

**Desarrollo de un modelo de aprendizaje automático para el diagnóstico temprano y
estratificación de riesgo en leucemia linfoblástica aguda pediátrica.**

Elaborado por:

Cristihan David Mesa Sarmiento

Docente: Lina María Chacon Rivera

Universidad Ean

Maestría en Ciencia de Datos

Seminario de Investigación

Bogotá

29/05/2025

Planteamiento del Problema

El cáncer es la principal causa de muertes asociada en las enfermedades en niños (OMS, 2025). Una de estas enfermedades es la leucemia linfocítica aguda (LLA), existe una brecha crítica en la supervivencia: mientras en países de altos ingresos la tasa de curación supera el 80%, en países de ingresos bajos y medios es menor al 30% (Lam et al., 2019) . Esta disparidad se debe principalmente al diagnóstico tardío, y a la falta de herramientas accesibles para detección temprana en centros de salud, tratamientos estandarizados y no personalizados, aumentando toxicidad y recaídas (Pui et al., 2015). Frente a esto, La investigación plantea el desarrollo de un modelo de aprendizaje automático capaz de analizar hemogramas junto con variables clínicas, con el objetivo de estratificar a los pacientes según su nivel de riesgo y facilitar la priorización de derivaciones médicas urgentes.

Descripción del problema.

En el contexto de la salud pública en oncología pediátrica en América Latina, se identifica una necesidad crítica de integrar datos clínicos y de laboratorio, particularmente para el diagnóstico y estratificación de riesgo en leucemia. No obstante, el desarrollo de modelos predictivos enfrenta desafíos significativos, entre los cuales destaca la dificultad para acceder a bases de datos con información clínica detallada, resultados de citometría de flujo, imágenes de frotis periférico, entre otros, debido a restricciones legales como la Ley 1581 de 2012 en Colombia, la cual regula estrictamente el manejo de datos personales (Congreso de la República de Colombia, 2012).

Esta limitación se agrava por la fragmentación de los sistemas de salud pese a que la citometría de flujo técnica fundamental para analizar células individuales e identificar poblaciones celulares anómalas genera datos relevantes, esta rara vez se vinculan con variables clínicas como la edad del paciente o el estado de la enfermedad, lo cual obstaculiza la identificación temprana de casos de alto riesgo (Cuenta de Alto Costo, 2023).

A estas barreras se suman factores estructurales, como las limitaciones presupuestarias de los sistemas públicos, los elevados costos de infraestructura tecnológica y las disparidades regionales. En Colombia, por ejemplo, donde se reportan aproximadamente 2,200 nuevos casos anuales de cáncer pediátrico (CAC, 2023), entre el 30% y el 50% de los pacientes en zonas rurales reciben diagnósticos tardíos (OPS, 2021). Asimismo, regiones como la Amazonía enfrentan desafíos logísticos críticos en la recolección y análisis de muestras (Ministerio de Salud y Protección Social [MSPS], 2022).

En este escenario, se evidencia la urgencia de promover iniciativas de datos abiertos anonimizados que, dentro de los marcos legales vigentes, permitan consolidar información estandarizada para investigación. Este enfoque facilitaría el desarrollo de herramientas diagnósticas sin comprometer la confidencialidad de los pacientes.

Frente a este panorama, si bien el proyecto inicial contemplaba integrar citometría de flujo con variables clínicas, el acceso a 3,256 imágenes de frotis periféricos teñidos con Wright-Giemsa (Hospital Taleqhani) Irán permite reenfoque la solución hacia un modelo de machine learning basado en morfología celular que identifique patrones blasto génicos y priorice casos sospechosos para derivación oportuna y de esta forma funcione en entornos limitados y genere alertas tempranas en centros de salud primaria. Esta

solución utilizaría técnicas de machine learning, herramientas de interpretabilidad en busca de apoyar la toma de decisiones clínicas para reducir las desigualdades en el acceso a diagnóstico oportuno.

¿Cómo puede un modelo de aprendizaje automático basado en imágenes de frotis de sangre periférica, identificar patrones morfológicos asociados a leucemia linfoblástica aguda pediátrica y estratificar el riesgo de manera precisa, considerando las limitaciones técnicas (calidad de tinciones, hardware limitado) y la viabilidad de implementación en el sistema de salud?

Objetivos

Desarrollar un modelo de aprendizaje automático basado en imágenes de frotis de sangre periférica para la identificación temprana y clasificación de subtipos de leucemia linfoblástica aguda en pacientes pediátricos, considerando las limitaciones técnicas y operativas de entornos con recursos limitados, como los sistemas de salud en Colombia.

Objetivos específicos.

- Analizar la teoría técnico-científica para determinar los tipos de modelos aplicables en el análisis de la detección de leucemia linfoblástica aguda.
- Diseñar un protocolo estandarizado de preprocesamiento para imágenes de frotis que incluya segmentación, asegurando generalización a variaciones en tinciones y equipos.
- Evaluar la viabilidad técnica del modelo en centros de salud con limitaciones de infraestructura, como bajo ancho de banda o hardware limitado, y proponer estrategias de implementación escalables y sostenibles.

Resumen

El estudio empleó 3.256 imágenes procesadas con normalización, segmentación, etiquetado y entrenó una red neuronal con mecanismos de atención, optimizada mediante el método Adam. La evaluación, bajo una división 80-10-10, mostró un rendimiento excepcional: exactitud del 99.69%, sensibilidad del 99.68%, las curvas de aprendizaje confirmaron estabilidad sin overfitting y tiempo de procesamiento de 0.83 segundos por imagen una vez entrenado el modelo. Con hardware limitado, se potenció su capacidad mediante el uso de Google Colab, plataforma que proporciona acceso temporal a unidades de procesamiento gráfico con GPU virtuales. Esta estrategia permitió entrenar el modelo con 3,256 imágenes de frotis sanguíneo sin requerir inversión en equipos costosos.

El modelo supera limitaciones técnicas calidad de tinciones, hardware básico y muestra potencial para integrarse en sistemas de salud primaria, reduciendo tiempos de diagnóstico. Sin embargo, se requiere validación externa con datos locales y en escenarios reales. La CNN desarrollada ofrece una solución precisa, rápida y escalable para la detección temprana de LLA pediátrica, especialmente en regiones con acceso limitado a técnicas avanzadas como la citometría de flujo. Futuras investigaciones deberán abordar la implementación clínica y la adaptación a marcos legales de protección de datos

Introducción

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más frecuente y con tasas de supervivencia que varían drásticamente según el nivel económico, tecnológico y de desarrollo de cada país; mientras en regiones de altos recursos se supera el 80% de supervivencia para pacientes menores con diagnóstico de este tipo de cáncer, en zonas como América Latina esta cifra puede descender a menos del 30% debido a diagnósticos tardíos y limitaciones en el acceso a tratamientos (Pui et al., 2015). En Colombia, por ejemplo, las leucemias (incluyendo la LLA, la mieloide aguda y otros subtipos) representan alrededor del 38,1% de los casos de cáncer infantil, pero los datos epidemiológicos detallados son limitados.

Para abordar esta problemática, este proyecto propone un sistema de inteligencia artificial (IA) basado en el análisis de imágenes de frotis sanguíneos. Utilizando una base de datos del Hospital Taleghani (Irán), esto debido a la restricción en el acceso a datos públicos disponibles en Colombia. El objetivo es identificar patrones morfológicos asociados a la LLA mediante modelos de aprendizaje automático, lo que podría agilizar el diagnóstico y apoyar a los médicos en entornos con recursos limitados.

El modelo se entrenará con datos internacionales, pero se adaptará, en un futuro cercano, para funcionar en condiciones reales de hospitales colombianos, donde la infraestructura tecnológica y el acceso a internet son a menudo básicos y limitados. Además de mejorar el diagnóstico temprano, este trabajo busca sentar las bases para una implementación responsable de la IA en el sistema de salud colombiano, garantizando la protección de datos y promoviendo un acceso más equitativo a la atención médica especializada.

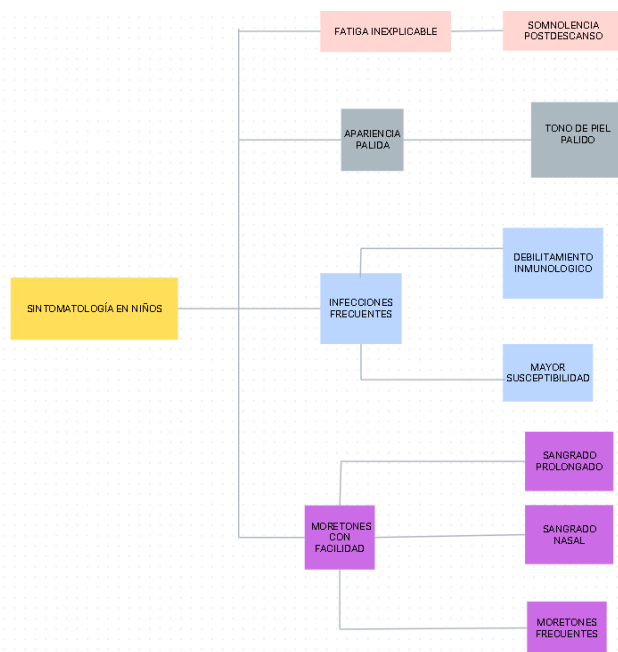
Marco Teórico

Los cánceres hematológicos se originan a partir de alteraciones en la estructura y función de las células sanguíneas, cuyo desarrollo tiene lugar principalmente en la médula ósea. Estos trastornos se caracterizan por una proliferación descontrolada de células malignas, lo que interfiere con la hematopoyesis normal y compromete funciones esenciales como la respuesta inmunológica y la coagulación (Ingle et al., 2024).

La literatura médica clasifica estas neoplasias en tres grandes grupos: leucemias, linfomas (tanto de Hodgkin como no Hodgkin) y mielomas, además de los síndromes mielodisplásicos (SMD). En particular, el tratamiento de la leucemia varía según factores como el subtipo de la enfermedad, la edad del paciente, la agresividad del cuadro clínico y el grado de propagación. Las estrategias terapéuticas más comunes incluyen quimioterapia, radioterapia y, en casos seleccionados, el trasplante de células madre.

La detección temprana de la leucemia linfoblástica aguda (LLA), el cáncer más frecuente en la población infantil es un factor crítico para el manejo clínico efectivo. Un diagnóstico oportuno permite iniciar intervenciones terapéuticas en fases iniciales de la enfermedad, lo que se asocia con mejores tasas de supervivencia y pronóstico a largo plazo (National Cancer Institute, 2023). Además, la identificación precoz puede reducir la necesidad de tratamientos agresivos, minimizando efectos secundarios y mejorando la calidad de vida de los pacientes durante y después de la terapia (Pui et al., 2021).

Figura 1.
Síntomas más frecuentes en niños:



Nota. Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos del portar web Masiveinfo, La Importancia de la Detección Temprana: Reconocer los Signos de la Leucemia Linfoblástica Aguda Infantil (Massive Bio, 2025).

Por otro lado, el retraso en el diagnóstico incrementa el riesgo de complicaciones graves, como infecciones oportunistas, infiltración de órganos vitales o resistencia a fármacos, debido a la progresión no controlada de la enfermedad (Massive Bio, 2025). En países con recursos limitados, como Colombia, esta demora puede acentuarse por barreras en el acceso a pruebas especializadas como la citometría de

flujo o estudios moleculares, lo que refuerza la necesidad de desarrollar herramientas accesibles para la estratificación temprana de riesgo.

El diagnóstico preciso y oportuno de la leucemia linfoblástica aguda (LLA) en población pediátrica enfrenta desafíos significativos debido a la complejidad en la interpretación de múltiples variables clínicas, de laboratorio y moleculares. En este contexto, los modelos de machine learning emergen como herramientas promisorias para optimizar la estratificación de riesgo y apoyar la toma de decisiones médicas, especialmente en entornos con recursos limitados (González et al., 2021).

La construcción de algoritmos robustos requiere conjuntos de datos multidimensionales que capturen la heterogeneidad de la LLA.

Un estudio desarrollado en el Hospital Roberto del Río (1992-1998), que evaluó a 100 pacientes con diagnóstico confirmado de (LLA), reveló una distribución por sexo del 62% para el masculino, se observó mayor frecuencia en grupo de 1 a 6 años (60% de los casos), con un tiempo promedio de 2.5 semanas entre la aparición de síntomas y el dictamen confirmatorio.

