

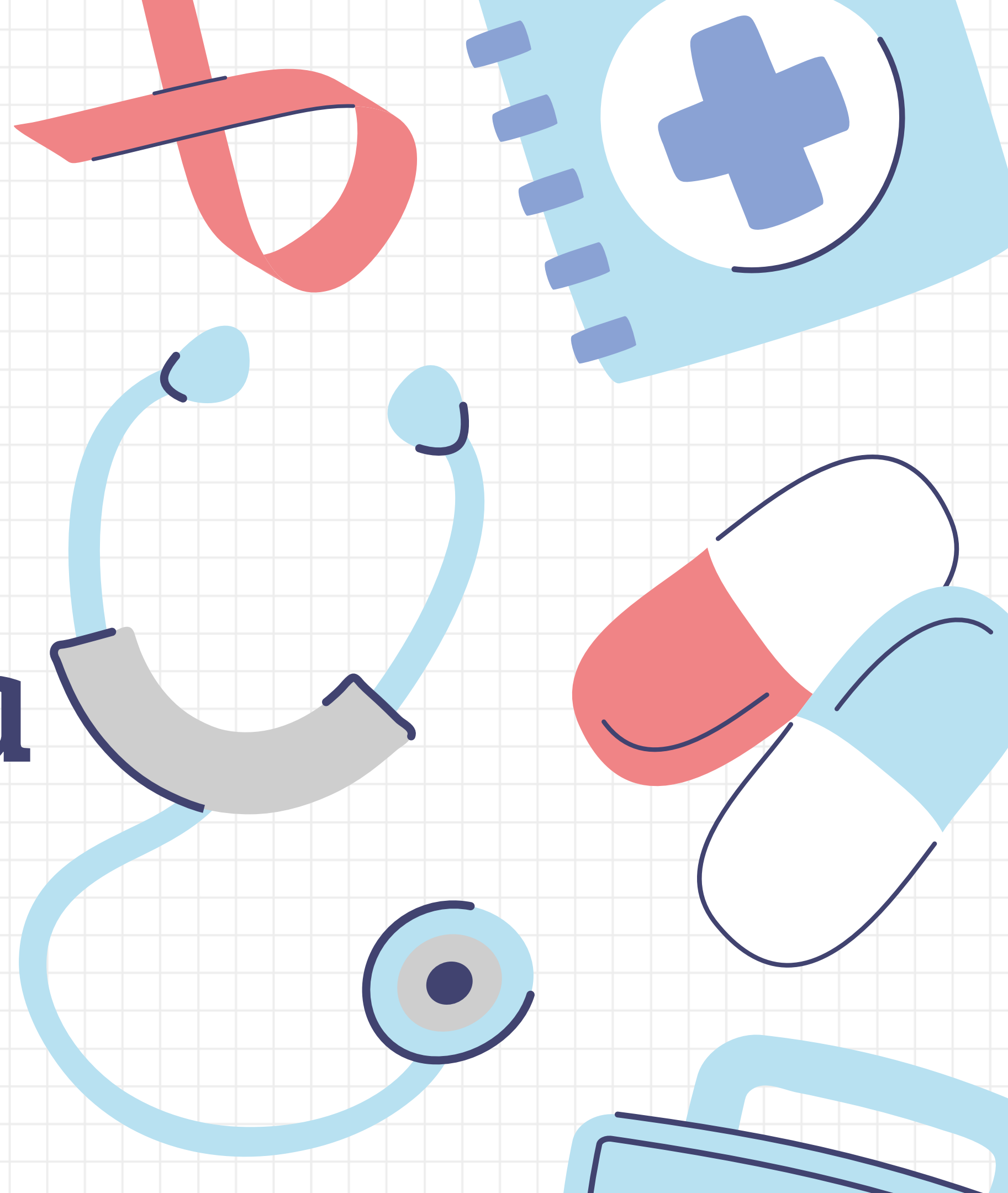
Cristopher Azurdia - 21000232

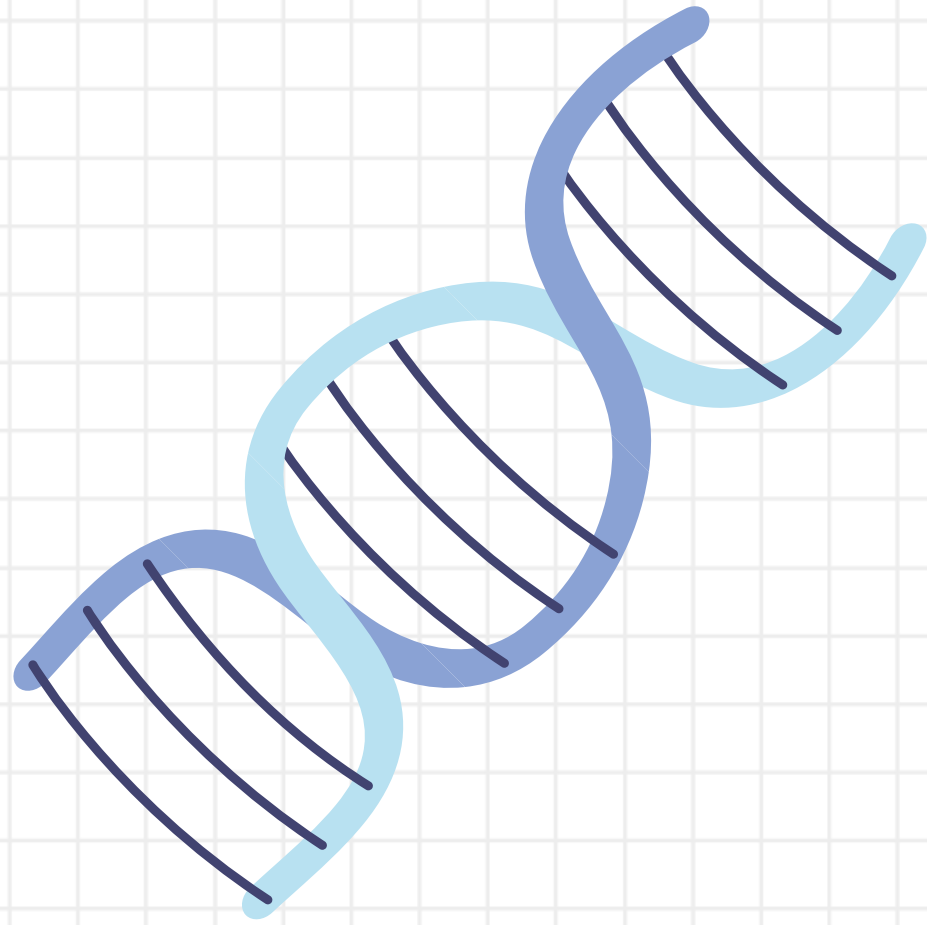
Ramón Rivas - 20000665

José Barrios - 21000478

Proyecto Póster Científico

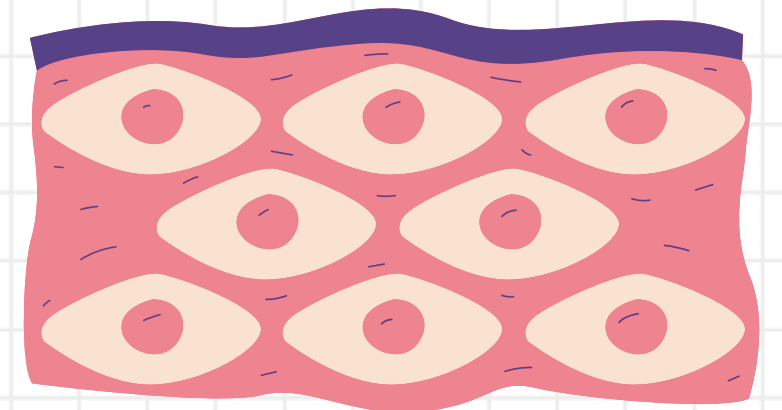
Dermatología





Agenda

1. Introducción
2. Breve explicación de enfermedades
3. Conceptos de Inteligencia Artificial
4. Data empleada
5. Entrenamiento de Modelos
6. Resultados
7. Posibles Mejoras
8. Conclusiones



