

SEP

TECNM

INSTITUTO TECNOLÓGICO DE TIJUANA
DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADOS E INVESTIGACIÓN



**SISTEMA HIBRIDO INTELIGENTE PARA
CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES DE RIÑONES
UTILIZANDO REDES NEURONALES Y LOGICA
DIFUSA**

TRABAJO DE TESIS PRESENTADO POR:

CHRISTIAN BALLESTEROS IBARRA

PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

DIRECTOR DE TESIS:

DRA. PATRICIA MELIN

CO-DIRECTOR DE TESIS:

DR. OSCAR CASTILLO

TIJUANA, BAJA CALIFORNIA, MÉXICO. AGOSTO DE 2025



Instituto Tecnológico de Tijuana

Tijuana, Baja California, 04/septiembre/2025

Oficio No. 097/DEPI/2025

Asunto: Autorización de Impresión de Tesis

MARÍA MAGDALENA SERRANO ORTEGA
JEFA DEL DEPARTAMENTO DE SERVICIOS ESCOLARES
PRESENTE

En lo referente al trabajo de tesis, "Sistema híbrido inteligente para clasificación de imágenes de riñones utilizando redes neuronales y lógica difusa". Presentado por **C. Christian Ballesteros Ibarra**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M23210001**; informo a usted que a solicitud del comité de tutorial, tengo a bien **Autorizar la Impresión de Tesis**, atendiendo las disposiciones de los Lineamientos para la Operación de Estudios de Posgrado del Tecnológico Nacional de México.

Sin más por el momento le envió un cordial saludo.

ATENTAMENTE

Excelencia en Educación Tecnológica®

Por una Juventud Integrada al Desarrollo de México®

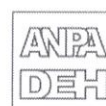
GABRIELA ELIZABETH MARTÍNEZ MENDÍVIL
SUBDIRECTORA ACADÉMICA

ccp. Archivo
GEMM/lap

EDUCACIÓN |
SECRETARÍA DE EDUCACIÓN PÚBLICA
INSTITUTO TECNOLÓGICO DE TIJUANA
SUBDIRECCIÓN ACADÉMICA



2025
Año de
La Mujer
Indígena





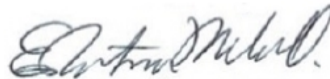
Instituto Tecnológico de Tijuana

Tijuana, B.C., 2 de Septiembre de 2025
Asunto: Se autoriza impresión de Trabajo de Tesis

C. DRA. MARÍA MAGDALENA SERRANO ORTEGA
JEFA DEL DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
PRESENTE.

En lo referente al trabajo de tesis escrito, con título "**SISTEMA HIBRIDO INTELIGENTE PARA CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES DE RIÑONES UTILIZANDO REDES NEURONALES Y LOGICA DIFUSA**", presentado por el **C. BALLESTEROS IBARRA CHRISTIAN**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M23210001**, informamos a usted que después de una minuciosa revisión, de acuerdo con lo establecido en el reglamento vigente para este caso, nuestro dictamen es: Se aprueba en todas sus partes, en virtud de reunir los requisitos de un trabajo de grado de Maestría y a la vez se autoriza al interesado para que proceda de inmediato a la impresión del mismo.

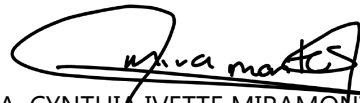
ATENTAMENTE



DRA. ELBA PATRICIA MELIN OLMEDA
PRESIDENTE



DR. OSCAR CASTILLO LOPEZ
SECRETARIO



DRA. CYNTHIA IVETTE MIRAMONTES ORTEGA
VOCAL

c.c.p. Oficina de Titulación
c.c.p. División de Estudios de Posgrado e Investigación
c.c.p. Expediente
c.c.p. Interesado

EPMO/*inf



Instituto Tecnológico de Tijuana

Tijuana, B.C., 2 de Septiembre de 2025
Asunto: Se autoriza impresión de Trabajo de Tesis

C. DRA. GABRIELA ELIZABETH MARTINEZ MENDIVIL
ENCARGADA DE DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO E INV.
PRESENTE.

En lo referente al trabajo de tesis escrito, con título "**SISTEMA HIBRIDO INTELIGENTE PARA CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES DE RIÑONES UTILIZANDO REDES NEURONALES Y LOGICA DIFUSA**", presentado por el **C. BALLESTEROS IBARRA CHRISTIAN**, alumno de la Maestría en Ciencias de la Computación con número de control **M23210001**, informamos a usted que se autoriza el escrito de tesis y se aprueba en todas sus partes, en virtud de reunir los requisitos de un trabajo de grado de maestría y a la vez se autoriza al interesado para que proceda de inmediato a la impresión del mismo y a presentar su examen de grado, ya que cumple con todos los requisitos.

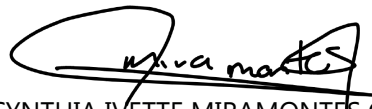
ATENTAMENTE



DRA. ELBA PATRICIA MELIN OLMEDA
PRESIDENTE



DR. OSCAR CASTILLO LOPEZ
SECRETARIO



DRA. CYNTHIA IVETTE MIRAMONTES ORTEGA
VOCAL

c.c.p. Oficina de Titulación
c.c.p. División de Estudios de Posgrado e Investigación
c.c.p. Expediente
c.c.p. Interesado

EPMO/*inf

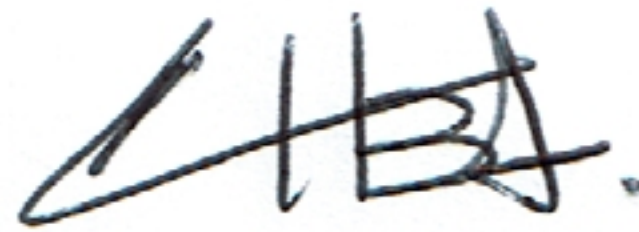
DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Tijuana, BC., 30 de junio de 2025,

Yo, **CHRISTIAN BALLESTEROS IBARRA**, estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación, en mi calidad de autor manifiesto que este documento de tesis es producto de mi trabajo original y que no infringe los derechos de terceros, tales como derechos de publicación, derechos de autor, patente y similaridad. Por lo tanto, la obra realizada es de mi exclusiva autoría y no infringí en copiar el texto o imágenes, de fuentes de información por lo cual soy responsable del escrito que aquí se presenta.

Así mismo, declaro que en las citas textuales que he incluido (las cuales aparecen entre comillas) y en los resúmenes que he realizado de publicaciones ajenas, indico explícitamente los datos de los autores y las publicaciones.

En caso de presentarse cualquier reclamación o acción por parte de terceros en cuanto a los derechos de autor sobre la obra en cuestión, acepto toda la responsabilidad de tal infracción y relevo de esta a mi director de tesis, así como al Tecnológico Nacional de México, al Instituto Tecnológico de Tijuana y a sus respectivas autoridades.



Christian Ballesteros Ibarra

Nombre completo del estudiante y firma autógrafa
Estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación

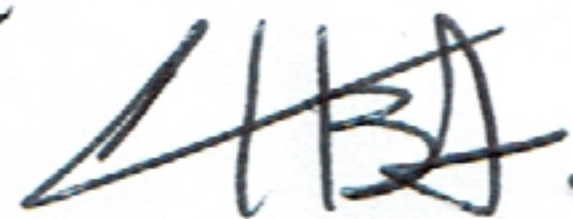
CARTA DECLARACIÓN DE PROPIEDAD INTELECTUAL

Tijuana, BC a 30 de Junio del 2025

Yo **CHRISTIAN BALLESTEROS IBARRA** reconozco que el Trabajo de Tesis de Maestría que realice durante mis estudios en la Maestría en Ciencias de la Computación del Instituto Tecnológico de Tijuana fue parte del Proyecto de Investigación Titulado: **Nuevos modelos híbridos inteligentes para análisis, agrupación y clasificación utilizando sistemas difusos y redes neuronales No.13758.22-P** que desarrolla mi directora de tesis la **Dra. Elba Patricia Melin Olmeda**-y del cual es responsable del proyecto de investigación. Por esta razón, los métodos, modelos, algoritmos, y software realizados, así como datos y resultados obtenidos durante el desarrollo de mi tesis de maestría son propiedad intelectual de mi Director de Tesis, del Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Tijuana y del Conacyt, y No podré utilizarlos por mi cuenta durante, Ni después de terminar mi beca o estudios, excepto a solicitud escrita para poder utilizarlos bajo una colaboración directa con mi directora de tesis la cual es responsable del proyecto de investigación. Por tanto, estoy de acuerdo en que No podre utilizar ni tomar modelos, ni datos utilizados en este proyecto de investigación y en el desarrollo de tesis para: presentaciones, publicaciones ni desarrollo de mi propia investigación que pudiera desarrollar una vez concluidos mis estudios.

Atentamente

Christian Ballesteros Ibarra



NOMBRE COMPLETO Y FIRMA AUTOGRAFA DEL ESTUDIANTE

Estudiante de la Maestría en Ciencias de la Computación

RESUMEN

La clasificación precisa de imágenes médicas, como las de riñones, es un desafío crucial en el campo de la medicina. La detección temprana y la precisión en la identificación de patologías como los quistes, cálculos, tumores y condiciones normales son fundamentales para el tratamiento oportuno y efectivo de los pacientes. En esta tesis, se presenta un enfoque innovador para la clasificación de imágenes de riñones utilizando un sistema híbrido inteligente que combina redes neuronales convolucionales (CNNs) y lógica difusa. Este enfoque tiene como objetivo mejorar tanto la precisión como la interpretabilidad de los resultados, proporcionando una herramienta valiosa para los profesionales médicos en la toma de decisiones clínicas. La arquitectura propuesta utiliza una CNN pre-entrenada para la extracción de características de las imágenes, las cuales se integran en un sistema de inferencia difusa basado en el modelo Mamdani. La base de datos empleada incluye más de 11,000 imágenes balanceadas entre cuatro categorías clínicas, permitiendo una evaluación exhaustiva del rendimiento del sistema. Los resultados obtenidos destacan la capacidad del modelo para lograr una clasificación efectiva con una precisión promedio del 95%, demostrando su potencial para asistir en el diagnóstico médico automatizado.

ABSTRACT

The accurate classification of medical images, such as kidney scans, is a critical challenge in the field of medicine. Early detection and precise identification of pathologies such as cysts, stones, tumors, and normal conditions are essential for timely and effective patient treatment. This thesis presents an innovative approach to kidney image classification using an intelligent hybrid system that combines convolutional neural networks (CNNs) and fuzzy logic. This approach aims to improve both the accuracy and interpretability of the results, providing a valuable tool for medical professionals in clinical decision-making. The proposed architecture uses a pre-trained CNN for feature extraction from images, which are then integrated into a fuzzy inference system based on the Mamdani model. The employed database includes over 11,000 balanced images across four clinical categories, allowing a thorough evaluation of the system's performance. The results highlight the model's ability to achieve accurate classification with an average precision of 95%, demonstrating its potential to assist in automated medical diagnosis.

DEDICATORIA

A mi familia, por ser el pilar más importante en mi vida. Gracias por su amor incondicional, su apoyo constante y por creer en mí incluso cuando yo dudaba.

A mi pareja, por su amor, paciencia y por acompañarme con firmeza y comprensión en cada paso. Tu apoyo fue una fuente de motivación inigualable.

A mis amigos, por estar presentes con palabras de aliento, compañía y alegría en cada etapa de este camino.

A mis colegas, con quienes compartí conocimientos, desafíos y aprendizajes que enriquecieron no solo mi formación académica, sino también mi crecimiento personal.

A mis maestros de la maestría, por su guía, su compromiso con la enseñanza y por inspirarme a seguir aprendiendo siempre.

A CONACYT, por el respaldo brindado a través de la beca que me permitió dedicarme de lleno a este proyecto académico. Su apoyo fue clave para alcanzar esta meta.

A todos ustedes, gracias por caminar conmigo. Este logro también les pertenece.

AGRADECIMIENTOS

A lo largo de este camino, he contado con el respaldo y acompañamiento de personas e instituciones que han sido clave para alcanzar esta meta.

Agradezco profundamente el apoyo, la confianza y las enseñanzas que recibí durante todo el proceso académico y personal que implicó esta etapa de formación.

Reconozco también la valiosa contribución de quienes compartieron conocimientos, ofrecieron orientación o simplemente estuvieron presentes en los momentos más desafiantes.

Asimismo, extendo mi agradecimiento a las instancias que brindaron el apoyo necesario para la realización de este proyecto, en especial al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), cuyo respaldo fue fundamental para poder dedicarme de lleno a mis estudios.

Este trabajo no habría sido posible sin la suma de todos esos esfuerzos. Gracias.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN	I
ABSTRACT	II
DEDICATORIA	III
AGRADECIMIENTOS	IV
ÍNDICE DE TABLAS	VIII
ÍNDICE DE FIGURAS	IX
CAPÍTULO 1 INTRODUCCIÓN.....	1
CAPÍTULO 2 ANTECEDENTES	2
2.1 Definiciones Clínicas.....	3
2.1.1 Riñones.....	3
2.1.2 Cálculos renales	3
2.1.3 Tumores renales.....	3
2.1.4 Quistes renales.....	3
2.2 Definiciones Técnicas.....	4
2.2.1 Redes Neuronales	4
2.2.2 Lógica Difusa	4
2.2.3 Sistemas Híbridos: Redes Neuronales y Lógica Difusa.....	4
2.2.4 Inferencia Difusa MAMDANI.....	5
2.2.5 Aprendizaje Profundo	5
2.2.6 Clasificación de Imágenes	5
2.2.7 Pre procesamiento de Imágenes	5
2.2.8 Validación Cruzada.....	5
2.2.9 Arquitectura de Redes Neuronales.....	5
2.2.10 Variables lingüísticas.....	5
2.2.11 Funciones de membresía	6
2.2.12 Sistema experto	6
2.3 Antecedentes de Sistemas Utilizados en Clasificación de Imágenes Médicas.....	6
2.3.1 Sistemas Basados en Redes Neuronales Convolucionales (CNNs)	6
2.3.2 Sistemas Basados en Lógica Difusa	6
2.4 Sistemas Híbridos en la Clasificación de Imágenes Renales	7
CAPÍTULO 3 METODOLOGÍA	9

3.1 Base de datos	9
3.2 Modelo Propuesto	12
CAPITULO 4 EXPERIMENTACIÓN.....	19
4.1 Experimentación del modelo Propuesto.	19
4.1.2 Capa de entrada.....	19
4.1.3 Capas Convolucionales.....	19
4.1.4 Capas de Normalización por Lotes.....	20
4.1.5 Capas de Activación (ReLU).....	20
4.1.6 Capas de Pooling	20
4.1.7 Capa Totalmente Conectada.....	20
4.1.8 Capa Softmax	20
4.1.9 Capa de Clasificación.....	20
4.1.10 Entrenamiento del Modelo.....	22
4.1.11 Integración del Sistema de Lógica Difusa.....	22
4.2 Implementación del sistema MAMDANI para clasificación difusa.	23
4.2.1 Fuzzificación	23
4.2.2 Funciones de membresía	24
4.2.3 Evaluación de Reglas Difusas	24
4.2.4 Agregación de Salidas	25
4.2.5 Defuzzificación	25
4.2.6 Método evalfis	25
4.3 Funciones de Membresía.....	26
4.4 Funciones de Membresía y su Aplicación en la Clasificación Difusa.....	28
4.5 Funciones de membresía de entrada.	32
4.6 Funciones de membresía de salida.	34
CAPÍTULO 5 RESULTADOS.....	38
5.1 Experimentos realizados.....	38
5.2 Precisión en el Conjunto de Validación con Lógica Difusa.....	39
5.3 Resumen de los Resultados.....	39
5.4 Comparación con otros trabajos	45
CAPÍTULO 6 CONCLUSIÓN.....	46
6.1 Resumen de hallazgos relevantes.....	47
6.2 Redes neuronales Convulucionales (CNNs).....	47
6.3 Lógica difusa.....	47
6.5 Impacto del enfoque híbrido	48

