**UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO**

FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL, SISTEMAS Y ARQUITECTURA

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS

**TESIS**

**“SISTEMA INTELIGENTE BASADO EN DEEP LEARNING PARA EL DIAGNÓSTICO DE CÁNCER DE PRÓSTATA”.**

Para obtener el título profesional de:

**INGENIERO DE SISTEMAS**

**AUTORES:**

SANTAMARIA SANTISTEBAN, Jahir S.

SIESQUEN VALDIVIA, Luis Felipe

**ASESOR:**

DR. ING. VILLEGAS CUBAS, Juan Elías

**LAMBAYEQUE-PERÚ**

**2024**

**UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO**

FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL, SISTEMAS Y ARQUITECTURA

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS

**TESIS**

**“SISTEMA INTELIGENTE BASADO EN DEEP LEARNING PARA EL DIAGNÓSTICO DE CÁNCER DE PRÓSTATA”.**

Para obtener el título profesional de:

**INGENIERO DE SISTEMAS**

**Aprobado por los miembros de Jurado:**

**DR. ING. CELI ARÉVALO, Ernesto Karlo PRESIDENTE DEL JURADO**

**DR. ING.OTAKE OYAMA, Luis Alberto MG. ING. ARTEAGA LORA, Roberto C. SECRETARIO VOCAL**

**LAMBAYEQUE-PERÚ 2024**

**UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO**

FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL, SISTEMAS Y ARQUITECTURA

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS

**TESIS**

**“SISTEMA INTELIGENTE BASADO EN DEEP LEARNING PARA EL DIAGNÓSTICO DE CÁNCER DE PRÓSTATA”.**

Para obtener el título profesional de:

**INGENIERO DE SISTEMAS**

****

**SANTAMARIA SANTISTEBAN, Jahir S. SIESQUEN VALIDIVIA, Luis Felipe AUTOR AUTOR**



**DR. ING. VILLEGAS CUBAS, Juan Elías**

**ASESOR**

**LAMBAYEQUE-PERÚ**

**2024**

**AGRADECIMIENTO**

**-**A mis padres y hermanos por el apoyo incondicional, la fortaleza que me brindan y las ganas de superarme cada día.

*Jahir Santos Santamaria Santisteban*

**AGRADECIMIENTO**

Agradezco al ingeniero Juan Villegas, por su inestimable guía, su dedicación y compromiso han sido fundamentales para la realización de este trabajo.

*Luis Felipe Siesquen Valdivia*

**DEDICATORIA**

A mi padre José de los Santos por ser mi guía y acompañarme desde donde se encuentre. A nuestro asesor de tesis por apoyarnos en cada paso de esta investigación.

*Jahir Santos Santamaria Santisteban*

**DEDICATORIA**

A mis padres, por creer siempre en mí, incluso en los momentos más difíciles. Gracias por ser mi fuente de inspiración y mi fortaleza.

*Luis Felipe Siesquen Valdivia*

**TABLA DE CONTENIDO**

[I. INTRODUCCIÓN 10](#_Toc172798611)

[II. RESUMEN 12](#_Toc172798612)

[III. DISEÑO TEÓRICO 13](#_Toc172798613)

[3.1. Antecedentes 13](#_Toc172798614)

[3.2. Bases Teórica 17](#_Toc172798615)

[*3.2.1.* *Cáncer de Próstata* 17](#_Toc172798616)

[3.2.2. Factores de riesgo del cáncer de próstata 18](#_Toc172798617)

[*3.2.3.* *Etapas del cáncer de próstata* 20](#_Toc172798618)

[*3.2.4.* *Tratamiento del cáncer de próstata* 24](#_Toc172798619)

[*3.2.5.* *Diagnóstico del cáncer de próstata* 25](#_Toc172798620)

[*3.2.6.* *Agentes Inteligentes.* 25](#_Toc172798621)

[*3.2.7.* *Sistema inteligente.* 26](#_Toc172798622)

[*3.2.8.* *Deep Learning.* 26](#_Toc172798623)

[*3.2.9.* *Modelos de Deep Learning* 26](#_Toc172798624)

[*3.2.10.* *Modelo VGG-16* 28](#_Toc172798625)

[3.2.11. Modelo VGG-19 29](#_Toc172798626)

[3.2.12. Modelo ResNet50 30](#_Toc172798627)

[IV. DISEÑO METODOLÓGICO 31](#_Toc172798628)

[4.1. Tipificación de la investigación 31](#_Toc172798629)

[4.2. Tabla de operacionalización de variable 32](#_Toc172798630)

[4.3. Población y muestra 34](#_Toc172798631)

[4.4. Técnicas, instrumentos, equipos y materiales 34](#_Toc172798632)

[V. RESULTADOS 36](#_Toc172798633)

[5.1. Análisis del conjunto de Imágenes 36](#_Toc172798634)

[*5.1.1.* *Descripción del conjunto de datos SICAPv2* 36](#_Toc172798635)

[5.2. Procesamiento de Datos 39](#_Toc172798636)

[5.3. Seleccionar un modelo óptimo de Deep Learning 41](#_Toc172798637)

[5.3.1. Resultados de los modelos aplicados 41](#_Toc172798638)

[5.3.2. Elección del modelo 45](#_Toc172798639)

[5.4. Desarrollar el sistema inteligente 46](#_Toc172798640)

[*5.4.1.* *Requisitos y preparación* 46](#_Toc172798641)

[*5.4.2.* *Preparación del entorno de trabajo* 46](#_Toc172798642)

[*5.4.3.* *Desarrollo del sistema* 48](#_Toc172798643)

[5.5. Evaluación del rendimiento del sistema inteligente 55](#_Toc172798644)

[VI. DISCUSIÓN DE RESULTADOS 60](#_Toc172798645)

[VII. CONCLUSIONES 64](#_Toc172798646)

[VIII. RECOMENDACIONES 66](#_Toc172798647)

[IX. BIBLIOGRAFÍA 68](#_Toc172798648)

**ÍNDICE DE TABLAS**

[Tabla 1: Tabla operacional según Indicadores 32](#_Toc173272701)

[Tabla 2: Distribución de imágenes en dataset 36](#_Toc173272702)

[Tabla 3: Resultados algoritmos aplicados 46](#_Toc173272703)

[Tabla 4: Descripción de funciones 51](#_Toc173272704)

**ÍNDICE DE FIGURAS**

[Ilustración 1: Arquitectura de VGG-16 separado por 16 capas convolucionales. 28](#_Toc173272797)

[Ilustración 2: Modelo lógico de Arquitectura VGG-16 29](#_Toc173272798)

[Ilustración 3: Modelo de red VGG-19 29](#_Toc173272799)

[Ilustración 4: Marco de entrenamiento del modelo de detección de uso de máscara 30](#_Toc173272800)

[Ilustración 5: Arquitectura de ResNet50 31](#_Toc173272801)

[Ilustración 6: Propiedad de imagen de dataset SICAPv2 37](#_Toc173272802)

[Ilustración 7: Imágenes con patrones cribiformes, no contiene signos de cáncer de próstata 38](#_Toc173272803)

[Ilustración 8: Imágenes con patrones cribiformes contiene signos de cáncer de próstata 38](#_Toc173272804)

[Ilustración 9:Procesamiento de una imagen con cáncer 40](#_Toc173272805)

[Ilustración 10: Procesamiento de una imagen sin cáncer 40](#_Toc173272806)

[Ilustración 11: Resultado modelo VGG-16 41](#_Toc173272807)

[Ilustración 12: Resultado modelo VGG-19 42](#_Toc173272808)

[Ilustración 13: Resultado modelo ResNet50 44](#_Toc173272809)

[Ilustración 14: Directorios de trabajo 47](#_Toc173272810)

[Ilustración 15: Estructura Principal 47](#_Toc173272811)

[Ilustración 16: Estructura de carpetas del backend 49](#_Toc173272812)

[Ilustración 17: Cuenta enlazada al proyecto 50](#_Toc173272813)

[Ilustración 18: Resultados enlace de cuenta 50](#_Toc173272814)

[Ilustración 19: Repositorio de GitHub 51](#_Toc173272815)

[Ilustración 20: Menú Login del sistema 53](#_Toc173272816)

[Ilustración 21: Análisis de resultados 53](#_Toc173272817)

[Ilustración 22: Resultados de la evaluación 54](#_Toc173272818)

[Ilustración 23: Exportable en formato PDF 54](#_Toc173272819)

[Ilustración 24: Resumen de análisis ejecutados en el sistema 55](#_Toc173272820)

[Ilustración 25: Conversión de las probabilidades predichas 56](#_Toc173272821)

[Ilustración 26: Decisión final de categoría 57](#_Toc173272822)

[Ilustración 27: Etiquetas por lote 57](#_Toc173272823)

[Ilustración 28: Almacenamiento de etiquetas reales y predictivas 58](#_Toc173272824)

[Ilustración 29: Evaluación del desempeño del modelo 59](#_Toc173272825)

[Ilustración 29: Evaluación del desempeño del modelo 59](#_Toc173272826)

[Ilustración 30: Matriz de confusión 59](#_Toc173272827)

[Ilustración 30: Matriz de confusión 59](#_Toc173272828)

# INTRODUCCIÓN

El cáncer representa una de las mayores preocupaciones de salud a nivel mundial, siendo responsable de millones de defunciones cada año. Entre los tipos de cáncer más prevalentes se encuentra el cáncer de próstata, que afecta principalmente a la población masculina y puede tener un impacto significativo en la calidad de vida y la supervivencia de los pacientes. En el contexto peruano, el cáncer es la principal causa de mortalidad por grupo de enfermedad para el género masculino, lo que genera un importante impacto económico y social debido a su diagnóstico tardío y las limitaciones en el acceso a cuidados integrales.

Con el objetivo de abordar esta problemática, el Ministerio de Salud del Perú ha formulado el Plan Nacional de Cuidados Integrales del Cáncer 2020-2024, con el fin de mejorar el acceso a la atención del cáncer y reducir su mortalidad en el país. Sin embargo, la detección temprana sigue siendo un desafío importante en el manejo de esta enfermedad.

En este contexto, surge la necesidad de implementar tecnologías innovadoras que puedan mejorar la detección precoz del cáncer de próstata. La presente investigación se centra en el desarrollo de un sistema de inteligencia artificial basado en redes neuronales convolucionales, con el objetivo de anticipar de manera eficiente el diagnóstico de cáncer de próstata.

El presente estudio aborda la situación problemática del cáncer de próstata, destacando su impacto a nivel mundial y en el Perú. Se destaca la importancia del Plan Nacional de Cuidados Integrales del Cáncer 2020-2024 como estrategia para mejorar la atención y reducir la mortalidad por esta enfermedad. Además, se resalta la relevancia social y clínica de implementar un sistema de inteligencia artificial para la detección temprana del cáncer de próstata.

El problema central de esta investigación se formula en torno a la eficiencia de un sistema inteligente basado en Deep Learning para predecir el diagnóstico de cáncer de próstata. Se plantea como hipótesis que la evaluación del rendimiento determinará la eficiencia de este sistema en el diagnóstico de la enfermedad.

Los objetivos de este estudio comprenden el desarrollo de un sistema inteligente basado en Deep Learning para predecir el diagnóstico de cáncer de próstata. Esto incluye el análisis y procesamiento de imágenes de cáncer de próstata, la elaboración de un modelo óptimo de Deep Learning, el desarrollo del sistema inteligente y la evaluación de su rendimiento en la detección de la enfermedad.

