REPRESENTACIÓN GEOMÉTRICA BASADA EN GRAFOS PARA BRINDAR SOPORTE EN LA CLASIFICACIÓN DE LESIONES DE CÁNCER DE PRÓSTATA EN SECUENCIAS BPMRI

JUAN DAVID PAIPA JAIMES
PEDRO JULIAN TAVERA CORTEZ
LUIS SEBASTIÁN MORA CAÑAS

UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE INGENIERÍAS FISICOMECÁNICAS
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA
BUCARAMANGA
2026

REPRESENTACIÓN GEOMÉTRICA BASADA EN GRAFOS PARA BRINDAR SOPORTE EN LA CLASIFICACIÓN DE LESIONES DE CÁNCER DE PRÓSTATA EN SECUENCIAS BPMRI

JUAN DAVID PAIPA JAIMES
PEDRO JULIAN TAVERA CORTEZ
LUIS SEBASTIÁN MORA CAÑAS

Trabajo de grado para optar al título de ingenieros de sistemas.

Director:
Fabio Martínez Carrillo
Doctor en Ingeniería de Sistemas y Computación (Ph.D.)
Codirector:
Juan Andrés Olmos Rojas
Magíster en Matemática Aplicada

UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE INGENIERÍAS FISICOMECÁNICAS
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA
BUCARAMANGA
2026

Agradecimientos

Quiero agradecerle primero a Dios por brindarme salud y vida durante todos estos años, por apoyarme ante las dificultades y por permitirme contar con mis seres queridos. A mis padres, por haber estado siempre presentes y haberme apoyado a lo largo de mi vida, tanto en los buenos como en los malos momentos. Sin ellos y sin su esfuerzo, seguramente no habría alcanzado este logro.

Al profesor Fabio Martínez, director de este trabajo, por su paciencia, orientación y rigurosidad durante su realización, así como por guiarme y corregirme a lo largo del camino.

Al profesor Juan Andrés Olmos, codirector de este trabajo, por su paciencia, disposición para ayudar, orientar y resolver mis dudas, y por haber sido una importante guía durante su desarrollo.

Al grupo de investigación BIVL^{2}AB, por brindarme un espacio muy agradable de aprendizaje y convivencia. Finalmente, a mis compañeros y amigos de carrera, por compartir conmigo tantos momentos agradables a lo largo de estos semestres y por hacer de la carrera universitaria una etapa amena y memorable.

Juan David Paipa Jaimes

Agradezco a Dios Padre todopoderoso, cuya divina providencia nada me ha hecho faltar y por quien todo me ha sido posible; a mi Señor Jesucristo, que por su misericordia salió a mi encuentro durante esta etapa universitaria y por cuya gracia soy hombre nuevo; al Espíritu Santo, fuente de todo don, quien me ha fortalecido para afrontar los desafíos académicos y humanos de mi vida universitaria; y, así, a la Santísima Trinidad, principio y fin de toda gracia, roca firme sobre la que está asentada mi vida.

También a la bienaventurada siempre Virgen María, por presentar siempre mi oración a su Hijo, por ser mi consuelo en las dificultades y alegrarse conmigo en las victorias. Y a todos los santos que el Señor ha puesto en mi camino: San Agustín, San Benito Abad, San José de Cupertino, cuya intercesión me ha asistido en más de un examen; y a toda la comunión de los santos.

A mi madre, Bety Consuelo Cañas Flórez, a quien dedico este logro, mujer de tierno amor y generosa entrega, cuyo esfuerzo y sacrificio me han sostenido durante estos años; a mi padre, José Luis Mora Porras, hombre fuerte y trabajador, que con el trabajo de sus manos ha sido sustento de nuestra familia.

Al grupo de investigación BIVL^{2}ab; a mi director, Fabio Martínez (Ph.D.) y mi codirector, Juan Andrés Olmos, siempre dispuestos a revisar nuestros avances pacientemente y acompañarnos semana a semana. A mis compañeros de trabajo, Juan David Paipa y Pedro Tavera, a quienes admiro académicamente y deseo lo mejor en su porvenir. A los demás compañeros de investigación que de alguna forma me acompañaron en mi formación: Guaya, Franklin, Estefanía, Laura, et al. Desearía poder mencionarlos a todos; sepan que los llevo en mi corazón.

Finalmente, agradezco a Bucaramanga, Ciudad Bonita y fraterna, que, como dice aquel letrero: “Quien pisa tierra santandereana es santandereano”, me ha hecho también santandereano por adopción. A esta tierra que aprendí a llamar hogar le digo: ¡Siempre adelante, ni un paso atrás!

Luis Sebastián Mora Cañas

Quiero agradecer a la vida, por brindarme la fortaleza, sabiduría y perseverancia necesarias para culminar esta etapa de mi formación académica y personal. A mis padres, por acompañarme y respaldarme incondicionalmente, y por ser una fuente constante de motivación. A mi hermano, por estar siempre a mi lado y brindarme su compañía y apoyo en los momentos en que más lo necesité.

Al profesor Fabio Martínez, por ser un pilar fundamental en la realización de este trabajo, por su dedicación, orientación y disposición durante cada semana de este último año, así como por sus valiosos aportes para el desarrollo y culminación del proyecto. A Juan Andrés Olmos, por su acompañamiento constante, compartir sus conocimientos y contribuir significativamente a este trabajo. A mis compañeros, por su colaboración, compromiso y entrega, así como por las ideas compartidas y el esfuerzo conjunto para superar los retos del proyecto. Al grupo de investigación BIVL^{2}AB, por brindarme un espacio de encuentro, aprendizaje y crecimiento, donde tuve la oportunidad de compartir con personas excepcionales. Les deseo muchos éxitos en sus proyectos y en sus vidas.

A la Sede UIS Barbosa, por acogerme durante la etapa básica de mi formación universitaria. Al grupo Diapasón UIS, por propiciar un ambiente enriquecedor, donde adquirí nuevos conocimientos y viví momentos inolvidables que permanecerán como recuerdos importantes de mi etapa universitaria.

A la Universidad Industrial de Santander, por acompañarme durante mi formación y brindarme herramientas para crecer académica y personalmente. A sus docentes, por compartir sus conocimientos y experiencias a lo largo de mi carrera. Al grupo EMUIS, por permitirme fortalecer mis conocimientos y continuar creciendo artísticamente, y a Teatro UIS, por ayudarme a explorar y desarrollar habilidades comunicativas, artísticas y personales, demostrando que la formación universitaria también trasciende las aulas.

Pedro Julian Tavera Cortez

CONTENIDO

pág.

INTRODUCCIÓN **13**

1. FUNDAMENTOS Y TRABAJO PREVIO **17**

1.1. CÁNCER DE PRÓSTATA E IMÁGENES BIPARAMÉTRICAS (BPMRI) 17

1.2. PATRONES PERILESIONALES RELACIONADOS CON CÁNCER DE PRÓSTATA 22

1.3. REDES DE APRENDIZAJE PROFUNDO DE GRAFOS 24

1.4. ESTRATEGIAS COMPUTACIONALES PARA LA CLASIFICACIÓN DE LESIONES CSCPA 28

2. PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN **32**

2.1. PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN 33

3. OBJETIVOS **34**

3.1. OBJETIVO GENERAL 34

3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS 34

4. ENFOQUE PROPUESTO: UNA REPRESENTACIÓN BASADA EN GRAFOS . **35**

4.1. SUPERPÍXELES PARA LA REPRESENTACIÓN LOCAL DE LESIONES . . . 35

4.2. CONSTRUCCIÓN DEL GRAFO MULTIMODAL 38

4.3. RED DE ATENCIÓN DE GRAFOS PARA CARACTERIZACIÓN DE LESIONES 39

5. DISEÑO EXPERIMENTAL **41**

5.1. CONJUNTO DE DATOS 41

5.1.1. PI-CAI 41

5.1.2. Prostate158 43
5.2. CONFIGURACIÓN EXPERIMENTAL DE LA METODOLOGÍA PROPUESTA . 44
5.2.1. Configuración de los superpíxeles 44
5.2.2. Configuración de la arquitectura GAT 45
5.2.3. Configuración de extracción de características 45
5.2.4. Evaluación de las relaciones diferenciales 46
5.3. LÍNEA BASE BASADA EN REGIONES INTRA- Y PERILESIONALES 46
5.4. PROTOCOLO DE ENTRENAMIENTO Y EVALUACIÓN 47
5.4.1. Evaluación externa 47

6. EVALUACIÓN Y RESULTADOS 49
6.1. ESTUDIO DE COMPONENTES DE LA ARQUITECTURA 49
6.2. COMPARACIÓN DE LAS ESTRATEGIAS SOBRE PI-CAI 51
6.3. EVALUACIÓN EXTERNA EN PROSTATE158 52

7. CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO 54

BIBLIOGRAFÍA 57

ANEXOS 65

LISTA DE FIGURAS

pág.

Figura 1. Ejemplos de hallazgos en estudios bpMRI. 22
Figura 2. Esquema del proceso de propagación de mensajes en una GNN a lo largo de L capas. 25
Figura 3. Descripción general del procedimiento de la estrategia implementada. . . 35
Figura 4. Casos de ejemplo de la clasificación realizada por la metodología propuesta (*Superpixels* + *GAT*) en Prostate158. 53
Figura A1Descripción general del procedimiento de la línea base. 65

LISTA DE TABLAS

pág.

Tabla 1. Distribución de las lesiones de PI-CAI según el sistema de clasificación ISUP y la agrupación ternaria. 43
Tabla 2. Distribución de los estudios de Prostate158 según la clasificación binaria utilizada en este trabajo. 44

Tabla 3. Comparación de estrategias de extracción usando características radiómicas y características de la red preentrenada ResNet18. 49
Tabla 4. Comparación del desempeño de la red de grafos con y sin la integración de nodos correspondientes a las relaciones diferenciales. 50
Tabla 5. Comparación de las estrategias implementadas en la validación de PI-CAI. 51
Tabla 6. Evaluación externa de la configuración final de las estrategias implementadas. 52

Tabla A1Comparación entre la clasificación mediante GCN y mediante concatenación de características y DNN. 69
Tabla A2Evaluación de la incorporación de nodos perilesionales en la representación del grafo. 70
Tabla A3Comparación de extractores para la construcción de características a partir de diferentes secuencias bpMRI de cada nodo. 71
Tabla A4Comparación de métodos de reducción de dimensionalidad. 72

LISTA DE ANEXOS

pág.

Anexo A. Línea base: Estrategia basada en regiones 65

RESUMEN

TÍTULO: Representación geométrica basada en grafos para brindar soporte en la clasificación de lesiones de cáncer de próstata en secuencias bpMRI. [*]

AUTORES: Juan David Paipa Jaimes, Pedro Julian Tavera Cortez, Luis Sebastián Mora Cañas [**]

PALABRAS CLAVE: Lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa), Información perilesional, Redes neuronales de grafos (GNNs), Resonancia magnética biparamétrica (bpMRI).

DESCRIPCIÓN: El cáncer de próstata es uno de los tipos de cáncer más frecuentes en hombres a nivel mundial, y su pronóstico favorable depende en gran medida de una detección temprana. Métodos clínicos tradicionales como la medición del antígeno prostático (PSA) y el examen digital rectal (DRE) presentan baja especificidad, lo que puede conducir a un alto número de falsos positivos. En este contexto, las imágenes de resonancia magnética biparamétrica (bpMRI) se han consolidado como una herramienta eficaz para identificar visualmente regiones asociadas a lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa). Sin embargo, este análisis permanece subjetivo, con baja correlación entre los hallazgos radiológicos y la confirmación de malignidad por biopsia. Diversos métodos computacionales han sido propuestos para detectar y clasificar estas lesiones. No obstante, la mayoría predice la malignidad usando exclusivamente relaciones explícitas de la región de interés, ignorando información contextual alrededor de la lesión. Evidencia reciente sugiere que la región perilesional contiene patrones visuales relevantes para la caracterización de tejidos asociados a lesiones csPCa. En este trabajo se implementó una estrategia basada en redes neuronales de grafos para integrar información espacial perilesional y contextual de estudios bpMRI. Para ello, regiones locales se codificaron mediante superpíxeles, acotando regiones intra- y perilesionales. Estas regiones fueron representadas por un banco de características y utilizadas para construir grafos orientados a la clasificación de tejido no canceroso y lesiones csPCa. En el dataset público PI-CAI, con un total de 1500 estudios, el método desarrollado alcanzó un AUC-ROC de $0{,}97 \pm 0{,}02$ y un AUC-PR de $0{,}95 \pm 0{,}03$. Estos resultados respaldan la importancia de incluir información perilesional, así como el potencial de las representaciones basadas en grafos para integrar la información y discriminar la malignidad.

---

[*] Trabajo de investigación

[**] Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas. Escuela de Ingeniería de Sistemas e Informática. Director: Fabio Martínez Carrillo, Ph.D. Codirector: Juan Andrés Olmos.

Abstract

TITLE: Graph-Based Geometric Representation to Support the Classification of Prostate Cancer Lesions in bpMRI Sequences. [*]

AUTHORS: Juan David Paipa Jaimes, Pedro Julian Tavera Cortez, Luis Sebastián Mora Cañas [**]

KEYWORDS: Clinically significant prostate cancer lesions (csPCa), Perilesional information, Graph neural networks (GNNs), Biparametric magnetic resonance imaging (bpMRI).

DESCRIPTION: Prostate cancer is one of the most common types of cancer among men worldwide, and a favorable prognosis depends largely on early detection. Traditional clinical methods, such as prostate-specific antigen testing (PSA) and digital rectal examination (DRE), have low specificity, which can lead to a high number of false positives. In this context, biparametric magnetic resonance imaging (bpMRI) has become an effective tool for visually identifying regions associated with clinically significant prostate cancer (csPCa) lesions. However, this analysis remains subjective, with low correlation between radiological findings and biopsy-confirmed malignancy. Various computational methods have been proposed to detect and classify these lesions. Nevertheless, most of them predict malignancy using exclusively explicit relationships within the region of interest, overlooking contextual information surrounding the lesion. Recent evidence suggests that the perilesional region contains relevant visual patterns for the characterization of tissues associated with csPCa lesions. In this work, a graph neural network-based strategy was implemented to integrate perilesional spatial and contextual information from bpMRI studies. To this end, local regions were encoded using superpixels, delineating intra- and perilesional regions. These regions were represented by a feature bank and used to construct graphs oriented toward the classification of non-cancerous tissue and csPCa lesions. On the public PI-CAI dataset, comprising a total of 1500 studies, the proposed method achieved an AUC-ROC of $0{,}97 \pm 0{,}02$ and an AUC-PR of $0{,}95 \pm 0{,}03$. These results support the importance of incorporating perilesional information, as well as the potential of graph-based representations to integrate information and discriminate malignancy.

---

[*] Research work

[**] Faculty of Physics-Mechanics Engineering. School of Systems Engineering and Informatics. Advisor: Fabio Martínez Carrillo, Ph.D. Co-advisor: Juan Andrés Olmos Rojas.

INTRODUCCIÓN

El cáncer de próstata constituye hoy en día uno de los principales problemas de salud pública en la población masculina y representa uno de los tipos de cáncer con mayor incidencia a nivel mundial [1]. De acuerdo con estadísticas recientes, esta enfermedad se ubica entre las principales causas de mortalidad por cáncer en hombres, lo que resalta la importancia de desarrollar estrategias que permitan una detección temprana [2]. Debido a la naturaleza heterogénea de la enfermedad, distinguir de manera confiable las lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa) resulta fundamental para orientar las decisiones clínicas, evitar procedimientos invasivos innecesarios y mejorar el pronóstico de los pacientes[3,4].

En la práctica clínica, el proceso diagnóstico combina herramientas de tamizaje (*Screening*), entre ellas la medición del antígeno prostático específico (PSA) y el examen digital rectal (DRE). Sin embargo, tanto el PSA como el DRE presentan una baja especificidad, y, en consecuencia, conllevan la realización de biopsias innecesarias [4]. En este contexto, las imágenes de resonancia magnética biparamétrica (bpMRI), compuesta por las secuencias T2 ponderada (T2W), difusión ponderada (DWI) y mapas del coeficiente de difusión apa-

---

1 Prashanth RAWLA. "Epidemiology of prostate cancer". En: *World journal of oncology* 10.2 (2019), pág. 63.

2 Hyuna SUNG, *et al.* "Global cancer statistics 2024: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 34 cancers in 186 countries". En: *CA: A Cancer Journal for Clinicians* 76.4 (2026), e70090.

3 Michael C HAFFNER, *et al.* "Genomic and phenotypic heterogeneity in prostate cancer". En: *Nature Reviews Urology* 18.2 (2021), págs. 79-92.

4 Michael FROEHNER; Rainer KOCH y Markus GRAEFEN. "Re: Nicolas Mottet, Roderick CN van den Bergh, Erik Briers, et al. EAU-EANM-ESTRO-ESUR-SIOG Guidelines on Prostate Cancer-2020 Update. Part 1: Screening, Diagnosis, and Local Treatment with Curative Intent. Eur Urol 2021; 79: 243-62: Comorbidity Measurement in Patients with Prostate Cancer." En: *European Urology* 79.5 (2021), e138-e138.

rente (ADC), se han consolidado como una herramienta de gran utilidad para la evaluación no invasiva del cáncer de próstata, proporcionando información anatómica y funcional que facilita la identificación de regiones sospechosas por expertos [5,6,7]. A pesar de los avances alcanzados por la imagenología médica, la interpretación de estudios bpMRI continúa siendo dependiente de la experiencia del radiólogo y presenta una considerable variabilidad entre observadores [8]. Además, la complejidad estructural del tejido prostático y la diversidad de patrones radiológicos asociados al cáncer dificultan la identificación precisa de estas regiones [9].

