Application of Convolutional Neural Networks in the Automatic Detection of Cutaneous Melanoma

ARTICLE HISTORY
Received 15 May 2025
Accepted 19 August 2025
Published 6 January 2026

José Alberto León Alarcón
Universidad Técnica de Manabí
Instituto de Lenguas Modernas
Portoviejo, Ecuador
jose.leon@utm.edu.ec
ORCID: 0009-0004-6190-0990

Roly Steeven Cedeño Menéndez
Universidad Técnica de Manabí
Instituto de Lenguas Modernas
Portoviejo, Ecuador
roly.cedeno@utm.edu.ec
ORCID: 0009-0004-1571-9410

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License.

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026

Aplicación de Redes Neuronales Convolucionales en la Detección Automática de Melanoma Cutáneo

Application of Convolutional Neural Networks in the Automatic Detection of Cutaneous Melanoma

José Alberto León Alarcón
Universidad Técnica de Manabí
Instituto de Lenguas Modernas
Portoviejo, Ecuador
jose.leon@utm.edu.ec

Roly Steeven Cedeño Menéndez
Universidad Técnica de Manabí
Instituto de Lenguas Modernas
Portoviejo, Ecuador
roly.cedeno@utm.edu.ec

***Resumen*—** El diagnóstico temprano del melanoma es crucial para mejorar la tasa de supervivencia, lo que ha impulsado el desarrollo de modelos de aprendizaje profundo para su detección automatizada. Esta investigación tiene como objetivo evaluar el rendimiento de una red neuronal convolucional (CNN) en la clasificación de imágenes dermoscópicas de lesiones en la piel, comparando su precisión con la de expertos en dermatología. Para lograr esto, se entrenó una CNN utilizando un conjunto de imágenes que fueron preprocesadas para mejorar la capacidad de generalización del modelo. La evaluación se llevó a cabo mediante el uso de métricas de calidad como exactitud, precisión, sensibilidad y F1-score. Además, se utilizó la curva ROC y la matriz de confusión para analizar el equilibrio entre los falsos positivos y falsos negativos en la clasificación. Los resultados mostraron que la CNN superó el rendimiento de los dermatólogos en términos de especificidad y sensibilidad, con un área bajo la curva (AUC) cercana a 1, lo que indica una gran capacidad discriminativa. La matriz de confusión reveló que la clasificación fue correcta en la mayoría de los casos, minimizando los errores de tipo I y II. En conclusión, la implementación de redes neuronales en el diagnóstico de melanoma representa una herramienta prometedora para la asistencia médica. No obstante, se identificaron oportunidades de mejora, como el ajuste de umbrales de decisión y la optimización del preprocesamiento de imágenes, lo que permitirá incrementar la precisión del modelo en aplicaciones clínicas futuras.

***Palabras Clave*—** *Redes Neuronales Convolucionales (CNN), Melanoma, Aprendizaje profundo, Preprocesamiento de Imágenes, Diagnóstico Automatizad.*

***Abstract*—** Early diagnosis of melanoma is crucial for improving survival rates, which has driven the development of deep learning models for its automated detection. This research aims to evaluate the performance of a convolutional neural network (CNN) in classifying dermoscopic images of skin lesions, comparing its accuracy with that of dermatology experts. To achieve this, a CNN was trained using a set of images that were preprocessed to improve the generalization ability of the model. The evaluation was carried out by means of quality metrics such as accuracy, precision, sensitivity, and F1-score. In addition, the ROC curve and confusion matrix were used to analyze the balance between false positives and false negatives in the classification. The results showed that the CNN outperformed dermatologists in terms of specificity and sensitivity, with an area under the curve (AUC) close to 1, indicating high discriminatory power. The confusion matrix revealed that the classification was correct in most cases, minimizing type I and type II errors. In conclusion, the implementation of neural networks in melanoma diagnosis represents a promising tool for medical care. However, opportunities for improvement were identified, such as adjusting decision thresholds and optimizing image preprocessing, which will increase the accuracy of the model in future clinical applications.

Keywords*—Convolutional Neural Networks; Melanoma; Deep Learning; Preprocessing images; Automatic diagnostic*

I. Introducción

El melanoma representa una de las variantes más peligrosas del cáncer cutáneo, identificarlo en sus etapas iniciales resulta fundamental para mejorar las probabilidades de supervivencia de quienes lo padecen. Según la Sociedad Americana Contra el Cáncer (ACS), el cáncer de piel destaca como la forma de cáncer más común entre todas. Aunque el melanoma constituye apenas el 1% de los diagnósticos de cáncer cutáneo, es el principal causante de fallecimientos relacionados con esta afección. Hasta el 2025, se estima que habrá alrededor de 104,960 nuevos casos de melanoma en los Estados Unidos (aproximadamente 60,550 en hombres y 44,410 en mujeres). Se prevé que cerca de 8,430 personas (5,470 hombres y 2,960 mujeres) fallecerán debido a este tipo de cáncer [1]

Actualmente, los dermatólogos utilizan métodos tradicionales como la inspección visual y la dermatoscopia para la evaluación de lesiones cutáneas. Sin embargo, estos enfoques están fuertemente condicionados por el nivel de experiencia del profesional y pueden verse afectados por factores subjetivos. Además, en regiones con acceso limitado a dermatólogos capacitados, la detección temprana se ve comprometida, lo que aumenta el riesgo de diagnósticos tardíos.

