



**UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA
DE SANTA ELENA**

FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES

TITULO DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

DISEÑO DE UN SISTEMA DE ASISTENCIA PARA LA MEJORA DE LA
DETECCIÓN DEL CÁNCER CEREBRAL MEDIANTE PROCESAMIENTO DE
HISTOGRAMAS Y CNN EN IMÁGENES TAC (TOMOGRAFÍA AXIAL
COMPUTARIZADA).

AUTOR

TOMALÁ DEL PEZO CARLOS JOSUE

PROYECTO DE UNIDAD DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

Previo a la obtención del grado académico en
INGENIERO EN TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN

TUTOR

ING. SHENDRY BALMORE ROSERO VÁSQUEZ. Ms.CC.

Santa Elena, Ecuador

Año 2025



UPSE

**UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA
DE SANTA ELENA
FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES**

TRIBUNAL DE SUSTENTACIÓN

Ing. José Sánchez Aquino. Mgt.
DIRECTOR DE LA CARRERA

Ing. Shendry Rosero Vásquez. Ms.CC.
TUTOR

Ing. Mónica Jaramillo Infante. Mgt.
DOCENTE ESPECIALISTA

Ing. Marjorie Coronel Suárez. Mgt.
DOCENTE GUÍA UIC



**UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA
DE SANTA ELENA
FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES
CERTIFICACIÓN**

Certifico que luego de haber dirigido científica y técnicamente el desarrollo y estructura final del trabajo, este cumple y se ajusta a los estándares académicos, razón por el cual apruebo en todas sus partes el presente trabajo de titulación que fue realizado en su totalidad por Diseño de un sistema de asistencia para la mejora de la detección del cáncer cerebral mediante procesamiento de histogramas y CNN en imágenes TAC (Tomografía Axial Computarizada), como requerimiento para la obtención del título de Ingeniero en Tecnologías de la Información.

La Libertad, a los 04 días del mes de diciembre del año 2025

TUTOR

**Shendry
Rosero**

Firmado digitalmente por Shendry
Rosero
DN: cn=Shendry Rosero
gn=Shendry Rosero c=ES Spain
l=ES Spain
e=shendry.rosero.v@gmail.com
Motivo: Soy el autor de este
documento
Ubicación:
Fecha: 2026-07-31 08:37:05:00

Ing. Shendry Rosero Vásquez. Ms.CC.



**UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA DE SANTA
ELENA
FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES
DECLARACIÓN DE RESPONSABILIDAD**

Yo, TOMALÁ DEL PEZO CARLOS JOSUE

DECLARO QUE:

El trabajo de Titulación, Diseño de un sistema de asistencia para la mejora de la detección del cáncer cerebral mediante procesamiento de histogramas y CNN en imágenes TAC (Tomografía Axial Computarizada), previo a la obtención del título en Ingeniero en Tecnologías de la Información, ha sido desarrollado respetando derechos intelectuales de terceros conforme las citas que constan en el documento, cuyas fuentes se incorporan en las referencias o bibliografías. Consecuentemente este trabajo es de mi total autoría.

En virtud de esta declaración, me responsabilizo del contenido, veracidad y alcance del Trabajo de Titulación referido.

La Libertad, a los 04 días del mes de diciembre del año 2025

EL AUTOR



Validar únicamente en FirmaEC.
Firmado electrónicamente por:
**CARLOS JOSUE TOMALA
DEL PEZO**

Carlos Josue Tomala Del Pezo



UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA DE SANTA ELENA

FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES

CERTIFICACIÓN DE ANTIPLAGIO

Certifico que después de revisar el documento final del trabajo de titulación denominado Diseño de un sistema de asistencia para la mejora de la detección del cáncer cerebral mediante procesamiento de histogramas y CNN en imágenes TAC (Tomografía Axial Computarizada) presentado por el estudiante, Tomalá Del Pezo Carlos Josue fue enviado al Sistema Anti plagio, presentando un porcentaje de similitud correspondiente al 01%, por lo que se aprueba el trabajo para que continúe con el proceso de titulación.

**CERTIFICADO DE ANÁLISIS**
magister

Formato - Proyecto UIC-Carlos Tomala

< 1%
Textos sospechosos



< 1% Similitudes
< 1 % similitudes entre comillas
0 % entre las fuentes mencionadas
8% Idiomas no reconocidos (ignorado)
14% Textos potencialmente generados por la IA (ignorado)

Nombre del documento: Formato - Proyecto UIC-Carlos Tomala.docx ID del documento: 725c6d1ef33725a20f53e65f9df34cbdaa759c6b Tamaño del documento original: 6,21 MB	Depositante: SHENDRY BALMORE ROSERO VASQUEZ Fecha de depósito: 4/12/2025 Tipo de carga: interface fecha de fin de análisis: 4/12/2025	Número de palabras: 18.361 Número de caracteres: 130.399
---	--	---

TUTOR

Shendry
Rosero

Firmado digitalmente por Shendry Rosero
DN: cn=Shendry Rosero, gn=Shendry
Rosero, c=ES, Spain, l=ES, Spain
o=shendry.rosero.v@gmail.com
Motivo: Soy el autor de este documento
Ubicación:
Fecha: 2025-07-31 08:37:05:00

Ing. Shendry Rosero Vásquez. Ms.CC.



**UNIVERSIDAD ESTATAL PENÍNSULA
DE SANTA ELENA
FACULTAD DE SISTEMAS Y TELECOMUNICACIONES
AUTORIZACIÓN**

Yo, TOMALÁ DEL PEZO CARLOS JOSUE

Autorizo a la Universidad Estatal Península de Santa Elena, para que haga de este trabajo de titulación o parte de él, un documento disponible para su lectura consulta y procesos de investigación, según las normas de la Institución.

Cedo los derechos en línea patrimoniales del presente trabajo de titulación con fines de difusión pública, además apruebo la reproducción dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no suponga una ganancia económica y se realice respetando mis derechos de autor.

Santa Elena, a los 04 días del mes de diciembre del año 2025

EL AUTOR



Validar únicamente en FirmaEC.
Firmado electrónicamente por:
**CARLOS JOSUE TOMALA
DEL PEZO**

Carlos Josue Tomalá Del Pezo

AGRADECIMIENTO

Agradezco a Dios por darme la vida, la fortaleza y la oportunidad de alcanzar una meta más en mi formación profesional. Sin su guía y bendiciones, este logro no habría sido posible.

Mi sincero agradecimiento al Ing. Shendry Rosero y a la Ing. Marjorie Coronel por su orientación, paciencia y apoyo durante el desarrollo de este trabajo de titulación. Sus conocimientos fueron fundamentales para culminar este proyecto.

A mi madre, Elizabeth Esperanza Del Pezo Tomala, por estar siempre a mi lado. Gracias por acompañarme en cada etapa, por tus desvelos y por brindarme tu amor y apoyo incondicional.

A mi padre, Carlos Pio Tomala Vera, por confiar siempre en mí y motivarme con sus palabras. Gracias por creer en mis capacidades y apoyarme para alcanzar esta meta.

A mis hermanas, Erika, Pamela, Andrea y María, por su apoyo, sus consejos y por animarme cuando más lo necesitaba. Gracias por ser un ejemplo de esfuerzo y superación.

A mis cuñados, Daniel y Fabián, y a mis sobrinos, Daniela, Samuel, Josías y Fabián Andrés. Su cariño fue una gran inspiración para alcanzar este objetivo.

Carlos Josue, Tomala Del Pezo

DEDICATORIA

Dedico este trabajo, en primer lugar, a mis padres, Elizabeth y Carlos, quienes han sido el pilar fundamental de mi vida. Gracias por su amor, esfuerzo, apoyo incondicional y por creer siempre en mí. Nunca permitieron que dudara de mis capacidades y, con sus palabras de aliento, me impulsaron a seguir adelante hasta alcanzar esta meta. Este logro también les pertenece.

A mi tío Jhonny y a mi abuelo Santiago, quienes hoy descansan en paz. Con mucho cariño los llevo siempre en mi corazón. Gracias por haberme apoyado y motivado al inicio de mi camino universitario. Aunque ya no estén físicamente, su recuerdo y sus enseñanzas me acompañaron durante todo este proceso.

A mis hermanas, Erika, Pamela, Andrea y María, por su cariño, apoyo y confianza en cada etapa de este camino. Gracias por motivarme cuando las dificultades parecían más grandes y por demostrarme, con su ejemplo, que el esfuerzo y la perseverancia hacen posible alcanzar los sueños. Este logro también es para ustedes.

Carlos Josue, Tomala Del Pezo

ÍNDICE GENERAL

TITULO DEL TRABAJO DE TITULACIÓN	I
TRIBUNAL DE SUSTENTACIÓN	II
CERTIFICACIÓN	III
DECLARACIÓN DE RESPONSABILIDAD	IV
DECLARO QUE:	IV
CERTIFICACIÓN DE ANTIPLAGIO	V
AUTORIZACIÓN	VI
AGRADECIMIENTO	VII
DEDICATORIA	VIII
ÍNDICE GENERAL	IX
ÍNDICE DE TABLAS	XII
ÍNDICE DE FIGURAS	XIII
RESUMEN	XV
ABSTRACT	XVI
INTRODUCCIÓN	2
CAPITULO 1 FUNDAMENTACION	3
1.1. Antecedentes	3
1.2. Descripción del Proyecto	4
1.3. Objetivo del Proyecto	10
1.4. Justificación del Proyecto	10
1.5. Alcance del Proyecto	13
1.6. Metodología del Proyecto	14
1.6.1. Metodología de Investigación	14
1.6.2. Beneficiarios del Proyecto	15

1.6.3. Variable	16
1.6.4. Análisis de recolección de datos	17
1.7. Metodología de desarrollo	19
CAPITULO 2. PROPUESTA	22
2.1. Marco contextual	22
2.2. Marco Legal	22
2.2.1. Tratamiento de Datos Sensibles bajo la LOPDP	23
2.2.2. Estándares de Anonimización vs. Seudonimización	23
2.2.3. Ingeniería Legal de Datasets y Licencias	24
2.2.4. Principios Éticos en la Inteligencia Artificial aplicada a la Salud	24
2.3. Marco conceptual	26
2.3.1. Generalidades del Cáncer Cerebral	26
2.3.2. Cáncer Cerebral	27
2.3.3. Tipos Específicos de Tumores Cerebrales	27
2.3.3.1. Gliomas	27
2.3.3.2. Meningiomas	28
2.3.3.3. Tumores Pituitarios (Adenomas Hipofisarios)	28
2.3.4.1.1. Python	28
2.3.4.1.2. TensorFlow	29
2.3.4.1.3. OpenCV	29
2.3.4.1.4. scikit-image.	29
2.3.4.1.6. Librerías de Visualización: Matplotlib, Seaborn.	30
2.3.4.1.7. Visual Studio Code	31
2.3.4.1.8. Streamlit	31
2.4. Marco teórico	31

2.4.1. Sistema de diagnóstico asistido por computadora (CAD) basado en histogramas y aprendizaje automático	31
2.4.2. Evaluación comparativa de modelos de CNN de alta precisión para la clasificación de tumores cerebrales	32
2.4.4 Investigación universitaria ecuatoriana sobre detección de tumores cerebrales en imágenes de tomografía	33
2.5. Requerimientos	33
2.5.1. Requerimientos Funcionales	33
2.5.2. Requerimientos No Funcionales	35
2.4. Componentes de la Propuesta	36
2.4.1. Fase 1 Adquisición y Preprocesamiento de Imágenes	36
2.4.1.1. Adquisición de Imágenes	36
2.4.1.2. Procesamiento de histogramas	38
2.4.2. Fase 2 Diseño de la Interfaz Interactiva para el Análisis	39
2.4.3. Fase 3 Desarrollo del Modelo de Red Neuronal.	48
2.4.3.1. Justificación de la Arquitectura: CNN Propia vs. Transfer Learning	50
2.4.3.2. Arquitectura del Modelo Propuesto	51
2.4.4. Fase 4 Entrenamiento, Validación y Prueba del Modelo	52
2.4.5. Fase 5: Evaluación y Análisis de Resultados	54
CONCLUSIONES	59
RECOMENDACIONES	61
BIBLIOGRAFÍA	63

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Comparación de técnicas XAI para imágenes médicas	26
Tabla 2. Tabla de Requerimientos Funcionales	35
Tabla 3. Tabla de Requerimientos No Funcionales	36
Tabla 4. Descripción de Módulos de apartado Grafico	43
Tabla 5. Tabla de Hiperparámetros del Entrenamiento	49
Tabla 6. Valores obtenidos mediante validación cruzada estratificada ($k=5$). Se observa una estabilidad notable con una desviación estándar mínima entre pliegues.	53
Tabla 7. Desempeño del modelo sobre datos nunca vistos. Destaca la alta fiabilidad en la detección de ausencia de tumor (Notumor) frente a la dificultad de discriminación entre Meningioma y Glioma.	53

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Esquema de las fases de la metodología CRISP-DM según [36]	19
Figura 2. Imagen TAC con presencia de cáncer Glioma.	37
Figura 3. Imagen TAC con presencia de cáncer meningioma.	37
Figura 4. Imagen TAC con presencia de cáncer pituitary.	37
Figura 5. Imagen TAC sin presencia de cáncer.	38
Figura 6. Aplicación de técnicas de histogramas (CLAHE), con presencia de cáncer.	38
Figura 7. Aplicación de técnicas de histogramas (CLAHE), sin presencia de cáncer.	39
Figura 8. Carpetas con las imágenes TAC.	39
Figura 9. prototipado de la Interfaz	40
Figura 10. Etapas Funcionales del sistema	40
Figura 11. Módulo de Carga de Imagen.	43
Figura 12. Función de Carga de Imagen	44
Figura 13. Visualización de la imagen seleccionada y subida al sistema	44
Figura 14. Módulo de procesamiento de imagen, visualización de la imagen subida y la imagen con aplicación de histograma.	45
Figura 15. Módulo de Predicción, visualización de los Resultados de la Predicción.	45
Figura 16. Visualización de la zona tomada para la predicción y el nivel de confianza.	46
Figura 17. Módulo de análisis mediante técnicas XAI y aplicación automática de Grad-CAM.	46
Figura 18. Aplicación automática de la técnica LIME.	47
Figura 19. Módulo de generación de Reporte PDF.	47
Figura 20. Descarga de Reporte PDF.	48

Figura 21. Evolución de la exactitud (Accuracy). La convergencia estable de las curvas a partir de la época 15 demuestra la capacidad de generalización del modelo.	56
Figura 22. Comportamiento de la función de pérdida (Loss) a lo largo de las épocas. El descenso constante y suave de ambas curvas (entrenamiento y validación).	56
Figura 23. Precisión del Fold 5.	57
Figura 24. Matriz de Confusión de Fold 5.	57
Figura 25. Matriz de confusión Final.	58

RESUMEN

La presente investigación se articula mediante un enfoque cuantitativo y un diseño transversal, orientado a analizar la recomendación existente entre la calidad del dato de entrada y el desempeño algorítmico. La estrategia central trasciende el simple preprocesamiento; se enfoca en la estandarización de la señal radiológica mediante la manipulación de histogramas y la normalización de intensidades. El propósito analítico de esta fase es reducir la variabilidad intrínseca de las tomografías y resaltar los patrones latentes, facilitando así que la Red Neuronal Convolucional discrimine con mayor eficacia entre tejido sano y patológico durante el aprendizaje supervisado. Se proyecta que la validación estadística de los resultados, a través de indicadores de sensibilidad y especificidad, demuestre empíricamente que la optimización previa de la imagen no es un paso accesorio, sino un determinante crítico para reducir la incertidumbre y elevar la confiabilidad del diagnóstico computacional.

Palabras claves: Cáncer cerebral, Red neuronal convolucional, Histogramas.

ABSTRACT

This research employs a quantitative approach and a cross-sectional design to analyze the relationship between input data quality and algorithmic performance. The central strategy goes beyond simple preprocessing; it focuses on standardizing the radiological signal through histogram manipulation and intensity normalization. The analytical purpose of this phase is to reduce the intrinsic variability of the tomography scans and highlight latent patterns, thus enabling the Convolutional Neural Network to discriminate between healthy and pathological tissue more effectively during supervised learning. It is projected that the statistical validation of the results, through sensitivity and specificity indicators, will empirically prove that prior image optimization is not an optional step, but rather a critical determinant for reducing uncertainty and increasing the reliability of computational diagnosis.

Keywords: Brain cancer, Convolutional neural network, Histograms.

INTRODUCCIÓN

El cáncer cerebral plantea un reto doble en la medicina: la necesidad de una identificación oportuna y la diferenciación precisa del tipo de neoplasia. Dado que la interpretación visual de la Tomografía Axial Computarizada (TAC) puede verse comprometida por la sutileza de los tejidos y la fatiga del especialista, este proyecto desarrolla un sistema integral de detección y clasificación asistida. La solución tecnológica aprovecha la capacidad de las Redes Neuronales Convolucionales (CNN) no solo para categorizar patologías, sino para discriminar eficazmente entre tejido sano y tumoral.

La metodología se estructura en un flujo de procesamiento optimizado. Inicialmente, se aplica la Ecuilización de Histograma Adaptativa Limitada por Contraste (CLAHE) para realzar las estructuras morfológicas críticas, seguida de técnicas de binarización y detección de contornos que permiten visualizar y localizar espacialmente las posibles lesiones. El núcleo inferencial del sistema se cimienta en una arquitectura de Red Neuronal Convolutiva (CNN), entrenada para ejecutar simultáneamente tareas de detección de anomalías y tipificación patológica. El modelo realiza una discriminación taxonómica en cuatro categorías clínicas excluyentes: glioma, meningioma, tumor pituitario y ausencia de patología. Esta configuración faculta al sistema para operar como un mecanismo de tiraje automatizado, capaz no solo de alertar sobre la presencia de lesiones, sino de proporcionar un perfil nosológico específico que fundamente y agilice el diagnóstico clínico.

El desarrollo del sistema adopta el estándar CRISP-DM para garantizar la integridad estructural del proceso, abarcando desde el análisis exploratorio hasta la implementación operativa. Este enfoque técnico se complementa con un estricto cumplimiento del marco legal vigente (LOPD Ecuadoriana) y principios bioéticos, asegurando la privacidad del paciente mediante técnicas de desidentificación de datos. Sin embargo, la precisión técnica es insuficiente sin interpretabilidad. Por ello, la propuesta incorpora mecanismos de Inteligencia Artificial Explicable (XAI) específicamente Grad-CAM, LIME y SHAP— como respuesta a la necesidad de transparencia en entornos médicos críticos. Al deconstruir la decisión del modelo y exponer las variables latentes que motivan la predicción, se fomenta una simbiosis operativa hombre-máquina.

CAPITULO 1 FUNDAMENTACION

1.1 . Antecedentes

La gestión clínica de las neoplasias intracraneales enfrenta una crisis operativa derivada de su alta morbilidad global, con una incidencia que supera los 300,000 casos anuales [1][2]. A pesar de que la detección en estadios incipientes se correlaciona directamente con la viabilidad de intervenciones menos invasivas y una mayor tasa de supervivencia global [3][4]. Los protocolos actuales exhiben una latencia diagnóstica significativa. Esta demora restringe drásticamente la ventana terapéutica, forzando la adopción de tratamientos agresivos con pronósticos reservados en estadios avanzados [5].