6.6 Trabajos Futuros 48

 6.6.1 Revisión de imágenes clasificadas incorrectamente 48

 6.6.2 Optimización de la lógica difusa..... 48

 6.6.3 Aumento y mejora del conjunto de datos 48

 6.6.4 Aumento y mejora del conjunto de datos 49

 6.6.5 Evaluación en otros conjuntos de datos 49

 6.6.6 Integración de técnicas adicionales 49

6.7 Consideraciones Finales 49

REFERENCIAS 50

ANEXOS 54

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla	Nombre	Página
Tabla 2.1	Comparación entre Clases de Imágenes Renales	3
Tabla 3.1	Distribución de imágenes por clase en la base de datos	11
Tabla 3.2	Etapas del Modelo Híbrido CNN + Lógica Difusa	12
Tabla 3.3	Parámetros de la arquitectura CNN propuesta	16
Tabla 4.1	Componentes Técnicos de la CNN	21
Tabla 4.2	Conjunto de reglas Difusas	24
Tabla 4.3	Elementos del sistema difuso empleado	26
Tabla 4.4	Funciones de membresía aplicadas	27
Tabla 4.5	Ejemplo de comportamiento de reglas difusas	35
Tabla 5.1	Comparación entre CNN Puro y CNN + Lógica Difusa	40
Tabla 5.2	Resultados de 30 pruebas del modelo híbrido: Precisión, Sensibilidad, Especificidad y F1-Score	43
Tabla 5.3	Resultados de otros trabajos similares	45

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Nombre	Página
Figura 3.1	Ejemplo Base de Datos	10
Figura 3.2	Diagrama General del Sistema Propuesto	13
Figura 3.3	Proceso de Evaluación e Implementación del Sistema Híbrido	14
Figura 3.4	Arquitectura de la Red Neuronal CNN Propuesta	15
Figura 3.5	Diagrama de Flujo del sistema	18
Figura 4.1	Funciones de membresía de entrada aplicadas a las probabilidades de la CNN	31
Figura 4.2	Funciones de membresía de salida para clasificación	34
Figura 4.3	Diagrama explicativo del sistema híbrido CNN + lógica difusa.	36
Figura 5.1	Comparación de Precisión CNN vs CNN + Lógica Difusa	41

CAPÍTULO 1

INTRODUCCIÓN

En el contexto actual de la inteligencia artificial y su aplicación en el ámbito médico, la combinación de herramientas avanzadas como las redes neuronales y la lógica difusa está ganando una atención significativa. Las Redes Neuronales Convolucionales (CNNs) han demostrado ser extremadamente eficaces para el análisis y clasificación de imágenes, destacándose por su capacidad para extraer patrones complejos y jerárquicos directamente de grandes conjuntos de datos [5], [8]. Sin embargo, una de las principales críticas hacia este tipo de modelos es su opacidad: el cómo llegan a sus decisiones no siempre es fácil de entender, lo que plantea un problema en aplicaciones médicas donde la interpretabilidad y la confianza son esenciales.

Por otro lado, la lógica difusa proporciona un enfoque complementario al permitir que sistemas computacionales trabajen con incertidumbre y ambigüedad, aspectos inherentes en los datos médicos [6], [11], [19]. Además, su estructura basada en reglas resulta intuitiva y comprensible, ya que está diseñada para imitar el razonamiento humano. Esto la convierte en una herramienta ideal para traducir los resultados complejos de las redes neuronales en una forma más interpretable y accionable.

La integración de estas dos técnicas ofrece un equilibrio entre precisión y aplicabilidad, permitiendo desarrollar sistemas híbridos que no solo destacan por su alto rendimiento, sino también por la claridad en su funcionamiento. Esta sinergia tiene un enorme potencial para revolucionar el campo del diagnóstico médico automatizado, proporcionando a los profesionales de la salud herramientas más confiables para la toma de decisiones.

El propósito principal de este enfoque es aprovechar las fortalezas de cada una de estas tecnologías. Mientras las CNNs procesan grandes volúmenes de datos y generan predicciones basadas en patrones complejos, la lógica difusa se encarga de convertir esas predicciones en salidas comprensibles basadas en reglas clínicas predefinidas.

CAPÍTULO 2

ANTECEDENTES

En las últimas décadas, los avances en inteligencia artificial han revolucionado múltiples campos, incluyendo la medicina, donde el análisis y la clasificación de imágenes juegan un papel crucial [13], [32], [33]. Una de las tecnologías más prominentes en este contexto son las Redes Neuronales Convolucionales (CNNs), que han demostrado un rendimiento excepcional en tareas de visión por computadora como la detección y clasificación de objetos. Su capacidad para extraer características jerárquicas de los datos las convierte en una herramienta poderosa para analizar imágenes médicas [13], [14], [29].

Sin embargo, las CNNs presentan limitaciones importantes, especialmente en aplicaciones médicas. La naturaleza de "caja negra" de estas redes dificulta la interpretación de los resultados, lo que genera desconfianza en entornos clínicos donde la transparencia es esencial. Además, los modelos basados exclusivamente en redes neuronales suelen requerir grandes volúmenes de datos etiquetados, un recurso que no siempre está disponible en el ámbito de la salud.

Paralelamente, la lógica difusa se ha establecido como un enfoque matemático ideal para modelar incertidumbres y trabajar con datos imprecisos. Inspirada en la forma en que los humanos razonan, la lógica difusa utiliza conjuntos difusos y reglas basadas en conocimiento experto para tomar decisiones. Esto le otorga una ventaja significativa en entornos donde los datos son incompletos o ambiguos, como ocurre frecuentemente en la medicina.

La combinación de Redes Neuronales Convolucionales (CNNs) con lógica difusa constituye un enfoque híbrido altamente prometedor, al unir la capacidad de aprendizaje automático profundo con mecanismos de razonamiento interpretables [16], [17], [18]. Mientras que las CNNs se encargan de extraer automáticamente patrones complejos a partir de imágenes médicas, la lógica difusa aporta un marco formal para manejar la incertidumbre e interpretar los resultados en términos lingüísticos comprensibles para los profesionales clínicos [7], [11], [19]. Esta sinergia no solo incrementa la precisión diagnóstica del sistema, sino que también mejora su transparencia e interpretabilidad, abordando una de las principales limitaciones de los modelos de aprendizaje profundo puro [36], [38].

2.1 Definiciones Clínicas

2.1.1 Riñones

Los riñones son órganos vitales que filtran los desechos y el exceso de agua de la sangre para formar orina. Además, regulan el equilibrio de electrolitos y la presión arterial en el cuerpo. Su función es esencial para mantener la homeostasis del organismo [1].

2.1.2 Cálculos renales

Los cálculos renales, comúnmente conocidos como piedras en el riñón, son depósitos duros de minerales y sales que se forman en el sistema urinario. Pueden causar dolor intenso y complicaciones si no se tratan a tiempo [2].

2.1.3 Tumores renales

Los tumores renales son crecimientos anormales de tejido en los riñones, que pueden ser benignos o malignos. Los tumores malignos incluyen el carcinoma de células renales, uno de los tipos más comunes de cáncer renal [3].

2.1.4 Quistes renales

Los quistes renales son sacos llenos de líquido que se forman en los riñones. Aunque en la mayoría de los casos son benignos y asintomáticos, pueden indicar enfermedades renales más graves si son numerosos o causan complicaciones [4].

Tabla 2.1. Comparación entre Clases de Imágenes Renales

Clase	Descripción Clínica	Características Visuales Típicas en Imágenes	Importancia Diagnóstica
Normal	Riñón sin alteraciones.	Contornos regulares, sin sombras ni masas.	Sirve como referencia base.
Quiste	Saco con líquido benigno.	Zona redonda oscura con bordes definidos.	Generalmente benigno.
Piedra	Acumulación de minerales.	Puntos brillantes o sombras blancas.	Puede causar dolor intenso.
Tumor	Crecimiento anormal.	Masa sólida, irregular, bordes imprecisos.	Potencial malignidad.

La Tabla 2.1 presenta una comparación entre las principales clases de imágenes renales analizadas en este estudio: normal, quiste, piedra y tumor. Para cada clase se describe su definición clínica, sus características visuales típicas en las imágenes médicas y su relevancia diagnóstica.

2.2 Definiciones Técnicas

2.2.1 Redes Neuronales

Las redes neuronales son modelos computacionales inspirados en la estructura y funcionamiento del cerebro humano. Estas redes están formadas por unidades interconectadas llamadas neuronas, organizadas en capas que procesan datos de manera jerárquica. Una de las variantes más destacadas en el campo del análisis de imágenes son las Redes Neuronales Convolucionales (CNNs), diseñadas para extraer características específicas de datos visuales. Las CNNs utilizan segmentación. Desde su introducción, este tipo de técnicas han revolucionado el análisis de datos visuales en diversas disciplinas, incluyendo la medicina [5], [9], [13].

2.2.2 Lógica Difusa

La lógica difusa es una extensión de la lógica clásica que permite manejar conceptos imprecisos o inciertos, similares al razonamiento humano. Introducida por Lotfi Zadeh en 1965, este enfoque utiliza conjuntos difusos, donde los elementos tienen un grado de pertenencia en lugar de pertenecer de manera absoluta. Esta capacidad hace que la lógica difusa sea particularmente útil en sistemas donde los datos no son exactos o contienen ambigüedades. En la práctica, los sistemas de lógica difusa se implementan mediante reglas basadas en conocimiento experto y funciones de pertenencia, facilitando la toma de decisiones en entornos inciertos [6], [11], [19].

2.2.3 Sistemas Híbridos: Redes Neuronales y Lógica Difusa

Los sistemas híbridos que combinan redes neuronales y lógica difusa representan un enfoque innovador para aprovechar las fortalezas de ambas tecnologías. Las redes neuronales, con su capacidad para procesar grandes volúmenes de datos y extraer patrones complejos, se encargan de la etapa de aprendizaje y análisis automático. Por su parte, la lógica difusa complementa este proceso al proporcionar interpretabilidad y razón explícita a los resultados obtenidos [7].

En estos sistemas, las salidas de la red neuronal se convierten en entradas para un sistema de inferencia difusa. Este sistema utiliza reglas definidas por expertos para tomar decisiones basadas en los patrones identificados por la red. La combinación permite construir modelos robustos que no solo ofrecen resultados precisos, sino también explicaciones comprensibles, lo cual es esencial en aplicaciones clínicas [16], [17].

2.2.4 Inferencia Difusa MAMDANI

El sistema de inferencia difusa Mamdani es un modelo que utiliza reglas "Si-Entonces" para traducir entradas en salidas basadas en una lógica difusa. Es ampliamente utilizado en aplicaciones donde la interpretación de reglas es intuitiva, como en sistemas expertos [7], [8], [11].

2.2.5 Aprendizaje Profundo

El aprendizaje profundo es un sub campo del aprendizaje automático que utiliza redes neuronales con múltiples capas para extraer características complejas de datos no estructurados. Ha revolucionado áreas como la visión por computadora y el procesamiento del lenguaje natural [9].

2.2.6 Clasificación de Imágenes

La clasificación de imágenes es el proceso de asignar etiquetas predefinidas a imágenes basándose en sus características visuales. Esta tarea es fundamental en aplicaciones como la detección de enfermedades a partir de imágenes médicas [9], [13], [32].

2.2.7 Pre procesamiento de Imágenes

El pre procesamiento de imágenes incluye técnicas para mejorar la calidad de las imágenes y prepararlas para el análisis, como la normalización, el ajuste de contraste y el re escalado [10].

2.2.8 Validación Cruzada

La validación cruzada es una técnica estadística utilizada para evaluar el rendimiento de un modelo de aprendizaje. Divide los datos en conjuntos de entrenamiento y prueba para garantizar que los resultados sean generalizables [11], [13], [32].

2.2.9 Arquitectura de Redes Neuronales

La arquitectura de una red neuronal describe su diseño estructural, incluyendo el número de capas, la cantidad de neuronas por capa y la función de activación utilizada. Una buena arquitectura es clave para el rendimiento del modelo [12], [5], [8].

2.2.10 Variables lingüísticas

En la lógica difusa, las variables lingüísticas son términos expresados en palabras (como "bajo", "medio" o "alto") en lugar de valores numéricos. Estas variables permiten una representación intuitiva de la información [6], [7], [11].

2.2.11 Funciones de membresía

Las funciones de membresía describen el grado de pertenencia de un valor a un conjunto difuso, representando la incertidumbre de manera matemática. Estas funciones son fundamentales en sistemas de lógica difusa, ya que permiten traducir variables numéricas en conceptos lingüísticos como “bajo”, “medio” o “alto” [6], [7], [19], [36], [38].

2.2.12 Sistema experto

Un sistema experto es un programa informático diseñado para tomar decisiones o resolver problemas en un dominio específico basándose en reglas predefinidas y datos de entrada. Los sistemas difusos suelen implementarse en sistemas expertos [12].

2.3 Antecedentes de Sistemas Utilizados en Clasificación de Imágenes Médicas

La clasificación automática de imágenes médicas es un área de investigación activa que ha evolucionado gracias a la integración de técnicas de aprendizaje profundo y sistemas de lógica difusa [13], [16], [36].

A continuación, se describen algunos sistemas relevantes utilizados en este ámbito:

2.3.1 Sistemas Basados en Redes Neuronales Convolucionales (CNNs)

Las redes neuronales convolucionales (CNNs) se han convertido en la técnica dominante para la clasificación de imágenes médicas debido a su capacidad para extraer características jerárquicas directamente de las imágenes. Un estudio realizado por Khan et al. Aplicó una CNN profunda para la detección de tumores renales, obteniendo una precisión superior al 92% en la clasificación de imágenes [13]. Otros trabajos han confirmado la eficacia de las CNNs en tareas similares, logrando altos niveles de rendimiento en el diagnóstico de patologías renales mediante imágenes médicas [14], [29].

De manera similar, Zhou et al. Desarrollaron un modelo CNN que clasifica imágenes de ultrasonido renal en distintas categorías patológicas. Su enfoque permitió identificar características relevantes, logrando una alta sensibilidad y especificidad en la clasificación [14].

2.3.2 Sistemas Basados en Lógica Difusa

La lógica difusa ha sido utilizada en la clasificación de imágenes médicas debido a su capacidad para manejar incertidumbre y ambigüedad en los datos. Rezaee et al. Combinaron lógica difusa con características extraídas de imágenes de resonancia magnética para clasificar tumores

Cerebrales, demostrando que los sistemas difusos pueden mejorar la precisión en casos de datos ambiguos [15]. Otros estudios también han destacado la utilidad de la lógica difusa en contextos clínicos complejos, especialmente al aplicar reglas lingüísticas para mejorar la toma de decisiones diagnósticas [19], [25].

En otro estudio, Shankar et al. Integraron lógica difusa con redes neuronales convolucionales (CNNs) para la clasificación de imágenes de diagnóstico por ultrasonido. Este sistema híbrido mejoró la interpretabilidad de las predicciones, utilizando reglas difusas para ajustar la salida de la red neuronal [16].

2.4 Sistemas Híbridos en la Clasificación de Imágenes Renales

Los sistemas híbridos, que combinan CNN con lógica difusa, han mostrado un gran potencial en la clasificación de imágenes médicas complejas. Hassan et al. Implementaron un modelo en el que las probabilidades de clasificación generadas por la CNN fueron utilizadas como entradas para un sistema de lógica difusa Mamdani. Este enfoque permitió asignar etiquetas finales a las imágenes de manera robusta y eficiente [17]. De forma similar, otros estudios han demostrado que la integración de lógica difusa mejora la interpretabilidad de los resultados obtenidos por redes neuronales profundas, lo cual es esencial en contextos clínicos [16], [31].

Por otro lado, Ali et al. [18]. demostraron que la integración de sistemas difusos en modelos de aprendizaje profundo mejora significativamente la capacidad del sistema para manejar incertidumbre, especialmente en casos donde las imágenes presentan características superpuestas, baja calidad o niveles elevados de ruido, como ocurre comúnmente en estudios de ultrasonido renal. Este tipo de integración permite no solo mejorar la precisión, sino también ofrecer un nivel adicional de interpretabilidad al proceso de clasificación, lo cual es fundamental en entornos médicos. Además, otros estudios han respaldado esta estrategia híbrida, destacando que el uso de lógica difusa permite traducir las salidas de modelos neuronales en decisiones más comprensibles, utilizando reglas lingüísticas adaptadas al conocimiento clínico [16], [36], [38]. Esta combinación resulta particularmente útil en escenarios clínicos reales donde la ambigüedad y la variabilidad de los datos dificultan la toma de decisiones puramente algorítmicas.