En resumen, esta investigación busca contribuir a mejorar la detección temprana del cáncer de próstata mediante la implementación de tecnologías de inteligencia artificial, lo que podría tener un impacto significativo en la atención y supervivencia de los pacientes afectados por esta enfermedad.

# RESUMEN

La presente investigación se desarrolló considerando la base de datos del SICAPv2 que contiene imágenes de histología de próstata con anotaciones de puntuaciones de Gleason y calificaciones a nivel de ruta, en la cual las imágenes estaban clasificadas por pacientes de acuerdo con sus exámenes realizados.

Se desarrolló un modelo para la detección del cáncer de próstata utilizando aprendizaje profundo con redes neuronales convolucionales para el procesamiento de imágenes. Se emplearon 13,827 imágenes, clasificadas en dos categorías: con cáncer y sin cáncer. El modelo alcanzó una precisión del 95.1% y una función de pérdida del 0.176%.

La validación se realizó con una muestra de 50 imágenes aleatorias provenientes de un repositorio, correspondientes a tres pacientes. Finalmente, tanto la aplicación web como el modelo de red neuronal convolucional demostraron un funcionamiento correcto.

Palabras claves: Aprendizaje Profundo, cáncer de próstata, procesamiento de imágenes, aplicación web

# DISEÑO TEÓRICO

## Antecedentes

Guajin, Jeremy Yuen-Chun, & Kup-Sze, (2018) Desarrollaron un sistema para diagnosticar cáncer de próstata a una población china. Se obtuvo una base de datos de biopsias de próstata guiadas por ecografía transrectal (TRUS) en un hospital de Hong Kong, que incluye 1625 registros de pacientes chinos. Se utilizaron cuatro métodos de aprendizaje automático: Support Vector Machine (SVM), Least Squares Support Vector Machine (LS-SVM), Red Neuronal Artificial (ANN) y Random Forest (RF), destacándose ANN al lograr la mayor precisión con un 95.27%.

Faez (2018) utilizó datos recopilados del hospital Imam Reza (Teherán). Este conjunto de datos es simplemente acerca de quiénes dieron positivo los resultados de sus pruebas y si sufrían de cáncer de próstata. Aplicaron el uso de Deep Learning y tres ANN para mejorar el diagnóstico respectivo, Deep Learning logró una precisión de clasificación del 86,3 % siendo está la más cercana al resultado deseado.

Lal y colaboradores (2019) desarrollaron una aplicación que relaciona las características morfológicas del cáncer de próstata con imágenes de resonancia magnética (MRI). Utilizaron redes bayesianas donde nodos y arcos muestran una relación de causa y efecto a través de gráficos acíclicos dirigidos (DAG). Gracias a la asociación entre Área y equidiámetro la aplicación pudo obtener una probabilidad de 98.94%.

Forero Cuellar (2019) utilizó un algoritmo de aprendizaje en datos "Prueba y puntuación" del programa informático "Orange Data Mining Fruit and Fun" para realizar minería de datos y análisis predictivo. El proceso de diagnóstico es llevado a cabo por un médico experto que evalúa las variables apoyándose en imágenes de resonancia magnética y otras técnicas tradicionales, lo que a menudo resulta en diagnósticos difíciles y demorados. La novedad de este enfoque radica en la capacidad de obtener un diagnóstico más rápido y preciso como complemento al diagnóstico clínico. Se encontró que la regresión logística y la red neuronal tienen un rendimiento superior al de los bosques aleatorios y los árboles de decisión para la clasificación de las categorías de evaluación PI-RADS, con una precisión del 83.1% para la regresión logística y del 79.5% para los árboles de decisión.

Yasser Mk, Fahima A., & Abdelrahman I. (2019) tuvieron como objetivo predecir fármacos y posibles candidatos a fármacos que interactúen con los receptores de adenosina (detiene el crecimiento de células tumorales incluido el carcinoma de próstata) para ellos se utilizó el algoritmo Random Forest - colección de árboles de decisión. DT - árbol de decisión para el conjunto de datos se obtuvieron de un estudio realizado por Saad et al., era una combinación de dos conjuntos de datos donde el primer conjunto de datos era un conjunto de datos de medicamentos extraído de la central de medicamentos la cuál contribuía a una simulación que se basa en información de la molécula, como el número de átomos y los enlaces entre estos átomos. Luego, esta información se utiliza para generar huellas dactilares codificadas (bits binarios); los resultados mostraron que RF obtuvo la mayor precisión en la clasificación de fármacos que interactúan con el receptor de adenosina A2a 75,09%.

Mohamed , Mansoor , Mansour , Hari Kiran, & P. (2020) utilizaron la técnica de clasificación de regresión logística modificada (MLR) la cual se realiza en la identificación del cáncer de próstata a partir de un conjunto de datos de Zhou W. Para las pruebas se utilizaron Imágenes obtenidas por la resonancia magnética (IRM) en específicos multiparamétricos (mpMRI) y en los resultados generales se vió reflejado que el nivel de sensibilidad (Se) en un 96% y Especificidad (Sp) en un 98 %, lo que mejora la precisión del clasificador en al menos un 3 % en comparación con los métodos existentes.

Carneiro Neto (2020) utilizó una arquitectura de red neuronal profunda, XmasNet, para realizar dos grandes experimentos sobre la clasificación de lesiones las imágenes se obtuvieron de un conjunto de datos IMPROD (Improved Prostate Cancer Diagnosis - Combination of Magnetic Resonance Imaging and Biomarkers) se originó a partir de un ensayo clínico llevado a cabo por el Hospital Universitario de Turku y la Universidad de Turku. El ensayo incluyó a 175 pacientes entre 40 y 85 años con sospechas de cáncer de próstata respaldadas por resultados de detección. se obtuvo por resultado que la clasificación binaria del significado clínico de las lesiones y la detección y segmentación de la próstata ya consiguen los resultados deseados 0,870 AUC y 0,915 dice score respectivamente.

Bese Robles y Miró Padilla (2022) se enfocan en el desarrollo de un sistema que emplea técnicas de aprendizaje profundo para la gradación del cáncer de próstata. Este sistema utiliza anotaciones de personas no expertas en combinación con redes neuronales convolucionales (CNN) para clasificar imágenes médicas. Su principal objetivo es facilitar y mejorar la precisión en la gradación del cáncer de próstata, una tarea que tradicionalmente realizan patólogos especializados.

La combinación de anotaciones no expertas con la capacidad de las CNN para extraer características profundas de las imágenes permite crear un sistema eficiente y accesible para su implementación en entornos clínicos. El estudio muestra que, a través de este enfoque, es posible obtener resultados precisos y consistentes, destacando el potencial de las tecnologías de inteligencia artificial para apoyar y optimizar los procesos médicos, especialmente en áreas donde la disponibilidad de expertos es limitada.

Moral (2021) se centra en el desarrollo de un sistema automatizado para la gradación del cáncer de próstata. Este sistema utiliza el índice PI-RADS (Prostate Imaging Reporting and Data System) junto con técnicas avanzadas de aprendizaje profundo para analizar imágenes de resonancia magnética. El objetivo principal es mejorar la precisión y eficiencia en la gradación del cáncer de próstata, facilitando el diagnóstico y la toma de decisiones clínicas. El sistema desarrollado incorpora algoritmos de deep learning que permiten extraer y analizar características complejas de las imágenes médicas, ofreciendo una evaluación detallada y objetiva del estado de la enfermedad. Los resultados del estudio evidencian que el uso de técnicas de deep learning mejora significativamente la precisión en la gradación del cáncer de próstata, combinado con el índice PI-RADS, puede ofrecer una herramienta robusta y confiable para la gradación del cáncer de próstata. Esta aproximación tiene el potencial de optimizar el trabajo de los radiólogos y mejorar los resultados clínicos mediante diagnósticos más precisos y rápidos.

Perez (2020) examina el desarrollo de un sistema innovador que integra anotaciones de personas no expertas con redes neuronales convolucionales (CNN) para la clasificación del cáncer de próstata. El objetivo principal del estudio es aumentar la precisión y eficiencia en la gradación del cáncer de próstata mediante el empleo de tecnologías de inteligencia artificial. Las anotaciones no expertas proporcionan un enfoque accesible y económico para la recopilación de datos, mientras que las CNN permiten una extracción y análisis detallado de las características de las imágenes médicas. Los resultados del estudio demuestran que este enfoque puede ofrecer una herramienta efectiva para apoyar el trabajo de los patólogos, proporcionando diagnósticos más rápidos y precisos. Además, la investigación resalta el potencial de las técnicas de deep learning para transformar los procesos médicos, especialmente en áreas con recursos limitados.

Mena (2023) tiene como objetivo principal diseñar y desarrollar un sistema de soporte a la decisión clínica (CDSS) que prediga el cáncer de próstata (CP) a partir de la expresión génica en tejidos de pacientes con CP y controles sanos. Se llevó a cabo una selección de genes relevantes para el CP utilizando datos de The Cancer Genome Atlas y técnicas de inteligencia artificial explicable para crear modelos comprensibles. Los modelos desarrollados mostraron un buen rendimiento en diversas métricas de calidad y fueron validados en poblaciones externas, logrando altos valores de sensibilidad y especificidad. Se obtuvieron explicaciones aditivas de Shapley del mejor modelo para ayudar a los profesionales clínicos a entender las decisiones del sistema. Estas explicaciones destacaron genes tanto conocidos como nuevos asociados con el cáncer de próstata (CP), ofreciendo una base sólida para su aplicación clínica. La validación adicional en muestras locales confirmó la viabilidad del CDSS para mejorar el diagnóstico y tratamiento del CP.

## Bases Teórica

### *Cáncer de Próstata*

Según Yanes Chacón, Villalobos Campos y Cubas González (2023):

El cáncer de próstata es una enfermedad significativa para la salud pública, siendo más frecuente en hombres mayores de 50 años, con su incidencia máxima a partir de los 65 años. El aumento en la incidencia en los últimos años se debe a la mejora en las técnicas diagnósticas, el aumento de la esperanza de vida y otros factores menos conocidos, como la exposición ambiental, el estilo de vida y la genética. El adenocarcinoma es el tipo más común de cáncer de próstata y suele encontrarse en la zona periférica de la próstata. Este cáncer tiende a crecer lentamente y puede ser asintomático en las etapas iniciales de la enfermedad.

Dependiendo de las diferentes etapas y grados de agresividad de esta neoplasia, hay varias opciones de tratamiento disponibles. Para mejorar las tasas de supervivencia en pacientes con cáncer de próstata, es crucial realizar una detección temprana y aplicar un tratamiento adecuado.

El cáncer de próstata es la enfermedad más común en hombres a nivel mundial y la segunda causa de muerte por cáncer en esta población, solo detrás del cáncer de pulmón y del colon, lo que lo convierte en un problema significativo para la salud pública hoy en día. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), las tasas de prevalencia de esta enfermedad son más altas en los países desarrollados. En 2018, el Global Cancer Observatory (GLOBOCAN) reportó 1.3 millones de nuevos casos de cáncer de próstata y 359,000 muertes relacionadas con el cáncer a nivel global.

En los últimos años, la incidencia del cáncer de próstata ha aumentado debido a los avances en las técnicas diagnósticas, alcanzando su punto máximo después de los 65 años. La incidencia se eleva notablemente con la edad, encontrándose pruebas histológicas en el 34% de los hombres en su quinta década de vida y en el 70% a los 80 años. Incluso cuando se desarrollan metástasis, algunos pacientes mantienen una alta tasa de supervivencia. La edad, la raza y la genética son factores de riesgo significativos para esta enfermedad.