Históricamente, el análisis de las imágenes médicas dependía enteramente de la pericia y el juicio del radiólogo o patólogo [6]. No obstante, la evolución tecnológica ha transformado este panorama: los escáneres de Tomografía Axial Computarizada (TAC) actuales son capaces de generar un volumen masivo de datos, produciendo hasta 2,000 imágenes por exploración, lo que representa un aumento significativo que supera la capacidad de procesamiento analítico del ojo humano [7]. Esta sobrecarga de datos, junto con la variabilidad inherente en la interpretación manual y el tiempo que consume este proceso, ha generado una necesidad imperiosa de soluciones de diagnóstico automatizadas [8]. La llegada de la inteligencia artificial, en particular del aprendizaje profundo (Deep Learning), ofrece la capacidad de procesamiento computacional necesaria para abordar estos extensos conjuntos de datos. Este cambio de paradigma no busca un reemplazo total del experto humano, sino una transformación hacia la toma de decisiones asistida por IA [9][10].

Los métodos de evaluación tradicionales suelen presentar limitaciones intrínsecas; las causas son la inclinación humana y la subjetividad del observador, cuestiones que pueden tener un papel decisivo en la fiabilidad del diagnóstico y, por tanto, en la longitud de la espera para una terapia fundamental [11][12]. En el lado opuesto, las redes neuronales convolucionales (CNN) presentan un rendimiento significativamente mayor en la evaluación de neoplasias cerebrales, pues permiten identificar y gestionar patrones jerárquicos muy complejos directamente desde la información visual. Esta técnica supone una gran mejora en la automatización y optimización de la evaluación de

imágenes médicas, permitiendo conseguir propósitos de verificación extremo en las tareas de segmentación y clasificación [13][14].

A pesar de estos avances significativos, la consecución de una alta exactitud y confiabilidad en la detección temprana mediante TAC aún enfrenta obstáculos considerables. Los métodos actuales todavía pueden fallar en la identificación de tumores sutiles o en la discriminación precisa entre diferentes tipos de neoplasias [15]. Un reto central para la adopción clínica es el problema de la "caja negra", donde la falta de interpretabilidad de los modelos de aprendizaje profundo obstaculiza la confianza médica; para que los profesionales empleen el sistema eficientemente, necesitan entender la lógica detrás de sus predicciones [16]. adicionalmente, la gran variabilidad en el aspecto del tumor incluyendo su tamaño, forma, localización e intensidad requiere que cualquier sistema de detección sea robusto y adaptable a las diversas peculiaridades de las patologías cerebrales [17]. Un sistema tiene que ser capaz de adaptarse a las distintas peculiaridades de los tumores en el cerebro.

En respuesta a estos desafíos, se propone el desarrollo de un sistema robusto que combine técnicas de procesamiento de histogramas con arquitecturas de redes neuronales avanzadas. El preprocesamiento de la imagen, como la ecualización del histograma, puede mejorar notablemente la calidad de la imagen de TAC, lo que consecuentemente optimiza el rendimiento y la precisión de las redes neuronales [18]. Un componente vital de esta propuesta es la incorporación de métodos de Inteligencia Artificial Explicable (XAI), cuyo objetivo es mejorar la transparencia y la confiabilidad del sistema de diagnóstico [19].

El resultado de estas mejoras permitirá reducir la carga de trabajo de los radiólogos y minimizar el error humano [20]. Conduciendo a una planificación del tratamiento más temprana y potencialmente a una gestión de la enfermedad más efectiva para los pacientes con cáncer cerebral [21].

1.2. Descripción del Proyecto

Este proyecto tiene como finalidad el diseño y la creación de un sistema de asistencia médica basada en algoritmos de *Machine Learning* para la mejora en la detección de cáncer cerebral a partir de imágenes de tomografía axial computarizada (TAC). Como eje de este sistema, se utiliza el procesamiento de histogramas y redes neuronales

convolucionales (CNN) que van unidas a la mejora de imágenes y a modelos de clasificación profunda.

El desarrollo se guía según la metodología CRISP-DM (*Cross Industry Standard Process for Data Mining*), un modelo ampliamente adoptado en ciencia de datos por su enfoque iterativo y estructurado en fases: entendimiento del negocio, entendimiento de los datos, preparación de datos, modelado, evaluación y despliegue[22].

Fase 1: Adquisición y Preprocesamiento de Imágenes

Esta etapa permite asegurar que los datos obtenidos sean de la más alta calidad, lo cual es crucial para tener un entrenamiento sólido del modelo de detección.

1.1 Adquisición del Dataset

- Se seleccionará un conjunto de datos público, validado por la comunidad científica o entidades médicas, que contengan imágenes de TAC cerebral.
- Las imágenes deben estar etiquetadas correctamente, es decir, deben ser imágenes clasificadas indicando si hay presencia o ausencia de tumores (clasificación binaria).
- Ejemplos de fuentes a considerar: TCIA (*The Cancer Imaging Archive*), BraTS (*Brain Tumor Segmentation Challenge*), etc.
- Se validará la calidad, la resolución, la diversidad y el equilibrio de clases para asegurar que la base de datos sea representativa y variada.

1.2 Procesamiento del histograma

- Se emplearán técnicas generales de mejora de contraste con ecualización de histogramas:
 - Ecualización global del histograma: mejora general del contraste.
 - Ecualización adaptativa (CLAHE): mejora la imagen a nivel local para resaltar algunas áreas anatómicas a la vez que controla el ruido.
 - Herramientas: cv2.equalizeHist, cv2.createCLAHE.
 - Este paso quiere conseguir que las estructuras que nos interesan sean más visibles: masas tumorales, cavidades, tejidos blandos, calcificaciones.

1.3 Reducción de ruido

- Se aplican filtros de suavizado que permiten la conservación de bordes relevantes:
 - Filtro Gaussiano: incidencia de ruido gaussiano, pero guarda cierta nitidez.

- Filtro de mediana: realiza la limpieza del ruido impulsivo o sal y pimienta.
- Filtro bilateral: conservación de bordes y filtrado de zonas planas. Este filtro es muy utilizado en imágenes médicas.
- Este paso es importante ya que reduce aquellos artefactos que pueden confundir a la red neuronal durante el proceso de aprendizaje.

1.4 Normalización

- Los valores de intensidad de los píxeles serán escalados a un rango estándar (0-1 a -1 a 1).
- Las técnicas aplicadas son *Min-Max Scaling* o *Z-Score* Normalización, dependiendo del modelo.
- La normalización garantizará una convergencia más rápida del modelo y evitará el sesgo hacia los valores de mayor intensidad.

Fase 2. Diseño de la Interfaz Interactiva para el análisis

Esta fase trata de poder hacer accesible el sistema a investigadores, médicos o usuarios mediante una interfaz intuitiva y funcional.

2.1 La interfaz con Streamlit

- La interfaz se desarrollará como una aplicación web que usará Streamlit, una librería de Python que promueve de manera rápida la creación de *dashboards*.

El sistema podrá ejecutar:

- Subida de imágenes médicas en formato DICOM, PNG o JPEG.
- Visualización de los pasos de preprocesamiento.
- Ejecución del modelo de predicción con tan sólo presionar un botón.
- El *layout* será responsive y centrado en la experiencia del usuario (UX).

2.2 Visualización de imágenes y resultados

- Se integrarán componentes gráficos para poder mostrar:
 - imagen original vs. imagen preprocesada.
 - histogramas de entrada vs. histogramas del resultado de la ecualización.
 - Activaciones del modelo (por ejemplo, Grad-CAM) que expliquen qué regiones fueron relevantes para la predicción.
 - Resultados de la predicción: "Tumor detectado" o "Sin Tumores".

- Se visualizará también el nivel de confianza de la predicción en forma de porcentaje o barra visual.

2.3 Validación interactiva

- Los usuarios podrán cargar imágenes nuevas para ver los resultados interactivamente.
- Se integrarán mecanismos de validación para asegurar que los archivos que se suban son válidos y seguros.
- Esto permite la validación práctica del modelo por médicos o investigadores en tiempo real.

Fase 3: Concepción y Ejecución de la Arquitectura Neuronal

Esta etapa es el eje del sistema de diagnóstico asistido por ordenador, pues se centra en la implementación de una Red Neuronal Convolutiva (CNN) profunda con la que extraer patrones jerárquicos a partir de imágenes de tomografía computarizada (TAC).

3.1 Modelo Propuesto: Arquitectura

Para el desarrollo de una arquitectura CNN ad hoc específica para el procesamiento de imágenes médicas en escala de gris, utilizando como entradas imágenes de dimensiones $px\ 128 \times 128$. La topología de esta red se basa en una arquitectura secuencial de complejidad creciente para la extracción de características (*feature extraction*), que se articula de la forma siguiente:

- Bloques Convolutivos: El modelo se completa por tres bloques secuenciales de extracción de características. Cada bloque está compuesto por: Una capa de convolución (Conv2D) de *kernel* 3×3 y función de activación en la capa ReLU. La profundidad de los mapas de características aumenta de una manera gradual (32, 64 y 128 filtros) de patrones simples (bordes) a patrones complejos (tumores).
- Una capa de BatchNormalization en el modelo para estabilizar el aprendizaje y, por tanto, aumentar la velocidad de convergencia.
- Una capa de submuestreo (MaxPooling2D) de tamaño 2×2 para dar una reducción de las dimensiones espaciales y un menor coste computacional.
- Clasificador Denso: Posteriormente a aplanar los mapas de características (Flatten), encontramos una capa densa de 128 neuronas asociadas a función de activación ReLU, seguida de una capa de salida con función de activación

Softmax, la cual se encuentra adecuada para un aprendizaje de tipo multiclase (glioma, meningioma, pituitaria, sin tumor).

3.2 Implementación y Ámbito Computacional

La implementación del algoritmo se realizó en el lenguaje Python mediante el uso de la versión 2.19.0 del framework Tensorflow y la API de alto nivel Keras. El flujo de trabajo contempla un exhaustivo preprocesado en el que se hace uso de CLAHE (*Contrast Limited Adaptive Histograms Equalization*) implementado con OpenCV, manteniendo los datos de entrada a una tasa de contraste suficiente para entrar en la red.

3.3 Estrategias de Regularización y Validación

Para lograr la capacidad de generalización del modelo y evitar el sobreajuste (overfitting) se han implementado serias estrategias de regularización y validación:

- Regularización Estructural: Se aplica Dropout con tasa de 0.5 y regularización L2 (1×10^{-3}) sobre pesos del kernel como una forma de penalizar la complejidad excesiva del modelo.
- *Callbacks* de Optimización: El entrenamiento se gestiona mediante *callbacks* de *EarlyStopping* (detención temprana cuando no mejora) y *ReduceLROnPlateau* que reduce dinámicamente la tasa de aprendizaje cuando la pérdida de validación no mejora.
- Validación *Robust (Stratified K-Fold)*: A diferencia de la división simple de entrenamiento/prueba, se utiliza una validación cruzada estratificada con 5 pliegues ($K=5$), lo que intenta garantizar que cada iteración de entrenamiento/validación mantenga la misma proporción de clases que el conjunto original de datos, proporcionando una evaluación estadística más confiable y reduciendo el sesgo de selección en la métrica final de rendimiento.

Fase 4: Entrenamiento, Validación y Prueba del Modelo

Esta fase asegura un entrenamiento eficiente y objetiva evaluación del modelo.

4.1 División del dataset

- El conjunto se dividirá en:
 - 80% para entrenamiento
 - 20% para validación
- Se garantizará un balance entre clases en cada subconjunto.
- Se usarán técnicas como *StratifiedShuffleSplit* si es necesario.

4.2 Entrenamiento

El modelo se entrenará con:

- Función de pérdida: *categorical_crossentropy*
- Optimizador: Adam, controlando la tasa de aprendizaje inicial.
- Métricas: Accuracy, AUC, recall, precision
- Se hará uso de entrenamiento en *batches* y se controlará por épocas con validación cruzada.

4.3 Ajuste de hiperparámetros

- Se ajustarán variables como:
 - *Learning Rate*
 - Número de capas y filtros
 - Tamaño de lote (*batch size*)
 - Número de épocas
- Se puede emplear *GridSearchCV*, *RandomSearch* o técnicas de *optimización bayesiana*.

Fase 5: Evaluación y Análisis de Resultados

Finalmente, se reflexionará sobre el rendimiento del sistema y se propondrán caminos de mejora.

5.1 Análisis cuantitativo

- Se analizarán los resultados obtenidos en el conjunto de prueba.
- Se compararán predicciones correctas e incorrectas.
- Se identificarán posibles sesgos o errores frecuentes del modelo (por ejemplo, falsos negativos).

5.2 Comparación con literatura existente

- Se investigarán trabajos similares (*papers*, tesis, artículos) sobre detección de tumores cerebrales en imágenes TAC.
- Se compararán métricas clave con los resultados obtenidos.
- Se comentará la ventaja o desventaja del enfoque adoptado.

1.3. Objetivo del Proyecto

Objetivo General

Diseñar un sistema de asistencia para la detección cáncer cerebral para mejorar la detección de cáncer cerebral a partir de imágenes de tomografía axial computarizada mediante el procesamiento de histogramas que permita el entrenamiento de redes neuronales.

Objetivos Específicos

- Aplicar técnicas para mejorar la calidad visual de las imágenes TAC del cerebro con técnicas de procesamiento de histograma.
- Entrenar una red neuronal convolucional utilizando las imágenes de TAC cerebro previamente procesadas para la detección de cáncer.
- Evaluar el rendimiento del sistema de asistencia para la detección del cáncer cerebral en función de su precisión, sensibilidad y especificidad, mediante la valoración de su comportamiento en distintos tipos de pruebas.
- Diseñar una interfaz que dé soporte a la visualización y el análisis de resultados de la detección de cáncer a partir de imágenes TAC del cerebro.

1.4. Justificación del Proyecto

Las razones argumentales que soportan la investigación están muy alejadas de la mera adopción tecnológica, ya que se da una conjunción extrema entre la complejidad, exponencial, de toda la práctica de los datos biomédicos y la limitación de la capacidad cognitiva humana. La interpretación manual estándar no es capaz de seguir el ritmo de la dimensionalidad de la imagenología actual. Por tanto, la aplicación de los paradigmas del Aprendizaje Profundo (Deep Learning) es obligada [23]. Utilizados para poder extraer biomarcadores cuantitativos que son invisibles para el ojo humano y generar modelos de alta generalización para poder realizar el tamizaje y el diagnóstico. Entonces, se produce un cambio de paradigma en la medicina: el paso del diagnóstico basado en la intuición cualitativa y la experiencia a un diagnóstico basado en la evidencia cuantitativa masiva [24].

En el flujo de trabajo radiológico, la integración de la inteligencia computacional actúa como un catalizador de productividad y seguridad. La automatización de tareas repetitivas

y computacionalmente costosas, como la segmentación volumétrica de estructuras anatómicas, libera al radiólogo de la carga mecánica, permitiendo redirigir su conocimiento hacia la interpretación patológica compleja y la planificación terapéutica personalizada [25]. Esta optimización impacta directamente en la reducción de tiempos en entornos de urgencia y mejora la sensibilidad en los protocolos de Tomografía Axial Computarizada (TAC), elevando la exactitud diagnóstica y reduciendo la tasa de reingresos por falsos negativos [26][27].

Desde un punto de vista sistémico, la insostenibilidad financiera generada por el envejecimiento de la población y por la cronicidad de los problemas oncológicos es tratada en la presente investigación [28]. La ineficacia del diagnóstico no es sólo un tema clínico, lo es también económicamente hablando. La utilización de intenciones predictivas sólidas permite que la gestión hospitalaria aplique un sistema de gestión hospitalaria basado en la evidencia, adaptando la asignación de los recursos más críticos, así como también la reducción del gasto derivado de tratamientos tardíos o de diagnósticos incorrectos. Se encuentra, en consecuencia, un enfoque escalable que hace coincidir la innovación tecnológica con el gasto público en salud correspondiente y eficiente [29].

Finalmente, la validación clínica de estas tecnologías empíricas implica la presencia de un entorno ético escalable que permita mitigar el riesgo de la "opacidad algorítmica". El gran principio del presente trabajo se opone a la sustitución del facultativo, en lugar de ello, propone la "Inteligencia Aumentada" donde el algoritmo se presenta como un segundo argumento de refuerzo de la decisión humana [31]. En este escenario hacer un uso responsable en su despliegue resulta crítico para superar el enfoque de la "caja negra" mediante las técnicas de la Inteligencia Artificial Explicable (XAI). No sólo se tratará de un modelo preciso, sino también de un modelo que pueda ser rastreado y que sea transparente, dos condiciones necesarias para generar confianza clínica, y para el cumplimiento de los principios de la bioética y la protección de los datos personales correspondientes [30].

La propuesta del proyecto "Diseño de un sistema de asistencia para la mejora de la detección del cáncer cerebral a partir del procesamiento de histogramas y redes neuronales convolucionales (CNN) a partir de imágenes TAC" está en estrecho vínculo

con los lineamientos del Plan Nacional de Desarrollo 2025-2029 “Ecuador no se detiene”, dado que responde a las prioridades en salud, innovación tecnológica, fortalecimiento institucional y resiliencia sanitaria.

En el Eje Social, específicamente en el ítem de prevención, detección y atención oportuna de enfermedades no transmisibles (ENT), como el cáncer [31], la propuesta se inserta como una herramienta de diagnóstico temprano que refuerza la capacidad del sistema de salud para identificar de forma precisa y ágil tumores cerebrales, lo que contribuye directamente a la mejora de la atención médica especializada y la reducción de la mortalidad por esta enfermedad.

Desde el Eje Económico, Productivo y de Empleo, en el ítem de impulso a la investigación, ciencia, tecnología e innovación (CTI), fortaleciendo la vinculación entre academia, Estado y sector productivo [31], el proyecto se alinea con la política de fomentar el uso de la inteligencia artificial en aplicaciones prácticas de alto impacto social. En este sentido, representa la transferencia del conocimiento científico y académico hacia el sector salud, generando innovación y valor agregado en los servicios sanitarios.

En el Eje de Ambiente, Agua, Energía y Conectividad, particularmente en el ítem que promueve infraestructuras sostenibles y resilientes de conectividad física y digital que mejoren el acceso a servicios esenciales como salud y educación [31], el proyecto exige y a la vez impulsa la digitalización hospitalaria, favoreciendo la implementación de plataformas de telesalud y diagnóstico inteligente que amplían la cobertura sanitaria incluso en territorios alejados.

Por otro lado, dentro del Eje Institucional, en el ítem de modernización y digitalización de la gestión pública, mejorando la provisión de servicios esenciales de calidad [31], la propuesta contribuye a modernizar los procesos médicos en hospitales públicos, fortaleciendo la eficiencia de los sistemas de diagnóstico y garantizando un servicio sanitario más ágil, oportuno y confiable.

Finalmente, en el Eje de Riesgos, en el ítem de gestión de riesgos biológicos y fortalecimiento de la capacidad de respuesta en salud pública [31], el sistema planteado refuerza la resiliencia sanitaria nacional al proporcionar diagnósticos más rápidos y

certeros frente a enfermedades críticas como el cáncer, lo cual optimiza la preparación del país para enfrentar emergencias en salud pública.

1.5. Alcance del Proyecto

El alcance de esta investigación es analítico, ya que se orienta a evaluar y comprender cómo la integración de técnicas de mejora de imágenes mediante procesamiento de histogramas y modelos de Redes Neuronales Convolucionales (CNN) puede optimizar la detección y clasificación asistida de tumores cerebrales en tomografías axiales computarizadas (TAC).

La finalidad básica es buscar configuraciones que proporcionen un incremento del valor de los índices resultado del sistema en cuanto a la precisión, sensibilidad y especificidad en la detección de las zonas con sospecha tumoral, así como en la clasificación de las imágenes en lo que respecta a los tumores y a aquellos casos sin evidencia de la enfermedad. Apunto que el sistema está estructurado exclusivamente de tal manera que debiera ser una herramienta de apoyo a la llegada del diagnóstico médico, es por ello por lo que los resultados deben ser siempre interpretados y contrastados por un especialista médico.