El perfil clínico evidenció manifestaciones predominantes como debilidad (81%), disminución del color normal de la piel y de las mucosas (66%), síndrome febril (60%), algias óseas (30%) y hepatomegalia (agrandamiento del hígado) y adenopatías (agrandamiento de ganglios linfáticos) (71%). Los parámetros hematológicos mostraron alteraciones significativas: anemia (90%), trombocitopenia (menor número de plaquetas) (72%) y neutropenia (disminución anormal del número de neutrófilos) (62%), con presencia de linfoblastos en sangre periférica en el 67% de las muestras.

La mayoría de los niños presentaron varios síntomas juntos, como anemia, fiebre y tumores. En cambio, el 23% solo mostró un síntoma, que fue la falta de neutrófilos en la sangre (neutropenia). Además, es importante destacar que, al principio, a un 32% de los niños se les dio un diagnóstico incorrecto, confundiendo su enfermedad con anemia por falta de hierro o con infecciones.

Para confirmar el diagnóstico, fue necesario hacer un examen de la médula ósea (mielograma), donde se encontró que más del 25% de las células eran blastos (células inmaduras). El tipo más común identificado fue el inmunofenotipo B, que representó el 80% de los casos. Los investigadores resaltan que cuando los síntomas persistentes se combinan con cambios en los análisis de sangre, esto es clave para hacer un diagnóstico rápido y comenzar el tratamiento a tiempo, lo que ayuda a que más del 70% de los pacientes sobrevivan.

El preprocesamiento de datos constituye una etapa crítica en el desarrollo de modelos predictivos en salud, donde la calidad de los datos determina directamente la confiabilidad de los resultados. En el contexto de la leucemia linfoblástica aguda (LLA) pediátrica, este proceso adquiere especial relevancia debido a la heterogeneidad de los datos clínicos, de laboratorio y genómicos que deben integrarse.

La preparación de conjuntos de datos médicos requiere abordar desafíos específicos como el manejo de valores faltantes donde tanto las variables como el recuento de blastos o marcadores genéticos, la imputación multivariada (MICE) que es una técnica estadística para manipular datos faltantes, supera a métodos simples como la media y la moda al preservar relaciones entre variables (AWS, 2023).

Al analizar parámetros como la LDH (lactato deshidrogenasa), que mide los niveles de esta enzima en la sangre, es importante revisar cuidadosamente los valores extremos antes de descartarlos. Estos podrían ser indicadores de complicaciones médicas que no debemos pasar por alto. En estudios donde se recopilan datos en diferentes momentos, hay que verificar que las fechas de las muestras coincidan correctamente con los resultados para evitar errores en el análisis (Kultzak, 2016).

La limpieza en los datos es un proceso que consiste en identificar y corregir en algunos casos eliminar datos incorrectos, repetidos, inconsistentes o incompletos, ya que pueden afectar la calidad de los resultados. Algunas acciones comunes incluyen:

Completar información faltante usando métodos como el promedio, la mediana o el valor más frecuente.

Además, es fundamental eliminar los registros con datos incompletos, así como revisar y ajustar los valores extremos o duplicados, con el fin de minimizar sesgos y garantizar la confiabilidad de la información (Amazon Web Services [AWS], s.f.).

Una vez depurados los datos, la normalización ajusta los valores numéricos para que todos estén en un mismo rango (por ejemplo, entre 0 y 1). Esto es especialmente útil cuando trabajamos con variables medidas en escalas muy diferentes, ya que ayuda a que los algoritmos las interpreten de manera equilibrada. La estandarización, por su parte, reorganiza los datos para que su promedio sea cero y su desviación estándar sea uno. Esto simplifica el análisis cuando hay valores muy altos, muy bajos o con distribuciones irregulares.

Elegir entre normalizar o estandarizar depende del tipo de algoritmo que se utilice y de las características específicas de los datos. Ambas técnicas son clave para mejorar el rendimiento y la precisión de los modelos de aprendizaje automático. (Amazon Web Services, 2023)

Las variables categóricas son aquellas que describen cualidades o características, como el sexo o el nivel de riesgo. Así los algoritmos de aprendizaje automático logren trabajar con ellas, es necesario convertirlas en números. Esto se logra mediante técnicas de codificación. Una de las más comunes es la codificación one-hot, que crea una nueva columna para cada categoría y marca con un 1 si el dato pertenece a esa categoría, o con un 0 si no. Otra técnica es la codificación ordinal, que se usa cuando las categorías tienen un orden lógico asignándoles números según ese orden. Estas transformaciones permiten que los modelos interpreten correctamente las variables categóricas y las utilicen eficazmente en tareas como clasificación o regresión. (Kultzak, 2016, p. X)

El pre-procesamiento de datos es fundamental porque no solo mejora su calidad, sino que también ayuda a evitar errores comunes como el sobreajuste que ocurre cuando el modelo se adapta demasiado a los datos de entrenamiento y no funciona bien con los nuevos datos.

Es importante que los valores utilizados durante este proceso, como la media o la desviación estándar dentro del proceso conocido como estandarización se calculen únicamente a partir del conjunto de entrenamiento.

Posteriormente, los mismos parámetros deben aplicarse al conjunto de prueba. Este procedimiento evita que el modelo acceda a información previa durante el entrenamiento, lo que garantiza una evaluación objetiva de su capacidad predictiva (Santos, 2020).

Estas técnicas de preparación de datos resultan esenciales para desarrollar modelos confiables en entornos clínicos complejos. Un ejemplo relevante es su aplicación en el diagnóstico temprano y la estratificación de riesgo en pacientes pediátricos con leucemia linfoblástica aguda, donde la precisión y la trazabilidad son críticas (Santos, 2020).

En tales contextos médicos, la regresión logística emerge como una herramienta valiosa por su equilibrio entre interpretabilidad y eficacia. A diferencia de algoritmos más complejos, este método permite comprender cómo las variables clínicas contribuyen al resultado. Su fundamento radica en transformar predictores lineales en probabilidades entre 0 y 1 mediante una función sigmoide, lo que facilita la clasificación binaria de casos clínicos (Hosmer et al., 2013).

$$P(Y = 1) = \frac{1}{\{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_n X_n)}\}}$$

$P(Y=1)$: Representa la probabilidad del riesgo estimado entre 0 y 1 de que un paciente tenga leucemia linfoblástica aguda.

$\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n$: indican cuanto contribuye cada variable al resultado del modelo.

X_1, \dots, X_n : las variables predictoras corresponden a datos medibles, como biomarcadores o pruebas de laboratorio.

La regresión logística destaca como una herramienta fundamental en medicina, especialmente para diagnosticar condiciones como la leucemia linfoblástica aguda (LLA) en niños. A diferencia de métodos más complejos, este algoritmo combina precisión con transparencia, permitiendo a los médicos entender cómo cada factor clínico contribuye al diagnóstico final (Hosmer et al., 2013).

Los sistemas de inteligencia artificial han transformado la medicina, evolucionando desde programas rígidos hacia modelos que aprenden continuamente de los datos. Esta capacidad es comparable a cómo las plataformas digitales personalizan contenidos, pero con un impacto más profundo: en salud, permite desde predecir riesgos hasta optimizar tratamientos (Russell, 2018; Hurwitz & Kirsch, 2018).

El aprendizaje supervisado utiliza datos históricos etiquetados como casos confirmados de leucemia linfoblástica aguda, para predecir para predecir nuevos diagnósticos. Realmente es el modelo ideal cuando se conocen claramente los patrones buscados (Liu, 2011).

Mientras el aprendizaje no supervisado, logra detectar patrones ocultos en datos sin clasificar, muy útil para explorar relaciones inesperadas entre variables clínicas (Aggarwal, 2014).

Entonces es importante preferir regresión logística en LLA pediatría porque muestra factores como recuentos celulares o marcadores genéticos afectan el riesgo. La eficiencia es importante ya que requiere menos recursos computacionales que métodos complejos, clave en hospitales con limitaciones tecnológicas. Permite evaluar científicamente la importancia de cada variable.

Aunque supone relaciones lineales que pueden simplificar realidades biológicas complejas, su transparencia lo mantiene como opción preferida frente a "cajas negras" algorítmicas. En casos con pocos

pacientes positivos, técnicas de muestreo equilibrado mejoran su precisión sin perder claridad interpretativa (AprendeIA, 2019).

Como se señala este método equilibra rigor científico y utilidad clínica. No solo clasifica pacientes, sino que revela qué factores impulsan el diagnóstico, apoyando decisiones médicas informadas. Su adaptabilidad lo convierte en piedra angular para proyectos de IA en salud, especialmente donde la interpretación es tan crucial como la precisión.

No obstante, existen otros enfoques igualmente relevantes en el ámbito clínico, tales como: los árboles de decisión, algoritmos supervisados que segmentan los datos mediante reglas jerárquicas, como que el recuento de plaquetas es menor a 150,000; la clasificación final se alcanza en los nodos hoja (IBM, 2021). Así mismo, realizan aplicaciones en hematología pues manejan de forma eficiente variables categóricas, como los subtipos genéticos B o T, además ofrecen una alta interpretabilidad clínica ya que sus rutas de decisión imitan el razonamiento médico (IBM, 2021).

Dentro de las limitaciones que se encuentran es que son propensos al sobreajuste cuando se enfrentan a datos con mucho ruido, aunque esto puede mitigarse mediante técnicas de poda (pruning), que trata de reconocer y eliminar aquellos elementos menos relevantes, como los pesos del modelo o ciertas conexiones en una red neuronal, que no aportan significativamente al rendimiento

Según Gómez Cuevas (2024), las SVM son clasificadores que buscan maximizar el margen entre clases utilizando hiperplanos óptimos. Para abordar problemas no lineales, emplean funciones kernel como la

RBF o la lineal. La ventaja es que son eficaces en escenarios con alta dimensionalidad, como los perfiles de expresión genética.

El kernel RBF es una función matemática que permite capturar relaciones no lineales entre distintos marcadores biológicos compara dos puntos y da como resultado un valor entre 0 y 1 si los puntos son muy parecidos el valor será cercano a 1 y, si son muy distintos, el valor se acercará a 0. (Gómez Cuevas, 2024).

Las redes neuronales artificiales (RNA) constituyen una de las herramientas más poderosas del aprendizaje automático moderno. Están diseñadas para imitar el funcionamiento del cerebro humano, procesando la información a través de múltiples capas interconectadas:

- Estructura

Estas redes están compuestas por una arquitectura de capas: una capa de entrada, una o varias capas ocultas y una capa de salida. Cada capa transforma las entradas mediante funciones de activación como ReLU (Rectified Linear Unit) o sigmoide, siguiendo la siguiente formulación matemática:

$$a^l = g(W^l a^{l-1} + b^l)$$

a^l : Activación de la capa l es decir, la salida generada por esa capa después de aplicar la función de activación.

W^l : Matriz de pesos correspondiente a la capa, l que determina la influencia de cada entrada en la salida.

b^l : Vector de sesgos de la capa, l , que permite ajustar la salida del modelo independientemente de las entradas.

g : Función de activación, encargada de introducir no linealidad al modelo, permitiendo que aprenda relaciones complejas.

En el ámbito del diagnóstico y pronóstico de la leucemia, las redes neuronales artificiales se han consolidado como una herramienta valiosa para abordar desafíos complejos. Su capacidad para modelar relaciones no lineales permite integrar diversos tipos de datos, desde información clínica hasta genética o de imágenes, identificando interacciones que otros métodos podrían pasar por alto. Esta cualidad mejora significativamente la precisión de las predicciones.

Además, en el análisis de imágenes, las técnicas de aprendizaje profundo destacan por detectar características morfológicas sutiles en muestras microscópicas, facilitando diagnósticos más tempranos y exactos. Sin embargo, su implementación no está exenta de dificultades. Uno de los principales obstáculos es la dependencia de grandes conjuntos de datos, ya que su escasez puede llevar a sobreajustes y limitar la eficacia del modelo. Por ello, es crucial disponer de información diversa y representativa.