Introducción

En este proyecto se aplican los conocimientos aprendidos en clase para explorar cómo se puede usar la inteligencia artificial. Implementamos un modelo que identifica enfermedades de la piel basándose en ciertos parámetros. También incluimos definiciones de las enfermedades y conceptos de IA para facilitar la comprensión del trabajo realizado.

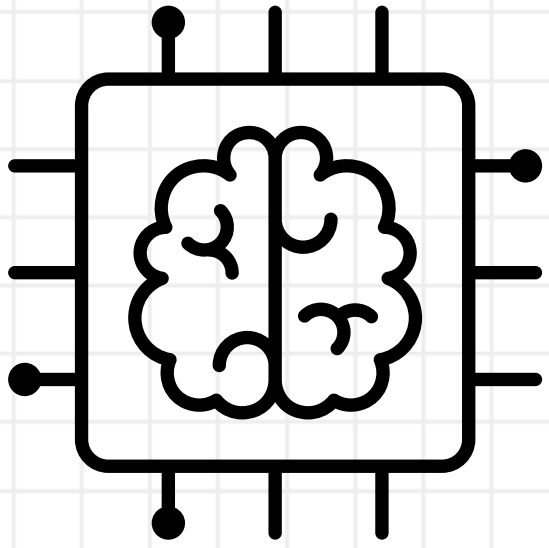


Enfermedades empleadas



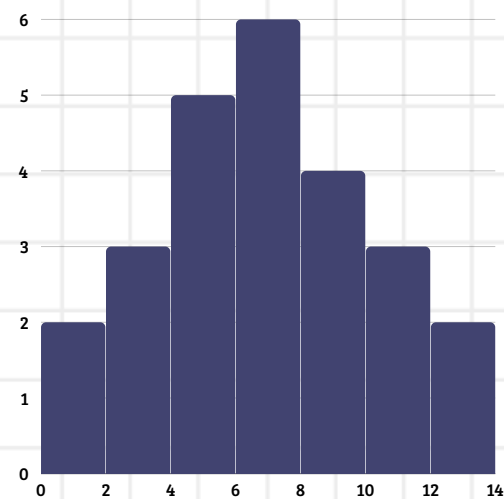
- Psoriasis: Enfermedad autoinmune que causa parches rojos y escamosos en la piel.
- Dermatitis seborreica: Afección crónica que provoca escamas y enrojecimiento, comúnmente en el cuero cabelludo.
- Lichen planus: Trastorno inflamatorio que produce erupciones púrpuras, planas y con picazón.
- Pitiriasis rosada: Enfermedad temporal que causa erupciones rosadas y escamosas en la piel.
- Dermatitis crónica: Inflamación persistente de la piel que causa enrojecimiento, picazón y sequedad.
- Pitiriasis rubra pilaris: Trastorno raro que provoca parches anaranjados, escamosos y engrosamiento de la piel.



