

---

EVOLUCIÓN Y DIAGNÓSTICO DEL CÁNCER DE PRÓSTATA CON  
ALGORITMOS E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

EVOLUTION AND DIAGNOSIS OF PROSTATE CANCER WITH ALGORITHMS  
AND ARTIFICIAL INTELLIGENCE

---



TRABAJO FIN DE GRADO  
CURSO 2022-2023

AUTOR  
ROBERTO TORRES PRENSA

DIRECTORES  
ANTONIO SARASA CABEZUELO

VÍCTOR MANUEL CARRERO LÓPEZ

GRADO EN INGENIERÍA DE SOFTWARE  
FACULTAD DE INFORMÁTICA  
UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID

## DEDICATORIA

A mi prima Marta y a mi tío Chendo por  
todo el apoyo y motivación que me  
prestaron en los momentos en los que  
menos creía en mí.

De igual forma para todas las personas  
diagnosticadas con este tipo de cáncer,  
a las que pueda aportar algo de ayuda  
con esta herramienta.

## **AGRADECIMIENTOS**

Quiero agradecer a todos mis profesores del grado, por poner a mi disposición todo el tiempo y los conocimientos para que, a día de hoy, haya podido obtener la mejor formación posible. En especial al codirector de este trabajo, Antonio Sarasa Cabezuelo, *por haber sido mi guía y mi estímulo*, su tutela me proporcionó un gran dinamismo durante el desarrollo de este proyecto, además de contar con incondicional apoyo en todo este periodo.

También agradecer a Víctor Manuel Carrero López por la codirección de este proyecto, y la aclaración de todo lo relacionado con la terminología médica, su visión al relacionar el mundo de la informática con el de la medicina fue todo un descubrimiento para mí.

## **RESUMEN**

En este proyecto se ha desarrollado una aplicación web que permite predecir el comportamiento y la evolución del cáncer de próstata, ayudando a seleccionar el mejor tratamiento posible a aplicar, con la ayuda de algoritmos de inteligencia artificial (IA).

La aplicación utiliza modelos estadísticos de regresión lineal y algoritmos de IA aplicados sobre un histórico de pacientes con el objetivo de obtener una predicción del comportamiento del cáncer, y así encontrar el tratamiento más recomendable.

La aplicación permite gestionar dos tipos de roles, médicos y pacientes. Entre las funcionalidades se encuentran la gestión usuarios y de historias clínicas, además podemos observar la evolución de los pacientes, calcular la probabilidad de tener un cáncer de próstata, y obtener en un diagrama en forma de árbol con los distintos tratamientos que puede necesitar, marcando el más adecuado a su caso.

### **Palabras clave**

Python, Modelo, Estadística, Cáncer, Próstata, IA, Predicción, Historial, Diagnostico, Regresión Lineal.

## **ABSTRACT**

The aim of this project is the evolution and diagnosis of prostate cancer with algorithms and artificial intelligence, which has given rise to a web application that serves as a tool to obtain the evolution and treatment of patients with prostate cancer, using AI algorithms.

The application is contextualized within the framework of tools with the use of Artificial Intelligence, since it makes use of statistical models of linear regression and applies AI algorithms to obtain a prediction of the evolution of cancer in the patient, and making use of the history of the patients we can obtain a result with the most appropriate treatment for this patient.

For the implementation, a web application has been developed from which users will be managed, in this case Doctors, and their patients through medical histories, we can also observe in graphic form, the degree of this cancer and obtain, in the form of a tree, the most effective treatment.

### **Keywords**

Python, Model, Statistics, Cancer, Prostate, AI, Prediction, History, Diagnostic, Linear Regression.

# ÍNDICE DE CONTENIDOS

Dedicatoria .....	2
Agradecimientos .....	3
Resumen .....	4
Abstract .....	5
Índice de contenidos .....	6
Índice de figuras .....	8
Índice de tablas.....	10
1. Introducción.....	11
1.1 Motivación .....	11
1.2 Objetivos.....	12
1.3 Estructura de la Memoria .....	13
1.4 Planificación.....	14
2. Estado de la cuestión.....	21
3. Tecnologías empleadas.....	25
4. Especificación de requisitos .....	28
4.1 Actores.....	28
4.2 Casos de Uso.....	28
4.2.1 Modulo Usuario .....	28
4.2.2 Modulo Historias Clínicas.....	31
5. Arquitectura y modelo de Datos .....	40
5.1.1 Modelo Cliente – Servidor.....	40
5.1.2 Patrones de Diseño.....	41

5.2 Modelo Entidad Relación .....	42
6. Funcionalidad de la aplicación Web .....	47
6.1 Calculadora Web .....	47
6.2 Algoritmos de Predicción.....	52
7. Conclusiones y trabajo a futuro .....	59
7.1 Conclusiones .....	59
7.2 Trabajo a futuro.....	60
8. Consideraciones con proyecto previo.....	61
Bibliografía.....	62
ANEXO .....	65

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1: Tasas estandarizadas por edad de incidencia y mortalidad. ....	11
Figura 2: Diagrama de Gantt .....	15
Figura 3: Diagrama de Gantt .....	20
Figura 4: Calculadora de Riesgo de Cáncer de Próstata. ....	21
Figura 5: The Rotterdam Prostate Cancer Risk Calculator .....	22
Figura 6: Calculadora PCPT – Prostate Cancer Risk Calculator .....	23
Figura 7: Calculadora que obtiene la predicción de la afectación de los ganglios linfáticos .....	24
Figura 8: Diagrama de casos de uso de módulo Usuario .....	28
Figura 9: Diagrama de caso de uso de módulo historiales médicos.....	32
Figura 10: Esquema de arquitectura del sistema .....	40
Figura 11: Rutas del módulo Medical History .....	41
Figura 12: Modelo-Vista-Controlador.....	42
Figura 13: Modelo entidad relación.....	43
Figura 14: Probabilidad de padecer Cáncer de próstata según el PHI.....	48
Figura 15: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue positiva previamente.....	49
Figura 16: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue gravemente positiva.....	50
Figura 17: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue negativa. ....	51
Figura 18: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue gravemente negativa. ....	51
Figura 19: Diagnostico del Paciente .....	53
Figura 20: Función para adaptar los datos a la entrada del modelo .....	54
Figura 21: Ejemplo de entrada – salida .....	55
Figura 22: Red Neuronal para obtener el mejor tratamiento .....	55