Los antecedentes muestran que la combinación de redes neuronales convolucionales (CNNs) con sistemas de lógica difusa representa una solución efectiva para la clasificación de imágenes médicas, especialmente en escenarios con incertidumbre. Estos enfoques han demostrado mejoras significativas en precisión, sensibilidad y generalización, lo que los convierte en herramientas valiosas para el diagnóstico automático de patologías renales.

En los últimos años, el desarrollo de sistemas inteligentes híbridos ha cobrado gran relevancia en el campo del diagnóstico médico, integrando el aprendizaje profundo con técnicas basadas en lógica difusa [8, 22, 28]. Estos enfoques permiten una mayor interpretabilidad en la toma de decisiones clínicas, especialmente en casos donde los límites entre clases no son claros [6, 11, 38].

Además de los avances generales en deep learning [5, 8, 9], se han explorado modelos específicos para la clasificación de imágenes renales mediante técnicas como aprendizaje contrastivo, transferencia de conocimiento y autoaprendizaje supervisado [14, 29, 30, 34, 35]. Estas investigaciones han demostrado mejoras en la detección de estructuras complejas en imágenes de ultrasonido y tomografía computarizada.

Los sistemas híbridos que combinan CNN con lógica difusa han sido aplicados exitosamente en contextos como la clasificación de tumores, análisis de imágenes cardíacas y patologías respiratorias [15–18, 24–26, 31, 40]. Incluso se han integrado con algoritmos evolutivos o árboles de decisión para fortalecer la capacidad de decisión bajo incertidumbre [21, 37, 39].

Estudios como los de [23, 33, 36] han consolidado revisiones y encuestas que confirman la eficacia de estos enfoques para tareas complejas de segmentación y clasificación médica.

En consecuencia, el presente trabajo se enmarca dentro de esta línea de investigación, buscando no solo precisión, sino también robustez y flexibilidad en el análisis de imágenes médicas renales.

CAPÍTULO 3 METODOLOGÍA

Este capítulo describe detalladamente el enfoque metodológico adoptado para el desarrollo del sistema híbrido propuesto, orientado a la clasificación automática de imágenes de riñones. Se presenta en primer lugar la base de datos utilizada, incluyendo su estructura, características y proceso de pre procesamiento aplicado para garantizar la calidad de los datos. Posteriormente, se expone el modelo propuesto, el cual integra técnicas de redes neuronales convolucionales (CNNs) para la extracción de características con un sistema de lógica difusa tipo Mamdani para la clasificación. La metodología se estructura en etapas claramente definidas que abarcan desde la adquisición y preparación de datos, hasta la interpretación de resultados, lo cual permite una evaluación más precisa y robusta del rendimiento del sistema en tareas de diagnóstico médico automatizado.

3.1 Base de datos

La base de datos que se utilizó para este trabajo de investigación consta de un total de 11,756 imágenes de riñones, cuidadosamente seleccionadas y etiquetadas en cuatro categorías principales: quistes, cálculos, tumores y normales. Estas categorías representan diferentes condiciones clínicas que afectan al riñón, proporcionando una variedad de casos relevantes para el entrenamiento y la validación del modelo [41].

Cada una de las imágenes tiene un tamaño estándar de 224 x 224 píxeles, lo que garantiza una resolución uniforme y facilita su procesamiento por los modelos de aprendizaje profundo. Para asegurar una representación equilibrada en cada categoría, la base de datos está distribuida equitativamente, con un total de 2,939 imágenes por categoría [41].

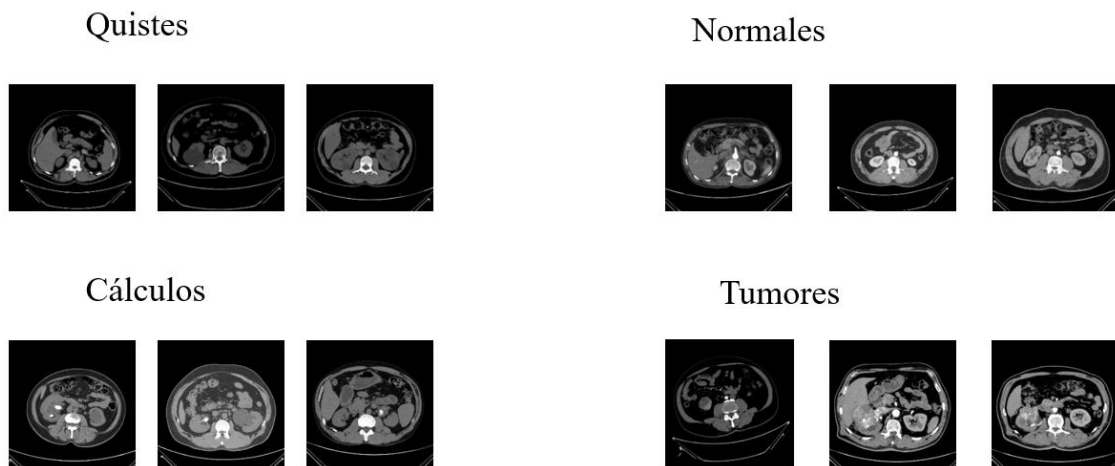


Figura 3.1. *Ejemplo de base de datos.*

Como se muestra en la Figura 3.1 la colección de imágenes fue dividida en subconjuntos para fines de entrenamiento y validación del modelo. En el conjunto de entrenamiento, se utilizaron 400 imágenes por categoría, mientras que para la validación se asignaron 300 imágenes por categoría, asegurando una evaluación consistente del rendimiento del modelo.

Además, las imágenes de esta base de datos provienen de fuentes confiables y han sido sometidas a un proceso de pre procesamiento que incluye ajustes de contraste, normalización y re escalado, lo que mejora la calidad de los datos y optimiza su utilidad en el modelo de clasificación. Esta base de datos constituye un recurso fundamental para el desarrollo y evaluación de sistemas de diagnóstico automático de enfermedades renales.

Tabla 3.1. *Distribución de imágenes por clase en la base de datos*

Clase	Imágenes de Entrenamiento	Imágenes de Validación
Normal	400	300
Quiste	400	300
Piedra	400	300
Tumor	400	300

La Tabla 3.1 muestra la distribución de imágenes utilizadas en el conjunto de datos para el proceso de entrenamiento y validación del modelo propuesto. La base de datos está organizada en cuatro clases principales correspondientes a diferentes condiciones renales: Normal, Quiste, Piedra y Tumor. Para cada clase se seleccionaron un total de 700 imágenes, las cuales se dividieron en dos subconjuntos: 400 imágenes para el entrenamiento del modelo y 300 imágenes para la validación.

Esta distribución equitativa entre clases asegura un balance en el conjunto de datos, lo cual es crucial para evitar sesgos durante el aprendizaje del modelo y garantizar una evaluación justa de su desempeño. El conjunto de entrenamiento se emplea para ajustar los parámetros de la red neuronal, mientras que el conjunto de validación se utiliza para supervisar el rendimiento del modelo con datos no vistos y así prevenir el sobreajuste.

Este enfoque balanceado contribuye a mejorar la generalización del sistema de clasificación y permite que el modelo aprenda de manera representativa las características de cada clase patológica.

3.2 Modelo Propuesto

El modelo propuesto está diseñado para la clasificación de imágenes de riñones en diferentes categorías utilizando una combinación de técnicas avanzadas de redes neuronales convolucionales (CNNs) y lógica difusa. El proceso completo se divide en tres etapas principales como se muestra en la Tabla 3.2.

Tabla 3.2. *Etapas del Modelo Híbrido CNN + Lógica Difusa*

Etapa	Proceso Realizado	Tecnología Usada	Resultado Esperado
Adquisición y Preprocesamiento	Recolección, normalización y escalado de imágenes.	MATLAB, funciones de imagen	Imágenes listas para análisis automático.
Extracción de características	Detección de patrones y estructuras internas.	Red Neuronal CNN	Vectores con características relevantes.
Clasificación difusa	Asignación de clases según reglas y pertenencia.	Sistema Mamdani (FIS)	Clasificación más interpretable y robusta.

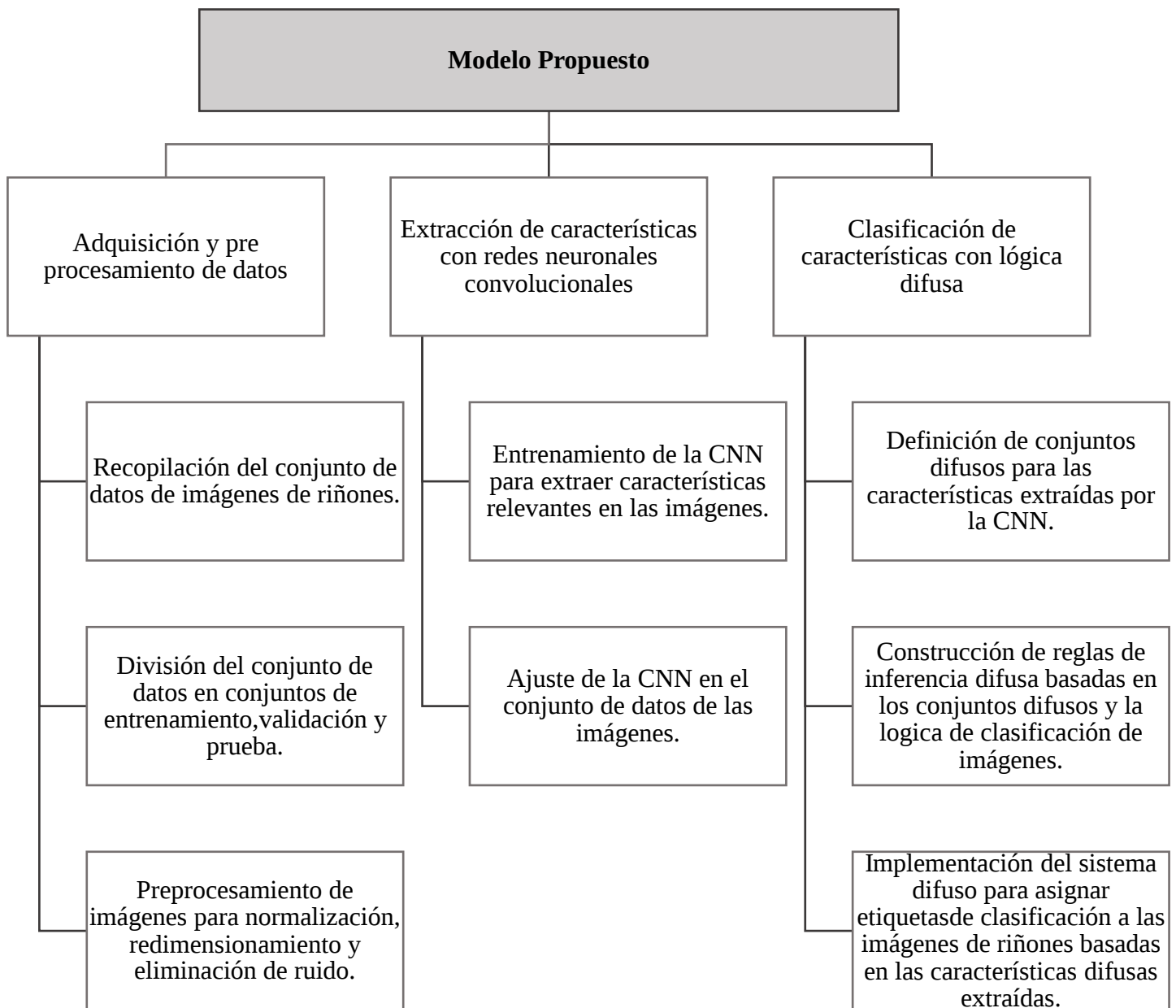


Figura 3.2. *Diagrama General del sistema propuesto.*

En la Figura 3.2 podemos observar como el modelo se estructura en tres etapas principales: adquisición y preprocesamiento de datos, extracción de características mediante redes neuronales convolucionales, y clasificación con lógica difusa. Este enfoque híbrido permite mejorar la precisión y robustez del sistema, combinando la capacidad de aprendizaje automático de las CNNs con el razonamiento aproximado de la lógica difusa para una clasificación más interpretable.

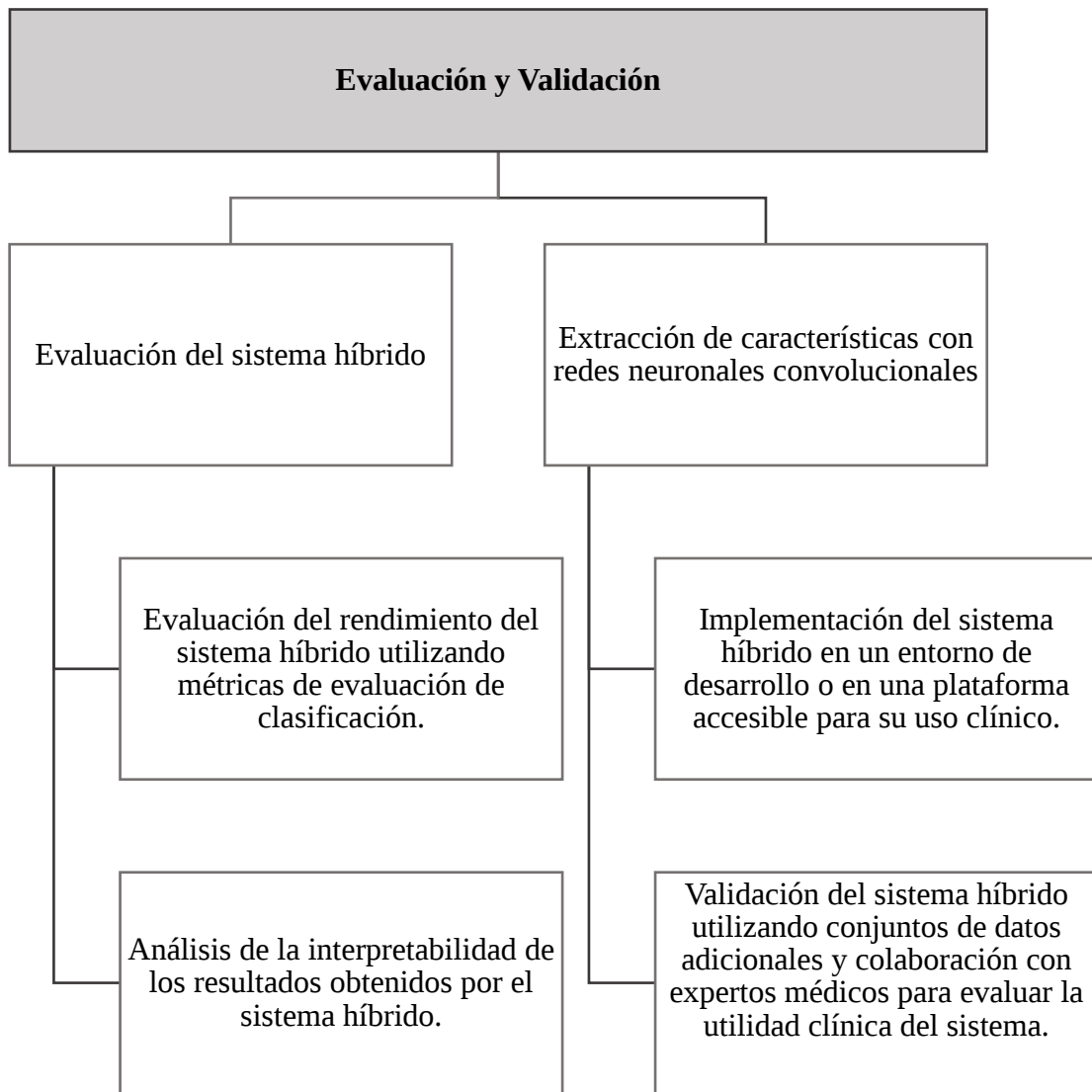


Figura 3.3. *Proceso de Evaluación e Implementación del Sistema Híbrido*

La Figura 3.3 representa el flujo general de evaluación y validación del sistema híbrido propuesto, dividido en dos etapas principales: la evaluación del rendimiento mediante métricas de clasificación y análisis de interpretabilidad, y la implementación en un entorno de desarrollo, seguida de una validación clínica mediante datos adicionales y colaboración con expertos médicos. Este proceso asegura tanto la efectividad técnica como la utilidad clínica del sistema desarrollado.

