Aplicación basada en software para detectar Glioblastoma a partir de imágenes de resonancia magnética en formato DICOM utilizando un modelo de red neuronal de aprendizaje profundo.



UNIVERSIDAD DISTRITAL
FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS

Autores
Juan David Mazorca Espitia
Cesar Camilo Alonso Castro

UNIVERSIDAD DISTRITAL FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS
Facultad Tecnológica
Ingeniería en Control y Automatización

Bogotá D.C. 09, 2024

Aplicación basada en software para detectar Glioblastoma a partir de imágenes de resonancia magnética en formato DICOM utilizando un modelo de red neuronal de aprendizaje profundo.



UNIVERSIDAD DISTRITAL
FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS

Autores
Juan David Mazorca Espitia – 20212583021 – jdmazorcae@udistrital.edu.co
Cesar Camilo Alonso Castro – 20212583011 – ccalonsoc@udistrital.edu.co

Modalidad
Investigación

Presentado para optar al título de: Ingeniero en Control y Automatización

Director:
Henry Alberto Hernández Martínez

UNIVERSIDAD DISTRITAL FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS
Facultad Tecnológica
Ingeniería en Control y Automatización

Bogotá D.C. 04, 2024

Dedicatoria

Al redactar estas palabras, uno comienza a pensar en muchas cosas, y transmitirlas en unas simples frases puede volverse complicado. Esta es la razón por la cual resulta tan difícil expresar los sentimientos, especialmente cuando uno se encuentra bajo la presión de terminar e iniciar una nueva etapa. En este caso, pasar de ser un estudiante universitario a convertirse en un profesional.

Es en este momento cuando uno se da cuenta de que la etapa universitaria no solo implica adquirir conocimiento teórico y práctico en distintos campos académicos, sino también desarrollar una habilidad esencial que será fundamental para el resto de la vida: convivir con nuevas personas y aprender de sus experiencias. Gracias a esto, conocí a personas que me han ayudado a ser quien soy hoy y a quienes considero muy buenos amigos y amigas, con la esperanza de conservar esa amistad por mucho tiempo.

Agradezco a mi familia por acompañarme en esta hermosa etapa, a los amigos y amigas que encontré en el camino y, finalmente, a aquellos docentes que veían la docencia como algo más que un trabajo, encargándose de transmitir su conocimiento con pasión y respeto. Es esa pasión la que inspira a todos los estudiantes a amar un poco más su carrera y su universidad.

Juan David Mazorca Espitia

"A mi mamá y mi hermano, cuyo amor incondicional, paciencia infinita y apoyo constante me han guiado en cada paso de este camino. Sin su aliento y comprensión, este logro no habría sido posible. Todo lo que he alcanzado, se los debo a ustedes. ¡Infinitas gracias por siempre!"

César Camilo Alonso Castro

Índice

Índice ii
Índice de Figuras v
Índice de Tablas vi
Índice de Ecuaciones vii
Glosario viii
Lista de Abreviaturas y Siglas x
Resumen xi
1. Introducción 1
2. Planteamiento del problema 1
3. Justificación 2
4. Objetivos 3
4.1. Objetivo General 3
4.2. Objetivos específicos 3
5. Marco de referencia 3
5.1. Antecedentes 3
5.2. Marco teórico 9
5.2.1. Tumor Cerebral 9
5.2.1.1. Tipos 9
5.2.2. Lóbulos cerebrales 10
5.2.3. Gliomas 11
5.2.3.1. Glioblastoma 12
5.2.4. The Cancer Imaging Archive (TCIA) 12
5.2.5. Archivos DICOM 13
5.2.5.1. Windowing 14
5.2.6. Imágenes de resonancia magnética MRI 15
5.2.7. TensorFlow 18
5.2.8. Keras 19
5.2.9. Opencv 19
5.2.10. Inceptionv3 20
5.2.10.1. Características Principales de InceptionV3 20
5.2.11. Matriz de confusión 21
5.2.11.1. Exactitud (Accuracy) 22
5.2.11.2. Precisión 22
5.2.11.3. Especificidad: 22
5.2.11.4. Sensibilidad (recall) 23
5.2.11.5. F1 Score 23
5.2.11.6. Razón de Verosimilitud Positiva (RV+) 23
5.2.11.7. Razón de Verosimilitud Negativa (RV-) 24
5.3. Marco Legal 24

5.3.1. Regulación de Dispositivos Médicos 24
5.3.2. Protección de Datos de Salud 24
5.3.3. Ética en la Investigación Médica 24
5.3.4. Regulación de Software Médico 24
5.3.5. Normas Técnicas y Estándares 25
6. Metodología 25
6.1. Base de datos 25
6.2. Algoritmo Inicial 28
6.2.1. Procesamiento de imágenes 28
6.2.2. Algoritmo de detección 28
6.2.3. Implementación del modelo 28
6.3. Segundo Algoritmo 29
6.3.1. Procesamiento de Imágenes 29
6.3.2. Algoritmo de Detección 29
6.3.3. Implementación del Modelo 29
6.4. Algoritmo Final 30
6.4.1. Procesamiento de Imágenes 30
6.4.1.1. Selección de tipo resonancia magnética 30
6.4.1.2. Recorte de Imágenes 30
6.4.1.3. Clasificación de Imágenes 30
6.4.1.4. Preprocesamiento de Imágenes: Binarización, Erosión y Dilatación 31
6.4.2. Entrenamiento del Algoritmo de Detección de Glioblastoma 31
6.4.2.1. Preparación de los datos 31
6.4.2.2. Preprocesamiento de datos 31
6.4.2.3. Modelo base preentrenado 31
6.4.2.4. Capas adicionales 31
6.4.2.5. Congelamiento de capas 32
6.4.2.6. Compilación del modelo 32
6.4.2.7. Entrenamiento 32
6.4.2.8. Guardado del modelo 32
6.4.3. Implementación del Modelo de Detección de Glioblastoma 32
6.4.3.1. Carga del Modelo: 32
6.4.3.2. Interfaz Gráfica del Usuario (GUI) 32
6.4.3.3. Procesamiento de Imágenes DICOM 33
6.4.3.4. Preprocesamiento de Imágenes 33
6.4.3.5. Predicción del Modelo 33
6.4.3.6. Visualización y Realce del Tumor 33
6.4.3.7. Manipulación de Parámetros de Visualización 33

6.4.3.8. Interacción del Usuario 33
7. Resultados 33
7.1. Desarrollo inicial del modelo de red neuronal y resultados 33
7.2. Desarrollo del segundo modelo de red neuronal y mejoras en el preprocesamiento 34
7.3. Implementación del Modelo Final y su Evaluación 36
7.3.1. Configuración del Modelo 36
7.3.2. Entrenamiento del Modelo 36
7.3.3. Desarrollo de la Interfaz de Visualización 37
7.3.4. Evaluación del Modelo en MRI T2 Axial 38
7.3.4.1 Evaluación del algoritmo evaluate() 38
7.3.4.2 Evaluación estadística del algoritmo 38
7.4 Implementación del modelo en otras modalidades de imagen T1, FLAIR y Tumores No Humanos 39
7.4.1 MRI tipo T1 plano Axial de glioblastoma 39
7.4.1.1 Análisis 40
7.4.2. MRI tipo T2 plano transversal de glioma en cerebro canino 40
7.4.2.1. Análisis: 41
7.4.3. MRI tipo T2 Tumor en mamas bilaterales 42
7.4.3.1 Análisis: 43
8. Conclusiones y Recomendaciones 43
9. Referencias 46

Índice de Figuras

Figura 1. Lóbulos Cerebrales [22] 11
Figura 2. Metadatos del archivo DICOM [Fuente Propia] 14
Figura 3. WW de 600 HU con un WL de 0 HU [27] 15
Figura 4. Configuración de diferentes valores de windowing. La primera con WW = 901 y WL = 390, la segunda con WW = 557 y WL = 390, la tercera con WW = 901 y WL = 606 [Fuente Propia] 15
Figura 5. Alineamiento de las cargas con el campo magnético, b) Pulso de radiofrecuencia para desequilibrar la carga. c) liberación de energía a medida que los protones se realinean de nuevo con el campo magnético [31] 16
Figura 6. Comparación de ponderados T1, T2 y FLAIR en un corte axial cerebral [32] 17
Figura 7. Opción para descargar DB completa. [39] 27
Figura 8. Opción para descargar DB individual. [39] 27
Figura 9. Software NBIA Data Retriever. [39] 27
Figura 10. Comparación (a) T1, (b) T2 y (c) FLAIR en un corte axial cerebral [Fuente Propia]6.2.1. Organización de Imágenes por Paciente 30
Figura 11. Procesamiento de Imágenes (a) Original, (b) Recortada, (c) Binarizada, (d) Erosionada, (e) Dilatada [Fuente Propia] 31
Figura 12. Primera visualización de imágenes DCM [Fuente Propia] 34
Figura 13. Primer prototipo de interfaz. [Fuente Propia] 35
Figura 14. Menú de inicio interfaz final. [Fuente Propia] 37
Figura 15. Interfaz final. [Fuente Propia] 37
Figura 16. Precisión red neuronal. [Fuente Propia] 38
Figura 17. MRI de tumor T1 plano Axial en GUI [Fuente Propia] 39
Figura 18. MRI de tumor tipo T2 plano Transversal de tumor glioma canino en GUI 41
Figura 19. MRI de tumor mamario bilateral en GUI [Fuente Propia] 42

Índice de Tablas

Tabla 1. Tasa de supervivencia de tumores cerebrales primarios, tabla modificada de [21] 12
Tabla 2. Incidencia del tumor tipo glioblastoma por cada 100000 habitantes, tabla modificada de [21] 12
Tabla 3. Secuencias de resonancias magnéticas más comunes y sus tiempos aproximados de TR y TE modificada de [32] 17
Tabla 4. Comparación de T1, T2 y FLAIR frente a diferentes tejidos [32] 18
Tabla 5 Matriz de confusión básica [Fuente propia] 21
Tabla 6. Parametro de una imagen DCMI [38] 26
Tabla 7. Matriz de confusión para MRI tipo T2 plano axial 38
Tabla 8. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 plano axial 38
Tabla 9. Matriz de confusión para MRI tipo T1 plano axial 39
Tabla 10. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T1 plano axial 40
Tabla 11. Matriz de confusión para tumor canino 41
Tabla 12. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 tumor glioma en canino 41
Tabla 13. Matriz de confusión para MRI tipo T2 de tumor mamario bilateral 42
Tabla 14. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 de tumores mamarios bilaterales 43

Índice de Ecuaciones

(1) 22
(2) 22
(3) 22
(4) 23
(5) 23
(6) 24
(7) 24

Glosario

Concepto	Explicación breve y detallada del concepto
Algoritmo de aprendizaje automático	Un conjunto de reglas y técnicas que permiten a las computadoras aprender patrones y tomar decisiones basadas en datos. Los algoritmos de aprendizaje automático son fundamentales para el desarrollo de modelos predictivos en inteligencia artificial.
Aprendizaje profundo	Es un subcampo del aprendizaje automático basado en redes neuronales artificiales con múltiples capas. Permite a los modelos aprender de grandes volúmenes de datos, extrayendo automáticamente características y patrones complejos para tareas como la clasificación, segmentación y predicción.
Clasificación	En el contexto del aprendizaje automático, se refiere al proceso de categorizar datos en diferentes clases. Por ejemplo, en imágenes médicas, la clasificación puede usarse para identificar si una imagen contiene una anomalía o no.
DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine)	Es un estándar para el manejo, almacenamiento, impresión y transmisión de información en imágenes médicas. DICOM asegura la interoperabilidad entre diferentes dispositivos de imagen médica y sistemas de gestión de información.
Glioblastoma	Un tipo de tumor cerebral altamente maligno y agresivo, clasificado como grado IV por la Organización Mundial de la Salud (OMS). Es conocido por su rápida tasa de crecimiento y su resistencia a tratamientos convencionales, lo que lo convierte en uno de los cánceres más difíciles de tratar.
Hiperparámetros	Son los parámetros externos al modelo de aprendizaje profundo que no se aprenden directamente a partir de los datos de entrenamiento, sino que son definidos previamente por el investigador. Ejemplos incluyen la tasa de aprendizaje, el número de capas de una red, y el tamaño del lote de datos.
Inteligencia artificial (IA)	El campo de la informática dedicado a la creación de sistemas que pueden realizar tareas que normalmente requieren inteligencia humana, como el reconocimiento de voz, la toma de decisiones y la interpretación de imágenes.
Interfaz gráfica de usuario (GUI)	Es un tipo de interfaz de usuario que permite a las personas interactuar con computadoras y aplicaciones mediante elementos gráficos como ventanas, iconos, y menús en lugar de comandos de texto.
Preprocesamiento de datos	Conjunto de técnicas aplicadas a los datos antes de su uso en un modelo de aprendizaje automático, incluyendo la normalización, la eliminación de ruido, la segmentación y la transformación de imágenes. Este paso es crucial para mejorar la calidad de los datos y la precisión del modelo.

Red neuronal convolucional (CNN)	Una clase de redes neuronales profundas que son particularmente efectivas para el procesamiento y análisis de datos que tienen una estructura de cuadrícula, como las imágenes. Utilizan capas convolucionales para extraer características significativas a partir de las entradas.
Segmentación de imágenes	Es el proceso de dividir una imagen digital en múltiples segmentos o regiones, con el objetivo de simplificar su representación y hacerla más significativa y más fácil de analizar. En el contexto de imágenes médicas, la segmentación se utiliza para identificar y localizar características anatómicas o patológicas específicas.
TensorFlow	Una plataforma de código abierto para la construcción y entrenamiento de modelos de aprendizaje automático. Es ampliamente utilizada en investigación y desarrollo de aplicaciones de inteligencia artificial y aprendizaje profundo.
Binarización	Proceso de convertir una imagen en escala de grises a una imagen en blanco y negro, asignando a cada píxel un valor de 0 o 1 basado en un umbral determinado. Este proceso simplifica la imagen y facilita la segmentación y el análisis de características específicas.
Erosión	Operación en procesamiento de imágenes que reduce el tamaño de los objetos en una imagen binaria. Se realiza aplicando un elemento estructurante sobre la imagen, que elimina los píxeles de los bordes de los objetos, ayudando a eliminar ruido y a separar objetos conectados.
Dilatación	Operación en procesamiento de imágenes que aumenta el tamaño de los objetos en una imagen binaria. Se aplica un elemento estructurante para expandir los píxeles de los objetos, rellenando huecos y conectando áreas cercanas, lo que facilita la detección de objetos y la corrección de irregularidades.

Lista de Abreviaturas y Siglas

Sigla/Abreviatura	Significado
T1	Tiempo de relajación longitudinal
T2	Tiempo de relajación transversal
MRI	Magnetic Resonance Imaging
DICOM	Digital Imaging and Communications in Medicine
GUI	Graphical User Interface
CNN	Convolutional Neural Network
DCNN	Deep Convolutional Neural Network
IRM	Imagen por resonancia magnética
SVM	Support Vector Machine
IA	Inteligencia Artificial
WHO	World Health Organization
TCIA	The Cancer Imaging Archive
FNLCR	Frederick National Laboratory for Cancer Research
CIP	Cancer Imaging Program
NCI	National Cancer Institute
GBM	Glioblastoma Multiforme
IDH	Isocitrate Dehydrogenase
LBGLCM	Local Binary Pattern Grey Level Co-occurrence Matrix
EFCMC	Enhanced Fuzzy C-Means Clustering
CRNN	Convolutional Recurrent Neural Network
WL	Window Level
WW	Window Width
LCR	Longitudinal Relaxation Curve
API	Interfaz de programación de aplicaciones

Resumen

En el contexto actual de avances tecnológicos, el diagnóstico temprano y preciso de enfermedades complejas como el glioblastoma multiforme (GBM), un tipo agresivo de tumor cerebral es fundamental para mejorar las oportunidades de tratamiento y supervivencia de los pacientes. La proliferación de imágenes médicas digitales, especialmente las imágenes de resonancia magnética (MRI) en formato DICOM, ofrece una rica fuente de datos para la identificación y análisis de dichas patologías.

El problema abordado en este trabajo es la necesidad de métodos automatizados y precisos para la detección de glioblastomas en imágenes de resonancia magnética. Tradicionalmente, el análisis de estas imágenes ha dependido de la interpretación manual de los radiólogos, lo que puede ser un proceso subjetivo, lento y propenso a errores. El objetivo principal del proyecto es desarrollar un sistema de apoyo que utilice redes neuronales profundas para analizar y detectar automáticamente las características distintivas del glioblastoma en imágenes DICOM.

La solución propuesta consiste en una aplicación con una interfaz gráfica desarrollada en Tkinter, la cual permite a los usuarios cargar y visualizar imágenes DICOM, realizar el preprocesamiento necesario, y aplicar un modelo de red neuronal convolucional entrenado para identificar y resaltar áreas sospechosas de tumor. La implementación de esta herramienta no solo busca aumentar la precisión en la detección de glioblastoma, sino también acelerar el proceso de diagnóstico y reducir la carga de trabajo de los profesionales médicos.

Los resultados obtenidos hasta ahora han demostrado que el sistema es capaz de identificar características del glioblastoma con un grado de exactitud del 91,84 % y una precisión del 87,5 % en referencia a pacientes con tumor de glioblastoma en resonancias magnéticas T2 tomadas en plano axial. Durante las pruebas, el modelo de red neuronal generó predicciones acertadas en comparación con diagnósticos realizados previamente por expertos. Estos hallazgos sugieren que la aplicación tiene el potencial de ser una herramienta de apoyo valiosa en entornos clínicos.

Palabras clave: Redes neuronales convolucionales, DICOM, Procesamiento de señales digitales, Extracción de características, Diagnóstico médico por imágenes

Keywords: Convolutional neural networks, DICOM, Digital signal processing, Feature extraction, Medical diagnostic imaging

1. Introducción

El diagnóstico temprano de tumores cerebrales, como el glioblastoma, es un desafío crucial en el ámbito médico debido a la complejidad de las imágenes cerebrales y la necesidad de precisión en la identificación de las lesiones. A pesar de los avances en la tecnología de imágenes, los tiempos de espera para obtener diagnósticos definitivos pueden prolongarse considerablemente, lo que retrasa el inicio del tratamiento en pacientes que requieren atención urgente. Este problema se agrava en sistemas de salud con alta demanda, como el colombiano, donde los recursos médicos están limitados y los radiólogos enfrentan cargas de trabajo significativas. La fatiga y los errores humanos son factores críticos que pueden comprometer la exactitud del diagnóstico.

Este trabajo se centra en desarrollar un sistema automatizado para detectar glioblastomas en imágenes de resonancia magnética tipo T2 de plano axial, para ofrecer una herramienta de apoyo que agilice el diagnóstico. El sistema propuesto tiene como objetivo proporcionar segundas opiniones confiables, reducir la carga de trabajo de los médicos y mejorar la eficiencia en la toma de decisiones clínicas. Las imágenes tipo T2 fueron seleccionadas debido a que los tumores cerebrales se presentan con mayor brillo en estas secuencias, lo que facilita su identificación. Además, esta secuencia estaba disponible para todos los pacientes analizados, lo que garantizó la consistencia en el procesamiento de datos.