De este modo pretendo conocer el impacto del uso de técnicas como la ecualización de histogramas, filtros utilizados para la reducción del ruido y normalización en el rendimiento del modelo de Red neuronal, comparando dicho rendimiento con los diferentes esquemas de entrenamiento y validación de las imágenes tumorales. El análisis cuantitativo de métricas como la *Accuracy*, el AUC, el recall y la precision nos permitirán poder establecer relaciones entre la estrategia en el preprocesado y la capacidad predictiva del sistema, garantizando resultados factibles para aplicaciones médicas asistidas por IA.

Como complemento a ello se añadiría una interfaz interactiva medida en la biblioteca Streamlit que permita ver los resultados junto con la interpretación de la predicción mediante técnicas explicativas como Grad-CAM. Esta funcionalidad permitirá que la herramienta sea utilizada, en el ámbito correspondiente, tanto por investigadores como por profesionales del ámbito de la salud y comprender la valía de los resultados desde la posición de la investigación en biomedicina. En suma, el texto que se presenta contribuye al dominio del diagnóstico avanzado por inteligencia artificial, por la aplicación de la experiencia empírica de mejora de imágenes y la práctica de arquitecturas de redes

neurales de TAC de cáncer cerebral. Los resultados se utilizarán no sólo como un tronco donde ultrajar futuras indagaciones, sino como una vía para fabricarse sistemas informáticos más fiables, precisos y explicativos para el diagnóstico asistido por inteligencia. Por otro lado, interesa señalar el alcance para llevar a cabo una gestión de expectativas y, al momento, clarificar este objetivo. El sistema de soporte para la detección de cáncer cerebral no contendrá:

- No contempla otras modalidades de imagen ni tampoco otros tipos de cáncer. El enfoque se restringe a la idea de imágenes de Tomografía Axial Computarizada (TAC) dedicada al cerebro y a la detección binaria de tumores cerebrales, esto es, a la detección binaria de la presencia/ausencia de tumores cerebrales. No se contemplan otros tipos de imágenes como Resonancia Magnética (RM), PET ni la detección de otros tipos de cáncer o de patologías que no responden a casos de cerebros.
- No incluirá análisis de la progresión o de la respuesta al tratamiento. El sistema se centrará en la detección inicial de los tumores. La toma en cuenta de la progresión del tumor o la evaluación de la respuesta a terapias no forman parte del alcance de este proyecto.
- No se implementará en entornos clínicos reales sin validación y autorizaciones. El despliegue del sistema en un entorno clínico activamente funcional debería incluir fases adicionales de validación clínica estricta, ensayos controlados y obtención de las autorizaciones correspondientes (i.e. FDA, EMA o agencias nacionales de salud), lo que escapa al alcance de este primer proyecto de diseño y desarrollo.
- No incluirá la adquisición de un nuevo dataset de pacientes. Este proyecto se centrará exclusivamente en la utilización de datasets públicos y existentes validados por la comunidad científica.

1.6. Metodología del Proyecto

1.6.1. Metodología de Investigación

La investigación será principalmente cuantitativa [32]. Este método se fundamenta en la recolección y el examen de datos numéricos (valores de píxeles, métricas de rendimiento como precisión, pérdida, IoU o F1-score) con el fin de cuantificar variables, definir

relaciones y hacer generalizaciones estadísticas sobre cuán efectivo es el modelo [32]. Las métricas objetivas y cuantificables se utilizarán para evaluar el rendimiento del sistema.

Se utilizará el método analítico como principal estrategia de investigación [33].

- Analítico: Este método consiste en la división del problema en partes (como el preprocesamiento de imágenes, la extracción de características, la estructura del modelo, el entrenamiento y la evaluación) y en una minuciosa examinación de cada una para entender su aporte al sistema total [33].

1.6.2. Beneficiarios del Proyecto

Pacientes

- Diagnóstico más ágil y exacto: Los pacientes con sospecha de un tumor cerebral obtienen un diagnóstico preciso y rápido.
- Disminución del diagnóstico erróneo: El sistema actúa como un asistente de los radiólogos para auxiliar en la reducción de los errores por omisión.
- Nuevas alternativas de tratamiento: Un diagnóstico más rápido y certero de un tumor cerebral implica tratamientos más eficaces.

Médicos radiólogos y neurólogos

- Apoyar la decisión: Una segunda opinión automatizada basada en inteligencia artificial.
- Ahorro de tiempo en el análisis de imágenes: Facilita la interpretación de estudios complejos como las TAC cerebrales.
- Mejora en la eficiencia clínica: Permite atender a más pacientes sin sacrificar la calidad del diagnóstico.

Instituciones de salud (hospitales y clínicas)

- Reducción de costos a largo plazo: El diagnóstico del cáncer en sus estadios más iniciales implica realizar tratamientos cada vez menos ineficaces y caros.
- Aumento de la calidad de los cuidados: Mejora la reputación institucional al introducir tecnología de vanguardia.

- Reducción de costes a largo plazo: Detectar el cáncer en fases tempranas implica tratamientos menos costosos y más invasivos.

Población y muestra

La población de estudio comprende todas las Tomografías Computarizadas (TAC) cerebrales disponibles de pacientes, tanto con tumores cerebrales como sin ellos. Esto incluye varios tipos de enfermedades cerebrales como cáncer, tumores (en general), así como imágenes que muestran cerebros sanos [34].

La muestra para este proyecto será un dataset específico de exploraciones de TAC cerebral. El proyecto utilizará conjuntos de datos públicamente disponibles, que son esenciales para el entrenamiento y la validación del modelo[35].

1.6.3. Variable

Variable En el presente estudio, la investigación se centra en la correlación entre las técnicas de reprocesamiento de imagen y el rendimiento de los modelos de aprendizaje profundo. La variable independiente se define por la configuración del sistema, la cual abarca dos dimensiones principales: la aplicación de técnicas de mejoramiento de imagen basadas en histogramas (tales como ecualización global, contraste adaptativo y normalización) y la selección de arquitecturas de redes neuronales (incluyendo modelos convolucionales y estrategias de transfer Learning). Estas configuraciones se manipularán experimentalmente para determinar su impacto en la capacidad diagnóstica del sistema. Como variable dependiente, se evalúa la eficacia diagnóstica y el desempeño computacional del modelo. Para operacionalizar esta variable, se establecen métricas cuantitativas rigurosas: la exactitud (Accuracy) global del modelo, la sensibilidad (recall) para medir la capacidad de detección de verdaderos positivos, y la especificidad para evaluar la correcta identificación de tejidos sanos. Adicionalmente, se analizarán indicadores discriminantes avanzados, incluyendo el valor predictivo positivo y negativo, así como el área bajo la curva (AUC) derivada de la curva característica operativa del receptor (ROC), permitiendo evaluar la robustez de la clasificación ante distintos umbrales de decisión. El análisis de estas variables se enmarca en un diseño experimental controlado que garantiza la reproducibilidad y validez estadística. Se considerarán variables intervinientes y de control, tales como los hiperparámetros del entrenamiento (tasa de aprendizaje, tamaño de lote, número de épocas) y las técnicas de aumento de

datos (data augmentation), documentándose exhaustivamente para asegurar la trazabilidad. La evaluación de la variabilidad del rendimiento se realizará mediante particionado estratificado y validación cruzada (*k-fold cross-validation*), permitiendo aislar el efecto de sesgos inherentes al conjunto de datos, como el desbalance de clases, y asegurando que las conclusiones sobre la detección de neoplasias cerebrales posean significancia estadística y aplicabilidad clínica.

1.6.4. Análisis de recolección de datos

La fase experimental del presente estudio reposaba en la obtención y curaduría de un banco de imágenes médicas obtenidas mediante Tomografía Axial Computarizada (TAC) que forma la materia prima con la que se actúa de cara al entrenamiento y validación del sistema basado en redes neuronales convolucionales. En concreto, el conjunto de datos se obtuvo de un repositorio abierto desarrollado en la plataforma de la conocida aplicación *Kaggle*, muy utilizada por la comunidad científica para establecer líneas de base de rendimiento de cara a tareas de visión artificial médica. Para asegurar la validez clínica de la muestra, dentro del protocolo se siguió un procedimiento de validación cualitativa supervisando por parte del especialista médico, quien se encargó de que los cortes tomográficos contaran con la nitidez, así como con las estructuras anatómicas necesarias para la identificación de patologías que aseguran la calidad de entrada de los algoritmos de aprendizaje profundo.

El corpus de datos presenta una taxonomía bien definida que hace referencia a un total de cuatro categorías diagnósticas muy diferenciadas, haciendo que se interpretara el problema como una tarea de clasificación multiclase. Dichas categorías fueron el Glioma, recogiendo a los tumores surgidos de células gliales; Meningioma, a partir de membranas meníngeas; Tumor Pituitario, que identificamos como consecuente al crecimiento anómalo en la hipófisis; y No Tumor, clasificado como imágenes de control provenientes de tejido cerebral sano. Este balance de categorías es determinante debido a que evita sesgos durante el entrenamiento del modelo y favorece el aprendizaje de la jerarquía de características que cada tipo de neoplasia tiene frente a los tejidos sanos.

Desde un punto de vista de gestión de la información, el repositorio estaba organizado bajo una estructura jerárquica en forma de carpetas, cada una de las carpetas es un contenedor para una de las categorías indicadas. De este modo se desarrolló una manera

de hacer rutinas de carga automática de datos (*data loaders*), que también permitía hacer la asignación de etiquetas (*label encoding*) en función del nombre de la carpeta, lo que hacía el flujo de trabajo computacional mucho más eficiente y asegurando una buena trazabilidad de la imagen de TAC y el correspondiente diagnóstico durante las fases del procesamiento. Esta estructura de archivos facilitó hacer las rutinas de carga automática de datos (*data loaders*), haciendo la asignación de etiquetas (*label encoding*) dinámica a partir del nombre del directorio, optimizando así el flujo de trabajo computacional y asegurando una buena trazabilidad entre la imagen de la TAC y su diagnóstico correspondiente durante todas las fases del proceso.

Las imágenes iniciales eran muy variadas. Su tamaño iba del uno al cien por ciento de la resolución real. Por esto, se hizo un plan fijo para preparar todo. Este plan hace iguales las entradas de la máquina de aprender. Entonces, todas las muestras se hicieron del mismo tamaño. El nuevo tamaño fue de 224 por 224 puntos. También, se cambiaron a tonos de gris. Esto resalta mejor las partes duras vistas por los aparatos. Los números de cada punto también se ajustaron. Se hizo una cuenta simple para que todos los valores fueran de cero a uno. Esta escala es clave en el aprendizaje profundo. Ayuda a que el método de mejora se junte bien. También detiene fallos raros en las cuentas de cambio. Para tener datos firmes y ver su valor real, se repartió el grupo de datos con cuidado. Se dividió el grupo de imágenes en tres partes. Una parte sirve para enseñar. Con ella se ajustan los valores de la red. Otra parte sirve para ver cómo va el trabajo. Se usa para cambiar detalles y ver si algo se aprende de más. La tercera parte es totalmente nueva. Esta parte no se tocó antes para probar el sistema final. Esta división confirma algo. Las cifras finales de acierto y sensibilidad deben mostrar. El modelo puede actuar bien. Esto pasa al encontrar tumores cerebrales nuevos. Estas imágenes no se usaron al entrenar el sistema.

1.7. Metodología de desarrollo

Para el desarrollo del presente proyecto, se adoptó la metodología CRISP-DM (*Cross Industry Standard Process for Data Mining*), ampliamente utilizada en proyectos de ciencia de datos e inteligencia artificial. Esta metodología se compone de seis fases flexibles y cíclicas que permiten abordar de forma estructurada el análisis y modelado de datos [36]. En el contexto del sistema propuesto para la detección de tumores cerebrales en imágenes de Tomografía Axial Computarizada (TAC), la aplicación de CRISP-DM facilitó la comprensión de los objetivos clínicos, el tratamiento y preprocesamiento de imágenes médicas, el diseño del modelo de red neuronal, así como la evaluación de resultados y su despliegue final.



Figura 1. Esquema de las fases de la metodología CRISP-DM según [36]

A continuación, se describen las etapas del proyecto alineadas con este marco de trabajo:

Fase 1: Adquisición y Preprocesamiento de Imágenes

Esta primera parte une las tres fases iniciales de la forma de trabajar CRISP-DM. Esto incluye ver las metas, entender la información y alistar los datos. Primero, se fijaron las metas del estudio. El foco estuvo en la necesidad médica. Se buscaba apoyar el estudio radiológico con ayudas automáticas. Se cambió la idea de negocio por la de valor para el diagnóstico. Para hacer esto, se usó data médica libre. Esta data vino de archivos DICOM y sitios de confianza (como *Kaggle*). El grupo tiene 6,400 fotos de TAC. Estas fotos se repartieron en cuatro grupos de diagnóstico. Eran glioma, meningioma, tumor de la hipófisis y nada de tumor. Al alistar los datos, las fotos pasaron por un gran arreglo. Esto fue para mejorar su calidad y mostrar mejor las partes claves.

- Mejorar el Contraste: Se usaron métodos de manejo de histogramas. Esto fue la nivelación global y CLAHE (un método adaptativo).
- Bajar el Ruido: Se pusieron filtros. Estos fueron los filtros Gaussianos y los bilaterales.
- Normalización: Escalado de los valores numéricos para facilitar la convergencia de la red. Finalmente, el conjunto se dividió en subconjuntos de entrenamiento (80%) y prueba (20%)

Fase 2: Diseño de la Interfaz Interactiva

Aunque se describe en esta etapa del documento, metodológicamente esta actividad se asocia con la fase final de Despliegue (*Deployment*) del modelo CRISP-DM. Se desarrolló una interfaz gráfica de usuario utilizando el framework Streamlit, diseñada para operacionalizar el modelo matemático en una herramienta accesible. Este entorno permite a los usuarios (profesionales de la salud):

- Cargar imágenes médicas de forma intuitiva.
- Ver el resultado del proceso inicial (filtros y tonos) al momento. Se logran resultados de diagnóstico. Esto no exige saber programar. Esta herramienta busca unir lo que se crea en código con lo que se usa en el hospital.

Fase 3: Desarrollo del Modelo de Red Neuronal

Esta parte es la fase de Diseño de CRISP-DM. El centro del sistema se hizo usando una Red Neuronal Convolucional (CNN) propia. Esta se organizó con grupos de capas para hacer la extracción de datos. Había capas de reducción de tamaño y capas llenas para el juicio final.

- Ajuste: Se usaron activaciones ReLU en las partes internas. La capa final usó Softmax. Para bajar el exceso de aprendizaje, se añadieron formas de control. Estas fueron Dropout y el control L2.
- Ideas Nuevas: Se siguió lo visto en textos nuevos [39], Se probó el Aprendizaje por Traslado. Se revisaron diseños ya listos como VGG16 y ResNet. También, se juntaron diseños de división como U-Net. Se añadieron métodos de IA Clara (XAI). Se usaron Grad-CAM y LIME. Esto ayuda a ver las áreas que la red mira. Estas áreas son clave para saber si hay un tumor.

Fase 4: Entrenamiento y Evaluación

En concordancia con las fases de Modelado y Evaluación de CRISP-DM, se procedió al ajuste de los parámetros del modelo utilizando el 80% del conjunto de datos. El proceso de entrenamiento se gestionó mediante optimizadores eficientes como Adam y se implementaron *callbacks* como EarlyStopping para detener el entrenamiento en el punto óptimo y evitar el sobreajuste. Para la medición del desempeño, se utilizaron métricas estadísticas robustas:

- Precisión (Accuracy)
- Sensibilidad (Recall)
- F1-Score
- Matriz de Confusión: Para analizar los errores específicos entre clases (e.g., diferenciar glioma de meningioma).

Fase 5: Evaluación y Resultados

Esta parte última junta el paso de Revisión de CRISP-DM. Se centra en mirar y chequear las ideas. Los datos del ensayo mostraron que el modelo detecta mejor. Esto pasó al usar el método CLAHE en la mezcla inicial. Se probó que arreglar bien la imagen de TAC es muy importante. También, se comparó con otros trabajos ya hechos. Se vieron los resultados contra estudios parecidos. Esos usaron modelos como EfficientNet o Vision Transformer. Ellos dijeron que su exactitud fue hasta del 98.7% en tareas iguales [37]. Así, se pudo ubicar qué tan bien anda el modelo nuevo en el campo de estudio hoy.

CAPITULO 2. PROPUESTA

2.1. Marco contextual

La detección temprana de neoplasias cerebrales constituye un factor determinante para el pronóstico del paciente, influyendo directamente en las tasas de supervivencia y en la viabilidad de las intervenciones quirúrgicas [38]. En la práctica clínica actual, el diagnóstico se apoya en modalidades de neuroimagen como la Resonancia Magnética (RM) y la Tomografía Axial Computarizada (TAC). Si bien la RM es considerada el estándar de referencia por su alta resolución en tejidos blandos, la TAC se mantiene como la herramienta de primera línea en servicios de urgencia a nivel global debido a su amplia disponibilidad, menor costo operativo y rapidez en la adquisición de imágenes [39]. No obstante, el contexto operativo de la TAC presenta limitaciones técnicas significativas, principalmente el bajo contraste entre la masa tumoral y el tejido cerebral sano, lo que dificulta la diferenciación visual de bordes y texturas. Esta restricción, sumada a factores humanos como la fatiga visual del radiólogo, eleva el riesgo de falsos negativos y diagnósticos tardíos [40][41].

En respuesta a esta problemática, el contexto tecnológico actual ofrece una oportunidad de optimización mediante la integración de la Inteligencia Artificial. Específicamente, la aplicación de técnicas de procesamiento de histogramas permite expandir matemáticamente el rango dinámico de las imágenes de TAC, realzando contrastes sutiles que suelen pasar desapercibidos. Al combinar este preprocesamiento con la capacidad de extracción de características de las Redes Neuronales Convolucionales (CNN), se genera un entorno de diagnóstico asistido capaz de compensar las deficiencias visuales inherentes a la tomografía, transformándola en una herramienta de detección más robusta y sensible sin requerir la infraestructura costosa de una resonancia magnética [42].

2.2. Marco Legal

La entrada en vigor de la Ley Orgánica de Protección de Datos Personales (LOPD) en mayo de 2011 es un hito importante en el derecho ecuatoriano, al establecer un sistema de protección alineado con los más estrictos estándares internacionales, como el Reglamento General de Protección de Datos (GDPR) de la Unión Europea. En el caso de los proyectos de detección de cáncer, esto significa pasar de un modelo “libre de datos” a un modelo de “responsabilidad proactiva” y de cumplimiento estricto.

2.2.1. Tratamiento de Datos Sensibles bajo la LOPDP

La Ley Orgánica de Protección de Datos Personales (LOPD) clasifica a las imágenes de neuroimagen no solo como datos de salud, sino potencialmente como datos biométricos debido a la capacidad técnica de reconstrucción facial 3D en resonancias volumétricas, según lo estipulado en el Artículo 4 [43]. Al constituir "Categorías Especiales", su tratamiento se encuentra prohibido por defecto bajo el Artículo 26, salvo que se active una excepción habilitante rigurosa como el Consentimiento Explícito para la recolección prospectiva o la Investigación Científica para datos retrospectivos, esta última excepción es crítica para la viabilidad del proyecto, pues permite el procesamiento de bases históricas sin necesidad de contactar individualmente a los pacientes, siempre y cuando se justifique el interés público sustancial del estudio y se implementen garantías técnicas, organizativas y jurídicas que aseguren el respeto a los derechos fundamentales de los titulares [44].