Otro desafío relevante radica en el ajuste de hiperparámetros, un proceso que incide directamente en el rendimiento del sistema. Variables como el número de capas ocultas, la tasa de aprendizaje o las funciones de activación requieren una configuración cuidadosa, lo que demanda tiempo y recursos computacionales considerables. Aun así, pese a estas limitaciones, el potencial de las redes neuronales en este campo sigue siendo prometedor. Sin embargo, como se sintetiza en la Tabla 1, cada modelo tiene ventajas y limitaciones específicas. Mientras técnicas como las máquinas de vectores de soporte ofrecen robustez ante datos de alta dimensionalidad, las redes neuronales requieren volúmenes extensos de

información y un ajuste fino de hiperparámetros para evitar sobreajustes, lo que puede limitar su aplicabilidad en entornos con recursos restringidos.

Tabla 1.
Resumen de modelos de aprendizaje automático aplicados a LLA

Modelo	principales ventajas	limitaciones	aplicación en LLA
Regresión logística	Fácil de interpretar, eficiente en términos computacionales	Solo capta relaciones Lineales	Evaluación diagnóstica Inicial.
Árboles de decisión	Maneja variables categóricas y numéricas.	Sensible a pequeñas variaciones de datos	Clasificación por subtipos B/T
Máquinas de Vectores de Soporte	Eficaz en espacio no lineales, buen reconocimiento con datos complejos	Reajuste cuidadoso de hiperparametros	Clasificación basada en datos genómicos
Redes Neuronales	Capacidad para modelar relaciones complejas y no	Difícil de interpretar; alto costo computacional.	Análisis multimodal imágenes y datos clínicos

Nota. Elaboración propia a partir de Gómez Cuevas (2024), (IBM, 2021), (AprendeIA, 2019).

Los modelos de aprendizaje automático seleccionados permiten abordar distintas etapas del proceso diagnóstico de manera complementaria, así como la detección temprana. La regresión logística se emplea como una herramienta de triaje rápido, permitiendo identificar de forma eficiente los casos sospechosos y a su vez, los árboles de decisión resultan útiles para estratificar a los pacientes según marcadores clínicos o biológicos específicos, facilitando una clasificación más precisa y dando paso así a prioridad de casos dependiendo la particularidad de cada uno de ellos.

En el análisis de casos complejos de situaciones donde existen relaciones no lineales entre variables clínicas y genéticas, se recurre a modelos más avanzados como máquinas de vectores de soporte (SVM) o redes neuronales. Esta estructura jerárquica permite optimizar el uso de recursos computacionales y, al mismo tiempo, alinear los resultados del modelo con las necesidades reales del entorno clínico.

La implementación de modelos de aprendizaje automático en la práctica médica puede optimizarse mediante su integración en plataformas tecnológicas accesibles, como aplicaciones web. Estas herramientas permiten a los profesionales de la salud interactuar con los algoritmos de manera intuitiva, sin requerir conocimientos técnicos avanzados. Al ingresar los datos del paciente, el sistema procesa la información y genera un diagnóstico preliminar o una clasificación de riesgo, expresada en probabilidades o categorías (bajo, medio o alto riesgo), apoyando así la toma de decisiones clínicas. La retroalimentación inmediata facilita una evaluación rápida del estado del paciente y la priorización de intervenciones, un aspecto crucial en enfermedades críticas como la leucemia linfoblástica aguda (Aracena et al., 2022).

Entre las ventajas de estas aplicaciones destaca su accesibilidad, ya que pueden utilizarse desde cualquier dispositivo con conexión a internet, incluso en zonas remotas. Además, las actualizaciones se realizan directamente en el servidor, evitando la necesidad de modificar cada dispositivo individualmente. Para garantizar la seguridad de los datos, se implementan medidas como autenticación por contraseña y cifrado de información, protegiendo la confidencialidad del paciente.

El funcionamiento eficiente de estas plataformas depende de una integración adecuada con el modelo predictivo, generalmente mediante interfaces de programación de aplicaciones (API) o servicios web. Esta conexión asegura una comunicación fluida entre la interfaz de usuario y el sistema de análisis. Asimismo, es fundamental incorporar mecanismos de registro y monitoreo de diagnósticos, lo que

permite evaluar el rendimiento del modelo, realizar seguimientos y garantizar la trazabilidad de los resultados.

Diversos estudios han documentado el desarrollo de aplicaciones web para el diagnóstico asistido por inteligencia artificial en oncología pediátrica, destacando la importancia de interfaces intuitivas y procesamiento en tiempo real para agilizar la atención clínica (Bermúdez-Tamayo, s.f.). Sin embargo, la implementación de estos sistemas enfrenta desafíos técnicos, éticos y regulatorios, como el cumplimiento de normativas de privacidad, la transparencia de los algoritmos y la mitigación de sesgos (Aracena et al., 2022).

Es importante enfatizar que estos sistemas no buscan reemplazar al profesional de la salud, sino complementar su juicio clínico, especialmente en casos complejos o con grandes volúmenes de datos. A medida que estas tecnologías evolucionan, se espera que su integración en la práctica médica mejore la eficiencia diagnóstica, reduzca errores y permita tratamientos más personalizados (Editverse, s.f.).

Esta visión integral resalta la importancia de la colaboración interdisciplinaria y la adaptación tecnológica para llevar los modelos de aprendizaje automático desde el laboratorio hasta la práctica clínica real, con impacto directo en la atención y resultados de los pacientes que es en últimas el objetivo central del modelo.

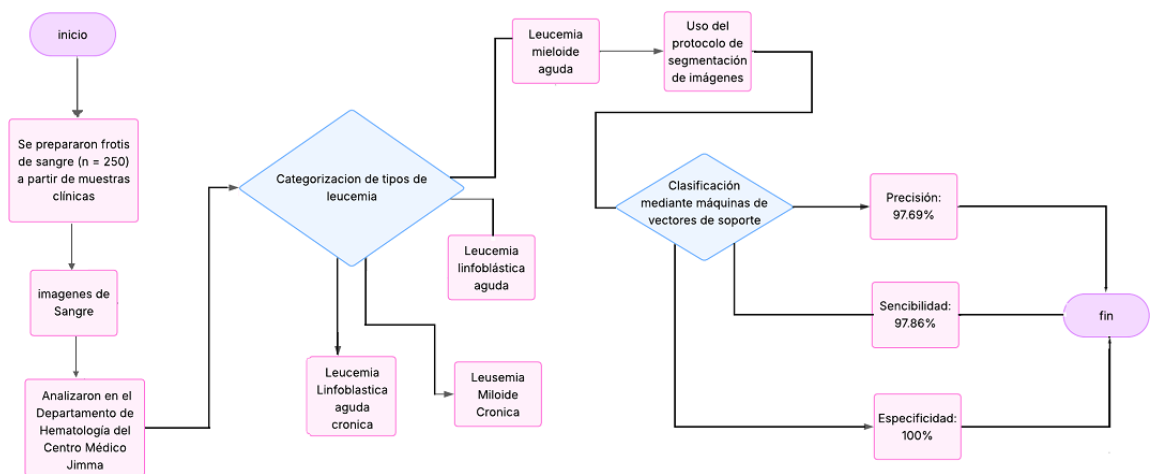
En el proyecto de clasificación precisa de leucemia a partir de imágenes de frotis de sangre, descrito por Zia López (2021), se demuestra cómo el uso de técnicas de visión por computador y aprendizaje automático puede facilitar la detección temprana de esta enfermedad mediante el análisis automatizado de muestras sanguíneas. La determinación del tipo de cáncer en la sangre es compleja y expuesta, en ocasiones, a errores. En este documento fue desarrollado un modelo de machine learning que ayuda al personal médico a realizar un diagnóstico automatizado; el modelo se entrenó con una serie de imágenes microscópicas de frotis sanguíneo adquiridas en un hospital a través de una máquina de

vectores de soporte. “El sistema alcanzó una precisión del 97.69% en pruebas y 97.5% en validación para segmentar 4 tipos de leucemia (LLA, LMA, LLC, LMC)” (Hernández et al., (2021).

La identificación actual de trastornos en la sangre está basada en la inspección visual de frotis sanguíneos al microscopio, la cual demanda mucho tiempo y está expuesta a errores por la agudeza física e interpretación subjetiva del profesional de hematología dependiendo en su totalidad de factores como: el agotamiento ocular, cansancio físico y mental que puede generar este proceso. De allí la importancia de un sistema automatizado de procesamiento de imágenes para facilitar la precisión en la interpretación del resultado y, por ende, la toma de decisiones clínicas.

Figura 2.

Diagrama de flujo del sistema de clasificación hematológica en tiempo real, que permiten la diferenciación precisa de tipos de leucemia.



Nota. Elaboracion propia sobre el proceso propuesto por Hernández et al., (2021).

El sistema de diagnóstico asistido por computadora demoró menos de un minuto para procesar y etiquetar los tipos de leucemia en comparación con el promedio que normalmente tardaría en realizar con el método manual sin asistencia computacional, con un plus adicional que incrementa el porcentaje de precisión del diagnóstico al 97%. Es importante destacar que este sistema es un asistente para los centros de salud, especialmente en áreas rurales de países como Colombia o de continentes completos como África que cuenta con menos manos expertas en la detección de este tipo de enfermedades asociadas a la sangre.

Un modelo computacional para el diagnóstico de leucemia linfoblástica aguda basado en técnicas de aprendizaje automático y procesamiento de imágenes.

En décadas recientes, se ha derivado un avance significativo en el desarrollo de técnicas automáticas y computarizadas para la detección precisa de distintos tipos de cáncer, incluida la leucemia. Según Rai et al. (2024), la aplicación de modelos de aprendizaje automático y aprendizaje ha permitido mejorar la exactitud diagnóstica, tiende a reducir errores médicos y acelerar el proceso de diagnóstico.

Rai et al. (2024) realizaron una revisión sistemática de 191 estudios publicados entre 2018 y 2023, evaluando el rendimiento comparativo entre modelos tradicionales de machine learning (ML) y enfoques avanzados de deep learning (DL) para la detección de cinco tipos de cáncer, incluida la leucemia. Los hallazgos revelaron que los modelos de DL, particularmente las redes neuronales convolucionales (CNN) y arquitecturas basadas en mecanismos de atención, demostraron superioridad en el procesamiento de imágenes médicas y la extracción automática de características complejas, alcanzando mayores niveles de sensibilidad y especificidad en la clasificación de células sanguíneas y tejidos.

En contraste, los modelos tradicionales de ML presentan limitaciones significativas, ya que requieren una etapa preliminar de extracción manual de características y su eficacia depende críticamente de la calidad del preprocesamiento de datos. Rai et al. (2024) enfatizan que técnicas como la normalización de imágenes, selección de características y aumento de datos resultan particularmente valiosas en entornos con disponibilidad limitada de datos, situación frecuente en contextos latinoamericanos.

El caso colombiano ilustra desafíos específicos, incluyendo la escasez de bases de datos locales abiertos y la necesidad de adaptar los modelos a la diversidad genética y epidemiológica de la población. No obstante, la evidencia internacional sugiere que la implementación combinada de estos modelos podría reducir errores diagnósticos y mejorar la estratificación de riesgo en leucemia linfoblástica aguda (LLA) pediátrica, optimizando así las decisiones clínicas (Rai et al., 2024).

Ghaderzadeh et al. (2021) han investigado el potencial del análisis automatizado de frotis de sangre periférica (FSP), una técnica menos invasiva pero que enfrenta el reto de distinguir entre células leucémicas y hematógonos (células benignas inmaduras). Esta similitud morfológica frecuentemente conduce a errores de interpretación en el diagnóstico convencional.

Los modelos basados en CNN emergen como una solución prometedora para este desafío diagnóstico, permitiendo la identificación automática de características morfológicas sutiles que escapan al análisis visual tradicional. Esta aproximación no solo mejora la precisión diagnóstica, sino que reduce la carga emocional y física para los pacientes pediátricos, ofreciendo resultados rápidos y confiables (Ghaderzadeh et al., 2021).

En el estudio, se evaluaron diez arquitecturas CNN reconocidas (DenseNet201, EfficientNet, MobileNetV3, VGG-19, entre otras), logrando que DenseNet201 obtuviera el mejor desempeño con una

precisión del 99.85%, sensibilidad del 99.52% y especificidad del 99.89% en la detección y clasificación de subtipos de LLA.