Cuando la enfermedad está en una etapa clínicamente localmente avanzada o avanzada, un gran porcentaje de pacientes consulta a un especialista, lo que representa un problema tanto de salud como económico debido a los altos costos del tratamiento. Los factores pronósticos más utilizados incluyen, además de las metástasis viscerales, la escala de Gleason, el antígeno prostático específico y la fosfatasa alcalina, el número y la localización de las metástasis óseas. Aunque actualmente no existe una forma de prevenir el cáncer de próstata, se recomiendan cambios en la dieta y el estilo de vida como medidas preventivas.

### Factores de riesgo del cáncer de próstata

Según Yanes Chacón, Villalobos Campos y Cubas González (2023):

Entre los factores de riesgo que pueden provocar cáncer de próstata se incluyen la presencia de la enfermedad en estadios clínicamente avanzados, lo que lleva a un alto porcentaje de pacientes a consultar a un especialista. Esto representa un desafío tanto de salud como económico debido a los altos costos del tratamiento. Los factores pronósticos más utilizados son la cantidad y la ubicación de metástasis óseas, así como las metástasis viscerales, la escala de Gleason, el antígeno prostático específico y la fosfatasa alcalina. Aunque no se dispone de métodos para prevenir el cáncer de próstata, se sugieren cambios en la dieta y el estilo de vida como medidas preventivas. Aproximadamente el 9% de los casos de cáncer de próstata están relacionados con una susceptibilidad genética hereditaria. Los hermanos e hijos de un paciente con cáncer de próstata tienen entre dos y tres veces más probabilidades de desarrollar la enfermedad, y este riesgo aumenta con el número de familiares afectados.

**Raza:** Se ha demostrado que los hombres de raza negra son más susceptibles al cáncer de próstata, en comparación con los hombres blancos, quienes a su vez tienen una mayor vulnerabilidad que los japoneses nativos. Los hombres de raza negra tienen una tasa de mortalidad por cáncer de próstata 2.4 veces superior a la de los hombres blancos.

**Prostatitis**: Según diversos estudios, los pacientes con prostatitis recurrente y enfermedades de transmisión sexual como sífilis o gonorrea presentan un mayor riesgo de desarrollar cáncer de próstata. No obstante, la prostatitis puede aumentar los niveles del antígeno prostático específico (APE), lo que lleva a un mayor número de biopsias de próstata y, por ende, a una mayor probabilidad de detección de esta neoplasia, ejemplificando claramente un sesgo de verificación.

**Alimentación**: Ciertos tipos de ácidos grasos o sus metabolitos pueden incrementar el riesgo de desarrollar cáncer de próstata. Diversos estudios han demostrado que el ácido linoleico (omega 3) tiene efectos inhibitorios sobre la proliferación celular, mientras que el ácido linoleico (omega 6) promueve la proliferación de células cancerosas. Además, la presencia de grasas en la dieta puede elevar las concentraciones séricas de andrógenos, lo que aumenta el riesgo de esta neoplasia. Entre los principales factores de riesgo para el cáncer de próstata se encuentran la edad, la raza y los antecedentes familiares:

El principal factor de riesgo para el cáncer de próstata es la edad avanzada, ya que el 75% de los diagnósticos se realizan en pacientes mayores de 65 años, mientras que es poco frecuente en hombres menores de 40 años. Asimismo, las muertes relacionadas con este cáncer son más comunes en hombres de edad avanzada.

* La identidad étnica es el segundo factor de riesgo más significativo. Los hombres afroamericanos tienen un riesgo de cáncer de próstata un 60% mayor en comparación con los hombres blancos, mientras que los hombres de ascendencia asiática tienen un riesgo un 38% menor. Es importante investigar las razones detrás de estas diferencias.
* Varios estudios epidemiológicos respaldan la noción de que el cáncer de próstata tiene un componente genético significativo. Los familiares de un paciente con cáncer de próstata, como hermanos e hijos, tienen entre dos y tres veces más probabilidades de desarrollar la enfermedad. Además, el riesgo de padecerla aumenta a medida que aumenta el número de miembros de la familia afectados.

Otros factores de riesgo para el cáncer de próstata incluyen un alto consumo de grasas saturadas, una ingesta baja de carotenoides, la realización de una vasectomía y la frecuencia de relaciones sexuales, entre otros; no obstante, los resultados entre estudios son contradictorios. (Báez Benavides & Armisén Yañez, 2012)

### *Etapas del cáncer de próstata*

Según Society (2021):

“En la Etapa I del cáncer de próstata, se identifican varias características distintivas. Primero, en la clasificación cT1, N0, M0, el grupo de grado es 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA inferior a 10. En esta etapa, el médico no puede palpar el tumor ni visualizarlo en estudios de imagen como la ecografía transrectal. El tumor se descubre durante una resección transuretral de la próstata (TURP) o mediante una biopsia con aguja realizada debido a niveles elevados de PSA [cT1]. No hay evidencia de propagación a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la clasificación cT2a, N0, M0, el grupo de grado sigue siendo 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA menor de 10. Aquí, el tumor es detectable al tacto durante un examen rectal digital o visible mediante técnicas de imagen, como una ecografía transrectal. El tumor está localizado en una mitad o menos de un solo lado de la próstata (derecho o izquierdo) [cT2a]. Al igual que en el caso anterior, no hay propagación a los ganglios linfáticos adyacentes [N0] ni a otras áreas del cuerpo [M0]”.

“Finalmente, en la clasificación pT2, N0, M0, el grupo de grado es 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA menor de 10. En este caso, la próstata ha sido extraída quirúrgicamente y el tumor estaba confinado únicamente a la próstata [pT2]. No se observa propagación a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

Según Society (2021):

En la Etapa IIA del cáncer de próstata, se presentan varias clasificaciones:

“Para la clasificación cT1, N0, M0, el grupo de grado es 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA entre 10 y 20. En esta fase, el tumor no es palpable ni visible en estudios por imágenes, como la ecografía transrectal. El tumor se detecta durante una resección transuretral de la próstata (TURP) o mediante una biopsia con aguja debido a un nivel elevado de PSA [cT1]. No hay propagación a los ganglios linfáticos adyacentes [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la clasificación cT2a o pT2, N0, M0, el grupo de grado sigue siendo 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA entre 10 y 20. Aquí, el tumor puede ser palpable durante un examen digital del recto o visible en estudios de imagen, como una ecografía transrectal. El tumor está en una mitad o menos de un solo lado de la próstata [cT2a], o la próstata ha sido removida quirúrgicamente y el tumor estaba confinado a la próstata [pT2]. Al igual que en el caso anterior, no hay propagación a los ganglios linfáticos adyacentes [N0] ni a otras áreas del cuerpo [M0]”.

“Para la clasificación cT2b o cT2c, N0, M0, el grupo de grado es 1 con una puntuación de Gleason de 6 o menos y un nivel de PSA menor de 20. En esta situación, el tumor es palpable durante un examen digital del recto o visible en estudios por imágenes, como una ecografía transrectal. El tumor afecta más de la mitad de un lado de la próstata [cT2b] o ambos lados de la próstata [cT2c]. No hay evidencia de propagación a los ganglios linfáticos adyacentes [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

**Según Society (2021):**

“En la Etapa IIB del cáncer de próstata, la clasificación se define por varios factores. En los casos de T1 o T2, N0, M0, el grupo de grado es 2 con una puntuación de Gleason de 3+4=7 y un nivel de PSA menor de 20. En esta etapa, el cáncer aún está limitado a la próstata y puede ser detectable, o no, durante un examen digital del recto o mediante estudios por imágenes, como una ecografía transrectal [T1 o T2]. No hay evidencia de que el cáncer se haya propagado a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la Etapa IIC del cáncer de próstata, la clasificación incluye casos de T1 o T2, N0, M0, con un grupo de grado de 3 o 4, correspondiente a una puntuación de Gleason de 4+3=7 o 8, y un nivel de PSA menor de 20. En esta fase, el cáncer sigue confinado a la próstata y puede ser detectable, o no, durante un examen digital del recto o mediante estudios por imágenes como una ecografía transrectal [T1 o T2]. No hay signos de que el cáncer se haya extendido a los ganglios linfáticos adyacentes [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la Etapa IIIA del cáncer de próstata, los casos se clasifican como T1 o T2, N0, M0, con un grupo de grado que varía de 1 a 4, según una puntuación de Gleason de 8 o menos, y un nivel de PSA de al menos 20. En esta fase, el cáncer sigue confinado a la próstata y puede ser detectable, o no, durante un examen digital del recto o en estudios por imágenes como una ecografía transrectal [T1 o T2]. No hay evidencia de propagación a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la Etapa IIIB, los casos son T3 o T4, N0, M0, con un grupo de grado que varía de 1 a 4, con una puntuación de Gleason de 8 o menos, y el nivel de PSA puede ser cualquiera. En esta etapa, el cáncer se ha extendido más allá de la próstata y puede haberse propagado a las vesículas seminales [T3], o a tejidos adyacentes como el esfínter uretral, el recto, la vejiga o la pared de la pelvis [T4]. El cáncer no se ha propagado a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“La Etapa IIIC incluye cualquier clasificación T, N0, M0, con un grupo de grado 5, correspondiente a una puntuación de Gleason de 9 o 10, y cualquier nivel de PSA. En esta fase, el cáncer puede o no haber invadido tejidos adyacentes a la próstata (cualquier T), pero no se ha propagado a los ganglios linfáticos cercanos [N0] ni a otras partes del cuerpo [M0]”.

“En la Etapa IVA, el cáncer puede tener cualquier clasificación T y está clasificado como N1, M0. En esta etapa, el cáncer se ha propagado a los ganglios linfáticos cercanos [N1], pero no a otras partes del cuerpo [M0]. El grupo de grado y el nivel de PSA pueden ser cualquier valor”.

“Finalmente, en la Etapa IVB, el cáncer puede tener cualquier clasificación T y cualquier clasificación N, con M1. En esta fase, el cáncer puede estar creciendo hacia los tejidos cercanos a la próstata [cualquier T] y puede haber afectado a los ganglios linfáticos adyacentes [cualquier N]. Sin embargo, el cáncer se ha propagado a otras partes del cuerpo, como ganglios linfáticos distantes, huesos u otros órganos [M1]. El grupo de grado y el nivel de PSA pueden ser cualquier valor”.

### *Tratamiento del cáncer de próstata*

La prostatectomía radical ofrece el mayor potencial para una cura definitiva del cáncer de próstata en estadios localizados o tempranos, mejorando significativamente la supervivencia general y reduciendo el riesgo de metástasis a distancia. Sin embargo, esta terapia no es adecuada si el tumor se ha diseminado a las estructuras cercanas o si ya existen metástasis. La prostatectomía radical con disección de ganglios linfáticos pélvicos disminuye el riesgo de muerte relacionada con el cáncer en hombres con enfermedad localizada de alto riesgo. Actualmente, la disección de ganglios linfáticos pélvicos en el contexto de una prostatectomía radical se realiza sin conocer la presencia de metástasis, las cuales podrían identificarse antes de la cirugía mediante el uso del PSMA-PET.