El desarrollo del sistema incluyó la clasificación de las imágenes en aquellas que contenían tumores y las que no, aplicando técnicas de procesamiento como la binarización, erosión y dilatación. Posteriormente, se implementó un modelo de redes neuronales convolucionales utilizando la arquitectura preentrenada InceptionV3, adaptada para la detección de glioblastomas y una interfaz gráfica de usuario (GUI) en Tkinter. Esta interfaz permitirá al usuario cargar imágenes DICOM, realizar predicciones de la presencia de tumores y visualizar los resultados, facilitando así un diagnóstico más rápido y confiable.

En las siguientes secciones se detallará el marco teórico que sustenta el proyecto, la metodología utilizada para el procesamiento y análisis de las imágenes, los resultados obtenidos, y finalmente, las conclusiones que destacan las principales aportaciones y limitaciones del sistema desarrollado.

2. Planteamiento del problema

El sistema de salud colombiano enfrenta un desafío significativo que va más allá de la simple programación de citas con especialistas: se trata de los prolongados tiempos de espera para obtener evaluaciones médicas. Según la referencia [1], el promedio de espera para una evaluación médica puede ser de hasta tres meses. Este período se extiende más cuando las patologías requieren exámenes adicionales, lo que prolonga el tiempo necesario para obtener un diagnóstico médico preciso y acceder a un tratamiento adecuado. Esta situación es crítica en los tumores cerebrales, como el glioblastoma, que tienden a progresar rápidamente. La media de supervivencia para estos pacientes es de apenas 14.6 meses [2].

El impacto de los largos tiempos de espera en el sistema de salud colombiano no se limita a la calidad de la atención médica, sino que también tiene consecuencias directas en la supervivencia de los pacientes. Un diagnóstico tardío en enfermedades graves como los tumores cerebrales puede reducir drásticamente las oportunidades de tratamiento efectivo y mejorar la calidad de vida de los pacientes. Por tanto, se vuelve imperativa la búsqueda de soluciones innovadoras que permitan mejorar el acceso y la eficiencia de la atención médica.

Una de las soluciones propuestas es la implementación de algoritmos de detección temprana de tumores cerebrales mediante imágenes de resonancia magnética. Un sistema automatizado basado en inteligencia artificial tiene el potencial de reducir los tiempos de diagnóstico, permitiendo a los médicos obtener una "segunda opinión" objetiva y rápida. De este modo, se aliviaría la carga de trabajo de los especialistas, se minimizarían los errores derivados de la fatiga y se optimizarían los recursos en los hospitales.

Este problema demanda soluciones técnicas y organizacionales que, al ser implementadas, podrían tener un impacto significativo en las tasas de supervivencia de los pacientes y en la mejora general del sistema de salud colombiano.

3. Justificación

La creación de este algoritmo de diagnóstico médico basado en aprendizaje computacional no solo responde a la necesidad de avanzar en el campo de la medicina, sino que también se enmarca en una visión a largo plazo. Este proyecto se concibe como el punto de partida de un proyecto más amplio y ambicioso que se desarrollará de manera incremental con la participación de estudiantes en sus proyectos de grado. La idea detrás de esta visión es crear un ecosistema colaborativo y sostenible donde cada generación de estudiantes pueda aportar sus conocimientos y avances al proyecto, construyendo sobre el trabajo de sus predecesores.

Este enfoque no solo beneficia a la universidad al demostrar la aplicación práctica de los conocimientos adquiridos en la carrera de ingeniería en control y automatización, sino que también crea una oportunidad única para que los estudiantes se involucren en proyectos de investigación a largo plazo y obtengan experiencia práctica en el desarrollo de soluciones tecnológicas de vanguardia. Se fomenta la interdisciplinariedad y se promueve la reputación de la universidad como un centro de excelencia en la formación de profesionales capaces de abordar desafíos multidisciplinarios y contribuir al bienestar de la sociedad.

Este proyecto representa una aplicación directa y significativa de los conocimientos y habilidades que han adquirido durante la carrera de ingeniería en control y automatización. A través de la implementación de técnicas de aprendizaje computacional y análisis de datos, se plantea diseñar un algoritmo sofisticado capaz de procesar imágenes médicas en formato DICOM y evaluar la presencia de tumores cerebrales de manera eficiente y precisa. La comprensión profunda de sistemas de automatización, programación avanzada y análisis de datos que se han obtenido en la formación académica han sido fundamentales para abordar este desafío complejo. Este proyecto

permitirá aplicar los conocimientos teóricos en un contexto práctico, y ha demostrado cómo la ingeniería en control y automatización puede jugar un papel esencial en la mejora de la atención médica y en la detección temprana de enfermedades graves, como el glioblastoma.

Los principios y las habilidades adquiridas en esta carrera, como el diseño de sistemas automatizados, el procesamiento de señales, la programación avanzada y el análisis de datos, forman la base tecnológica que permite el desarrollo de este algoritmo de diagnóstico médico. La ingeniería en control y automatización puede diseñar sistemas que procesen grandes conjuntos de datos, como las imágenes médicas en formato DICOM, y que puedan realizar análisis precisos y rápidos.

4. Objetivos

4.1. Objetivo General

Detectar Glioblastoma a partir de imágenes de resonancia magnética en formato DICOM procedentes del repositorio *cancerimagingarchive*, utilizando un modelo de red neuronal convolucional o generativa de aprendizaje profundo.

4.2. Objetivos específicos

1. Realizar el preprocesamiento, visualización y análisis de las imágenes del repositorio.
2. Desarrollar una aplicación de usuario que utilice una red neuronal de aprendizaje profundo para extraer, elegir y señalar características relevantes sobre una imagen DICOM proporcionada por el usuario.
3. Verificar la calidad de los resultados obtenidos con el modelo de red neuronal desarrollado y realizar inferencias estadísticas sobre los posibles casos futuros que puedan presentarse.

5. Marco de referencia

5.1. Antecedentes

- **Accurate brain tumor detection using deep convolutional neural network** [3]

El artículo presenta un enfoque para la detección precisa de tumores cerebrales utilizando redes neuronales convolucionales profundas (DCNN). El estudio utiliza una base de datos de imágenes de resonancia magnética (IRM) para entrenar la DCNN y evalúa su precisión en la detección de tumores cerebrales. Los resultados demuestran que el modelo propuesto puede lograr una precisión significativamente alta en la detección de tumores cerebrales, lo que lo convierte en una herramienta prometedora para la detección temprana de esta enfermedad. El artículo también compara el rendimiento del modelo propuesto con otros métodos de detección de tumores cerebrales, y muestra que la DCNN propuesta es significativamente más precisa en la detección de tumores cerebrales que otros enfoques convencionales. El artículo presenta una contribución

importante al diagnóstico de tumores cerebrales mediante técnicas avanzadas de aprendizaje automático.

- **Brain tumor MRI images identification and classification based on the recurrent convolutional neural network** [4]

Presenta un método para la identificación y clasificación de imágenes de resonancia magnética (MRI) del cerebro con tumores mediante el uso de una red neuronal convolucional recurrente (RCNN). El modelo RCNN se entrena para aprender las características relevantes de las imágenes de MRI y clasificarlas en una de las tres categorías: glioma, meningioma y tumor hipofisario. Los resultados experimentales demuestran que la precisión del modelo propuesto supera a la de otros métodos de clasificación de imágenes de MRI del cerebro con tumores, lo que sugiere que el modelo RCNN puede ser una herramienta útil para la detección temprana y la clasificación precisa de tumores cerebrales en imágenes de MRI.

- **Image Analysis for MRI Based Brain Tumor Detection and Feature Extraction Using Biologically Inspired BWT and SVM** [5]

El artículo presenta un enfoque de análisis de imágenes basado en la transformada wavelet binaria y una máquina de vectores de soporte (SVM) para detectar tumores cerebrales a partir de imágenes de resonancia magnética (MRI). El método propuesto utiliza la transformada wavelet binaria para obtener características de textura y forma, que luego se utilizan para entrenar un clasificador SVM. Los experimentos en un conjunto de datos de MRI de tumores cerebrales muestran que el enfoque propuesto supera a otros métodos de análisis de imágenes en términos de precisión, sensibilidad y especificidad. Los resultados indican que la combinación de la transformada wavelet binaria y SVM es una técnica prometedora para el diagnóstico de tumores cerebrales a partir de imágenes de MRI.

- **Deep Transfer Learning Approaches in Performance Analysis of Brain Tumor Classification Using MRI Images** [6]

El artículo aborda la tarea de clasificación de imágenes de resonancia magnética (MRI) para detectar tumores cerebrales utilizando aprendizaje profundo y transferencia de conocimiento. En este estudio, se evalúan varias arquitecturas de redes neuronales preentrenadas, incluyendo VGG16, InceptionV3 y ResNet50, utilizando un conjunto de datos de imágenes de MRI de tumores cerebrales. Los resultados muestran que la transferencia de conocimiento con una red neuronal preentrenada puede mejorar significativamente la precisión de la clasificación de tumores cerebrales en comparación con el entrenamiento desde cero. Además, se analizan diferentes técnicas de transferencia de conocimiento, como la extracción de características y el ajuste fino, y se discuten los resultados en detalle. Este estudio evalúa diferentes técnicas de transferencia de conocimiento para la clasificación de imágenes de MRI de tumores cerebrales y puede ser útil para el desarrollo de sistemas de diagnóstico asistidos por computadora en el futuro.

- **Study and analysis of different segmentation methods for brain tumor MRI application** [7]

El artículo describe un estudio comparativo de diferentes métodos de segmentación para aplicaciones de imágenes de resonancia magnética (MRI) de tumores cerebrales. Los autores

evaluaron y compararon cinco métodos diferentes: el método de región creciente, el método de segmentación basado en el umbral, el método de segmentación de nivel de gris, el método de segmentación basado en la red de Kohonen y el método de segmentación de máxima entropía. Los métodos se compararon utilizando medidas de evaluación como índice de similitud de estructura, índice de Jaccard y coeficiente de correlación. Los resultados muestran que el método de región creciente fue el mejor en términos de precisión y eficiencia, mientras que el método de segmentación basado en la red de Kohonen mostró una mayor capacidad de segmentación de tumores en comparación con los otros métodos evaluados. Este estudio proporciona una guía útil para elegir el mejor método de segmentación para la aplicación de imágenes de MRI de tumores cerebrales.

- **Desarrollo de un sistema de imágenes, archivos y comunicaciones radiológicas (PACS) mediante el protocolo DICOM e implementado con Python** [8]

El trabajo describe el desarrollo de un sistema PACS para la gestión y comunicación de imágenes médicas basado en el protocolo DICOM. El sistema se implementó utilizando el lenguaje de programación Python y tecnologías de código abierto como Django y PostgreSQL. El sistema permite la recepción, almacenamiento, visualización y envío de imágenes médicas DICOM, así como la gestión de información de pacientes y estudios radiológicos. También se implementó un módulo de informes para generar informes radiológicos. Este trabajo es relevante ya que proporciona una herramienta útil para la gestión y almacenamiento de imágenes médicas, lo que es fundamental para la recopilación y procesamiento de datos en proyectos de aprendizaje automático. Además, el uso de tecnologías de código abierto y el lenguaje Python hace que el sistema sea accesible y fácilmente adaptable a otras soluciones de análisis de imágenes médicas.

- **Sistema computacional para la detección de glioblastomas en resonancia magnética usando aprendizaje no supervisado** [9]

El artículo presenta un sistema computacional para la detección de glioblastomas en imágenes de resonancia magnética (IRM) mediante aprendizaje no supervisado. El sistema se basa en la extracción de características de las imágenes de IRM utilizando la transformada wavelet y la descomposición en componentes principales. A continuación, se utilizan técnicas de clustering y segmentación para identificar las áreas anómalas en las imágenes de IRM. El sistema se evaluó utilizando una base de datos de imágenes de IRM de pacientes con glioblastoma y se comparó con otros métodos de detección de tumores. Los resultados mostraron que el sistema propuesto tiene una alta sensibilidad y especificidad en la detección de glioblastomas y superó a otros métodos de detección de tumores en términos de precisión y eficiencia. En resumen, el artículo presenta un enfoque innovador para la detección de glioblastomas en imágenes de IRM mediante aprendizaje no supervisado, lo que puede ser de gran utilidad para el diagnóstico temprano y el seguimiento del tratamiento de esta enfermedad.

- **Brain tumor segmentation of MRI images: A comprehensive review on the application of artificial intelligence tools** [10]

El artículo titulado ofrece una revisión completa sobre las herramientas de inteligencia artificial utilizadas en la segmentación de tumores cerebrales a partir de imágenes de resonancia magnética (MRI). En este estudio, se analizan las técnicas de segmentación de imágenes, incluyendo los

métodos de umbralización, region growing, clasificación, modelos deformables, redes neuronales convolucionales (CNN), entre otros. Asimismo, se presentan las principales bases de datos públicas utilizadas para el entrenamiento y evaluación de los algoritmos de segmentación de tumores cerebrales. Además, el artículo discute los desafíos y oportunidades en la aplicación de la inteligencia artificial para la segmentación de tumores cerebrales y se proponen posibles direcciones futuras en el campo de la segmentación de tumores cerebrales. Este estudio es una fuente valiosa de información para los investigadores y profesionales interesados en la aplicación de técnicas de inteligencia artificial en el análisis de imágenes de resonancia magnética para la detección de tumores cerebrales.

- **Desarrollo e implementación de un modelo matemático multiescala de crecimiento de glioblastoma y radioterapia, inicializado a partir de imágenes de resonancia magnética** [11]

El documento titulado aborda el desarrollo y la implementación de un modelo matemático multiescala para simular el crecimiento de glioblastomas y evaluar la eficacia de la radioterapia. El estudio utiliza imágenes de resonancia magnética (MRI) como punto de partida para la inicialización del modelo y se centra en la comprensión del comportamiento del glioblastoma a lo largo del tiempo.

El artículo describe los fundamentos teóricos y los aspectos técnicos del modelo matemático propuesto, así como los métodos utilizados para la segmentación de las imágenes de resonancia magnética y la generación de la geometría tridimensional del tumor. Además, se presenta la integración de la radioterapia en el modelo, permitiendo la simulación de diferentes esquemas de tratamiento y evaluando su impacto en el crecimiento del glioblastoma.

El trabajo también discute los resultados obtenidos a partir de la simulación del crecimiento del glioblastoma y la aplicación de la radioterapia. Se analizan las métricas de evaluación, como el volumen del tumor, el índice de proliferación celular y la dosis de radiación administrada, para comprender más precisa la dinámica del tumor y la respuesta al tratamiento.

- **MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques** [12]

El siguiente artículo se centra en la importancia de diagnosticar y segmentar tumores cerebrales en imágenes de resonancia magnética (MRI) utilizando un sistema de diagnóstico asistido por computadora (CAD). Se propone un modelo llamado VS-BEAM que ha demostrado una alta precisión en la clasificación multiclase de tumores cerebrales, alcanzando un 98.91% de precisión en pruebas con 264 tumores cerebrales. Este enfoque tiene el potencial de mejorar el diagnóstico y la planificación del tratamiento de tumores cerebrales, ya sean grandes o pequeños.

- **An Efficient Implementation of Deep Convolutional Neural Networks for MRI Segmentation** [13]

Este artículo se enfoca en la segmentación de tumores cerebrales en imágenes de resonancia magnética (MRI) utilizando aprendizaje profundo. Debido a la complejidad de los tumores cerebrales que pueden tener diversas formas, tamaños, brillos y texturas, se opta por una Red Neuronal Convolucional Profunda (DCNN) de alta capacidad con cinco capas convolucionales y

una capa completamente conectada. Utilizando el coeficiente de similitud de Dice, se informan resultados precisos en el desafío de segmentación de tumores cerebrales BRATS 2016, con una precisión de 0.90 para la región completa, 0.85 para la región central y 0.84 para la región de realce. La implementación del algoritmo de aprendizaje incluye el paralelismo a nivel de tarea, y se utiliza un enfoque de parches para la segmentación. Los resultados experimentales demuestran que la DCNN propuesta mejora la precisión de la segmentación en comparación con técnicas previas.

- **An Intelligent Diagnosis Method of Brain MRI Tumor Segmentation Using Deep Convolutional Neural Network and SVM Algorithm** [14]

En este artículo, se aborda la segmentación de tumores cerebrales utilizando aprendizaje profundo. Se propone un modelo de red neuronal convolucional profunda fusionado con una máquina de soporte vectorial (DCNN-F-SVM) para mejorar la precisión de la segmentación. El modelo consta de tres etapas, que involucran el entrenamiento de la red profunda, la integración de etiquetas predichas y pruebas en un clasificador SVM y la conexión en serie de ambas para entrenar un clasificador profundo. Los resultados muestran un rendimiento significativamente mejor en la segmentación de tumores cerebrales en comparación con modelos anteriores.

- **Artificial Intelligence in Brain Tumor Imaging: A Step toward Personalized Medicine** [15]

El artículo presenta una revisión del estado actual de la aplicación de la inteligencia artificial (IA) en la gestión personalizada de tumores cerebrales, buscando el equilibrio óptimo entre la oncología y la función de cada paciente. Se destaca el impacto positivo de los modelos basados en IA en varias etapas del proceso diagnóstico y terapéutico. Aunque la investigación histológica sigue siendo irremplazable, se anticipa que el enfoque radiómico permitirá una caracterización complementaria, repetible y no invasiva de las lesiones cerebrales, asistiendo a oncólogos y neurocirujanos en la selección de opciones terapéuticas y objetivos moleculares en quimioterapia. Las herramientas impulsadas por IA ya desempeñan un papel importante en la planificación quirúrgica al delimitar la extensión de la lesión y sus relaciones con las estructuras cerebrales, lo que facilita la cirugía cerebral de precisión. Además, los modelos asistidos por IA permiten predecir complicaciones, recurrencias y respuestas terapéuticas, orientando el seguimiento más apropiado. Mirando hacia el futuro, se prevé que los modelos impulsados por IA integren datos bioquímicos y clínicos para estratificar el riesgo y dirigir a los pacientes hacia protocolos de detección personalizados.

- **Deep Learning AI Applications in the Imaging of Glioma** [16]

Este manuscrito presenta un estado del arte sobre las aplicaciones emergentes de la inteligencia artificial, específicamente el aprendizaje profundo, y su aplicación en el glioblastoma multiforme (GBM), el tumor cerebral maligno primario más común. Se revisan en profundidad los enfoques actuales de aprendizaje profundo, en particular las redes neuronales convolucionales (CNNs), que utilizan datos de imágenes de resonancia magnética (MRI) para clasificar gliomas en grados (alto o bajo) y predecir la supervivencia general de los pacientes. Se presta una atención especial a la revisión de artículos recientes que aplican diversas CNNs para predecir genéticamente el glioma en imágenes de MRI preoperatorias, en particular la co-deleción 1p19q, el promotor MGMT y las mutaciones IDH, que son criterios fundamentales para el diagnóstico, tratamiento y pronóstico de pacientes con GBM. Además, se mencionan brevemente los desafíos actuales en las técnicas de aprendizaje profundo y su aplicación al análisis de imágenes en GBM.