Esta situación ha impulsado el desarrollo de métodos de análisis asistido por computador basados en aprendizaje profundo, los cuales buscan aprender patrones discriminativos relacionados con lesiones csPCa presentes en las imágenes médicas para apoyar el diagnóstico clínico [10]. En particular, las redes neuronales convolucionales (CNN) y, más recientemente, las arquitecturas basadas en *vision transformers* (ViT) han demostrado re-

---

5 Henrik J. MICHAELY, *et al.* "Current Value of Biparametric Prostate MRI with Machine-Learning or Deep-Learning in the Detection, Grading, and Characterization of Prostate Cancer: A Systematic Review". En: *Diagnostics* 12.4 (2022). DOI: 10.3390/diagnostics12040799.

6 Beibei HU, *et al.* "A nomogram based on biparametric magnetic resonance imaging for detection of clinically significant prostate cancer in biopsy-naïve patients". En: *Cancer Imaging* 23.1 (2023), pág. 82.

7 Sandra Miriam KAWA, *et al.* "Detection of clinically significant prostate cancer by systematic TRUS-biopsies in a population-based setting over a 20 year period". En: *Urology* 155 (2021), págs. 20-25.

8 Marco GATTI, *et al.* "Prostate cancer detection with biparametric magnetic resonance imaging (bpMRI) by readers with different experience: performance and comparison with multiparametric (mpMRI)". En: *Abdominal Radiology* 44.5 (2019), págs. 1883-1893.

9 Shigekatsu MAEKAWA; Ryo TAKATA y Wataru OBARA. "Molecular mechanisms of prostate cancer development in the precision medicine era: A comprehensive review". En: *Cancers* 16.3 (2024), pág. 523.

10 Matin HOSSEINZADEH, *et al.* "Deep learning–assisted prostate cancer detection on bi-parametric MRI: minimum training data size requirements and effect of prior knowledge". En: *European Radiology* 32.4 (2022), págs. 2224-2234.

sultados prometedores en tareas de detección y clasificación de lesiones prostáticas [11,12]. No obstante, muchos de estos enfoques centran su análisis en la región delimitada como lesión, asumiendo que dicha segmentación representa completamente la extensión tumoral. Esta aproximación puede resultar insuficiente, ya que las delimitaciones pueden variar entre especialistas y, además, tienden a enfocarse únicamente en la región intralesional, ignorando el contexto espacial que rodea la lesión.

Estudios recientes han demostrado que la región perilesional, definida como el tejido inmediatamente circundante a la lesión, presenta alteraciones estructurales y funcionales asociadas con la progresión del cáncer, las cuales contienen información complementaria de gran valor diagnóstico [13,14,15]. En consecuencia, la integración conjunta de información intralesional y perilesional representa una oportunidad para desarrollar modelos computacionales más robustos y con mayor capacidad de caracterización. Dentro de este panorama, las redes neuronales de grafos (*GNNs*) han emergido como una alternativa especialmente adecuada para representar relaciones espaciales entre diferentes regiones de interés. A diferencia de las CNNs convencionales, las GNNs permiten modelar estructuras no euclidianas mediante nodos y conexiones diferentes a una rejilla rígida, representando dependencias topológicas e incorporando información tanto local como contextual a

---

11 Yann LECUN; Yoshua BENGIO y Geoffrey HINTON. "Deep learning". En: *Nature* 521.7553 (2015), págs. 436-444.

12 Yuheng LI, *et al.* "Cross-shaped windows transformer with self-supervised pretraining for clinically significant prostate cancer detection in bi-parametric MRI". En: *Medical physics* 52.2 (2025), págs. 993-1004.

13 Eduard CHELEBIAN, *et al.* "Discovery of tumour indicating morphological changes in benign prostate biopsies through AI". En: *Scientific Reports* 15.1 (2025), pág. 30770.

14 Gregor DUWE, *et al.* "Value of perilesional biopsies in multiparametric magnetic resonance imaging-targeted biopsy and systematic biopsy in detection of prostate cancer: Results of a prospective, non-randomized, surgeon-blinded study". En: *World Journal of Urology* 42.1 (2024), pág. 297.

15 Xingkang JIANG; Baojie MA y Yong XU. "Targeted and perilesional biopsy: triumphs and cautions". En: *Prostate Cancer and Prostatic Diseases* 28.2 (2025), págs. 524-525.

través del mecanismo de propagación de mensajes (*message passing*) [16,17,18].

En el presente trabajo se desarrolló una representación profunda y geométrica basada en grafos para la clasificación de lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata a partir de estudios bpMRI, rescatando tanto información de la lesión como regiones perilesionales, que dan contexto a la observación de malignidad. Primero, el enfoque construye regiones de apariencia similar, siguiendo un algoritmo de superpíxeles, permitiendo enmarcar la región de la lesión y regiones en la periferia de esta. Estas regiones son integradas en un grafo que representa conjuntamente las diferentes secuencias bpMRI, sobre el cual se aplica un mecanismo de atención para capturar las relaciones entre las diferentes regiones y modalidades bpMRI. Luego la arquitectura fue ajustada, siguiendo un esquema supervisado, para realizar una clasificación binaria entre tejido no canceroso y lesiones csPCa, de malignidad intermedia y alta. El método fue entrenado y validado en un conjunto de PI-CAI, que es el conjunto de datos público de mayor reconocimiento para este dominio, adicionalmente, fue evaluado en el conjunto de datos externo Prostate158.

---

16 Aryan SINGH, *et al.* "Compact & capable: Harnessing graph neural networks and edge convolution for medical image classification". En: *arXiv preprint arXiv:2307.12790* (2023).

17 Justin GILMER, *et al.* "Neural message passing for quantum chemistry". En: *International conference on machine learning*. Pmlr. 2017, págs. 1263-1272.

18 Zonghan WU, *et al.* "A comprehensive survey on graph neural networks". En: *IEEE transactions on neural networks and learning systems* 32.1 (2020), págs. 4-24.

1. FUNDAMENTOS Y TRABAJO PREVIO

1.1. CÁNCER DE PRÓSTATA E IMÁGENES BIPARAMÉTRICAS (BPMRI)

El cáncer de próstata es una enfermedad caracterizada por la proliferación anormal de células en la glándula prostática, que puede dar lugar a la formación de tumores malignos con un comportamiento clínico variable [19]. Su progresión puede abarcar desde formas de crecimiento lento y bajo riesgo hasta variantes agresivas con capacidad de invasión local y metástasis [20,21]. Debido a esta heterogeneidad, la identificación temprana de lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa) constituye un aspecto fundamental para la toma de decisiones clínicas y la planificación del tratamiento.

El diagnóstico definitivo del cáncer de próstata se establece mediante el análisis histopatológico de muestras obtenidas por biopsia, considerado como el estándar de referencia diagnóstico (*gold standard*). Sin embargo, este procedimiento es invasivo y puede asociarse con complicaciones como sangrado, infecciones y alteraciones urinarias [22]. Por esta razón, en la práctica clínica se emplean previamente métodos de tamizaje como la medición del antígeno prostático específico (PSA) y el examen digital rectal (DRE). A pesar de su amplia utilización, estas técnicas presentan limitaciones en cuanto a su especificidad para la predicción de casos csPCa, lo que puede conducir a falsos positivos y a la

---

19 Amit R PATEL y Eric A KLEIN. "Risk factors for prostate cancer". En: *Nature clinical practice Urology* 6.2 (2009), págs. 87-95.

20 Elisabeth JS KUNKEL, *et al.* "Biopsychosocial aspects of prostate cancer". En: *Psychosomatics* 41.2 (2000), págs. 85-94.

21 Joseph A SMITH JR; Mark S SOLOWAY y Marvin J YOUNG. "Complications of advanced prostate cancer". En: *Urology* 54.6 (1999), págs. 8-14.

22 Stacy LOEB, *et al.* "Systematic review of complications of prostate biopsy". En: *European urology* 64.6 (2013), págs. 876-892.

realización de biopsias innecesarias [23].

En este contexto, las imágenes de resonancia magnética (MRI) han adquirido un papel relevante en la evaluación no invasiva del cáncer de próstata. Esta modalidad permite caracterizar tanto la anatomía como determinadas propiedades funcionales del tejido prostático, facilitando la detección y localización de lesiones sospechosas antes de la biopsia [24].

Tradicionalmente, el protocolo de referencia ha sido la resonancia multiparamétrica (mpMRI), que combina diferentes secuencias para obtener información anatómica y funcional complementaria. Entre ellas se encuentra la secuencia ponderada en T2 (T2W), las imágenes ponderadas por difusión (DWI), los mapas del coeficiente de difusión aparente (ADC) y la adquisición dinámica con contraste (DCE). No obstante, la resonancia magnética biparamétrica (bpMRI) se ha establecido como una alternativa eficiente, al excluir la secuencia DCE y utilizar únicamente las secuencias T2W, DWI y ADC [25]. Esta simplificación permite reducir el tiempo de adquisición y los costos de estudio, además de evitar el uso de agentes de contraste basados en gadolinio, manteniendo una capacidad diagnóstica adecuada para la detección de lesiones csPCa [26].

Para la interpretación de las tres secuencias que componen un estudio bpMRI, se toma en cuenta un sistema de reporte imagenológico de próstata llamado *Prostate Imaging Reporting and Data System* (*PI-RADS v2.1*), el cual asigna puntuaciones de sospecha de

---

[23] Leen NAJI, *et al.* "Digital rectal examination for prostate cancer screening in primary care: a systematic review and meta-analysis". En: *The Annals of Family Medicine* 16.2 (2018), págs. 149-154.

[24] Amita SHUKLA-DAVE y Hedvig HRICAK. "Role of MRI in prostate cancer detection". En: *NMR in Biomedicine* 27.1 (2014), págs. 16-24.

[25] Michele SCIALPI, *et al.* "Biparametric MRI of the prostate". En: *Turkish journal of urology* 43.4 (2017), pág. 401.

[26] Christiane K KUHL, *et al.* "Abbreviated biparametric prostate MR imaging in men with elevated prostate-specific antigen". En: *Radiology* 285.2 (2017), págs. 493-505.

presencia de lesiones csPCa basadas en características observadas en las secuencias [27]. De esta manera, el sistema PI-RADS ha permitido la estandarización de la interpretación de los hallazgos por parte de los expertos radiólogos, asignando puntuaciones según el grado de sospecha de la lesión csPCa en regiones de interés.

- **Secuencia T2 ponderada (T2W):** La secuencia ponderada en T2 (T2W) proporciona una representación detallada de la anatomía prostática debido a su alta resolución espacial y contraste entre los diferentes tejidos [28,29]. Su adquisición se basa en la interacción entre un campo magnético y los protones de agua presentes en los tejidos, a partir de la cual se registra la señal asociada con sus propiedades de relajación.

  A pesar de su utilidad para la caracterización anatómica, la interpretación de las imágenes T2W presenta dificultades. Algunas condiciones benignas, como la prostatitis y la hiperplasia prostática benigna, pueden producir patrones de señal similares a los observados en lesiones malignas [30]. Esta superposición dificulta la diferenciación entre tejido benigno y tumoral, por lo que la información proporcionada por T2W debe interpretarse conjuntamente con las secuencias funcionales DWI y ADC. En la Figura 1 se ilustran dos casos con su visualización de secuencia T2W. Allí se puede observar la glándula prostática ubicada en el centro de la imagen. El estudio superior corresponde a una glándula con tejido sano, y el estudio inferior a una glándula

---

27 Baris TURKBEY, *et al.* "Prostate imaging reporting and data system version 2.1: 2019 update of prostate imaging reporting and data system version 2". En: *European urology* 76.3 (2019), págs. 340-351.

28 Gillian MURPHY, *et al.* "The expanding role of MRI in prostate cancer". En: *American Journal of Roentgenology* 201.6 (2013), págs. 1229-1238.

29 Raquel SÁNCHEZ-ORO, *et al.* "Resonancia magnética de próstata: guía práctica de interpretación e informe según PI-RADS versión 2.1". En: *Radiología* 62.6 (2020), págs. 437-451.

30 James THOMPSON, *et al.* "The role of magnetic resonance imaging in the diagnosis and management of prostate cancer". En: *BJU international* 112 (2013), págs. 6-20.

con una lesión en la parte superior que se extiende levemente fuera de la próstata.

- **Secuencia de difusión ponderada (DWI) y mapas ADC:** La secuencia de difusión ponderada (DWI) permite evaluar el movimiento de las moléculas de agua en los tejidos, conocido como movimiento browniano [31]. Este movimiento está condicionado por características de la estructura celular, particularmente por la densidad celular y la integridad de las membranas.

  En el tejido prostático sano, las moléculas de agua presentan un movimiento relativamente libre, lo que se traduce en una señal baja en imágenes DWI. En contraste, en el tejido tumoral, el incremento de la densidad celular restringe la difusión, produciendo una señal hiperintensa [32]. Esta diferencia permite utilizar la DWI como una fuente de información funcional para la detección y caracterización de lesiones sospechosas de cáncer de próstata.

  La información proporcionada por DWI se complementa mediante los mapas del coeficiente de difusión aparente (ADC), que permiten cuantificar la magnitud de la difusión. En estos mapas, las lesiones malignas suelen aparecer como regiones hipointensas (valores bajos de ADC), asociadas a una restricción de la difusión y una elevada celularidad tumoral [33]. Un parámetro relevante en la adquisición de imágenes de DWI es el valor b (*b-value*), que controla la sensibilidad de la secuencia a la difusión. Valores elevados de b incrementan la sensibilidad a la restricción de

---

31 Olaf DIETRICH, *et al.* "Technical aspects of MR diffusion imaging of the body". En: *European journal of radiology* 76.3 (2010), págs. 314-322.

32 Dow-Mu KOH y David J COLLINS. "Diffusion-weighted MRI in the body: applications and challenges in oncology". En: *American Journal of Roentgenology* 188.6 (2007), págs. 1622-1635.

33 Tsutomu TAMADA, *et al.* "Diffusion-weighted imaging in prostate cancer". En: *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine* 35.4 (2022), págs. 533-547.

difusión y pueden mejorar el contraste entre el tejido sano y el tejido tumoral [34].

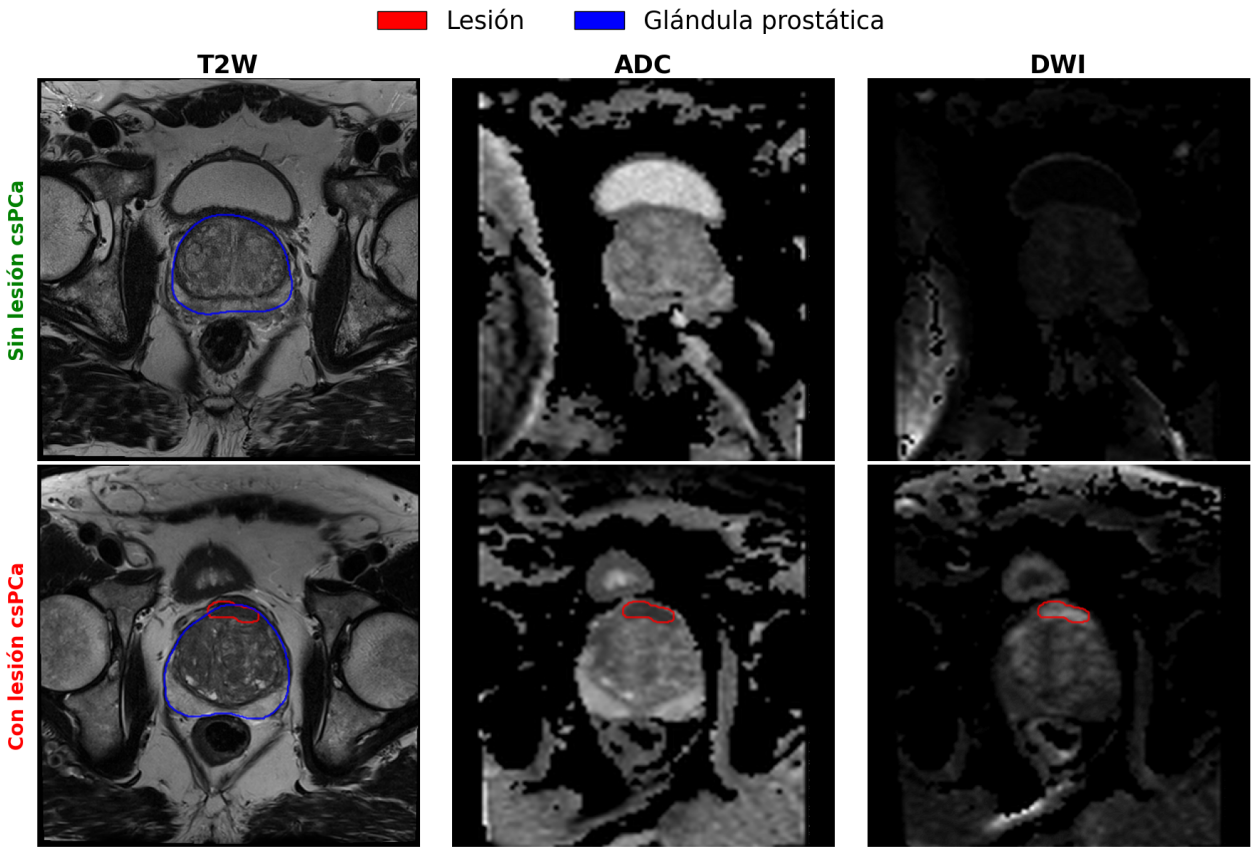
A pesar de su utilidad, ambas imágenes DWI y ADC presentan limitaciones, con una resolución espacial inferior en comparación con la de T2W, lo que puede dificultar la localización precisa de los límites de una lesión [35]. Por esta razón, la interpretación conjunta de T2W, ADC y DWI es fundamental para obtener una caracterización más completa del tejido prostático. En la Figura 1 se ilustran también las secuencias ADC y DWI para los dos casos de ejemplo. En el estudio inferior, se visualiza la lesión csPCa manifestándose como una región hipointensa en ADC, mientras que en DWI se observa como una zona hiperintensa.