Figura 22: Función de Red Neuronal.....	57
Figura 24: Elección del tratamiento más eficaz por la Red Neuronal .....	58
Figura 25: Pantalla de Login .....	65
Figura 26: Pantalla de Login con credenciales incorrectos. ....	66
Figura 27: Pantalla de Home. ....	67
Figura 28: Pantalla de Información Personal.....	67
Figura 29: Pantalla de Modificar Información Personal. ....	68
Figura 30: Historiales Médicos .....	69
Figura 31: Diferentes Visitas .....	70
Figura 32: Pantalla detalle historial médicos.....	70
Figura 33: Crear Historial Medico .....	71
Figura 34: Pestañas creación de expedientes.....	71
Figura 35: Pantalla obtener predicción .....	72
Figura 36: Pantalla Tratamiento.....	73
Figura 37: Pantalla con información adicional .....	74
Figura 38: - Botones con la información de la calculadora y el historial.....	74

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1: Inicio de Sesión .....	29
Tabla 2: Cerrar Sesión .....	30
Tabla 3: Mostrar datos del Usuario .....	30
Tabla 4: Modificar la información del Usuario.....	31
Tabla 5: Mostrar todos los historiales médicos.....	32
Tabla 6: Buscar un historial médico.....	33
Tabla 7: Mostrar la información detallada de un historial médico .....	33
Tabla 8: Modificar un historial médico .....	34
Tabla 9: Archivar un historial médico .....	35
Tabla 10: Crear un nuevo historial médico.....	36
Tabla 11: Obtener predicción de un historial.....	37
Tabla 12: Exportar historial Medico .....	38
Tabla 13: Obtener árbol de diagnostico .....	39

# 1. Introducción

## 1.1 Motivación

El Cáncer de Próstata (CP) es un tipo de cáncer bastante común, en la actualidad. Es el segundo diagnosticado, con más frecuencia, en el varón y la tercera causa principal de muerte por cáncer en Europa.

Las tasas de incidencia han aumentado rápidamente en las últimas dos décadas. Como podemos ver en la figura 1, según un estudio de la incidencia y la mortalidad en los Países Bajos, recogido por el centro Comprehensive Center South (SECC), en los últimos años ha habido un crecimiento exponencial, esto es posiblemente causado por el envejecimiento de la población, una mayor conciencia y la temprana detección de cáncer de próstata mediante pruebas de PSA [1].

Además, tenemos presente que una de las grandes limitaciones de los hospitales, es el gran número de pacientes que son atendidos con las consiguientes demoras.

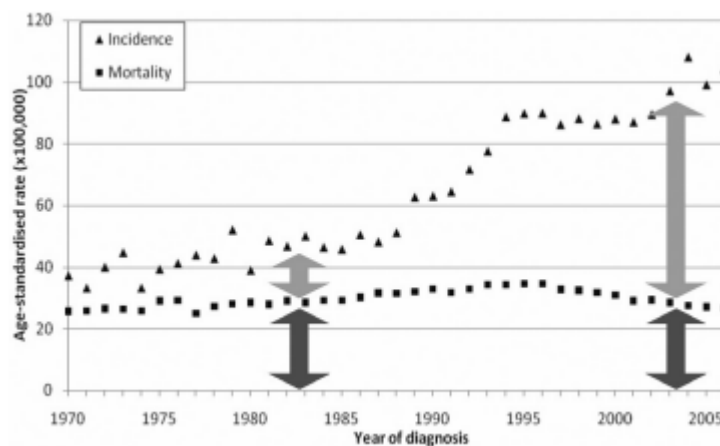


Figura 1: Tasas estandarizadas por edad de incidencia y mortalidad.

Por los motivos expuestos, es de gran importancia la detección precoz del cáncer de próstata, ya que, en sus etapas iniciales, a menudo permite la posibilidad de contar con más opciones de tratamiento. Aquí es donde entra la capacidad de la IA de identificar, sin supervisión humana, la presencia de este cáncer. Así podremos recomendar un tratamiento más personalizado. El fin es evitar su evolución, y reducir la mortalidad. Este gran avance podría mejorar las demoras y reducir las listas de espera de consulta, en la especialidad de Urología.

Para ello se ha implementado esta aplicación web capaz de analizar y proporcionar una predicción de la probabilidad de que el paciente tenga un cáncer significativo y así recomendarle, el mejor tratamiento posible. Esto se lleva a cabo comparando los resultados de determinados parámetros como el PSA, Pirads, Gleason, etc., con los registrados en la aplicación.

## **1.2 Objetivos**

El objetivo principal de este proyecto es desarrollar una herramienta que ayude a los médicos a poner un tratamiento más adecuado a pacientes con cáncer de próstata de evolución negativa.

Los objetivos específicos del proyecto son:

- Desarrollar de una aplicación web que permita gestionar pacientes.
- Recopilar y analizar los datos de los pacientes para obtener un histórico que sirva como modelo.
- Implementar el uso una calculadora predictora de afectación aplicando un modelo de regresión lineal [\[2\]](#).
- Obtener el tratamiento más acorde a cada paciente
- Usar el histórico de los pacientes previos
- Utilizar una red neuronal.
- Exportar la información de los pacientes en formato PDF.

### 1.3 Estructura de la Memoria

La memoria de este proyecto, está dividida en 8 capítulos más un anexo:

- Capítulo 1: Se describe la motivación, los objetivos, la estructura de la memoria y la planificación del proyecto.
- Capítulo 2: Recopila diversos ejemplos de webs y calculadoras predictoras en las que se basa la aplicación.
- Capítulo 3: Detalla las diferentes tecnologías y herramientas que se han utilizado, justificando su uso y sus características principales.
- Capítulo 4: Expone, de una forma más visual, la especificación de requisitos, con los diferentes módulos y los diagramas de caso de uso.
- Capítulo 5: Explica cómo se organizan los datos dentro de la aplicación.
- Capítulo 6: Profundiza en el funcionamiento de la calculadora y el árbol jerárquico, para obtener un tratamiento.
- Capítulo 7: Presenta las conclusiones del proyecto, y se plantean posibles ampliaciones de la aplicación web para un futuro.
- Capítulo 8: Toma en consideración el proyecto "Aplicación Web para la predicción y recomendación de tratamiento para el cáncer de próstata" de Gonzalo Hernández Hernández.
- Bibliografía: Recopila las referencias a diferentes fuentes de información citadas en cada capítulo.
- Anexo: Guía de uso de la aplicación web.