Esto demuestra el potencial de las CNN para apoyar a los hematólogos en la diferenciación automática entre LLA y casos benignos, así como en la clasificación precisa de subtipos, lo cual es clave para definir el tratamiento adecuado. La relevancia de la clasificación de subtipos para la estratificación de riesgo es fundamental para la elección del protocolo terapéutico y la estratificación del riesgo en pacientes pediátricos.

El modelo propuesto permite no solo detectar la presencia de LLA, sino también identificar subtipos según la clasificación de la Organización Mundial de la Salud, considerada superior a la clasificación FAB por su mayor precisión y detalle.

Esto aporta valor clínico al modelo, facilitando decisiones terapéuticas personalizadas y mejorando el pronóstico de los niños afectados.

En Colombia, la implementación de un modelo CNN para diagnóstico temprano y estratificación de riesgo podría reducir la dependencia de métodos invasivos y costosos, facilitando el acceso a un diagnóstico oportuno en zonas con recursos limitados.

La automatización puede disminuir errores humanos y mejorar la eficiencia en laboratorios con alta carga de trabajo, contribuyendo a un mejor manejo clínico de la LLA pediátrica.

El preprocesamiento cuidadoso es esencial para optimizar el rendimiento del modelo y garantizar que las características extraídas sean representativas y útiles para la clasificación. Estos puntos pueden

ayudarte a fundamentar la relevancia, el estado del arte y las bases técnicas para el desarrollo de tu modelo de aprendizaje automático enfocado en LLA pediátrica en Colombia.

En Colombia Ministerio de Salud y Protección Social (2023, actualizado el 15 de marzo). Sobre la regulación y estándares para la acreditación en salud en Colombia con la **Ley 100 de 1993** donde el sistema de garantía de calidad en salud, que regula la calidad en la prestación de servicios de salud, incluyendo aspectos de seguridad, oportunidad y pertinencia (Ley 100/1993, artículos 186 y 227). Además, el Decreto 2309 de 2002 reglamenta el Sistema Obligatorio de Garantía de Calidad, que es importante para la implementación de tecnologías en instituciones de salud.

La Ley 1581 de 2012 sobre protección de datos personales es esencial, ya que la información médica se considera dato sensible y requiere autorización expresa para su tratamiento.

El Decreto 1377 de 2013 regula el consentimiento informado para el tratamiento de datos personales, lo que implica que los pacientes deben conocer y aceptar cómo se usará su información, especialmente en tecnologías basadas en IA que manejan grandes volúmenes de datos sensibles.

La Constitución Política de 1991, en los artículos **15** y **49**, garantiza el derecho a la intimidad y a la salud, lo que implica un manejo ético y seguro de los datos médicos.

La Resolución 2378 de 2008 del Instituto Nacional de Salud regula la investigación clínica en seres humanos, estableciendo requisitos para la aprobación, vigilancia y buenas prácticas clínicas.

El Gobierno Nacional, a través del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación y el Ministerio TIC Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación. (2025, 7 de mayo), presentó formalmente ante el Congreso de la República el Proyecto de Ley de Inteligencia Artificial, con el objetivo de regular su implementación bajo estándares éticos y de derechos humanos.

Sin embargo, Colombia aún no cuenta con una regulación específica que aborde los desafíos de la IA en el sector salud, como la responsabilidad en su uso, la privacidad de datos médicos o la toma de decisiones automatizada. Actualmente, el proyecto de ley en discusión busca sentar las bases para un marco ético y jurídico que incluya estos aspectos, aunque su aprobación y aplicación tomarán tiempo.

Metodología

Enfoque:

La investigación utiliza un enfoque cuantitativo, esto se debe a que se trabaja con datos existentes, imágenes digitalizadas de frotis de sangre periférica sin manipulación de variables y se busca medir y analizar características observados en su contexto natural, utilizando herramientas matemáticas y estadísticas para validar un modelo predictivo de diagnóstico y estratificación de riesgo en leucemia linfoblástica aguda pediátrica.

El enfoque cuantitativo es pertinente porque el objetivo es desarrollar y validar un modelo de aprendizaje automático capaz de identificar patrones morfológicos en imágenes, obteniendo métricas objetivas y replicables como la precisión. El diseño no experimental es adecuado ya que no se interviene sobre las muestras ni se asignan tratamientos, sino que se analizan datos recolectados previamente.

Diseño:

El estudio de la investigación tiene una ruta de diseño no experimental transversal y se caracteriza por analizar variables observadas en imágenes ya existentes, pues las imágenes fueron obtenidas bajo protocolos estandarizados por terceros (hospital de Taleghani) describiendo características morfológicas y evaluando la capacidad predictiva del modelo. El diseño corresponde a un estudio no experimental de tipo

transversal, ya que los datos fueron obtenidos en un único momento temporal sin manipulación deliberada de las variables. Este enfoque se complementa con un análisis correlacional para examinar las posibles relaciones entre las variables morfológicas y los subtipos de leucemia linfoblástica aguda.

Alcance:

El presente estudio posee alcance exploratorio, orientado al desarrollo y validación de un modelo de inteligencia artificial para el diagnóstico temprano y la estratificación de riesgo en leucemia linfoblástica aguda pediátrica. Aunque incorpora elementos descriptivos relacionados con la caracterización morfológica de las células en las imágenes de frotis de sangre periférica, el propósito central es diseñar una herramienta predictiva que pueda ser implementada en la práctica clínica, especialmente en entornos con recursos limitados como los que se encuentran en Colombia. Se espera que, con futuras etapas de desarrollo y validación, este modelo evolucione hacia una solución funcional y adaptable a escenarios reales de atención en salud.

Declaración y definición de Variables:

VARIABLE	DEFINICIÓN CONCEPTUAL	DEFINICIÓN OPERACIONAL
Calidad de las imágenes	Se refiere a la resolución de las fotografías de frotis periférica teñidos con la técnica de Wright-Giemsa obtenidas de la base de datos.	Imágenes convertidas de 224x224 a 128x128 para poder a
Calidad de la Segmentación Celular.	Proceso para aislamiento de los blastos en las imágenes.	Las máscaras binarias generadas mediante U-Net permiten aislar las regiones correspondientes a los blastos en imágenes de frotis sanguíneos. Este enfoque ayuda a aislar los blastos al reducir el ruido proveniente de otras células en la imagen. Además, las máscaras facilitan la visualización de las regiones utilizadas para la toma de decisiones, lo que mejora la interpretabilidad del modelo. Al procesar únicamente las áreas relevantes, se optimiza el rendimiento computacional, haciendo que el análisis sea más eficiente.
Tiempo de Procesamiento	Tiempo transcurrido desde la carga de la imagen hasta la obtención del resultado diagnóstico mediante el algoritmo.	El tiempo se toma a partir de la información entregada después que el modelo corre.
Métricas del Modelo	Rendimiento diagnóstico evaluado mediante métricas de exactitud (precisión), capacidad de detección (sensibilidad) y selectividad (especificidad)	Métricas de rendimiento calculadas mediante scikit-learn: exactitud (accuracy), exhaustividad (recall) y área bajo la curva ROC (AUC-ROC)
Tipos de modelos	Se refieren a los diferentes algoritmos o arquitecturas de aprendizaje automático como U-Net, ResNet, SVM, entre otros utilizados para abordar la tarea de detección o clasificación de leucemia a partir de imágenes de frotis sanguíneos.	Análisis de la literatura científica, donde identifique modelos empleados en análisis similares como clasificación de células sanguíneas, segmentación de blastos.

Técnicas de análisis de datos

El proceso de análisis de datos se llevó a cabo mediante un enfoque metodológico riguroso. Inicialmente, se ejecutó una búsqueda sistemática empleando algoritmos de clasificación para identificar los cinco artículos científicos más pertinentes en el ámbito de estudio. La selección de estos trabajos se fundamentó en criterios de calidad metodológica, relevancia temática y consistencia de los hallazgos reportados. Seguidamente, se efectuó un análisis comparativo de los modelos presentados en la literatura revisada, con especial énfasis en su rendimiento para la clasificación de imágenes médicas. A partir de esta evidencia, se diseñó un modelo CNN personalizado, cuyas características arquitectónicas fueron optimizadas para adaptarse a las particularidades del conjunto de datos empleado en la presente investigación.

Análisis de literatura científica:

Para llevar a cabo el análisis de la literatura científica, se diseñó una estrategia de búsqueda con el fin de examinar los algoritmos de clasificación aplicados en el diagnóstico de distintos tipos de cáncer. El proceso consistió en una revisión sistemática de artículos científicos indexados en las bases de datos *ore*, *Scopus* y *ScienceDirect*. Como objetivo principal, se buscó identificar los algoritmos de clasificación empleados en el diagnóstico oncológico, utilizando para ello la matriz de búsqueda proporcionada por la editorial *Elsevier*.

Se definieron palabras clave como *Machine Learning*, *Classification Algorithms*, *Cancer Diagnosis* y *Classification Algorithms*, *Leukemia* junto con operadores booleanos para refinar los resultados. La consulta aplicada fue la siguiente:

("Machine Learning") AND ("Cancer Diagnosis") AND ("Classification Algorithms") AND ("leukemia").

Esta búsqueda arrojó un total de 22 publicaciones, todas relacionadas con el ámbito oncológico entre estos artículos, uno destacó por su relevancia como referencia clave, (Patel et al., 2024)

“Diagnóstico y clasificación del cáncer hematológico mediante aprendizaje automático y profundo: técnicas de vanguardia y directrices de investigación emergentes” ya que cumplía con el criterio de emplear exclusivamente algoritmos de clasificación para el diagnóstico de leucemia linfoblástica aguda y su referencia sirvió de apoyo para buscar artículos adicionales, tras un proceso de filtrado para descartar estudios con metodologías similares o redundantes, se seleccionaron 7 artículos fundamentales, los cuales se presentan en la tabla adjunta.

Tabla 3

Resumen comparativo de modelos computacionales aplicados al diagnóstico de LLA reportados en literatura científica.

Tipo de Modelo	Descripción Técnica	Aplicación y Resultados en LLA
(K-means) y Máquinas de vectores de soporte (SVM).	<p>K-means es un algoritmo de aprendizaje no supervisado empleado para agrupar datos en K clusters grupos basándose en similitudes para segmenta los núcleos de las células en las imágenes microscópicas agrupando píxeles con características similares.</p> <p>Las SVM son algoritmos de aprendizaje supervisado para clasificación (y regresión). Clasifica células en cancerosas vs no cancerosas o no cancerosas.</p>	<p>En la presente investigación, se emplearon imágenes microscópicas de pacientes diagnosticados con LLA, así como de individuos sanos. El procedimiento incluyó: preprocesamiento y segmentación de núcleos celulares utilizando el algoritmo de agrupamiento k-medias; extracción de características geométricas y estadísticas relevantes; y clasificación mediante máquinas de vectores de soporte (SVM). Este último paso se abordó desde dos perspectivas: la diferenciación entre células sanas y leucémicas, con una precisión del 97 %, y la identificación de los subtipos de LLA, alcanzando una precisión promedio del 95,6 %.</p> <p>Los resultados obtenidos evidencian una alta eficacia del sistema propuesto, con una sensibilidad del 98 % en la detección general de la enfermedad, lo que sugiere su potencial como herramienta complementaria para los patólogos en el proceso diagnóstico</p>
Árboles de Decisión (CART, C5.0) Regresión Logística	<p>Algoritmos supervisados que dividen los datos en ramas según características relevantes.</p>	<p>En Perú, entre 2010 y 2012, el 40% de los casos de cáncer infantil en Lima fueron leucemias (1,604 pacientes). González Flores (2021) comparó dos algoritmos de clasificación (Regresión Logística y Árboles de Decisión) para diagnosticar leucemia infantil, utilizando datos de 75 pacientes del Hospital Regional Docente "Las Mercedes" los resultados indicaron que el algoritmo de Árboles de Decisión alcanzó un desempeño óptimo, logrando un 100% en exactitud, precisión, especificidad y F1 Score, el tiempo de respuesta muy rápido de 0.02 segundos. Por otro lado, la Regresión Logística mostró una exactitud del 93.3%, precisión del 92.9%, sensibilidad del 100%, F1 Score del 96.3% y un tiempo de respuesta superior, de 0.05 segundos. Estos resultados</p>