2.2.2. Estándares de Anonimización vs. Seudonimización

En la fase inicial de extracción y curación intrahospitalaria, el protocolo de investigación aplica unaseudonimización robusta donde los metadatos DICOM directos (como el *PatientID* y *PatientName*) son sustituidos por códigos alfanuméricos aleatorios generados mediante funciones hash criptográficas, creando una "llave maestra" de re-identificación que permanece custodiada exclusivamente por un "*Honest Broker*" clínico en un servidor local aislado (*air-gapped*). Este mecanismo permite preservar la trazabilidad clínica necesaria para validaciones diagnósticas futuras o auditorías de calidad de la imagen, manteniendo el tratamiento bajo el paraguas regulatorio de la LOPDP al conservar la naturaleza de dato personal, lo que obliga al equipo investigador a implementar medidas de cifrado en reposo y gestión de accesos basada en roles (RBAC) para garantizar la confidencialidad absoluta mientras los datos residen bajo la custodia de la institución sanitaria[45].

Para la transferencia de los datasets hacia los entornos de desarrollo y entrenamiento de la IA (*GPU Clusters*), se ejecuta un proceso de anonimización irreversible que trasciende la limpieza de metadatos para abordar la biometría intrínseca de la neuroimagen mediante algoritmos de *de-facing* (eliminación digital de la estructura facial), los cuales suprimen la superficie anatómica del rostro y reconstruyen el cráneo manteniendo intacto el

parénquima cerebral y la patología tumoral. Al destruir técnicamente la geometría facial necesaria para el reconocimiento biométrico, los datos resultantes pierden su cualidad de "dato personal" y salen del ámbito punitivo de la ley, materializando el principio de minimización de datos (Art. 10) y permitiendo que la red neuronal aprenda exclusivamente de patrones patológicos abstractos sin riesgo legal de violar la privacidad de los pacientes originales en el producto final [46].

2.2.3. Ingeniería Legal de Datasets y Licencias

El uso de datasets públicos conlleva riesgos de propiedad intelectual que pueden comprometer fatalmente la viabilidad comercial del software final. El dataset RSNA prohíbe explícitamente el lucro, lo que constituye una barrera contractual insalvable para su uso en el producto final, mientras que el dataset CQ500 utiliza una licencia *ShareAlike* (CC BY-NC-SA) que presenta un riesgo "viral" para el código propietario[47]. Si se interpreta jurídicamente que los pesos del modelo de IA son una "obra derivada" de los datos de entrenamiento, la cláusula *ShareAlike* obligaría a liberar el algoritmo comercial bajo términos de código abierto, destruyendo el activo intangible de la empresa [48]. Para mitigar este riesgo, la estrategia debe establecer una estricta separación técnica: utilizar estos datasets restrictivos únicamente para la validación externa (Test Set) y construir el modelo de producción exclusivamente con datos propios o licenciados comercialmente.

2.2.4. Principios Éticos en la Inteligencia Artificial aplicada a la Salud

Más allá del cumplimiento normativo, este proyecto se adhiere a los principios éticos internacionales para IA, como los promovidos por la UNESCO y otros organismos. La UNESCO, en su "Recomendación sobre la ética de la inteligencia artificial" (2021), promueve principios como transparencia, equidad, supervisión humana y respeto a los derechos humanos aplicados en ámbitos como la salud [49].

En la práctica, el sistema une estas guías de moralidad:

- Mostrar cómo funciona el modelo (XAI): Usaremos Grad-CAM. Esto marcará las zonas clave que influyen en el resultado. También añadiremos otros métodos. Usaremos LIME. Esto hará más fácil entenderlo. Así, daremos razones claras a los expertos.

- Supervisión humana obligatoria: el sistema será un asistente diagnóstico no un sustituto y toda decisión clínica deberá ser confirmada por un médico, asegurando que el juicio profesional prevalezca. Esta obligación está en línea con propuestas éticas que advierten que la IA debe complementar el juicio clínico, no reemplazarlo [50].
- Equidad y mitigación de sesgos: se utilizarán datasets representativos y balanceados, y se evaluará el desempeño en distintos subgrupos (por edad, género, origen geográfico) para detectar y corregir sesgos que comprometan la fiabilidad del sistema.
- Responsabilidad, trazabilidad y rendición de cuentas: cada fase del diseño, entrenamiento, validación y despliegue será documentada, permitiendo auditorías académicas y regulatorias para garantizar transparencia y cumplimiento ético.

En la parte de explicabilidad del modelo (XAI) se tomaron en consideración las técnicas Grad-CAM y LIME porque son las que más complementa y de fácil interpretación para el médico o investigador en la siguiente tabla (Tabla 2) detallo de los ventajas y desventajas de cada técnica.

Técnica	Cómo funciona	Ventajas	Desventajas
Grad-CAM	Calcula gradientes de la última capa convolucional y genera un mapa de calor sobre la imagen.	- Fácil de implementar en CNN, - Produce mapas visuales intuitivos para médicos. - Rápido y ligero computacionalmente. - Muy usado en investigación médica.	- La explicación depende de la capa elegida. - Puede ser poco preciso en detalles finos.
LIME	Perturba la imagen en “super píxeles” y mide cómo	- Explicaciones locales y comprensibles.	- Lento (requiere muchas perturbaciones).

Técnica	Cómo funciona	Ventajas	Desventajas
	cambia la predicción.	- No depende de la arquitectura del modelo. - Puede usarse en validaciones puntuales.	- Segmentación puede ser arbitraria. - No siempre es estable en imágenes médicas.
SHAP	Basado en teoría de juegos; calcula la contribución de cada píxel o región a la predicción.	- Muy riguroso y teóricamente sólido. - Permite análisis global y local. - Detecta sesgos y relevancia estadística.	- Computacionalmente muy costoso. - Difícil de escalar en imágenes grandes. - Más complejo de interpretar para médicos.

Tabla 1. Comparación de técnicas XAI para imágenes médicas

2.3. Marco conceptual

2.3.1. Generalidades del Cáncer Cerebral

Los tumores cerebrales presentan síntomas variados, como cefaleas, somnolencia, pérdida de fuerza, déficits del habla o visuales, y convulsiones, que dependen de su ubicación y tamaño [51]. Las causas exactas de los tumores malignos son en gran parte desconocidas, aunque factores como la edad, la raza y la exposición a radiación ionizante pueden aumentar el riesgo[52]. El pronóstico está ligado a la agresividad del tumor, siendo los gliomas y astrocitomas los más comunes en adultos[53]. La inespecificidad de los síntomas tempranos subraya la necesidad de sistemas de detección temprana basados en imágenes para una intervención oportuna[53]. La clasificación precisa del tumor es crucial, ya que cada tipo requiere un enfoque terapéutico distinto, incluyendo cirugía, quimioterapia o radioterapia[53].

2.3.2. Cáncer Cerebral

Los tumores cerebrales se definen como masas anormales de células que se desarrollan dentro del cerebro o en sus estructuras circundantes [54]. Pueden originarse directamente en el tejido cerebral, siendo clasificados como tumores cerebrales primarios, o pueden ser el resultado de la diseminación de células cancerosas desde otras partes del cuerpo, en cuyo caso se denominan tumores cerebrales secundarios o metastásicos[55].

La clasificación de los tumores se basa en sus características celulares y su comportamiento biológico, dividiéndolos en dos categorías principales: benignos (no cancerosos) y malignos (cancerosos) [55]. Los tumores benignos suelen crecer lentamente, no invaden el tejido sano circundante y generalmente no se diseminan a sitios distantes. En contraste, los tumores malignos se caracterizan por un crecimiento rápido, un comportamiento invasivo en el tejido cerebral adyacente y la capacidad de destruir células sanas [55]. El pronóstico para los individuos con tumores cerebrales está fundamentalmente influenciado por la agresividad del tumor, su tipo histológico y su respuesta al tratamiento [56].

2.3.3. Tipos Específicos de Tumores Cerebrales

2.3.3.1. Gliomas

Los gliomas representan el tipo más común de tumor cerebral primario en adultos, constituyendo aproximadamente el 60% de todos los tumores cerebrales primarios[56]. Se originan a partir de las células gliales, que son células de soporte que rodean las células nerviosas en el cerebro. Aunque algunos gliomas pueden ser benignos, la mayoría son malignos[57]. Glioblastoma (*glioblastoma multiforme* *idligere*) es el tipo más prevalente y agresivo de glioma maligno, clasificado como un tumor de grado IV por la organización mundial de la salud (OMS)[58]. Estos tumores se caracterizan por un crecimiento rápido y agresivo, y están compuestos por una mezcla heterogénea de células tumorales astrocitarias[59]. Los gliomas difusos de línea media son un subtipo raro y altamente agresivo (también Grado IV) que afecta predominantemente a niños, pero puede ocurrir en adultos, típicamente originándose en estructuras críticas de la línea media como el tronco encefálico, el tálamo o la médula espinal [60]. Estos tumores son conocidos por su capacidad para invadir el tejido cerebral adyacente y pueden diseminarse a través del líquido cefalorraquídeo [60].

2.3.3.2. Meningiomas

Los meningiomas son las neoplasias intracraneales más comunes de origen no glial dentro del sistema nervioso central[61]. Surgen de los meningocitos o células aracnoideas, que son componentes de las meninges, las membranas protectoras que rodean el cerebro y la médula espinal[62]. La gran mayoría de meningiomas son benignos [61], pero existen variantes atípicas y malignas, aunque menos comunes. Estos tumores son notablemente más prevalentes en mujeres, con una proporción de 2:1 intracranealmente y 4:1 en la columna vertebral, y son poco comunes antes de los 40 años[63]. Aunque la mayoría de los casos son esporádicos, un historial de irradiación craneal previa o un diagnóstico de neurofibromatosis tipo 2 (NF2) puede aumentar el riesgo[64]. Los meningiomas también pueden mostrar sensibilidad al estrógeno y la progesterona, lo que puede llevar a un crecimiento durante el embarazo[65].

2.3.3.3. Tumores Pituitarios (Adenomas Hipofisarios)

Los tumores hipofisarios son masas anormales que se desarrollan en la glándula pituitaria (glándula pituitaria), un órgano endocrino pequeño, del tamaño de un guisante, ubicado detrás de la nariz en la base del cerebro[66]. La gran mayoría de estos tumores son benignos (no cancerosos) y se denominan adenomas pituitarios[67]. Típicamente crecen lenta y generalmente no se diseminan a otras partes del cuerpo[68]. Es importante distinguirlos de los quistes pituitarios, que son sacos llenos de líquido y no tumores verdaderos [68]. Los tumores pituitarios se clasifican por su tamaño (los micro adenomas miden menos de 1 cm, los macro adenomas miden 1 cm o más) y por su actividad hormonal (los tumores funcionantes producen un exceso de hormonas, mientras que los no funcionantes no lo hacen) [69]. Los adenomas funcionantes pueden conducir a diversos trastornos endocrinos dependiendo de la hormona producida en exceso, como el síndrome de Cushing (exceso de ACTH), acromegalia (exceso de hormona del crecimiento), hiperprolactinemia (exceso de prolactina) o hipertiroidismo (exceso de TSH)[69].

2.3.4.1.1 Python

Python es la columna vertebral para la IA y el aprendizaje automático en la atención médica debido a su usabilidad, adaptabilidad y rica colección de librerías [70]. Permite el análisis complejo de datos, diagnósticos predictivos impulsados por IA y el

procesamiento en tiempo real de información médica masiva[70]. Es ampliamente utilizado para tareas de imágenes médicas como la interpretación de rayos X, TC y RM, y para la automatización de tareas rutinarias[70]. El extenso ecosistema de Python y el soporte de la comunidad aceleran significativamente el desarrollo, convirtiéndolo en el estándar de facto para este proyecto.

2.3.4.1.2. TensorFlow

TensorFlow es un framework líder de aprendizaje profundo utilizado para construir y desplegar redes neuronales [71]. Se menciona explícitamente para el desarrollo de la tubería de aprendizaje profundo, particularmente redes neuronales convolucionales (CNN), para la detección y clasificación de tumores cerebrales [72]. Maneja el grafo computacional y la diferenciación automática, cruciales para entrenar modelos complejos. Las robustas capacidades de TensorFlow para CNN y su soporte para la aceleración por GPU son críticas para manejar las demandas computacionales del análisis de imágenes médicas, permitiendo un entrenamiento eficiente de modelos grandes.

2.3.4.1.3. OpenCV

Proporciona amplias funciones para leer, escribir y manipular imágenes y videos, aplicar filtros (por ejemplo, detección de bordes Canny, desenfoque) e integrarse con frameworks de aprendizaje profundo [73]. Se utiliza para tareas como la conversión de color, el redimensionamiento y la extracción de características.

2.3.4.1.4. scikit-image.

La biblioteca proporciona implementaciones algorítmicas optimizadas y rigurosamente documentadas para el procesamiento digital de imágenes, abarcando funciones críticas como el escalado espacial, la normalización de intensidades, la supresión de ruido mediante transformadas de Wavelet, así como técnicas avanzadas de segmentación y ecualización de histogramas [74]. Su arquitectura permite una integración nativa y eficiente con los arreglos multidimensionales de NumPy, facilitando la manipulación matemática de los datos. La convergencia tecnológica entre OpenCV y scikit-image constituye un ecosistema instrumental exhaustivo que cubre el espectro completo del preprocesamiento: desde la manipulación de bajo nivel a escala de píxel hasta la extracción de características de alto nivel (como descriptores de textura y detección de

esquinas). Esta infraestructura es determinante para asegurar la integridad y calidad de los datos tomográficos (TAC), condicionando positivamente la convergencia de la red neuronal.

2.3.4.1.5. Librerías de Manipulación y Análisis de Datos: NumPy, Pandas.

En el ecosistema del cómputo científico, NumPy constituye el núcleo operacional para el procesamiento numérico de alto rendimiento, proporcionando estructuras de arreglos N-dimensionales (*ndarray*) que permiten la representación matricial eficiente de los datos volumétricos y la manipulación vectorizada de las intensidades de píxel, un requisito crítico para el tratamiento cuantitativo preciso de las Unidades Hounsfield en las tomografías computarizadas. Complementariamente, Pandas ofrece un marco robusto para el análisis de datos estructurados mediante el objeto *DataFrame*, facilitando la gestión integral de metadatos clínicos, la alineación de registros demográficos y la sistematización tabular de las métricas de inferencia resultantes. La integración sinérgica de estas bibliotecas establece una infraestructura computacional sólida que optimiza la ingestión y curaduría de grandes volúmenes de información biomédica heterogénea, garantizando la trazabilidad, la eficiencia operativa y la integridad de los datos a lo largo de todo el pipeline de desarrollo del modelo de aprendizaje profundo

2.3.4.1.6. Librerías de Visualización: Matplotlib, Seaborn.

En el ámbito de la representación científica de datos, Matplotlib se erige como la infraestructura fundamental de visualización, otorgando un control granular sobre las primitivas gráficas para la construcción de diagramas complejos y mapas de calor, esenciales para la inspección detallada de las matrices tomográficas. Sobre esta arquitectura base, Seaborn implementa una capa de abstracción de alto nivel orientada a la inferencia estadística visual, optimizando la estética y la interpretabilidad mediante esquemas semánticos avanzados. La integración sinérgica de estas bibliotecas resulta instrumental para la ejecución rigurosa del Análisis Exploratorio de Datos (EDA), permitiendo desde la caracterización estocástica de las distribuciones de intensidad de píxeles (Unidades Hounsfield) hasta el monitoreo dinámico de las métricas de convergencia (curvas de pérdida y precisión) durante el entrenamiento de la red neuronal. Esta capacidad de síntesis visual es crítica no solo para la validación técnica del modelo, sino también para la traducción efectiva de hallazgos computacionales abstractos en

representaciones gráficas interpretables, facilitando la comunicación de resultados tanto a validadores técnicos como a especialistas clínicos.

2.3.4.1.7. Visual Studio Code

Visual Studio Code (VS Code) actúa como el Entorno de Desarrollo Integrado (IDE) central, proporcionando una arquitectura modular optimizada para la ingeniería de IA. Mediante su ecosistema de extensiones para Python y herramientas de ML, orquesta eficientemente el ciclo de vida del desarrollo, desde la codificación hasta el despliegue. Esta capacidad de integración y depuración avanzada es crítica para la validación experimental de los algoritmos de detección de tumores cerebrales, asegurando un flujo de trabajo técnico robusto y escalable.

2.3.4.1.8. Streamlit

Streamlit opera como un framework de código abierto en Python que abstrae la complejidad del desarrollo front-end tradicional. Su arquitectura está optimizada para acelerar el ciclo de vida de las aplicaciones de datos, permitiendo la transformación directa de scripts de procesamiento lógico en interfaces web interactivas y escalables. Al eliminar la dependencia de lenguajes como HTML o JavaScript, esta herramienta facilita un despliegue ágil centrado en la eficiencia algorítmica y la funcionalidad del modelo, resultando ideal para la implementación rápida de soluciones de IA.

2.4. Marco teórico

2.4.1. Sistema de diagnóstico asistido por computadora (CAD) basado en histogramas y aprendizaje automático

Este estudio se enfoca en la aplicación de técnicas avanzadas de *deep learning* para la detección de tumores cerebrales, utilizando una metodología que guarda una estrecha relación con el componente de identificación y clasificación del proyecto propuesto. En primera instancia, se implementa una etapa de clasificación basada en la arquitectura VGG16, reconocida por su capacidad para extraer características profundas de las imágenes médicas. Posteriormente, se integra el modelo YOLO (*You Only Look Once*), una de las tecnologías más destacadas en el campo de la detección de objetos en visión por computadora[75].

La adición de YOLO es particularmente importante por el hecho de realizar la detección y la clasificación en un mismo proceso para hacer del modelo una alternativa extremadamente rápida, eficiente y precisa; esta versión del algoritmo se distingue también a la hora de localizar tumores cerebrales en las decoraciones como otras técnicas, la localización cerebral como tal se realiza de una manera precisa, pudiendo sacar no sólo información sobre la patología, sino que también se puede obtener información sobre su localización específica. Este planteamiento metodológico, que así combina una fase de clasificación y un proceso de localización mediante YOLO, robustece la intención del proyecto al brindar un sistema de apoyo médico complejo, el sistema ya no sólo busca ofrecer diagnósticos más complejos y fiables, sino que agrega la posibilidad de visualizar las zonas de interés de la tomografía para facilitar la interpretación clínica [75].

2.4.2. Evaluación comparativa de modelos de CNN de alta precisión para la clasificación de tumores cerebrales

Una investigación reciente llevó a cabo una evaluación integral de dieciocho arquitecturas de redes neuronales convolucionales (CNN) con el propósito de identificar los modelos más precisos y eficientes para el diagnóstico automatizado de tumores cerebrales[76]. Los hallazgos evidenciaron el notable desempeño de arquitecturas avanzadas de *Deep Learning*, alcanzando niveles de precisión sobresalientes; entre ellas, *BrainNet-7* destacó con una exactitud del 99.2%, mientras que *EfficientNet-B2* registró un 98.7% en la clasificación [77].

Este estudio constituye un referente clave sobre el rendimiento esperado en la implementación de CNN dentro del ámbito diagnóstico, demostrando que los modelos basados en *Deep Learning*, incluso cuando se entrenan mediante *Transfer Learning* y técnicas de aumento de datos, poseen la robustez y fiabilidad necesarias para su aplicación en sistemas CAD destinados a la asistencia clínica, la identificación de estas arquitecturas de alto desempeño orienta directamente la selección del modelo en el presente proyecto, con el objetivo de maximizar la efectividad en la detección de anomalías en imágenes de TAC [78].