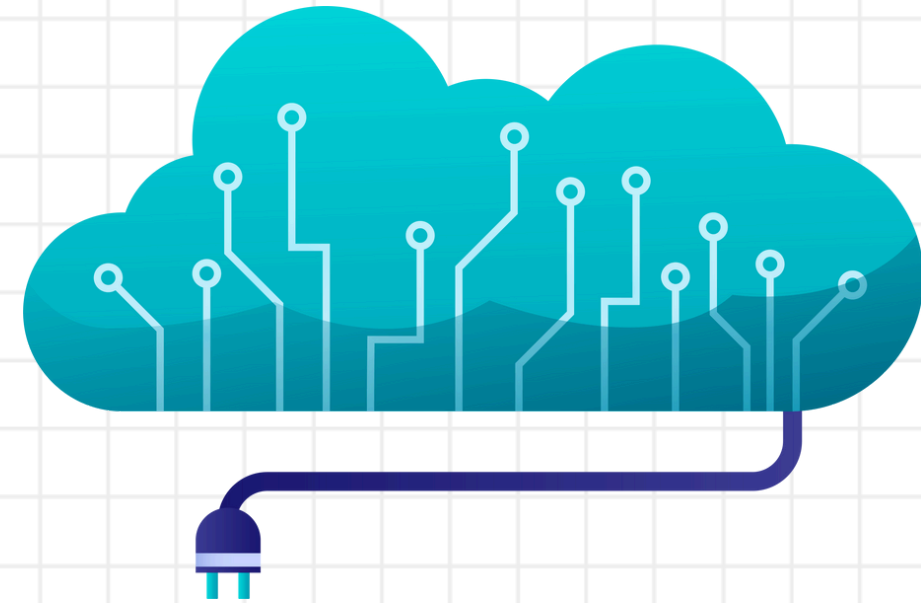


Términos de Inteligencia Artificial

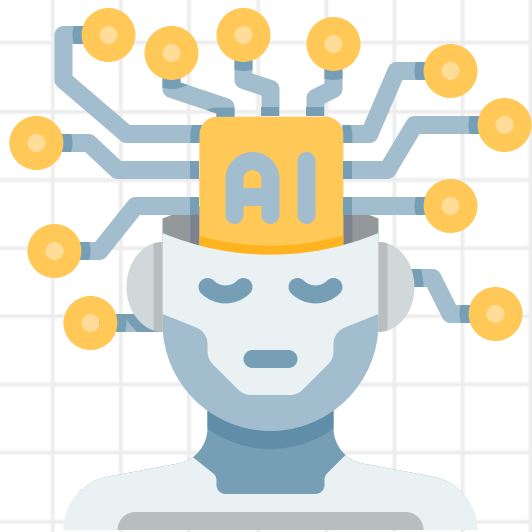
- Machine Learning: Es una rama de la inteligencia artificial que permite a las computadoras aprender de los datos y hacer predicciones sin ser programadas explícitamente.
- Red Neuronal: Es un modelo de machine learning inspirado en el cerebro humano. Consiste en capas de "neuronas" que procesan información y aprenden a reconocer patrones a partir de muchos datos.
- Inteligencia Artificial = IA
- En este proyecto, usamos conjuntos de datos para enseñar a la inteligencia artificial a identificar las enfermedades de la piel. Los datos ayudan a la IA a aprender qué valores considerar para hacer su detección.

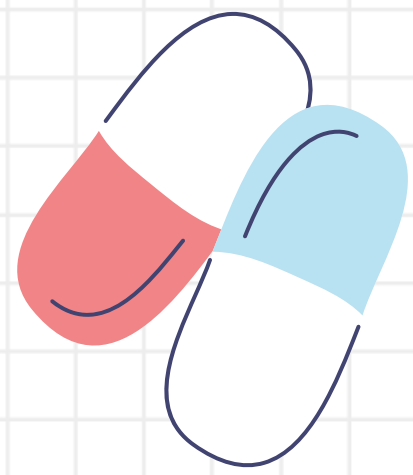


Más términos de IA



- Missing Values: Datos ausentes en un conjunto de datos, como casillas vacías.
- Normalización: Ajuste de datos a una escala común, generalmente entre 0 y 1.
- Oversampling: Crear copias de datos de una categoría minoritaria para equilibrar un conjunto de datos desbalanceado.



