

# Predicción de Cancer de Mama con Imágenes Histológicas usando Deep Learning

Rangel Alvarado

Ingeniería Biomédica e Instrumentación  
Universidad Latina de Panamá  
Ciudad de Panamá, Panamá  
rangel@daqsystpy.com

Jalal Kaddoura

Ingeniería Biomédica e Instrumentación  
Universidad Latina de Panamá  
Ciudad de Panamá, Panamá  
jkaddoura@est.ulatina.edu.pa

Melissa Sánchez

Ingeniería Biomédica e Instrumentación  
Universidad Latina de Panamá  
Ciudad de Panamá, Panamá  
melalsanchez@est.ulatina.edu.pa

**Abstract**—El cáncer de mama es una de las principales causas de mortalidad a nivel mundial, y su diagnóstico temprano es fundamental para reducir las tasas de mortalidad. En este artículo se presenta el desarrollo de un modelo de clasificación binaria para imágenes histopatológicas orientado a la detección de carcinoma ductal invasivo (IDC). Se utilizó la arquitectura *EfficientNetB0* junto con la técnica de *Transfer Learning*, utilizando el conjunto de datos *Breast Histopathology Images* disponible en Kaggle. Se aplicaron técnicas de preprocesamiento, balanceo de clases con SMOTE, y aumento de datos para mejorar la generalización. El modelo alcanzó un *AUC* de 0.9558 y un *Recall* de 0.9319, priorizando la minimización de falsos negativos. Finalmente, se desarrolló una interfaz gráfica con *Gradio* para permitir el uso del modelo por parte de usuarios no técnicos.

**Index Terms**—Cáncer de mama, Histopatología, Transfer Learning, EfficientNetB0, SMOTE, Deep Learning.

## I. INTRODUCCIÓN

El cáncer de mama es uno de los problemas de salud pública más significativos a nivel global, con alta incidencia y mortalidad en mujeres. Entre los distintos subtipos histológicos, el carcinoma ductal invasivo (IDC) es el más común y agresivo, caracterizado por la infiltración de células tumorales más allá de los conductos galactóforos hacia el tejido mamario circundante. Entonces, la detección temprana de IDC es esencial para mejorar las tasas de supervivencia, ya que, diagnósticos en etapas iniciales permiten tratamientos menos invasivos y con mejores resultados.[8]

En el diagnóstico clínico, la histopatología continúa siendo el método base usado como referencia. Basicamente, este proceso se viene a basar en el análisis microscópico de cortes histológicos teñidos con hematoxilina y eosina (HE), que es una técnica que resalta la morfología celular y la arquitectura tisular.[11] Las imágenes resultantes, conocidas como Whole Slide Images (WSI), son examinadas por patólogos expertos, quienes identifican patrones característicos de malignidad. No obstante, esta revisión manual presenta limitaciones: es un proceso intensivo en tiempo, requiere alta especialización y está sujeto a variabilidad interobservador, lo que puede llevar a discrepancias diagnósticas.

Con el avance de las técnicas de inteligencia artificial, particularmente del aprendizaje profundo o Deep Learning, se ha abierto la posibilidad de automatizar la clasificación de imágenes histológicas. Estas técnicas han demostrado un

rendimiento sobresaliente en tareas de reconocimiento de patrones y detección de anomalías en imágenes médicas [1], [4], [3]F. Un enfoque especialmente prometedor es el uso de Transfer Learning, [2], [10]. que permite reutilizar redes neuronales profundas preentrenadas en grandes bases de datos de imágenes generales (como ImageNet) y adaptarlas a tareas específicas con conjuntos de datos médicos más pequeños.