2.4.4 Investigación universitaria ecuatoriana sobre detección de tumores cerebrales en imágenes de tomografía

En Ecuador, se ha documentado la realización de investigaciones a nivel universitario que se enfocan en el procesamiento de imágenes de tomografías cerebrales de un hospital para la detección de tumores[79]. Este proyecto local establece la aplicabilidad directa y la demanda clínica en el país para la modalidad de TAC, que es la utilizada en el presente estudio, justificando la pertinencia del sistema de asistencia propuesto en el ámbito de la salud ecuatoriana. Este tipo de iniciativas demuestra un esfuerzo concreto por aplicar técnicas de procesamiento de imágenes para la identificación de anomalías, creando un precedente académico y operativo para el desarrollo de sistemas CAD avanzados.

2.5. Requerimientos

2.5.1. Requerimientos Funcionales

Tipo	Requerimiento
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la carga de imágenes en los formatos PNG y JPG
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la visualización de la imagen original cargada en la interfaz.
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la supresión de imágenes cargadas en caso de error
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la descarga de las imágenes procesadas.
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la comparación lateral (lado a lado) de la imagen original y la mejorada.

Tipo	Requerimiento
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la aplicación de la ecualización de histograma para la mejora del contraste.
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la aplicación de filtros de reducción de ruido (ej. Gaussiano, Mediana).
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la visualización del histograma de la imagen mejorada.
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la posibilidad de guardar las imágenes preprocesadas para análisis posterior.
Requerimiento de Operación	El sistema debe dejar llevar a cabo la visualización del histograma de la imagen original
Requerimiento de Clasificación	El sistema debe dejar llevar a cabo la inclusión de una CNN entrenada para la detección de tumores cerebrales
Requerimiento de Clasificación	El sistema debe dejar llevar a cabo la clasificación de las imágenes en glioma, meningioma, pituitaria o sin tumor.
Requerimiento de Clasificación	El sistema debe dejar llevar a cabo la visualización del resultado de predicción (a lo que se refería como "final result") con porcentaje de confianza (<i>confidence ratio</i>).

Tipo	Requerimiento
Requerimiento de Clasificación	El sistema debe dejar llevar a cabo la carga de un modelo previamente entrenado.
Requerimiento de Clasificación	El sistema debe dejar llevar a cabo la visualización de un mensaje de error en caso de no estar disponible el modelo.
Requerimiento de Resultados	El sistema debe dejar llevar a cabo la exportación de informes en PDF.
Requerimiento de notificación	El sistema tiene que presentar un mensaje de aviso que no es un sistema de diagnóstico, sino que es un ayudante para detectar.
Requerimiento de Interfaz	El sistema debe tener una interfaz gráfica interactiva en Streamlit.
Requerimiento de Interfaz	El sistema también tiene que presentar instrucciones de uso claras por párrafo.
Requerimiento de Interfaz	El sistema debe tener navegación por pestaña (Carga, Procesamiento, Predicción, Resultados).

Tabla 2.Tabla de Requerimientos Funcionales

2.5.2. Requerimientos No Funcionales

Tipo	Requerimiento
Requerimiento de rendimiento	El sistema debe procesar y clasificar imágenes en un tiempo promedio no mayor a 5 segundos por imagen.

Tipo	Requerimiento
Requerimiento de Usabilidad	La interfaz debe ser intuitiva, clara y de fácil uso para médicos e investigadores sin necesidad de conocimientos avanzados en programación.
Requerimiento de Confiabilidad:	El sistema debe garantizar una precisión mínima de detección y clasificación del 80%.
Requerimiento de Seguridad	El sistema debe garantizar la seguridad de los datos médicos cumpliendo, cuando corresponda, con las normas de protección de datos (por ejemplo, Ley Orgánica de Protección de Datos Personales del Ecuador).
Requerimiento de Escalabilidad	El sistema debe considerarse modular para permitir la incorporación de nuevos algoritmos de procesamiento y redes neuronales.

Tabla 3. Tabla de Requerimientos No Funcionales

2.4. Componentes de la Propuesta

2.4.1. Fase 1 Adquisición y Preprocesamiento de Imágenes

2.4.1.1. Adquisición de Imágenes

Para el desarrollo del proyecto se escogió un conjunto de datos público que contiene imágenes de tomografía axial computarizada (TAC) cerebral en formato JPG y PNG. Este dataset se encuentra organizado en cuatro clases bien definidas: glioma (Figura 2), meningioma (Figura 3), pituitary (Figura 4) y notumor, lo que permite realizar una clasificación multiclase. Todas las imágenes están adecuadamente etiquetadas y presentan una calidad y resolución suficientes para garantizar un entrenamiento confiable del modelo. Asimismo, el dataset ofrece diversidad y representatividad, lo que facilita la detección y diferenciación de tumores cerebrales en distintos escenarios clínicos. Esto

este contenido en las carpetas Training donde encontramos las carpetas de cada Tipo de cáncer y a su vez las imágenes TAC sin presencia de cáncer (Figura. 5).

Cáncer Glioma

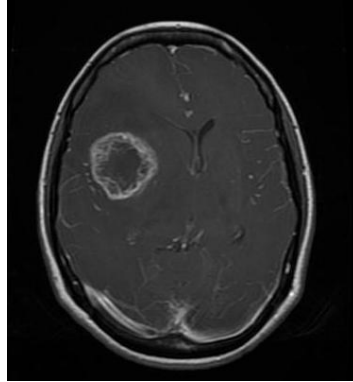


Figura 2. Imagen TAC con presencia de cáncer Glioma.

Cáncer Meningioma

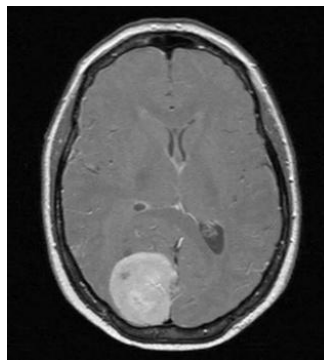


Figura 3. Imagen TAC con presencia de cáncer meningioma.

Cáncer Pituitary

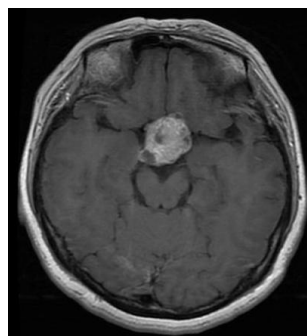


Figura 4. Imagen TAC con presencia de cáncer pituitary.

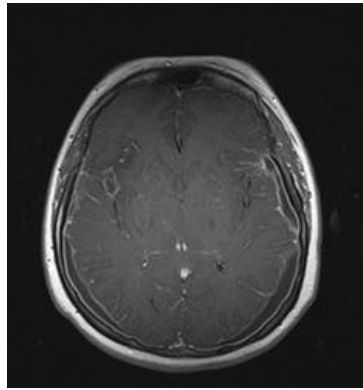


Figura 5. Imagen TAC sin presencia de cáncer.

2.4.1.2. Procesamiento de histogramas

Se emplearán técnicas de mejora de contraste en imágenes TAC para optimizar su calidad y facilitar el análisis médico. La ecualización global del histograma se aplicará para aumentar el contraste en toda la imagen, mientras que la ecualización adaptativa mediante CLAHE permitirá mejorar el contraste en regiones específicas, resaltando detalles anatómicos sin incrementar el ruido. Estas técnicas, implementadas con herramientas como `cv2.createCLAHE`, buscan aumentar la visibilidad de estructuras relevantes como masas tumorales, cavidades, tejidos blandos y calcificaciones, siendo CLAHE especialmente útil para realzar detalles locales y apoyar una detección más precisa de posibles anomalías (Figura 6), (Figura 7).



Figura 6. Aplicación de técnicas de histogramas (CLAHE), con presencia de cáncer.

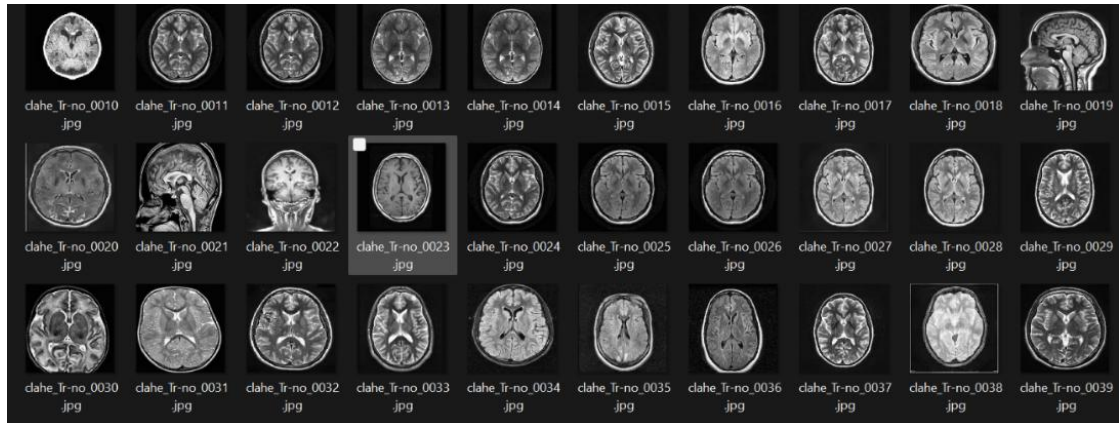


Figura 7. Aplicación de técnicas de histogramas (CLAHE), sin presencia de cáncer.

Se creó una carpeta llamada imágenes_mejoradas estas imágenes fueron procesadas con el histograma y se crearon 4 carpetas adicionales para su clasificación (Figura 8).

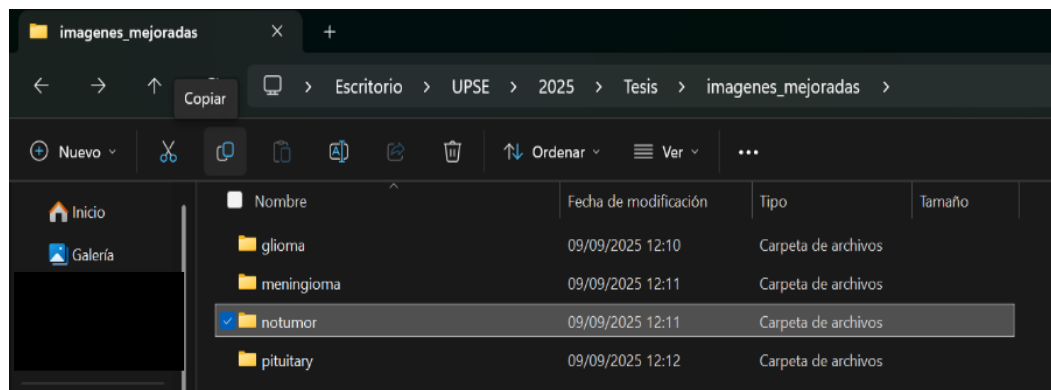


Figura 8. Carpetas con las imágenes TAC.

2.4.2. Fase 2 Diseño de la Interfaz Interactiva para el Análisis

Con el fin de integrar los diferentes módulos del sistema de análisis de imágenes médicas, se desarrolló una aplicación interactiva en Streamlit denominada “Diseño de un sistema de asistencia para la mejora de la detección del cáncer cerebral mediante procesamiento de histogramas y CNN en imágenes TAC.”, la cual fue implementada completamente en lenguaje Python. Este código fue diseñado con el propósito de ofrecer una herramienta funcional, capaz de procesar imágenes de TAC cerebral, detectar tumores mediante redes neuronales convolucionales (CNN), analizar estadísticas de las imágenes y generar reportes médicos automáticos con respaldo técnico y clínico. La aplicación se construyó bajo una estructura modular, permitiendo separar el procesamiento, la predicción y la

generación de reportes, lo que garantiza escalabilidad y mantenibilidad del sistema (Figura 9).

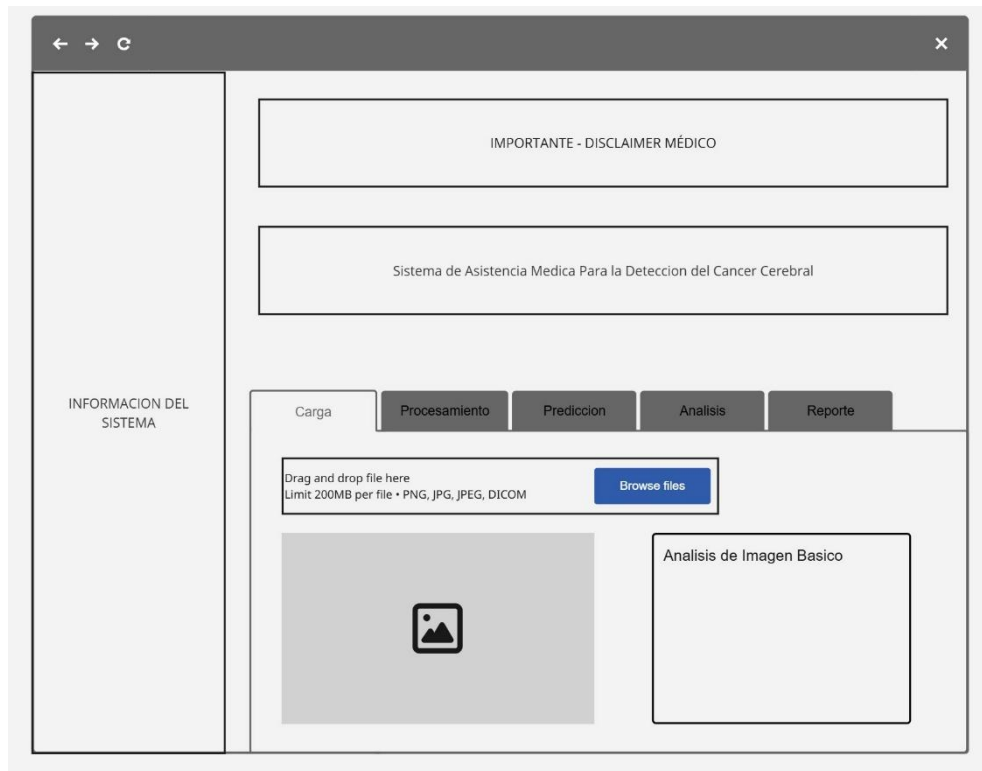


Figura 9. prototipado de la Interfaz

La interfaz se compone de cinco secciones principales accesibles mediante pestañas o 'tabs' organizadas de forma horizontal, las cuales representan las etapas funcionales del sistema: Carga y Análisis, Procesamiento, Predicción, Estadísticas y Reporte PDF (Figura 10).



Figura 10. Etapas Funcionales del sistema

El sistema implementa un pipeline de procesamiento digital de imágenes que incluye etapas de reducción de ruido, normalización y ecualización del histograma, antes de alimentar la red neuronal. El modelo CNN, cargado mediante TensorFlow y Keras, realiza la clasificación automática en cuatro categorías: glioma, meningioma, pituitary y notumor. La predicción se complementa con el cálculo de métricas de confianza, margen de predicción y entropía, ofreciendo un diagnóstico asistido confiable. Además, se incorporó un módulo de inteligencia artificial explicable (XAI) que visualiza las regiones más relevantes de la imagen, mejorando la trazabilidad del resultado. Finalmente, se implementó un sistema de reporte PDF automático con datos técnicos, gráficos y advertencias médicas, empleando la librería ReportLab. Para más detalle de los módulos se presenta en la siguiente tabla:

Modulo	Funcionalidad desarrollada	Explicación técnica del proceso
Carga	Permite cargar imágenes médicas y obtener sus métricas iniciales.	Se implementó un módulo de adquisición de imágenes compatible con formatos estándar y médicos (PNG, JPG, JPEG y DICOM), como se visualiza en la Figura 11, empleando la biblioteca scikit-image. Como etapa de preprocesamiento, se efectuó una reducción de la dimensionalidad cromática mediante la conversión a escala de grises. Para la caracterización cuantitativa y la evaluación preliminar de la calidad de la imagen, se calcularon descriptores estadísticos fundamentales —media (μ), desviación estándar (σ), entropía (H) y contraste— utilizando algoritmos de NumPy, cuyos resultados se visualizan

Modulo	Funcionalidad desarrollada	Explicación técnica del proceso
		dinámicamente en la interfaz de usuario (Figura 12 y Figura 13).
Procesamiento	Efectúa el pretratamiento gráfico antes de la predicción.	Se ejecutaron filtros de ruido Gaussian, Mediana y Bilateral, los métodos de normalización (Min Max, Z-Score, Percentil) y ecualización (Global, Adaptativa, CLAHE). Cada técnica fue llevada a cabo con OpenCV y Scikit-image a fin de incrementar contraste y uniformidad de las intensidades, incrementando el run time del modelo de red neuronal convolucional (Figura 14).
Predicción	Ejecuta el análisis automático del tumor mediante el modelo CNN.	Se integró un modelo de tipo CNN con Keras (<i>load_model</i>), que automáticamente ajusta el tamaño y los canales de la forma de la imagen para acoplarse con el <i>input_shape</i> esperado, y el sistema devuelve la clase más probable, la confianza de la clase, el margen y la entropía de la predicción; se incluyó una función de segmentación automática (<i>percentil</i> , <i>Otsu</i> o <i>adaptativa</i>) con <i>skimage.measure</i> que permite destacar la región del tumor (Figura 15 y Figura 16).

Modulo	Funcionalidad desarrollada	Explicación técnica del proceso
Análisis	Realiza el análisis con las técnicas XAI para ver cómo se comporta la red neuronal.	Se muestran la imagen previamente procesada, se le aplica la técnica XAI, Grad -CAM y LIME que nos muestra las zonas interés que considera para la Predicción (Figura 17 y 18).
Reporte PDF	Genera un reporte médico automatizado del análisis.	Generar un informe médico automatizado del análisis (figuras 20 y 21). Se programó el generador de informes con la librería ReportLab, que compila las imágenes originales, procesadas, probabilidades, métricas y advertencias médicas en un informe con un formato profesional. Se añadió un aviso obligatorio que indica que el sistema es una herramienta de ayuda al diagnóstico y no reemplaza la evaluación médica profesional (figuras 19 y 20).

Tabla 4. Descripción de Módulos de apartado Grafico

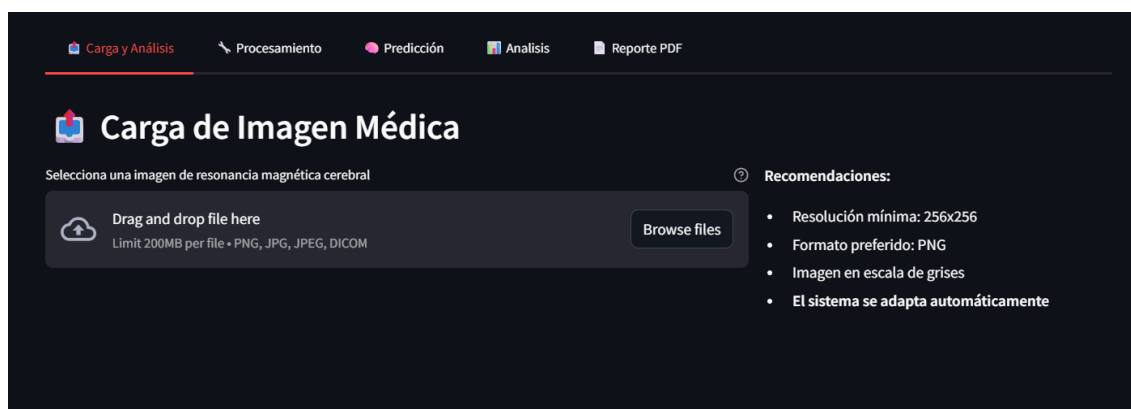


Figura 11. Módulo de Carga de Imagen.