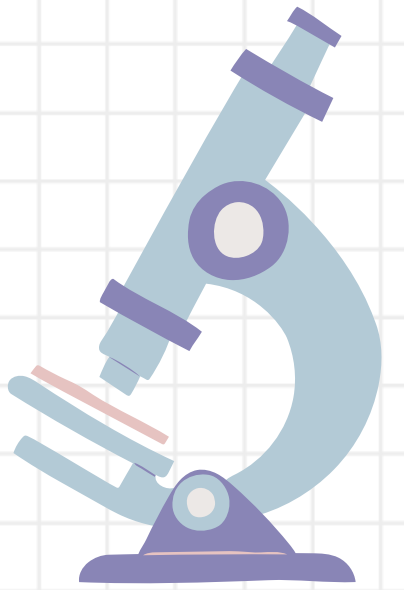


Atributos Clínicos usados para el entreno

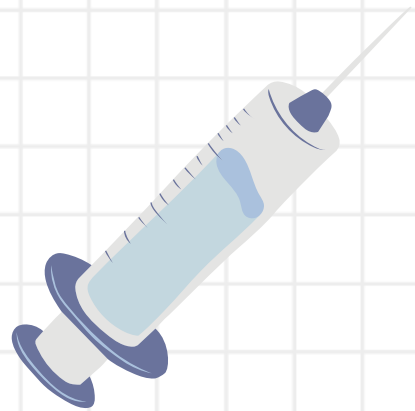
- | | |
|-----------------------|-------------------------------|
| 1. Erythema | 8. Oral mucosal involvement |
| 2. Scaling | 9. Knee and elbow involvement |
| 3. Definite borders | 10. Scalp involvement |
| 4. Itching | 11. Family history |
| 5. Koebner phenomenon | 12. Age |
| 6. Polygonal papules | |
| 7. Follicular papules | |



Atributos histopatológicos usados para el entreno



- | | |
|-------------------------------------|--|
| 1. Melanin incontinence | 11. Thinning of the suprapapillary epidermis |
| 2. Eosinophils in the infiltrate | 12. Spongiform pustule |
| 3. PNL infiltrate | 13. Munro microabcess |
| 4. Fibrosis of the papillary dermis | 14. Focal hypergranulosis |
| 5. Exocytosis | 15. Disappearance of the granular layer |
| 6. Acanthosis | 16. Vacuolisation and damage of basal layer |
| 7. Hyperkeratosis | 17. Spongiosis |
| 8. Parakeratosis | 18. Saw-tooth appearance of retes |
| 9. Clubbing of the rete ridges | 19. Follicular horn plug |
| 10. Elongation of the rete ridges | 20. Perifollicular parakeratosis |



