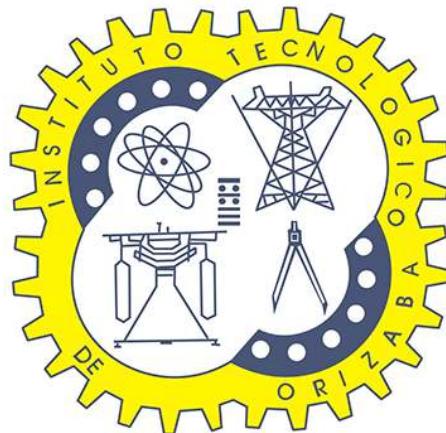


Departamento de estudios de posgrado

**Despliegue en Hardware de un Sistema de Diagnóstico
Asistido por Computadora basado en Deep Learning para la
clasificación y detección de células de cáncer cervicouterino
en un examen de Papanicolau**

Tesis para obtener el grado de
Maestro en Ingeniería Industrial

Autor: I.S.C Marco Julio Del Moral Argumedo
Director: Dr. Alberto Alfonso Aguilar Lasserre
Codirector: Dr. Rubén Posada Gómez



Tecnológico Nacional de México
Instituto Tecnológico de Orizaba

‘Nuestras mentes son finitas
e inclusive en estas circunstancias
de finitud estamos rodeados de posibilidades
que son infinitas, y el propósito de la vida humana
es asir lo más posible de tal infinitud’”

Alfred North Whitehead

Dedicatorias

Agradecimientos

Resumen

El cáncer cérvico-uterino es un padecimiento con graves repercusiones en todos los estratos que componen nuestra sociedad. Es un tipo de cáncer que tiene una tasa sumamente alta de recuperación, con la condición de que se diagnostique de manera expedita y precisa. En nuestro país aún mueren muchas mujeres a causa de este cáncer y, siendo causa directa los problemas en el diagnóstico, se propone la creación de una herramienta que agilice y profundice este procedimiento. Para el diagnóstico de cáncer cervicouterino se requiere un análisis profundo de imágenes tomadas de muestras de las pacientes en un examen llamado Papanicolau. Se procede a observar detenidamente las laminillas y buscar células atípicas que se presentan en distintas variedades. En particular se buscan aquellas que indiquen malformaciones en el núcleo celular, clásico indicador de cambios en el código genético y, por ende, cáncer.

Múltiples factores inciden en la eficacia terminal del diagnóstico: desde la edad del paciente, experiencia del tomador de la muestra, contaminación ambiental, calidad del microscopio, estado mental del experto cito-tecnólogo, degradación de la vista, actividad sexual reciente y un sinfín de factores que crean ruido en la emisión del diagnóstico. Esto sumado a que en nuestro país (y a nivel mundial), se ha incrementado exponencialmente la toma de muestras, esto debido a políticas públicas de sanidad aplicadas para combatir el cáncer.

Se propone en este trabajo el diseño conceptual de una herramienta de diagnóstico asistido por computadora, capaz de permitir al experto cito-tecnólogo clasificar, identificar y contar células atípicas dentro de una muestra de Papanicolau con el objetivo de incrementar la tasa de revisión por jornada laboral, reducir la cantidad de falsos positivos y falsos negativos, reducir la fatiga visual que degrada la vista del experto y aumentar la eficacia total del procedimiento de diagnóstico.

Para ello se pretenden diseñar dos componentes: el primero es un Sistema de Diagnóstico Asistido por Computadora basado en imágenes que contará como motor de inferencia una Red Neuronal Convolucionada, que presenta la ventaja de no requerir una minería de características previas para analizar la imagen, lo cual simplifica el modelo y permite implementarlo en el segundo componente; un sistema de hardware embebido, que es una computadora miniaturizada con restricciones de memoria y procesamiento pero que, si se optimiza previamente el modelo de clasificación, puede realizar todos los cálculos matriciales necesarios para la ejecución de una Red Neuronal Convolucionada.

La propuesta pretende ofrecer una solución integral y de fácil implementación, así como bajo costo, para maximizar el horizonte de implementación de la misma.

Palabras clave: Deep learning, cáncer cérvico-uterino, red neuronal convolucionada, diagnóstico asistido por computadora

Índice general

Resumen	1
Índice general	3
Índice de figuras	9
Índice de tablas	13
Índice de algoritmos	15
Índice de ecuaciones	15
Nomenclatura	19
1 Generalidades	21
1.1 Introducción	22
1.2 Planteamiento del problema	22
1.3 Objetivos	24
1.3.1 Objetivo General	24
1.3.2 Objetivos Específicos	24
1.4 Justificación	24
1.5 Estado del Arte	26
1.6 Conclusión	34
2 Marco Teórico	39
2.1 Introducción	40
2.2 El cáncer	40
2.2.1 Historia y causas	41
2.2.1.1 Causas genéticas	42
2.2.1.2 Causas ambientales	42
2.2.1.3 Causas infecciosas	43
2.2.2 Cáncer cérvico-uterino	43
2.2.2.1 Síntomas	44
2.2.2.2 Desarrollo	45
2.2.3 Epidemiología	45
2.2.3.1 Factores de riesgo	46
2.2.3.2 Mortalidad	47

2.2.4	Diagnóstico	47
2.2.4.1	Examen de Papanicolaou	48
2.2.4.2	<i>Bethesda System</i>	50
2.3	Inteligencia Artificial	51
2.3.1	Procesamiento Digital de imágenes	53
2.3.1.1	Enfoque	53
2.3.1.2	Orígenes	54
2.3.1.3	Métodos	55
2.3.1.4	Espacios de color	56
2.3.1.5	Manejo computacional de una imagen	57
2.3.1.6	Captura de imagen	58
2.3.2	Machine Learning	59
2.3.2.1	Fases del Machine Learning	60
2.3.2.2	Tipos y algoritmos de Machine Learning	62
2.3.3	Selección de modelo	65
2.3.3.1	Conjuntos de datos	65
2.3.3.2	Estimación el error de generalización	66
2.3.3.3	Validación cruzada de K-iteraciones	66
2.3.3.4	Sesgo contra varianza	68
2.3.3.5	Sobre-ajuste contra infra-ajuste	68
2.3.3.6	Dilema sesgo-varianza	69
2.3.4	Evaluación de un modelo de clasificación	70
2.3.4.1	Valores generales	70
2.3.4.2	Métricas evaluadas	71
2.3.4.3	Pruebas de diagnóstico	73
2.3.5	Deep Learning	73
2.3.5.1	Hardware	74
2.3.5.2	Datos	77
2.3.5.3	Redes neuronales convolucionales	77
2.3.5.4	Capas	78
2.3.5.5	Entrenamiento	81
2.3.6	Arquitecturas	83
2.3.6.1	VGG19	83
2.3.6.2	Unet	85
2.3.6.3	Software	89
2.4	Conclusión	90
3	Sistema de diagnóstico asistido por computadora	91
3.1	Introducción	92
3.2	Metodología básica	92
3.3	Análisis general	93
3.3.1	Definir el problema bajo el dominio	94
3.3.2	Búsqueda de soluciones previas	94
3.3.3	Determinar tipo de problema	95
3.3.4	Generación de supuestos	95

ÍNDICE GENERAL

3.3.5 Propuesta	96
3.4 Obtención de datos	96
3.4.1 Determinar datos necesarios	96
3.4.2 Capturar u obtener datos	97
3.4.3 Crear repositorios	98
3.4.4 Crear entorno de trabajo	98
3.4.4.1 <i>Jupyter Notebooks</i>	98
3.4.4.2 Configuración	99
3.4.5 Datos	100
3.5 Exploración	100
3.5.1 Análisis de atributos	100
3.5.1.1 Atributos para la clasificación	101
3.5.1.2 Conteo de clases y categorías	101
3.5.1.3 Análisis de dato individual	102
3.5.2 Aplicar estadísticas	102
3.5.2.1 Análisis de correlación	102
3.5.3 Visualización	103
3.5.3.1 Muestras	103
3.5.4 Identificar transformaciones	104
3.5.4.1 Transformaciones aplicables a imágenes	105
3.5.5 Información	105
3.6 Preprocesamiento	106
3.6.1 Limpieza de datos	106
3.6.2 Ingeniería de características	106
3.6.3 Selección de características	106
3.6.4 Aumentación	107
3.6.5 Conocimiento	108
3.7 Elección algorítmica	109
3.7.1 Probar distintos algoritmos	109
3.7.1.1 Arquitecturas probadas	110
3.7.2 Comparar rendimiento	110
3.7.3 Analizar métricas	110
3.7.4 Seleccionar los mejores algoritmos	112
3.7.4.1 Algoritmo ganador	112
3.7.5 Experimento	113
3.8 Ajustar modelo	113
3.8.1 Implementar validación cruzada	114
3.8.1.1 Clasificación binaria	114
3.8.1.2 Clasificación multi-clase	115
3.8.2 Elegir hiperparámetros	116
3.8.2.1 Clasificación binaria	116
3.8.2.2 Clasificación multi-clase	116
3.8.2.3 Segmentación semántica	116
3.8.3 Entrenar modelo	117
3.8.3.1 Clasificación binaria	118

3.8.3.2 Clasificación multi-clase	120
3.8.3.3 Segmentación semántica	123
3.8.4 Evaluar modelo	124
3.8.4.1 Clasificación binaria	124
3.8.4.2 Clasificación multi-clase	131
3.8.4.3 Segmentación semántica	139
3.8.5 Análisis del modelo y comprobación de supuestos	143
3.8.5.1 Análisis de las capas del modelo	144
3.8.5.2 Análisis de supuestos	148
3.8.6 Modelo	153
3.9 Implementación	154
3.9.1 Determinar plataforma final	155
3.9.1.1 Condiciones de uso	156
3.9.1.2 Plataforma	156
3.9.2 Adecuar modelo para despliegue	158
3.9.2.1 <i>Tensorflow Lite</i>	158
3.9.3 Solucionar integración	159
3.9.3.1 Dispositivo de Hardware	159
3.9.3.2 Impresión 3D	163
3.9.4 Creación del software	169
3.9.4.1 Configuración de LINUX	170
3.9.4.2 Interface gráfica	171
3.9.5 Sistema	174
3.10 Conclusión	175
4 Comentarios finales	177
4.1 Introducción	178
4.2 Resultados	178
4.3 Trabajo futuro	183
4.4 Productividad	184
4.4.1 Ponencia en CiLOG 2018	184
4.4.2 Capítulo de Libro	185
4.4.3 Estancia Internacional de Investigación	187
4.4.4 Patente	188
4.4.5 Derechos de autor	189
4.4.6 Artículos a publicar	189
4.4.7 Premios y distinciones	190
4.4.7.1 Segunda emisión de las Olimpiadas de la Innovación IMSS	190
4.4.7.2 Quinto premio a la Innovación del STCM	190
4.4.8 Artículo JCR	191
4.5 Conclusiones	193
A Propuesta para donación	195
A.1 Propuesta	196
A.2 Correo de aceptación	198

ÍNDICE GENERAL

B Comparativa de arquitecturas	199
B.1 DenseNet201	200
B.2 InceptionResNetV2	201
B.3 InceptionV3	203
B.4 MobileNet	204
B.5 MobileNetV2	206
B.6 NASNetLarge	207
B.7 NASNetMobile	209
B.8 ResNet50	210
B.9 VGG16	212
B.10VGG19	213
B.11Xception	215
C Resultados por época de entrenamiento	217
C.1 Rendimiento por época para clasificación binaria	218
C.2 Rendimiento por época para clasificación multi-clase	219
C.3 Rendimiento por época en segmentación	220
Bibliografía	221

ÍNDICE GENERAL

Índice de figuras

1.1 Diagrama del diseño conceptual	37
2.1 Localización anatómica del cervix	44
2.2 Desarrollo del cáncer	45
2.3 Comparativa entre células del cérvix	48
2.4 Prueba de Papanicolau	49
2.5 Prueba de Papanicolau: resultados	50
2.6 Ciclo de displasia celular y su relación con el cérvix	51
2.7 Técnicas y ejemplos de Inteligencia Artificial	52
2.8 Las imágenes y su procesamiento	54
2.9 Uno de los primeros ejemplos de imagen digital	55
2.10 Imagen como función (escala de grises)	56
2.11 RGB	57
2.12 Arreglos n dimensionales y su representación gráfica con el módulo Numpy	58
2.13 Esquema de una cámara digital	59
2.14 Metodología tradicional para crear un sistema inteligente	60
2.15 Metodología de Machine Learning para crear un sistema inteligente	60
2.16 Fases básicas del Machine Learning	61
2.17 Un nuevo paradigma	62
2.18 Tareas del aprendizaje supervisado	62
2.19 Clustering	63
2.20 Ejemplo de Validación Cruzada	67
2.21 Infra-ajuste vs sobre-ajuste vs buen ajuste	68
2.22 Sesgo y varianza y su relación con el infra-ajuste y el sobre-ajuste	69
2.23 El dilema sesgo-varianza	70
2.24 Compañías líderes en GPUs	75
2.25 CPU vs GPU	75
2.26 Titan V	76
2.27 ImageNet	77
2.28 Diagrama de funcionamiento de una ConvNet	78
2.29 Diagrama de una ConvNet	79
2.30 La convolución aplicada a una imagen	80
2.31 Comparación entre ReLU y Sigmoidal	80
2.32 Maxpooling para regiones de 2×2	81

2.33 Rendimiento de algoritmos de optimización en la BD de MNIST	83
2.34 Diagrama de la arquitectura VGG19	84
2.35 Ejemplos de aplicaciones de U-net	86
2.36 La arquitectura U-net	87
2.37 Tensorflow y Keras	89
3.1 Diagrama de la metodología	93
3.2 Tipos de visión por computadora eon Deep Learning	95
3.3 Interface de un <i>Jupyter Notebook</i>	99
3.4 Anaconda Navigator	99
3.5 Imagen de célula y su máscara segmentada	102
3.6 Correlación entre características del archivo	103
3.7 Muestreo de la BD	104
3.8 Muestreo de la BD	104
3.9 Tipos de simetría	105
3.10 Ejemplo de <i>One-Hot Encoding</i>	106
3.11 Muestreo de la BD aumentada (células)	108
3.12 Muestreo de la BD aumentada (máscaras)	108
3.13 Hiperparámetros para búsqueda de algoritmos	110
3.14 Gráfica de comparativa de exactitud	111
3.15 Gráfica de comparativa de pérdida	112
3.16 Kfold de 10 iteraciones binario	115
3.17 Kfold de 10 iteraciones multi-clase	115
3.18 Hiperparámetros para dos clases	116
3.19 Hiperparámetros para siete clases	116
3.20 Hiperparámetros para segmentación semántica	117
3.21 Pérdida binaria	120
3.22 Precisión binaria	120
3.23 Pérdida con 7 clases	122
3.24 Exactitud con 7 clases	122
3.25 Gráfico de pérdida, se nota fluctuación en validación	123
3.26 Gráfico de Intersección sobre Unión	124
3.27 Gráficos de caja binarios	125
3.28 Gráfica de caja de la variación binaria	126
3.29 Matrices de confusión	127
3.30 Reporte de clasificación binario para métricas que deben tender a 0	128
3.31 Reporte de clasificación binario para métricas que deben tender a 1	129
3.32 Curva Receiver Operating Characteristic (ROC) y el Área bajo la curva (AUC)	130
3.33 Muestreo de pruebas mal clasificadas binarias	131
3.34 Gráficos de caja multi-clase	132
3.35 Gráfica de caja de la variación multi-clase	133
3.36 Matriz de confusión normalizada multi-clase	134
3.37 Matriz de confusión sin normalizar con 7 clases	135
3.38 Reporte de clasificación multi-clase para métricas que deben tender a 0	136

ÍNDICE DE FIGURAS

3.39 Reporte de clasificación multi-clase para métricas que deben tender a 1	137
3.40 ROC y AUC multi-clase	138
3.41 Muestreo de pruebas mal clasificadas para 7 clases	139
3.42 Gráficos de caja	140
3.43 Gráfica de caja de la variación en segmentación	141
3.44 Muestreo de máscaras de validación	142
3.45 Pruebas en imagen de laminilla	143
3.46 Visualización de filtros convolucionales	145
3.47 Filtros de la última capa: block5_conv4	146
3.48 Activaciones de capas <i>MaxPool</i> intermedias con entrada de célula canerígena	147
3.49 Visualizaciones de la última capa densa para 7 clases	148
3.50 Visualización de mapas de prominencia y comparativa	149
3.51 Grad-CAM: Gradient-weighted Class Activation Mapping y muestras de comparativa	150
3.52 Prueba de oclusión para todas las clases	151
3.53 Hiperparámetros para <i>t-SNE</i>	151
3.54 Reducción de dimensionalidad con t-sne	153
3.55 Nombre, logo y eslogan del sistema	155
3.56 Nvidia Jetson Nano	157
3.57 Comparativa entre tres SE	157
3.58 Diagrama del proceso de <i>Tensorflow Lite</i>	159
3.59 Componentes para ensamblar el SDAC	160
3.60 Ventilador Noctua NF-A4x20 5V PWM	162
3.61 Jetson Nano integrado con Noctua	162
3.62 Impresora Form2 de resina fotopolímera	163
3.63 Impresora Pro2Plus de filamento plástico	164
3.64 Ejemplo de uso del adaptador impreso en 3D	164
3.65 Interface táctil de la impresora Form2	165
3.66 Interface táctil de la impresora Form2	165
3.67 Interface táctil de la impresora Form2	166
3.68 Adaptador de cámara Jetson Nano	166
3.69	167
3.70 Adaptadores para conectar la cámara al microscopio	167
3.71 Adaptador de cámara Jetson Nano	167
3.72 Resultado final de la impresión 3D	168
3.73 Impresión terminada de la carcasa	168
3.74 Experimento para la impresión de la carcasa	169
3.75 Ejemplo de uso de la carcasa final	169
3.76 Diagrama general del sistema	170
3.77 Linux personalizado de Nvidia en Jetson	171
3.78 La arquitectura de Kivy	172
3.79 Linux personalizado de Nvidia en Jetson	173
3.80 Linux personalizado de Nvidia en Jetson	174
3.81 Muestra del prototipo con la interface del sistema	175

4.1 Fase del despliegue	183
4.2 Congreso Internacional de Logística y Cadena de Suministro	184
4.3 Portada	186
4.4 Instituciones francesas de la estancia	187
4.5 Resultados del experimento con <i>NSGA2</i>	188
4.6 IMPI	188
4.7 INDAUTOR	189
4.8 Olimpiadas de la Innovación IMSS	190
4.9 Medalla del quinto premio de innovación STCM	191
4.10 MDPI	191
A.1 Correo de aceptación para la donación	198
B.1 Gráfica de resultados DenseNet201	200
B.2 Gráfica de resultados InceptionResNetV2	202
B.3 Gráfica de resultados InceptionV3	203
B.4 Gráfica de resultados MobileNet	205
B.5 Gráfica de resultados MobileNetV2	206
B.6 Gráfica de resultados NASNetLarge	208
B.7 Gráfica de resultados NASNetMobile	209
B.8 Gráfica de resultados ResNet50	211
B.9 Gráfica de resultados VGG16	212
B.10 Gráfica de resultados VGG19	214
B.11 Gráfica de resultados Xception	215

Índice de tablas

1.1 Aportes y sus contribuciones	35
2.1 Técnicas principales de diagnóstico de CCU	48
2.2 Niveles del sistema Bethesda de reporte cervical y citológico	50
2.3 Valores generales de un problema de clasificación	71
2.4 Breve explicación de las métricas	72
2.5 Breve explicación de las pruebas de diagnóstico	73
2.6 Parámetros de VGG19	85
3.1 Columnas del archivo y la característica que representa	101
3.2 Resultados del análisis exploratorio de datos de la base de datos de entrenamiento	101
3.3 Análisis de dimensiones	101
3.4 Columnas añadidas al archivo	105
3.5 Resultados de la validación cruzada binaria	119
3.6 Estadísticos del experimento binario	119
3.7 Resultados de la validación cruzada multi-clase	121
3.8 Estadísticos del experimento multi-clase	121
3.9 Rendimiento de la validación cruzada de segmentación	123
3.10 Estadísticos del experimento	123
3.11 Reporte de clasificación binario	126
3.12 Métricas de clasificación binaria	128
3.13 Métricas para diagnóstico binario	130
3.14 Reporte de clasificación multi-clase	134
3.15 Métricas de clasificación multiclase	135
3.16 Métricas de diagnóstico de 7 clases	138
3.17 Comparativa para el problema binario	154
3.18 Tipos de cuantización para modelos de Deep Learning	158
4.1 Métricas condensadas de los experimentos	178
B.1 Tabla de resultados DenseNet201	201
B.2 Tabla de resultados InceptionResNetV2	202
B.3 Tabla de resultados InceptionV3	204
B.4 Tabla de resultados MobileNet	205

B.5 Tabla de resultados MobileNetV2	207
B.6 Tabla de resultados NASNetLarge	208
B.7 Tabla de resultados NASNetMobile	210
B.8 Tabla de resultados ResNet50	211
B.9 Tabla de resultados VGG16	213
B.10Tabla de resultados VGG19	214
B.11Tabla de resultados Xception	216
C.1 Rendimiento por época de clasificación binaria	218
C.2 Rendimiento por época para clasificación multi-clase	219
C.3 Rendimiento por época en segmentación	220

Índice de algoritmos

2.1	t-distributed Stochastic Neighbor Embedding	64
2.2	Validación cruzada de K-iteraciones	67
2.3	Adam, algoritmo de optimización estocástica	82
3.1	Algoritmo para aumentación de datos	107
3.2	Ciclo de entrenamiento	118

Índice de ecuaciones

2.1 Rendimiento algorítmico	64
2.2 Teorema NFL	64
2.3 Categorical Crossentropy	66
2.4 Mean Squared Error	66
2.5 Error de generalización	66
2.6 Accuracy	72
2.7 Area under ROC Curve	72
2.8 Bookmaker Informedness	72
2.9 Confusion Entropy	72
2.10 Error Rate	72
2.11 F1 Score	72
2.12 False Discovery Rate	72
2.13 False Negative Rate	72
2.14 False Omission Rate	72
2.15 False Positive Rate	72
2.16 Jaccard Index	72
2.17 Modified Confusion Entropy	72
2.18 Negative Predictive Value	72
2.19 Positive Predictive Value	72
2.20 Prevalence	72
2.21 True Negative Rate	72
2.22 True Positive Rate	72
2.23 Positive Likelihood Ratio	73
2.24 Negative Likelihood Ratio	73
2.25 Diagnostic Odds Ratio	73
2.26 Discriminant Power	73
2.27 Information Score	73
2.28 Función de convolución	79
2.29 Rectified Linear Unit	80
2.30 MaxPooling2D	81
2.31 Softmax	81
2.32 Intersection over Union	88
2.33 Dice coefficient	88
2.34 Dice Loss	88

Nomenclatura

API Application Programming Interface,	154
BD Base de Datos,	24
CCU Cáncer Cervico-uterino,	22
ConvNet Red Neuronal Convolucionada,	25
CUDA Compute Unified Device Architecture,	75
DL Deep Learning,	22
GPU Graphical Processing Unit,	74
GUI Graphical User Interface,	25
IA Inteligencia Artificial,	22
ML Machine Learning,	26
PAP Papanicolaou,	22
PDI Procesamiento Digital de Imágenes,	24
RNA Red Neuronal Artificial,	25
SDAC Sistema de Diagnóstico Asistido por Computadora,	24
SE Sistema embebido,	22
t-SNE t-distributed Stochastic Neighbor Embedding,	63
TI Tecnologías de la Información,	22
TL Transfer Learning,	26
UX User eXperience,	25

VC Visión por Computadora,	35
VPH Virus del Papiloma Humano,	46

Capítulo 1

Generalidades

1.1. Introducción

El cáncer cérvico-uterino (**CCU**) es una patología apremiante en los países en vías de desarrollo como México. Disminuir su incidencia en la población debe ser una de las prioridades de cualquier institución en pos del bienestar humano. El flagelo de esta enfermedad en nuestro país no solo aflige en manera de salud, sino que permea en el tejido social convirtiéndose en un problema de salud pública. [1]

Problemas en el diagnóstico inciden directamente en la tasa de casos que se presentan en el país. Dichos problemas no se remiten a la habilidad del médico como tal; él, como profesional, está en el ápice de sus capacidades y trabaja jornadas sobrehumanas para poder suplir la necesidad de diagnósticos. Es precisamente en esta cuestión donde radica el núcleo del problema, el profesional médico no se da abasto para diagnosticar todas las muestras que se recaban en nuestros laboratorios. [2]

La solución que se propone es traer las técnicas más vanguardistas existentes en materia de Inteligencia Artificial (**IA**), Tecnologías de la Información (**TI**) y Sistemas Embebidos (**SE**), para ponerlas al servicio de los profesionales de la salud para potenciar su capacidad de diagnóstico; haciéndolos más rápidos y más precisos en la tarea. El grado de adopción de estos conceptos es exponencial en instituciones privadas y públicas de primer mundo y permiten sobrecargar la habilidad de profesionales en tantos rubros como inventiva se tenga. [3]

Es en esta era donde la adopción masiva de máquinas para asistir al hombre mostró su gran capacidad de cambio para la sociedad global. La segunda de estas revoluciones, la digital, catapultó el desarrollo y avance científico a magnitudes jamás antes vistas en la historia humana. Por ello, es imperativo para el Ingeniero Industrial, no solo aplicar las técnicas y métodos más avanzados para resolver problemas enormes en la industria, sino que también es crucial que aporte su conocimiento a dominios insospechados por el paradigma del gremio. Sus capacidades y conocimientos son una gran adición a cualquier institución y la utilidad de estos ingenieros solo está limitada por la creatividad para resolver problemas del ingeniero mismo. [4]

Se hará el diseño conceptual de una solución que se manifestará en forma de un sistema de software capaz de analizar imágenes de exámenes de Papanicolaou (**PAP**) y, mediante la técnica de inteligencia artificial llamada Deep Learning (**DL**) o Aprendizaje Profundo se entrenará un modelo matemático que detectará si la muestra tiene incidencia de cáncer o no, así como clasificar el grado de lesión en el que se encuentra cada célula. Así mismo, se pretende encapsular este modelo matemático junto con el sistema de software en un dispositivo de hardware capaz de acoplarse a un microscopio y realizar, en una sola actividad, la captura de imagen y la realización del diagnóstico médico de tal muestra. [5]

1.2. Planteamiento del problema

El **CCU** es uno de los dos tipos de cáncer ubicuos al sexo femenino. Siendo, por su grado de mortandad en comparación a todos los demás tipos, el segundo de mayor

1.2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

importancia. A nivel global, el 12 % de todos los cánceres femeninos son CCU. [6]

Aparte de la tasa de mortandad, el CCU resulta ser un factor de alto impacto social por varias circunstancias. La primera es que, por la naturaleza del tratamiento, la persona queda inhabilitada por la agresividad del mismo; en familias de escasos recursos, donde la probabilidad de perecer de cáncer es más alta y donde en varias ocasiones la madre es la única que trae sustento al hogar. En segundo lugar, si la persona cuenta con acceso a salud pública, tratar y curar el cáncer conlleva en una gran carga económica para el Estado y para los contribuyentes; si la persona se decide por la salud privada, el costo de la misma fácilmente puede hacer que baje una o varias clases económicas. [7]

La única manera para reducir estos impactos es mediante un diagnóstico rápido y temprano del cáncer: la tasa de supervivencia es directamente proporcional a que tan temprano se haga el diagnóstico y el cáncer en etapas tempranas, lógicamente, es más rápido y menos costoso de curar. [8]

Este diagnóstico se realiza mediante el análisis visual de las muestras tomadas por el examen de Papanicolaou. Dicho examen, al ser considerado de rutina y con carácter crucial en los hospitales genera un volumen de pruebas bastante elevado, lo que conlleva a una reducción en la eficacia de diagnóstico que puede costar vidas e incide directamente en la precisión. La eficacia se reduce debido a que muchas veces los hospitales o clínicas carecen del personal necesario para analizar todas las muestras, por ejemplo, un laboratorio consultado de patología recibe un número de muestras que rondan las 500 unidades diarias, lo cual resulta excesivo para las personas que trabajan en dicho laboratorio. [9]

Las pruebas manuales de PAP son un reto debido a que es un trabajo repetitivo, intensivo, tiene alta incidencia de falsos positivos y negativos, conlleva riesgo ergonómico y puede ser afectado significativamente por el ambiente en el cual se tomó la muestra. Esta dificultad aparte se ve exacerbada por la falta de cito-tecnólogos. [10]

La precisión se reduce cuando una persona tiene que analizar demasiadas muestras y por fatiga ocular o mental, comienza a generar errores en el diagnóstico, es común que una persona que se dedique a realizar el diagnóstico realice horas extras y tenga sobrecarga de trabajo. Otro factor que afecta en la eficacia del diagnóstico, es que cada experto tiene su propia heurística mental al diagnosticar casos limítrofes, esto genera subjetividad y falta de consenso médico en el diagnóstico con lo cual se genera lentitud en el mismo. Todo esto compone la problemática técnica. Los especialistas, requieren herramientas que los asistan en la realización de su trabajo para poder incrementar el volumen de muestras a analizar, reducir riesgos de falsos positivos y negativos, mejorar la ergonomía del trabajo y que, en particular, asista al especialista dentro del laboratorio a identificar células que presenten lesiones cancerígenas. Esta herramienta debe ser portátil, con alto grado de usabilidad y basada en tecnologías tanto probadas como de bajo costo. [11]

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo General

Desarrollar el diseño conceptual de un Sistema de Diagnóstico Asistido por Computadora (**SDAC**) que integre hardware y de software para asistir al experto citotecnólogo en la identificación de células atípicas dentro de una muestra de Papanicolaú observada bajo microscopio usando Deep Learning y desplegado en un Sistemas Embebido para su uso dentro del laboratorio con el objetivo de reducir la tasa de falsos positivos y negativos en el diagnóstico..

1.3.2. Objetivos Específicos

1. Recolectar una Base de Datos (**BD**) previamente validada y etiquetada para maximizar el rendimiento del SDAC.
2. Explorar y analizar la BD para determinar el número de clases, tamaño de las imágenes, tipo de archivo, etcétera.
3. Procesar la base de datos mediante algoritmos de Procesamiento Digital de Imágenes (**PDI**) para obtener imágenes variadas y representativas para mejorar la capacidad de generalización.
4. Realizar experimentos para determinar, dentro de un conjunto de arquitecturas, cual es la mejor de todas para el resolver el problema.
5. Entrenar, validar y analizar el modelo resultante para evaluar rendimiento y comprobar supuestos metodológicos.
6. Preparación del **SE** e implementación del modelo entrenado en un sistema de *software* con capacidad de capturar imágenes de microscopio y de interactuar con el usuario mediante una interfaz gráfica táctil.

1.4. Justificación

Para solucionar este conjunto de problemas, se necesita una técnica capaz de incrementar la tasa de diagnósticos realizados por tiempo y por experto. Así mismo, la propuesta de solución debe mantener niveles de asertividad sumamente altos y ser capaz de emitir decisiones en situaciones donde el consenso médico podría ser ambiguo. [12]

Los sistemas de software, en concreto, los **SDAC**, son utilizados en situaciones donde se requiere cumplir los requerimientos antes mencionados. Al ser digitalizados, nos permitirán procesar grandes volúmenes de información que de otra manera serían inmanejables y, al incluir en su funcionamiento técnicas de **IA** y **DL**, podremos reducir la subjetividad para llegar a una alta precisión en el diagnóstico y dar paso a mejoras en la calidad de vida del experto gracias al uso de la tecnología. [13]

1.4. JUSTIFICACIÓN

Para este software, el motor principal de diagnóstico será la técnica de IA llamada Red Neuronal Artificial (RNA) en su variante de Red Neuronal Convolucionada (ConvNet). En previas implementaciones de SDACs para diagnóstico de cáncer mediante análisis de imágenes citológicas, primero se realizaba un pre procesamiento en donde, mediante algoritmos de PDI y dos etapas exhaustivas y complejas llamadas ingeniería y extracción de características, se identificaban aquellas que se consideran criterios de decisión para realizar el diagnóstico y se alimentaban al modelo de IA. Esto había sido el proceso habitual de diagnóstico médico de cáncer mediante software. [14]

Se propone el uso de las ConvNets debido a que, por su arquitectura, pueden recibir como entrada la imagen completa en lugar de los criterios de diagnóstico minados en el pre procesamiento y representados de forma numérica o categórica. Ello reduce la complejidad del sistema y lo hace menos propenso a fallos. Las RNAs solamente requieren gran uso computacional en la fase de entrenamiento, por ello desplegarlas en condiciones con recursos computacionales bajos es un reto pero es alcanzable, previo entrenamiento y optimización del modelo. [15]

También, las ConvNets alcanzan la mayor precisión hasta ahora en clasificación de imágenes, siendo el algoritmo más avanzado e implementado en esta área por ende, es una técnica sumamente fiable y robusta. Esta característica también nos permite realizar el análisis de imágenes que en otras metodologías no resultaban idóneas por sus propiedades técnicas. [16]

Este modelo se desplegará en un dispositivo de hardware basado en SEs, en el cual se instalará el software que permitirá capturar, procesar y clasificar las imágenes y que proveerá la Interface Gráfica de Usuario o Graphical User Interface (GUI) para interactuar con el experto; esto constituye los dos componentes del SDAC, el tendrá que cumplir los siguientes puntos:

- **Alto grado de usabilidad:** Toda tecnología genera un grado de estrés intrínseco al uso de la misma; al implementar criterios de Usabilidad y Experiencia de Usuario o User eXperience (UX) se pretende reducir dicho estrés al mínimo y así maximizar el uso de la plataforma. Esta debe asistir al experto en tomar mejores decisiones, no al contrario. [17]
- **Código abierto:** La plataforma debe estar escrita en su totalidad en código abierto y no depender de licencias de software caras y que reduzcan la posibilidad de uso de la plataforma. Ello en contraste con otros sistemas de diagnóstico de CCU mediante IA como PAPNET, plataformas como MATLAB o servicios como Watson. [18]
- **Fácil mantenimiento:** Por la claridad y transparencia del lenguaje propuesto (Python), la plataforma será de fácil mantenimiento lo cual reducirá en gran medida el costo de operación y actualización. [19]
- **Tecnología de vanguardia:** El sistema será desplegado en una solución de SE optimizada para su uso en aplicaciones de IA.

- **Capacidad de expansión:** El proyecto de desarrollo del **SDAC** siempre tendrá como enfoque final la capacidad de expandir y mejorar el rendimiento del sistema. Se dejarán todas las disposiciones para mejorar la funcionalidad del software con la creación posterior de un sistema que integre todos los dispositivos desplegados en el campo para crear una red que capturará y procesará conocimiento o añadir nuevos modelos, arquitecturas o algoritmos.

1.5. Estado del Arte

Existen aplicaciones tradicionales de **RNA** y Aprendizaje Automático o Machine Learning (**ML**) en los temas relacionados al diagnóstico y detección de **CCU**. Inclusive algunos realizan el análisis de sus técnicas en países en vías de desarrollo con situaciones similares a México. [20]

Dentro del área de cito-patología, la mayoría de las aplicaciones de RNA han sido en el área de cito-patología en general, no solo para la detección de cáncer, por lo tanto se tienen precedentes de una buena interacción entre la técnica propuesta y el problema a solucionar. Por lo cual podemos decir que las herramientas de asistencia al diagnóstico son ubicuas al dominio analizado. [21]

También se ha encontrado que distintas técnicas de **DL** mejoran la eficiencia del diagnóstico y permiten reducir la complejidad de los datos de entrenamiento y también, las ConvNets permiten la reducción considerable de falsos positivos y falsos negativos en el análisis de imágenes. [22]

Dentro del área específica de la búsqueda de cáncer cérvico-uterino, se ha encontrado que distintos algoritmos pueden alcanzar grados de asertividad lo suficientemente buenos. Lo cual es indicación de que el problema puede ser resuelto con la técnica propuesta. Si tomamos en cuenta el método de toma de la muestra, también encontramos uso de **RNA** para la clasificación de las mismas. [23]

Implementar técnicas como Transfer Learning (**TL**) están permitiendo precisiones superiores a las antes alcanzadas, mediante la particularización de modelos capaces de clasificar cientos de clases distintas y ajustar ese entrenamiento al diagnóstico médico. [24][25][26]

1 Artificial Intelligence in Medical Application: An Exploration [20]

- **Autores:** Wan Hussain Wan Ishak, Fadzilah Siraj
- **Abstract:** *The advancement in computer technology has encouraged the researchers to develop software for assisting doctors in making decision without consulting the specialists directly. The software development exploits the potential of human intelligence such as reasoning, making decision, learning (by experiencing) and many others. Artificial intelligence is not a new concept, yet it has been accepted as a new technology in computer science. It has been applied in many areas such as education, business,*

medical and manufacturing. This paper explores the potential of artificial intelligence techniques particularly for web-based medical applications. In addition, a model for web-based medical diagnosis and prediction is proposed.

- **Problemática:** Los países en vías de desarrollo carecen de médicos suficientes por lo que la mortandad de muchas enfermedades es mayor en tales países
- **Técnicas:** IA, RNA, ingeniería de software, lógica difusa
- **Aporte:** Sistema web para diagnóstico y predicción

2 Artificial Neural Networks as Decision Support Tools in Cytopathology: Past, Present, and Future [21]

- **Autores:** Pouliakis, A Karakitsou, E Margari, N Bountris, P Haritou, M Panayiotides, J Koutsouris, D Karakitsos, P
- **Abstract:** *OBJECTIVE: This study aims to analyze the role of artificial neural networks (ANNs) in cytopathology. More specifically, it aims to highlight the importance of employing ANNs in existing and future applications and in identifying unexplored or poorly explored research topics. STUDY DESIGN: A systematic search was conducted in scientific databases for articles related to cytopathology and ANNs with respect to anatomical places of the human body where cytopathology is performed. For each anatomic system/organ, the major outcomes described in the scientific literature are presented and the most important aspects are highlighted. RESULTS: The vast majority of ANN applications are related to cervical cytopathology, specifically for the ANN-based, semiautomated commercial diagnostic system PAPNET. For cervical cytopathology, there is a plethora of studies relevant to the diagnostic accuracy; in addition, there are also efforts evaluating cost-effectiveness and applications on primary, secondary, or hybrid screening. For the rest of the anatomical sites, such as the gastrointestinal system, thyroid gland, urinary tract, and breast, there are significantly less efforts relevant to the application of ANNs. Additionally, there are still anatomical systems for which ANNs have never been applied on their cytological material. CONCLUSIONS: Cytopathology is an ideal discipline to apply ANNs. In general, diagnosis is performed by experts via the light microscope. However, this approach introduces subjectivity, because this is not a universal and objective measurement process. This has resulted in the existence of a gray zone between normal and pathological cases. From the analysis of related articles, it is obvious that there is a need to perform more thorough analyses, using extensive number of cases and particularly for the non explored organs. Efforts to apply such systems within the laboratory test environment are required for future uptake.*
- **Problemática:** Analizar el rol de la técnica RNA en la citopatología

- **Técnicas:** IA, RNA
- **Aporte:** Se determinó que la mayoría de los usos de redes neuronales para cito-patología son en el área cervicouterina

3 Using Deep Learning to enhance cancer diagnosis and classification [27]

- **Autores:** Fakoor, Rasool Ladhak, Faisal Nazi, Azade Huber, Manfred
- **Abstract:** *Using automated computer tools and in particular machine learning to facilitate and enhance medical analysis and diagnosis is a promising and important area. In this paper, we show that how unsupervised feature learning can be used for cancer detection and cancer type analysis from gene expression data. The main advantage of the proposed method over previous cancer detection approaches is the possibility of applying data from various types of cancer to automatically form features which help to enhance the detection and diagnosis of a specific one. The technique is here applied to the detection and classification of cancer types based on gene expression data. In this domain we show that the performance of this method is better than that of previous methods, therefore promising a more comprehensive and generic approach for cancer detection and diagnosis.*
- **Problemática:** Se requiere mejorar la precisión de los sistemas de diagnóstico de cáncer basados en técnicas de IA
- **Técnicas:** DL, ConvNets, Autoencoders, ML, Principal Component analysis
- **Aporte:** Se mejoró la eficiencia del diagnóstico y se logró reducir la complejidad de los datos

4 Pap-Smear Classification Using Efficient Second Order Neural Network Training Algorithms [23]

- **Autores:** Ampazis, Nikolaos Dounias, George Jantzen, Jan
- **Abstract:** *In this paper we make use of two highly efficient second order neural network training algorithms, namely the LMAM (Levenberg-Marquardt with Adaptive Momentum) and OLMAM (Optimized Levenberg-Marquardt with Adaptive Momentum), for the construction of an efficient pap-smear test classifier. The algorithms are methodologically similar, and are based on iterations of the form employed in the Levenberg-Marquardt (LM) method for non-linear least squares problems with the inclusion of an additional adaptive momentum term arising from the formulation of the training task as a constrained optimization problem. The classification results obtained from the application of the algorithms on a standard benchmark pap-smear data set reveal the power of the two methods to obtain excellent solutions in difficult classification problems whereas other*

1.5. ESTADO DEL ARTE

standard computational intelligence techniques achieve inferior performances.

- **Problemática:** Detectar CCU mediante el análisis de citología PAP.
- **Técnicas:** Algoritmos de entrenamiento, ANFIS, NeuroFuzzy
- **Aporte:** Se logró detectar displasia mediante la combinación de varias técnicas de IA

5 Deep Learning in Medical Imaging: General Overview [15]

- **Autores:** Lee, June-Goo Jun, Sanghoon Cho, Young-Won Lee, Hyunna Kim, Guk Bae Seo, Joon Beom Kim, Namkug
- **Abstract:** *The artificial neural network (ANN)-a machine learning technique inspired by the human neuronal synapse system-was introduced in the 1950s. However, the ANN was previously limited in its ability to solve actual problems, due to the vanishing gradient and overfitting problems with training of deep architecture, lack of computing power, and primarily the absence of sufficient data to train the computer system. Interest in this concept has lately resurfaced, due to the availability of big data, enhanced computing power with the current graphics processing units, and novel algorithms to train the deep neural network. Recent studies on this technology suggest its potentially to perform better than humans in some visual and auditory recognition tasks, which may portend its applications in medicine and healthcare, especially in medical imaging, in the foreseeable future. This review article offers perspectives on the history, development, and applications of deep learning technology, particularly regarding its applications in medical imaging.*
- **Problemática:** Mejorar la precisión de los algoritmos de ML para diagnóstico médico mediante imágenes
- **Técnicas:** DL, ML
- **Aporte:** El uso de DL en el diagnóstico médico puede escalar fácilmente y tiene resultados superiores a los métodos previos.

6 Intelligent Screening Systems for Cervical Cancer [28]

- **Autores:** Yessi Jusman, Siew Cheok Ng, and Noor Azuan Abu Osman
- **Abstract:** *Advent of medical image digitalization leads to image processing and computer-aided diagnosis systems in numerous clinical applications. These technologies could be used to automatically diagnose patient or serve as second opinion to pathologists. This paper briefly reviews cervical screening techniques, advantages, and disadvantages. The digital data of the screening techniques are used as data for the computer screening system as replaced in the expert analysis. Four stages of the computer*

system are enhancement, features extraction, feature selection, and classification reviewed in detail. The computer system based on cytology data and electromagnetic spectra data achieved better accuracy than other data.

- **Problemática:** Analizar los algoritmos inteligentes para diagnosticar CCU mediante software
- **Técnicas:** ML
- **Aporte:** Sea el algoritmo que se use, se pueden alcanzar altos niveles de asertividad y rapidez

7 Hybrid ensemble learning technique for screening of cervical cancer using Papanicolaou smear image analysis [25]

- **Autores:** Sarwar, Abid Sharma, Vinod Gupta, Rajeev
- **Abstract:** *OBJECTIVE This paper presents an innovative idea of applying a hybrid ensemble technique i.e. ensemble of ensemble methods for improving the predictive performance of Artificial intelligence based system for screening of cervical cancer by characterization and classification of Pap smear images. METHODOLOGY Papanicolaou smear (also referred to as Pap smear) is a microscopic examination of samples of human cells scraped from the lower, narrow part of the uterus, called the cervix. A sample of cells after being stained by using Papanicolaou method is analyzed under microscope for the presence of any unusual developments indicating any precancerous and potentially precancerous changes. Abnormal findings, if observed are subjected to further precise diagnostic subroutines. Examining the cell images for abnormalities in the cervix provides grounds for provision of prompt action and thus reducing incidence and deaths from cervical cancer. It is the most popular technique used for screening of cervical cancer. Pap smear test, if done with a regular screening programs and proper follow-up, can reduce cervical cancer mortality by up to 80 %. The contribution of this paper is that we have pioneered to apply hybrid ensemble technique to screen cervical cancer by classification of Pap smear data. The hybrid ensemble designed in this work has also presented an idea to use an ensemble of ensemble techniques. Using such a technique, the classification potentials of individual algorithms are fused together to gain greater classification accuracy. In addition to this we have also presented a comparative analysis of various artificial intelligence based algorithms for screening of cervical cancer. RESULTS The results indicate that hybrid ensemble technique is an efficient method for classification of Pap smear images and hence can be effectively used for diagnosis of cervical cancer. Among all the algorithms implemented, the hybrid ensemble approach outperformed and expressed an efficiency of about 96 % for 2-class problem and about 78 % for 7-class problem. The results when compared with the all the standalone classifiers were significantly better for both 2-class and 7-class problems.*

- **Problemática:** Diagnosticar CCU con análisis de imágenes mediante IA
- **Técnicas:** Ensamble de modelos
- **Aporte:** Utilizar métodos combinados eleva la precisión arriba del 90 %

8 Artificial Intelligence Based Semi-automated Screening of Cervical Cancer using a Primary Training Database [29]

- **Autores:** Sarwar, Abid
- **Abstract:** *Objective: The primary objective of this research work is to develop a novel benchmark database of digitized and calibrated, cervical cells obtained from slides of Papanicolaou smear test, which is done for screening of cervical cancer. This database can serve as a potential tool for designing, developing, training, testing and validating various Artificial intelligence based systems for prognosis of cervical cancer by characterization and classification of Papanicolaou smear images. The database can also be used by other researchers for comparative analysis of working efficiencies of various machine learning and image processing algorithms. The database can be obtained by sending a request to the corresponding author. Besides developing a rich machine learning database we have also presented a novel artificial intelligence based hybrid ensemble technique for efficient screening of cervical cancer by automated analysis of Papanicolaou smear images.*
Methodology: The correct and timely diagnosis of cervical cancer is one of the major problems in the medical world. From the literature it has been found that different pattern recognition techniques can help them to improve in this domain. Papanicolaou smear (also referred to as Pap smear) is a microscopic examination of samples of human cells scraped from the lower, narrow part of the uterus, called cervix. A sample of cells after being stained by using Papanicolaou method is analyzed under microscope for the presence of any unusual developments indicating any precancerous and potentially precancerous developments. Abnormal findings, if observed are subjected to further precise diagnostic subroutines. Examining the cell images for abnormalities in the cervix provides grounds for provision of prompt action and thus reducing incidence and deaths from cervical cancer. It is the most popular technique used for screening of cervical cancer. Pap smear test, if done with a regular screening programs and proper follow-up, can reduce cervical cancer mortality by up to 80 %. The contribution of this paper is that we have created a rich machine learning database of quantitatively profiled and calibrated cervical cells obtained from Pap-smear test slides. The database so created consists of data of about 200 clinical cases (8091 cervical cells), which have been obtained from multiple health care centers, so as to ensure diversity in data. The slides were processed using a multi-headed digital microscope and images of cervical cells were obtained, which were passed through various data preprocessing subroutines. After preprocessing the cells were morphologically profiled and

scaled to obtain separate quantitative measurements of various features of cytoplasm and nucleus respectively. The cells in the database were carefully classified in different corresponding classes according to latest 2001-Bethesda system of classification, by technicians. In addition to this, we have also pioneered to apply a novel hybrid ensemble system to this database in order to evaluate the effectiveness of both novel database and novel hybrid ensemble technique to screen cervical cancer by categorization of Pap smear data. The paper also presents a comparative analysis of multiple artificial intelligence based classification algorithms for prognosis of cervical cancer. Results: For evaluating the effectiveness and correctness of the digital database prepared in this work, authors implemented this database for training, testing and validating fifteen different artificial intelligence based machine learning algorithms. All algorithms trained with this database presented commendable efficiency in screening of cervical cancer. For two-class problem all the algorithms trained with the digital database showed the efficiencies in range of about 93-95 % while as in case of multi class problem algorithms expressed the efficiencies in the range of about 69-78 %. The results indicate that the novel digital database prepared in this work can be efficiently used for developing new machine learning based techniques for automated screening of cervical cancer. The results also indicate that hybrid ensemble technique is an efficient method for classification of pap-smear images and hence can be effectively used for diagnosis of cervical cancer. Among all the algorithms implemented, the hybrid ensemble approach outperformed and expressed an efficiency of about 98 % for 2-class problem and about 86 % for 7-class problem. The results when compared with the all the standalone classifiers were significantly better for both two- class and multi-class problems.

- **Problemática:** Desarrollar una base de datos novedosa para calibrar y probar algoritmos de inteligencia artificial dedicados al diagnóstico de CC mediante el análisis de imágenes citológicas de pap
- **Técnicas:** Minería de datos
- **Aporte:** La base de datos es capaz de entrenar bastantes algoritmos distintos con precisión arriba del 90 % sin overfitting

9 Transfer Learning with Partial Observability Applied to Cervical Cancer Screening [30]

- **Autores:** Fernandes, Kelwin Cardoso, Jamie Fernandes, Jessica
- **Abstract:** *Cervical cancer remains a significant cause of mortality in low-income countries. As in many other diseases, the existence of several screening/diagnosis methods and subjective physician preferences creates a complex ecosystem for automated methods. In order to diminish the amount of labeled data from each modality/expert we propose a regularization-based transfer learning strategy that encourages source and target models to*

share the same coefficient signs. We instantiated the proposed framework to predict cross-modality individual risk and cross-expert subjective quality assessment of colposcopic images for different modalities. Thus, we are able to transfer knowledge gained from one expert/modality to another.

- **Problemática:** La existencia de varios métodos y la subjetividad de los expertos reducen la eficacia del diagnóstico de CC
- **Técnicas:** TL
- **Aporte:** Se mejoró la precisión de los algoritmos inclusive utilizando modelos previamente entrenados para otro tipo de clasificación

10 Efficient False Positive Reduction in Computer-Aided Detection Using Convolutional Neural Networks and Random View Aggregation [31]

- **Autores:** Holger R. Roth, Le Lu, Jiamin Liu, Jianhua Yao, Ari Seff, Kevin Cherry, Lauren Kim and Ronald M. Summers
- **Abstract:** *In clinical practice and medical imaging research, automated computer- aided detection (CADe) is an important tool. While many methods can achieve high sensitivities, they typically suffer from high false positives (FP) per patient. In this study, we describe a two-stage coarse-to-fine approach using CADe candidate generation systems that operate at high sensitivity rates (close to 100 % recall). In a second stage, we reduce false positive numbers using state-of-the-art machine learning methods, namely deep convolutional neural networks (ConvNet). The ConvNets are trained to differentiate hard false positives from true-positives utilizing a set of 2D (two-dimensional) or 2.5D re-sampled views comprising random translations, rotations, and multi-scale observations around a candidate's center coordinate. During the test phase, we apply the ConvNets on unseen patient data and aggregate all probability scores for lesions (or pathology). We found that this second stage is a highly selective classifier that is able to reject difficult false positives while retaining good sensitivity rates. The method was evaluated on three data sets (sclerotic metastases, lymph nodes, colonic polyps) with varying numbers patients (59, 176, and 1,186, respectively). Experiments show that the method is able to generalize to different applications and increasing data set sizes. Marked improvements are observed in all cases: sensitivities increased from 57 to 70 %, from 43 to 77% and from 58 to 75 % for sclerotic metastases, lymph nodes and colonic polyps, respectively, at low FP rates per patient (3 FPs/patient).*
- **Problemática:** Se encuentran muchos falsos positivos en los diagnósticos realizados mediante técnicas de ML
- **Técnicas:** ConvNets
- **Aporte:** El uso de DL en 20 % la sensibilidad de los sistemas de diagnóstico.

11 DeepPap: Deep Convolutional Networks for Cervical Cell Classification [26]

- **Autores:** Ling Zhang, Le Lu, Senior Member, IEEE, Isabella Nogues, Ronald M. Summers, Shaoxiong Liu, and Jianhua Yao
- **Abstract:** *Automation-assisted cervical screening via Pap smear or liquid-based cytology (LBC) is a highly effective cell imaging based cancer detection tool, where cells are partitioned into "normal" and "abnormal" categories. However, the success of most traditional classification methods relies on the presence of accurate cell segmentations. Despite sixty years of research in this field, accurate segmentation remains a challenge in the presence of cell clusters and pathologies. Moreover, previous classification methods are only built upon the extraction of hand-crafted features, such as morphology and texture. This paper addresses these limitations by proposing a method to directly classify cervical cells without prior segmentation based on deep features, using convolutional neural networks (ConvNets). First, the ConvNet is pretrained on a natural image dataset. It is subsequently finetuned on a cervical cell dataset consisting of adaptively resampled image patches coarsely centered on the nuclei. In the testing phase, aggregation is used to average the prediction scores of a similar set of image patches. The proposed method is evaluated on both Pap smear and LBC datasets. Results show that our method outperforms previous algorithms in classification accuracy (98.3 %), area under the curve (AUC) (0.99) values, and especially specificity (98.3 %), when applied to the Herlev benchmark Pap smear dataset and evaluated using five fold cross-validation. Similar superior performances are also achieved on the H&E stained manual LBC (H&E stained manual LBC) dataset. Our method is promising for the development of automation-assisted reading systems in primary cervical screening.*
- **Problemática:** Las aplicaciones anteriores de análisis requieren una segmentación muy precisa de la célula
- **Técnicas:** DL, ConvNets
- **Aporte:** Las ConvNets aplicadas con TL generan un rendimiento muy superior inclusive cuando hay incertidumbre en la segmentación citológica

1.6. Conclusión

Se ha concentrado en la [Tabla 1.1](#) una serie de aportes que se consideran importantes en la literatura, relacionados con la aplicación de algoritmos de [IA](#) en el área médica. La propuesta de esta tesis cumple con todos excepto con la realización de una revisión de literatura, cumpliendo un requisito extra: el despliegue en hardware.

1.6. CONCLUSIÓN

Número de aporte	Analisis de imagen	Emisión de diagnóstico	Inteligencia artificial en medicina	Sistemas de diagnóstico asistido por computadora	Big data	Revisión de literatura	Procesamiento digital de imágenes	Aprendizaje automatizado	Aprendizaje profundo	Redes neuronales	Redes neuronales convolucionadas	Despliegue en hardware
1	✓							✓				
2	✓	✓							✓			
3	✓	✓							✓			
4	✓	✓							✓			
5	✓	✓							✓			
6	✓	✓							✓			
7	✓	✓							✓			
8	✓	✓							✓			
9	✓	✓							✓			
10	✓	✓							✓			
11	✓	✓							✓			
Tesis	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓

Tabla 1.1: Aportes y sus contribuciones

Analizando los resultados de los trabajos aquí citados, la propuesta reduce la complejidad en el desarrollo del **SDAC**, sobre todo si se compara con aquellos trabajos basados en puro **ML**; el uso de las **ConvNets** nos permite ahorrar dos pasos que eficiencia también obedece a que las imágenes requieren muy poco tratamiento de **PDI** para poder ser alimentadas a la red para su clasificación.

Otra ventaja contra algunos aportes aquí presentados, es el uso de redes previamente entrenadas para tareas generales de Visión por Computadora (**VC**), pudiendo reentrenar tales redes para su aplicación en el diagnóstico médico. El **TL** es una forma poderosa de usar las **ConvNets** y ahorrar en tiempo de entrenamiento y, lo más importante, permite entrenar modelos con **BDs** de tamaño modesto.

Como se expondrá posteriormente, los modelos presentados dentro de esta tesis mejoran el rendimiento final, llegando a inclusive a duplicar el rendimiento medido por la tasa de error comparado con otras aplicaciones similares de **ConvNetss**. Este rendimiento fue precisamente calculado utilizando tres métricas de entrenamiento: exactitud, sensibilidad y especificidad; la mayoría de los aportes expuestos utilizan solo una métrica de entrenamiento.

La comprobación de supuestos realizada en esta tesis es algo que la distingue, los trabajos previos carecen de esta fase. Para ello se utilizaron más de cuatro técnicas de visualización, exploración y reducción de dimensionalidad para extraer toda la

información posible del comportamiento de los modelos. Básicamente podemos ver exactamente que está observando la red para clasificar las imágenes. La mayoría de las veces se toman a los algoritmos de DL como cajas negras de las cuales se desconoce su comportamiento interno, aquí se pretende esclarecer este comportamiento para mejorar la interpretabilidad de los modelos, lo cual es sumamente importante en el área médica.

Mientras que los trabajos aquí presentados se limitan a pocas pruebas para medir el poder de generalización del modelo y poder estimar su rendimiento real, dentro de esta tesis podremos encontrar una batería completa de métricas de evaluación que pretenden estimar con suma exactitud el poder total del algoritmo para realizar la tarea de clasificación. Se tomó especial cuidado en todas las consideraciones estadísticas, realizando complejos métodos de evaluación como la validación cruzada de k iteraciones, lo que nos permite aseverar con mucha certeza el rendimiento y capacidad de generalización del modelo.

El uso de una **BD** previamente validada y que funge como patrón para la evaluación de algoritmos aplicados a la clasificación de células en un **PAP** no solo ofrece los beneficios de tener una base sólida sobre la cual entrenar el algoritmo. También nos permitió aplicar una técnica jamás usada previamente sobre esta **BD**, creando un aporte novedoso al problema aquí atacado. La Segmentación Semántica nos permite saber si un pixel determinado pertenece al fondo, al citoplasma o al núcleo de la célula, lo cual lo hace una herramienta sumamente poderosa que pretende solucionar el problema de segmentación y extracción de cada célula individual.

Por último, el paradigma de este trabajo orbita el concepto de aplicabilidad y uso dentro del laboratorio. Se propone el trabajo conjunto entre el experto y el **SDAC** para alcanzar mejor rendimiento que cada uno de ellos de manera individual. Los trabajos compilados utilizan un punto de vista más enfocado a la investigación que a la aplicación real e inmediata de los modelos, mediante el despliegue en hardware, nos aseguramos acercarnos más al objetivo final que es el uso en el campo. Pensar el desarrollo como un sistema más que como un modelo permitirá a futuro desarrollar maneras de extraer conocimiento del experto en tiempo real para mejorar el rendimiento del **SDAC**, reentrenándose a si mismo de manera automática al mismo tiempo que el utiliza y retroalimenta al sistema.

El diseño conceptual estará enfocado a crear un dispositivo discreto de hardware, para analizar muestras bajo microscopio. Capturando la imagen mediante una cámara para posteriormente procesarla *in-situ* dentro del laboratorio.

En la [Figura 3.76](#) podemos observar un bosquejo inicial de las partes principales que integrarán el sistema. Este bosquejo solamente es una abstracción de sus componentes principales, el resultado final tendrá que incluir otros elementos para poder ser usado. A continuación se presentan estos componentes con una breve descripción de su propósito dentro del sistema: el microscopio donde se coloca la laminilla con la muestra previamente preparada, la cámara para capturar la imagen que estará conectada directamente al objetivo del microscopio, el **SE** que tomará la imagen

1.6. CONCLUSIÓN

capturada por la cámara y alimentará la [ConvNet](#) para posteriormente recibir el resultado y mostrarlo en la [GUI](#) para apreciación por parte del experto.

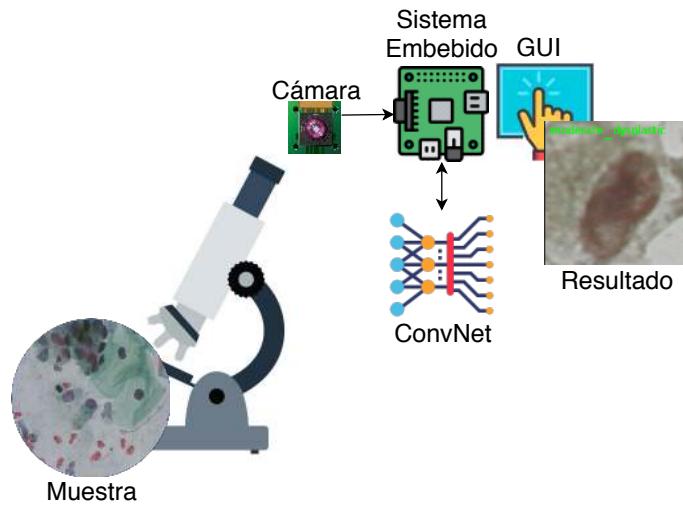


Figura 1.1: Diagrama del diseño conceptual

Capítulo 2

Marco Teórico

2.1. Introducción

En este capítulo se presenta un resumen de las áreas del conocimiento más significativas para la elaboración de esta tesis. No pretende ser una lista exhaustiva ya que estas áreas del conocimiento son grandes en número y por si solas son un mundo completo de investigación.

Primeramente abordaremos el tema del cáncer ofreciendo una descripción general de lo que es el cáncer como enfermedad y en qué partes del cuerpo se puede originar, luego viene una breve pero concisa reseña histórica de su diagnóstico y se mostrará la gran cantidad de causas del cáncer.

Una vez sentadas las bases, se describirá el [CCU](#), en qué parte se origina, cuáles son las causas principales. Su sintomatología y el grado de peligro que representa. Demostraremos que el cáncer es una enfermedad gradual y que tiene varias etapas morfológicas que pueden servir para predecir su desarrollo. La epidemiología y los factores de riesgo del cáncer nos ayudan a tener estadísticas sobre su incidencia en la población, permitiendo a los expertos en salud elaborar políticas para reducirla. Se concluye mostrando las pruebas existentes para diagnosticarlo o descartarlo, así como los criterios específicos de cada una de ellas que determinan la decisión del experto.

En la sección de la [IA](#), hablaremos generalmente del concepto para adentrarnos directamente en el conjunto de técnicas: [PDI](#), [ML](#) y [ConvNets](#) que nos permitirán generar el motor de inferencia para el [SDAC](#). Haciendo especial énfasis en las técnicas y formas de evaluar y elegir el mejor modelo. Desmenuzaremos los componentes de un algoritmo de [ConvNet](#) y enumeraremos los pasos necesarios para convertirlo en un clasificador poderoso. También se tratarán los pormenores de las arquitecturas elegidas y el equipo requerido para el entrenamiento.

2.2. El cáncer

El cáncer es, por definición, un conjunto de enfermedades con diferentes localizaciones dentro del cuerpo, diferentes síntomas y causas. Todos los tipos de cáncer comparten una característica, que es la replicación descontrolada de ciertas células dentro del cuerpo, esta replicación ocurre en todas partes del cuerpo de manera natural y es el sistema inmunológico el que se encarga de eliminar estas réplicas extrañas. El problema radica en que a veces la tasa de réplica es mayor a la tasa de eliminación, las células cancerígenas también pueden inhibir y combatir la acción del sistema inmune. Son estas variables las que hacen del cáncer un flagelo para la vida humana.

La enfermedad puede manifestarse en casi cualquier parte del cuerpo y se manifiesta, generalmente, formando tumores sólidos, que no son más que agregados de células cancerígenas. Estos tumores crean vasos sanguíneos e infraestructuras para su alimentación, lo que causa problemas sistémicos dentro del cuerpo. La diferencia entre los tumores cancerígenos (malignos) y otros tipos de tumores (benignos) es que el

2.2. EL CÁNCER

cáncer se expande e invade tejidos, comenzando por los más cercanos para luego invadir estructuras alejadas del origen.

El cáncer es una enfermedad de origen genético, dentro de las células existen moléculas y proteínas especiales que dictan su comportamiento metabólico. Estas moléculas y proteínas reciben el nombre de ADN. Esto es lo que se daña dentro de las células y es lo que conlleva al desarrollo del cáncer. Las células enfermas difieren de las sanas en su tasa de replicación y su inmortalidad.

Las causas del cáncer son variadas y dependen de la forma en que se realiza este daño genético. El cáncer o la propensión a este se puede heredar, condiciones ambientales y exposición a agente como químicos también inciden en la probabilidad de generar cáncer. Otros factores incluyen la alimentación, hábitos y vicios, exposición al sol etcétera. Los cambios de las células, cuando son anormales e indicadores de cáncer, se llaman Displasias (del griego antiguo δυς, ‘dys’, dificultad, y el sufijo -plasia derivado del verbo πλασσω, ‘plásso’, formar). El estado previo al daño causante de cáncer se conoce como hiperplasia y este no siempre se manifiesta en cáncer.

Existen muchísimos tipos de cáncer, es probable que más de 100. Estos se nombran tradicionalmente en función al órgano o tejido afectado. Pero no se limitan a estos órganos, puesto que los cánceres pueden migrar, generalmente se nombran por el órgano afectado inicial.

El tipo de cáncer más común es el carcinoma . Cuyo origen son las células epiteliales, células que fungen como capa externa de todas las superficies corporales, tanto internas como externas. Debido a su alto grado de exposición al ambiente, son estas células las más propensas a sufrir mutaciones. Distintos tipos de daños causan distintos tipos de carcinomas epiteliales, por ejemplo el adenocarcinoma se produce cuando las células dañadas son aquellas que producen fluidos dentro del cuerpo; el carcinoma de células escamosas ocurre en las células que están directamente debajo de las capas exteriores de la piel y tejidos externos, como las paredes del ano o vaginales. [32]

2.2.1. Historia y causas

La palabra cáncer tiene su raíz etimológica de la palabra griega καρκίνος, ‘karkinos’ que significa cangrejo y fue utilizada por Hipócrates (460-370 A.C) para describir tumores cancerígenos, sin embargo, existe evidencia de que él no fue el primero en describir la enfermedad. Algunas evidencias tempranas de cáncer de hueso fueron encontradas en momias del antiguo Egipto y en manuscritos que datan del 1600 A.C. El registro más viejo de algún caso de cáncer de mama proviene del año 1500 A.C en Egipto y se registró que no se tenía conocimiento de cura para tal padecimiento, solo tratamiento paliativo podría ser aplicado al paciente. Así mismo, se tiene certeza en ciertas escrituras e inscripciones, que algunos tumores superficiales eran extirpados quirúrgicamente por la incipiente medicina de aquél tiempo. [33]

2.2.1.1. Causas genéticas

Existen dos tipos principales de genes que tienen importantes roles en el cáncer

- **Oncogenes:** Proto-oncogenes son aquellos genes que ayudan a una célula a crecer. Cuando un oncogén muta o hay demasiadas copias de él mismo, se convierte en un gen atrofiado que puede activarse permanentemente o activarse cuando se supone que no debería estar activo. Cuando esto sucede, la célula crece sin control, lo que puede derivar en cáncer. A esto se le conoce como oncogén. Algunos cánceres son causados por mutaciones heredadas de estos proto-oncogenes que causan activación de un oncogén en particular; pero la mayoría de los cánceres que involucran tales oncogenes son adquiridos no heredados.
- **Genes supresores:** Son genes normales que reducen la velocidad de replicación celular, reparan errores en el **ADN** o indican el final del ciclo de vida celular, proceso conocido como apoptosis o muerte celular programada. Cuando los genes supresores no actúan correctamente, las células pueden crecer sin control alguno, lo que derivaría en cáncer. La diferencia entre estos y los oncogenes, es que los oncogenes causan cáncer cuando se activan, mientras que los genes supresores lo causan cuando se desactivan. Algunas anomalías heredadas en los supresores de tumores han sido encontradas en algunas familias de cáncer. Estas convierten a estos tipos de cáncer en ubícuos para determinada familia, pero la mayoría de los genes supresores de tumores son adquiridos, no heredados.