Por ello, en los últimos años, ha crecido el uso de diversas técnicas de análisis automatizado de imágenes por ordenador para mejorar la precisión y la reproducibilidad del diagnóstico del melanoma en comparación con los resultados clínicos obtenidos de imágenes dermatoscópicas. La inteligencia artificial (IA) se está posicionando como una tecnología con un enorme potencial en el campo de la medicina, especialmente cuando se trata de interpretar imágenes clínicas. Las CNN han revolucionado la detección de enfermedades gracias a su habilidad para extraer características clave y realizar clasificaciones con una

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026
DOI: https://doi.org/10.33333/lajc.vol13n1.08

precisión impresionante. Estas arquitecturas han demostrado un rendimiento que, en muchas ocasiones, es comparable e incluso superior al de los especialistas humanos en diversas tareas de diagnóstico por imágenes.

Un buen ejemplo de esto es la investigación de Kothapalli et al. [2] que describe las CNN como estructuras propias del aprendizaje profundo capaz de reconocer y extraer características automáticamente a partir de grandes volúmenes de datos de imágenes complejas. Esta investigación ha demostrado que las CNN son muy eficaces para identificar y clasificar lesiones cutáneas, incluido el melanoma. Al entrenar las CNN con extensos conjuntos de datos de imágenes de lesiones cutáneas, se pueden enseñar a distinguir las características que separan las lesiones benignas de las malignas.

Del mismo modo, Yalcinkaya & Erbas [3] optan por una arquitectura diferente. En este artículo, se utiliza una arquitectura de detección automática de melanomas que combina un modelo de aprendizaje profundo CNN con un enfoque basado en la lógica difusa. Este enfoque genera un mapa de correlación difusa de los píxeles de la imagen que se introduce en la red CNN. Al probarse en un extenso conjunto de datos ISIC, el modelo demostró una alta precisión, sensibilidad y especificidad en la clasificación en comparación con clasificadores que utilizaban mapas de correlación no difusos.

Este estudio presenta un enfoque fundamentado en CNN para la detección de melanoma, utilizando imágenes dermatológicas preprocesadas y optimización de hiperparámetros para mejorar la precisión del modelo. Se presenta un análisis detallado del conjunto de datos utilizado, el procesamiento de los datos, la arquitectura de la red implementada y la evaluación del desempeño del modelo frente a metodologías previamente desarrolladas.

II. METODOLOGÍA

Para el desarrollo del presente estudio, la información empleada fue extraída de la plataforma Kaggle, en concreto del conjunto de datos denominado "Melanoma", el cual está disponible de forma pública en esta comunidad en línea dirigida a científicos de datos [4]. Cabe destacar que, para este estudio, se utilizó una muestra representativa del repositorio e imágenes, seleccionada de manera aleatoria con el fin de garantizar la diversidad y representatividad de los datos en relación con el tema de estudio. La selección de esta porción del conjunto de datos se fundamentó en criterios de relevancia y en la disponibilidad de información adecuada para el entrenamiento y validación del modelo propuesto. En la Fig. 1, se puede observar una muestra aleatoria de las imágenes pertenecientes a las clases dentro del conjunto de datos.

Fig. 1. Scarlat A. (2020) Melanoma Dataset [Conjunto de datos]. Kaggle. https://www.kaggle.com/datasets/drscarlat/melanoma

Este conjunto de datos está estructurado en tres carpetas principales: **entrenamiento (train_sep)**, **validación (valid)** y **prueba (test)**. Cada una de estas carpetas se subdivide a su vez en dos subcarpetas, las cuales corresponden a las dos clases de diagnóstico: **Melanoma** (Maligno) y **NotMelanoma** (Benigno). Esta organización se encarga de clasificar las imágenes de manera clara según su función en el ciclo de desarrollo del modelo. Así, se asegura de que los datos de entrenamiento, validación y prueba estén bien categorizados y listos para ser utilizados.

Además, esta estructura jerárquica facilita una gestión eficiente de los datos. Cada subcarpeta alberga únicamente imágenes de una clase específica, lo que hace que la carga y el preprocesamiento de las imágenes sean mucho más sencillos durante la implementación del modelo. La división en tres conjuntos independientes (entrenamiento, validación y prueba) es fundamental para garantizar que el modelo pueda ser entrenado, ajustado y evaluado de manera rigurosa, minimizando el riesgo de sobreajuste y asegurando una generalización adecuada a nuevos datos. A continuación, en la TABLA I se resume la distribución de imágenes en cada conjunto:

TABLA I. CONJUNTO DE DATOS MELANOMA

Directorio	Melanoma	NotMelanoma	Total
Train_sep	1008	1008	2016
Test	336	336	672
Valid	336	336	672
Total	1680	1680	3360

En resumen, el conjunto de datos completo consta de **3360 imágenes**, con una distribución equilibrada entre las clases **Melanoma** y **NotMelanoma** en cada uno de los conjuntos (entrenamiento, validación y prueba), lo que garantiza un desarrollo y evaluación robustos del modelo. La Fig. 2 permite una apreciación más detallada de esta distribución.

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026
DOI: https://doi.org/10.33333/lajc.vol13n1.08

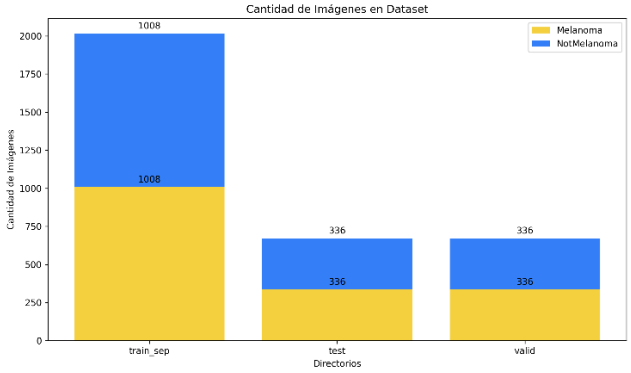

Fig. 2. Distribución del conjunto de datos Melanoma

Tras examinar el dataset, se procedió a realizar el procesamiento de datos. El procesamiento de datos representa un paso clave en la adecuación de las imágenes para el entrenamiento de algoritmos clasificatorios. Se aplicaron diversas técnicas de preprocesamiento con la finalidad de optimizar la nitidez de las imágenes y optimizar la extracción de características relevantes.