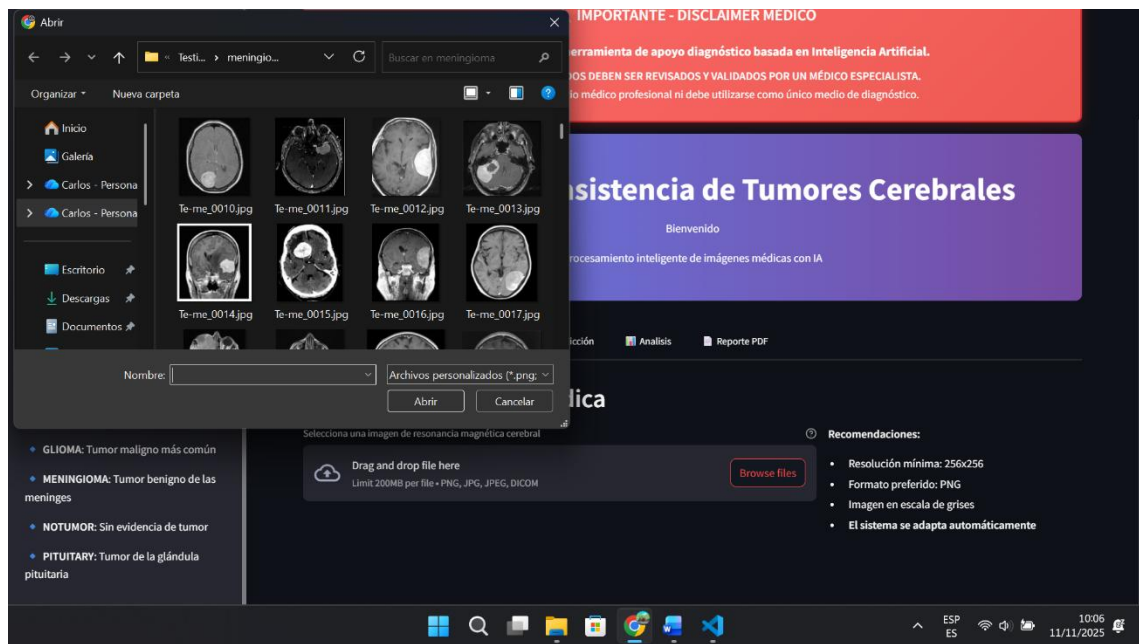


Figura 12. Función de Carga de Imagen



Figura 13. Visualización de la imagen seleccionada y subida al sistema



Figura 14. Módulo de procesamiento de imagen, visualización de la imagen subida y la imagen con aplicación de histograma.

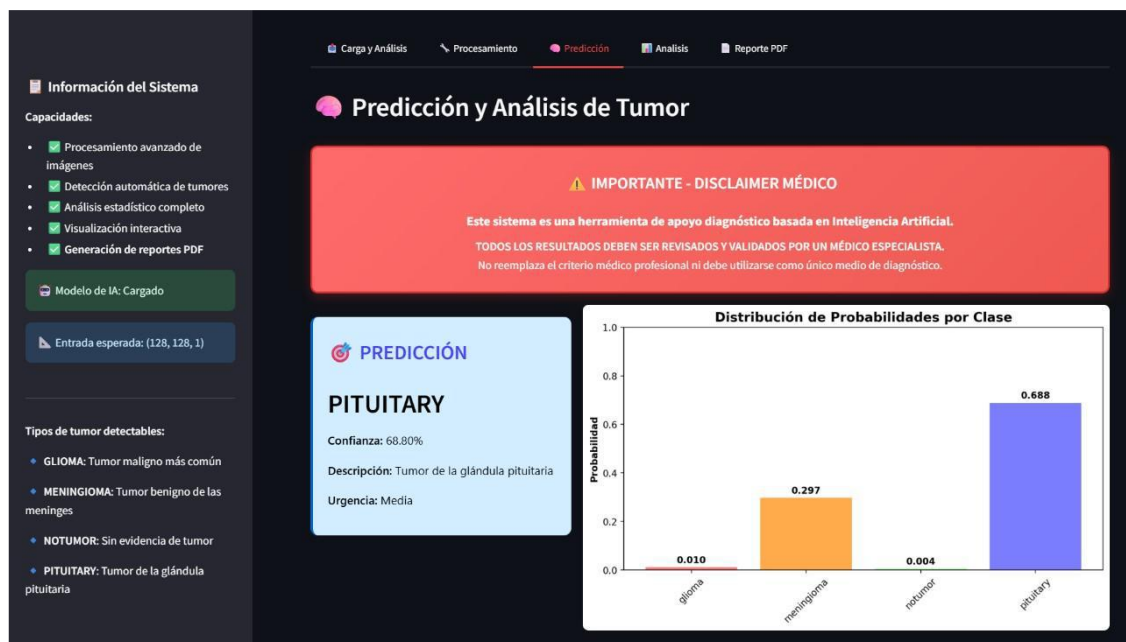


Figura 15. Módulo de Predicción, visualización de los Resultados de la Predicción.



Figura 16. Visualización de la zona tomada para la predicción y el nivel de confianza.

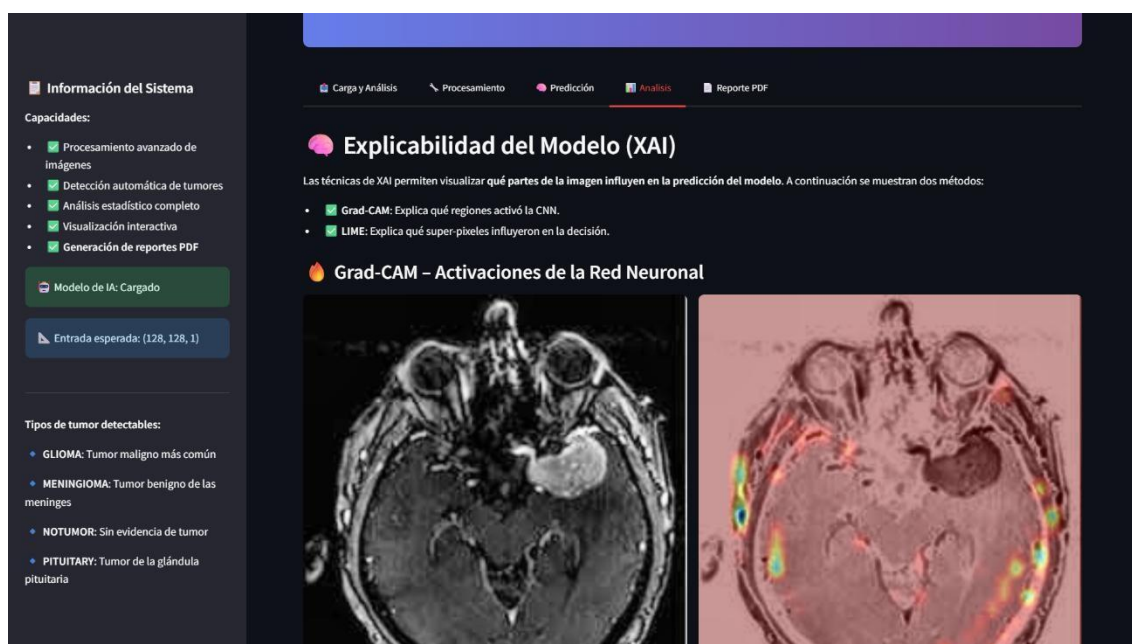


Figura 17. Módulo de análisis mediante técnicas XAI y aplicación automática de Grad-CAM.

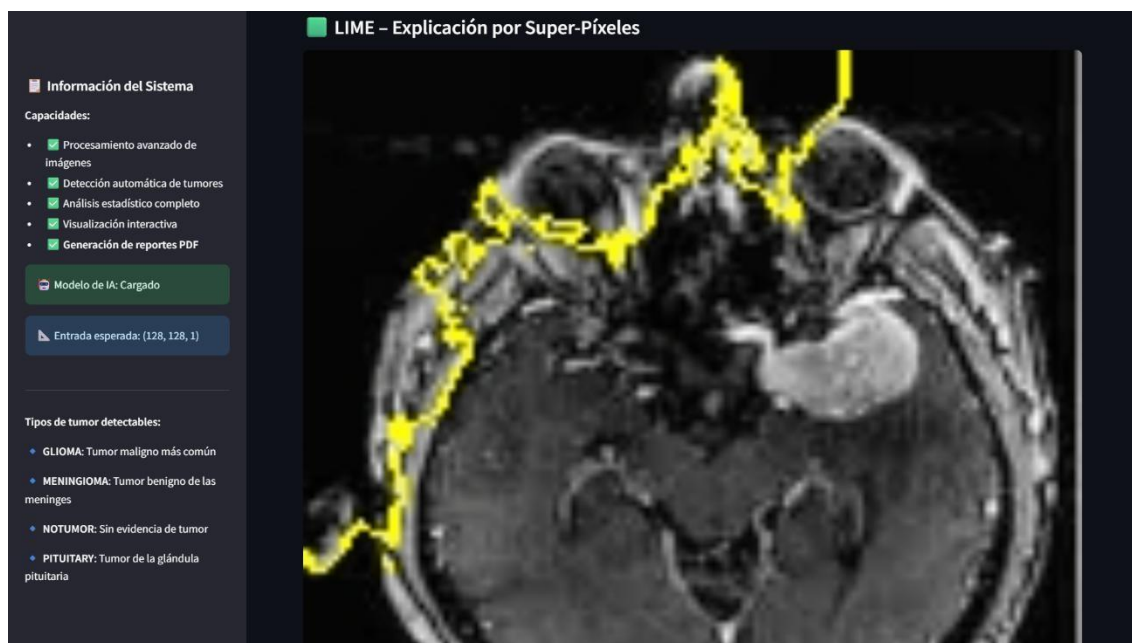


Figura 18. Aplicación automática de la técnica LIME.

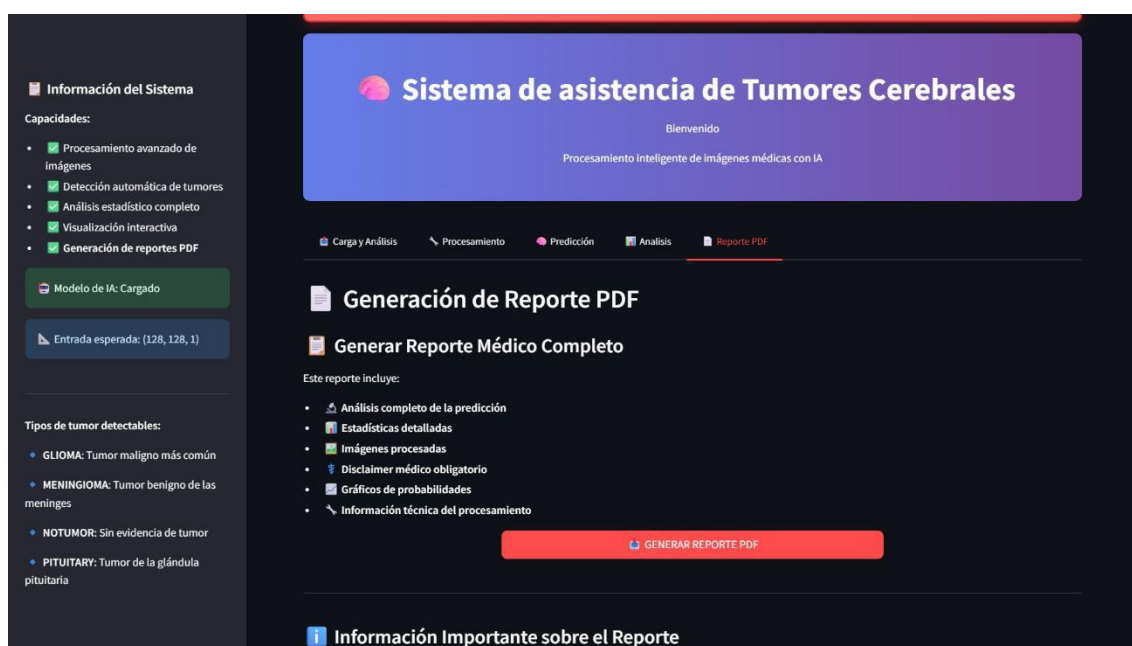


Figura 19. Módulo de generación de Reporte PDF.



Figura 20. Descarga de Reporte PDF.

2.4.3. Fase 3 Desarrollo del Modelo de Red Neuronal.

Como primer paso para la creación del modelo de detección de tumores cerebrales, se estableció una configuración estandarizada que asegure la compensación entre la habilidad de aprendizaje del modelo y la eficiencia computacional. A continuación, se exponen los hiperparámetros seleccionados tras realizar pruebas preliminares de fine-tuning. la aplicación de CNN en salud.

Categoría	Parámetro	Configuración	Justificación
Entrada	Dimensiones (H x W x C)	128 x 128 x 1	Escala de grises para disminuir dimensionalidad y enfocar en textura.
Datos	Tamaño de Lote (Batch Size)	16	Permite frecuentes actualizaciones del gradiente y uso eficiente de VRAM.
General	Épocas Máximas	50	Límite superior suficiente para convergencia con Early Stopping.

Categoría	Parámetro	Configuración	Justificación
Optimizador	Algoritmo	Adam	Acelera la convergencia y permite adaptarla a CNNs.
Optimizador	Tasa de Aprendizaje (<i>Learning Rate</i>)	Dinámico (Inicio: 0.001)	Reducción automática a través de ReduceLROnPlateau.
Pérdida	Función de Coste	Categorical Crossentropy	Categorical Crossentropy Estándar para clasificaciones multiclase con etiquetas one-hot.
Regularización	Dropout	0.5 (50%)	Aplicado en las capas densas de la red para escapar de un sobreajuste (o overfitting).
Regularización	L2 (Ridge)	$\lambda = 1_{e^{-3}}$	Penaliza aquellos pesos grandes en la capa densa.
Preprocesamiento	Ecualización	CLAHE	Clip Limit: 2.0, Grid: 8x8 para poder mejorar el contraste local.

Tabla 5. Tabla de Hiperparámetros del Entrenamiento

Estrategia de *Callbacks*

Para optimizar el entrenamiento, se implementaron las siguientes estrategias de control:

- **Early Stopping:** Paciencia de 10 épocas monitoreando val_loss para detener el entrenamiento si no hay mejora, restaurando los mejores pesos.
- **ReduceLROnPlateau:** Una reducción de la tasa de aprendizaje en un factor de 0.5 si val_loss no mejora en 5 épocas, permitiendo descender hasta mínimos locales más certeros.

2.4.3.1. Justificación de la Arquitectura: CNN Propia vs. Transfer Learning

Para este estudio, se diseñó e implementó una arquitectura de Red Neuronal Convolutiva (CNN) personalizada entrenada desde cero (*from scratch*), desestimando el uso de técnicas de *Transfer Learning* (como VGG16, ResNet50 o Inception) por las siguientes razones técnicas y metodológicas:

1. Discrepancia de Dominio (*Domain Gap*):

Los modelos de *Transfer Learning* pre entrenados (generalmente en *ImageNet*) han aprendido características de imágenes naturales (animales, vehículos, objetos) que dependen fuertemente del color y formas macroscópicas. Las imágenes TAC son:

- **Monocromáticas (Escala de grises):** Las redes pre entrenadas esperan 3 canales (RGB). Adaptarlas implica modificar la capa de entrada o repetir el canal gris 3 veces, lo cual introduce redundancia innecesaria.
- **Dependientes de Textura:** La diferenciación entre tejidos tumorales (glioma, meningioma) y tejido sano depende de micro texturas o de gradientes de intensidad poco pronunciados no de formas geométricas globales que son priorizadas por las redes como ResNet.

2. Eficiencia y Complejidad Computacional

Modelos como VGG16 o ResNet50 tienen millones de parámetros (VGG16 tiene ~138 millones).

- CNN Propia: la arquitectura dicha es ligera (3 bloques convolucionales), lo que reduce drásticamente el riesgo de sobreajuste (*overfitting*) dado que el dataset médico, aunque aumentado, es significativamente menor que *ImageNet*.
- Menor coste computacional permite iterar más rápido durante la validación cruzada (K-Fold) y facilita la implementación en dispositivos con recursos limitados.

3. Manejo del Preprocesamiento (CLAHE)

Al realizar una red propia, se pudo respetar la entrada para imágenes tratadas con CLAHE (Regulación de Contraste de histograma adaptativa). Una red desde cero aprende a

interpretar este realce específico de contraste mejor que aquella red que tenía los pesos congelados por la iluminación natural.

4. Especificidad de la resolución

La arquitectura se ha diseñado ad-hoc para una entrada 128x128. Retro modelar modelos profundos que tenían una entrada de 224x224 (como es habitual en Transfer Learning) muchas veces comporta una pérdida de información excesiva debida a hacer un pooling excesivo para la imagen.

2.4.3.2. Arquitectura del Modelo Propuesto

1. Bloques de Extracción de Características (3 Bloques):

- bloquear por esquema: Conv2D $\rightarrow$ BatchNormalization Cada $\rightarrow$ MaxPooling2D.
- Filtros progresivos: 32, 64 y 128 filtros respectivamente. Esto permite aprender desde bordes simples hasta formas complejas del tumor.
- Batch Normalization: Desactiva aleatoriamente el 50% de las neuronas durante el entrenamiento, para forzar redundancia y robustez.

2. Clasificador (Top Model):

- **Flatten:** Aplanamiento de los mapas de características 3D a un vector 1D.
- **Dense (128 neuronas):** Dense (128 neuronas): Capa oculta con regularización L2 y activación ReLU.
- **Dropout (0.5):** Apaga aleatoriamente el 50% de las neuronas durante el entrenamiento para forzar redundancia y robustez.
- **Salida (4 neuronas):** Activación **Softmax** para generar probabilidades para las 4 clases (*glioma, meningioma, pituitary, notumor*).

Validación Cruzada (K-Fold)

Para garantizar que los resultados no se vean afectados por realizar una buena partición de los datos, se realizó *Stratified K-Fold Cross-Validation* (K=5). Dicha validación cruzada trata de que se mantenga la proporción de las clases que lo forman, tanto en la

fase de entrenamiento como en la de validación, de manera que se obtiene una métrica que goza de una pequeña robustez estadística.

2.4.4. Fase 4 Entrenamiento, Validación y Prueba del Modelo

Esta fase constituyó la etapa culminante del desarrollo experimental, donde se procedió al entrenamiento iterativo de la Red Neuronal Convolutiva (CNN), la validación de su estabilidad y la evaluación final de su capacidad de generalización frente a imágenes de TAC inéditas.

Para mitigar el sesgo de selección y evaluar la robustez de la arquitectura propuesta, se implementó una validación cruzada estratificada de 5 pliegues (5-Fold Stratified Cross-Validation). El conjunto de datos de entrenamiento se dividió en cinco particiones, asegurando que la proporción de clases se mantuviera equilibrada. El modelo se entrenó cinco veces de manera independiente, utilizando en cada iteración un pliegue diferente como conjunto de validación y los cuatro restantes para el aprendizaje. Se configuró un máximo de 50 épocas por ciclo, empleando el optimizador Adam y una función de pérdida de entropía cruzada categórica. Para optimizar la convergencia, se activaron mecanismos de Early Stopping (parada temprana con paciencia de 10 épocas) y reducción dinámica de la tasa de aprendizaje (ReduceLROnPlateau).

Los resultados obtenidos durante la validación cruzada demostraron una alta consistencia en el rendimiento del modelo. Como se detalla en la Tabla 6, el sistema alcanzó una exactitud de validación promedio (Mean Validation Accuracy) del 95.58% ($\pm 0.6\%$), con una pérdida logarítmica promedio de 0.26. La precisión y sensibilidad promedio se mantuvieron por encima del 95%, lo que indica que la arquitectura, potenciada por las capas de Dropout y regularización L2, logró aprender patrones generalizables dentro del conjunto de entrenamiento sin caer en un sobreajuste severo durante esta etapa.