---

[34] Iztok CAGLIC y Tristan BARRETT. "Diffusion-weighted imaging (DWI) in lymph node staging for prostate cancer". En: *Translational Andrology and Urology* 7.5 (2018), pág. 814.

[35] Amol Madanlal LAHOTI, *et al.* "Role and application of diffusion-weighted imaging in evaluation of prostate cancer". En: *Indian Journal of Medical and Paediatric Oncology* 39.03 (2018), págs. 349-354.

Figura 1. Ejemplos de hallazgos en estudios bpMRI.



Nota. La primera fila corresponde a un estudio bpMRI de un paciente sano y la segunda fila corresponde a un paciente con presencia de una lesión csPCa.

1.2. PATRONES PERILESIONALES RELACIONADOS CON CÁNCER DE PRÓSTATA

El análisis tradicional de los estudios bpMRI se ha centrado en la caracterización de la región intralesional, correspondiente al área delimitada como sospechosa por el radiólogo [29]. Sin embargo, el desarrollo tumoral puede producir modificaciones no solamente dentro de la lesión, sino también en el tejido que la rodea. Esta región circundante, denominada "*región perilesional*", puede contener información complementaria para la caracterización

del cáncer de próstata [36].

Desde una perspectiva biológica, el crecimiento tumoral puede estar acompañado por cambios en el tejido adyacente, incluyendo inflamación, angiogénesis y modificaciones en la organización celular [13]. Estos procesos pueden generar alteraciones en el entorno inmediato de una lesión que sean observables mediante imágenes médicas. Por consiguiente, el tejido perilesional constituye una fuente potencial de información adicional a las características propias de la región tumoral.

La relevancia de esta región también ha sido considerada desde una perspectiva clínica. Se ha reportado que la realización de biopsias adicionales en regiones próximas a lesiones sospechosas puede incrementar la tasa de detección de lesiones csPCa, lo que sugiere que las alteraciones asociadas con la enfermedad pueden extenderse más allá de los límites visibles de la lesión en MRI [14]. Asimismo, se ha señalado que las imágenes de resonancia magnética pueden subestimar la extensión real del tumor, lo que refuerza la importancia de considerar el contexto espacial que rodea a una lesión [15].

Adicionalmente, determinadas características morfológicas observadas en las lesiones, como bordes irregulares o extensiones en forma de cuña, pueden estar asociadas con patrones de infiltración tumoral que involucran el tejido circundante [37]. Estas observaciones respaldan la importancia de complementar la caracterización intralesional con información proveniente de la región perilesional.

En este sentido, el análisis conjunto de regiones intralesionales y perilesionales parte de la consideración de que el cáncer de próstata no modifica exclusivamente el tejido donde se origina, sino también su entorno inmediato. La incorporación de esta información puede

---

36 Mou LI, *et al.* "Use of radiomics to improve diagnostic performance of PI-RADS v2. 1 in prostate cancer". En: *Frontiers in Oncology* 10 (2021), pág. 631831.

37 Aritrick CHATTERJEE, *et al.* "Multiparametric MRI features and pathologic outcome of wedge-shaped lesions in the peripheral zone on T2-weighted images of the prostate". En: *American Journal of Roentgenology* 212.1 (2019), págs. 124-129.

contribuir a representar de manera más completa la heterogeneidad espacial asociada con las lesiones prostáticas.

1.3. REDES DE APRENDIZAJE PROFUNDO DE GRAFOS

Las redes neuronales de grafos (*Graph Neural Networks,* GNN) constituyen una familia de modelos de aprendizaje profundo diseñada para trabajar con datos estructurados como grafos. A diferencia de los modelos tradicionales, que generalmente operan sobre estructuras regulares, las GNN pueden procesar estructuras no euclidianas en las que las relaciones entre los elementos se representan explícitamente mediante aristas [38].

En este contexto, un grafo se define como $G = (V, E)$, donde V representa el conjunto de nodos y E el conjunto de aristas que establecen las relaciones entre ellos. Cada nodo $v \in V$ puede estar asociado con un vector de características $\mathbf{h}_v^{(0)} \in \mathbb{R}^d$, mientras que las aristas permiten representar relaciones entre los elementos del grafo [39].

El objetivo fundamental de las GNNs es aprender representaciones vectoriales (*embeddings*) que incorporen tanto las características de los nodos como la información proporcionada por sus vecinos. Estas representaciones profundas de grafos permiten aplicar técnicas de aprendizaje automático en tareas posteriores, tales como clasificación de nodos, predicción de enlaces o clasificación de grafos completos [38]. El funcionamiento de las GNNs se basa en el paradigma de propagación de mensajes (*message passing*), mediante el cual cada nodo actualiza progresivamente su representación utilizando información proveniente de su vecindario [17,18].

En términos generales, una capa l de propagación de mensajes puede describirse mediante tres etapas:

---

[38] Shima KHOSHRAFTAR y Aijun AN. "A survey on graph representation learning methods". En: *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology* 15.1 (2024), págs. 1-55.

[39] Fenxiao CHEN, *et al.* "Graph representation learning: a survey". En: *APSIPA Transactions on Signal and Information Processing* 9 (2020), e15.

1. **Generación de mensajes:**

$$\mathbf{m}_u^{(l)} = \mathrm{MSG}^{(l)}\left(\mathbf{h}_u^{(l-1)}\right) = \mathbf{W}^{(l)}\mathbf{h}_u^{(l-1)},$$

2. **Agregación:**

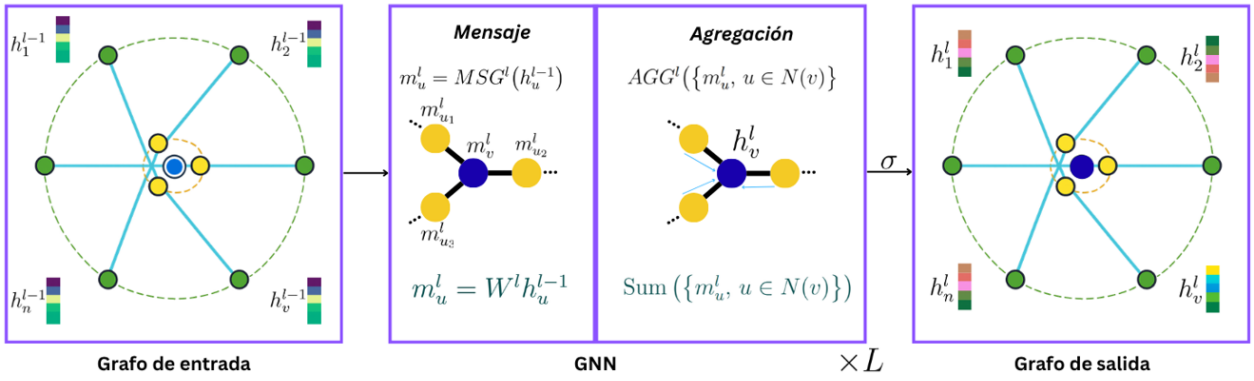
$$\mathbf{m}_v^{(l)} = \mathrm{AGG}^{(l)}\left(\{\mathbf{m}_u^{(l)} \mid u \in \mathcal{N}(v)\}\right),$$

3. **Actualización:**

$$\mathbf{h}_v^{(l)} = \sigma\left(\mathbf{m}_v^{(l)}\right),$$

donde $\mathcal{N}(v)$ representa el conjunto de vecinos del nodo v, $\mathbf{W}^{(l)}$ corresponde a una matriz de pesos entrenable y $\sigma(\cdot)$ es una función de activación no lineal [17]. Este proceso se repite a lo largo de L capas, permitiendo que las representaciones de los nodos incorporen información de vecindarios progresivamente más amplios [18]. En la Figura 2 se ilustra el mecanismo de propagación de mensajes anteriormente mencionado.

Figura 2. Esquema del proceso de propagación de mensajes en una GNN a lo largo de L capas.



A medida que se incrementa el número de capas, el campo receptivo de cada nodo se expande, permitiendo la incorporación de información de vecinos más lejanos dentro del grafo. De esta manera, después de L capas, la representación de un nodo contiene información proveniente de su vecindario a L saltos de distancia dentro del grafo. Esta propie-

dad permite integrar información local y contextual durante el proceso de aprendizaje.

Una característica importante de las GNN es su invarianza frente a la permutación de los nodos, lo que garantiza que la salida del modelo no depende del orden en que se procesan los vecinos, aspecto fundamental en grafos arbitrarios [40]. Asimismo, estas arquitecturas pueden trabajar con grafos que presentan diferentes tamaños y estructuras, ampliando su aplicabilidad en escenarios reales [41]. En este contexto, las representaciones aprendidas pueden emplearse a nivel de nodo, arista o grafo completo [38].

Las GNN pueden utilizarse en diferentes niveles de predicción, incluyendo clasificación de nodos, predicción de enlaces y clasificación de grafos completos. En este último caso, el objetivo consiste en obtener una representación global que contenga la información relevante de todos los nodos y las relaciones presentes en el grafo [17].

En el presente trabajo nos enfocamos en la clasificación de grafos, donde tras L capas de propagación, se obtiene el conjunto de representaciones nodales finales $\mathbf{h}_v^{(L)} \mid v \in V$. Estas representaciones se combinan mediante una función de agregación global o *readout*:

$$\mathbf{h}_G = \text{READOUT}(\{\mathbf{h}_v^{(L)} \mid v \in V\})$$

donde $\mathbf{h}_v^{(L)}$ corresponde al embedding del nodo v en la última capa L, V representa el conjunto de nodos del grafo y READOUT es una función como suma, promedio o máximo [40,17]. El vector resultante $\mathbf{h}_G$ constituye una representación global del grafo, la cual es utilizada como entrada a un clasificador para predecir su etiqueta.

En los últimos años, se han propuesto diversas arquitecturas de GNN que difieren prin-

---

[40] Manzil ZAHEER, *et al.* "Deep sets". En: *Advances in neural information processing systems* 30 (2017).

[41] Uzair Aslam BHATTI, *et al.* "Deep learning with graph convolutional networks: An overview and latest applications in computational intelligence". En: *International Journal of Intelligent Systems* 2023.1 (2023), pág. 8342104.

cipalmente en la forma en que realizan la agregación de información [42]. Entre las más relevantes se encuentran las siguientes:

- **Graph Convolutional Networks** (**GCN**)**:** Constituye una de las arquitecturas más utilizadas dentro de las GNN. Su objetivo es la difusión de información a través de la estructura del grafo mediante la actualización de cada nodo utilizando una operación de convolución en el dominio del grafo [41]. Considerando una matriz de características de nodos X y una matriz de adyacencia A, la operación de convolución puede expresarse como $H = f(A \cdot X \cdot W^T)$, donde H corresponde a la matriz de características de nodos actualizada, W representa los pesos de la convolución y f es una función de activación no lineal.

- **Graph Attention Networks** (**GAT**)**:** Es una arquitectura que incorpora mecanismos de atención para asignar dinámicamente diferentes niveles de importancia a los nodos vecinos durante el proceso de agregación de información. A diferencia de las GCN, cuyos factores de normalización dependen principalmente de la estructura y el grado de los nodos, las GAT determinan los pesos de atención considerando también las características de los nodos involucrados, lo que permite modelar de manera más flexible las relaciones dentro del grafo [42]. En este método, cada nodo es sometido inicialmente a una transformación lineal mediante una matriz de pesos entrenable W. Posteriormente, se calculan coeficientes de atención entre pares de nodos vecinos a partir de sus representaciones transformadas, utilizando una función de atención que incorpora estos pesos entrenables. Finalmente, la representación de cada nodo se obtiene mediante la combinación ponderada de las características de sus vecinos, de acuerdo con los coeficientes de atención calculados. Este proceso

---

[42] Aristidis G VRAHATIS; Konstantinos LAZAROS y Sotiris KOTSIANTIS. "Graph attention networks: a comprehensive review of methods and applications". En: *Future Internet* 16.9 (2024), pág. 318.

se expresa como:

$$h_i' = \sigma\left(\sum_{j \in N(i)} \alpha_{ij} W h_j\right),$$

donde α_{ij} representa el peso de atención calculado dinámicamente entre los nodos i y j, W es una matriz de pesos entrenable, h_j corresponde a la representación del nodo vecino j, $N(i)$ es el conjunto de vecinos del nodo i y σ es una función de activación no lineal. Adicionalmente, las GAT pueden emplear mecanismos de atención multicabeza, en los cuales varias funciones de atención operan en paralelo para mejorar la estabilidad y capacidad de representación del modelo.

1.4. ESTRATEGIAS COMPUTACIONALES PARA LA CLASIFICACIÓN DE LESIONES CSCPA

La clasificación de lesiones csPCa a partir de imágenes de resonancia magnética ha sido abordada mediante diferentes métodos de aprendizaje profundo, principalmente mediante métodos basados en Redes Neuronales Convolucionales (*Convolutional Neural Networks,* CNN) entrenadas de manera supervisada [43,44,45]. Recientemente, Zhao et al. desarrollaron un modelo de aprendizaje profundo para diferenciar lesiones csPCa de aquellas no clínicamente significativas. Su propuesta emplea ramas independientes de aprendizaje profundo para procesar la información de cada modalidad bpMRI y posteriormente

---

[43] Samuel G ARMATO III, *et al.* "PROSTATEx Challenges for computerized classification of prostate lesions from multiparametric magnetic resonance images". En: *Journal of Medical Imaging* 5.4 (2018), págs. 044501-044501.

[44] Nader ALDOJ, *et al.* "Semi-automatic classification of prostate cancer on multi-parametric MR imaging using a multi-channel 3D convolutional neural network". En: *European radiology* 30.2 (2020), págs. 1243-1253.

[45] Alireza MEHRTASH, *et al.* "Classification of clinical significance of MRI prostate findings using 3D convolutional neural networks". En: *Proceedings of SPIE–the International Society for Optical Engineering*. Vol. 10134. 2017, 101342A.

fusionar las representaciones obtenidas. A partir de esta representación combinada se construye el modelo DL-CS para la clasificación de csPCa, cuya información integra una variable radiológica correspondiente a la categoría PI-RADS de sospecha de malignidad dada por un radiólogo [46]. De manera similar, Rajagopal et al. propusieron UCNet, una arquitectura basada en un *3D Residual U-Net* que incorpora supervisión proveniente de biopsias dirigidas y sistemáticas mediante módulos de predicción global, regional y espacial [47]. En conjunto, estos métodos permiten aprender representaciones discriminativas a partir de las imágenes, pero su representación espacial se encuentra principalmente determinada por las regiones utilizadas como entrada, sin establecer explícitamente relaciones entre diferentes regiones intra- y perilesionales.

Como alternativa a las arquitecturas convolucionales, se han explorado métodos basados en modelos de atención y arquitecturas alternativas. En este contexto, Santhirasekaram et al. propusieron un modelo basado en *Vision Transformer* que utiliza representaciones discretas y atención cruzada para integrar información T2W y ADC [48]. Por otra parte, Li et al. desarrollaron una arquitectura *3D Efficient Capsule Network* para la clasificación de cáncer de próstata a partir de imágenes de MRI, explorando una representación basada en cápsulas como alternativa a las CNN convencionales [49]. Las redes de cápsulas emplean grupos de neuronas que representan características como vectores, en lugar de utilizar

---

[46] Litao ZHAO, *et al.* "Predicting clinically significant prostate cancer with a deep learning approach: a multicentre retrospective study". En: *European journal of nuclear medicine and molecular imaging* 50.3 (2023), págs. 727-741.

[47] Abhejit RAJAGOPAL, *et al.* "Mixed supervision of histopathology improves prostate cancer classification from MRI". En: *IEEE transactions on medical imaging* 43.7 (2024), págs. 2610-2622.

[48] Ainkaran SANTHIRASEKARAM, *et al.* "Robust prostate disease classification using transformers with discrete representations". En: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* 20.1 (2025), págs. 11-20.

[49] Yuheng LI, *et al.* "MRI-based prostate cancer classification using 3D efficient capsule network". En: *Medical physics* 51.7 (2024), págs. 4748-4758.