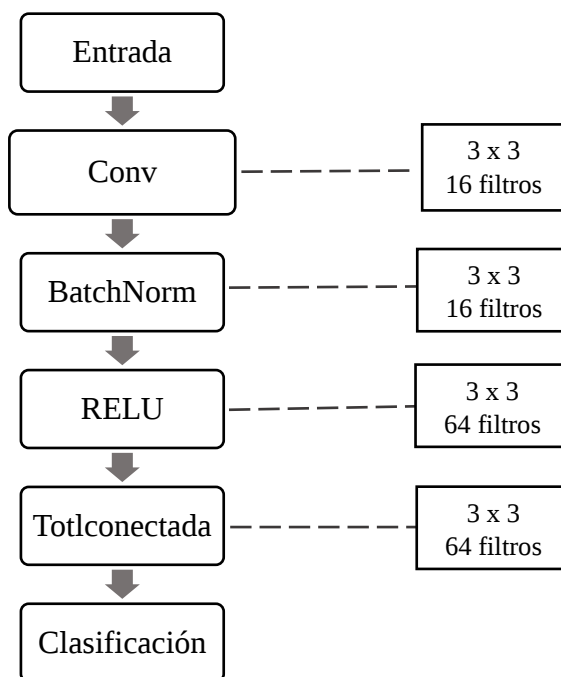


Figura 3.4. *Arquitectura de la Red Neuronal CNN Propuesta.*

La Figura 3.4 representa la arquitectura de la red neuronal convolucional (CNN) propuesta para la clasificación automática de imágenes de riñones. Esta arquitectura ha sido diseñada para procesar imágenes de entrada de tamaño $224 \times 224 \times 3$ píxeles, correspondientes a imágenes en color RGB. El modelo está conformado por una serie de capas secuenciales que permiten la extracción de características discriminantes y su posterior clasificación en una de las cuatro categorías clínicas: normal, quiste, cálculo o tumor.

El flujo de procesamiento comienza con una capa convolucional (Conv) que emplea filtros de tamaño 3×3 y 16 canales, lo cual permite detectar patrones locales básicos en las imágenes, como bordes y texturas. A continuación, se aplica una normalización por lotes (BatchNorm), que estabiliza y acelera el entrenamiento al reducir el sesgo covariante interno. Seguidamente, una función de activación ReLU (Rectified Linear Unit) introduce no linealidades al modelo, lo que le permite aprender representaciones más complejas.

Posteriormente, se incorpora una segunda capa convolucional con 64 filtros de tamaño 3×3 , seguida nuevamente por una operación de normalización y una segunda activación ReLU. Esta configuración permite una detección más profunda de características jerárquicas, ya que las capas iniciales aprenden patrones simples y las siguientes capas combinan estos patrones para reconocer estructuras más complejas.

Finalmente, las características extraídas se envían a una capa totalmente conectada (Fully Connected o “TotlConectada”), seguida por otra capa totalmente conectada de salida (“Tconectada”), donde cada neurona representa una de las clases posibles. Esta capa final utiliza una función de activación Softmax, que transforma los valores de salida en probabilidades, permitiendo realizar la clasificación de las imágenes en función de la categoría con mayor probabilidad asignada.

Esta arquitectura aprovecha la capacidad de las CNNs para detectar patrones espaciales relevantes en las imágenes, y sienta las bases para la posterior etapa de clasificación difusa, que agrega interpretabilidad y robustez al sistema propuesto.

Tabla 3.3. *Parámetros de la arquitectura CNN propuesta*

Componente	Parámetros
Capa de Entrada	Tamaño de imagen: 224x224 píxeles
1ª Capa Convolutiva	16 filtros, padding 'same'
2ª Capa Convolutiva	32 filtros, padding 'same'
3ª Capa Convolutiva	64 filtros, padding 'same'
Capa Fully Connected	4 neuronas (una por clase)
Función de Activación	ReLU
Capa de Salida	Softmax

La Tabla 3.3 resume los componentes principales de la red neuronal convolutiva (CNN) diseñada para la extracción de características en imágenes de riñones. La arquitectura inicia con una capa de entrada de tamaño 224x224 píxeles, seguida por tres capas convolucionales con un número creciente de filtros (16, 32 y 64) para capturar patrones de complejidad creciente. Se utiliza la función de activación ReLU en las capas ocultas y una capa completamente conectada con 4 neuronas, correspondientes a las clases: normal, quiste, piedra y tumor. Finalmente, la salida se procesa mediante una función Softmax para realizar la clasificación multiclase.

1. Adquisición y Pre procesamiento de Datos

En esta primera etapa, se recopilan imágenes de riñones y se preparan para el análisis. El conjunto de datos se divide en subconjuntos de entrenamiento, validación y prueba. Las imágenes se someten a procesos de pre procesamiento, como normalización, redimensionamiento y eliminación de ruido, con el objetivo de mejorar su calidad y facilitar su uso en las etapas posteriores.

2. Extracción de Características con Redes Neuronales Convolucionales

En esta fase, se entrena una red neuronal convolucional (CNN) para extraer características relevantes de las imágenes de riñones. El modelo CNN es ajustado utilizando el conjunto de datos previamente pre procesado, permitiendo identificar patrones y detalles significativos en las imágenes.

3. Clasificación de Características con Lógica Difusa

Finalmente, las características extraídas por la CNN se utilizan como entrada para un sistema de lógica difusa. En esta etapa, se definen conjuntos difusos y se construyen reglas de inferencia difusa. El sistema difuso asigna etiquetas de clasificación a las imágenes basándose en las características analizadas, permitiendo una clasificación robusta y precisa de las imágenes de riñones.

Este modelo propuesto integra las ventajas de las redes neuronales convolucionales, que son eficientes en la extracción de características complejas, con la lógica difusa, que maneja la incertidumbre y la ambigüedad en la clasificación. Esto lo convierte en un enfoque innovador y efectivo para el análisis automático de imágenes médicas.

A continuación se muestra un diagrama de flujo de como es el proceso para la clasificación correcta de las imágenes con su respectiva clasificación.

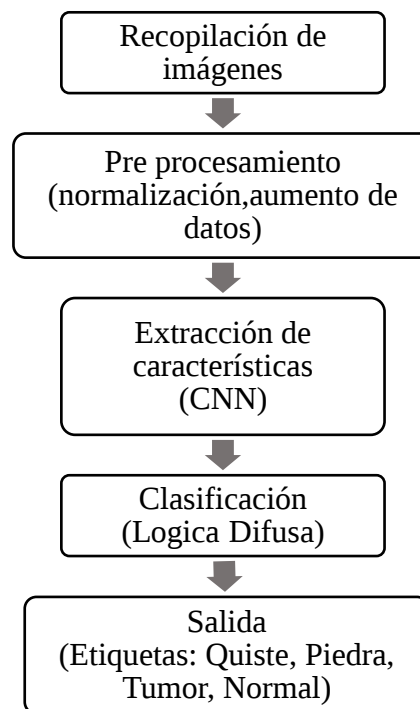


Figura 3.5. *Diagrama de Flujo del sistema*

En la Figura 3.5 podemos observar lo siguiente:

- **Recopilación de Imágenes:** Se obtienen las imágenes etiquetadas de riñones.
- **Pre procesamiento:** Las imágenes se normalizan y se aplican técnicas de aumento de datos para mejorar la robustez del modelo.
- **Extracción de Características:** Se utiliza una red neuronal convolucional (CNN) para extraer características relevantes de las imágenes.
- **Clasificación:** Se aplica un sistema de lógica difusa para clasificar las imágenes en las diferentes categorías.
- **Salida:** Se generan etiquetas que indican la clase de cada imagen (Quistes, cálculos, tumores o normales).

CAPÍTULO 4

EXPERIMENTACIÓN

La etapa de experimentación representa un componente fundamental en la validación científica del modelo propuesto, ya que permite evaluar su desempeño bajo condiciones controladas y reproducibles. En este capítulo se detallan los procedimientos metodológicos implementados para llevar a cabo las pruebas experimentales, así como la configuración de los parámetros utilizados durante el entrenamiento, validación y prueba del sistema híbrido basado en redes neuronales convolucionales (CNN) y lógica difusa. El propósito de esta sección es proporcionar evidencia empírica que respalde la eficacia del modelo en la tarea de clasificación de imágenes renales, considerando tanto métricas cuantitativas como criterios de interpretabilidad. Asimismo, se busca demostrar la capacidad del sistema para generalizar a nuevos datos y su potencial aplicabilidad en contextos clínicos reales.

4.1 Experimentación del modelo Propuesto.

4.1.2 Capa de entrada.

La capa de entrada recibe como datos imágenes de riñones con dimensiones de 224x224 píxeles. Estas imágenes corresponden a las cuatro clases objetivo: Normal, Quiste, Piedra y Tumor.

4.1.3 Capas Convolucionales

Las capas convolucionales son responsables de extraer características locales de las imágenes mediante la aplicación de filtros. Estas características incluyen patrones relevantes como bordes, texturas y esquinas. La arquitectura propuesta cuenta con tres capas convolucionales:

- Primera capa: 16 filtros.
- Segunda capa: 32 filtros.
- Tercera capa: 64 filtros.

Cada filtro genera un mapa de características, mostrando la respuesta del filtro en diferentes regiones de la imagen. El número de filtros en cada capa determina la cantidad de patrones o características que la red puede aprender y representar.

4.1.4 Capas de Normalización por Lotes

Para mejorar la estabilidad y acelerar el entrenamiento, después de cada capa convolucional se incluye una capa de normalización por lotes. Esta técnica normaliza las salidas de las capas convolucionales, asegurando que tengan una distribución uniforme. Esto facilita el aprendizaje al evitar desbalances en la escala de los valores durante la propagación.

4.1.5 Capas de Activación (ReLU)

A continuación de cada capa convolucional y de normalización se aplica la función de activación ReLU (Rectified Linear Unit). La función ReLU convierte los valores negativos en cero y permite a la red aprender relaciones no lineales en los datos. Esto resulta crucial para modelar patrones más complejos y mejorar el rendimiento de la red.

4.1.6 Capas de Pooling

Se integran capas de pooling para reducir la dimensionalidad de los mapas de características. Específicamente, se utiliza el método de Max Pooling, que selecciona el valor máximo dentro de pequeñas regiones del mapa. Esta técnica tiene las siguientes ventajas:

- Disminuye la resolución de los mapas de características, reduciendo el número de parámetros del modelo.
- Incrementa la eficiencia computacional del modelo.
- Hace que la red sea más robusta a pequeñas variaciones o distorsiones en las imágenes.

4.1.7 Capa Totalmente Conectada

La capa completamente conectada final tiene 4 neuronas, donde cada neurona representa una de las clases de salida: Normal, Quiste, Piedra y Tumor. Esta capa recibe como entrada las características aprendidas por las capas convolucionales y las mapea a las posibles categorías.

4.1.8 Capa Softmax

La salida de la capa completamente conectada pasa a través de una capa Softmax. Esta capa convierte las salidas en probabilidades, donde cada valor representa la probabilidad de que la imagen pertenezca a una clase específica.

4.1.9 Capa de Clasificación

Finalmente, la capa de clasificación asigna la imagen a la clase con la probabilidad más alta obtenida por la capa Softmax.

Tabla 4.1. *Componentes Técnicos de la CNN*

Componente de la CNN	Función Técnica	Impacto en el Modelo
Capa Convolutacional	Extrae características locales con filtros.	Detecta bordes, formas y texturas.
Capa de normalización por lote	Normaliza la salida de capas anteriores.	Acelera y estabiliza el entrenamiento.
Capa de Activación ReLU	Aplica no linealidad al modelo.	Mejora la capacidad de aprendizaje.
Capa de Pooling	Reduce dimensional dad.	Hace el modelo más eficiente y generalizable.
Capa totalmente conectada	Mapea características a clases.	Realiza la decisión inicial de clasificación.
Softmax + Clasificación	Calcula probabilidades por clase y asigna etiqueta.	Determina la clase con mayor probabilidad.

La Tabla 4.1 detalla los principales componentes de la red neuronal convolutacional (CNN) y su función dentro del modelo propuesto. Cada capa cumple un rol específico en el procesamiento y análisis de las imágenes: desde la extracción de características mediante capas convolucionales y la normalización de datos para optimizar el entrenamiento, hasta la toma de decisiones a través de capas totalmente conectadas y la asignación final de clases mediante la función Softmax. En conjunto, estos elementos permiten una clasificación robusta y precisa de las imágenes renales.

4.1.10 Entrenamiento del Modelo

El modelo fue entrenado utilizando un conjunto de datos de imágenes etiquetadas. El proceso de entrenamiento incluye los siguientes pasos:

- **Función de pérdida:** Se utilizó una función de pérdida que mide la diferencia entre las predicciones del modelo y las etiquetas verdaderas.
- **Optimización:** Para minimizar la función de pérdida, se aplicó el algoritmo de optimización SGDM (Stochastic Gradient Descent with Momentum). Este método, que es una variación del gradiente descendente estocástico, permite una convergencia más rápida y estable al incluir el momento acumulado en la dirección de ajuste de los pesos.
- **Ajuste de pesos:** Durante el entrenamiento, la red ajusta los pesos de los filtros y las conexiones para mejorar la precisión de sus predicciones.

4.1.11 Integración del Sistema de Lógica Difusa

Una vez que la red neuronal convolucional ha extraído las características y generado probabilidades de clasificación, se implementa un sistema de lógica difusa para mejorar la toma de decisiones en la clasificación final.

- **Definición de conjuntos difusos:** Se definen conjuntos difusos para cada clase (Normal, Quiste, Piedra y Tumor) a partir de las probabilidades de salida generadas por la red neuronal.
- **Reglas de inferencia difusa:** Se construyen reglas de inferencia basadas en la lógica difusa para combinar las salidas de la CNN y determinar la clasificación final.
- **Sistema de salida:** El sistema de lógica difusa produce una salida que asigna a la imagen una clase final, mejorando la robustez del modelo frente a la incertidumbre presente en las predicciones.

En esta parte de la experimentación el proceso experimental propuesto combina la capacidad de extracción de características de una red neuronal convolucional con la interpretabilidad y robustez de un sistema de lógica difusa. La CNN se encarga de aprender patrones visuales relevantes, mientras que la lógica difusa refina y asigna las categorías finales, obteniendo así un modelo eficiente y preciso para la clasificación de imágenes de riñones.

4.2 Implementación del sistema MAMDANI para clasificación difusa.

El sistema Mamdani es una de las técnicas de inferencia difusa más utilizadas debido a su capacidad para manejar incertidumbre en los datos y proporcionar interpretabilidad en los resultados [7], [36]. En el presente trabajo, se implementó un sistema de lógica difusa Mamdani para realizar la clasificación de imágenes de riñones en las siguientes categorías:

- Normal
- Quiste
- Piedra
- Tumor

El sistema incluye los siguientes pasos: fuzzificación, evaluación de reglas difusas, agregación de salidas, y defuzzificación.

4.2.1 Fuzzificación

En la fase de fuzzificación, las probabilidades de predicción generadas por la red neuronal para cada clase son transformadas en valores difusos. Estas probabilidades corresponden a las siguientes variables de entrada:

- ProbNormal: Probabilidad de que la imagen sea "Normal".
- ProbCist: Probabilidad de que la imagen contenga un "Quiste".
- ProbStone: Probabilidad de que la imagen contenga una "Piedra".
- ProbTumor: Probabilidad de que la imagen contenga un "Tumor".

Cada probabilidad está normalizada entre 0 y 1 y se asigna a conjuntos difusos definidos con las etiquetas: Baja, Media y Alta.

4.2.2 Funciones de membresía

Se utilizaron funciones de membresía del tipo triangular (trimf) para definir los grados de pertenencia de las probabilidades a los conjuntos difusos. Una función triangular asigna grados de pertenencia parciales a un valor numérico, permitiendo que una probabilidad pertenezca a más de un conjunto simultáneamente. Por ejemplo, una probabilidad de 0.4 puede tener grados de pertenencia en los conjuntos Baja y Media, lo que proporciona flexibilidad para manejar la incertidumbre en los datos de entrada.

4.2.3 Evaluación de Reglas Difusas

En esta fase, se aplican las reglas difusas previamente definidas en formato Si-Entonces. Estas reglas describen las relaciones entre las entradas difusas (ProbNormal, ProbCist, ProbStone y ProbTumor) y la salida difusa (clase final predicha).