## 1.4 Planificación

En este apartado se expone el tiempo invertido en las diferentes fases de desarrollo del proyecto. En la figura 2 se muestra una gráfica en la que se puede ver, en el lado izquierdo, las tareas detalladas y en la parte superior el tiempo de duración del proyecto. Cabe destacar, que la tarea de mayor duración es la del desarrollo e implementación de las propias calculadoras y algoritmos, ya que son las tareas de mayor complejidad.

Las distintas fases de desarrollo son:

- Especificación de Requisitos: Fase en la que se definen los requisitos que debe cumplir la aplicación.
  - Diseño de la Base de Datos: Fase en la que se diseñan y crean las tablas que almacenan los datos de esta aplicación.
  - Desarrollo de las Vistas: Fase en la que se elaboran las interfaces que permiten la visualización de los datos y conectan las diferentes funcionalidades.
  - Implementación de gestión de los usuarios: Fase en la que se desarrollan las operaciones básicas como creación, borrado, modificación y lectura de los usuarios.
  - Implementación de gestión de las historias clínicas: Fase en la que se desarrollan las operaciones básicas como creación, borrado, modificación y lectura de las historias clínicas.
  - Implementación de la calculadora de predicción de afectación: Fase en la que se desarrolla el código con la funcionalidad capaz de obtener el porcentaje de tener cáncer de próstata.
  - Implementación del árbol de diagnóstico: Fase en la que se implementa el código para representar un diagrama jerárquico, en forma de árbol, junto a una red neuronal capaz de obtener un tratamiento eficaz para el paciente.
- Esta junto, a la anterior fase, son las de mayor duración debido a su complejidad.
- Desarrollo de exportación historia clínica: Fase en la que se añade la funcionalidad de obtener un pdf con el historial clínico de los pacientes.

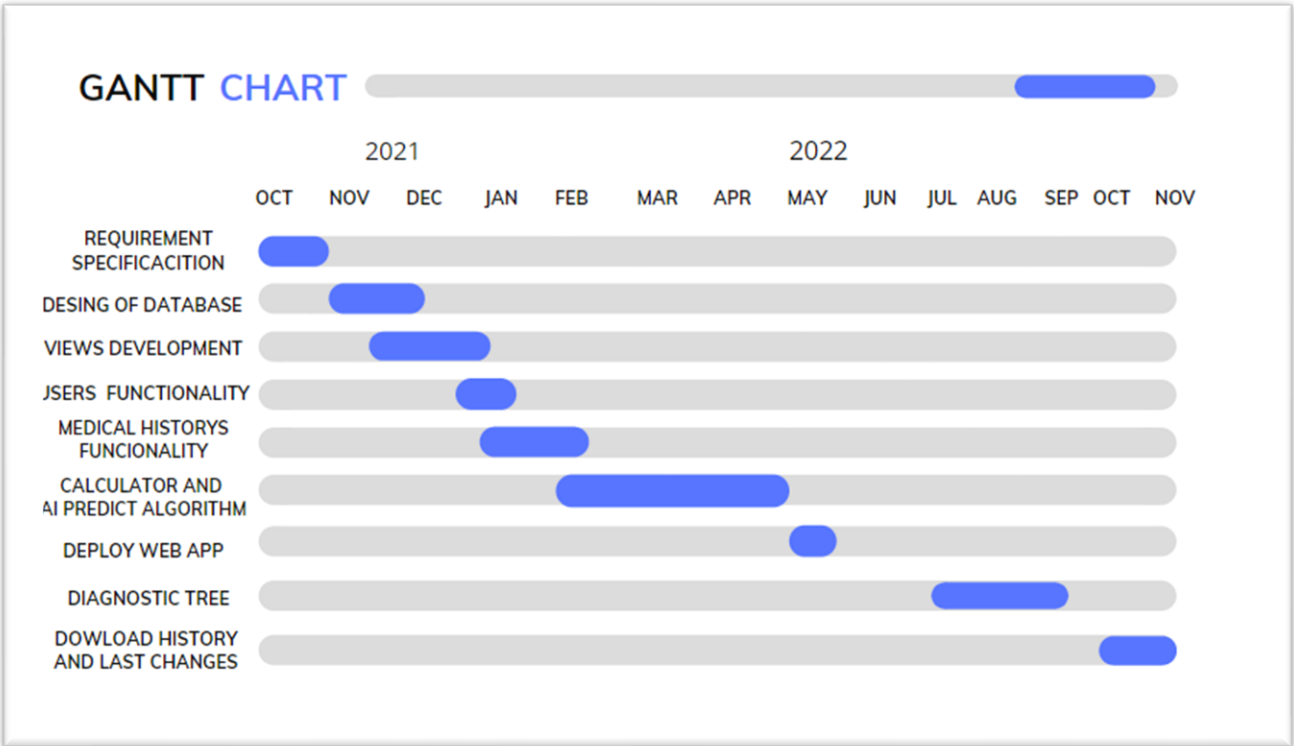


Figura 2: Diagrama de Gantt

# 1. Introduction

## 1.1 Motivation

Prostate Cancer (PC) is a fairly common type of cancer today. It is the second most frequently diagnosed in men and the third leading cause of cancer death in Europe.

Incidence rates have changed rapidly in the last two decades. As we can see in figure 1, according to a study of the incidence and mortality in the Netherlands, collected by the Comprehensive Center South (SECC), in recent years there has been an exponential growth, this is possibly caused by aging of the population, increased awareness and early detection of prostate cancer using PSA tests [1].

In addition, we bear in mind that one of the great limitations of hospitals is the large number of patients that are treated with the consequent delays.