- **Brain tumor classification for MR images using transfer learning and fine-tuning** [17]

El artículo presenta una revisión del estado del arte en la clasificación precisa de imágenes de resonancia magnética (MRI) de tumores cerebrales, un componente crucial en el diagnóstico clínico y la toma de decisiones para el tratamiento de pacientes. Se aborda el desafío central de la brecha semántica entre la información visual de bajo nivel capturada por la máquina de MRI y la información de alto nivel percibida por el evaluador humano. Mientras las técnicas tradicionales de aprendizaje automático se enfocan en características de bajo o alto nivel, y requieren extracción manual de características, el aprendizaje profundo, en particular las redes neuronales convolucionales (CNNs), ha demostrado avances notables en la clasificación de imágenes. El artículo se centra en la dificultad de aplicar aprendizaje profundo en entornos médicos debido a conjuntos de datos limitados y propone una estrategia de afinamiento basada en transferencia de aprendizaje, utilizando modelos CNN pre-entrenados. Los resultados demuestran que este enfoque supera tanto a las técnicas tradicionales como a otros métodos de aprendizaje profundo, logrando una precisión promedio del 94.82% en validación cruzada de cinco pliegues en imágenes de resonancia magnética con contraste.

- **Brain Tumor Detection Using Machine Learning and Deep Learning: A Review** [18]

El artículo presenta un estado del arte en la detección temprana de tumores cerebrales, considerando que la tasa de mortalidad debida a estos tumores es del 76%, lo que subraya la importancia crítica de su diagnóstico precoz. Se destaca el papel de las tecnologías avanzadas que permiten la detección automática de tumores en imágenes de resonancia magnética (MRI) y tomografías computarizadas, utilizando herramientas de diseño asistido por computadora. En particular, se analizan en profundidad las técnicas de aprendizaje automático y aprendizaje profundo, especialmente las Redes Neuronales Convolucionales (CNN), por su capacidad para analizar grandes cantidades de datos de imágenes complejas y realizar clasificaciones. La revisión abarca los últimos 15 años y ofrece un análisis comparativo detallado de técnicas de preprocesamiento, aprendizaje automático y aprendizaje profundo. Además, se abordan los desafíos históricos en la detección de tumores y se proponen áreas de investigación futura, incluyendo desafíos clínicos que no se han abordado en revisiones previas.

- **Grade Classification of Tumors from Brain Magnetic Resonance Images Using a Deep Learning Technique** [19]

Este articulo propone un nuevo método automatizado de detección y clasificación. El enfoque propuesto consta de muchas fases, incluido el preprocesamiento de imágenes de resonancia magnética, la segmentación de imágenes, la extracción de características y la clasificación de imágenes. Durante la parte de preprocesamiento de una resonancia magnética, se utiliza un filtro adaptativo para eliminar el ruido de fondo. Para la extracción de características, se utilizó la matriz de coocurrencia de nivel de gris binario local (LBGLCM), y para la segmentación de imágenes, se utiliza el algoritmo enhanced fuzzy c-means clustering (EFCMC).

Después de extraer las características de la exploración, se utiliza un modelo de aprendizaje profundo para clasificar las imágenes de resonancia magnética en dos grupos: glioma y normal. Las clasificaciones se crean utilizando una red neuronal recurrente convolucional (CRNN).

5.2. Marco teórico

5.2.1. Tumor Cerebral

Es una masa de células en el cerebro o cerca de este. Los tumores cerebrales pueden formarse en el tejido cerebral. También pueden formarse cerca del tejido cerebral. Las ubicaciones cercanas incluyen los nervios, la glándula pituitaria, la glándula pineal y la membrana que recubre la superficie del cerebro.

- Los tumores cerebrales que se originan en el cerebro se les llama tumores primarios,
- Los tumores que se diseminan hasta el cerebro se les denomina tumores secundarios o tumores cerebrales metastásicos.

Los tumores primarios se clasifican en cuatro grados según la Organización Mundial de la Salud (WHO), siendo considerados de "bajo grado o benignos" tumores con clasificación I y II, y de "alto grado o malignos" las clasificadas como III y IV [20], [21] Existen diferentes tipos de tumores cerebrales primarios.

- Grado I: tienen bajo potencial de propagación y tienen posibilidad de cura al ser resecados quirúrgicamente.
- Grado II: son tumores infiltrantes, de baja actividad proliferativa celular, en algunos casos pueden progresar a grados superiores (III y IV).
- Grado III: son lesiones que al realizar un análisis histológico (estudio de los tejidos y las células bajo un microscopio) presentan evidencia de malignidad.
- Grado IV: tienen evidencia de malignidad citológica con predisposición a necrosis y están relacionados con una evolución rápida y fatal de la enfermedad

Los tumores cerebrales varían en tamaño, algunos se encuentran cuando son muy pequeños porque provocan síntomas que se notan de inmediato. Otros se desarrollan y llegan a ser muy grandes antes de que se los descubra debido a que algunas partes del cerebro son menos activas que otras y no causan síntomas de inmediato.

5.2.1.1. Tipos

Hay muchos tipos de tumores cerebrales. El tipo de tumor cerebral se basa en el tipo de células que forman el tumor.

- Gliomas y tumores cerebrales relacionados. Los gliomas son masas de células que se parecen a las células gliales, estas células rodean y dan soporte a las células nerviosas del tejido cerebral.
- Tumores del plexo coroideo. Estos comienzan en las células que producen el líquido cefalorraquídeo que rodea el cerebro y la médula espinal. Los tumores del plexo coroideo se ubican en las cavidades llenas de líquido del cerebro, llamadas ventrículos.

- Tumores embrionarios. Estos comienzan en células que quedan después del desarrollo fetal. Estas células, llamadas células embrionarias, se quedan en el cerebro después del nacimiento. Son tumores cerebrales malignos que ocurren con mayor frecuencia en los bebés y niños pequeños.
- Tumores de células germinativas. Los tumores de células germinativas comienzan en las células reproductivas, llamadas células germinativas, que luego se convierten en espermatozoides y óvulos. Las células germinativas se encuentran principalmente en los ovarios y los testículos. Sin embargo, a veces se encuentran en otras partes del cuerpo, como el cerebro. Cuando los tumores de células germinativas se desarrollan en el cerebro, a menudo se encuentran cerca de la glándula pineal o la glándula pituitaria.
- Tumores pineales. Estos comienzan dentro y alrededor de la glándula pineal del cerebro. La glándula pineal se encuentra en el centro del cerebro. Produce una hormona llamada melatonina que ayuda a dormir.
- Meningiomas: Son tumores cerebrales que comienzan en las membranas que rodean el cerebro y la médula espinal.
- Tumores nerviosos. Son masas que se forman en los nervios y alrededor de estos.
- Tumores pituitarios. Estos pueden comenzar en la glándula pituitaria y alrededor de esta.
- Otros tumores cerebrales. Muchos otros tipos de tumores raros pueden ocurrir en el cerebro o alrededor de este. Los tumores pueden comenzar en los músculos, los vasos sanguíneos o el tejido conectivo alrededor del cerebro. Los tumores pueden formarse en los huesos del cráneo. Los tumores cerebrales malignos pueden comenzar a partir de las células del sistema inmunitario del cerebro que combaten los microbios. Este tipo de cáncer cerebral se llama linfoma primario del sistema nervioso central.

5.2.2. Lóbulos cerebrales

La parte principal del encéfalo se llama cerebro. Los tumores cerebrales en diferentes partes del cerebro pueden ocasionar diferentes síntomas. Figura 1

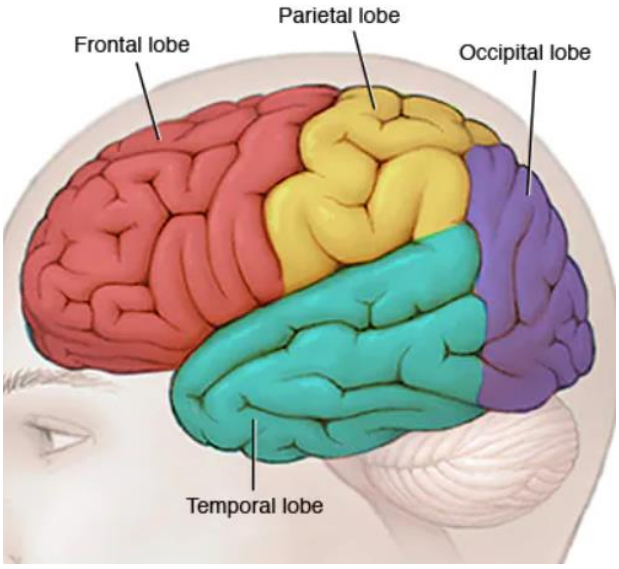


Figura 1. Lóbulos Cerebrales [22]

- Lóbulo Frontal: Los lóbulos frontales están en la parte delantera del cerebro. Controlan el pensamiento y el movimiento. Los tumores cerebrales en el lóbulo frontal pueden causar problemas de equilibrio y dificultades para caminar. Puede haber cambios en la personalidad, como olvidos y falta de interés en las actividades habituales.
- Lóbulos parietales: Están en la parte central superior del cerebro. Ayudan a procesar información sobre el tacto, el gusto, el olfato, la visión y la audición. Los tumores cerebrales en el lóbulo parietal pueden ocasionar problemas relacionados con los sentidos.
- Lóbulos occipitales: Están en la parte posterior del cerebro. Estos lóbulos controlan la visión. Los tumores cerebrales del lóbulo occipital pueden generar pérdida de la visión.
- Lóbulos temporales: Están en los costados del cerebro. Procesan los recuerdos y los sentidos. Los tumores cerebrales del lóbulo temporal pueden ocasionar problemas con la memoria. Pueden hacer que alguien vea, saboree o huela algo que no existe. Algunas veces el sabor o el olor es desagradable o inusual. [22]

5.2.3. Gliomas

Los gliomas son tumores primarios más prevalentes del cerebro y la médula espinal. Comparten características histológicas de las células gliales normales. Sin embargo, sigue siendo un tema de investigación si los gliomas se originan a partir de células gliales normales, precursores gliales o neurales, células madre u otros tipos de células. Los gliomas se diagnostican y clasifican histopatológicamente.

- Astrocitoma
- Ependimoma
- Oligodendroglioma
- Glioblastoma

5.2.3.1. Glioblastoma

El glioblastoma es un tipo de cáncer que comienza con el desarrollo de células en el cerebro o en la médula espinal. Es un tipo de cáncer de grado IV. Las células se desarrollan rápidamente, y pueden invadir y destruir tejidos sanos. El glioblastoma se forma a partir de células denominadas astrocitos, que brindan soporte a las neuronas. [23]

Según [21], el glioblastoma tiene la peor tasa de supervivencia, con el 39.3% al año y del 5.5% a los tres años. Distinto al caso con un tipo de astrocitoma de grado I, cuya tasa de supervivencia año de 98% y de 3 años de 94.2%. La siguiente tabla muestra la tasa de supervivencia de los tumores cerebrales más comunes.

Tabla 1. Tasa de supervivencia de tumores cerebrales primarios, tabla modificada de [21]

Histología	**1 año (%)**	**5 años (%)**	**10 años (%)**
Glioblastoma	39.3	5.5	2.9
Linfoma	52,2	33	25,6
Astrocitoma Grado III	64,4	29,7	20,9
Astrocitoma Grado II	74,4	49,7	39,3
Meningioma	81,7	64	57,1
Oligodendroglioma Grado III	83,7	56,7	42,5
Méduloblastoma	89,1	73	64,7
Oligodendroglioma Grado II	94,3	80,9	65
Astrocitoma Pilocítico	98	94,2	92

El glioblastoma puede ocurrir a cualquier edad, pero tiende a aparecer con mayor frecuencia en adultos mayores y en hombres. La siguiente tabla muestra la incidencia del glioblastoma dependiendo de la edad por cada 100000 habitantes.

Tabla 2. Incidencia del tumor tipo glioblastoma por cada 100000 habitantes, tabla modificada de [21]

INCIDENCIA DEL TUMOR TIPO GLIOBLASTOMA						
Edad (años)	35 – 44	45 - 54	55 – 64	65 – 75	75 – 84	84 y mas
Incidencia	1.21	3.54	8.08	13.05	15.24	9.12

5.2.4. The Cancer Imaging Archive (TCIA)

El Archivo de Imágenes de Cáncer (TCIA) es un servicio público que alberga un extenso archivo de imágenes médicas de cáncer de-identificadas. Financiado por el Programa de Imágenes del

Cáncer (CIP) del Instituto Nacional del Cáncer de los Estados Unidos (NCI) y administrado por el Laboratorio Nacional de Investigación del Cáncer de Frederick (FNLCR), TCIA organiza los datos en "colecciones" según la enfermedad (como cáncer de pulmón), modalidad de imagen (MRI, CT, histopatología digital, etc.) o enfoque de investigación. El formato principal de archivo utilizado es el DICOM, y se enfatiza la inclusión de datos complementarios relacionados con las imágenes, como resultados del paciente, detalles del tratamiento, genómica y análisis de expertos.

Para acceder a los datos en TCIA, hay varias opciones disponibles. Las páginas de resumen de cada colección proporcionan una explicación detallada de los conjuntos de datos, así como enlaces de descarga directa para obtener rápidamente todas las imágenes y datos relacionados. Los portales de datos de radiología e histopatología ofrecen capacidades más avanzadas de búsqueda, navegación y filtrado para seleccionar subconjuntos de imágenes o descargar imágenes de múltiples colecciones que cumplen con ciertos criterios de búsqueda.

TCIA recopila muchas imágenes clínicas e investigativas cada año, organizándolas y catalogándolas para que la comunidad científica pueda utilizar en diversos propósitos. Estos datos son valiosos para investigadores del cáncer, quienes pueden emplearlos para probar nuevas hipótesis y desarrollar técnicas de análisis que avancen en nuestra comprensión científica del cáncer. Además, ingenieros y desarrolladores pueden utilizar los datos de TCIA como material de prueba para construir y validar algoritmos en sus propios scripts y aplicaciones, haciendo uso de una interfaz programática (API REST), creando nuevas herramientas y técnicas de análisis.

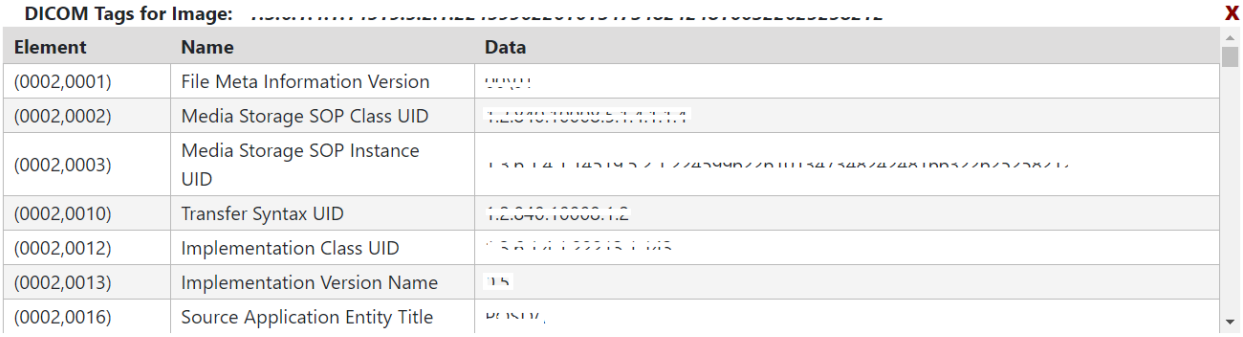
TCIA ha sido diseñado para facilitar la búsqueda, revisión y descarga de datos DICOM para investigaciones, proporcionando una experiencia rápida y sencilla. Cada colección está vinculada a una página Wiki que contiene información sobre las fuentes de datos, metadatos disponibles y los objetivos de investigación previstos. Además, TCIA utiliza el software del "National Biomedical Imaging Archive" (NBIA) como base de su proyecto, ampliando sus funcionalidades. [24]

5.2.5. Archivos DICOM

DICOM, acrónimo de Digital Imaging and Communication In Medicine (Imágenes Digitales y Comunicaciones en Medicina), es el estándar internacional para imágenes médicas e información relacionada. Se implementa en casi todos los dispositivos de radiología, imágenes cardiológicas, radioterapia y resonancias, es uno de los estándares de mensajería de atención médica más ampliamente implementados en el mundo. DICOM es reconocido por la Organización Internacional de Normalización como la norma ISO 12052. [25]

Además de los datos de la imagen, DICOM incluye estructura de datos que son de importancia para la imagen, Estas estructuras son ubicadas en un encabezado que contiene la descripción del objeto, datos del paciente, nombre de la institución, procedimientos realizados, etc. La compresión de datos se basa en estándares de compresión ampliamente utilizados como JPEG, MPEG-2 para secuencias de múltiples imágenes [26]. En la Figura 2 se muestra algo de información relacionada

con las imágenes de una paciente al que se le hizo una resonancia magnética cerebral, esta información es proporcionada por la fuente de datos de “The Cancer Imaging Archive (TCIA)”.


DICOM Tags for Image:

Element	Name	Data
(0002,0001)	File Meta Information Version	
(0002,0002)	Media Storage SOP Class UID	
(0002,0003)	Media Storage SOP Instance UID	
(0002,0010)	Transfer Syntax UID	
(0002,0012)	Implementation Class UID	
(0002,0013)	Implementation Version Name	
(0002,0016)	Source Application Entity Title	

Figura 2. Metadatos del archivo DICOM [Fuente Propia]

5.2.5.1. Windowing

Las imágenes en formato DICOM se pueden mostrar a color o a escala de grises, La profundidad de bits y la compresión aplicada a la imagen se explican en el encabezado de la imagen. Eso asegura que la imagen sea correctamente mostrada sin importar el equipo o el visor.

Para poder visualizar de mejor manera las imágenes es necesario poder ajustar el *“windowing”* (ventaneo) óptimo. El *windowing* define el rango de amplitudes (100% negro a 100% blanco) en la imagen. Los profesionales en la salud usan el windowing para poder ajustar la escala de grises de una imagen y así observar mejor ciertas anatomías o patologías. [26]

- Window Width (WW): Es el rango de escala de grises que será mostrado, controla el contraste
- Window Level (WL): El centro del rango de escala de grises se conoce como el nivel de la ventana, contrala el brillo.