Modelo con Mejor Resultado

```
modelo1 = tf.keras.models.Sequential([
    tf.keras.layers.InputLayer(input_shape=(34)),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=6, activation='softmax')
])

# Compilando
modelo1.compile(loss=tf.keras.losses.SparseCategoricalCrossentropy(), optimizer='adam', metrics=['accuracy'])

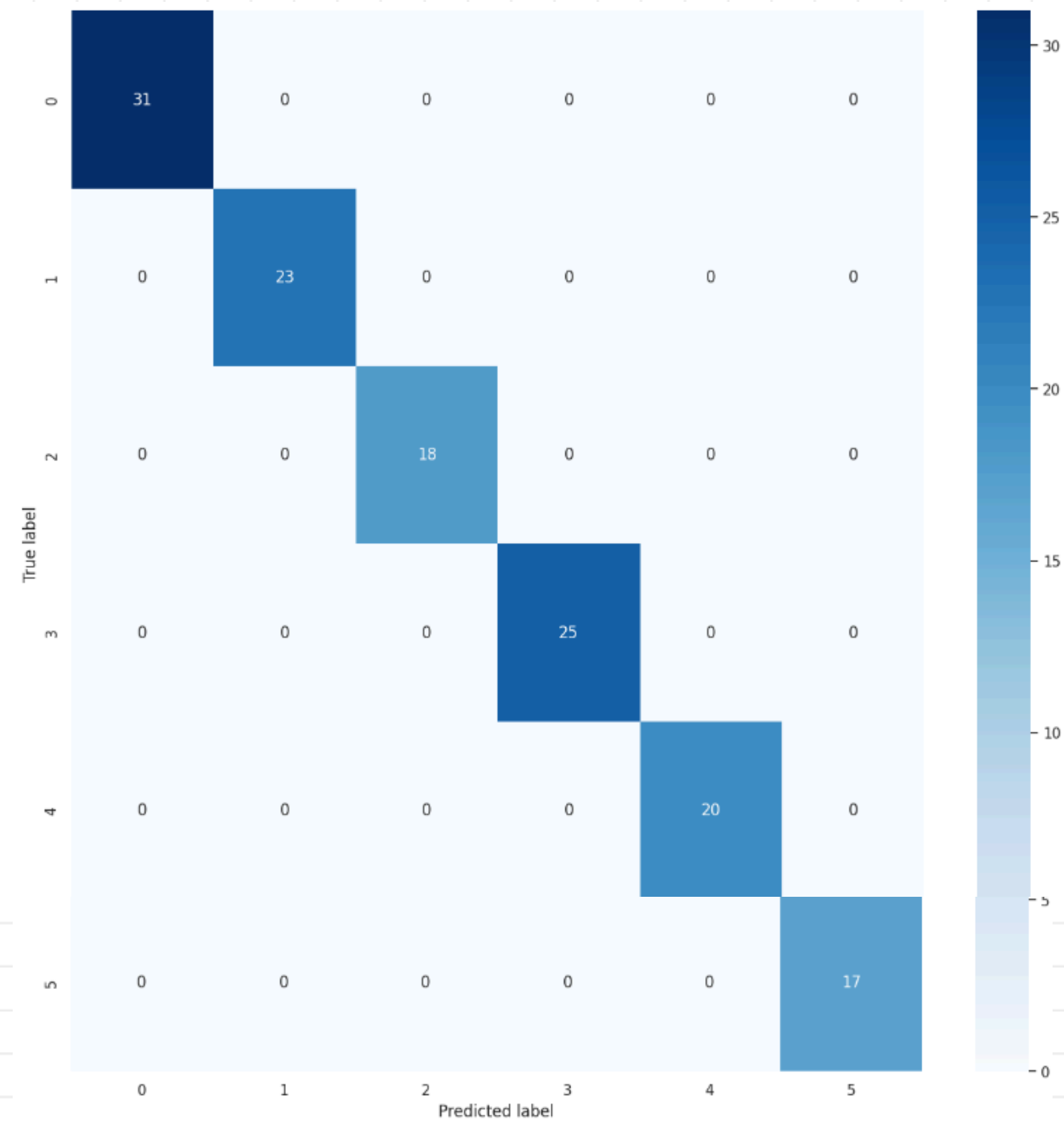
# Nentrenando
modelo1.fit(train_set,
            train_target,
            epochs=100,
            batch_size = 128 ,
            validation_split=0.2,
            callbacks=[earlystopping_callback]
        )
```

Evaluación del Modelo

```
[ ] modelo1.evaluate(x=test_set, y=test_target, batch_size=128)
```