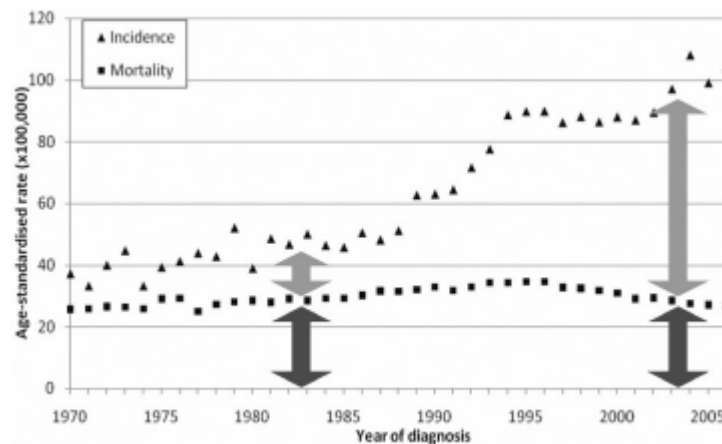


Figure 1. Age-standardized rates of prostate cancer in the Netherlands

For the above reasons, the early detection of prostate cancer is of great importance, since, in its early stages, it often allows the possibility of having more treatment options. This is where the ability of AI to identify, without human supervision, the presence of this cancer comes in. This way we can recommend a more personalized treatment. The aim is to prevent its evolution and reduce mortality. This great advance could improve delays and reduce waiting lists for consultation, in the specialty of Urology.



For this, this web application has been implemented, capable of analyzing and providing a prediction of the probability that the patient has a significant cancer and thus recommending the best possible treatment. This is done by comparing the results of certain parameters such as PSA, Pirads, Gleason, etc., with those registered in the application.

However, some types of prostate cancer are slow-growing and may require minimal or no treatment, while other types are aggressive and can spread rapidly.

## **1.2 Objectives**

The main objective of this project is to develop a tool that helps doctors to give a more appropriate treatment to patients with prostate cancer of negative evolution. Design of a useful and simple interface for file management.

The specific objectives of the project are:

- Develop a web application for patient management.
- Collect and analyze patient data to obtain a history that serves as a model.
- Implement the use of an affectation predictor calculator applying a linear regression model [\[2\]](#).
- Obtain the most appropriate treatment for each patient.
- Use the history of previous patients
- Use a neural network.
- Export patient information in PDF format.

## **1.3 Memory structure**

The memory of this project is divided into 8 chapters plus an annex:

- Chapter 1: Motivation, objectives, memory structure and project planning are described.
- Chapter 2: Compiles various examples of websites and predictive calculators on which the application is based.
- Chapter 3: Details the different technologies and tools that have been used, justifying their use and their main characteristics.
- Chapter 4: Exposes, in a more visual way, the requirements specification, with the different modules and the use case diagrams.
- Chapter 5: Explains how data is organized within the application.
- Chapter 6: Deepens into the operation of the calculator and the hierarchical tree, to obtain a treatment.
- Chapter 7: Presents the conclusions of the project, and possible extensions of the web application for the future.
- Chapter 8: Consider the project "Web Application for the prediction and recommendation of treatment for prostate cancer" by Gonzalo Hernández Hernández.
- Bibliography: Compiles the references to different sources of information cited in each chapter.
- Annex: User guide for the web application.

## 1.4 Planning

This section shows the time invested in the different phases of project development. Figure 2 shows a graph in which you can see, on the left side, the detailed tasks and on the upper part the duration of the project. It should be noted that the task that lasts the longest is the development and implementation of the calculators and algorithms themselves, since they are the most complex tasks.

The different phases of development are:

- Requirements Specification: Phase in which the requirements that the application must meet are defined.
  - Database Design: Phase in which the tables that store the data of this application are designed and created.
  - Development of the Views: Phase in which the interfaces that allow the visualization of the data and connect the different functionalities are elaborated.
  - Implementation of user management: Phase in which basic operations such as creation, deletion, modification and reading of users are carried out.
  - Implementation of medical record management: Phase in which basic operations such as creation, deletion, modification and reading of medical records are carried out.
  - Implementation of the affection prediction calculator: Phase in which the code with the functionality capable of obtaining the percentage of having prostate cancer is developed.
  - Implementation of the diagnostic tree: Phase in which the code is implemented to represent a hierarchical diagram, in the form of a tree, together with a neural network capable of obtaining an effective treatment for the patient.
- This, together with the previous phase, are the longest due to their complexity.
- Development of clinical history export: Phase in which the functionality of obtaining a pdf with the clinical history of the patients is added.