Tabla 4.2. Conjunto de reglas difusas

#	Reglas Difusas
1	Si ProbNormal es Alta, entonces la clase es Normal.
2	Si ProbCist es Alta y ProbTumor es Baja, entonces la clase es Quiste.
3	Si ProbStone es Media o ProbTumor es Media, entonces la clase es Piedra.
4	Si ProbTumor es Alta, entonces la clase es Tumor.
5	Si ProbNormal es Media y las demás son Bajas, entonces la clase es Normal.
6	Si ProbCist es Media y ProbStone es Baja, entonces la clase es Quiste.
7	Si ProbStone es Alta y ProbTumor es Baja, entonces la clase es Piedra.
8	Si ProbTumor es Alta y ProbCist es Media, entonces la clase es Tumor.
9	Si ProbNormal es Baja y ProbStone es Alta, entonces la clase es Piedra.
10	Si ProbCist es Alta y ProbNormal es Baja, entonces la clase es Quiste.
11	Si ProbTumor es Media y las demás son Bajas, entonces la clase es Tumor.
12	Si ProbStone es Media y ProbCist es Baja, entonces la clase es Piedra.
13	Si ProbNormal es Media y ProbTumor es Baja, entonces la clase es Normal.
14	Si ProbCist es Baja y ProbTumor es Alta, entonces la clase es Tumor.
15	Si ProbStone es Alta y ProbNormal es Baja, entonces la clase es Piedra.
16	Si ProbCist es Alta y ProbStone es Media, entonces la clase es Quiste.

En la Tabla 4.2 podemos observar las reglas que nos permiten combinar la salida de la red neuronal con la lógica difusa, proporcionando una toma de decisiones más robusta frente a posibles incertidumbres en las imágenes.

4.2.4 Agregación de Salidas

Una vez evaluadas las 16 reglas difusas, se procede a combinar sus salidas para obtener un único conjunto difuso que represente la decisión final del sistema. En el modelo Mamdani, la agregación de las salidas se lleva a cabo mediante la operación máximo (OR), la cual selecciona el mayor grado de pertenencia entre las conclusiones de todas las reglas activadas. El resultado de esta agregación es un conjunto difuso compuesto por las cuatro posibles salidas lingüísticas: Normal, Quiste, Piedra y Tumor, cada una con su correspondiente grado de pertenencia. Este conjunto será posteriormente utilizado en el proceso de defuzzificación para obtener una única clase final predicha. Esta operación selecciona el grado más alto de pertenencia entre las salidas de todas las reglas aplicadas, resultando en un único conjunto difuso que representa la clase final predicha.

4.2.5 Defuzzificación

La defuzzificación es el proceso mediante el cual el conjunto difuso de salida se convierte en un valor numérico concreto, correspondiente a la clase predicha final. En el presente sistema, se utilizó el método del centroide o centro de gravedad, que es uno de los métodos más comunes en sistemas Mamdani.

4.2.6 Método evalfis

En la implementación práctica, se utilizó el método evalfis para realizar la defuzzificación. Este método toma el conjunto difuso de salida y lo convierte en un valor numérico único, que corresponde a la clase de salida final.

Por ejemplo, si el conjunto difuso resultante tiene una mayor pertenencia en la categoría "Tumor", el sistema evalfis predice que la imagen corresponde a la clase Tumor.

4.3 Funciones de Membresía

En los sistemas de lógica difusa, las funciones de membresía constituyen un componente esencial para representar el grado con el que una variable pertenece a un conjunto difuso. A diferencia de la lógica clásica, donde la pertenencia es binaria (0 o 1), la lógica difusa permite asignar valores continuos entre 0 y 1, ofreciendo así una representación más flexible, continua y cercana al razonamiento humano [6], [11].

En este trabajo, las funciones de membresía se aplican directamente sobre las probabilidades de salida generadas por la red neuronal convolucional (CNN), correspondientes a las clases Normal, Quiste, Piedra y Tumor. Estas probabilidades, al ser transformadas en valores difusos, facilitan el manejo de la ambigüedad y la incertidumbre inherentes al proceso de clasificación automática, lo cual resulta particularmente útil en el contexto del diagnóstico médico asistido [7], [36].

Para este propósito, se utilizaron funciones de membresía del tipo triangular (trimf), ampliamente adoptadas en sistemas de inferencia difusa tipo Mamdani por su bajo costo computacional y facilidad de implementación. Este tipo de función se define mediante tres parámetros (mínimo, medio y máximo), y permite modelar etiquetas lingüísticas tales como Baja, Media y Alta [11]. Gracias a esta estructura, una misma entrada puede tener diferentes grados de pertenencia a varios conjuntos, lo cual enriquece la inferencia difusa.

A continuación, se resumen los elementos clave del sistema:

Tabla 4.3. *Elementos del sistema difuso empleado*

Elemento	Descripción
Funciones de membresía	Representan el grado de pertenencia de una probabilidad a un conjunto difuso.
Tipo de Función	Triangular (trimf)
Conjuntos difusos definidos	Baja, Media, Alta
Reglas difusas	Definidas bajo el esquema Si-Entonces; se usaron 16 reglas para relacionar las entradas con la salida difusa.
Salida del sistema	Una clase final predicha: Normal, Quiste, Piedra o Tumor.
Método de defuzzificación	Centroide (utilizando la función evalfis para obtener un valor crisp).

Tabla 4.4. *Funciones de Membresía Aplicadas*

Etiqueta	Dominio	Forma	Descripción
Baja	0 - 0.5	Triangular	Alto grado en 0, decrece a 0 en 0.5
Media	0.3 - 0.7	Triangular	Máximo en 0.5, decrece en ambos extremos
Alta	0.5 - 1	Triangular	Creciente desde 0.5, máximo en 0.7+

La Tabla 4.4 describe las funciones de membresía utilizadas en el sistema de lógica difusa para representar los diferentes niveles de pertenencia de las probabilidades generadas por la CNN. Se emplearon funciones triangulares por su simplicidad y eficiencia computacional. Las etiquetas difusas utilizadas son Baja, Media y Alta, cada una definida en un dominio específico. La función Baja abarca el rango de 0 a 0.5, con mayor pertenencia en valores cercanos a 0; la función Media está centrada en 0.5, representando valores intermedios; mientras que la función Alta comienza a partir de 0.5 y alcanza su máxima pertenencia hacia valores superiores a 0.7. Estas funciones permiten interpretar de forma gradual las salidas probabilísticas del modelo y facilitan la toma de decisiones dentro del sistema difuso.

4.4 Funciones de Membresía y su Aplicación en la Clasificación Difusa

En el marco de los sistemas difusos, las funciones de membresía representan el núcleo del proceso de inferencia, ya que permiten modelar la incertidumbre asociada a las variables de entrada. Estas funciones definen cómo cada valor numérico se traduce en un grado de pertenencia a un conjunto lingüístico como Bajo, Medio o Alto, lo cual resulta esencial para representar conocimientos imprecisos o ambiguos, tal como ocurre frecuentemente en el análisis de imágenes médicas [6], [11].

En este trabajo, las funciones de membresía se aplican a las probabilidades de salida generadas por la red neuronal convolucional (CNN) para cada clase diagnóstica: Normal, Quiste, Piedra y Tumor. Estas probabilidades, en su forma numérica, son transformadas en valores difusos a través de funciones de tipo triangular (trimf), con el objetivo de permitir una clasificación más interpretativa y flexible. Cada una de estas funciones está diseñada para abarcar un intervalo específico del dominio $[0, 1]$, de modo que una probabilidad pueda pertenecer, con distintos grados, a más de un conjunto difuso de manera simultánea.

Así, mediante la evaluación de estas funciones, se establece el nivel de certeza con el que se puede predecir una clase, lo que permite activar diferentes reglas difusas para obtener una decisión robusta. Este enfoque no solo mejora la interpretación del sistema por parte de expertos clínicos, sino que también refuerza su capacidad para manejar casos límite o ambiguos, donde los modelos puramente deterministas podrían fallar.

La siguiente ecuación representa una función de pertenencia triangular decreciente utilizada para representar probabilidades bajas en sistemas de lógica difusa:

$$\mu_{Baja}(x) = \begin{cases} 1, & \text{si } 0 \leq x \leq 0.3 \\ \frac{0.5 - x}{0.2}, & \text{si } 0.3 < x \leq 0.5 \\ 0, & \text{si } x > 0.5 \end{cases} \quad (4.1)$$

Descripción:

Dominio: x es el valor de probabilidad que puede estar entre 0 y 1. Esto representa la probabilidad de una clase (como "Normal", "Quiste", "Piedra", "Tumor").

Secciones:

- **Primer caso:** Si x está entre 0 y 0.3, el valor de pertenencia es 1. Esto significa que si la probabilidad es entre 0 y 0.3, se considera completamente baja (es decir, pertenece 100% al conjunto de probabilidades bajas).
- **Segundo caso:** Entre 0.3 y 0.5, la función de pertenencia decrece linealmente. Esta parte de la ecuación: $\frac{(0.5-x)}{0.2}$

Indica que a medida que x se acerca a 0.5, el valor de pertenencia disminuye hacia 0. Esto significa que si la probabilidad es mayor a 0.3 pero menor a 0.5, se considera cada vez menos "Baja".

- **Tercer caso:** Si x es mayor que 0.5, la pertenencia es 0, lo que significa que una probabilidad mayor a 0.5 ya no es considerada baja.

La función para las probabilidades medias tiene esta forma:

$$\mu_{Media}(x) = \begin{cases} 0, & \text{si } x \leq 0.3 \parallel x \geq 0.7 \\ \frac{x - 0.3}{0.2}, & \text{si } 0.3 < x \leq 0.5 \\ \frac{0.7 - x}{0.2}, & \text{si } 0.5 < x < 0.7 \end{cases} \quad (4.2)$$

Descripción:

Dominio: x es nuevamente la probabilidad (entre 0 y 1).

Secciones:

- **Primer caso:** Si x es menor o igual a 0.3, o mayor o igual a 0.7, la pertenencia es 0. Esto significa que fuera de este rango (0.3 a 0.7), la probabilidad no se considera "Media".
- **Segundo caso:** Si x está entre 0.3 y 0.5, la pertenencia aumenta linealmente desde 0 a 1.

La ecuación: $\frac{x-0.3}{0.2}$

Representa cómo la pertenencia a la categoría "Media" crece linealmente a medida que la probabilidad sube de 0.3 a 0.5. En $x=0.5$, la pertenencia es máxima.

- **Tercer caso:** Entre 0.5 y 0.7, la pertenencia comienza a disminuir linealmente. La ecuación: $\frac{0.7-x}{0.2}$

Indica que a medida que x se aproxima a 0.7, el valor de pertenencia desciende hacia 0. Esto significa que una probabilidad entre 0.5 y 0.7 se considera "Medio", pero menos a medida que x se acerca a 0.7.

La función para las probabilidades altas es:

$$\mu_{Alta}(x) = \begin{cases} 0, & \text{si } x \leq 0.5 \\ \frac{x - 0.5}{0.2}, & \text{si } 0.5 < x \leq 0.7 \\ 1, & \text{si } x > 0.7 \end{cases} \quad (4.3)$$

Descripción:

Dominio: x es la probabilidad (entre 0 y 1).

Secciones:

- **Primer caso:** Si x es menor o igual a 0.5, la pertenencia es 0. Esto significa que las probabilidades inferiores a 0.5 no se consideran "Altas".
- **Segundo caso:** Entre 0.5 y 0.7, la pertenencia aumenta linealmente desde 0 hasta 1. La ecuación: $\frac{x-0.5}{0.2}$

Indica que a medida que x se acerca a 0.7, la probabilidad se considera más alta. En $x=0.7$, la pertenencia llega a 1.

- **Tercer caso:** Si x es mayor que 0.7, la pertenencia es 1, lo que significa que cualquier probabilidad mayor a 0.7 se considera completamente alta.

En resumen podríamos indicar que:

- La función baja comienza en 1 (máxima pertenencia) cuando la probabilidad es 0 y cae a 0 en 0.5.
- La función media tiene un pico en 0.5, y su pertenencia es máxima en ese punto.
- La función alta comienza a subir en 0.5 y alcanza su máximo valor (1) a partir de 0.7.

Relación entre las tres funciones:

- Las tres funciones de membresía están diseñadas de manera que cualquier valor de probabilidad entre 0 y 1 pueda tener un cierto grado de pertenencia en una o más categorías (Baja, Media, o Alta).
- Al definir estas funciones, cualquier probabilidad (digamos, la probabilidad de que una imagen tenga un Tumor) se evalúa para ver a qué grado pertenece a cada conjunto difuso (Bajo, Medio, o Alto). Dependiendo del grado de pertenencia a cada conjunto, las reglas difusas se activarán para hacer la clasificación final.

4.5 Funciones de membresía de entrada.

Las funciones de membresía de entrada asignan un grado de pertenencia a las probabilidades de salida obtenidas por la CNN, clasificándolas en los conjuntos difusos “Bajo”, “Medio” y “Alto”. Estas funciones permiten representar de forma gradual la incertidumbre asociada a cada clase. Como se muestra en la Figura 4.1, cada valor de probabilidad puede tener diferentes niveles de pertenencia según su magnitud, lo que posibilita una clasificación más flexible y realista.

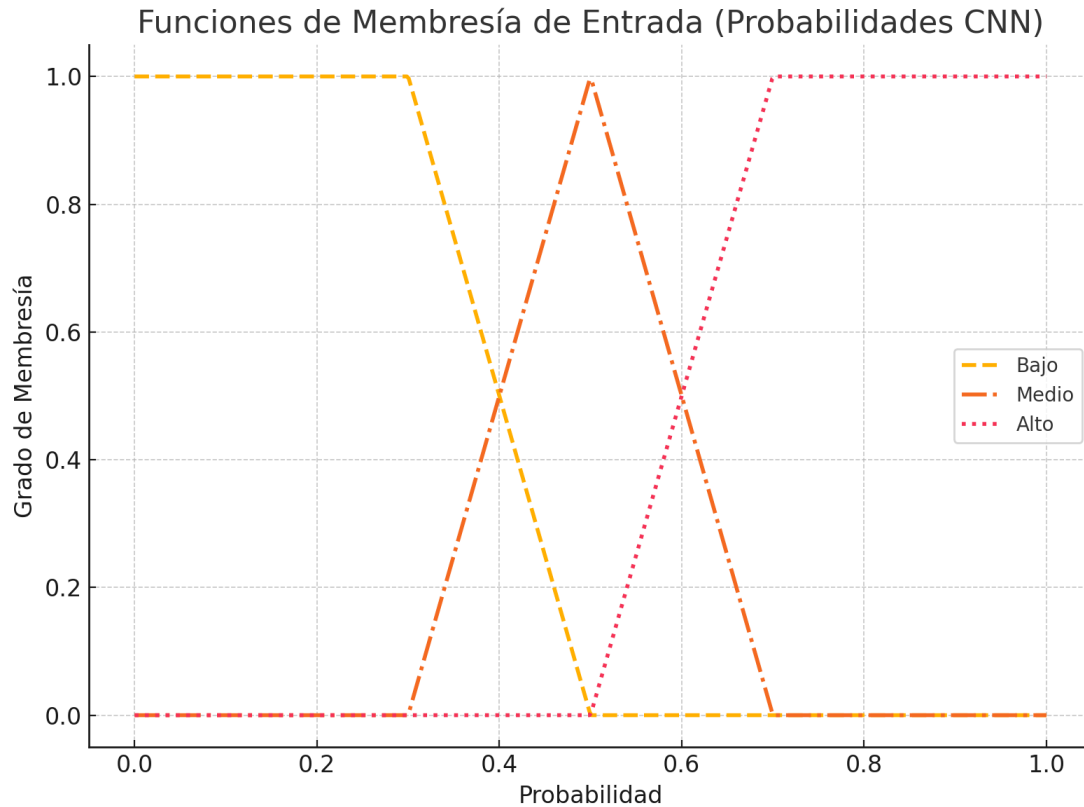


Figura 4.1. Funciones de membresía de entrada aplicadas a las probabilidades de la CNN

En la Figura 4.1 se ilustran las funciones de membresía utilizadas para transformar las probabilidades obtenidas de la red neuronal en variables lingüísticas difusas. Estas funciones permiten asignar un grado de pertenencia a los valores de entrada dentro de los conjuntos “Bajo”, “Medio” y “Alto”. Esta representación difusa es clave para introducir flexibilidad e interpretar con mayor precisión las salidas del modelo CNN, especialmente cuando los valores de probabilidad se encuentran en zonas de transición. Gracias a esta conversión, el sistema puede operar de manera más tolerante a la incertidumbre, activando múltiples reglas de inferencia cuando un mismo valor tiene pertenencia en más de un conjunto.

