

Clasificación de MRI con Redes Neuronales Convolucionales para Tipos de Cáncer

Andrés Castellano y Joshua Sancho

I. INTRODUCCIÓN

La imagen por resonancia magnética (IRM, por sus siglas en inglés MRI) es una herramienta esencial en la identificación y clasificación de distintos tipos de tumores cerebrales. En este contexto, las redes neuronales convolucionales (CNN) han mejorado significativamente la precisión del análisis automatizado de imágenes médicas, al aprender a detectar patrones visuales característicos de cada tipo de tumor. La adopción de técnicas de inteligencia artificial en el diagnóstico médico ha crecido de forma sostenida en los últimos años, con aplicaciones exitosas en enfermedades como cáncer, Alzheimer, y enfermedades cardiovasculares, gracias a su capacidad para procesar grandes volúmenes de datos clínicos e imágenes médicas [1].

Las imágenes de IRM consisten en volúmenes tridimensionales formados por múltiples cortes bidimensionales del cerebro. Sin embargo, procesar estos volúmenes completos puede resultar costoso en términos computacionales y demandar una considerable cantidad de tiempo y recursos, especialmente cuando se utilizan modelos profundos como las CNN. Estudios recientes han señalado que el análisis de volúmenes completos requiere etapas complejas de procesamiento, segmentación y normalización, lo que incrementa significativamente la carga computacional y limita la escalabilidad de estos sistemas en entornos clínicos reales [2].

Para abordar esta limitación, el presente trabajo se enfoca en la clasificación de imágenes individuales extraídas de los cortes de MRI, lo que permite simplificar el problema a una tarea de clasificación 2D y reducir la complejidad computacional sin comprometer la precisión del modelo.

II. METODOLOGÍA

Este estudio propone una red neuronal convolucional (CNN) diseñada desde cero para la clasificación automática de imágenes por resonancia magnética (IRM) en cuatro categorías: glioma, meningioma, adenoma hipofisario y tejido sano. A diferencia de enfoques que procesan volúmenes completos de IRM, este trabajo se enfoca exclusivamente en imágenes bidimensionales extraídas a cortes axiales, lo que reduce significativamente la carga computacional sin comprometer la precisión del modelo. La arquitectura fue implementada en PyTorch y se compone de bloques modulares denominados ConvBlock, que encapsulan operaciones comunes como convolución 2D, normalización por lotes, activación de ReLU y MaxPooling. La red consta de tres bloques secuenciales con canales crecientes (8, 16 y 32), seguidos por una capa de aplanamiento y un clasificador

denso con dos capas lineales y una activación ReLU intermedia. La función de pérdida utilizada fue CrossEntropyLoss, optimizada mediante descenso de gradiente estocástico (SGD) con una tasa de aprendizaje de 1e-2 durante 200 épocas.

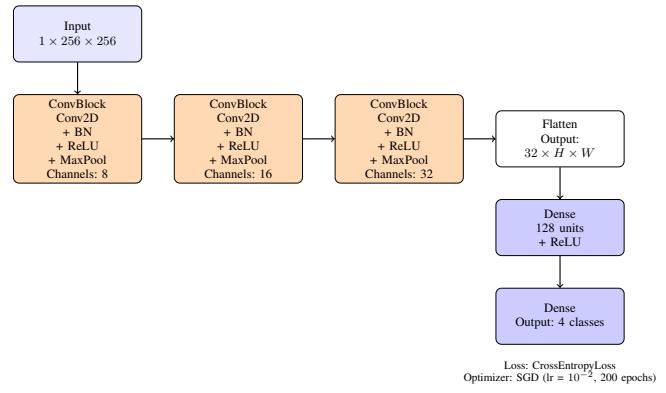


Fig. 1. CNN architecture with three ConvBlocks and dense classifier.

El conjunto de datos empleado fue el Brain Tumor MRI Scans Dataset, disponible públicamente en Kaggle. Esta base de datos contiene imágenes IRM axiales en formato JPG. Las imágenes fueron convertidas a escala de grises, redimensionadas a 256x256 pixeles y normalizadas con una media de 0.1837 y una desviación estándar de 0.1893. Durante el entrenamiento, se aplicaron técnicas de aumento de datos como recorte aleatorio y volteo horizontal para mejorar la generalización. La división del dataset se realizó de forma estratificada, asignando el 70% de las imágenes al entrenamiento, 20% a validación y 10% a prueba, garantizando una distribución balanceada de clases en cada subconjunto. Para evaluar el rendimiento del modelo, se implementaron métricas clave por clase a partir de matrices de confusión binarias. Estas métricas permiten obtener la precisión, sensibilidad (recall), F1-score y exactitud para cada una de las cuatro clases. Las métricas se actualizan automáticamente tras cada evaluación. Esta implementación permite un seguimiento detallado del comportamiento del modelo en cada categoría, lo cual es especialmente útil en contextos clínicos donde los errores de clasificación pueden tener consecuencias significativas.

En conjunto, la metodología propuesta combina una arquitectura CNN ligera y modular con una estrategia de procesamiento eficiente de imágenes 2D, un pipeline de datos automatizado y una evaluación detallada por clase. Esta aproximación se diferencia de trabajos previos al evitar el

procesamiento volumétrico completo, lo que permite reducir los requerimientos computacionales y facilitar su implementación en entornos con recursos limitados, sin sacrificar la calidad del diagnóstico automatizado.