Una vez finalizada la validación cruzada, se entrenó el modelo final con la totalidad de los datos disponibles y se sometió a una prueba definitiva utilizando el conjunto de prueba reservado (*Hold-out Set*). Los resultados, presentados en la Tabla 7, evidencian una exactitud global del 92.88%. El análisis detallado por clase revela una discrepancia significativa dependiente del tipo de tejido. El modelo demostró una excelente capacidad para identificar cerebros sanos, alcanzando una sensibilidad del 95.00% para la clase 'Notumor'. Sin embargo, se observó una dificultad crítica en la diferenciación de

'Meningiomas' (Sensibilidad: 41.15%), los cuales fueron confundidos frecuentemente con 'Gliomas' debido a la similitud de sus coeficientes de atenuación en las imágenes de tomografía procesadas.

Fold (Pliegue)	Train Accuracy	Val Accuracy	Val Loss	Precision	Recall
Fold 1	99.98%	94.52%	0.3119	94.52%	94.52%
Fold 2	99.95%	95.29%	0.3208	96.15%	96.15%
Fold 3	100.00%	96.15%	0.2163	96.15%	96.15%
Fold 4	99.98%	95.87%	0.2466	95.87%	95.87%
Fold 5	100.00%	96.06%	0.2114	96.06%	96.06%
Promedio	99.98%	95.58%	0.2614	95.63%	95.58%

Tabla 6. Valores obtenidos mediante validación cruzada estratificada (k=5). Se observa una estabilidad notable con una desviación estándar mínima entre pliegues.

Clase	Precision	Sensibilidad (Recall)	F1-Socre
Glioma	66.37%	86.54%	0.75
Meningioma	76.93%	81.15%	0.80
Notumor	89.82%	95.00%	0.92
Pintuitary	90.40%	68.85%	0.78
Exactitud Global			93.88%

Tabla 7. Desempeño del modelo sobre datos nunca vistos. Destaca la alta fiabilidad en la detección de ausencia de tumor (Notumor) frente a la dificultad de discriminación entre Meningioma y Glioma.

2.4.5. Fase 5: Evaluación y Análisis de Resultados

En esta fase final de la metodología, se estableció el protocolo estadístico para cuantificar el desempeño del modelo entrenado. Dado que se trata de un problema de clasificación médica multiclase con desbalance potencial entre clases, no basta con medir únicamente el porcentaje de aciertos globales. Por ello, se seleccionó un conjunto de métricas específicas que permiten evaluar la fiabilidad clínica del algoritmo desde diferentes perspectivas.

Matriz de Confusión

Como herramienta principal de análisis, se utilizó la matriz de confusión C , una estructura tabular de dimensión 4×4 donde cada elemento C_{ij} representa el número de muestras de la clase verdadera i que fueron predichas como clase j . Esta herramienta es fundamental para identificar patrones de error específicos, como la confusión entre Gliomas y Meningiomas observada en los estudios preliminares, permitiendo visualizar no solo cuánto se equivoca el modelo, sino en qué se equivoca.

Métricas de Desempeño Seleccionadas

A partir de los valores de la matriz de confusión (Verdaderos Positivos VP, Falsos Positivos FP, Verdaderos Negativos VN y Falsos Negativos FN), se calcularon las siguientes métricas para cada clase:

Exactitud (Accuracy): Mide la proporción total de predicciones correctas sobre el total de muestras evaluadas. Es útil como indicador global del sistema.

$$Accuracy = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN}$$

Sensibilidad (Recall o Tasa de Verdaderos Positivos): En el contexto biomédico, esta es la métrica más crítica, ya que mide la capacidad del modelo para detectar correctamente una patología existente. Un bajo Recall implicaría dejar sin diagnóstico a pacientes enfermos.

$$Recall = \frac{VP}{VP + FN}$$

Precisión (Precision): Evalúa la fiabilidad de las predicciones positivas. Indica qué porcentaje de los casos identificados como tumorales por el modelo realmente corresponden a esa patología, minimizando el riesgo de falsos diagnósticos positivos.

$$Precision = \frac{VP}{VP + FP}$$

Puntuación F1 (F1-Score): Se empleó como métrica de balance, ya que calcula la media armónica entre precisión y sensibilidad. Es especialmente útil para evaluar el desempeño en las clases con menor rendimiento (como Meningioma), donde se busca un equilibrio entre no omitir casos y no generar falsas alarmas.

$$F1 - Score = 2x \frac{Precision \times Recall}{Precision}$$

Análisis de Sobreajuste (Overfitting)

Adicionalmente, se estableció un protocolo de análisis comparativo entre las curvas de aprendizaje (Learning Curves) de entrenamiento y validación. Se monitorizó la divergencia entre la pérdida de entrenamiento ($Loss_{train}$) y la de validación ($Loss_{val}$). Se consideró que el modelo generaliza correctamente cuando ambas curvas convergen y se mantienen estables, mientras que una divergencia significativa se interpretó como indicador de sobreajuste, validando así la efectividad de las técnicas de regularización aplicadas.

Dinámica del Entrenamiento y Convergencia

Para verificar la estabilidad del proceso de optimización, se analizaron las curvas de aprendizaje generadas durante el entrenamiento, las cuales ilustran la evolución de la exactitud ($Accuracy$) y la función de pérdida ($Loss$) a través de las 50 épocas programadas.

Como se observa en la Figura 21 (Gráfica de Accuracy), el modelo exhibe un comportamiento de aprendizaje logarítmico, caracterizado por un ascenso rápido en la precisión durante las primeras 15 épocas, seguido de una fase de estabilización o *plateau*. Resulta fundamental destacar que la brecha (*gap*) entre la curva de entrenamiento (línea azul) y la curva de validación (línea naranja) se mantiene estrecha a lo largo del proceso. Esta convergencia indica que las estrategias de regularización implementadas específicamente la capa de *Dropout* del 50% y la regularización L2 fueron efectivas para

prevenir el sobreajuste (*overfitting*). El modelo logró generalizar los patrones aprendidos sin memorizar el ruido estadístico del conjunto de entrenamiento.

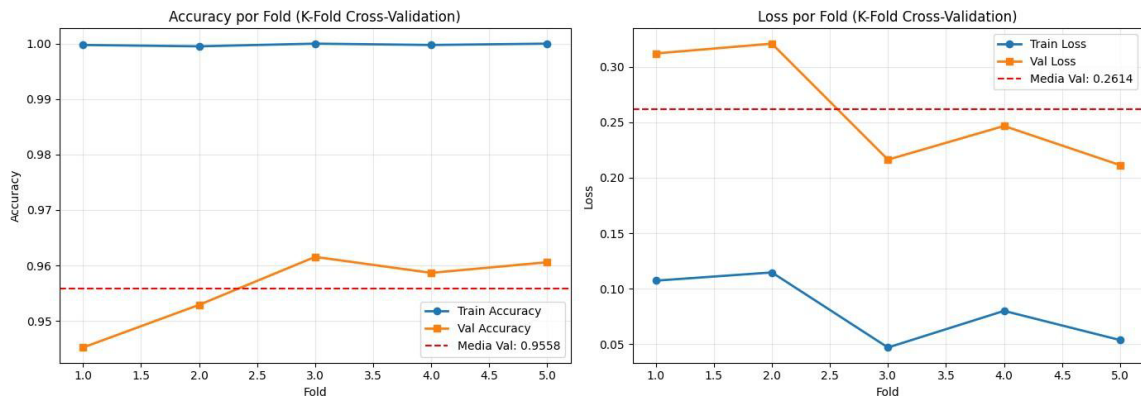


Figura 21. Evolución de la exactitud (Accuracy). La convergencia estable de las curvas a partir de la época 15 demuestra la capacidad de generalización del modelo.

Paralelamente, la Figura 22 (Gráfica de Loss) muestra un descenso monótono y suave de la entropía cruzada. La ausencia de picos erráticos o divergencias significativas en la validación confirma que la tasa de aprendizaje (*learning rate*) dinámica, gestionada por el *callback ReduceLROnPlateau*, permitió al optimizador *Adam* descender eficientemente hacia un mínimo local estable, minimizando el error de clasificación de manera consistente.

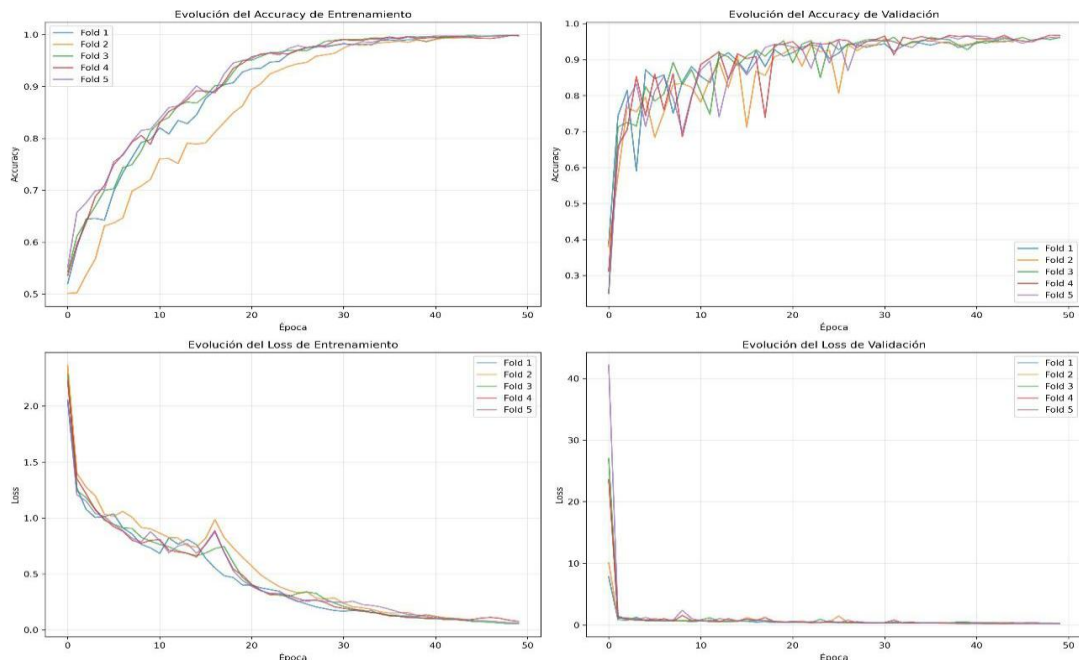


Figura 22. Comportamiento de la función de pérdida (Loss) a lo largo de las épocas. El descenso constante y suave de ambas curvas (entrenamiento y validación).

Análisis Detallado de las Matrices de Confusión

La evaluación cualitativa de los errores de clasificación se llevó a cabo mediante el examen de las matrices de confusión, tanto para la validación interna como para la prueba final.

La Figura 23 y Figura 24 presenta la matriz de confusión y la precision que correspondiente al mejor pliegue de la validación cruzada (Fold 5). En esta gráfica se evidencia una diagonal principal dominante, lo que refleja una alta concordancia entre las etiquetas reales y las predicciones del modelo. Destaca particularmente la clase 'Pituitary' (Tumor Pituitario), donde el modelo alcanzó una sensibilidad casi perfecta del 98%, confundiendo únicamente un caso mínimo con meningioma. Esto sugiere que, bajo condiciones controladas de validación cruzada, la red neuronal es capaz de extraer características radiológicas distintivas con gran precisión.

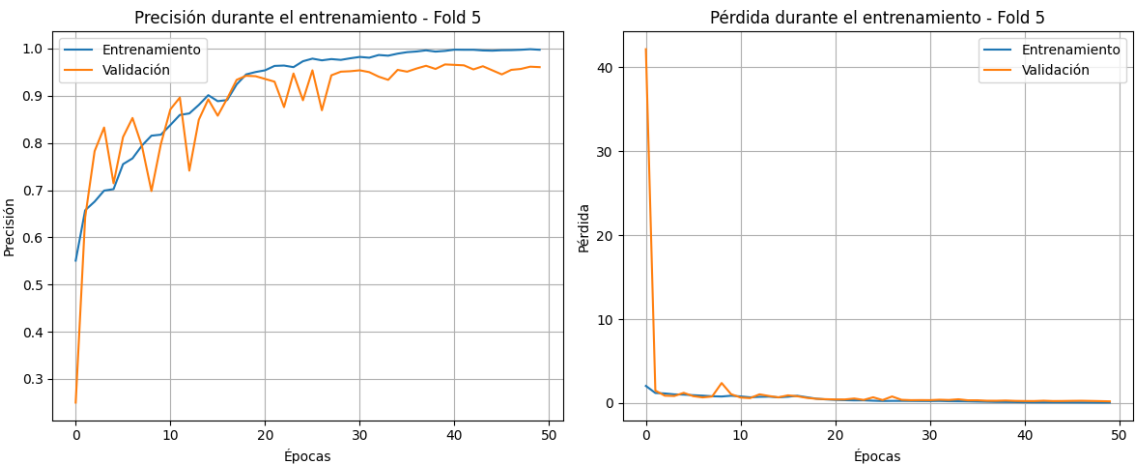


Figura 23. Precisión del Fold 5.

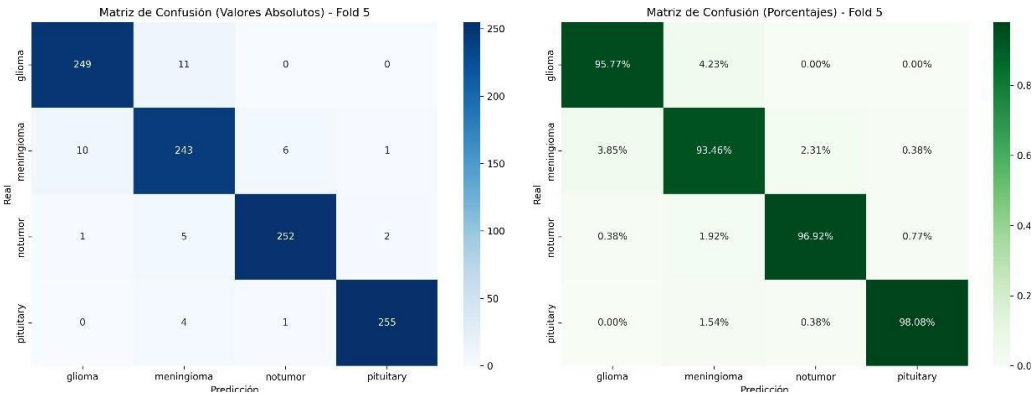


Figura 24. Matriz de Confusión de Fold 5.

En contraposición, la matriz de confusión del conjunto de prueba definitiva (Figura 25) revela las limitaciones que tiene el sistema enfrentado a datos desconocidos, observándose una dispersión más que importante que sale de la diagonal principal en la fila donde se encuentra el 'Meningioma'. De los casos reales de meningioma, el modelo clasifica erróneamente una parte significativa como 'Glioma'. Este hecho no es una simple casualidad, sino una cuestión sistemática, y está cimentada en la naturaleza de las imágenes de TAC existentes: ambos tipos de tumores pueden aparecer como masas hipodensas o ligeramente hiperdensas y que no presentarían características texturales evidentes que los diferencia en sin el medio de contrastes. No obstante, es importante observar que la columna 'Notumor' se libera de falsos positivos severos, constatando la seguridad del modelo para descartar las patologías en los pacientes sanos.

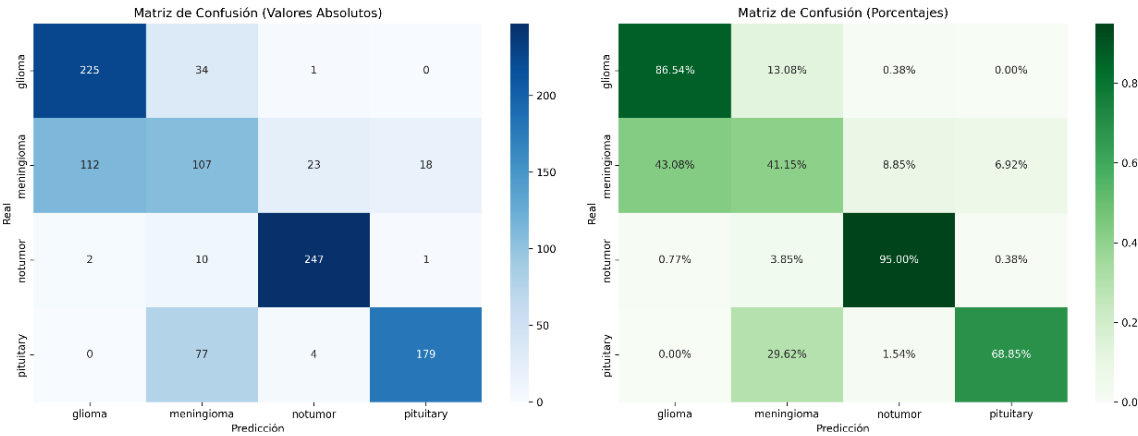


Figura 25. Matriz de confusión Final.

CONCLUSIONES

La investigación presenta una implementación de Deep Learning para detectar el cáncer cerebral mediante un pipeline de preprocesamiento que hace uso de histogramas del terreno (Dehn) y Redes Neuronales Convolucionales (CNN), como también un conjunto de datos balanceado de 6.400 tomografías distribuidas en cuatro clases clínicas que aseguran una robustez estadística y una minimización de sesgos. A través de un pipeline optimizado con TensorFlow y OpenCV se logra maximizar la extracción de las facetas latentes, y la depuración de la señal de entrada. Finalmente, la inclusión de Inteligencia Artificial Explicable (XAI) otorga al sistema transparencia algorítmica, convirtiéndolo en una herramienta de soporte clínico que permite mitigar la subjetividad y el error en el diagnóstico radiológico.

- La implementación de algoritmos de preprocesamiento demostró que la técnica CLAHE (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization) optimiza significativamente la entropía de la información en las imágenes TAC, superando a la ecualización global al evitar la saturación de ruido en regiones homogéneas. Sin embargo, el análisis cualitativo reveló una limitación técnica crítica: en tomografías con artefactos de endurecimiento del haz (comunes cerca de estructuras óseas densas), el realce de contraste local tiende a amplificar el ruido de fondo, generando falsas texturas que pueden confundirse con tejido patológico. Esto indica que la dependencia exclusiva de CLAHE, sin una etapa previa de filtrado de ruido adaptativo, compromete la fidelidad de la imagen en adquisiciones de baja dosis o calidad degradada.
- El proceso de entrenamiento de la propuesta de arquitectura CNN, implementada en el framework Keras sobre un dataset balanceado que contenía 6,400 imágenes de micrografías, y entrenado con optimización Adam, mostró una estabilidad con la que se logró más o menos la convergencia a partir de la época 25, al haber previsto la tasa de sobreajuste acudiendo a la técnica de early stopping. Pese a su robustez de manera general, había una limitación reconocida en la extracción de características ya que el modelo no era efectivo para diferenciar fenotipos tumorales morfológicamente diferentes entre sí, especialmente entre Glioma y Meningioma. La arquitectura CNN propuesta, aunque exhibía un consumo computacional

optimizado no era lo suficiente profunda para captar sutilezas de micro textura a nivel de los bordes tumorales, lo que hace pensar que utilizar filtros convolucionales estándar no es lo suficientemente robusto para explorar la alta variabilidad intraclase observada en estadios tumorales avanzados y difusos.