Un WW grande significa que hay una escala de grises larga y que la transición de negro a blanco llevará más tiempo. Un WL estrecho significa que la transición de negro a blanco se realizará mucho más rápido [27] Cada configuración de windowing permite ver diferentes detalles de la resonancia, como tejido blando, tejido óseo, sangre, aire, liquido subdural [28]. En la siguiente Figura 3 se muestra una configuración de windowing con un WW de 600 HU (Escala Hounsfield) y un WL ajustado en 0 HU.

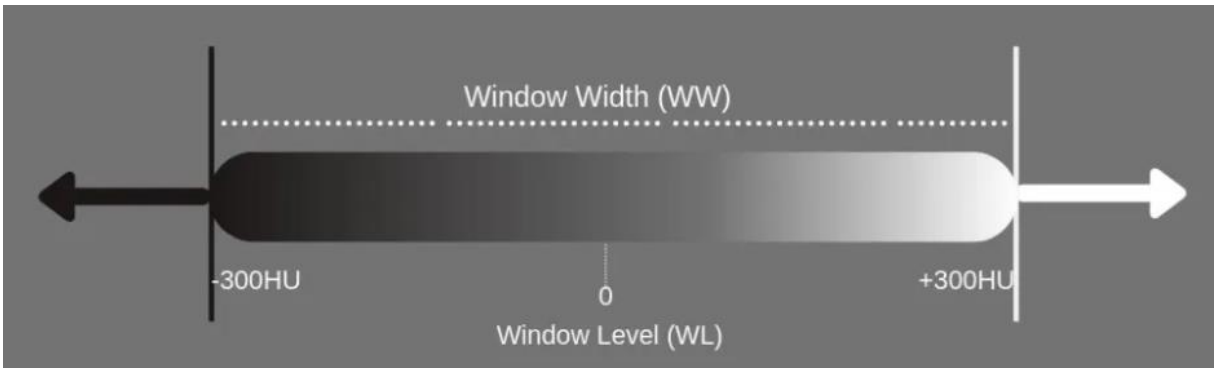


Figura 3. WW de 600 HU con un WL de 0 HU [27]

El principal desafío al que se enfrenta para procesar imágenes obtenidas de publicaciones biomédicas o bases de datos es la gran variación con respecto al tamaño de la imagen, la intensidad de la iluminación, la dirección de visualización (axial, sagital y coronal), posición anatómica, anomalías patológicas, totalidad del cerebro (que contiene todo el cerebro o solo una parte) y anotaciones gráficas, como flechas, que a veces están presentes [28]. Usando el visualizador de archivos DICOM de ”The Cancer Imaging Archive (TCIA)”, en la siguiente Figura 4 hay tres imágenes del mismo paciente con un tumor glioblastoma en el lado izquierdo, las cuales solo se le ha modificado el windowing.

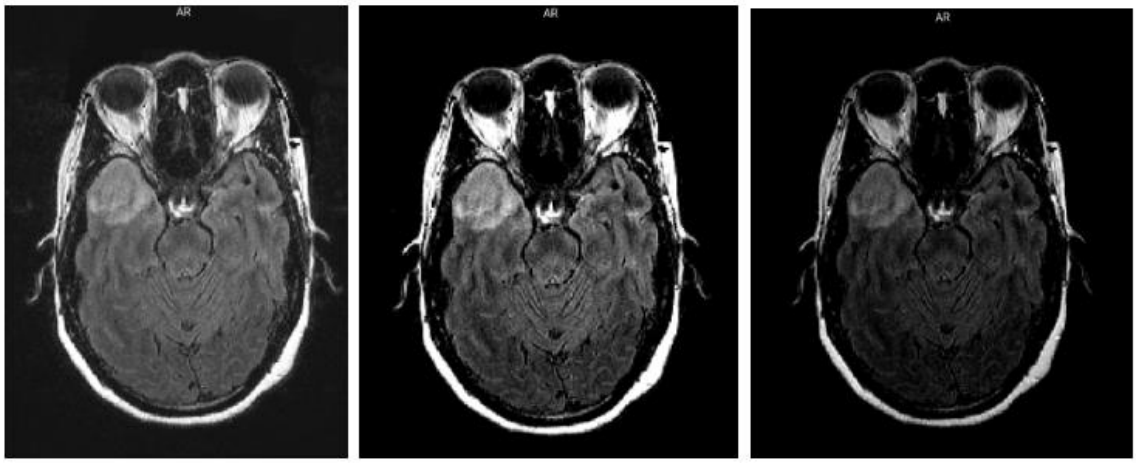


Figura 4. Configuración de diferentes valores de windowing. La primera con WW = 901 y WL = 390, la segunda con WW = 557 y WL = 390, la tercera con WW = 901 y WL = 606 [Fuente Propia]

5.2.6. Imágenes de resonancia magnética MRI

Es una tecnología de imagen no invasiva que produce imágenes anatómicas detalladas tridimensionales. Se usa para la detección de enfermedades, el diagnóstico y el monitoreo del tratamiento. Se basa en una tecnología sofisticada que excita y detecta el cambio en la dirección del eje rotacional de los protones que se encuentran en el agua que constituye los tejidos vivos.

Las resonancias magnéticas emplean imanes potentes que producen un campo magnético fuerte que obliga al campo magnético de los átomos con carga positiva (excedente de protones) en el cuerpo a alinearse con el campo externo inducido. Esta magnetización longitudinal no aporta información sobre el contraste magnético de los tejidos, por lo que se hace necesario el uso de pulsos cortos de ondas electromagnéticas, que se denominan pulsos de radiofrecuencia (RF). Cuando se pulsa una RF a través del paciente, se estimulan los protones y se salen del equilibrio, forzando contra la tracción del campo magnético. El siguiente paso es la interrupción de pulso RF, cuando el campo de radiofrecuencia está apagado, la resonancia magnética sensores detecta la energía de RF liberada (echo o eco) según los protones se realinean con el campo magnético. Los médicos pueden notar la diferencia entre varios tipos de tejidos en función del tiempo que tardan los protones en realinearse con el campo magnético, así como la cantidad de energía liberada [29], [30]. En la Figura 5 se muestra la secuencia básica de un proceso de resonancia magnética.

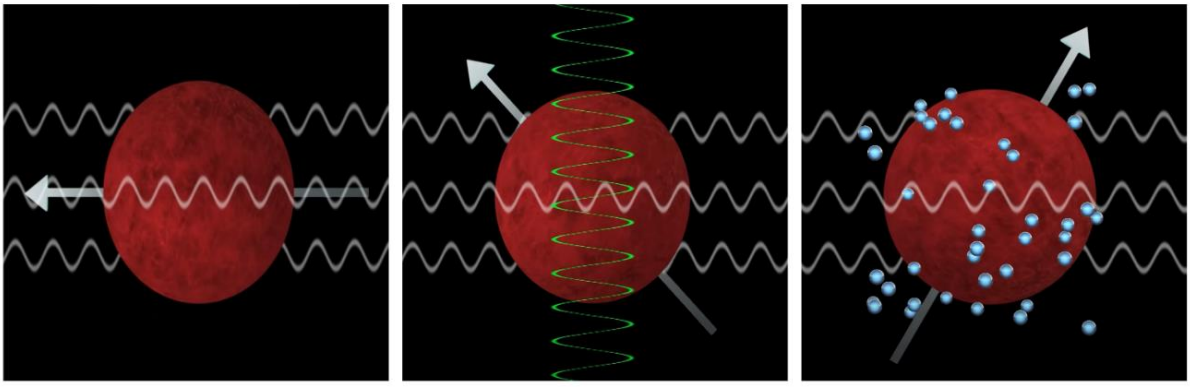


Figura 5. Alineamiento de las cargas con el campo magnético, b) Pulso de radiofrecuencia para desequilibrar la carga. c) liberación de energía a medida que los protones se realinean de nuevo con el campo magnético [31]

Se usa la transformada de Fourier para convertir la frecuencia información contenida en la señal de cada ubicación en la imagen plano a los niveles de intensidad correspondientes, que luego se muestran como tonos de gris en una disposición matricial de píxeles. Al variar la secuencia de pulsos de RF aplicados y recopilados, diferentes tipos de imágenes son creadas [32]. Se tiene en cuenta entonces los siguientes dos conceptos:

- Tiempo de Repetición TR: es la cantidad de tiempo entre secuencias de pulso sucesivas aplicadas a la misma rebanada o porción.
- Tiempo de Eco TE: es el tiempo entre la entrega del pulso de RF y la recepción de la señal de eco.

El tejido puede caracterizarse por dos tiempos de relajación diferentes T1 y T2.

- T1 (tiempo de relajación longitudinal) es la constante de tiempo que determina la velocidad a la que los protones excitados vuelven al equilibrio. Es una medida del tiempo que tardan los protones giratorios en realinearse con el campo magnético externo.
- T2 (el tiempo de relajación transversal) es la constante de tiempo que determina la velocidad a la que protones excitados alcanzar el equilibrio o salir de fase entre sí. Es una

medida del tiempo necesario para que los protones giratorios pierdan la fase de coherencia entre los núcleos que giran perpendicular al campo principal.

Las secuencias de resonancia magnética más comunes son ponderadas en escaneos ponderados en T1 y T2.

- Imágenes ponderadas en T1 se producen usando tiempos cortos de TE y TR. El contraste y el brillo de la imagen están determinadas predominantemente por las propiedades T1 del tejido. El líquido cefalorraquídeo (LCR) y otros líquidos aparecen oscuros, mientras que la grasa y las estructuras con alto contenido de proteínas, como el cerebro, aparecen brillantes.
- Imágenes ponderadas en T2 se producen utilizando tiempos TE y TR más largos. En estas imágenes, el contraste y el brillo están predominantemente determinados por las propiedades T2 del tejido.: El LCR y otros líquidos aparecen brillantes, mientras que la grasa y otras estructuras aparecen más oscuras.
- Secuencia de Recuperación de Inversión Atenuada por Fluidos (FLAIR) por sus siglas en inglés. Es similar a una imagen ponderada en T2, excepto que los tiempos de TE y TR son muy largos. Al hacerlo, las anormalidades siguen siendo brillantes pero el líquido normal de LCR, es atenuado y se hace más oscuro. Esta secuencia es muy sensible a la patología y hace la diferenciación entre el LCR y una anormalidad mucho más fácil.

Tabla 3. Secuencias de resonancias magnéticas más comunes y sus tiempos aproximados de TR y TE modificada de [32]

	TR (ms)	**TE (ms)**
Ponderado T1 (TR y TE cortos)	**500**	**14**
Ponderado T2 (TR y TE largos)	**4000**	**90**
FLAIR (TR y TE muy largos)	**9000**	**114**

En la Figura 6 se comparan las tres secuencias de pulsos más usadas y una tabla comparativa de las secuencias considerando el tejido.

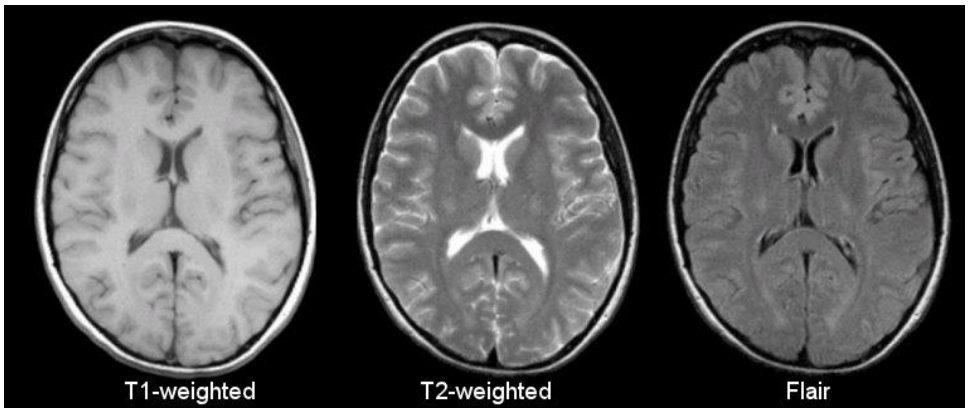


Figura 6. Comparación de ponderados T1, T2 y FLAIR en un corte axial cerebral [32]

Tabla 4. Comparación de T1, T2 y FLAIR frente a diferentes tejidos [32]

Tejido	Ponderado T1	Ponderado T2	FLAIR
LCR	Oscuro	Brillante	Oscuro
Materia Blanca	Claro	Gris Oscuro	Gris Oscuro
Corteza	Gray	Gris claro	Gris claro
grasa dentro de la médula ósea	Brillante	Claro	Claro
Inflamación (infección, desmielinización)	Oscuro	Brillante	Brillante

5.2.7. TensorFlow

La importancia de utilizar TensorFlow en un proyecto de análisis de imágenes DICOM mediante aprendizaje computacional para la detección de tumores cerebrales radica en las siguientes razones:

1. Capacidad de procesamiento de datos: TensorFlow es una biblioteca de código abierto ampliamente utilizada en el campo del aprendizaje computacional. Ofrece una amplia gama de herramientas y funciones que permiten el procesamiento eficiente de grandes conjuntos de datos, como las imágenes DICOM. Esto es crucial para el análisis y la extracción de características relevantes de las imágenes.
2. Implementación de algoritmos de aprendizaje computacional: TensorFlow proporciona un conjunto completo de herramientas y APIs que facilitan la implementación de algoritmos de aprendizaje computacional, incluyendo técnicas de aprendizaje profundo como redes neuronales convolucionales. Estos algoritmos son fundamentales para la detección precisa de tumores cerebrales en imágenes DICOM.
3. Optimización del rendimiento: TensorFlow está diseñado para aprovechar las capacidades de hardware disponibles, como las unidades de procesamiento gráfico (GPU) y las unidades de procesamiento tensorial (TPU). Esto permite acelerar significativamente el procesamiento de los modelos de aprendizaje computacional, lo que resulta en tiempos de entrenamiento más rápidos y una mayor eficiencia computacional.
4. Flexibilidad en la construcción de modelos: TensorFlow permite construir modelos de aprendizaje computacional altamente personalizados y adaptados a las necesidades específicas del proyecto. Proporciona una interfaz intuitiva y flexible para la definición de arquitecturas de redes neuronales, lo que permite experimentar con diferentes capas, funciones de activación y técnicas de regularización.
5. Disponibilidad de modelos preentrenados: TensorFlow ofrece una amplia variedad de modelos preentrenados, incluyendo arquitecturas de redes neuronales convolucionales conocidas, como Inception, ResNet y VGG. Estos modelos preentrenados pueden servir como punto de partida para el proyecto, permitiendo ahorrar tiempo y recursos al aprovechar el conocimiento y la experiencia previa en el campo. [33]

5.2.8. Keras

Keras es una biblioteca de alto nivel para el desarrollo de redes neuronales en Python. Proporciona una interfaz fácil de usar y modular que permite construir y entrenar modelos de manera eficiente. Aunque no tengo acceso directo a la información referenciada, puedo proporcionar información general sobre la importancia de usar Keras en un proyecto de análisis de imágenes DICOM mediante aprendizaje computacional para la detección de tumores cerebrales.

La importancia de utilizar Keras en este tipo de proyecto se debe a varias razones:

1. Simplicidad y facilidad de uso: Keras ofrece una API intuitiva y fácil de entender, lo que facilita la construcción y el entrenamiento de modelos de aprendizaje profundo. Permite a los desarrolladores centrarse en el diseño del modelo y la configuración de los hiperparámetros, en lugar de tener que preocuparse por los detalles de bajo nivel de la implementación de la red neuronal.

2. Flexibilidad y modularidad: Keras permite construir modelos de forma modular, lo que facilita la creación de arquitecturas complejas. Proporciona una amplia gama de capas, funciones de activación y optimizadores, que se pueden combinar y personalizar según las necesidades del proyecto.

3. Integración con TensorFlow: Keras funciona como una capa de abstracción sobre TensorFlow, lo que significa que se puede aprovechar la potencia y eficiencia de TensorFlow como backend. Esto permite aprovechar las capacidades de cómputo en paralelo de TensorFlow, así como su capacidad de distribución en clústeres o dispositivos GPU para acelerar el entrenamiento de los modelos.

4. Comunidad y ecosistema: Keras cuenta con una comunidad activa de desarrolladores y una amplia documentación. Esto facilita el aprendizaje y la resolución de problemas, ya que hay una gran cantidad de recursos disponibles, como tutoriales, ejemplos de código y foros de discusión. [34]

5.2.9. Opencv

OpenCV (Open Source Computer Vision Library) es una biblioteca de visión por computadora ampliamente utilizada y de código abierto. A continuación, se presentan algunas razones por las que la implementación de OpenCV puede ser importante para el proyeco:

1. Preprocesamiento de imágenes: OpenCV proporciona una amplia gama de funciones y algoritmos para el procesamiento y manipulación de imágenes. Puedes utilizar estas funciones para realizar operaciones como la mejora de contraste, la reducción de ruido, la segmentación de imágenes y la extracción de características relevantes en tus imágenes

DICOM. Estas operaciones de preprocesamiento son fundamentales para mejorar la calidad de los datos de entrada antes de utilizarlos en modelos de aprendizaje computacional.

2. Extracción de características: OpenCV ofrece algoritmos para la extracción de características de imágenes, como el cálculo de descriptores locales (por ejemplo, SIFT, SURF, ORB) y la detección de contornos. Estas características pueden ser útiles para representar las imágenes DICOM de manera más compacta y significativa, lo que puede mejorar el rendimiento de los modelos de aprendizaje computacional.

3. Integración con otros frameworks y bibliotecas: OpenCV se puede integrar fácilmente con otros frameworks y bibliotecas populares de aprendizaje computacional, como TensorFlow y PyTorch. Esto permite combinar las capacidades de procesamiento de imágenes de OpenCV con las capacidades de aprendizaje profundo de estos frameworks, facilitando el desarrollo de soluciones completas y eficientes para el análisis de imágenes DICOM. [35]

5.2.10. Inceptionv3

InceptionV3 es una arquitectura de red neuronal profunda que forma parte de la familia de modelos Inception, desarrollada por Google para tareas de clasificación de imágenes y reconocimiento de patrones.

5.2.10.1. Características Principales de InceptionV3

- **Arquitectura de Módulo Inception**: InceptionV3 utiliza una estructura modular que incorpora varios tipos de capas convolucionales dentro de un solo bloque, conocido como "módulo Inception". Este enfoque permite que la red capture diferentes tipos de características (bordes, texturas, formas, etc.) a distintas escalas y profundidades de la imagen, mejorando así la capacidad de la red para reconocer patrones complejos.

- **Uso de Filtros de Varios Tamaños**: Los módulos Inception aplican filtros de diferentes tamaños (1x1, 3x3, 5x5, etc.) en paralelo a la misma entrada, permitiendo la extracción de características a diferentes escalas. Este enfoque proporciona una mejor captura de la diversidad de las características presentes en las imágenes.