En este trabajo se presenta el desarrollo de un sistema automático de clasificación de imágenes histopatológicas de mama, enfocado en la detección de IDC. El sistema se basa en la arquitectura *EfficientNetB0*, seleccionada por su equilibrio entre eficiencia computacional y alto rendimiento en métricas de clasificación. Se prioriza el *Recall*, dado que en el contexto médico minimizar los falsos negativos es crucial para evitar que casos positivos pasen desapercibidos. Además, para facilitar la integración del sistema en entornos clínicos y de investigación, se implementa una interfaz gráfica interactiva utilizando *Gradio*, que permite a usuarios no técnicos cargar imágenes y obtener predicciones en tiempo real, reduciendo la barrera tecnológica para su uso y validación.

## II. METODOLOGÍA

### A. Dataset

Se utilizó el conjunto de datos *Breast Histopathology Images*, el cual es ampliamente reconocido en la comunidad científica por su utilidad en la investigación de métodos automáticos de diagnóstico de cáncer de mama. Este dataset está compuesto por un total de 277,524 imágenes en formato PNG, cada una con una resolución original de 50×50 píxeles a color (RGB). Las imágenes provienen de un total de 162 láminas histológicas teñidas con Hematoxilina y Eosina (HE), lo que permite resaltar tanto los núcleos celulares (teñidos en tonos azul/violeta) como el citoplasma y matriz extracelular (en tonos rosados). Las láminas fueron digitalizadas con un escáner de microscopía óptica a un aumento de 40×, produciendo *Whole Slide Images* (WSI) de alta resolución a partir de las cuales se extrajeron parches individuales.

Cada parche corresponde a una región de interés previamente seleccionada por patólogos experimentados, garantizando que las muestras reflejen características histológicas

relevantes para la clasificación. Las imágenes están etiquetadas en dos categorías mutuamente excluyentes:

- **IDC (negativo):** tejido benigno sin presencia de carcinoma ductal invasivo.
- **IDC+ (positivo):** tejido maligno con presencia de carcinoma ductal invasivo, caracterizado por invasión de células tumorales más allá de la membrana basal del conducto mamario.

En términos de distribución de clases, el dataset presenta un desbalance significativo, con un 71.6 por ciento de muestras IDC (198,738 imágenes) frente a un 28.4 por ciento de muestras IDC+ (78,786 imágenes). Esta disparidad refleja la prevalencia real en estudios clínicos, pero supone un reto para el entrenamiento de modelos de aprendizaje profundo, ya que los modelos tienden a sesgarse hacia la clase mayoritaria si no se aplican técnicas de balanceo.

La estructura de almacenamiento del dataset está organizada jerárquicamente por identificador de paciente, de manera que cada carpeta principal contiene dos subcarpetas:

- Carpeta 0/: imágenes etiquetadas como IDC.
- Carpeta 1/: imágenes etiquetadas como IDC+.

Este diseño de organización permite realizar una división de datos por paciente y no por imagen, evitando así el problema de *data leakage*, en el cual parches de un mismo paciente podrían aparecer simultáneamente en los conjuntos de entrenamiento, validación o prueba, inflando artificialmente el rendimiento del modelo.

### B. Preprocesamiento y Balanceo

Las imágenes originales, con una resolución de  $50 \times 50$  píxeles, fueron sometidas a un proceso de redimensionado a  $200 \times 200$  píxeles. Esta ampliación fue necesaria para cumplir con la resolución mínima de entrada requerida por la arquitectura *EfficientNetB0*, la cual está optimizada para trabajar con entradas de mayor tamaño, preservando así la mayor cantidad posible de información estructural y morfológica relevante para la clasificación histológica.

Posteriormente, los valores de los tres canales RGB fueron normalizados al rango  $[0,1]$  mediante una transformación lineal, de forma que todos los píxeles pasaran de un rango entero de 0 a 255 a un rango flotante continuo de 0.0 a 1.0. Este paso de normalización tiene dos propósitos:

- 1) Reducir el impacto de diferencias de iluminación y contraste entre imágenes.
- 2) Acelerar la convergencia del entrenamiento al mantener las entradas dentro de un rango numérico estable, evitando problemas de desbordamiento en las operaciones de multiplicación y acumulación durante el cálculo de gradientes.