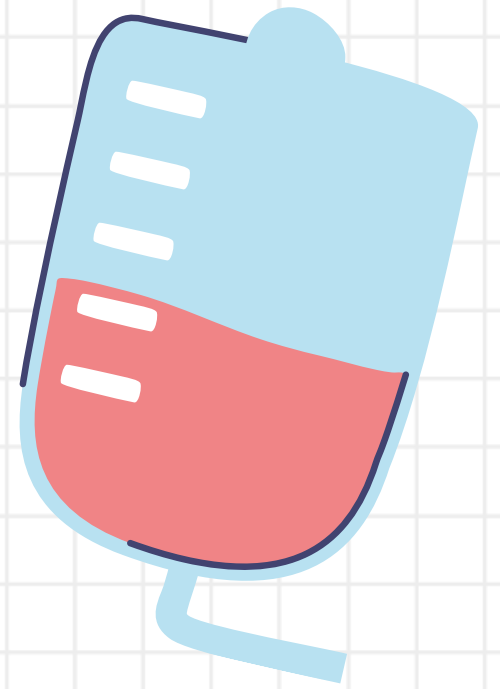
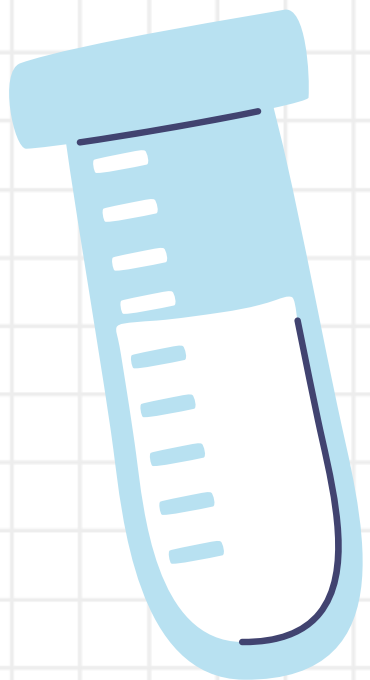
```
➡ 2/2 [=====] - 0s 7ms/step - loss: 0.0363 - accuracy: 1.0000
[0.03630714491009712, 1.0]
```

Matriz de Confusión



Conclusiones

En conclusión, al llevar a cabo este proyecto, descubrimos diversas maneras de crear un modelo que identifica enfermedades dermatológicas. La calidad y precisión de los datos resultaron ser fundamentales para el éxito del modelo, aunque es importante considerar que los datos disponibles no siempre serán ideales. Además, entendimos mejor cómo se evalúan los casos médicos en dermatología y reflexionamos sobre el impacto revolucionario de la inteligencia artificial en el campo de la medicina.





Mejoras a Futuro

Ampliación del Conjunto de Datos:

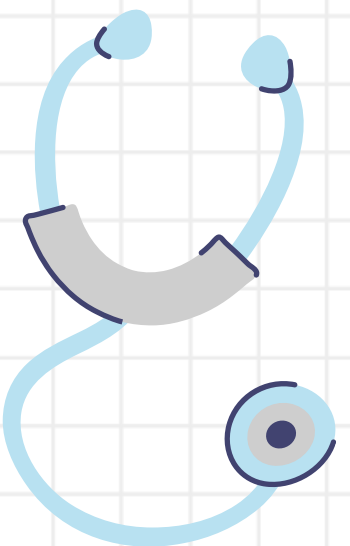
- **Más Datos:** Obtener más datos para mejorar la representatividad y la capacidad del modelo para generalizar a casos nuevos.
- **Diversidad de Datos:** Incluir datos de diversas fuentes y poblaciones para mejorar la robustez del modelo.

Preprocesamiento de Datos:

- **Feature Engineering:** Crear nuevas características a partir de las existentes para capturar mejor la información relevante.

Optimización del Modelo:

- **Ajuste de Hiperparámetros:** Realizar una búsqueda de hiperparámetros más exhaustiva usando técnicas como Grid Search o Random Search.
- **Ensemble Learning:** Combinar múltiples modelos para mejorar la precisión y la robustez del modelo.



QR Poster





Dermatología con IA

Introducción

En este proyecto, se entrenó una inteligencia artificial con el objetivo de identificar enfermedades de la piel mediante el análisis de ciertos parámetros. Se presentará la metodología empleada, los mejores resultados obtenidos, las conclusiones alcanzadas y las posibles mejoras a considerar en el futuro.