únicamente activaciones escalares. De esta manera, las cápsulas buscan conservar información relacionada con las propiedades espaciales de las características detectadas y establecer relaciones jerárquicas entre ellas. Aunque estos métodos permiten incorporar mecanismos de atención que analizan diferentes regiones predefinidas dentro de la imagen a analizar, estas relaciones predefinidas no representan explícitamente las regiones intralesionales y perilesionales como elementos relacionados dentro de una misma estructura; por el contrario, consisten en una malla rígida sin importar la forma de la lesión. A pesar de estos avances, una característica común de estos enfoques existentes es que la representación de la lesión se obtiene principalmente a partir de regiones definidas dentro de la lesión. Cuando la información empleada por el modelo se restringe al interior de una región delimitada, pueden quedar excluidas alteraciones presentes en el tejido circundante. Esta consideración es especialmente relevante en la próstata, donde los cambios asociados con el cáncer pueden extenderse más allá de los límites visibles de una lesión, dependiendo directamente de la forma de esta. En este contexto, diferentes estudios han investigado el uso de características perilesionales como complemento de las características intralesionales. Algohary et al. analizaron y estudiaron características radiómicas extraídas de regiones intra- y peritumorales en imágenes T2W y DWI. Para ello, a partir de las regiones de interés se definieron regiones peritumorales mediante anillos concéntricos, desde donde se extrajeron características de textura. Los autores evaluaron las características intratumorales y peritumorales de forma independiente y combinadas. En la validación independiente, para la tarea de clasificación de lesiones de bajo riesgo frente a alto riesgo la combinación de características intra- y peritumorales alcanzó AUC de $0{,}87$, superando al uso exclusivo de características intratumorales donde se obtuvo $0{,}82$ [50]. Más recientemente, Li et al. también estudiaron información proveniente de regiones próximas

[50] Ahmad ALGOHARY, *et al.* "Combination of peri-tumoral and intra-tumoral radiomic features on bi-parametric MRI accurately stratifies prostate cancer risk: a multi-site study". En: *Cancers* 12.8 (2020), pág. 2200.

a las lesiones. A partir de cada lesión se generaron regiones perilesionales expandiendo 2, 4, 6 y 8 mm la región de interés. Al construir modelos con características radiómicas extraídas de estas regiones, se obtuvo que la región perilesional medianamente alejada (4 mm) alcanzó el mejor desempeño (AUC de $0{,}905$), superando el obtenido utilizando únicamente características intralesionales $(0{,}867)$, reforzando la importancia del contexto perilesional [51].

Estos trabajos muestran que tanto la integración multimodal bpMRI como la incorporación de información espacial alrededor de las lesiones pueden aportar información relevante para su clasificación. Sin embargo, los enfoques basados en CNN y Transformers existentes en la literatura representan principalmente la información mediante características extraídas de la región global o parches predefinidos dentro de la imagen, sin modelar explícitamente las relaciones espaciales entre diferentes regiones de la próstata y sus modalidades de imagen. Por otra parte, los métodos existentes que incorporan información perilesional se limitan a un análisis concéntrico alrededor de la región de interés, ignorando la morfología de la lesión, que varía considerablemente entre diferentes casos e incluso dado el grado de malignidad.

---

[51] Yida LI, *et al.* "Bi-parametric MRI radiomic model for prostate cancer diagnosis: value of intralesional and perilesional radiomics". En: *Acta Radiologica* 66.6 (2025), págs. 639-649.

2. PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

En 2024, el cáncer de próstata ocupó el segundo lugar en incidencia y el cuarto en mortalidad por cáncer en hombres a nivel mundial, con más de 1,5 millones de nuevos casos y alrededor de 420000 muertes registradas [2]. Dado que el pronóstico depende del nivel de malignidad, una detección oportuna y precisa resulta crucial. Sin embargo, métodos tradicionalmente utilizados en la práctica clínica, como el examen de antígeno prostático específico (PSA) y el examen digital rectal (DRE), presentan una baja especificidad, lo que conduce a un alto número de falsos positivos [4]. En este contexto, la resonancia magnética biparamétrica (bpMRI), basada en secuencias anatómicas (T2W) y de difusión (DWI y mapas ADC), ha mostrado una alta eficacia en la caracterización visual del tejido prostático, facilitando la identificación de regiones asociadas a lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa) [5]. Estas lesiones csPCa se definen como hallazgos radiológicos que confirman malignidad asociada al cáncer de próstata a partir de un análisis histopatológico [7].

Diversos métodos computacionales han sido propuestos para la detección y clasificación de lesiones csPCa a partir de imágenes bpMRI. En la mayoría de estos enfoques, la caracterización de las lesiones se centra principalmente en la información contenida dentro de las regiones delineadas por el experto, asumiendo que estas delimitaciones representan adecuadamente la extensión tumoral. Sin embargo, esta suposición puede verse afectada por la variabilidad interobservador y por la dificultad para representar las alteraciones que se extienden más allá de los límites visibles de la lesión [10]. Evidencia reciente sugiere que la región perilesional, correspondiente al tejido que rodea inmediatamente la lesión, puede contener patrones morfológicos asociados con la presencia y agresividad del cáncer [13]. Por tanto, la consideración conjunta de la información intralesional y perilesional podría proporcionar una representación más completa de las características asociadas a las lesiones csPCa. No obstante, la integración de estas regiones requiere modelos capaces de

representar explícitamente las relaciones espaciales entre sus diferentes componentes, aspecto que no es abordado de manera directa por los enfoques convencionales basados únicamente en representaciones independientes de las regiones. En este contexto, las redes neuronales de grafos (GNNs) ofrecen una alternativa para modelar las regiones como nodos y sus relaciones espaciales como conexiones, permitiendo aprender representaciones que integren simultáneamente las características intra- y perilesionales. Dado lo anterior, surge la siguiente pregunta de investigación.

2.1. PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN

¿Cómo implementar un modelo basado en redes neuronales de grafos (GNNs) para explotar la información intralesional y perilesional en la clasificación de lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata?

3. OBJETIVOS

3.1. OBJETIVO GENERAL

Implementar una representación profunda y geométrica basada en grafos para la clasificación de lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata (csPCa) desde información perilesional observada en secuencias bpMRI.

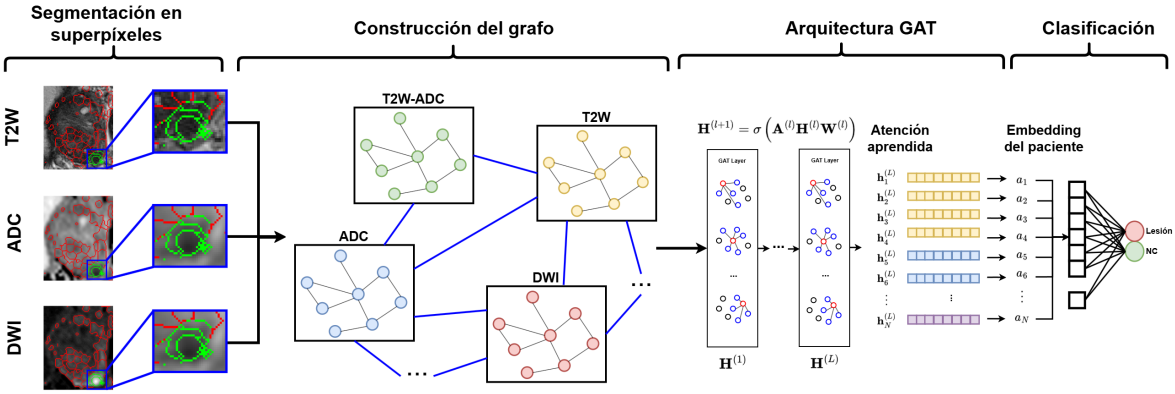
3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Preparar un conjunto de datos de imágenes bpMRI que contenga casos sanos y casos con lesiones clínicamente significativas.
- Seleccionar un codificador profundo para la extracción de características visuales de regiones de interés sobre las secuencias bpMRI.
- Implementar una arquitectura de red neuronal basada en grafos (GNNs) para modelar las relaciones espaciales entre la lesión y su región perilesional.
- Evaluar el desempeño del modelo propuesto en la clasificación de lesiones clínicamente significativas de cáncer de próstata.

4. ENFOQUE PROPUESTO: UNA REPRESENTACIÓN BASADA EN GRAFOS

En este trabajo se implementó una representación profunda, basada en una representación geométrica, que emplea grafos para modelar la información espacial y multimodal, presente en las secuencias bpMRI de próstata. La Figura 3 presenta el flujo propuesto, comprendiendo tres etapas principales: (i) partición de la región prostática mediante superpíxeles y extracción de características e información proveniente de las secuencias T2W, ADC y DWI; (ii) construcción de la representación del grafo multimodal para capturar las relaciones de los diferentes parámetros bpMRI y (iii) aprendizaje mediante una Red de Atención de Grafos (GAT) para la clasificación de lesiones prostáticas.

Figura 3. Descripción general del procedimiento de la estrategia implementada.



Nota. (A) Segmentación mediante superpíxeles. (B) Construcción del grafo a partir de las representaciones de superpíxeles de las tres secuencias del estudio bpMRI. (C) Arquitectura de la Red de Atención de Grafos (GAT) y el proceso de clasificación de la estrategia implementada.

4.1. SUPERPÍXELES PARA LA REPRESENTACIÓN LOCAL DE LESIONES

El enfoque propuesto utiliza como entrada los parámetros de estudios bp-MRI (T2W, ADC y DWI), junto con las máscaras correspondientes a la glándula prostática. A partir de estas imágenes, se seleccionó un corte axial representativo, con mayor área de la lesión,

para construir la representación bidimensional basada en superpíxeles. Para los casos sin lesión, se tomó un corte en la zona de mayor área de la glándula prostática. Posteriormente, se utilizó la máscara de la glándula prostática para restringir el análisis a la región anatómica de interés y evitar la incorporación de información externa no relevante.

Una vez acotada la región de la próstata, es relevante hacer segmentaciones espaciales no locales de regiones asociadas a la glándula prostática. Para ello, se empleó el algoritmo SLIC (*Simple Linear Iterative Clustering*) para dividir la región glandular en regiones pequeñas y homogéneas, usando k-means en el espacio de los parámetros bp-MRI. En cada iteración, el algoritmo calcula una distancia que combina la diferencia de intensidad y la distancia espacial para agrupar píxeles en una región local, obteniendo regiones homogéneas en intensidad o superpíxeles. Estas regiones se calcularon sobre la secuencia DWI, donde lesiones corresponden a puntos focalizados de alta intensidad. Cada superpíxel constituye una subregión de la glándula homogénea en intensidad que posteriormente se utiliza como unidad básica para la construcción del grafo. Sobre cada región calculada se estiman cajas delimitadoras, considerando:

- En casos csPCa, se extraen superpíxeles que se solapan con la máscara de lesión, priorizando las regiones de mayor solapamiento con la máscara de lesión. Así, se priorizan regiones que contienen mayor evidencia tumoral y perilesional.
- En casos sin lesión csPCa se seleccionan los superpíxeles más sospechosos según una función de puntaje (*score*) diseñada para aproximar de manera automática patrones visuales compatibles con lesión. Este puntaje se define como: $s = \mu_{\text{DWI}} - \mu_{\text{ADC}} - 0{,}5\mu_{\text{T2}} + 0{,}25\sigma_{\text{prom}}$, donde μ_{DWI}, μ_{ADC} y μ_{T2} son las medias de intensidad del parche en cada modalidad, y σ_{prom} es la desviación estándar promedio entre modalidades. Un valor alto corresponde a DWI alto, ADC bajo, T2 bajo y mayor variabilidad de textura.

Para cada superpíxel seleccionado se extrae esta región desde cada una de las modalidades T2, DWI y ADC, de modo que un mismo superpíxel anatómico quede representado

mediante tres informaciones visuales complementarias bpMRI.

A partir de cada superpíxel se extrajeron las regiones correspondientes a las secuencias T2W, DWI y ADC, las cuales fueron utilizadas para obtener descriptores que caracterizan la información de intensidad de cada región y modalidad bpMRI. En la metodología propuesta, las regiones fueron representadas mediante características radiómicas de primer orden. Esta elección permite reducir el costo computacional y obtener representaciones compactas para cada región analizada.

En cada región y modalidad se calculan ocho medidas con una ponderación orientada a enfatizar las intensidades oscuras y brillantes. Estas son: $\mathbf{f} = [\mu, \sigma, P_{25}, P_{50}, P_{75}, IQR, H, \rho_\Delta]$, done μ es la media, σ la desviación estándar, P_{25}, P_{50} y P_{75} son percentiles, $IQR = P_{75} - P_{25}$ es el rango intercuartílico, H es la entropía calculada sobre un histograma de 16 contenedores de intensidades reescaladas a $[0, 1]$, y $\rho_\Delta = \rho_b - \rho_o$ es una medida de dominancia que permite saber si la región tiene una mayoría de pixeles de alta o baja intensidad. Aquí ρ_b es la proporción de píxeles brillantes mayores a 0.75 y ρ_o la proporción de píxeles oscuros menores a 0.25. Este vector resultante **f** de medidas se normaliza con norma L_2. Además, mediante una función de regularización se verifica que valores no finitos sean reemplazados por cero y se devuelve un vector nulo si la norma es demasiado pequeña. Para cada región de superpíxel i se obtienen entonces los vectores: $\mathbf{f}_i^{T2}, \quad \mathbf{f}_i^{DWI}, \quad \mathbf{f}_i^{ADC} \in \mathbb{R}^8$.

Además de las representaciones individuales de cada modalidad, se generaron descriptores que incorporan explícitamente las diferencias entre pares de secuencias. Para ellos, se calcularon diferencias entre los vectores correspondientes a cada modalidad. Por ejemplo, para T2W y DWI se definió: $\Delta_{T2W,DWI} = \frac{\mathbf{f}^{T2W} - \mathbf{f}^{DWI}}{\|\mathbf{f}^{T2W} - \mathbf{f}^{DWI}\|_2}$, y, de manera análoga, se calcularon $\Delta_{T2W,ADC}$ y $\Delta_{DWI,ADC}$.

Estas representaciones permiten incorporar explícitamente las discrepancias de apariencia entre las diferentes secuencias de bpMRI, considerando que una misma región puede representar características de intensidad distintas en T2W, ADC y DWI. En conjunto, las representaciones individuales y las diferencias entre modalidades constituyen las carac-

terísticas utilizadas posteriormente para definir los nodos del grafo.

4.2. CONSTRUCCIÓN DEL GRAFO MULTIMODAL

Cada superpíxel se representa mediante un conjunto de nodos asociados a las diferentes modalidades y combinaciones multimodales. Para un superpíxel i, se consideran las representaciones correspondientes a T2W, DWI y ADC, así como las representaciones obtenidas a partir de sus combinaciones por pares. De esta manera, el conjunto de nodos asociados al superpíxel i puede expresarse como:

$$V_i = \{v_i^{T2}, v_i^{DWI}, v_i^{ADC}, v_i^{T2,DWI}, v_i^{T2,ADC}, v_i^{DWI,ADC}\}.$$

Cada nodo se representa mediante un vector de características de dimensión 24, obtenido a partir de la concatenación de las tres representaciones de dimensión 8 de cada modalidad. Para los nodos asociados a una modalidad individual, las características correspondientes a dicha modalidad ocupan uno de los tres bloques, mientras que los otros dos se mantienen en cero. Esta codificación permite conservar en su estructura la identidad de la modalidad representada. En el caso de los nodos diferenciales, la representación correspondiente a la diferencia se replica en los tres bloques. De esta manera, la representación nodal permite conservar explícitamente la identidad modal de cada nodo y, simultáneamente, incorporar información relativa a las diferencias entre modalidades.
El grafo completo se define como $\mathcal{G} = (\mathcal{V}, \mathcal{E}, \mathbf{X})$, donde $\mathcal{V}$ corresponde al conjunto de nodos, $\mathcal{E}$ al conjunto de aristas que establecen las relaciones entre ellos y $\mathbf{X}$ a la matriz de características nodales (ver figura 3). Las aristas se establecen en dos niveles. En primer lugar, dentro de cada superpíxel se conectan bidireccionalmente los nodos correspondientes a las modalidades individuales T2W, DWI y ADC. Adicionalmente, los nodos diferenciales se conectan con las modalidades que intervienen en su construcción. De esta manera, las relaciones intra-superpíxel permiten integrar la información de las diferentes secuencias y sus diferencias dentro de una misma región anatómica.

En segundo lugar, se establecen conexiones entre superpíxeles mediante nodos del mismo tipo. Así, los nodos T2W de los diferentes superpíxeles se relacionan entre sí, al igual que los nodos DWI, ADC, T2W-DWI, T2W-ADC y DWI-ADC. Esta estructura permite que la red propague información no solo entre las diferentes modalidades de una misma región, sino también entre regiones anatómicas distribuidas espacialmente dentro del corte. Para un estudio con N superpíxeles válidos, cada uno de ellos aporta seis nodos al grafo, por lo que el número total de nodos es $6N$. En consecuencia, la matriz de características nodales se expresa como $\mathbf{X} \in \mathbb{R}^{6N \times 24}$.

La estructura resultante permite representar conjuntamente las características específicas de cada modalidad, las relaciones diferenciales entre secuencias y las interacciones entre diferentes regiones anatómicas. Esta representación proporciona a la red neuronal de grafos información multimodal estructurada que puede ser utilizada durante el proceso de propagación de mensajes y clasificación. Además, a cada nodo se adiciona una característica global que describe el número normalizado de superpíxeles del estudio. Esta característica agregada permite al modelo tener en cuenta de forma global cuántas regiones conforman la representación del estudio. El valor se concatena al vector de características de cada nodo: $\tilde{\mathbf{x}}_j = \left[\mathbf{x}_j,\ \frac{N}{16}\right] \in \mathbb{R}^{25}$, donde $\mathbf{x}_j \in \mathbb{R}^{24}$ es el vector de características original del nodo y $N/16$ es la característica global descrita.

4.3. RED DE ATENCIÓN DE GRAFOS PARA CARACTERIZACIÓN DE LESIONES

Para el aprendizaje de representaciones sobre el grafo codificado en la sección previa, se empleó una red de atención de grafos (*Graph Attention Network*, GAT)[42], la cual permite asignar diferentes niveles de importancia a los nodos vecinos durante el proceso de propagación de información. A diferencia de una agregación uniforme, el mecanismo de atención permite que el modelo aprenda qué relaciones entre nodos resultan más relevantes para la tarea de clasificación. Esto resulta particularmente apropiado para la representación propuesta, debido a que cada región prostática contiene información pro-

veniente de diferentes modalidades de bpMRI y sus relaciones espaciales y multimodales pueden contribuir de manera diferente a la predicción.