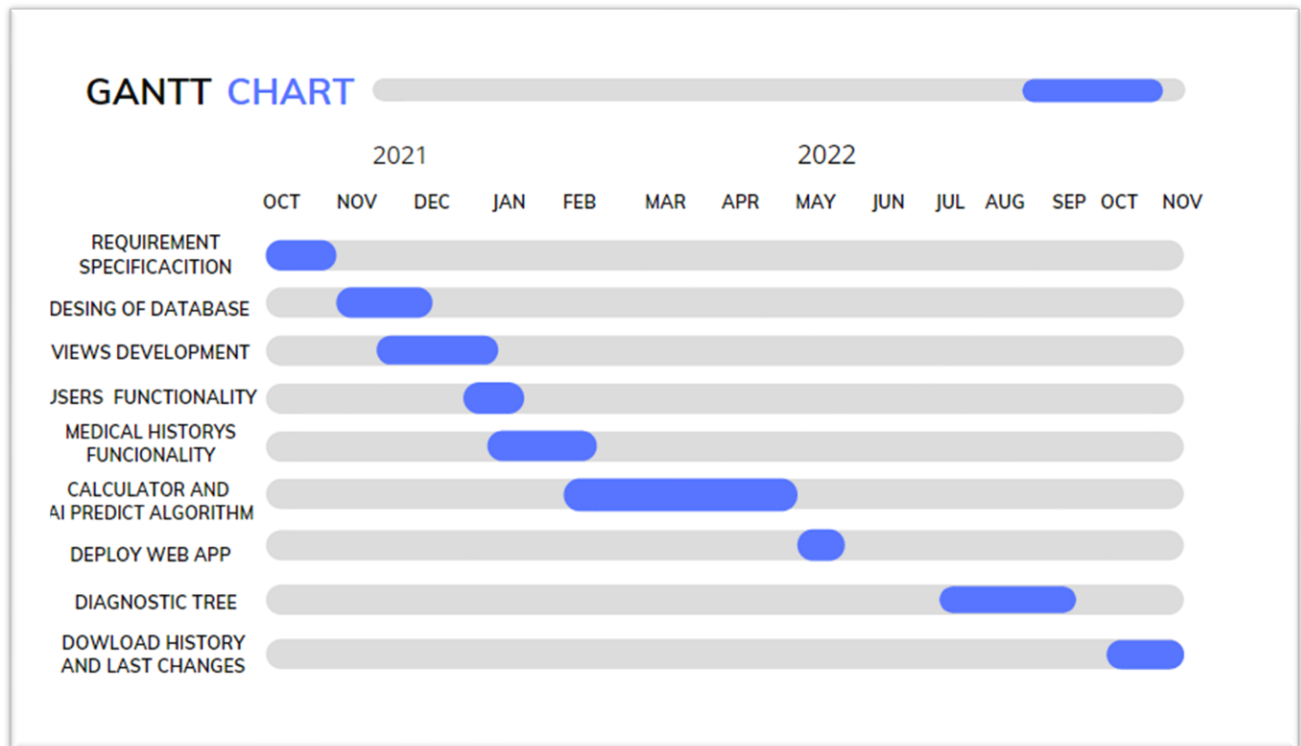


Figura 3: Diagrama de Gantt

## 2. Estado de la cuestión

En este capítulo se describen algunas webs que han sido de gran utilidad para determinar el riesgo de próstata utilizando el valor PSA. Estas tienen gran relevancia en este ámbito científico para la comunidad. La mayoría de estas webs hacen uso de calculadoras básicas y están diseñadas para realizar cálculos básicos, asignando pesos de importancia a las variables como edad, sexo, PSA, etc.

- **Prostate Cancer Research Foundation [SWOP] [3]:** Esta página web es una iniciativa del Centro Médico y Universitario de Rotterdam, cuyo fin es proporcionar un apoyo económico a otros proyectos de investigación. Está compuesta de un total de 6 calculadoras, diferenciadas por el número de parámetros usados.

En la figura 4 se muestra una de las calculadoras de mayor importancia, esta se encarga de calcular la posibilidad de tener un cáncer de próstata indolente que puede no requerir tratamiento inmediato.

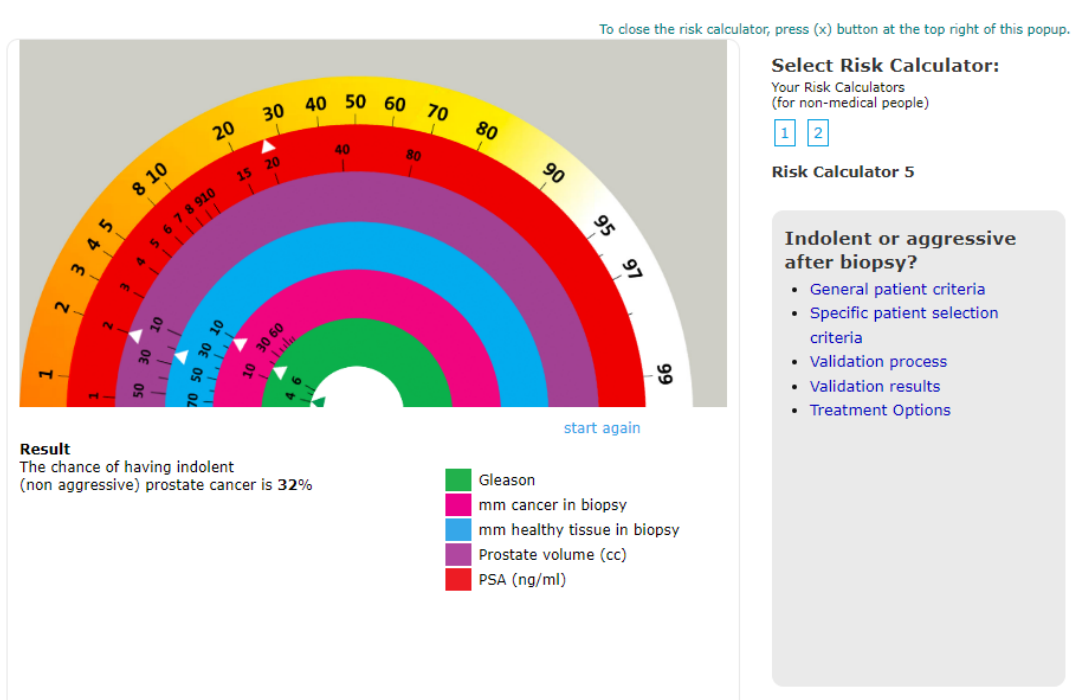


Figura 4: Calculadora de Riesgo de Cáncer de Próstata.

En ella se introducen 5 parámetros, que son el Gleason, mm cáncer en biopsia, mm tejido sano en biopsia, el Volumen prostático y el PSA (ng/ml). Estos parámetros son decisivos a la hora de la toma de decisiones y son los principales datos usados en la calculadora desarrollada en este proyecto.

- **The Rotterdam Prostate Cancer Risk Calculator**, esta mantiene las características de la anterior pero además tiene la posibilidad de incluir el resultado del llamado Análisis de Sangre del Índice de Salud de La Próstata (Phi). Esto aumenta ligeramente la capacidad predictiva.

En la figura 5 se puede ver la interfaz de la calculadora, esta proporciona un resultado preciso sin la necesidad de introducir muchos parámetros.



Figura 5: The Rotterdam Prostate Cancer Risk Calculator

- **PCPT Risk Calculator:** Esta otra calculadora es una variante similar a la anterior, en la que, con los mismos parámetros, podemos calcular la probabilidad de encontrar un cáncer de próstata de bajo o alto grado en una biopsia (Ver figura 7).

**Characteristics**

**Race**  
African American

**Age**  
56

**PSA [ng/ml]**  
12

**Family History of Prostate Cancer**  
Yes

**Digital rectal examination**  
Abnormal

**Prior biopsy**  
Never had a prior biopsy

☐ Percent free PSA available?

☒ PCA3 available?