Uno de los principales desafíos en el análisis de imágenes dermatológicas es la presencia de vellos, los cuales pueden ocultar detalles clave de la piel. Para abordar este problema, se utilizó el algoritmo DullRazor, una herramienta creada específicamente para eliminar el vello en imágenes médicas. Este algoritmo se encarga de identificar y eliminar las áreas con vello, reemplazándolas con información interpolada de los píxeles vecinos. Este proceso no solo mejora la claridad de las imágenes, sino que también facilita la identificación y clasificación de características relacionadas con el melanoma, lo que contribuye a una mayor precisión en el diagnóstico asistido por computadora. [5]

Una vez implementado el algoritmo DullRazor, se puede observar una diferencia notable entre la imagen original y la imagen procesada por el algoritmo. En la sección izquierda de la Fig. 3, se observa una lesión de la piel recubierta con vellosidad, lo cual puede afectar el desempeño del algoritmo al momento del entrenamiento. Sin embargo, en la sección derecha de la Fig. 3, se puede notar que la misma lesión ya no contiene vellosidad y se puede apreciar de una mejor manera la lesión en la piel.

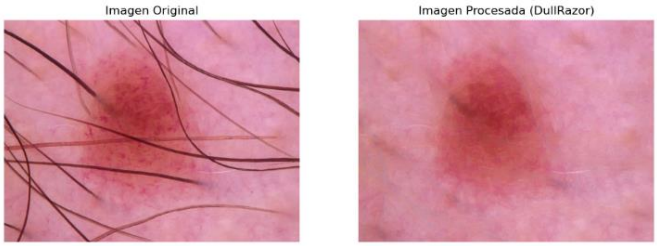

Fig. 3. Imagen procesada a partir de Scarlat A. (2020) Melanoma Dataset [Conjunto de datos]. Kaggle. https://www.kaggle.com/datasets/drscarlat/melanoma

Después de aplicar el algoritmo DullRazor, las imágenes procesadas pasaron por una serie de transformaciones para mejorar su calidad y hacer más fácil su visualización y análisis. Primero, se redimensionaron a un tamaño uniforme de 224x224 píxeles, que es un formato ideal para las arquitecturas de redes neuronales convolucionales preentrenadas, ya que requieren dimensiones específicas de entrada. Este redimensionamiento garantiza que las imágenes mantengan una relación de aspecto adecuada y que no se pierdan las características espaciales importantes durante el proceso.

Luego, se utilizó la técnica de mejora de nitidez llamada "Unsharp Masking", que consiste en crear una versión ligeramente desenfocada de la imagen original usando un filtro Gaussiano [6]. Esta versión desenfocada se mezcla con la imagen original para resaltar los bordes y detalles, lo que mejora la claridad y el enfoque de las imágenes. Este paso es crucial para destacar las características importantes que el modelo necesita identificar durante el entrenamiento y la clasificación.

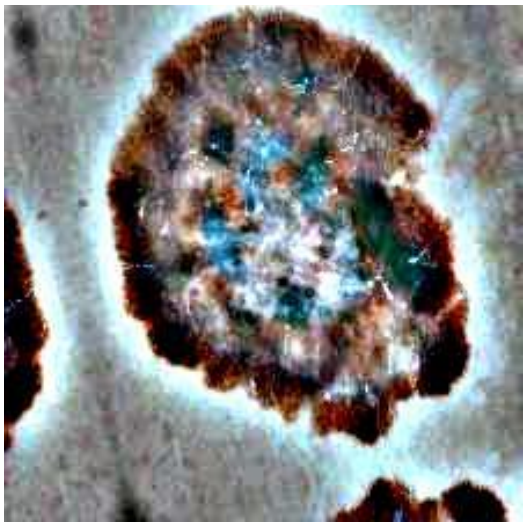

Fig. 4. Lesión con aplicación de técnica Unsharp Masking a partir de: Scarlat A. (2020) Melanoma Dataset [Conjunto de datos]. Kaggle. https://www.kaggle.com/datasets/drscarlat/melanoma

Por último, se realizó una normalización de las imágenes, transformando los valores de píxeles del rango [0, 255] al rango [0, 1]. Esta normalización es una práctica común en redes neuronales, ya que mejora la consistencia en el procesamiento de datos, mejora la eficiencia del modelo y refuerza su estabilidad tanto en la fase de entrenamiento como en la de evaluación.

A continuación, se detalla el proceso de construcción del algoritmo de red neuronal convolucional (CNN) utilizado en este estudio. Para ello, el modelo fue construido mediante la clase Sequential de Keras, proporcionando funciones de entrenamiento para el modelo [7]. A diferencia de redes neuronales preentrenadas que están optimizadas para conjuntos de datos específicos y suelen ser grandes (lo que aumenta el número de parámetros y el consumo de memoria), se optó por desarrollar una CNN personalizada. Esta decisión facilitó la adaptación de la arquitectura a las necesidades del estudio, como el tamaño de las imágenes (224x224x3, donde 3 corresponde a los canales de color) y el tipo de características que se buscaba capturar.

