

ENUNCIADO ACTIVIDAD FINAL

Módulo: PROGRAMACIÓN DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

El cáncer de próstata es uno de los tipos de cánceres más frecuentemente diagnosticados en todo el mundo. En concreto, ocupa la cuarta posición en cuanto a incidencia se refiere, lo cual es alarmante teniendo en cuenta que la enfermedad solo afecta a la mitad de la población (los hombres). Actualmente, el diagnóstico definitivo del cáncer de próstata viene precedido del examen visual de las muestras de tejido biopsiadas por parte del patólogo. Esta inspección manual consume grandes cantidades de tiempo y presenta un elevado grado de subjetividad entre diferentes patólogos. Por ello, en los últimos años, ha surgido la necesidad de desarrollar sistemas de ayuda al diagnóstico para reducir la gran carga de trabajo y el nivel de discordancia entre los especialistas. Dichos sistemas de ayuda al diagnóstico se basan en técnicas de inteligencia artificial aplicadas en regiones de tejido digitalizadas procedentes de las biopsias, como las que se observan en la Figura 1.

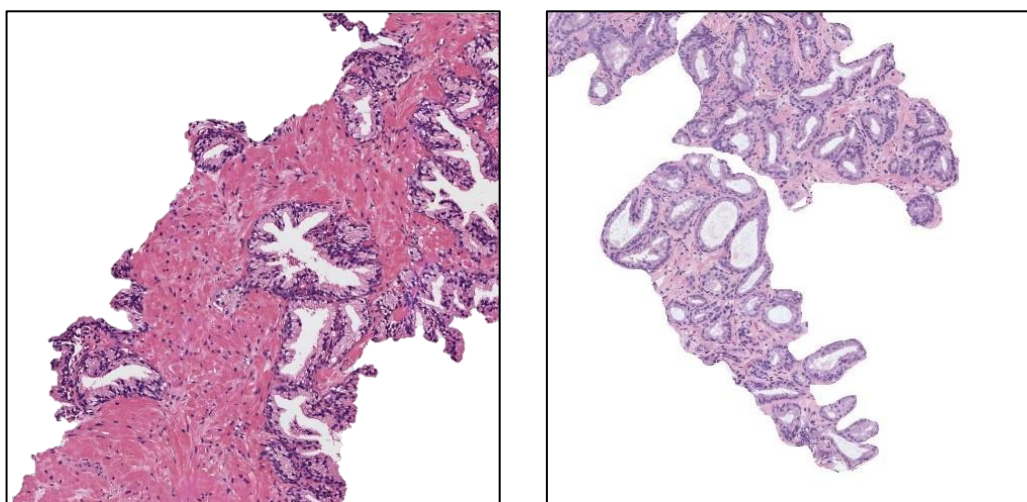


Figura 1. Ejemplos de imágenes histológicas de tejido prostático

A menudo, los sistemas de ayuda al diagnóstico propuestos en la literatura abogan por una clasificación automática de los diferentes niveles de severidad que se pueden encontrar en las muestras de próstata. En esta actividad vamos a ver cómo, mediante técnicas de extracción de características, podemos obtener información y reconocer patrones a partir de las imágenes histológicas que pueden ayudarnos a diferenciar un tejido sano de un tejido cancerígeno en su etapa inicial. Una de las principales estructuras que nos permiten hacer esta distinción es el estudio de las glándulas individuales que aparecen en las muestras biopsiadas. Una glándula individual suele presentarse rodeada de estroma (masa de tejido rosa) y está formada por el lumen (estructura de color blanco correspondiente al interior del vaso sanguíneo), el citoplasma (capa morada que envuelve al lumen) y los núcleos (estructura azul oscura que delimita la glándula). Véase la Figura 2.

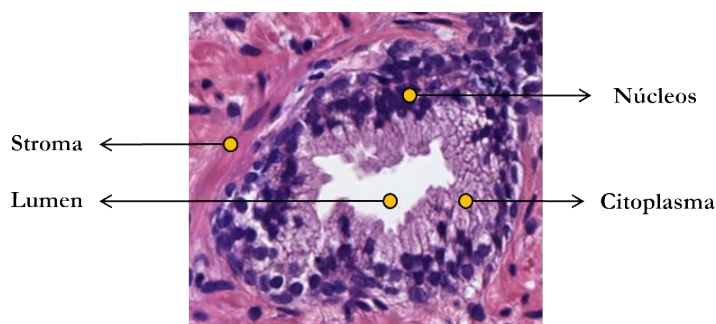


Figura 2. Glándula individual señalando los componentes histológicos más importantes.

Específicamente, en esta actividad, nos vamos a centrar en la estructura del lumen. Según recoge la literatura científica, la forma de los lúmenes de las glándulas puede actuar como un buen indicador para determinar si el tejido prostático es sano o cancerígeno. Los lúmenes que presentan un tamaño mayor y un aspecto más fusiforme (estrellado) suelen asociarse a un tejido sano, mientras que lúmenes más pequeños y redondeados encajan más con un perfil cancerígeno de Grado 3, según la escala *Gleason*.

En base a este criterio, se propone desarrollar un sistema de detección de lúmenes y aplicar descriptores geométricos que permitan caracterizar los lúmenes de las imágenes histológicas a fin de distinguir un tejido sano de un tejido cancerígeno en su etapa inicial.

Para ello se propone una actividad guiada de desarrollo en Python que tendrá que resolverse para rellenar los apartados de la plantilla entregable.

Tareas para realizar:

- 1) **Resuelve cada uno de los 9 apartados del documento “Actividad_Final_PIA.ipynb”.**
Nota: para poder resolver un apartado será necesario haber resuelto con éxito el anterior.
- 2) **Una vez creado el código para una de las muestras histológicas, repite el proceso para la otra imagen.**
- 3) **Rellena la plantilla con los resultados cualitativos y cuantitativos obtenidos durante las tareas 1 y 2 y contesta a la pregunta 3 justificando tu respuesta.**

Documentos para entregar:

- 1) Archivo “**Actividad_Final_PIA.ipynb**” con el código programado y ejecutado.
 - 2) Archivo “**Plantilla**” con las soluciones **en formato PDF**.
- **IMPORTANTE:** Los documentos se subirán con el nombre:
 - “Actividad_Final_PIA_Nombre_Apellido.ipynb”
 - “Plantilla_Resuelta_Nombre_Apellido.pdf”.

La **fecha límite** para entregar los documentos es el **10 de Mayo de 2025**, hasta las **23:59**.