**PCA3**  
2.3

**Risk of prostate cancer if biopsy were to be performed**

Based on the provided risk factors a prostate biopsy performed would have a:

- 9% chance of high-grade prostate cancer.
- 9% chance of low-grade cancer.
- 82% chance that the biopsy is negative for cancer.

About 2 to 4% of men undergoing biopsy will have an infection that may require hospitalization.

Please consult your physician concerning these results.

Figura 6: Calculadora PCPT – Prostate Cancer Risk Calculator

- **Briganti 2012 Nomogram:**

Este proyecto se encuentra en la web de Evidencio Medical Decision Support [4]. Dispone de una biblioteca con más de 2000 algoritmos.

En particular, posee una calculadora predictora de afectación ganglionar en cáncer de próstata. [5]. En la figura 7 se puede observar la interfaz de esta calculadora. Esta a su vez contiene un gráfico circular que ayuda a comprender estos porcentajes.

PSA  
Prostate specific antigen ng/ml

0 50  ng/ml

Clinical T-stage  
Tumor stage

Primary Gleason Grade

Secondary Gleason Grade

Positive cores %  
Percentage of positive cores

0 100  %

The calculated probability of lymph node involvement is: **33%**

The calculated probability of lymph node involvement is: **33%**

See details below.

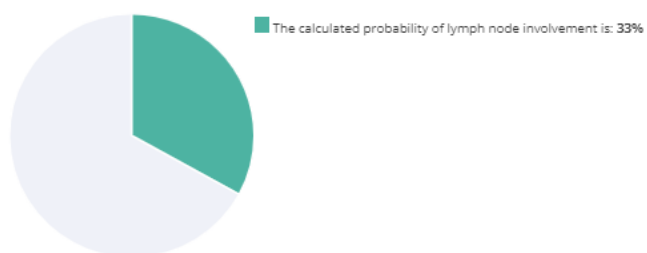


Figura 7: Calculadora que obtiene la predicción de la afectación de los ganglios linfáticos



### 3. Tecnologías empleadas

En este capítulo se describen todas las tecnologías empleadas, la razón de su uso, y que ventajas aporta cada una de ellas frente a otras.

#### a) **Tecnologías del Frontend**

Se han utilizado las siguientes tecnologías:

- o **React** [6], es una biblioteca escrita en JavaScript, que destaca por utilizar un DOM virtual. Permite poder visualizar los cambios de los datos sin renderizar toda la página de nuevo, solamente el componente que haya sido actualizado. Esto otorga una alta rapidez de carga en las páginas, sobre todo cuando renderizas muchos componentes. En este caso, todas las historias clínicas de una paciente.

Además, el mantenimiento de la aplicación es fácil y sencillo. Otra de sus ventajas es su amplia comunidad y documentación. Sin olvidar que, al estar basada en JavaScript, dispone de un gran número de librerías externas.

- o **React-d3-tree** [7] esta librería permite utilizar componentes para representar datos jerárquicos en forma de árboles interactivos, organigramas o gráficos de barras. Se ha usado en el proyecto para obtener un diagrama de árbol que aporte comprensión en las posibilidades de recuperación de cada paciente. Además, su facilidad para integrarla con JavaScript hace que destaque sobre el resto.

#### b) **Tecnologías del Backend**

Se han utilizado las siguientes tecnologías:

- o **Django** [8], este framework de código abierto escrito en Python es el más apropiado para este proyecto. Actualmente la implementación de algoritmos, y librerías de inteligencia artificial están escritas en Python. Por lo tanto, aporta una gran compatibilidad y comodidad, además de ofrecer un gran rendimiento y flexibilidad. Se pueden escalar proyectos de forma sencilla. Trabaja bajo un patrón MVC (Modelo Vista Controlador) [9], lo que permite un desarrollo ágil y reutilizable.

Otra de las grandes características de Django es el ORM [10] , este abstrae la necesidad de escribir consultas SQL para crear tablas y consultar datos. Es bastante intuitivo de usar y tiene incluidas casi todas las consultas más comunes en su código. Desde filtrados, particionados, uniones e incluso hasta funciones de búsquedas avanzadas de Postgres y manejo de migraciones.

- o **Tensorflow** [11]: Es una librería que permite construir y entrenar redes neuronales para detectar patrones y razonamientos, esta destaca por su facilidad de uso y sus múltiples posibilidades.
- o **Heroku** [12]: Es la plataforma que proporciona un servidor en la Nube y que permite el despliegue de este proyecto. Además, cuenta con integración de BBDD con SQL. Su gran ventaja es la gran cantidad de lenguajes soportados y la facilidad para desplegar aplicaciones web.

C) **Otras tecnologías:** Se han usado 2 herramientas, que han sido las principales para el manejo, creación y borrado de los datos en la BBDD, estas herramientas son:

- o **Xampp** [13]: Es una herramienta que consta principalmente de un sistema de gestión de bases de datos MySQL, el servidor web Apache y los intérpretes para lenguajes de script PHP y Perl. Permite la creación, edición y consultas de la BBDD y proporciona una interfaz para la visualización de los datos. Aunque solo permite el desarrollo y manejo de BBDD de forma local.
- o **MySQL Workbench** [14]: Es una herramienta visual de diseño de bases de datos que integra desarrollo de software, administración, diseño, gestión y mantenimiento de bases de datos MySQL. Cabe destacar que esta herramienta sí que permite la gestión de forma remota, por lo que su uso facilita el manejo y gestión de la del lado del servidor que se encuentra desplegado.

- o **Git** [15]: Esta herramienta es un sistema de control de versiones distribuidas que permite generar un clon local del proyecto desde el repositorio web. En este proyecto se ha optado por usar Github para el alojamiento de los repositorios web, ya que este incluye la creación de pipelines para crear conexiones con Heroku y facilita los despliegues de proyecto. Estos repositorios locales plenamente funcionales permiten trabajar sin conexión o de forma remota con facilidad. Los desarrolladores confirman su trabajo localmente y, a continuación, sincronizan su copia del repositorio con la copia en el servidor.

## 4. Especificación de requisitos

Este capítulo describe la especificación de requisitos de la aplicación desarrollada.