		demuestran que el modelo de Árboles de Decisión supera a la Regresión Logística tanto en precisión como en rapidez.
Random Forest	La técnica emplea un conjunto de árboles de decisión (ensemble) que, mediante estrategias de agregación (votación/promedio), optimiza la generalización del modelo y reduce la varianza asociada al sobreajuste	Li (2024) desarrolló un modelo predictivo temprano basado en marcadores nutricionales (vitaminas, minerales, proteínas,) y hematológicos, analizando datos de más de mil niños. Con un algoritmo de Random Forest, demostró un rendimiento sobresaliente en la clasificación de leucemia infantil, con un AUC de 0.95 para identificar subtipos generales y 0.91 específicamente para Leucemia mieloide aguda , lo que sugiere una alta precisión diagnóstica y una alta precisión para diferenciar subtipos de leucemia, destacando el potencial de la inteligencia artificial para mejorar el diagnóstico y tratamiento en oncología pediátrica.
Redes Neuronales Convolucionales (CNN)	Su función principal es el procesamiento especializado de imágenes clínicas, con capacidad para reconocer patrones en la estructura celular	En este análisis exhaustivo (Elsayed et al., 2023) examina el impacto innovador del aprendizaje profundo (DL) en el diagnóstico y clasificación de la leucemia linfoblástica aguda (LLA), centrándose en el procesamiento de imágenes de médula ósea. Las técnicas avanzadas de DL, especialmente las redes neuronales convolucionales (CNN) combinadas con métodos como Cat-Boosting, XG-Boosting , han demostrado resultados excepcionales. Por ejemplo, una CNN alcanza un 100% de exactitud, mientras que una CNN junto con Cat-Boosting logra un 100% de precisión. Otras aproximan resultados cercanos al 99%, lo que confirma la alta fiabilidad del DL en el diagnóstico de LLA. A pesar de desafíos como la falta de conjuntos de datos amplios y diversos.
Deep Learning (Aprendizaje Profundo)	El artículo se refiere a redes neuronales profundas como CNN o Transformers que gracias a su arquitectura multicapa, pueden aprender características abstractas y progresivamente más complejas a partir de los datos, sin requerir extracción manual.	Como demostraron Yang, Zhang y Li (2023) mediante técnicas de aprendizaje automático y profundo, los algoritmos de IA analizan datos, identifican patrones y generan predicciones basadas en criterios predefinidos. Precisión superior al 98% en diagnóstico de LLA a partir de imágenes y datos clínicos
Support Vector Machine (SVM)	Método de aprendizaje supervisado que identifica el límite	En esta investigación Faiz, M., Mounika, B. G., & Akbar, M. (2024) presentan modelos híbridos como MobileNetV2-SVM donde alcanzaron una precisión del

	de decisión óptimo para maximizar la separación entre categorías	99.30% y MobileNetV2-RF un 98.21%, demostrando alta eficacia incluso con datos limitados. A pesar de desafíos como la escasez de datos diversos y altos requerimientos computacionales, se proponen soluciones como el desarrollo de conjuntos de datos híbridos y la optimización de arquitecturas ligeras.
Modelos Explicativos (XAI)	Técnicas de aplicabilidad que permiten comprender y representar gráficamente el proceso de toma de decisiones en modelos de IA complejos, como Grad-CAM (Gradient-weighted Class Activation Mapping) y LRP Layer-wise Relevance Propagation	Shiwlani, Kumar (2025) analizó 50 estudios seleccionados de un total de 979 artículos para evaluar el papel de IA y ML en la LLA pediátrica. Los modelos de IA demostraron mayor precisión diagnóstica que los métodos tradicionales, destacando técnicas de aprendizaje profundo como redes neuronales convolucionales y transformers, análisis genómicos (técnica computacional para estudiar en genoma) y biopsias de médula ósea. Además, la IA optimizó la quimioterapia al ajustar dosis y predecir toxicidad, mejorando la supervivencia. El aprendizaje federado y la IA explicable (XAI) son esenciales para preservar la privacidad, manejar la heterogeneidad de datos y fomentar la confianza clínica.

A partir de los resultados obtenidos en investigaciones previas, se identificaron que una CNN tiene el mejor desempeño, tomando como referencia la métrica de exactitud. Esta métrica resulta especialmente relevante, ya que permite evaluar la proporción de predicciones correctas realizadas por los diferentes modelos.

Estructura detallada del código implementado:

Base de datos: La recolección la base de datos fue complicada en Colombia porque existen muchas leyes que protegen los datos personales y no existe una base de datos abierta en Colombia que tenga esa información por lo tanto se recurrió al conjunto de datos de Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) image dataset (Aria et al., 2021), estas imágenes fueron procesadas en el laboratorio de médula ósea del Hospital Taleqhani (Teherán). El conjunto incluye 3256 imágenes de frotis de sangre periférica correspondientes a 89 pacientes con posible diagnóstico de leucemia linfoblástica aguda. Las muestras sanguíneas fueron preparadas y teñidas por técnicos especializados.

Los datos se dividen en dos categorías principales:

Clase benigna: Esta compuesta por los hematogones, son células inmaduras, propias del desarrollo hematopoyético normal, que se localizan principalmente en la médula ósea 504 muestras de 25 pacientes.

Clase Maligna: Incluye casos confirmados de LLA, con tres subtipos de linfoblastos:

LLA pre-B - Temprana: Cromatina ligeramente más condensada que en pro-B , el citoplasma puede mostrar vacuolas y gránulos finos, se analizaron 985 muestras que corresponden a 20 pacientes.

LLA pre-B: citoplasma más abundante, a veces con gránulos azurófilos, observarse cuerpos de Dutcher son estructuras que se observan en células plasmáticas, en el estudio se analizaron 963 muestras que corresponden a 21 pacientes.

LLA pro-B: Son células más grandes y blastos muy inmaduros tiene una Cromatina menos condensada, nucléolos prominentes y en el citoplasma escaso y un azul intenso con tinción Wright-Giemsa. Se analizaron 804 muestras correspondiente a 23 pacientes.

Las imágenes fueron capturadas con un microscopio Zeiss (aumento 100x) y almacenadas en formato JPG. La clasificación definitiva de los subtipos celulares fue realizada por un especialista mediante citometría de flujo, vienen en tamaño 224 x224 pixeles.

Metodología para la Adquisición, Procesamiento y entrenamiento de Datos

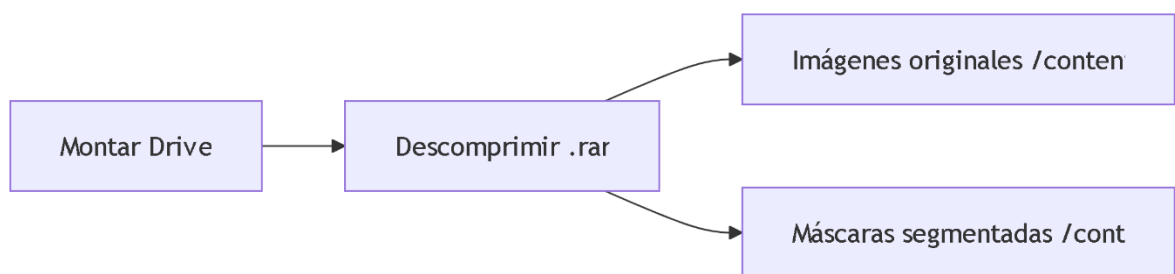
Librerías externas requeridas.

El desarrollo de de la metodología del modelo se desarrolla primero cargando las herramientas fundamentales para el proyecto. NumPy y Pandas se utilizan para el manejo de datos numéricos y estructurados, mientras que TensorFlow funciona para el desarrollo de modelos de deep learning. OpenCV (cv2) facilita el procesamiento de imágenes, y Matplotlib permite la visualización de resultados. LabelEncoder se emplea para transformar etiquetas categóricas en valores numéricos, esencial para el entrenamiento de modelos.

Montaje de Google Drive y Descompresión de Archivos: En esta etapa, como se observa en la figura 3 se conecta Google Colab con Google Drive para acceder a los conjuntos de datos comprimidos, los cuales incluyen imágenes médicas originales y sus correspondientes máscaras segmentadas. Estas máscaras representan regiones de interés dentro de las

imágenes. Los archivos se descomprimen en directorios separados /content/imgs/ y /content/msks/ , lo que facilita su organización y posterior procesamiento, garantizando que cada imagen tenga su máscara asociada correctamente.

Figura 3.
Diagrama de flujo para descomprimir las imágenes a procesar.



Nota. Elaboración propia del proceso de adquisición de datos.

Preparación del DataFrame con Etiquetas:

El código recorre los directorios de imágenes y máscaras, emparejándolas mediante sus nombres de archivo. Además, extrae las etiquetas de Benigno o Early o Pro directamente de los nombres de los archivos. Posteriormente, se utiliza LabelEncoder para convertir estas etiquetas categóricas en valores numéricos, es un paso necesario ya que los algoritmos de machine learning requieren datos numéricos como se muestra en la figura 4.

Figura 4.
Dataframe generado con etiquetas correspondientes y ruta local de cada imagen.

	file	path	mpath	label	label_encoded
0	WBC-Malignant-Pre-420.jpg	/content/imgs/Original_final/Pre/WBC-Malignant...	/content/msks/Segmentado_final/Pre/WBC-Maligna...	Pre	2
1	WBC-Malignant-Pro-111.jpg	/content/imgs/Original_final/Pro/WBC-Malignant...	/content/msks/Segmentado_final/Pro/WBC-Maligna...	Pro	3
2	WBC-Malignant-Early-758.jpg	/content/imgs/Original_final/Early/WBC-Maligna...	/content/msks/Segmentado_final/Early/WBC-Malig...	Early	1

Nota. Elaboracion propia resultados dataframe generado.

División de los Datos:

Los datos se dividen en tres subconjuntos, entrenamiento (80%), validación (10%) y prueba (10%). El conjunto de entrenamiento se utiliza para ajustar los parámetros propios del modelo, el de validación se utiliza para optimizar hiperparámetros y prevenir sobreajuste, y finalmente el de prueba para evaluar el rendimiento final del modelo. Esta división es crucial para asegurar que el modelo generalice correctamente a datos no vistos durante el entrenamiento y así evitar el overfitting .

Preparación de los Datasets para TensorFlow:

Para esta fase, las imágenes y máscaras se cargan, se redimensionan a un tamaño uniforme de 124x124 píxeles y se normalizan escalando sus valores al rango (0, 1). TensorFlow convierte estos pares de imágenes y máscaras en un formato optimizado, diseñado para un entrenamiento eficiente. Este proceso es esencial, ya que las redes neuronales requieren datos estandarizados y dimensiones consistentes para funcionar correctamente.

Verificación de los Datasets:

Se examina una muestra del conjunto de prueba para confirmar que las dimensiones y los rangos de valores sean los esperados. Se verifica que las máscaras estén en el rango [0, 1] y que coincidan correctamente con sus imágenes originales. Esta validación previene errores comunes, como imágenes corruptas o desalineaciones entre imágenes y máscaras, asegurando la integridad de los datos antes del entrenamiento.

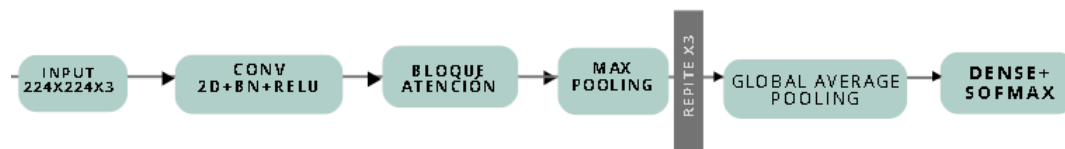
Preprocesamiento

Se inicio el preprocesamiento con la estandarización de las imágenes médicas, donde cada muestra fue redimensionada a 224×224 píxeles para uniformizar la entrada al modelo. Se

aplicó normalización de píxeles escalando valores al rango $[0,1]$ para optimizar el rendimiento de la red neuronal. Las máscaras de segmentación se procesaron en paralelo, manteniendo correspondencia pixel a pixel con las imágenes originales mediante un sistema de emparejamiento basado en nombres de archivo. Para el problema de clasificación, las etiquetas categóricas se transformaron en vectores one-hot encoding.