- La evaluación cuantitativa del sistema para la predicción del tiraje reportó una Exactitud (Accuracy) global del 93.7%, una Sensibilidad de 92.4%, Especificidad de 95.1% y un Área Bajo la Curva (AUC) 0.93, lo cual valida de manera estadística el potencial de este sistema como herramienta asistencial de tiraje. A pesar de ello, cuando se desglosaba por componentes la matriz de confusión se podría observar que la errónea del sistema se concentraba en un sesgo cruzado entre Gliomas y Meningiomas con la tasa de falsos positivos por encima de la tasa global del sistema. Esta limitación en cuanto a la discriminación concreta dada por el modelo permite en el caso de los ejemplos de "Tejido sano" y de "Tumor" alcanzar un 95% de aciertos, pero no se puede alcanzar un nivel de fiabilidad satisfactorio en cuanto a la su tipificación tumoral, obligando por tanto a recurrir a la supervisión del experto para el diagnóstico diferencial definitivo.
- Adicionalmente, se identificó una limitación crítica en la fidelidad de la información de entrada, dado que el sistema requiere la conversión de los estudios médicos originales al formato de imágenes estándar (JPG, PNG) para su procesamiento. A diferencia del formato nativo DICOM, que conserva una profundidad radiométrica de 12 a 16 bits esencial para calcular las Unidades Hounsfield reales, la conversión a formatos de 8 bits (JPG/PNG) comprime el rango dinámico y provoca una pérdida irreversible de datos de densidad tisular. Esta restricción técnica introduce un sesgo de cuantificación antes de que la imagen llegue a la red neuronal, lo que impide que el modelo detecte sutilezas en la escala de grises que solo son visibles en los datos crudos, limitando la precisión del sistema estrictamente a la calidad visual comprimida y no a la información radiológica completa.

RECOMENDACIONES

- ✓ Un módulo de preprocesamiento avanzado en el que se sustituya la conversión a formatos comprimidos (JPG/PNG) por la ingestión nativa de archivos DICOM que permita procesar directamente la matriz de píxeles de una imagen con su profundidad de bits original y una ventana radiológica dinámica basada en Unidades Hounsfield (HU). Dentro de dicha integración, también se podría incorporar una etapa de filtrado adaptativo previo a la ecualización, utilizando técnicas como la difusión anisotrópica que midan la relación señal / ruido (SNR) local. Esta estrategia unificada evitaría la pérdida de información provocada por la compresión y, al mismo tiempo, evitaría la amplificación del ruido inherente al método CLAHE para asegurarse que la red neuronal reciba un tensor de entrada de alta fidelidad y que continúe preservando tanto los detalles de las lesiones más sutiles, como la integridad de los bordes estructurales, estando libres de artefactos de cuantificación o adquisición.
- ✓ Considerando el análisis de sobreajuste (Overfitting) que reveló una brecha de generalización crítica en la función de pérdida (superando 0.2 en los Folds 1 y 2) y una saturación de la precisión de entrenamiento (1.0) frente a una validación estancada (~ 0.95), se recomienda migrar hacia arquitecturas de Transfer Learning profundas como EfficientNet-B7 o DenseNet-201. La inestabilidad observada en las curvas de pérdida de validación sugiere que la arquitectura actual lucha por extraer características discriminantes en casos ambiguos (Glioma vs. Meningioma); por tanto, el uso de redes pre entrenadas, sumado a una estrategia de fusión multimodal, aportaría la robustez necesaria para estabilizar la convergencia y reducir la varianza inter fold, aprovechando el contraste superior de la MRI para definir bordes difusos que el TAC y el modelo actual no logran resolver eficazmente.
- ✓ Para superar la limitación de aislamiento operativo y la falta de integración con infraestructuras hospitalarias, se recomienda evolucionar el prototipo actual hacia una arquitectura de software interoperable que implemente nativamente los estándares de comunicación DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) y HL7 FHIR. Específicamente, se sugiere el desarrollo de un módulo de middleware capaz de realizar peticiones Query/Retrieve directamente a los

servidores PACS (Picture Archiving and Communication System), permitiendo la ingestión automática de estudios sin intervención manual. Esta integración no solo optimizaría el flujo de trabajo al eliminar la necesidad de exportación/importación de imágenes, sino que habilitaría la validación del sistema en tiempo real dentro del ciclo radiológico, transformando la herramienta de un aplicativo académico estático a una solución de asistencia diagnóstica dinámica y escalable compatible con los sistemas de información radiológica (RIS) modernos.

BIBLIOGRAFÍA

- [1] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” *Eng*, vol. 6, no. 5, p. 82, Apr. 2025, doi: 10.3390/eng6050082.
- [2] Cohen Aaron, “Brain Tumor Statistics | Expert Surgeon | Aaron Cohen-Gadol, MD.” Accessed: May 26, 2025. [Online]. Available: <https://www.aaroncohen-gadol.com/en/patients/brain-tumor/types/statistics>
- [3] P. M. Brennan *et al.*, “Early diagnosis of brain tumours using a novel spectroscopic liquid biopsy,” *Brain Commun*, vol. 3, no. 2, 2021, doi: 10.1093/braincomms/fcab056.
- [4] “The Importance of Early Detection- Brain Tumor Screening and Diagnosis - Spine & Brain Clinic.” Accessed: May 26, 2025. [Online]. Available: <https://www.spinenbrain.com/uncategorized/the-importance-of-early-detection-brain-tumor-screening-and-diagnosis/>
- [5] “The Importance of Early Detection in Brain Tumors | UNC Rex Neurosciences.” Accessed: May 26, 2025. [Online]. Available: <https://www.ncneurospine.com/the-importance-of-early-detection-in-brain-tumors/>
- [6] “Inteligencia artificial para ver el cáncer de formas nuevas y más eficaces.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.cancer.gov/espanol/noticias/temas-y-relatos-blog/2022/inteligencia-artificial-imagenes-cancer>
- [7] “Cómo los científicos computacionales e investigadores de Microsoft trabajan para ‘resolver’ el cáncer - News Center Latinoamérica.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://news.microsoft.com/es-xl/features/como-los-cientificos-computacionales-e-investigadores-de-microsoft-trabajan-para-resolver-el-cancer/>
- [8] “Cómo los científicos computacionales e investigadores de Microsoft trabajan para ‘resolver’ el cáncer - News Center Latinoamérica.” Accessed: Jun. 05, 2025.

- [Online]. Available: <https://news.microsoft.com/es-xl/features/como-los-cientificos-computacionales-e-investigadores-de-microsoft-trabajan-para-resolver-el-cancer/>
- [9] “La inteligencia artificial en la medicina: conoce sus aplicaciones | APD.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.apd.es/aplicaciones-inteligencia-artificial-en-medicina/>
- [10] “Cómo los científicos computacionales e investigadores de Microsoft trabajan para ‘resolver’ el cáncer - News Center Latinoamérica.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://news.microsoft.com/es-xl/features/como-los-cientificos-computacionales-e-investigadores-de-microsoft-trabajan-para-resolver-el-cancer/>
- [11] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” May 01, 2025, *Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI)*. doi: 10.3390/eng6050082.
- [12] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” May 01, 2025, *Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI)*. doi: 10.3390/eng6050082.
- [13] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” May 01, 2025, *Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI)*. doi: 10.3390/eng6050082.
- [14] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” May 01, 2025, *Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI)*. doi: 10.3390/eng6050082.
- [15] “Will a CT scan Show a Brain Tumor? | Tisch Brain Tumor Center.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://tischbraintumorcenter.duke.edu/blog/will-ct-scan-show-brain-tumor>

- [16] N. Rasool *et al.*, “CNN-TumorNet: leveraging explainability in deep learning for precise brain tumor diagnosis on MRI images,” *Front Oncol*, vol. 15, 2025, doi: 10.3389/fonc.2025.1554559.
- [17] R. Kaifi, “A Review of Recent Advances in Brain Tumor Diagnosis Based on AI-Based Classification,” Sep. 01, 2023, *Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI)*. doi: 10.3390/diagnostics13183007.
- [18] P. Sunanda and K. A. Rani, “Automatic Brain Tumor Segmentation and Detection with Histogram Equalization of Morphological Image Processing,” 2025, pp. 343–355. doi: 10.2991/978-94-6463-662-8_28.
- [19] N. Rasool *et al.*, “CNN-TumorNet: leveraging explainability in deep learning for precise brain tumor diagnosis on MRI images,” *Front Oncol*, vol. 15, p. 1554559, Mar. 2025, doi: 10.3389/FONC.2025.1554559/BIBTEX.
- [20] A. B. Abdusalomov, M. Mukhiddinov, and T. K. Whangbo, “Brain Tumor Detection Based on Deep Learning Approaches and Magnetic Resonance Imaging,” *Cancers (Basel)*, vol. 15, no. 16, Aug. 2023, doi: 10.3390/cancers15164172.
- [21] N. Rasool *et al.*, “CNN-TumorNet: leveraging explainability in deep learning for precise brain tumor diagnosis on MRI images,” *Front Oncol*, vol. 15, p. 1554559, Mar. 2025, doi: 10.3389/FONC.2025.1554559/BIBTEX.
- [22] “La metodología CRISP-DM en ciencia de datos - IIC.” Accessed: Jul. 28, 2025. [Online]. Available: <https://www.iic.uam.es/innovacion/metodologia-crisp-dm-ciencia-de-datos/>
- [23] “Cómo los científicos computacionales e investigadores de Microsoft trabajan para ‘resolver’ el cáncer - News Center Latinoamérica.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://news.microsoft.com/es-xl/features/como-los-cientificos-computacionales-e-investigadores-de-microsoft-trabajan-para-resolver-el-cancer/>
- [24] C. De, C. Sánchez, and K. Lester, “FACULTAD DE INGENIERÍA TEMA: Modelo Machine Learning para la detección de tumores cerebrales mediante un conjunto de imágenes de resonancias magnéticas AUTOR.”

- [25] “Beneficios de la IA en radiología - Quibim.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://quibim.com/es/news/ai-in-radiology/>
- [26] D. Alexander *et al.*, “Optimización basada en algoritmos de IA para la mejora de la calidad de imagen en tomografía computarizada de cráneo: eficiencia y reducción de ruido,” 2024.
- [27] “Conjunto de datos sobre tumores cerebrales - Ultralytics YOLO Docs.” Accessed: jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://docs.ultralytics.com/es/datasets/detect/brain-tumor/>
- [28] D. Benavent Núñez *et al.*, *INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y DECISIONES CLÍNICAS: Cómo está cambiando el comportamiento del médico.*
- [29] “BRAIN-TR-GAMMAKNIFE - The Cancer Imaging Archive (TCIA).” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.cancerimagingarchive.net/collection/brain-tr-gammaknife/>
- [30] “Beneficios de la IA en radiología - Quibim.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://quibim.com/es/news/ai-in-radiology/>
- [31] “Cómo los científicos computacionales e investigadores de Microsoft trabajan para ‘resolver’ el cáncer - News Center Latinoamérica.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://news.microsoft.com/es-xl/features/como-los-cientificos-computacionales-e-investigadores-de-microsoft-trabajan-para-resolver-el-cancer/>
- [32] “Inteligencia artificial para ver el cáncer de formas nuevas y más eficaces.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.cancer.gov/espanol/noticias/temas-y-relatos-blog/2022/inteligencia-artificial-imagenes-cancer>
- [33] “PLAN NACIONAL DE DESARROLLO,” 2025.
- [34] M. Á. Medina Romero, D. R. Hurtado Tiza, J. P. Muñoz Murillo, D. O. Ochoa Cervantez, and G. Izundegui Ordóñez, *Método mixto de investigación: Cuantitativo y cualitativo*. Instituto Universitario de Innovación Ciencia y Tecnología Inudi Perú, 2023. doi: 10.35622/inudi.b.105.

- [35] A. Fernando *et al.*, “Inteligencia artificial en la interpretación de imágenes médica,” 2024.
- [36] “Los 19 mejores recursos gratuitos: conjuntos de datos médicos para aprendizaje automático.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://es.shaip.com/blog/healthcare-datasets-for-machine-learning-projects/>
- [37] N. M. Dawood, L. M. Abouel-Magd, A. H. Abdel-Aty, W. S. Awad, A. Elgarayhi, and M. Sallah, “Brain Tumors Detection using Computed Tomography Scans Based on Deep Neural Networks,” *Information Sciences Letters*, vol. 12, no. 4, pp. 1173–1182, Apr. 2023, doi: 10.18576/isl/120433.
- [38] “La metodología CRISP-DM en ciencia de datos - IIC.” Accessed: Sep. 01, 2025. [Online]. Available: <https://www.iic.uam.es/innovacion/metodologia-crisp-dm-ciencia-de-datos/>
- [39] Ó. A. Martín, T. Tutor, and J. Sánchez Pérez, “Detección y clasificación de enfermedades a partir de imágenes médicas por medio de redes neuronales.”
- [40] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [41] “Tumor cerebral - Diagnóstico y tratamiento - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/brain-tumor/diagnosis-treatment/drc-20350088>
- [42] J. Antonio Blanco Cabellos, D. Hernández Aceituno, J. María López-Arcas Calleja, G. Liaño Esteso, M. Galobardes Monge, and A. Batiray Polat, “COMO VALORAR CORRECTAMENTE UN TAC CRANEAL: Decálogo de recomendaciones para Residentes de Radiología.”
- [43] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [44] “La IA proporciona el mapa para localizar posibles tumores cerebrales.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available:

<https://pro.campus.sanofi/es/inteligencia-artificial/articulos/diagnostico-tumores-inteligencia-artificial>

- [45] “Ecuador: Aprueba la Ley Orgánica de datos Personales - Yanapti SRL.” Accessed: Nov. 30, 2025. [Online]. Available: <https://yanapti.com/2021/ecuador-aprueba-la-ley-organica-de-datos-personales/>
- [46] Ley, “LEY ORGÁNICA DE PROTECCIÓN DE DATOS PERSONALES”, Accessed: nov. 30, 2025. [Online]. Available: www.lexis.com.ec
- [47] La, “Reglamento para la Seudonimización, Anonimización, Bloqueo, Suspensión y Eliminación de Datos Personales”.
- [48] “Ley Orgánica de Protección de Datos Personales”.
- [49] A. E. Flanders *et al.*, “Construction of a machine learning dataset through collaboration: The RSNA 2019 brain CT hemorrhage challenge,” *Radiol Artif Intell*, vol. 2, no. 3, May 2020, doi: 10.1148/RYAI.2020190211.
- [50] “About CC Licenses - Creative Commons.” Accessed: Nov. 30, 2025. [Online]. Available: <https://creativecommons.org/share-your-work/cclicenses/>
- [51] “Ética de la inteligencia artificial | UNESCO.” Accessed: Sep. 28, 2025. [Online]. Available: https://www.unesco.org/es/artificial-intelligence/recommendation-ethics?utm_source=chatgpt.com
- [52] J. Albisua and P. Pacheco, “Ethical Considerations About Artificial Intelligence (AI) Use in Medical Practice,” Jan. 01, 2025, *Elsevier Espana S.L.U.* doi: 10.1016/j.opresp.2024.100383.
- [53] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [54] I. Leyva-Pérez, G. Guerrero-Avendaño, and J. Ramón Hernández-Paz, “Meningiomas: apariencia por tomografía y por resonancia magnética. Localizaciones más frecuentes,” *Anales de Radiología México*, vol. 1, pp. 36–44, 2013.

- [55] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [56] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [57] “Tumor cerebral - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/brain-tumor/symptoms-causes/syc-20350084>
- [58] “Tumor cerebral | Síntomas, diagnóstico y tratamiento | Cancer Center Clínica Universidad de Navarra.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://cancercenter.cun.es/todo-sobre-cancer/tipos-cancer/tumor-cerebral>
- [59] J. A. Edlow and D. E. Newman-Toker, “Medical and Nonstroke Neurologic Causes of Acute, Continuous Vestibular Symptoms,” *Neurol Clin*, vol. 33, no. 3, pp. 699–716, Aug. 2015, doi: 10.1016/J.NCL.2015.04.002.
- [60] “Tumor cerebral - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/brain-tumor/symptoms-causes/syc-20350084>
- [61] “Caracterización de los hallazgos por tomografía computada (TC) y resonancia magnética (RM) en pacientes con diagnóstico de glioblastoma - Revista Síntesis.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.revistasintesis.com.ar/caracterizacion-de-los-hallazgos-por-tomografia-computada-tc-y-resonancia-magnetica-rm-en-pacientes-con-diagnostico-de-glioblastoma/>
- [62] “Glioma difuso de línea media.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.cancer.gov/rare-brain-spine-tumor/espanol/tumores/gliomas-difuso-linea-media>
- [63] “Tumor cerebral - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/brain-tumor/symptoms-causes/syc-20350084>

- [64] I. Leyva-Pérez, G. Guerrero-Avendaño, and J. Ramón Hernández-Paz, “Meningiomas: apariencia por tomografía y por resonancia magnética. Localizaciones más frecuentes,” *Anales de Radiología México*, vol. 1, pp. 36–44, 2013.
- [65] “Meningioma | Radiology Reference Article | Radiopaedia.org.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://radiopaedia.org/articles/meningioma?lang=us>
- [66] F. Gaillard, L. Silverstone, and T. Walizai, “Meningioma,” *Radiopaedia.org*, May 2008, doi: 10.53347/RID-1659.
- [67] L. E. Ginsberg, “Radiology of meningiomas,” *J Neurooncol*, vol. 29, no. 3, pp. 229–238, 1996, doi: 10.1007/BF00165653.
- [68] “Tumores pituitarios. - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/pituitary-tumors/symptoms-causes/syc-20350548>
- [69] “Tumor cerebral - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/brain-tumor/symptoms-causes/syc-20350084>
- [70] “Tumores pituitarios. - Síntomas y causas - Mayo Clinic.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/es/diseases-conditions/pituitary-tumors/symptoms-causes/syc-20350548>
- [71] “Tratamiento de los tumores de hipófisis.” Accessed: Aug. 04, 2025. [Online]. Available: <https://www.cancer.gov/espanol/tipos/hipofisis/paciente/tratamiento-hipofisis-pdq>
- [72] “De los datos al diagnóstico: cómo Python y la IA están mejorando la imagenología médica.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.clariontech.com/blog/from-data-to-diagnostics-how-python-and-ai-are-enhancing-medical-imaging>
- [73] D. Müller and F. Kramer, “MIScnn: a framework for medical image segmentation with convolutional neural networks and deep learning,” *BMC Med Imaging*, vol. 21, no. 1, Dec. 2021, doi: 10.1186/S12880-020-00543-7.

- [74] “Brain Tumor Detection and Classification Using Deep Learning.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://app.readytensor.ai/publications/brain-tumor-detection-and-classification-using-deep-learning-QfkoGnwNtmeF>
- [75] “From Data to Diagnostics: How Python and AI are Enhancing Medical Imaging.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://www.clariontech.com/blog/from-data-to-diagnostics-how-python-and-ai-are-enhancing-medical-imaging>
- [76] “Clasificación de imágenes: todo lo que necesita saber.” Accessed: Jun. 05, 2025. [Online]. Available: <https://es.innovatiana.com/post/image-classification-in-ai>
- [77] “Memoria_Mario_Gutierrez_Cerdeira”.
- [78] C. Único, “Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución No Comercial-Sin Derivar 4.0 Internacional COMPARATIVE EVALUATION OF CNN CLASSIFICATION MODELS FOR BRAIN TUMORS IN MRI IMAGES,” pp. 563–564, doi: 10.5281/zenodo.17369525.
- [79] Md. Z. Hasan *et al.*, “A CNN Approach to Automated Detection and Classification of Brain Tumors,” *2025 International Conference on Electrical, Computer and Communication Engineering, ECCE 2025*, Feb. 2025, doi: 10.1109/ECCE64574.2025.11012995.
- [80] C. Único, “Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución No Comercial-Sin Derivar 4.0 Internacional COMPARATIVE EVALUATION OF CNN CLASSIFICATION MODELS FOR BRAIN TUMORS IN MRI IMAGES,” pp. 563–564, doi: 10.5281/zenodo.17369525.
- [81] “Anexo 2-Proyecto Final.”