La disfunción sexual y la incontinencia urinaria son las complicaciones más frecuentes tras una prostatectomía radical. Factores como la edad del paciente, la función sexual previa, la diabetes, la hipertensión arterial y el tabaquismo son riesgos para la disfunción eréctil postoperatoria. Las tasas de continencia urinaria se ven afectadas por diversos factores preoperatorios, incluyendo la edad, las características del cáncer, el tamaño de la próstata y los síntomas del tracto urinario inferior. Los pacientes mayores, aquellos con enfermedades concomitantes y los que presentan un alto índice de morbilidad suelen tener tasas de continencia más altas. Otros factores que pueden influir en la continencia incluyen la longitud de la uretra membranosa, la presencia de un lóbulo medio, la resección transuretral prostática previa, la dimensión pélvica ósea, el tabaquismo y la diabetes tipo 2. (Yanes Chacón, Villalobos Campos, & Cubas González, 2023).

### *Diagnóstico del cáncer de próstata*

El tacto rectal, la concentración de antígeno prostático específico (APE) y el ultrasonido transrectal son herramientas diagnósticas valiosas para detectar posibles indicios de cáncer de próstata; sin embargo, el diagnóstico definitivo solo se puede confirmar con una biopsia. La mayoría de los tumores prostáticos se localizan en la zona periférica de la próstata y suelen ser detectables mediante tacto cuando tienen un diámetro superior a 0.2 cm. El APE, una serina proteasa relacionada con la calicreína producida en las células epiteliales de la próstata, tiene la función de licuar el semen. La medición de APE en sangre es crucial para el diagnóstico del cáncer de próstata. En casos donde el APE está entre 4 ng/ml y 10 ng/ml, se utiliza la medición del APE libre y en complejos para decidir si se requiere una biopsia. El riesgo de cáncer es menor al 10% cuando el APE es superior a 25 ng/ml, pero puede aumentar hasta el 56% si el APE libre es menor al 10%. (Delgado, 2016)

### *Agentes Inteligentes.*

“Estos sistemas están diseñados para percibir su entorno, analizarlo y actuar de manera que optimicen sus posibilidades de éxito. Este enfoque permite a los investigadores abordar problemas complejos y encontrar soluciones que sean tanto útiles como comprobables. La tecnología de agentes inteligentes constituye la base de una nueva generación de sistemas computacionales. Sus aplicaciones abarcan desde la búsqueda de información en Internet distribuida masivamente hasta sistemas móviles de información, sistemas de flujo de trabajo inteligentes, e infraestructura de apoyo a operaciones y decisiones corporativas”. (Gamboa, 2014)

### *Sistema inteligente.*

“Se denomina sistema inteligente a una entidad capaz de percibir, razonar, aprender, adaptarse, tomar decisiones y actuar racionalmente para satisfacer sus metas, en un determinado entorno. Son parte de las ciencias de computación, que cubren una serie de tópicos teóricos – experimentales que sirven de base para la ingeniería de aplicaciones inteligentes”. (Gamboa, 2014)

### *Deep Learning.*

“El Deep Learning es una subdisciplina del Machine Learning, el cual es una parte de la inteligencia artificial. En esta técnica, las redes neuronales—modelos computacionales que imitan el funcionamiento del cerebro humano—analizan grandes cantidades de datos para aprender y perfeccionarse. Los algoritmos de Deep Learning llevan a cabo tareas repetitivas que contribuyen a mejorar gradualmente los resultados mediante "capas profundas" o "deep layers", facilitando así el aprendizaje progresivo. Este enfoque forma parte de un conjunto más amplio de métodos de Machine Learning basados en redes neuronales”. (IBM, 2020).

### *Modelos de Deep Learning*

Según Sandoval (2021), los **modelos lineales** buscan identificar una línea que se ajuste de manera adecuada a un conjunto de datos representado en una nube de puntos. Entre estos modelos, se incluyen técnicas bien establecidas como la regresión lineal, también conocida como regresión de mínimos cuadrados, y la regresión logística, que ajusta la metodología lineal para abordar problemas de clasificación. Por otro lado, los **modelos de árbol** se caracterizan por su precisión, estabilidad y facilidad de interpretación. Esto se debe a que construyen reglas de decisión que se pueden visualizar en forma de un árbol, facilitando su comprensión. Finalmente, las **redes neuronales** intentan emular el funcionamiento del cerebro humano, donde millones de neuronas están interconectadas en una red para intercambiar información entre sí.

Según Graph (2020), los **algoritmos de Deep Learning** varían según el tipo de Deep Learning que se esté utilizando.

**Algoritmos de regresión:** Estos algoritmos se utilizan en modelos de Deep Learning para estimar y establecer relaciones entre las diversas variables del objeto de estudio.

**Algoritmos Bayesianos:** Estos algoritmos, basados en el teorema de Bayes, realizan clasificaciones asumiendo que los valores son independientes entre sí. Esto les permite hacer predicciones precisas sobre una categoría o clase dentro de un conjunto de características mediante el uso de modelos probabilísticos.

**Algoritmos de agrupación:** Utilizados en el aprendizaje no supervisado, estos algoritmos facilitan la organización de datos no etiquetados en grupos o categorías, permitiendo la identificación de patrones dentro de datos que no tienen una clasificación previa.

**Algoritmos de árbol de decisión:** Estos algoritmos funcionan como diagramas de flujo y representan decisiones y posibles resultados mediante un método específico de bifurcación, facilitando la interpretación de las decisiones en el proceso.

**Algoritmos de redes neuronales:** Este tipo de algoritmo se caracteriza por tener unidades organizadas en capas interconectadas, con el objetivo de emular el procesamiento de información del cerebro humano a través de las conexiones entre capas.

**Algoritmos de Aprendizaje Profundo:** Estos algoritmos procesan datos a través de múltiples capas de redes neuronales, simplificando la representación de la información a medida que los datos avanzan por cada capa.

Este enfoque se basa en el trabajo de Silva et al. (2020) sobre sistemas automáticos de clasificación y detección en histología de próstata, que utiliza la escala de puntuación de Gleason.

### *Modelo VGG-16*

Quispe, (2020) esta arquitectura está compuesta por 13 capas convolucionales, cada una seguida por una capa de max pooling. Después de estas, hay 3 capas totalmente conectadas, lo que justifica su nombre que incluye 16, y finalmente se encuentra un clasificador softmax. Esta red se distingue por tener numerosos parámetros para entrenar, lo que puede prolongar el tiempo de entrenamiento en comparación con otras redes. Sin embargo, cuenta con la ventaja de disponer de pesos preentrenados del dataset Imagenet, los cuales pueden utilizarse para iniciar el entrenamiento de la red propuesta, como se menciona.

Ilustración 1: Arquitectura de VGG-16 separado por 16 capas convolucionales.

Diagrama

Descripción generada automáticamente

Fuente: (Quispe, 2020)

Tabla, Escala de tiempo

Descripción generada automáticamente

Ilustración 2: Modelo lógico de Arquitectura VGG-16 con 13 capas convolucionales y 3 densas

Fuente: (Quispe, 2020)

### Modelo VGG-19

Jian, Jia, Shaozhong, & Bilong, (2020) este modelo tiene seis estructuras principales, cada una de las cuales se compone principalmente de múltiples conexiones capas convolucionales y capas completamente conectadas. El tamaño del núcleo convolucional es 3\*3, y el tamaño de entrada es 224\*224\*3, el número de capas generalmente se concentra en 16 y 19.

Escala de tiempo

Descripción generada automáticamente

Ilustración 3: Modelo de red VGG-19

Fuente: (Jian, Jia, Shaozhong, & Bilong, 2020)

Diagrama

Descripción generada automáticamente

Ilustración 4: Marco de entrenamiento del modelo de detección de uso de máscara

Fuente: (Jian, Jia, Shaozhong, & Bilong, 2020)

Utiliza una estructura alterna de múltiples capas convolucionales y capas de activación no lineales, que es mejor que una sola convolución. La estructura de capas puede extraer mejor las características de la imagen, usar Maxpooling para reducir la resolución y modificar la unidad lineal (ReLU) como función de activación, es decir, seleccione el valor más grande en el área de la imagen como valor conjunto del área. La capa de reducción de resolución se emplea principalmente para aumentar la capacidad de la red para resistir distorsiones en la imagen, conservando las características esenciales de la muestra y disminuyendo el número de parámetros.

### Modelo ResNet50

Nishant & Shrivastava, (2021) ResNet-50 es un modelo prediseñado que ha sido entrenado en el conjunto de datos ImageNet para identificar diferentes imágenes de 1000 clases. El tamaño de la imagen de entrada para la red neuronal es de 224 x 224 píxeles, Los pesos previamente entrenados de ImageNet se proporcionaron como pesos iniciales para la red neuronal profunda propuesta. Las capas residuales presentes en ResNet50 juega un papel importante para transferir grandes valores de gradiente a sus capas adyacentes anteriores.

Gráfico, Diagrama, Gráfico de cajas y bigotes

Descripción generada automáticamenteIlustración 5: Arquitectura de ResNet50

Fuente: (Qingge, He, Yankui, & Jie, 2019)

Gracias a esta capa, el modelo puede extraer eficazmente patrones complejos y relevantes y resolver los problemas. problema de gradiente de desaparición. En nuestra configuración experimental, todas las capas del modelo previo al entrenamiento se mantienen abierto para aprender nuevas características de las imágenes de biopsia. Las matrices de características, adquiridas de capas CNN, se suministraron a la capa FC ajustada, donde la función sigmoidea se usó en la capa de salida.

# DISEÑO METODOLÓGICO

## Tipificación de la investigación

* Cuantitativa o cualitativa: Cuantitativa
* Experimental o no experimental: No experimental
* Alcance de la investigación (exploratorio, descriptivo, correlacional o explicativo): Exploratorio
* Básica o aplicada: Aplicada

## Tabla de operacionalización de variable

Tabla 1: Tabla operacional según Indicadores

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Variable | | Dimensión | Indicadores | Medida |
| Variable dependiente  Evaluación del rendimiento. | Performance | | VP  VN  FP  FN | Porcentaje |
| Exactitud | Porcentaje |
| Variable independiente  Sistema inteligente basado en Deep Learning para el diagnóstico de cáncer de próstata. |  | | Usabilidad | |

Fuente: Elaboración propia

* Verdaderos **Positivos (TP):** Se refiere a los casos en los que la verdadera categoría del dato es 1 (positivo) y el modelo también lo clasifica como 1 (positivo).
* **Verdaderos Negativos (TN):** Se refiere a los casos en los que la verdadera categoría del dato es 0 (negativo) y el modelo también lo clasifica como 0 (negativo).
* **Falsos Positivos (FP):** Ocurre cuando el dato tiene una verdadera categoría de 0 (negativo), pero el modelo lo clasifica incorrectamente como 1 (positivo).
* **Falsos Negativos (FN):** Se presenta cuando el dato tiene una verdadera categoría de 1 (positivo), pero el modelo lo clasifica incorrectamente como 0 (negativo).

Se definen los siguientes indicadores:

**Exactitud.** La exactitud, también conocida como *accuracy*, representa la proporción de predicciones correctas (incluyendo tanto los verdaderos positivos como los verdaderos negativos) en relación con el total de casos analizados. Este indicador se calcula utilizando la siguiente fórmula.

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación  Descripción generada automáticamente

Interfaz de usuario gráfica, Texto  Descripción generada automáticamente**Precisión**: La precisión se determina como la proporción de verdaderos positivos en comparación con el total de resultados clasificados como positivos. Esta métrica se calcula mediante la siguiente fórmula.

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación  Descripción generada automáticamente**La sensibilidad.** La sensibilidad, también conocida como recall, evalúa la proporción de verdaderos positivos que son identificados correctamente por el modelo.