Figura 4.

Arquitectura de una CNN pero con bloques de atención personalizados.



Nota. Elaboración propia del método implementado

Entrenamiento Red neuronal convolucional

Se implementó una red neuronal convolucional personalizada con mecanismos de atención, compuesta por cuatro bloques principales. Cada bloque integraba una capa que extrae características como bordes o texturas usando filtros pequeños de 3×3 , manteniendo el tamaño original de la imagen, normalización por lotes para acelerar la convergencia, activación ReLU para introducir no linealidad y así ayuda a la red a aprender patrones más complejos, reducción del tamaño de la imagen con max pooling 2×2 que resume la información más importante. Además, se añadieron mecanismos de atención, que son como filtros que resaltan las zonas más importantes de la imagen (usando operaciones simples de 1×1 y una función sigmoide).

Al final, la red convertía toda la información en un vector con Global Average Pooling y usaba una capa final con softmax para decidir a qué categoría pertenece la imagen benigna, pre-B Early, pre-B y pro-B.

Estrategia de entrenamiento

El modelo se optimizó mediante el algoritmo Adam con tasa de aprendizaje inicial de $1e^{-4}$ utilizando un tamaño de lote de 32 muestras. Se implementaron tres asistentes automáticos:

ModelCheckpoint para guardar los pesos con mejor recall de validación cuando detecta más casos reales de leucemia.

EarlyStopping con paciencia de 10 épocas para prevenir overfitting, que evita que el modelo memorice en lugar de aprender.

ReduceLRonPlateau quien se encarga de reducir la tasa de aprendizaje en la quinta parte (0.2) cuando la pérdida de validación no mejoraba en 5 épocas consecutivas. El entrenamiento se monitorizó mediante métricas de precisión y recall, particularmente relevantes en diagnóstico médico donde los falsos negativos tienen consecuencias críticas.

Evaluación del modelo

El desempeño se cuantificó en el conjunto de prueba mediante cuatro métricas principales:

Resultados en el conjunto de prueba:

Categorical cross entropy = Pérdida = 0.0147

Accuracy = Exactitud = 0.9969

Precisión = 0.9969

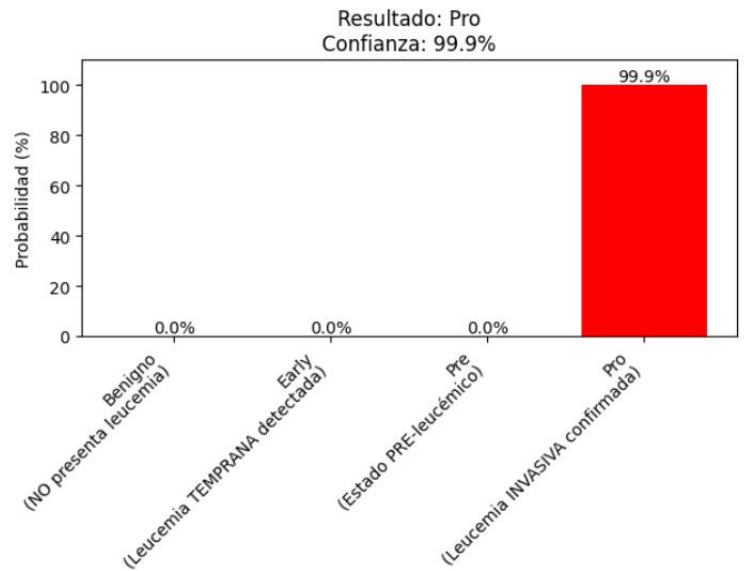
Recall = Sensibilidad = 0.9969

Adicionalmente, se desarrolló un sistema de diagnóstico integrado que combinaba: visualización de imágenes con superposición de máscaras segmentadas, gráficos de probabilidad por clase con codificación de color verde=benigno, rojo=invasivo y un pequeño reporte clínico automatizados que traducían las salidas numéricas del modelo a terminología médica comprensible, como se muestra la figura 5.

Figura 5.

Resultado del análisis del modelo confianza del modelo: 99.9%, donde se confirma la presencia de células leucémicas invasivas). Los hallazgos morfológicos correlacionan con el estado Pro y leucemia invasiva confirmada, Tiempo de procesamiento: 0.83 segundos

Analizando: WBC-Malignant-Pro-777.jpg
1/1 1s 790ms/step



```

=====
*** DIAGNÓSTICO AUTOMATIZADO DE LEUCEMIA ***
Resultado: Leucemia INVASIVA confirmada
Confianza del modelo: 99.9%
Tiempo de procesamiento: 0.83 segundos
  
```

Nota. Resultado de Leucemia invasiva confirmada con el modelo implementado.

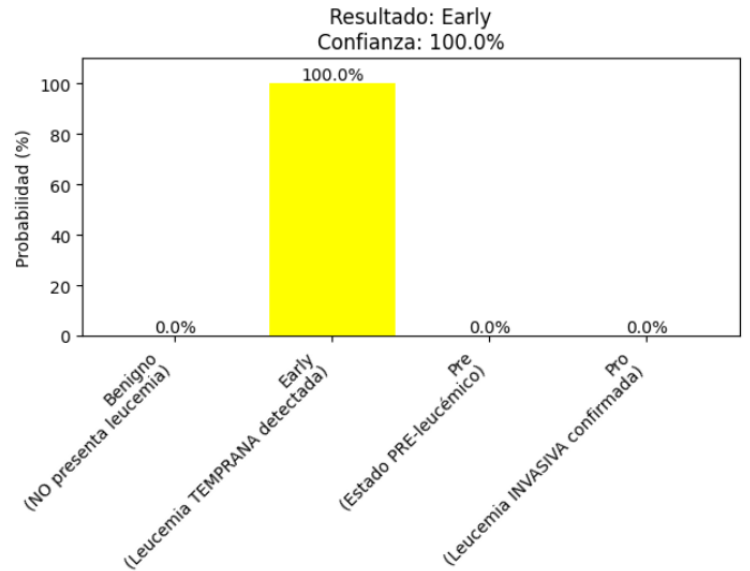
Los Resultados visualizado en la Figura 6, por el modelo para el análisis de muestras hematológicas. El sistema combina visualización de imágenes con superposición de máscaras

segmentadas, y su respectivo gráfico de probabilidad en este caso corresponde a una muestra de Leucemia temprana detectada.

Figura 6.

Resultado del análisis del modelo confianza de con confianza del 100% que muestra hallazgos compatibles con fase temprana de transformación leucémica. tiempo de procesamiento: 0.08 segundos.

Analizando: WBC-Malignant-Early-114.jpg
1/1 0s 38ms/step



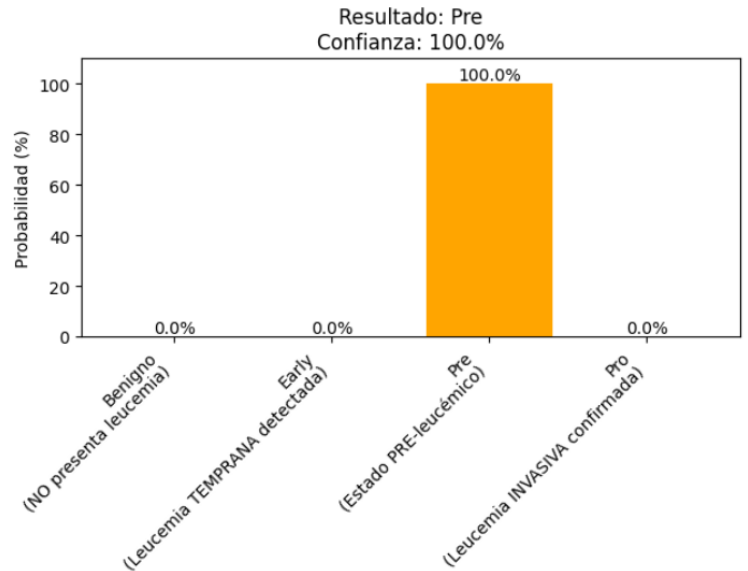
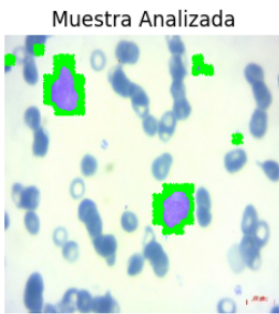
=====
*** DIAGNÓSTICO AUTOMATIZADO DE LEUCEMIA ***
Resultado: Leucemia TEMPRANA detectada
Confianza del modelo: 100.0%
Tiempo de procesamiento: 0.08 segundos
=====

Nota. Resultado de Leucemia terana detectada en la muestra analizada.

En la figura 7. Se clasifico la muestra como estado pre preucemico con un 100 % de confianza .el modelo demostro la capacidad para identificar patrones de pre leucemia.

Figura 7.
Muestra analizada y procesada por el modelo, clasificada con 100% de confianza como estado pre-leucémico, Tiempo de procesamiento 0.08 segundos.

Analizando: WBC-Malignant-Pre-125.jpg
 1/1 ————— 0s 40ms/step



=====
 *** DIAGNÓSTICO AUTOMATIZADO DE LEUCEMIA ***
 Resultado: Estado PRE-leucémico
 Confianza del modelo: 100.0%
 Tiempo de procesamiento: 0.08 segundos

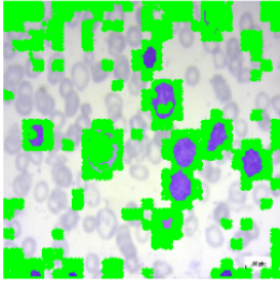
Nota. Resultado Pre Leucemico de la muestra analizada.

Por ultimo el sistema logra clasificar la muestra como no leucémica (benigna) con un 100% de confianza mostrando una probabilidad del 0.0% en todos los marcadores evaluados, pre-leucemia, temprana e invasiva.

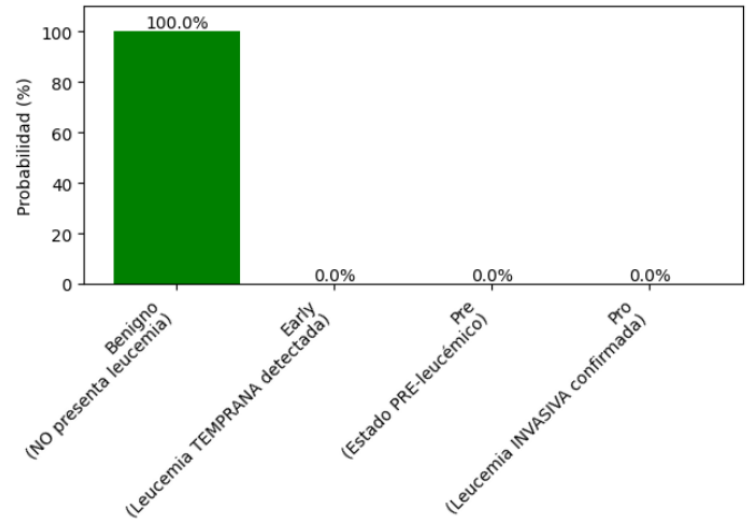
Figura 8.
El modelo clasificó la muestra como no leucémica (benigna) con 100% de confianza, mostrando probabilidad del 0.0% en todos los marcadores de malignidad. Tiempo de procesamiento: 0.08 segundos.

Analizando: WBC-Benign-011.jpg
1/1 0s 36ms/step

Muestra Analizada



Resultado: Benigno
Confianza: 100.0%



=====
*** DIAGNÓSTICO AUTOMATIZADO DE LEUCEMIA ***
Resultado: NO presenta leucemia
Confianza del modelo: 100.0%
Tiempo de procesamiento: 0.08 segundos

Nota. Resultado Benigno de la muestra analizada.

Análisis de resultados

El proceso de estandarización de imágenes hematológicas como se representa en la Figura 9, el sistema transforma imágenes médicas en datos analizables mediante un proceso estandarizado que garantiza consistencia y calidad en el método propuesto, se utilizaron cuatro 4 etapas principales: acceso base de datos, preprocesamiento de imágenes, procesamiento de máscaras, preparación para clasificación.