2.2.1.2. Causas ambientales

La mitad de las causas genéticas de cáncer no son genes heredados sino adquiridos del medio ambiente. Estos elementos del ambiente, llamados carcinógenos no necesariamente dañan los genes directamente, por ejemplo, pueden incidir en la velocidad de replicación de una célula y esto incrementa la probabilidad de mutaciones en la misma.

- Estilo de vida: Nutrición, uso de tabaco, falta de actividad física
- Exposiciones naturales: Luz ultravioleta, gas radón, radiación cósmica.
- Tratamientos médicos: quimioterapia, radiación, hormonas, medicamentos supresores del sistema inmune.
- Exposición laboral: Elementos químicos, asbesto, mercurio-
- Exposición en el hogar: Detergentes, pesticidas, empaques de alimentos.
- Contaminación: Smog, metales pesados, daño en la capa de ozono.

Los carcinógenos se clasifican de la siguiente manera: **Grupo 1:** Carcinógeno para humanos.

Grupo 2A: Probable carcinógeno para humanos.

Grupo 2B: Posible carcinógeno para humanos.

2.2. EL CÁNCER

Grupo 3: Inclasificable como carcinógeno para humanos.

Grupo 4: Probablemente no carcinógeno para humanos.

Como se puede observar, no hay una categoría específica para elementos 100 % seguros y libres de potencial cancerígeno. Todo contacto con el medio ambiente es capaz de detonar los cambios y daños celulares requeridos para detonar un cáncer.

2.2.1.3. Causas infecciosas

Desde principios del siglo XX, se ha conocido que ciertas infecciones juegan un rol en incitar cáncer en animales. Recientemente, infecciones de ciertos virus, bacterias y parásitos han sido reconocidas como factores de riesgo para varios tipos de cáncer+ en humanos. Las infecciones pueden elevar el riesgo de padecer cáncer en una persona de distintas maneras, por ejemplo:

1. Algunos virus afectan directamente los genes dentro de las células que controlan su crecimiento. Estos virus pueden insertar sus propios genes dentro de la célula, causando a la célula crecer sin control.
2. Infecciones pueden causar inflamación crónica en ciertas partes del cuerpo. Esto puede llevar a cambios en las células afectadas y en células inmunes cercanas, que eventualmente se pueden derivar en cáncer.
3. Cierto tipo de infecciones pueden suprimir el sistema inmune de una persona, el cual normalmente ayuda a proteger al cuerpo de algunos cánceres.

Si bien este tipo de infecciones pueden elevar el riesgo personal a padecer cáncer, en la mayoría de los casos las personas infectadas nunca desarrollan cáncer. El riesgo de desarrollarlo depende también de otros factores. Por ejemplo, infección estomacal por Helicobacter Pylori puede incrementar el riesgo de cáncer de estómago; pero también que se come, si se fuma o no y otros más factores que inciden en el riesgo.

Los virus son agentes infecciosos diminutos capaces de infectar células y cambiar su **ADN**. Es esta afectación del **ADN** (y del ARN) que puede desencadenar varios tipos de cáncer. Muchos virus son capaces de generar cáncer en los seres humanos, empero, cada virus infecta generalmente un solo tipo de célula dentro del cuerpo humano. Actualmente se trabajan en medidas preventivas como vacunas para reducir la incidencia de cáncer causado por infecciones.

2.2.2. Cáncer cérvico-uterino

El cáncer cervicouterino es aquel cáncer que se presenta en el cuello uterino o cérvix, por ello es un cáncer exclusivo de la población femenina. El cuello uterino es una parte del sistema reproductor de la mujer y se encuentra en la pelvis, el extremo del útero que está en contacto con la vagina. La mayoría de los estudios apunta a una causa general del cáncer de cérvix. La presencia de Virus de Papiloma Humano es el desencadenante de las mutaciones que general la replicación descontrolada

de las células del cérvix, es decir, el cáncer. Otros factores de riesgo incluyen los tradicionales de cualquier cáncer, como tabaquismo, así como factores específicos como la edad, parejas sexuales, predisposición genética y otros más. En la [Figura 2.1](#) se muestra la posición anatómica y relativa del cervix con respecto al cuerpo femenino y al aparato reproductor.

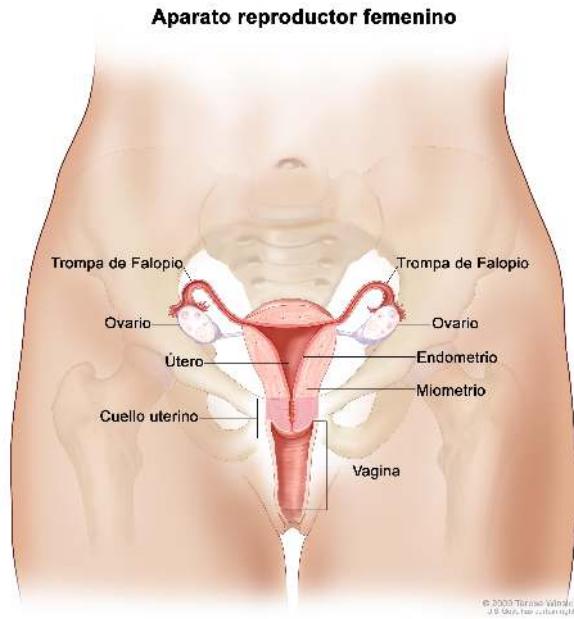


Figura 2.1: Localización anatómica del cervix

2.2.2.1. Síntomas

El cáncer cervical es sumamente peligroso debido a que sus primeros estados son mayormente asintomáticos, es decir, no presentan síntomas visibles. En aquellas pacientes con la suerte de presentar síntomas, el sangrado anormal durante el coito, intermenstrual o irregularidades en el flujo de su menstruación son las manifestaciones más comunes; esta pérdida de sangre inclusive puede desencadenar cuadros de anemia. Es en sus estados avanzados donde se puede presentar supuraciones anormales. Es cuando el tumor ha alcanzado un tamaño considerable que empieza a ejercer presión en los órganos, tejidos y nervios adyacentes, es en esa etapa donde comienza el dolor. Otros síntomas morfológicos incluyen sangrado por el recto y sangre en la orina, problemas circulatorios en ambas piernas.

Los síntomas que busca el médico en el historial de una paciente con evidencia de cáncer son los siguientes.

- Sangrado intermenstrual.
- Sangrado postcoital.
- Modificación de patrones menstruales.

2.2. EL CÁNCER

- Sangrado postmenopausia.
- Hiper-mucosidad.
- Dolor pélvico.
- Dolor coital.

2.2.2.2. Desarrollo

El cáncer de cérvix no aparece instantáneamente. Se manifiesta a través de cambios graduales de las células que las van cambiando por una gama de etapas tales como la Neoplasia Cervical Intraepitelial, Lesión Escamosa Intraepitelial, Displasia, Hiperasplasia etcétera. [34]

En la [Figura 2.2](#) se da una comparativa entre cuatro etapas del cáncer. La etapa normal no muestra ninguna lesión visible, la lesión de grado bajo comienza a mostrar cambios morfológicos; la diferencia entre las últimas dos etapas es mínima pero importante, una lesión precancerosa conlleva al cáncer pero no tiene los efectos tan devastadores en el cuerpo como un cáncer ya formado..

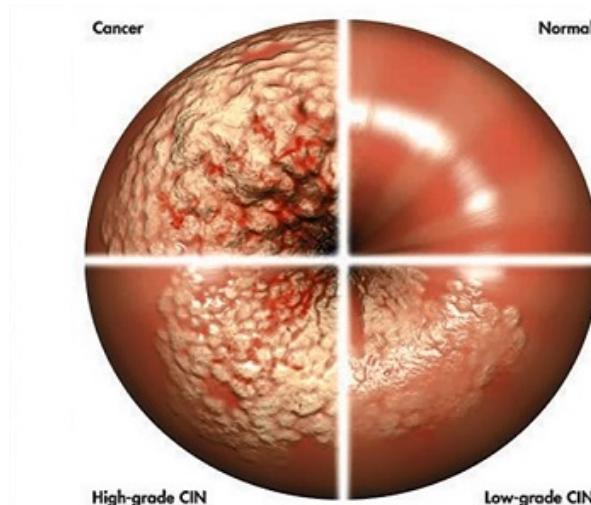


Figura 2.2: Desarrollo del cáncer

2.2.3. Epidemiología

Del [CCU](#), la Secretaría de Salud nos da los siguientes datos sobre su epidemiología: "El cáncer del cuello uterino es la séptima neoplasia más frecuente en la población mundial y la cuarta más frecuente entre las mujeres con un estimado de 528mil nuevos casos diagnosticados anualmente, 85 % de los cuales se registran en países en vías de desarrollo. La incidencia es más alta en países en vías de desarrollo; varía desde 42.7 en África Oriental, hasta 4.4 por 100,000 mujeres en Asia occidental (Medio oriente). Es también una importante causa de muerte por un tumor maligno en la mujer con 266,000 defunciones anuales, 87 % de las cuales ocurren en países

subdesarrollados. Las tasas de mortalidad que van de 2 en Asia Occidental a 27.6 defunciones por 100,000 mujeres en África Oriental. Mientras que en México, el **CCU** es la segunda causa de muerte por cáncer en la mujer. Más de 13960 casos se detectan anualmente, esto genera una incidencia de 23.3 casos por cada 100000 mujeres. La muerte por **CCU** es un fuerte indicador de un país en subdesarrollo o en desarrollo, es imperativo para las políticas nacionales de sanidad la búsqueda de la erradicación de este padecimiento. Actualmente, se sabe que la mayoría de los casos de **CCU** son detonados por una infección del Virus del Papiloma Humano y que, a futuro, se pueda encontrar una solución al problema en forma de alguna vacuna. Mientras tanto, todos los esfuerzos se deben enfocar en la detección temprana y precisa. [7]

En el mundo, este cáncer es el tercer tipo de cáncer más común y la cuarta causa de muerte en las mujeres. En 2008, más de medio millón de casos fueron diagnosticados. Con la introducción de la prueba de Papanicolaou, se ha reducido la incidencia y mortalidad, así como la tasa de canceres invasivos en alrededor de 75 % en un periodo de alrededor de 50 años, lamentablemente, el 86 % de los casos ocurren en países en vías de desarrollo, como México. Así mismo, la incidencia del este tipo de cáncer es mayor en grupos de población vulnerables, como gente en condición de pobreza y pobreza extrema, así como indígenas e inmigrantes. En contraste con los países desarrollados, donde el riesgo de padecer cáncer es de 0.9 %, mientras que la tasa de mortalidad es de 0.3 %; en países como México, el riesgo de padecer es de 1.9 % y el de fallecer es de 1.1 %. Una cifra inaceptable para cualquier estándar mínimo de calidad de vida humana.

2.2.3.1. Factores de riesgo

Como todo cáncer, los factores externos inciden directamente en la probabilidad de adquirirlo. En el caso del cáncer cervical, el Virus del Papiloma Humano (**VPH**) es el factor de riesgo más prominente, donde más del 99 % de los casos contienen restos de ADN de este virus.

Existen más de 40 variedades del virus y la mayoría de ellas son capaces de infectar a las mujeres en su tracto genital, lo preocupante de ello es que al menos 15 de estas variedades se han demostrado como generadoras de lesiones que posteriormente se manifestarán como cáncer. La capacidad oncogénica de estos virus cambia de tipo en tipo y algunos pueden resultar ser más agresivos que otros.

Aunque la epidemiología del **VPH** difiere de la del cáncer, su correlación con la del cáncer es obvia. La prevalencia del **VPH** en países con alta incidencia de casos de cáncer es de 10 % a 20 %, si la comparamos con los países donde hay una incidencia baja de cáncer, esta es de 5 % a 10 %, se observa una variación significativa.

El mecanismo por el cual el **VPH** genera el cáncer está relacionado con la interacción de ciertas proteínas con unos genes que inhiben el crecimiento tumoral. Es esta pérdida del mecanismo regulador propio del cuerpo que permite que las lesiones morfológicas deriven en cáncer. Es por ello que el riesgo de cáncer invasivo está estrechamente relacionado con la exposición de este virus y puede ser perturbado

2.2. EL CÁNCER

por el estado del sistema inmunológico del paciente en particular.

Los riesgos demográficos a nivel mundial incluyen la raza, el estado socioeconómico, el índice de desarrollo humano del país y lo robusto de su sistema de salud. El estilo de vida de la persona también influye en el riesgo; factores relacionados con el coito, cantidad de parejas sexuales, otras enfermedades sexuales, mientras que el fumar multiplica la probabilidad por cuatro y acelera la velocidad en que se desarrolla el cáncer. Más factores como la cantidad de hijos, el uso de anticonceptivos, trasplante renal y el SIDA también confabulan para incrementar el riesgo de padecer esta enfermedad.

2.2.3.2. Mortalidad

El pronóstico de una persona que padece cáncer está gobernado por la etapa del cáncer, si existen ganglios involucrados, el volumen del tumor, la profundidad de la invasión, los vasos sanguíneos comprometidos y en menor grado, variables histológicas. Después del estado del cáncer, los ganglios son el factor más importante en la mortalidad y pronóstico de esta enfermedad; esto es debido a que los ganglios pueden extender el cáncer a otros órganos tan lejanos como el cerebro.

La tasa de supervivencia a 5 años es la siguiente:

- Metástasis distante: 16 %
- Regional: 56 %
- Localizado: 92 %
- Sin etapa: 60 %

2.2.4. Diagnóstico

Como pudimos ver en la sección anterior, la supervivencia del cáncer es muchísimo mayor cuanto más rápido se diagnostique. Las pruebas para detectar este cáncer en las mujeres debe comenzar a partir de los 21 años. En las mujeres de 30 a 65 años, la prueba no solo debe de ser por cáncer, sino también para VPH y debe ser realizada cada 5 años. Las mujeres de entre 21 y 29 años, por su vida sexual, deben de realizar la prueba cada 3 años de preferencia. Estas pruebas generalmente terminan a los 65 años si la mujer cumple ciertos requisitos.

Los estudios citológicos realizados para buscar signos de cáncer deben estar estandarizados bajo el esquema de Bethesda [35]. La interpretación está dividida en dos clases: hallazgos no malignos y anormalidades celulares epiteliales donde se incluyen células escamosas y glandulares. En particular, la prueba de Papanicolaou es inadecuada para la búsqueda de lesiones precursoras de adenocarcinoma, es por ello que nos enfocaremos en las lesiones en células escamosas. La [Figura 2.3](#) nos muestra una comparativa entre ambos tipos de células, escamosas y glandulares.

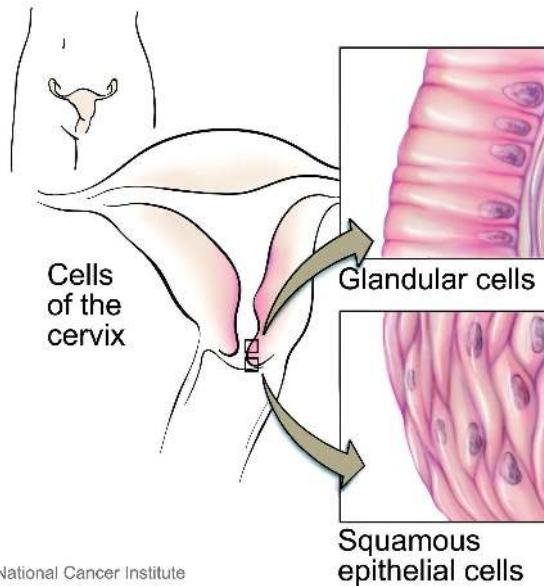


Figura 2.3: Comparativa entre células del cérvix

El CCU se diagnostica aplicando una variedad de pruebas que analizan la integridad de células y tejidos dentro del cérvix de la mujer. Varias técnicas se muestran en la [Tabla 2.1](#):

Nombre	Tipo	Descripción
Colposcopia	Observación	Se introduce un colposcopio dentro de la vagina de la mujer para observar la reacción del cérvix ante estímulos como el ácido acético. Se corta un pequeño
Raspado endocervical	Biopsia	trozo del cérvix para su análisis bajo microscopio, se pretende analizar la estructura del tejido.
Papanicolaou	Citología	Se toma una muestra de las células cervicales y se extienden en una laminilla que es examinada por el experto. Funge como criba para pruebas más especializadas.

Tabla 2.1: Técnicas principales de diagnóstico de CCU

2.2.4.1. Examen de Papanicolaou

El examen de Papanicolaou , creado en 1927, es la prueba más usada en México debido a su facilidad de implementación y bajo costo, con la desventaja que requiere más pericia del cito-tecnólogo para su interpretación y que el acto de la toma de muestra puede inducir ruido y dificultar el diagnóstico.

Fue George Papanicolaou uno de los pioneros en la ciencia de diagnosticar cáncer con base en análisis de laminillas con células. Nacido en 1883 en Grecia, realizó estudios universitarios en música y humanidades, siendo su padre el que eventualmente lo persuadió en buscar una carrera médica, la cual concluyó con altos honores.

En 1920 se enfocó en la cito-patología del sistema reproductivo humano donde se maravilló al encontrar diferencias morfológicas visibles entre las células normales y

2.2. EL CÁNCER

las malignas. Fue en 1943 cuando publicó su libro más influyente que catapultó su método a convertirse en el estándar de diagnóstico. [36]

Es un procedimiento en el cual un pequeño cepillo o espátula es usado para remover células del cervix para poder ser analizadas bajo un microscopio en busca de anomalías como el cáncer o las lesiones precursoras del mismo. Una prueba de Papanicolaou también permite encontrar infecciones o inflamación. En la [Figura 2.4](#) podemos observar un esquema simplificado con los tres pasos del procedimiento. [37]

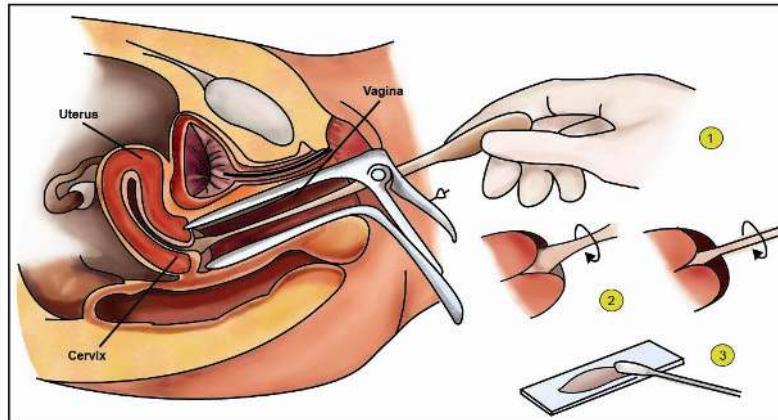


Figura 2.4: Prueba de Papanicolaou

Al concluir la toma de la muestra, esta se coloca en un portaobjetos para luego ser analizada por el experto cito-tecnólogo. Existen varias formas de realizar la preparación de la muestra; esta preparación si bien está sujeta a las especificaciones tanto de la prueba como del sistema de diagnóstico, puede variar debido a la pericia del personal que la realiza. En la [Figura 2.5](#) el resultado de la prueba de Papanicolaou, donde se observan bien diferenciadas las células junto con sus organelos y componentes.

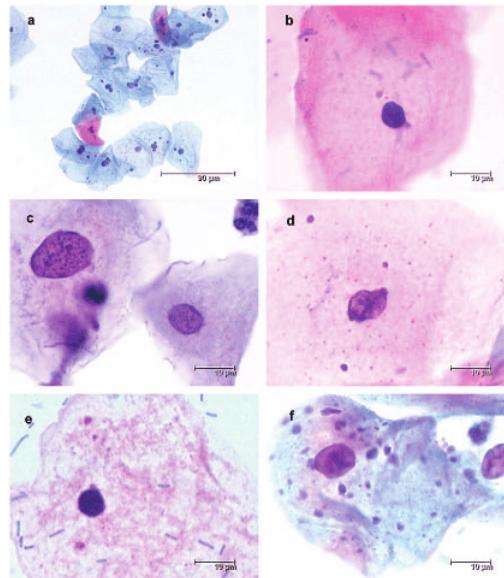


Figura 2.5: Prueba de Papanicolaou: resultados

2.2.4.2. *Bethesda System*

Debido a la variabilidad en la implementación de la prueba de Papanicolaou, que incluye tanto la paciente, la pericia del tomador de la muestra, la mezcla exacta de los reactivos y diluyentes, se creó un sistema que estandariza el cribado de cáncer de cérvix. Este sistema se llama Bethesda , por la ciudad de Maryland donde se llevó a cabo la conferencia que acordó la creación de este sistema. Este sistema clasifica los resultados de la observación de la muestra de Papanicolaou de la siguiente manera, que se muestra en la [Tabla 2.2](#):

Nomenclatura	Significado
ASC US	Células escamosas atípicas de significado incierto
ASC H	Células escamosas atípicas sugestivas de alto grado
AGC	Células Glandulares Atípicas
LSIL	Lesión intraepitelial escamosa de bajo grado
HSIL	Lesión intraepitelial escamosa de alto grado
ACIS	Adenocarcinoma in situ (endocervical)

Tabla 2.2: Niveles del sistema Bethesda de reporte cervical y citológico

Para la identificación y clasificación de estas etapas, se buscan características celulares que sean indicadoras de cambios morfológicos ([Figura 2.6](#)). Estos indicadores tienen que ver con las características físicas de la célula y los organelos que la componen. Características tales como el tamaño del núcleo, el citoplasma, la relación entre estos, el tamaño de la célula, características de la membrana etcétera, fungen como elementos decisores para clasificar cada célula en particular para ajustarla al sistema Bethesda. Condiciones ambientales del área y herramientas de trabajo del citotecnólogo, como las características del microscopio, la concentración de los diluyentes,

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

temperatura, estado mental, estado físico (visión cansada), cantidad de trabajo; inciden negativamente en la tasa de diagnóstico. El problema más grave se presenta cuando el departamento de citología presenta una afluencia grande de muestras que requieren procesamiento, sin embargo, por las características del trabajo, se tiene una limitación de cuantas muestras pueden ser analizadas por día. [35]

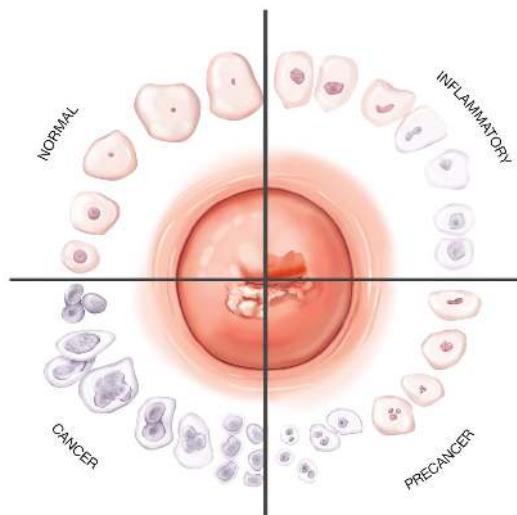


Figura 2.6: Ciclo de displasia celular y su relación con el cérvix

2.3. Inteligencia Artificial

Inteligencia Artificial se refiere a la habilidad de las máquinas de hacer cosas que se presupone requieren inteligencia. Es un intento de descubrir y describir los aspectos humanos del intelecto y abstraer aquellos que puedan ser simulados por las máquinas. También podemos pensar este concepto como un intento de desarrollar una teoría matemática que describa las capacidades de las cosas (naturales o artificiales) que exhiben un *comportamiento inteligente*.

Como área multidisciplinaria, la IA también tiene dentro de su espectro cuestiones filosóficas y metafísicas que guían el desarrollo de la investigación. Estos son algunos ejemplos de preguntas filosóficas que se plantean dentro de la IA:

- ¿Qué se conoce como Inteligencia Natural?
- ¿Cuándo podemos describir como inteligente a una máquina?
- ¿Cuál es el grado en el cual las máquinas exhiben o simulan comportamiento inteligente?
- ¿Las máquinas podrán, eventualmente, simular inteligencia?
- ¿Cómo las máquinas y su comportamiento puede ser modelado matemáticamente?

- ¿Qué usos podría tener una máquina inteligente?

Tradicionalmente, la IA se ha enfocado en las siguientes aplicaciones: Percepción de Patrones, Probar Teoremas, Procesamiento de Lenguaje Natural e Información Semántica, Cómputo Evolutivo e Inspirado por la Naturaleza, Razonamiento y Resolución de Problemas. [38]

En la Figura 2.7 se cuenta con una clasificación sencilla de los algoritmos que componen la IA. Estas clasificaciones pueden combinarse para generar nuevos algoritmos que se comporten o contengan componentes distintos.



Figura 2.7: Técnicas y ejemplos de Inteligencia Artificial

1. **Estadísticas:** Se toman como técnicas estadísticas aquellas que han sido basadas en una perspectiva matemática rigurosa e incluyen algoritmos clásicos basados en Mínimos Cuadrados hasta algoritmos modernos como los modelos de mezcla Gaussiana.
2. **Basadas en reglas:** Son las que potenciaban los esfuerzos en la investigación de Sistemas Expertos y tienen algoritmos que son capaces de manejar la incertidumbre así como variables lingüísticas.
3. **Optimización:** Estas toman una función y buscan los parámetros para buscar el resultado óptimo deseado. Incluyen a las llamadas *metaheurísticas* así como modelos probabilísticos capaces de manejar riesgo.
4. **Aprendizaje Automático:** Conocido como ML, es el conjunto de algoritmos más prometedores dentro de la AI ya que son capaces de extraer información

contenida en los datos y proveer de modelos sumamente robustos de predicción.

2.3.1. Procesamiento Digital de imágenes

Procesar una imagen, implica aplicar ciertas operaciones en ella para cambiar sus propiedades tales como nitidez, contraste así como para extraer información de ella o mejorar su calidad. Estrictamente, el procesamiento de imágenes es una forma de procesar una señal x , la cual entra a un proceso $p(x)$ y nos devuelve ya sea una imagen x' o el conjunto de características que la componen \mathbf{x} . [39]

A *grosso modo*, el PDI se reduce a los siguientes pasos:

- Adquirir imagen.
- Manipular imagen.
- Resultados.

Las señales se dividen en digitales y analógicas. Las señales analógicas son aquellas que siguen un espectro continuo, un ejemplo de imágenes analógicas son las fotografías o los rayos X. Sin embargo, en el área de Ciencias de la Computación y la IA, trabajaremos con señales digitales, que son aquellas que se pueden representar con matrices de números.

2.3.1.1. Enfoque

El PDI, como mencionamos anteriormente, consiste en capturar una imagen en un dispositivo electrónico y aplicarle algoritmos y funciones matemáticas ya sea para mejorarla para interpretación humana o extraer información automáticamente. Ofrece muchas ventajas con respecto al procesamiento de imágenes analógicas ya que reduce el ruido y la distorsión de la señal [40].

El PDI tiene dos objetivos :

- Mejorar la información pictórica de la imagen para su interpretación humana.
- Procesar la imagen para su almacenado, transmisión o proceso por algoritmos autónomos de percepción.

Existen tres tipos de procesamiento: nivel bajo, medio y alto. Estos tres tipos difieren en el objeto que reciben de entrada y el que tienen como salida y pueden trabajar en conjunto o de manera individual. El procesamiento de nivel bajo generalmente es el primero posterior a la captura de la imagen y se enfoca en mejorar su calidad ser visualizada o alimentada al siguiente tipo de procesamiento, el cual se enfoca en detectar dentro de una imagen aquellos patrones y características individuales y discretos; el más alto nivel convierte los patrones y características en entendimiento, no solo de la imagen analizada en particular sino de los fenómenos que la generan o del entorno en el que se desenvuelve (Figura 2.8).

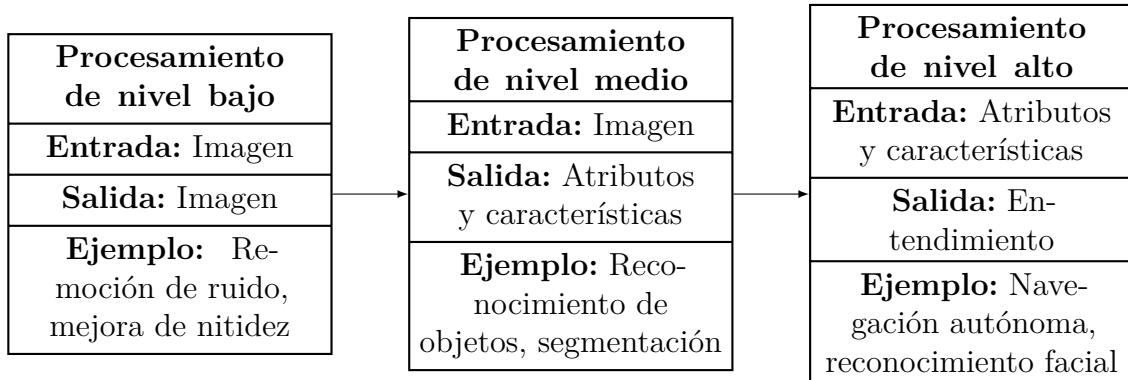


Figura 2.8: Las imágenes y su procesamiento

Hasta hace algunas décadas, esta parte del *entendimiento* de una imagen era realizada por algoritmos bastante complejos y específicos, generalmente con un único propósito. La tesis propone reemplazar estos algoritmos por DL no solo para facilitar la creación de sistemas de VC sino porque ConvNets también tienen mejor precisión y se desempeñan mejor en el mundo real.

Es por ello que usaremos el **PDI** como un método para capturar y preparar imágenes o video para posteriormente alimentar a la ConvNet ya entrenada y para la manipulación y preprocesamiento de las imágenes para entrenar la red.

2.3.1.2. Orígenes

Los periódicos, en la década de 1920 ([Figura 2.9](#)), fueron de los pioneros en la aplicación de imágenes digitales. Podían transmitir imágenes a través del Océano Atlántico mediante cable submarino, mientras que equipo especializado decodificaba la imagen y era capaz de imprimirla

No solo se transmitían imágenes mediante telégrafo, sino también eran almacenadas en tarjetas perforadas, ya que la computación también tiene sus orígenes en tarjetas perforadas la manipulación y almacenamiento de imágenes mediante lenguajes de programación son ubicuas a ambos temas. Estas primitivas imágenes digitales podían ser codificadas en escalas de grises solamente



Figura 2.9: Uno de los primeros ejemplos de imagen digital

Fue hasta 1960 que las computadoras tuvieron suficiente poder computacional para manipular imágenes de manera efectiva. Las primeras aplicaciones estaban relacionadas con sondas espaciales, para mejorar la calidad de las imágenes tomadas por la NASA. Teniendo aplicación directa en la mejora de imágenes capturadas de la superficial lunar.

En paralelo a estas aplicaciones y en 1970, se comenzó en la investigación de imágenes digitales, su procesamiento y posterior aplicación al área médica, tema que trata esta tesis. En esta década fue cuando se inventó la Tomografía Axial Computarizada, uno de los mayores avances en la tecnología médica y que permitía detectar tumores con precisión sin precedentes. La tomografía combina imágenes como rebanadas para construir, mediante procesamiento digital de imágenes, una representación en tres dimensiones del objeto.

Las aplicaciones actuales del procesamiento digital de imágenes existen en todo el espectro de la actividad humana. Desde procesamiento de imágenes biológicas, de geología, climatología, agricultura, arte digital, diseño gráfico, publicidad, industria y entretenimiento. Es ahora cuando podemos encontrar poderosos algoritmos en dispositivos móviles, lo cual ha incrementado el contacto de la gente con esta técnica.

Otras áreas como los gráficos computacionales, las matemáticas, las artes y el entretenimiento han incidido positivamente en el desarrollo de las imágenes digitales y su procesamiento. Concretamente, las artes y el entretenimiento han generado un interés generalizado en el área [41].

2.3.1.3. Métodos

Una imagen es una función $f(x, y)$ donde x e y son coordenadas espaciales planas. El valor de $f(x)$ evaluado en cualquier punto es la intensidad del pixel en esas coordenadas. Un pixel (acrónimo de *picture element*) es el mínimo componente de una imagen y corresponde a un valor numérico. En RGB corresponde a los valores

de intensidad que se encuentran entre 0 y 255, intensidad se refiere a la fuerza de los fotones en ese punto en específico ([Figura 2.10](#)).

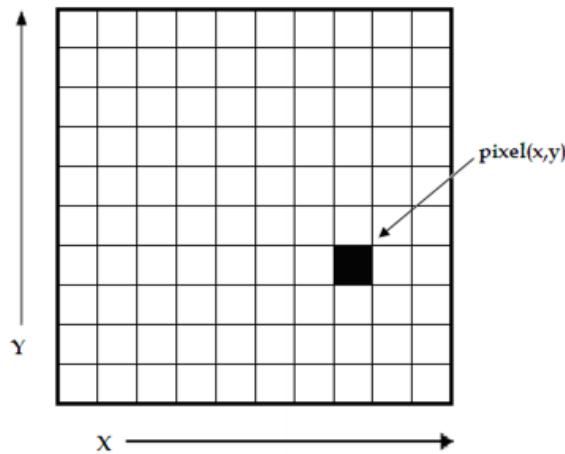


Figura 2.10: Imagen como función (escala de grises)

Como podemos ver, las imágenes son naturalmente representadas por arreglos rectangulares de números, es decir, matrices. Donde cada elemento de la matriz representa la intensidad del pixel en esa posición. Es decir, una matrix de 20×20 representa una imagen de 20×20 pixeles de resolución. Es por esta razón que el Álgebra Lineal es la rama de las matemáticas que rige el comportamiento de las imágenes y es la razón por la cual la acción de manipular una imagen matricial es optimizable mediante procesadores especializados en gráficos..

2.3.1.4. Espacios de color

Una matriz de $n \times n$ solo es capaz de representar una imagen en escala de grises y debido a ello se requiere de más información para poder generar una imagen a color.

Una imagen a color es un *Tensor*, es decir, un arreglo de matrices $m \times n \times d$, donde $m \times n$ es el tamaño de la imagen y d es la matriz que representa el componente de color de cada imagen. Dependiendo del espacio de color, este componente puede variar.

Un espacio de color es una abstracción matemática de los colores y de la representación de sus características en una imagen digital. Los principales espacios de color y sus derivados son los siguientes:

1. **CIE:** Los espacios de color LAB son un viejo estándar de 1976. Donde los componentes de color son L para luminosidad y a, b para componentes verde-rojo y azul-amarillo respectivamente. Fue diseñado para estar en armonía con la visión humana, ya que permite la representación de infinitos colores.
2. **RGB:** Red-Green-Blue (Rojo-Verde-Azul) y su variante BGR es un espacio aditivo de color cuyo propósito es la representación de imágenes en medios

digitales como pantallas y monitores. Probablemente sea el espacio de color más usado en las ciencias de la computación y puede rastrear sus orígenes a 1861 con James Clerk Maxwell, también es el más usado para capturar y mostrar imágenes y video digital, por lo cual será usado en esta tesis (Figura 2.11).

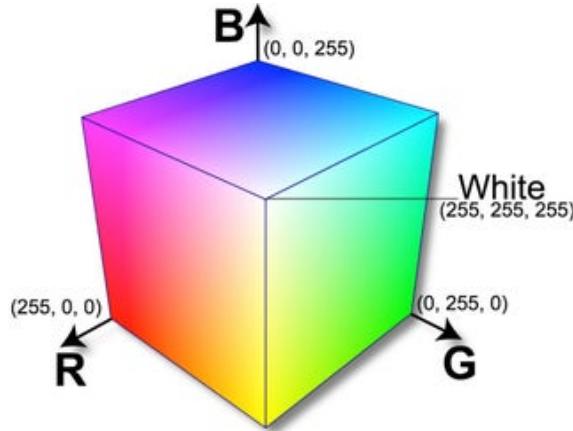


Figura 2.11: RGB

3. Cilíndricos: HSV y HSL son dos modelos pensados para mejorar RGB y su representación con la visión humana. H es hue (tono), S es saturación, V es valor y L es luminosidad. Su geometría es cilíndrica.

El uso del color convierte nuestra función inicial de recibir dos entradas a tres: $f(x, y, z)$ donde z es el eje tridimensional donde se encuentran los componentes de color de alguno de los espacios aquí expuestos [42].

2.3.1.5. Manejo computacional de una imagen

En resumen, una imagen es una matriz $m \times n \times d$ definida por cierta función $f(x, y, z)$ donde cada elemento $i - j$ ésimo de tal matriz representa la intensidad de un pixel dentro de una imagen de $m \times n$ pixeles.

Es natural poder manipular estas imágenes mediante operaciones y funciones que reciban matrices como entrada. La suma $\mathbf{A} + \mathbf{B}$, resta $\mathbf{A} - \mathbf{B}$, producto cruz $\mathbf{A} \times \mathbf{B}$, producto punto $\mathbf{A} \bullet \mathbf{B}$, producto de Hadamard $\mathbf{A} \circ \mathbf{B}$, el producto de Kronecker $\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}$ y producto escalar $a \cdot \mathbf{A}$ son algunas operaciones definidas para las matrices y que se usan en el procesamiento digital de imágenes. Así como otras operaciones vectoriales, escalares, estadísticas, trigonométricas y geométricas.

La representación matricial de las imágenes también nos permite realizar operaciones que no serían naturales dentro de nuestro ambiente tridimensional. Podemos generar imágenes no solo con un arreglo tensorial en forma de cuadrado o cubo, sino podemos trabajar $n - dimensionalmente$ donde cada canal puede representar los tres componentes de color pero también representar datos volumétricos en las dimensiones

subsecuentes u otros espectros de color, esto es muy común en el área médica, como en los archivos generados por las máquinas de imagenología (Figura 2.12) [43].

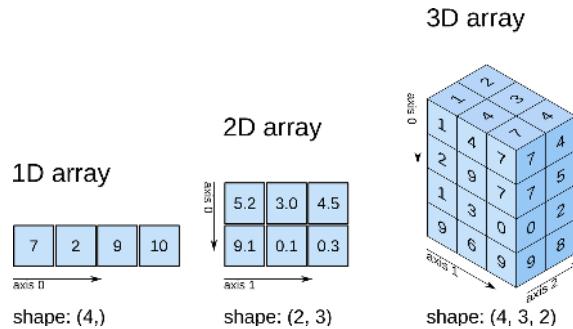


Figura 2.12: Arreglos n dimensionales y su representación gráfica con el módulo Numpy

2.3.1.6. Captura de imagen

A parte del tratamiento matemático de una imagen, el PDI también se encarga del proceso que deriva en una imagen matricial. Dentro de la cámara, se encarga de convertir el impacto de los fotones de luz en energía eléctrica que posteriormente será codificada y transmitida al procesador que la manipulará. Este proceso está automatizado totalmente mediante el software que compone la mayoría de los dispositivos electrónicos disponibles para el consumidor: computadoras personales, laptops, teléfonos inteligentes.

Gracias a esto, nos podemos enfocar únicamente en la creación de un software que funja como interface entre la cámara y la ConvNet ya entrenada. Igualmente tiene que proveer la interface gráfica para la interacción entre el usuario y el programa de software. No existe diferencia técnica en la manipulación de imágenes discretas o video, ya que el video es solo una sucesión rápida de imágenes individuales, aunque si llegará a consumir más recursos computacionales.

El proceso de convertir una imagen análoga en una matriz numérica involucra dos procesos (Figura 2.13) [44]:

- **Analógico:** Los fotones que rebotan en la superficie del objeto a capturar ingresan al lente de la cámara el cual amplifica o enfoca la señal luminosa y la transfiere a una serie de filtros para posteriormente pasar por un circuito llamado Convertidor Analógico-Digital.
- **Digital:** Una vez convertida a una señal digital, se transmite a circuitos que utilizan algoritmos de DPI escritos en lenguajes de muy bajo nivel para maximizar su rendimiento. La salida de este proceso es un archivo de imagen como .jpg o .png, etcétera.

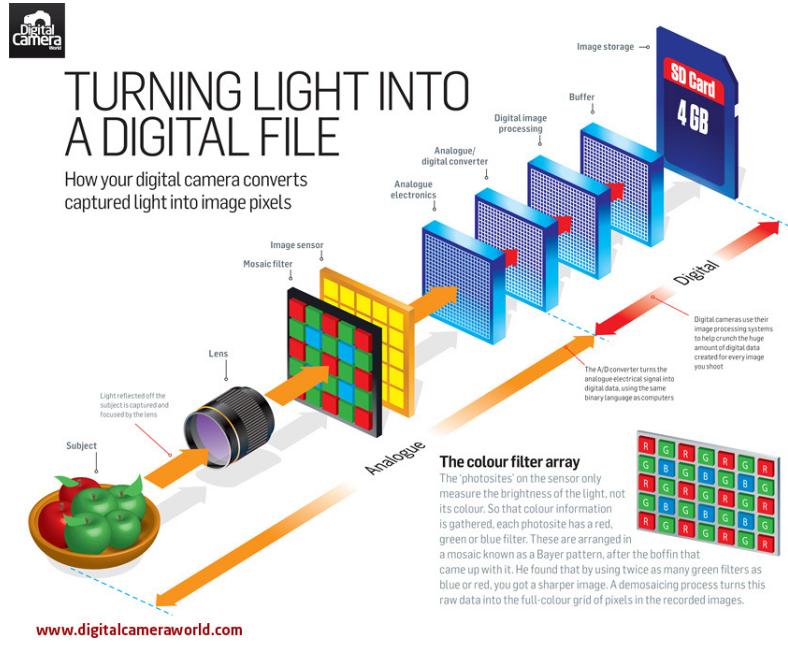


Figura 2.13: Esquema de una cámara digital

En aplicaciones médicas, las imágenes no se limitan a aquellas que pueden ser tomadas por cámaras tradicionales, sino también se usan otros dispositivos que no necesariamente necesitan capturar imágenes en el espectro visible o usando luz siquiera. Se pueden usar rayos X, resonancias magnéticas, tomografías o ultrasonidos.

2.3.2. Machine Learning

Se define como la capacidad de hacer a las computadoras aprender de los datos, sin ser explícitamente programadas para ello. Una definición técnica puede ser la siguiente: 'Un programa de computadora se dice que aprende de la experiencia E , con respecto a alguna tarea T y alguna métrica de rendimiento P ; si su rendimiento en T , medido por P , mejora con la experiencia E ' [45].

La diferencia entre el modo tradicional de crear modelos inteligentes (como aquellos basados en reglas) y hacer el uso del **ML** se muestran a continuación ([Figura 2.14](#) y [Figura 2.15](#)). La diferencia radica en la inclusión de una **BD** y cambiar la fase de escribir reglas (que es compleja, difícil y cara) por el entrenamiento del algoritmo.

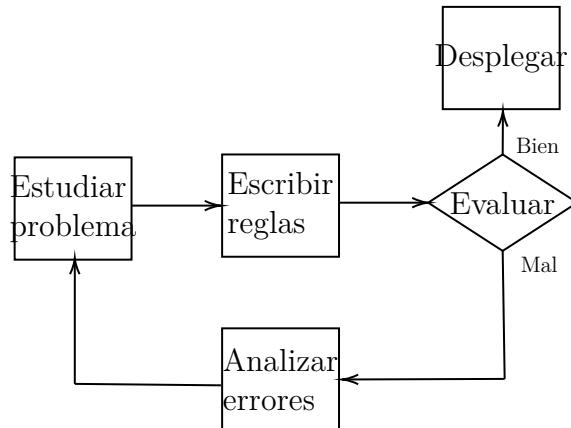


Figura 2.14: Metodología tradicional para crear un sistema inteligente

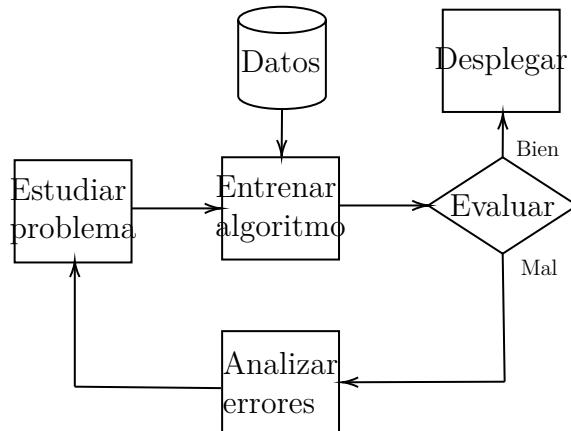


Figura 2.15: Metodología de Machine Learning para crear un sistema inteligente

2.3.2.1. Fases del Machine Learning

Hay cuatro fases básicas en cualquier forma de implementación de [ML](#) a cualquier dominio ([Figura 2.16](#), para el problema de clasificar imágenes entre perros y gatos) [46]:

- **Recolectar datos:** El algoritmo debe ser entrenado para poder realizar su función mediante la alimentación de lotes de imágenes en la fase de entrenamiento. Una [BD](#) grande y diversa generará un mejor aprendizaje ya que proveerá al algoritmo de mayor experiencia.
- **Diseño de características:** Es en esta fase donde se aplica la ingeniería y extracción de las características representativas del problema a resolver y que maximizarán el rendimiento de un algoritmo. La ingeniería de características depende de muchísimo conocimiento del dominio específico de aplicación del algoritmo, generalmente en la forma de expertos mientras que para extraer las características, en el caso de las imágenes se pensará en color, tamaño, forma

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

y proporción para constituir como los criterios de decisión para clasificar tal imagen, el cual requerirá un procesamiento previo con algoritmos de **PDI**. Este proceso también es complejo y difícil (aunque mucho menos que diseñar reglas *ad hoc* para cada aplicación) y requiere de métodos auxiliares como el **PDI** o, en caso de datos tabulares, mucha estadística.

- **Entrenamiento del modelo:** En los problemas de clasificación, entrenar un modelo se reduce a encontrar una interpretación geométrica del espacio de las características que pueda ser separada mediante una línea recta (en caso de sistemas lineales), que servirá como frontera entre cada clase. Entrenamiento se refiere a buscar los parámetros que regirán el comportamiento de esta frontera para clasificar correctamente las imágenes.
- **Prueba del modelo:** Una vez entrenado, se requiere probar la eficacia del modelo mediante la alimentación del mismo con un conjunto de imágenes que no hayan sido vistas nunca por el algoritmo. Esto medirá el poder de generalización y nos permitirá evaluar, dado su rendimiento, si este es aceptable o se requieren diagnosticar problemas en la implementación del modelo (como una **BD** muy pequeña).

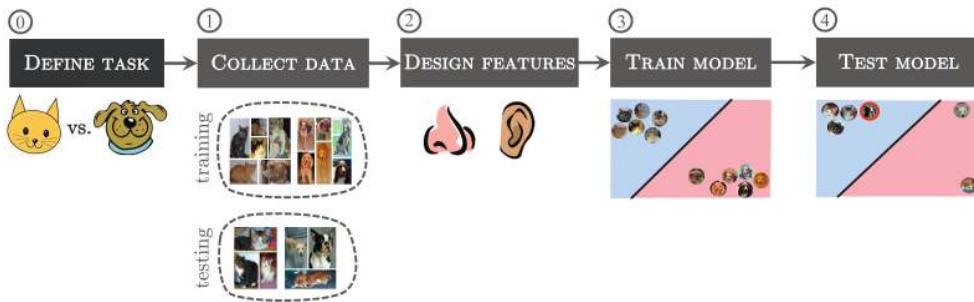


Figura 2.16: Fases básicas del Machine Learning

Las tres cosas mínimas requeridas para hacer **ML** son:

1. Datos de entrada
2. Las etiquetas de salida
3. Una métrica de error

El **ML** nos permite no solo cambiar pasos dentro de una metodología para crear sistemas inteligentes, sino también nos otorga de un paradigma distinto de pensamiento. Antes necesitamos generar una serie de reglas y combinarlas con datos para tener respuestas, ahora, necesitamos datos y respuestas para poder obtener reglas (Figura 2.17) [47].

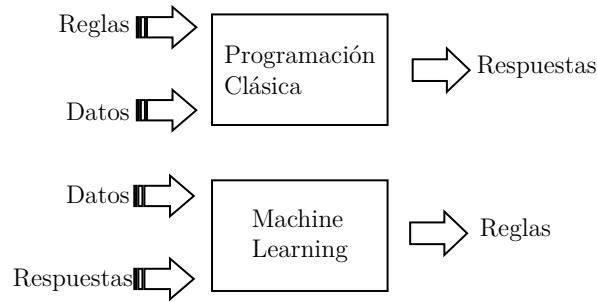


Figura 2.17: Un nuevo paradigma

2.3.2.2. Tipos y algoritmos de Machine Learning

Existen muchas formas de clasificar los algoritmos de **ML**, algunos los clasifican por su forma de aprendizaje o la forma en la que realizan sus generalizaciones. En este caso nos centraremos en la forma en que los algoritmos aprenden, en referencia a la presencia o ausencia de respuestas para alimentar la función de pérdida[48].

El **aprendizaje supervisado** es aquel que se alimenta con los datos de entrenamiento en conjunto a las soluciones o *labels* (etiquetas). Este tipo de aprendizaje puedes resolver las tareas de clasificación y regresión. Clasificar significa separar dos (clasificación binaria) o más (clasificación multi-clase) conjuntos de entradas y asignarles una variable categórica. Regresión es la predicción de un valor numérico continuo (Figura 2.18).

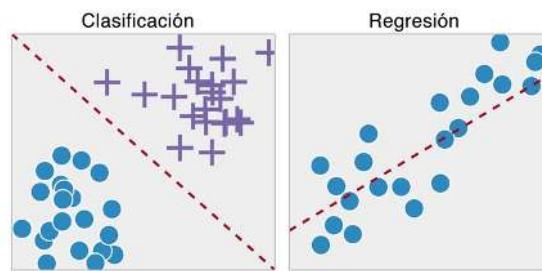


Figura 2.18: Tareas del aprendizaje supervisado

Algunos algoritmos de aprendizaje supervisado son los siguientes:

- k-Nearest Neighbors
- Linear Regression
- Logistic Regression
- Support Vector Machines
- Decision Trees
- XGBoost

El **aprendizaje no supervisado**, no requiere de etiquetas para su funcionamiento. Es capaz de encontrar relaciones no explícitas entre los datos y tiene las siguientes dos aplicaciones ([Figura 2.19](#)):

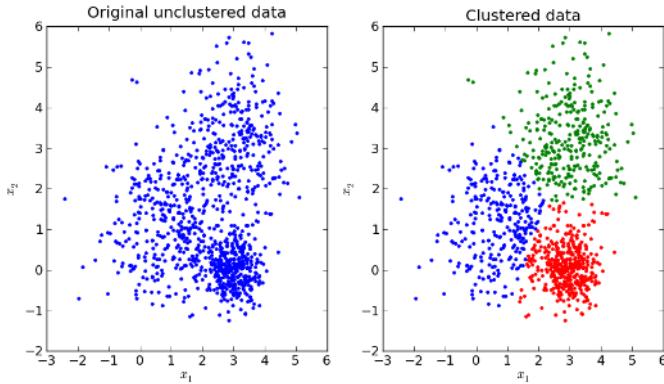


Figura 2.19: Clustering

1. Clustering
 - k-Means
 - Hierarchical Cluster Analysis (HCA)
 - Expectation Maximization
2. Visualización y reducción de la dimensionalidad
 - Principal Component Analysis (PCA)
 - Self Organizing Maps
 - t-distributed Stochastic Neighbor Embedding ([t-SNE](#))

Tenemos muchísimos algoritmos para realizar la misma tarea que podríamos llegar a pensar que existe una manera fácil o intuitiva para seleccionar el mejor de todos para un problema dado. Lamentablemente el Teorema de no almuerzo gratis (No Free Lunch) dice que no existe un modelo que funcione mejor para cada problema. Es necesario hacer una búsqueda y probar todos los algoritmos que nuestros recursos nos permitan. Es por ello que posteriormente haremos una búsqueda entre todo el muchas arquitecturas neuronales distintas para encontrar aquella que tenga el mejor rendimiento para el problema a resolver.

El rendimiento de un algoritmo a iterado m veces bajo una función de pérdida f se mide con la probabilidad condicional de obtener una muestra particular d_m bajo las condiciones establecidas se muestra en la [Ecuación 2.1](#); donde d_m^y representa las etiquetas de la muestra.

$$\boxed{\Phi(d_m^y) = P(d_m^y | f, m, a)} \quad (2.1)$$

Rendimiento algorítmico

El teorema demuestra que si un algoritmo tiene un buen rendimiento en cierta clase de problemas necesariamente tiene un rendimiento reducido en el resto del conjunto de problemas. Esto se reduce a determinar como un subconjunto de problemas perteneciente a todo el conjunto de problemas existentes $F_1 \subset \mathcal{F}$ para el cual el algoritmo a_1 tiene mejor rendimiento que el algoritmo a_2 y compararlo con el subconjunto $F_2 \subset \mathcal{F}$ para el cual lo opuesto se cumple. Esto se logra sumando todas las funciones de pérdida f para $P(d_m^y | f, m, a_1)$ y comparándolas con la suma de $P(d_m^y | f, m, a_2)$. La demostración del teorema conlleva al resultado de que $P(d_m^y | f, m, a)$ es independiente de a cuando promediamos sobre todas las funciones de pérdida (Ecuación 2.2)[49].

$$\sum_f P(d_m^y | f, m, a_1) = \sum_f P(d_m^y | f, m, a_2) \quad (2.2)$$

Teorema NFL

El único algoritmo de ML que se usará dentro de esta tesis será t-SNE, que ayudará a visualizar el espacio altamente dimensional del modelo de clasificación en dos dimensiones para ver como se comporta. Este algoritmo funciona incrustando puntos de muchas dimensiones en dimensiones bajas (generalmente dos) de cierta forma que se respete la similitud entre puntos. Los cercanos en el espacio altamente dimensional corresponden a los puntos cercanos incrustados en el espacio de dimensión reducida y viceversa (algoritmo 2.1) [50][51].

Algoritmo 2.1: t-distributed Stochastic Neighbor Embedding

```

Input : data set  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ 
        cost function parameters: perplexity  $Perp$ 
        optimization parameters: number of iterations  $T$ , learning rate  $\eta$ , momentum  $\alpha(t)$ .
Output : low-dimensional data representation  $Y(T) = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$ 
begin
    compute pairwise affinities  $p_{j|i}$  with perplexity Perp
     $p_{j|i} \leftarrow \frac{p_{j|i} + p_{i|j}}{2n}$ 
    sample initial solution  $Y^{(0)} = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$  from  $\mathcal{N}(0, 10^{-4}I)$ 
    for  $t = 1$  to  $T$  do
        compute low-dimensional affinities  $q_{ij}$ 
        compute gradient  $\frac{\delta C}{\delta Y}$ 
         $Y^{(t)} \leftarrow Y^{(t-1)} + \eta \frac{\delta C}{\delta Y} + \alpha(t)(Y^{(t-1)} - Y^{(t-2)})$ 
    end
end

```

2.3.3. Selección de modelo

El rendimiento de generalización de cualquier algoritmo de aprendizaje está directamente relacionado con su capacidad de realizar predicciones correctas en un subconjunto de datos especialmente separados para realizar pruebas al algoritmo. La evaluación de este rendimiento es sumamente importante (más en la práctica), ya que nos provee de una medida de la calidad de nuestro modelo.

Para poder evaluar el rendimiento, debemos sobreponer ciertas cuestiones estadísticas como el dilema sesgo-varianza y algunos otros problemas relacionados con el ajuste tanto del modelo como de los hiperparámetros.

Ajustar dichos hiperparámetros con los mismos datos usados para entrenar el modelo, no se obtendrían buenos resultados ya que el modelo solo se dedicaría a predecir sobre el mismo conjunto de datos, inhibiendo su capacidad de generalización. Por lo tanto los hiperparámetros deben de ser ajustados con un conjunto separado de datos sobre el cual el modelo aprenderá sus parámetros internos (como los pesos en las redes neuronales).

2.3.3.1. Conjuntos de datos

Como estamos hablando de aprendizaje supervisado, tenemos un conjunto de datos correctamente etiquetado y se debe distribuir este recurso limitado para entrenar, validar y probar el modelo. Claramente, usar el conjunto de datos usado para aprender, como conjunto de evaluación, llevaría a una sobreestimación del poder predictivo de nuestro modelo. Esto es porque, como hemos mencionado anteriormente, la generalización es el objetivo primario, esto lo probamos realizando predicciones sobre un conjunto que nuestro modelo jamás haya visto. Así mismo, la porción de datos usados para la selección tanto del modelo (o arquitectura) así como el ajuste de sus hiperparámetros también debe de ser distinto. Fallar en esta fase llevaría a tener esperanzas demasiado optimistas sobre el rendimiento del modelo, un fallo crítico si se trata del área médica. [52]

Dado cierto conjunto de datos \mathbb{D} , tenemos los subconjuntos $\mathcal{T}, \mathcal{V}, \mathcal{P} \in \mathbb{D}$ Entrenamiento, Validación y Prueba respectivamente, tal que:

- **Entrenamiento:** Estos son los datos que serán usados para entrenar el modelo. Los mismos datos de entrenamiento servirán para probar distintos modelos y arquitecturas, lo que nos permite evaluar su rendimiento y seleccionar el mejor algoritmo para nuestro problema particular.
- **Validación:** Estos datos son los que nos sirven para mejorar la precisión del modelo una vez que lo hayamos elegido. Estos datos nos permiten el ajuste de hiperparámetros, así como una evaluación primaria de nuestros modelos y nos otorga información para hacer cambios en los componentes de nuestras arquitecturas.
- **Pruebas:** Este subconjunto será utilizado para medir la precisión del modelo

final. Es muy importante, que no se miren los datos durante el proceso y solamente usarlos al final; esto para no inducir ruido estadístico ni subjetividad.

2.3.3.2. Estimación el error de generalización

En la [Ecuación 2.3](#) notamos que, teniendo las etiquetas correctas de cierta evaluación y como variable objetivo, un tensor de entradas \mathbf{X} (en el caso de imágenes pueden ser en tanto en dos dimensiones como volumétricas) y cierto modelo predictivo $\hat{f}(\mathbf{X})$ el cual hemos estimado en nuestro subconjunto de entrenamiento \mathcal{T} . La función de pérdida (Loss Function) que cuantifica el error entre la etiqueta correcta Y y la predicha por el algoritmo $\hat{f}(\mathbf{X})$, para el caso de clasificación de imágenes se toma como la función de pérdida $L(y, \hat{f}(\mathbf{X}))$ la Entropía Cruzada (Cross Entropy), tanto para clasificación binaria como multi-clase; mientras que el Error Cuadrático Medio (MSE) es la función de pérdida usada para problemas de regresión ([Ecuación 2.4](#)) [53].

$$L(y, \hat{f}(\mathbf{X})) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \log p_{\hat{f}(\mathbf{X})}[y_i \in C_{y_i}] \quad (2.3)$$

Categorical Crossentropy

$$L(y, \hat{f}(\mathbf{X})) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{f}(\mathbf{X}_i))^2 \quad (2.4)$$

Mean Squared Error

Esta función de pérdida, es cierta medida del error que existe entre las etiquetas reales y las predichas por el modelo. Por ende, el error que nos interesa es el error de generalización, que está dado por la [Ecuación 2.5](#), donde el $Err_{\mathcal{P}}$ es igual al valor esperado de nuestra función de pérdida $L(y, \hat{f}(\mathbf{X}))$ dato nuestro subconjunto de prueba \mathcal{P} .

$$Err_{\mathcal{P}} = E[L(y, \hat{f}(\mathbf{X})) | \mathcal{P}] \quad (2.5)$$

Error de generalización

2.3.3.3. Validación cruzada de K-iteraciones

La división en estos tres conjuntos no siempre es posible ya que a veces trabajamos con muy pocos datos, como en el área médica. Tener pocos datos implica incertidumbre estadística en la estimación del error de generalización. Otro problema que surge es que dividir los datos, si bien reducimos el sesgo, podemos incidir ruido estadístico en

el modelo, también entramos en errores de redondeo, ya que los índices pertenecen al conjunto de los naturales $i \in \mathbb{N}$. Afortunadamente, la técnica de Validación Cruzada Iterativa (K-fold Cross-Validation) soluciona ambos problemas, aunque no lo hace gratis, sino que incurre en un costo computacional extra, lo cual lo hace poco práctico cuando no se cuenta un equipo de cómputo adecuado. [53]

La Validación Cruzada de K-Iteraciones ([algoritmo 2.2](#)), es un algoritmo en el cual cada partición del conjunto de datos \mathbb{D} se crea con subconjuntos disjuntos del mismo. El error se estima en cada iteración del algoritmo ([Figura 2.20](#)). [54]

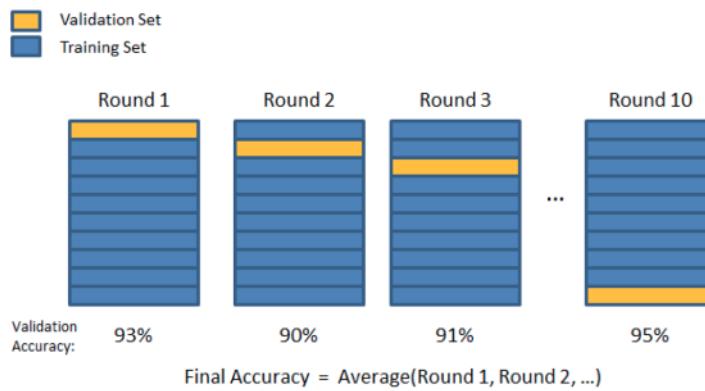


Figura 2.20: Ejemplo de Validación Cruzada

Algoritmo 2.2: Validación cruzada de K-iteraciones

Input : Training set $S = \{(\mathbf{x}_1, y_1), \dots, (\mathbf{x}_m, y_m)\}$

Input : Parameters Θ

Input : Algorithm A

Input : Folds k

Output : $\theta^* = \operatorname{argmin}_{\theta} [\operatorname{error}(\theta)]$

Output : $h_{\theta^*} = A(S; \theta^*)$

begin

Divide $S_1, S_2, \dots, S_k \in S$

for θ in Θ **do**

for $i = 1$ to k **do**

$h_{i,\theta^*} \leftarrow A(S \setminus S_i; \theta^*)$

$\operatorname{error}(\theta) \leftarrow \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k L_{S_i}(h_{i,\theta^*})$

end

end

end

Aunque existen otras formas de probar el modelo para encontrar el óptimo entre el

sesgo y la varianza, nos enfocamos solamente en la técnica de validación cruzada. Ya que se ha encontrado que, en el área médica, es la mejor medida estadísticamente el rendimiento de un modelo. [55]

2.3.3.4. Sesgo contra varianza

La mayoría de los modelos suponen relaciones funcionales entre las variables, lo cual permite al modelo hacer un estimado de la variable objetivo en el caso del aprendizaje supervisado. No todos los modelos hacen las mismas suposiciones, es por ello que se requiere escoger las mejores para determinada **BD**.

Existen dos tipos de error en los modelos:

- **Sesgo:** Es la diferencia entre el valor estimado y el valor verdadero de una variable. Son los errores derivados de las suposiciones incorrectas que hace el algoritmo o por un mal diseño de la **BD**. Puede causar que un algoritmo identifique incorrectamente o pierda relaciones importantes, lo que puede resultar en *underfitting* o infra-ajuste; el modelo es incapaz de capturar el verdadero patrón subyacente dentro de la **BD**
- **Varianza:** Es el error causado por la sensibilidad a pequeñas variaciones dentro de la **BD** y es tanto un estimado, dado cierto punto de dato, de cuánto cambiará este usando una **BD** distinta. Una alta varianza puede hacer que el algoritmo realice sus estimaciones usando el ruido aleatorio en lugar de las relaciones en los datos. También está asociada al fenómeno de *overfitting* o sobre-ajuste, en el cual un algoritmo tiene un excelente rendimiento en el conjunto de entrenamiento pero tiene un poder de generalización muy pobre.

2.3.3.5. Sobre-ajuste contra infra-ajuste

Estos son dos conceptos están relacionados con el hecho de que los datos usados para entrenar el modelo no son los datos con los que será implementado (Figura 2.21).

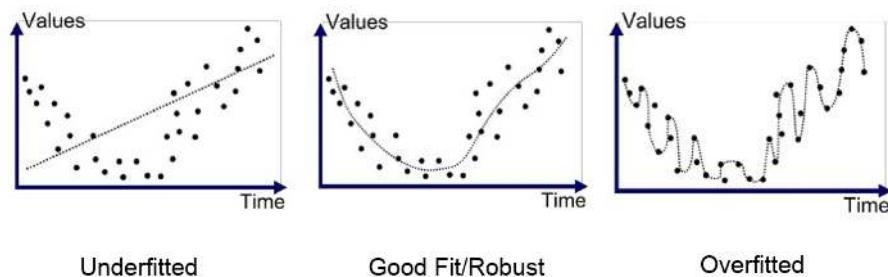


Figura 2.21: Infra-ajuste vs sobre-ajuste vs buen ajuste

El *underfitting* causa paupérrimas predicciones ya que el modelo no tiene poder suficiente para capturar los patrones y relaciones que yacen en los datos. Puede ser

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

solucionado usando un otro algoritmo u otro modelo más complejo, también se usan técnicas de regularización para evitarlo.

El *overfitting* conlleva a predicciones excesivamente ajustadas a los datos de entrenamiento. El modelo no aprendió de los datos, los memorizó. Esto es asociado a una alta varianza y tienen un poder de generalización muy pobre. Soluciones incluyen simplificar el modelo, obtener más datos de entrenamiento o aplicar regularización.

Los modelos con baja varianza tienden a ser menos complejos, es decir, tienen una estructura subyacente simple. Tienden a ser consistentes pero poco exactos. Dependiendo de la [BD](#), pueden no ser suficientemente complejos para encontrar el verdadero patrón, resultando en infra-ajuste.

Los modelos con sesgo bajo, son más complejos y son más flexibles en su estructura interna; lo que permite más poder para encontrar relaciones complejas dentro de los datos. Pueden llevar al sobre-ajuste ya que son tan poderosos que pueden memorizar los datos en lugar de aprender de ellos.

En la [Figura 2.22](#) podemos ver una analogía de estos dos tipos de error. En el que cada punto representa no un dato, sino una iteración de entrenamiento de cierto modelo, ajustado al mismo problema utilizando distintas [BDs](#).

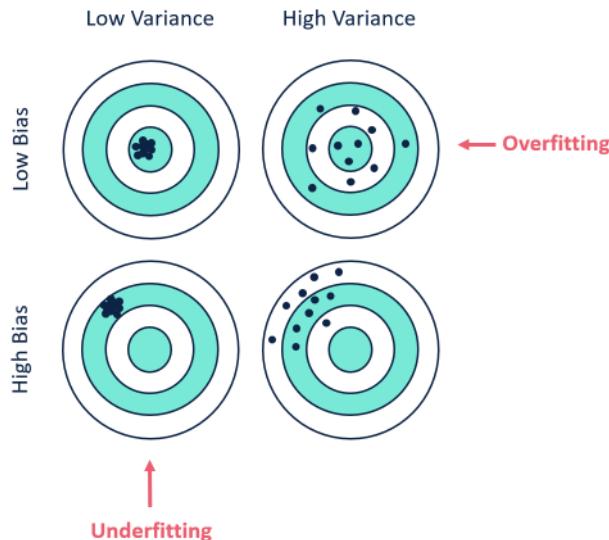


Figura 2.22: Sesgo y varianza y su relación con el infra-ajuste y el sobre-ajuste

2.3.3.6. Dilema sesgo-varianza

En la vida real, reducir el sesgo incrementa la varianza y viceversa. Lo óptimo es encontrar un balance entre los dos para minimizar el error total de generalización. Desafortunadamente no hay una forma fácil de encontrar este balance. Es por ello que se requieren múltiples iteraciones de entrenamiento de uno o varios modelos para encontrar este punto de equilibrio ([Figura 2.23](#))[\[56\]](#).