La arquitectura inicia con una proyección lineal de las características nodales hacia un espacio latente. Posteriormente, se emplean n capas GAT de manera consecutiva, cuyas representaciones se transforman progresivamente mediante mecanismos de atención multicabeza y agregación de información entre nodos. Las primeras capas emplean múltiples cabezas de atención con salida concatenada, mientras que la última capa produce la representación final de cada nodo. La arquitectura incorpora funciones de activación, operaciones de *dropout*, normalización por capas y conexiones residuales, con el propósito de facilitar el aprendizaje de representaciones y la propagación de información a través del grafo.

La salida de la última capa corresponde a una representación latente $\mathbf{h}_i$ para cada nodo del grafo. Como cada región está representada mediante seis nodos, sus representaciones se agregan mediante un promedio para obtener una representación a nivel de región: $\mathbf{p}i = \frac{1}{6}\sum_{k=1}^{6} \mathbf{h}_{i,k}$. Esta operación permite cambiar el nivel de análisis desde las representaciones nodales hacia las regiones anatómicas. Posteriormente, se aplica un mecanismo de atención sobre las regiones. Para cada región se calcula: $\alpha_i = \frac{\exp(a(\mathbf{p}i))}{\sum j{=}1^{N} \exp(a(\mathbf{p}_j))}$, donde $a(\cdot)$ corresponde a una función de puntuación de atención implementada mediante un perceptrón multicapa, con una capa intermedia y una salida escalar.

La representación global del estudio se obtiene mediante: $\mathbf{g} = \sum_{i=1}^{N} \alpha_i \mathbf{p}_i$. De esta manera, **g** resume la información aprendida de las diferentes regiones y relaciones presentes en el grafo, permitiendo que las regiones con mayor relevancia para la tarea de clasificación tengan una mayor contribución a la representación final. La representación global **g** se procesa mediante un clasificador compuesto por capas densas y operaciones de normalización, activación y regularización. La arquitectura produce un *logit* de clasificación, a partir del cual se obtiene la probabilidad asociada a la clase positiva mediante una función sigmoide.

5. DISEÑO EXPERIMENTAL

5.1. CONJUNTO DE DATOS

Para el desarrollo de la metodología propuesta se utilizaron estudios de resonancia magnética biparamétrica (bpMRI), compuestos por las secuencias ponderadas en T2 (T2W), difusión ponderada (DWI) y mapas del coeficiente de difusión aparente (ADC). Los estudios fueron empleados como fuente de información anatómica y funcional para construir representaciones computacionales de las lesiones prostáticas y de las regiones que las rodean. En el presente trabajo se utilizaron dos cohortes de datos: PI-CAI y Prostate158, las cuales se describen a continuación.

5.1.1. PI-CAI Este conjunto de datos, denominado *PI-CAI challenge dataset* (PI-CAI), fue utilizado para entrenamiento y validación [52]. En total, incluye 1500 estudios bpMRI recopilados en tres centros clínicos. Inicialmente, cada secuencia de bpMRI fue sometida a un preprocesamiento en el que el espaciamiento de los vóxeles se estableció en $0{,}5 \times 0{,}5 \times 3{,}0$ mm^3. Posteriormente, se aplicó un recorte centrado (*center cropping*) para obtener una dimensión espacial de 384×384 con 24 cortes. Finalmente, se realizó una normalización *min-max* sobre cada secuencia de bpMRI, ajustando los valores al intervalo $[0, 1]$.

A diferencia de las anotaciones radiológicas convencionales basadas en el protocolo *Prostate Imaging Reporting & Data System* (PI-RADS) [27], las delineaciones proporcionadas por el conjunto de datos PI-CAI corresponden a anotaciones con el grado ISUP confirmado mediante biopsia. Este corresponde a un sistema de clasificación histopatológica propues-

---

[52] A. SAHA, *et al.* "Artificial Intelligence and Radiologists in Prostate Cancer Detection on MRI (PI-CAI): An International, Paired, Non-Inferiority, Confirmatory Study". En: *The Lancet Oncology* 25.7 (2024), págs. 879-887. DOI: 10.1016/S1470-2045(24)00157-9.

to por la *International Society of Urological Pathology* (ISUP), donde ISUP-2 representa una lesión de csPCa de bajo grado e ISUP-5 el mayor grado de malignidad. En este sentido, las anotaciones de PI-CAI constituyen un estándar de referencia (*gold standard*) con confirmación histopatológica, proporcionando una referencia confiable para el desarrollo y la evaluación del modelo. Las lesiones ISUP-1 representan cáncer clínicamente no significativo y el conjunto de datos PI-CAI no proporciona delineaciones para estos casos. Por lo tanto, los casos ISUP-1 fueron excluidos del conjunto utilizado en este trabajo y no participaron en ninguna de las etapas de clasificación.

Es importante señalar que un mismo estudio puede contener más de una lesión; por esta razón, la unidad de análisis en esta etapa corresponde a la lesión y no al paciente. En consecuencia, cada lesión con una anotación válida fue considerada como una instancia independiente para la clasificación (ver en Tabla 1 las correspondencias en el número de lesiones).

Las segmentaciones de la glándula prostática proporcionadas por los organizadores del *challenge* PI-CAI fueron utilizadas para dividir la próstata en sextantes [52]. Estos sextantes son comúnmente empleados en la práctica clínica para localizar lesiones durante las biopsias sistemáticas, facilitando el muestreo de tejido en diferentes regiones prostáticas [53]. Para cada centroide de una lesión csPCa, se identificó el sextante correspondiente, permitiendo estimar la distribución de las lesiones csPCa entre dichos sextantes. Con el fin de mitigar el sesgo de muestreo al seleccionar centroides para estudios bpMRI sin csPCa, se eligió un único sextante siguiendo la distribución observada de las lesiones csPCa y posteriormente se ubicó un centroide aleatorio dentro del área correspondiente a dicho sextante. Alrededor de este centroide se analizaron regiones sin csPCa (NC). Debido al marcado desbalance de clases, particularmente para los grados ISUP más altos, se

---

[53] Anno GRASER, *et al.* "Per-sextant localization and staging of prostate cancer: correlation of imaging findings with whole-mount step section histopathology". En: *American Journal of Roentgenology* 188.1 (2007), págs. 84-90.

Tabla 1. Distribución de las lesiones de PI-CAI según el sistema de clasificación ISUP y la agrupación ternaria.

ISUP	# Lesiones	%	Grupo ternario	# Lesiones	%
NC	847	67.12	NC	847	67.12
2	241	19.10	IM	332	26.31
3	91	7.21			
4	37	2.93	HM	83	6.58
5	46	3.65			

definieron tres grupos: (i) no canceroso (NC), (ii) malignidad intermedia (IM, ISUP 2–3) y (iii) alta malignidad (HM, ISUP 4–5). El número total de regiones correspondientes a cada grupo se muestra en la Tabla 1.

5.1.2. Prostate158 Como conjunto de datos externo para la evaluación de la metodología propuesta se utilizó *Prostate158* [54], un conjunto de datos público compuesto por 158 estudios de resonancia magnética de próstata adquiridos en equipos de 3 T en (Charité University Hospital Berlin, un hospital universitario de Alemania). Los casos en este conjunto de datos también corresponden a estudios bpMRI. El conjunto fue construido siguiendo, en términos generales, las recomendaciones técnicas establecidas por el protocolo PI-RADS versión 2.1 y cuenta con anotaciones realizadas por radiólogos expertos. Al igual que PI-CAI, estos casos disponen de confirmación histopatológica para los casos con csPCa. De los 158 pacientes, 102 presentaron cáncer de próstata confirmado, mientras que los 56 pacientes restantes correspondieron a casos control sin evidencia de cáncer de próstata [54]. Para este dataset, solo se cuenta con la etiqueta de caso csPCa (ISUP ≥ 2) o non-csPCa (NC), es decir, se desconoce el nivel ISUP de malignidad de cada lesión. En consecuencia, a diferencia de PI-CAI, el conjunto Prostate158 fue manejado desde el inicio como un problema de clasificación binaria entre lesiones no cancerosas

[54] Lisa C ADAMS, *et al.* "Prostate158-An expert-annotated 3T MRI dataset and algorithm for prostate cancer detection". En: *Computers in Biology and Medicine* 148 (2022), pág. 105817.

Tabla 2. Distribución de los estudios de Prostate158 según la clasificación binaria utilizada en este trabajo.

Categoría	# Estudios	%
NC	56	28.72
Cáncer	139	71.28
Total	**195**	**100.00**

(NC) y lesiones asociadas a cáncer de próstata clínicamente significativo.

Siguiendo un protocolo similar al de PI-CAI para la extracción de regiones, se obtuvieron 56 regiones con clase NC y 139 lesiones csPCa, para un total de 195 regiones utilizadas en la evaluación externa. La distribución de las regiones según la clasificación binaria se presenta en la Tabla 2.

5.2. CONFIGURACIÓN EXPERIMENTAL DE LA METODOLOGÍA PROPUESTA

5.2.1. Configuración de los superpíxeles Para la construcción de la representación basada en superpíxeles se empleó SLIC sobre la secuencia DWI. Se estableció inicialmente un objetivo de 36 superpíxeles dentro de la región correspondiente a la glándula prostática. Cuando el área disponible no permitía obtener este número de regiones, la cantidad de superpíxeles se ajustó dinámicamente. Después de obtener los superpíxeles, se calcularon sus cajas delimitadoras y se descartaron aquellas regiones cuyo tamaño fuese inferior a 4×4 píxeles. De esta manera, se eliminaron regiones demasiado pequeñas para la extracción de características.

En cuanto a la selección de regiones, en los casos csPCa se seleccionaron los superpíxeles que presentaban solapamiento con la máscara de la lesión. Estas regiones se ordenaron utilizando dos criterios: el número de píxeles de lesión contenidos en el superpíxel y la proporción de solapamiento entre la lesión y el área del superpíxel. Este procedimiento permitió priorizar regiones con mayor evidencia tumoral y perilesional. En los casos sin lesión csPCa, los candidatos fueron seleccionados dentro de la glándula prostática. Para ello se utilizó el siguiente puntaje: $s = \mu_{\text{DWI}} - \mu_{\text{ADC}} - 0{,}5\mu_{\text{T2}} + 0{,}25\sigma_{\text{prom}}$, donde μ_{DWI}, μ_{ADC}

y μ_{T2} corresponden a las medias de intensidad de la región en cada modalidad y σ_{prom} corresponde a la desviación estándar promedio entre modalidades.
Se estableció una cantidad objetivo de 16 superpíxeles por caso $(N = 16)$. Cuando el número de regiones seleccionadas en un caso positivo era inferior a este valor, se incorporaron regiones adicionales de tejido glandular sin solapamiento con la lesión, seleccionadas mediante el mismo procedimiento utilizado para los casos negativos.

5.2.2. Configuración de la arquitectura GAT Para los experimentos se utilizó una proyección lineal de 25 a 128 dimensiones, seguida de tres capas GAT. Las dos primeras capas emplearon cuatro cabezas de atención con salida concatenada, generando representaciones de 512 dimensiones, mientras que la tercera utilizó una única cabeza con salida no concatenada y produjo representaciones de 64 dimensiones. Las primeras dos capas incorporaron activación ELU, *dropout*, normalización por capas y conexiones residuales.
Las representaciones de los seis nodos correspondientes a cada superpíxel se promediaron para obtener vectores regionales de 64 dimensiones. Posteriormente, se aplicó la atención a nivel de región mediante un MLP de puntuación con activación tanh, y la representación global resultante se procesó mediante un clasificador formado por capas densas de 64 y 32 unidades, con normalización por capas, activación ReLU y *dropout*.

5.2.3. Configuración de extracción de características Para evaluar la contribución del tipo de representación utilizada en cada superpíxel, se comparó el codificador basado en características radiómicas con un codificador basado en una red neuronal profunda preentrenada, ResNet18, la cual fue entrenada en ImageNet. Cada superpíxel fue redimensionado y procesado mediante la red, y la representación obtenida fue posteriormente sometida a PCA. En esta configuración se conservaron ocho componentes principales para facilitar la comparación con la representación basada en características radiómicas.

5.2.4. Evaluación de las relaciones diferenciales Para evaluar la contribución de las relaciones entre modalidades se realizó un estudio de componentes de los nodos diferenciales. Se compararon dos configuraciones del grafo:

- **Grafo completo:** seis nodos por superpíxel, correspondientes a T2W, DWI, ADC y las tres relaciones diferenciales.
- **Grafo sin relaciones diferenciales:** tres nodos por superpíxel, correspondientes únicamente a T2W, DWI y ADC.

5.3. LÍNEA BASE BASADA EN REGIONES INTRA- Y PERILESIONALES

Como línea base, se evaluó una representación basada en grafos orientada a incorporar información intra- y perilesional. A diferencia de la metodología propuesta, basada en superpíxeles, esta estrategia representa cada región de interés mediante nodos distribuidos alrededor de su centroide, diferenciando nodos asociados con la región intralesional y nodos destinados a representar el tejido circundante. Las características de cada nodo se obtuvieron a partir de las secuencias T2W, ADC y DWI mediante modelos preentrenados utilizados como extractores de características, y posteriormente se aplicaron métodos de reducción de dimensionalidad antes de construir el grafo. La representación resultante fue procesada mediante una Red Convolucional de Grafos (*Graph Convolutional Network*, GCN), encargada de aprender las relaciones entre las regiones intra- y perilesionales para realizar la clasificación. Durante la evaluación se estudiaron diferentes configuraciones variando la cantidad de nodos perilesionales y considerando distintos extractores de características y métodos de reducción de dimensionalidad. La configuración final seleccionada correspondió al uso de siete nodos perilesionales, *ResNet34* como extractor de características y Análisis de Componentes Principales (PCA) como método de reducción de dimensionalidad. Los detalles relacionados con la definición espacial de los nodos, la extracción y representación de las características, la construcción del grafo

y la arquitectura GCN se presentan en *Anexo 1*.

5.4. PROTOCOLO DE ENTRENAMIENTO Y EVALUACIÓN

La metodología propuesta y la estrategia experimental alternativa fueron evaluadas utilizando las cinco particiones predefinidas del conjunto de datos PI-CAI. La partición se realizó a nivel de paciente, de manera que todas las lesiones pertenecientes a un mismo paciente fueran asignadas a una única partición. En cada iteración, cuatro particiones fueron utilizadas para el entrenamiento y la partición restante para la evaluación. Este procedimiento se repitió hasta utilizar cada partición como conjunto de evaluación. Se consideraron tres escenarios de clasificación binaria: (i) NC frente a IM, (ii) NC frente a HM, (iii) NC frente a IM, HM.

Para cada escenario y partición, los modelos fueron entrenados durante 50 épocas utilizando el optimizador AdamW con una tasa de aprendizaje de 9×10^{-5}. Debido al desbalance entre las clases, se empleó la función de pérdida de entropía cruzada binaria (BCE) con un peso para la clase positiva. Adicionalmente, el conjunto de entrenamiento se balanceó inicialmente mediante sobremuestreo o submuestreo. Durante el entrenamiento se utilizó muestreo ponderado con reemplazo para realizar la selección de las muestras. El desempeño se evaluó mediante Accuracy, AUC-ROC, AUC-PR, F1-score y FPR95. En particular, la métrica FPR95 corresponde a la tasa de falsos positivos cuando la tasa de verdaderos positivos alcanza el 95 %.

5.4.1. Evaluación externa Una vez definidas las configuraciones finales de la metodología propuesta y de la línea base a partir de los experimentos realizados sobre PI-CAI, se realizó una evaluación externa utilizando Prostate158. Para esta evaluación se empleó la configuración final de la metodología basada en superpíxeles y GAT, compuesta por características radiómicas, nodos diferenciales y la arquitectura GAT descrita en el capítulo de enfoque propuesto. La línea base se evaluó utilizando siete nodos perilesio-

nales, ResNet34 como extractor de características y PCA como método de reducción de dimensionalidad. Los resultados obtenidos sobre Prostate158 se utilizaron para comparar el comportamiento de la metodología propuesta y la línea base sobre un conjunto de datos externo al utilizado para su desarrollo y selección.

6. EVALUACIÓN Y RESULTADOS

En este capítulo se presentan los resultados de la metodología propuesta, con respecto a métodos de línea base y el comportamiento en diferentes escenarios de clasificación. En primer lugar, se analiza la contribución de las características empleadas y de las relaciones diferenciales entre las secuencias de bpMRI. Posteriormente, se compara la arquitectura y se extiende el análisis con el conjunto de datos externo Prostate158.

6.1. ESTUDIO DE COMPONENTES DE LA ARQUITECTURA

En cuanto a la extracción de características, se evaluaron características radiómicas y características profundas basadas en una arquitectura ResNet18, preentrenada en el conjunto de imágenes naturales ImageNet. En la Tabla 3 se presentan los resultados alcanzados con estas configuraciones.