La CNN implementada consta de varias capas convolucionales que cuentan con 8, 16 y 32 filtros, los cuales son clave para la extracción de características. [8]. Se incluyó una capa de normalización por lotes (*Batch Normalization*) con el objetivo de regular las activaciones internas del modelo y agilizar el proceso de entrenamiento [9]. Además, se

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026
DOI: https://doi.org/10.33333/lajc.vol13n1.08

complementó la función de activación ReLU (*Rectified Linear Unit*) con el propósito de incorporar no linealidad al modelo, facilitando así el aprendizaje de patrones complejos en los datos [10]. Para reducir la dimensionalidad espacial de las salidas, se aplicó Max Pooling con un tamaño de 2x2 y *strides* de 2, una técnica de muestreo descendente que simplifica los cálculos y reduce el tamaño de los parámetros [11].

Luego de esto, la salida es enviada a una capa Flatten, utilizada para aplanar la salida de la capa anterior sin afectar al lote [12]. La red también incluye una capa Dense completamente conectada con 15 neuronas en una capa oculta, que combina las características aprendidas en las capas anteriores [13]. En la capa de salida, se implementaron 2 neuronas (una por cada clase en la clasificación binaria) junto con la función de activación Softmax, encargada de generar una distribución probabilística que facilita la asignación de clases, facilitando la clasificación binaria [14]. Toda esta arquitectura se presenta en la Fig. 5. Por último, se añadió el optimizador Adam para minimizar el error durante el entrenamiento [15]. Este optimizador según Kingma et al. Se trata de un algoritmo de optimización que emplea gradientes de primer orden para funciones objetivo de naturaleza estocástica, utilizando estimaciones adaptativas de momentos de bajo orden para ajustar dinámicamente el proceso de aprendizaje [16].

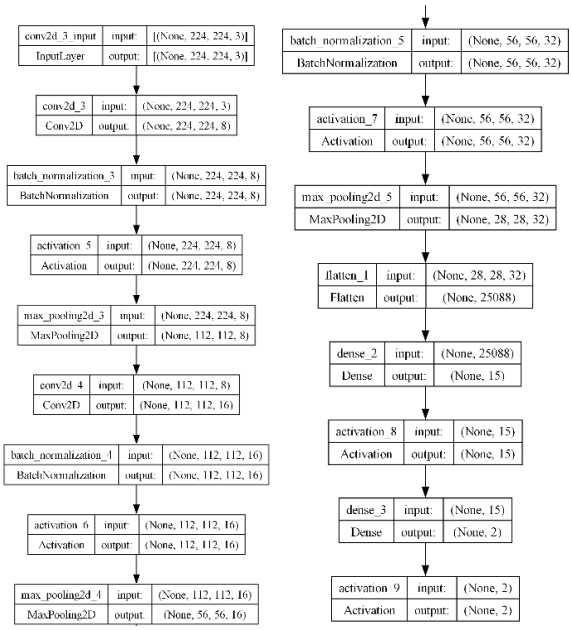

Fig. 5. Arquitectura de Red Neuronal

Para asegurar un óptimo entrenamiento, se configuraron dos callbacks: EarlyStopping, el cual detiene el entrenamiento cuando una métrica supervisada haya dejado de mejorar [17] y ReduceLROnPlateau, que disminuye la tasa de aprendizaje cuando una métrica haya dejado de mejorar [18]. Estos tienen como propósito mejorar el rendimiento de la red neuronal.

En la TABLA II, se presentan los parámetros utilizados en el callback EarlyStopping. Este ayuda a prevenir el sobreajuste y ahorra tiempos y recursos al detener el entrenamiento cuando el rendimiento del algoritmo deja de mejorar.

TABLA II. ARGUMENTOS DE EARLYSTOPPING

Argumento	**Valor**	**Función**
Monitor	val_loss	Métrica para monitorear
Patience	5	Épocas sin progreso.
Restore_best_weights	True	Restablece los pesos del modelo

En la TABLA III, se muestra los parámetros utilizados por ReduceLROnPlateau. Este ayuda a ajustar de manera dinámica la tasa de aprendizaje permitiendo que el modelo converja de mejor manera cuando el progreso sea detenido.

TABLA III. ARGUMENTOS DE REDUCELRONPLATEAU

Argumento	**Valor**	**Función**
Monitor	val_loss	Métrica para monitorear
Factor	0.1	Disminuye la velocidad de aprendizaje (nueva_lr = lr * factor)
Patience	2	Número de épocas sin mejoras
Min_lr	0.0001	Tasa de aprendizaje mínima

Asimismo, en la Tabla IV se exhiben los hiperparámetros manejados para entrenar la red neuronal, incluyendo detalles sobre las configuraciones específicas empleadas en el proceso de aprendizaje, tales como la tasa de aprendizaje, el número de épocas, el tamaño del lote y otros parámetros relevantes que influenciaron el desempeño del modelo.

TABLA IV. HIPERPARÁMETROS DE LA RED NEURONAL

Parámetros	**Valores**
Tamaño de la muestra	2016 (1008 malignas y 1008 benignas)
Épocas	40
Épocas recorridas	21
Tasa de aprendizaje	0.01
Callbacks	EarlyStopping, ReduceLROnPlateau
Tamaño de lote	24

El proceso de entrenamiento se realizó en la plataforma Google Colab Pro, aprovechando sus capacidades avanzadas en términos de recursos computacionales. Esta plataforma proporciona acceso a aceleradores de hardware, como las unidades de procesamiento tensorial (TPU). Se trata de circuitos integrados personalizados, diseñados especialmente para optimizar y acelerar el proceso de entrenamiento de modelos de aprendizaje profundo. [19].