4.6 Funciones de membresía de salida.

Las funciones de membresía de salida determinan cómo el sistema clasifica los resultados. Las clases predichas (Normal, Quiste, Piedra, Tumor) se clasifican en términos de pertenencia difusa: "Bajo", "Medio", "Alto".

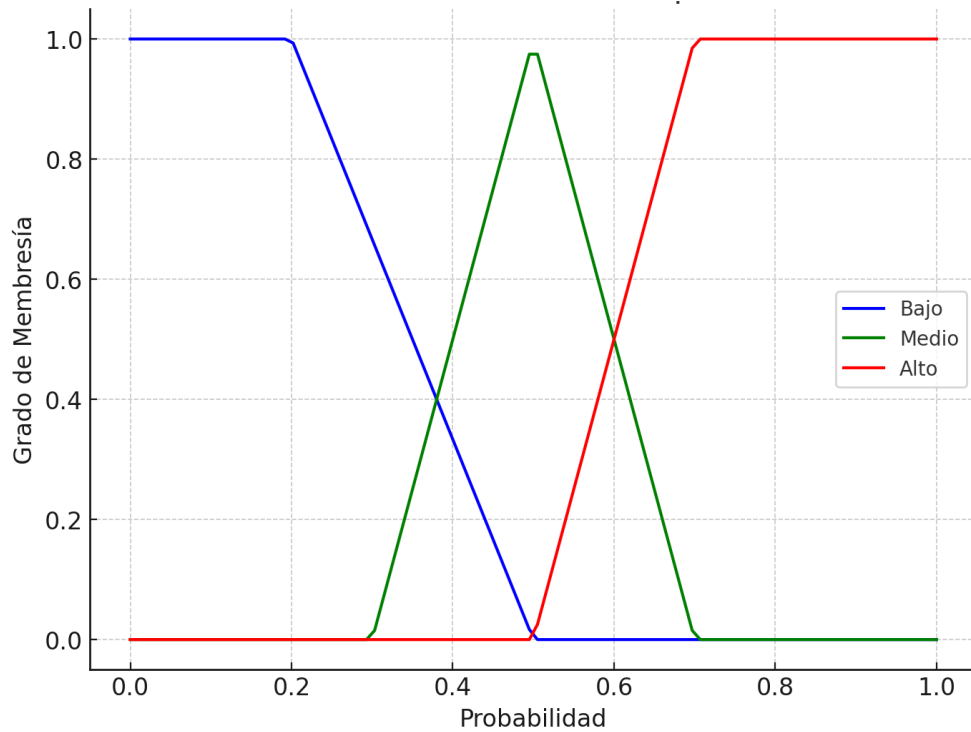


Figura 4.2. Funciones de membresía de salida para clasificación

Como se muestra en la Figura 4.2 cada clase tiene tres niveles de pertenencia que definen la certeza de la predicción:

- **Bajo:** Baja certeza en la predicción de una clase.
- **Medio:** Certeza intermedia en la predicción de una clase.
- **Alto:** Alta certeza en la predicción de una clase.

A continuación se muestra en la Tabla 4.3 el comportamiento de las reglas difusas dependiendo de cada una de las clases predichas.

Tabla 4.5 *Ejemplo de comportamiento de reglas difusas*

Probabilidad de la Clase	Bajo	Medio	Alto	Clase Predicha
Normal	X	X	✓	Normal
Quiste	X	X	✓	Quiste
Piedra	X	X	✓	Piedra
Tumor	X	X	✓	Tumor
Normal	✓	✓	X	Normal (con menor certeza)
Quiste	✓	✓	X	Quiste (con menor certeza)
Piedra	✓	✓	X	Piedra (con menor certeza)
Tumor	✓	✓	X	Tumor (con menor certeza)
Ninguna Clase	X	X	X	Clase con mayor probabilidad

Como se observa en la Tabla 4.5 si las probabilidades de "Normal" y "Quiste" son Altas, entonces la clase predicha es Normal

Explicación: Si la red neuronal asigna una alta probabilidad tanto a "Normal" como a "Quiste", pero no está completamente segura, esta regla decide a favor de "Normal". Esto se basa en la naturaleza del problema o la prevalencia de ciertas condiciones. En este caso, si no hay otra indicación clara de una patología más grave (como "Piedra" o "Tumor"), podemos suponer que el riñón está más cerca de ser normal.

Si las probabilidades de "Normal" y "Piedra" son Altas, entonces la clase predicha es Piedra

Explicación: En esta regla, se asume que "Piedra" es una condición más crítica que "Normal". Cuando hay dudas entre estas dos clases, la decisión se inclina hacia "Piedra", porque es importante detectar cualquier signo de patología y evitar clasificar incorrectamente una piedra como un riñón normal.

Combinaciones de alta probabilidad entre dos clases (Quiste, Piedra, Tumor)

Razonamiento: Estas reglas permiten manejar situaciones donde la red neuronal asigna alta probabilidad a dos clases a la vez. Dado que no siempre hay una separación perfecta entre las clases, estas reglas aseguran que el sistema no quede indeciso. Por ejemplo:

- Si "Quiste" y "Piedra" tienen probabilidades altas, es razonable elegir "Quiste", ya que podría ser una condición menos grave.
- Si "Quiste" y "Tumor" tienen probabilidades altas, se elige "Tumor", dado que un tumor es más urgente de diagnosticar que un Quiste.

Reglas sobre Bajas Probabilidades

Razonamiento: Estas reglas se diseñan para manejar casos donde las probabilidades de las clases principales (Normal, Quiste, Piedra) son bajas, y por lo tanto, se elige la clase más crítica (como "Tumor"). Estas reglas también actúan en situaciones donde la red no está clara sobre una clasificación, pero se necesita una decisión, prefiriendo siempre la detección de posibles patologías.

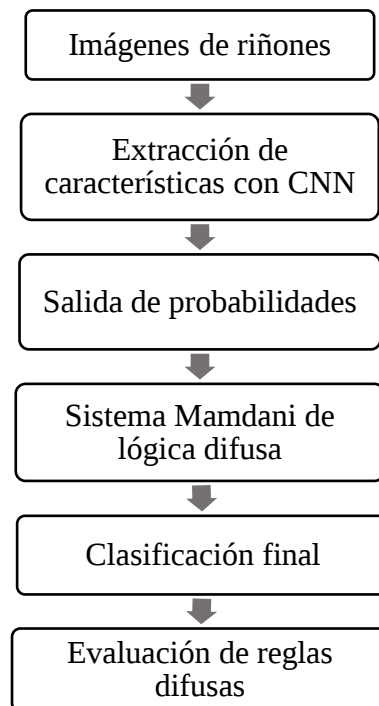


Figura 4.3. Diagrama explicativo del sistema híbrido CNN + lógica difusa.

La Figura 4.3 ilustra de manera esquemática el funcionamiento del sistema híbrido propuesto, el cual combina las capacidades de una Red Neuronal Convolucional (CNN) con un sistema de lógica difusa tipo Mamdani, con el fin de realizar una clasificación precisa e interpretable de imágenes de riñones.

El proceso inicia con la entrada de una imagen de riñón, la cual es procesada por una CNN encargada de realizar la extracción automática de características. Esta red convolucional aprovecha técnicas de aprendizaje profundo, lo que le permite identificar patrones complejos en las imágenes con alta precisión, robustez y un desempeño sólido ante variaciones en los datos de entrada.

Una vez extraídas las características relevantes, la CNN genera una salida en forma de probabilidades asociadas a cada una de las posibles clases (quiste, cálculo, tumor o normal). Estas salidas probabilísticas no se utilizan directamente para clasificar, sino que se transforman en entradas para un sistema de lógica difusa tipo Mamdani, lo cual constituye una de las principales fortalezas del modelo híbrido.

El sistema difuso Mamdani permite incorporar reglas lingüísticas y conocimiento experto para realizar una evaluación de reglas difusas. Este componente se caracteriza por su interpretabilidad, su capacidad para manejar incertidumbre inherente a las imágenes médicas, y su robustez ante ambigüedades. En este sentido, a diferencia de una CNN pura que funciona como una "caja negra", la lógica difusa brinda transparencia al proceso decisional.

Finalmente, la información evaluada a través de las reglas difusas permite generar una clasificación final, en la que cada imagen es asignada a una de las clases diagnósticas. Este resultado no solo mantiene un alto nivel de precisión, sino que también es explicable y confiable, cualidades esenciales en el contexto clínico.

En conjunto, este diagrama evidencia cómo el sistema híbrido aprovecha lo mejor de dos enfoques: el poder de representación de las redes neuronales y la claridad interpretativa de la lógica difusa, logrando un sistema inteligente integral y adecuado para aplicaciones de diagnóstico médico automatizado.

CAPÍTULO 5

RESULTADOS

En este capítulo se muestran los experimentos que se realizaron, incluyendo pruebas estadísticas para evaluar el rendimiento del modelo utilizando la red neuronal convolucional en conjunto con lógica difusa.

5.1 Experimentos realizados.

La evaluación del modelo se realizó utilizando dos métricas principales: la precisión en el conjunto de entrenamiento y la precisión en el conjunto de validación después de integrar el sistema de lógica difusa. A continuación, se detallan los resultados obtenidos, su significado y la interpretación correspondiente.

- **Resultado:** 0.94250 (94.25%)

- **Significado:**

El modelo alcanzó una precisión del 94.25% en el conjunto de entrenamiento. Esto significa que aproximadamente el 94.25% de las imágenes utilizadas durante el entrenamiento fueron clasificadas correctamente en sus respectivas categorías (Normal, Quiste, Piedra y Tumor).

- **Interpretación:**

La alta precisión en el conjunto de entrenamiento sugiere que el modelo ha logrado aprender adecuadamente los patrones presentes en los datos. Esto demuestra la eficacia del modelo en la extracción de características relevantes y su capacidad para distinguir entre las clases.

Sin embargo, una precisión elevada en el entrenamiento puede ser indicativa de sobreajuste, un fenómeno en el que el modelo memoriza los datos de entrenamiento en lugar de aprender patrones generalizables. Por ello, es fundamental comparar este resultado con la precisión obtenida en el conjunto de validación para determinar si el modelo generaliza bien a datos no vistos.

5.2 Precisión en el Conjunto de Validación con Lógica Difusa

- **Resultado:** 0.90083 (90.08%)

- **Significado:**

El modelo logró una precisión del 90.08% en el conjunto de validación al integrar el sistema de lógica difusa. Esto indica que alrededor del 90.08% de las imágenes de validación fueron clasificadas correctamente en sus respectivas categorías.

- **Interpretación:**

La precisión obtenida en el conjunto de validación refleja que el modelo generaliza adecuadamente a nuevos datos, lo cual es fundamental para garantizar su desempeño en aplicaciones prácticas.

La diferencia del 4.17% entre la precisión de entrenamiento (94.25%) y la precisión de validación (90.08%) es relativamente pequeña y se considera aceptable. Esta diferencia sugiere que el modelo no presenta un sobreajuste significativo, ya que mantiene un rendimiento consistente en datos no utilizados durante el entrenamiento.

Además, la integración del sistema de lógica difusa contribuyó a mejorar la capacidad del modelo para manejar la incertidumbre en las predicciones, permitiendo clasificar de manera más robusta las imágenes ambiguas.

5.3 Resumen de los Resultados

Los resultados de precisión obtenidos demuestran que el modelo propuesto:

1. Ha aprendido correctamente los patrones presentes en los datos de entrenamiento (Precisión del 94.25%).
2. Generaliza bien a datos no vistos, como lo refleja la precisión del 90.08% en el conjunto de validación.
3. No muestra signos evidentes de sobreajuste, gracias a la diferencia mínima entre ambas precisiones.
4. La integración de lógica difusa mejoró la robustez y precisión del modelo en escenarios con incertidumbre.

Tabla 5.1. Comparación entre CNN Puro y CNN + Lógica Difusa

Característica Evaluada	CNN Puro	CNN + Lógica Difusa
Interpretabilidad	Baja	Alta
Precisión	91–92% aprox.	94.25% (entrenamiento), 90.08% (validación)
Tolerancia a incertidumbre	Limitada	Alta, gracias a reglas difusas
Adaptabilidad a imágenes ambiguas	Baja	Mejorada mediante evaluaciones difusas
Aplicabilidad clínica	Cuestionada por su naturaleza de caja negra	Mejorada por salida interpretativa

La Tabla 5.1 presenta una comparación entre dos enfoques utilizados en esta investigación para la clasificación de imágenes médicas: un modelo de Red Neuronal Convolutacional (CNN) puro y un modelo híbrido que combina CNN con lógica difusa. Esta comparación permite evaluar no solo el rendimiento cuantitativo, sino también cualidades cualitativas del sistema, fundamentales para su implementación en entornos clínicos reales.

En cuanto a la interpretabilidad, el modelo CNN puro presenta una baja capacidad explicativa, ya que sus decisiones se basan en representaciones internas difíciles de comprender para el usuario final. Por el contrario, el modelo híbrido CNN + lógica difusa ofrece una alta interpretabilidad, gracias al uso de reglas difusas explícitas que permiten entender cómo se asignan las clases a partir de características lingüísticas como “Alta”, “Media” o “Baja probabilidad”, facilitando su adopción en contextos médicos.

Respecto a la precisión, el modelo CNN puro alcanza valores aproximados entre 91% y 92%, lo cual representa un rendimiento aceptable. Sin embargo, al incorporar lógica difusa, se obtiene una mejora en la precisión del entrenamiento (94.25%) y se mantiene un rendimiento competitivo en la validación (90.08%), lo que demuestra que el modelo híbrido conserva su capacidad predictiva sin sacrificar generalización.

En términos de tolerancia a la incertidumbre, la CNN pura es limitada, ya que trata las decisiones como binarias y absolutas. El modelo híbrido, en cambio, maneja mejor la incertidumbre gracias al uso de inferencia difusa, permitiendo evaluaciones más suaves y tolerantes ante datos imprecisos o limítrofes.

La adaptabilidad a imágenes ambiguas, como aquellas que presentan características superpuestas entre clases, es otro aspecto en el que el modelo híbrido sobresale. La lógica difusa mejora esta capacidad al realizar clasificaciones más matizadas, mientras que una CNN pura puede confundirse más fácilmente al no contar con un mecanismo interno de razonamiento difuso.

Finalmente, la aplicabilidad clínica del modelo CNN puro puede verse limitada por su naturaleza de “caja negra”, lo cual dificulta su aceptación por parte de profesionales médicos que requieren explicaciones claras. En cambio, el sistema CNN + lógica difusa ofrece salidas más interpretables, lo que lo hace más adecuado para su implementación en entornos clínicos donde la transparencia y la confianza en el diagnóstico automatizado son esenciales.

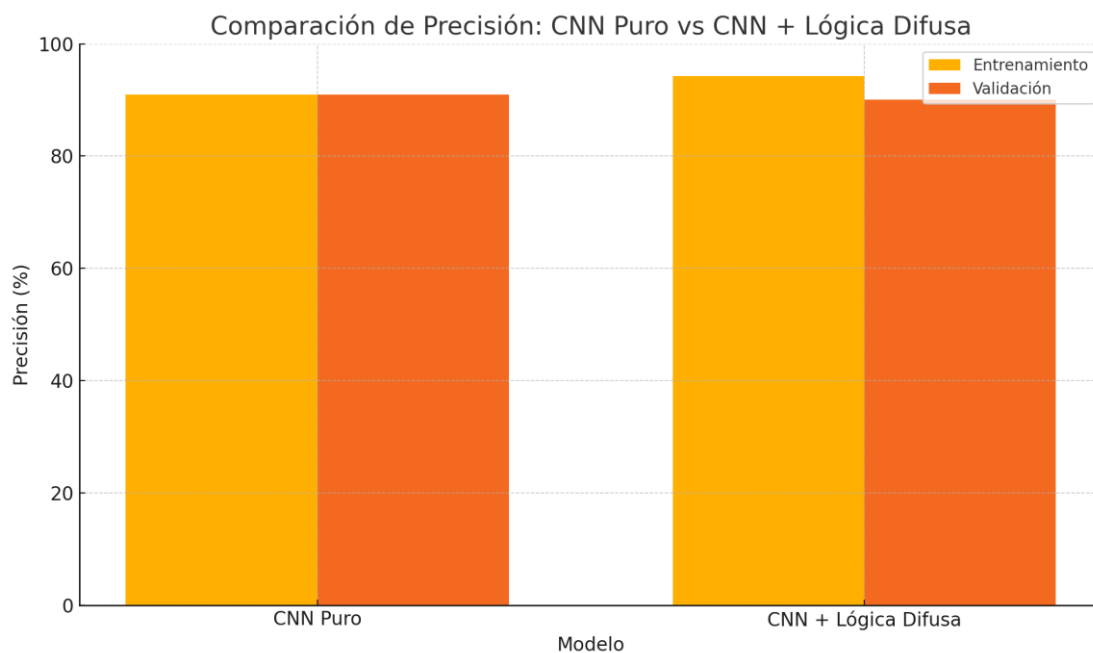


Figura 5.1. Comparación entre CNN Puro y CNN + Lógica Difusa

La Figura 5.1 muestra una comparación gráfica del rendimiento en términos de precisión (%) entre dos enfoques: el modelo CNN puro y el modelo híbrido CNN combinado con lógica difusa, tanto para las fases de entrenamiento como de validación. El objetivo de esta comparación es evaluar si la incorporación de lógica difusa mejora significativamente el comportamiento del modelo sin comprometer su capacidad de generalización.