Tabla 3. Comparación de estrategias de extracción usando características radiómicas y características de la red preentrenada ResNet18.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	Radiomics	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}08 \pm 0{,}09}$
	ResNet18	$0{,}90 \pm 0{,}03$	$0{,}90 \pm 0{,}05$	$0{,}87 \pm 0{,}06$	$0{,}90 \pm 0{,}03$	$0{,}63 \pm 0{,}22$
NC vs HM	Radiomics	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}91 \pm 0{,}03}$	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}54 \pm 0{,}38}$
	ResNet18	$0{,}96 \pm 0{,}02$	$0{,}90 \pm 0{,}06$	$0{,}75 \pm 0{,}12$	$0{,}96 \pm 0{,}02$	$0{,}64 \pm 0{,}37$
NC vs {IM, HM}	Radiomics	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}97 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}03}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}19 \pm 0{,}25}$
	ResNet18	$0{,}92 \pm 0{,}01$	$0{,}93 \pm 0{,}02$	$0{,}90 \pm 0{,}03$	$0{,}92 \pm 0{,}01$	$0{,}47 \pm 0{,}21$

Los resultados muestran una tendencia consistente a favor de las características radiómicas (*Radiomics*) en los tres escenarios y en todas las métricas analizadas. El mayor AUC-ROC se obtuvo en el escenario *NC vs IM*, alcanzando un valor de $0{,}98$ mediante *Radiomics*, frente a $0{,}90$ con las características extraídas mediante ResNet18. Este resultado resulta particularmente relevante para la diferenciación de lesiones de malignidad

intermedia frente al tejido no canceroso, considerando la dificultad que puede existir para distinguir estas lesiones a partir de patrones de imagen. En la tarea más amplia, correspondiente a la clasificación de lesiones csPCa *NC vs* {*IM, HM*}, el método basado en *Radiomics* obtuvo un AUC-ROC de $0{,}97$. En consecuencia, se seleccionó *Radiomics* como estrategia de extracción de características para la configuración final.

Luego se evaluó la contribución de incorporar los nodos correspondientes a las diferencias T2W-DWI, T2W-ADC y DWI-ADC. Para ello, se comparó la configuración completa del grafo, compuesta por los nodos asociados a las tres secuencias bpMRI y sus respectivas relaciones diferenciales, con una configuración en la que únicamente se conservaron los nodos correspondientes a T2W, DWI y ADC, ver Tabla 4.

Tabla 4. Comparación del desempeño de la red de grafos con y sin la integración de nodos correspondientes a las relaciones diferenciales.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	Con nodos diferenciales	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}08 \pm 0{,}09}$
	Sin nodos diferenciales	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$0{,}97 \pm 0{,}01$	$0{,}94 \pm 0{,}03$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$0{,}21 \pm 0{,}25$
NC vs HM	Con nodos diferenciales	$0{,}99 \pm 0{,}01$	$0{,}96 \pm 0{,}02$	$\mathbf{0{,}91 \pm 0{,}03}$	$0{,}99 \pm 0{,}01$	$0{,}54 \pm 0{,}38$
	Sin nodos diferenciales	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}00}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}02}$	$0{,}88 \pm 0{,}06$	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}00}$	$\mathbf{0{,}22 \pm 0{,}36}$
NC vs {IM, HM}	Con nodos diferenciales	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$0{,}97 \pm 0{,}02$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}03}$	$0{,}98 \pm 0{,}02$	$0{,}19 \pm 0{,}25$
	Sin nodos diferenciales	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}03}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}15 \pm 0{,}17}$

Los resultados muestran que la incorporación de estos nodos no produce una mejora uniforme en todas las métricas, pero sí aporta información complementaria para la representación de las diferentes secuencias de bpMRI. En particular, en el escenario *NC vs IM* el AUC-ROC aumenta de $0{,}97$ a $0{,}98$ y el AUC-PR de $0{,}94$ a $0{,}96$ al incorporar los nodos diferenciales. En contraste, en el escenario *NC vs HM* se observa una disminución del AUC-ROC y un aumento del FPR95, aunque el AUC-PR mejora de $0{,}88$ a $0{,}91$. La incorporación de nodos diferenciales incrementa la complejidad estructural del grafo al añadir nodos y conexiones. En el escenario *NC vs HM*, la menor disponibilidad de lesiones de alta malignidad puede limitar el aprovechamiento de esta representación ampliada, en comparación con el escenario *NC vs IM*. Considerando las mejoras observadas en el es-

cenario *NC vs IM* y el incremento del AUC-PR en los tres escenarios, se seleccionó la configuración *con nodos diferenciales* como parte de la configuración final de la metodología propuesta.

6.2. COMPARACIÓN DE LAS ESTRATEGIAS SOBRE PI-CAI

Durante la evaluación de resultados también se comparó la configuración final de la metodología propuesta (*Superpixels + GAT*) con una configuración de la línea base (*Regiones + GCN*) sobre PI-CAI. Los resultados obtenidos en los tres escenarios de clasificación se presentan en la Tabla 5. Los detalles de construcción y configuración de la línea base se presentan en *Anexo 1*.

Tabla 5. Comparación de las estrategias implementadas en la validación de PI-CAI.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	Superpixels+GAT	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}08 \pm 0{,}09}$
	Regiones+GCN	$0{,}89 \pm 0{,}01$	$0{,}94 \pm 0{,}01$	$0{,}89 \pm 0{,}02$	$0{,}90 \pm 0{,}01$	$0{,}39 \pm 0{,}16$
NC vs HM	Superpixels+GAT	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}00}$	$0{,}96 \pm 0{,}02$	$\mathbf{0{,}91 \pm 0{,}03}$	$\mathbf{0{,}99 \pm 0{,}00}$	$0{,}53 \pm 0{,}38$
	Regiones+GCN	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$0{,}87 \pm 0{,}01$	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$\mathbf{0{,}14 \pm 0{,}06}$
NC vs {IM, HM}	Superpixels+GAT	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}97 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}03}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}19 \pm 0{,}25}$
	Regiones+GCN	$0{,}89 \pm 0{,}02$	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$0{,}91 \pm 0{,}01$	$0{,}89 \pm 0{,}01$	$0{,}29 \pm 0{,}09$

En *NC vs IM*, *Superpixels+GAT* presentó valores superiores en todas las métricas, con un AUC-ROC de $0{,}98$ y un AUC-PR de $0{,}96$. En *NC vs HM*, el comportamiento fue más equilibrado: *Regiones+GCN* obtuvo mejores valores de AUC-ROC y FPR95, mientras que *Superpixels+GAT* presentó mayores Accuracy, AUC-PR y F1-Score. Para *NC vs* {*IM, HM*}, *Superpixels+GAT* obtuvo mayores Accuracy, AUC-ROC, AUC-PR y F1-Score, con valores de $0{,}98$, $0{,}97$, $0{,}95$ y $0{,}98$, respectivamente. Estos resultados muestran que la estrategia basada en superpíxeles presenta un comportamiento superior en la mayoría de las métricas y escenarios evaluados.

6.3. EVALUACIÓN EXTERNA EN PROSTATE158

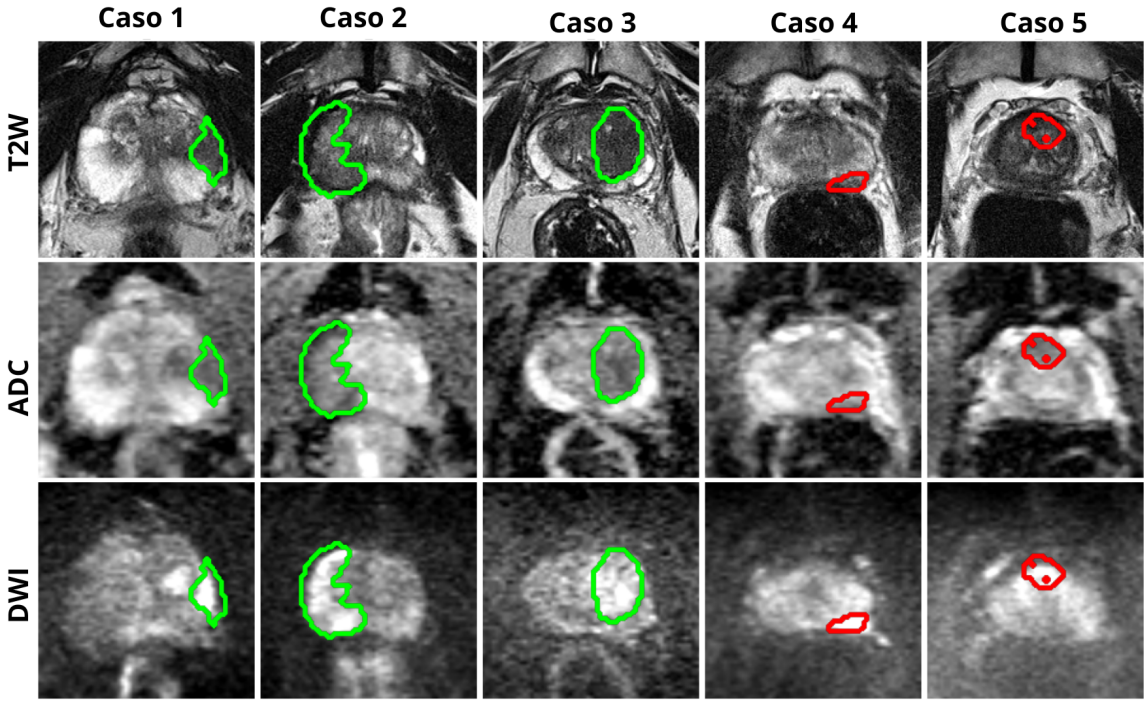
La configuración final de la metodología propuesta y la línea base también fueron evaluadas sobre el conjunto de datos externo Prostate158. Este conjunto no intervino en la selección de la configuración ni en el ajuste de los modelos. La evaluación se realizó utilizando los cinco modelos obtenidos durante la validación cruzada de PI-CAI para el escenario *NC vs* {*IM, HM*}. Cada modelo fue evaluado de manera independiente sobre Prostate158 y las métricas obtenidas se promediaron para obtener los resultados finales de la evaluación externa, presentados en la Tabla 6.

Tabla 6. Evaluación externa de la configuración final de las estrategias implementadas.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs {IM, HM}	Superpixels+GAT	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}97 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}05 \pm 0{,}01}$
	Regiones+GCN	$0{,}80 \pm 0{,}02$	$0{,}86 \pm 0{,}01$	$0{,}94 \pm 0{,}00$	$0{,}80 \pm 0{,}01$	$0{,}68 \pm 0{,}04$

En Prostate158, *Superpixels+GAT* obtuvo mayores Accuracy, AUC-ROC, AUC-PR y F1-Score, con valores de $0{,}95$, $0{,}97$, $0{,}98$ y $0{,}95$, respectivamente. También presentó un menor FPR95, con $0{,}05$ frente a $0{,}68$ de *Regiones+GCN*. La evaluación externa muestra que ambas configuraciones mantienen capacidad de clasificación sobre Prostate158, aunque la estrategia propuesta *Superpixels+GAT* presenta un mejor desempeño en todas las métricas.

Figura 4. Casos de ejemplo de la clasificación realizada por la metodología propuesta (*Superpixels* + *GAT*) en Prostate158.



Nota. Los casos 1, 2 y 3 corresponden a casos positivos correctamente clasificados como positivos, mientras que los casos 4 y 5 corresponden a casos positivos clasificados como negativos. Para cada caso se presentan las secuencias T2W, ADC y DWI.

Como complemento del análisis de los resultados, en la Figura 4 se presentan algunos casos positivos clasificados correctamente e incorrectamente por la metodología propuesta en el conjunto de datos Prostate158. Los casos 1, 2 y 3 fueron clasificados correctamente, mientras que los casos 4 y 5 corresponden a falsos negativos. De manera cualitativa, se observa que las lesiones de los casos correctamente clasificados presentan una extensión espacial mayor y, por tanto, una representación más amplia en las diferentes secuencias de bpMRI. En contraste, los casos 4 y 5 presentan lesiones de menor tamaño, lo que podría dificultar la identificación de patrones característicos y reducir la información disponible para su representación mediante superpíxeles. Esto sugiere que el tamaño de la lesión podría influir en la capacidad de clasificación del modelo, aunque sería necesario realizar un análisis específico para determinar esta relación.

7. CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO

El presente trabajo propuso una metodología basada en grafos para la clasificación de lesiones prostáticas a partir de imágenes bpMRI, mediante una representación construida a partir de superpíxeles y una Red de Atención sobre Grafos (GAT). La metodología integra características radiómicas obtenidas de regiones espacialmente definidas mediante el cálculo de superpíxeles, que contornan regiones irregulares en la lesión y alrededor de ella. Asimismo, se incorporan las relaciones entre las diferentes secuencias de imagen y las relaciones diferenciales entre ellas, permitiendo representar de manera conjunta información espacial y la información proveniente de las secuencias bpMRI. Esta representación permitió definir regiones de acuerdo con la estructura de la imagen, proporcionando una forma flexible de incorporar información espacial y apoyándose en un aprendizaje de representaciones basado en grafos. En la evaluación sobre PI-CAI, la metodología alcanzó un AUC-ROC de $0{,}98$ para la diferenciación entre tejido no canceroso y lesiones de malignidad intermedia, mientras que en la evaluación externa sobre Prostate158 obtuvo un Accuracy de $0{,}95$, un AUC-ROC de $0{,}97$ y un AUC-PR de $0{,}98$ en la clasificación binaria de tejido no canceroso y lesiones csPCa.

Los experimentos realizados mostraron que la estrategia basada en grafos tuvo la capacidad de diferenciar lesiones de distinta malignidad, aunque se observaron diferencias según el escenario de clasificación. En particular, el desempeño obtenido en la diferenciación entre tejido no canceroso y lesiones de malignidad intermedia resulta relevante debido a que la identificación de lesiones de malignidad intermedia representa un escenario de interés clínico, al requerir una caracterización adecuada para orientar su seguimiento y manejo [55]. Finalmente, los resultados obtenidos sobre el conjunto externo muestran

---

[55] Axel HEIDENREICH, *et al.* "EAU guidelines on prostate cancer. Part 1: screening, diagnosis, and local treatment with curative intent—update 2013". En: *European urology* 65.1 (2014), págs. 124-137.

que la representación basada en superpíxeles puede conservar su capacidad de discriminación al evaluarse sobre datos externos, lo que respalda su potencial para capturar características relacionadas con la malignidad relevantes para la discriminación de lesiones prostáticas.

En el estado del arte se han desarrollado diferentes estrategias para la clasificación de lesiones csPCa a partir de resonancia magnética. Zhao et al. propusieron modelos de aprendizaje profundo basados en bpMRI, alcanzando un AUC de hasta $0{,}914$ [46]. Por su parte, Rajagopal et al. desarrollaron una arquitectura de aprendizaje profundo con supervisión mixta basada en información histopatológica, obteniendo un AUC de $0{,}724$ en un conjunto de prueba de 198 estudios [47]. Santhirasekaram et al. propusieron una arquitectura basada en *Vision Transformer* con representaciones discretas, alcanzando un AUC de $0{,}739$ en un escenario de generalización entre equipos de resonancia [48]. Asimismo, Li et al. desarrollaron una arquitectura *3D Efficient Capsule Network* para la clasificación del riesgo de cáncer de próstata, obteniendo AUC de hasta $0{,}83$ en sus diferentes tareas de clasificación [49]. En contraste, la metodología propuesta en este trabajo alcanzó un AUC-ROC de $0{,}97$ en la diferenciación entre tejido no canceroso y lesiones de malignidad intermedia y alta sobre PI-CAI, además de un AUC-ROC de $0{,}97$ en la evaluación externa sobre Prostate158. Lo anterior resulta en un esquema prometedor donde se reconoce la integración espacial de regiones de lesión y perilesionales, como atributos claves para determinar la malignidad. No obstante, estos resultados deben interpretarse considerando que los estudios emplean conjuntos de datos, tareas de clasificación, particiones y protocolos de evaluación diferentes, por lo que no constituyen una comparación directa de desempeño.

Como trabajo futuro, se plantea extender la representación propuesta a volúmenes 3D, construyendo grafos a partir de supervóxeles con conexiones entre cortes adyacentes, para aprovechar el contexto intercorte que se pierde al analizar un único corte axial por estudio. Además, la construcción actual del grafo depende de la máscara de la lesión para

seleccionar los superpíxeles positivos. Por ello, se explorará construir el grafo con todos los superpíxeles de la glándula y aprender la selección de forma automática, mediante una operación de pooling jerárquico diferenciable que agrupe progresivamente los nodos hasta distinguir las regiones de lesión de las de fondo. Este enfoque permitiría abordar la detección de lesiones sin delineación previa y evaluar el método a nivel de paciente. Asimismo, es necesario validar explícitamente la contribución de la información perilesional, comparando configuraciones solo intralesionales, solo perilesionales e integradas, y extender la evaluación a la clasificación multiclase u ordinal del grado ISUP. También se requiere validar el método en cohortes independientes y multicéntricas, con distintos protocolos de adquisición y un mayor número de lesiones de alta malignidad para brindar una evaluación más exhaustiva del desempeño multicéntrico. Por otra parte, se considera explorar la incorporación de variables clínicas como PSA, densidad de PSA y edad del paciente mediante fusión multimodal para brindar un contexto general del grafo. Finalmente, se propone analizar la explicabilidad de la red de atención de grafos aprendida, esto mediante el análisis de los pesos de atención de la GAT. Estas direcciones podrían mejorar la interpretabilidad y la aplicabilidad del método en escenarios clínicos reales.

BIBLIOGRAFÍA

ADAMS, Lisa C, *et al.* "Prostate158-An expert-annotated 3T MRI dataset and algorithm for prostate cancer detection". En: *Computers in Biology and Medicine* 148 (2022), pág. 105817 (vid. pág. 43).

ALDOJ, Nader, *et al.* "Semi-automatic classification of prostate cancer on multi-parametric MR imaging using a multi-channel 3D convolutional neural network". En: *European radiology* 30.2 (2020), págs. 1243-1253 (vid. pág. 28).

ALGOHARY, Ahmad, *et al.* "Combination of peri-tumoral and intra-tumoral radiomic features on bi-parametric MRI accurately stratifies prostate cancer risk: a multi-site study". En: *Cancers* 12.8 (2020), pág. 2200 (vid. pág. 30).