III. RESULTADOS

En este trabajo se evaluó el desempeño de una arquitectura CNN propuesta para la clasificación automática de tumores cerebrales en imágenes de resonancia magnética (MRI), utilizando el dataset público disponible en Kaggle. El modelo fue entrenado para distinguir entre cuatro clases: glioma, healthy (tejido sano), meningioma y pituitary. La evaluación se realizó con un conjunto de prueba no utilizado durante el entrenamiento, analizando métricas estándar de clasificación como accuracy, precision, recall, y F1-score, además de la matriz de confusión por clase, con el objetivo de interpretar visualmente los errores de predicción. Los resultados se presentan a continuación, considerando tanto análisis cuantitativos como cualitativos.

TABLE I
RESULTADOS DE DESEMPEÑO POR CLASE

Clase	Accuracy (%)	Precision (%)	Recall (%)	F1 (%)
Glioma	97.30	91.81	96.91	94.29
Healthy	99.00	98.49	98.00	98.25
Meningioma	96.16	92.07	91.52	91.79
Pituitary	99.00	100.00	96.02	97.97

Los resultados cuantitativos muestran que el modelo alcanza un desempeño superior al 95% en todas las clases, con F1-scores por encima del 91%, lo que indica un equilibrio favorable entre precisión y sensibilidad. La clase healthy alcanzó un accuracy de 99%, precision de 98.49%, recall de 98.00% y F1-score de 98.25%, mientras que la clase pituitary obtuvo los valores más altos en precision y F1-score, con 100% y 97.97%, respectivamente. Glioma y meningioma también mostraron un desempeño sólido, con F1-scores de 94.29% y 91.79%, respectivamente. La observación de las matrices de confusión permite identificar que los errores de clasificación son mínimos, siendo los más frecuentes la confusión entre glioma y meningioma. La combinación de métricas indica que el modelo rara vez clasifica incorrectamente un tipo de tumor como otro y que detecta correctamente la mayoría de los tumores presentes en las imágenes, lo que resulta especialmente relevante en un contexto médico donde una clasificación errónea puede tener implicaciones clínicas significativas.

La interpretación general de estos resultados indica que la arquitectura CNN es efectiva para extraer patrones relevantes en las imágenes de resonancia magnética. La inclusión de bloques de convolución, normalización por lotes y activación ReLU permitió estabilizar el entrenamiento y reducir el riesgo de sobreajuste. Sin embargo, el enfoque presenta algunas limitaciones. La efectividad del modelo depende del preprocesamiento y de la resolución de entrada, y no se realizó una ablación sistemática para evaluar el impacto de cada componente de la arquitectura. Además,

no se evaluó el desempeño con imágenes provenientes de diferentes máquinas MRI o centros clínicos, lo que podría introducir sesgos en la predicción.

Como mejoras futuras, se sugiere implementar técnicas de data augmentation adaptativa basadas en la variabilidad anatómica, explorar modelos basados en transfer learning como ResNet o EfficientNet para comparar su desempeño con la CNN base, realizar un estudio de ablación para cuantificar la contribución de cada bloque de la arquitectura y aplicar técnicas de explicabilidad, como Grad-CAM, para identificar qué regiones de la imagen influyen en la predicción. En conjunto, los resultados obtenidos demuestran que la CNN propuesta es un enfoque prometedor para la clasificación de tumores cerebrales, mostrando tanto alta precisión como sensibilidad, y ofreciendo una base sólida para desarrollos futuros y aplicaciones clínicas potenciales.

IV. DISCUSIÓN

La arquitectura CNN propuesta demuestra ser efectiva para la clasificación de tumores cerebrales en imágenes de resonancia magnética, logrando altos niveles de precisión y sensibilidad en todas las clases. El modelo distingue entre glioma, meningioma, adenoma hipofisario y tejido sano con F1-scores superiores al 91%, incluso en casos donde gliomas pueden imitar meningiomas [3].

La CNN ligera basada en imágenes 2D reduce el tiempo de entrenamiento y los requerimientos de memoria, lo que facilita su implementación en entornos con recursos limitados o en tiempo real. Sin embargo, la diversidad de los datos originales —distintas máquinas MRI, protocolos y poblaciones— no fue completamente explorada, lo que podría afectar la generalización del modelo.

Los resultados muestran un desempeño sobresaliente, especialmente para tejido sano y adenoma hipofisario, con métricas superiores al 97%. La combinación de arquitectura modular y procesamiento eficiente mantiene la precisión sin los costos computacionales de enfoques volumétricos. Futuras investigaciones podrían explorar transfer learning, estudios de ablación y métodos de explicabilidad como Grad-CAM, además de ampliar la diversidad del dataset y evaluar la generalización en distintos entornos clínicos.

En conclusión, la CNN desarrollada es una herramienta prometedora y escalable para la clasificación de tumores cerebrales, con limitaciones reconocidas que aportan rigor y guían futuras mejoras en el campo del diagnóstico asistido por inteligencia artificial.

REFERENCES

- [1] R. Kumar, A. Singh, and M. Singh, "Artificial intelligence in healthcare: A comprehensive review and future directions," *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing*, vol. 14, pp. 1–25, 2023.
- [2] R. Kshatri and S. Singh, "Deep learning-based brain tumor classification: A comprehensive review," *Archives of Computational Methods in Engineering*, 2023.
- [3] D. Spandidos, K. Wang, M. Wang, "Gliomas mimicking meningiomas in magnetic resonance imaging: a review of radiological features and diagnostic pitfalls," *Molecular Medicine Reports*, vol. 5, no. 2, pp. 450–454, 2012.