En el caso del modelo CNN puro, se observa que la precisión obtenida durante el entrenamiento es cercana al 91%, mientras que la precisión en la validación también se mantiene alrededor del 91%, indicando un buen desempeño y generalización del modelo. Sin embargo, al tratarse de una red neuronal estándar, esta no incorpora mecanismos explícitos para manejar la ambigüedad o incertidumbre presentes en los datos médicos.

Por otro lado, el modelo CNN + lógica difusa presenta una ligera mejora en la precisión durante el entrenamiento, alcanzando un 94.25%, lo cual refleja una mayor capacidad para aprender patrones complejos en los datos. En la fase de validación, la precisión del modelo híbrido es de 90.08%, una cifra comparable al modelo CNN puro, lo que demuestra que la integración de lógica difusa no genera sobreajuste y mantiene una buena capacidad de generalización.

Además del rendimiento cuantitativo, esta figura refuerza la ventaja cualitativa del modelo híbrido: aunque las precisiones son similares, la lógica difusa aporta robustez interpretativa y una mejor gestión de la incertidumbre, aspectos especialmente relevantes en contextos clínicos donde los errores pueden tener consecuencias significativas.

En conjunto, esta visualización respalda la conclusión de que el modelo híbrido no solo mantiene una precisión competitiva, sino que también aporta mejoras significativas en términos de interpretabilidad, tolerancia a la ambigüedad y aplicabilidad en entornos reales.

Tabla 5.2. Resultados de 30 pruebas del modelo híbrido: Precisión, Sensibilidad, Especificidad y F1-Score

#	Precision	Sensibilidad	Especificidad	F1-Score
1	9.11E-01	8.89E-01	8.91E-01	9.03E-01
2	8.98E-01	9.38E-01	8.97E-01	9.20E-01
3	9.14E-01	9.00E-01	8.79E-01	8.87E-01
4	9.31E-01	8.79E-01	8.77E-01	8.94E-01
5	8.96E-01	9.17E-01	9.17E-01	8.93E-01
6	8.96E-01	8.76E-01	9.28E-01	8.71E-01
7	9.32E-01	9.05E-01	8.99E-01	9.07E-01
8	9.16E-01	8.61E-01	9.21E-01	9.06E-01
9	8.91E-01	8.74E-01	9.08E-01	9.01E-01
10	9.12E-01	9.05E-01	8.88E-01	8.96E-01
11	8.92E-01	9.15E-01	9.08E-01	8.72E-01
12	8.91E-01	9.04E-01	9.31E-01	8.92E-01
13	9.06E-01	8.98E-01	9.00E-01	8.94E-01
14	8.63E-01	8.95E-01	9.32E-01	8.85E-01
15	8.66E-01	8.71E-01	8.48E-01	8.97E-01
16	8.90E-01	8.86E-01	9.17E-01	9.09E-01
17	8.81E-01	8.91E-01	9.02E-01	9.38E-01
18	9.07E-01	9.22E-01	8.95E-01	9.04E-01
19	8.83E-01	9.08E-01	9.02E-01	9.06E-01
20	8.73E-01	8.65E-01	8.61E-01	8.99E-01
21	9.30E-01	9.07E-01	8.96E-01	8.62E-01
22	8.96E-01	8.93E-01	9.08E-01	9.00E-01
23	9.02E-01	8.87E-01	9.30E-01	9.02E-01
24	8.72E-01	9.13E-01	8.90E-01	9.50E-01
25	8.90E-01	9.21E-01	8.84E-01	8.97E-01
26	9.03E-01	9.19E-01	8.91E-01	9.07E-01
27	8.78E-01	8.84E-01	9.19E-01	9.00E-01
28	9.08E-01	8.94E-01	9.07E-01	8.77E-01
29	8.89E-01	9.07E-01	8.90E-01	9.24E-01
30	8.95E-01	9.20E-01	9.11E-01	9.16E-01

La Tabla 5.2 resume los resultados de 30 ejecuciones independientes del modelo híbrido propuesto, los cuales permiten evaluar de manera más robusta y confiable su desempeño en la clasificación de imágenes renales. Para cada ejecución, se calcularon cuatro métricas fundamentales: precisión, sensibilidad, especificidad y F1-score, con el objetivo de tener una visión completa del comportamiento del modelo ante distintas particiones de datos y posibles variaciones aleatorias en el entrenamiento

En términos generales, los resultados muestran que el modelo híbrido mantiene un rendimiento estable y competitivo en la mayoría de las ejecuciones. La precisión, que indica la proporción de predicciones correctas sobre el total de predicciones realizadas, oscila en un rango aproximado entre 86.2% y 93.2%, destacando en varias pruebas valores superiores al 90%, lo que evidencia una adecuada capacidad del modelo para tomar decisiones acertadas.

La sensibilidad, que mide la habilidad del modelo para identificar correctamente los casos positivos (por ejemplo, imágenes con patologías), se mantiene también en valores altos, con varias ejecuciones por encima del 91%, como en las pruebas 2, 18, 24 y 30. Este comportamiento es especialmente relevante en el contexto médico, ya que una alta sensibilidad implica una menor probabilidad de omitir casos patológicos.

En cuanto a la especificidad, que representa la capacidad del sistema para identificar correctamente los casos negativos (por ejemplo, imágenes normales), se observa una consistencia notable, con la mayoría de los valores situados entre 88% y 93%. Este equilibrio entre sensibilidad y especificidad confirma que el modelo no solo es capaz de detectar correctamente las enfermedades, sino también de evitar falsos positivos, lo cual es crucial para evitar diagnósticos erróneos.

El F1-score, que combina armónicamente la precisión y la sensibilidad, refuerza estos hallazgos con valores que en su mayoría superan el 0.89, alcanzando incluso cifras superiores al 0.92 en pruebas como el número 29 y 30. Este indicador es particularmente útil en contextos donde se busca un balance entre las métricas mencionadas, lo que lo convierte en una medida integral de rendimiento.

En conjunto, estos resultados permiten concluir que el modelo híbrido CNN + lógica difusa no solo presenta un rendimiento alto en precisión, sino también una robustez significativa frente a la variabilidad. La inclusión de la lógica difusa aporta una capa de interpretación adicional y mejora la estabilidad de las decisiones clasificatorias, posicionando este enfoque como una alternativa sólida y confiable para el apoyo al diagnóstico médico en imágenes renales.

5.4 Comparación con otros trabajos

Tabla 5.3. Resultados de otros trabajos similares

Estudio	Precisión	Sensibilidad	Especificidad	F1-Score
CNN + Logica difusa	89.70%	89.82%	90.09%	90.03%
VGG19 para detección de COVID-19	97.00%	64.00%	N/A	77.00%
OpticNet-71 en imágenes OCT	85.00%	93.00%	94.00%	89.00%

El modelo OpticNet-71 aplicado a imágenes de Tomografía de Coherencia Óptica (OCT) alcanzó una precisión del 85%, sensibilidad del 93%, especificidad del 94% y un F1-Score del 89% [42]. Aunque se centra en imágenes oculares, ofrece una referencia en el ámbito médico.

El modelo VGG19 utilizado para la detección de COVID-19 en radiografías de tórax mostró una alta precisión del 97%, pero una sensibilidad del 64%, lo que indica una menor capacidad para identificar correctamente los casos positivos [43].

El modelo propuesto de CNN combinado con Lógica Difusa muestra un desempeño sólido y equilibrado en términos de precisión, sensibilidad, especificidad y F1-Score, lo que indica una buena capacidad para clasificar imágenes renales en las categorías de quistes, cálculos, tumores y normales.

Aunque las comparaciones directas son limitadas debido a las diferencias en los conjuntos de datos y las patologías estudiadas, el modelo se encuentra en un rango competitivo en el contexto de la clasificación de imágenes médicas.

CAPÍTULO 6

CONCLUSIÓN

El presente capítulo tiene como propósito sintetizar los hallazgos más relevantes del trabajo de investigación, el cual propuso e implementó un sistema híbrido inteligente para la clasificación de imágenes médicas renales. Esta propuesta combinó el potencial de las redes neuronales convolucionales (CNNs) para la extracción automática de características visuales, con la capacidad de la lógica difusa tipo Mamdani para manejar la incertidumbre inherente a los procesos de clasificación médica. En este capítulo se abordan de manera estructurada las conclusiones generales del proyecto, las cuales se derivan del análisis del desempeño del sistema híbrido en términos de precisión, sensibilidad y capacidad de generalización. Se presentan también los resultados cuantitativos obtenidos durante el entrenamiento y la validación del modelo, que reflejan la eficacia del enfoque propuesto en la clasificación de imágenes en cuatro categorías clínicas: Normal, Quistes, Piedras y Tumores. Se analiza cómo cada componente del sistema contribuyó al desempeño global y se destaca la relevancia del uso de reglas difusas para refinar la etapa de decisión del modelo.

Adicionalmente, se discute el impacto que la combinación de CNNs y lógica difusa tuvo sobre la estabilidad del sistema frente a datos ambiguos o casos límite, lo cual constituye un aspecto crítico en aplicaciones médicas. Se pone de manifiesto que este tipo de integración no solo mejora la precisión del modelo, sino que también facilita una interpretación más coherente y comprensible de los resultados, lo cual es fundamental en entornos clínicos donde el juicio experto y la transparencia del sistema son prioritarios.

Finalmente, el capítulo plantea una serie de recomendaciones para trabajos futuros que incluyen mejoras en el diseño del sistema de inferencia difuso, aumento de la base de datos, validación en contextos más amplios, e incorporación de nuevas técnicas de inteligencia artificial. Estas líneas de trabajo tienen el potencial de fortalecer aún más el sistema propuesto y consolidarlo como una herramienta útil en el diagnóstico asistido por computadora en el ámbito médico. En su conjunto, este capítulo concluye y valora el aporte de la investigación al campo de la inteligencia artificial aplicada a la salud, destacando sus implicaciones prácticas y sus oportunidades de evolución.

6.1 Resumen de hallazgos relevantes

En el presente trabajo, se ha desarrollado un sistema híbrido inteligente que combina redes neuronales convolucionales (CNNs) y lógica difusa para la clasificación de imágenes de riñones en cuatro categorías: Normal, Quistes, Piedras y Tumores. A partir de los resultados obtenidos, se concluye lo siguiente:

6.2 Redes neuronales Convolucionales (CNNs)

La red neuronal convolucional (CNN) fue entrenada y optimizada con éxito, logrando extraer características relevantes de las imágenes renales. Esta etapa permitió identificar patrones visuales asociados con las diferentes condiciones, como bordes, texturas y estructuras internas. La arquitectura propuesta, con capas convolucionales, de normalización y de pooling, mostró un buen desempeño en el aprendizaje de características discriminativas.

6.3 Lógica difusa

La implementación de lógica difusa Mamdani como componente de clasificación permitió manejar la incertidumbre en las decisiones de salida del modelo. Al transformar las probabilidades generadas por la CNN en valores difusos y aplicar un sistema de reglas difusas, se logró una interpretación flexible y robusta de los resultados. Esta integración resultó particularmente útil en la clasificación de imágenes ambiguas o difíciles, donde la asignación de clases no es estrictamente binaria.

6.4 Resultados obtenidos

Los resultados del modelo híbrido reflejan un desempeño prometedor:

- **Precisión en el conjunto de entrenamiento:** El modelo alcanzó un 94.25%, lo que indica que ha logrado aprender patrones relevantes presentes en los datos de entrenamiento.
- **Precisión en el conjunto de validación:** La precisión fue del 90.08%, lo que sugiere que el modelo generaliza bien a datos no vistos. La pequeña diferencia entre ambas precisiones sugiere un mínimo sobreajuste.

6.5 Impacto del enfoque híbrido

La combinación de CNN y lógica difusa demostró ser efectiva, mejorando la robustez y flexibilidad del sistema en comparación con enfoques puramente basados en redes neuronales. Este modelo tiene un alto potencial para aplicarse en el diagnóstico automático de condiciones renales a partir de imágenes médicas.

6.6 Trabajos Futuros

A pesar de los resultados alentadores obtenidos, el modelo puede ser mejorado en varios aspectos para optimizar su rendimiento y generalización. Las siguientes propuestas se plantean como líneas de trabajo futuro:

6.6.1 Revisión de imágenes clasificadas incorrectamente

Es necesario realizar una evaluación detallada de las imágenes que el modelo ha clasificado de manera incorrecta. Esto permitirá identificar patrones específicos o características visuales que están generando confusión en el proceso de clasificación.

6.6.2 Optimización de la lógica difusa

Se podría ajustar la fase de decisión del sistema de lógica difusa, esto implica:

- Refinar las funciones de membresía para representar de manera más precisa las salidas generadas por la CNN.
- Revisar y optimizar las reglas difusas, especialmente en la clase "Normal", donde se ha observado una mayor tasa de errores.

6.6.3 Aumento y mejora del conjunto de datos

La inclusión de un mayor número de imágenes, especialmente aquellas con mayor variabilidad, puede mejorar la capacidad del modelo para generalizar. Además, el uso de técnicas de aumento de datos (data augmentation) puede contribuir a incrementar la robustez del modelo frente a variaciones como rotaciones, escalado y ruido.

6.6.4 Aumento y mejora del conjunto de datos

La inclusión de un mayor número de imágenes, especialmente aquellas con mayor variabilidad, puede mejorar la capacidad del modelo para generalizar. Además, el uso de técnicas de aumento de datos (data augmentation) puede contribuir a incrementar la robustez del modelo frente a variaciones como rotaciones, escalado y ruido.

6.6.5 Evaluación en otros conjuntos de datos

Se sugiere validar el modelo utilizando nuevos conjuntos de datos de imágenes renales provenientes de diferentes fuentes o modalidades (e.g., resonancia magnética, tomografía computarizada) para comprobar su rendimiento en escenarios más variados.

6.6.6 Integración de técnicas adicionales

Explorar la integración de técnicas adicionales, como atención visual en CNN o métodos basados en transformadores, puede mejorar aún más la capacidad del modelo para identificar características clave en las imágenes.

6.7 Consideraciones Finales

El desarrollo de este sistema híbrido representa un aporte significativo en el ámbito de la clasificación automática de imágenes médicas. La combinación de redes neuronales convolucionales y lógica difusa no solo ha permitido obtener un modelo preciso, sino también un sistema capaz de manejar la incertidumbre inherente en los diagnósticos médicos.

La implementación de las mejoras propuestas en futuros trabajos permitirá fortalecer aún más la capacidad del modelo para distinguir con precisión entre diferentes condiciones renales, contribuyendo al desarrollo de herramientas computacionales útiles en el diagnóstico asistido por computadora.