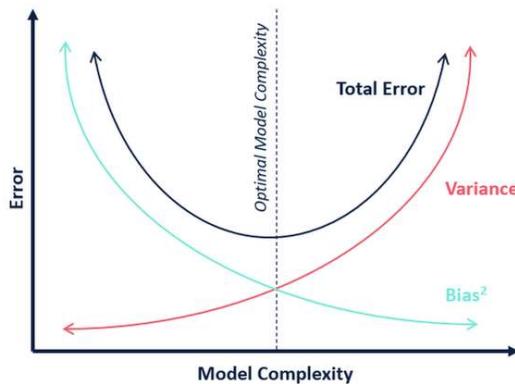


Figura 2.23: El dilema sesgo-varianza

2.3.4. Evaluación de un modelo de clasificación

Se eligió un subconjunto de estas métricas que son comunes en el área de clasificación médica. Si bien la Exactitud es la métrica más común aplicada para problemas de clasificación y es la usada como métrica para evaluar un modelo durante su entrenamiento, no siempre es la mejor opción, ya que asigna el mismo valor a los Falsos Positivos y a los Falsos Negativos. Para el área médica, se tiene que tener especial cuidado en medir los errores de clasificación de un algoritmo puesto que se está tratando de vidas humanas; no queremos decirle a un paciente que está sano cuando en realidad está enfermo, ni queremos decirle a un paciente sano que sufre una enfermedad.

Es por ello que tenemos que hacer uso de otras métricas, varias de ellas, para poder evaluar correctamente el poder de clasificación de un modelo. Tenemos tres grupos de estas métricas: los valores generales, las métricas usadas para evaluar y entrenar el modelo y las pruebas de diagnóstico usadas en medicina basada en evidencias.

Finalmente, se utilizarán Matrices de Confusión que abstraen el rendimiento de un algoritmo de clasificación. El número de predicciones correctas e incorrectas es representado por cada clase y muestra todas las formas en las cuales el modelo de clasificación se confunde entre clases al realizar una predicción. Estas matrices pueden ser normalizadas con respecto al número total de predicciones para ofrecer una métrica entre 0 y 1 o sin normalizar para representar el total de pruebas realizadas.

2.3.4.1. Valores generales

Recordando el conjunto de datos \mathcal{P} usado para probar el modelo, tenemos dos subconjuntos básicos: el número de positivos (P) y el número de negativos (N) que sumados dan la población total (POP) de $\mathbb{D} = P + N = POP$. Posteriormente se alimenta el conjunto \mathcal{P} a un algoritmo de clasificación, se capturan las salidas y se comparan con las etiquetas verdaderas de cada clase; es decir revisamos si la clase de salida corresponde con la realidad. De esta acción tomamos cuatro medidas básicas:

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

TP , TN , FP , FN . Los Falsos Positivos corresponden al error estadístico de Tipo I mientras que los Falsos Negativos corresponden al error de Tipo II ([Tabla 2.3](#)).

Métrica	Nombre	Traducción	Descripción
POP	Population	Población	Número de elementos por clase
P	Positive	Positivo	Número de muestras positivas
N	Negative	Negativo	Número de muestras negativas
TP	True Positive	Verdadero Positivo	Detección de la condición cuando si está presente
TN	True Negative	Verdadero Negativo	No detección de la condición cuando no está presente
FP	False Positive	Falso Positivo	Detección de la condición cuando no está presente
FN	False Negative	Falso Negativo	No detección de la condición cuando está presente

Tabla 2.3: Valores generales de un problema de clasificación

2.3.4.2. Métricas evaluadas

Como mencionamos anteriormente, existen mejores métricas que la Exactitud para determinar el rendimiento de un algoritmo de clasificación aplicado al área médica. Posteriormente elegiremos tres para medir el rendimiento del algoritmo durante el entrenamiento: ACC, TPR (sensibilidad) y TNR (especificidad).

Otras métricas importantes son el Área bajo la Curva (AUC) que representa que tan bien nuestro modelo es capaz de distinguir entre clases y que puede ser graficada. El Índice de Jaccard será usado posteriormente para determinar el rendimiento en entrenamiento de otro tipo de modelos. Toda esta batería de pruebas está pensada para estimar lo más correcto posible la capacidad del modelo de clasificar correctamente entre una célula normal a una anormal y nos da una base sólida para afirmar el rendimiento real en aplicaciones médicas. La explicación y fórmulas de estas métricas las podemos encontrar en la [Tabla 2.4](#).

Métrica	Nombre	Traducción	Descripción	Fórmula
ACC	Accuracy	Exactitud	Número de predicciones correctas de todas las predicciones	$ACC = \frac{TP + TN}{P + N} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (2.6)$
AUC	Area under ROC curve	Área bajo la ROC curva	Corresponde a la media aritmética de la sensibilidad y especificidad para cada clase	$AUC = \frac{TNR + TPR}{2} \quad (2.7)$
BM	Bookmaker Informedness	Información de Bookmaker	Probabilidad de que el algoritmo tome una decisión correcta en oposición a simple adivinanza	$BM = TPR + TNR - 1 \quad (2.8)$
CEN	Confusion Entropy	Entropía de Confusión	Evaluá la confusión a nivel clase basada en la entropía de las matrices de confusión, estadísticamente es más discriminante que ACC	$CEN_j = - \sum_{k=1, k \neq j}^{ C } (P_{j,k}^j \log_2(C -1) (P_{j,k}^j) + P_{k,j}^j \log_2(C -1) (P_{k,j}^j)) \quad (2.9)$
ERR	Error Rate	Tasa Error	Tasa de Número de predicciones incorrectas de todas las predicciones	$ERR = \frac{FP + FN}{P + N} = \frac{FP + FN}{TP + TN + FP + FN} = 1 - ACC \quad (2.10)$
F1	F1 Score	Medida F1	Es el promedio armónico de la precisión y recall, cuyo peor valor es 0 y el mejor 1	$F1 = 2 \frac{PPV \cdot TPR}{PPV + TPR} \quad (2.11)$
FDR	False Discovery Rate	Tasa de Falso Descubrimiento	Permite analizar la proporción de hipótesis nulas rechazadas que son falsas (rechazos incorrectos)	$FDR = \frac{FP}{FP + TP} = 1 - PPV \quad (2.12)$
FNR	False Negative Rate	Tasa de Falsos Negativos	Proporción de positivos que dieron negativos en la prueba	$FNR = \frac{FN}{P} = \frac{FN}{FN + TP} = 1 - TPR \quad (2.13)$
FOR	False Omission Rate	Tasa de Falsa Omisión	Mide la proporción de falsos negativos que son incorrectamente rechazados	$FOR = \frac{FN}{FN + TN} = 1 - NPV \quad (2.14)$
FPR	False Positive Rate	Tasa de Falsos Positivos	Proporción de todos los negativos que aún así salieron positivos, es equivalente al nivel de significancia. La especificidad de una prueba es $1 - FPR$	$FPR = \frac{FP}{N} = \frac{FP}{FP + TN} = 1 - TNR \quad (2.15)$
J	Jaccard Index	Índice de Jaccard	También conocido como Intersección Sobre Unión (IOU), mide la similitud y diversidad de los conjuntos de muestra	$J(y, \hat{y}) = \frac{ y \cap \hat{y} }{ y \cup \hat{y} } = \frac{ y \cap \hat{y} }{ y + \hat{y} - y \cap \hat{y} } \quad (2.16)$
MCECN	Modified Confusion Entropy	Entropía de Confusión Modificada	Es más robusta estadísticamente que su versión anterior	$MCEN_j = - \sum_{k=1, k \neq j}^{ C } (P_{j,k}^j \log_2(C -1) (P_{j,k}^j) + P_{k,j}^j \log_2(C -1) (P_{k,j}^j)) \quad (2.17)$
NPV	Negative Predictive Value	Valor Predictivo Negativo	Proporción de negativos que corresponden a ausencia de condición	$NPV = \frac{TN}{TN + FN} \quad (2.18)$
PPV	Positive Predictive Value	Valor Predictivo Positivo	Precisión, proporción de positivos que corresponden a la presencia de condición	$PPV = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2.19)$
PRE	Prevalence	Prevalencia	Número de casos de una enfermedad que están presente en una población	$PRE = \frac{P}{POP} \quad (2.20)$
TNR	True Negative Rate	Tasa de Negativos	Especificidad, mide la proporción de negativos que son correctamente clasificados	$TNR = \frac{TN}{N} = \frac{TN}{TN + FP} \quad (2.21)$
Marco del Moral	True Positive Rate	Tasa Falsos	Sensibilidad o recall, mide la proporción de positivos que	72

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

2.3.4.3. Pruebas de diagnóstico

Las métricas de prueba de diagnóstico surgen de la necesidad de estimar correctamente una prueba de diagnóstico médico y fueron pensadas para tomar decisiones en la medicina basada en evidencias. Sirven para evaluar que tan buena es una prueba de diagnóstico y tienen ventajas sobre TNR y TPR ya que son menos propensas a cambiar dada la prevalencia de la enfermedad en el conjunto de evaluación ([Tabla 2.5](#)).

Métrica	Nombre	Traducción	Descripción	Fórmula
PLR	Positive Likelihood Ratio	Razón de Verosimilitud Positiva	Usa la sensibilidad y la especificidad para determinar si el resultado de la prueba cambia la probabilidad de que una condición exista	$LR_+ = PLR = \frac{TPR}{FPR}$ (2.23)
NLR	Negative Likelihood Ratio	Razón de Verosimilitud Negativa	La probabilidad de que una muestra que dio negativo en la prueba dividido por la probabilidad de que esa muestra sea negativa	$LR_- = NLR = \frac{FNR}{TNR}$ (2.24)
DOR	Diagnostic Odds Ratio	Razón de Oportunidades de Diagnóstico	Es la medida de la efectividad de una prueba de diagnóstico, es la proporción de las probabilidades de una prueba de ser positiva si la muestra tiene la enfermedad relativa a las probabilidades de que la prueba sea positiva si el sujeto no tiene la enfermedad	$DOR = \frac{LR_+}{LR_-}$ (2.25)
DP	Discriminant Power	Poder Discriminador	Una medida que encapsula la sensibilidad y la especificidad	$DP = \frac{\sqrt{3}}{pi} \left((\log_{10} \frac{TPR}{1 - TPR}) + (\log_{10} \frac{TNR}{1 - TNR}) \right)$ (2.26)
IS	Information Score	Medida de Información	Cantidad de información necesaria para clasificar correctamente un ejemplo en una clase determinada	$IS = -\log_2(\frac{TP + FN}{POP}) + \log_2(\frac{TP}{TP + FP})$ (2.27)

Tabla 2.5: Breve explicación de las pruebas de diagnóstico

2.3.5. Deep Learning

El Aprendizaje Profundo o [DL](#), es la más reciente rama de la [IA](#) y es la que mejores resultados ha tenido de todo el conjunto de algoritmos que componen esta área multidisciplinaria de conocimiento. Ha sido implementada exitosamente en la mayoría de las aplicaciones tecnológicas modernas desde las redes sociales (Facebook, Instagram), servicios en la nube (Watson, Google) y tiene un futuro prometedor en todo lo relacionado con la explosión tecnológica del siglo XXI.

El [DL](#), es capaz de aprender de dentro de los datos, patrones de información y representaciones profundas de los objetos que analicen. Esta diferenciación con respecto a las aplicaciones tradicionales de las RNA se logra mediante arquitecturas profundas, mejoras en técnicas matemáticas, incremento en tecnología computacional que permiten a la computadora, por si sola, extraer las características principales de las imágenes y, capa por capa, conocer todos los patrones intrincados que se codifican en la base de datos de entrenamiento. Esta capacidad de aprender sucesivamente patrones cada vez más abstractos en cada capa secuencial, se le conoce como Aprendizaje Jerárquico.

El **DL** ofreció mejor rendimiento en muchas tareas distintas, por ejemplo:

- Clasificación de imágenes a niveles casi humanos
- Reconocimiento de voz a niveles casi humanos
- Transcripción de letra escrita a niveles casi humanos
- Ha mejorado la traducción asistida por máquinas
- Mejora en la conversión texto-habla
- Conducción de autos autónomos
- Mejora de búsquedas en la web
- Habilidad para contestar preguntas en lenguaje natural

En el 2011, los mejores resultados en el reto de *ImageNet* (clasificar miles de imágenes en cientos de clases), la exactitud rondaba solo el 74.3 %. En 2012 un equipo logró mejorar esta exactitud a 83.6 %. Para el 2015, el ganador manejaba una precisión del 96.4 % utilizando ConvNets, en la actualidad *ImageNet* se considera un problema resuelto.

Las dos ideas claves para el **DL** aplicado a **VC** fueron las **ConvNets** y el *Algoritmo de Retro-propagación* (Backpropagation) ya existían hace 30 años. Debido a que el campo es experimental y no teórico, los avances en algoritmos son posibles solo cuando hay suficientes datos y Hardware. Estas ideas estuvieron en letargo, esperando avances en Hardware para ser posibles técnicamente y en la maduración del concepto de almacenamiento y recopilación de datos [47].

2.3.5.1. Hardware

En 30 años los procesadores disponibles para el usuario final se han vuelto cada vez más rápidos en un factor de 5000. Ahora es posible entrenar modelos de **DL** en una computadora cualquiera e implementar **DL** dentro de dispositivos con restricciones de rendimiento como los **SE**.

Durante los últimos 20 años, dos compañías se enfrascaron en una batalla tecnológica para desarrollar veloces unidades de procesamiento en paralelo para aplicarlas al área de Gráficas Computacionales aplicadas a cuestiones mundanas como los videojuegos. Una imagen (o video), como vimos anteriormente, se puede representar como una matriz y es posible aplicarle operaciones de álgebra lineal. Es por ello que un procesador capaz de parallelizar miles de operaciones sencillas es el indicado para procesar gráficas pero también imágenes. A este tipo de procesadores se les llamó Graphical Processing Unit (**GPU**), que básicamente son mini supercomputadoras capaz de procesar cientos de matrices y operaciones en tiempo real, operaciones comunes en el área de gráficos por computadora y videojuegos.

Dos empresas se enfrascaron en una batalla tecnológica para capitalizar el mercado de los videojuegos y catapultaron el desarrollo de estos **GPUs**: Nvidia y AMD. Siendo

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

la primera la ganadora indiscutible en lo que rendimiento para entrenar algoritmos de **DL**, debido a que es la única que tiene en sus líneas de productos tarjetas específicas para **IA**(Figura 2.24).



(a) Nvidia



(b) AMD

Figura 2.24: Compañías líderes en GPUs

Las **ConvNets** consisten, principalmente, en miles de pequeñas multiplicaciones matriciales, por lo tanto son altamente generalizables. En 2007 Nvidia lanzó Compute Unified Device Architecture (**CUDA**), que permitió programar las **GPUs** para ser aplicadas a la parte científica. En la Figura 2.25 se tiene una comparativa entre el rendimiento en GFLOPS [57] [58]. Se nota claramente la brecha entre el rendimiento de los procesadores centrales tradicionales y los **GPUs**.

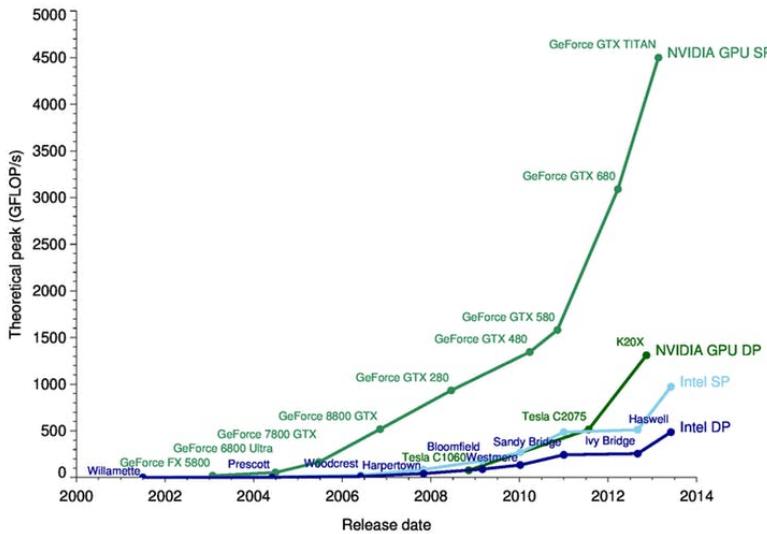


Figura 2.25: CPU vs GPU

En la actualidad Nvidia cuenta con **GPUs** capaces de realizar más de 14.90 TFLOPS, lo que es equivalente a 14.90 trillones de operaciones de punto flotante por segundo a una precisión de 32 bits. Permitiendo entrenar en un día modelos que habrían ganado fácilmente la competencia de *ImageNet*.

La empresa Nvidia tiene un compromiso muy grande por la investigación y es uno de los actores principales en la revolución del [DL](#). Es por ello que han implementado un programa de donación de [GPUs](#) de muy alto rendimiento para proyectos que cumplan una estricta lista de requerimientos. El modelo de GPU donado es *Titan V* ([Figura 2.26](#)), con un costo de \$75,038.34 pesos mexicanos y que cuenta con las siguientes características.

- **Arquitectura:** Volta
- **Tipo de proceso:** 12 nanómetros
- **Transistores:** 21,100 millones
- **Interface:** PCIe 3.0 × 16
- **Velocidad:** 1200Mhz - 1455Mhz
- **Memoria:** 12 GB
- **Ancho de banda:** 651.3 GB/s
- **Núcleos tensoriales:** 640
- **Núcleos CUDA:** 5120
- **Rendimiento tensorial:** 110 TFLOPS (11 trillones de operaciones por segundo)
- **Consumo de poder:** 200W



Figura 2.26: Titan V

Debido a los objetivos de esta tesis, se tuvo la fortuna de recibir una donación de una de estas tarjetas gráficas, lo cual catalizó el proceso de desarrollo y permitió explorar muchas arquitecturas y paradigmas. La propuesta que se mandó a Nvidia sobre la cual se tomó la decisión para la donación de la tarjeta se puede encontrar en el [Apéndice A](#).

2.3.5.2. Datos

El darle la importancia necesaria los datos creo las condiciones necesarias para entrar a la llamada Cuarta Revolución Industrial. El internet permite transmitir datos fácilmente a través de continentes y también permite colectar y distribuir BDs libres para desarrollar y probar nuevos algoritmos de IA.

Uno de las BDs más famosas es la de *ImageNet* ([Figura 2.27](#)) que consiste en 1.4 millones de imágenes para ser categorizadas en 1000 clases distintas; se subdivide en 1.3 millones de imágenes para entrenamiento, 50000 para validación y 100000 de prueba. Es esta BD la que posteriormente se reentrenará y ajustará para clasificar imágenes en clases que nunca antes ha visto. Esto es lo que se conoce como TL. Al final dos bases de datos trabajarán en conjunto para generar clasificadores específicos. Reduciendo mucho el tiempo de desarrollo, el tiempo de entrenamiento y la cantidad de datos necesaria para alcanzar un buen rendimiento [59].



Figura 2.27: ImageNet

2.3.5.3. Redes neuronales convolucionales

Las ConvNets son probablemente la epítome y el más grande éxito en la historia de los algoritmos inspirados por la naturaleza. Las claves de su diseño fueron inspiradas por las neurociencias.

Todo comienza con los estudios neurocientíficos realizados por David Hubel y Torsten Wiesel para descubrir como es que funciona en su forma más básica el sistema de visión de los mamíferos. Finalmente ganaron el premio Nobel. Se observó como el cerebro de cierto mamífero responde a las imágenes proyectadas en una pantalla. El momento Eureka fue cuando se descubrió que las neuronas en las etapas iniciales del sistema respondían de una forma a ciertos patrones de luz, como aquellos semejantes a barras pero que no lo se activaban con otros patrones [52].

Las RNA comunes que usan la multiplicación matricial para operar de la entrada a la salida, lo que significa que cada salida interactúa con cada entrada. Las ConvNets no hacen esto, ya que tienen conexiones dispersas lo que nos permite operar con menos parámetros lo que reduce la memoria requerida por el modelo y también incrementa la eficiencia estadística al ser un modelo menos complejo.

Entrenar una red es un proceso donde se toma una imagen, se pasa por las capas

de la red, se toma la salida y se compara con la etiqueta real con una **función de pérdida**, que es lo que tomará el **optimizador** para actualizar los pesos de las capas y así generar aprendizaje ([Figura 2.28](#)). Son estos últimos dos pasos los que constituyen la fase de entrenamiento [47].

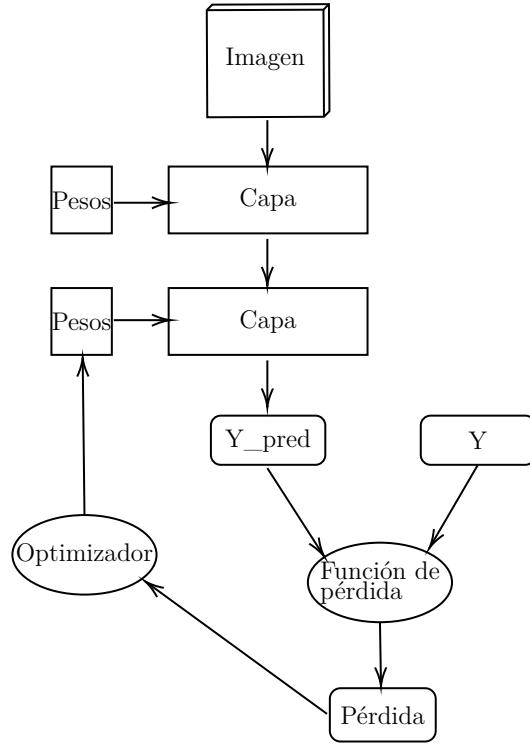


Figura 2.28: Diagrama de funcionamiento de una ConvNet

2.3.5.4. Capas

Las [ConvNets](#) están compuestas de las siguientes capas:

1. Capa convolucional
2. Capa de función de activación
3. Pooling
4. Flatten
5. Capa densa
6. Dropout
7. Softmax

En la [Figura 2.29](#) podemos observar un diagrama de las capas de una ConvNet. En la cual la primera capa es una imagen de $256 \times 256 \times 3$. La cual entra al block1 el cual esta compuesto por un tensor de $256 \times 256 \times 64$, donde el último número representa la cantidad de filtros que se le van a aplicar a una imagen. El block1 contiene la

capa convolucional de un color naranja claro y la capa de función de activación de un color más opaco. Posteriormente se procesa la salida en la capa de Pooling la cual la reduce a la mitad y se alimenta al block2 el cual es un cubo de $128 \times 128 \times 128$. Luego entra al block3, cuya salida es pasada por la capa Flatten representada por las líneas punteadas y pasa a la primera capa densa de color púrpura claro, su respectiva capa de función de activación y la capa de dropout. Al final ingresa a la capa *Softmax* donde n representa la cantidad de categorías a clasificar. A este proceso se le conoce como Forward Pass.

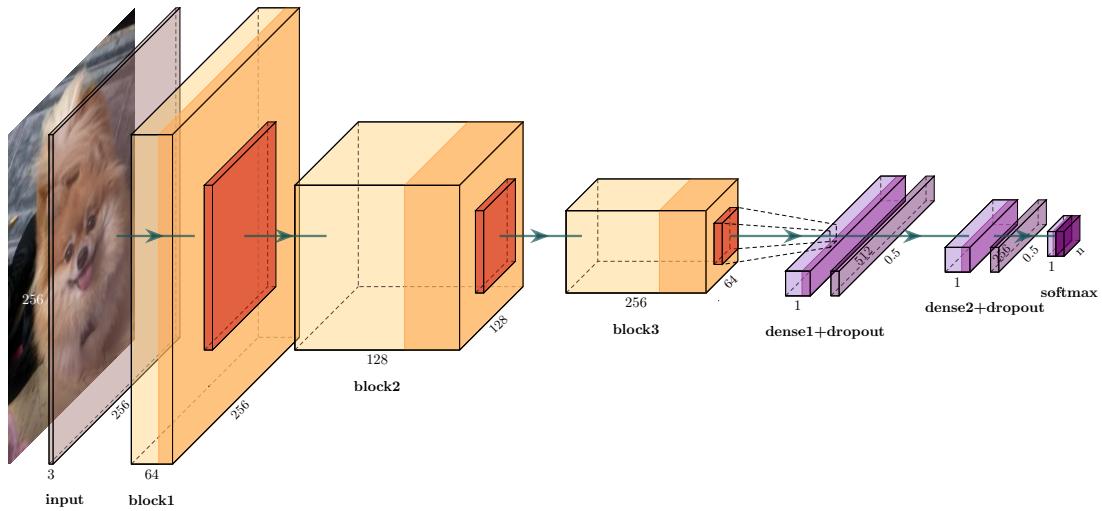


Figura 2.29: Diagrama de una ConvNet

La **Capa convolucional** aplica a una imagen a color de 256×256 , es decir, un tensor tridimensional de $256 \times 256 \times 3$, una función matemática llamada convolución ([Ecuación 2.28](#)), que es una operación lineal especializada. Esta operación substituye la tradicional operación matricial encontrada en las redes neuronales tradicionales. La convolución capta diferentes medidas dentro de cierto espacio, delimitado por un filtro (una matriz de grado n), la cual aplica una operación que multiplica y suma la matriz de la imagen de entrada y agrega los datos en un solo punto, efectivamente codificando un área bidimensional a un solo valor numérico, como se muestra en la [Figura 2.30](#):

$$h_{ijp}^{(q+1)} = \sum_{r=1}^{F_q} \sum_{s=1}^{F_q} \sum_{k=1}^{d_q} w_{rsk}^{(p,q)} h_{i+r-1,j+s-1,k}^{(q)} \quad (2.28)$$

Función de convolución

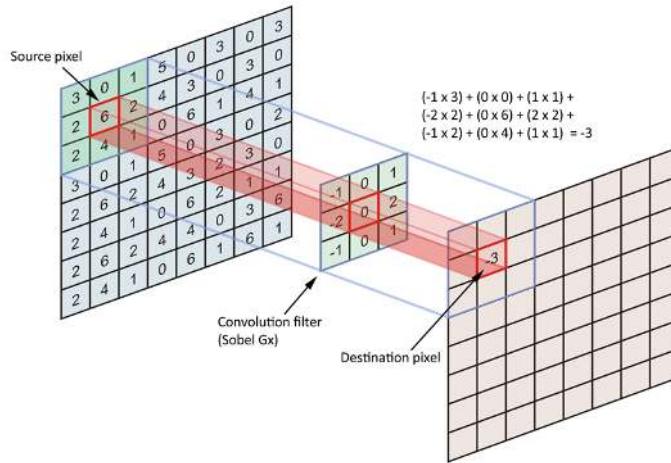


Figura 2.30: La convolución aplicada a una imagen

La **Capa de la función de activación** aplica la no linealidad. Existen muchos tipos de función de activación pero *ReLU* o Rectifier Linear Unit ([Ecuación 2.29](#)) es la que mejores resultados ha dado en el área de RNA. Es barata de computar, converge fácil, carece del problema de desvanecimiento de gradientes (sigmoidal y tanh padecen de esto) y tiene derivada 0 para todos los negativos y 1 para los positivos.

$$R(z) = \begin{cases} 0, & \text{if } z < 0. \\ 1, & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (2.29)$$

Rectified Linear Unit

En la [Figura 2.31](#) comparamos las gráficas de sigmoidal y *ReLU*. Se observa que sigmoidal tiene un rango más amplio de valores y es una fórmula más compleja. Por el contrario *ReLU* tiene una gráfica bastante sencilla.

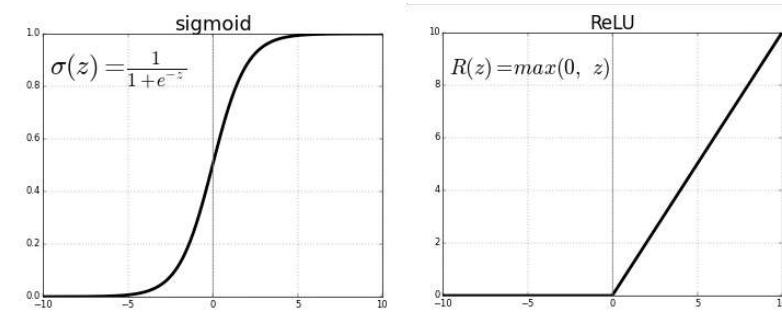
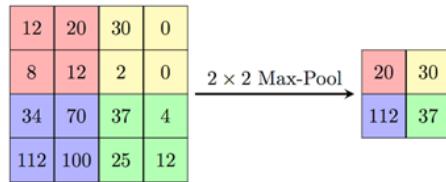


Figura 2.31: Comparación entre ReLU y Sigmoidal

El **pooling** ([Figura 2.32](#)) se refiere a una operación que toma pequeñas regiones de tamaño $P_q \times P_q$ en cada capa y produce otra de la misma profundidad. Para cada cuadrado generado por este proceso en cada uno de los d_q filtros, solamente se devuelve el valor máximo. Esto es conocido como *max pooling* y su fórmula se muestra en la [Ecuación 2.30](#).

$$h_j^n(x) = \max_{\bar{x} \in N(x), \bar{y} \in N(y)} h_j^{n-1}(\bar{x}, \bar{y}) \quad (2.30)$$

MaxPooling2D


 Figura 2.32: Maxpooling para regiones de 2×2

La capa **Flatten** convierte el volumen de salida en un vector unidimensional para poder ser alimentado a la **capa densa**. La cual no es más que la clásica capa de RNA del perceptrón multicapa. La cual recibe como entrada un vector unidimensional y procede a sacar otro vector unidimensional del tamaño del número de neuronas de la capa. Esta salida puede entrar a la **capa dropout** que desactiva secuencialmente neuronas dada cierta probabilidad lo que efectivamente hace a la red más robusta y reduce el sobreajuste.

Por último, la **capa Softmax** (Ecuación 2.31) es una función de activación que nos permite realizar clasificación binaria o multi-clase, dependiendo del número de neuronas que tenga. Colapsa un vector K-dimensional con valores reales y a un vector K-dimensional cuyos valores se encuentran restringidos a un rango entre 0 y 1 y cuya suma siempre dará 1. Efectivamente convirtiendo cada dimensión en una clase y el valor en una probabilidad de pertenecer o no pertenecer.

$$s(z)_i = \frac{e^{z_i}}{\sum_{j=1}^K} \quad (2.31)$$

Softmax

2.3.5.5. Entrenamiento

Para alcanzar una precisión aplicable al mundo real, se requiere durante el entrenamiento una base de datos robusta y que represente fervientemente la realidad de los datos del problema. Para enriquecer estas bases de datos, se aplica un pre-proceso sobre las mismas para aumentar la calidad y el tamaño del conjunto de entrenamiento. Rotando imágenes, generando imágenes espejo, cambiando contrastes son operaciones básicas a realizar; esto hace que otras medidas más complejas sean necesarias: poner imágenes en la misma escala, normalizar mediante medias y desviaciones estándar, aplicación de filtros gaussianos y afinar proporciones. Esto es conocido como **aumentación de datos**.

Los hiperparámetros, que son aquellas condiciones de operación del algoritmo que este no puede aprender por si solo. Son hiperparámetros el Batch Size que rige la cantidad de imágenes que se necesitan para actualizar los pesos, el algoritmo de optimización que buscará minimizar la pérdida, la Learning Rate o Tasa de Aprendizaje del algoritmo de optimización (muy grande y rebotará fuera del mínimo,

muy pequeña y nunca llegará). También lo son el número de capas y la probabilidad del Dropout [54].

Como algoritmo de optimización se usará una variante del clásico Gradiente Descendente llamada Adaptive Moment Estimation o Adam. El cual presenta ciertas ventajas con respecto al algoritmo de gradiente (Figura 2.33) [60]:

- Fácil de implementar
- Computacionalmente eficiente
- Pocos requerimientos de memoria
- Apropiado para objetos no estacionarios
- Sus hiperparámetros internos requieren casi ningún ajuste

Adam combina las mejores características de otros algoritmos de optimización ajustando la tasa de aprendizaje por parámetro aprendido. Teniendo un mejor rendimiento que las alternativas (algoritmo 2.3).

Algoritmo 2.3: Adam, algoritmo de optimización estocástica

```

Input :  $\alpha$  : Stepsize
Input :  $\beta_1, \beta_2 \in [0, 1]$  : Exponential decay rate
Input :  $f(\theta)$  : Stochastic objective function
Input :  $\theta_0$  : Initial parameter vector
Output :  $\theta_t$ 
begin
     $m_0 \leftarrow 0$  (Initialize first momment vector)
     $v_0 \leftarrow 0$  (Initialize second momment vector)
     $t \leftarrow 0$  (Initialize timestep)
    while  $\theta_t$  not converged do
         $t \leftarrow t + 1$ 
         $g_t \leftarrow \nabla_{\theta} f_t(\theta_{t-1})$  Get gradients w.r.t. stochastic objective at timestep
         $m_t \leftarrow \beta_1 \cdot m_{t-1} + (1 - \beta_1) \cdot g_t$  Update biased first moment estimate
         $v_t \leftarrow \beta_2 \cdot v_{t-1} + (1 - \beta_2) \cdot g_t^2$  Update biased second raw moment
        estimat
         $\hat{m}_t \leftarrow m_t / (\beta_1^t)$  Compute bias-corrected first moment estimate
         $\hat{v}_t \leftarrow v_t / (\beta_2^t)$  Compute bias-corrected second raw moment estimat
         $\theta_t \leftarrow \theta_{t-1} - \alpha \cdot \hat{m}_t / (\sqrt{\hat{v}_t} + \epsilon)$  Update parameters
    end
end

```

Los hiperparámetros típicos para Adam son sumamente eficientes en la optimización del algoritmo que rara vez requieren modificarse para obtener un buen rendimiento. El único que se cambiará es la tasa de aprendizaje o learning rate:

- $\alpha > 0$ – learning rate (0.001)
- $\beta_1 \in [0, 1]$ – 1st moment decay rate (0.9)
- $\beta_2 \in [0, 1]$ – 2nd moment decay rate (0.999)

- $\epsilon > 0$ – numerical term (10^{-8})

En la [Figura 2.33](#) se muestra una gráfica entre el costo de entrenamiento y las iteraciones sobre los datos. Adam reduce el costo de entrenamiento más rápido que el resto, por lo que lo hace una excelente elección como hiperparámetro inicial.

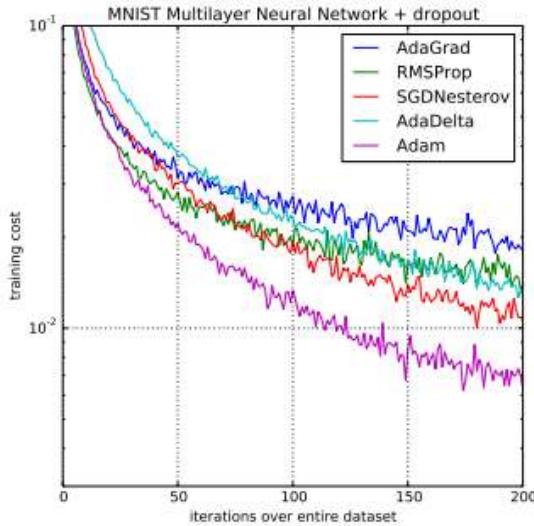


Figura 2.33: Rendimiento de algoritmos de optimización en la BD de MNIST

2.3.6. Arquitecturas

En esta sección se describirán brevemente las arquitecturas seleccionadas para la elaboración del modelo. Como veremos posteriormente, por las características y elementos que contiene la [BD](#) usada en este trabajo, se realizarán tres experimentos basados en clasificación y segmentación. Siendo VGG19 la elegida para el problema de clasificación binaria y multi-clase mediante una búsqueda exhaustiva en todo el *Zoológico de modelos de Keras*; mientras que Unet es la que sugiere la literatura para el uso de segmentación en imágenes citológicas.

2.3.6.1. VGG19

Esta arquitectura fue inventada por el Grupo de Geometría Visual o VGG por sus siglas en inglés de la Universidad de Oxford. VGG19 es una [ConvNet](#) entrenada en *ImageNet* para clasificar más de mil categorías distintas. Como resultado la red ha aprendido muchas representaciones útiles y abstractas sobre muchas imágenes [61].

VGG19 fue uno de los algoritmos con mejor rendimiento en el reto de *ImageNet* en el 2014 y mejoró por mucho el ganador del año anterior. Siendo mejor que el ganador de la competencia de 2014, GoogLeNet en otras tareas de [VC](#).

La innovación de VGG19 con respecto a sus competidores fue el uso de tres capas con filtros 3×3 en lugar una capa con filtros grandes como 11×11 usado en otras arquitecturas. Esto redujo la cantidad de parámetros que la red tenía que aprender durante el entrenamiento. Suponiendo 1 filtro por capa y una capa en la entrada:

- 1 capa de filtro 11×11 : $11 \times 11 = 121$ parámetros
 - 5 capas de filtros 3×3 : $3 \times 3 \times 5 = 45$ parámetros
- $\left. \right\} 63\% \text{ de reducción}$

- 1 capa de filtro 7×7 : $7 \times 7 = 49$ parámetros
 - 3 capas de filtros 3×3 : $3 \times 3 \times 3 = 27$ parámetros
- $\left. \begin{array}{l} \text{45 \% de reducción} \\ \text{28 \% de reducción} \end{array} \right\}$
- 1 capa de filtro 5×5 : $5 \times 5 = 25$ parámetros
 - 2 capas de filtros 3×3 : $3 \times 3 \times 2 = 18$ parámetros

Podemos ver en la Figura 2.34 como al ingresar una imagen representada por un tensor de $256 \times 256 \times 3$, es procesada primero por dos capas convolucionadas de tamaño $256 \times 256 \times 64$ para después pasar por una capa *MaxPool2D* y ser reducida a un tensor $128 \times 128 \times 64$. Las capas convolucionadas subsecuentes incrementarán la profundidad del tensor en cada paso, mientras que las capas *MaxPool2D* reducirán su ancho y alto. Finalmente pasarán por dos capas densas de 1024 neuronas, cada una con su capa de Dropout para terminar en una capa softmax de tantas neuronas como clases se tienen.

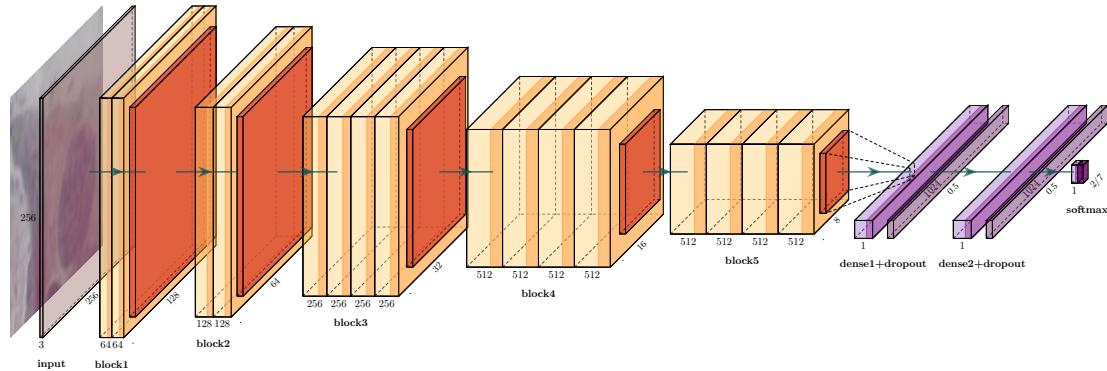


Figura 2.34: Diagrama de la arquitectura VGG19

La arquitectura final del modelo se presenta en la Tabla 2.6. Donde se desglosan todas las capas de la arquitectura *VGG19*. Las capas convolucionales están agrupadas en bloques junto con su *MaxPool2D*. Se muestra como los parámetros a aprender van aumentando conforme pasan los bloques, culminando en aproximadamente 55 millones de parámetros, es decir, números individuales pertenecientes a la matriz de pesos que se tienen que ajustar.

2.3. INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Layer (type)	Output Shape	Param #
input_2 (InputLayer)	(None, 256, 256, 3)	0
block1_conv1 (Conv2D)	(None, 256, 256, 64)	1792
block1_conv2 (Conv2D)	(None, 256, 256, 64)	36928
block1_pool (MaxPooling2D)	(None, 128, 128, 64)	0
block2_conv1 (Conv2D)	(None, 128, 128, 128)	73856
block2_conv2 (Conv2D)	(None, 128, 128, 128)	147584
block2_pool (MaxPooling2D)	(None, 64, 64, 128)	0
block3_conv1 (Conv2D)	(None, 64, 64, 256)	295168
block3_conv2 (Conv2D)	(None, 64, 64, 256)	590080
block3_conv3 (Conv2D)	(None, 64, 64, 256)	590080
block3_conv4 (Conv2D)	(None, 64, 64, 256)	590080
block3_pool (MaxPooling2D)	(None, 32, 32, 256)	0
block4_conv1 (Conv2D)	(None, 32, 32, 512)	1180160
block4_conv2 (Conv2D)	(None, 32, 32, 512)	2359808
block4_conv3 (Conv2D)	(None, 32, 32, 512)	2359808
block4_conv4 (Conv2D)	(None, 32, 32, 512)	2359808
block4_pool (MaxPooling2D)	(None, 16, 16, 512)	0
block5_conv1 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	2359808
block5_conv2 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	2359808
block5_conv3 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	2359808
block5_conv4 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	2359808
block5_pool (MaxPooling2D)	(None, 8, 8, 512)	0
flatten_2 (Flatten)	(None, 32768)	0
dense_4 (Dense)	(None, 1024)	33555456
dropout_3 (Dropout)	(None, 1024)	0
dense_5 (Dense)	(None, 1024)	1049600
dropout_4 (Dropout)	(None, 1024)	0
dense_6 (Dense)	(None, N)	2050

Total params: 54,631,490
 Trainable params: 34,607,106
 Non-trainable params: 20,024,384

Tabla 2.6: Parámetros de VGG19

2.3.6.2. Unet

U-net es una arquitectura diseñada para ser rápida y precisa. Ha tenido mejor rendimiento en el reto ISBI que otras arquitecturas, esto en el área de estructuras neuronales. Ha ganado el Grand Challenge for Computer-Automated Detection fo Caries in Bitewing Radiography de ISBI en 2015 y cuenta con el distinguido logro de haber ganado también el reto Cell Tracking Challenge del mismo año en dos categorías distintas. Fue creada por los investigadores Olaf Ronnenberger, Philipp Fishcer y Thomas Brox en el año de 2015. [62]

En la Figura 2.35 se muestran aplicaciones de U-net para la segmentación de imágenes citológicas dentro del reto ISBI. Las predicciones fueron posteriormente post-

procesadas para arrojar los contornos y las máscaras que se observan en las imágenes.

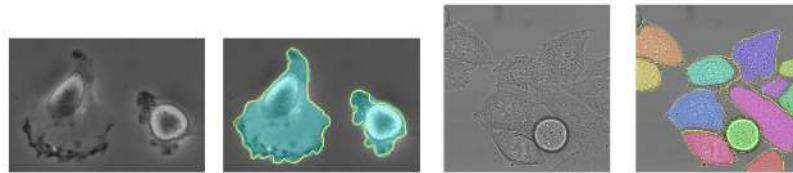


Figura 2.35: Ejemplos de aplicaciones de U-net

Las ventajas de U-net son las siguientes:

- Combina la información de localización de la parte de contracción con la información contextual de la parte de expansión para obtener información general combinando ambas, lo cual es necesario para predecir un buen mapa de segmentación.
- No cuenta con una capa densa, esto permite que imágenes de distinto tamaño pueden ser usados como entrada.
- Se apoya muchísimo de la aumentación de datos.
- El modelo es relativamente pequeño (512×512 U-net - ca. 89mb).
- Cuenta con solo 2,164,593 parámetros totales.

La arquitectura de U-net (Figura 2.36) está construida sobre el concepto de Red Totalmente Convolucionada (FCN por sus siglas en inglés) y está modificada de tal manera que tenga mejor rendimiento en la segmentación de imágenes médicas. Las diferencias entre ambas son relativamente sutiles, la primera arquitectura es asimétrica e implementa ciertas funciones distintas en algunas de sus capas. U-net es capaz de proveer información local a las capas posteriores para convertirlas de nuevo a la escala de entrada. [63]

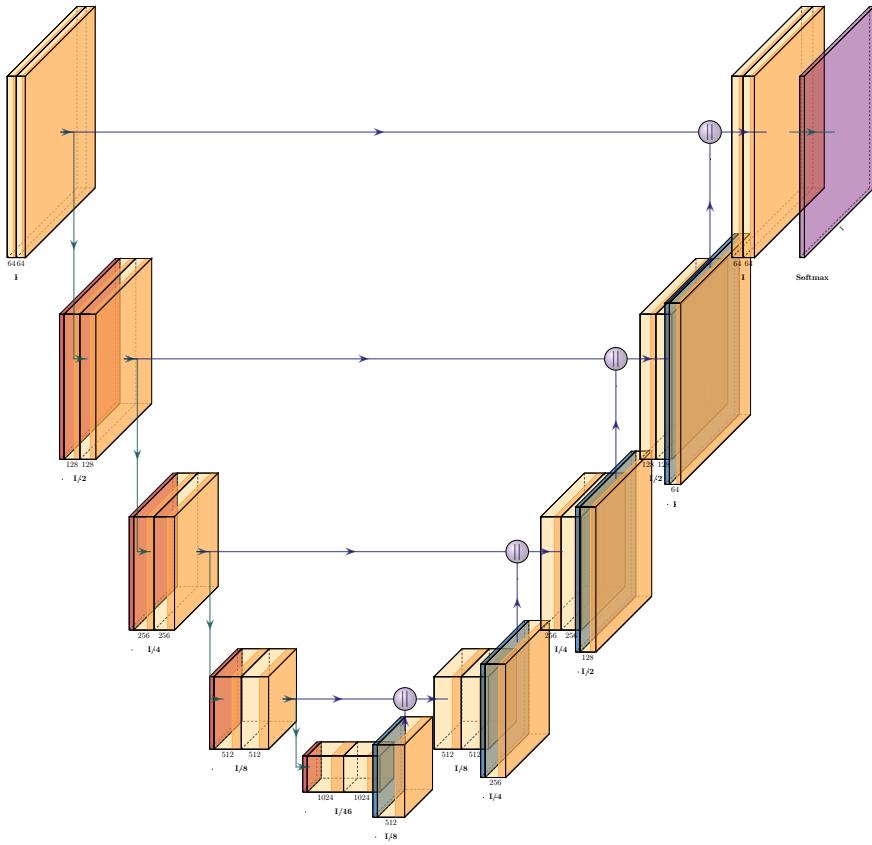


Figura 2.36: La arquitectura U-net

La arquitectura de U-net está dividida en tres partes:

1. Contracción: Se compone por cuatro bloques y cada bloque está compuesto por:
 - Capa convolucional 3×3 + función de activación (con normalización por lote).
 - Capa convolucional 3×3 + función de activación (con normalización por lote).
 - Capa de *max pooling* 2×2 .
2. Cuello de botella: Es el enlace entre las dos capas mostradas y su composición es bastante sencilla: dos capas convolucionales con normalización por lote y dropout.
3. Expansión: Al igual que la capa de contracción, se compone de cuatro partes:
 - Cada deconvolucional con stride 2.
 - Capa de concatenación que une las características con esta capa.
 - Capa convolucional 3×3 + función de activación (con normalización por lote).
 - Capa convolucional 3×3 + función de activación (con normalización por lote).

Se puede tonar que los pesos de las capas se están inicializando con la función *he normal*. La cual toma muestras de una distribución normal truncada centrada en 0 y con una desviación estándar $std = \sqrt{\frac{2}{W_n}}$, donde W_n es el número de unidades en el tensor de pesos. Las funciones de activación se mantienen en *ReLU*. [64]

A futuro podría ser posible reemplazar la fase de contracción por una arquitectura convolucional como las vistas en el *Zoológico de Modelos*, y configurar una función que genere la fase de expansión dinámicamente en función a la arquitectura que se escoga para la contracción. El cuello de botella se mantendría inalterado.

Esto nos permitiría utilizar [TL](#) para mejorar la precisión del modelo. También se busca la forma de implementar completa segmentación semántica, para células normales y anormales utilizando toda la imagen así como revisar el problema de las siete clases distintas.

Al evaluar cualquier algoritmo de aprendizaje, especialmente en clasificación se catalogan las predicciones en cuatro categorías: verdaderos positivos, falsos positivos, verdaderos negativos y falsos negativos. Sin embargo, para casos de predicción y segmentación de imágenes, a veces no se tiene el panorama lo suficientemente claro para catalogar cada resultado en alguna de estas categorías.

La Intersección sobre Unión (IOU), también conocida como el índice de Jaccard, es un método para cuantificar el porcentaje de superposición entre la máscara objetivo y la predicción. Esta métrica está relacionada con el coeficiente de Dice, es por ello que lo usaremos como función de pérdida.

Esta métrica mide el número de píxeles comunes entre la máscara y la predicción divididos sobre el número total de píxeles en ambas imágenes, que generalmente tienen el mismo número de píxeles ([Ecuación 2.32](#)).

$$IoU = \frac{\text{etiqueta} \cap \text{predicción}}{\text{etiqueta} \cup \text{predicción}} \quad (2.32)$$

Intersection over Union

La pérdida implementada en este modelo es implementa el coeficiente de Dice ([Ecuación 2.33](#)), que es un estadístico que nos permite comparar que tan similares son dos muestras. Se puede observar que es bastante similar al F1-Score utilizado en el paradigma anterior.

$$D = \frac{2 * |\text{etiqueta} \cdot \text{predicción}|}{|\text{etiqueta}| + |\text{predicción}|} \quad (2.33)$$

Dice coefficient

La [Ecuación 2.34](#) muestra la fórmula completa de la pérdida. Notar que implementa tanto el coeficiente de Dice como la entropía cruzada, en este caso dos clases: núcleo y fondo.

$$\text{Pérdida} = \frac{1}{2} * \text{entropía} - D \quad (2.34)$$

Dice Loss

2.3.6.3. Software

Python es un lenguaje creado en 1990. Es un lenguaje del tipo interpretado, con sistema de tipos dinámico, orientado a objetos, procedural, funcional, imperativo, de código abierto e implementado en distintos tipos de compiladores diseñados para situaciones altamente optimizadas.

Está diseñado para maximizar la legibilidad, omitiendo paréntesis, llaves y corchetes excesivos, abogando por una estructura basada en la identación del código. Lo cual otorga una legibilidad muy superior a alternativas más rápidas como C++.

El lenguaje es maduro y se encuentra en operación dentro de grandes organizaciones, manejando todos los aspectos desde aplicaciones web hasta análisis de datos e inteligencia artificial; temas en los que Python se ha convertido en la opción en cuanto a análisis de datos, ciencia de datos, aprendizaje automático. La ventaja de Python comparado con viejos competidores como R o Matlab, es que es un lenguaje de propósito general, a diferencia de lenguaje de dominio. Esto lo hace perfecto para ser integrado en prácticamente todas las aplicaciones posibles desde web hasta control de vehículos autónomos.

Frameworks como Django, permite a cualquier aplicación escrita en Python interactuar con la web de manera tanto síncrona como asíncrona. Equiparando su usabilidad con veteranos web como PHP. También, existe forma de implementar Python en dispositivos móviles tanto de Apple como de Android; esto lo convierte en un lenguaje completo y versátil.

Cuenta con módulos específicos para procesamiento numérico, tanto distribuido como en paralelo. Nvidia, la empresa fabricante de los mejores GPUs, ha implementado una versión de su lenguaje de programación CUDA en Python, por lo cual entrenar redes neuronales se puede hacer dentro de estos dispositivos. Incrementando en órdenes de magnitud la velocidad de entrenamiento.

Existen muchos frameworks de software para trabajar con DL. Algunos son de paga como Matlab mientras que otros se basan en el paradigma del software libre. **Tensorflow** es una biblioteca para el lenguaje *Python* para cómputo simbólico, programación diferenciable y flujo de datos especialmente diseñada para implementar eficientemente algoritmos de IA. Fue desarrollada por Google para sus proyectos internos y posteriormente ya madura fue lanzada al público. Es capaz de utilizar el poder computacional de un GPU y de optimizar un modelo ya entrenado para su despliegue en un dispositivo móvil o SE. Junto con **Keras**, se conforma una plataforma completa de desarrollo de DL que es a la vez sumamente poderosa y sencilla. Los logos para su fácil referencia posterior los podemos observar en la Figura 2.37.



Figura 2.37: Tensorflow y Keras

2.4. Conclusión

El cáncer es una de las batallas más cruentas que libra el hombre. Es literalmente combatir a nuestro propio cuerpo, a veces en suma desventaja. Características del cáncer lo hacen especialmente letal, como que genera sus propios vasos sanguíneos para alimentarse a costa de la persona que lo padece. Es por ello que debemos incrementar los esfuerzos no solo para erradicarlo, sino especialmente para detectarlo a tiempo. Es una batalla tan cruel que el tratamiento se reduce a intoxcar el cuerpo del paciente hasta que uno de los dos, el cáncer o el paciente, se rinda primero.

Es por ello que se propone el uso de la tecnología más nueva para atacar el problema del diagnóstico de **CCU**. Estas **ConvNets** están alcanzando rendimiento supra-humano en lugares y situaciones que anteriormente jamás se habría pensado que eran propensas a automatizarse. Validar correctamente estos modelos es lo más importante ya que cualquier error puede costar vidas, por ello es que se usan tantas métricas de evaluación, para asegurar la asertividad del modelo.

La aplicación de **DL** es un proceso complejo y computacionalmente intensivo y no podríamos haber realizado tanto dentro de estas tesis si no hubiese sido por la empresa Nvidia y su desinteresada donación de un **GPU** de última generación.

Asistir a la toma de decisiones directamente con el experto y no a su costa, con un **SDAC**, mejora las condiciones de la tarea a realizar lo cual incrementa la probabilidad de éxito. El dispositivo asistirá al experto en aquellos casos fáciles de clasificar, dejándolo enfocarse en los casos donde su pericia sea requerida. El hardware también ofrece otra ventaja, que mejora la calidad de vida de la persona que realiza el trabajo, reduciendo la fatiga ocular y por lo tanto la tasa de error humano.

Capítulo 3

Sistema de diagnóstico asistido por computadora

3.1. Introducción

Desde hace más de 10 años, la patología digital dentro de la industria ha sido considerada como uno de los temas más importantes y fascinantes del campo. Sin embargo, en la actualidad hay muy pocos laboratorios que cuentan con equipo digital en su flujo de trabajo. Las razones generalmente son legales o financieras. Los países ejercen poder regulatorio para evitar sistemas totalmente automatizados.

El **SDAC** descrito en esta sección será de bajo costo, constituido de software libre y armado con métodos de manufactura pertenecientes a la industria 4.0 que son económicos y accesibles. El sistema no es totalmente automatizado, trabaja en conjunto con el cito-tecnólogo para holísticamente detectar y clasificar células atípicas.

Después de introducir la metodología básica. Se desglosarán las actividades realizadas en cada uno de ellos para todos los experimentos realizados en esta tesis y se darán ejemplos de su uso en otras aplicaciones de **ML** para complementar.

Las fases de exploración, pre-procesamiento, elección algorítmica y ajuste del modelo están completamente documentadas en sus respectivos *Jupyter Notebook* como evidencia del trabajo realizado así como para cumplir con los requerimientos experimentales de replicación y reproductibilidad. Estos serán alojados en el repositorio remoto dentro del sitio [Github/MarcoJulio](#) donde están libres para ser descargados y usados para investigación y como referencia de esta tesis.

El diseño conceptual culmina con la integración del modelo dentro de un prototipo de hardware basado en **SEs**. Se utilizará la impresión 3D para construir las partes protectoras y adaptadores para el correcto funcionamiento del dispositivo, aunque por restricciones de tiempo ya que la impresión es muy tardada, en algunos casos solo se presentará el diseño o un prototipo simple.

3.2. Metodología básica

Se presenta una metodología básica para cualquier proyecto que involucre **ML**, esta metodología no es considerada como final o única, sino que funge como andamiaje para proceder con la aplicación de estas tecnologías. La razón por la cual se propone una metodología muy general de primera instancia es debido a la velocidad con la que se desarrolla el campo; como se ha expuesto anteriormente, antes la fase de Ingeniería de Características era crucial en el proceso, hoy con el Deep Learning podemos obviar esta fase, esta metodología es modular y no monolítica; sus pasos se pueden repetir e iterar muchas veces para ajustarla a resolver el problema ([Figura 3.1](#)).

La mayoría de las aplicaciones de **ML** se basan en la ingesta de datos tabulares, es decir, aquellos que se representan cómodamente en un archivo de Excel. En la actualidad, bastantes más tipos de datos pueden ser utilizados gracias al **DL**. En esta tesis se manejan datos de imágenes pero también se puede aprender de datos como el audio que cuenta con valores temporales y su representación es continua.

Esta metodología, con sus siete etapas, es una función que convierte una problemática en una sistema, el **SDAC**. Cada etapa transforma esta problemática en otra entidad, culminando con un sistema de software que use el modelo para clasificar células de **PAP**, dentro de un **SE**[48]:

1. El análisis general delimita la problemática, hace una búsqueda de posibles soluciones y genera una propuesta de solución.
2. La obtención de datos se remite a recabar todo lo necesario para convertir la propuesta en los datos necesarios para solucionar el problema.

3.3. ANÁLISIS GENERAL

3. Los datos se necesitan convertir en información, los datos en realidad no son más que números en matrices, la información son hechos y proveen contexto.
4. Pre-procesar la información extrae conocimiento, este genera entendimiento y puede ser aprendido.
5. Al hacer un análisis de algoritmos, podemos convertir el conocimiento en algo capaz de ser comprobado mediante un experimento o más, para saber que tan efectiva será la solución.
6. Ajustar el modelo se refiere no solo a entrenarlo, sino de los pasos requeridos para asegurar que ese modelo sea el mejor candidato posible para la solución.
7. La implementación convierte un modelo, que no es más que un archivo de computadora, en un sistema completo capaz de interactuar con el experto.

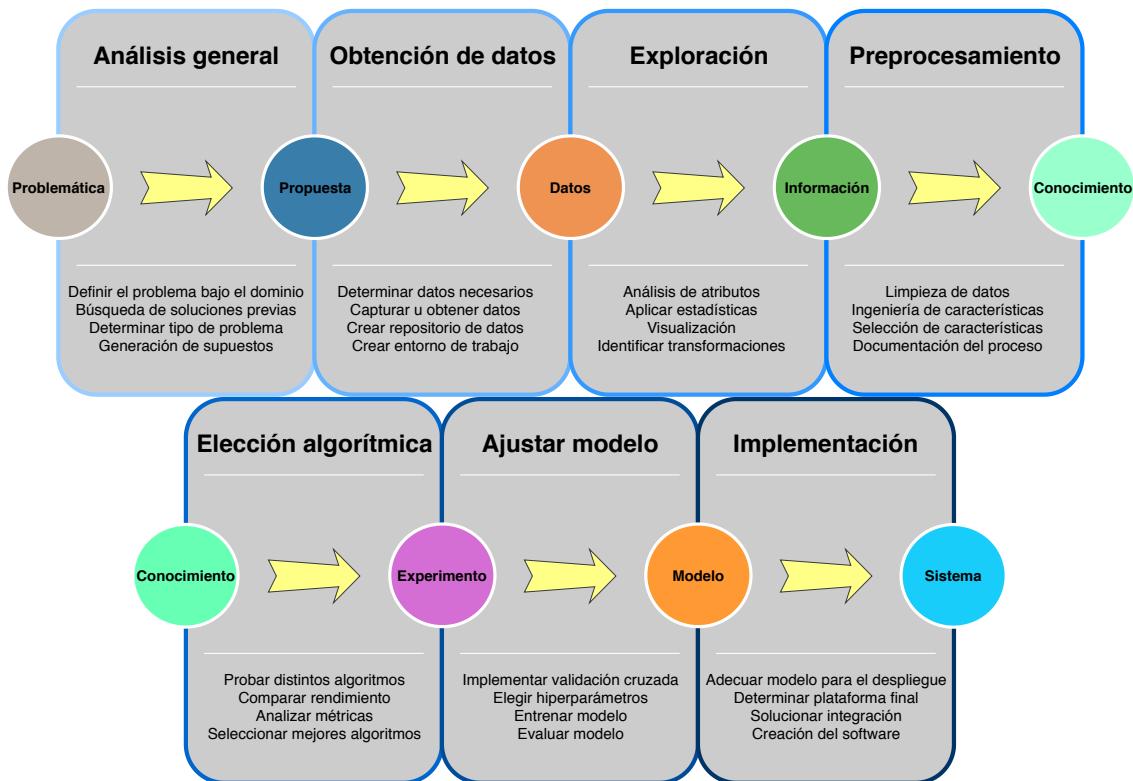


Figura 3.1: Diagrama de la metodología

3.3. Análisis general

Es en esta fase donde delimitaremos los alcances y límites del problema en función de su aplicabilidad final. También nos otorgará un marco de referencia para delimitar el espacio de soluciones a buscar. Conocer el espacio de soluciones incluye la identificación de las disposiciones prácticas de la solución, por ejemplo, favorecer modelos ligeros si la solución se desplegará en situaciones con bajo poder computacional como en dispositivos móviles, si la solución va a automatizar o a asistir en la toma de decisiones, si va a reemplazar una solución ya existente generar políticas para substitución y reemplazo; así como todo el acervo del dominio que guiará el diseño de la solución. El trabajo necesario para realizar el Análisis General surge de los dos

capítulos anteriores, donde se definió el problema, sus características y propuestas de solución.

3.3.1. Definir el problema bajo el dominio

El problema a resolver es la detección de células glandulares en una laminilla preparada de un **PAP** para su posterior clasificación en células normales, anormales y las clases en las que se dividen ambas categorías.

Es por ello que sabemos que debemos utilizar imágenes para resolver el problema. Soluciones anteriores se basaban en la extracción de características de estas imágenes para luego entrenar un algoritmo con datos tabulares recopilados y empatados con las características extraídas de las imágenes. Esta fase de extracción de características rápidamente se convertía en el eslabón más débil de la solución debido a su dificultad y la baja capacidad de generalización. Es por ello que se propuso trabajar con algoritmos de aprendizaje jerárquico, capaces de aprender por si solos las características morfológicas que diferencian una célula normal de una anormal.

El sistema se usará dentro de un laboratorio, debido a ello la solución debe ser optimizada para su implementación en un sistema embebido, debido a que un laboratorio citológico es un lugar con restricción en recursos computacionales. Así mismo, debe ser de bajo costo, nos hemos decantado por mantener la solución dentro del dominio del software y hardware libres.

Los expertos consultados determinaron que el sistema incidirá en una etapa del proceso de diagnóstico de cáncer específica, se determinó que el proceso iterativo para generar la solución debe de comenzar primero clasificando a las células en normal y anormal (en el análisis pre-diagnóstico realizado por el cito-tecnólogo), para su posterior generalización a las categorías de diagnóstico que se utilizan en la siguiente etapa del proceso de diagnóstico, cuando la laminilla se envía al patólogo. Así mismo, se generó el supuesto de que el núcleo celular contiene suficiente información para determinar si la célula es normal o anormal, los algoritmos de preprocesamiento se centrarán en esta característica.

3.3.2. Búsqueda de soluciones previas

Aparte de las soluciones expuestas en el Estado del Arte de esta tesis. Damos un ejemplo de la primera aplicación de **RNA** a la problemática y como esta solución llegó a sobrepasar por mucho el rendimiento de las formas tradicionales de análisis citológico.

PAPNET es un sistema creado por la empresa Neuromedical Systems que utiliza una RNA tradicional para detectar células anormales en un **PAP**. Fue la primera compañía en utilizar **RNA** a la citología. Tiene una tasa FNR de 3% lo que la hace mejor que cualquier análisis tradicional de laboratorio, esto fue comprobado gracias a un estudio de análisis clínico que realizaron; este rendimiento logró que se convirtiera en el sistema más eficaz de antes del 2000 [65].

El problema con PAPNET era el costo. La diferencia con de su rendimiento con respecto a las formas tradicionales era significativo pero no podía justificar el costo 30 veces más elevado. El **PAP** es un examen que se tiene que repetir muchas veces en un mismo paciente a lo largo de su vida por lo que pagar mucho es totalmente impráctico [66].

3.3.3. Determinar tipo de problema

Decidir si una célula es normal o anormal a partir de una imagen, es un problema de clasificación. Sin embargo, existen diferentes maneras de abordar el problema. Existen cuatro formas de aplicar el **DL** a las imágenes, por lo cual podemos proceder de las siguientes maneras ([Figura 3.2](#)):

- **Clasificación:** De una imagen que contiene una sola célula, determinar si es normal o anormal.
- **Detección:** De una imagen que contiene varias células, determinar si cada una de ellas es normal o anormal.
- **Segmentación semántica:** De una imagen que contiene una o varias células, determinar si cierto pixel en particular pertenece a una célula normal, anormal o al fondo.
- **Instanciación:** De una imagen que contiene una o varias células, determinar si cierto pixel en particular pertenece a una célula normal, anormal o al fondo, diferenciando cada célula individual de las demás.

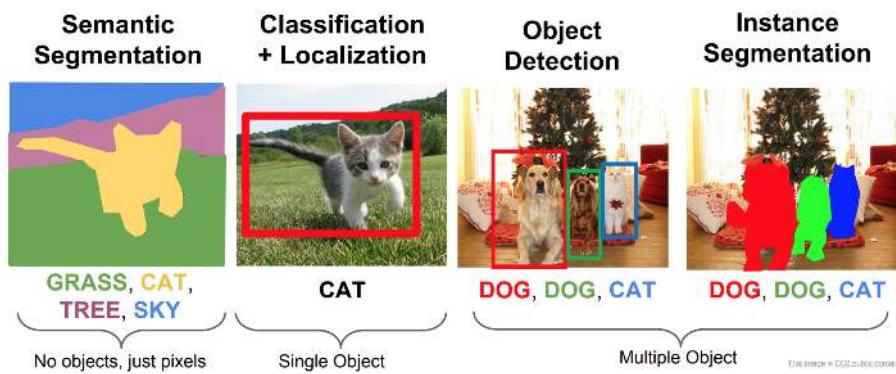


Figura 3.2: Tipos de visión por computadora con Deep Learning

Como veremos posteriormente, por las características de la **BD**, nos limitaremos a Clasificación y Segmentación semántica, sin embargo, a futuro será provechoso implementar las otras técnicas para mejorar la funcionalidad del sistema final.

Las métricas de rendimiento se basan no solo en métricas de clasificación de imágenes, como el F1-score, Recall o la exactitud, sino también en la tasa de falsos positivos, falsos negativos así como métricas que conjuguén ambos conceptos como la especificidad y la sensibilidad. Como se explicó en el capítulo anterior. También se fijó el grado mínimo que tendrán estas métricas, quedando en 95 %.

El problema de clasificación de imágenes ha tenido grandes avances en los últimos tres años debido a las nuevas arquitecturas de **ConvNet**, por lo que estas se convertirán en el algoritmo elegido, del cual probaremos varias arquitecturas. Basándonos en el buen rendimiento que han tenido estas arquitecturas y haciendo uso de **TL**, exploramos soluciones previas y generales para potenciar nuestro sistema particular, nos basaremos en ellas para alcanzar los niveles de tolerancia requeridos.

3.3.4. Generación de supuestos

Los supuestos para llevar a cabo los experimentos de clasificación de imágenes fueron los siguientes:

- El núcleo celular contiene suficiente información para diferenciar entre los tipos de célula citológica cervical.
- Las técnicas de aumento de datos no inciden en la decisión del algoritmo.
- La red neuronal es capaz de diferenciar correctamente en un espacio multidimensional entre los tipos de célula.

El primer supuesto está presente en el desarrollo de los algoritmos de aumentación de datos y la premisa que sustenta la investigación. Debido a la dificultad para segmentar y extraer cada célula individual de una célula, limitarnos al análisis del núcleo nos permite solventar un poco esta restricción enfocándonos en la región más significativa de las que componen cualquier célula.

El segundo tiene que ver específicamente con las características de la imagen aumentada; se requiere saber si los pixeles extras añadidos a la imagen en el proceso de rotación afecta la inferencia del algoritmo o incide con ruido en la decisión.

El tercero relaciona el espacio multidimensional generado por el algoritmo en las capas convolucionales finales con una representación bidimensional para visualizar como el algoritmo separa y agrupa las distintas clases del problema. Con el objetivo de corroborar las métricas de clasificación.