Para el desarrollo del proyecto, se optó por utilizar Python como lenguaje de programación, ya que cuenta con una gran cantidad de bibliotecas y herramientas enfocadas en Deep Learning. Python destaca por su sintaxis intuitiva y su capacidad para implementar algoritmos de aprendizaje profundo de manera eficiente. En particular, se utilizaron las

LATIN-AMERICAN JOURNAL OF COMPUTING (LAJC), Vol XIII, Issue 1, January 2026

bibliotecas TensorFlow y Keras para la construcción, entrenamiento y evaluación del modelo.

III. Resultados

Esta sección expone los resultados derivados del proceso de entrenamiento y validación de la CNN. Para medir el desempeño del modelo, se utilizaron métricas de calidad ampliamente empleadas en el área del aprendizaje profundo y la detección de enfermedades, como la exactitud, precisión, sensibilidad y el puntaje F1.

Se llevó a cabo un análisis de los resultados mediante la curva ROC (Característica Operativa del Receptor) y su área bajo la curva (AUC-ROC). Esto facilita la evaluación del rendimiento del modelo en la diferenciación entre imágenes de melanomas malignos y benignos. Finalmente, se muestra la matriz de confusión, la cual nos da una perspectiva detallada sobre los aciertos y errores del modelo, lo que facilita la interpretación de su rendimiento en cuanto a clasificación.

Como se mencionó previamente, se utilizó la curva ROC para evaluar el desempeño del modelo de red neuronal. El resultado fue un impresionante 0.9955 en el valor AUC-ROC, lo que indica una predicción muy precisa. Esta colección de datos de prueba sugiere que el modelo tiene un rendimiento superior en la tarea de clasificación binaria. Un valor cercano a 1 significa que el modelo distingue eficazmente entre las clases positivas y negativas, lo cual muestra una alta sensibilidad y una baja tasa de falsos positivos. En la práctica, un AUC-ROC de 0.99 significa que el modelo tiene un 99% de probabilidad de clasificar correctamente un ejemplo positivo frente a uno negativo al azar; es decir, identifica con claridad de lesiones que pertenecen al melanoma y de lesiones que no pertenecen al melanoma. Por lo tanto, la Fig. 6 muestra el área bajo la curva ROC donde ilustra de forma gráfica el rendimiento del modelo en la predicción.

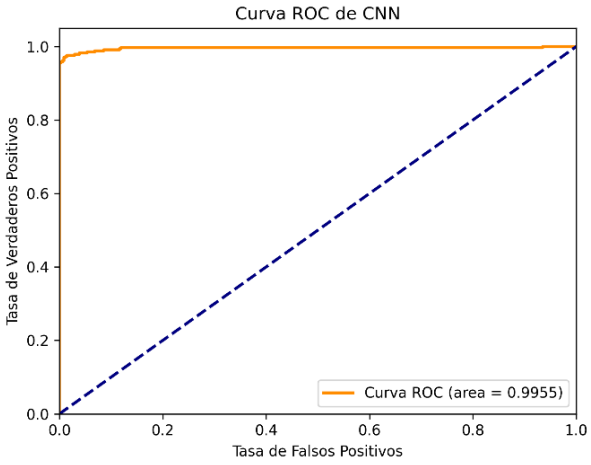

Fig. 6. Curva ROC

En la Fig. 7, se muestra la matriz de confusión, un instrumento primordial para valorar la calidad de la clasificación. Esta permite observar la cantidad de aciertos y errores cometidos por el modelo, distinguiendo entre los aciertos y los errores cometidos al momento de la clasificación.

En particular, la matriz de confusión presenta la distribución de los verdaderos positivos (VP) y verdaderos negativos (VN); es decir, los casos donde el modelo identificó correctamente las lesiones malignas y benignas, respectivamente. Asimismo, permite identificar los errores de tipo I (falsos positivos, FP), que ocurren cuando una lesión benigna es clasificada erróneamente como maligna, y los errores de tipo II (falsos negativos, FN), en los que una lesión maligna es incorrectamente clasificada como benigna.

El análisis de esta matriz resulta clave para evaluar el impacto de los errores en un contexto clínico, dado que un falso negativo podría retrasar el diagnóstico de un melanoma, mientras que un falso positivo podría generar alarmas innecesarias y procedimientos médicos adicionales.

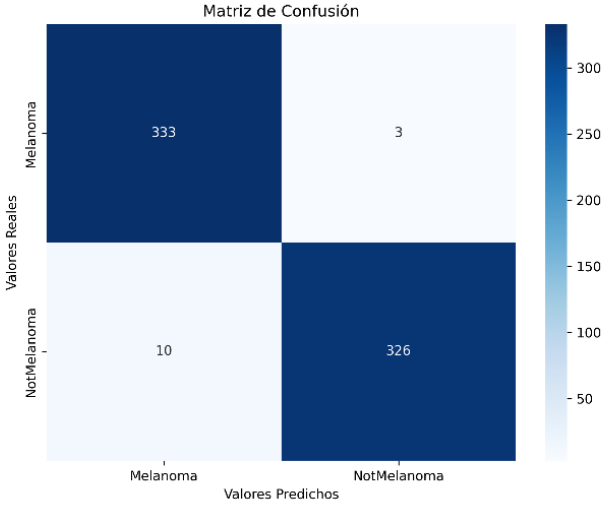

Fig. 7. Matriz de confusión

En la matriz de confusión (Fig. 7), el cuadrante superior izquierdo representa la cantidad de verdaderos positivos (VP); en otras palabras, aquellos casos en los que el modelo clasificó correctamente una lesión como melanoma, sumando un total de 333 muestras. De manera similar, el cuadrante inferior derecho refleja los verdaderos negativos (VN), indicando que 326 casos fueron identificados correctamente como lesiones benignas. Esta distribución evidencia que los valores más altos se concentran en la diagonal principal, lo que sugiere un alto nivel de precisión en la clasificación tanto de melanomas malignos como benignos.