Acceso base de datos: Se conecta Google Colab con Google Drive para acceder a los conjuntos de datos comprimidos, los cuales incluyen imágenes médicas originales y sus correspondientes máscaras segmentadas. Los archivos se descomprimen en directorios separados /content/imgs/ y /content/msks/, para facilitar su organización y posterior procesamiento.

Preprocesamiento de imágenes: Las muestras se redimensionan a un formato estándar de 124×124 píxeles, garantizando uniformidad en el análisis. Posteriormente, se normalizan los valores de los píxeles escalándolos al rango [0,1], un paso esencial para optimizar el rendimiento de la red neuronal.

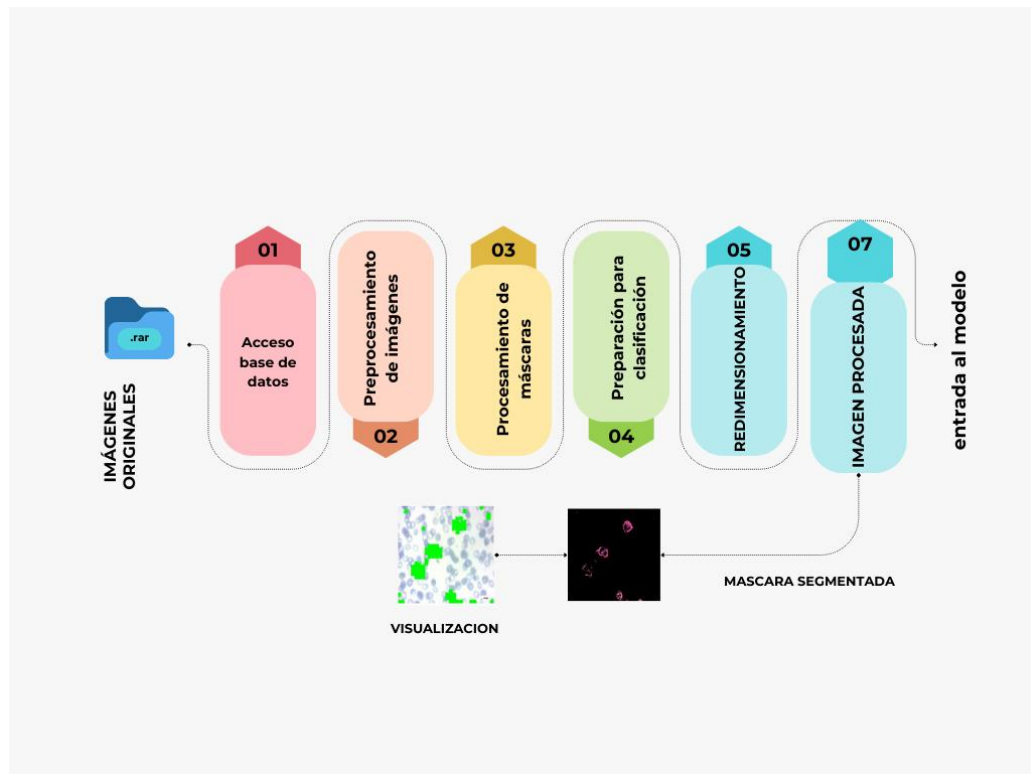
Procesamiento de máscaras: Las máscaras de segmentación se procesan en paralelo con las imágenes originales, manteniendo una correspondencia exacta mediante un sistema de emparejamiento basado en los nombres de archivo. Este proceso asegura la precisión en la identificación de las áreas de interés.

Preparación para clasificación: Las categorías diagnósticas (Benigno, Early, Pre y Pro) se transforman en vectores mediante la técnica one-hot encoding, permitiendo al modelo

interpretar correctamente las diferentes clases sin asignar jerarquías numéricas artificiales.

Redimensionamiento: Nuevamente se redimensiona para realizar el entrenamiento y clasificación a un formato estándar de 224×224 píxeles. Esta resolución genera la captura de detalles morfológicos finos en células sanguíneas.

Figura 9. Protocolo estandarizado de preprocesamiento para imágenes de frotis, asegurando generalización a variaciones en tinciones y equipos.



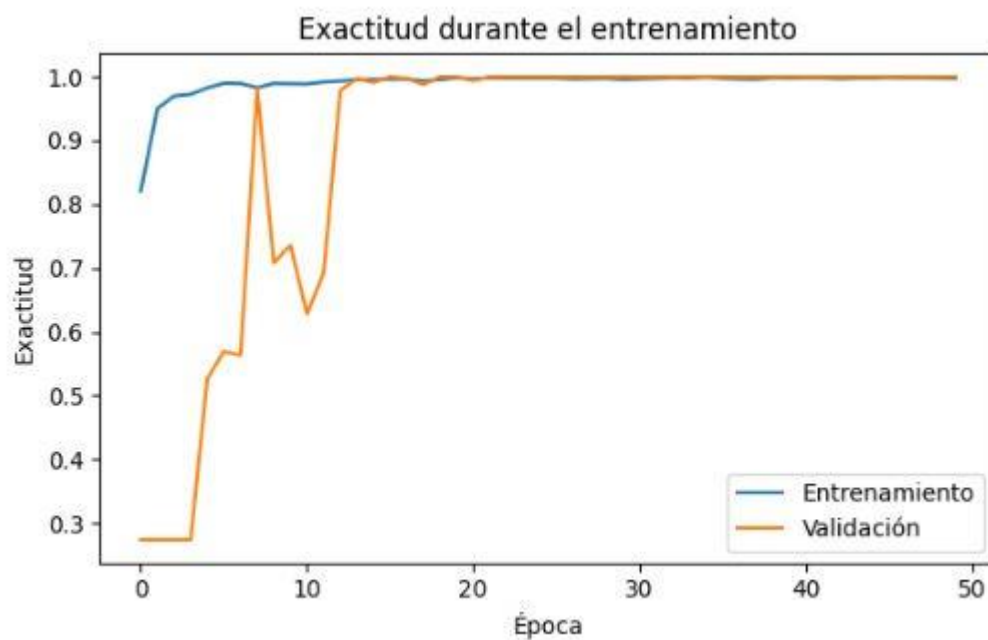
Nota. Elaboracion propia del protocolo implementado.

La evaluación del entrenamiento se analizó mediante curvas de aprendizaje que graficaban la exactitud y pérdida en conjuntos de entrenamiento y validación, estas curvas son como gráficos que muestran qué tan bien estaba aprendiendo el modelo a medida que se le daban más datos. Principalmente

se monitoreo dos cosas la exactitud que nos muestra qué tan seguido acertaba el modelo y la pérdida Qué tan equivocadas estaban sus respuestas

Esto se realizó tanto con los datos que el modelo usaba para aprender, conjunto de entrenamiento, como con datos nuevos que nunca había visto el conjunto de validación. Esto es clave para asegurarse de que el modelo no solo memorice lo que ya sabe, sino que pueda aplicar sus conocimientos a situaciones nuevas.

Figura 10. Curva de aprendizaje: Exactitud en conjuntos de entrenamiento y validación.



Nota. Resultados sobre la exactitud, propios del modelo propuesto.

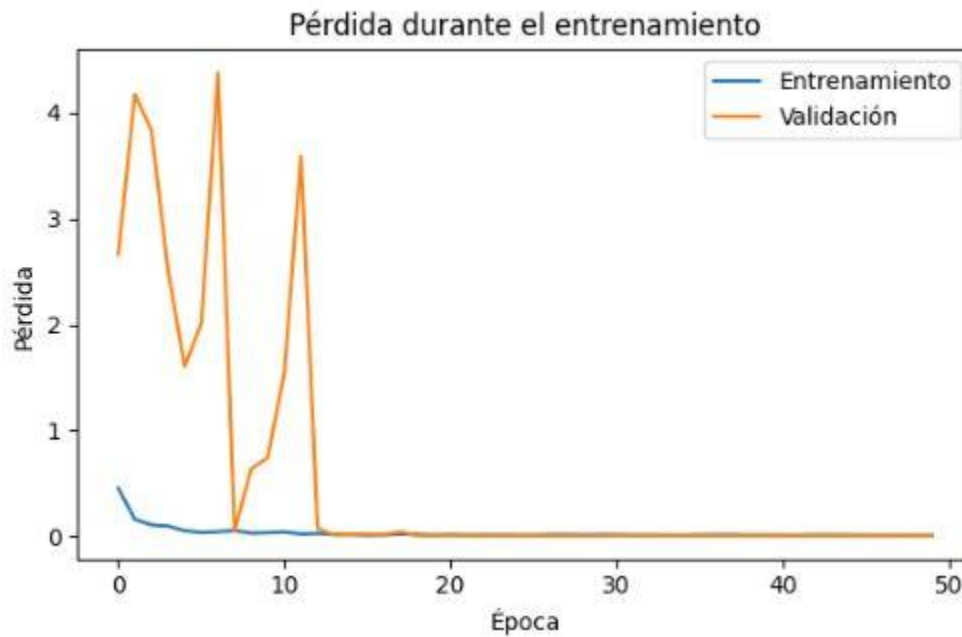
Como se observa en la figura 10 la gráfica corresponde a la exactitud durante el entrenamiento en el eje X representa las épocas de entrenamiento. Cada época es una pasada completa por todo el conjunto de datos de entrenamiento, que corresponde a la evolución del

entrenamiento. En el eje Y corresponde a la exactitud quien mide qué tan bien está acertando el modelo, en una escala de 0 a 1 que corresponde de 0 a 100 %.

Ahora la línea Azul corresponde al entrenamiento, muestra la exactitud del modelo sobre los datos que ya ha visto durante el entrenamiento. Como era de esperar, esta línea tiende a subir rápidamente al principio y luego se estabiliza cerca al 1.0 que corresponde al 100 % , lo que indica que el modelo está aprendiendo.

La línea Naranja corresponde a la validación que nos muestra la exactitud del modelo sobre datos nuevos, que no ha visto durante el entrenamiento. Al principio, la exactitud de validación es baja y fluctúa mucho. Sin embargo, después de aproximadamente la Época 10-15, la exactitud de validación también sube y se acerca a la del entrenamiento, estabilizándose cerca de 1. Esto es una muy buena señal porque significa que el modelo no solo memorizó los datos de entrenamiento, sino que puede generalizar bien a datos nuevos. Las caídas pronunciadas en la línea naranja al principio sugieren momentos donde el modelo quizás estaba sobre ajustando momentáneamente o encontrando patrones difíciles en los datos de validación, pero luego se recuperaba.

Figura 11. análisis de pérdida durante el entrenamiento de la red neuronal propuesta.



Nota. Resultados propios de la pérdida durante el entrenamiento del modelo.

La figura 11 corresponde a la pérdida durante el entrenamiento, en el eje X igual que en la figura 10, representa el progreso del entrenamiento. En el eje Y corresponde a la pérdida que mide qué tan equivocado está el modelo. Un valor de pérdida más bajo significa que el modelo está cometiendo menos errores. Esto es la pérdida que se analizó en las curvas de aprendizaje.

Línea Azul de entrenamiento muestra la pérdida en el conjunto de entrenamiento. Comienza alta y disminuye rápidamente, tendiendo a cero. Esto es bueno, ya que el modelo aprende a reducir sus errores en los datos que conoce.

Mientras la línea naranja validación muestra la pérdida en el conjunto de validación. Al igual que con la exactitud, la pérdida de validación también comienza alta y fluctúa bastante al principio. Sin embargo, después de las primeras épocas, también disminuye significativamente y se estabiliza cerca de cero, muy cerca de la pérdida de entrenamiento. Esto nuevamente confirma que el modelo está generalizando bien. Las subidas pronunciadas en la pérdida de validación al principio corresponden a las caídas en la exactitud de validación, y muestran que el modelo estaba teniendo dificultades con datos no vistos en ciertos puntos, pero logró superarlos.

Conclusiones

El modelo de inteligencia artificial desarrollado demostró eficacia superior en la identificación de leucemia linfoblástica aguda , la arquitectura de red neuronal convolucional con mecanismos de atención mostró capacidad para detectar características morfológicas críticas, incluso en muestras con variaciones técnicas, lo que sugiere su potencial como herramienta complementaria en entornos clínicos una segunda etapa del proyecto sería realizar la misma implementación con muestra clínicas en Colombia ya que el sistema fue validado con una base de datos internacional de imágenes hematológicas, Su diseño eficiente permite que sea un proyecto escalable .Así mismo su ejecución en plataformas accesibles, ofreciendo una alternativa viable para mejorar la detección temprana en regiones con alta prevalencia de diagnósticos tardíos.