3.3.5. Propuesta

La propuesta se define como: Un **SDAC** basado en **DL** y **ConvNets** capaz de ser desplegado en laboratorio, de bajo costo y con facilidad de uso. Que pueda clasificar células en normales y anormales con un rendimiento aceptable. Debe cumplir todos los objetivos planteados en esta tesis de manera que propicie el desarrollo del diseño conceptual y posterior prototipo para desplegarlo en un sistema al usuario final en trabajos posteriores.

3.4. Obtención de datos

Esta fase sirve no solo para obtener los datos sino también para conocer las características de los datos así como su preparación previa antes de ser usados (en el caso de datos personales), sino también para generar todos los desarrollos requeridos en otras áreas tanto de software u organizacionales para la adquisición y posterior procesamiento de estos datos. Esto incluye la creación de Bases de Datos Relacionales o No Relacionales, conexión a servidores remotos; pero no se limita a ello, sino también tener métodos efectivos de captura de datos, en casos donde estos se generen de forma manual o se encuentren en papel. En el caso de las imágenes, también se tiene que idear la forma de su captura y posterior utilización. Saber si se va a trabajar con imágenes, series de tiempo, archivos de excel, valores categóricos, continuos o discretos es uno de los factores más importantes para la elección de un algoritmo que soluciones el problema.

3.4.1. Determinar datos necesarios

Como regla general, se prefiere tener tantos datos posibles, es decir, filas en un archivo tabular ya que datos variados y una base de datos grande permiten un mejor entrenamiento de cualquier algoritmo. Pero también se requiere juntar la mayor cantidad de característica, columnas, para determinar cuales de estas inciden en la etiqueta de salida; en fases subsecuentes se reducirá este conjunto de atributos mediante técnicas para escoger los más importantes y significativos.

3.4. OBTENCIÓN DE DATOS

Los datos necesarios para esta tesis deben ser: imágenes tomadas con un microscopio dentro de un PAP, correctamente clasificadas y validadas en protocolos de análisis citológico.

3.4.2. Capturar u obtener datos

La captura de datos es un proceso complejo, requiere un diseño de experimentos completo y manejo de condiciones estadísticas adecuadas para asegurar un conjunto de datos representativo del problema a resolver. En los problemas de clasificación, es preferible que el número de datos por clase sea balanceado; esto no siempre es posible, por ejemplo, en aplicaciones médicas es habitual tener más datos de ausencia de enfermedad que de enfermedad.

Hay que tener consideración especial en la variedad de los datos. Por ejemplo, si se quieren clasificar perros y gatos, habría que conseguir imágenes de todas las razas de ambos animales, de todos los tamaños y en condiciones distintas de captura de la imagen con el objetivo de maximizar la capacidad de clasificación del mismo. Una analogía de esto es aprender a resolver ejercicios matemáticos, si nos limitamos a resolver solamente los de un libro en particular, careceremos de un aprendizaje real de las matemáticas, nos volveremos expertos en un libro y seremos incapaces de generalizar el conocimiento.

La BD DTU/Herlev, del doctor Jan Jantzen ha sido compilada durante más de 10 años con imágenes normales y anormales de PAPs provenientes del Hospital Universitario de Herlev en Dinamarca, gracias al Dr. M.D. Beth Bjerregaard. El análisis de esta BD fue realizado a través de muchas tesis de maestría en el laboratorio de automatización de esta universidad y con el doctor G. Dounias en la Universidad del Mar Egeo en Grecia [67] [68].

Ellos amablemente proveyeron los datos para esta tesis. Que consiste en un conjunto de imágenes clasificadas y validadas por expertos así como la documentación requerida para entenderla. Incluyendo las tesis de maestría y ligas a otros experimentos e investigaciones hechas con la BD. Lo cual le dio un empuje muy grande a la realización de esta tesis.

Dada la gran cantidad de laminillas generadas, se creó una BD basada en imágenes individuales. Expertos cito-tecnólogos utilizando microscopios a una resolución de $0.201 \frac{\mu}{pixel}$ para capturar imágenes digitales. Cada imagen es después clasificada en siete clases en un proceso de validación que consiste en repetir el análisis con dos cito-tecnólogos distintos. Si la validación resultaba negativa la célula era descartada [69] [70].

El archivo comprimido contiene:

- El artículo Pap-smear Benchmark Data For Pattern Classification donde se explica la necesidad y la creación de una base de datos de PAP para ser usada como benchmark para probar algoritmos de clasificación; con el objetivo de permitir a estudiantes e investigadores el acceso a una BD validada [68].
- La tesis Pap-Smear Classification, donde se propone un método basado en extracción de características y el algoritmo Fuzzy C-means, utilizando validación cruzada [70].
- La tesis Classification of pap-smear data by transductive neuro-fuzzy methods, que utiliza algoritmos neuro difusos y KNN, en la misma BD [69].
- La carpeta con las imágenes, dividida en subcarpetas.

- Un archivo de Excel que contiene el nombre del archivo de imagen, las características extraídas y la clase a la que pertenece.

3.4.3. Crear repositorios

Un repositorio es un lugar seguro donde almacenar los datos y provee una estructura para mantener un correcto control tanto de los datos como del código usado para explorar, procesar, entrenar y evaluar.

Los repositorios de datos estarán divididos en dos:

- Local: Almacenados en un Disco de Estado Sólido local con conexión de 3000 MB/s de lectura.
- Nube: Divididos entre un sistema de almacenamiento en la nube y un repositorio de datos para control de versiones.

El repositorio local es donde se almacenará la [BD](#) aumentada, que contendrá miles de imágenes y su peso rondará los gigabytes.

El repositorio remoto y sistema de almacenamiento guardará el código, que se compone de *Jupyter Notebooks* legibles y explicados para replicar el experimento. Este repositorio está designado de libre acceso y todos pueden descargarlo y analizar el código que generó los resultados de esta tesis.

3.4.4. Crear entorno de trabajo

El entorno de trabajo se refiere a la configuración del equipo de cómputo, a la instalación de software y módulos necesarios para hacer [ML](#). Este entorno no solo sirve para hacer el trabajo, sino también para facilitar su distribución y orden integrando documentos digitales con código y comentarios en formato legible; capaz de integrar multimedia y ser compartidos fácilmente.

Se pensó en la manera más sencilla de crear el entorno de trabajo, es por ello que se prefieren métodos de instalación gráficos en comparación a los métodos basados en consola para permitir el entendimiento por personas no versadas en el área computacional.

3.4.4.1. *Jupyter Notebooks*

Proyecto Jupyter es de código abierto sin ánimos de lucro, creado en 2011 para trabajar interactivamente en las comunidades de científicas y computacionales. Sus creadores observaron que los científicos de datos tenían problemas para compartir descripciones detalladas y entendibles de su código a sus colegas.

Son documentos digitales basados en la web que sirven para escribir código, documentarlo, correrlo, visualizar datos y exportarlos sin salir del mismo entorno. Es una herramienta poderosa para aplicar cualquier metodología tanto de [ML](#) como de ciencia de datos.

En la [Figura 3.3](#) podemos apreciar la interface. Podemos ver que se pueden insertar hipervínculos (así como video o imágenes), puede renderizar código [LATEX](#) para generar ecuaciones ricas y precisas. La ejecución del código está dividida en celdas, donde cada celda se ejecuta de manera individual y muestra su resultado inmediatamente, estos resultados pueden ser tanto numéricos, tablas o figuras y gráficas como se observa.

3.4. OBTENCIÓN DE DATOS

Se crearán *Jupyter Notebooks* para cada una de las siguientes fases de la metodología, con el objetivo de que estas se puedan seguir paso por paso para un mejor entendimiento.

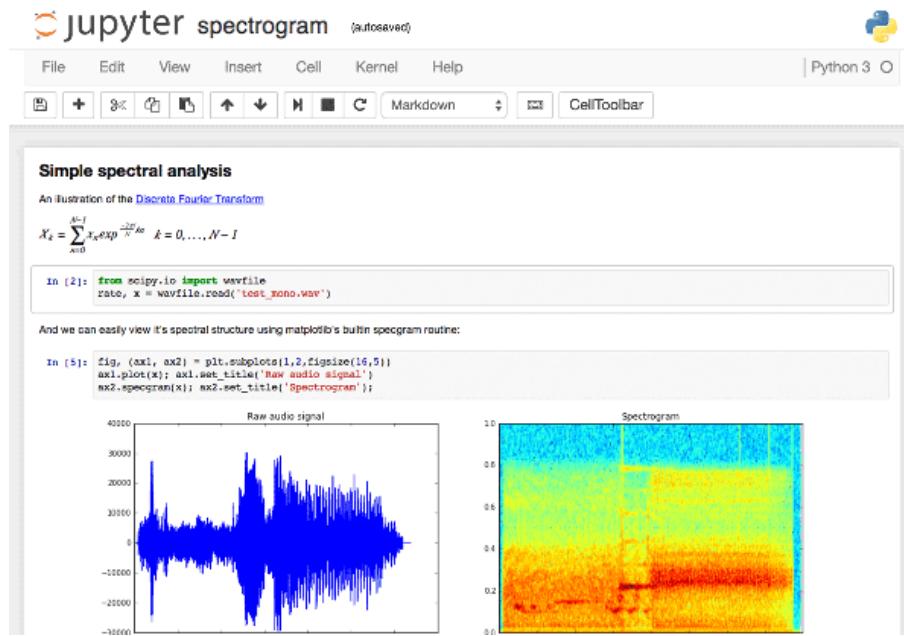


Figura 3.3: Interface de un *Jupyter Notebook*

3.4.4.2. Configuración

Como intérprete de Python se utilizará la distribución de *Anaconda*, de código abierto, especialmente compilada para su uso en cómputo científico. Tiene la mayoría de módulos necesarios para iniciar un análisis de datos o un experimento de ML. Para instalarlo, es necesario ir al sitio web de [Anaconda](#) e instalar la versión de 64 bits.

Se procede a crear un entorno virtual de trabajo, este crea un intérprete independiente para un mejor control del proyecto. Para interactuar con Anaconda, se utiliza la interfaz gráfica Anaconda Navigator, donde podremos gestionar varios intérpretes virtuales ([Figura 3.4](#)).

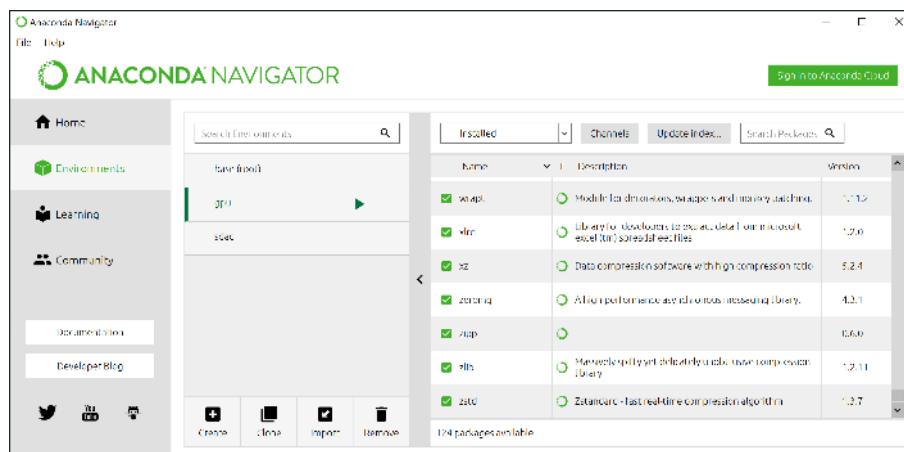


Figura 3.4: Anaconda Navigator

Para poder instalar el software de **DL**, es necesario haber instalado previamente los *Drivers* para el **GPU** en caso de que se tenga uno. Configurar este dispositivo para cambiar su propósito de procesamiento gráfico a procesamiento general es una maraña de instalaciones y softwares auxiliares, afortunadamente, Anaconda tiene una forma sencilla de instalar y configurar **Tensorflow** con todas sus dependencias.

A continuación enumeraremos algunos módulos de python relevantes para la creación del entorno de desarrollo:

1. **Jupyter**: Permite el uso de documentos digitales.
2. **OpenCV**: Módulo para **PDI** y **VC**.
3. **Pandas**: Sirve para manipular datos tabulares.
4. **Numpy**: Módulo para cómputo matemático.
5. **Sklearn**: Módulo de **ML**.
6. **Matplotlib**: Para hacer gráficas y figuras.
7. **Tensorflow**: Para entrenar el modelo.

3.4.5. Datos

Terminando este proceso obtendremos una carpeta de datos, con subcarpetas para cada clase con un peso de 100MB que posteriormente exploraremos para determinar sus características para posteriormente transformarse en conocimiento.

Así mismo, concluimos la instalación y configuración del entorno de trabajo computacional. El cual nos servirá para continuar con las siguientes etapas y generará código capaz de ser revisado, probado y replicado posteriormente.

3.5. Exploración

Esta fase se refiere a explorar la **BD** para extraer información necesaria para poder convertirla en elementos que permitan a un algoritmo extraer información y aprender de ellos.

Se estudia cada atributo y sus características: tipo de dato (entero, flotante, booleano), datos y valores faltantes así como su porcentaje, ruido (estocástico, errores de redondeo), tipo de distribución de probabilidad (gaussiana, uniforme).

Al terminar esta fase estaremos familiarizados con los datos, lo cual nos permitirá diseñar los algoritmos de preprocesamiento para poder alimentar los modelos que probaremos en las fases subsecuentes. Al realizar bien esta fase, en especial la documentación, podremos realizar iteraciones con mayor velocidad y facilidad, lo cual nos permitirá enfocarnos en la solución y no en su búsqueda.

3.5.1. Análisis de atributos

En **ML** se utilizan datos tabulares para realizar el aprendizaje en donde cada fila representa una muestra y cada columna representa un atributo. Las columnas en un archivo tabular se dividen en dos: atributos y etiqueta. Donde el atributo son los valores de las variables de decisión y la etiqueta es la clase a la que pertenece cada muestra.

3.5.1.1. Atributos para la clasificación

Las columnas ID y Class se refieren al nombre del archivo de cada imagen y a la clase a la que pertenece. Las demás corresponden a las características extraídas mediante algoritmos de PDI para posteriormente ser alimentadas a algún algoritmo que trabaje con datos tabulares ([Tabla 3.1](#)).

No todos los atributos de una base de datos se pueden utilizar o son utilizables, por eso se crea un subconjunto donde se excluyen los atributos que no se utilizarán para la inferencia o entrenamiento. En este caso los atributos importantes ya fueron pre-seleccionados.

Columna	Característica
Kerne_A	Área del núcleo
Cyto_A	Área del citoplasma
K/C	Proporción N/C
Kerne_Ycol	Brillo del núcleo
Cyto_Ycol	Brillo del citoplasma
KerneShort	Diámetro corto del núcleo
KerneLong	Diámetro largo del núcleo
KerneElong	Elongación del núcleo
KerneRund	Redondez del núcleo
CytoShort	Diámetro corto del citoplasma
CytoLong	Diámetro largo del citoplasma
CytoElong	Elongación del citoplasma
CytoRund	Redondez del citoplasma
KernePeri	Perímetro del núcleo
CytoPeri	Perímetro del citoplasma
KernePos	Posición relativa del núcleo
KerneMax	Máximo en núcleo
KerneMin	Mínimo en núcleo
CytoMax	Máximo en citoplasma
CytoMin	Mínimo en citoplasma

Tabla 3.1: Columnas del archivo y la característica que representa

3.5.1.2. Conteo de clases y categorías

Los resultados del análisis exploratorio de datos se encuentran en la [Tabla 3.2](#). Los datos se encuentran desbalanceados por lo que se tendrán que generar políticas para balancearlos tanto en clase como categoría, dentro de estos algoritmos también se estandarizará el tamaño de las imágenes puesto que estas varían en tamaño ([Tabla 3.3](#)).

Clase	Categoría	Tipo	Cantidad	Subtotales
0	Normal	Superficial squamous epithelial	74	
1	Normal	Intermediate squamous epithelial	70	
2	Normal	Columnar epithelial	98	242 normales
3	Anormal	Mild squamous non-keratinizing dysplasia	182	
4	Anormal	Moderate squamous non-keratinizing dysplasia	146	
5	Anormal	Severe squamous non-keratinizing dysplasia	197	
6	Anormal	Squamous cell carcinoma in situ intermediate	150	675 anormales

Tabla 3.2: Resultados del análisis exploratorio de datos de la base de datos de entrenamiento

	Promedio	Altura	Ancho
Máximo	439	768	
Mínimo	32	40	

Tabla 3.3: Análisis de dimensiones

3.5.1.3. Análisis de dato individual

No solo se encuentran imágenes de las células en la [BD](#), sino también imágenes que son máscaras para determinar como se segmentan las partes de la célula en la imagen: núcleo, citoplasma y fondo. Estas máscaras corresponden a imágenes representadas por una sola matriz. Esta segmentación fue realizada por expertos cito-tecnólogos utilizando software especializado ([Figura 3.5](#)).



(a) Imagen

(b) Máscara

Figura 3.5: Imagen de célula y su máscara segmentada

3.5.2. Aplicar estadísticas

Aquí se exploran las características numéricas de los datos que componen la base de datos, por ejemplo, el número de elementos faltantes por columna. Estudiar correlaciones entre los atributos nos permite determinar si estamos trabajando bajo un sistema lineal o no lineal. Esto es importante debido a que uno no puede ajustar un modelo lineal a datos no lineales, pero tampoco se puede ajustar un modelo no lineal a datos lineales.

3.5.2.1. Análisis de correlación

Para esta tesis no es necesario aplicar estadísticas a los atributos ya que usaremos imágenes, esta es la ventaja del uso de [DL](#) por sobre otras técnicas de [ML](#). Se deja la gráfica de correlación entre los atributos como ejemplo en la [Figura 3.6](#).

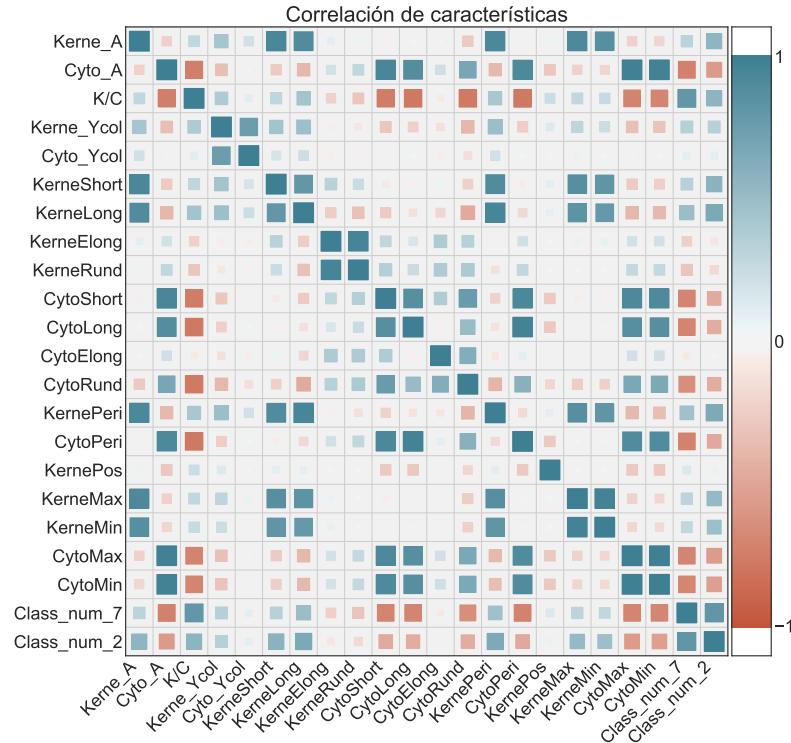


Figura 3.6: Correlación entre características del archivo

3.5.3. Visualización

Visualizar no solo significa generar muestras, si trabajamos con datos tabulares, en especial aquellos con muchas columnas donde es difícil graficar debido a que cada columna representa una dimensión; visualizar significa también aplicar algoritmos de reducción de dimensionalidad como PCA para poder graficar en dos dimensiones lo que antes tenía muchas más.

3.5.3.1. Muestras

Procedemos a analizar las muestras en las [Figura 3.7](#) y en [Figura 3.8](#). Donde observamos siete muestras por cada una de las siete clases, cada fila representa una clase distinta. Podemos observar claramente algunas características morfológicas que dan indicios de porque se eligieron algunas de estas para entrenar algoritmos de clasificación.

Salta a la vista el tamaño del núcleo entre las categorías normales y anormales. También podemos ver que las células columnares, aunque son normales, comparten morfología con las anormales. Es por ello que generamos el supuesto de que el núcleo celular tiene suficiente información para clasificar las células entre sus clases y categorías. Las muestras de las máscaras consisten en otro muestreo aleatorio, aquí también podemos ver que el tamaño y morfología del núcleo son cruciales para clasificar las células.

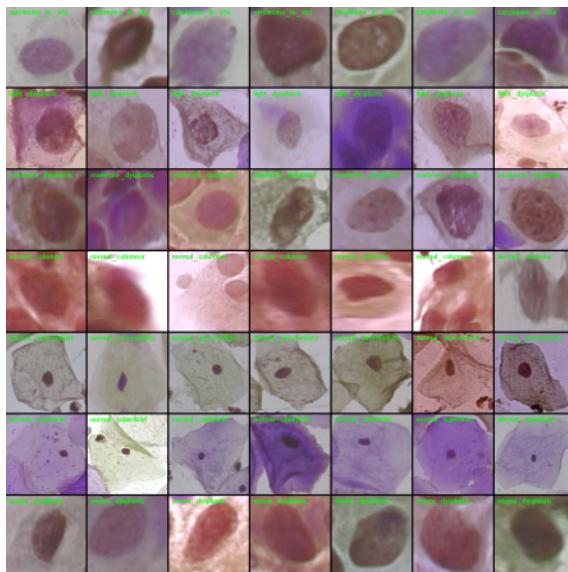


Figura 3.7: Muestreo de la BD

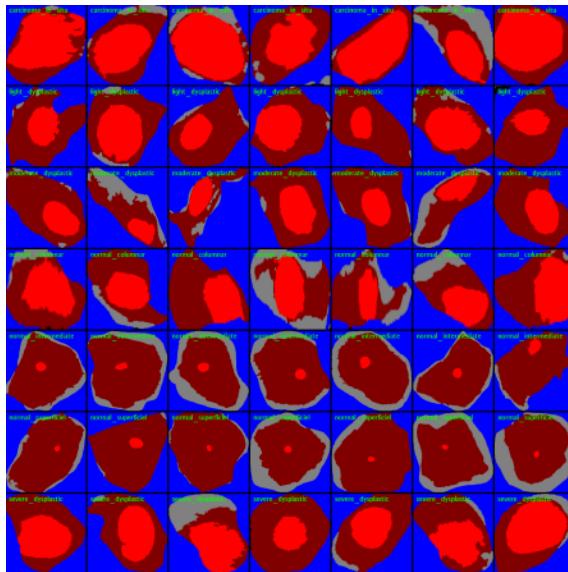


Figura 3.8: Muestreo de la BD

3.5.4. Identificar transformaciones

En esta sección debemos identificar transformación aplicables: Estas transformaciones pueden incluir transposición matricial, cambio de espacio de color, cambio en la escala de tiempo, etcétera.

Para datos tabulares, se pueden aplicar transformaciones para cambiar la escala de los datos y restringirlos a valores pequeños para facilitar el aprendizaje del modelo. Normalizar se refiere a restringir los datos a una escala entre 0 y 1. Estandarizar resta la media y divide por la varianza.

3.5.4.1. Transformaciones aplicables a imágenes

Transformaciones en imágenes incluyen normalizar pixeles a un rango entre 0 y 1, dividiendo entre 255 la intensidad de cada pixel ([Ecuación 3.1](#)).

$$I_{norm} = I_p / 255 \quad (3.1)$$

En nuestro caso, las imágenes celulares tienen dos tipos de simetría. La simetría axial es, dado cierto eje, podemos reflejar la imagen y seguirá siendo simétrica. La simetría radial, es dado un punto, podremos rotar la imagen sobre él sin que pierda su propiedad de simetría.

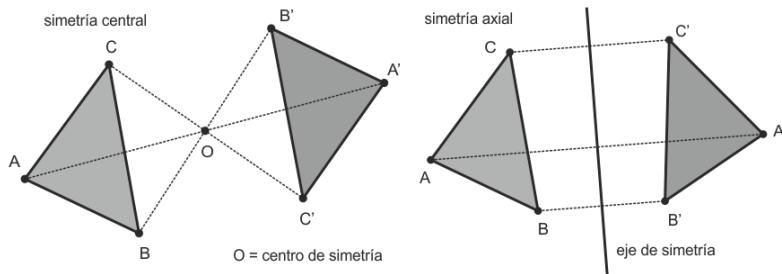


Figura 3.9: Tipos de simetría

La normalización nos ayudará a entrenar la [ConvNet](#), reduciendo la libertad de valores que puede tomar cada peso dentro de la red. Mientras que las transformaciones de simetría nos ayudarán en la fase de aumento para generar más datos e incrementar el poder de generalización del modelo.

3.5.5. Información

Al finalizar este proceso, habremos generado información pertinente que nos ayudará a pre-procesar los datos para su posterior entrenamiento. Sabemos cuantos datos tenemos y de que clase, información estadística de la [BD](#), como es cada dato individual y las transformaciones que se le pueden aplicar al mismo.

Ya que la imagen contiene la célula y su máscara, pero no contiene las coordenadas de cada objeto dentro de la imagen o imágenes con múltiples objetos, podremos aplicar clasificación y segmentación semántica pero no detección ni instanciación. Esto nos da un indicio de los algoritmos a utilizar.

Finalmente, aumentaremos el archivo de excel que encontramos dentro de la carpeta de la [BD](#) de la siguiente manera ([Tabla 3.4](#)). Este archivo servirá como inicio para los algoritmos posteriores de pre-procesamiento.

Columna	Descripción
Class_cat_2	Clase categórica binaria
Class_num_2	Clase numérica binaria
Class_cat_7	Clase categórica multi-clase
Class_num_7	Clase numérica multi-clase
file	Dirección absoluta de la imagen
file_masks	Dirección absoluta de la máscara

Tabla 3.4: Columnas añadidas al archivo

3.6. Preprocesamiento

Como se mencionó anteriormente, esta fase difiere entre el [ML](#) tradicional y el [DL](#). Mientras que en el primero nos enfocamos a datos tabulares que tienen a ser abundantes, en el segundo nos comprometemos a trabajar con pocos datos; por lo que la fase de preprocesamiento se enfocará más a aumentar la base de datos, balancear las clases que la componen y lidiar con detalles técnicos en la manipulación de vectores, matrices y tensores.

Debido a que en esta tesis trabajaremos con datos en imágenes y aplicamos [ConvNets](#) que son capaces de aprender las características importantes por si solas, podremos saltarnos las fases de ingeniería y selección de características.

3.6.1. Limpieza de datos

Los archivos que contienen los datos y los procesos que generan los datos también pueden incidir en ruido. Limpiar los datos se refiere a llenar valores faltantes utilizando técnicas de imputación de datos, estandarización y normalización y también la remoción de valores inusuales.

En nuestro caso, debido a que la BD esta preválida. No es necesario limpiar los datos.

3.6.2. Ingeniería de características

Las tareas dentro de la Ingeniería de Características son: Discretizar valores continuos, descomposición de atributos (categóricos, fechas y tiempos), aplicar transformaciones (logarítmicas, raíces cuadradas y potencias), generar atributos compuestos con datos correlacionados y no correlacionados.

También lo es el *One-Hot Encoding*, que es transformar un dato categórico en un vector de n elementos donde n es cada clase ([Figura 3.10](#)). Esta es la única técnica de ingeniería que usaremos en nuestros modelos, ya que usaremos la función Softmax.

color	color_red	color_blue	color_green
red	1	0	0
green	0	0	1
blue	0	1	0
red	1	0	0

Figura 3.10: Ejemplo de *One-Hot Encoding*

3.6.3. Selección de características

Seleccionar los atributos, columnas en datos tabulares, importantes para resolver el problema, involucra tanto conocimiento del dominio como técnico. Elegir las mejores características asegurará que el modelo aprenda correctamente para solucionar el problema. Difiere de la reducción de dimensionalidad en que esta crea nuevas combinaciones de atributos para crear nuevas columnas, mientras que la selección excluye atributos.

3.6.4. Aumentación

Para aumentar la **BD** sacaremos parches de $m \times m$, centrados en el núcleo y rotaremos la célula un número fijo de grados. Para encontrar el núcleo, nos auxiliaremos de la máscara aplicando el Método de Momentos para extraer el centroide de la región del núcleo; luego exportaremos esas coordenadas a la imagen normal para ser rotada. Para balancear la **BD**, generaremos más parches para las células normales que para las anormales. El *Dataframe* es la representación programática de una tabla de excel o archivo csv, con la mista estructura tabular ([algoritmo 3.1](#)).

Algoritmo 3.1: Algoritmo para aumentación de datos

```
Input : Dataframe de imágenes
Output : Imágenes aumentadas
m ← 128
balance ← 0
for row ∈ df do
    imagen ← open(row[“file”])
    if row[“Class_cat_2”] == normal then
        balance = 50
    else
        balance = 18
    for angle ∈ sample(balance) do
        rot ← rotate_bound(imagen, angle)
        x, y ← centro(rot)
        random = randint(5, 10)
        salida = sub_image(rot, (x, y), angle, m, m, desp = random)
        salida = resize(salida, (256, 256))
    end
end
```

Se tomaron 50 muestras para células normales y 18 muestras para anormales de un rango de ángulos entre 0 y 360 grados. Posteriormente se extrajo el centroide de la imagen usando la máscara. Los parches fueron extraídos de estas imágenes rotadas, la medida fue de 128×128 pixeles y, para asegurar cierta variación para hacer el modelo más robusto, se desplazó el centro en el eje x y y por un número aleatorio entre 5 y 10 pixeles. Por último se cambió el tamaño de la imagen a 256×256 pixeles ([Figura 3.11](#)).

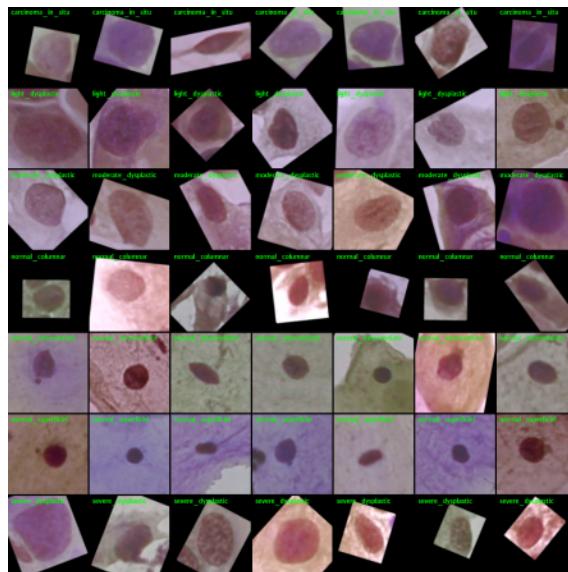


Figura 3.11: Muestreo de la BD aumentada (células)

No solo se aumentaron las imágenes de células normales, sino también las de las máscaras ([Figura 3.12](#)). Bajo el contraste de la máscara podemos apreciar cómo las células normales presentan más regularidad en sus estructuras y las anormales se vuelven más caóticas.

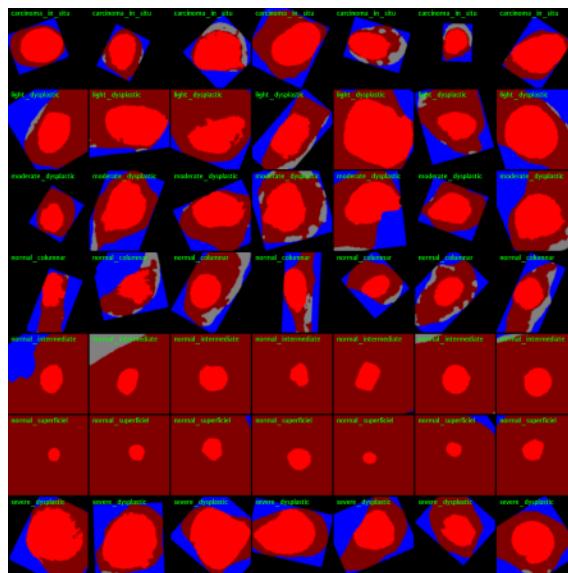


Figura 3.12: Muestreo de la BD aumentada (máscaras)

3.6.5. Conocimiento

Como conocimiento, tenemos una BD con imágenes variadas y aumentadas aleatoriamente capaz de maximizar el poder de generalización de nuestro algoritmo. Una preocupación que incluimos en el supuesto, es la de si la fase de aumentación de datos incide en la capacidad de decisión del algoritmo. Esto es evidente en las imágenes

aumentadas, donde las partes que se añaden a la imagen en el proceso de rotación y de cambio de tamaño se llenan con pixeles negros.

Finalmente generamos un archivo .csv con todas las imágenes aumentadas y su ruta absoluta. Esto nos permitirá entrenar el modelo sin cargar todas las imágenes la memoria, algo que sería totalmente impráctico, haciendo uso de una función que nos permite alimentar fila por fila el archivo al algoritmo de entrenamiento.

3.7. Elección algorítmica

Aquí se realizará una exploración general de soluciones para indagar su efectividad, esta exploración va guiada por el conocimiento del dominio y del experto para asegurar su aplicabilidad final. No es necesario buscar en todo el espectro de modelos, por ejemplo, el análisis de lenguaje natural se puede resolver eficazmente con las Redes Neuronales, gracias a esto el universo a explorar será de arquitecturas. Esta fase puede ser muy intensiva computacionalmente, así que la cantidad de iteraciones está limitada, como ya sabemos el problema radica en que no existe una forma de determinar que modelo será el mejor para un problema en particular.

En nuestro caso, ya hemos delimitado el tipo de algoritmo a utilizar. Si se tiene BD tabular, se procedería a: Probar modelos lineales, bayesianos, Máquinas de Soporte Vectorial, Árboles Aleatorios, Redes Neuronales y demás, usando parámetros estándar para estimar su rendimiento.

Para cada modelo, es preferible utilizar una validación cruzada y comparar tanto la media como la desviación estándar. En algoritmos como las ConvNets, esto puede ser difícil debido a la complejidad computacional. También lo es determinar el tipo de error estadístico de cada modelo para corroborar el impacto que tendrá tal error en el rendimiento del algoritmo en situaciones de la vida real, por ejemplo, en el área médica es importante la tasa de falsos positivos y falsos negativos.

Este proceso es naturalmente iterativo. Donde cambios en algoritmos, arquitecturas e hiperparámetros obviamente modifican el rendimiento de los algoritmos. El objetivo es encontrar un subconjunto muy reducido de candidatos a probar, ya que estamos limitados por el tiempo y la complejidad computacional de algunos modelos, que inclusive llegan a tardar semanas en entrenarse.

3.7.1. Probar distintos algoritmos

Se han probado varias arquitecturas desde las más grandes hasta las más eficientes, todas ellas implementadas en lenguaje Python utilizando Keras. El *Zoológico de Modelos* es el término que engloba arquitecturas de ConvNets pre-entrenadas para diversas tareas de VC (*ImageNet*) y por lo general se manejan con licencias libres, lo cual permite su implementación para resolver tanto problemas generales como particulares si se aplica TL.

La elección de estos algoritmos está basada directamente en la elección del software utilizado para el desarrollo. Por lo que nos enfocaremos en el *Zoológico de Modelos* de Keras y su *backend*: TensorFlow. Para la búsqueda del mejor candidato a modelo solución se realizó un experimento de búsqueda exhaustiva por todo el espacio de soluciones comprendido dentro del *Zoológico de Modelos* de Keras. Para ello se programó un script automatizado que alimenta el ciclo de entrenamiento con cada modelo de este espacio y captura los resultados del entrenamiento por época, así como las métricas como la pérdida y la exactitud de cada iteración del experimento.

3.7.1.1. Arquitecturas probadas

Las arquitecturas probadas fueron las siguientes y serán entrenadas con los mismos hiperparámetros y el mismo número de épocas ([Figura 3.13](#)):

1. DenseNet201
2. InceptionResNetV2
3. InceptionV3
4. MobileNet
5. MobileNetV2
6. NASNetLarge
7. NASNetMobile
8. ResNet50
9. VGG16
10. VGG19
11. Xception

```
BATCH_SIZE = 64
FC_LAYERS = [1024, 1024]
LR = 0.00001
OPT = Adam(lr=LR)
EPOCHS = 20
DROPOUT = 0.5
```

Figura 3.13: Hiperparámetros para búsqueda de algoritmos

3.7.2. Comparar rendimiento

Los resultados de los experimentos, sus gráficas, tablas y por arquitectura se muestran en el [Apéndice B](#). También incluye una breve interpretación individual para cada arquitectura y el comportamiento de sus métricas tanto en entrenamiento como en validación.

3.7.3. Analizar métricas

El análisis de las exactitudes de las arquitecturas probadas tanto en validación como en entrenamiento se muestra en la [Figura 3.14](#). Podemos ver que el comportamiento en entrenamiento fue bastante similar en todas las redes. Esto cambió drásticamente en la fase de validación, donde la familia VGG se destacó por sobre todas las demás. Así como en la exactitud, la pérdida se comportó bastante similar en todos los modelos en la fase de entrenamiento. En la [Figura 3.15](#) se muestra que algunas arquitecturas se comportaban peor al pasar las épocas.

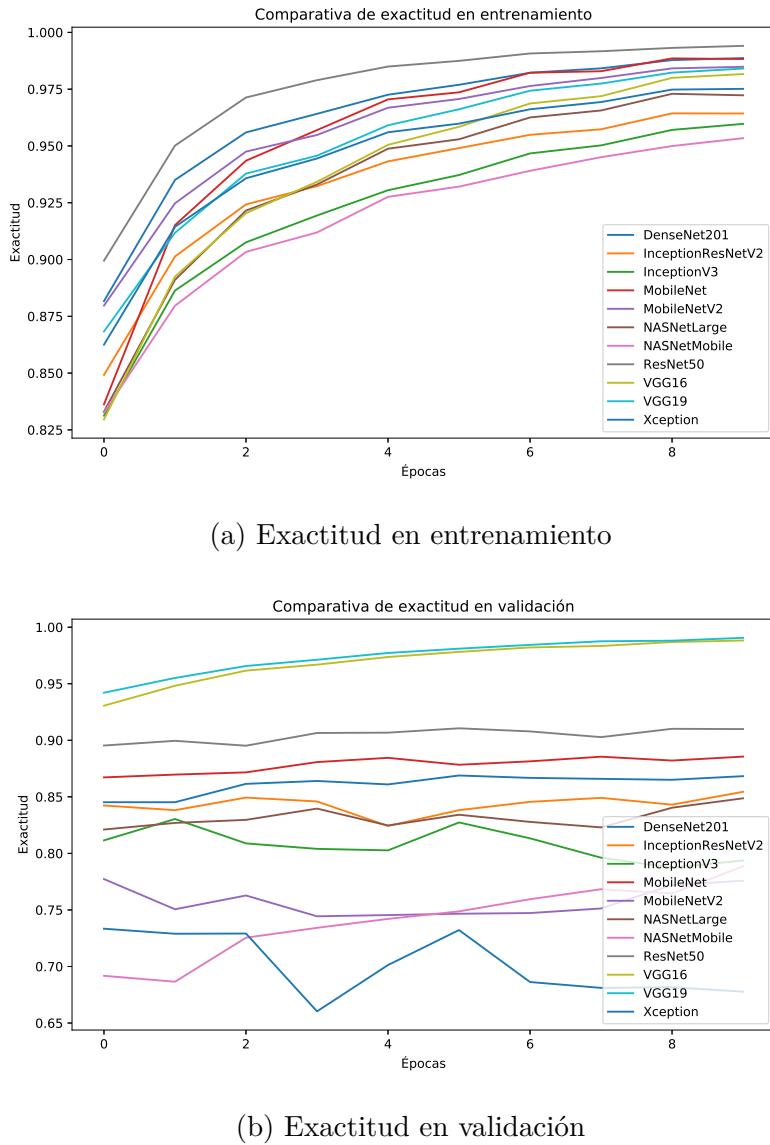


Figura 3.14: Gráfica de comparativa de exactitud

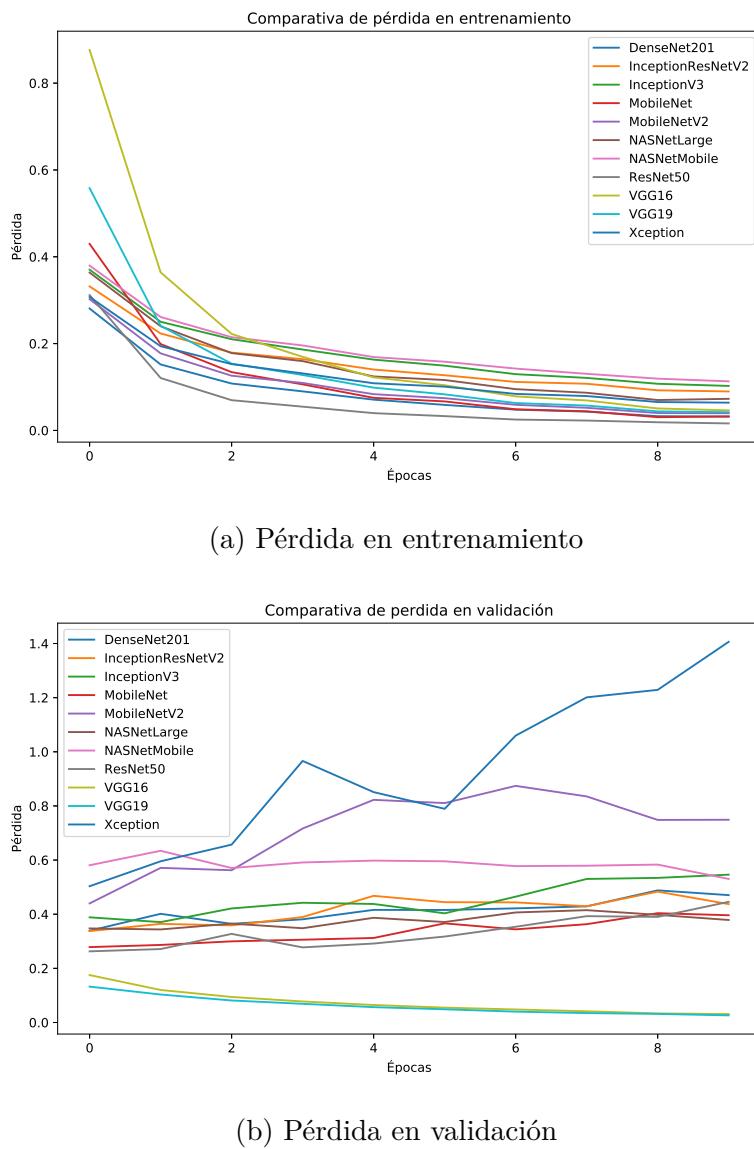


Figura 3.15: Gráfica de comparativa de pérdida

3.7.4. Seleccionar los mejores algoritmos

Una vez terminado el proceso de entrenamiento se requiere crear una lista con los mejores modelos, teniendo siempre en mente la aplicabilidad final del algoritmo. Pueden existir algoritmos con mejor rendimiento que por sus características los hacen imposibles de implementar en el área donde surge el problema. Por ejemplo, las [RNA](#) son restrictivas en su aplicación y prefieren ser desplegadas en sistemas donde se tenga disponible un [GPU](#) para realizar los cálculos.

3.7.4.1. Algoritmo ganador

Claramente los ganadores son las arquitecturas VGG16 y VGG19 entrenadas con *ImageNet*, alcanzando esta última una mejor exactitud en el mismo número de épocas. Sabemos que esta arquitectura es suficientemente ligera para ser implementada tanto

en dispositivos móviles como en sistemas embebidos, en dado caso que su tamaño impida una implementación con un rendimiento adecuado, se puede optar por utilizar la VGG16 por su menor tamaño. Descubrir la razón por la cual algunas arquitecturas se comportaban pésimo durante el experimento está fuera del espectro de esta tesis, así como la búsqueda de otros modelos que puedan resultar aptos y no estén implementados en **Keras** como las otras arquitecturas de ResNet o CaffeNet.

Para segmentación semántica, solamente probaremos un algoritmo: Unet, ya que por sus características, debido a las restricciones de tiempo y a su rendimiento probado en aplicaciones citológicas, es claramente la mejor arquitectura para este experimento. Esta arquitectura no implementará **TL**.

3.7.5. Experimento

Teniendo las arquitecturas o algoritmos ganadores, se puede diseñar un experimento. El cual realizarse con todas las disposiciones estadísticas para estimar correctamente el rendimiento del algoritmo en cada iteración del proceso. El experimento consistirá en cambiar los hiperparámetros del algoritmo para encontrar los mejores y asegurar un mejor rendimiento. Existen distintas maneras de realizar este proceso pero están fuera del espectro de esta tesis.

Al realizar el experimento, debemos de tener especial atención en guardar absolutamente todos los cambios que se hagan tanto al algoritmo como a los hiperparámetros, para poder analizar correctamente el rendimiento del modelo. El experimento debe tener las siguientes características [71]:

1. **Repetible:** Es la capacidad de volver a hacer el experimento en otro entorno ajeno al del investigador original y con un código independiente al entorno inicial de investigación.
2. **Reproducible:** Un estudio es reproducible si se pueden tomar los datos originales y el código computacional usado para analizarlos y reproducir todos los hallazgos numéricos del estudio.
3. **Replicable:** Es el acto de repetir un estudio completo, independientemente del investigador original sin el uso de datos originales y utilizando los mismos métodos.

3.8. Ajustar modelo

Ajustar y optimizar es un proceso iterativo susceptible a la automatización. Esta fase se refiere a la búsqueda de arquitectura (tamaño de las capas, número de neuronas) e hiperparámetros (tamaño de lote, tasa de aprendizaje) que harán que el modelo elegido en la fase anterior alcance su mayor potencial y posiblemente solucione el problema. Cabe mencionar que todos estos pasos no garantizan converger a una solución específica, y puede que se tenga que pasar por varias iteraciones de la metodología para encontrar alguna satisfactoria.

Los hiperparámetros pueden ser exclusivos para cada algoritmo, sin embargo, las técnicas de búsqueda de hiperparámetros son universales (Búsqueda reticular, búsqueda aleatoria, bayesiana, metaheurísticas). Si los recursos computacionales lo permiten, utilizar ensamblaje de modelos es mejor que un solo modelo.

Al ser la fase más computacionalmente intensiva de toda la metodología, esta fase tiende a ser tardada, normalmente de muchas horas. Al finalizar tendremos no solo el mejor modelo, sino una evaluación del mismo que nos permitirá avanzar a la

culminación del proceso, o comenzar el proceso una vez más si el rendimiento no es satisfactorio.

Se procederá realizar tres experimentos. Cada uno de ellos será entrenado por el mismo algoritmo de entrenamiento y tendrá sus hiperparámetros particulares y se someterán a varias pruebas y validaciones:

1. **Clasificación binaria:** Clasificar las imágenes citológicas en normales y anormales.
2. **Clasificación multi-clase:** Clasificar las imágenes en las siete clases del sistema *Bethesda*. Esta será el modelo que llegará a la solución final y por ello es el que lleva mayor cantidad de análisis.
3. **Segmentación semántica:** Segmentar cada pixel de la imagen citológica en dos clases: núcleo o el resto (citoplasma o fondo).

3.8.1. Implementar validación cruzada

Se cuenta con un archivo .csv que concentra la ruta de la imagen, la clase y la categoría a la que pertenece. Implementar validación cruzada se reduce a dividir aleatoriamente los índices de cada fila de tal archivo. Para ello se utilizará el módulo *Pandas* para manejar los datos tabulares para implementar la validación cruzada mediante el módulo *Sklearn* y su función *Kfold*.

La fase de segmentación semántica no cuenta con gráfica de validación cruzada ya que no se dividen las imágenes por clases.

Se decidió una $K = 10$ ya que tienen el mejor compromiso entre sesgo y varianza. Este proceso es muy tardado pero para asegurar una estimación precisa del error de generalización, se decidió que era la mejor opción para validar este trabajo.

3.8.1.1. Clasificación binaria

En la [Figura 3.16](#) se representa la planeación de la validación cruzada, las dos clases, sus índices y como el algoritmo escoge aleatoriamente subconjuntos (índices) en cada iteración para asegurar una correcta validación del algoritmo. Se decidió por 10 iteraciones debido a la complejidad computacional, tardando esta fase 22 horas en completarse.

3.8. AJUSTAR MODELO

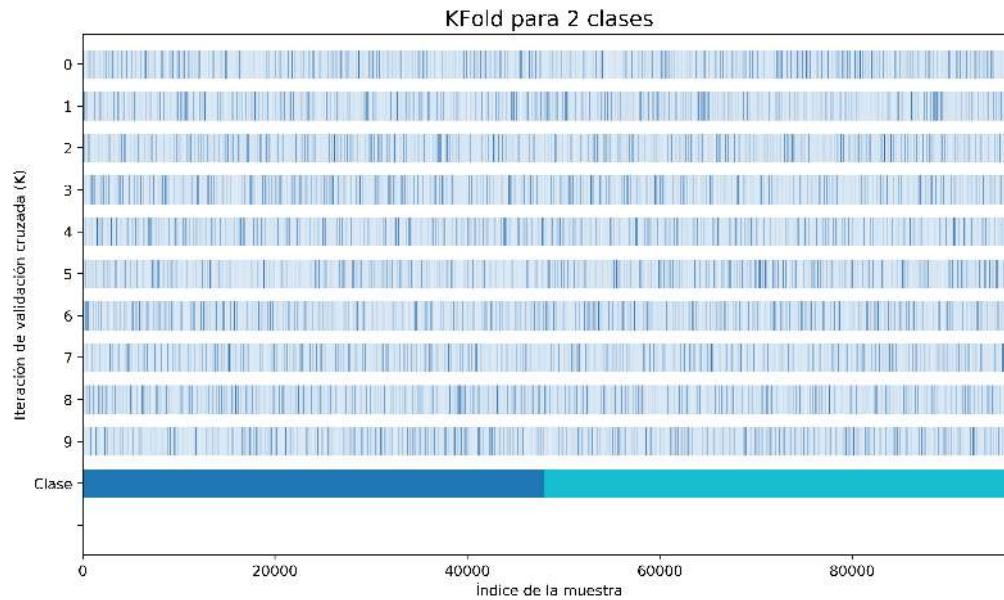


Figura 3.16: Kfold de 10 iteraciones binario

3.8.1.2. Clasificación multi-clase

La Figura 3.17 muestra la validación cruzada aplicada al problema de 7 clases. Existe discrepancia en la cantidad de elementos por cada una de las clases, es decir, es un entrenamiento desbalanceado y procederemos a evaluar el impacto de ello en el experimento. Este entrenamiento fue sumamente tardado: 44 horas, ya que duplicamos el número de épocas de entrenamiento.

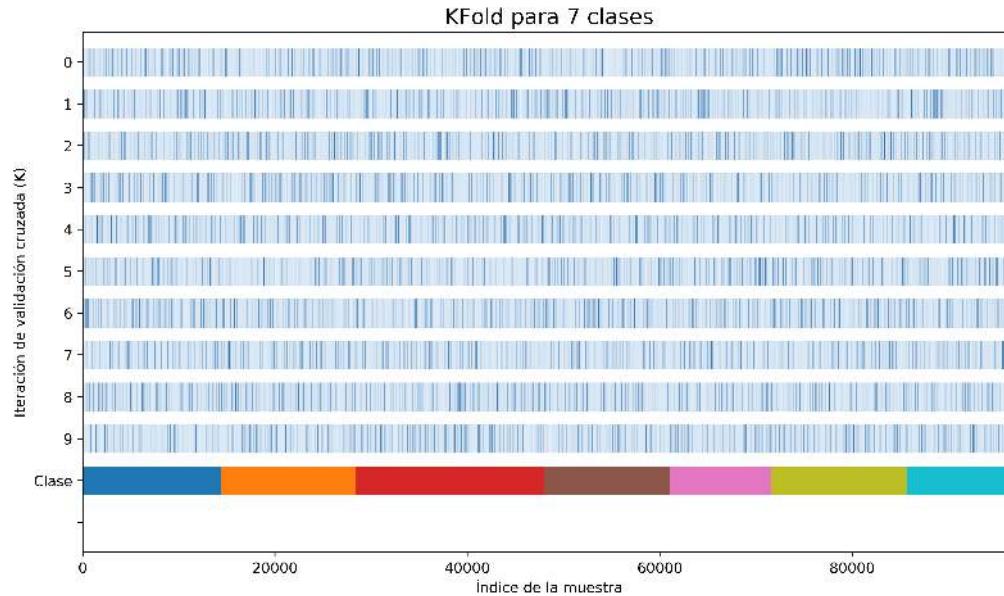


Figura 3.17: Kfold de 10 iteraciones multi-clase

3.8.2. Elegir hiperparámetros

Una correcta elección de hiperparámetros asegura que el modelo convergerá para dar solución al problema. Si elegimos mal puede hacer que el algoritmo jamás funcione o tenga un comportamiento errático.

- El tamaño de lote o `BATCH_SIZE` se dejó como máximo en 64. Más grande hacía que el `GPU` se quedara sin memoria antes de terminar.
- Las neuronas de la capa densa o totalmente conectada `FC_LAYERS` se dejan en 1024 neuronas en comparación a las 4096 que tiene VGG original.
- Como optimizador `OPT` se eligió Adam y este cuenta con solo un hiperparámetro `LR` que es la tasa de aprendizaje. Para `TL` se prefieren tasas pequeñas.
- `DROPOUT` define la probabilidad de apagar una neurona particular en las capas densas y generalmente se sitúa en 50%.

3.8.2.1. Clasificación binaria

Los hiperparámetros usados para el entrenamiento del modelo se muestran a continuación. La variable global `KFOLD_SPLITS` determina la cantidad de iteraciones en la validación cruzada, lo cual nos permite evaluar el rendimiento del algoritmo con la mayor exactitud posible y con las mejores prácticas estadísticas ([Figura 3.18](#)).

```
BATCH_SIZE = 64
FC_LAYERS = [1024, 1024]
LR = 0.00001
OPT = Adam(lr=LR)
EPOCHS = 30
DROPOUT = 0.5
KFOLD_SPLITS = 10
```

Figura 3.18: Hiperparámetros para dos clases

3.8.2.2. Clasificación multi-clase

A continuación se muestran los hiperparámetros utilizados, se incrementó la tasa de aprendizaje y se duplicó el numero de épocas debido a la mayor complejidad del problema ([Figura 3.19](#)), debido a esto el experimento tardó el doble en completarse como era lógico:

```
BATCH_SIZE = 64
FC_LAYERS = [1024, 1024]
LR = 0.0001
OPT = Adam(lr=LR)
EPOCHS = 60
DROPOUT = 0.5
KFOLD_SPLITS = 10
```

Figura 3.19: Hiperparámetros para siete clases

3.8.2.3. Segmentación semántica

Los hiperparámetros usados en el experimentos son los siguientes, notar que el optimizador usa los valores por defecto que recomienda `Keras`. Se redujo `BATCH_SIZE` a la mitad ya que en realidad estamos pasando dos imágenes por cada iteración de entrenamiento en lugar de una ([Figura 3.20](#)). Para este experimento nos conformaremos con solo cinco iteraciones ya que los previos tardaron mucho:

```
BATCH_SIZE = 32
LR = 0.001
OPT = Adam(lr=LR)
EPOCHS = 50
DROPOUT = 0.5
KFOLD_SPLITS = 5
```

Figura 3.20: Hiperparámetros para segmentación semántica

3.8.3. Entrenar modelo

Una vez encontrado el mejor modelo, procederemos a aplicar Fine-Tuning y la optimización de hiperparámetros. La última capa del modelo pre-entrenado fue removida y reemplazada por una capa densa totalmente conectada, para luego ser entrenada en conjunto a toda la red. Convirtiendo un modelo general en un predictor particular, capaz de clasificar células en distintas clases.

El ciclo de entrenamiento ([algoritmo 3.2](#)) es general para los tres experimentos. Recibe como entrada una BD representada por un archivo .csv cargado a memoria como dataframe y como salida da el mejor modelo. La variable `results` es una lista que va a guardar el rendimiento de cada modelo entrenado en cada iteración `k = 5`. La función `Kfold` divide los datos y devuelve `j`, `train`, `val` que son el índice de la iteración, los índices de entrenamiento y los índices de validación. Se construye el modelo pasando los hiperparámetros a la función `build_model`. Se guarda el resultado de ajustar el modelo por el número de épocas. El error de generalización es el promedio del rendimiento de todos los resultados y se escoge el mejor modelo con la función `best_index` que devuelve el índice del elemento más grande en la lista

results.

Algoritmo 3.2: Ciclo de entrenamiento

```
Input : Database
Output: Best model
results ← [...]
models ← [...]
batch_size ← 128
epochs ← 50
layers ← [1024, 1024]
opt ← Adam
lr ← 1e - 4
dropout ← [0.5, 0.5]
k ← 5
D ← database
for j, train, val ∈ Kfold(splits = k, data = D) do
    model = build_model(dropout, layers, opt(lr))
    result = model.fit(train, epochs)
    models[j] ← model
    results[j] ← result.evaluate(val)
end
generalization_error ← mean(results)
best_model_idx ← best_index(results)
best_model = models[best_model_idx]
```

Las tablas de rendimiento por época para los tres experimentos se pueden encontrar en el [Apéndice C](#).

3.8.3.1. Clasificación binaria

La [Tabla C.1](#) nos muestra como se comportó el modelo en las 30 épocas de entrenamiento tanto en entrenamiento como en validación. Es clara la tendencia del algoritmo a mejorar con respecto a las épocas, aunque se sigue notando cierta discrepancia entre los valores de validación y entrenamiento, queremos que estos valores sean lo más cercanos posibles.

Los resultados de la validación cruzada se pueden observar el la [Tabla 3.5](#). La iteración con mejor rendimiento fue la número 6, alcanzando una exactitud del 99.91 %.

3.8. AJUSTAR MODELO

fold	acc	loss
0	99.84536171	0.004982506
1	99.85566735	0.00357472
2	99.86597896	0.004019101
3	99.89690781	0.003187174
4	99.8865962	0.00304257
5	99.8865962	0.004015994
6	99.91752505	0.002261744
7	99.87629056	0.002811817
8	99.77319837	0.006879645
9	99.82474446	0.00390799

Tabla 3.5: Resultados de la validación cruzada binaria

La [Tabla 3.6](#) concluye el experimento, la exactitud final alcanzada es el promedio de las iteraciones: $99.86\% \pm 0.0412$. Un rendimiento bastante aceptable, siendo el error de generalización del modelo un total de 0.14 %.

	acc	loss
count	10	10
mean	99.86288667	0.003868326
std	0.041250406	0.001303197
min	99.77319837	0.002261744
25 %	99.84793812	0.003078721
50 %	99.87113476	0.003741355
75 %	99.8865962	0.004018324
max	99.91752505	0.006879645

Tabla 3.6: Estadísticos del experimento binario

A continuación se mostrarán las métricas de la mejor iteración, que nos ofrecerá información sobre el comportamiento del experimento y de su rendimiento. Las métricas cuentan con su gráfica normal y una aplicando suavizado exponencial para mejorar su interpretación.

La pérdida durante el entrenamiento y validación se muestran en la [Figura 3.21](#), donde la tendencia a disminuir es clara, estabilizándose alrededor de la época número 15.

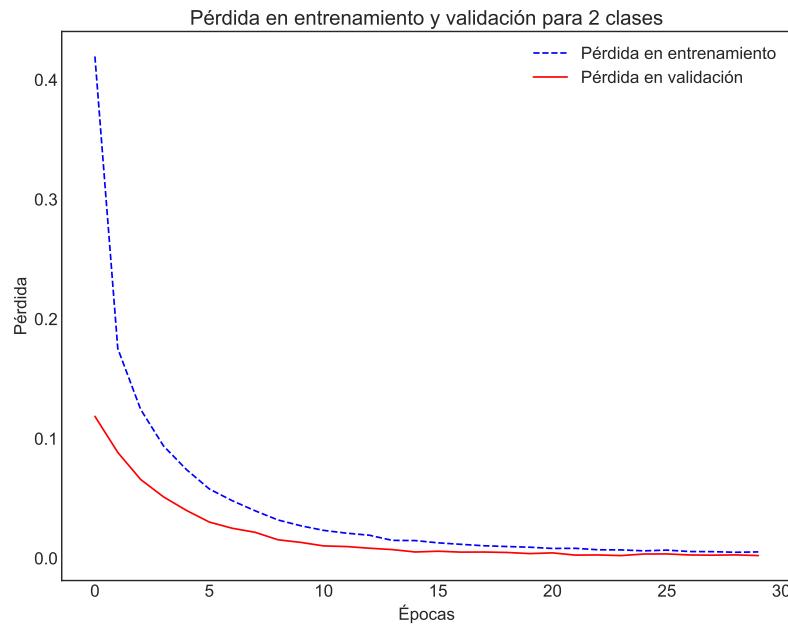


Figura 3.21: Pérdida binaria

La exactitud se estabiliza alrededor de la época 15 como se muestra en la [Figura 3.22](#). Se detecta que tanto en la pérdida como en la exactitud que ambas curvas se acercan la una a la otra, lo que nos dice que el modelo está ajustado de manera excelente.

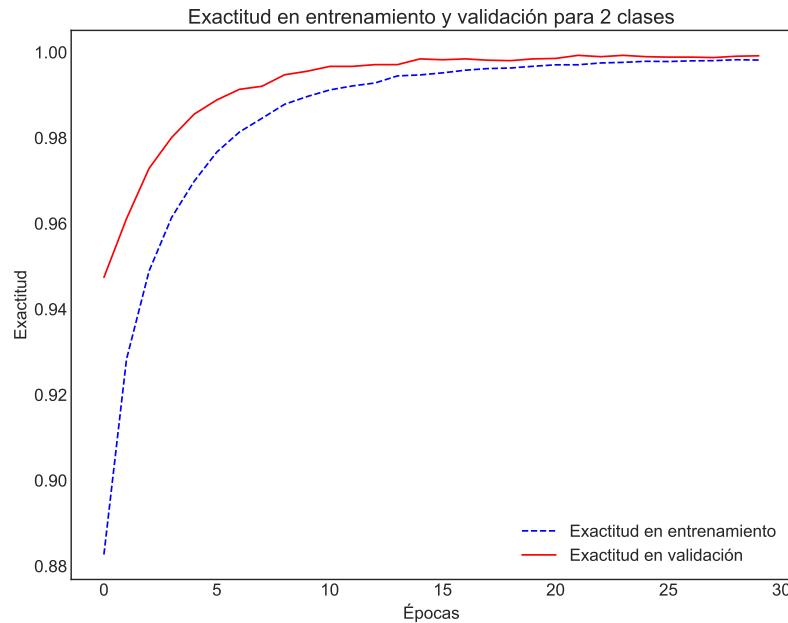


Figura 3.22: Precisión binaria

3.8.3.2. Clasificación multi-clase

La [Tabla C.2](#) nos permite ver que el algoritmo incrementa su rendimiento al pasar las épocas, aunque cada vez se le hace más difícil mejorar sus métricas. Quizás se

3.8. AJUSTAR MODELO

puedan implementar acciones que optimicen los hiperparámetros o inclusive técnicas de entrenamiento adaptativas o quizás probar con otro optimizador.

Los resultados de la validación cruzada de 10 iteraciones para el experimento multi-clase se ven en la [Tabla 3.7](#). La iteración con mejor rendimiento fue la número 1, alcanzando una exactitud del 99.72 %. Se manifiesta cierto fenómeno donde la pérdida de la iteración 0 es mejor que la 1. Esto puede ser debido a fluctuaciones del generador de números aleatorios.

fold	acc	loss
0	99.69072342	0.009913217
1	99.72165227	0.010205996
2	99.59793687	0.013710575
3	99.49484468	0.014681551
4	99.49484468	0.016252176
5	99.60824847	0.0124342
6	99.60824847	0.011963185
7	99.57731962	0.014334826
8	99.46391582	0.016523478
9	99.62886572	0.013009808

Tabla 3.7: Resultados de la validación cruzada multi-clase

La [Tabla 3.8](#) concluye el experimento, la exactitud final alcanzada es el promedio de las iteraciones: $99.58\% \pm 0.084$. Podemos ver que tanto la especificidad como la sensibilidad tienen una desviación estándar mayor que la exactitud, debido a la forma en que se calculan estas métricas. El error de generalización total del modelo es de 0.42 %.

	acc	loss
count	10	10
mean	99.58866	0.013302901
std	0.084239213	0.002258767
min	99.46391582	0.009913217
25 %	99.51546341	0.012080938
50 %	99.60309267	0.013360192
75 %	99.62371141	0.01459487
max	99.72165227	0.016523478

Tabla 3.8: Estadísticos del experimento multi-clase

La pérdida cayó abruptamente antes de las 10 épocas, después de las cuales se estabilizó alcanzando cierto límite asintótico; Cuando se analiza la diferencia entre la pérdida en entrenamiento y validación, estas se encuentran muy cercanas y casi iguales lo cual es ideal, quiere decir que nuestro modelo puede capturar muy bien las complejidades de la clasificación citológica multi-clase ([Figura 3.23](#)).

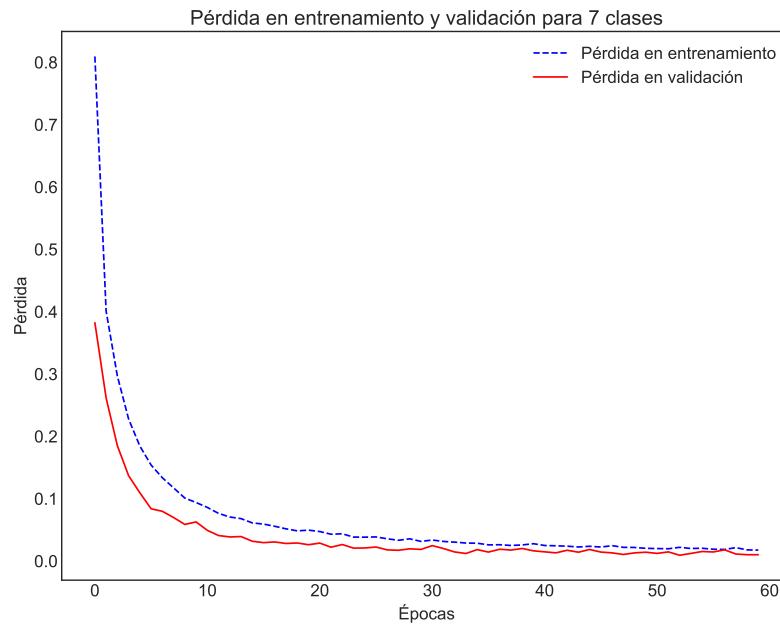


Figura 3.23: Pérdida con 7 clases

La exactitud del experimento multi-clase se comporta muy similar al del experimento binario ([Figura 3.24](#)). Hay una mínima brecha entre la métrica en entrenamiento y en validación probablemente se deba al fenómeno de *underfitting*. Esto se podría solucionar reduciendo el DROPOUT o incrementando la complejidad del modelo, aunque la diferencia es tan poca que puede no ser significativa.