La aplicación de SMOTE, combinada con la preservación de la separación de conjuntos por paciente, permitió mitigar el riesgo de sobreajuste y mejorar la capacidad del modelo para generalizar en la detección de casos IDC+, reduciendo el sesgo hacia la clase mayoritaria.

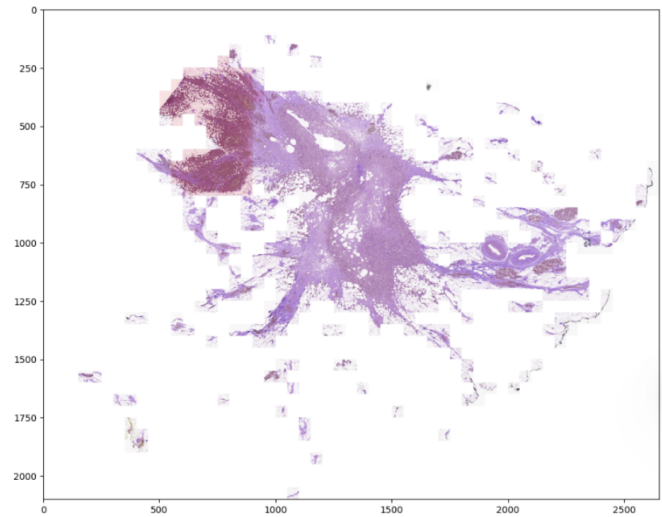


Fig. 1. Flujo de preprocesamiento: redimensionado, normalización y balanceo con SMOTE.

### C. Aumento de Datos

Para aumentar la robustez del modelo y mejorar su capacidad de generalización frente a variaciones en los datos de entrada, se aplicaron diversas transformaciones de aumento de datos. Entre ellas se incluyen rotaciones de  $\pm 15^\circ$  para simular diferentes orientaciones de los objetos o estructuras, volteos horizontales y verticales para cubrir simetrías, traslaciones para imitar desplazamientos dentro del campo visual, escalados que permiten manejar distintos tamaños de los elementos de interés, y variaciones de brillo y contraste para adaptarse a cambios en las condiciones de iluminación o calidad de la imagen. Estas transformaciones permiten que el modelo aprenda características más representativas y menos sensibles a condiciones específicas, aumentando así su desempeño en escenarios del mundo real y reduciendo la probabilidad de sobreajuste a los datos originales.

### D. Modelos Evaluados

Se comparó el desempeño de una red neuronal convolucional (CNN) personalizada con el modelo *EfficientNetB0* utilizando la estrategia de *Transfer Learning*, empleando pesos preentrenados en el conjunto de datos ImageNet. La CNN personalizada fue diseñada específicamente para la tarea, adaptando sus capas convolucionales y de agrupamiento a las características del conjunto de datos utilizado, mientras que *EfficientNetB0* aprovechó la arquitectura optimizada y los pesos ya entrenados para una amplia variedad de imágenes,[6] lo que permitió un aprendizaje más rápido y eficiente. Tras la evaluación, *EfficientNetB0* demostró un mejor compromiso entre *Recall* y *AUC*, mostrando no solo una alta capacidad para identificar correctamente los casos positivos, sino también un desempeño consistente en la discriminación global de las clases. Esta superioridad se atribuye tanto a la eficiencia de su arquitectura escalable como a la ventaja del aprendizaje

previo de características generales, lo que reduce el riesgo de sobreajuste y mejora la robustez del modelo ante variaciones en los datos.