**La especificidad** (Especificity). La especificidad refleja la capacidad de una prueba para identificar correctamente los resultados negativos. Evalúa la proporción de verdaderos negativos que han sido identificados con precisión.

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación  Descripción generada automáticamente

Los indicadores se fundamentan en el libro “Importancia del cálculo de la sensibilidad, la especificidad y otros parámetros estadísticos en el uso de las pruebas de diagnóstico clínico y de laboratorio” (Vizcaíno-Salazar, 2017). La evaluación de la usabilidad se basará en los criterios establecidos por la norma ISO25010. (iso25000, 2022).

## Población y muestra

La muestra utilizada para entrenar el sistema consta de 13,827 imágenes, las cuales se agrupan según diferentes grados de clasificación de Gleason, extraídas de la base de datos SICAPv2 (Imágenes de diapositivas completas de próstata con anotaciones de grados de Gleason). Se cuenta con la autorización para usar estas imágenes.

La data de SICAPv2 cuenta con la interpretación de la imagen correspondiente a analizar indicando a que grado de Gleason pertenece, la data SICAPv2 fue extraída de la web de (Rodríguez, Mendeley Data, 2020).

La técnica de muestreo empleada fue el muestreo aleatorio estratificado, seleccionando al azar imágenes de cada grado de la clasificación de Gleason.

Se considerarán 5 estratos, cada uno definido por la clasificación de Gleason, que incluyen los grupos de grado 1 (células bien diferenciadas), grado 2 (moderadamente diferenciadas) y grados 3, 4, y 5 (poco diferenciadas).

## Técnicas, instrumentos, equipos y materiales

Las técnicas para la recolección de datos que se utilizarán en la presente investigación son: análisis documentario y la observación para las pruebas realizadas.

* **Análisis documentario:** La información será obtenida de los diferentes documentos, artículos, libros, revistas, publicaciones, gráficos, etc. Los cuales presentan una serie de algoritmos, modelos y conjunto de imágenes.

Este análisis documental serpa utilizado para la búsqueda del conjunto de imágenes y para la selección de modelos de Deep Learning.

* **La observación:** La observación es un componente esencial en cualquier proceso de investigación, ya que permite al investigador recolectar la mayor cantidad de datos posible. En este caso, se utilizará para interpretar las imágenes.

La observación será utilizada en la etapa de evaluación del rendimiento del sistema inteligente, registrando los resultados en una ficha de observación.

Los instrumentos, que se utilizará para verificar la fiabilidad de los resultados del sistema web.

* **Estadístico:** Las herramientas estadísticas que se emplearán para la evaluación de la hipótesis serán las siguientes.
* **Fichas de observación:** Se utilizarán progresivamente de acuerdo con las mejoras que se vayan obteniendo en el proceso de desarrollo.

Los materiales que se utilizarán son 2 computadoras portátiles; una core i7 3.20 GHz, 16 GB RAM y una core i7 2.80 GHz, 16 GB RAM respectivamente utilizando Python como lenguaje de programación con el framework Django.

Con respecto a los resultados serán guardados en base de datos MySQL y se utilizará un sistema de control de versiones para el proyecto (Git y GitHub).

# RESULTADOS

## Análisis del conjunto de Imágenes

### *Descripción del conjunto de datos SICAPv2*

El conjunto total de datos SICAPv2 (Silva-Rodríguez, 2020), contiene imágenes histológicas completas de próstata, con anotaciones de puntuaciones globales de Gleason y grados de Gleason a nivel de patrón. Está diseñado para estudios de clasificación y detección de patrones en histología prostática, específicamente para la detección de patrones cribiformes y la clasificación automática según la escala de Gleason.

La base de datos presentada en este artículo, SICAPv2, es, hasta donde saben los autores, la colección pública más grande de biopsias de próstata H&E con anotaciones a nivel local de grados de Gleason. SICAPv2 es una extensión de la base de datos introducida en [17] y estará disponible públicamente después de la publicación de este artículo.

Contiene 13,827 imágenes que son divididas entre los 2 estados, entre ellas tenemos: con cáncer de próstata y sin cáncer de próstata. El conjunto de imágenes está dividido en 2 carpetas llamadas train y val. Train contiene las imágenes para entrenamiento las cuales son un total de 10,957 imágenes y val contiene las imágenes para validación con un total de 2870 imágenes.

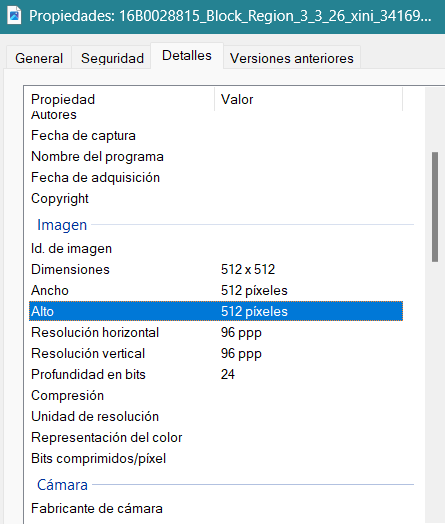
Tabla 2: Distribución de imágenes en dataset

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Dataset | Entrenamiento(train) | Validación(val) | Total | Porcentaje |
| ConCancer | 7,367 | 2,043 | 9,410 | 68% |
| SinCancer | 3,590 | 827 | 4,417 | 32% |

Fuente: Elaboración propia.

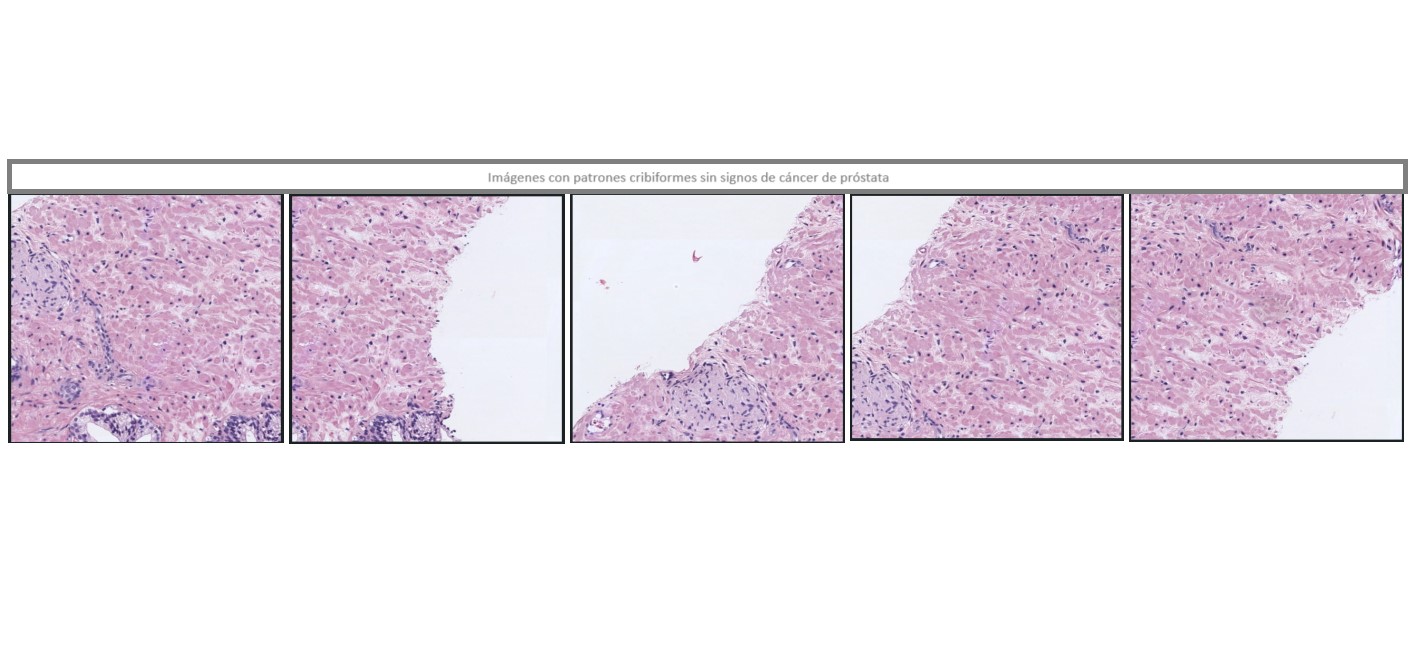
Las características principales de cada imagen del dataset son dimensiones de 512 x 512 píxeles, una resolución horizontal y vertical de 96 ppp (píxeles por pulgada), y una profundidad de color de 24 bits. Estos datos indican que la imagen tiene una resolución moderada y una profundidad de color estándar.

Ilustración 6: Propiedad de imagen de dataset SICAPv2



Fuente: Elaboración Propia

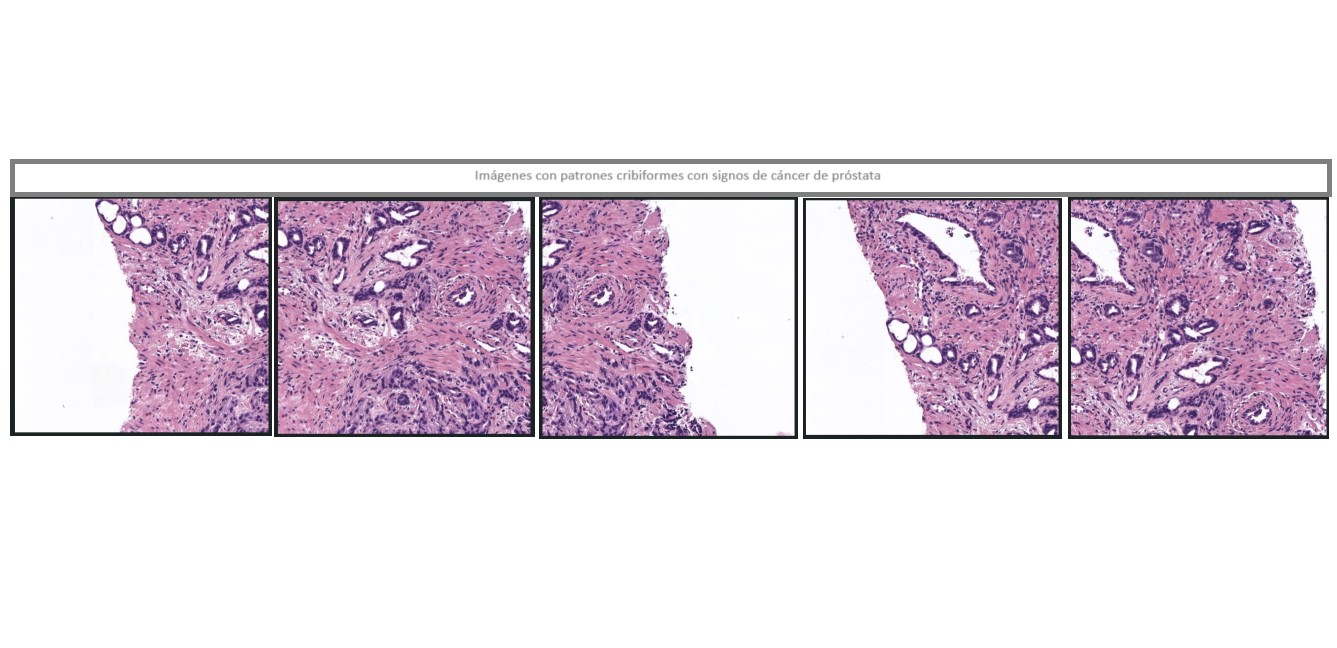
Se muestran 5 imágenes sin cáncer de próstata las cuales tienen una consistencia uniforme en las células, sin signos de crecimiento irregular, no se observan áreas de células agrupadas de manera anormal o formando patrones cribiformes.