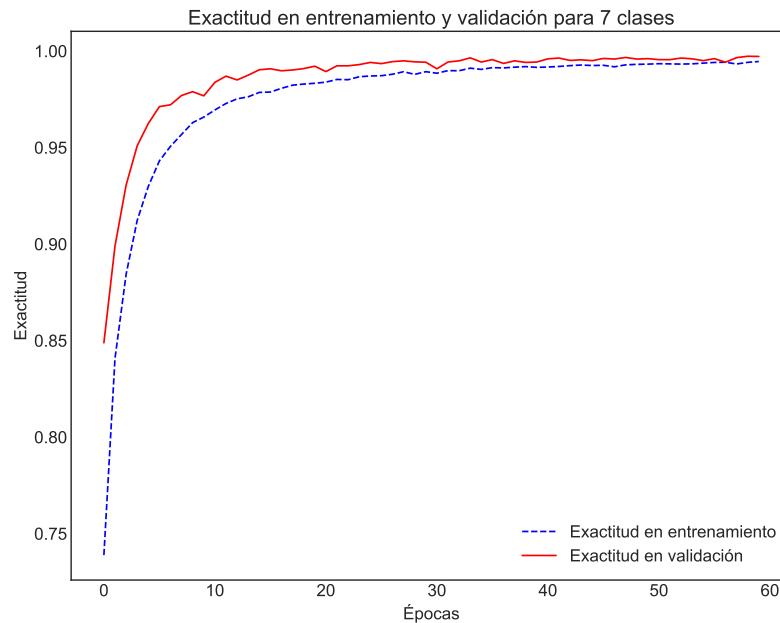


Figura 3.24: Exactitud con 7 clases

3.8.3.3. Segmentación semántica

En la segmentación semántica substituiremos las métricas de clasificación por la Intersección sobre Union y la función de pérdida por el coeficiente de Dice, ya que son las indicadas para arquitectura usada en este caso.

Los resultados de la validación cruzada para segmentación, con cinco iteraciones, se compilan en la [Tabla 3.9](#), mientras que el resumen y los estadísticos están en la [Tabla 3.10](#). Claramente es la primera iteración la que alcanzó los mejores resultados. Esta pérdida puede tener valores negativos en comparación a la usada en las arquitecturas anteriores. Si bien la exactitud es la métrica más alta, en este caso, la correcta es IoU con un rendimiento total de 88.19 %.

fold	accuracy	loss	iou
0	91.0180247	-0.896642793	0.884503568
1	89.86388168	-0.917515639	0.888006022
2	89.99839323	-0.911953644	0.885471006
3	89.79965767	-0.900890709	0.866708054
4	90.36797129	-0.911352285	0.885264954

Tabla 3.9: Rendimiento de la validación cruzada de segmentación

	accuracy	loss	iou
Número	5	5	5
Media	90.20958571	-0.907671014	0.881990721
Desviación	0.502696262	0.008608186	0.008644234
Mínimo	89.79965767	-0.917515639	0.866708054
25 %	89.86388168	-0.911953644	0.884503568
50 %	89.99839323	-0.911352285	0.885264954
75 %	90.36797129	-0.900890709	0.885471006
Máximo	91.0180247	-0.896642793	0.888006022

Tabla 3.10: Estadísticos del experimento

La [Figura 3.25](#) muestra los resultados de la pérdida en entrenamiento y validación. Se pueden observar fluctuaciones considerables en validación con una clara tendencia a estabilizarse conforme pasan las épocas de entrenamiento.

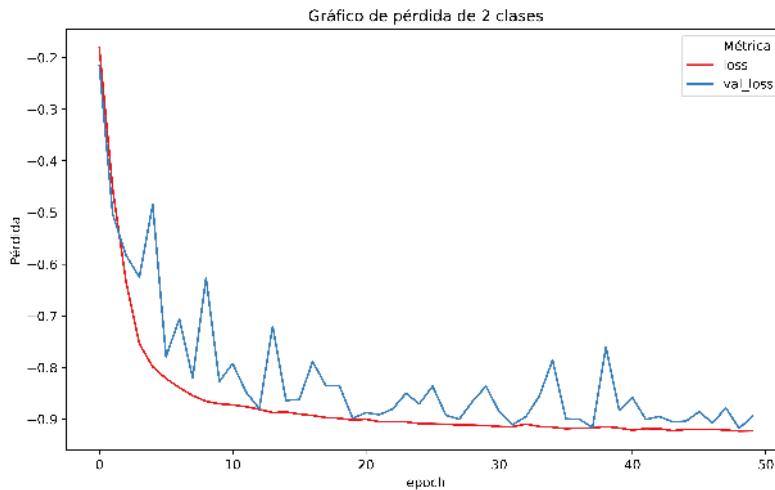


Figura 3.25: Gráfico de pérdida, se nota fluctuación en validación

A continuación vemos ([Figura 3.26](#)) la *Intersection over Union* en las dos fases. Se manifiesta una excelente curva que aumenta constantemente en función de las épocas, reduciendo su incremento en cada iteración pero siempre aumentando, igualmente, las dos curvas se mantienen muy próximas entre si.

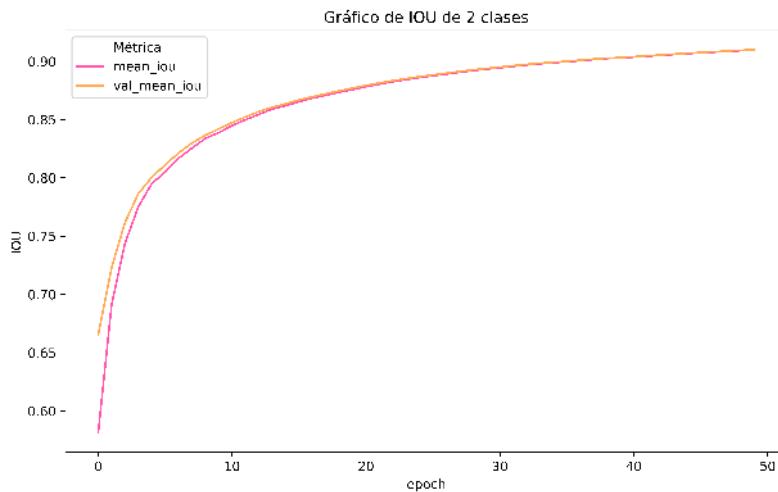


Figura 3.26: Gráfico de Intersección sobre Unión

3.8.4. Evaluar modelo

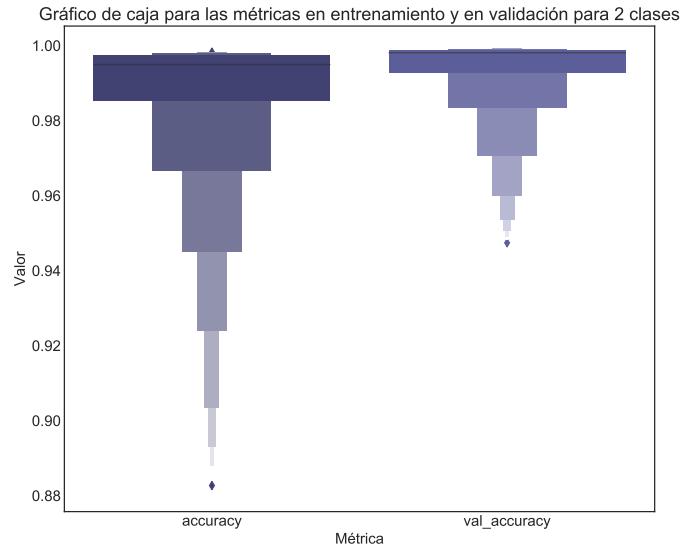
Para evaluar el modelo, primeramente haremos un análisis comparativo de las métricas en validación y entrenamiento. En los problemas de clasificación, es común realizar una gráfica conocida como Matriz de Confusión que nos permite ver fácilmente la cantidad de elementos clasificados correcta o incorrectamente. Aplicaremos un total de 22 métricas de evaluación para estimar, con la mayor certeza posible, el rendimiento del modelo ya que su aplicación final será para diagnóstico de cáncer.

Por último, tomaremos un muestreo de aquellas células que fueron mal clasificadas, para poder observar las características morfológicas y apreciar empíricamente los errores.

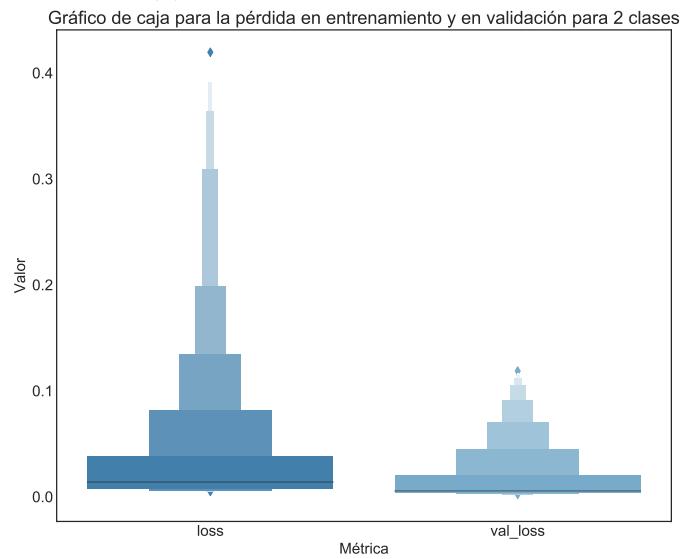
3.8.4.1. Clasificación binaria

Para determinar como difieren los valores de entrenamiento y validación, se realizó una gráfica de caja con las métricas y la pérdida. La variabilidad individual de estas métricas se muestra en la [Figura 3.27](#). Se aprecia que en la fase de entrenamiento, las métricas tienen una variabilidad mayor, esto es debido a que la validación se hace siempre una época después que el entrenamiento, por lo que esta se realiza con los pesos ya ajustados por la función de pérdida, reduciendo su error total.

3.8. AJUSTAR MODELO



(a) Gráfico de caja de métricas



(b) Gráfico de caja de pérdida

Figura 3.27: Gráficos de caja binarios

La Figura 3.28 nos muestra la comparación de la variabilidad entre la pérdida y la exactitud en validación, donde comprobamos efectivamente que su variabilidad se reduce conforme pasan las épocas de entrenamiento y que el modelo puede generalizar correctamente. Como ya sabemos, entre más cerca estén las métricas, mejor.

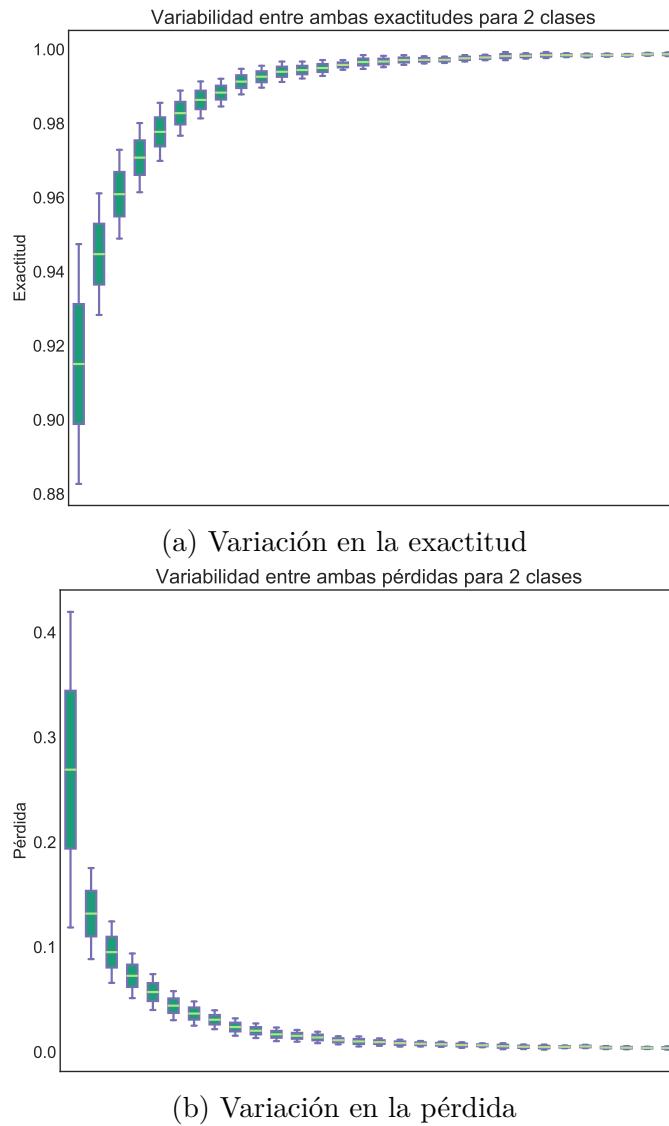


Figura 3.28: Gráfica de caja de la variación binaria

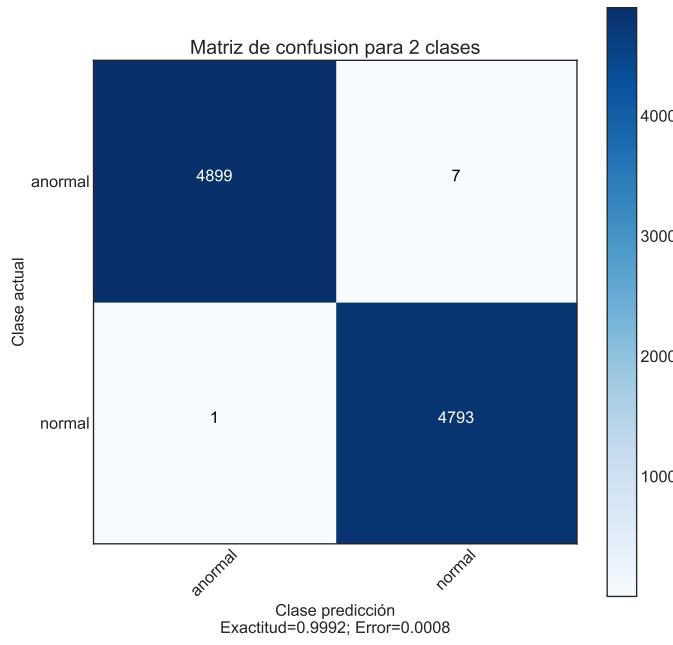
La Tabla 3.11 nos muestra el reporte que evalúa un algoritmo de clasificación, condensando la información básica por cada clase. Cabe notar que los falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN) son muy pocos comparados con los datos utilizados para evaluar (POP). Las clases están desbalanceadas pero su diferencia es una cantidad negligible.

Class	anormal	normal
TP	4899	4793
TN	4793	4899
FP	1	7
FN	7	1
P	4906	4794
N	4794	4906
POP	9700	9700

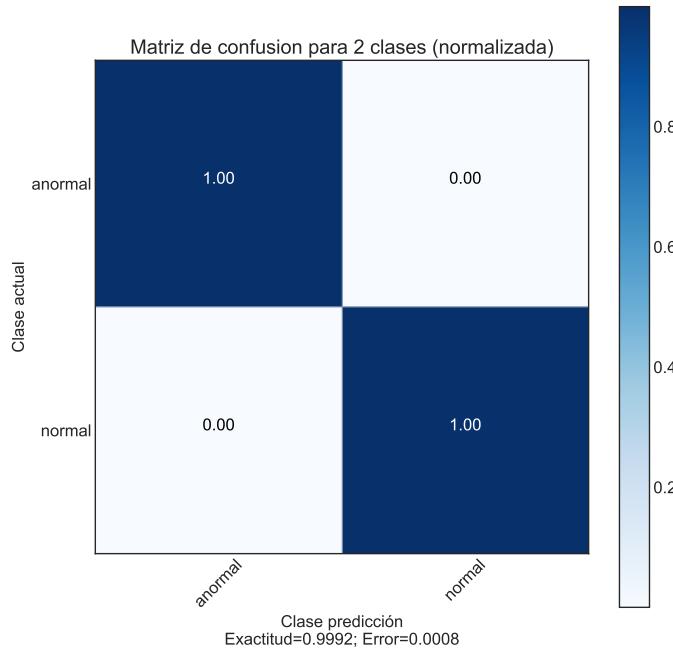
Tabla 3.11: Reporte de clasificación binario

3.8. AJUSTAR MODELO

La Figura 3.29 nos muestra las matrices de confusión; la matriz normalizada no se aprecia bien por el redondeo y se puede interpretar que el sistema tiene un poder de clasificación perfecto, pero podemos ver en la matriz no normalizada que un total de 8 elementos fueron mal clasificados, un ejemplo normal clasificado como anormal y siete anormales clasificados como normales, esto puede suponer un problema ya que es peligroso diagnosticar la ausencia de lesión citológica cuando si está presente.



(a) Matriz de confusión normalizada



(b) Matriz de confusión sin normalizar

Figura 3.29: Matrices de confusión

La Tabla 3.12 nos condensa todas las métricas utilizadas para la evaluación del problema de clasificación de imágenes de células en dos clases: anormal y normal. El rendimiento del modelo es bastante bueno y que la elección de arquitectura fue correcta. Lo cual se probará con mayor atención en el problema de siete clases.

Class	anormal	normal
TPR	0.99857	0.99979
TNR	0.99979	0.99857
PPV	0.9998	0.99854
NPV	0.99854	0.9998
FNR	0.00143	0.00021
FPR	0.00021	0.00143
FDR	0.0002	0.00146
FOR	0.00146	0.0002
ACC	0.99918	0.99918
F1	0.99918	0.99917
BM	0.99836	0.99836
PRE	0.50577	0.49423
J	0.99837	0.99833
CEN	0.00881	0.00898
MCEN	0.01598	0.01628
AUC	0.99918	0.99918

Tabla 3.12: Métricas de clasificación binaria

La Figura 3.30 nos muestra una mapa de calor que muestra las métricas que deben ser 0 al evaluar el modelo. Podemos ver que, si bien no es justamente 0 el valor mínimo, el rango de variación mostrado por la barra es muy reducido, siendo la peor métrica MCEN y está solamente 0.015 arriba del óptimo.

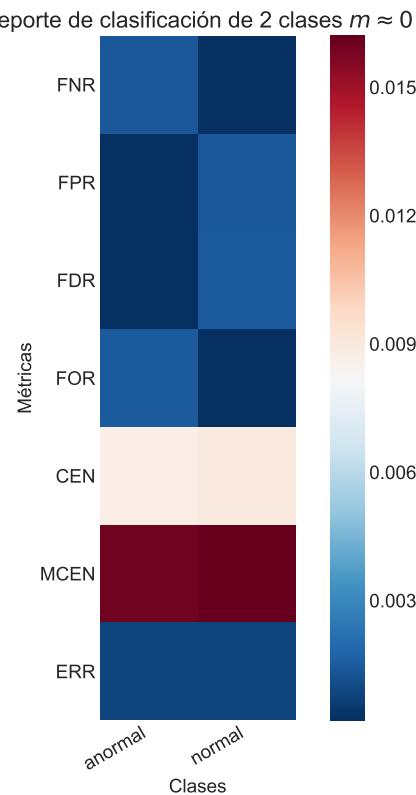


Figura 3.30: Reporte de clasificación binario para métricas que deben tender a 0

3.8. AJUSTAR MODELO

Las métricas que deben de tender a 1 se muestran en la [Figura 3.31](#). La variación entre el máximo y el mínimo es de 0.006. Se observa un excelente rendimiento en estas métricas, todas arriba de 0.997.

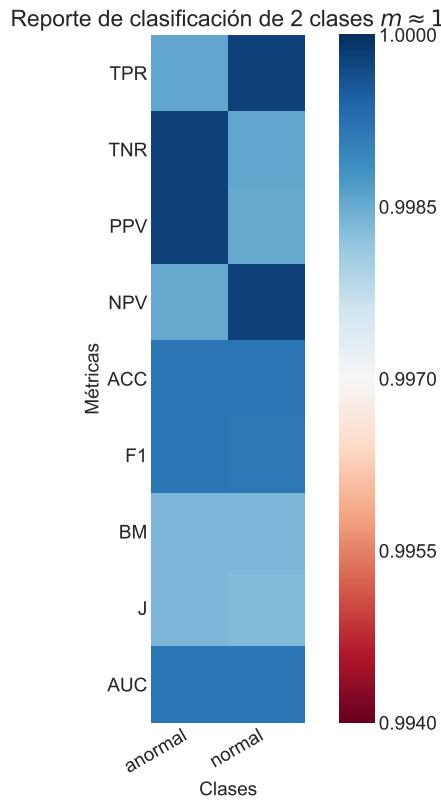


Figura 3.31: Reporte de clasificación binario para métricas que deben tender a 1

La [Figura 3.32](#) nos muestra la curva Receiver Operating Characteristic y su métrica derivada, el área bajo su curva o AUC. Como podemos ver, la tasa de falsos positivos y falsos negativos es bastante baja, es por ello que el AUC se aproxima a uno.

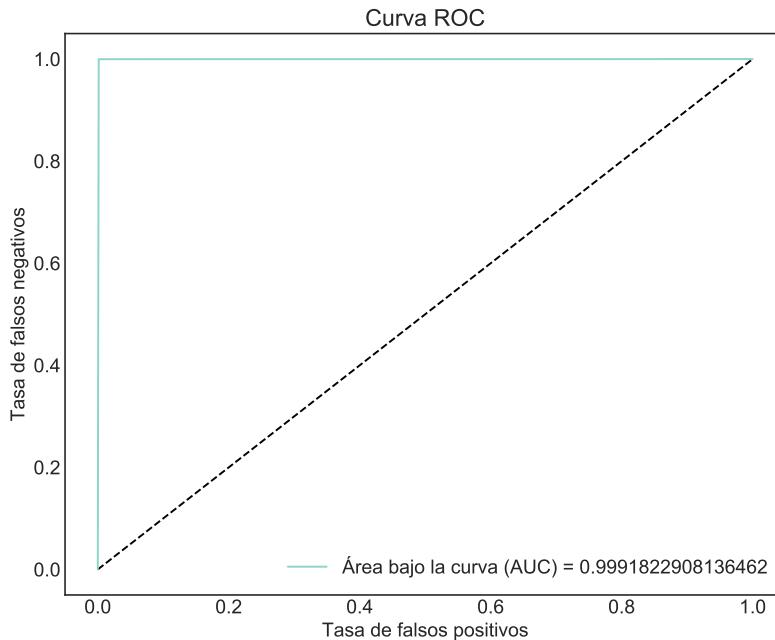


Figura 3.32: Curva Receiver Operating Characteristic (ROC) y el Área bajo la curva (AUC)

Se muestra en la [Tabla 3.13](#) el reporte de métricas especiales utilizadas para sistemas de diagnóstico. PLR tiene mejor representación en la clase anormal, probablemente debido a que contiene más variación entre sus elementos ya que en realidad son siete clases en una mientras que normal son tres en una. DOR nos muestra que la prueba es igualmente efectiva en ambas clases mientras que un DP arriba de tres se considera bueno.

Class	anormal	normal
PLR	4787.1598	700.71095
NLR	0.00143	0.00021
DOR	3354415.286	3354415.286
DP	3.59776	3.59776
IS	0.98314	1.01465

Tabla 3.13: Métricas para diagnóstico binario

De las 8 imágenes clasificadas incorrectamente, se tomaron cuatro muestras. Cinco para aquellas células clasificadas incorrectamente como normales y cinco para las clasificadas como anormales. Podemos ver en la [Figura 3.33](#), que probablemente lo que incide en la mala clasificación es la calidad de la imagen. Las células incorrectamente clasificadas como normales son aquellas que tienen muestran una morfología nuclear uniforme y pareja, en contraste con otras células cancerígenas. Las células normales clasificadas como anormales, pertenecen todas a la clase *normal_columnar*, ya que son las que tienen un núcleo más grande y este, como se estipuló en los supuestos, es lo que determina la clase de una célula.

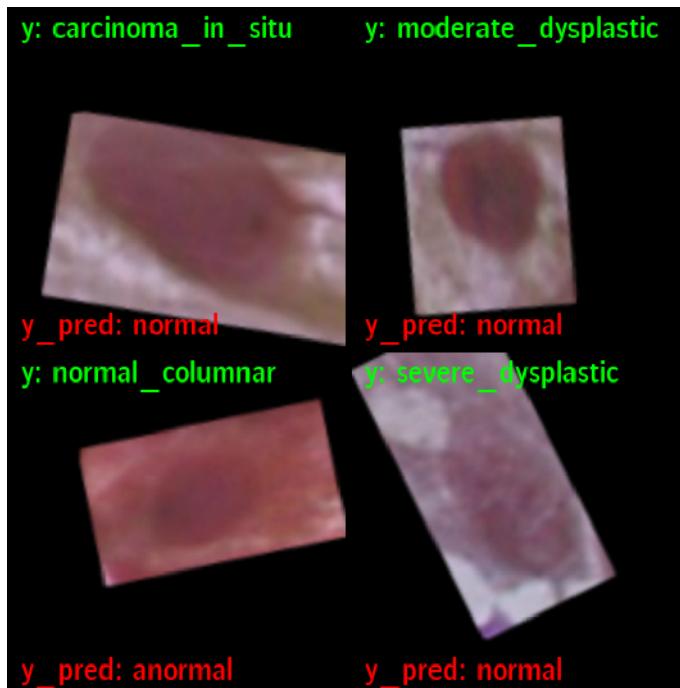
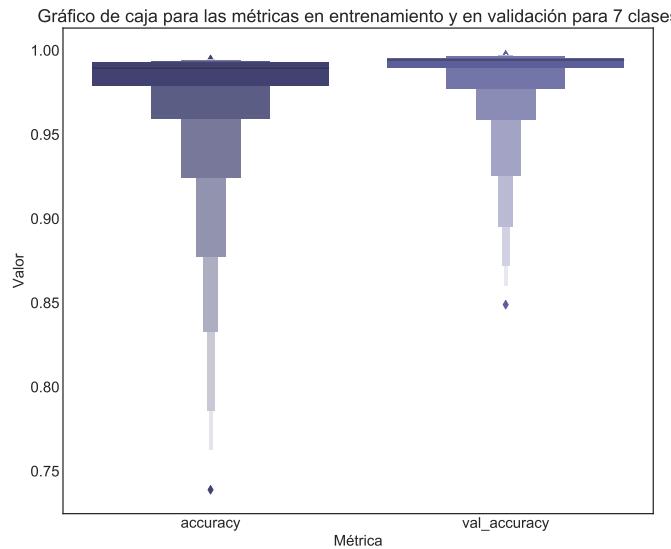


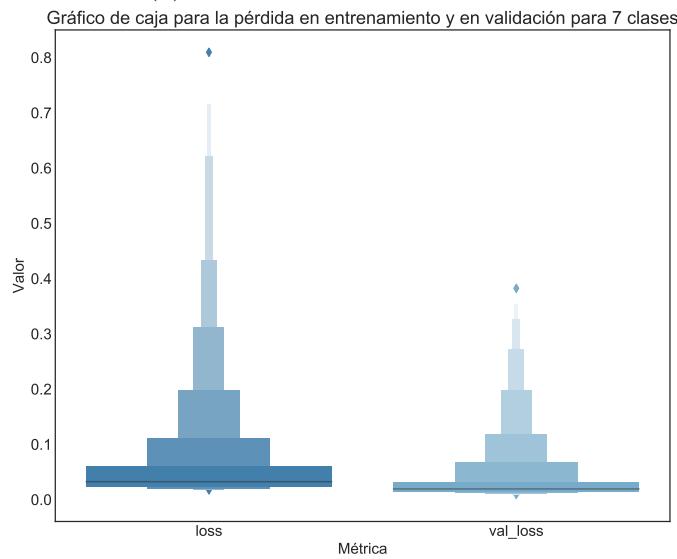
Figura 3.33: Muestreo de pruebas mal clasificadas binarias

3.8.4.2. Clasificación multi-clase

La Figura 3.34 muestra que en el experimento multi-clase, las métricas de evaluación y entrenamiento varían más que en el experimento anterior, como se puede observar en la amplitud de la gráfica de caja. Probablemente se deba a que es un problema más complejo y con más clases. También puede incidir en esto la decisión de hiperparámetros.



(a) Gráfico de caja de métricas



(b) Gráfico de caja de pérdida

Figura 3.34: Gráficos de caja multi-clase

Es en la comparativa de la variabilidad entre ambas métricas donde realmente nos damos cuenta que ([Figura 3.35](#)) el modelo tiene más problemas que el anterior en generalizar. La reducción entre la diferencia entre validación y entrenamiento es mucho menor en cada época, decreciendo lenta pero segura para converger a un mínimo.

3.8. AJUSTAR MODELO

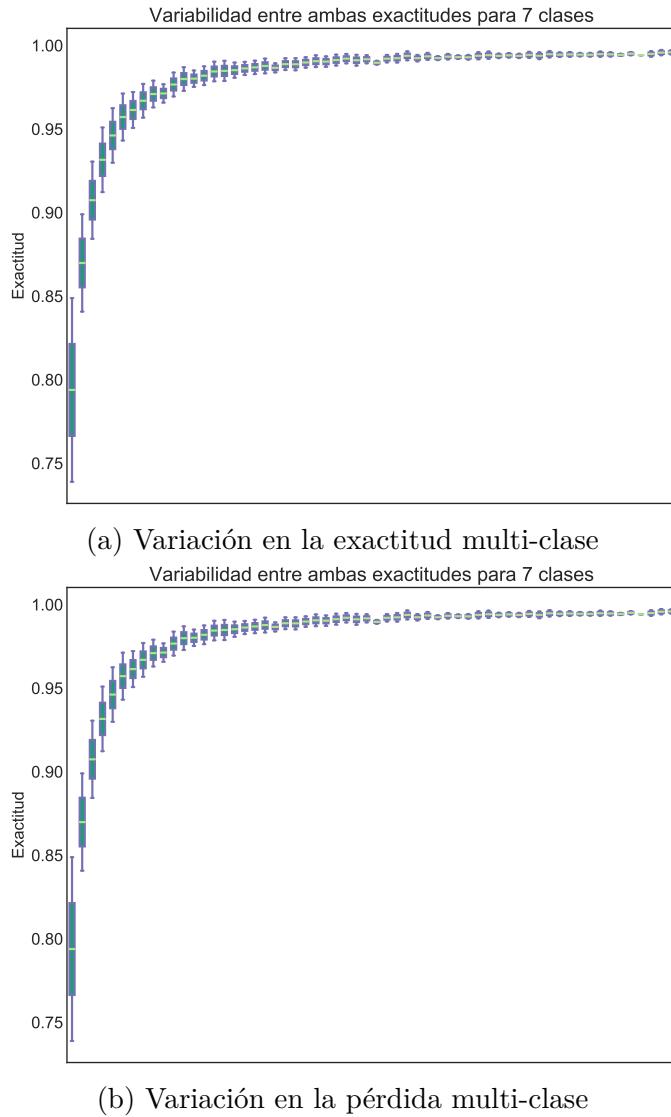


Figura 3.35: Gráfica de caja de la variación multi-clase

En la [Tabla 3.14](#) vemos que el total de elementos utilizados para la evaluación fue de 9700. Las células normales tienen a ser mejor clasificadas que las anormales, esto se puede deber al desbalance que existe en la base de datos. De las células normales la clase *normal_columnar* es la que más errores presenta, lo cual concuerda con los resultados de la clasificación binaria debido a su morfología.

Class	carcinoma_in_situ	light_dysplastic	moderate_dysplastic	normal_columnar	normal_intermediate	normal_superficial	severe_dysplastic
TP	1115	1247	1039	1965	1392	1503	1412
TN	8566	8451	8649	7731	8308	8197	8271
FP	14	2	4	2	0	0	5
FN	5	0	8	2	0	0	12
P	1120	1247	1047	1967	1392	1503	1424
N	8580	8453	8653	7733	8308	8197	8276
POP	9700	9700	9700	9700	9700	9700	9700

Tabla 3.14: Reporte de clasificación multi-clase

Las matriz de confusión normalizada nos muestra una muy buena información sobre el buen rendimiento del modelo. Esto lo podemos notar en la [Figura 3.36](#). Observamos la diagonal muy bien marcada sin rastros de azul en otras partes de la gráfica.

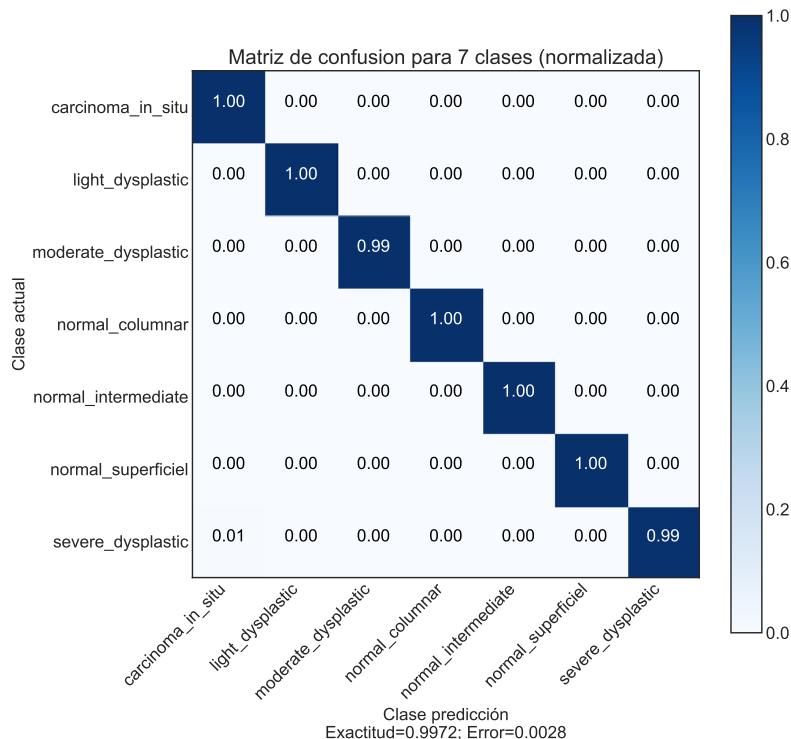


Figura 3.36: Matriz de confusión normalizada multi-clase

La matriz de confusión sin normalizar ([Figura 3.37](#)) nos muestra con mayor claridad los errores de clasificación. La diferencia en tonalidad de azul en la diagonal de la matriz se debe a que cada clase tiene diferente número de elementos. El modelo tiende a confundir más las clases *carcinoma_in_situ* y *severe_dysplastic*, puesto que una es una etapa previa a la otra, no es tanto problema durante el diagnóstico médico.

3.8. AJUSTAR MODELO

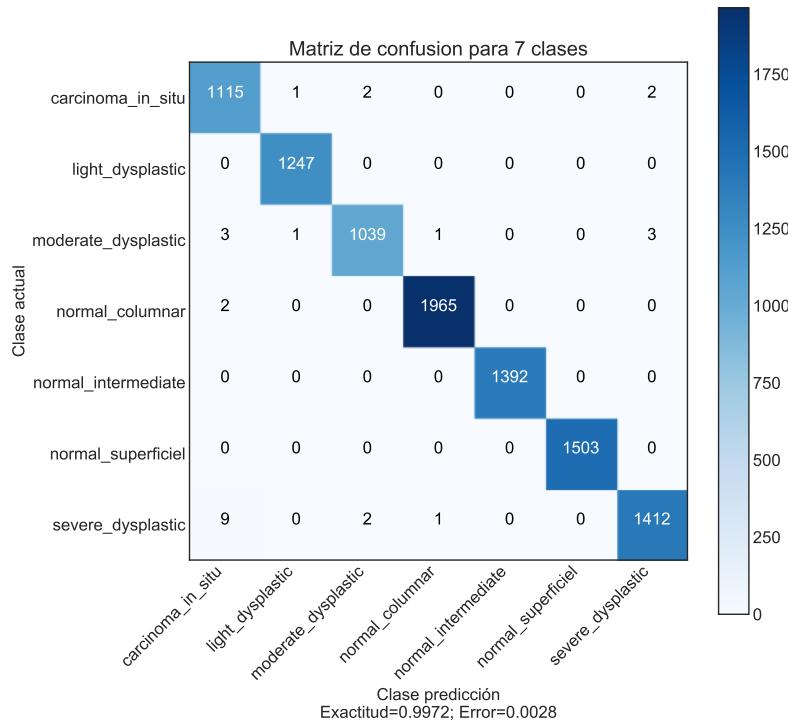


Figura 3.37: Matriz de confusión sin normalizar con 7 clases

La Tabla 3.15 resume todas las métricas utilizadas para la evaluación posterior del modelo. Son las clases *normal_intermediate* y *normal_superficiel* las mejor clasificadas, teniendo un rendimiento perfecto, esto es obvio debido a sus características morfológicas con su núcleo pequeño y bien diferenciado.

Class	carcinaoma_in_situ	light_dysplastic	moderate_dysplastic	normal_columnar	normal_intermediate	normal_superficiel	severe_dysplastic
TPR	0.99554	1	0.99236	0.99898	1	1	0.99157
TNR	0.99837	0.99976	0.99954	0.99974	1	1	0.9994
PPV	0.9876	0.9984	0.99616	0.99898	1	1	0.99647
NPV	0.99942	1	0.99908	0.99974	1	1	0.99855
FNR	0.00446	0	0.00764	0.00102	0	0	0.00843
FPR	0.00163	0.00024	0.00046	0.00026	0	0	0.0006
FDR	0.0124	0.0016	0.00384	0.00102	0	0	0.00353
FOR	0.00058	0	0.00092	0.00026	0	0	0.00145
ACC	0.99804	0.99979	0.99876	0.99959	1	1	0.99825
F1	0.99155	0.9992	0.99426	0.99898	1	1	0.99402
BM	0.9939	0.99976	0.9919	0.99872	1	1	0.99097
PRE	0.11546	0.12856	0.10794	0.20278	0.14351	0.15495	0.1468
J	0.98325	0.9984	0.98858	0.99797	1	1	0.9881
CEN	0.02137	0.00252	0.01586	0.00325	0	0	0.01549
MCE	0.03776	0.00459	0.02838	0.00592	0	0	0.0275
AUC	0.99695	0.99988	0.99595	0.99936	1	1	0.99548

Tabla 3.15: Métricas de clasificación multiclas

La Figura 3.38 y Figura 3.39 nos muestran, en un mapa de calor las técnicas cuyo valor óptimo debe tender a 0 y a 1 respectivamente. Las métricas CEN, MCE

son las que peor evalúan al algoritmo, sin embargo, la divergencia del óptimo es muy poca. Siendo la clase *severe_dysplastic* la que peor rendimiento tiene, siendo confundida por cáncer habitualmente.

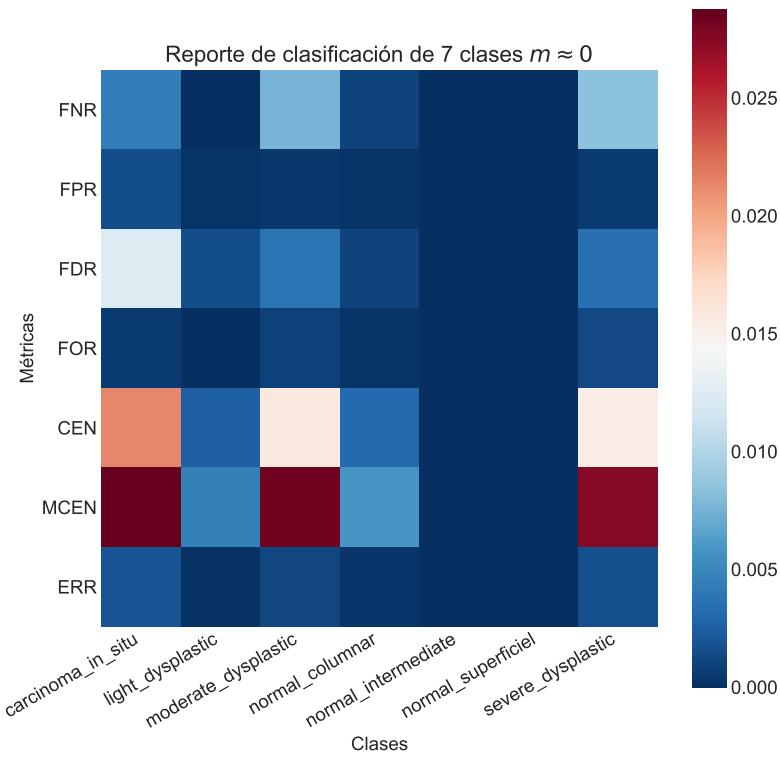


Figura 3.38: Reporte de clasificación multi-clase para métricas que deben tender a 0

3.8. AJUSTAR MODELO

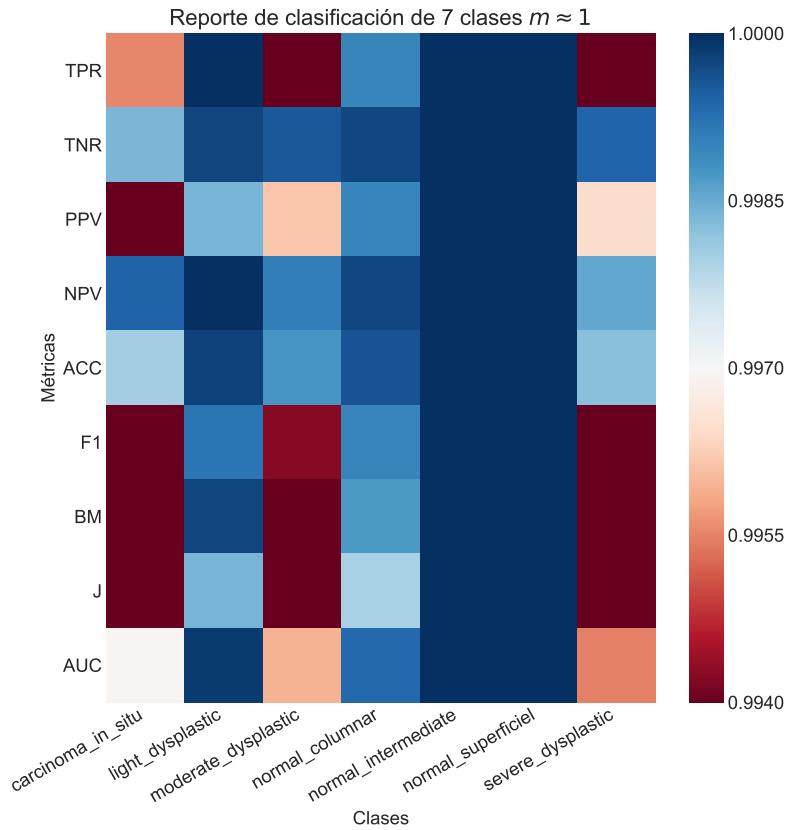


Figura 3.39: Reporte de clasificación multi-clase para métricas que deben tender a 1

La curva ROC y AUC generalmente se utilizan para problemas de clasificación binarios, se pudo adaptar al problema multi-clase realizando una cruzada todos contra todos de los valores de validación podemos generar las métricas y grafica multi-clase. El macro-promedio computa la métrica independiente para cada clase y luego toma el promedio; mientras que el micro-promedio agrega las contribuciones de todas las clases y computa el promedio, este ultimo es significativo para pruebas multi-clase debido a que toma en cuenta la falta de balance entre las clases ([Figura 3.40](#)).

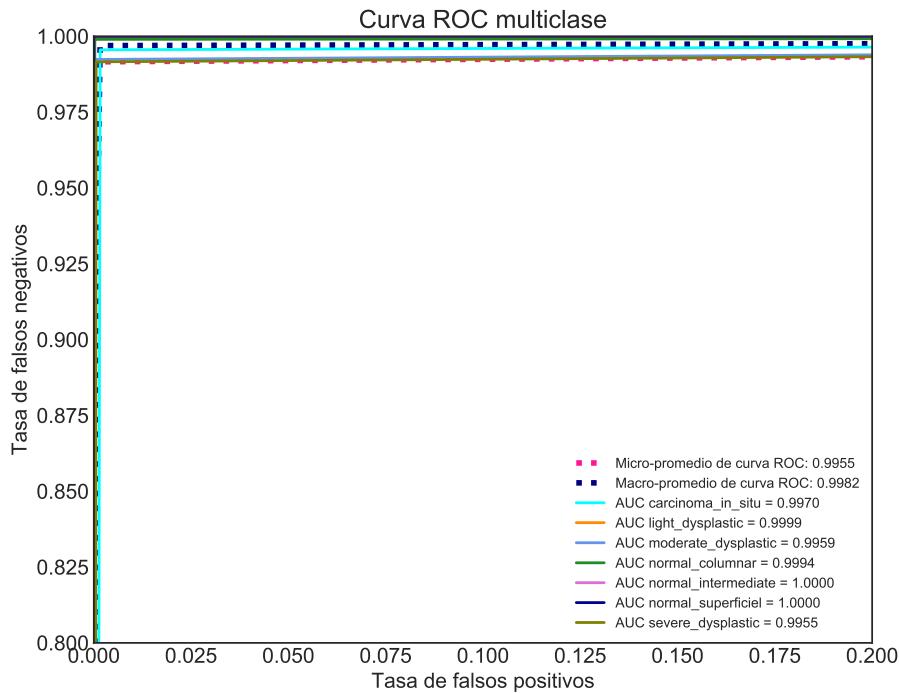


Figura 3.40: ROC y AUC multi-clase

En la tabla de métricas de diagnóstico ([Tabla 3.16](#)), llama la atención el valor de *None* en las clases *normal_intermediate* y *normal_superficial*, esto se debe a que tienen cero clasificaciones erróneas y las fórmulas deben de haber encontrado una división por 0.

Class	carcinaoma_in_situ	light_dysplastic	moderate_dysplastic	normal_columnar	normal_intermediate	normal_superficial	severe_dysplastic
PLR	610.12117	4226.5	2146.72087	3862.56863	None	None	1641.25169
NLR	0.00447	0	0.00764	0.00102	0	0	0.00843
GOR	136444.1429	None	280822.2188	3797853.75	None	None	194644.2
DP	2.83105	None	3.00388	3.62749	None	None	2.91611
IS	3.09648	2.95721	3.20618	2.30052	2.80083	2.69014	2.76294

Tabla 3.16: Métricas de diagnóstico de 7 clases

De todas las imágenes mal clasificadas del problema de siete clases, tomamos unas muestras de cada una para poder visualizar lo errado de la clasificación e intentar distinguir para posteriores experimentos. Se muestrearon solo cuatro clases ya que son las únicas que tienen malas clasificaciones. Podemos ver en la [Figura 3.41](#) que las características morfológicas de las células mal clasificadas son bastante similares, lo cual hace obvia la razón por la cual fueron mal clasificadas. Ninguna célula anormal fue clasificada como normal pero si una célula normal fue clasificada como anormal.

3.8. AJUSTAR MODELO

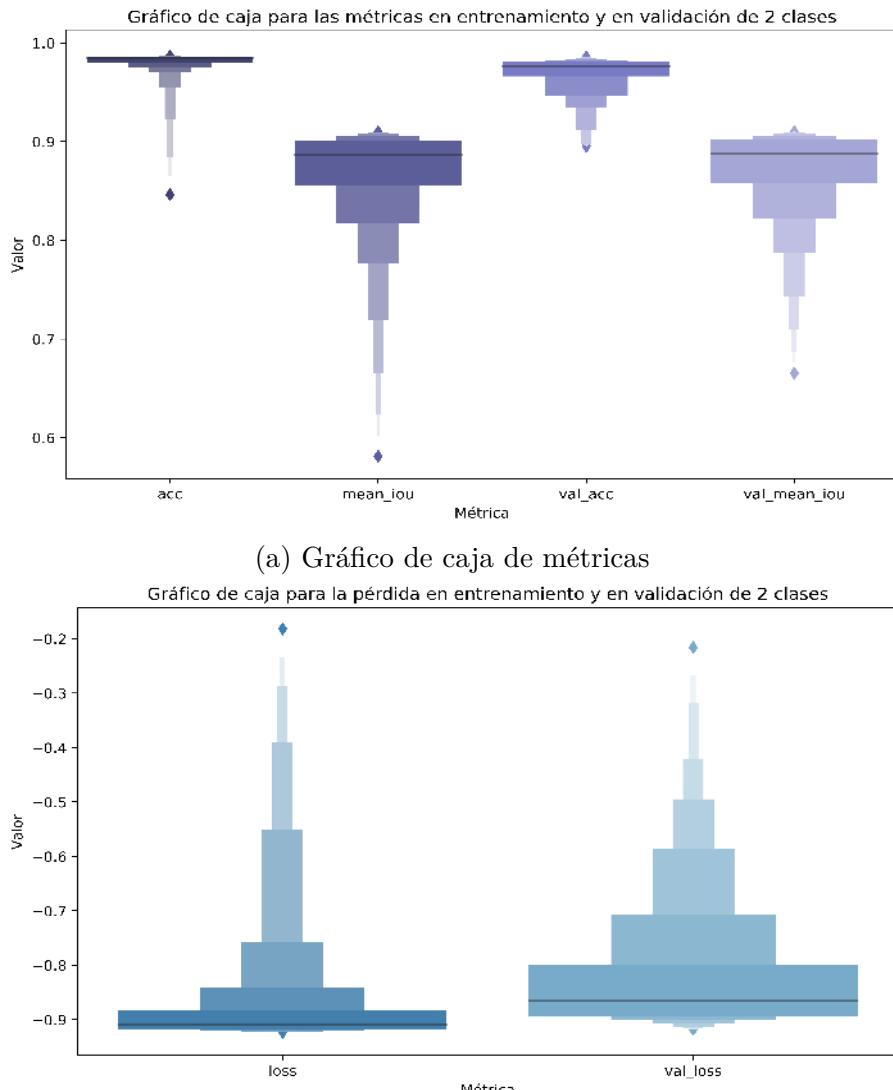


Figura 3.41: Muestreo de pruebas mal clasificadas para 7 clases

3.8.4.3. Segmentación semántica

Como vimos anteriormente, la diferencia entre las métricas y la pérdida en las fases de validación y entrenamiento es una medida para saber que tan bueno es el modelo para generalizar.

La [Figura 3.42](#) nos muestra el gráfico de caja para las métricas y la pérdida, respectivamente. Podemos ver que la exactitud casi no varía, pero la métrica que nos importa IOU tiene como mínimo casi 50 % en entrenamiento. Ambas pérdidas se comportan de manera muy similar, otra vez, demostrando el buen entrenamiento del modelo.



(b) Gráfico de caja de pérdida

Figura 3.42: Gráficos de caja

En la [Figura 3.43](#) observamos que la variabilidad es bastante baja comparando validación y entrenamiento, podemos inferir que el modelo generaliza correctamente. Los picos en variación corresponden a los picos observados en la fase de entrenamiento. La métrica IOU varía más puesto que es un análisis de todos los pixeles en una imagen.

3.8. AJUSTAR MODELO

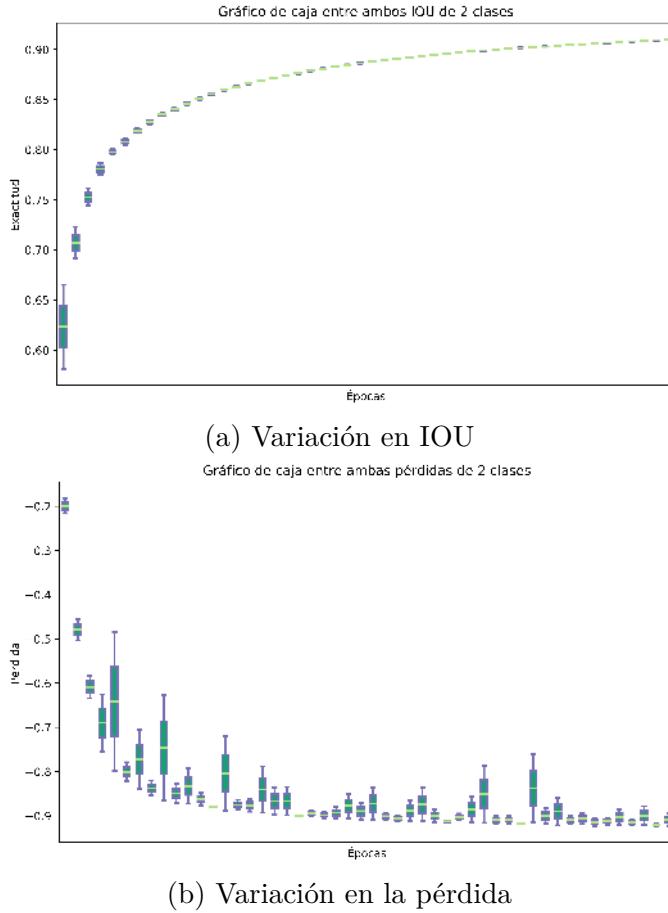


Figura 3.43: Gráfica de caja de la variación en segmentación

El modelo se comporta mejor conforme pasan las épocas y es posible mejorar el rendimiento del mismo incrementando los hiper-parámetros que controlan el entrenamiento. No fue posible incrementar a 64 el tamaño del lote debido a problemas con la memoria derivados de la naturaleza de la arquitectura. Es probable que se requiera reentrenar el modelo para poder lidiar con imágenes con mucho más ruido que las utilizadas, esto depende de la correcta anotación de la base de datos de laminilla, lo cual se pretende hacer mediante algoritmos tradicionales de Procesamiento Digital de Imágenes en un futuro.

Después de la validación hemos tomado $n = 10$ muestras para mostrar gráficamente la clasificación de los pixeles y estimar visualmente el rendimiento del experimento. La Figura 3.44 nos muestra claramente que el algoritmo es capaz de distinguir correctamente entre el núcleo, el citoplasma y el fondo de la imagen. Se puede observar que el mayor problema del algoritmo es la tasa de falsos positivos, mientras que los falsos negativos son relativamente escasos. Se puede asegurar que el algoritmo clasifica pixeles entre núcleo y resto de manera muy eficaz.

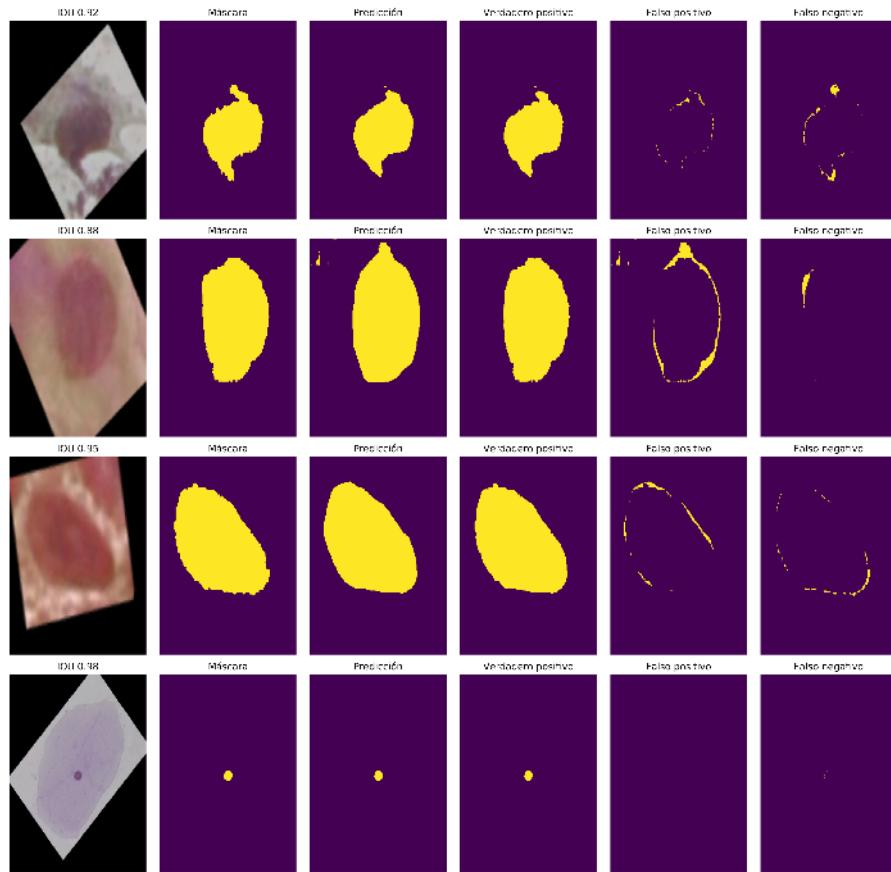


Figura 3.44: Muestreo de máscaras de validación

Estas pruebas fueron realizadas en un conjunto de datos externo que contiene imágenes que campo amplio de una laminilla de Papanicolaou. Para poder observar el rendimiento de la segmentación en una aplicación similar a la real ([Figura 3.45](#)). Si bien el rendimiento no es perfecto, debido a la revisión que hace la red por cada pixel de la imagen, se nota que detecta relativamente bien el núcleo dentro de la imagen; tomando en cuenta que estas imágenes si tienen múltiples células y que la red fue entrenada con imágenes que contienen solo una.

3.8. AJUSTAR MODELO

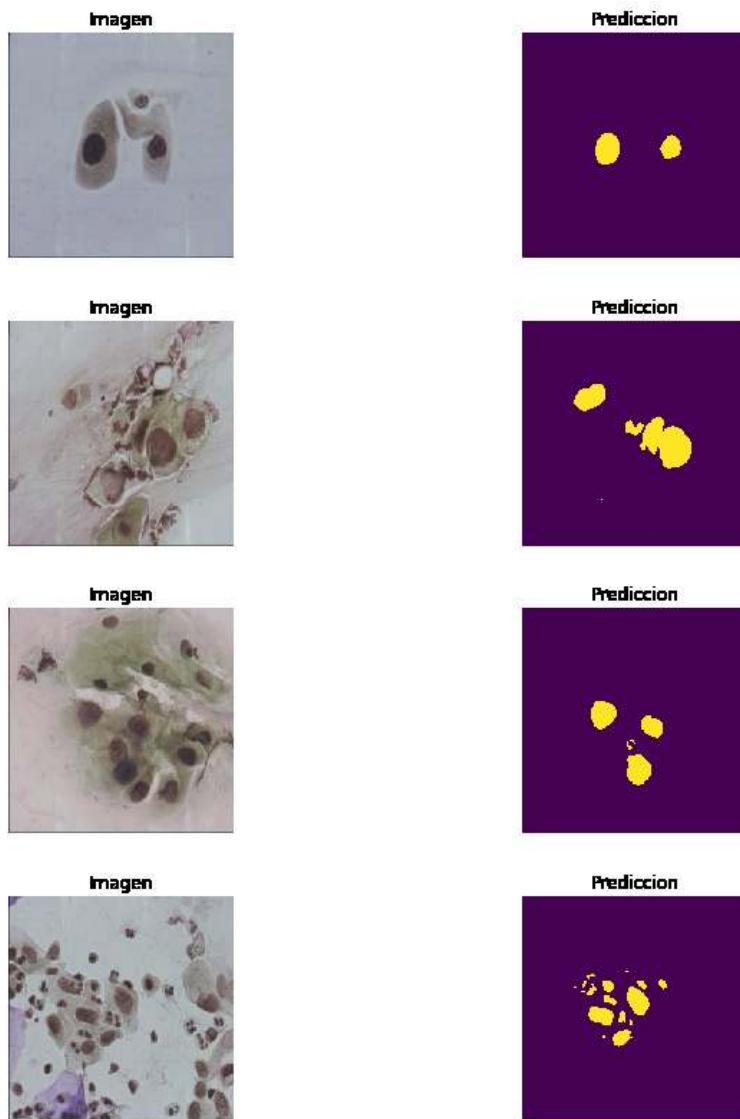


Figura 3.45: Pruebas en imagen de laminilla

3.8.5. Análisis del modelo y comprobación de supuestos

Esta etapa no está estipulada dentro de la metodología básica para [ML](#), sin embargo, los modelos de [DL](#) como las [ConvNets](#) carecen de interpretabilidad. Esta capacidad está presente en algoritmos como los árboles de decisión donde rastrear la serie de decisiones que tomó el algoritmo para la clasificación final es tan fácil como seguir las ramas de vuelta.

Tenemos que analizar como el [TL](#) actúa en las capas de la arquitectura para detectar patrones y conectar esto a lo que ven las capas subsecuentes y finales que son las que se entrenaron. Vislumbrar que ve cada filtro de cada capa nos permitirá saber que patrones está captando la red para hacer su clasificación y por consiguiente el diagnóstico.

Los supuestos para llevar a cabo los experimentos de clasificación de imágenes fueron los siguientes:

- El núcleo celular contiene suficiente información para diferenciar entre los tipos de célula citológica cervical.
- Las técnicas de aumento de datos no inciden en la decisión del algoritmo.
- La red neuronal es capaz de diferenciar correctamente en un espacio multidimensional entre los tipos de célula.

El primer supuesto guio el desarrollo de los algoritmos de aumentación de datos y la premisa que sustenta la investigación.

El segundo tiene que ver específicamente con las características de la imagen aumentada; se requiere saber si los pixeles extras añadidos a la imagen en el proceso de rotación afecta la inferencia del algoritmo.

El tercero relaciona el espacio multidimensional generado por el algoritmo con la relación bidimensional de cada ejemplo en comparación a los demás.

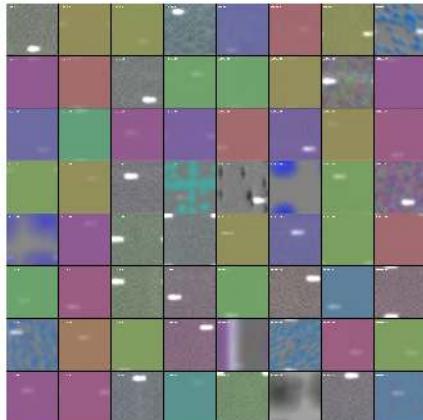
Para probar los supuestos, se utilizaron técnicas novedosas de análisis, optimizaciones específicas de gradiente para cada capa, métodos de visualización híbridos de visión por computadora y algoritmos de reducción de la dimensionalidad.

3.8.5.1. Análisis de las capas del modelo

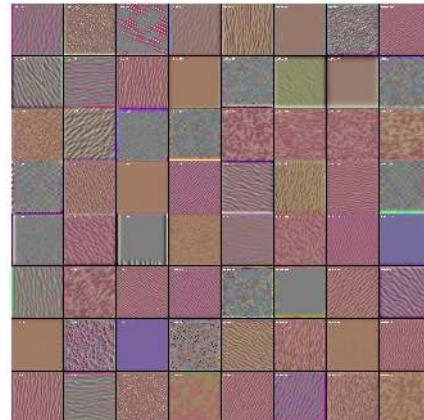
La justificación por la cual no se realizaron experimentos para encontrar una arquitectura particular para el problema es el [TL](#). Esta forma de construir nuevos modelos de manera incremental basándose en conocimiento anterior es el motor que guía no solo el aprendizaje humano sino toda la ciencia.

Para entender como ayuda el [TL](#), en particular la arquitectura VGG19 entrenada en *Imagenet* al problema expuesto en esta tesis. Mostramos una selección aleatoria, de cierto número de capas, de los filtros que se aplican a la imagen al transitar por las capas de la red.

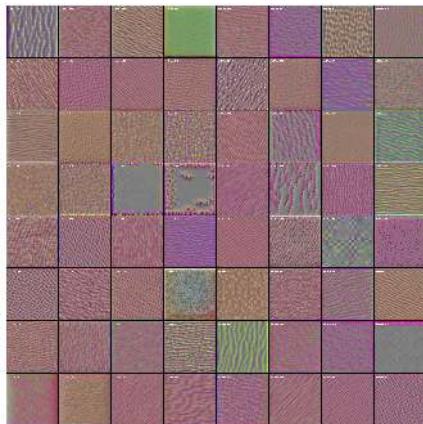
La [Figura 3.46](#) muestra los filtros de algunas capas de la primera a las capas superiores. Los filtros de las capas inferiores tienden a buscar patrones sencillos como colores y su relación con la región de la imagen. Subsecuentemente, vemos que la capas *block2_conv2* y *block3_conv1* detectan patrones más complejos y granulados que detectan patrones como líneas verticales o bordes. Es en la capa *block4_conv4* que podemos ver patrones sumamente complejos y difíciles de interpretar.



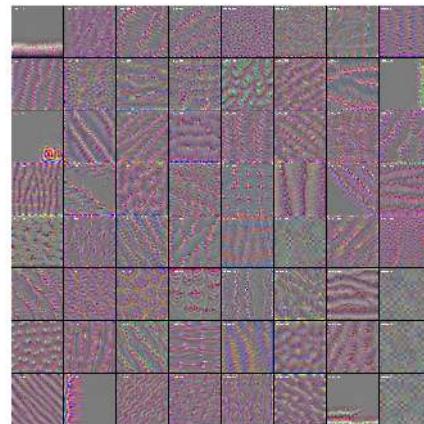
(a) Filtros block1_conv1



(b) Filtros block2_conv2



(c) Filtros block3_conv1



(d) Filtros block4_conv4

Figura 3.46: Visualización de filtros convolucionales

Finalmente, se muestran ([Figura 3.47](#)) los filtros de la última capa *block5_conv4*, tales filtros muestran una complejidad bastante alta, con tintes psicodélicos, que muestran las abstracciones que hace la red para poder interpretar el contenido de una imagen.

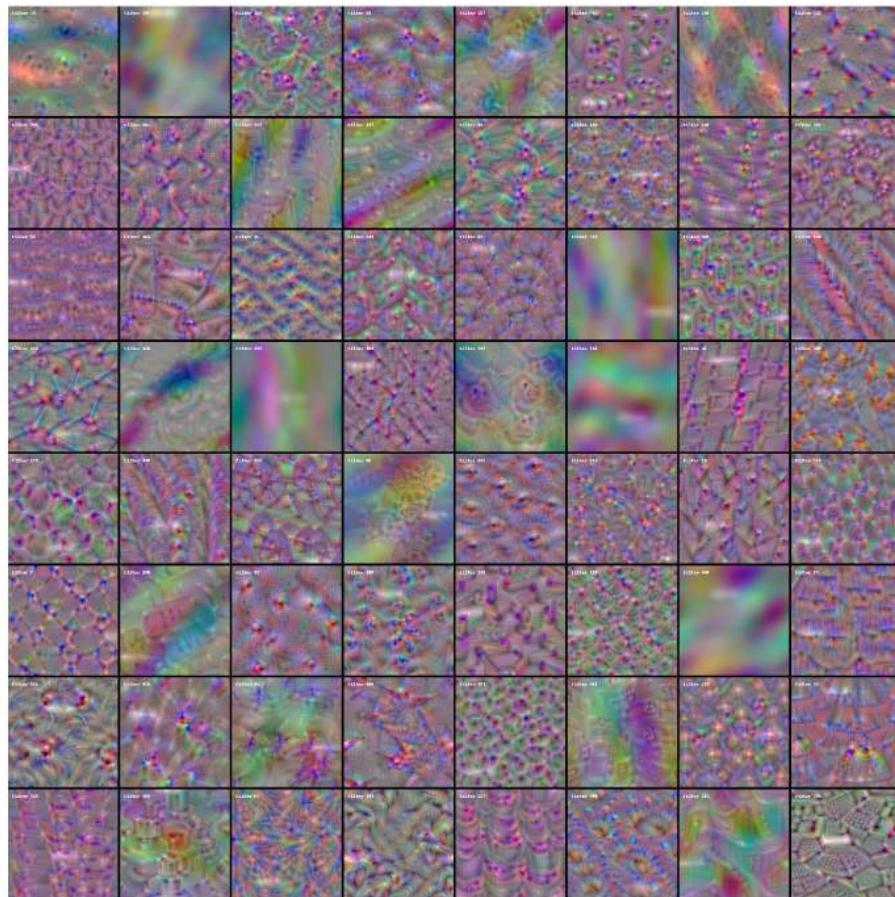
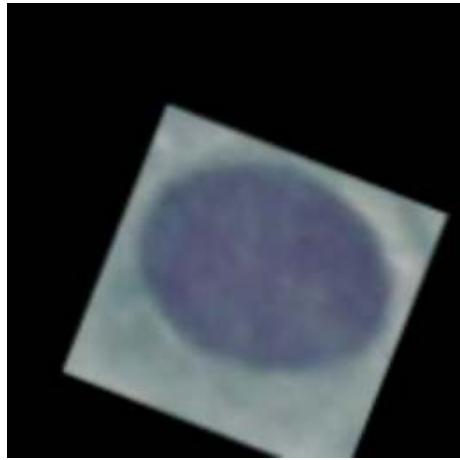
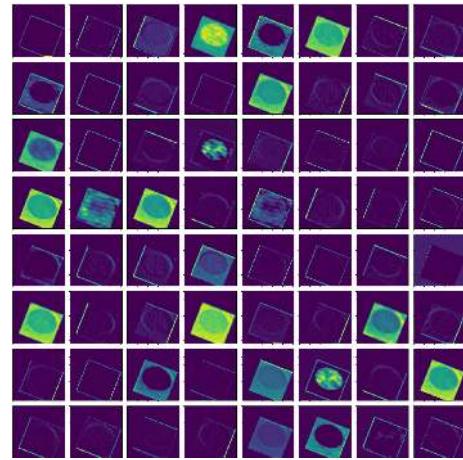


Figura 3.47: Filtros de la última capa: block5_conv4

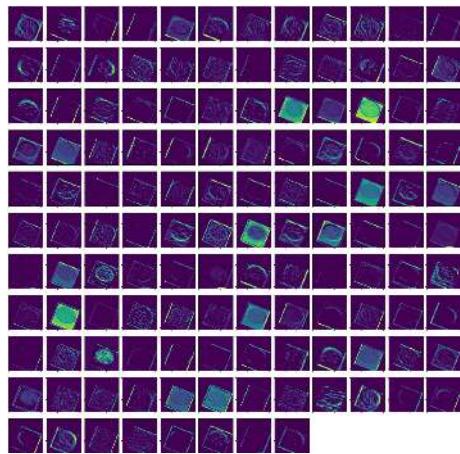
En la [Figura 3.48](#) se pueden ver las activaciones de todas las capas de *Max Pooling* de todos los bloques convolucionales que componen nuestra arquitectura. Se probaron estas activaciones con una célula cancerígena aleatoria. Se repite el patrón que hemos visto desde las secciones anteriores, cada capa captura elementos cada vez más abstractos de la imagen. La capa *Block1_pool* evidencia la potencia del algoritmo, pudiendo segmentar correctamente las partes como el núcleo. Los filtros de la capa *Block5_pool* se activan en su mayoría, se concluye que el modelo no es ni tan sencillo ni tan complejo, en dado caso que hubiesen muchos filtros sin activar, el modelo sería demasiado complejo para la tarea. Quizás sea esta la razón por la cual otras arquitecturas más grandes no funcionaron para este problema.