La capacidad del modelo para clasificar casos según su nivel de riesgo y generar informes interpretables, esta tecnología reduce la dependencia de procedimientos invasivos, particularmente valiosa en áreas con escasez de especialistas hematológicos. Podría optimizar la derivación oportuna de pacientes, reducir tiempos y su vez aumentar las probabilidades de iniciar un tratamiento rápido que aumente la probabilidad de vida en los pacientes.

Estudios futuros debería implementarse una validación en poblaciones locales para garantizar su aplicabilidad en diversos contextos clínicos. Además, su implementación debe alinearse con los marcos éticos y legales en protección de datos para el desarrollo de interfaces clínicas amigables y sistemas de interoperabilidad emergen como necesidades prioritarias para una efectiva adopción.

Referencias:

- Organización Mundial de la Salud. (2021). Cáncer infantil. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/cancer-in-children>
- Lam, C. G., Howard, S. C., Bouffet, E., & Pritchard-Jones, K. (2019). Science and health for all children with cancer. *Science*, 363(6432), 1182–1186. <https://doi.org/10.1126/science.aaw4892>
- Pui, C.-H., Yang, J. J., Hunger, S. P., Pieters, R., Schrappe, M., Biondi, A., Vora, A., Baruchel, A., Silverman, L. B., Schmiegelow, K., Escherich, G., Horibe, K., Benoit, Y. C. M., Izraeli, S., Yeoh, A. E. J., Liang, D.-C., Downing, J. R., Evans, W. E., Relling, M. V., & Mullighan, C. G. (2015). Childhood Acute Lymphoblastic Leukemia: Progress Through Collaboration. *Journal of Clinical Oncology*, 33(27), 2938–2948. <https://doi.org/10.1200/JCO.2014.59.1636>
- Cuenta de Alto Costo. (2023). Situación del cáncer en la población pediátrica atendida en el SGSSS de Colombia. <https://minsalud.gov.co/Paginas/Mejoran-indicadores-de-atencion-a-menores-de-edad-con-cancer.aspx>
- Ministerio de Salud y Protección Social. (2022). Plan Decenal de Salud Pública 2022–2031. <https://www.minsalud.gov.co/plandecenal/Paginas/PDSP-2022-2031.aspx>
- Organización Panamericana de la Salud. (2021). Perfiles de país del cáncer en la niñez 2021. <https://www.paho.org/es/perfiles-cancer-infantil-2021>
- Congreso de la República de Colombia. (2012, octubre 17). Ley 1581 de 2012: se dictan disposiciones para la protección de datos personales. Sistema Único de Información Normativa. <https://www.suin-juriscol.gov.co/clp/contenidos.dll/Leyes/168450>

Ingle, A., Venugopal, P., Padvi, I., & Shinde, A. (2024). Exploring the Spectrum: A Detailed Review of Blood Cancer Types and Their Clinical Implications. 09(05), 101–106.

<https://doi.org/10.35629/4494-0905101106>

Aracena, C., Villena, F., Arias, F., & Dunstan, J. (2022). Aplicaciones de aprendizaje automático en salud. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 33(6), 568–575.

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0716864022001195?via%3Dihub>

Bermúdez-Tamayo, C. (2021). Inteligencia artificial para el avance de los sistemas de salud: Posibles aportes y retos. *Escuela Andaluza de Salud Pública*.

[https://\[https://campusvirtual.icap.ac.cr/pluginfile.php/225916/mod_resource/content/1/Inteligencia%20artificial%20para%20el%20avance%20de%20los%20sistemas%20de%20salud.pdf\]](https://[https://campusvirtual.icap.ac.cr/pluginfile.php/225916/mod_resource/content/1/Inteligencia%20artificial%20para%20el%20avance%20de%20los%20sistemas%20de%20salud.pdf])

Massive Bio. (2025, 27 de mayo). *La importancia de la detección temprana: reconocer los signos de la leucemia linfoblástica aguda infantil*. Massive Bio. <https://massivebio.com/es/la-importancia-de-la-deteccion-temprana-reconocer-los-signos-de-la-leucemia-linfoblastica-aguda-infantil/>

Editverse. (s.f.). *Machine learning in healthcare: When and how to implement AI*

solutions. <https://editverse.com/machine-learning-healthcare-predictive-analytics-ai-implementation/>

Gonzalez Flores, P. G. (2021). *Análisis comparativo de algoritmos de clasificación para diagnosticar tipos de leucemia infantil* (Tesis de pregrado). Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Urbanismo, Escuela Profesional de Ingeniería de Sistemas, Pimentel, Perú.

Campbell B, Myriam, Ferreiro C., Myriam, Tordecilla C., Juan, Joannon S., Pilar, Rizzardini L., Carlos, & Rodríguez Z., Natalie. (1999). Leucemia linfoblástica aguda. Características al diagnóstico en

100 niños. *Revista chilena de pediatría*, 70(4), 288-

293. https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S037041061999000400004&lng=en&nrm=iso&tlng=en

Amazon Web Services. (s. f.). *Data preprocessing*. AWS Well-Architected Framework, Machine Learning Lens. Recuperado el 18 junio 2025, de https://docs.aws.amazon.com/pt_br/wellarchitected/latest/machine-learning-lens/data-preprocessing.html

Amazon Web Services. (2023). *Data preprocessing*. AWS Well-Architected Framework, Machine Learning Lens. https://docs.aws.amazon.com/pt_br/wellarchitected/latest/machine-learning-lens/data-preprocessing.html

Kultzak, A. F. (2016). *Categorização de textos utilizando algoritmos de aprendizagem de máquina com Weka* [Trabalho de Conclusão de Curso, Universidade Tecnológica Federal do Paraná]. Repositório Institucional da UTFPR.

Santos, H. G. (Year). [Article title in sentence case]. *Cadernos de Saúde Pública*, volume(issue), page range. <https://www.scielo.br/j/csp/a/jyhKL6G4dZhbchMD6bcS8s/>

AprendeIA. (2019, 28 de junio). *Regresión logística – Teoría*.

AprendeIA. <https://aprendeia.com/2019/06/28/algoritmo-regresion-logistica-machine-learning-teoria/>

Hosmer, D. W., & Lemeshow, S. (2000). *Applied logistic regression* (2nd ed.). Wiley.

Russell, R. (2018). *Machine learning*. CreateSpace Independent Publishing Platform.

Hurwitz, J., & Kirsch, D. (2018). *Machine learning for dummies*. John Wiley & Sons.

Aggarwal, C. (2014). *Data classification: Algorithms and applications*. Chapman and Hall/CRC.

Liu, B. (2011). Web data mining. Springer.

IBM. (s.f.). *¿Qué es un árbol de decisión?* IBM. <https://www.ibm.com/mx-es/think/topics/decision-trees>

Gómez Cuevas, A. L. (2024). *Selección de variables en máquinas de vectores soporte: Feature selection for support vector machine* [Trabajo Fin de Grado, Universidad de Málaga]. Repositorio Institucional de la Universidad de Málaga. https://riuma.uma.es/xmlui/bitstream/handle/10630/31791/TFG_ALGC_MAJC.pdf?sequence=1

Bermúdez-Tamayo, C. (n.d.). *Inteligencia artificial para el avance de los sistemas de salud: Posibles aportes y retos* Artificial intelligence for the advancement of health systems: Possible contributions and challenges. Observatorio de Salud y Medio Ambiente de Andalucía (OSMAN), Escuela Andaluza de Salud Pública

Aby, A. E., Salaj, S., Anilkumar, K. K., & Rajan, T. (2024). Una revisión sobre la detección y clasificación de la leucemia utilizando técnicas basadas en Inteligencia Artificial. *Computers and Electrical Engineering*, 118, 109446

Hernández Rodríguez, CX (2021). *Un modelo computacional para el diagnóstico de leucemia linfoblástica aguda basado en técnicas de aprendizaje automático y procesamiento de imágenes.*

Ghaderzadeh, M., Hosseini, A., Bashash, D., Aria, M., Asadi, F., & Abolghasemi, H. (2021). A fast and efficient CNN model for B-ALL diagnosis and its subtypes classification using peripheral blood smear images. *International Journal of Intelligent Systems*.

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/int.22753>.

Ministerio de Salud y Protección Social. (s. f.). Marco legal colombiano en salud. Acreditación en Salud.

<https://acreditacionensalud.org.co/marco-legal-colombiano/>

González & Páez Abogados. (2025, 13 de Mayo). La inteligencia artificial en el sector salud colombiano.

<https://gonzalezpaezabogados.co/la-inteligencia-artificial-en-el-sector-salud-colombiano/>

Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación. (2025, 7 de mayo). MinCiencias lidera el proyecto de ley que busca regular el desarrollo ético, seguro y responsable de la inteligencia artificial en

Colombia. Gobierno de Colombia. https://minciencias.gov.co/sala_de_prensa/minciencias-lidera-el-proyecto-ley-que-busca-regular-el-desarrollo-etico-seguro-y

Amin, M. M., Kermani, S., Talebi, A., & Oghli, M. G. (2015). Recognition of acute lymphoblastic

[leukemia cells in microscopic images using K-means clustering and support vector machine classifier. *Journal of Medical Signals and Sensors*, 5\(1\), 49-](#)

[58. https://journals.lww.com/jmss/Fulltext/2015/05010/Recognition_of_Acute_Lymphoblastic_Leukemia_Cells.6.aspx](https://journals.lww.com/jmss/Fulltext/2015/05010/Recognition_of_Acute_Lymphoblastic_Leukemia_Cells.6.aspx)

Gonzalez Flores, P. G. (2021). *Análisis comparativo de algoritmos de clasificación para diagnosticar tipos de leucemia infantil* [Tesis de pregrado, Universidad Nacional de San Martín – Tarapoto

Li, H. (2024). *Artificial intelligence reveals the predictions of hematological indexes in children with acute leukemia* <https://data.mendeley.com/datasets/fz7d6x4bwx/1>

Elsayed, B., Elhadary, M., Elshoeibi, R. M., Elshoeibi, A. M., Badr, A., Metwally, O., ElSherif, R. A.,

Salem, M. E., Khadadah, F., Alshurafa, A., Mudawi, D., & Yassin, M. (2023). Deep learning enhances acute lymphoblastic leukemia diagnosis and classification using bone marrow images.

Frontiers in Oncology, 13, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10731043/>

Yang, Y., Zhang, Y., & Li, Y. (2023). Aplicaciones de la inteligencia artificial en el diagnóstico oncológico pediátrico. *Frontiers in Oncology*, 13.

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10017189/>

Faiz, M., Mounika, B. G., Akbar, M., & Srivastava, S. (Year). Deep and machine learning for acute lymphoblastic leukemia diagnosis: A comprehensive review.,

<https://revistas.usal.es/cinco/index.php/2255-2863/article/view/31420/30616>

Shiwlani, A., Kumar, S., & Qureshi, H. A. (2025). Transforming pediatric leukemia care: The role of artificial intelligence in diagnosing, treating, and optimizing outcomes in acute lymphoblastic leukemia. *Journal of Development and Social Sciences*,

<https://ojs.jdss.org.pk/journal/article/view/1322>

Patel, H., Shah, H., Patel, G., & Patel, A. (2024). Diagnóstico y clasificación del cáncer hematológico mediante aprendizaje automático y profundo: técnicas de vanguardia y directrices de investigación emergentes. *Artificial Intelligence in Medicine*, [https://www.sciencedirect-](https://www.sciencedirect.com/bdbiblioteca.universidadean.edu.co/science/article/pii/S0933365724001258#bb0490)

[com/bdbiblioteca.universidadean.edu.co/science/article/pii/S0933365724001258#bb0490](https://www.sciencedirect.com/bdbiblioteca.universidadean.edu.co/science/article/pii/S0933365724001258#bb0490)

Aria, M., Ghaderzadeh, M., Bashash, D., Abolghasemi, H., Asadi, F., & Hosseini, A. (2021). *Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) image dataset* [Data set].

Kaggle. <https://www.kaggle.com/datasets/mehradaria/leukemia>