 1), 59-67.
- Ullah, N., Khan, J. A., Khan, M. S., Khan, W., Hassan, I., Obayya, M., Negm, N., & Salama, A. S. (2022). An effective approach to detect and identify brain tumors using transfer learning. *Applied Sciences (Basel, Switzerland)*, 12(11), 5645. <https://doi.org/10.3390/app12115645>

- Vankdothu, R., Hameed, M. A., & Fatima, H. (2022). A brain tumor identification and classification using deep learning based on CNN-LSTM method. *Computers and Electrical Engineering*, 101, 107960.
- Veerappan. K., D., & R, S. (2022). Classification of brain tumours in MRI images using convolutional neural network through Cat Swarm Optimization. *Expert Systems*, 39(9), e13021.
- Vigo-Ramos, J. (2008). Muerte súbita y emergencias cardiovasculares: problemática actual. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 25(2), 233-236.
- Villegas-Ortega, J., Bellido-Boza, L., & Mauricio, D. (2021). Fourteen years of manifestations and factors of health insurance fraud, 2006–2020: a scoping review. *Health & Justice* , 9 (26). <https://doi.org/10.1186/s40352-021-00149-3>
- Wu, F.-X., Li, M., Kurgan, L., & Rueda, L. (2022). Guest editorial: Deep neural networks for precision medicine. *Neurocomputing*, 469, 330–331. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2021.06.095>