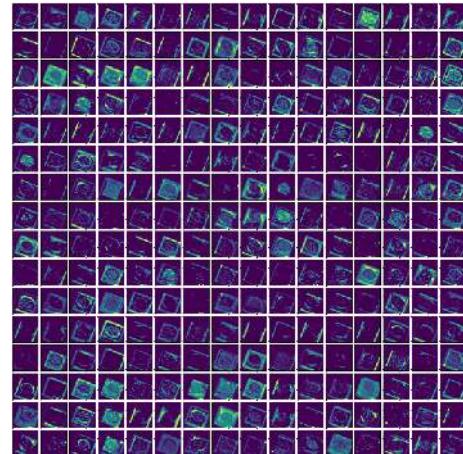
(a) Block1_pool



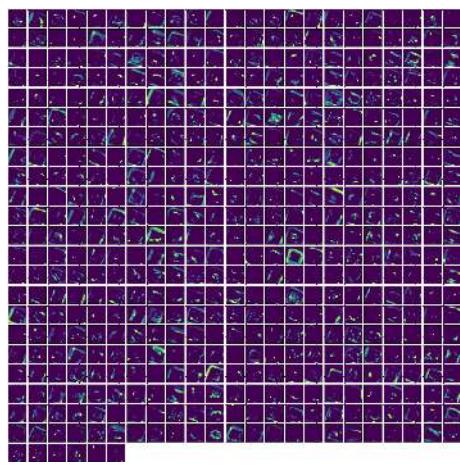
(b) Block1_pool



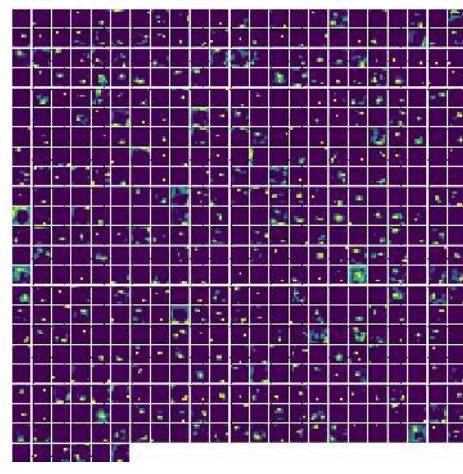
(c) Block2_pool



(d) Block3_pool



(e) Block4_pool



(f) Block5_pool

Figura 3.48: Activaciones de capas *MaxPool* intermedias con entrada de célula cancerígena

Las activaciones en la última capa, si bien son bastante abstractas, ofrecen atisbos sobre lo que está buscando la red para clasificar cada clase ([Figura 3.49](#)). En algunas

clases, sobre todo las normales, se observa un claro patrón que se puede interpretar como un núcleo. Mientras que las anormales tienen una forma más caótica, aunque se pueden distinguir ciertas estructuras circulares en ellas.

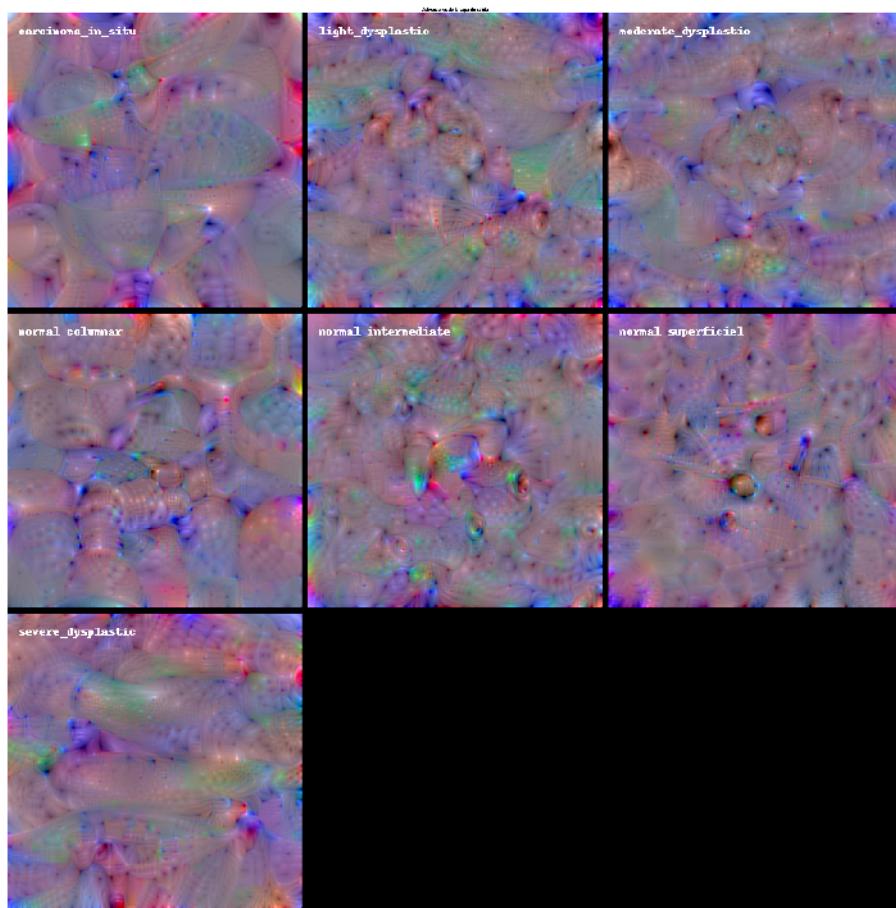


Figura 3.49: Visualizaciones de la última capa densa para 7 clases

3.8.5.2. Análisis de supuestos

Las técnicas de visualización nos permiten ver y analizar lo que aprende una ConvNet, modelos que generalmente se han tomado como una caja negra debido a su complejidad.

Estos algoritmos buscan encontrar, dada cierta entrada y una posterior optimización por gradiente, qué partes de la imagen fueron usadas por la red neuronal para clasificar. Lo que nos permitirá observar si efectivamente el núcleo forma parte de la clasificación y si el aumento de datos incide en la misma.

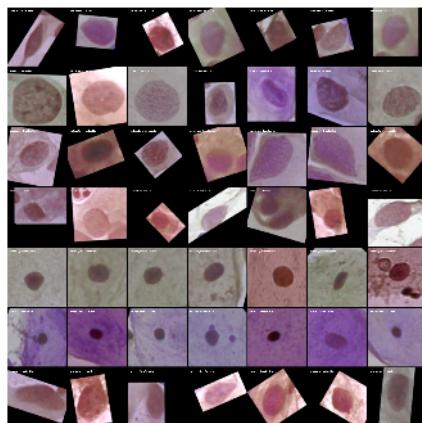
El método es estocástico e iterativo, cierta variación y discrepancia es de esperarse. También se cuenta con tres variantes de cada método que por sí solas no ofrecen la claridad buscada, en consecuencia se aplicarán todas en la comparativa. Estos mapas nos permiten determinar el grado de importancia en la decisión de cada pixel que compone la imagen.

Se tomaron aleatoriamente siete muestras de las siete clases para las comparativas.

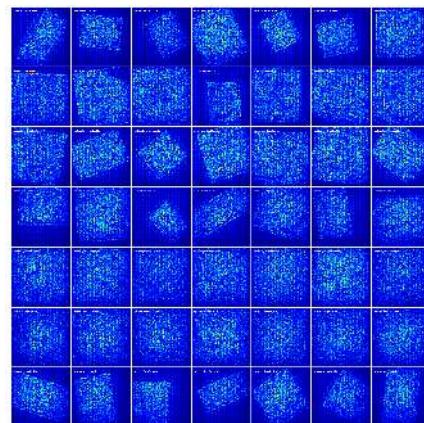
La Figura 3.50 se compone de las imágenes muestra y los mapas respectivos. ReLU nos permite ver que las decisiones fueron tomadas en base al contenido de la imagen y

3.8. AJUSTAR MODELO

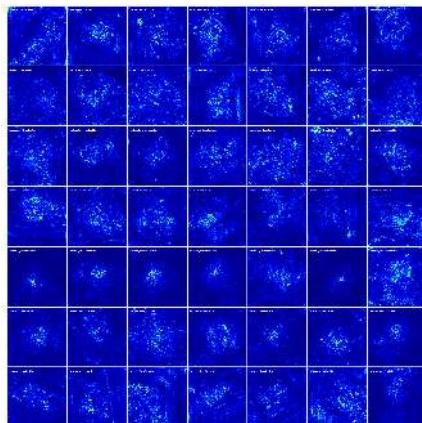
los pixeles negros añadidos durante el proceso de aumento de datos no influyeron en la decisión. El método normal nos muestra que los pixeles usados para la decisión fueron aquellos pertenecientes al núcleo celular. Finalizando con el método guiado que confirma que el núcleo fue el factor de decisión; aunque el método induce cierto ruido que se manifiesta en los bordes, los otros no tienen este comportamiento.



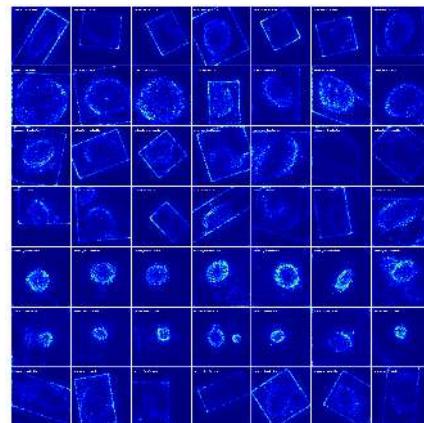
(a) Muestras



(b) Prominencia ReLU



(c) Prominencia normal



(d) Prominencia guided

Figura 3.50: Visualización de mapas de prominencia y comparativa

El método *Gradient-weighted Class Activation Mapping* genera una máscara que es superpuesta en la imagen de activación para ver que parte de la imagen contribuyó más a la activación. La [Figura 3.51](#) nos muestra estos gradientes de activación para las muestras. Podemos ver que, satisfactoriamente, la parte con mayor peso en la activación se concentra en el núcleo. Debido a la naturaleza del modelo y su inicialización aleatoria y de optimización, estas activaciones no siempre se interceptan el núcleo exacto, pero sin duda alguna este fue el que culminó la toma de decisión de la capa.

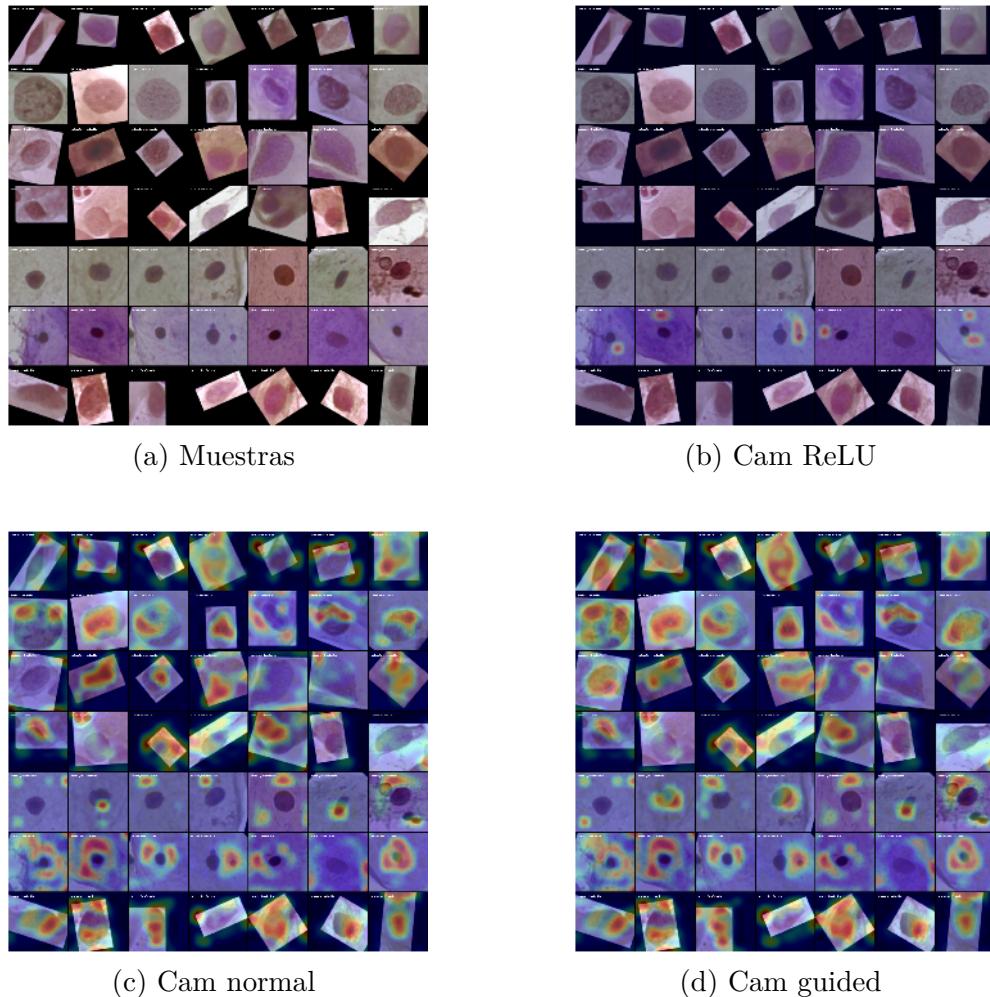


Figura 3.51: Grad-CAM: Gradient-weighted Class Activation Mapping y muestras de comparativa

Las pruebas de oclusión, como otras técnicas de visualización, nos permiten ver que pixeles de una imagen se activan más al momento de evaluar tal imagen para su clasificación. La diferencia radica en que, en oclusión, se crea un obstáculo de $m \times n$ y se mueve secuencialmente a través de la imagen para determinar tanto los pixeles de activación como la robustez del algoritmo a la oclusión, es decir, que el objeto a buscar se encuentre oculto tras otro.

La Figura 3.52 son los resultados de la prueba, para la cual se tomaron aleatoriamente una imagen de cada clase. Podemos observar que efectivamente el algoritmo se enfoca en el núcleo y los resultados de consecutivas iteraciones del proceso de oclusión arrojan que también es robusto antes esta prueba de estrés.

3.8. AJUSTAR MODELO

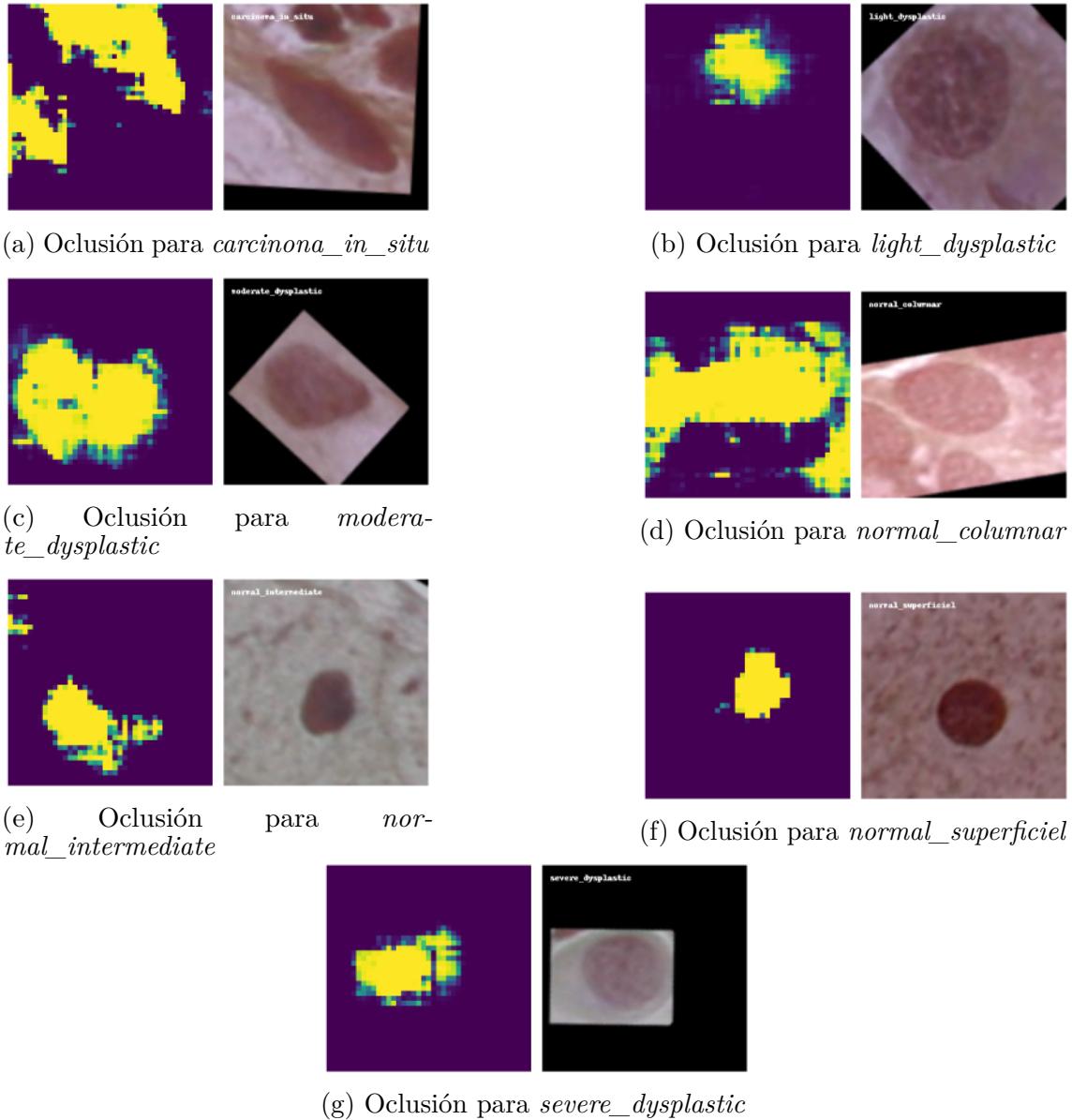


Figura 3.52: Prueba de oclusión para todas las clases

Para comprobar el último supuesto, necesitaremos aplicar técnicas de reducción de dimensionalidad. De todas las técnicas de reducción de dimensionalidad en la actualidad, [t-SNE](#) es el que ha dado mejores resultados a la hora de visualizar datos multidimensionales extraídos de las capas de una red neuronal. Este algoritmo está implementado en **Python**

Los hiper-parámetros utilizados para correr el algoritmo se muestra a continuación en la [Figura 3.53](#). Se hicieron pruebas manuales para encontrar el mejor nivel de *perplexity*. La implementación del algoritmo en **Python** es paralelizada, por lo que se pudieron usar todos los núcleos disponibles del sistema.

$$\begin{aligned} \text{PERPLEXITY} &= 2000 \\ \text{N_JOBS} &= 16 \end{aligned}$$

Figura 3.53: Hiperparámetros para *t-SNE*

Se tomaron los datos de validación usados para la mejor iteración de la validación cruzada y se alimentaron al algoritmo t-SNE ([Figura 3.54](#)). Podemos ver que todas las clases están correctamente separadas en racimos. La diferencia de forma entre los racimos nos da evidencia de la complejidad de la imagen con relación a la clase que representa.

- *normal_superficial*: Se encuentra bien diferenciada, con algunos valores que se varían más que el resto.
- *normal_intermediate*: Igual que la anterior, un racimo bien diferenciado con pocos valores variantes.
- *normal_columnar*: Podemos ver que existen dos subclases dentro de esta clase y que se diferencian por ciertas características morfológicas, observamos también como algunas células *severe_dysplastic* y *carcinoma_in_situ* se catalogan erróneamente en esta clase.
- *light_dysplastic*: Estas células están agrupadas en forma de media luna lo cual muestra que son más complejas de agrupar.
- *moderate_dysplastic*: Encontramos en este racimo algunas células mal clasificadas.
- *severe_dysplastic*: Varias células de *carcinoma_in_situ* son mal clasificadas dentro de esta clase, lo cual nos muestra una progresión directa entre una clase a otra.
- *carcinoma_in_situ*: Se encuentran bien diferenciadas y no se confunden con ninguna normal.

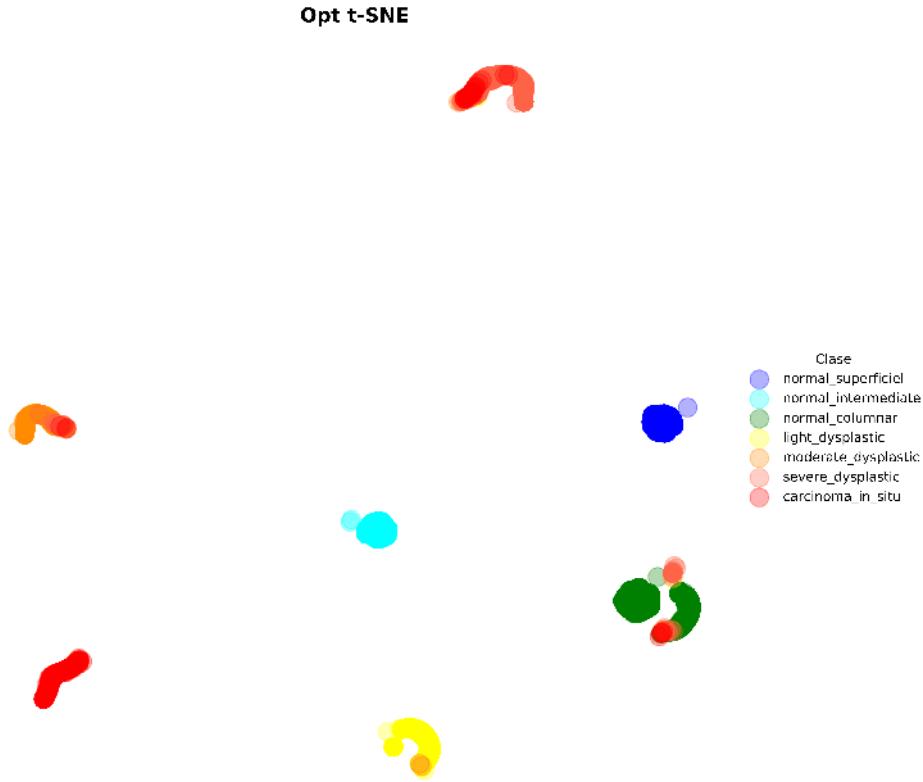


Figura 3.54: Reducción de dimensionalidad con t-sne

Podemos ver que el algoritmo puede clasificar correctamente y los resultados de la reducción de la dimensionalidad son consistentes con las métricas de evaluación para un modelo de clasificación. Habiendo tintes células anormales en la clase *normal_columnar* mientras que las otras dos clases normales están correctamente separadas del resto.

3.8.6. Modelo

El problema de clasificación de imágenes de índole citológica, en particular a las células encontradas dentro de una laminilla de examen Papanicolaou, pertenece a la categoría de problemas que pueden ser resueltos mediante Deep Learning, utilizando Redes Neuronales Convolucionadas.

Como se mostró en el Estado del Arte, a la fecha existen varios intentos de clasificación de células para prueba de Papanicolaou. La Tabla 3.17 muestra el rendimiento de clasificación de distintos métodos, con sus respectivas métricas, para el problema de dos clases. También se incluyen en la comparativa los resultados de las tesis y los artículos de la BD de Herlev, que funge como benchmark.

Solamente el penúltimo, *DeepPap*, utiliza DL, los otros son métodos tradicionales que conjugan Extracción de Características y otros algoritmos de Machine Learning. La comparativa demuestra la superioridad del método de solución que se propone en la tesis, teniendo mejor rendimiento y menor variación. El trabajo de esta tesis se validó usando validación cruzada de 10 iteraciones, lo cual hace una mejor estimación del error de generalización y provee mejor balance entre el sesgo y la varianza, en comparación a usar 5 iteraciones; por ello el benchmark usa 10.

Métodos	k-fold CV	TPR/Sens	TNR/Spec	ACC	F1	AUC
Benchmark	10	98.8 ± 1.3	79.3 ± 6.3	93.6 ± 1.9	88.0	-
PSO-lnn	5	98.4	92.2	96.7	95.2	-
GEN-lnn	5	98.5	92.1	96.8	95.2	-
ANN	-	99.9	96.5	99.3	98.2	-
K-PCA + SVM	5	-	-	-	96.9	-
Ensemble	5	99	89.7	96.5	-	-
Ens	5	-	-	-	-	0.884
dis(S+M)	5	-	-	-	-	0.964
DeepPap	5	98.2 ± 1.2	98.3 ± 0.9	98.3 ± 0.7	98.3 ± 0.3	0.998
Tesis2	10	0.99857	0.99979	99.86	0.99918	0.99918

Tabla 3.17: Comparativa para el problema binario

DeepPap también realiza pruebas para el problema de siete clases, y nos ofrece una exactitud total de 98.5 %, mientras que el método de solución para siete clases propuesto en esta tesis, alcanza 99.58 %. El error total de *DeepPap* queda en 1.6 %, mientras que la tesis tiene uno de 0.42 %, lo cual nos dice la red entrenada en los experimentos realizados en este trabajo es más de tres veces mejor que el competidor más cercano.

3.9. Implementación

Para poder utilizar un modelo, es necesario ajustarlo y construir alrededor de él la interface con la cual interactuará con el usuario final. No podemos esperar que el cito-tecnólogo tenga los conocimientos suficientes de programación para usar el modelo de manera directa.

Implementar se refiere a tomar el modelo y convertirlo en un sistema de software capaz. También se refiere a la forma en que el sistema será usado por el usuario. Se refiere a las disposiciones técnicas para hacer llegar el modelo a donde va a ser usado y se constituye de disciplinas como la ingeniería de software, redes computacionales e internet o hardware y electrónica.

Este concepto puede ir desde programar una interface sencilla basada en terminal para su utilización por usuarios con conocimientos computacionales o integrado en sistemas de software ya existentes dentro de una organización; hasta todo un sistema web capaz de ser usado mediante el escritorio o un dispositivo móvil. Otras implementaciones existen para poder usar el modelo en un *smartphone* de forma nativa o en dispositivos de hardware creados específicamente para tal fin.

Es importante mantener criterios de usabilidad bastante altos mediante el diseño de interfaces fáciles de usar. Por ejemplo en *software* que será integrado en sistemas más grandes, diseñar Application Programming Interfaces ([API](#)) adecuadas y en sistemas dirigidos a un usuario final, [GUIs](#) sencillas y que conformen buenas prácticas de User eXperience [UX](#).

En la [Figura 3.55](#) tenemos el logo creado para el software que será llamado ConvoPap: Sistema inteligente de diagnóstico cervical.



Figura 3.55: Nombre, logo y eslogan del sistema

3.9.1. Determinar plataforma final

La elección de la plataforma final rige todo el desarrollo tanto del sistema como de la siguiente fase. Para definirla, debemos de hacer un análisis minucioso de las condiciones de uso final como el lugar o las restricciones computacionales; también es importante retroalimentarse con el usuario final para hacer una lista de demandas y casos de uso y poder resolverlas todas con un solo sistema.

Existen muchos tipos de plataformas finales y dependen de como será usado el sistema.

- **Local:** Se crea un programa de software tradicional y se usa mediante el escritorio del sistema operativo popular del momento. Tiene la desventaja que no existe solo un sistema operativo y se tendrían que crear versiones específicas para cada uno, esto incluye también los cambios de versiones entre estos.
- **La nube:** Es una forma muy versátil de implementar un modelo ya que la nube permite acceso a través del escritorio mediante un explorador de internet o mediante APIs que pueden ser consumidos por dispositivos móviles, programas de software u otros sistemas externos.
- **Móvil:** Esta forma difiere de la anterior en que el procesamiento se hace dentro del móvil y no en la nube. Permite desplegar modelos ligeros en dispositivos como *smartphones* o *tablets* que son usados masivamente en nuestra sociedad moderna. Esto permite el análisis de datos que son muy pesados para ser transmitidos mediante redes móviles, como imagen o video.
- **Embebido:** Tradicionalmente, para aplicaciones específicas dentro de la industria, se desarrollaban dispositivos de hardware de uso específico. En la actualidad, los SEs permiten implementar modelos en situaciones especializadas sin tener que recurrir a un desarrollo caro y tardado. Aunque hay que tener consideraciones sobre el rendimiento.

3.9.1.1. Condiciones de uso

Como mencionamos anteriormente, debemos de generar una solución capaz de ser usada dentro de un laboratorio de análisis citológico por un experto cito-tecnólogo para poder asistirlo a clasificar células dentro de un examen **PAP** mediante el uso de un microscopio.

En esas condiciones es difícil implementar una plataforma local. Ya que se debería programar un software específico para ser usado en el sistema operativo, comúnmente *Windows*. Esto no solo conlleva una complejidad extra puesto que hay distintas versiones en el mercado y habría que adecuar el sistema a cada una de ellas. También tendríamos que desarrollar el software tanto en *macOS* o *Linux*. Otro problema es que tanto *Windows* como *macOS* son de paga y esto incuraría en costos extra.

El uso de la nube también se descarta puesto que se tienen que analizar grandes volúmenes de datos pesados difíciles de transmitir con la rapidez necesaria mediante redes inalámbricas o cableadas. Inicialmente transmitiremos imágenes pero posteriormente se planea transmitir video para una clasificación en tiempo real.

El uso de un *smartphone* o *tablet* dentro del laboratorio citológico es algo viable. El problema radica en que también estos dispositivos tienen dos tipos distintos de sistema operativo lo que complica el desarrollo. Así mismo, la variedad de modelos disponibles en el mercado hace que sea complejo estandarizar el sistema; no todas las personas tienen un teléfono con la potencia necesaria para correr modelos de **DL**.

La plataforma debe eliminar estos problemas mientras se mantiene a un bajo costo. También su uso debe ser sencillo, de preferencia mediante interfaces táctiles y tiene que ser de tamaño pequeño y bajo uso energético para poder ser desplegada dentro de un laboratorio.

3.9.1.2. Plataforma

En la actualidad los **SEs** difieren de los tradicionales en que ya vienen integrados dentro de una placa pequeña que incluye todas las conexiones necesarias para ser usada en muchísimas aplicaciones como captura de imagen, lectura de sensores o inclusive como computadora personal

Se consideraron los **SEs** como plataforma final debido a que cumplen con las siguientes características:

1. **Bajo costo:** Estos dispositivos difícilmente cuestan más de \$100 dólares.
2. **Sin licencias:** La mayoría trabajan con *Linux* o *Android* que son sistemas operativos libres y sin costo.
3. **Múltiples puertos:** Cuentan con muchas conexiones USB, HDMI, o Ethernet pero también con puertos especializados como el GPIO para sensores o el bus CSI para cámaras.
4. **Bajo poder:** Rara vez requieren fuentes de poder grandes y estorbosas. Se pueden alimentar con un pequeño cargador de 5v o inclusive el de un celular o batería externa.
5. **Popularidad:** Existe mucha documentación y ejemplos del uso. En internet se pueden encontrar diseños, códigos así como soluciones a problemas típicos de implementación.

El poder computacional no solo es crucial en la fase de entrenamiento de una **ConvNet**, sino también lo es durante el despliegue del modelo a su uso final. Un modelo lento resulta poco práctico, debito a esto el rendimiento debe ser uno de los enfoques principales.

3.9. IMPLEMENTACIÓN

En un laboratorio citológico es difícil poder encontrar el poder necesario para desplegar una solución basada en [DL](#). Otra restricción que se presenta radica en la poco practicidad de implementar soluciones basadas en la nube, debido al gran volumen de datos que representan las imágenes y video, por lo que subirlas a un sistema remoto incide negativamente en el rendimiento de la solución final.

Es por ello que se recurrió al uso de los [SE](#) para desplegar la solución en las condiciones necesarias para maximizar su uso. Hasta hace unos meses, se tuvo la idea de desplegar el modelo dentro de un [SE](#) llamado *Raspberry Pi*. Sin embargo, en Marzo de 2019, Nvidia lanzó al mercado un [SE](#) conocido como *Jetson Nano* ([Figura 3.56](#)), basado en las potentes y caras soluciones que ofrece Nvidia para el mercado de los carros autónomos, pero enfocado a un público con restricciones de presupuesto o que buscan ligereza.



Figura 3.56: Nvidia Jetson Nano

En la [Figura 3.57](#) vemos el rendimiento comparado entre tres distintas soluciones: Coral de Google, Raspberry Pi más un módulo neural de Intel y Jetson Nano. Como podemos ver, en la mayoría de las arquitecturas neuronales Jetson Nano ofrece un mejor rendimiento. Las arquitecturas VGG19 y Unet resultarán cruciales en el desarrollo de esta tesis.

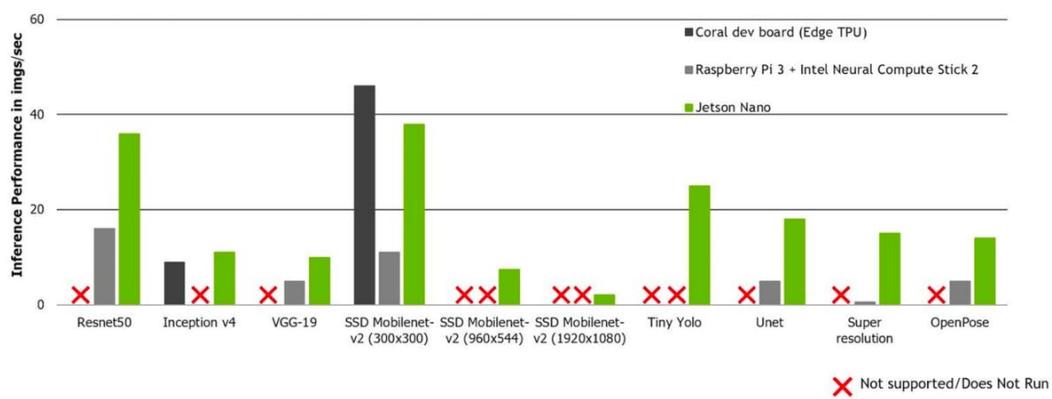


Figura 3.57: Comparativa entre tres SE

Jetson Nano fungirá como cerebro en la creación de un dispositivo de hardware que despliegue un modelo de [ConvNet](#) para la clasificación de células cérvico-uterinas. Que contará en primera instancia una cámara para capturar imagen y video de un microscopio y de una pantalla táctil para su fácil operación. Este se conectará a un

microscopio mediante un adaptador que será impreso en 3D. Lo que conformará el [SDAC](#) y solución final.

Jetson Nano cuenta como un [GPU](#) integrado optimizado para realizar las operaciones de álgebra lineal requeridas para el cómputo dentro de la [ConvNet](#). Este dispositivo creado por la empresa Nvidia, salió a la venta al público tan solo 5 meses antes de ser aprobada esta tesis y se caracteriza por ser de bajo costo. [72]

Como plataforma se seleccionó, el [SE](#) de Nvidia Jetson Nano. El cual usa una distribución de [Linux](#) especialmente mejorada por Nvidia para aplicaciones de [IA](#).

3.9.2. Adecuar modelo para despliegue

Ajustar un modelo puede ser tan sencillo como tomar los coeficientes de una regresión lineal, extraer los pesos de una [RNA](#) o aplicar optimizaciones para poder desplegar el modelo en lugares con bajo poder computacional. En estos casos es muy importante tener en cuenta la eficiencia en la inferencia en restricciones de procesamiento, memoria, almacenamiento o poder.

Cuantizar o *Quantization* es el proceso de reducir el número de bits necesario para representar un número. Convierte el modelo a uno de tamaño reducido mientras mejora la eficiencia, aunque esto incurre en una degradación en el rendimiento.

La [Tabla 3.18](#) muestra los tres tipos disponibles para el modelo. Habría que hacer una prueba de rendimiento entre ellas para determinar cual es la que confluye mejor rendimiento con eficiencia. Por la naturaleza de la plataforma, que cuenta con un [GPU](#), la última puede ser la más adecuada.

Técnica	Beneficios	Hardware
Cuantización de pesos	4x más pequeña, 2-3x más rápida, rendimiento	CPU
Cuantización a enteros	4x más pequeña, 3x+ rápida	CPU, Edge TPU, etc.
Cuantización Float16	2x más pequeña, aceleración potencial por GPU	CPU/GPU

Tabla 3.18: Tipos de cuantización para modelos de Deep Learning

3.9.2.1. *Tensorflow Lite*

Para cuantificar y convertir nuestro modelo de *Tensorflow*, utilizaremos el módulo auxiliar *Tensorflow Lite*: un framework de código abierto para la inferencia dentro de un dispositivo.

El proceso de conversión de un modelo normal a uno capaz de ser implementado en la Jetson Nano se divide en dos partes. El servidor se refiere al proceso de entrenar el modelo en una computadora con [GPU](#) y procesarlo funciones convertidoras que tienen como salida un archivo *TFLite Flatbuffer* que ya se puede utilizar en el cliente. El intérprete de *Tensorflow Lite* se instala en el cliente, es decir, la plataforma elegida que toma el archivo generado por el servidor para poder hacer inferencia. *Tensorflow Lite* nos permite usar el modelo tanto en *iOS*, *Android* y *Linux* utilizando todos los tipos de procesador ([Figura 3.58](#)).

3.9. IMPLEMENTACIÓN

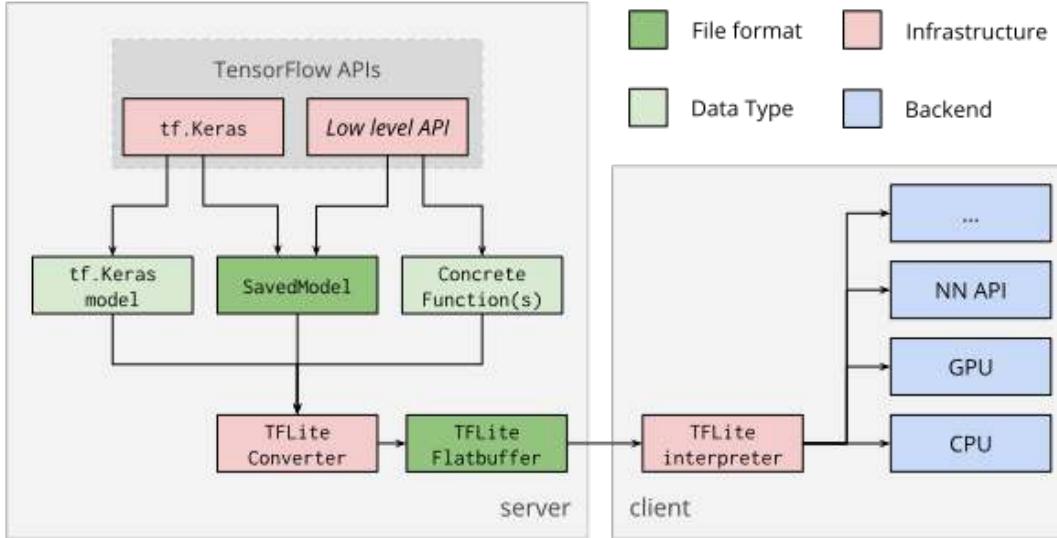


Figura 3.58: Diagrama del proceso de *Tensorflow Lite*

3.9.3. Solucionar integración

En otros tipos de algoritmo de [ML](#), esta parte se refiere a gestión para la creación de una misma *app* tanto para *iOS* como para *Android*, a la planeación de las [APIs](#) restful para comunicar el modelo mediante protocolos de internet o la configuración de sensores u otras formas de ingreso de datos e interfaces para poder usar el modelo y convertirlo en un sistema. Es decir, las disposiciones para usar el modelo implementado en la plataforma.

En el caso de la plataforma Jetson Nano u otro tipo de [SE](#), se debe complementar el dispositivo de hardware con periféricos de entrada/salida. En particular la pantalla táctil con la cual el cito-tecnólogo interactuará con la plataforma y la cámara con la cual se alimentará el modelo con imágenes o video.

3.9.3.1. Dispositivo de Hardware

El prototipo generado por el diseño conceptual será compuesto por los componentes mostrados en la [Figura 3.59](#).



Figura 3.59: Componentes para ensamblar el SDAC

Jetson Nano se compone de dos partes, el módulo del procesador y la placa base. El módulo tiene las siguientes características:

- 128-core Maxwell GPU
- Quad-core Arm A57 processor @ 1.43 GHz
- System Memory – 4GB 64-bit LPDDR4 @ 25.6 GB/s
- Storage – microSD card slot (devkit) or 16GB eMMC flash (production)
- Video Encode – 4K @ 30 | 4x 1080p @ 30 | 9x 720p @ 30 (H.264/H.265)
- Video Decode – 4K @ 60 | 2x 4K @ 30 | 8x 1080p @ 30 | 18x 720p @ 30 (H.264/H.265)

Mientras que la placa base tiene las siguientes:

- 260-pin SO-DIMM connector for Jetson Nano module
- Video Output – HDMI 2.0 and eDP 1.4 (video only)
- Connectivity – Gigabit Ethernet (RJ45) + 4-pin PoE header
- USB – 4x USB 3.0 ports, 1x USB 2.0 Micro-B port for power or device mode
- Camera I/F – 1x MIPI CSI-2 DPHY lanes compatible with Leopard Imaging LI-IMX219-MIPI-FF-NANO camera module and Raspberry Pi Camera Module V2
- M.2 Key E socket (PCIe x1, USB 2.0, UART, I2S, and I2C) for wireless networking cards
- 40-pin expansion header with GPIO, I2C, I2S, SPI, UART signals

3.9. IMPLEMENTACIÓN

- 8-pin button header with system power, reset, and force recovery related signals
- Misc – Power LED, 4-pin fan header
- Power Supply – 5V/4A via power barrel or 5V/2A via micro USB port; optional PoE support

Para el diseño haremos uso de la interface CSI para la cámara el cual ofrece mejor rendimiento que los puertos USB integrados. También tenemos la posibilidad de usar una batería externa para que el prototipo funcione de manera inalámbrica. Gracias al procesador de arquitectura Maxwell con 128 núcleos, podremos hacer inferencia mediante [DL](#) sin perder rendimiento en la captura de imagen o video.

La pantalla táctil capacitiva de siete pulgadas LCD tiene las siguientes especificaciones. Esta servirá para interactuar con el sistema usando gestos táctiles:

- IPS screen, 1024x600 hardware resolution, configurable by software (up to 1920x1080)
- Multi languages OSD menu, for power management, brightness/contrast adjustment, etc.
- 3.5mm audio jack, speaker connector, supports HDMI audio output

La cámara es modelo IMX219-77. Su gran resolución y número de megapixeles la hace ideal para capturar imágenes difíciles como las que se generan en un microscopio. Tiene las siguientes características:

- 8 Megapixels
- Sensor: Sony IMX219
- Resolution: 3280×2464
- CMOS size: 1/4inch
- Focal Length: 2.96mm
- Angle of View (diagonal): 77 degree
- Distortion: < 1 %
- Lens dimensions: 6.5mm \times 6.5mm

Otros componentes que se le pueden agregar al sistema son una tarjeta de *WiFi* para conexión a internet o pantallas externas de alta definición para una mejor visualización de la imagen.

Debido a que los algoritmos de [DL](#) son computacionalmente intensivos, generan una carga de trabajo enorme en los procesadores, lo que incrementa el consumo de poder y, por consiguiente, la generación de calor. Un procesador sobrecalentado reducirá su velocidad de procesamiento para bajar su temperatura. Para evitar esto, una disipación eficaz del calor es necesaria para mantener un rendimiento alto y constante en la inferencia. Si bien el disipador de aluminio integrado en el módulo procesador es bastante grande, se auxiliará de un ventilador Noctua modelo NF-A4x20 5V PWM ([Figura 3.60](#)) que tiene la capacidad de ser controlado por el sistema operativo instalado en Jetson Nano para aumentar o reducir sus revoluciones según sea la temperatura, lo que lo hace muy eficiente energéticamente. Cuenta con las siguientes características:

- 40x20mm size
- Polarity protection

- Flow Acceleration Channels
- Integrated Anti-Vibration Pads
- SSO2 bearing
- Rotational speed ($\pm 10\%$) 5000 RPM
- Airflow $9.4m^3/h$
- Acoustical noise 14,9 dB(A)
- Static pressure $2.26mmH_2O$
- Max. input power 0.5 W
- Max. input current 0.1 A
- Operating voltage 5 V



Figura 3.60: Ventilador Noctua NF-A4x20 5V PWM

En la [Figura 3.61](#) podemos ver la placa Jetson ya con el ventilador Noctua integrado. Los agujeros del disipador ya estaban perforados con las dimensiones precisas pero no contaban con estrías para asegurar el tornillo, re recurrió al uso de una herramienta especializada para crear estas estrías y asegurar firmemente el ventilador al disipador.

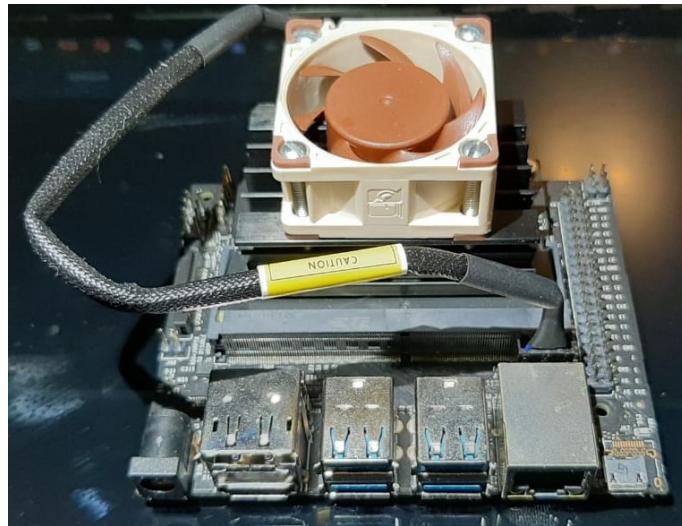


Figura 3.61: Jetson Nano integrado con Noctua

3.9. IMPLEMENTACIÓN

Para conjugar todos estos dispositivos se requiere una carcasa rígida capaz de albergarlos y protegerlos. También hay que encontrar la manera de conectar la cámara al objetivo del microscopio. Debe tener el espacio justo con suficiente ventilación así como los agujeros dispuestos para todos los puertos del Jetson Nano. El adaptador de la cámara debe ser capaz de sellar perfectamente la entrada de luz para no incidir con ruido en la toma de la imagen.

3.9.3.2. Impresión 3D

Para la creación de la carcasa y el adaptador, se decidió utilizar la impresión 3D para agilizar el proceso de prototipado. Transfiriendo la dificultad de diseñar y crear tanto la carcasa como el adaptador en madera o plástico termo-deformable, al tiempo que se tarda una impresora 3D en imprimir cada una de las partes tanto del adaptador como de la carcasa.

El Centro Regional de Optimización y Desarrollo de Equipo de Orizaba fue un gran apoyo al proveer infraestructura y mano de obra calificada para la realización del prototipo y la impresión 3D. El centro cuenta con dos tipos de impresora 3D:

1. **Form2 de FormLabs:** Una impresora de resina fotopolímera que es curada con un rayo laser UV ([Figura 3.62](#)). Alcanza grandes precisiones en todos los ejes ya que el grosor del laser es ínfimamente más pequeño (140 micrones) que el de un filamento de plástico. Cuenta con una precisión de 0.050 mm.
2. **Pro2 Plus de Raise3D:** Es una impresora de filamento plástico ([Figura 3.63](#)) capaz de alcanzar una resolución de 0.01mm. Es rápida que la de resina y cuenta con dos cabezales de alimentación de filamento y permite imprimir una pieza con distintos colores, uno por cada rollo de filamento.



Figura 3.62: Impresora Form2 de resina fotopolímera



Figura 3.63: Impresora Pro2Plus de filamento plástico

El adaptador de cámara se compone de tres partes y fue diseñado para adaptar dispositivos creados con Raspberry Pi usando la cámara oficial de Raspberry por el usuario [Luis Ibanez](#) en el sitio [Thingiverse](#). El modelo de cámara usado con Jetson Nano difiere un poco comparado con la cámara de Raspberry, debido a esto se tuvo que modificar el modelo para poder adaptarlo a la cámara a utilizar utilizando el software OpenSCAD para diseño asistido por computadora. En la [Figura 3.64](#) vemos un ejemplo del uso final del adaptador, para acoplar la cámara al objetivo del microscopio

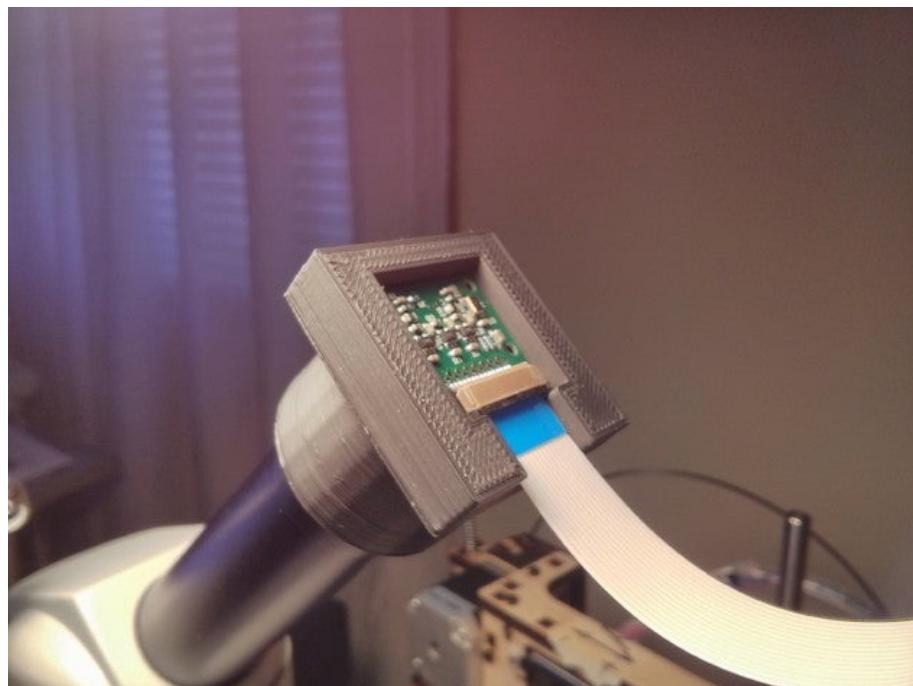


Figura 3.64: Ejemplo de uso del adaptador impreso en 3D

Las partes del adaptador son las siguientes:

1. El adaptador de cámara, que alojará la cámara para protección.
2. El adaptador de cámara-microscopio, que se acoplará al otro adaptador para conectar la cámara seguramente al microscopio.

3.9. IMPLEMENTACIÓN

3. La tapa de atrás, para evitar el paso de la luz y asegurar la cámara.

El primer prototipo se realizó en la impresora Form2 ya que la resina transparente permite ver mejor como se inserta la cámara para analizar el ajuste, ya que ambos modelos de cámara son diferentes. En la [Figura 3.65](#) se observa la interface táctil de la impresora 3D mientras se dispone a imprimir el adaptador de la cámara.



Figura 3.65: Interface táctil de la impresora Form2

El prototipo terminado se muestra en la [Figura 3.66](#). Claramente se observa la muesca del cable y la base que genera la impresora como estructura del diseño.

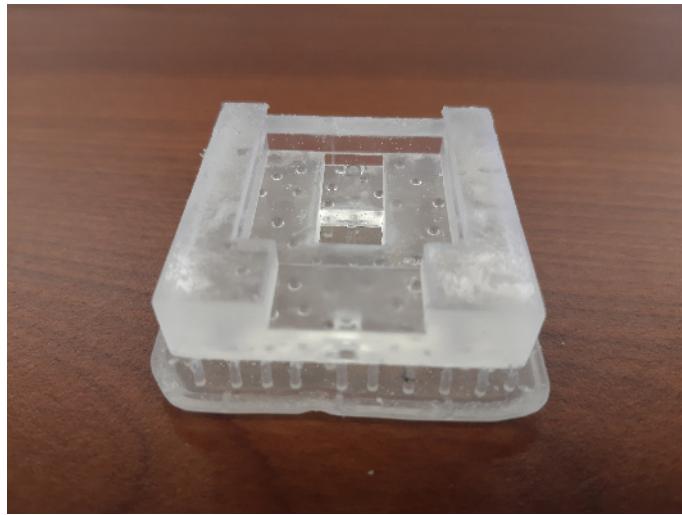


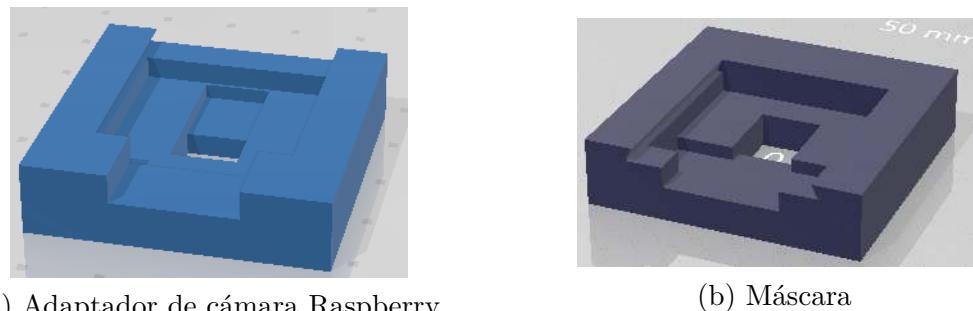
Figura 3.66: Interface táctil de la impresora Form2

Podemos ver el resultado de la impresión de las tres piezas del adaptador en la [Figura 3.67](#). También se muestra la tapa trasera que mantiene la cámara en su sitio y evitaría, en un material opaco, el paso de la luz.



Figura 3.67: Interface táctil de la impresora Form2

El prototipo no tuvo un ajuste perfecto debido a que el conector de cable plano de la cámara usada está al frente mientras que en la cámara Raspberry está atrás. Para ello se tuvo que modificar el archivo CAD del adaptador para ajustarlo a la cámara de la Jetson Nano. Se puede observar que se trasladó la muestra del cable a su antípoda y se horadó una brecha del lado de la nueva muesca para alojar el conector de cable plano ([Figura 3.68](#)).



(a) Adaptador de cámara Raspberry

(b) Máscara

Figura 3.68: Adaptador de cámara Jetson Nano

Una vez analizado el primer prototipo y tomadas las consideraciones para el cambio del archivo CAD. Se procedió a imprimir otro prototipo en la impresora Pro2 Plus. Debido a que esta puede imprimir más rápido y también a la disponibilidad de imprimir en un material opaco a la luz visible.

Para el prototipo final primero se imprimió el adaptador para el objetivo del microscopio. La impresión 3D es un proceso realizado capa por capa. En la [Figura 3.69](#) vemos ambos cabezales de la impresora 3D, cada uno alimentado por un filamento de distinto color. El blanco fue usado para la construcción de la base de impresión mientras que el negro se usó para el adaptador mismo.

3.9. IMPLEMENTACIÓN

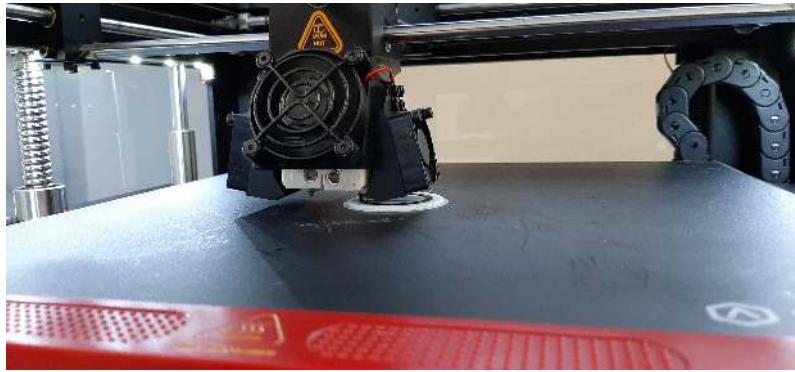
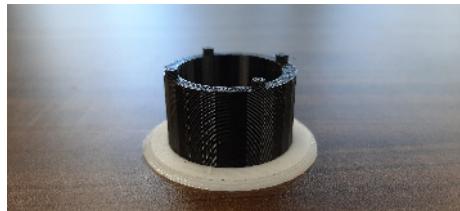


Figura 3.69

Los dos adaptadores ya terminados se muestran junto con sus bases de impresión en la [Figura 3.70](#). Del adaptador del microscopio se pueden notar cuatro piezas de anclaje para conectarlo al adaptador de la cámara. En el adaptador de la cámara podemos ver la adaptación para que se acople la cámara de Jetson Nano.



(a) Adaptador de cámara Raspberry



(b) Máscara

Figura 3.70: Adaptadores para conectar la cámara al microscopio

Para alcanzar el ajuste perfecto, se necesitaron cuatro prototipos. Podemos ver como se va abriendo progresivamente la brecha para alojar el conector de cable plano. Las tres piezas finales consisten en los dos adaptadores y en la tapa para ajustar la cámara ([Figura 3.71](#)).



(a) Adaptador de cámara Raspberry



(b) Máscara

Figura 3.71: Adaptador de cámara Jetson Nano

El resultado final de la impresión para adaptar ([Figura 3.72](#)) tiene un ajuste perfecto en la cámara y permite su conexión al microscopio. Debido a la falta de un microscopio disponible, las pruebas de ajuste y aislamiento de luz se dejarán para trabajos posteriores.

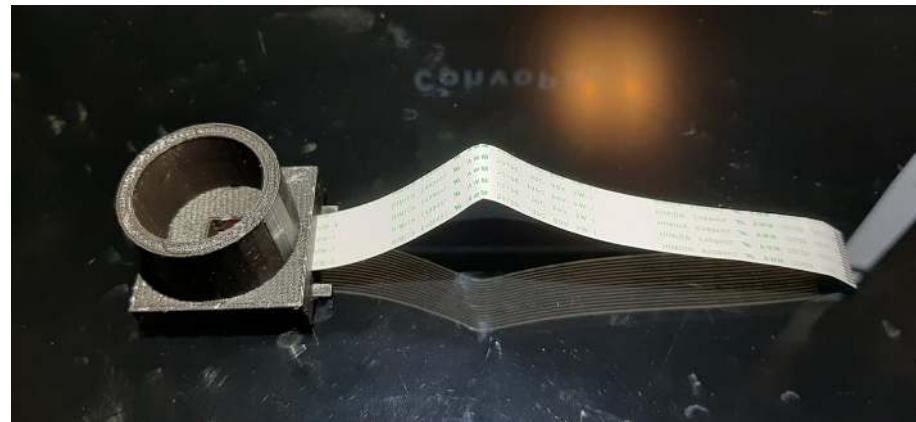


Figura 3.72: Resultado final de la impresión 3D

Se realizó un experimento con la impresora Form2 para la creación de la carcasa para alojar tanto la Jetson como su pantalla. La carcasa se compone de distintas partes y se realizó la prueba con la más grande. Esta pieza contiene la Jetson y tiene espacio suficiente para colocar el ventilador Noctua ([Figura 3.73](#)). Llama la atención el entramado interno que genera el software de impresión 3D para darle soporte a la estructura mientras se imprime.

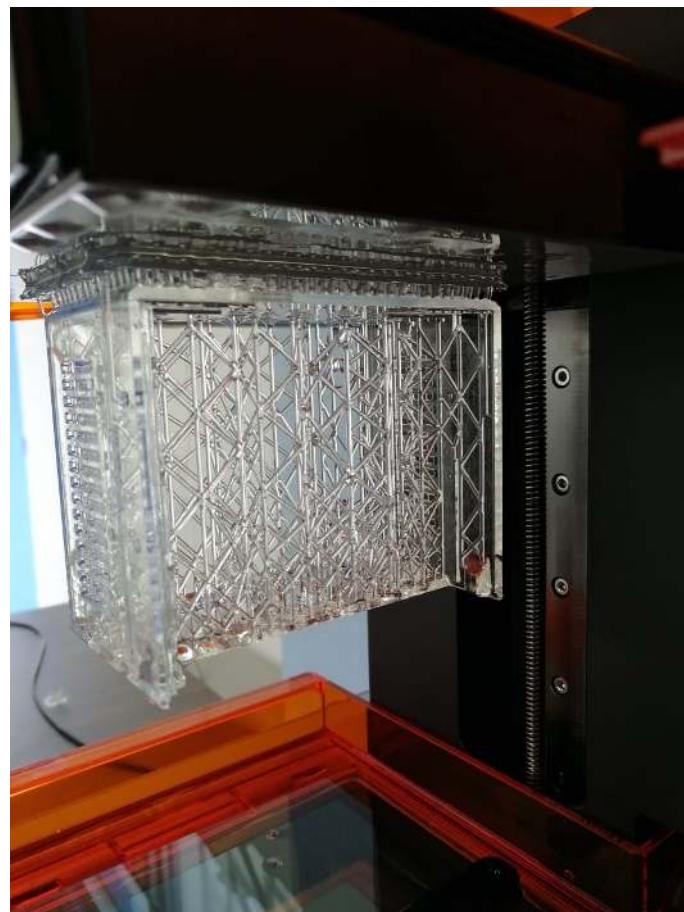


Figura 3.73: Impresión terminada de la carcasa

3.9. IMPLEMENTACIÓN

La [Figura 3.74](#) revela los puertos de entrada. La resina recién impresa continua una reacción química por lo que es necesario lavarla en alcohol isopropílico para detenerla y disolver todo resto de resina líquida que quede sobre la superficie, posteriormente se necesita un periodo de curación mediante rayos UV para alcanzar la integridad física normal del material; este proceso opaca la resina lo cual dota de la pieza de un color blancuzco.



Figura 3.74: Experimento para la impresión de la carcasa

El tiempo de impresión de esta pieza fue de 17 horas. Debido a que la carcasa se compone de piezas con un tiempo muy similar de impresión, se tuvo una restricción de tiempo y solo se pudo imprimir el prototipo mencionado. A futuro se realizarán más prototipos en la impresora de plástico para culminar en la impresión de todas las piezas de la carcasa.

Un ejemplo del uso final de la carcasa se puede ver en la [Figura 3.75](#). La parte frontal deja ver la instalación de la pantalla con una muestra del uso de la cámara mientras que la parte trasera muestra el agujero de disipación para el ventilador Noctua, los puertos de la Jetson así como aperturas para las antenas WiFi. Se puede reducir el volumen del sistema cambiando las antenas por receptores USB de tamaño pequeño.



(a) Frontal



(b) Trasero

Figura 3.75: Ejemplo de uso de la carcasa final

3.9.4. Creación del software

La [Figura 3.76](#) muestra el diagrama del sistema. El modelo guardado en archivo binario .h5 se alimenta al intérprete de *Tensorflow Lite*, que se comunica con el [GPU](#)

de Jetson para hacer inferencia. Todo está orquestado por el módulo *Kivy* que sirve para la interface gráfica. La imagen es alimentada mediante el módulo de captura basado en *OpenCV* y *GStreamer*, módulos en C++ para [DPI](#).

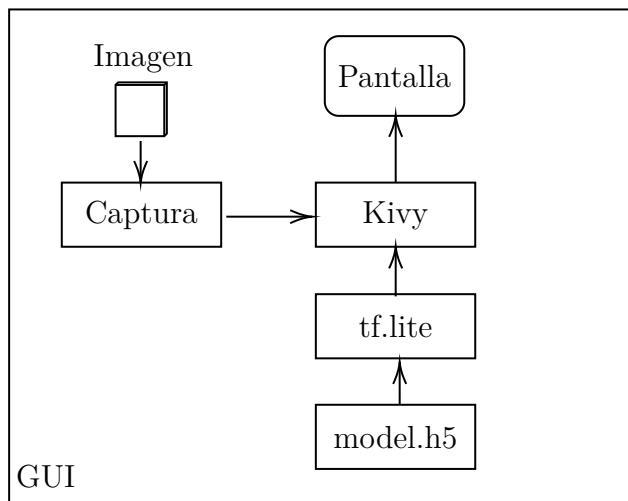


Figura 3.76: Diagrama general del sistema

3.9.4.1. Configuración de LINUX

El proceso para instalar LINUX en Jetson nano es sencillo, hay que grabar el sistema operativo en una memoria microSD para posteriormente insertarla en la tarjeta. Los pasos son los siguientes ([Figura 3.77](#)):

1. Descargar la imagen del sistema operativo personalizado de Nvidia.
2. Formatear la tarjeta microSD.
3. Escribir la imagen en la tarjeta microSD.

3.9. IMPLEMENTACIÓN

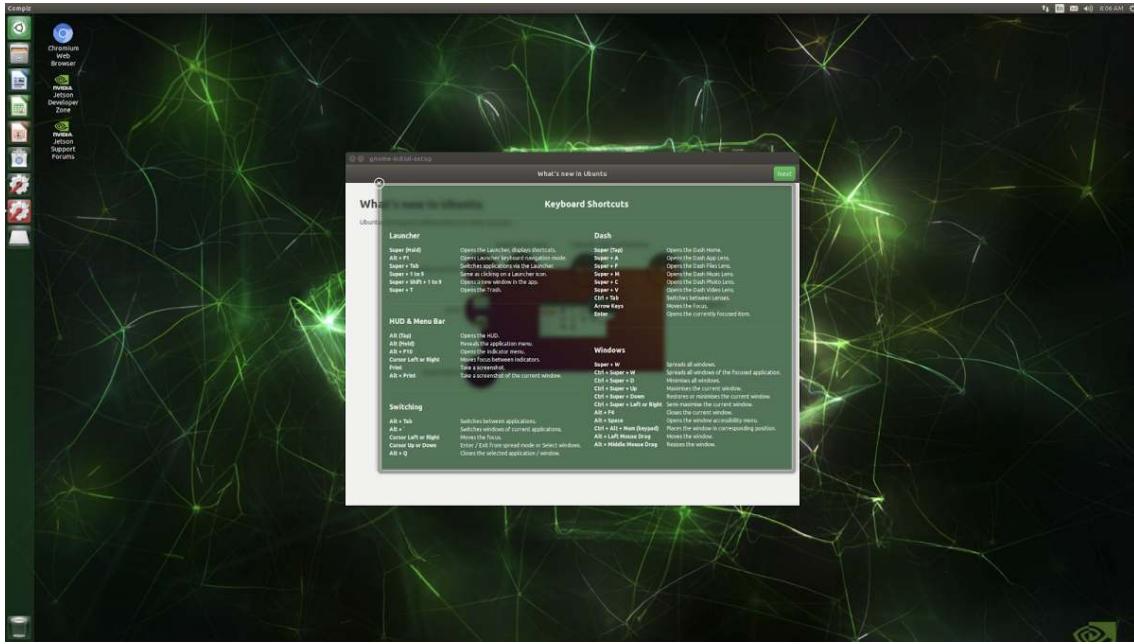


Figura 3.77: Linux personalizado de Nvidia en Jetson

Luego de actualizar el sistema operativo. Se procede a instalar las dependencias de Python para poder desarrollar el sistema. Debido a que la complejidad de compilar *OpenCV* es considerable, su instalación sale del espectro de esta tesis, tardando su compilación hasta más de 5 horas y necesitando forzosamente la modificación de parámetros internos de administración de memoria de la tarjeta.