- **Reducción de Parámetros**: Para manejar la complejidad y el tamaño de los modelos de redes neuronales profundas, InceptionV3 introduce capas convolucionales 1x1 para reducir la dimensionalidad y el número de parámetros, lo que también ayuda a mitigar el sobreajuste. Además, utiliza técnicas de factoración como la descomposición de convoluciones de 3x3 en dos convoluciones de 1x3 y 3x1, que disminuyen el costo computacional sin sacrificar el rendimiento.

- **Uso de Técnicas de Regularización**: InceptionV3 implementa varias técnicas para evitar el sobreajuste y mejorar la generalización, como la regularización con pérdida auxiliar

(auxiliary loss) en capas intermedias, y el uso de técnicas de drop-out y batch normalization, que ayudan a estabilizar el entrenamiento y acelerar la convergencia.

- **Pooling Estratificado**: Utiliza pooling estratificado para reducir las dimensiones espaciales, lo que ayuda a preservar la información contextual importante de las imágenes mientras se mantiene la eficiencia computacional.

- **Escalabilidad y Transferencia de Aprendizaje**: InceptionV3, al igual que otras arquitecturas profundas, es compatible con el aprendizaje transferido. Puede ser pre-entrenado en grandes conjuntos de datos como ImageNet y luego ajustado a tareas específicas utilizando conjuntos de datos más pequeños, lo que lo hace altamente versátil y efectivo para diversas aplicaciones de visión por computadora. [36]

5.2.11. Matriz de confusión

La matriz de confusión es una herramienta fundamental en la evaluación del rendimiento de modelos de clasificación en el aprendizaje automático. Es una tabla que se utiliza para describir el rendimiento de un modelo de clasificación en un conjunto de datos de prueba, donde se conocen los valores reales de las clases. La matriz de confusión ofrece una representación visual de la precisión del modelo al mostrar la relación entre las predicciones del modelo y las etiquetas reales.

En una matriz de confusión típica, las filas representan las clases verdaderas y las columnas las predicciones del modelo. Los elementos en la diagonal principal (desde la esquina superior izquierda hasta la inferior derecha) de la matriz representan los casos en los que el modelo ha predicho correctamente la clase, mientras que los elementos fuera de la diagonal representan errores de clasificación. Los principales elementos que se identifican en la matriz de confusión son:

Tabla 5 Matriz de confusión básica [Fuente propia]

Clase Real	Predicción: Con tumor	Predicción: Sin tumor
Con Tumor	Verdaderos Positivos (VP)	Falsos Negativos (FN)
Sin Tumor	Falsos Positivos (FP)	Verdaderos Negativos (VN)

1. **Verdaderos Positivos (VP)**: Casos en los que el modelo predice correctamente la clase positiva.
2. **Falsos Positivos (FP)**: Casos en los que el modelo predice la clase positiva cuando en realidad es negativa.

3. **Verdaderos Negativos (VN)**: Casos en los que el modelo predice correctamente la clase negativa.
4. **Falsos Negativos (FN)**: Casos en los que el modelo predice la clase negativa cuando en realidad es positiva.

El análisis de la matriz de confusión permite calcular las métricas importantes requeridas para evaluar el desempeño de una prueba diagnóstica, entre las métricas a calcular, las mas importantes esta la exactitud, la precisión, la sensibilidad, la especificidad, F1 Score y las razones de verosimilitud, ofreciendo así una comprensión más detallada de su rendimiento, eficacia para determinar tumores y ayuda a identificar áreas donde se pueden realizar mejoras.

5.2.11.1. Exactitud (Accuracy)

La exactitud es una medida de cuán correctamente un modelo de clasificación predice tanto las clases positivas como las negativas. Se calcula como la proporción de predicciones correctas (tanto verdaderos positivos como verdaderos negativos) sobre el total de predicciones realizadas. La fórmula de la exactitud es:

$$Exactitud = \frac{VP + VN}{FP + FN + VP + VN} \quad (1)$$

5.2.11.2. Precisión

La precisión, también conocida como valor predictivo positivo, es la proporción de predicciones positivas correctas en relación con el total de predicciones positivas realizadas por el modelo. Es una medida de cuán preciso es el modelo al identificar casos positivos. La fórmula para la precisión es:

$$Precisión = \frac{VP}{VP + FP} \quad (2)$$

Una alta precisión significa que la mayoría de las predicciones positivas son correctas.

5.2.11.3. Especificidad:

La especificidad, también llamada tasa de verdaderos negativos, mide la capacidad del modelo para identificar correctamente las instancias negativas. Es la proporción de verdaderos negativos sobre el total de casos que son negativos. La fórmula para la especificidad es:

$$Especificidad = \frac{VN}{VN + FP} \quad (3)$$

Una alta especificidad indica que el modelo es eficaz para reconocer las instancias que no pertenecen a la clase positiva, reduciendo la tasa de falsos positivos.

Estas métricas dan una visión más completa del rendimiento de un modelo de clasificación, permitiendo evaluar su eficacia en cuanto a la exactitud general y en su capacidad para evitar errores en ambas direcciones (falsos positivos y falsos negativos).

5.2.11.4. Sensibilidad (recall)

La sensibilidad, también conocida como tasa de verdaderos positivos o recall, es la capacidad de un modelo para identificar correctamente todas las instancias positivas. Es una medida que indica la proporción de verdaderos positivos detectados entre todos los casos positivos. La fórmula de la sensibilidad es:

$$Sensibilidad = \frac{VP}{FN + VP} \quad (4)$$

Una alta sensibilidad indica que el modelo es eficaz en detectar la mayoría de los casos positivos, minimizando los falsos negativos.

5.2.11.5. F1 Score

El F1 Score es la media armónica de la precisión y la sensibilidad. Proporciona una medida equilibrada de estas dos métricas, especialmente útil cuando hay un desbalance entre clases positivas y negativas. Es una buena métrica cuando se necesita identificar si el modelo es capaz de identificar correctamente los casos positivos mientras minimiza los errores, lo cual es crucial en el entorno médico. La fórmula del F1 Score es:

$$F1Score = 2 \times \frac{\text{Pr}\,e\,cisión \times Sensibilidad}{\text{Pr}\,e\,cisión + Sensibilidad} \quad (5)$$

Un F1 Score alto indica un buen equilibrio entre la precisión y la sensibilidad del modelo.

- **F1 Score alto (cerca de 1):** Indica que el modelo tiene un buen equilibrio entre precisión y sensibilidad. Esto significa que el modelo no solo está identificando correctamente muchos de los verdaderos positivos (alta sensibilidad), sino que también está cometiendo pocos errores en las predicciones positivas (alta precisión).
- **F1 Score bajo (cerca de 0):** Indica un desequilibrio entre la precisión y la sensibilidad. Por ejemplo, el modelo podría estar detectando muchos casos positivos reales (alta sensibilidad), pero también haciendo muchas predicciones positivas incorrectas (baja precisión), o viceversa.

5.2.11.6. Razón de Verosimilitud Positiva (RV+)

La razón de verosimilitud positiva es la razón de la probabilidad de que un resultado positivo en el test se observe en una persona con la condición (enfermedad) frente a la probabilidad de que el mismo resultado positivo se observe en una persona sin la condición. Se calcula como:

$$RV+= \frac{Sensibilidad}{1 - Especificidad} \quad (6)$$

Una RV+ alta indica que un resultado positivo es un fuerte indicador de la presencia de la condición.

5.2.11.7. Razón de Verosimilitud Negativa (RV-)

La razón de verosimilitud negativa es la razón de la probabilidad de que un resultado negativo en el test se observe en una persona con la condición frente a la probabilidad de que el mismo resultado negativo se observe en una persona sin la condición. Se calcula como:

$$RV-= \frac{1 - Sensibilidad}{Especificidad} \quad (7)$$

Una RV- baja indica que un resultado negativo es un fuerte indicador de la ausencia de la condición. [37]

5.3. Marco Legal

5.3.1. Regulación de Dispositivos Médicos

El Instituto Nacional de Vigilancia de Medicamentos y Alimentos (INVIMA) es la entidad encargada de regular y supervisar los dispositivos médicos en Colombia. Cualquier tecnología médica, incluyendo herramientas de diagnóstico, debe cumplir con las regulaciones y estándares establecidos por el INVIMA para garantizar su calidad y seguridad.

5.3.2. Protección de Datos de Salud

Colombia cuenta con leyes de privacidad de datos de salud que protegen la confidencialidad y seguridad de la información médica de los pacientes. La Ley Estatutaria 1581 de 2012 y sus decretos reglamentarios establecen las normas para el manejo adecuado de datos de salud. Cumplir con estas regulaciones es fundamental al trabajar con información médica sensible.

5.3.3. Ética en la Investigación Médica

Toda investigación médica, incluyendo la implementación de tecnologías para el diagnóstico, debe cumplir con principios éticos sólidos. Esto incluye la obtención de consentimiento informado de los pacientes, la revisión y aprobación de protocolos de investigación por comités de ética, y la garantía de la confidencialidad de la información médica.

5.3.4. Regulación de Software Médico

El desarrollo y la implementación de software médico, como algoritmos de diagnóstico, pueden estar sujetos a regulaciones específicas. Es importante asegurarse de que cualquier software médico cumpla con los requisitos de seguridad y eficacia establecidos por las autoridades regulatorias.

5.3.5. Normas Técnicas y Estándares

Cumplir con normas técnicas y estándares relacionados con la calidad y seguridad de dispositivos médicos y el procesamiento de imágenes médicas es fundamental. Esto incluye la adhesión a normativas como ISO 13485 para dispositivos médicos y estándares específicos de procesamiento de imágenes médicas.

6. Metodología

Para desarrollar el proyecto se presentan las siguientes etapas y desafíos que llevaba pasar cada una:

1. Encontrar una base de datos de tumores tipo glioblastoma lo suficiente grande para poder dividirla en: pacientes para entrenar la red y pacientes para hacer las pruebas de validación de funcionamiento.
2. Preparación de datos, al ser imágenes en estándar DICOM, es necesario saber cómo convertirlas a un formato que sea manejable para una red neuronal, y puedan mostrarse en una interfaz de usuario sin problemas de compatibilidad por ejemplo en JPG
3. Preprocesamiento de imagen, para que las imágenes con las que se vaya a entrenar no tengan información adicional que confunda la red neuronal.
4. Procesamiento de imagen, el conjunto de librerías o herramientas que teniendo en cuenta los marcos de referencia tienen buenos resultados a la hora de determinar tumores
5. Señalar características de la imagen en la interfaz para que su interpretación sea sencilla.
6. Determinar la efectividad del algoritmo realizando pruebas estadísticas, esto con el fin de discernir en que etapa se encuentra el algoritmo y puntos de mejora

6.1. Base de datos

Para poder tener acceso a las imágenes es necesario ingresar a la página *Cancer imaging archive*, dirigirse al navegador de colecciones (browse collections), en este se va a encontrar un listado de 211 colecciones divididas por: tipo de cáncer, ubicación, especie, sujetos, tipo de datos, datos de soporte, acceso, estatus, y fecha de actualización. Para el caso de este proyecto, se utiliza la colección llamada *UPENN-GBM*, esta colección incluye imágenes de resonancia magnética multiparamétrica (mpMRI) de pacientes con glioblastoma del Sistema de Salud de la Universidad de Pensilvania, junto con datos demográficos, resultados clínicos (supervivencia, información genómica, progresión tumoral) y etiquetas de segmentación asistida por computadora y corregidas manualmente para distintas subregiones tumorales y el cerebro completo. Se puede encontrar sujetos con resonancias Tipo T1, T2, Flair, en corte sagital, axial y coronal. Las características de la base de datos es la siguiente: [38]

Tabla 6. Parametro de una imagen DCMI [38]

***UPENN-GBM**: Las imágenes de resonancia magnética multiparamétrica (mpMRI) exploran pacientes con glioblastoma de novo (GBM) del Sistema de Salud de la Universidad de Pensilvania*	
Tipo de cáncer	Glioblastoma
Ubicación	Cerebro
Especie	Humano u Homo Sapiens
Sujeto	630
Tipo de datos	Resonancias Magnéticas, Histopatología
Datos de soporte	Clínico, Análisis de imagen
Acceso	Publico
Estado	Completo
Fecha de actualización	21 de octubre de 2022

Para acceder a la colección tiene dos opciones, descargar la base de datos completa o navegar dentro del botón "Buscar" Figura, este lo dirige a una página de NBIA Data Retriever (National Biomedical Imaging Archive), servicio gratuito web y aplicación de software de código abierto que permite almacenar, buscar y para el caso de este proyecto descargar de forma segura imágenes médicas de diagnóstico. Incorpora seguridad basada en roles, lo que significa que dependiendo el tipo de usuario registrado puede acceder a ciertas bases de datos de imágenes. Con el software Clinical Trial Processor de la Sociedad Radiológica de Norteamérica, NBIA admite la desidentificación personalizada de imágenes, debido a ser imágenes con información sensible de pacientes. [39]

La interfaz web tiene un filtro de búsqueda al lado izquierdo, los sujetos se encuentran en la parte central cada uno dividido, para la colección UPENN-GBM, por tipo de resonancia magnética. La interfaz tiene botones de carrito de compras donde se puede ir escogiendo los sujetos que se quieran descargar de esta manera no es necesario descargar la base de datos completa Figura 8. Al descargar se baja un archivo .tcia (The Cancer Imaging Archive), el cual requiere el software NBIA Data Retriever, Figura 9 para acceder a los datos y ahí si poder descargarlos.

Title	Data Type	Format	Access Points	Subjects	Studies	Series	Images	License
Images	MR	DICOM	DOWNLOAD (139.4GB) SEARCH Download requires NBIA Data Retriever	630	3,301	3,680	828,234	CC BY 4.0

Figura 7. Opción para descargar DB completa. [39]

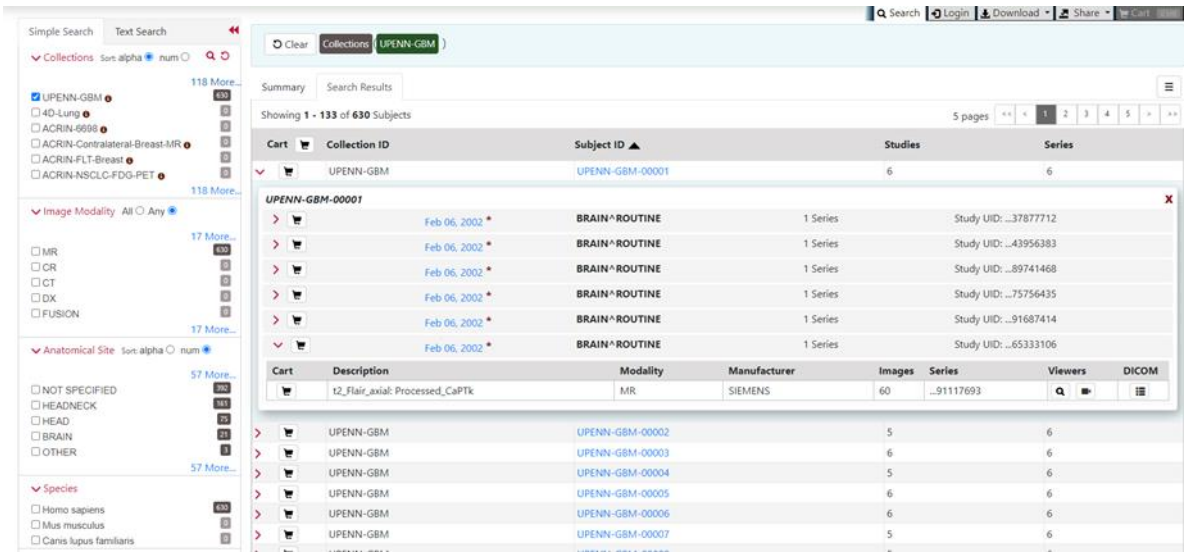


Figura 8. Opción para descargar DB individual. [39]

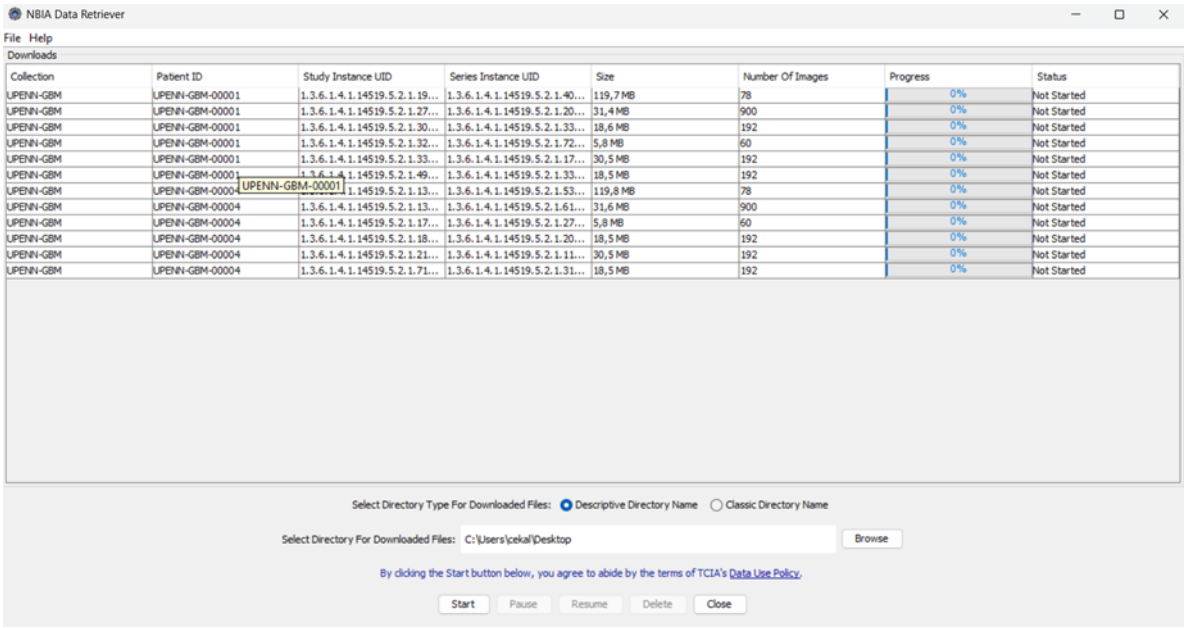


Figura 9. Software NBIA Data Retriever. [39]

6.2. Algoritmo Inicial

6.2.1. Procesamiento de imágenes

Las imágenes originales extraidas desde la base de datos se encuentran en formato DICOM (.dcm) y fueron convertidas a formato JPG antes de ser utilizadas. Para ser guardados en JPG es necesario, dejar unos valores WW y WL constantes. Luego se dividen y se guardan en carpetas diferentes las imágenes donde el tumor sea visible y donde no, las imágenes se preprocesan cambiando su tamaño a 64x64 píxeles y se almacenan en matrices numpy.

Con el fin de mejorar su clasificación se varían los valores WW y WL y se hacia la conversión de dcm a jpg, esto aumentaba la cantidad de imágenes para entrenar.