Ilustración 7: Imágenes con patrones cribiformes, no contiene signos de cáncer de próstata

Fuente: (Rodríguez S. , 2020)

Se presentan 5 imágenes con cáncer de próstata, en las cuales se observan características distintivas. Las células muestran un crecimiento desordenado y agrupaciones irregulares en forma de criba, el cual es indicativo de la enfermedad. Además, se observan núcleos agrandados y patrones cribiformes, señales claras de malignidad evidenciando la gravedad del cáncer.

Ilustración 8: Imágenes con patrones cribiformes contiene signos de cáncer de próstata



Fuente: (Rodríguez S. , 2020)

## Procesamiento de Datos

Los datos procesados incluyen una amplia gama de imágenes de estudios de cáncer de próstata para la detección de la enfermedad.

El conjunto de datos se divide en dos partes: entrenamiento y validación, ambas partes contiene 2 subcarpetas las cuales están divididas en imágenes con cáncer y sin cáncer respectivamente.

**Definición de variables y parámetros**

Primero, se especifica la ubicación de las imágenes de entrenamiento y las categorías que se clasificarán: "ConCancer" y "SinCancer". También se determina el tamaño del lote (batch size) para el entrenamiento del modelo y las dimensiones a las que se redimensionarán las imágenes, que en este caso es de 512x512 píxeles, en nuestro caso las imágenes originales no se verán afectadas ya que se trabajará con su tamaño original.

**Carga y procesamiento de imágenes**

Se crea una lista vacía que almacenará las imágenes que han sido cargados para ser analizadas junto con sus etiquetas. La función se encarga de recorrer cada categoría y procesar todas las imágenes dentro de cada categoría. Para cada imagen, se realiza lo siguiente:

* Se lee la imagen desde el disco.
* Se redimensiona la imagen a las dimensiones especificadas (512x512 píxeles).
* Se almacena la imagen redimensionada y su etiqueta (0 para "ConCancer" y 1 para "SinCancer") en la lista.

Esta función se ejecuta para cargar y procesar todas las imágenes del conjunto de datos.

Luego de procesar las imágenes, se le asignaron las etiquetas correspondientes como se ve en las siguientes imágenes:

Gráfico

Descripción generada automáticamente con confianza media

Ilustración 9:Procesamiento de una imagen con cáncer

Fuente: Elaboración propia

Ilustración 10: Procesamiento de una imagen sin cáncer

Interfaz de usuario gráfica

Descripción generada automáticamente con confianza media

Fuente: Elaboración propia

En el procesamiento la imagen original no es redimensionada ya que el parámetro inicial es de 512x512 y se posterior a ello se procede a clasificar las imágenes con una etiqueta ya sea “SinCancer” o “ConCancer”.

## Seleccionar un modelo óptimo de Deep Learning

Se evaluaron 3 algoritmos de deep Learning que son VGG16, VGG19 y ResNet50 que se describen a continuación:

### Resultados de los modelos aplicados

#### *Resultado del modelo VGG16*

A continuación, se muestran los resultados del siguiente modelo considerando los resultados finales de loss y accuracy respectivamente:

*Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

Descripción generada automáticamente*

Ilustración 11: Resultado modelo VGG-16

Tabla

Descripción generada automáticamente

Gráfico, Gráfico de líneas

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia

Tras entrenar el modelo con el algoritmo VGG16, se observa que la precisión de los datos de entrenamiento se mantiene constante en las últimas épocas, alcanzando un resultado del 98.32%. Por otro lado, la precisión de los datos de validación también se mantiene estable, concluyendo con un resultado del 90.10%.

La función de pérdida para los datos de entrenamiento y los datos de validación en las últimas épocas muestra resultados constantes y poco significativos, por lo que se decidió finalizar la ejecución.

#### *Resultado del modelo VGG19*

Ilustración 12: Resultado modelo VGG-19

**

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamente

Gráfico, Gráfico de líneas

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia

Después de entrenar el modelo con el algoritmo VGG19, se observa que la precisión de los datos de entrenamiento se mantiene constante en las últimas épocas, alcanzando un resultado del 98.22%. En cuanto a la precisión de los datos de validación, también se mantiene estable y finaliza con un resultado del 94.11%.

La función de pérdida para los datos de entrenamiento disminuye de manera lineal hasta alcanzar un 0.18%, lo cual es un resultado positivo. Sin embargo, la función de pérdida para los datos de validación muestra resultados constantes, por lo que se decidió finalizar la ejecución.

#### *Resultado del modelo ResNet50*

Ilustración 13: Resultado modelo ResNet50

Interfaz de usuario gráfica

Descripción generada automáticamenteInterfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

Descripción generada automáticamente

Gráfico, Gráfico de líneas

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia

Después de entrenar el modelo con el algoritmo ResNet90, se observa que la precisión de los datos de entrenamiento se mantiene constante en las últimas épocas, alcanzando un resultado del 98.97%. Por otro lado, la precisión de los datos de validación también se mantiene estable, concluyendo con un resultado del 93.33%.

La función de pérdida para los datos de entrenamiento disminuye de manera lineal hasta alcanzar un 0.16%, lo que es un resultado positivo. En cambio, la función de pérdida para los datos de validación muestra resultados constantes, por lo que se decidió finalizar la ejecución.

### Elección del modelo

Tras entrenar el modelo con el algoritmo VGG19, se observa que la precisión de los datos de entrenamiento se mantiene alta en las últimas épocas, alcanzando un 98.22%. La precisión de validación también se mantiene estable, concluyendo con un 94.11%. La función de pérdida de los datos de entrenamiento disminuye de manera lineal hasta alcanzar un 0.18%, lo que es un resultado positivo. Sin embargo, la pérdida de validación muestra resultados constantes, por lo que se consideró conveniente finalizar la ejecución.

Probamos tres modelos diferentes y, después de evaluar sus desempeños, determinamos que el VGG19 era el mejor. La precisión y la pérdida de los otros modelos no lograron alcanzar ni mantener los niveles obtenidos con el VGG19. En particular, el VGG19 demostró una mayor estabilidad en las métricas de precisión y pérdida tanto en el conjunto de entrenamiento como en el de validación.

Comparado con los otros modelos, el VGG19 demostró una superior capacidad de generalización y adaptación a nuevos datos. Por estas razones, el VGG19 fue seleccionado como el mejor modelo para nuestro estudio, destacando por su alta precisión y baja pérdida, así como por su consistencia durante el proceso de entrenamiento y validación. Estos resultados indican que el VGG19 es más efectivo y fiable para la tarea de clasificación de imágenes en este contexto.

Como conclusión considerando la siguiente tabla adjunta:

Tabla 3: Resultados algoritmos aplicados

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Algoritmo | Cantidad de épocas | Accuracy | Loss |
| VGG16 | 20 | 90.10%. | 0.34% |
| VGG19 | 20 | 94,11% | 0.18% |
| ResNet50 | 20 | 93,33% | 0.16% |

Fuente: Elaboración propia

Podemos indicar que el modelo con mayor precisión y menor valor de pérdida se obtuvo aplicando el algoritmo VGG19 con una precisión de 84,11% dentro del rango de aceptación en la predicción para esta investigación.

## Desarrollar el sistema inteligente

### *Requisitos y preparación*

La investigación se llevó a cabo en la plataforma Anaconda utilizando Python 3.10 y TensorFlow 2.10. Para entrenar el modelo, se utilizó una laptop equipada con un procesador Ryzen 7 de 13ª generación y una tarjeta gráfica Nvidia GeForce RTX Studio para el procesamiento de imágenes.

### *Preparación del entorno de trabajo*

Para el desarrollo de esta investigación, se empleó el lenguaje de programación Python y la plataforma de desarrollo Anaconda, utilizando una estructura específica en nuestro dataset almacenado localmente en el explorador de archivos.

Ilustración 14: Directorios de trabajo

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia*.*

Ilustración 15: Estructura Principal

Captura de pantalla de un celular

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia.

El directorio de datos del proyecto se subdividió en dos subdirectorios los cuales son train (entrenamiento) el val (validación), tienen data de la clasificación de Gleason que determina si el paciente tiene cáncer de próstata, siendo subdivididas en carpetas que tienen los siguientes nombres: ConCancer y SinCancer.

### *Desarrollo del sistema*

Se creó un sistema inteligente utilizando Python 3.11.5 y el framework Django, diseñado para asistir en el ámbito médico con la detección temprana y precisa del cáncer de próstata.

Para almacenar y gestionar los datos de manera eficiente, se ha elegido MySQL como sistema de gestión de bases de datos. Con MySQL, se asegura la integridad y la seguridad de los datos médicos sensibles.

El desarrollo consiste en la capacidad de realizar predicciones precisas utilizando un modelo de aprendizaje automático previamente entrenado. Este modelo ha sido entrenado con un amplio conjunto de datos de imágenes médicas de próstatas.

Cuando un usuario carga una imagen médica en el sistema, los datos son transmitidos al backend, donde se aplican técnicas de preprocesamiento para preparar la imagen para su análisis. Luego el modelo de aprendizaje automático entra en acción, realizando una evaluación detallada de la imagen y generando una predicción sobre la presencia o ausencia de cáncer de próstata.

Los resultados de la predicción se muestran al usuario a través de la interfaz y también pueden ser descargados en un informe en formato PDF.

A continuación, se dará información más detallada acerca de la creación del sistema inteligente:

#### *Modelo de estructura para la base de datos*

La base de datos utilizada fue Mysql, para crear nuestras tablas lo hicimos desde Django con las migraciones al definir nuestros modelos se autogeneran como tablas en nuestra base de datos y esto hace que la creación no sea un proceso manual si no automático.

#### *Desarrollo para el backend para el software*

Para el desarrollo del backend se utilizó Python en la versión 3.11.5 usando el framework Django en la versión 4.0.4.

La implementación consistió principalmente en conectar nuestro backend con nuestro modelo de predicción que ha sido entrenado anteriormente además de conectar con el frontend para recibir los datos enviados. La utilizada fue la de Modelo - Vista - Controlador.

Ilustración 16: Estructura de carpetas del backend

Texto

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración propia

Esta estructura ayuda a mantener un código limpio y organizado, facilita la reutilización de código y promueve la escalabilidad de las aplicaciones.

Utilizamos Firebase Authentication que nos proporcionó una solución completa y segura para manejar el proceso de autenticación de usuarios en nuestra aplicación.

Captura de pantalla de computadora

Descripción generada automáticamenteIlustración 17: Cuenta enlazada al proyecto

Fuente: Elaboración propia

Finalmente se utilizó el API de la RENIEC para obtener los datos de un usuario a través de su Dni.

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamenteIlustración 18: Resultados enlace de cuenta

Fuente: Elaboración propia

El código del sistema fue almacena en GitHub y el enlace para acceder al repositorio es <https://github.com/FSIce1/prediction_cancer_prostata>, este es un repositorio público así que cualquiera puede acceder al código.

Captura de pantalla de computadora

Descripción generada automáticamenteIlustración 19: Repositorio de GitHub

Fuente: Elaboración propia

#### *Funciones*

Se detalla mediante una tabla las funciones elaboradas con una descripción explicando el funcionamiento de cada punto elaborado.