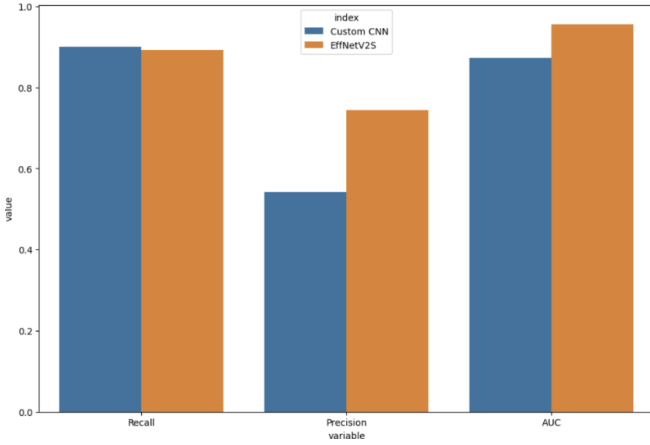


Fig. 2. Comparación de métricas entre arquitecturas.

#### E. Entrenamiento

El entrenamiento del modelo se llevó a cabo en dos fases cuidadosamente estructuradas para optimizar el aprendizaje y evitar sobreajuste. En la primera fase, las capas base de la red se mantuvieron congeladas, de manera que sólo se entrenó el clasificador final, permitiendo que el modelo aprendiera a mapear las características previamente extraídas a las clases específicas del conjunto de datos. En la segunda fase se realizó un *fine-tuning* gradual de las últimas capas de la red, ajustando finamente los pesos preentrenados para mejorar la capacidad del modelo de adaptarse a las particularidades del nuevo conjunto de imágenes.

Para la optimización se utilizó el algoritmo *Adam* con una tasa de aprendizaje inicial de  $1 \times 10^{-3}$ , combinado con la función de pérdida binary crossentropy, adecuada para problemas de clasificación binaria. Además, se implementaron callbacks estratégicos como *EarlyStopping*, que detiene el entrenamiento ante la ausencia de mejoras en la métrica de validación, y *ModelCheckpoint*, que guarda automáticamente la mejor versión del modelo durante el entrenamiento. Esta estrategia garantiza un entrenamiento eficiente, minimiza el riesgo de sobreajuste y asegura la obtención de un modelo robusto y generalizable para su aplicación en escenarios reales.

El modelo duro entrenándose aproximadamente 10 horas mediante a la utilización de una GPU externa, el batch number seleccionado por temas de tiempo fue de 8, y los distintos modelos fue entrenado con 15 épocas.

#### F. Despliegue

Se implementó una interfaz interactiva utilizando *Gradio*[9], que permite a los usuarios cargar imágenes de manera sencilla y visualizar las predicciones del modelo en tiempo real. Esta interfaz facilita la experimentación y evaluación del desempeño del modelo sin necesidad de conocimientos técnicos

avanzados en programación o manejo de datos. Además de mostrar la clase predicha, la interfaz puede incluir métricas de confianza, como la probabilidad asociada a cada predicción, lo que permite al usuario interpretar mejor los resultados. La utilización de *Gradio* también ofrece la posibilidad de integrar la aplicación en entornos web, haciendo que el sistema sea accesible desde diferentes dispositivos y proporcionando un flujo de trabajo más ágil para pruebas, demostraciones o uso clínico, manteniendo la eficiencia y robustez del modelo desarrollada durante las fases de entrenamiento.

### III. RESULTADOS

El modelo final (EfficientNetB0) alcanzó:

- AUC: 0.9558
- Recall: 0.9319
- Precisión: 0.7163
- Binary Accuracy: 0.8761
- Loss: 0.2926