6.2.2. Algoritmo de detección

Este código implementa un algoritmo de clasificación binaria utilizando una red neuronal convolucional (CNN). Primero, se cargan imágenes desde las dos carpetas creadas y se configuran diferentes parámetros, utilizando un conjunto de datos dividido en un 80% para entrenamiento y un 20% para prueba. una para imágenes sin tumores cerebrales y otra para las que sí tienen tumores.

Luego, las imágenes y sus etiquetas correspondientes se dividen en conjuntos de entrenamiento y prueba usando train_test_split. Se normalizan los valores de píxeles y las etiquetas se convierten a formato categórico (Tumor o No tumor).

El modelo CNN se construye con tres capas convolucionales seguidas de capas de activación ReLU y capas de *MaxPooling* para reducir la dimensionalidad. Después de aplanar las características, se añaden capas densas totalmente conectadas, con una capa final de clasificación que utiliza la función de activación softmax para producir dos salidas (tumor/no tumor).

El modelo se entrena utilizando la función de pérdida *categorical_crossentropy* y el optimizador *Adam* durante 10 épocas, con un conjunto de validación para monitorear el rendimiento.

6.2.3. Implementación del modelo

Para este algoritmo se implementa por medio de un código base el modelo, se carga una imagen individual, la salida en consola muestra un texto confirmando la presencia o ausencia del tumor. Luego se construye una interfaz gráfica inicial donde se podía recorrer las imágenes con valores WW y WL constantes, la salida de igual manera se encuentra en consola.

6.3. Segundo Algoritmo

6.3.1. Procesamiento de Imágenes

Recorte de imágenes al área cerebral: En este modelo, se aplica un preprocesamiento más exhaustivo, recortando las imágenes para enfocarse únicamente en el área cerebral, eliminando las áreas irrelevantes fuera de esta región. Este proceso reduce el ruido en las imágenes y aumenta la posibilidad de detectar anomalías, mejorando la precisión del modelo.

Ajuste de los parámetros WL y WW: Se ajustan los valores de Window Level (WL) y Window Width (WW) para garantizar una mejor visibilidad del tumor, normalizando los rangos para asegurar que el tumor sea perceptible en todas las imágenes.

Selección de imágenes: Se realiza una selección cuidadosa de las imágenes utilizadas para el entrenamiento, priorizando aquellas de alta calidad y que representen mejor el rango de posibles variaciones de los tumores. Esta selección busca garantizar que el modelo esté entrenado con datos relevantes y precisos.

6.3.2. Algoritmo de Detección

Se emplea una Red Neuronal Convolucional (CNN) para la detección de tumores, manteniendo la misma estructura del modelo inicial, pero con la adición de técnicas de aumento de datos (Data Augmentation) como rotaciones, traslaciones, zoom y volteo horizontal, mejorando así la robustez del modelo.

Data Augmentation (Aumento de Datos): Estas transformaciones aumentan la diversidad del conjunto de entrenamiento, ayudando a evitar el sobreajuste y mejorar la capacidad de generalización del modelo.

Función de Pérdida: Se utiliza la función binary_crossentropy para obtener una salida binaria (Tumor/No Tumor), facilitando la clasificación.

6.3.3. Implementación del Modelo

Además del entrenamiento del modelo, se desarrolló una interfaz gráfica de usuario (GUI) utilizando la librería Tkinter de Python. Esta interfaz permite la interacción del usuario final con el sistema de detección de tumores, proporcionando funcionalidades básicas como:

Carga y visualización de imágenes: El usuario puede cargar imágenes en formato DICOM o JPG, visualizar el área de interés (el cerebro recortado) y navegar entre las imágenes de un paciente.

Aplicación del modelo en tiempo real: El modelo de red neuronal entrenado se aplica sobre las imágenes cargadas, mostrando los resultados de predicción en la interfaz y señalando si se detecta la presencia de un tumor.

6.4. Algoritmo Final

6.4.1. Procesamiento de Imágenes

6.4.1.1. Selección de tipo resonancia magnética

Se escogieron las imágenes de resonancia magnética tipo T2 debido a que en esta secuencia los tumores cerebrales suelen aparecer con mayor brillo, lo que facilita su detección. Además, los pacientes incluidos en el estudio tenían imágenes tipo T2, pero no todos tenían secuencias FLAIR, que, aunque útiles para mejorar la visibilidad de lesiones cerca del líquido cefalorraquídeo, no estaban disponibles uniformemente. Esto permitió un análisis consistente y centrado en la detección de glioblastomas utilizando las características de brillo típicas de las secuencias T2.

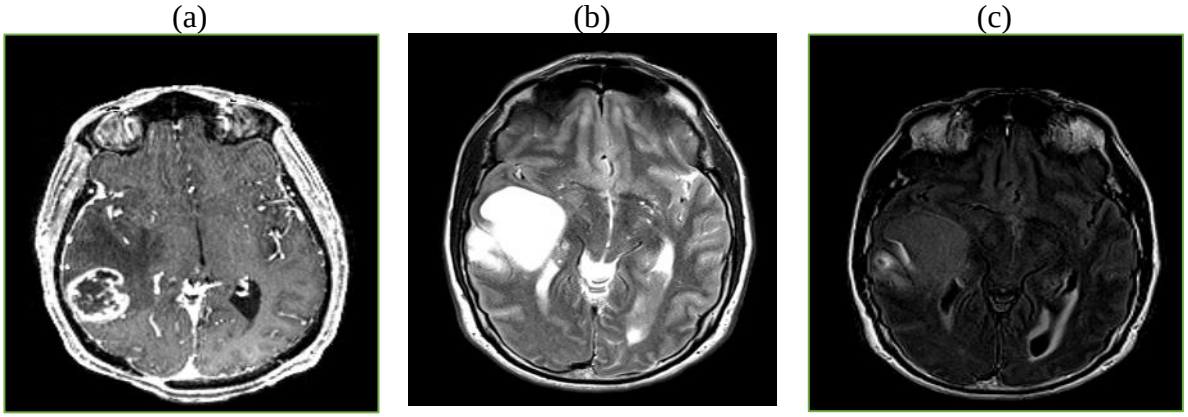


Figura 10. Comparación (a) T1, (b) T2 y (c) FLAIR en un corte axial cerebral [Fuente Propia]6.2.1. Organización de Imágenes por Paciente

Una vez descargadas las imágenes de resonancia magnética del repositorio Cancerimagingarchive, el primer paso fue organizar las imágenes en carpetas separadas por paciente. Este proceso se llevó a cabo de forma manual, creando directorios etiquetados como "Paciente 1", "Paciente 2", "Paciente 3", y así sucesivamente, con el fin de facilitar el manejo y análisis de los datos.

6.4.1.2. Recorte de Imágenes

Posteriormente, se realizó un recorte en las imágenes de resonancia magnética. Se eliminaron los bordes negros presentes en las imágenes para centrar la atención exclusivamente en la región donde se observa el cerebro. Este proceso permitió reducir el ruido en las imágenes y mejorar la calidad de los datos de entrada para el modelo.

6.4.1.3. Clasificación de Imágenes

Las imágenes recortadas fueron clasificadas manualmente en dos grupos: aquellas que presentaban un tumor y aquellas que no. Esta clasificación inicial es fundamental para la correcta segmentación de los datos de entrenamiento y validación.

6.4.1.4. Preprocesamiento de Imágenes: Binarización, Erosión y Dilatación

Una vez clasificadas, las imágenes se sometieron a un preprocesamiento adicional. Se aplicaron técnicas de binarización, erosión y dilatación a las imágenes con el objetivo de resaltar las características relevantes y reducir el ruido. Estas imágenes procesadas se guardaron en carpetas separadas denominadas "si" (con tumor) y "no" (sin tumor).

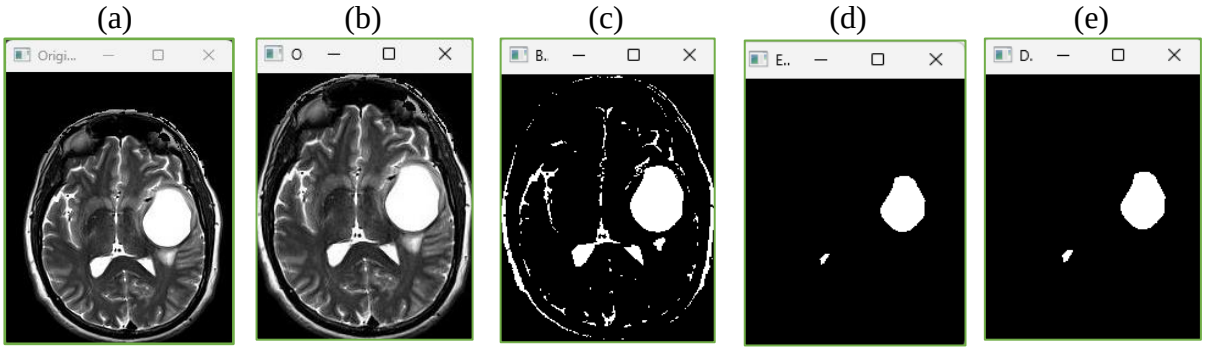


Figura 11. Procesamiento de Imágenes (a) Original, (b) Recortada, (c) Binarizada, (d) Erosionada, (e) Dilatada [Fuente Propia]

6.4.2. Entrenamiento del Algoritmo de Detección de Glioblastoma

6.4.2.1. Preparación de los datos

Las imágenes de resonancia magnética fueron organizadas en directorios para entrenamiento y validación. Se utilizó un conjunto de datos procesados y presegmentados almacenados en el directorio `TrainProcesadas/`. El 20% de las imágenes fueron reservadas para la validación del modelo, utilizando un enfoque de validación cruzada.

6.4.2.2. Preprocesamiento de datos

Las imágenes fueron redimensionadas a un tamaño de 150x150 píxeles y escaladas a valores entre 0 y 1 mediante la normalización (división por 255). Además, se implementaron técnicas de aumento de datos como rotación, zoom y volteo horizontal para aumentar la diversidad de las imágenes de entrenamiento y mejorar la robustez del modelo.

6.4.2.3. Modelo base preentrenado

Se utilizó el modelo InceptionV3 preentrenado con el conjunto de datos *ImageNet*, sin las capas densas superiores, adaptándolo a nuestro problema. Esto permitió aprovechar las características previamente aprendidas por el modelo en un gran conjunto de datos y aplicarlas al problema específico de detección de tumores cerebrales.

6.4.2.4. Capas adicionales

Sobre la base del modelo InceptionV3, se añadieron capas densas personalizadas. Se empleó una capa de GlobalAveragePooling2D seguida de una capa densa con 1024 neuronas y activación

ReLU, que se conectó a una capa de salida con una sola neurona y activación sigmoide para la clasificación binaria (presencia o ausencia de glioblastoma).

6.4.2.5. Congelamiento de capas

Las capas del modelo base (InceptionV3) se congelaron durante las primeras fases del entrenamiento para preservar las características preentrenadas, enfocando el entrenamiento en las capas superiores añadidas.

6.4.2.6. Compilación del modelo

El modelo fue compilado utilizando el optimizador Adam con una tasa de aprendizaje de 0.001 y la función de pérdida binaria (`binary_crossentropy`), adecuada para problemas de clasificación binaria. Las métricas de rendimiento incluyeron la exactitud (`accuracy`).

6.4.2.7. Entrenamiento

El modelo fue entrenado durante 10 épocas con un tamaño de lote de 32 imágenes. En cada época, se procesaron imágenes aumentadas provenientes del generador de datos, utilizando el método `fit`. El rendimiento del modelo fue monitoreado en el conjunto de validación.

6.4.2.8. Guardado del modelo

Una vez completado el entrenamiento, el modelo fue guardado en un archivo `.h5` para su posterior uso en la detección de glioblastoma en nuevas imágenes de resonancia magnética.

6.4.3. Implementación del Modelo de Detección de Glioblastoma

Para implementar el modelo de detección de glioblastoma previamente entrenado, se desarrolló una aplicación gráfica utilizando la biblioteca **Tkinter**. La aplicación permite cargar imágenes en formato DICOM, procesarlas y realizar la predicción sobre la presencia de glioblastoma. A continuación, se describe el proceso:

6.4.3.1. Carga del Modelo:

Se carga el modelo entrenado (modelo_Imagenes_Procesadas.h5) utilizando la función load_model() de **Keras**. Antes se entrenó este modelo para clasificar imágenes de resonancia magnética por la presencia o ausencia de glioblastoma.

6.4.3.2. Interfaz Gráfica del Usuario (GUI)

La interfaz gráfica fue diseñada utilizando **Tkinter**, la cual permite una interacción sencilla con el usuario. Esta GUI cuenta con botones y menús que facilitan la carga de carpetas de imágenes DICOM, la visualización de los resultados y la manipulación de los parámetros de visualización, como los valores de *window width* y *window level*.

6.4.3.3. Procesamiento de Imágenes DICOM

Las imágenes en formato DICOM son convertidas a formato JPG a través de la función `dicom_to_jpg()`, que ajusta los valores de *window width* y *window level* para mejorar la visualización de las estructuras internas del cerebro.

6.4.3.4. Preprocesamiento de Imágenes

Después de convertir la imagen DICOM, se aplican técnicas de preprocesamiento. La función auto_crop_image() recorta automáticamente las imágenes para centrarse en la región relevante. Posteriormente, se realiza una binarización y un procesamiento morfológico (erosión y dilatación) para resaltar las áreas de interés mediante la función process_image(). Por último, se añade una imagen oscura que ayuda a ocultar la zona central donde está el tálamo, lo que facilita resaltar el tumor, dejando visible el tumor.

6.4.3.5. Predicción del Modelo

Una vez preprocesada, la imagen se ajusta al tamaño requerido por el modelo (150x150 píxeles) y se normaliza. La función `predict_image()` utiliza el modelo entrenado para predecir si la imagen contiene un tumor o no. Si la predicción es positiva, el resultado se muestra en verde con la etiqueta "Tumor", mientras que una predicción negativa se muestra en blanco con la etiqueta "No Tumor".

6.4.3.6. Visualización y Realce del Tumor

Si se detecta un tumor, la función `highlight_tumor()` resalta la región sospechosa en la imagen original y le añade un borde verde. Además, la función `draw_largest_contour_on_binary_image()` dibuja el contorno más grande encontrado en la imagen binarizada y marca los bordes si es necesario.

6.4.3.7. Manipulación de Parámetros de Visualización

La aplicación permite ajustar los valores de *window width* y *window level* mediante sliders interactivos. Estos valores afectan la visualización de las imágenes DICOM, permitiendo una mejor adaptación a las características de la imagen.

6.4.3.8. Interacción del Usuario

El usuario puede navegar entre las diferentes imágenes cargadas mediante un slider que permite seleccionar la imagen que se desea visualizar. Además, cuenta con botones para acceder a información sobre el proyecto, objetivos y resultados.

7. Resultados

7.1. Desarrollo inicial del modelo de red neuronal y resultados

El primer algoritmo demostró que era capaz de detectar imágenes de tumor cerebrales, la variación de parámetros y cantidad de imágenes a entrenar, afectaban el rendimiento del algoritmo, sin embargo, requería que las imágenes cargadas estuvieran bajos unos parámetros definidos, como WW y WL constantes, regiones del cerebro completas. Cualquier variación en tonalidad, cerebros con diferentes tamaños, tumores ubicados en zonas no comunes, parámetros de WW y WL diferentes, o bordes no definidos, daba como resultado NO Tumor. La figura 12 muestra la primera interfaz gráfica junto con la salida en consola de la implementación del modelo, en este caso el modelo fue capaz de detectar el tumor.

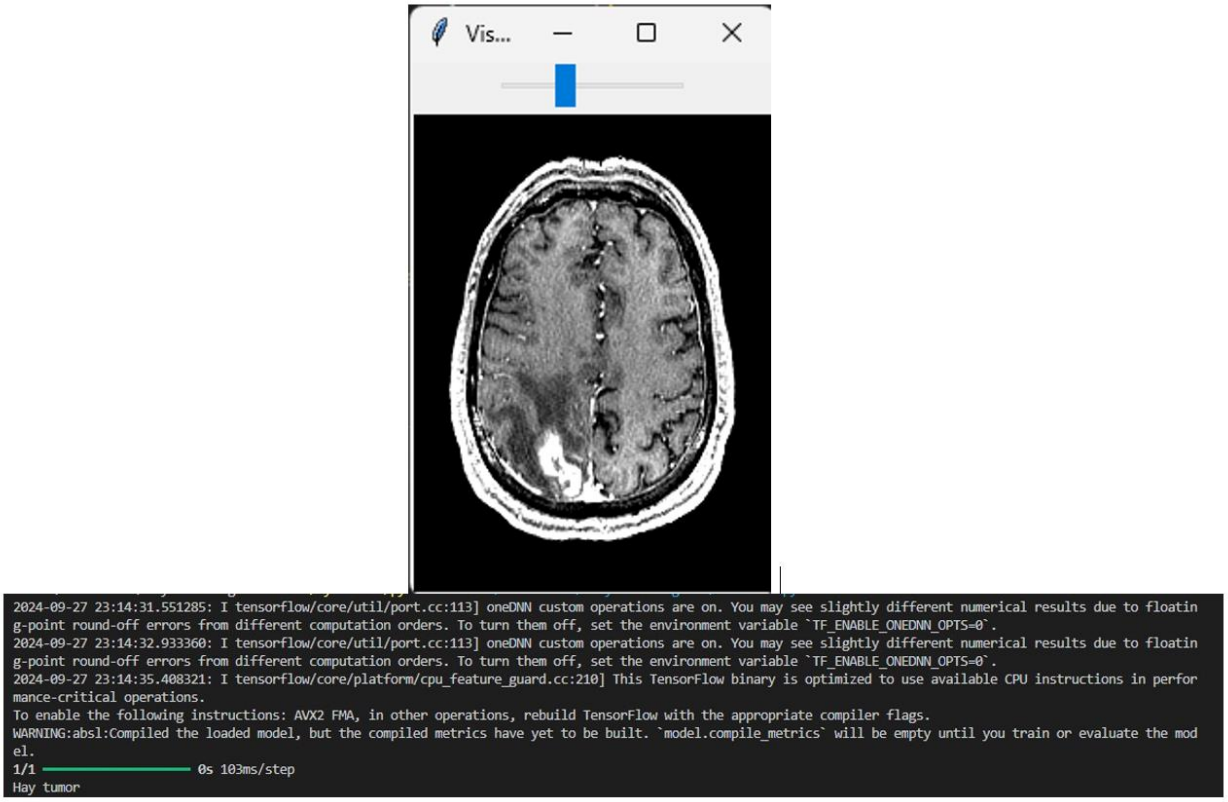


Figura 12. Primera visualización de imágenes DCM [Fuente Propia]

7.2. Desarrollo del segundo modelo de red neuronal y mejoras en el preprocesamiento

En un esfuerzo por mejorar la precisión en la detección de tumores, se desarrolló un segundo modelo de red neuronal en el que se aplicó un preprocesamiento más riguroso a las imágenes de resonancia magnética. En esta etapa, las imágenes se recortaron para enfocar únicamente el cerebro, eliminando áreas irrelevantes fuera de la región cerebral. Este proceso de recorte permitió reducir el ruido y enfocarse en la región de interés, aumentando así la posibilidad de detectar anomalías.