ARMATO III, Samuel G, *et al.* "PROSTATEx Challenges for computerized classification of prostate lesions from multiparametric magnetic resonance images". En: *Journal of Medical Imaging* 5.4 (2018), págs. 044501-044501 (vid. pág. 28).

BHATTI, Uzair Aslam, *et al.* "Deep learning with graph convolutional networks: An overview and latest applications in computational intelligence". En: *International Journal of Intelligent Systems* 2023.1 (2023), pág. 8342104 (vid. págs. 26, 27).

CAGLIC, Iztok y BARRETT, Tristan. "Diffusion-weighted imaging (DWI) in lymph node staging for prostate cancer". En: *Translational Andrology and Urology* 7.5 (2018), pág. 814 (vid. pág. 21).

CHATTERJEE, Aritrick, *et al.* "Multiparametric MRI features and pathologic outcome of wedge-shaped lesions in the peripheral zone on T2-weighted images of the prostate". En: *American Journal of Roentgenology* 212.1 (2019), págs. 124-129 (vid. pág. 23).

CHELEBIAN, Eduard, *et al.* "Discovery of tumour indicating morphological changes in benign prostate biopsies through AI". En: *Scientific Reports* 15.1 (2025), pág. 30770 (vid. págs. 15, 23, 32).

CHEN, Fenxiao, *et al.* "Graph representation learning: a survey". En: *APSIPA Transactions on Signal and Information Processing* 9 (2020), e15 (vid. pág. 24).

DIETRICH, Olaf, *et al.* "Technical aspects of MR diffusion imaging of the body". En: *European journal of radiology* 76.3 (2010), págs. 314-322 (vid. pág. 20).

DUWE, Gregor, *et al.* "Value of perilesional biopsies in multiparametric magnetic resonance imaging-targeted biopsy and systematic biopsy in detection of prostate cancer: Results of a prospective, non-randomized, surgeon-blinded study". En: *World Journal of Urology* 42.1 (2024), pág. 297 (vid. págs. 15, 23).

FROEHNER, Michael; KOCH, Rainer y GRAEFEN, Markus. "Re: Nicolas Mottet, Roderick CN van den Bergh, Erik Briers, et al. EAU-EANM-ESTRO-ESUR-SIOG Guidelines on Prostate Cancer-2020 Update. Part 1: Screening, Diagnosis, and Local Treatment with Curative Intent. Eur Urol 2021; 79: 243-62: Comorbidity Measurement in Patients with Prostate Cancer." En: *European Urology* 79.5 (2021), e138-e138 (vid. págs. 13, 32).

GATTI, Marco, *et al.* "Prostate cancer detection with biparametric magnetic resonance imaging (bpMRI) by readers with different experience: performance and comparison with multiparametric (mpMRI)". En: *Abdominal Radiology* 44.5 (2019), págs. 1883-1893 (vid. pág. 14).

GILMER, Justin, *et al.* "Neural message passing for quantum chemistry". En: *International conference on machine learning*. Pmlr. 2017, págs. 1263-1272 (vid. págs. 16, 24-26).

GRASER, Anno, *et al.* "Per-sextant localization and staging of prostate cancer: correlation of imaging findings with whole-mount step section histopathology". En: *American Journal of Roentgenology* 188.1 (2007), págs. 84-90 (vid. pág. 42).

GREENACRE, Michael, *et al.* "Principal component analysis". En: *Nature Reviews Methods Primers* 2.1 (2022), pág. 100 (vid. pág. 67).

GUYON, Isabelle, *et al.* "Gene selection for cancer classification using support vector machines". En: *Machine learning* 46.1 (2002), págs. 389-422 (vid. pág. 67).

HAFFNER, Michael C, *et al.* "Genomic and phenotypic heterogeneity in prostate cancer". En: *Nature Reviews Urology* 18.2 (2021), págs. 79-92 (vid. pág. 13).

HEIDENREICH, Axel, *et al.* "EAU guidelines on prostate cancer. Part 1: screening, diagnosis, and local treatment with curative intent—update 2013". En: *European urology* 65.1 (2014), págs. 124-137 (vid. pág. 54).

HOSSEINZADEH, Matin, *et al.* "Deep learning–assisted prostate cancer detection on bi-parametric MRI: minimum training data size requirements and effect of prior knowledge". En: *European Radiology* 32.4 (2022), págs. 2224-2234 (vid. págs. 14, 32).

HU, Beibei, *et al.* "A nomogram based on biparametric magnetic resonance imaging for detection of clinically significant prostate cancer in biopsy-naïve patients". En: *Cancer Imaging* 23.1 (2023), pág. 82 (vid. pág. 14).

JIANG, Xingkang; MA, Baojie y XU, Yong. "Targeted and perilesional biopsy: triumphs and cautions". En: *Prostate Cancer and Prostatic Diseases* 28.2 (2025), págs. 524-525 (vid. págs. 15, 23).

KAWA, Sandra Miriam, *et al.* "Detection of clinically significant prostate cancer by systematic TRUS-biopsies in a population-based setting over a 20 year period". En: *Urology* 155 (2021), págs. 20-25 (vid. págs. 14, 32).

KHOSHRAFTAR, Shima y AN, Aijun. "A survey on graph representation learning methods". En: *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology* 15.1 (2024), págs. 1-55 (vid. págs. 24, 26).

KIPF, Thomas N y WELLING, Max. "Semi-supervised classification with graph convolutional networks". En: *arXiv preprint arXiv:1609.02907* (2016) (vid. pág. 68).

KOH, Dow-Mu y COLLINS, David J. "Diffusion-weighted MRI in the body: applications and challenges in oncology". En: *American Journal of Roentgenology* 188.6 (2007), págs. 1622-1635 (vid. pág. 20).

KUHL, Christiane K, *et al.* "Abbreviated biparametric prostate MR imaging in men with elevated prostate-specific antigen". En: *Radiology* 285.2 (2017), págs. 493-505 (vid. pág. 18).

KUNKEL, Elisabeth JS, *et al.* "Biopsychosocial aspects of prostate cancer". En: *Psychosomatics* 41.2 (2000), págs. 85-94 (vid. pág. 17).

LAHOTI, Amol Madanlal, *et al.* "Role and application of diffusion-weighted imaging in evaluation of prostate cancer". En: *Indian Journal of Medical and Paediatric Oncology* 39.03 (2018), págs. 349-354 (vid. pág. 21).

LECUN, Yann; BENGIO, Yoshua e HINTON, Geoffrey. “Deep learning”. En: *Nature* 521.7553 (2015), págs. 436-444 (vid. pág. 15).

LI, Mou, *et al.* “Use of radiomics to improve diagnostic performance of PI-RADS v2. 1 in prostate cancer”. En: *Frontiers in Oncology* 10 (2021), pág. 631831 (vid. pág. 23).

LI, Yida, *et al.* “Bi-parametric MRI radiomic model for prostate cancer diagnosis: value of intralesional and perilesional radiomics”. En: *Acta Radiologica* 66.6 (2025), págs. 639-649 (vid. pág. 31).

LI, Yuheng, *et al.* “Cross-shaped windows transformer with self-supervised pretraining for clinically significant prostate cancer detection in bi-parametric MRI”. En: *Medical physics* 52.2 (2025), págs. 993-1004 (vid. pág. 15).

LI, Yuheng, *et al.* “MRI-based prostate cancer classification using 3D efficient capsule network”. En: *Medical physics* 51.7 (2024), págs. 4748-4758 (vid. págs. 29, 55).

LOEB, Stacy, *et al.* “Systematic review of complications of prostate biopsy”. En: *European urology* 64.6 (2013), págs. 876-892 (vid. pág. 17).

MAEKAWA, Shigekatsu; TAKATA, Ryo y OBARA, Wataru. “Molecular mechanisms of prostate cancer development in the precision medicine era: A comprehensive review”. En: *Cancers* 16.3 (2024), pág. 523 (vid. pág. 14).

MCGIVNEY, Debra F, *et al.* “SVD compression for magnetic resonance fingerprinting in the time domain”. En: *IEEE transactions on medical imaging* 33.12 (2014), págs. 2311-2322 (vid. pág. 67).

MEHRTASH, Alireza, *et al.* "Classification of clinical significance of MRI prostate findings using 3D convolutional neural networks". En: *Proceedings of SPIE–the International Society for Optical Engineering*. Vol. 10134. 2017, 101342A (vid. pág. 28).

MICHAELY, Henrik J., *et al.* "Current Value of Biparametric Prostate MRI with Machine-Learning or Deep-Learning in the Detection, Grading, and Characterization of Prostate Cancer: A Systematic Review". En: *Diagnostics* 12.4 (2022). DOI: 10.3390/diagnostics12040799 (vid. págs. 14, 32).

MURPHY, Gillian, *et al.* "The expanding role of MRI in prostate cancer". En: *American Journal of Roentgenology* 201.6 (2013), págs. 1229-1238 (vid. pág. 19).

NAJI, Leen, *et al.* "Digital rectal examination for prostate cancer screening in primary care: a systematic review and meta-analysis". En: *The Annals of Family Medicine* 16.2 (2018), págs. 149-154 (vid. pág. 18).

PATEL, Amit R y KLEIN, Eric A. "Risk factors for prostate cancer". En: *Nature clinical practice Urology* 6.2 (2009), págs. 87-95 (vid. pág. 17).

RAJAGOPAL, Abhejit, *et al.* "Mixed supervision of histopathology improves prostate cancer classification from MRI". En: *IEEE transactions on medical imaging* 43.7 (2024), págs. 2610-2622 (vid. págs. 29, 55).

RAWLA, Prashanth. "Epidemiology of prostate cancer". En: *World journal of oncology* 10.2 (2019), pág. 63 (vid. pág. 13).

SAHA, A., *et al.* "Artificial Intelligence and Radiologists in Prostate Cancer Detection on MRI (PI-CAI): An International, Paired, Non-Inferiority, Confirmatory Study". En: *The Lancet Oncology* 25.7 (2024), págs. 879-887. DOI: 10.1016/S1470-2045(24)00157-9 (vid. págs. 41, 42).

SÁNCHEZ-ORO, Raquel, *et al.* "Resonancia magnética de próstata: guía práctica de interpretación e informe según PI-RADS versión 2.1". En: *Radiología* 62.6 (2020), págs. 437-451 (vid. págs. 19, 22).

SANTHIRASEKARAM, Ainkaran, *et al.* "Robust prostate disease classification using transformers with discrete representations". En: *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* 20.1 (2025), págs. 11-20 (vid. págs. 29, 55).

SCIALPI, Michele, *et al.* "Biparametric MRI of the prostate". En: *Turkish journal of urology* 43.4 (2017), pág. 401 (vid. pág. 18).

SHUKLA-DAVE, Amita y HRICAK, Hedvig. "Role of MRI in prostate cancer detection". En: *NMR in Biomedicine* 27.1 (2014), págs. 16-24 (vid. pág. 18).

SINGH, Aryan, *et al.* "Compact & capable: Harnessing graph neural networks and edge convolution for medical image classification". En: *arXiv preprint arXiv:2307.12790* (2023) (vid. pág. 16).

SMITH JR, Joseph A; SOLOWAY, Mark S y YOUNG, Marvin J. "Complications of advanced prostate cancer". En: *Urology* 54.6 (1999), págs. 8-14 (vid. pág. 17).

SUNG, Hyuna, *et al.* "Global cancer statistics 2024: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 34 cancers in 186 countries". En: *CA: A Cancer Journal for Clinicians* 76.4 (2026), e70090 (vid. págs. 13, 32).

TAMADA, Tsutomu, *et al.* "Diffusion-weighted imaging in prostate cancer". En: *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine* 35.4 (2022), págs. 533-547 (vid. pág. 20).

THOMPSON, James, *et al.* "The role of magnetic resonance imaging in the diagnosis and management of prostate cancer". En: *BJU international* 112 (2013), págs. 6-20 (vid. pág. 19).

TURKBEY, Baris, *et al.* "Prostate imaging reporting and data system version 2.1: 2019 update of prostate imaging reporting and data system version 2". En: *European urology* 76.3 (2019), págs. 340-351 (vid. págs. 19, 41).

VRAHATIS, Aristidis G; LAZAROS, Konstantinos y KOTSIANTIS, Sotiris. "Graph attention networks: a comprehensive review of methods and applications". En: *Future Internet* 16.9 (2024), pág. 318 (vid. págs. 27, 39).

WU, Zonghan, *et al.* "A comprehensive survey on graph neural networks". En: *IEEE transactions on neural networks and learning systems* 32.1 (2020), págs. 4-24 (vid. págs. 16, 24, 25).

ZAHEER, Manzil, *et al.* "Deep sets". En: *Advances in neural information processing systems* 30 (2017) (vid. pág. 26).

ZHAO, Litao, *et al.* "Predicting clinically significant prostate cancer with a deep learning approach: a multicentre retrospective study". En: *European journal of nuclear medicine and molecular imaging* 50.3 (2023), págs. 727-741 (vid. págs. 29, 55).

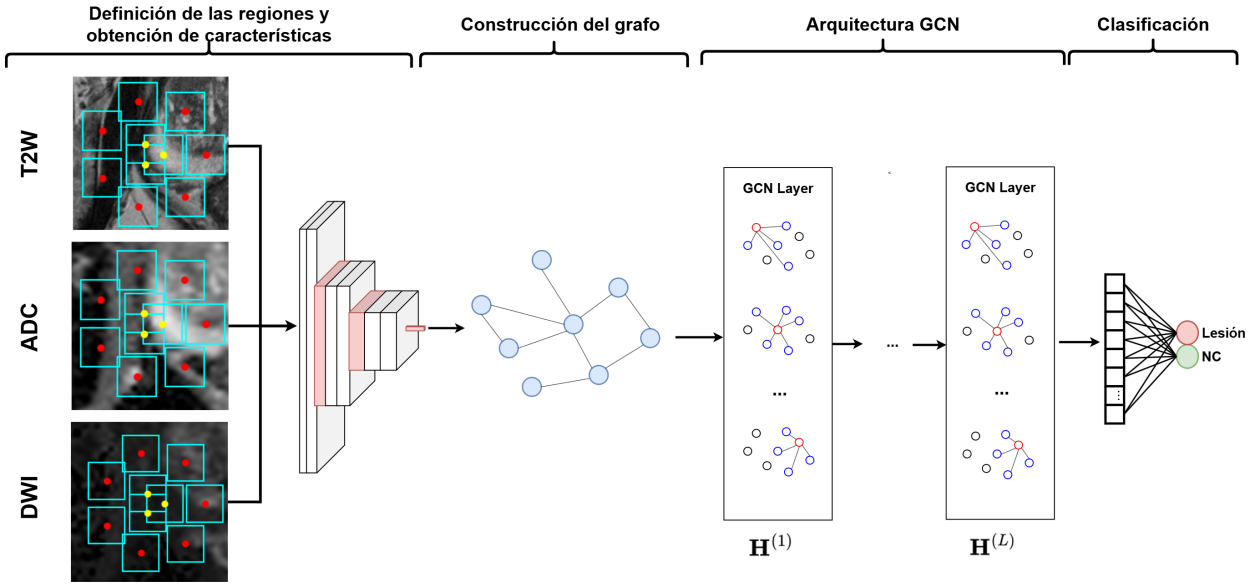
chngcntr

ANEXOS

Anexo A. Línea base: Estrategia basada en regiones

Como línea base, se evaluó una representación geométrica basada en grafos para modelar la información intra- y perilesional de las secuencias de bpMRI. La Figura A1 presenta el flujo de esta estrategia, que comprende tres etapas principales: (i) definición de puntos de muestreo alrededor del centroide de cada región de interés y extracción de características de las secuencias T2W, ADC y DWI; (ii) construcción del grafo a partir de las características extraídas y las relaciones entre los nodos intralesionales y perilesionales; y (iii) aprendizaje mediante una Red Convolucional de Grafos (*Graph Convolutional Network*, GCN) para la clasificación de lesiones prostáticas.

Figura A1. Descripción general del procedimiento de la línea base.



Nota. (A) Definición de regiones y extracción de características. (B) Construcción del grafo a partir de la red extractora de características. (C) Arquitectura de la Red Convolucional de Grafos (GCN) y el proceso de clasificación.

Representación de las regiones intra- y perilesionales

Se definieron dos conjuntos de nodos alrededor del centroide **c** de cada región de interés. Los nodos se distribuyen espacialmente sobre dos circunferencias concéntricas: una interna, asociada con la región intralesional, y una externa, asociada con la región perilesional.

Sea n_{int} el número de nodos internos y n_{ext} el número de nodos externos. Las posiciones de los nodos se determinaron mediante coordenadas polares respecto al centroide. Para la circunferencia interna, el ángulo del nodo k-ésimo se define como $\theta_k = \frac{2\pi k}{n_{int}}, \qquad k = 0, 1, \ldots, n_{int} - 1$, con radio r_{int}. De manera análoga, para los nodos externos: $\theta_k = \frac{2\pi k}{n_{ext}}, \qquad k = 0, 1, \ldots, n_{ext} - 1$, con radio r_{ext}, manteniendo la condición $r_{int} < r_{ext}$.

Los nodos internos permiten caracterizar el tejido asociado directamente con la lesión, mientras que los externos permiten incorporar información del tejido circundante. En la configuración inicial se utilizaron $n_{int} = 3$ nodos internos y $n_{ext} = 7$ nodos externos. Adicionalmente, se evaluaron configuraciones con $\{3, 5, 7, 9\}$ nodos perilesionales, manteniendo fijo $n_{int} = 3$.