3.9.4.2. Interface gráfica

Para la interface gráfica necesitamos un framework capaz de hacer fácil el desarrollo y que pueda ser desplegado en cualquier sistema operativo, también tiene que tener funcionalidad táctil integrada.

Kivy es un módulo de Python para desarrollo rápido de aplicaciones que usan interfaces innovadoras, como aquellas que requieren dispositivos táctiles. Kivy puede ser usado en todos los sistemas operativos incluyendo el de Jetson Nano y maneja muchos protocolos de ingreso de impulsos táctiles. Es 100 % libre bajo una licencia del MIT y cuenta con desarrollo profesional. Analizando estos argumento se concluye que Kivy es la única opción de framework para crear la interface gráfica.

Kivy funciona dividiendo el desarrollo de la interface en dos capas. La primera es aquella que provee la funcionalidad de backend, es decir, todo lo que va a soportar la interface propiamente dicha. Esto se programa en lenguaje Python. La segunda capa es la capa que describe como se va a renderizar la interface gráfica en el dispositivo, para ello se hace uso de un lenguaje de marcado específico con extensión .kv.

La arquitectura de Kivy, [Figura 3.78](#) va desde el bajo nivel, compuesto de módulos y *drivers* tanto externos como del sistema operativo; los módulos usados para la creación de la interface son GStreamer para la cámara o WM_Touch para la entrada de datos táctiles. Al centro encontramos los elementos para armar la interface, por ejemplo, ventanas o imágenes; también maneja la parte gráfica y direcciona las entradas al *driver* correspondiente. El alto nivel contiene el lenguaje .kv y las funciones para crear la app en su noción general.

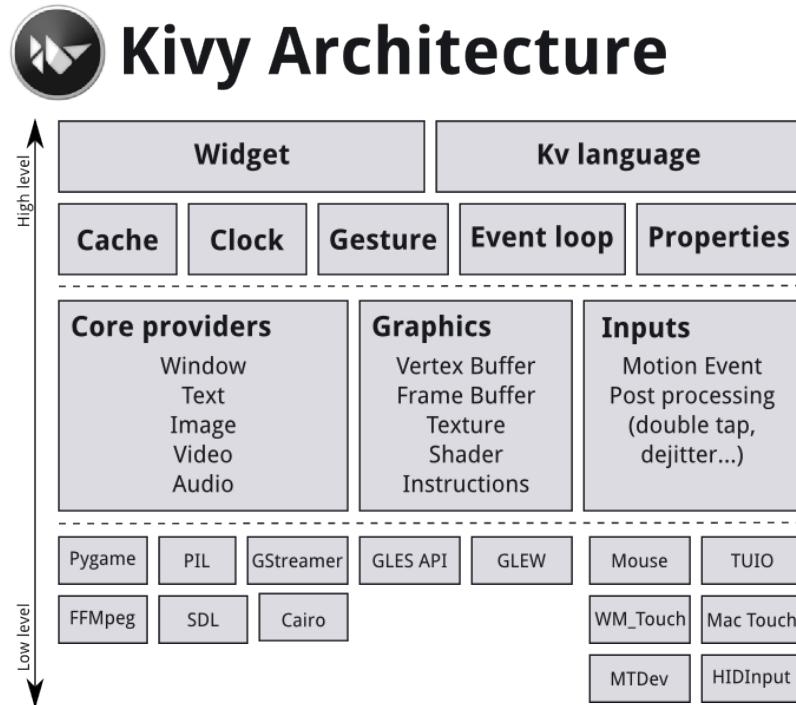


Figura 3.78: La arquitectura de Kivy

Toda la lógica para soportar la captura de imagen y alimentar el modelo se hace en Python y es directamente integrada con Kivy. Mientras que el lenguaje .kv y el módulo abstraen toda la parte de la generación de la interfaz y la forma en que se conecta al software de la tarjeta que maneja la pantalla táctil. Esto hace el desarrollo sumamente sencillo.

En la [Figura 3.79](#) tenemos un ejemplo de pantalla principal para el sistema. Esta interfaz es sencilla y fácil de usar. Una vez presionado el botón correspondiente nos dirigirá a la siguiente ventana para utilizar la inferencia.

3.9. IMPLEMENTACIÓN

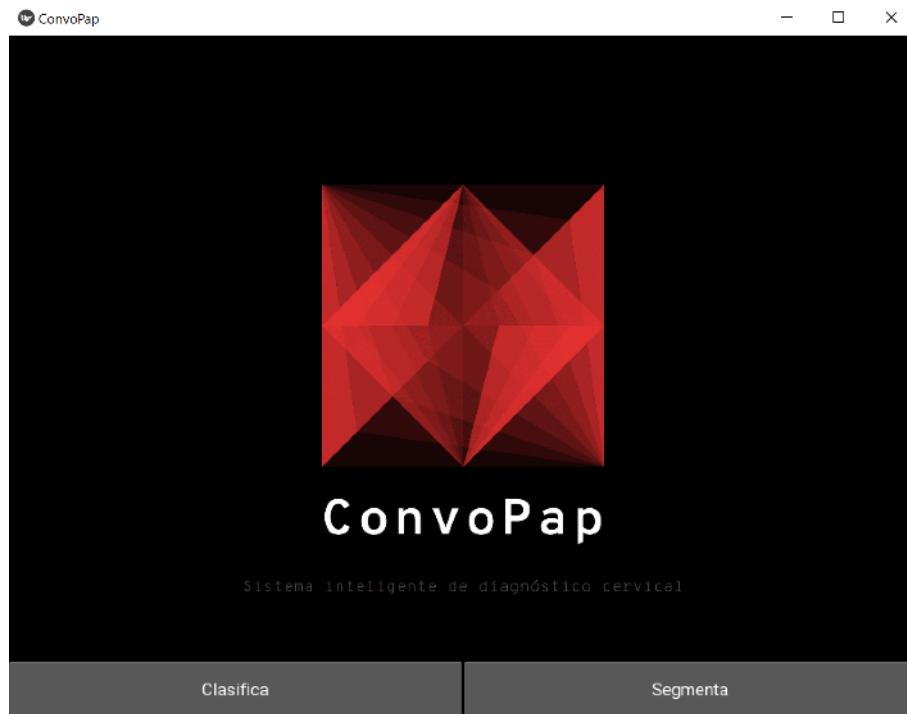


Figura 3.79: Linux personalizado de Nvidia en Jetson

Para la inferencia ([Figura 3.80](#)) podemos cargar una imagen o alimentarla desde el microscopio. La célula se muestra en pantalla y posterior activación del botón indicado, se procesa y genera una gráfica de barras; donde se indica la probabilidad de pertenecer a alguna de las siete clases.

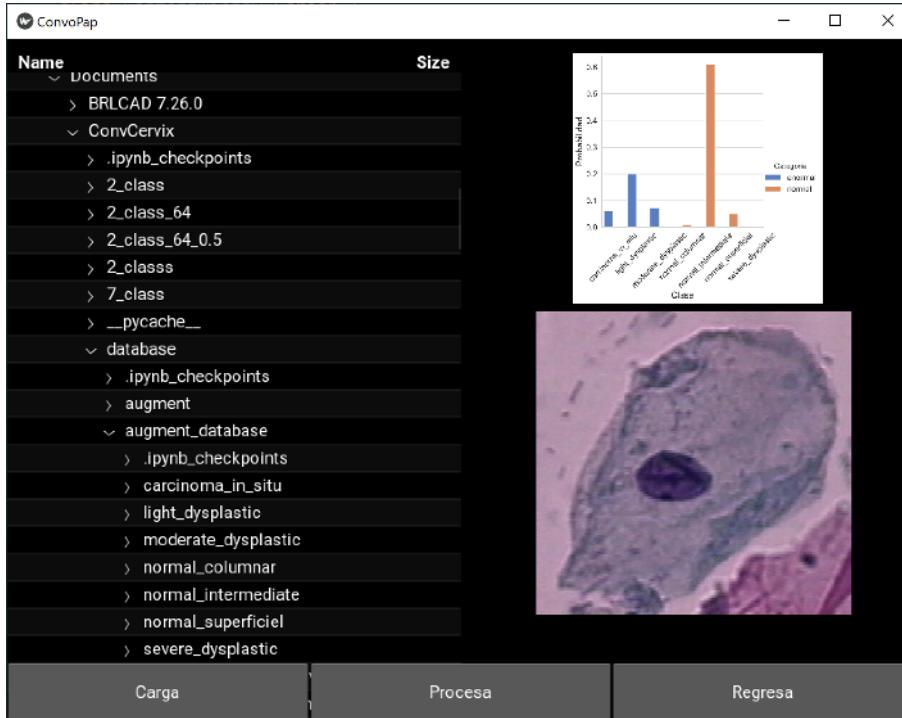


Figura 3.80: Linux personalizado de Nvidia en Jetson

3.9.5. Sistema

Se culmina el diseño conceptual mediante la integración del módulo de **ConvNet**, la interfaz gráfica y la Jetson Nano. Para el primer prototipo se logró instalar todas las dependencias de Linux, OpenCV para la captura de imagen y configurar tanto el intérprete de Python como la captura de pantalla táctil mediante el *Driver* de la placa Jetson Nano y la pantalla.

Optimizaciones posteriores del *Kernel* del sistema operativo así como la instalación de módulos adicionales para cómputo tensorial (TensorRT) son necesarios para proseguir con las pruebas del motor de inferencia.

En la [Figura 3.81](#) podemos observar la pantalla conectada a la Jetson mostrando la interfaz gráfica creada para el sistema. No se muestra puntero en la pantalla ya que todo el control es mediante impulsos táctiles.

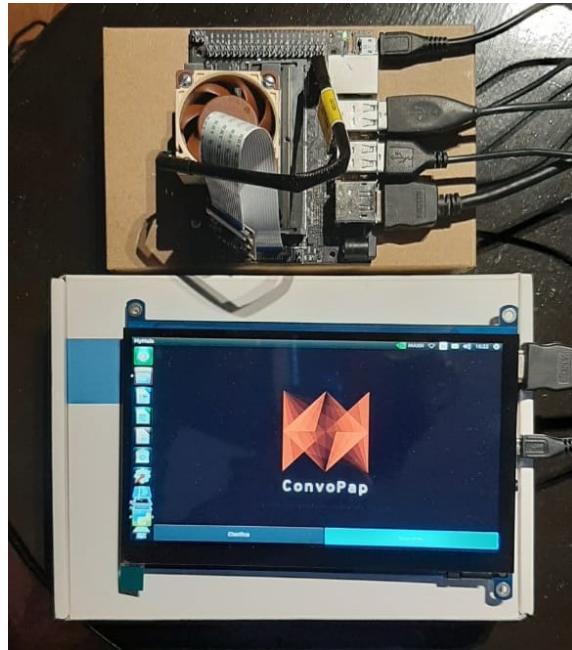


Figura 3.81: Muestra del prototipo con la interface del sistema

3.10. Conclusión

El fluir de la propuesta a través de la metodología la transformó en cada etapa en algo nuevo, acercándolo cada vez más de una idea abstracta a algo material. Cada etapa por si sola es un mar de conocimiento ya que el conjunto de problemas existentes a los que se le puede aplicar IA es infinito. El análisis general es la parte más importante del proceso, este trabajo demostró que un marco teórico bien fundamentado más un estado del arte bien elaborado puede convertir una problemática en una propuesta bien delimitada con altas posibilidades de transformación.

Gracias al apoyo de Nvidia y la Universidad del Mar Egeo se logró culminar la metodología, sin ese apoyo, es probable que este trabajo se tratase de algo más modesto. Las restricciones de tiempo fueron un factor determinante en este capítulo, no solo el entrenamiento de los modelos en cada uno de los tres experimentos fue sumamente tardado, sino que también la falta de tiempo impactó en la fase de implementación al restringir el número de piezas que se pueden imprimir. La propuesta pudo ser convertida en datos rápidamente sirviendo de atajo a las fases posteriores, en condiciones normales y como pudimos ver en las tesis asociadas a la BD, obtener datos puede llegar a ser tarea de una tesis entera.

Explorar la BD fue un proceso sencillo y rápido, para datos tabulares esto puede llegar a ser más tedioso y requerir algoritmos más elaborados. Incluida en esta información están las transformaciones usadas para pre-procesar y aumentar la BD, enriqueciendo la información para extraer conocimiento, es ahora cuando puede comenzar el aprendizaje.

Una vez aumentada la información en conocimiento, pudimos comenzar la búsqueda del mejor algoritmo. Esta fase es inherentemente computacionalmente intensiva, ya que por restricciones teóricas, es imposible saber cuál es la mejor arquitectura. Ya con la mejor se procedió a diseñar los tres experimentos principales.

Sumando el tiempo transcurrido en todos los experimentos, se logra dimensionar el tiempo necesario para conseguir un buen modelo. Considerando que se está trabajando

CAPÍTULO 3. SISTEMA DE DIAGNÓSTICO ASISTIDO POR COMPUTADORA

con un sistema de cómputo de vanguardia con el mejor hardware especializado para la tarea; hace ver la razón por la cual la integración del **DL** más allá de las grandes corporaciones es lenta. Esto es lamentable ya que se demostró que puede alcanzar un rendimiento excepcional.

Para finalizar el diseño conceptual y poder convertir el modelo en un sistema que aspire a interactuar con el usuario final. Se trabajó en acoplar software y hardware en un solo punto: el **SDAC**. Que usará el modelo para clasificar células dentro de un **SE**.

Capítulo 4

Comentarios finales

4.1. Introducción

La creación del [SDAC](#) fue un proceso si bien directo de la propuesta al sistema, largo gracias a la complejidad computacional del modelo que realizará la inferencia. Como se expuso, previamente los sistemas de apoyo al diagnóstico eran caros y poco presentes dentro del laboratorio; al crear un sistema diseñado desde el concepto para maximizar su presencia y su uso por el experto, se asegura que pueda reducir las muertes por [CCU](#) en nuestro país gracias a la detección rápida y temprana de las lesiones morfológicas que lo originan.

Concluimos esta tesis presentando un condensado de los resultados de los experimentos realizados, una reseña del trabajo a futuro necesario para convertir la solución en un sistema y cerramos con unas conclusiones pertinentes y algunos comentarios del desarrollo completo de la tesis.

4.2. Resultados

Los experimentos fueron exhaustivos y tardados. Aparte del tiempo necesario para el entrenamiento de cada modelo, se realizaron varias pruebas con variaciones de hiperparámetros, optimizadores, arquitecturas, métodos de alimentación de datos y ciclos de entrenamiento así como también trabajo previo en la deducción del mejor software para diseñar aplicaciones de [DL](#).

Todas las pruebas de los experimentos se encuentran en sus respectivas secciones, condensaremos los resultados en dos métricas básicas en la [Tabla 4.1](#). Podemos ver que todos los experimentos lograron el objetivo de tener una gran exactitud en todas las iteraciones de la validación cruzada. Podemos afirmar que tenemos una estimación muy cercana a la realidad del error de generalización de nuestro modelo, gracias a esto se confía en su capacidad para tomar decisiones dentro del laboratorio y cuenta con la asertividad necesaria para asistir al experto.

Experimento	Exactitud	Pérdida
Binario	99.86 %	0.0038
Multi-clase	99.58 %	0.013
Segmentación	90.20 %	-0.9

Tabla 4.1: Métricas condensadas de los experimentos

Para realizar todas las evaluaciones de poder de clasificación de los modelos, se utilizó el módulo de Python llamado PyCM, con el objetivo de reducir la probabilidad de errores al escribir todas las pruebas de manera manual [73].

Incluimos un reporte sumamente detallado generado por PyCM. Aparte de las pruebas ya expuestas en las secciones de evaluación, nos da otros estadísticos generales extra para la evaluación así como estimaciones cualitativas de algunas métricas e indicadores. Se pudo obtener un rendimiento excepcional en todas las métricas evaluadas para el problema multi-clase.

PyCM Report

Dataset Type :

- Multi-Class Classification
- Balanced

Note 1 : Recommended statistics for this type of classification highlighted in **aqua**

Note 2 : The recommender system assumes that the input is the result of classification over the whole data rather than just a part of it. If the confusion matrix is the result of test data classification, the recommendation is not valid.

Confusion Matrix :

		Predict						
		carc...	ligh...	mode...	norm...	norm...	norm...	seve...
Actual	carc...	1115	1	2	0	0	0	2
	ligh...	0	1247	0	0	0	0	0
	mode...	3	1	1039	1	0	0	3
	norm...	2	0	0	1965	0	0	0
	norm...	0	0	0	0	1392	0	0
	norm...	0	0	0	0	0	1503	0
	seve...	9	0	2	1	0	0	1412

Overall Statistics :

95% CI	(0.99617,0.99826)
ACC Macro	0.9992
AUNP	0.9984
A UNU	0.99823
Bennett S	0.99675
CBA	0.99556
Chi-Squared	57775.73425
Chi-Squared DF	36
Conditional Entropy	0.02797
Cramer V	0.99635

Cross Entropy	2.77868
F1 Macro	0.99686
F1 Micro	0.99722
Gwet AC1	0.99676
Hamming Loss	0.00278
Joint Entropy	2.80664
KL Divergence	1e-05
Kappa	0.99673
Kappa 95% CI	(0.9955,0.99796)
Kappa No Prevalence	0.99443
Kappa Standard Error	0.00063
Kappa Unbiased	0.99673
Lambda A	0.99651
Lambda B	0.99651
Mutual Information	2.75088
NIR	0.20278
Overall ACC	0.99722
Overall CEN	0.00744
Overall J	(6.9563,0.99376)
Overall MCC	0.99673
Overall MCEN	0.0133
Overall RACC	0.14877
Overall RACCU	0.14877
P-Value	None
PPV Macro	0.9968
PPV Micro	0.99722
Pearson C	0.92533
Phi-Squared	5.95626
RCI	0.99
RR	1385.71429
Reference Entropy	2.77867
Response Entropy	2.77884
SOA1(Landis & Koch)	Almost Perfect
SOA2(Fleiss)	Excellent
SOA3(Altman)	Very Good
SOA4(Cicchetti)	Excellent
SOA5(Cramer)	Very Strong
SOA6(Matthews)	Very Strong
Scott PI	0.99673
Standard Error	0.00053
TPR Macro	0.99692
TPR Micro	0.99722
Zero-one Loss	27

Class Statistics :

Class	carcinoma_in_situ	light_dysplastic	moderate_dysplastic	normal_columnar	normal_intermediate	normal_superficiel	severe_dysplastic	Description
ACC	0.99804	0.99979	0.99876	0.99959	1.0	1.0	0.99825	Accuracy
AGF	0.99657	0.99982	0.99614	0.99936	1.0	1.0	0.99563	Adjusted F-score
AGM	0.99762	0.99983	0.99764	0.99953	1.0	1.0	0.99728	Adjusted geometric mean
AM	9	2	-4	0	0	0	-7	Difference between automatic and manual classification
AUC	0.99695	0.99988	0.99595	0.99936	1.0	1.0	0.99548	Area under the ROC curve
AUCI	Excellent	Excellent	Excellent	Excellent	Excellent	Excellent	Excellent	AUC value interpretation

AUPR	0.99157	0.9992	0.99426	0.99898	1.0	1.0	0.99402	Area under the PR curve
BCD	0.00046	0.0001	0.00021	0.0	0.0	0.0	0.00036	Bray-Curtis dissimilarity
BM	0.9939	0.99976	0.9919	0.99872	1.0	1.0	0.99097	Informedness or bookmaker informedness
CEN	0.02137	0.00252	0.01586	0.00325	0	0	0.01549	Confusion entropy
DOR	136444.14286	None	280822.21875	3797853.75	None	None	194644.2	Diagnostic odds ratio
DP	2.83105	None	3.00388	3.62749	None	None	2.91611	Discriminant power
DPI	Fair	None	Good	Good	None	None	Fair	Discriminant power interpretation
ERR	0.00196	0.00021	0.00124	0.00041	0.0	0.0	0.00175	Error rate
F0.5	0.98918	0.99872	0.9954	0.99898	1.0	1.0	0.99549	F0.5 score
F1	0.99155	0.9992	0.99426	0.99898	1.0	1.0	0.99402	F1 score - harmonic mean of precision and sensitivity
F2	0.99394	0.99968	0.99312	0.99898	1.0	1.0	0.99255	F2 score
FDR	0.0124	0.0016	0.00384	0.00102	0.0	0.0	0.00353	False discovery rate
FN	5	0	8	2	0	0	12	False negative/miss/type 2 error
FNR	0.00446	0.0	0.00764	0.00102	0.0	0.0	0.00843	Miss rate or false negative rate
FOR	0.00058	0.0	0.00092	0.00026	0.0	0.0	0.00145	False omission rate
FP	14	2	4	2	0	0	5	False positive/type 1 error/false alarm
FPR	0.00163	0.00024	0.00046	0.00026	0.0	0.0	0.0006	Fall-out or false positive rate
G	0.99156	0.9992	0.99426	0.99898	1.0	1.0	0.99402	G-measure geometric mean of precision and sensitivity
GI	0.9939	0.99976	0.9919	0.99872	1.0	1.0	0.99097	Gini index
GM	0.99695	0.99988	0.99594	0.99936	1.0	1.0	0.99548	G-mean geometric mean of specificity and sensitivity
IBA	0.9911	1.0	0.98478	0.99797	1.0	1.0	0.98322	Index of balanced accuracy
IS	3.09648	2.95721	3.20618	2.30052	2.80083	2.69014	2.76294	Information score
J	0.98325	0.9984	0.98858	0.99797	1.0	1.0	0.9881	Jaccard index
LS	8.55332	7.76621	9.22903	4.92635	6.96839	6.45376	6.78776	Lift score
MCC	0.99045	0.99908	0.99357	0.99872	1.0	1.0	0.99299	Matthews correlation coefficient
MCCI	Very Strong	Very Strong	Very Strong	Very Strong	Very Strong	Very Strong	Very Strong	Matthews correlation coefficient interpretation
MCEN	0.03776	0.00459	0.02838	0.00592	0	0	0.0275	Modified confusion entropy
MK	0.98702	0.9984	0.99524	0.99872	1.0	1.0	0.99502	Markedness
N	8580	8453	8653	7733	8308	8197	8276	Condition negative
NLR	0.00447	0.0	0.00764	0.00102	0.0	0.0	0.00843	Negative likelihood ratio
NLRI	Good	Good	Good	Good	Good	Good	Good	Negative likelihood ratio interpretation

NPV	0.99942	1.0	0.99908	0.99974	1.0	1.0	0.99855	Negative predictive value
OC	0.99554	1.0	0.99616	0.99898	1.0	1.0	0.99647	Overlap coefficient
OOC	0.99156	0.9992	0.99426	0.99898	1.0	1.0	0.99402	Otsuka-Ochiai coefficient
OP	0.99662	0.99968	0.99516	0.99921	1.0	1.0	0.99432	Optimized precision
P	1120	1247	1047	1967	1392	1503	1424	Condition positive or support
PLR	610.12117	4226.5	2146.72087	3862.56863	None	None	1641.25169	Positive likelihood ratio
PLRI	Good	Good	Good	Good	None	None	Good	Positive likelihood ratio interpretation
POP	9700	9700	9700	9700	9700	9700	9700	Population
PPV	0.9876	0.9984	0.99616	0.99898	1.0	1.0	0.99647	Precision or positive predictive value
PRE	0.11546	0.12856	0.10794	0.20278	0.14351	0.15495	0.1468	Prevalence
Q	0.99999	None	0.99999	1.0	None	None	0.99999	Yule Q - coefficient of colligation
RACC	0.01344	0.01655	0.01161	0.04112	0.02059	0.02401	0.02145	Random accuracy
RACCU	0.01344	0.01655	0.01161	0.04112	0.02059	0.02401	0.02145	Random accuracy unbiased
TN	8566	8451	8649	7731	8308	8197	8271	True negative/correct rejection
TNR	0.99837	0.99976	0.99954	0.99974	1.0	1.0	0.9994	Specificity or true negative rate
TON	8571	8451	8657	7733	8308	8197	8283	Test outcome negative
TOP	1129	1249	1043	1967	1392	1503	1417	Test outcome positive
TP	1115	1247	1039	1965	1392	1503	1412	True positive/hit
TPR	0.99554	1.0	0.99236	0.99898	1.0	1.0	0.99157	Sensitivity, recall, hit rate, or true positive rate
Y	0.9939	0.99976	0.9919	0.99872	1.0	1.0	0.99097	Youden index
dInd	0.00475	0.00024	0.00765	0.00105	0.0	0.0	0.00845	Distance index
sInd	0.99664	0.99983	0.99459	0.99926	1.0	1.0	0.99403	Similarity index

Generated By PyCM Version 2.4

4.3. Trabajo futuro

Tomando el diseño conceptual como base y ya teniendo un modelo de clasificación con un poder impresionante para distinguir entre las células atípicas. Podemos convertir el sistema, aislado y desconectado de su aplicación final, y transmutarlo en una solución final para el problema de diagnóstico de **CCU** mediante análisis citológico. En la [Figura 4.1](#) podemos ver que este proceso de despliegue recibe un sistema y, aplicando técnicas de ingeniería de software, lo convertimos en una solución final.

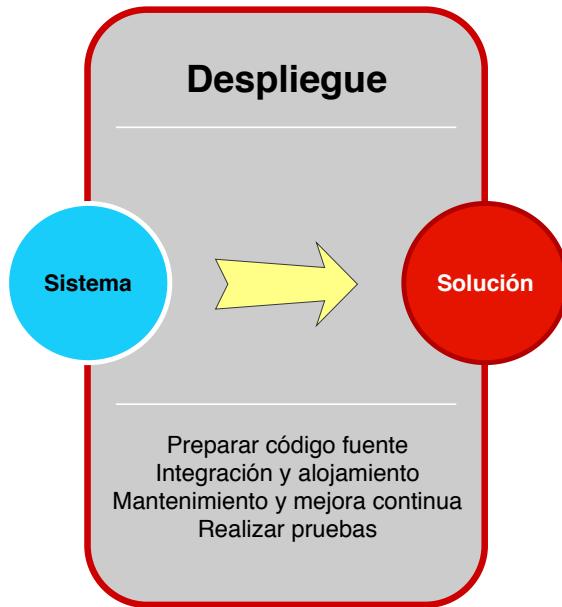


Figura 4.1: Fase del despliegue

La solución final deberá cumplir con todas las restricciones que fueron desarrolladas a lo largo de la tesis, es decir, debe ser de uso fácil, mucha exactitud y con funcionalidad dentro del laboratorio mismo.

Para concluir el proceso, se deben realizar pruebas del rendimiento del motor de inferencia ya dentro de la Jetson Nano para asegurar que sea rápido y efectivo o si no, optimizar más el modelo y medir la degradación en su rendimiento al ser optimizado.

Debido a la falta de un microscopio para hacer pruebas de acoplamiento con el adaptador impreso 3D y la cámara, estas quedan como trabajo a futuro. Hay que probar si el adaptador efectivamente sirve para el propósito correcto, que no filtra luz a la cámara y que esta se encuentra en la posición correcta para capturar la luz que pasa por la laminilla.

La impresión de la carcasa final es un proceso sumamente tardado, en promedio se tardará más de 3 días en la creación de todas las piezas que la componen. Sin embargo, es un proceso necesario para el despliegue del sistema. Este proceso también se requiere para poder realizar pruebas de ergonomía del uso del sistema como un dispositivo discreto.

Ampliar las funciones de la interface para permitir al usuario tomar capturas de células interesantes para compartirlas y gestionar conocimiento. Grabar video, permitir la conexión de una pantalla externa más grande y distintos tipos de pre-procesamiento de imagen para mejorar contrastes y nitidez también se consideran parte del despliegue.

Para concluir el despliegue, es imperativo hacer pruebas con el usuario final, es decir, el cito-tecnólogo. Para ello hay que crear un manual de usuario y procedimientos para el correcto uso de la solución. Mucha retroalimentación con el experto, un enfoque basado en UX y una documentación clara darán las herramientas necesarias para pulir la solución prototípico y convertirla en un producto final.

Posteriormente se pretenderá crear un sistema central que controle todos los dispositivos en uso. Que permita a los usuarios seleccionar y subir las imágenes que el modelo haya clasificado mal para poder reentrenarlo y mejorar su rendimiento dinámicamente. Las aplicaciones de DL sufren de una falta de datos correctamente etiquetados ya que se requieren bastantes y la validación es cara y tardada, es por ello que crear una forma de auto-mejora de la solución puede darle el empuje necesario para comportarse como se requiere dentro de la vida real.

4.4. Productividad

Durante el desarrollo de esta tesis se tuvo la oportunidad de participar en múltiples proyectos que involucran los temas y técnicas tratados en esta tesis. El amplio espectro de aplicaciones de las técnicas de IA, el rendimiento excepcional de las ConvNets en tareas de VC, la mejora de la eficiencia de los procesos dentro de una organización al ser vistos desde la perspectiva de las TI y SEs y la facilidad y velocidad del lenguaje Python permitieron la productividad académica acá expuesta.

4.4.1. Ponencia en CiLOG 2018

El Congreso Internacional de Logística y Cadena de Suministro ([Figura 4.2](#)), en su edición 2018 fue celebrado en el Palacio de Minería en la Ciudad de México los días 10 a 12 de Octubre. Surge de los esfuerzos de la Asociación Mexicana de Logística y Cadena de Suministro para congregar expertos y estudiantes en el área para divulgar nuevas investigaciones, generar conocimiento nuevo y vincular investigadores para



Figura 4.2: Congreso Internacional de Logística y Cadena de Suministro

Siendo uno de los eventos líderes en su área en América Latina, se tuvo la fortuna de poder presentar una ponencia basada en el artículo titulado:

Using Geographical Information Systems to solve Epidemiological and Obstetrical Risks within an Organization Health Supply Chain

Cuyos autores y afiliaciones fueron:

- Marco J. Del Moral-Argumedo - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba
- Alberto A. Aguilar-Lasserre - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba
- Carlos F. Vázquez-Rodríguez - IMSS / Coordinación Médica Auxiliar en Investigación en Salud

Se muestra el abstract o resumen del artículo como referencia:

Abstract—Within the Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) Delegación Veracruz Sur (DVS) over a period of several months maternal deaths have occurred due to the dengue fever vector, the mosquito Aedes Aegypti. When a pregnant woman arrived, their symptoms were confused with another syndrome which the treatment is almost 100 % lethal in pregnant women infected with dengue. Mosquito's behavior is well known so policies can be formulated to determine the risk of exposure; knowing this and by thinking treatment providing as a supply logistic chain based on the interactions within its elements, a paper and ink solution was devised to stop these deaths. Using modern software practices and Geographic Information Systems, our solution was transformed into a platform to assist decision makers within the IMSS, in real time, to evaluate risks such as disease exposure; allowing the organization to implement correct logistic policies to deal with epidemiological events. The tool can provide passive and active epidemiological oversight in both populations to evaluate obstetrical risks. Focusing on further objectives, our tool can be extended to create a Knowledge Management System that can be applied to the whole organization to provide geo epidemiological analysis and prediction. At the current state, the platform is fully functional for its intended operational use, our implementation applies parallel, asynchronous and distributed computing, and is awaiting approval to be implemented in all clinics and hospitals of the Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) Delegación Veracruz Sur (DVS).

4.4.2. Capítulo de Libro

Derivado de la ponencia en el congreso, se logró publicar el trabajo presentado en un libro publicado por la editorial Pearson ([Figura 4.3](#)), especializada en libros de texto, de divulgación e investigación. La ficha bibliográfica es la siguiente:

- **Editores:** Mauricio Lopez-Acosta, Jose Manuel Velarde-Cantu, Miguel Gaston Cedillo-Campos, Alfredo Bueno-Solano, Ernesto Alonso Lagarda-Leyva
- **Año:** 2019
- **Título:** Gestión en la cadena de suministro: Aplicaciones en Latinoamérica
- **Editorial:** Pearson.
- **Lugar:** Ciudad de México.
- **ISBN:** 978-607-32-4878-5.



Figura 4.3: Portada

El capítulo incluido es el Quinto, en las páginas 67-79. Si bien el tema del capítulo es igual al de la ponencia, se coloca el título del mismo ya que se tradujo al español para su publicación:

Uso de sistemas de información geográfica para resolver riesgos epidemiológicos y obstétricos dentro de la cadena de suministros de salud de una organización

Los autores del capítulo son los mismos del artículo y ponencia presentadas en el congreso, igualmente se coloca el abstract como referencia al ser traducido al español:

Dentro del Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) Delegación Veracruz Sur, han ocurrido muertes maternas debido al vector del Dengue, el mosquito Aedes Aegypti. Cuando una mujer embarazada llegaba a la clínica, sus síntomas eran confundidos por otro síndrome cuyo tratamiento resulta 100 % letal si la mujer embarazada está infectada. El comportamiento del mosquito es bien conocido así que se pueden formular políticas para determinar el riesgo de exposición. Usando prácticas modernas de software y Sistemas de Información Geográfica y pensando en la provisión de tratamientos como una cadena de suministros basada en las interacciones entre sus elementos, desarrollamos una plataforma para evaluar riesgos como la exposición a una enfermedad, permitiendo a la organización implementar políticas logísticas correctas para solucionar eventos epidemiológicos. La plataforma puede proveer vigilancia epidemiológica pasiva y activa en ambas poblaciones para evaluar el riesgo obstétrico. Enfocándonos en objetivos ulteriores, nuestra herramienta puede ser extendida para crear un Sistema de Gestión del Conocimiento que puede ser aplicado a toda la organización para proveer análisis geo-epidemiológico y predicción. En su estado actual, la plataforma es totalmente funcional, aplica cómputo en paralelo, asíncrono y distribuido y se encuentra esperando aprobación para ser implementado en todas las clínicas y hospitales del IMSS.

4.4.3. Estancia Internacional de Investigación

Se realizó una estancia de investigación de tres meses de duración, Junio - Agosto 2019, en Toulouse, Francia; en el Laboratorio de Ingeniería Química del Instituto Nacional Politécnico ([Figura 4.4](#)) bajo la tutela de la **Doctora Catherine Azzaro-Pantel**, experta en optimización matemática y metaheurísticas.



(a) Laboratorio de Ingeniería Química



(b) Instituto Nacional Politécnico

Figura 4.4: Instituciones francesas de la estancia

En esta estancia se trabajó con la rama de [IA](#) de los *Algoritmos Evolutivos*, que son algoritmos inspirados en la naturaleza capaz de evolucionar soluciones que den el mejor resultado posible (máximo o mínimo) de una función o modelo matemático. En concreto, se utilizó el algoritmo *NSGA2* (capaz de optimizar múltiples criterios al mismo tiempo) para evolucionar hiperparámetros que optimicen el rendimiento ya sea maximizando exactitud o minimizando pérdida, de una [ConvNet](#) aplicada a un problema de [VC](#).

Los resultados del experimento fueron sumamente prometedores. PSe maximizó la exactitud, representada en la [Figura 4.5](#) como el eje z y se tomaron dos criterios: la tasa de aprendizaje (eje y) y el número de neuronas (eje x) representado por un número entero que resuelve la ecuación 2^n . Se puede observar que el algoritmo encontró soluciones que consistentemente se aproximaban al óptimo de la exactitud y no solo ello, sino encontrando soluciones excelente con modelos menos complejos; como se expuso anteriormente en esta tesis, se favorecen siempre los modelos menos complejos debido a que son capaces de generalizar mejor.

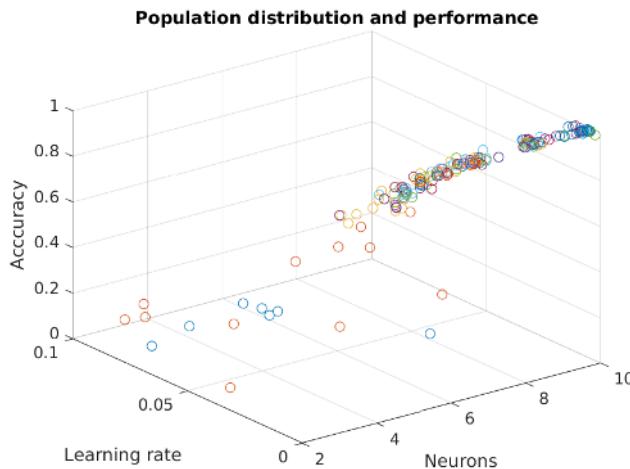


Figura 4.5: Resultados del experimento con *NSGA2*

4.4.4. Patente

Del dispositivo de *hardware*, se pretende tramitar una patente en el Instituto Mexicano de la Propiedad Intelectual ([Figura 4.6](#)). Las características necesarias para tener un mínimo producto viable para patentar son las siguientes:

1. Componentes electrónicos que incluyen el **SE**, la cámara, la pantalla táctil, antenas *WiFi*, periféricos de entrada/salida y fuente de alimentación o batería.
2. Elementos del gabinete, como lo son la carcasa para el **SE**, el soporte para la pantalla táctil, el adaptador cámara-microscopio y el anclaje del gabinete al microscopio.



IMPI
INSTITUTO MEXICANO
DE LA PROPIEDAD
INDUSTRIAL

Figura 4.6: IMPI

Con los elementos y los componentes se procede a armar el dispositivo de *hardware* creado por el diseño conceptual realizado en esta tesis, que servirá para permitir al experto cito-tecnólogo analizar de manera rápida y precisa las células vistas a través de un microscopio, todo mediante una interfaz sencilla y de fácil uso.

4.4.5. Derechos de autor

El dispositivo patentado incluirá varios *software* que deberán ser registrado en el Instituto Nacional de Derechos de Autor ([Figura 4.7](#)).



Figura 4.7: INDAUTOR

Para el producto final se tiene que hacer uso de varios programas de *software* que trabajarán en conjunto entre si y con el *hardware* para convertir el sistema en una solución capaz de ser usada por el experto. Los programas que se registrarán para derechos son los siguientes:

1. El *software* del [SE](#) que utilizará el experto dentro del laboratorio. Que incluye el módulo de captura de imagen, el módulo de inferencia y la [GUI](#).
2. El *software* que sincronizará todos los dispositivos y permitirá al experto seleccionar imágenes interesantes, mal clasificadas o relevantes y subirlas a la nube para poder ser compartidas entre colegas y para reentrenar el [SDAC](#) haciéndolo mejor conforme se generaliza su uso

4.4.6. Artículos a publicar

Se redactarán los siguientes artículos derivados del trabajo de esta tesis, los cuales se mandarán a revistas con buen factor de impacto y JCR para su publicación. Los títulos de los artículos son tentativos y pueden cambiarse:

- Clasificación citológica para cáncer cervical basado en aprendizaje profundo.
- Segmentación semántica aplicada a la detección de células atípicas cervicales.
- Detección de objetivos para clasificar células cancerígenas en tiempo real en pruebas de Papanicolau.
- Sistemas de Diagnóstico Asistido por Computadora para asistir al experto en clasificación, detección y localización de células cervicales.

Las revistas probables para publicación son las siguientes, también se colocan algunos journals de las mismas que son indicados para los temas expuestos en la tesis y los artículos a publicar.

ELSEVIER

- Engineering Applications of Artificial Intelligence
- Knowledge-Based Systems
- Expert Systems with Applications

IEEE

- Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence
- Transactions on Neural Networks and Learning Systems
- Transactions on Medical Imaging

4.4.7. Premios y distinciones

Durante los dos años de los estudios de maestría que se culminan con esta tesis, gracias al apoyo y asesoría del instituto, se pudieron ganar dos distinguidos premios en innovación de instituciones de gobierno federales.

4.4.7.1. Segunda emisión de las Olimpiadas de la Innovación IMSS

Las olimpiadas de la innovación IMSS ([Figura 4.8](#)), son un premio que trata de buscar talento dentro del instituto para resolver problemas relacionados con las siguientes categorías: tecnología, procesos, educación, analítica y big data, modelos económicos.



Figura 4.8: Olimpiadas de la Innovación IMSS

El evento de premiación tuvo lugar el 6 y 7 de octubre del año 2019, donde se presentaron los finalistas y se eligió el ganador. En total fueron 419 ideas inscritas a nivel nacional mientras que el número de finalistas fue de quince, tres por cada categoría.

Se participó en las olimpiadas con el proyecto:

Coordenadas de salud: La plataforma inteligente para el riesgo obstétrico por dengue.

Que es retoma el trabajo realizado para el congreso CiLOG y lo presenta a los expertos en salud de una manera entendible para poder estimar su valor e impacto dentro del IMSS para el instituto y los derechohabientes. En la categoría de analítica y big data se obtuvo el primer lugar, venciendo a todos los demás proyectos.

4.4.7.2. Quinto premio a la Innovación del STCM

El Quinto Premio a la Innovación Tecnológica “Ing. Juan Manuel Ramírez Caraza” para el desarrollo de proyectos con aplicación al Metro de la Ciudad de México 2018 ([Figura 4.9](#)), es un premio que se realiza año con año y surge de las necesidades del Sistema de Transporte Colectivo Metro para encontrar talento innovador para resolver los problemas técnicos y logísticos a los que se enfrenta. La ceremonia de premiación fue el 29 de Noviembre de 2018.



Figura 4.9: Medalla del quinto premio de innovación STCM

Se participó con un proyecto para utilizar una [ConvNet](#) para clasificar imágenes y detectar daños en los rieles en los que avanza el metro, su título fue:

Software de prueba basado en inteligencia artificial para la identificación y clasificación automática de daños superficiales en vías férreas del STC metro

El trabajo representa un esfuerzo interinstitucional entre el Tecnológico Nacional de México Campus Orizaba y el Instituto Politécnico Nacional de México. En el proyecto participaron el autor de esta tesis y los aspirantes a doctor Gerardo Bravo y Mario Guarneros, del grupo de tribología de la SEPI ESIME Zárate.

4.4.8. Artículo JCR

Finalmente, se colaboró en la publicación de un artículo JCR en la revistas Multi-disciplinary Digital Publishing Institute ([Figura 4.10](#)), con un factor de impacto de 2.217. Este fue publicado en un volumen especial Multi-Agent Systems 2019 que, como su nombre lo indica, se basó en la presentación de artículos relacionados con sistemas multi-agente.



Figura 4.10: MDPI

El artículo fue recibido el día 14 de Octubre de 2019, aceptado el 6 de Noviembre y publicado el 15 de Noviembre de 2019.

Los autores y sus afiliaciones son las siguientes:

- María del Rosario Pérez-Salazar - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba.

- Alberto Alfonso Aguilar-Lasserre - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba.
- Rubén Posada-Gómez - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba.
- Marco J. Del Moral-Argumedo - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba.
- José Carlos Hernández-González - Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Orizaba.
- Miguel Gastón Cedillo-Campos - Instituto Mexicano del Transporte / Laboratorio Nacional de Logística y Sistemas de Transporte.

El título del artículo fue el siguiente:

An Agent-Based Model Driven Decision Support System for Reactive Aggregate Production Scheduling in the Green Coffee Supply Chain.

El abstract se muestra a continuación:

Abstract: The aim of this paper is to contribute to the thread of research regarding the need for logistic systems for planning and scheduling/rescheduling within the agro-industry. To this end, an agent-based model driven decision support system for the agri-food supply chain is presented. Inputs in this research are taken from a case example of a Mexican green coffee supply chain. In this context, the decision support agent serves the purposes of deriving useful knowledge to accomplish (i) the decision regarding the estimation of Cherry coffee yield obtained at the coffee plantation, and the Parchment coffee sample verification decision, using fuzzy logic involving an inference engine with IF-THEN type rules; (ii) the production plan establishment decision, using a decision-making rule approach based upon the coupling of IF-THEN fuzzy inference rules and equation-based representation by means of mixed integer programming with the aim to maximize customer service level; and (iii) the production plan update decision using mathematical equations once the customer service level falls below the expected level. Three scenarios of demand patterns were considered to conduct the experiments: increasing, unimodal and decreasing. We found that the input inventory and output inventory vary similar over time for the unimodal demand pattern, not the case for both the increasing and decreasing demand patterns. For the decreasing demand pattern, ten tardy orders for the initial production schedule, an 88 % service level, and nineteen tardy orders from the estimated production results, a 77 % service level. This value falls below the expected level. Consequently, the updated aggregate production schedule resulted in ten tardy orders and an 88 % service level.

La colaboración para la realización del artículo se basó en la optimización del proceso de simulación en software mediante la traducción del modelo de lógica difusa escrito en Matlab a lenguaje Python. Posteriormente se integró el modelo traducido al software AnyLogic de simulación para usarse dentro de las simulaciones. El resultado de esto fue una reducción considerable del tiempo de simulación, de días u horas a minutos y segundos.

4.5. Conclusiones

El cáncer cérvico-uterino es un problema de salud latente a nivel mundial. Los esfuerzos para reducir su incidencia son asimétricos en el aspecto en que si bien cada día se realizan más pruebas, no se conjuga con un entrenamiento de más expertos para satisfacer la demanda que el incremento de pruebas genera.

Detectar a tiempo el cáncer es la primera línea de defensa y es la variable que más importa en la predicción de la supervivencia, no solo para el **CCU** sino para todos los tipos de cáncer.

Poder clasificar correctamente entre células normales y anormales a veces no es suficiente, también se requiere determinar el grado de lesión para que el médico pueda establecer horizontes temporales para realizar un mejor tratamiento, es por ello que tomó especial énfasis en el experimento de clasificación multi-clase.

En las aplicaciones de modelos de clasificación al área médica, se debe de poner especial atención al rendimiento del algoritmo y su evaluación para conocer como se comporta en el problema determinado. Un algoritmo aplicado a diagnóstico no puede cometer errores como clasificar una célula sana con una enferma, pero es mucho mayor problema si clasifica una célula enferma como una sana, en ese caso, puede morir gente. Medir el precisamente el rendimiento del modelo, tanto la estimación real del error de generalización así como las métricas de clasificación, nos da la certeza necesaria para determinar si sirve para diagnóstico médico o no.

El **DL** en medicina se ha topado con cierta renuencia debido a que la mayoría de los modelos se comportan como caja negra y carecen de interpretabilidad, sobre todo si se comparan con algoritmos como los Árboles de Decisión que son totalmente transparentes. Es por ello que se tomó especial atención en analizar que es lo que ve la **ConvNet** al clasificar una imagen y poder primeramente comprobar los supuestos metodológicos de investigación y segundo, saber si la red está observando la parte correcta de la imagen y hacerla más interpretable.

Si bien el paradigma actual de los **SDACs** es la automatización total del proceso de diagnóstico, el sistema no reemplaza al experto sino que está presente para asistirlo en la clasificación de células fáciles de diagnosticar, dejando el camino libre para que se enfoque exclusivamente en aquellas células que por su morfología presentan ambigüedad en su clasificación; con el objetivo de diagnosticar más muestras por jornada de trabajo, para tener mejor rendimiento en su clasificación y tener un incremento en la ergonomía del trabajo al ofrecer una pantalla en lugar del objetivo pequeño del microscopio, que fuerza al ojo y degrada la vista del experto a largo plazo, y a corto, lo fatiga reduciendo su exactitud.

El proceso de convertir una propuesta en un sistema mediante la metodología propuesta orquestado directamente por las ganas de que el trabajo expuesto en esta tesis tenga un respaldo tanto en código como en resultados. El repositorio remoto incluido en la tesis es un acompañante y complemento del desarrollo aquí expuesto. Se recomienda sobremanera su análisis al leer esta tesis.

Usar **DL** simplifica mucho la metodología general de **ML**. Las dos fases más difíciles de todo el proceso es sacar las características importantes y decisoras dentro de la imagen, usando algoritmos complejos y convertir todo en datos tabulares. Se dieron ejemplos de las fases para el uso en algoritmos más tradicionales para contrastar las ventajas del diseño conceptual propuesto.

Gracias a la **BD** del Hospital de Herlev, se pudo realizar un pase rápido por las cuatro primeras fases del proyecto. Los investigadores mantuvieron una comunicación expedita con el autor y resolvieron todas las dudas de manera precisa y amable.

La etapa de **DL** fue especialmente compleja. Las restricciones computacionales (aliviadas en gran parte por la donación de Nvidia) fueron importantes. Para poder llevar a cabo los entrenamiento, se adquirió un equipo de cómputo de última generación. Esto evidencia uno de los contras más comunes del **DL**, las restricciones computacionales. Afortunadamente la mayoría está confinada a la parte de entrenamiento, pudiendo encontrar una plataforma especializada, de bajo costo y embebida para el despliegue del modelo.

Debido a las nuevas técnicas de manufactura 4.0 como la impresión 3D, a que los **SE** ya vienen integrados en soluciones discretas con los puertos necesarios para su implementación y a los modernos frameworks escritos en lenguaje de alto nivel, legible, de código abierto y poderoso se logró realizar un diseño conceptual bastante maduro y rápido. Poder realizar un prototipado rápido y consistente es crucial para poder generar soluciones acordes a las necesidades del usuario final, en este caso, un experto cito-tecnólogo.

Configurar la plataforma e instalar las dependencias para el sistema fue un proceso tedioso y tardado, se espera que a futuro, cuando la tecnología esté mejor adoptada, se desarrolle comandos para la instalación sencillos y transparentes.

El trabajo aquí desarrollado no solo culminó en la creación de un modelo con mejor rendimiento que el benchmark, sino que tal rendimiento es muy superior a todas las alternativas antes aplicadas al problema y sus métricas cumplen las más estrictas estipulaciones médicas. Adicionalmente, se aplicó un método jamás antes intentado con la **BD** de Herlev, la segmentación semántica; obteniendo resultados interesantes cuando se probó la misma red en laminillas de campo abierto.

Si bien la idea de un microscopio inteligente no es nueva, la aplicación de este concepto con el de un **SDAC** como el desarrollado en esta tesis, puede traer beneficios a la población, a incrementar la calidad del trabajo del experto y reducir significativamente la cantidad de casos de **CCU** que están a la espera de ser diagnosticados.

El diseño conceptual final es innovador en el aspecto de que no solo conjuga las mejores tecnologías con los algoritmos más modernos, ni por la cantidad superior de pruebas de análisis de clasificación y de comportamiento neuronal, sino que por las características en su integración y posterior despliegue, su enfoque a asistir a la toma de decisiones en lugar de automatizarlas y por la posibilidad de mejorar el rendimiento no de un proceso sino de un experto humano, rompe con todos los paradigmas previos asociados tanto en **DL**, **SDACs** y en la **IA** de la actualidad.

Apéndice A

Propuesta para donación

A.1. Propuesta

Research Website: <http://www.itorizaba.edu.mx>

Which libraries do you use or interested in using? (Select main one, but no more than 3): CuDNN, NPP, OpenCV

Research Domain/Field of Interest (Select main domain based on project but no more than 3): Artificial Intelligence, Computer Vision and Machine Vision y Medical Imaging

Programming interfaces/language solutions used for GPU acceleration (Select no more than 3): Anaconda, Python, Matlab

Which Deep Learning Framework are you using (eg. TensorFlow, Torch, etc.): Tensorflow, Keras, PyTorch

Statement of Proposed Research:

Cervical Cancer screening is a demanding procedure for the human expert. Their training is done using a Data Base that serves as the Gold Pattern for all technicians and they are evaluated exhaustingly to achieve high levels of certainty, also, the training ensures that the technician is capable to detect even the most little anomaly within a Papanicolaou test smear as viewed with a microscope. As the job consists of meticulously screen each individual cell for anomalies, it inflicts stress in the technician's eye and in the long term it can harm his or her vision permanently. Also, the volume of work increases as the availability of the test becomes widespread within vulnerable populations. [1] The technician only have to detect one single anomalous cell to tag the samples as cancerous, the sample is next passed to the pathologist for correct diagnostics. The need for a system that helps the technician in the screening problem increases as the accumulation of unreviewed samples becomes critical, this is because the technician can't overwork his or her eyes (most technicians overwork their eyes to meet the quotas).

The problem is simple, detecting one anomalous cell inside a pap smear test using a stock microscope. Our solution involves a system to detect anomalous cells and an embedded implementation of such system using a single-board computer (of low cost).

Cell detection is going to be done with Deep Learning techniques as previous work with other Artificial Intelligence techniques have been fructiferous. Our research showed that Deep Learning is achieving high certainty and reliability in fields such as Computer Vision, Image Classification and, important for this project, Object Detection and its use in Medical Image Processing and Computer-Aided Diagnosis is state-of-the-art. [2]

This project is going to serve as a starting point to teach and train researchers in novel artificial intelligence algorithms and frameworks to tackle Industrial Engineering problems not only within IMSS but in industries also.

As the principal problem of developing and deploying Deep Learning models is the amount of data available to build a particular model, our partnership with the Mexican Social Security Institute is invaluable. They not only will provide the same Golden Pattern database in which experts are trained, but are also will provide medical experts and manpower to collect and improve such database with field taken samples that will resemble the exact conditions on which the detection device is going to be used. Tailored Digital Image Processing algorithms are going to be applied to help the DL model by reducing variations and improving contrast, lighting and hue for better detection, GPU will help us to quickly test several of them and pick the best one.

We aim to build a reliable database for training and testing different DL models: Convolutional Neural Networks, Fully Convolutional Networks, Capsule Networks and research for multi-input models that will include an image model and another one (like LSTM for medical record analysis) for diagnosis and not only for screening. Also, as our faculty members have expertise using optimization techniques like Evolutionary Algorithms, Particle

A.1. PROPUESTA

Swarm, Ant Colony, Monte Carlo and we will use them in hyper-parameter optimization tasks which are suited for GPU acceleration.

There exists a zoo of Deep Neural Networks architectures that are suited for a specific or a broad spectrum of problems. Given that, we are going to test several of these architectures: ResNet and its variants, VGG and its variants, GoogleNet, AlexNet, RetinaNet, Yolo and its variants, etc. Training methodologies are going to be as follow: Transfer Learning as a Feature Extractor, Transfer Learning with Fine Tuning and, as we will get a large database, training from scratch. We will try several datasets, and pre-trained networks in this project.

Sample variation are caused by different preparation and methods used to get a Papanicolaou Smear Test from a patient. Nurse skill and patient condition decrease sample quality. Also, variation can come from the staining procedure, as each nurse can prepare the sample with different concentrations of staining chemicals. We will reduce this variation using DPI as proposed before and during the Data Augmentation phase of DL training, modifying the image to simulate different staining concentrations, blood presence and erasing known impurities.

We want to get two models using this approach: the best overall model and the best model that can be implemented in a single-board computer and provide real life performance. Several of them will be tested, being Raspberry Pi the most obvious candidate we will try other vendors and boards such as Asus Rock. The cost of the final device is an important constraint so we will keep our choices cheap as possible; Intel Movidious is also considered as it can boost the performance of these cards in DL tasks.

We also aim to propose novel network architectures and test them against the previous approach so we can get insight of how these models behave and strengthen our knowledge in these new Artificial Intelligence Methodologies. Capsule Networks are going to get special attention as they seem to manage rotation and orientation more precisely, characteristics greatly present in cell analysis. [3]

We plan to use and apply the model generated by this project to improve research in other areas in Medical Imaging and Computer-Aided Diagnosis, in particular, cytological analysis, detection and classification. Traditional statistical analysis and inference will be used to determine the best overall model, as we plan to train and test several of them with the help of the GPU.

Python language will be used to interface with C++ libraries that will power the DPI algorithms and DL training. OpenCV has reliable Python bindings and we will leverage this to implement the full application in the board's LINUX Operative System. Bindings to CuDNN are present in TensorFlow (TF) and PyTorch modules, we will test both; Keras will be used for prototyping and a high level API for TF

The final solution will be a device that, connected to a microscope, will assist the expert in detecting anomalous cervical cells. Adapters are going to be 3d printed to attach the camera to the microscope. The system has the benefit of a screen to easily analyze the sample. The technician surveys the whole sample looking for a single anomalous cell and the system will detect these cells and provide insight in the form of a probability (using softmax). The expert will only have to put the eye in the microscope when difficult or peculiar cases are present, increasing efficiency and reducing eye stress.

As an overall goal, we are aiming to provide an improved Treatment Supply Chain, leveraging our partnership with health organizations. We propose three more steps after our screening solution:

- **Diagnostics:** Our previous work using techniques such as Fuzzy Logic and traditional DPI for cancer screening serves as a foundation to achieve our overall goal. We can overcome our limitations in model complexity and computational power by using GPUs to accelerate Fuzzy Models and Fuzzy Image Segmentation; allowing us to create new and improve previous models with more rules for better inference power. [4] [5] Colposcopy image analysis using Deep Learning is also considered.

- **Epidemiology:** Medical data already gathered can be analyzed to provide epidemiological insight about cancer, high volumes of this data are available; we can evaluate risks in groups divided by age, income level, etc. Algorithms like K-Means (for segmentation) can be accelerated inside GPU allowing us to process patient data with effectiveness.
- **Prevention:** After identifying high risk populations, we can then take this insight and join it with regular patient data that is generated daily inside clinics (mostly Excel files). XG-Boost is the standard algorithm for processing tabular data and, as patient data is the most abundant kind of data inside the Treatment Supply Chain, we can make use of GPU acceleration to improve our boosting models.

1. Jusman Y. Intelligent screening systems for cervical cancer. *Scientific World Journal*. 2014.
2. Zheng Y. Review of Deep Learning Methods in Mammography, Cardiovascular, and Microscopy Image Analysis. *Advances in Computer Vision and Pattern Recognition*. 2017.
3. Tajbakhsh N. On the Necessity of Fine-Tuned Convolutional Neural Networks for Medical Imaging. *Advances in Computer Vision and Pattern Recognition*. 2017.
4. Gómez-Posada R. Development of an expert system as a diagnostic support of cervical cancer in atypical glandular cells, based on fuzzy logics and image interpretation. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*. 2013.
5. Y. Z. Parallel fuzzy connected image segmentation on GPU. *Medical Physics*. 2011.

Equipment Requested: GeForce

Do you have or will you purchase a workstation or system to house the donated GPU?: Yes

Are you interested in sharing your work with the GPU community?: Yes

A.2. Correo de aceptación

De: "NVIDIA GPU Grant Program" <gpu.grants@nvidia.com>
 Fecha: 16 de noviembre de 2018, 10:25:15 GMT-4
 Para: rubenrgm@gmail.com
 Cc: NVIDIAGPUGrant@nvidia.com
 Asunto: NVIDIA GPU Grant Approved - Ruben Posada-Gomez
 Responder a: NVIDIAGPUGrant@nvidia.com

Hi Ruben,

We have reviewed your NVIDIA GPU Grant Request and are happy support your work with the donation of 1x Titan V to support your research. We will ship via FedEx/DHL to the address you listed in the form below. Please respond within 48 hours if you are unable to house the GPU, unable to clear customs or the address, email or phone number you have provided is incorrect. If you are unable to house the GPU or the shipment is unable to be delivered for whatever reason we will not be able to re-ship. We expect the GPU will ship within the next two weeks.

When the GPU ships you will receive a courtesy email from our shipping team, AVNET, with the tracking number and with delivery 3-4 days after that.

We ship donated GPUs with a commercial invoice per shipping regulations. The price listed on the commercial invoice is the donation value not the price you would purchase online or from a vendor at MSRP price. We also ship so we pay all fees if the country will allow it. You may be asked to fill out a short customs form and provide a university FOB#.

Please ensure that the GPU is powered properly as per the information found here: <https://developer.avnet.com/hw-grant-supplemental-info>.

If this hardware donation results in any publications or reports, we kindly ask that you acknowledge "NVIDIA Corporation". This is one way we track and justify our programs and adding "NVIDIA Corporation" to your acknowledgement will help us more easily track. We trust your judgment in how you acknowledge NVIDIA Corporation, however here are a couple samples: "The Titan V used for this research was donated by the NVIDIA Corporation" or "We gratefully acknowledge the support of NVIDIA Corporation with the donation of the Titan V GPU used for this research." You are also encouraged to acknowledge NVIDIA Corporation in any contacts with the news media or in general articles.

This equipment donation will come as an unrestricted gift to support your research, however it is not for resale. As part of the GPU Grant Program, you will receive occasional newsletters and requests to complete surveys. While you are free to opt out of the newsletter at any time, we ask that you complete the infrequent surveys. These are important for tracking and justifying our academic programs, and cover topics such as updates on your GPU related courses, publications and research progress.

All the best,

Academic Program Team

Figura A.1: Correo de aceptación para la donación

Apéndice B

Comparativa de arquitecturas

En este anexo se mostrarán los resultados de los experimentos para buscar el mejor algoritmo para TL aplicado al análisis de imágenes citológicas de CCU.

B.1. DenseNet201

En la [Figura B.1](#) las gráficas de exactitud y pérdida tanto en entrenamiento como en validación. Se nota que el modelo se desempeña bien en ambas métricas en la fase de entrenamiento, sin embargo, la exactitud en validación se estanca en 86 %.

La [Tabla B.1](#) muestra época por época los valores de cada métrica de evaluación. Podemos ver claramente que la exactitud en validación alcanza su meseta a partir de la época número dos. Quizás con mayor entrenamiento pueda alcanzar mejores exactitudes.

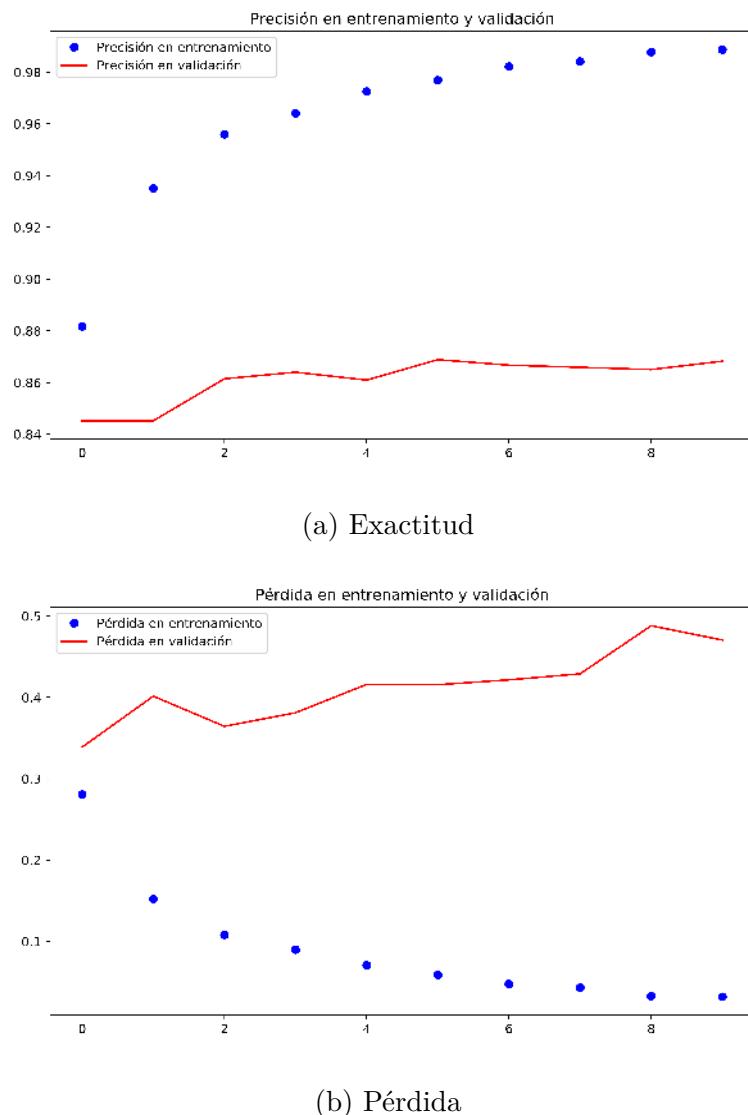


Figura B.1: Gráfica de resultados DenseNet201

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8816813261163735	0.28077716838079475	0.8452333860759493	0.33892060240989996
1	0.9350262178619756	0.1519903604430178	0.8452333860759493	0.40150484546453136
2	0.9559651275999663	0.10801195268323688	0.8614787541048861	0.3644524866436854
3	0.9641407307171854	0.089956263396367248	0.8640229430379747	0.3811593785693374
4	0.972554911337763	0.07088062347590966	0.8609811921584237	0.41602436602575316
5	0.9769325101488497	0.05883671183527242	0.868868670886076	0.41559964578740205
6	0.982225231706801	0.04784070313050306	0.8667529107373868	0.4215865283122002
7	0.9841635656292287	0.043350681534959495	0.8659018987341772	0.42896874621510506
8	0.9877904270176479	0.03282767813877416	0.8650612001194149	0.4881055260050984
9	0.9886882611637348	0.03197787917585834	0.8682753164556962	0.47052457004408293

Tabla B.1: Tabla de resultados DenseNet201

B.2. InceptionResNetV2

En la [Figura B.2](#) las gráficas de exactitud y pérdida tanto en entrenamiento como en validación. Vemos que el modelo se desempeña bastante similar al anterior, con la exactitud alcanzando un máximo en aproximadamente 86 %. En la [Tabla B.2](#) podemos ver época por época los valores de cada métrica de evaluación. Podemos ver claramente que la exactitud en validación alcanza su meseta a partir de la época número dos. Quizás con mayor entrenamiento pueda alcanzar mejores exactitudes, ya que en las épocas finales tenemos una mejoría considerable.