Por otro lado, los errores de tipo I, representados por los falsos positivos (FP), corresponden a aquellas muestras en las que el algoritmo clasificó incorrectamente una lesión benigna como melanoma. En este caso, se identificaron 3 instancias en las que el modelo generó una alerta errónea de la enfermedad. Asimismo, los errores de tipo II, que corresponden a los falsos negativos (FN), ocurrieron en 10 muestras en las que el modelo no logró detectar correctamente el melanoma, y clasificó erróneamente una lesión maligna como benigna. Estos errores tienen un impacto clínico significativo, ya que un falso negativo podría retrasar el diagnóstico y tratamiento oportuno del paciente.

Por último, en base a las predicciones realizadas por el algoritmo y los valores resultantes de la matriz de confusión se obtuvieron diferentes métricas que evalúan el rendimiento de la arquitectura. En la Tabla V, se presentan los valores obtenidos al realizar las predicciones en función del conjunto de datos de testeo.

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026
DOI: https://doi.org/10.33333/lajc.vol13n1.08

TABLA V. MÉTRICAS DE EVALUACIÓN

Métrica	Valor
Exactitud	98.07%
Precisión	98.09%
Sensibilidad	98.07%
Puntaje F1	98.07%
AUC	99.55%

En general, los resultados obtenidos reflejan un desempeño sobresaliente del modelo. La elevada precisión, sensibilidad, puntuación F1 y una curva AUC cercana a 1 indican que el modelo no solo es eficaz en la clasificación global, sino que también demuestra solidez en la identificación de casos positivos y en la reducción de errores. Este rendimiento sugiere que el modelo está bien ajustado y es altamente eficiente para la tarea específica de clasificación para la que fue entrenado. Sin embargo, a pesar de los resultados alentadores, todavía hay oportunidades de mejora en la capacidad predictiva y en la evaluación del modelo. Como parte de las limitaciones de este estudio, se aconseja implementar estrategias que optimicen su rendimiento, como ajustar los umbrales de decisión para lograr un mejor equilibrio entre las métricas, aplicar técnicas de data augmentation que enriquezcan la diversidad del conjunto de entrenamiento, y explorar otras metodologías que podrían ayudar a mejorar la capacidad del algoritmo, permitiendo así una clasificación más precisa y confiable.

IV. Discusión

El presente estudio ha demostrado que el modelo apoyado en redes neuronales profundas es altamente eficiente para la clasificación de imágenes dermatológicas, lo que permite la detección precisa del melanoma. La evaluación del modelo a través de métricas de desempeño como exactitud, precisión, sensibilidad (recall), especificidad y F1-score, junto con un área bajo la curva ROC (AUC) indica que la arquitectura implementada logra una capacidad discriminativa robusta entre lesiones malignas y benignas.

Los hallazgos obtenidos guardan coherencia con investigaciones anteriores que han utilizado enfoques de aprendizaje profundo para la identificación de melanoma, donde modelos basados en redes convolucionales han mostrado desempeños comparables a los de especialistas en dermatología. Por ejemplo, en la investigación de Maron et al [20], se desarrolló y entrenó una CNN empleando un total de 11,444 imágenes dermoscópicas, y se evaluó posteriormente su desempeño en un grupo de prueba conformado por 6,390 imágenes con verificación histopatológica. En este estudio, se evidenció que la CNN alcanzó una especificidad del 91.3% en la clasificación binaria de lesiones benignas y malignas, lo cual superó significativamente la especificidad alcanzada por los dermatólogos, correspondiente al 59.8%. Asimismo, la sensibilidad obtenida por la CNN fue similar a la de los especialistas, mientras que sus valores de especificidad y sensibilidad fueron superiores en las pruebas comparativas.

En términos comparables, en la investigación realizada por Haenssle et al. [21], se aborda una comparación similar. Se utilizó una red neuronal convolucional (CNN) aprobada para el mercado europeo como dispositivo médico (Moleanalyzer Pro, FotoFinder Systems) para clasificar imágenes dermoscópicas de lesiones cutáneas. La precisión de la CNN se comparó con la de 96 dermatólogos, quienes evaluaron las mismas imágenes bajo condiciones menos artificiales, incluyendo imágenes clínicas y dermoscópicas, junto con información textual del caso. Los resultados mostraron que la CNN logró una sensibilidad del 95.0% y una especificidad del 76.7%, con un área bajo la curva (AUC) de 0.918. En comparación, los 96 dermatólogos alcanzaron una sensibilidad del 89.0% y una especificidad del 80.7 en su primera evaluación (nivel I), que mejoró significativamente al 94.1% con información adicional (nivel II), mientras que la especificidad se mantuvo prácticamente igual en 80.4%.

Por lo tanto, en la presente investigación el análisis detallado de la matriz de confusión revela la presencia de errores de tipo I (falsos positivos), en los que el modelo clasifica erróneamente lesiones benignas como malignas, y errores de tipo II (falsos negativos), donde casos de melanoma no son correctamente identificados. La existencia de estos errores puede traer consigo implicaciones clínicas significativas. Un falso positivo podría llevar a realizar procedimientos invasivos innecesarios, mientras que un falso negativo podría retrasar un diagnóstico oportuno y, por lo tanto, el tratamiento del paciente.