Tabla 4: Descripción de funciones

|  |  |
| --- | --- |
| Función | Descripción |
| crear\_usuario | Nos sirve para registrar el usuario para poder loguearse posteriormente. |
| Inicio | Redirige al sistema en caso de que el usuario se haya autentificado. |
| analisis\_imagen | Realiza la predicción a través del modelo. |
| cerrar\_sesion | Cierra la sesión actual en el sistema y redirige a la pestaña del login. |
| buscar\_por\_dni | Consulta el api de la RENIEC y nos devuelve los datos del usuario que se consultó con su dni. |
| resultado\_imagen | Nos lleva a la vista final que es mostrar el resultado. |
| realizar\_analisis | En esta función se consume el modelo de predicción. |
| historial\_analisis | Historial de todos los análisis realizados en el sistema. |
| pacientes | Registra los pacientes que fueron consultados por la RENIEC |
| generar\_pdf | Reporte final de cada análisis realizado |

Fuente: Elaboración propia

#### *Desarrollo para el frontend para el software*

Para desarrollar el frontend de la aplicación utilizamos HTML, Css y JavaScript para integrarlo con el motor de plantillas de Django, tenemos las vistas de Login, Registro, Análisis, Resultado, Historial y Pacientes.

Imagen que contiene interior, techo, persona, tabla

Descripción generada automáticamenteIlustración 20: Menú Login del sistema

Fuente: Elaboración propia

Para la siguiente prueba se adjuntó una imagen extraída al azar del dataset en la opción “seleccionar archivo”, posterior a ello se digita el número de DNI de la persona que está realizando la consulta, la cual genera una búsqueda a través del API de reniec los datos personales del usuario:

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamenteIlustración 21: Análisis de resultados

Fuente: Elaboración propia

A continuación, el sistema te arroja los siguientes resultados:

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación, Teams

Descripción generada automáticamenteIlustración 22: Resultados de la evaluación

Fuente: Elaboración propia

Adicional al resultado obtenido, el sistema nos permite exportarlo con un formato PDF para emitirle físicamente el resultado al paciente evaluado.

Ilustración 23: Exportable en formato PDF

*Imagen que contiene Texto

Descripción generada automáticamente*

Fuente: Elaboración propia

El sistema también nos permite visualizar un reporte de todos los pacientes que realizaron una evaluación en el sistema con su resultado obtenido considerando parámetros como Dni, Nombre y Apellidos, Resultado, Porcentaje de precisión y el tiempo que demoró en realizarse la consulta.

Ilustración 24: Resumen de análisis ejecutados en el sistema

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamente

*Fuente: Elaboración propia*

## Evaluación del rendimiento del sistema inteligente

Primero, cargamos el modelo que había sido previamente entrenado. Luego, se preparó los datos de prueba, que son imágenes organizadas en carpetas según sus categorías (Sin Cáncer y Con Cáncer). Se utilizó la herramienta TensorFlow para cargar estas imágenes y agruparlas en lotes, lo que facilita su procesamiento.

El modelo realizó predicciones sobre estos datos de prueba. Cada predicción es una suposición del modelo sobre a qué categoría pertenece cada imagen. Se convirtió estas predicciones a etiquetas que representan dichas categorías.

Luego, se comparó las predicciones del modelo con las etiquetas reales de las imágenes para evaluar su precisión. Se utilizó una matriz de confusión para ver cuántas predicciones fueron correctas y cuántas no.

También se generó un informe detallado que muestra métricas como precisión, recall y F1-score para cada categoría. Estas métricas nos ayudan a entender el funcionamiento el modelo en general y en cada categoría específica.

Por último, se identificaron las clases de las imágenes (Sin Cáncer y Con Cáncer), estas se utilizaron para analizar los resultados y hacer conclusiones sobre el rendimiento del modelo.

Explicación del modelo de rendimiento

Ilustración 25: Conversión de las probabilidades predichas

Interfaz de usuario gráfica, Texto

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración Propia

Se carga el modelo previamente entrenado (modelo vgg19) y se aplica sobre un conjunto de datos de prueba llamado “test\_ds” el cual contiene imágenes organizadas para las categorías “Sin Cáncer” y “Con Cáncer”

Interfaz de usuario gráfica, Texto

Descripción generada automáticamente

Ilustración 26: Decisión final de categoría

Fuente: Elaboración Propia

Luego de que el modelo realiza las predicciones sobre las imágenes del conjunto de prueba, obtenemos un conjunto de probabilidades para cada imagen, indicando la confianza del modelo en cada categoría posible. Sin embargo, necesitamos convertir estas probabilidades en decisiones finales sobre la categoría de cada imagen. Para hacer esto, usamos np.argmax, que selecciona la categoría con la mayor probabilidad para cada imagen. Esto nos da las etiquetas de clase predichas, que podemos comparar con las etiquetas reales para evaluar el rendimiento del modelo.

Ilustración 27: Etiquetas por lote

Patrón de fondo

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración Propia

Aquí se itera todo el conjunto de datos de prueba “test\_ds”, extrayendo lotes de imágenes y sus correspondientes etiquetas reales. La instrucción print(y\_reales) dentro del bucle imprime las etiquetas reales de cada lote de imágenes.

Esto significa que cada vez que el bucle itera, y\_reales contiene las etiquetas reales de un lote de imágenes del conjunto de datos de prueba. Este tipo de iteración es útil para verificar qué etiquetas se están utilizando como datos de prueba y para asegurarse de que las etiquetas reales se correspondan correctamente con las imágenes que el modelo está evaluando.

Texto

Descripción generada automáticamenteIlustración 28: Almacenamiento de etiquetas reales y predictivas

Fuente: Elaboración Propia

En este segmento de código, se inicializan dos listas vacías, y\_pred y y\_real, donde la primera almacenará las predicciones del modelo y la segunda almacenará las etiquetas reales de los datos de prueba. Luego, se inicia un bucle que itera sobre el conjunto de datos de prueba test\_ds, obteniendo en cada iteración un lote de imágenes (img\_batch) y sus correspondientes etiquetas reales (y\_batch). Las etiquetas reales de cada lote se añaden a la lista y\_real, y el modelo modelo\_vgg se utiliza para predecir las clases de las imágenes en el lote, almacenando las predicciones resultantes en la variable predicciones. Para cada lote de predicciones, se determina la clase con la mayor probabilidad usando np.argmax(predicciones, axis=1), lo que convierte las probabilidades de salida en etiquetas de clase que se añaden a la lista y\_pred. Después de completar el bucle y haber procesado todos los lotes de datos, se concatenan las listas y\_real y y\_pred en tensores únicos utilizando tf.concat, donde y\_reales contiene todas las etiquetas reales concatenadas y y\_predicciones contiene todas las etiquetas predichas concatenadas.

Ilustración 29: Evaluación del desempeño del modelo

Ilustración 30: Evaluación del desempeño del modelo

Captura de pantalla de computadora

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración Propia

Se definen los datos de etiquetas reales, predicciones y nombres de categorías. Genera una matriz de confusión que compara las etiquetas reales con las predichas, y finalmente, dibuja un gráfico de la matriz de confusión mostrando las proporciones de clasificaciones correctas e incorrectas, permitiéndote evaluar el desempeño de tu modelo de clasificación.

Ilustración 31: Matriz de confusión

Ilustración 32: Matriz de confusión

Gráfico

Descripción generada automáticamente

Fuente: Elaboración Propia

La matriz de confusión de las dos clases: 'ConCancer' y 'SinCancer'. La interpretación de los valores en la matriz es:

**Clase 'ConCancer' (etiqueta real)**:

Verdaderos Positivos (TP): 1433 (0.96)

Falsos Negativos (FN): 72 (0.10)

**Clase 'SinCancer' (etiqueta real)**:

Falsos Positivos (FP): 57 (0.04)

Verdaderos Negativos (TN): 630 (0.90)

Los valores entre paréntesis representan la proporción de las predicciones respecto al total de predicciones para cada clase. Por ejemplo, 0.96 indica que el 96% de las predicciones para 'ConCancer' son correctas.

# DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Nuestro modelo implementado en esta investigación VGG-19 superó a los otros dos modelos evaluados, con una precisión del 94.11% y una pérdida mínima, dentro del rango de aceptación para esta investigación. Esta precisión es comparable o incluso superior a la obtenida en otros estudios similares, lo que sugiere la efectividad de la arquitectura VGG-19 en este contexto.

En cuanto a la optimización del tiempo de diagnóstico, si bien no fue el enfoque principal de este estudio, la rapidez y eficiencia computacional de los modelos de Deep Learning son aspectos que deben considerarse en futuras investigaciones para garantizar su viabilidad clínica.

En relación con la literatura previa, nuestros resultados son consistentes con estudios que demuestran la eficacia de las redes neuronales convolucionales en el diagnóstico de enfermedades a partir de imágenes médicas. Además, la alta precisión alcanzada respalda la hipótesis inicial de que la implementación de un sistema inteligente basado en Deep Learning puede mejorar significativamente el diagnóstico del cáncer de próstata.

Es importante señalar que, si bien nuestros resultados son prometedores, aún existen desafíos a considerar, como la generalización del modelo a diferentes conjuntos de datos y la interpretación de las decisiones del modelo por parte de los profesionales de la salud. Estos aspectos deben abordarse en futuras investigaciones para garantizar la aplicabilidad clínica y el impacto real en la práctica médica.

En resumen, el estudio evidencia que los modelos de Deep Learning, particularmente la arquitectura VGG19, pueden ser herramientas efectivas para el diagnóstico del cáncer de próstata utilizando imágenes médicas, mejorando la precisión y eficiencia en la detección de esta enfermedad.

En su investigación, Faez (2018) empleó datos del Hospital Imam Reza en Teherán y aplicó técnicas de Deep Learning y redes neuronales artificiales (ANN) para optimizar el diagnóstico del cáncer de próstata. Faez alcanzó una precisión de clasificación del 86.3%, subrayando la efectividad de Deep Learning en este campo.

Por otro lado, nuestro estudio demuestra la viabilidad y efectividad del uso de modelos de Deep Learning, específicamente las arquitecturas VGG16, VGG19 y ResNet50, en la detección del cáncer de próstata a partir de imágenes médicas. La precisión alcanzada por el modelo VGG19, del 94.11%, es significativamente mayor, mostrando un rendimiento prometedor en la detección de esta enfermedad.

La mejora en la precisión del diagnóstico observada en nuestro estudio, en comparación con el trabajo de Faez (2018), indica que el uso de arquitecturas más avanzadas como VGG19 puede proporcionar una mayor capacidad de detección y un mejor rendimiento en el análisis de imágenes médicas para el diagnóstico de cáncer de próstata. Esta comparación destaca la evolución y el avance en la aplicación de técnicas de Deep Learning en medicina, enfatizando la importancia de la investigación continua y la implementación de modelos más sofisticados para mejorar los resultados clínicos.

Forero Cuellar (2019) empleó el software "Orange Data Mining Fruit and Fun" para llevar a cabo minería de datos y análisis predictivo en el diagnóstico del cáncer de próstata. En su estudio, el diagnóstico se realiza mediante la evaluación de un médico experto que analiza variables utilizando imágenes de resonancia magnética y otras técnicas tradicionales. Este enfoque ofrece la ventaja de complementar el diagnóstico clínico, facilitando una detección más rápida y precisa. Los resultados indicaron que la regresión logística y la red neuronal superaron en rendimiento a los bosques aleatorios y los árboles de decisión, logrando una precisión del 83.1% para la regresión logística y del 79.5% para el árbol de decisión en la clasificación de las categorías de evaluación PI-RADS.