Además, se llevó a cabo una selección minuciosa de las imágenes utilizadas para el entrenamiento del modelo, asegurando que las imágenes fueran representativas y de alta calidad. A pesar de estas mejoras en el preprocesamiento y en la selección de datos, los resultados de las pruebas mostraron solo una ligera mejora en la detección de tumores en comparación con el modelo anterior. Aunque se logró un incremento en la precisión de detección de tumores, los resultados aún no alcanzaron un nivel satisfactorio para su uso en aplicaciones clínicas.

Por este motivo, el equipo decidió continuar trabajando en el ajuste y la optimización del modelo, explorando técnicas adicionales y estrategias para mejorar la efectividad del sistema de detección de tumores. Este esfuerzo continuo busca alcanzar un modelo más preciso y confiable para la identificación de glioblastoma en imágenes de resonancia magnética.

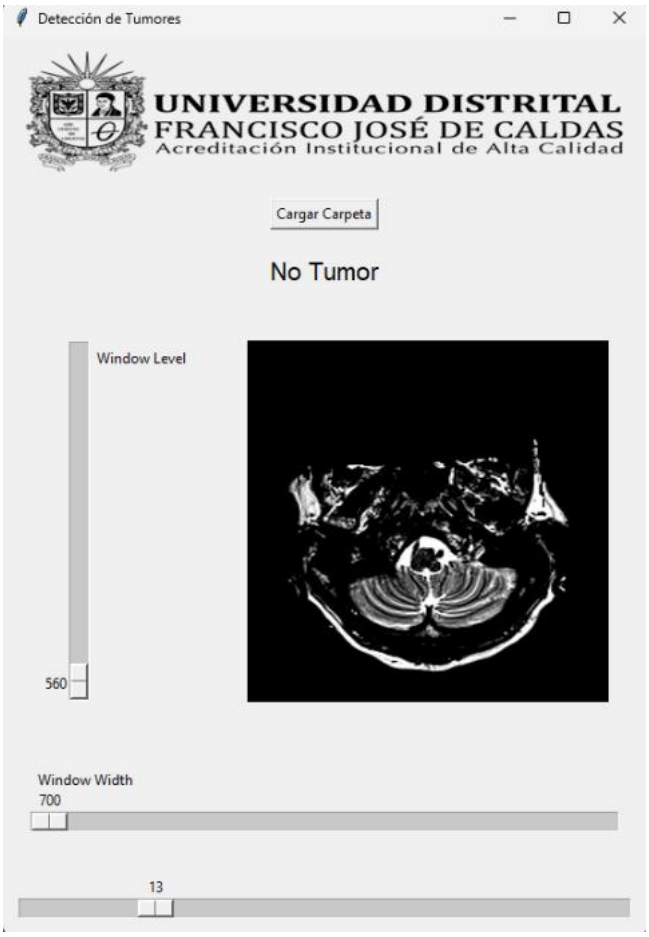


Figura 13. Primer prototipo de interfaz. [Fuente Propia]

Como parte del proyecto, se desarrolló la primera versión de una interfaz gráfica de usuario (GUI) para la visualización de tumores cerebrales, utilizando el modelo de red neuronal entrenado. Esta interfaz se diseñó con el objetivo de facilitar la interacción del usuario final con el sistema de

detección de tumores, permitiendo cargar y procesar imágenes de resonancia magnética de manera más intuitiva y accesible.

La interfaz se implementó utilizando la librería Tkinter de Python, proporcionando funcionalidades básicas como la carga de imágenes en formato DICOM o JPG, la visualización del área de interés (el cerebro recortado) y la aplicación del modelo de red neuronal para realizar predicciones en tiempo real. Los resultados de la predicción se mostraban en la interfaz, indicando si se detectaba la presencia de un tumor en la imagen analizada.

Esta primera versión de la interfaz fue un avance significativo en la interacción del usuario con el modelo, haciendo posible una demostración más clara y práctica de los resultados obtenidos. A pesar de las mejoras visuales y de usabilidad, se identificaron áreas para optimizar tanto el rendimiento del modelo como la experiencia del usuario, lo que llevó a seguir iterando en el desarrollo de la interfaz y en la mejora de la precisión del modelo de detección de tumores.

7.3. Implementación del Modelo Final y su Evaluación

En esta fase del proyecto, se desarrolló un modelo de red neuronal convolucional (CNN) basado en la arquitectura **InceptionV3**, la cual fue seleccionada por su capacidad para manejar tareas complejas de clasificación de imágenes. Este modelo fue adaptado y entrenado específicamente para detectar glioblastoma en imágenes de resonancia magnética en formato DICOM.

7.3.1. Configuración del Modelo

El modelo se configuró de la siguiente manera:

- **Arquitectura Base:** InceptionV3, preentrenada con pesos de ImageNet, se utilizó como la base de la red. Se eliminaron las capas densas superiores para adaptarlo a la tarea específica de clasificación binaria (tumor/no tumor).
- **Capas Añadidas:** Se añadió una capa de GlobalAveragePooling2D, seguida de una capa densa con 1024 unidades y activación ReLU. Finalmente, se añadió una capa de salida con una unidad y activación sigmoide para la clasificación binaria.
- **Optimización:** Se utilizó el optimizador Adam con una tasa de aprendizaje de 0.001 y la función de pérdida `binary_crossentropy` para la clasificación.

7.3.2. Entrenamiento del Modelo

El modelo fue entrenado utilizando un conjunto de datos de imágenes procesadas con un tamaño de lote de 32 y un total de 10 épocas. Se aplicaron técnicas de aumento de datos como rescaling, rotación y zoom para mejorar la capacidad generalizadora del modelo.

7.3.3. Desarrollo de la Interfaz de Visualización

Se creó una interfaz gráfica utilizando **Tkinter**, que permite al usuario cargar imágenes DICOM, visualizar los resultados del modelo y realizar ajustes de visualización como el nivel de ventana y el ancho de ventana. La interfaz también incluye funciones para procesar las imágenes y resaltar las áreas de interés (posible tumor) detectadas por el modelo.



Figura 14. Menú de inicio interfaz final. [Fuente Propia]

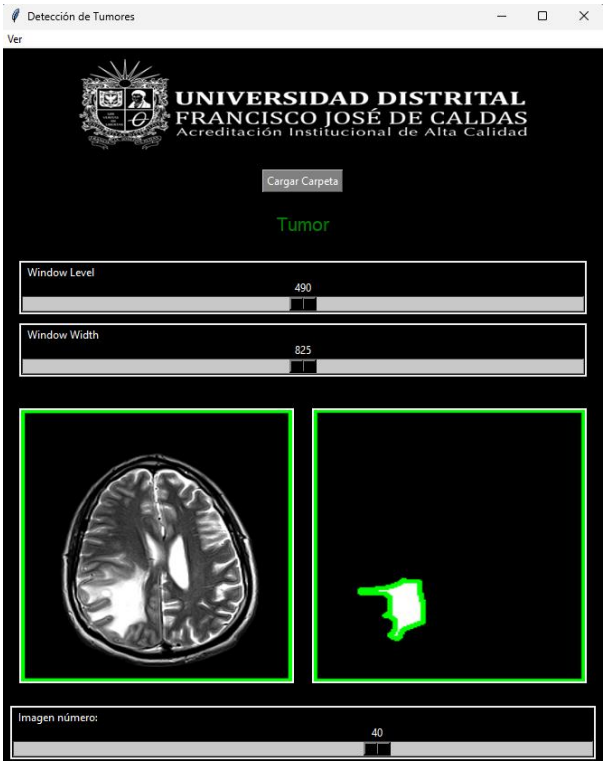


Figura 15. Interfaz final. [Fuente Propia]

7.3.4. Evaluación del Modelo en MRI T2 Axial

7.3.4.1 Evaluación del algoritmo evaluate()

Para evaluar la precisión del modelo, se utilizó un conjunto de datos de validación compuesto por un 40% del total de imágenes disponibles. El modelo obtuvo una precisión del **81.82%** en la detección de glioblastoma.

```
La precisión de la red neuronal en el conjunto de validación es: 81.82%
```

Figura 16. Precisión red neuronal. [Fuente Propia]

7.3.4.2 Evaluación estadística del algoritmo

Para la evaluación del modelo como método de diagnóstico para determinar si hay tumor glioblastoma en una resonancia magnética tipo T2 en plano axial, se crea la matriz de confusión, tabla 6, esta se construye con un total de 1079 imágenes, cuyas métricas de evaluación se encuentran en la tabla 7.

Tabla 7. Matriz de confusión para MRI tipo T2 plano axial

Clase real	***Predicción: Con tumor***	***Predicción: Sin tumor***
Con tumor	231	55
Sin tumor	33	760

Tabla 8. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 plano axial

Métricas de evaluación	***Resultados***
Exactitud (Accuracy)	91.84%
Precisión (Precisión)	87.5%
Sensibilidad	80.77%
Especificidad	95.84%
F1 Score	84%
Razón de Verosimilitud Positiva (RV+):	19.41
Razón de Verosimilitud Negativa (RV-):	0.20

1. Dado los resultados anteriores se puede ver que el modelo clasifica en un 91.84% correctamente la mayoría de las imágenes, y cuando hay un tumor el modelo predice correctamente el 87.5% de los casos, esto es un buen resultado general. Por otro lado, existe un margen de mejora para la detección de tumores, un valor más cercano al 100% sería ideal para minimizar falsos negativos (FN), especialmente en aplicaciones médicas. Al tener una especificidad del 95.84% indica que es muy efectivo para evitar predicciones de tumores falsos o falsos positivos (FP).

2. Un F1 Score del 84%, indica que el algoritmo presenta un rendimiento sólido, balanceado entre precisión y sensibilidad, con oportunidad de mejoramiento a la hora de detectar un tumor existente.
3. Debido a que la razón de verosimilitud positiva es alta, significa que muy probable que un paciente con tumor pueda ser diagnosticado usando este algoritmo, Así mismo, al tener una razón de verosimilitud negativa baja, indica que un paciente que no tenga tumor, al usar este algoritmo, se pueda descartar su ausencia.

7.4 Implementación del modelo en otras modalidades de imagen T1, FLAIR y Tumores No Humanos

7.4.1 MRI tipo T1 plano Axial de glioblastoma

Con el fin realizar pruebas usando el modelo, se prueba con MRI tipo T1 también plano axial de los mismos pacientes, por el tipo de resonancia hay en total 3356 imágenes analizadas, arrojando los siguientes datos, tabla 8 y las siguientes métricas tabla 9.

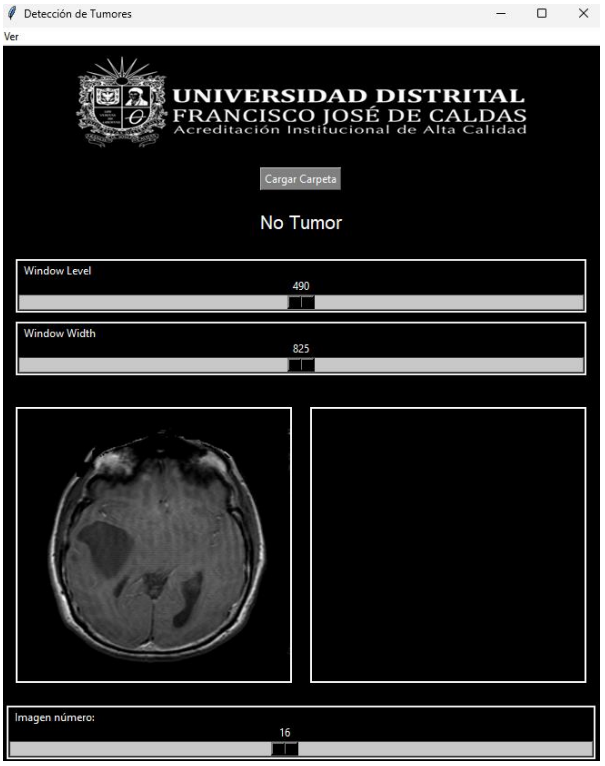


Figura 17. MRI de tumor T1 plano Axial en GUI [Fuente Propia]

Tabla 9. Matriz de confusión para MRI tipo T1 plano axial

Clase real	***Predicción: Con tumor***	***Predicción: Sin tumor***
Con tumor	0	61
Sin tumor	0	3455

Tabla 10. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T1 plano axial

Métricas de evaluación	***Resultados***
Exactitud (Accuracy)	98.2%
Precisión (Precisión)	Indefinido
Sensibilidad	0%
Especificidad	100%
F1 Score	Indefinido
Razón de Verosimilitud Positiva (RV+):	0
Razón de Verosimilitud Negativa (RV-):	1

7.4.1.1 Análisis

1. Se puede notar que la exactitud es alta, debido a que una gran cantidad de ejemplos “sin tumor”, la sensibilidad para detectar es 0, lo que significa que no es capaz de detectar ningún tumor en MRI tipo T1.y lo que significa que el modelo no está detectando ningún tumor. Esto es extremadamente preocupante para un sistema de detección de tumores.
2. Una especificidad del 100%, indica que el modelo es excelente para identificar correctamente los casos "sin tumor".
3. Precisión y F1 Score no son calculables o son 0 porque no hay predicciones positivas

7.4.2. MRI tipo T2 plano transversal de glioma en cerebro canino

Debido a que loos caninos tienen muchos genes similares a los de los humanos, que intervienen en los cánceres de forma parecida. Desarrollan enfermedades espontáneas y responden a los tratamientos de la misma forma que los humanos. Viven en un entorno familiar compartido con los humanos y, al igual que ellos, reciben atención sanitaria y participan en ensayos clínicos. Los caninos también son de interés científico por su acelerado proceso de envejecimiento. El Integrated Canine Data Commons (ICDC) se creó para impulsar la investigación de los cánceres humanos, permitiendo el análisis comparativo con el cáncer canino. [40]

Estas pruebas ser realizan con el fin de determinar que tan bien responde el algoritmo en resonancias cerebrales de otra especie también tipo T2, para facilidad de detección se usa el plano transversal, se usa un total de 118 imágenes de 7 pacientes caninos. Como se puede apreciar en la figura 18 en un plano transversal el cerebro se encuentra en la zona inferior central de la resonancia, lo demás mostrado en la imagen son el resto de la cabeza tales como ojos, mandíbula, nariz, etc.

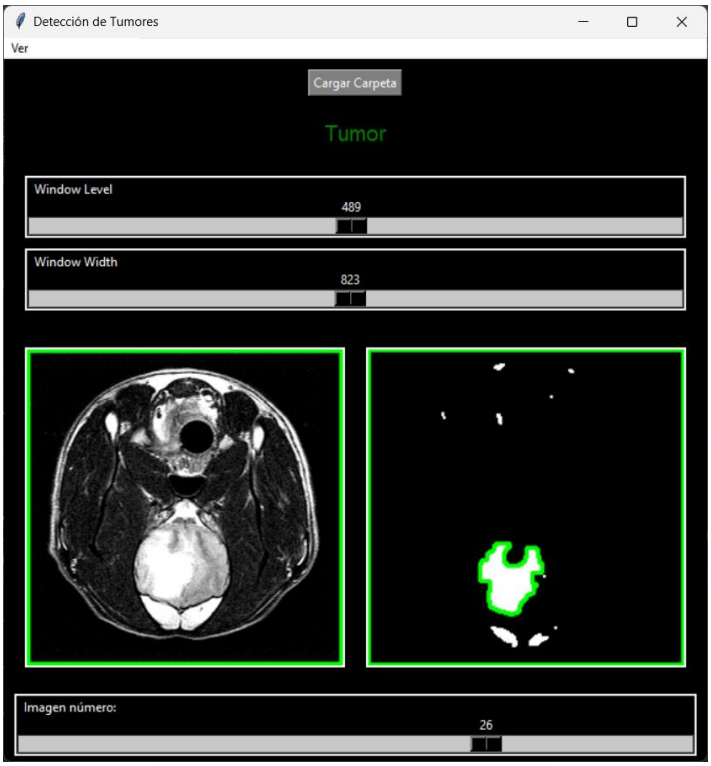


Figura 18. MRI de tumor tipo T2 plano Transversal de tumor glioma canino en GUI

Tabla 11. Matriz de confusión para tumor canino

Clase real	***Predicción: Con tumor***	***Predicción: Sin tumor***
Con tumor	33	7
Sin tumor	25	72

Tabla 12. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 tumor glioma en canino

Métricas de evaluación	***Resultados***
Exactitud (Accuracy)	76.84%
Precisión (Precisión)	59.9%
Sensibilidad	82.5%
Especificidad	74.23%
F1 Score	67.3%
Razón de Verosimilitud Positiva (RV+):	3.2
Razón de Verosimilitud Negativa (RV-):	0.236

7.4.2.1. Análisis:

1. Si se tiene una exactitud de 76.4% y una precisión de 56.9%, sugiere que el modelo es correcto en la mayoría de los casos, pero no es eficiente para predecir correctamente un tumor, por el alto número de falsos positivos.

2. Una sensibilidad y una especificidad del 74.23%, indica que el modelo tiene una capacidad moderada para la clasificación
3. Hay un balance moderado entre precisión y sensibilidad, teniendo en cuenta el F1 Score y precisión
4. Un RV+ de 3.20 sugiere que un paciente con tumor es 3.2 veces más probable que pueda ser diagnosticado usando el algoritmo Por otro lado, con un RV- de 0.236 indica el modelo es bastante efectivo para descartar correctamente la presencia de un tumor cuando predice "sin tumor".

7.4.3. MRI tipo T2 Tumor en mamas bilaterales

Se implementa el modelo a una serie de pacientes que tienen tumores mamarios bilaterales, estos tumores se pueden apreciar en la figura 19, El fin de esta prueba es validar el alcance que tiene el algoritmo frente a otros tumores ubicados en otras partes del cuerpo humano, la prueba se hizo con un total de 852 imágenes de 10 pacientes.



Figura 19. MRI de tumor mamario bilateral en GUI [Fuente Propia]

Tabla 13. Matriz de confusión para MRI tipo T2 de tumor mamario bilateral

Clase real	***Predicción: Con tumor***	***Predicción: Sin tumor***
Con tumor	0	182
Sin tumor	0	670

Tabla 14. Métricas de evaluación según los datos en la matriz de confusión MRI tipo T2 de tumores mamarios bilaterales

Metricas de evaluación	***Resultados***
Exactitud (Accuracy)	78.63%
Precisión (Precisión)	Indefinido
Sensibilidad	0%
Especificidad	100%
F1 Score	Indefinido
Razón de Verosimilitud Positiva (RV+):	0
Razón de Verosimilitud Negativa (RV-):	1

7.4.3.1 Análisis:

1. Al igual que con los tumores en MRI tipo T1 plano Axial cerebrales, la exactitud es alta de un 78.63% pero ya que no hubo casos de tumor positivo, el modelo no predice tumor para esta clase de resonancias
2. Otro dato que ayuda a identificar que este modelo no es capaza de detectar tumores para este tipo de resonancias es que su sensibilidad es igual 0, por otro lado, su e**specificidad** es **100%**, lo que muestra que el modelo es perfecto para identificar correctamente los casos "sin tumor".
3. Por último, ya que no fue posible detectar ningún tumor no es posible determinar F1 Score y las razones de verosimilitud.