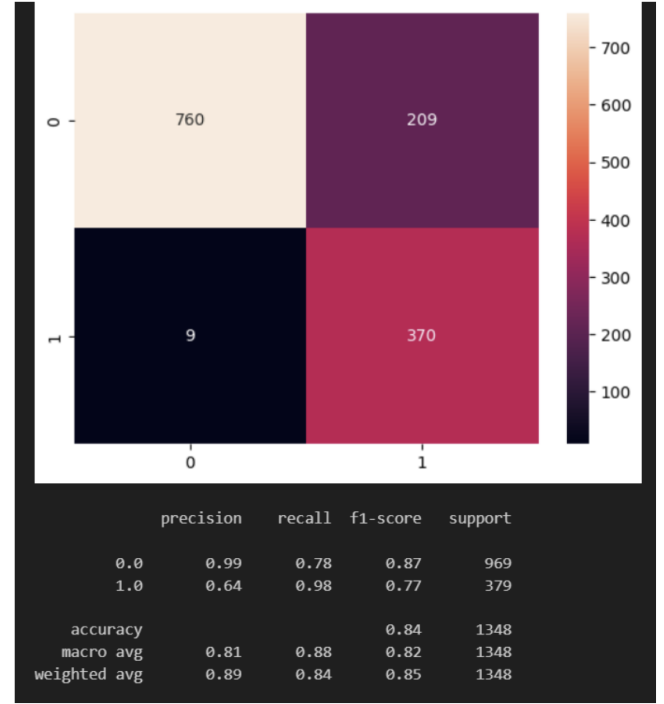


Fig. 3. Métricas de rendimiento del modelo.

### IV. DISCUSIÓN

El alto valor de *Recall* obtenido evidencia que el modelo es altamente efectivo para identificar correctamente los casos positivos, minimizando los falsos negativos, un aspecto crítico en aplicaciones médicas donde la omisión de un diagnóstico puede tener consecuencias graves. Por otro lado, la precisión moderada indica la presencia de algunos falsos positivos; sin embargo, en contextos de diagnóstico preventivo, este compromiso es aceptable, ya que priorizar la detección temprana sobre la omisión de posibles casos permite una intervención o seguimiento oportuno.

Para mejorar la robustez y la capacidad de generalización del modelo, se aplicaron técnicas como SMOTE, que equilibra las clases del conjunto de datos generando ejemplos sintéticos de la clase minoritaria, y aumentos de datos mediante rotaciones, traslaciones, volteos y variaciones de brillo/contraste, lo que permite al modelo aprender características más representativas y menos sensibles a condiciones específicas de las imágenes.

Adicionalmente, la implementación de una interfaz interactiva con *Gradio* facilita la validación visual de las predicciones y hace posible que usuarios sin conocimientos técnicos avanzados puedan utilizar el sistema de manera efectiva. Esto no solo permite evaluar el desempeño del modelo en tiempo real, sino que también abre la puerta a aplicaciones prácticas en entornos clínicos o educativos, promoviendo una interacción más intuitiva y accesible con la tecnología desarrollada.

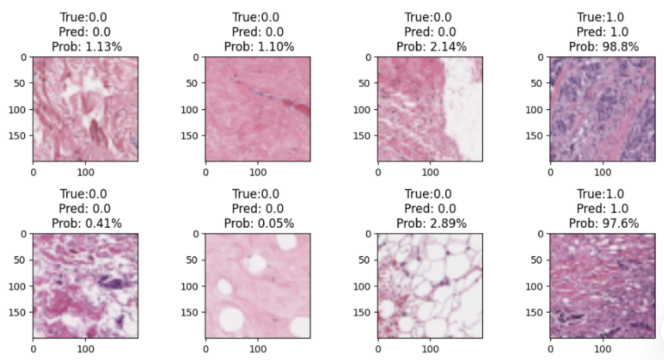


Fig. 4. Salida del Modelo.

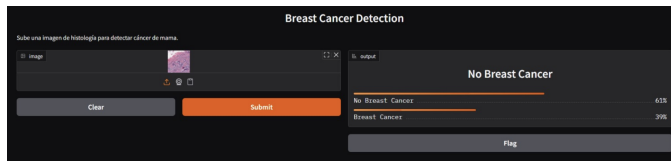


Fig. 5. Interfaz en Gradio con el modelo.