Descripción del Dataset

El conjunto de datos que utilizamos para el entrenamiento cuenta con 34 características (parámetros a usar) y 366 instancias (cantidad de datos disponibles). Además, tenemos una característica llamada 'clase', que indica la enfermedad correspondiente según los otros parámetros. Las características están divididas entre atributos clínicos y atributos histopatológicos.

A partir de los datos, podemos inferir lo siguiente: no existen datos de tipo "object", por lo que no será necesario mapearlos. La edad está fuera del rango del resto de los parámetros, por lo que debemos normalizarla. Contamos con 34 entradas (inputs) y una clasificación, y hay 6 salidas (outputs) correspondientes a las 6 clases. En la página del dataset, se observó que una clase contiene valores faltantes (missing values), por lo que deben ser corregidos. Además, las clases no están bien balanceadas, por lo que debemos crear datos sintéticos para equilibrarlas.

Metodología

Lo primero a realizar en el preprocesamiento es la eliminación de los valores faltantes. Dado que el dataset indica que existen estos valores, optamos por eliminarlos ya que no suelen aportar nada útil.

Se realiza una normalización, que consiste en convertir valores que tienden a tener una gran variación en valores entre 0 y 1. Esto facilita el análisis de los datos.

1	psoriasis	112
2	seboric dermatitis	61
3	lichen planus	72
4	pityriasis rosea	49
5	ronic dermatitis	52
6	pityriasis rubra pilaris	20

Figura 1

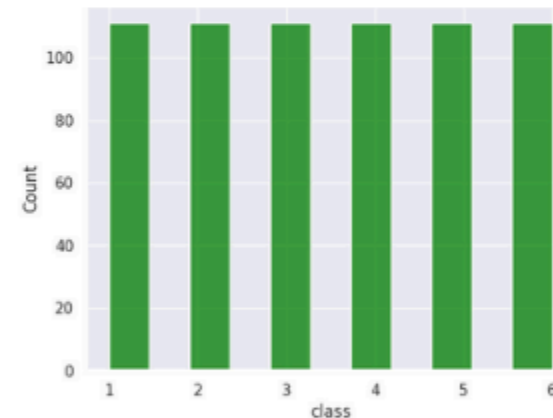


Figura 2

Resultados

Modelo con mejor resultado:

```
modelo1 = tf.keras.models.Sequential([
    tf.keras.layers.InputLayer(input_shape=(34)),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=32, activation='relu'),
    tf.keras.layers.Dense(units=6, activation='softmax')
])

# Compilando
modelo1.compile(loss=tf.keras.losses.SparseCategoricalCrossentropy(), optimizer='adam', metrics=['accuracy'])
```

Accuracy

```
[ ] modelo1.evaluate(x=test_set, y=test_target, batch_size=128)
```

```
2/2 [=====] - 0s 7ms/step - loss: 0.0363 - accuracy: 1.0000
[0.03630714491009712, 1.0]
```

Confusion Matrix

		Table 1: Matriz de confusión					
		Predicted label					
True label		0	1	2	3	4	5
0		31	0	0	0	0	0
1		0	23	0	0	0	0
2		0	0	18	0	0	0
3		0	0	0	25	0	0
4		0	0	0	0	20	0
5		0	0	0	0	0	17



Integrantes:

Cristopher Azurdia
-21000232-
Ramón Rivas
-20000665-
José Barrios
-21000478-

Conclusiones

En conclusión, este proyecto nos mostró diferentes formas de crear un modelo para identificar enfermedades de la piel. La calidad y precisión de los datos son cruciales, aunque no siempre son perfectos. También aprendimos sobre la evaluación médica en dermatología y el impacto revolucionario de la inteligencia artificial en la medicina.

Mejoras a futuro

Trabajar con más datos y de diversas fuentes para mejorar la representatividad y robustez del modelo. A demás, crear nuevas características a partir de las existentes con Feature Engineering. Ajustar hiperparámetros exhaustivamente y Ensemble Learning para combinar varios modelos para mayor precisión y robustez.

Proyecto Póster Científico

**¡Muchas
gracias!**