Uno de los principales desafíos que se ha identificado en este estudio es la posible existencia de sesgos en los datos de entrenamiento. La variabilidad en la calidad de las imágenes, el desequilibrio en la distribución de clases y la variedad en los tipos de lesiones pueden afectar la capacidad del modelo para generalizar en entornos clínicos reales. Es crucial que en futuras investigaciones se aborden estos aspectos, integrando conjuntos de datos más amplios y diversos que incluyan imágenes de diferentes fuentes y poblaciones.

Con el fin de mejorar la robustez del modelo y reducir los errores de clasificación, se recomienda considerar estrategias como la optimización de los umbrales de decisión, la aplicación de técnicas de aumento de datos para diversificar el conjunto de entrenamiento, y la implementación de enfoques de aprendizaje por transferencia, mediante el uso de arquitecturas preentrenadas en grandes conjuntos de datos médicos. Además, combinar técnicas de interpretación de modelos, como Grad-CAM, podría ofrecer una mejor comprensión de las áreas de interés que la red neuronal ha señalado, lo que facilitaría la validación por parte de expertos clínicos.

Esto se ve reflejado en la investigación dada por Salma y Eltrass [22] donde se propone un método basado en filtrado morfológico para la eliminación de vello en imágenes dermatológicas, compuesto por dos fases principales. Primero, se convierte la imagen a escala de grises mediante una transformación ponderada del espacio de color RGB. Luego, el contorno del vello se detecta mediante la transformación morfológica de sombrero negro. Posteriormente, se emplea el Método de Marcha Rápida (FMM) para aplicar una función de inpainting y generar una máscara, donde los píxeles por debajo de un umbral se asignan a 0 y el resto a 1. Tras el preprocesamiento, se implementa una estrategia de aumento de datos mediante rotaciones de 0°, 90°, 180° y 270°, generando cuatro nuevas imágenes por cada original. Este procedimiento permite expandir el conjunto de datos y mitigar la escasez de imágenes etiquetadas.

Otra línea de mejora es la integración de metodologías híbridos que integren algoritmos de aprendizaje profundo con técnicas tradicionales de procesamiento de imágenes y métodos basados en reglas clínicas, lo que podría mejorar la interpretabilidad del sistema y aumentar su confiabilidad en la práctica médica. Además, la implementación de técnicas de calibración probabilística puede contribuir a disminuir la inseguridad en la toma de decisiones, y proporcionar predicciones más confiables para los especialistas en dermatología.

Siendo así, los hallazgos de este estudio refuerzan el potencial del aprendizaje profundo en la detección temprana del melanoma, mostrando métricas de rendimiento comparables con métodos convencionales de diagnóstico. No obstante, la presencia de errores en la clasificación y las limitaciones asociadas a la calidad y diversidad de los datos sugieren la necesidad de futuras optimizaciones para garantizar su aplicabilidad en contextos clínicos reales. La integración de técnicas avanzadas de preprocesamiento, ajuste de hiperparámetros y validación en cohortes independientes permitirá fortalecer la eficacia del modelo, y facilitar su adopción como herramienta de apoyo en el diagnóstico dermatológico.

V. CONCLUSIONES

El presente estudio ha evaluado la capacidad de un algoritmo de redes neuronales del tipo convolucional para la detección y clasificación de lesiones cutáneas, y se obtuvieron resultados altamente satisfactorios en términos de exactitud, precisión, sensibilidad y puntaje F1.

El análisis de la matriz de confusión y las métricas de calidad revelan que el modelo logra un equilibrio adecuado entre la identificación de casos positivos y negativos, con una tasa de falsos positivos y falsos negativos relativamente baja. De esta manera, la adopción del valor del área bajo la curva ROC (AUC) como indicador de rendimiento respalda la capacidad del modelo para distinguir eficazmente entre lesiones benignas y malignas.

A pesar de los resultados obtenidos, se identifican oportunidades de optimización. La implementación de técnicas de preprocesamiento, como la eliminación de artefactos en las imágenes y el uso de aumento de datos, ha contribuido significativamente a la mejora del modelo. No obstante, futuros trabajos podrían explorar la integración de técnicas más avanzadas de segmentación de imágenes, ajustes en los umbrales de decisión y enfoques de aprendizaje activo para mejorar la robustez del modelo en distintos conjuntos de datos.

Aunque los hallazgos de este estudio son prometedores, la adopción del modelo en entornos clínicos requiere validaciones adicionales. Es primordial evaluar su desempeño en escenarios del mundo real, considerando la variabilidad en la calidad de las imágenes y la diversidad de poblaciones de pacientes. La colaboración con especialistas en dermatología será clave para garantizar que el modelo no solo sea preciso, sino también interpretable y útil en la práctica médica.

REFERENCIAS

[1] Sociedad Americana Contra el Cáncer, "Estadísticas importantes sobre el cáncer de piel tipo melanoma," Estadísticas importantes sobre el cáncer de piel tipo melanoma. Accessed: Feb. 07, 2025. [Online]. Available: https://www.cancer.org/es/cancer/tipos/cancer-de-piel-tipo-melanoma/acerca/estadisticas-clave.html

[2] S. P. Kothapalli, P. S. H. Priya, V. S. Reddy, B. Lahya, and P. Ragam, "Melanoma Skin Cancer Detection using SVM and CNN," *EAI Endorsed Trans Pervasive Health Technol*, vol. 9, no. 1, May 2023, doi: 10.4108/eetpht.9.4340.