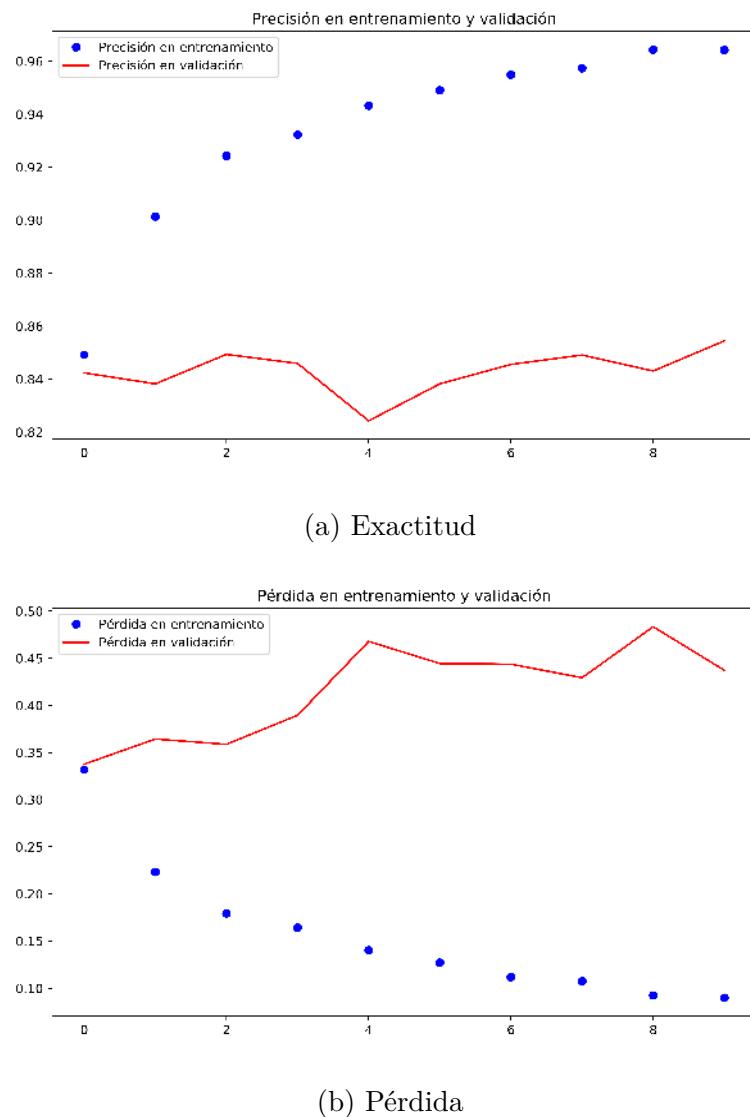


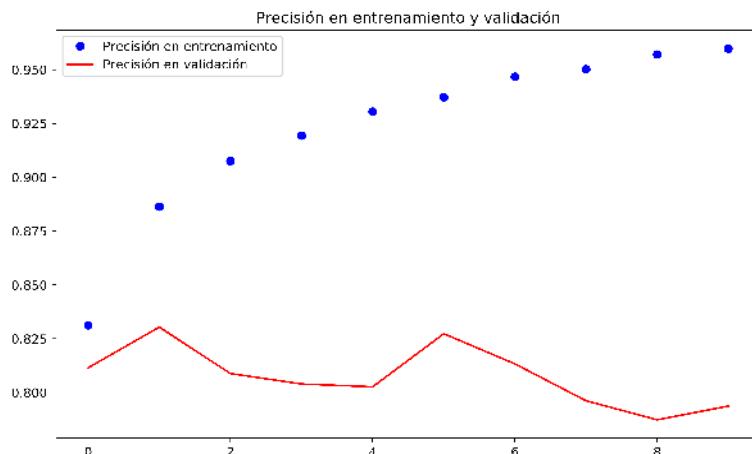
Figura B.2: Gráfica de resultados InceptionResNetV2

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8492050067658998	0.3318183500123121	0.8423655063291139	0.3375841017953957
1	0.9013447225981055	0.22333102560374024	0.8382120253164557	0.36431452565932576
2	0.9242667907978155	0.17927562374550843	0.849338242611205	0.3586960219959691
3	0.9322987144790257	0.16420369250485636	0.8459256329113924	0.3894995019028458
4	0.9432053832004051	0.14026918872819438	0.8242611205095034	0.46785515184088344
5	0.9490654600811907	0.127112085869251	0.8382120253164557	0.4444301720661453
6	0.9549071056777522	0.11169852065830166	0.8455567718180913	0.44374521763980274
7	0.9573325439783491	0.10748760122931858	0.8490901898734177	0.42932562841267524
8	0.964344661223903	0.09241010912588525	0.8430689620857796	0.4834341069977964
9	0.9642887347767253	0.08981058969892088	0.8544303797468354	0.4372948621270023

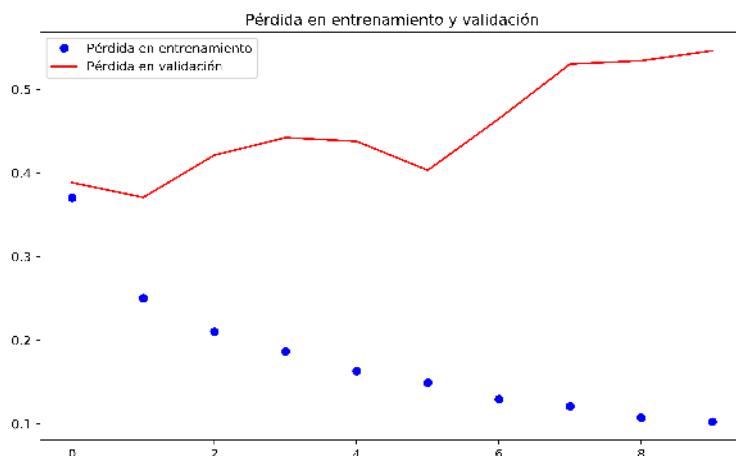
Tabla B.2: Tabla de resultados InceptionResNetV2

B.3. InceptionV3

En la [Figura B.3](#) notamos un desempeño excelente en la fase de entrenamiento, pero en validación tenemos un rendimiento deficiente. En la [Tabla B.3](#) podemos ver como la exactitud en validación fluctúa por debajo y por arriba del 80 %.



(a) Exactitud



(b) Pérdida

Figura B.3: Gráfica de resultados InceptionV3

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8312753721244925	0.37030398910197254	0.8115110759493671	0.3884746979309034
1	0.8863328822733424	0.25030760747331404	0.8303995253164557	0.3707956474604486
2	0.9075712048627524	0.2101220147314273	0.8088367001691711	0.4213309813902881
3	0.9193800744248986	0.18636871452905812	0.803995253164557	0.4422619576695599
4	0.9305091201338344	0.1631108493980045	0.8026669320330381	0.4377892488382238
5	0.9372039918809202	0.14921693205934256	0.8273338607594937	0.40324580018656164
6	0.9467180159821563	0.12960461062618467	0.8133147576873321	0.46483026586227577
7	0.9502494925575101	0.12098936297009537	0.796182753164557	0.5302235189872452
8	0.9570654703814115	0.10743719277253652	0.7873420240819982	0.5341834621667758
9	0.959721752368065	0.1025027072256247	0.7937104430379747	0.54613812324367

Tabla B.3: Tabla de resultados InceptionV3

B.4. MobileNet

El rendimiento de esta red se muestra en la [Figura B.4](#), donde se nota la tendencia a mejorar del modelo conforme pasan las épocas, aunque lo hace muy lentamente. La [Tabla B.4](#) nos muestra que la exactitud en validación se estanca alrededor del 88 %, es probable que mayor entrenamiento mejore la exactitud.

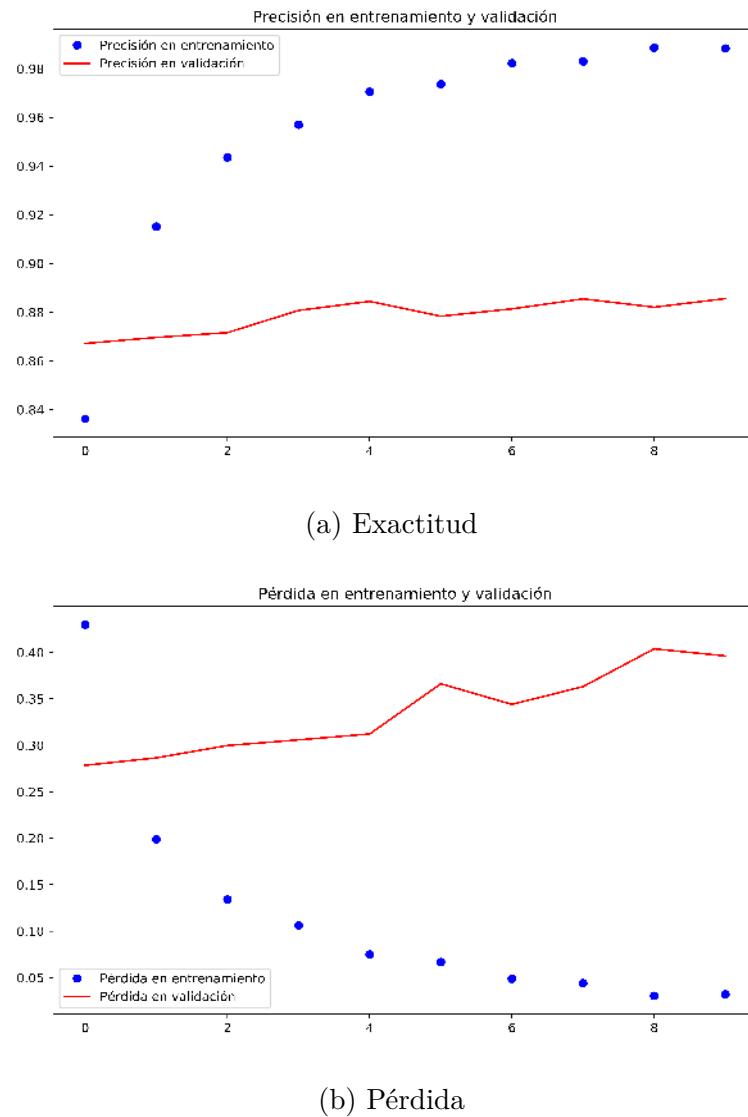


Figura B.4: Gráfica de resultados MobileNet

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8362652232746955	0.42970931153941055	0.8671875	0.2784600118293038
1	0.9151513870094723	0.1990110754502965	0.8696598101265823	0.2864763741440411
2	0.9435016293386251	0.13422357799870246	0.8716290178127177	0.299755587320625
3	0.9569731055480379	0.10609430402860105	0.8807357594936709	0.3058296863131131
4	0.9705023487960547	0.0751105922989781	0.8844661160314459	0.31218606474837984
5	0.9736129905277402	0.06679317291576481	0.8783623417721519	0.3662027230462696
6	0.9822463921452452	0.048744907227324594	0.8813812319633795	0.3440347693445958
7	0.9828949594046008	0.044067785073278395	0.8854825949367089	0.3631645980043502
8	0.9885522028041646	0.03048922039637478	0.8820778186884267	0.40379064415732313
9	0.9882653924221921	0.032184116271780035	0.8855814873417721	0.3961664696660223

Tabla B.4: Tabla de resultados MobileNet

B.5. MobileNetV2

Esta red alcanzó un rendimiento similar al anterior en entrenamiento, llegando a resultados mediocres en validación (Figura B.5). La siguiente tabla (Tabla B.5) nos muestra que el modelo es incapaz de superar el 80% de exactitud, puede que con mayor entrenamiento esto se logre.

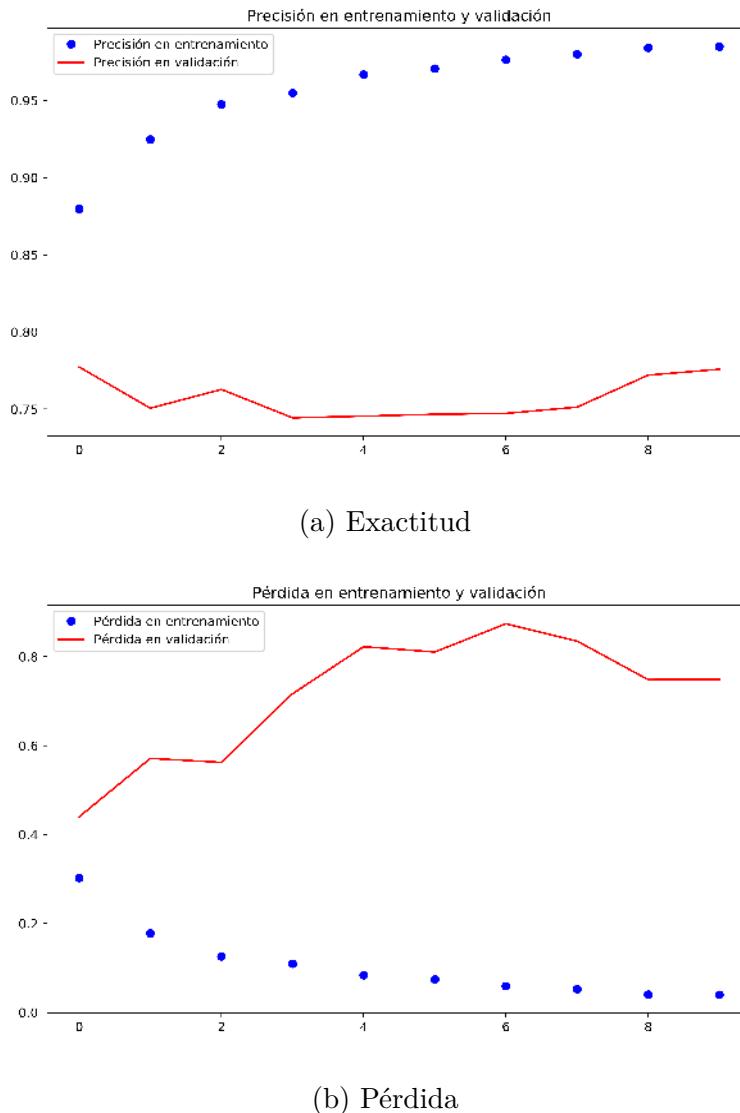


Figura B.5: Gráfica de resultados MobileNetV2

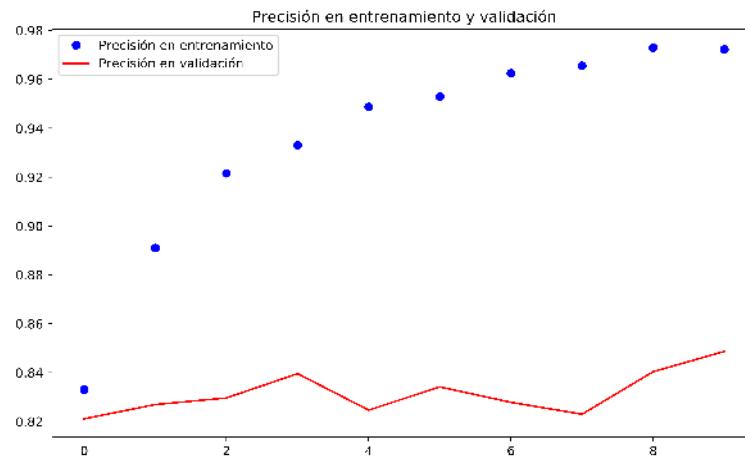
B.6. NASNETLARGE

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8797149864682002	0.3023628726430207	0.7772943037974683	0.43990715998637525
1	0.9247505074424899	0.17749918395393757	0.7505933544303798	0.571203210308582
2	0.9475221126606967	0.12600660631276653	0.7627624639267588	0.5624308975862369
3	0.9548376184032477	0.1094223103575479	0.7443631329113924	0.7165416765816605
4	0.9668204325042267	0.08351769058360253	0.7454473081898696	0.8224829340090217
5	0.970674052774019	0.07430213580414632	0.7466376582278481	0.8105858679436431
6	0.9763849506961785	0.05905494801061996	0.747238531197134	0.874111269443044
7	0.9799137347767253	0.05209601325195923	0.7512856012658228	0.8351328080590767
8	0.9841508316052309	0.04006103388120085	0.7720171161309584	0.7483123965032772
9	0.9848401556156969	0.039595637805709495	0.775810917721519	0.748939653363409

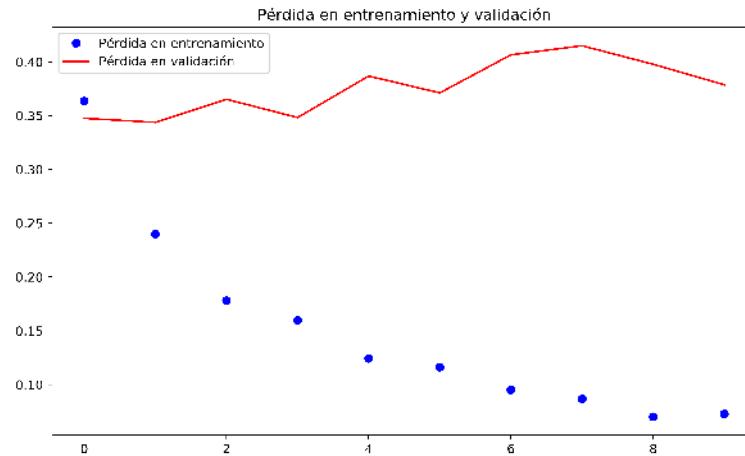
Tabla B.5: Tabla de resultados MobileNetV2

B.6. NASNetLarge

La [Figura B.6](#) muestra el rendimiento de esta red, excelente rendimiento en entrenamiento con un rendimiento en validación que no cumple el cometido. La [Tabla B.6](#) nos muestra que si bien la exactitud en validación aumenta, lo hace a una tasa demasiado baja, aunque mayor entrenamiento si se pueda traducir en mejor exactitud.



(a) Exactitud



(b) Pérdida

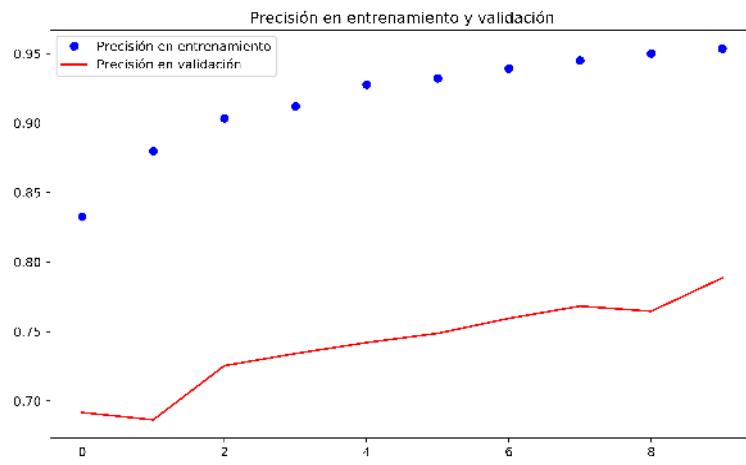
Figura B.6: Gráfica de resultados NASNetLarge

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8330302774018945	0.3635981563221618	0.8211036392405063	0.34748237391438663
1	0.8910478687415426	0.24000021549135808	0.8269382911392406	0.34373047212256663
2	0.9215582546769471	0.17807241957834125	0.8296347895312967	0.36517047279449777
3	0.9330387347767253	0.1596698452377029	0.8395965189873418	0.34820441430128074
4	0.9487917389673539	0.12433579072329107	0.8246591700666733	0.38676544198517415
5	0.9529347090663058	0.11612441493588953	0.8341574367088608	0.3711342213651802
6	0.9625460239384812	0.09507849778516661	0.8278435665240322	0.406486204115879
7	0.9656207713125846	0.08677687909181894	0.8229825949367089	0.41494361462095114
8	0.9729569596530692	0.07003484494311583	0.8403821275748831	0.39771304260807755
9	0.972302097428958	0.07279701275859377	0.8486946202531646	0.3786456268988078

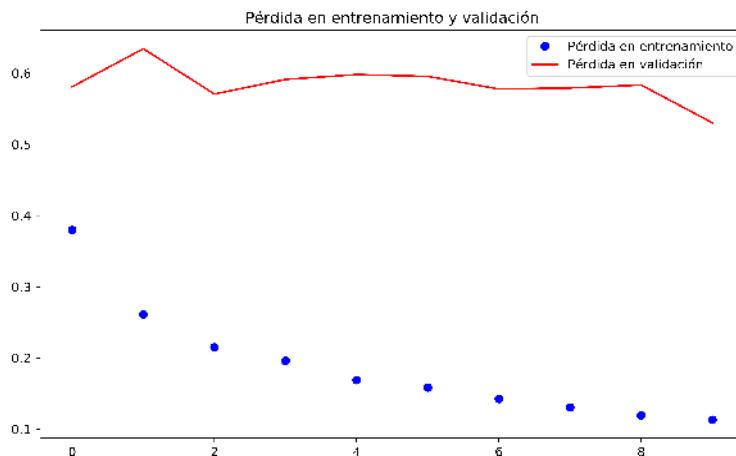
Tabla B.6: Tabla de resultados NASNetLarge

B.7. NASNetMobile

Las gráficas de validación y pérdida de esta red muestran una clara tendencia a mejorar entre más épocas se use para el entrenamiento (Figura B.7). Esto lo podemos corroborar en la Tabla B.7 donde se nota una clara mejoría en las épocas 7, 8 y 9.



(a) Exactitud



(b) Pérdida

Figura B.7: Gráfica de resultados NASNetMobile

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8326285520974289	0.37967929383172716	0.6917523734177216	0.5808788781301885
1	0.8796515561569689	0.26129658017131085	0.6865110759493671	0.6342987740718866
2	0.9033602776148623	0.21482689011903658	0.7254453179420838	0.5706850046517896
3	0.9119164411366711	0.1957600022664896	0.7341772151898734	0.591176067349277
4	0.927588979628523	0.16898421533278077	0.7420638869539258	0.5980510416226892
5	0.9321084235453315	0.158301555033627	0.7487143987341772	0.5954727270180666
6	0.9390579372829829	0.14246062440173757	0.7594785550801074	0.5776337250779373
7	0.9450482070365359	0.13039879189332865	0.7682950949367089	0.5791610358636591
8	0.9499555630641319	0.11926576506269684	0.7645536869340233	0.583304791845909
9	0.9534210081190798	0.11307193848514911	0.7885680379746836	0.5303030423348463

Tabla B.7: Tabla de resultados NASNetMobile

B.8. ResNet50

Esta red fue la primera en alcanzar el 90 % de exactitud en el conjunto de validación, aunque se nota un incremento bastante marcado en la pérdida, como se muestra en la [Figura B.8b](#). La exactitud se estanca en 90 % en la época número 3, no se nota una mejoría en esta métrica conforme pasan las épocas del entrenamiento, esto se puede ver en la [Tabla B.8](#)

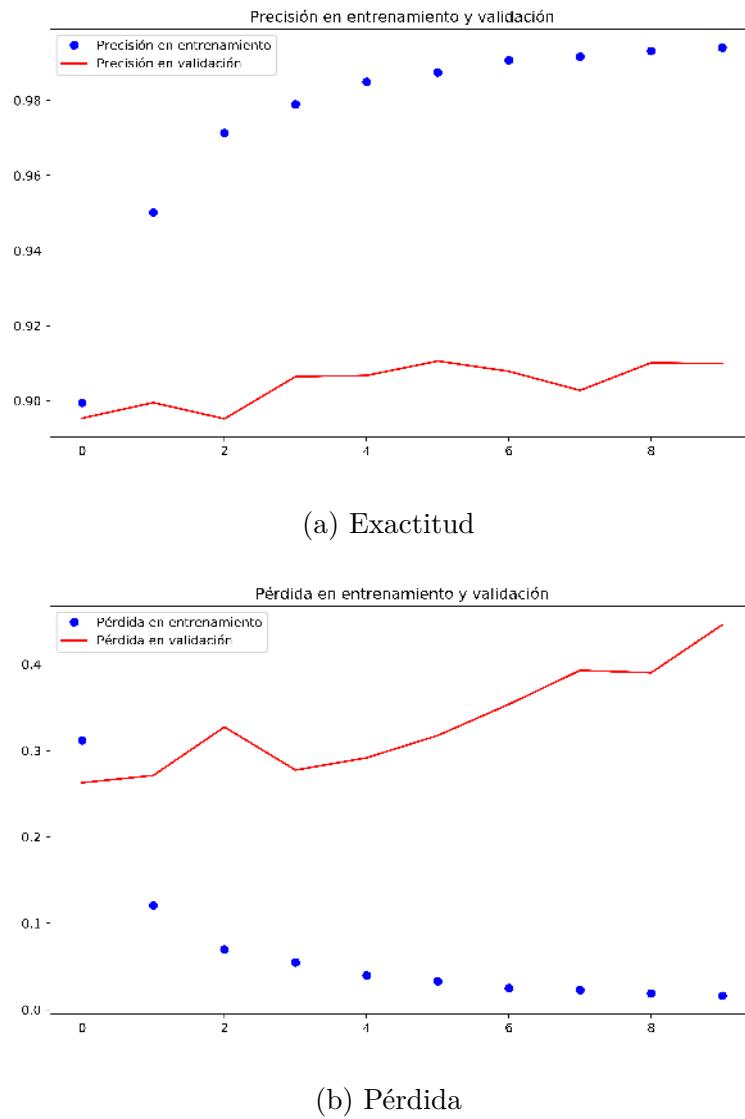


Figura B.8: Gráfica de resultados ResNet50

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.899484100135318	0.3117557377459958	0.895371835443038	0.2628013225908898
1	0.9501437753721245	0.12076623622121363	0.8995253164556962	0.27120620693681363
2	0.9713276058928593	0.0696705519731154	0.8952134540750324	0.32729914504765917
3	0.9789622801082544	0.05473358389550974	0.9064477848101266	0.2774377392628525
4	0.9849549282509785	0.03981641031540935	0.9067568912329586	0.2916464946771846
5	0.9874619418132612	0.032968766918797826	0.9106012658227848	0.3174893452278987
6	0.9907105675078239	0.025025646814726393	0.9078515275151756	0.35361316304972973
7	0.9916906292286874	0.022733845711597974	0.9027887658227848	0.39281232117474835
8	0.9931651783824961	0.018836676017742485	0.9101403124689024	0.39011483498978633
9	0.9940586941813261	0.01612485159019636	0.9099090189873418	0.4456694410005702

Tabla B.8: Tabla de resultados ResNet50

B.9. VGG16

Esta red tuvo un rendimiento excepcional tanto en validación como en entrenamiento, alcanzando el 98% de exactitud en pocas épocas. En la [Figura B.9](#) se ve que ambas métricas se mantienen muy cerca la una a la otra tanto en validación como en entrenamiento. La [Tabla B.9](#) muestra claramente que incrementar el número de épocas mejorará considerablemente el algoritmo, sin embargo, también podemos inferir que a partir de ciertas épocas más entrenamiento será redundante.

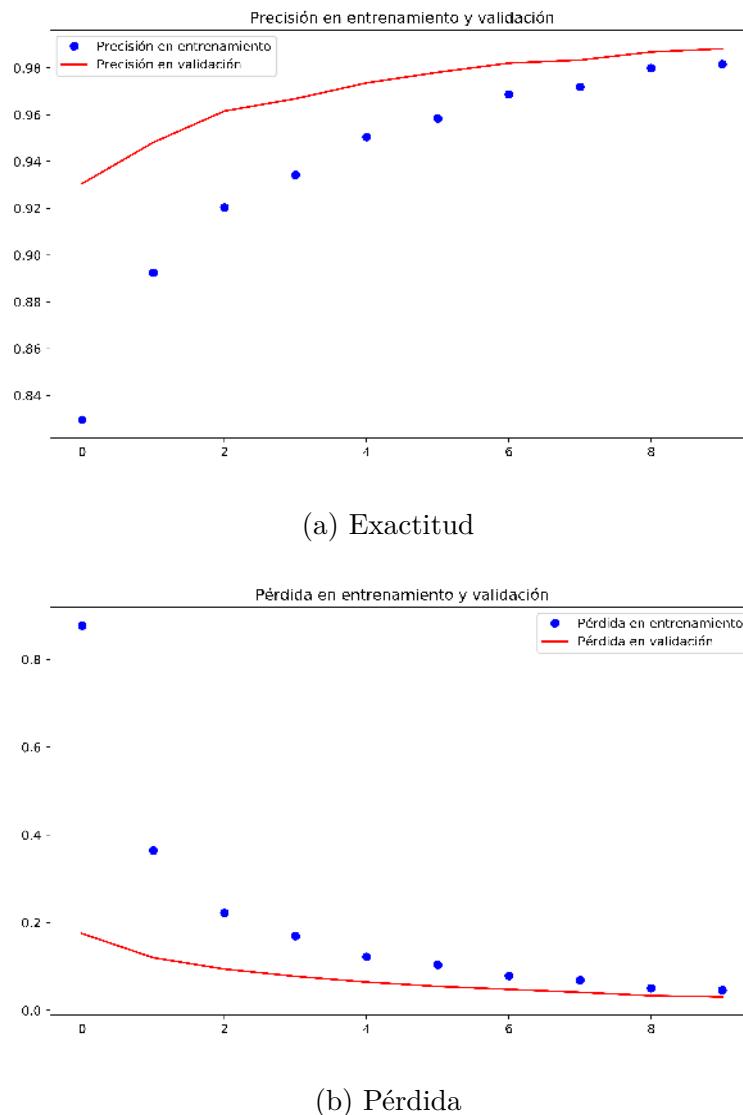


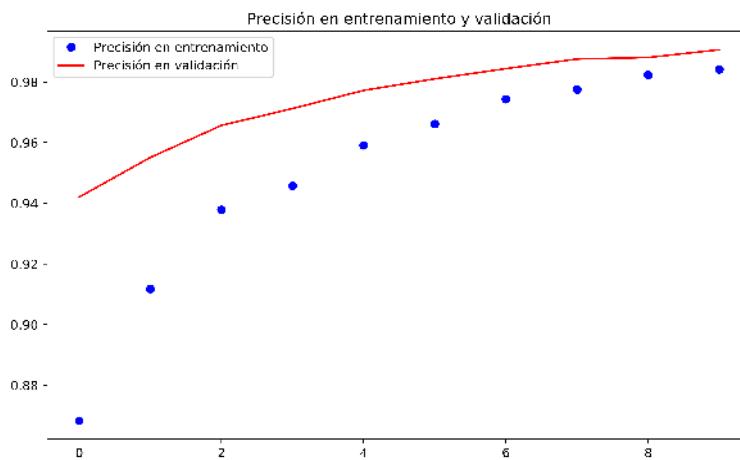
Figura B.9: Gráfica de resultados VGG16

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8296050405953992	0.8766207314614353	0.9305775316455697	0.17516528315181973
1	0.8924644790257105	0.36414785753728895	0.9481803797468354	0.12012135139607553
2	0.9203944305751239	0.22224532377888132	0.9615882177331078	0.09430281249684877
3	0.9342439106901218	0.16952804427125134	0.9668710443037974	0.0776767722048054
4	0.9504845740428967	0.12218478160524718	0.9736292168374963	0.06462181986997538
5	0.95843200270636	0.10406335292091651	0.9781447784810127	0.05486655662637911
6	0.968703711525768	0.0784474477913519	0.9820877699273559	0.0480454366460275
7	0.9719003721244925	0.06905139401159344	0.9833860759493671	0.04134532926556996
8	0.9799822252317067	0.050611904646344116	0.9868643646133943	0.03354377188555861
9	0.9816474966170501	0.046232580556061637	0.9882318037974683	0.03107445828669669

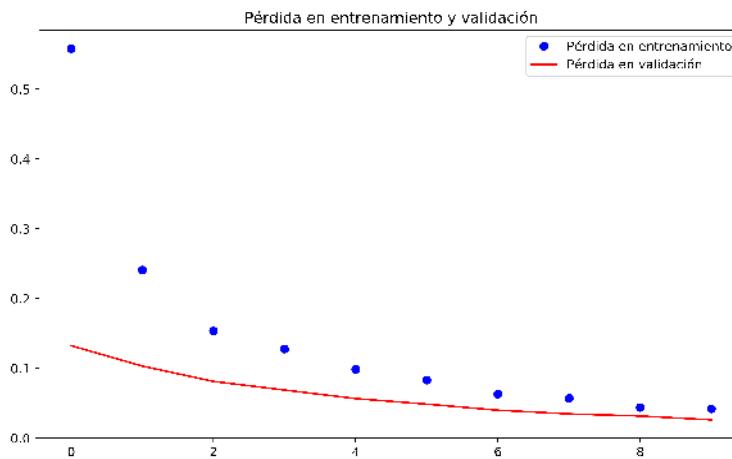
Tabla B.9: Tabla de resultados VGG16

B.10. VGG19

Como su hermana menos compleja, esta arquitectura tuvo un rendimiento increíble en el experimento como podemos ver en la [Figura B.10](#). Lo ideal es que los valores de exactitud y validación estén muy cercanos el uno del otro, por lo que esta arquitectura promete bastante para candidato a solución. Más entrenamiento incide directamente en el rendimiento de esta arquitectura como se ve en la [Tabla B.10](#), donde alcanzamos una exactitud bastante buena del 99 %, lo más importante es que la diferencia entre ambas métricas en validación y entrenamiento se mantuvieron bastante cercanas.



(a) Exactitud



(b) Pérdida

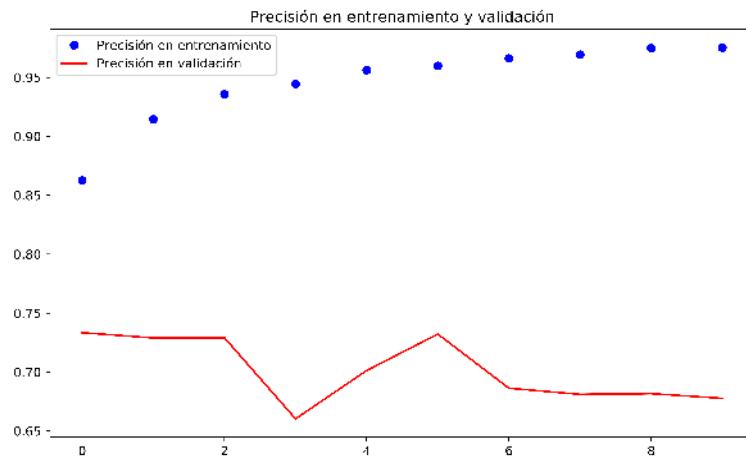
Figura B.10: Gráfica de resultados VGG19

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8683186738836265	0.5580972872588769	0.9420490506329114	0.1325586244841165
1	0.9117684370771313	0.24098005698280503	0.9551028481012658	0.1033153446815625
2	0.9378306318506919	0.15380213250995686	0.9656682256940989	0.08131238947176606
3	0.9457036535859269	0.12768774472570227	0.9712223101265823	0.06897968155202232
4	0.9590968724720628	0.0985573873950517	0.9772116628520251	0.05667709522464582
5	0.9661493572395129	0.08310470300952177	0.9810126582278481	0.04876951886564965
6	0.9743112277135034	0.0630415225433604	0.9843765548810827	0.04004980926387142
7	0.977461096075778	0.0572407322088874	0.9875395569620253	0.0347622865766782
8	0.9822887130069987	0.04393813427692342	0.988058513284904	0.03170803932482146
9	0.9840789918809202	0.04198940832891561	0.9906052215189873	0.026288715354387968

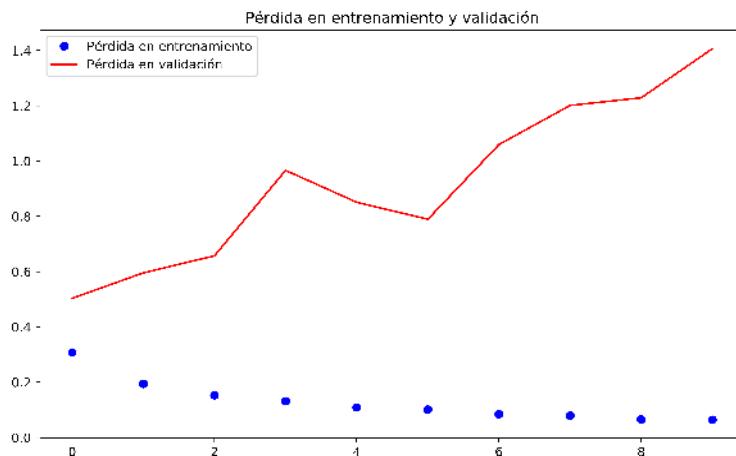
Tabla B.10: Tabla de resultados VGG19

B.11. Xception

Por último, tenemos una red cuyo rendimiento se muestra en la Figura [Figura B.11](#), su rendimiento comparado con las dos arquitecturas anteriores fue mediocre. La Tabla [Tabla B.11](#) muestra que la red en lugar de mejorar, empeoró con el tiempo.



(a) Exactitud



(b) Pérdida

Figura B.11: Gráfica de resultados Xception

APÉNDICE B. COMPARATIVA DE ARQUITECTURAS

epoch	acc	loss	val_acc	val_loss
0	0.8625253721244925	0.30741696702933924	0.7333860759493671	0.5034336962654621
1	0.9143902232746955	0.1939845431964033	0.728935917721519	0.5954719927114777
2	0.9357569088856745	0.15276259541009554	0.729127276345905	0.6570837557898216
3	0.9444773342354533	0.13137920240648546	0.6603045886075949	0.9662149537213242
4	0.9560286089001641	0.10863489173978619	0.7012638073440143	0.8510272021150812
5	0.9598274695534507	0.10083910081843078	0.7321993670886076	0.7893166660885268
6	0.9661432984891447	0.0841273223752106	0.6862374365608518	1.0596839870216954
7	0.9693208728010826	0.07921399794650014	0.6810719936708861	1.2012007598635517
8	0.9748190782361662	0.06538025231661368	0.6816598666533984	1.228773214118482
9	0.9751353179972937	0.06394890223784783	0.6777096518987342	1.4063063856167128

Tabla B.11: Tabla de resultados Xception

Apéndice C

Resultados por época de entrenamiento

C.1. Rendimiento por época para clasificación binaria

epoch	accuracy	loss	val_accuracy	val_loss
0	0.8827033	0.419513107	0.9474227	0.118682482
1	0.9283047	0.17528185	0.961134	0.088489389
2	0.94892323	0.124432031	0.9728866	0.065841405
3	0.96143186	0.093867286	0.9801031	0.0513063
4	0.9698969	0.074168698	0.98556703	0.040000276
5	0.9766896	0.057934638	0.988866	0.030270838
6	0.9813631	0.048139903	0.9913402	0.025073322
7	0.9845819	0.039711648	0.99206185	0.021706851
8	0.9878465	0.032018139	0.9947423	0.015454103
9	0.9896563	0.027154998	0.995567	0.013257745
10	0.9912028	0.02330239	0.996701	0.010313523
11	0.9921306	0.020962912	0.996701	0.009787825
12	0.9928179	0.01924452	0.9971134	0.008380722
13	0.9944788	0.014952821	0.9971134	0.007245933
14	0.9947079	0.014785609	0.9984536	0.005240948
15	0.995189	0.012882281	0.99824744	0.005883009
16	0.9958076	0.011645413	0.9984536	0.005133419
17	0.99618554	0.010449188	0.9981443	0.00519743
18	0.99632305	0.009822908	0.9980412	0.004843784
19	0.99672395	0.009240456	0.9984536	0.003900486
20	0.9970676	0.008188531	0.9985567	0.004496421
21	0.997079	0.008300663	0.99927837	0.002622378
22	0.99750286	0.007086426	0.9989691	0.002751585
23	0.9976403	0.006975576	0.99927837	0.002237678
24	0.9978923	0.006188512	0.9989691	0.003535998
25	0.99783504	0.006794317	0.99886596	0.003619582
26	0.99799544	0.005615393	0.99886596	0.002733538
27	0.9980412	0.005512123	0.9987629	0.002575513
28	0.9982589	0.004998038	0.9990722	0.002797791
29	0.9981787	0.005306652	0.99917525	0.002261744

Tabla C.1: Rendimiento por época de clasificación binaria

C.2. Rendimiento por época para clasificación multi-clase

epoch	accuracy	loss	val_accuracy	val_loss
0	0.7388774	0.809518574	0.848866	0.382384842
1	0.8407331	0.400848946	0.89896905	0.261620022
2	0.88430697	0.296782581	0.93051547	0.185048333
3	0.91226804	0.22781942	0.95092785	0.136930392
4	0.9298511	0.184446658	0.9624742	0.109550174
5	0.94312716	0.154026041	0.9712371	0.083876543
6	0.9506529	0.133637566	0.9721649	0.079816242
7	0.95682704	0.117400736	0.9770103	0.069827902
8	0.96295536	0.101022919	0.9789691	0.058740321
9	0.96580756	0.093903671	0.97680414	0.06279318
10	0.969496	0.086055112	0.9838144	0.049284825
11	0.97285223	0.076485997	0.9870103	0.04092173
12	0.97524625	0.070654478	0.9850516	0.038718274
13	0.97631156	0.068069944	0.98752576	0.039304473
14	0.9785911	0.061200015	0.9903093	0.031805757
15	0.97877437	0.059303303	0.99082476	0.029553462
16	0.9807102	0.05575966	0.98979384	0.030649255
17	0.9823482	0.051688124	0.9902062	0.028193259
18	0.98289806	0.048452348	0.9909278	0.029006473
19	0.9833219	0.049597442	0.99216497	0.026196964
20	0.9839061	0.047342819	0.98938143	0.028830948
21	0.985315	0.04303785	0.99237114	0.022206611
22	0.9851661	0.043763876	0.99237114	0.026538471
23	0.986701	0.038481073	0.9929897	0.020789386
24	0.98709047	0.038319004	0.9941237	0.02097215
25	0.9872394	0.038739513	0.9935052	0.022512236
26	0.9880069	0.035715436	0.9945361	0.017950952
27	0.98930126	0.033344824	0.99494845	0.017317642
28	0.98792666	0.035685453	0.994433	0.019646314
29	0.9893356	0.03153256	0.9942268	0.018671047
30	0.9885338	0.033739434	0.99082476	0.02477398
31	0.989874	0.031484388	0.99432987	0.020126508
32	0.9898167	0.030350922	0.99494845	0.014575797
33	0.9911455	0.028916557	0.9964948	0.012152978
34	0.990504	0.02863199	0.99432987	0.018389888
35	0.99143183	0.025984322	0.995567	0.014415908
36	0.9912715	0.026199651	0.99360824	0.018987215
37	0.9916724	0.025026037	0.99494845	0.017650412
38	0.99195874	0.025835908	0.9941237	0.020194619
39	0.9915693	0.027852433	0.99432987	0.016407399
40	0.9917411	0.024960765	0.99597937	0.014788164
41	0.99203897	0.024516562	0.9963918	0.013170196
42	0.99246275	0.023843893	0.9951546	0.017340485
43	0.99277204	0.02258264	0.9954639	0.014204643
44	0.99252003	0.023711151	0.99505156	0.018601276
45	0.9926346	0.02246077	0.99618554	0.014412869
46	0.9918557	0.024701794	0.9958763	0.013114379
47	0.9928637	0.021974644	0.996701	0.01058346
48	0.99312717	0.021842276	0.9958763	0.013121387
49	0.9932302	0.020393664	0.9960825	0.014195878
50	0.9934708	0.020075574	0.995567	0.012308854
51	0.9933562	0.019725966	0.995567	0.014699074
52	0.9932646	0.022034842	0.9963918	0.009368306
53	0.9933906	0.020163325	0.99597937	0.012239495
54	0.9937572	0.020516972	0.99505156	0.015349959
55	0.9941237	0.018997488	0.9960825	0.014578391
56	0.9942268	0.018623914	0.9942268	0.018063068
57	0.99329895	0.021542616	0.99659795	0.011289583
58	0.99416953	0.017945582	0.9973196	0.01017926
59	0.9945934	0.017572686	0.9972165	0.010205996

Tabla C.2: Rendimiento por época para clasificación multi-clase

C.3. Rendimiento por época en segmentación

epoch	acc	loss	mean_iou	val_acc	val_loss	val_mean_iou
0	0.846311839	-0.181699925	0.581169492	0.897625032	-0.215932819	0.665394169
1	0.946215846	-0.454538362	0.691288446	0.940820028	-0.503564628	0.722967571
2	0.962149644	-0.634085429	0.743909638	0.939438038	-0.582593316	0.76172058
3	0.969830446	-0.753987843	0.775262958	0.934542912	-0.625242447	0.786505603
4	0.971602079	-0.798710875	0.795115691	0.895218954	-0.484561293	0.800491529
5	0.972977479	-0.821341838	0.804910035	0.965307364	-0.779027759	0.811119907
6	0.974761871	-0.839048135	0.81672294	0.946591853	-0.706066058	0.821333767
7	0.97681229	-0.854425989	0.825466827	0.968881076	-0.820160514	0.829817357
8	0.978201592	-0.865436704	0.833842367	0.92486526	-0.62639162	0.836603614
9	0.97875124	-0.870385343	0.838780122	0.969343515	-0.827138136	0.841985976
10	0.978961381	-0.872378731	0.844860247	0.961783988	-0.792175606	0.847453766
11	0.979288145	-0.875924008	0.849853195	0.973583285	-0.847474882	0.852306584
12	0.980113805	-0.881048908	0.854503377	0.978804504	-0.87995443	0.856853698
13	0.98118403	-0.887343551	0.858979144	0.946485195	-0.720177567	0.860534143
14	0.980866702	-0.886148788	0.861887518	0.976408912	-0.863879768	0.863616053
15	0.981474414	-0.890214419	0.865313225	0.975505622	-0.861778317	0.866902162
16	0.981943545	-0.892916743	0.868423259	0.960362842	-0.788412646	0.869638793
17	0.982541874	-0.897038947	0.870845713	0.969820463	-0.835756385	0.872168342
18	0.982798422	-0.8983637	0.873416477	0.970628602	-0.834655233	0.874617607
19	0.983326136	-0.901683816	0.875744747	0.982068615	-0.89845671	0.877031108
20	0.982969327	-0.900228052	0.878205721	0.980403559	-0.887363118	0.879302788
21	0.983824022	-0.904864081	0.880395676	0.980688665	-0.891434279	0.881453467
22	0.983836434	-0.905302074	0.882482823	0.978647913	-0.880423574	0.883450944
23	0.983875318	-0.905370654	0.884328371	0.973905219	-0.849880527	0.885200123
24	0.984412073	-0.908551859	0.886015286	0.97751374	-0.870440691	0.886861082
25	0.984441709	-0.909213332	0.88763638	0.969882499	-0.836159022	0.888367248
26	0.984525064	-0.909613122	0.889037593	0.981412929	-0.892434778	0.889830947
27	0.984913942	-0.91148376	0.890606207	0.982329168	-0.900210467	0.891345908
28	0.984865025	-0.91167845	0.892079986	0.976496616	-0.865458192	0.892726337
29	0.985050654	-0.912316416	0.893344753	0.971241742	-0.836446627	0.893914648
30	0.985329219	-0.914273436	0.894450872	0.979509062	-0.885688209	0.895081988
31	0.98536843	-0.914738114	0.895669109	0.984407211	-0.910626021	0.896303963
32	0.984444165	-0.909426294	0.896873916	0.981937827	-0.895173764	0.897385223
33	0.98527379	-0.914249937	0.897911411	0.974586516	-0.855674181	0.898397847
34	0.985523031	-0.915581747	0.898856938	0.960651527	-0.785770355	0.899205069
35	0.985970637	-0.918444615	0.899558073	0.982063976	-0.899267684	0.900062073
36	0.985767201	-0.917331915	0.900556254	0.982711946	-0.899951408	0.901044217
37	0.985799144	-0.917191097	0.901507377	0.985544173	-0.916300188	0.901985463
38	0.985325828	-0.914529475	0.902439087	0.956375179	-0.760300741	0.902647138
39	0.985733263	-0.917076606	0.902860953	0.979489839	-0.882720902	0.903253074
40	0.986436377	-0.921363981	0.903634203	0.975368004	-0.85852397	0.904011707
41	0.985919047	-0.918157935	0.904347382	0.982477196	-0.900546404	0.904754728
42	0.985974943	-0.918362362	0.905148565	0.981652104	-0.894890589	0.905502086
43	0.986612609	-0.922363703	0.905861262	0.983381755	-0.905109348	0.906251585
44	0.986264243	-0.920069916	0.906605812	0.983365687	-0.90411382	0.906962252
45	0.986173365	-0.919556252	0.907303026	0.979563055	-0.885458646	0.907620939
46	0.98617231	-0.919699215	0.907923228	0.984025799	-0.907655074	0.908251064
47	0.986399024	-0.921104964	0.908568949	0.977738332	-0.878256806	0.908868023
48	0.9867012	-0.923155898	0.909158144	0.985818562	-0.917881972	0.909486711
49	0.986719199	-0.922832335	0.909800525	0.981566113	-0.894279381	0.910097171

Tabla C.3: Rendimiento por época en segmentación

Bibliografía

- [1] INEGI. *Estadísticas a propósito del día mundial del cáncero*. 2018.
- [2] Abd Rahman Ahlan y Barroon Isma'eel Ahmad. «User Acceptance of Health Information Technology (HIT) in Developing Countries: A Conceptual Model». En: *Procedia Technology* 16 (2014), págs. 1287-1296. DOI: [10.1016/j.protcy.2014.10.145](https://doi.org/10.1016/j.protcy.2014.10.145). URL: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2212017314003727>.
- [3] Jonathan Bhaskar y Ankit Patel. «Image Classification using Convolutional Neural Network». En: (2016).
- [4] John D. Kelleher, Brian Mac Namee y Aoife D'Arcy. *Fundamentals of Machine Learning for Predictive Data Analytics*. 1. 2015, págs. 1-691. ISBN: 9780874216561. DOI: [10.1007/s13398-014-0173-7](https://doi.org/10.1007/s13398-014-0173-7). arXiv: [arXiv:1011.1669v3](https://arxiv.org/abs/1011.1669v3).
- [5] R Engelbrecht y col. *Studies in Health Technology and Informatics*. Vol. 116. 2005, págs. 503-508. ISBN: 978-1-58603-549-5. URL: [%7B%5C%7D3CGo%7B%5C%7DOAto](https://doi.org/10.1007/s13398-014-0173-7).
- [6] Cancer Today - Institutional Agency for Research on Cancer (WHO). «Cervix uteri: Age standardized (World) mortality rates, all ages». En: *Cervix uteri* 876 (2018), págs. 6-7. URL: <http://gco.iarc.fr/today>.
- [7] Secretaría de Salud. *Estadísticas de Cáncer de Mama y Cáncer Cervico Uterino*. 2015. URL: <https://www.gob.mx/salud/acciones-y-programas/informacion-estadistica> (visitado 21-11-2018).
- [8] World Health Organization. *Global Cancer Observatory*. URL: <http://gco.iarc.fr/> (visitado 21-11-2018).
- [9] Marco Del Moral. *Entrevista a Villasenor, E. patólogo del IMSS*. 2017.
- [10] Ioan C. Cucoranu, Anil V. Parwani y Liron Pantanowitz. *Practical Informatics for Cytopathology*. Vol. 14. 2014. ISBN: 978-1-4614-9580-2. DOI: [10.1007/978-1-4614-9581-9](https://doi.org/10.1007/978-1-4614-9581-9). URL: <http://link.springer.com/10.1007/978-1-4614-9581-9>.
- [11] Saúl Oswaldo Lugo-Reyes, Guadalupe Maldonado-Colín y Chiharu Murata. «Inteligencia artificial para asistir el diagnóstico clínico en medicina». En: *Revista alergia Mexico* 61.2 (2014), págs. 110-120. URL: <http://revistaalergia.mx/ojs/index.php/ram/article/view/33/46> %7B%5C%7D0Ahttp://www.scopus.com/inward/record.url?eid=2-s2.0-84905817987%7B%5C%7DpartnerID=40%7B%5C%7Dmd5=0481b6efab57e92eab71b97be71e3b4d.

- [12] Ramiro Meza-Palacios y col. «Development of a fuzzy expert system for the nephropathy control assessment in patients with type 2 diabetes mellitus». En: *Expert Systems with Applications* 72.1 (2017), págs. 335-343. ISSN: 09574174. DOI: [10.1016/j.eswa.2016.10.053](https://doi.org/10.1016/j.eswa.2016.10.053). URL: <http://dx.doi.org/10.1016/j.eswa.2016.10.053>.
- [13] Karem R. Domínguez Hernández y col. «Development of an expert system as a diagnostic support of cervical cancer in atypical glandular cells, based on fuzzy logics and image interpretation». En: *Computational and Mathematical Methods in Medicine* 2013 (2013). DOI: [10.1155/2013/796387](https://doi.org/10.1155/2013/796387).
- [14] B Ashok y P Aruna. «Comparison of Feature selection methods for diagnosis of cervical cancer using SVM classifier». En: 6.1 (2016), págs. 94-99.
- [15] June-Goo Lee y col. «Deep Learning in Medical Imaging: General Overview». En: *Korean Journal of Radiology* 18.4 (2017), pág. 570. DOI: [10.3348/kjr.2017.18.4.570](https://doi.org/10.3348/kjr.2017.18.4.570). URL: <https://synapse.koreamed.org/DOIx.php?id=10.3348/kjr.2017.18.4.570>.
- [16] Geert Litjens y col. «A Survey on Deep Learning in Medical Image Analysis». En: 1995 (2017). DOI: [10.1016/j.media.2017.07.005](https://doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005). arXiv: [1702.05747](https://arxiv.org/abs/1702.05747). URL: [http://arxiv.org/abs/1702.05747%7B%5C%7D0Ahttp://dx.doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005](https://arxiv.org/abs/1702.05747).
- [17] Jakob Nielsen. «Usability Engineering». En: *Morgan Kaufmann Pietquin O and Beaufort R* 44.1/2002 (1993), pág. 362. ISSN: 10772626. DOI: [10.1145/1508044.1508050](https://doi.org/10.1145/1508044.1508050). arXiv: [arXiv:1011.1669v3](https://arxiv.org/abs/1011.1669v3).
- [18] S. Kevin Zhou, Hayit Greenspan y Dinggang Shen. *Deep learning for medical image analysis*. ISBN: 9780128104088.
- [19] Witold Pedrycz y Shyi-ming Chen. *Data Science and Big Data: An Environment of Computational Intelligence*. Vol. 24. 2017. ISBN: 978-3-319-53473-2. DOI: [10.1007/978-3-319-53474-9](https://doi.org/10.1007/978-3-319-53474-9). URL: [http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-53474-9](https://link.springer.com/10.1007/978-3-319-53474-9).
- [20] Wan Ishak Wan Hussain y Fadzilah Siraj. «ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN MEDICAL APPLICATION: AN EXPLORATION». En: 1 (2002), págs. 455-459.
- [21] A Pouliakis y col. «Artificial Neural Networks as Decision Support Tools in Cytopathology: Past, Present, and Future». En: *Biomedical Engineering & Computational Biology* 7 (2016), págs. 1-18. DOI: [10.4137/BECB.S31601](https://doi.org/10.4137/BECB.S31601). TYPE. URL: <http://ovidsp.ovid.com/ovidweb.cgi?T=JS%7B%5C%7DCSC=Y%7B%5C%7DNEWS=N%7B%5C%7DPAGE=fulltext%7B%5C%7DD=prem%7B%5C%7DAN=26917984%7B%5C%7D5Cnhttp://digitaal.uba.uva.nl:9003/uva-linker?sid=OVID:medline%7B%5C%7Did=pmid:26917984%7B%5C%7Did=doi:10.4137%7B%5C%7D2FBECB.S31601%7B%5C%7Dissn=1179-5972%7B%5C%7Disbn=%7B%5C%7Dvolume=7%7B%5C%7Dissue=%7B%5C%7Dspage=1%7B%5C%7Dpages=1-18%7B%5C%7Ddate>.
- [22] Pegah Khosravi y col. «Deep Convolutional Neural Networks Enable Discrimination of Heterogeneous Digital Pathology Images». En: *EBioMedicine* (2017). ISSN: 23523964. DOI: [10.1016/j.ebiom.2017.12.026](https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2017.12.026). URL: <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2017.12.026>.
- [23] Nikolaos Ampazis, George Dounias y Jan Jantzen. «Pap-Smear Classification Using Efficient Second Order Neural Network Training Algorithms». En: *Lecture Notes in Artificial Intelligence* 3025 (2004), págs. 230-245. ISSN: 03029743.

BIBLIOGRAFÍA

- [24] Abid Sarwar y col. «Artificial Intelligence based analysis of digitized Papanicolaou-smear images for screening of cervical cancer». En: 4.March (2013), págs. 1-6.
- [25] Abid Sarwar, Vinod Sharma y Rajeev Gupta. «Personalized Medicine Universe Hybrid ensemble learning technique for screening of cervical cancer using Papanicolaou smear image analysis». En: *Personalized Medicine Universe* 4 (2015), págs. 54-62. ISSN: 2186-4950. DOI: [10.1016/j.pmu.2014.10.001](https://doi.org/10.1016/j.pmu.2014.10.001). URL: <http://dx.doi.org/10.1016/j.pmu.2014.10.001>.
- [26] Ling Zhang y col. «DeepPap: Deep convolutional networks for cervical cell classification». En: *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 21.6 (2017), págs. 1633-1643. ISSN: 21682194. DOI: [10.1109/JBHI.2017.2705583](https://doi.org/10.1109/JBHI.2017.2705583). arXiv: [1801.08616](https://arxiv.org/abs/1801.08616).
- [27] Rasool Fakoor y col. «Using deep learning to enhance cancer diagnosis and classification». En: *Proceeding of the 30th international conference on machine learning Atlanta, Georgia, USA* 28.August (2013).
- [28] Yessi Jusman, Siew Cheok Ng y Noor Azuan Abu Osman. «Intelligent screening systems for cervical cancer». En: *Scientific World Journal* 2014 (2014). ISSN: 1537744X. DOI: [10.1155/2014/810368](https://doi.org/10.1155/2014/810368).
- [29] Abid Sarwar. «Cervical Cancer : Open Access Artificial Intelligence Based Semi-automated Screening of Cervical Cancer Using a Primary Training Database». En: 1.1 (2016), págs. 1-10. DOI: [10.4172/2475-3173.1000105](https://doi.org/10.4172/2475-3173.1000105).
- [30] Kelwin Fernandes, Jamie Cardoso y Jessica Fernandes. «Transfer Learning with Partial Observability Applied to Cervical Cancer Screening». En: (2017), págs. 243-250.
- [31] Le Lu y col. *Advances in Computer Vision and Pattern Recognition Deep Learning and Convolutional Neural Networks for Medical Image Computing*. ISBN: 9783319429984.
- [32] National Cancer Institute. *What Is Cancer?* URL: <https://www.cancer.gov/about-cancer/understanding/what-is-cancer> (visitado 24-11-2018).
- [33] American Cancer Society. *Early History of Cancer*. URL: <https://www.cancer.org/cancer/cancer-basics/history-of-cancer/what-is-cancer.html> (visitado 24-11-2018).
- [34] Nacinal Cancer Institute. «El cáncer de cervix». En: (2012), pág. 48. URL: http://www.google.com.url?sa=t%7B%5C&%7Drct=j%7B%5C&%7Dq=%7B%5C&%7Desrc=s%7B%5C&%7Dsource=web%7B%5C&%7Dcd=9%7B%5C&%7Dcad=rja%7B%5C&%7Duact=8%7B%5C&%7Dved=0CFoQFjAI%7B%5C&%7Durl=http%7B%5C%7D3A%7B%5C%7D2F%7B%5C%7D2Fwww.cancer.gov%7B%5C%7D2Fespanol%7B%5C%7D2Ftipos%7B%5C%7D2Fnecesitasaber%7B%5C%7D2Fcervix%7B%5C%7D2Fwyntk%7B%5C_7Dcervixsp.pdf%7B%5C&%7Dei=%7B%5C_7D6nEU%7B%5C_7DukA47fsATpvoLgBQ%7B%5C&%7Dusg=AFQjCNESc0IEtcCVHMNgrZim44bevK9AO.
- [35] Robert Kurman y Diane Solomon. *The Bethesda System for Reporting Cervical/Vaginal Cytologic Diagnoses*. Springer, 1995. ISBN: 9780387940779.
- [36] Siang Yong Tan e Yvonne Tatsumura. «George Papanicolaou (1883-1962): Discoverer of the Pap smear.» En: *Singapore medical journal* 56.10 (oct. de 2015), págs. 586-7. ISSN: 0037-5675. DOI: [10.11622/smedj.2015155](https://doi.org/10.11622/smedj.2015155). URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26512152%20http://www.ncbi.nlm.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=PMC4613936>.

- [37] National Cancer Institute. *Definition of Pap smear - NCI Dictionary of Cancer Terms - National Cancer Institute*. 2017. URL: <https://www.cancer.gov/publications/dictionaries/cancer-terms/def/pap-smear> (visitado 24-01-2019).
- [38] Philip C. Jr. Jackson. *Introduction to Artificial Intelligence*. Second. New York: Dover, 1985. ISBN: 9780486248646.
- [39] University of Tartu. *1. Introduction to image processing / Digital Image Processing*. URL: <https://sisu.ut.ee/imageprocessing/book/1> (visitado 31-01-2019).
- [40] David Forsyth y Jean Ponce. *Computer Vision: A Modern Approach*. Vol. 91. Pearson, 2012.
- [41] Rafael C Gonzalez y col. *Digital Image Processing*. Prentice Hall, 2001. ISBN: 0-201-18075-8.
- [42] David Vernon. *Vernon's Machine Vision: Table of Contents*. 1991. URL: <http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/BOOKS/VERNON/> (visitado 08-11-2019).
- [43] Klaus D. Toennies. *Advances in Computer Vision and Pattern Recognition: Guide to Medical Image Analysis-Methods and Algorithms*. 2012, págs. 1-486. ISBN: 9781447127512. DOI: [10.1007/978-1-4471-2751-2](https://doi.org/10.1007/978-1-4471-2751-2).
- [44] David Gries y Fred B Schneider. *Computer Vision-Texts in Computer Science*. Vol. 42. 2010, pág. 823. ISBN: 9781848829343. DOI: [10.1007/978-1-84882-256-6](https://doi.org/10.1007/978-1-84882-256-6). arXiv: [arXiv:1011.1669v3](https://arxiv.org/abs/1011.1669v3). URL: [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20549881](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20549881).
- [45] Tom Mitchell. *Machine learning*. McGraw-Hill, 1997. ISBN: 0070428077. arXiv: [1210.0507](https://arxiv.org/abs/1210.0507).
- [46] Jeremy Watt, Reza Borhani y Aggelos Katsaggelos. *Machine Learning Refined*. 2016. ISBN: 9781107123526. DOI: [10.1017/cbo9781316402276](https://doi.org/10.1017/cbo9781316402276).
- [47] François Chollet. *Deep Learning with Python*. 2018. ISBN: 9781617294433.
- [48] Aurélien Géron. *Hands-on Machine Learning with Scikit-Learn& TensorFlow*. O'Reilly Media, 2017. ISBN: 9781491962299. DOI: [10.3389/fninf.2014.00014](https://doi.org/10.3389/fninf.2014.00014). arXiv: [1412.3919](https://arxiv.org/abs/1412.3919).
- [49] David Wolpert. «No Free Lunch Theorems for Optimization». En: (1996). DOI: [10.1145/1389095.1389254](https://doi.org/10.1145/1389095.1389254).
- [50] Laurens van der Maaten. «Visualizing Data using t-SNE». En: *Journal of Machine Learning Research* (2008). ISSN: 02624079.
- [51] Laurens van der Maaten. «Barnes-Hut-SNE». En: (ene. de 2013). arXiv: [1301.3342](https://arxiv.org/abs/1301.3342). URL: [http://arxiv.org/abs/1301.3342](https://arxiv.org/abs/1301.3342).
- [52] Charu Aggarwal. *A Textbook: Neural Networks and Deep Learning*. ISBN: 9783319944623. DOI: [10.1007/978-3-319-94463-0](https://doi.org/10.1007/978-3-319-94463-0). URL: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-94463-0>.
- [53] Trevor Hastie, Robert Tibshirani y Jerome Friedman. «The Elements of Statistical Learning». En: *Bayesian Forecasting and Dynamic Models* 1 (2009), págs. 1-694. ISSN: 0172-7397. DOI: [10.1007/b94608](https://doi.org/10.1007/b94608). arXiv: [arXiv:1011.1669v3](https://arxiv.org/abs/1011.1669v3). URL: [http://www.springerlink.com/index/10.1007/b94608](https://www.springerlink.com/index/10.1007/b94608).
- [54] Ian Goodfellow, Yoshua Bengio y Aaron Courville. *Deep learning*. 2016, pág. 775. ISBN: 978-0-262-03561-3. DOI: [10.1016/B978-0-12-391420-0.09987-X](https://doi.org/10.1016/B978-0-12-391420-0.09987-X). arXiv: [arXiv:1011.1669v3](https://arxiv.org/abs/1011.1669v3).

- [55] Christophe Ambroise y Geoffrey J. McLachlan. «Selection bias in gene extraction on the basis of microarray gene-expression data». En: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 99.10 (mayo de 2002), págs. 6562-6566. ISSN: 0027-8424. DOI: [10.1073/pnas.102102699](https://doi.org/10.1073/pnas.102102699). URL: <https://www.pnas.org/content/99/10/6562>.
- [56] Sydney F. Bias Versus Variance - Alteryx Community. URL: <https://community.alteryx.com/t5/Data-Science-Blog/Bias-Versus-Variance/ba-p/351862> (visitado 08-11-2019).
- [57] Nvidia. ¿GPU vs. CPU? ¿Qué es la computación por GPU? / NVIDIA. URL: <https://la.nvidia.com/object/what-is-gpu-computing-la.html> (visitado 08-11-2019).
- [58] Nvidia. CUDA Zone / NVIDIA Developer. URL: <https://developer.nvidia.com/cuda-zone> (visitado 08-11-2019).
- [59] Olga Russakovsky y col. «ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge». En: *International Journal of Computer Vision* 115.3 (2015), págs. 211-252. ISSN: 15731405. DOI: [10.1007/s11263-015-0816-y](https://doi.org/10.1007/s11263-015-0816-y). arXiv: [1409.0575](https://arxiv.org/abs/1409.0575).
- [60] Diederik P. Kingma y Jimmy Ba. «Adam: A Method for Stochastic Optimization». En: (2014), págs. 1-15. arXiv: [1412.6980](https://arxiv.org/abs/1412.6980). URL: <http://arxiv.org/abs/1412.6980>.
- [61] Karen Simonyan y Andrew Zisserman. «Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition». En: (2014), págs. 1-14. arXiv: [1409.1556](https://arxiv.org/abs/1409.1556). URL: <http://arxiv.org/abs/1409.1556>.
- [62] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer y Thomas Brox. «U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation». En: 2015, págs. 234-241. DOI: [10.1007/978-3-319-24574-4_28](https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28). URL: <http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-24574-4%7B%5C%7D28>.
- [63] Deep Learning. *U-Net — DeepLearning 0.1 documentation*. URL: <http://deeplearning.net/tutorial/unet.html> (visitado 03-02-2019).
- [64] Kaiming He y col. «Delving Deep into Rectifiers: Surpassing Human-Level Performance on ImageNet Classification». En: (feb. de 2015). arXiv: [1502.01852](https://arxiv.org/abs/1502.01852). URL: <http://arxiv.org/abs/1502.01852>.
- [65] Robert P. De Cresce y Mark S. Lifshitz. «PAPNET™ Cytological Screening System». En: *Laboratory Medicine* 22.4 (abr. de 1991), págs. 276-280. ISSN: 0007-5027. DOI: [10.1093/labmed/22.4.276](https://doi.org/10.1093/labmed/22.4.276). URL: <https://academic.oup.com/labmed/article-lookup/doi/10.1093/labmed/22.4.276>.
- [66] Relias Media. *Screening with PapNet is better, but cost/benefit ratio questioned / 1998-05-01 / AHC Media: Continuing Medical Education Publishing*. URL: <https://www.reliasmedia.com/articles/34132-screening-with-papnet-is-better-but-cost-benefit-ratio-questioned> (visitado 08-11-2019).
- [67] MBE-LAB. *PAP-SMEAR (DTU/HERLEV) DATABASES & RELATED STUDIES*. URL: <http://mde-lab.aegean.gr/index.php/downloads> (visitado 08-11-2019).
- [68] Jan Jantzen y col. «Pap-smear Benchmark Data For Pattern Classification». En: *Proceedings of NiSIS 2005: Nature inspired Smart Information Systems (NiSIS)* March (2005), págs. 1-9.

- [69] Jonas Norup. «Classification of pap-smear data by transductive neuro-fuzzy methods». Tesis doct. 2005. URL: http://www.ghbook.ir/index.php?name=%D9%81%D8%B1%D9%87%D9%86%DA%AF%20%D9%88%20%D8%B1%D8%B3%D8%A7%D9%86%D9%87%20%D9%87%D8%A7%DB%8C%20%D9%86%D9%88%DB%8C%D9%86%7B%5C&%7Doption=com%7B%5C_%7Ddbook%7B%5C&%7Dttask=readonline%7B%5C&%7Dbook%7B%5C_%7Did=13650%7B%5C&%7Dpage=73%7B%5C&%7Dchkhashk=ED9C9491B4%7B%5C&%7DItemid=218%7B%5C&%7Dlang=fa%7B%5C&%7Dtmpl=component.
- [70] Erik Martin. «Pap-Smear Classification». En: (2003), pág. 101.
- [71] Karl Broman y col. «Recommendations to Funding Agencies for Supporting Reproducible Definitions : Principles : Observations :» en: (2017), págs. 1-4.
- [72] Moe Long. *Nvidia Jetson Nano Launches: New Nvidia AI Computer Platform Released*. 2019. URL: <https://www.electromaker.io/blog/article/nvidia-jetson-nano-launches-for-ai>.
- [73] Sepand Haghghi y col. «PyCM: Multiclass confusion matrix library in Python». En: *Journal of Open Source Software* 3.25 (mayo de 2018), pág. 729. DOI: [10.21105/joss.00729](https://doi.org/10.21105/joss.00729). URL: <https://doi.org/10.21105/joss.00729>.