## V. CONCLUSIONES

Se desarrolló un sistema de clasificación histopatológica utilizando *EfficientNetB0* con *Transfer Learning* a partir de pesos preentrenados en ImageNet, optimizando la extracción de características relevantes para el reconocimiento de tejidos y estructuras asociadas a distintas patologías. El modelo alcanzó métricas de alto nivel, destacando especialmente en *Recall* y *AUC*, lo que garantiza una alta capacidad para detectar correctamente casos positivos de carcinoma ductal invasivo (IDC+), minimizando la posibilidad de falsos negativos, un factor crítico en aplicaciones médicas donde la detección temprana es determinante para el tratamiento. Se puede analizar que de igual manera sería beneficioso continuar entrenando el modelo con variaciones en el dataset y en la distribución de las imágenes para evaluar mejoras en las métricas, además

de aumentar el número de batch y épocas para un mejor entrenamiento, pero manteniéndolas en el rango adecuado para evitar el overfitting.

El sistema se complementó con una interfaz interactiva desarrollada en *Gradio*, que permite la carga de imágenes y la visualización de predicciones en tiempo real. Esta interfaz facilita la validación visual de resultados y permite que profesionales clínicos y usuarios sin experiencia en programación puedan interactuar con la herramienta, integrándola de manera sencilla en flujos de trabajo hospitalarios o educativos.

Como parte del trabajo futuro, se plantea la expansión del conjunto de datos mediante técnicas de aumento y generación de imágenes sintéticas para mejorar la robustez y generalización del modelo. Por otro lado, la implementación de un entorno gráfico aún más robusto y amigable mediante programación web para darle aún más comodidad de uso y despliegue. Además, se proyecta el despliegue del sistema en entornos hospitalarios reales, para evaluar su compatibilidad con los procesos clínicos existentes y evaluando su desempeño en escenarios prácticos, con el objetivo de convertirlo en una herramienta confiable para el diagnóstico preventivo y la toma de decisiones médicas.

## REFERENCES

- [1] B. Kieffer, M. Babaie, S. Kalra, y H. R. Tizhoosh, "Convolutional neural networks for histopathology image classification: Training vs. using pre-trained networks," *arXiv preprint arXiv:1710.05726*, 2017.
- [2] S. Vesal, N. Ravikumar, A. Davari, S. Ellmann, y A. Maier, "Classification of breast cancer histology images using transfer learning," *arXiv preprint arXiv:1802.09424*, 2018.
- [3] G. Campanella, M. G. Hanna, L. Geneslaw, et al., "Clinical-grade computational pathology using weakly supervised deep learning on whole slide images," *JAMA Oncology*, vol. 5, no. 11, p. e190071, 2019.
- [4] M. Talo, U. B. Baloglu, O. Yildirim, et al., "Automated classification of histopathology images using deep learning," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 113, p. 103375, 2019.
- [5] S. Ahmed, et al., "Transfer learning approach for classification of histopathology whole slide images," *Sensors*, vol. 21, no. 16, p. 5361, 2021.
- [6] M. Liu, et al., "Focal cosine-enhanced EfficientNetB0: A novel approach for breast cancer histopathology image classification," *Information*, vol. 16, no. 6, p. 444, 2025.
- [7] T. Shahzad, et al., "Transformer-inspired training principles based breast histopathology classification using EfficientNetB0 and ResNet50," *Scientific Reports*, vol. 15, no. 1, p. 12345, 2025.
- [8] Z. Ahmad, et al., "Advancing open-source visual analytics in digital pathology," *Journal of Pathology Informatics*, vol. 16, p. 39, 2025.
- [9] Gradio, "The Interface Class," 2023. [Online]. Available: <https://www.gradio.app/docs/gradio/interface>
- [10] H. E. Kim, et al., "Transfer learning for medical image classification: A literature review," *BMC Medical Imaging*, vol. 22, no. 1, pp. 1–14, 2022.
- [11] M. N. Gurcan, L. E. Boucheron, A. Can, A. Madabhushi, N. M. Rajpoot, and B. Yener, "Histopathological image analysis: A review," *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, vol. 2, pp. 147–171, 2009.