[3] F. Yalcinkaya and A. Erbas, "Convolutional neural network and fuzzy logic-based hybrid melanoma diagnosis system," *Elektronika ir Elektrotechnika*, vol. 27, no. 2, pp. 69–77, 2021, doi: 10.5755/j02.eie.28843.

[4] Alexander Scarlat MD, "Dataset Melanoma," Kaggle. Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://www.kaggle.com/datasets/drscarlat/melanoma

[5] T. Lee, V. Ng, R. Gallagher, A. Coldman, and D. McLean, "Dullrazor®: A software approach to hair removal from images," *Comput Biol Med*, vol. 27, no. 6, pp. 533–543, 1997, doi: https://doi.org/10.1016/S0010-4825(97)00020-6.

[6] C. H. Chen, "Adaptive Image Filtering," *Proceedings - IEEE Computer Society Conference on Pattern Recognition and Image Processing*, pp. 19–31, Jan. 2000, doi: 10.1016/B978-012077790-7/50005-9.

[7] Keras, "The Sequential class." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/models/sequential/

[8] Keras, "Conv2D layer." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/convolution_layers/convolution2d/

[9] Keras, "BatchNormalization layer." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/normalization_layers/batch_normalization/

[10] Keras, "Layer activation functions - ReLU ." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/activations/#relu-function

[11] Keras, "MaxPooling2D layer." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/pooling_layers/max_pooling2d/

[12] Keras, "Flatten layer." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/reshaping_layers/flatten/

[13] Keras, "Dense layer." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/core_layers/dense/

[14] Keras, "Layer activation functions | Softmax." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/layers/activations/#softmax-function

[15] Keras, "Adam." Accessed: May 13, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/optimizers/adam/

[16] D. P. Kingma and J. Ba, "Adam: A Method for Stochastic Optimization," Dec. 2014, [Online]. Available: http://arxiv.org/abs/1412.6980

[17] Keras, "EarlyStopping." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/callbacks/early_stopping/

[18] Keras, "ReduceLROnPlateau." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://keras.io/api/callbacks/reduce_lr_on_plateau/

[19] Google Cloud, "Introducción a Cloud TPU." Accessed: Feb. 20, 2025. [Online]. Available: https://cloud.google.com/tpu/docs/intro-to-tpu?hl=es-419

[20] R. C. Maron *et al.*, "Systematic outperformance of 112 dermatologists in multiclass skin cancer image classification by convolutional neural networks," *Eur J Cancer*, vol. 119, pp. 57–65, Sep. 2019, doi: 10.1016/j.ejca.2019.06.013.

[21] H. A. Haenssle *et al.*, "Man against machine reloaded: performance of a market-approved convolutional neural network in classifying a broad spectrum of skin lesions in comparison with 96 dermatologists working under less artificial conditions," *Annals of Oncology*, vol. 31, no. 1, pp. 137–143, Jan. 2020, doi: 10.1016/j.annonc.2019.10.013.

[22] W. Salma and A. S. Eltrass, "Automated deep learning approach for classification of malignant melanoma and benign skin lesions," *Multimed Tools Appl*, vol. 81, no. 22, pp. 32643–32660, Sep. 2022, doi: 10.1007/s11042-022-13081-x.

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026
DOI: https://doi.org/10.33333/lajc.vol13n1.08

AUTHORS

José Alberto León Alarcón

José León Alarcón es un profesional especializado en Ciencia de Datos, posee un máster en Sistemas de Información con mención en Data Science por la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE Quito). Su formación académica se complementa con una sólida experiencia en el ámbito de la inteligencia artificial, especialmente en el aprendizaje automático (machine learning) y el aprendizaje profundo (deep learning). A lo largo de su trayectoria profesional, se ha enfocado en el análisis de imágenes médicas, contribuyendo al desarrollo de modelos capaces de apoyar el diagnóstico clínico mediante técnicas avanzadas de procesamiento de imágenes.

Además, ha trabajado en la extracción y análisis de información a partir de datos complejos, aplicando metodologías estadísticas y herramientas computacionales modernas. Sus áreas de interés incluyen la inteligencia artificial, el análisis predictivo y el desarrollo de soluciones innovadoras que permitan transformar grandes volúmenes de datos en conocimiento útil para la toma de decisiones. Se caracteriza por su compromiso con la investigación aplicada y el desarrollo tecnológico orientado a resolver problemas reales.

Roly Steeven Cedeño Menéndez

Ingeniero en Sistemas de Información por la Universidad Técnica de Manabí y Magíster en Sistemas de Información con mención en Data Science por la Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Su formación académica y experiencia profesional se enfocan en el análisis de datos, el aprendizaje automático y la aplicación de técnicas avanzadas para la extracción de conocimiento a partir de grandes volúmenes de información. Actualmente se desempeña como técnico docente en la Universidad Técnica de Manabí y cuenta con un año de experiencia adicional como docente en modalidad online.

Ha participado en proyectos de investigación vinculados a la ciencia de datos, destacando su trabajo de tesis de posgrado titulado "Análisis de sentimientos utilizando la red social X (Twitter) para medir el nivel de aceptación del nuevo presidente del Ecuador, Daniel Noboa (noviembre 2023 - abril 2024)". También cuenta con dos artículos académicos publicados. Sus áreas de interés incluyen la inteligencia artificial, la minería de datos y el desarrollo de soluciones basadas en ciencia de datos. Sus objetivos profesionales actuales se centran en mejorar continuamente como docente y consolidarse como investigador en el área, contribuyendo con nuevas publicaciones científicas.

ISSN:1390-9266 e-ISSN:1390-9134 LAJC 2026