En contraste, nuestro estudio valida la efectividad y el potencial de los modelos de Deep Learning, particularmente las arquitecturas VGG16, VGG19 y ResNet50, para el diagnóstico del cáncer de próstata a partir de imágenes médicas. La precisión del 94.11% alcanzada por el modelo VGG19 supera notablemente la precisión lograda con las técnicas de regresión logística y redes neuronales en el estudio de Forero Cuellar. Este hallazgo subraya la ventaja de los modelos de Deep Learning más avanzados en la detección de esta enfermedad.

La mejora en la precisión del diagnóstico en nuestro estudio, comparada con el trabajo de Forero Cuellar (2019), sugiere que el uso de arquitecturas de Deep Learning más avanzadas, como VGG19, puede ofrecer una mayor capacidad de detección y una mejor performance en el análisis de imágenes médicas. Esta comparación destaca el potencial de las técnicas de Deep Learning para superar las limitaciones de los métodos tradicionales y los algoritmos de minería de datos en la clasificación y diagnóstico del cáncer de próstata, subrayando la importancia de seguir investigando e implementar modelos más avanzados para optimizar los resultados clínicos.

# CONCLUSIONES

Este estudio evidencia la viabilidad y efectividad de los modelos de Deep Learning, en particular las arquitecturas VGG16, VGG19 y ResNet50, para el diagnóstico del cáncer de próstata utilizando imágenes médicas. La precisión del 94.11% lograda por el modelo VGG19 destaca un rendimiento prometedor en la detección de esta enfermedad.

La utilización del dataset SICAPv2, que contiene 13,827 imágenes segmentadas por la clasificación de Gleason de las cuáles terminaron siendo divididas entre 2 categorías finales: Sin Cáncer y Con Cáncer, facilitando un entrenamiento y evaluación exhaustivos de los modelos, lo cual asegura la representatividad y calidad de los resultados obtenidos.

La aplicación de los algoritmos VGG16, VGG19 y ResNet50 en este contexto confirma la importancia de seleccionar cuidadosamente la arquitectura del modelo para obtener resultados óptimos. Aunque todos los modelos mostraron buen desempeño, el VGG19 destacó como el más preciso y eficiente en esta tarea específica.

El sistema inteligente para identificar y clasificar el cáncer de próstata ofrece una herramienta valiosa para los profesionales de la salud, potenciando la precisión y eficiencia en el diagnóstico y tratamiento de la enfermedad.

El uso de Deep Learning en el diagnóstico médico puede transformar la atención sanitaria al ofrecer herramientas más precisas y eficaces para la detección temprana de enfermedades como el cáncer de próstata. No obstante, es necesario realizar más validaciones en entornos clínicos para asegurar su implementación exitosa.

En resumen, este trabajo destaca el potencial del Deep Learning para el diagnóstico de cáncer de próstata a partir de imágenes médicas, ofreciendo una herramienta precisa y eficaz que puede mejorar significativamente la detección y tratamiento de esta enfermedad, contribuyendo así a la mejora de la atención médica y la calidad de vida de los pacientes.

# RECOMENDACIONES

En el presente estudio, hemos evaluado varios modelos de aprendizaje profundo, incluyendo VGG16, VGG19 y ResNet, con el fin de identificar el modelo más eficiente para la clasificación de imágenes médicas. Los resultados obtenidos indicaron que el modelo VGG19 superó a los otros modelos en términos de precisión y consistencia, destacándose como el modelo más adecuado para nuestro conjunto de datos específicos.

Para asegurar la efectividad de los modelos, es crucial que las imágenes médicas sean capturadas con corrección y que muestren claramente la región de interés. Se sugiere que los pacientes se sometan a un protocolo de captura de imágenes estandarizado para garantizar la consistencia y calidad de los datos. Además de las imágenes médicas, incorporar variables adicionales como la edad del paciente, los antecedentes familiares médicos, los niveles de antígeno prostático específico (PSA) y otros marcadores pertinentes podría ser beneficioso para aumentar la precisión del diagnóstico.

La adopción de VGG19 en hospitales públicos permitirá un diagnóstico más rápido y preciso de diversas enfermedades a partir de imágenes médicas, agilizando así el proceso de atención médica. Esto no solo reduciría el tiempo de espera para los pacientes, sino que también optimizaría el flujo de trabajo del personal médico, permitiendo una distribución más eficiente de los recursos y una mejor gestión de las cargas de trabajo.

La integración del sistema con el modelo VGG19 en el sistema de salud pública contribuiría a una atención más rápida y eficiente, mejorando los resultados clínicos y la satisfacción del paciente. Para asegurar el éxito de esta implementación, es fundamental proporcionar la capacitación adecuada al personal médico y realizar pruebas piloto para ajustar el sistema a las necesidades específicas de cada hospital.

Dada la superioridad demostrada por VGG19 en esta investigación, se recomienda desarrollar un sistema similar utilizando un dataset específico para la detección de cáncer de próstata y evaluar sus resultados. La arquitectura VGG19, con su capacidad para extraer características profundas y detalladas de las imágenes, puede ser particularmente efectiva en aplicaciones médicas donde la precisión es crucial. La implementación de VGG19 en estudios futuros podría potencialmente mejorar el diagnóstico y la identificación temprana de diversas condiciones médicas, contribuyendo significativamente a la práctica clínica y a la investigación biomédica.

La evaluación de los resultados permitirá determinar la viabilidad y efectividad del modelo en la detección de cáncer de próstata, comparando su rendimiento con otros métodos y modelos existentes por ello si se requiere hacer una investigación más a detalle a futuro se recomienda probar con otro conjunto de imágenes. Esta investigación contribuiría al desarrollo de herramientas avanzadas para el diagnóstico temprano y preciso de esta enfermedad, mejorando potencialmente los resultados clínicos y la calidad de vida de los pacientes.

# BIBLIOGRAFÍA

Forero Cuellar, O. (2019). Clasificadores supervisados del cáncer de próstata a partir de imágenes de resonancia magnética en secuencias T2.

Alvaro Daniel Quispe Carbonel. (2020). *Predicción de edad ósea con red basada en VGG-16 y Transfer Learning.* Lima.

Báez Benavides, P., & Armisén Yañez, R. (2012). Actualización en cáncer de próstata: generalidades y diagnóstico. *MEDICINA & LABORATORIO*, 333-353.

Bese Robles, M., & Miró Padilla, A. (2022). *Diseño de un sistema de clasificación semiautomático para la gradación del cáncer de próstata a partir de anotaciones no expertas y redes neuronales convolucionales.*

Carneiro Neto, P. (05 de 06 de 2020). Análisis basado en aprendizaje profundo del cáncer de próstata de MP-MRI.

Delgado, D. D. (2016). CÁNCER DE PRÓSTATA: ETILOGÍA, DIÁGNOSTICO Y TRATAMIENTO. *REVISTA MEDICA DE COSTA RICA Y CENTROAMERICA LXXIII*, 707-710.

Faez, K. (2018). Mejorar el diagnóstico temprano del cáncer de próstata mediante el uso de Redes Neuronales Artificiales y Aprendizaje Profundo. *IEEE Xplore*, 4.

Gamboa, H. A. (2014). *Inteligencia Artificial - Principios y Aplicaciones.*

Guajin, W., Jeremy Yuen-Chun, T., & Kup-Sze, C. (2018). Diagnóstico de cáncer de próstata en una población china mediante el uso de métodos de aprendizaje automático. *IEEE Xplore*, 4.

*IBM*. (2020). Obtenido de https://www.ibm.com/co-es/cloud/deep-learning

*iso25000*. (3 de 10 de 2022). Obtenido de https://iso25000.com/index.php/normas-iso-25000/iso-25010/23-usabilidad

Jian, X., Jia, W., Shaozhong, C., & Bilong, L. (2020). Application of a Novel and Improved VGG-19. *Conference Series*, 7.

Lal, H., Amjad, A., Saima, R., Sharjl, S., Adnan, I., Muhammad Usama, U., . . . Doug Young, S. (2019). Aplicación del enfoque de red bayesiana a determinar la asociación entre características morfológicas extraídas de imágenes de cáncer de próstata. 16.

Mena, A. R. (2023). *Clasificación del cáncer de próstata por medio de inteligencia artificial Explicable a partir de datos de expresión génica.* Granada.

Minsa. (2021). *El plan nacional de cuidados integrales de Cáncer.* Lima: Ministerio de Salud.

Mohamed , I., Mansoor , A., Mansour , T., Hari Kiran, V., & P., R. (2020). Una técnica de clasificación de aprendizaje automático para predicción del cáncer de próstata.

Moral, J. D. (2021). *Diseño y desarrollo de un sistema de gradación de imágenes cancerosas de resonancia magnética de próstata utilizando algoritmos de aprendizaje profundo multimodalidad.* Valencia.

Nishant, B., & Shrivastava, M. (2021). ResNet50-Based Effective Model for Breast Cancer Classification Using Histopathology Images. *Computer Modeling in*, 17.

Organización Mundial de la Salud. (01 de 02 de 2022). págs. https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/cancer.

Perez, N. A. (2020). *Modelo de clasificación automática de imágenes de resonancia magnética para el diagnóstico del cáncer de próstata.* Bogotá.

Qingge, J., He, W., Yankui, S., & Jie, H. (2019). Optimized Deep Convolutional Neural Networks for Identification of Macular Diseases from Optical Coherence Tomography Images. *MDPI*, 12.

Rodríguez, J. S. (10 de 2020). *Mendeley Data*. Obtenido de Prostate Whole Slide Images with Gleason Grades Annotations: https://data.mendeley.com/datasets/9xxm58dvs3/2

Rodríguez, J. S. (2020). *SICAPv2 - Prostate Whole Slide Images with Gleason Grades Annotations*. (M. Data, Editor) Obtenido de https://paperswithcode.com/dataset/sicapv2

Silva, J., Colomer, A., Salesc, M., Molina, R., & Naranjo, V. (2020). Profundizando en la escala de puntuación de Gleason: Un sistema automático de extremo a extremo para histología de próstata, clasificación y detección de patrones cribiformes.

Silva-Rodríguez, J. (20 de 07 de 2020). *SICAPv2 - Prostate Whole Slide Images with Gleason Grades Annotations*. Obtenido de https://data.mendeley.com/datasets/9xxm58dvs3/1

Society, A. C. (2021). *American Joint Committee on Cancer*.

Vázquez, J. R. (2020). Epidemiología del cáncer de próstata. *OF NEGATIVE & NO POSITIVE RESULTS*, 12.

Vizcaíno-Salazar, G. J. (2017). Importancia del cálculo de la sensibilidad, la especificidad y otros parámetros estadísticos en el uso de las pruebas del diagnóstico clínico y de laboratorio. En G. J. Vizcaíno-Salazar. Obtenido de https://docs.bvsalud.org/biblioref/2018/05/883697/importancia-calculo-sensibilidad-y-especifidad.pdf

Yanes Chacón, A., Villalobos Campos, N., & Cubas González, S. (2023). Cáncer de próstata: una perspectiva global.

Yasser Mk, O., Fahima A., M., & Abdelrahman I., S. (09 de 10 de 2019). Predicción de la interacción farmacológica con adenosina Receptores que utilizan técnicas de aprendizaje automático y SMOTE. *IEEAccess*.