REFERENCIAS

- [1] National Kidney Foundation, "About the kidneys," 2023. [Online]. Available: <https://www.kidney.org/>
- [2] Mayo Clinic, "Kidney stones," 2023. [Online]. Available: <https://www.mayoclinic.org/>
- [3] American Cancer Society, "Types of kidney cancer," 2023. [Online]. Available: <https://www.cancer.org/>
- [4] National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases (NIDDK), "Kidney cysts," 2023. [Online]. Available: <https://www.niddk.nih.gov/>
- [5] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, "Deep learning," *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015.
- [6] L. A. Zadeh, "Fuzzy sets," *Information and Control*, vol. 8, no. 3, pp. 338–353, 1965.
- [7] E. H. Mamdani and S. Assilian, "An experiment in linguistic synthesis with a fuzzy logic controller," *Int. J. Man-Machine Studies*, vol. 7, no. 1, pp. 1–13, 1975.
- [8] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville, *Deep Learning*, MIT Press, 2016.
- [9] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, "Imagenet classification with deep convolutional neural networks," *Advances in Neural Information Processing Systems*, vol. 25, pp. 1097–1105, 2012.
- [10] R. C. Gonzalez and R. E. Woods, *Digital Image Processing*, 4th ed., Pearson, 2018.
- [11] T. J. Ross, *Fuzzy Logic with Engineering Applications*, 3rd ed., Wiley, 2010.
- [12] J. Durkin, *Expert Systems: Design and Development*, Macmillan, 1994.
- [13] A. Khan, A. Sohail, M. M. Zafar, and M. Khan, "Deep learning techniques for medical image analysis: A comprehensive review," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 105454–105482, 2020.
- [14] Y. Zhou, Y. Li, J. Wang, and X. Qin, "Deep learning-based classification of renal ultrasound images," *J. Med. Imaging*, vol. 8, no. 2, pp. 1–10, 2021.

- [15] M. Rezaee and R. Amirfattahi, "A hybrid fuzzy system for medical image classification," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 31, pp. 115–125, 2017.
- [16] K. Shankar, E. Perumal, and Y. Zhang, "Hybrid fuzzy logic with CNN for medical image classification," *Int. J. Imaging Syst. Technol.*, vol. 29, no. 4, pp. 573–583, 2019.
- [17] R. Hassan, M. Mahmud, and S. Hossain, "CNN-fuzzy inference system for medical image classification," *Appl. Soft Comput.*, vol. 102, p. 107091, 2021.
- [18] H. Ali, T. Akram, and M. Riaz, "Integrating fuzzy logic and deep learning for ultrasound image classification," *Artif. Intell. Med.*, vol. 118, p. 102170, 2022.
- [19] J. A. Contreras, L. B. Martinez, and Y. V. Puerta, "Clasificador difuso para diagnóstico de enfermedades," *TecnoLógicas*, no. 25, pp. 201–220, 2010.
- [20] M. Negnevitsky, "Hybrid intelligent systems," in *Artificial Intelligence: A Guide to Intelligent Systems*, 2nd ed., Pearson Education Limited, 2005, pp. 259–298.
- [21] S. Muthukaruppan and M. J. Er, "A hybrid particle swarm optimization-based fuzzy expert system for the diagnosis of coronary artery disease," *Expert Syst. Appl.*, vol. 39, no. 14, pp. 11657–11665, 2012.
- [22] M. T. Jones, *Artificial Intelligence: A Systems Approach*, Infinity Science Press LLC, 2008.
- [23] A. Dourado, J. Henriques, and P. de Carvalho, "Neural, fuzzy, and neurofuzzy systems for medical applications," in *Intelligent and Adaptive Systems in Medicine*, London, UK: Taylor & Francis Group, 2008, pp. 127–171.
- [24] Q. Xue, B. Taha, S. Reddy, and T. Aufderheide, "An adaptive fuzzy model for ECG interpretation," in *Proc. 20th Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, vol. 20, no. 1, pp. 131–134, 1998.
- [25] R. N. Ainon, A. M. Bulgiba, and A. Lahsasna, "AMI screening using linguistic fuzzy rules," *J. Med. Syst.*, vol. 36, no. 2, pp. 463–473, 2010.
- [26] J. Sprockel, J. Diaztagle, W. Alzate, and E. González, "Redes neuronales en el diagnóstico del infarto agudo de miocardio," *Rev. Colomb. Cardiol.*, vol. 21, no. 4, 2014.

- [27] J. García-Feijoó et al., "Desarrollo de un sistema automático de discriminación del campo visual glaucomatoso basado en un clasificador Neuro-Fuzzy," *Arch. Soc. Esp. Oftalmol.*, vol. 77, no. 12, pp. 669–676, 2002. [Online]. Available: http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0365-66912002001200006
- [28] L. R. Medsker, *Hybrid Intelligent Systems*, Springer, 2012.
- [29] Y. Liu, F. Liu, Q. Liu, and Z. Lu, "Renal pathological image classification based on contrastive and transfer learning," *Comput. Biol. Med.*, vol. 170, p. 107700, 2024.
- [30] X. Zhao, Y. Fan, J. Zhou, et al., "Kidney tumor classification on CT using self-supervised learning," *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 104, p. 102184, 2023.
- [31] S. Al-Qaysi and M. Gungormus, "Hybrid fuzzy logic and CNN (FIS-CNN) for comet assay images," *Int. J. Cogn. Digit. Syst.*, vol. 5, no. 2, pp. 58–70, 2023.
- [32] F. A. Mohammed, K. K. Tune, B. G. Assefa, M. Jett, and S. Muhie, "Medical image classifications using CNNs: A survey," *Mach. Learn. Knowl. Extr.*, vol. 6, no. 1, pp. 699–735, 2024.
- [33] M. A. Khan et al., "HiFuse: A hybrid interpretable deep model for medical image classification," *Comput. Biol. Med.*, vol. 155, p. 106493, 2023.
- [34] Z. Wu, C. Xu, and Y. Tang, "A two-stage renal disease classification model using transfer learning and fine-tuning," *Front. Med.*, vol. 11, p. 1170393, 2024.
- [35] I. H. Bajaj, M. H. Ansari, and A. K. Mittal, "A review on segmentation and classification of kidney and renal tumor in CT images," *Curr. Med. Imaging*, vol. 17, no. 2, pp. 123–134, 2021.
- [36] Y. Zhang, W. Qiang, and S. Xiao, "Deep fuzzy neural networks and their applications in medical image analysis: A survey," *IEEE Trans. Fuzzy Syst.*, vol. 29, no. 4, pp. 1010–1024, 2021.
- [37] Z.-H. Zhou and G.-H. Chen, "Hybrid decision tree," *Fuzzy Sets Syst.*, vol. 130, no. 1, pp. 123–136, 2002.
- [38] L. A. Zadeh, "Fuzzy logic, neural networks, and soft computing," *Commun. ACM*, vol. 37, no. 3, pp. 77–84, 1994.
- [39] P. Maji and S. Paul, "Classification of medical images using rough-fuzzy approach," *Appl. Soft Comput.*, vol. 14, pp. 456–467, 2014.

- [40] M. A. Zohdy, M. A. Sayed, and A. I. Diab, "A hybrid deep CNN–fuzzy model for COVID-19 detection in chest X-ray images," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 68, p. 102768, 2021.
- [41] J. L. Gonza, "Riñones – Cyst, Stone, Tumor, Normal Dataset," Kaggle. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/gonzajl/riones-cyst-stone-tumor-normal-dataset>. [Accessed: Jul. 1, 2025].
- [42] S. A. Kamran, K. F. Hossain, A. Tavakkoli y S. Baker, "Optic-Net: A Novel Convolutional Neural Network for Diagnosis of Retinal Diseases from Optical Tomography Images," *ResearchGate*, sep. 2022. [Online]. Available: https://www.researchgate.net/publication/339328101_Optic-Net_A_Novel_Convolutional_Neural_Network_for_Diagnosis_of_Retinal_Diseases_from_Optical_Tomography_Images. [Accedido: Jul. 3, 2025].
- [43] J. Karac et al., "VGGCOV19-NET: automatic detection of COVID-19 cases from X-ray images," *SPIE Journal of Medical Imaging*, 2021. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> (VGGCOV19-NET mencionado en contexto). [Accedido: Jul. 3, 2025].

ANEXOS

Código utilizado en Matlab.

```
function redneural_logicadifusa()
% Cargar y preprocesar los datos
[imdsTrain, imdsValidation] = cargar_datos();

% Definir la arquitectura de la red neuronal
layers = [
    imageInputLayer([224 224 3])
    convolution2dLayer(3, 16, 'Padding', 'same')
    batchNormalizationLayer
    reluLayer
    maxPooling2dLayer(2, 'Stride', 2)

    convolution2dLayer(3, 32, 'Padding', 'same')
    batchNormalizationLayer
    reluLayer
    maxPooling2dLayer(2, 'Stride', 2)

    convolution2dLayer(3, 64, 'Padding', 'same')
    batchNormalizationLayer
    reluLayer
    maxPooling2dLayer(2, 'Stride', 2)

    fullyConnectedLayer(4) % Cambiar según el número de clases
    softmaxLayer
    classificationLayer];

% Opciones de entrenamiento
options = trainingOptions('sgdm', ...
    'MaxEpochs', 15, ...
    'ValidationData', imdsValidation, ...
    'ValidationFrequency', 15, ...
    'Verbose', false, ...
    'MiniBatchSize', 32, ... % Tamaño de batch ajustado
    'Plots', 'training-progress');

% Entrenar la red neuronal usando datastore
net = trainNetwork(imdsTrain, layers, options);

% Dibujar la arquitectura de la red neuronal
dibujar_red_neuronal(net);

% Evaluar la red neuronal con lógica difusa Mamdani
precision_entrenamiento = evaluar_red_neuronal(net, imdsTrain);
fprintf('Precisión de entrenamiento: %.5f\n', precision_entrenamiento);

% Aplicar lógica difusa tipo Mamdani para la validación
[precisiones_validacion, matrizConfusion] = aplicar_logica_difusa_mamdani(net,
imdsValidation);
fprintf('Precisión de validación con lógica difusa Mamdani: %.5f\n',
precisiones_validacion);
```

```

    % Mostrar matriz de confusión
    disp('Matriz de Confusión:');
    disp(matrizConfusion);
end

function dibujar_red_neuronal(net)
    % Mostrar la arquitectura de la red neuronal convolucional
    analyzeNetwork(net); % Usar analyzeNetwork en lugar de view
end

function precision = evaluar_red_neuronal(net, imdsTrain)
    % Obtener las etiquetas verdaderas
    YTrain = imdsTrain.Labels;

    % Clasificar los datos de entrenamiento
    YPred = classify(net, imdsTrain);

    % Calcular precisión
    precision = sum(YPred == YTrain) / numel(YTrain);
end

function [precisiones, matrizConfusion] = aplicar_logica_difusa_mamdani(net,
imdsValidation)
    % Obtener probabilidades de cada clase
    YPredProb = predict(net, imdsValidation); % Cambiar a predict para obtener
probabilidades

    % Aplicar lógica difusa Mamdani para la clasificación
    YValidation = imdsValidation.Labels;
    YPred = aplicar_reglas_logica_difusa_mamdani(YPredProb, YValidation);

    % Calcular matriz de confusión
    matrizConfusion = confusionmat(YValidation, YPred);

    % Calcular precisión general
    precisiones = sum(YPred == YValidation) / numel(YValidation);
end

function YPred = aplicar_reglas_logica_difusa_mamdani(YPredProb, ~)
    % Inicializar el vector de predicciones
    numSamples = size(YPredProb, 1);
    YPred = strings(numSamples, 1); % Suponiendo que las clases son de tipo string

    % Crear el sistema de lógica difusa
    fis = mamfis('Name', 'ClasificadorMamDani');

    % Definir las variables de entrada (probabilidades de las clases)
    fis = addInput(fis, [0 1], 'Name', 'ProbNormal');
    fis = addInput(fis, [0 1], 'Name', 'ProbCist');
    fis = addInput(fis, [0 1], 'Name', 'ProbPiedra');
    fis = addInput(fis, [0 1], 'Name', 'ProbTumor');

    % Definir la variable de salida (clase predicha, en escala numérica)
    fis = addOutput(fis, [1 4], 'Name', 'ClasePredicha');

```

```

% Definir funciones de membresía para las entradas
fis = addMF(fis, 'ProbNormal', 'trapmf', [0 0 0.3 0.5], 'Name', 'Baja');
fis = addMF(fis, 'ProbNormal', 'trapmf', [0.3 0.5 0.7 1], 'Name', 'Alta');

fis = addMF(fis, 'ProbCist', 'trapmf', [0 0 0.3 0.5], 'Name', 'Baja');
fis = addMF(fis, 'ProbCist', 'trapmf', [0.3 0.5 0.7 1], 'Name', 'Alta');

fis = addMF(fis, 'ProbPiedra', 'trapmf', [0 0 0.3 0.5], 'Name', 'Baja');
fis = addMF(fis, 'ProbPiedra', 'trapmf', [0.3 0.5 0.7 1], 'Name', 'Alta');

fis = addMF(fis, 'ProbTumor', 'trapmf', [0 0 0.3 0.5], 'Name', 'Baja');
fis = addMF(fis, 'ProbTumor', 'trapmf', [0.3 0.5 0.7 1], 'Name', 'Alta');

% Definir funciones de membresía para la salida
fis = addMF(fis, 'ClasePredicha', 'trimf', [0.9 1 1.1], 'Name', 'Normal');
fis = addMF(fis, 'ClasePredicha', 'trimf', [1.9 2 2.1], 'Name', 'Cist');
fis = addMF(fis, 'ClasePredicha', 'trimf', [2.9 3 3.1], 'Name', 'Piedra');
fis = addMF(fis, 'ClasePredicha', 'trimf', [3.9 4 4.1], 'Name', 'Tumor');

% Definir reglas difusas
ruleList = [
    "ProbNormal == Alta & ProbCist == Baja & ProbPiedra == Baja & ProbTumor ==
Baja => ClasePredicha = Normal";
    "ProbNormal == Baja & ProbCist == Alta & ProbPiedra == Baja & ProbTumor ==
Baja => ClasePredicha = Cist";
    "ProbNormal == Baja & ProbCist == Baja & ProbPiedra == Alta & ProbTumor ==
Baja => ClasePredicha = Piedra";
    "ProbNormal == Baja & ProbCist == Baja & ProbPiedra == Baja & ProbTumor ==
Alta => ClasePredicha = Tumor";
    "ProbNormal == Alta => ClasePredicha = Normal";
    "ProbCist == Alta => ClasePredicha = Cist";
    "ProbPiedra == Alta => ClasePredicha = Piedra";
    "ProbTumor == Alta => ClasePredicha = Tumor";
];

% Añadir las reglas al sistema
fis = addRule(fis, ruleList);

% Evaluar las reglas difusas para cada muestra de validación
for i = 1:numSamples
    inputProb = [YPredProb(i, 1), YPredProb(i, 2), YPredProb(i, 3), YPredProb(i,
4)];

    claseNum = evalfis(fis, inputProb); % Evaluar el sistema difuso
    claseNum = round(claseNum); % Redondear a la clase más cercana

    % Convertir el número a la etiqueta correspondiente
    switch claseNum
        case 1
            YPred(i) = 'Normal';
        case 2
            YPred(i) = 'Cist';
        case 3
            YPred(i) = 'Piedra';
        case 4
            YPred(i) = 'Tumor';
    end
end

```

```

        otherwise
            YPred(i) = 'Desconocido';
        end
    end

    % Convertir YPred a tipo categorical para coincidir con YValidation
    YPred = categorical(YPred, {'Normal', 'Cist', 'Piedra', 'Tumor', 'Desconocido'});
end

function [imdsTrain, imdsVal] = cargar_datos()
    % Especificar la ruta a las carpetas con imágenes
    trainDir = 'Datos_de_entrenamiento';
    valDir = 'Datos_de_validacion';

    % Crear un imageDatastore para las imágenes de entrenamiento
    imdsTrain = imageDatastore(trainDir, ...
        'LabelSource', 'foldernames', ...
        'IncludeSubfolders', true, ...
        'ReadFcn', @preprocesar_imagen);

    % Crear un imageDatastore para las imágenes de validación
    imdsVal = imageDatastore(valDir, ...
        'LabelSource', 'foldernames', ...
        'IncludeSubfolders', true, ...
        'ReadFcn', @preprocesar_imagen);
end

function imgOut = preprocesar_imagen(filename)
    % Leer la imagen
    img = imread(filename);

    % Convertir la imagen a RGB si es en escala de grises
    if size(img, 3) == 1
        img = cat(3, img, img, img);
    end

    % Redimensionar la imagen a 224x224
    imgOut = imresize(img, [224 224])
end

```