8. Conclusiones y Recomendaciones

El desarrollo de un algoritmo para la detección de glioblastoma a partir de imágenes de resonancia magnética (MRI) tipo T2 ha mostrado resultados prometedores y evidencia la viabilidad de aplicar técnicas de aprendizaje profundo en el campo de la salud. Las métricas obtenidas, con una precisión del 91.84%, una sensibilidad del 80.77%, y una especificidad del 95.84%, indican que el modelo es capaz de identificar tumores con un alto grado de exactitud. Esto respalda la utilidad del sistema no solo como una herramienta para asistir a los radiólogos en la detección de tumores cerebrales, sino también como un método para reducir los tiempos de diagnóstico en un entorno clínico, especialmente en sistemas de salud con alta demanda como el colombiano.

El proyecto ha cumplido con los objetivos planteados, demostrando que es posible preprocesar, analizar y clasificar imágenes de resonancia magnética en formato DICOM mediante un modelo de red neuronal convolucional. El sistema desarrollado no solo logra resaltar en verde las áreas de posible tumor, facilitando la revisión por parte de los médicos, sino que también se ha integrado en una interfaz gráfica amigable para el usuario, lo que lo convierte en una herramienta accesible y con el potencial de ser implementado eventualmente en el sistema de salud.

En términos de justificación, el proyecto se enmarca en una visión a largo plazo que busca crear un ecosistema de investigación y desarrollo continuo dentro de la universidad. La participación de estudiantes en proyectos de grado relacionados garantiza la sostenibilidad y evolución del sistema, permitiendo que futuras generaciones contribuyan a su mejora y adaptación a nuevos desafíos. Este enfoque interdisciplinario no solo fortalece la reputación de la universidad, sino que también promueve la formación de profesionales capaces de enfrentar problemas complejos y de alta relevancia social.

En otros términos, las conclusiones relevantes son:

- **Efectividad del Modelo de Red Neuronal**: El sistema desarrollado demostró ser eficaz en la detección de Glioblastoma a partir de imágenes de resonancia magnética en formato DICOM, alcanzando un alto nivel de precisión en las predicciones. Esto evidencia que las redes neuronales convolucionales (CNN) y generativas son herramientas robustas para el análisis de imágenes médicas, capaces de identificar características relevantes y patrones asociados a la presencia de tumores.

- **Automatización del Diagnóstico**: La implementación de una aplicación con una interfaz gráfica amigable permitió automatizar el proceso de diagnóstico, facilitando a los especialistas la carga y análisis de imágenes DICOM. Esta automatización no solo reduce el tiempo necesario para obtener un diagnóstico, sino que también minimiza la dependencia de la subjetividad del médico, proporcionando un enfoque más consistente y objetivo.

- **Impacto en la Detección Temprana**: Al destacar automáticamente áreas de interés en las imágenes, el sistema no solo detecta la presencia de Glioblastoma, sino que también ayuda a identificar posibles zonas de intervención. Esto puede ser crucial para mejorar la precisión en la detección temprana del tumor, lo que es fundamental para planificar tratamientos oportunos y potencialmente mejorar las tasas de supervivencia de los pacientes.

- **Capacidades de Mejora Continua**: El sistema desarrollado tiene el potencial de mejorar con el tiempo a medida que se entrena con más datos de imágenes DICOM. Esto sugiere que, con una alimentación continua de nuevos datos y técnicas avanzadas de aprendizaje profundo, el modelo puede adaptarse y evolucionar, aumentando aún más su precisión y capacidad de detección.

Pruebas adicionales de alcance

- **Tumores cerebrales T1:** Cuando se implementa el algoritmo en resonancias magnéticas T1 se puede concluir que el algoritmo es muy deficiente para detectar tumores, lo cual es el objetivo principal del sistema. Por lo tanto, no es un buen modelo para la tarea de detección de tumores en resonancia de este tipo. debido a que por la naturaleza de la MRI tipo T1, los tumores, inflamaciones y edemas aparecen de color oscuro, además del LCR circundante, Para que el modelo sea capaz de detectarlos es necesario realizar cambios en

el preprocesamiento de imagen, si con los resultados no mejoran lo suficiente, el modelo debe ser entrenado con imágenes tipo T1.

Así mismo esto ayudaría a ampliar el rango de funcionalidad del algoritmo en general permitiendo subir imágenes de resonancias magnéticas donde la información de tipo sea desconocida

- **Tumores mamarios:** Este modelo no funciona correctamente para la detección de tumores mamarios bilaterales. Debido a la escala de grises que presentan las resonancias en su imagen original A pesar de que tiene una precisión aceptable en términos generales, no es capaz de detectar ningún tumor, lo cual lo convierte en un modelo inadecuado para este propósito. Se requieren ajustes importantes en el preprocesamiento, región de análisis y entrenamiento para mejorar su capacidad de detectar tumores en esta nueva tarea.

- **Tumores caninos:** Este modelo tiene un buen rendimiento en la identificación de tumores cerebrales bien sea en humanos o en otras especies como los caninos, siempre y cuando sean resonancia magnéticas tipo T2, sin embargo hay que tener en cuenta que para que su detección sea fiable se debe realizar ajustes en el preprocesamiento de la imagen, ajustando el área de estudio a la región donde está ubicada el cerebro, ajustar valores de binarización y homogenización, esto permitirá reducir la tasa de falsos positivos y mejorar la precisión general.

  Adicionalmente, se demuestra el alcance que tiene el modelo para reconocer tumores tipo glioma en cerebros no humanos, demostrando que el modelo no está sobre ajustado sino que se puede extender, con sus respectivos ajustes, a otras especies, ampliando de esta manera el área de investigación de futuros proyectos.

Recomendaciones:

- **Ampliación del Conjunto de Datos**: Para mejorar la precisión y generalización del modelo, se recomienda ampliar el conjunto de datos de entrenamiento con más imágenes de diferentes pacientes y condiciones de Glioblastoma. Esto incluiría imágenes de distintos tipos y tamaños de tumores, así como de otros tipos de tumores cerebrales, para fortalecer la capacidad de discriminación del modelo.

- **Validación Clínica Extensiva**: Es crucial llevar a cabo una validación clínica exhaustiva de la aplicación en entornos hospitalarios reales. Esto permitirá evaluar su rendimiento en condiciones de operación normal y asegurarse de que cumpla con los estándares clínicos y de diagnóstico requeridos.

- **Integración con Sistemas de Información Hospitalaria (HIS)**: Para mejorar la adopción y utilidad de la herramienta, se recomienda su integración con sistemas de información hospitalaria existentes. Esto permitirá una gestión y almacenamiento más eficientes de las imágenes DICOM y los resultados de diagnóstico, poder acceder a tumores en varias etapas

de crecimiento, así como facilitar la colaboración y el acceso remoto por parte de los especialistas médicos.

- **Investigación y Desarrollo Continuo**: Se recomienda continuar investigando y mejorando las técnicas de preprocesamiento de imágenes y los algoritmos de aprendizaje profundo. La adopción de nuevas arquitecturas de red neuronal, técnicas de transferencia de aprendizaje, y mejoras en la preprocesamiento y segmentación de imágenes puede seguir mejorando la precisión y la fiabilidad del sistema.

9. Referencias

[1] María Paula Díaz Bejarano, "¿Cuánto se demora una cita con médico especialista en otros países?," El Espectador.

[2] I. Casas Parera *et al.*, "Los «tiempos» —timing— en Neurooncología," *Neurología Argentina*, vol. 6, no. 3, pp. 169–177, Jul. 2014, doi: 10.1016/j.neuarg.2014.05.005.

[3] Md. S. I. Khan *et al.*, "Accurate brain tumor detection using deep convolutional neural network," *Comput Struct Biotechnol J*, vol. 20, pp. 4733–4745, 2022, doi: 10.1016/j.csbj.2022.08.039.

[4] R. Vankdothu and M. A. Hameed, "Brain tumor MRI images identification and classification based on the recurrent convolutional neural network," *Measurement: Sensors*, vol. 24, Dec. 2022, doi: 10.1016/J.MEASEN.2022.100412.

[5] N. Bhaskarrao Bahadure, A. K. Ray, and H. P. Thethi, "Image Analysis for MRI Based Brain Tumor Detection and Feature Extraction Using Biologically Inspired BWT and SVM," 2017, doi: 10.1155/2017/9749108.

[6] C. Srinivas *et al.*, "Deep Transfer Learning Approaches in Performance Analysis of Brain Tumor Classification Using MRI Images," 2022, doi: 10.1155/2022/3264367.

[7] A. Kumar, "Study and analysis of different segmentation methods for brain tumor MRI application", doi: 10.1007/s11042-022-13636-y.

[8] U. Antonio Nariño, "Desarrollo de un sistema de imágenes, archivos y comunicaciones radiológicas (PACS) mediante el protocolo DICOM e implementado con python. Adrián Nicolás Guzmán Hernández".

[9] M. Ballesteros, J. Neira, V. Elizabeth, G. Félix, C. Cando, and M. Panchi, "Sistema computacional para la detección de glioblastomas en resonancia magnética usando aprendizaje no supervisado," 2020, doi: 10.5281/zenodo.4263299.

[10] R. Ranjbarzadeh, A. Caputo, E. B. Tirkolaee, S. Jafarzadeh Ghoushchi, and M. Bendechache, "Brain tumor segmentation of MRI images: A comprehensive review on the application of artificial intelligence tools," *Comput Biol Med*, vol. 152, p. 106405, Jan. 2023, doi: 10.1016/J.COMPBIOMED.2022.106405.

[11] S. J. Ortiz, P. Juan, and M. García Gómez, "DESARROLLO E IMPLEMENTACIÓN DE UN MODELO MATEMÁTICO MULTIESCALA DE CRECIMIENTO DE GLIOBLASTOMA Y RADIOTERAPIA, INICIALIZADO A PARTIR DE IMÁGENES DE RESONANCIA MAGNÉTICA," 2016.

[12] S. Saeedi, S. Rezayi, H. Keshavarz, and S. R. Niakan Kalhori, "MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques," *BMC Med Inform Decis Mak*, vol. 23, no. 1, p. 16, Jan. 2023, doi: 10.1186/s12911-023-02114-6.

[13] F. Hoseini, A. Shahbahrami, and P. Bayat, "An Efficient Implementation of Deep Convolutional Neural Networks for MRI Segmentation," *J Digit Imaging*, vol. 31, no. 5, pp. 738–747, Oct. 2018, doi: 10.1007/s10278-018-0062-2.

[14] W. Wu *et al.*, "An Intelligent Diagnosis Method of Brain MRI Tumor Segmentation Using Deep Convolutional Neural Network and SVM Algorithm," *Comput Math Methods Med*, vol. 2020, pp. 1–10, Jul. 2020, doi: 10.1155/2020/6789306.

[15] M. Cè *et al.*, "Artificial Intelligence in Brain Tumor Imaging: A Step toward Personalized Medicine," *Current Oncology*, vol. 30, no. 3, pp. 2673–2701, Feb. 2023, doi: 10.3390/curroncol30030203.

[16] A. Zlochower, D. S. Chow, P. Chang, D. Khatri, J. A. Boockvar, and C. G. Filippi, "Deep Learning AI Applications in the Imaging of Glioma," *Topics in Magnetic Resonance Imaging*, vol. 29, no. 2, pp. 115–00, Apr. 2020, doi: 10.1097/RMR.0000000000000237.

[17] Z. N. K. Swati *et al.*, "Brain tumor classification for MR images using transfer learning and fine-tuning," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 75, pp. 34–46, Jul. 2019, doi: 10.1016/j.compmedimag.2019.05.001.

[18] V. S. Lotlikar, N. Satpute, and A. Gupta, "Brain Tumor Detection Using Machine Learning and Deep Learning: A Review," *Current Medical Imaging Formerly Current Medical Imaging Reviews*, vol. 18, no. 6, pp. 604–622, Jun. 2022, doi: 10.2174/1573405617666210923144739.

[19] S. Srinivasan, P. S. M. Bai, S. K. Mathivanan, V. Muthukumaran, J. C. Babu, and L. Vilcekova, "Grade Classification of Tumors from Brain Magnetic Resonance Images Using a Deep Learning Technique," *Diagnostics*, vol. 13, no. 6, p. 1153, Mar. 2023, doi: 10.3390/diagnostics13061153.

[20] C. McNamara *et al.*, "2021 WHO classification of tumours of the central nervous system: a review for the neuroradiologist," *Neuroradiology*, vol. 64, no. 10. Springer Science and Business Media Deutschland GmbH, pp. 1919–1950, Oct. 01, 2022. doi: 10.1007/s00234-022-03008-6.

[21] L. E. Contreras, "Epidemiología de tumores cerebrales," *Revista Médica Clínica Las Condes*, vol. 28, no. 3, pp. 332–338, May 2017, doi: 10.1016/J.RMCLC.2017.05.001.

[22] Mayo Clinic, "Tumor cerebral - Síntomas y causas." Accessed: May 16, 2023. [Online]. Available: https://www.mayoclinic.org/es-es/diseases-conditions/brain-tumor/symptoms-causes/syc-20350084

[23] J. M. Günel, J. M. Piepmeier, and J. M. Baehring, *Malignant Brain Tumors: State-of-the-Art Treatment*. Cham: Springer International Publishing, 2017. doi: 10.1007/978-3-319-49864-5.

[24] The Cancer Imaging Archive - TCIA, "About The Cancer Imaging Archive." Accessed: May 11, 2023. [Online]. Available: https://www.cancerimagingarchive.net/about-the-cancer-imaging-archive-tcia/

[25] DICOM Standard, "About DICOM: Overview." Accessed: Apr. 26, 2023. [Online]. Available: https://www.dicomstandard.org/about

[26] M. Mustra, K. Delac, and M. Grgic, "Overview of the DICOM Standard." Accessed: Apr. 27, 2023. [Online]. Available: https://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=4747434

[27] "Window Width and Window Level – My CT Registry Review." Accessed: Apr. 27, 2023. [Online]. Available: https://myctregistryreview.com/courses/my-ct-registry-review-demo/lessons/ct-physics/topic/window-width-and-window-level/

[28] Z. Xue, S. Antani, L. R. Long, D. Demner-Fushman, and G. R. Thoma, "Window Classification of Brain CT Images in Biomedical Articles," *AMIA Annual Symposium Proceedings*, vol. 2012, p. 1023, 2012, Accessed: May 05, 2023. [Online]. Available: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3540547/

[29] National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering, “Magnetic Resonance Imaging (MRI).” Accessed: May 07, 2023. [Online]. Available: https://www.nibib.nih.gov/science-education/science-topics/magnetic-resonance-imaging-mri

[30] D. M. Rivera, S. Puentes, and L. Caballero, “Resonancia magnética cerebral: secuencias básicas e interpretación,” 2011. Accessed: May 07, 2023. [Online]. Available: https://revistas.javeriana.edu.co/index.php/vnimedica/article/download/16096/16229/80010

[31] National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering, “How Does an MRI Scan Work? - YouTube.” Accessed: May 07, 2023. [Online]. Available: https://www.youtube.com/watch?v=1CGzk-nV06g

[32] David C. Preston, “Magnetic Resonance Imaging (MRI) of the Brain and Spine: Basics.” Accessed: May 07, 2023. [Online]. Available: https://case.edu/med/neurology/NR/MRI%20Basics.htm

[33] “Decodificar archivos DICOM para imágenes médicas | TensorFlow I/O.” Accessed: May 18, 2023. [Online]. Available: https://www.tensorflow.org/io/tutorials/dicom?hl=es-419

[34] “DICOM full range pixels as CNN input | Kaggle.” Accessed: May 18, 2023. [Online]. Available: https://www.kaggle.com/code/davidbroberts/dicom-full-range-pixels-as-cnn-input/notebook

[35] “Brain Tumor Detection using FastAI and OpenCV | by Gayathri Shrikanth & Sanika Mhadgut | Medium.” Accessed: May 10, 2023. [Online]. Available: https://medium.com/@sanikamhadgut.nmims/brain-tumor-detection-and-classification-using-brain-mri-scans-368ed5533894

[36] C. Szegedy, V. Vanhoucke, S. Ioffe, J. Shlens, and Z. Wojna, "Rethinking the Inception Architecture for Computer Vision," in *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2016

[37] D. M. W. Powers, "Evaluation: From Precision, Recall and F-Measure to ROC, Informedness, Markedness & Correlation," *Journal of Machine Learning Technologies*, vol. 2, no. 1, pp. 37-63, 2011.

[38] S. Bakas, C. Sako, H. Akbari, M. Bilello, A. Sotiras, G. Shukla, J. D. Rudie, N. Flores Santamaria, A. Fathi Kazerooni, S. Pati, S. Rathore, E. Mamourian, S. M. Ha, W. Parker, J. Doshi, U. Baid, M. Bergman, Z. A. Binder, R. Verma, ... C. Davatzikos, "Multi-parametric magnetic resonance imaging (mpMRI) scans for de novo Glioblastoma (GBM) patients from the University of Pennsylvania Health System (UPENN-GBM) (Version 2) [Data set]," The Cancer Imaging Archive, 2021. [Online]. Available: https://doi.org/10.7937/TCIA.709X-DN49

[39] *National Cancer Institute, "National Biomedical Imaging Archive (NBIA),"* [Online]. Available: https://wiki.nci.nih.gov/display/NBIA. [Accessed: Aug. 26, 2024].

[40] S. B. Amin, K. J. Anderson, C. E. Boudreau, E. Martinez-Ledesma, E. Kocakavuk, K. C. Johnson, F. P. Barthel, F. S. Varn, C. Kassab, X. Ling, H. Kim, M. Barter, C. C. Lau, C. Y. Ngan, M. Chapman, J. W. Koehler, A. D. Miller, J. P. Long, C. R. Miller, B. F. Porter, D. R. Rissi, C. Mazcko, A. K. LeBlanc, P. J. Dickinson, R. A. Packer, A. R. Taylor, J. H. Rossmeisl Jr., K. D. Woolard, A. B. Heimberger, J. M. Levine, and R. G. W. Verhaak, "Canine glioma characterization project for ICDC (ICDC-Glioma) 01 [Dataset]," The Cancer Imaging Archive, 2020. [Online]. Available: https://doi.org/10.7937/TCIA.SVQT-Q016