Dado que no se dispone de delineaciones explícitas del tejido sano circundante, el mismo procedimiento de anclaje se aplicó a los centroides correspondientes tanto a lesiones csPCa como a regiones de tejido sano. El radio r_{int} se determinó a partir del tamaño promedio de las lesiones csPCa del conjunto de datos. A partir de cada nodo se extrajo, en las tres secuencias, un parche de tamaño 32×32 píxeles, posteriormente redimensionado a 224×224 píxeles para ajustarse al tamaño de entrada de los modelos preentrenados.

Extracción y reducción de características

Los parches fueron procesados mediante *ResNet-34*, *VGG19* y *ViT-B/16*, preentrenados sobre ImageNet y utilizados con sus parámetros congelados. Las características se obtuvieron de la última capa previa a la clasificación, produciendo un vector de 512 dimen-

siones por parche. Adicionalmente, se evaluaron los modelos fundacionales *DINOv2* y *MedSAM2D* como extractores de características.

Para cada nodo i, los vectores correspondientes a las secuencias T2W, ADC y DWI se concatenaron: $\mathbf{x}_i = \left[\mathbf{x}_i^{\text{T2W}} \mid \mathbf{x}_i^{\text{ADC}} \mid \mathbf{x}_i^{\text{DWI}}\right], \qquad i = 1, \ldots, n.$

De esta forma, cada nodo fue representado inicialmente mediante un vector de 1536 características. Para reducir esta dimensionalidad se evaluaron el Análisis de Componentes Principales (*Principal Component Analysis*, PCA), la Descomposición en Valores Singulares (*Singular Value Decomposition*, SVD) y la Eliminación Recursiva de Características (*Recursive Feature Elimination*, RFE). En todos los casos, la representación final se fijó en 100 características por nodo. PCA transforma las variables originales en componentes no correlacionados ordenados según la varianza explicada [56]. SVD permite obtener una aproximación de bajo rango de la matriz de características mediante la retención de sus principales componentes [57]. Por su parte, RFE selecciona características de manera iterativa a partir de su importancia estimada por un modelo predictor [58].

Construcción del grafo

Cada región de interés fue representada mediante un grafo no dirigido $\mathcal{G} = (\mathcal{V}, \mathcal{E})$, donde $\mathcal{V}$ corresponde al conjunto de nodos y $\mathcal{E}$ al conjunto de aristas que representan las relaciones espaciales entre las regiones intra- y perilesionales.

La matriz de características de los nodos se define como $\mathbf{H}^{(0)} = [\tilde{\mathbf{x}}_1, \ldots, \tilde{\mathbf{x}}_n]^\top \in \mathbb{R}^{n \times d}$, donde $\tilde{\mathbf{x}}_i$ corresponde al vector de características reducido del nodo i. La conectividad se

---

[56] Michael GREENACRE, *et al.* "Principal component analysis". En: *Nature Reviews Methods Primers* 2.1 (2022), pág. 100.

[57] Debra F MCGIVNEY, *et al.* "SVD compression for magnetic resonance fingerprinting in the time domain". En: *IEEE transactions on medical imaging* 33.12 (2014), págs. 2311-2322.

[58] Isabelle GUYON, *et al.* "Gene selection for cancer classification using support vector machines". En: *Machine learning* 46.1 (2002), págs. 389-422.

representa mediante la matriz de adyacencia $\mathbf{A} \in \{0,1\}^{n \times n}$, donde $\mathbf{A}_{ij} = 1$ si los nodos v_i y v_j están conectados. Los nodos intralesionales están completamente conectados entre sí y, adicionalmente, cada nodo intralesional se conecta con todos los nodos perilesionales. Esta estructura permite integrar las características de la región central con la información contextual proporcionada por el tejido circundante.

Arquitectura GCN

Para la línea base se empleó una Red Convolucional de Grafos (GCN) para aprender representaciones a nivel de nodo mediante la propagación y agregación de información a través de la estructura del grafo [59]. La arquitectura consta de cuatro capas GCN con dimensiones de salida de 128, 96, 64 y 32 características, respectivamente. Después de las capas convolucionales se aplicó ReLU y *dropout* con $p = 0{,}5$, excepto después de la última capa. Finalmente, las representaciones nodales se agregaron mediante *global mean pooling* y se utilizaron en una capa completamente conectada para producir la predicción.

Experimentos de la línea base

Los experimentos se realizaron para evaluar las principales decisiones de la línea base. Se mantuvo el mismo esquema de validación utilizado para la metodología propuesta y se analizaron la contribución de la estructura de grafo, el número de nodos perilesionales, el extractor de características y el método de reducción de dimensionalidad.

Comparación entre representación mediante grafos y concatenación de características Se evaluó la contribución de la estructura del grafo mediante la comparación entre la GCN y una red neuronal densa (*Dense Neural Network*, DNN) que recibe la con-

---

[59] Thomas N KIPF y Max WELLING. "Semi-supervised classification with graph convolutional networks". En: *arXiv preprint arXiv:1609.02907* (2016).

catenación de las características de los nodos intra- y perilesionales. De esta manera, la información contenida en los diferentes nodos se conserva, pero se elimina la estructura de relaciones utilizada por la GCN. Se mantuvieron constantes la configuración de nodos, *ResNet34* y PCA a 100 características por nodo. Los resultados se presentan en la Tabla A1.

Tabla A1. Comparación entre la clasificación mediante GCN y mediante concatenación de características y DNN.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	GCN	$\mathbf{0{,}89 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}94 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}89 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}39 \pm 0{,}16}$
	DNN	$0{,}88 \pm 0{,}02$	$0{,}91 \pm 0{,}01$	$0{,}86 \pm 0{,}02$	$0{,}78 \pm 0{,}02$	$0{,}46 \pm 0{,}13$
NC vs HM	GCN	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}87 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}14 \pm 0{,}06}$
	DNN	$0{,}94 \pm 0{,}01$	$0{,}93 \pm 0{,}02$	$0{,}78 \pm 0{,}04$	$0{,}68 \pm 0{,}06$	$0{,}46 \pm 0{,}34$
NC vs {IM, HM}	GCN	$\mathbf{0{,}89 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}91 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}89 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}29 \pm 0{,}09}$
	DNN	$0{,}88 \pm 0{,}01$	$0{,}93 \pm 0{,}01$	$0{,}90 \pm 0{,}02$	$0{,}80 \pm 0{,}02$	$0{,}39 \pm 0{,}06$

Los resultados muestran un comportamiento favorable de la GCN con respecto a la DNN en los tres escenarios de clasificación. En *NC vs IM*, la GCN alcanzó el AUC-ROC de $0{,}94$ y un F1-Score de $0{,}90$, frente a $0{,}91$ y $0{,}78$ con la DNN, respectivamente. En *NC vs HM*, obtuvo un AUC-PR de $0{,}87$ y un F1-Score de $0{,}96$, frente a $0{,}78$ y $0{,}68$. Para *NC vs {IM, HM}*, alcanzó un AUC-ROC de $0{,}95$ y un F1-Score de $0{,}89$, frente a $0{,}93$ y $0{,}80$. Estos resultados indican que la incorporación de la estructura de relaciones entre los nodos mediante la GCN aporta información adicional respecto a la simple concatenación de características.

Evaluación del número de nodos perilesionales Se evaluó el efecto del número de nodos utilizados para representar la región perilesional. Se mantuvieron constantes los nodos intralesionales y las demás etapas de la línea base, considerando configuraciones con 3, 5, 7 y 9 nodos perilesionales. Los resultados se presentan en la Tabla A2.

Tabla A2. Evaluación de la incorporación de nodos perilesionales en la representación del grafo.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	3	$0{,}88 \pm 0{,}01$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}03}$	$0{,}89 \pm 0{,}01$	$0{,}27 \pm 0{,}07$
	5	$0{,}88 \pm 0{,}02$	$0{,}94 \pm 0{,}01$	$0{,}89 \pm 0{,}03$	$0{,}88 \pm 0{,}01$	$0{,}38 \pm 0{,}10$
	7	$\mathbf{0{,}89 \pm 0{,}01}$	$0{,}94 \pm 0{,}01$	$0{,}89 \pm 0{,}02$	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}01}$	$0{,}39 \pm 0{,}16$
	9	$0{,}89 \pm 0{,}03$	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}03}$	$0{,}89 \pm 0{,}03$	$\mathbf{0{,}26 \pm 0{,}06}$
NC vs HM	3	$0{,}94 \pm 0{,}04$	$0{,}97 \pm 0{,}02$	$0{,}85 \pm 0{,}03$	$0{,}95 \pm 0{,}03$	$0{,}15 \pm 0{,}08$
	5	$0{,}93 \pm 0{,}02$	$0{,}97 \pm 0{,}00$	$0{,}81 \pm 0{,}04$	$0{,}94 \pm 0{,}01$	$0{,}16 \pm 0{,}06$
	7	$\mathbf{0{,}95 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}98 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}87 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}14 \pm 0{,}06}$
	9	$0{,}95 \pm 0{,}02$	$0{,}97 \pm 0{,}01$	$0{,}84 \pm 0{,}03$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}01}$	$0{,}19 \pm 0{,}11$
NC vs {IM, HM}	3	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}96 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}92 \pm 0{,}02}$	$0{,}90 \pm 0{,}01$	$0{,}26 \pm 0{,}06$
	5	$0{,}88 \pm 0{,}04$	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$\mathbf{0{,}92 \pm 0{,}02}$	$0{,}88 \pm 0{,}04$	$0{,}29 \pm 0{,}06$
	7	$0{,}89 \pm 0{,}02$	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$0{,}91 \pm 0{,}01$	$0{,}89 \pm 0{,}01$	$0{,}29 \pm 0{,}09$
	9	$\mathbf{0{,}90 \pm 0{,}01}$	$0{,}95 \pm 0{,}01$	$\mathbf{0{,}92 \pm 0{,}02}$	$\mathbf{0{,}91 \pm 0{,}01}$	$\mathbf{0{,}20 \pm 0{,}08}$

Los resultados muestran variaciones según el escenario y la métrica considerada. La configuración con 7 nodos presentó un comportamiento consistente, especialmente en *NC vs HM*, donde alcanzó un Accuracy de $0{,}95$, un AUC-ROC de $0{,}98$ y un F1-Score de $0{,}96$. En *NC vs IM* obtuvo el mayor Accuracy $(0{,}89)$ y F1-Score $(0{,}90)$. En consecuencia, se seleccionaron *7 nodos perilesionales* para los experimentos posteriores.

Comparación de extractores de características Se estudió el efecto de utilizar distintas redes preentrenadas y modelos fundacionales como extractores de características. Se compararon *ResNet34*, *VGG19*, *ViT-B/16*, *DINOv2* y *MedSAM2D*. Se mantuvieron constantes la construcción del grafo, la configuración de los nodos y la arquitectura de la GCN. Los resultados se presentan en la Tabla A3.

Tabla A3. Comparación de extractores para la construcción de características a partir de diferentes secuencias bpMRI de cada nodo.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	ResNet34	**0,89 ± 0,01**	**0,94 ± 0,01**	**0,89 ± 0,02**	**0,90 ± 0,01**	0,39 ± 0,16
	VGG19	**0,89 ± 0,01**	**0,94 ± 0,01**	0,88 ± 0,03	0,89 ± 0,01	0,36 ± 0,05
	ViT-B/16	0,87 ± 0,02	0,94 ± 0,02	0,88 ± 0,04	0,88 ± 0,02	0,36 ± 0,11
	DINOv2	0,89 ± 0,02	**0,94 ± 0,01**	0,88 ± 0,03	0,89 ± 0,02	0,38 ± 0,12
	MedSAM2D	0,85 ± 0,03	0,93 ± 0,01	0,85 ± 0,03	0,86 ± 0,03	**0,32 ± 0,10**
NC vs HM	ResNet34	**0,95 ± 0,01**	**0,98 ± 0,01**	**0,87 ± 0,01**	**0,96 ± 0,01**	**0,14 ± 0,06**
	VGG19	0,88 ± 0,04	0,97 ± 0,01	0,81 ± 0,04	0,90 ± 0,03	0,21 ± 0,10
	ViT-B/16	0,91 ± 0,02	0,96 ± 0,01	0,80 ± 0,01	0,92 ± 0,02	0,22 ± 0,09
	DINOv2	0,95 ± 0,02	0,96 ± 0,01	0,79 ± 0,02	0,95 ± 0,02	0,25 ± 0,10
	MedSAM2D	0,86 ± 0,03	0,94 ± 0,01	0,70 ± 0,04	0,88 ± 0,03	0,34 ± 0,12
NC vs {IM, HM}	ResNet34	0,89 ± 0,02	**0,95 ± 0,01**	**0,91 ± 0,01**	0,89 ± 0,01	0,29 ± 0,09
	VGG19	**0,90 ± 0,00**	**0,95 ± 0,01**	0,91 ± 0,02	**0,90 ± 0,00**	**0,24 ± 0,05**
	ViT-B/16	0,88 ± 0,02	0,94 ± 0,01	0,90 ± 0,03	0,88 ± 0,02	0,36 ± 0,09
	DINOv2	0,88 ± 0,02	0,94 ± 0,01	0,90 ± 0,02	0,88 ± 0,02	0,35 ± 0,10
	MedSAM2D	0,88 ± 0,03	0,94 ± 0,01	0,88 ± 0,03	0,87 ± 0,02	0,28 ± 0,08

Los resultados muestran diferencias entre los extractores según el escenario. En *NC vs IM*, *ResNet34* obtuvo un AUC-PR $(0{,}89)$ y F1-Score $(0{,}90)$. En *NC vs HM*, presentó los mayores valores de Accuracy, AUC-ROC, AUC-PR y F1-Score, con $0{,}95$, $0{,}98$, $0{,}87$ y $0{,}96$, respectivamente. Para *NC vs* {*IM, HM*}, VGG19 presentó valores ligeramente superiores en Accuracy y F1-Score, mientras que *ResNet34* obtuvo el mayor AUC-PR $(0{,}91)$. Los modelos fundacionales presentaron un desempeño inferior en varias de las métricas, lo que podría estar relacionado con las diferencias entre los datos utilizados durante su preentrenamiento y las características de los datos empleados en este estudio. Sin embargo, esta interpretación no fue evaluada de manera independiente. Considerando su comportamiento en los tres escenarios, se seleccionó *ResNet34* como extractor de características.

Comparación de métodos de reducción de dimensionalidad Se evaluó el efecto de diferentes métodos de reducción de dimensionalidad sobre las características extraídas de las regiones de interés. Se compararon *Principal Component Analysis* (PCA)*, Singular*

Value Decomposition (SVD) y *Recursive Feature Elimination* (RFE), manteniendo constantes la configuración del grafo, el extractor de características y la arquitectura de la GCN. En todos los casos, las características fueron reducidas a 100 dimensiones por nodo. Los resultados se presentan en la Tabla A4.

Tabla A4. Comparación de métodos de reducción de dimensionalidad.

	Caso	Accuracy	AUC-ROC	AUC-PR	F1-Score	FPR95
NC vs IM	PCA	**0,89 ± 0,01**	**0,94 ± 0,01**	**0,89 ± 0,02**	**0,90 ± 0,01**	$0{,}39 \pm 0{,}16$
	SVD	$0{,}87 \pm 0{,}06$	**0,94 ± 0,01**	$0{,}88 \pm 0{,}02$	$0{,}87 \pm 0{,}05$	**0,35 ± 0,06**
	RFE	$0{,}54 \pm 0{,}22$	$0{,}71 \pm 0{,}06$	$0{,}46 \pm 0{,}09$	$0{,}41 \pm 0{,}24$	$0{,}89 \pm 0{,}05$
NC vs HM	PCA	**0,95 ± 0,01**	**0,98 ± 0,01**	**0,87 ± 0,01**	**0,96 ± 0,01**	**0,14 ± 0,06**
	SVD	$0{,}90 \pm 0{,}02$	$0{,}96 \pm 0{,}01$	$0{,}79 \pm 0{,}02$	$0{,}91 \pm 0{,}02$	$0{,}29 \pm 0{,}13$
	RFE	$0{,}43 \pm 0{,}33$	$0{,}89 \pm 0{,}04$	$0{,}46 \pm 0{,}04$	$0{,}42 \pm 0{,}36$	$0{,}46 \pm 0{,}23$
NC vs {IM, HM}	PCA	**0,89 ± 0,02**	**0,95 ± 0,01**	$0{,}91 \pm 0{,}01$	**0,89 ± 0,01**	$0{,}29 \pm 0{,}09$
	SVD	**0,89 ± 0,02**	**0,95 ± 0,01**	**0,92 ± 0,01**	$0{,}89 \pm 0{,}02$	**0,29 ± 0,07**
	RFE	$0{,}45 \pm 0{,}17$	$0{,}71 \pm 0{,}14$	$0{,}54 \pm 0{,}11$	$0{,}35 \pm 0{,}24$	$0{,}83 \pm 0{,}08$

Los resultados muestran una marcada disminución del desempeño al utilizar RFE en los tres escenarios. En *NC vs IM*, RFE obtuvo un Accuracy de $0{,}54$, frente a $0{,}89$ con PCA y $0{,}87$ con SVD. En *NC vs HM*, PCA alcanzó un Accuracy de $0{,}95$ y un F1-Score de $0{,}96$, frente a $0{,}90$ y $0{,}91$ con SVD, respectivamente. En *NC vs {IM, HM}*, ambos métodos presentaron valores similares de Accuracy, AUC-ROC y F1-Score, mientras que SVD obtuvo un AUC-PR ligeramente superior ($0{,}92$ frente a $0{,}91$). Debido a su comportamiento más consistente entre los escenarios, se seleccionó PCA como método de reducción de dimensionalidad. A partir de estos experimentos, la configuración final de la línea base queda definida mediante 7 nodos perilesionales, *ResNet34*, reducción de dimensionalidad mediante PCA y una arquitectura GCN.