### 4.1 Actores

Se han definido los siguientes tipos de usuarios:

- Médicos: Son aquellos usuarios, que acceden al sistema a través de sus credenciales y tienen acceso a todas las funcionalidades de la aplicación, (salvo dar acceso a otros usuarios). Generalmente estos usuarios serán médicos especializados en la unidad de Urología,
- Administradores: Son aquellos usuarios que se encargan de registrar a los médicos, para ello generan unas credenciales en BBDD y después se los facilitan a los médicos.

### 4.2 Casos de Uso

A continuación, se describen los casos de uso agrupados por el tipo de funcionalidad:

#### 4.2.1 Modulo Usuario

En este módulo se describen las diferentes funciones disponibles para tratar la información personal (Ver figura 8).

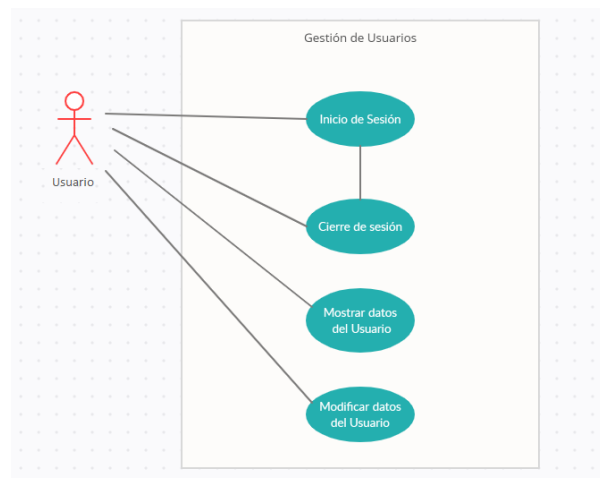


Figura 8: Diagrama de casos de uso de módulo Usuario

A continuación, se describen los casos de uso de este módulo:

ID-1 Inicio de Sesión		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD.	
Descripción	Los usuarios que ya estén registrados, pueden acceder a la aplicación.	
Entrada	Email y contraseña	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso a la página de Inicio de sesión.
	2	El usuario introduce las credenciales, en este caso, el email y la contraseña.
	3	Al pulsar Login, el sistema comprueba las credenciales.
	4	Si las credenciales existen en la BBDD el sistema te devuelve un token de autenticación.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	3	Las credenciales no son correctas y el sistema te devuelve a la página de inicio de sesión y te informa de error de credenciales.
Comentarios	NA	

Tabla 1: Inicio de Sesión

ID-2 Cerrar Sesión		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y debe tener un token de acceso, para validar la sesión.	
Descripción	Los usuarios que tengan una sesión activa, pueden cerrarla y salir a la pantalla de inicio.	
Entrada	Token de autenticación	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará el botón de cerrar sesión en el header.
	3	El sistema elimina de la BBDD el token asociado a ese usuario.
	4	El sistema te devuelve a la página de inicio de sesión.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	NA	NA
Comentarios	NA	

Tabla 2: Cerrar Sesión

ID-3 Mostrar datos del Usuario		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	Los usuarios podrán consultar su perfil y mostrar toda su información.	
Entrada	Identificador del usuario	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el nombre de su usuario en el header.
	3	El sistema mostrará la información del usuario.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	NA	NA
Comentarios	NA	

Tabla 3: Mostrar datos del Usuario

ID-4 Modificar la información del Usuario		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	Los usuarios podrán modificar la información y los datos de su perfil.	
Entrada	Identificador del usuario	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el nombre de su usuario en el header.
	3	El sistema mostrará la información del usuario.
	4	El usuario pulsará en el botón del lápiz del panel izquierdo.
	5	El usuario ingresará los datos de los campos que quiera modificar, y pulsará el botón de actualizar.
	6	El sistema comprueba que los datos introducidos son Correctos.
	7	El sistema te devolverá a la página de mostrar la información del usuario con los datos actualizados.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	6	El sistema comprueba los datos y si existen duplicados o algún dato incorrecto, por lo que informará al usuario.
Comentarios	NA	

Tabla 4: Modificar la información del Usuario

### 4.2.2 Modulo Historias Clínicas

En este módulo se describen todas las funcionalidades que tienen relación con la gestión de los historias clínicas o expedientes. (Ver figura 9)

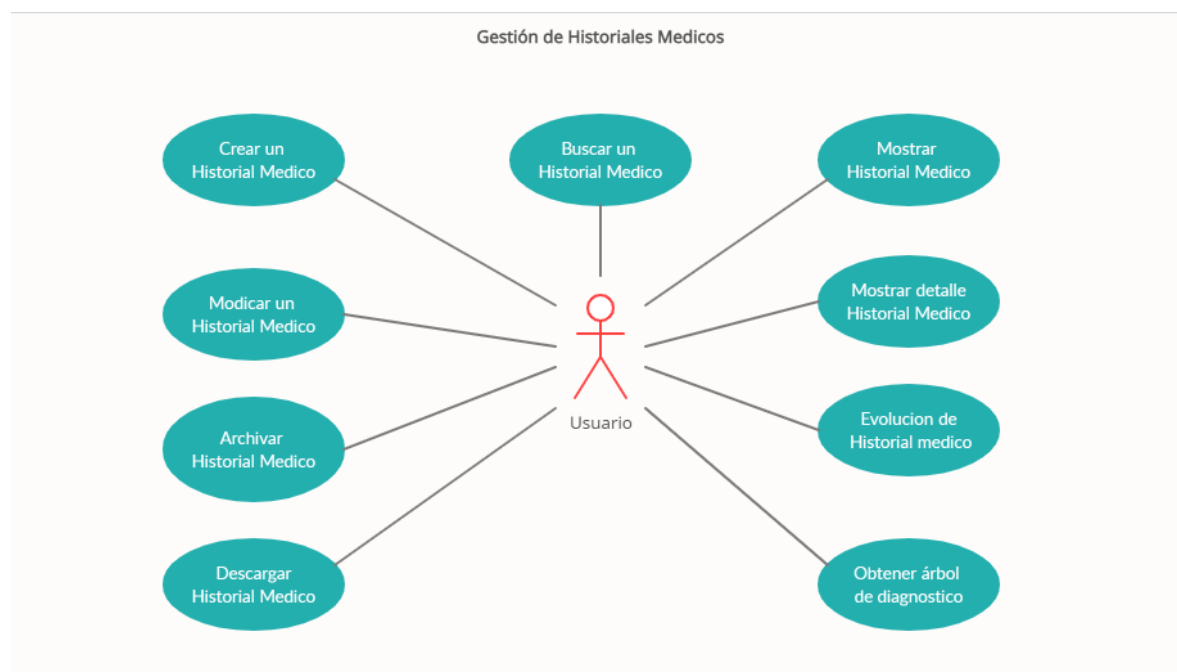


Figura 9: Diagrama de caso de uso de módulo historiales médicos

A continuación, se describen los casos de uso de este módulo:

ID-5 <b>Mostrar todos los historiales médicos</b>		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	Los usuarios podrán consultar los historiales médicos que tienen asociados.	
Entrada	Identificador del usuario	
Salida	Listado de historiales médicos asociados a este usuario.	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el botón de historiales médicos en el header.
	3	El sistema mostrará todos los historiales asociados a ese usuario.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	NA	NA
Comentarios	NA	

Tabla 5: Mostrar todos los historiales médicos



ID-6                      Buscar un historial médico		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Media	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	Los usuarios podrán buscar un historial médico por su número de historial.	
Entrada	El número del historial	
Salida	Historial médico buscado	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el botón Expedientes ubicado en el header.
	3	El sistema mostrará todos los historiales asignados al usuario.
	4	El usuario introducirá el número de historial deseado en la barra de búsqueda y pulsa el botón buscar.
	5	El sistema comprueba que existe un historial con ese identificador.
	6	Se muestra el historial médico buscado.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	5	El número de historial introducido no existe en la BBDD.
Comentarios	NA	

Tabla 6: Buscar un historial médico

ID-7                      Mostrar la información detallada de un historial médico		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	Los usuarios podrán ver el detalle y el histórico de las visitas del paciente.	
Entrada	El número del historial.	
Salida	La información detallada del historial médico.	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el botón Expedientes ubicado en el header.
	3	El sistema mostrará todos los historiales asignados al usuario.
	4	El usuario pulsará sobre la tarjeta del historial médico deseado.
	5	El sistema muestra la información detallada del historial.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
Comentarios	El sistema mostrará el detalle de la última visita, indicando si tiene alguna otra.	

Tabla 7: Mostrar la información detallada de un historial médico

ID-8 Modificar un historial médico		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Media	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa	
Descripción	Los usuarios podrán modificar la información de un historial médico.	
Entrada	El número del historial.	
Salida	La información detallada del historial médico actualizado.	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará en el botón Expedientes ubicado en el header.
	3	El sistema mostrará todos los expedientes asignados al usuario.
	4	El usuario pulsará sobre la tarjeta del historial médico del que desee ver su detalle.
	5	El sistema muestra la información detallada del historial.
	6	El usuario pulsará sobre el icono del lápiz en el panel izquierdo
	7	El usuario modificará los campos que el desee y pulsará el botón enviar
	8	El sistema comprobará que la información modificada es correcta y actualizará el historial en la BBDD
	9	El sistema mostrará la información del historial actualizada.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	8	La información modificada no es correcta, el sistema mostrará cual es la variable o campo que está produciendo el error.
Comentarios	NA	

Tabla 8: Modificar un historial médico

ID-9 Archivar un historial		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Media	
Estabilidad	Media	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa	
Descripción	Los usuarios podrán archivar y ocultar un historial médico para que este no se muestre en el menú de historiales.	
Entrada	El número del historial	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales
	2	El usuario pulsará en el botón Expedientes ubicado en el header
	3	El sistema mostrará todos los historiales asignados al usuario.
	4	El usuario pulsará sobre la tarjeta del historial médico del que desee ver su detalle.
	5	El sistema muestra la información detallada del historial
	6	El usuario pulsará en el icono de archivar historial en el menú izquierdo
	7	El sistema archivará el archivo
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	NA	NA
Comentarios	NA	

Tabla 9: Archivar un historial médico

ID-10 Crear un nuevo historial médico		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa	
Descripción	El usuario puede crear un nuevo historial médico con los datos del paciente en caso de que este no exista, y si existe le generará una nueva visita.	
Entrada	Los datos del paciente, el id del usuario	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará el botón de nuevo expediente ubicado en el header.
	3	El sistema muestra la vista de creación de nuevo expediente.
	4	El usuario rellenará la información del expediente y pulsará en el botón de enviar.
	5	El sistema comprueba que la información del expediente es correcta.
	6	El sistema muestra un mensaje indicando que el expediente se ha creado.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	5	La información del historial es incorrecta, se informará del error.
Comentarios	NA	

Tabla 10: Crear un nuevo historial médico

ID-11 Obtener predicción de la evolución de un paciente		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	El usuario obtiene la predicción de la evolución de un paciente en base a su historial médico y el de los demás pacientes en la BBDD.	
Entrada	Los datos del paciente, el id del usuario	
Salida	NA	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará el botón de obtener predicción en el header.
	3	El usuario escribirá un número de historial en la barra de búsqueda y pulsará buscar.
	4	El sistema comprobará que el número de historial existe y devolverá la tarjeta del historial.
	5	El usuario pulsará el botón de obtener predicción.
	6	El sistema calculará la predicción en base la información del historial médico.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	4	El número del historial no existe, no se devolverá nada.
	5	Puede que algún dato sea incorrecto en el historial y no se realice la predicción.
Comentarios	NA	

Tabla 11: Obtener predicción de un historial

ID-12 Exportar un historial Medico		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Baja	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa.	
Descripción	El usuario obtiene en formato pdf la información de la última visita del paciente.	
Entrada	El número del historial	
Salida	El historial del paciente en formato pdf.	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará el botón de obtener predicción en el header.
	3	El usuario escribirá un número de historial en la barra de búsqueda y pulsará buscar.
	4	El sistema comprobará que el número de historial existe y devolverá la tarjeta del historial.
	5	El usuario pulsará el botón de obtener predicción.
	6	El sistema calculará la predicción en base la información del historial médico.
	7	El sistema generará un pdf con el historial del paciente.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	NA	NA
Comentarios	NA	

Tabla 12: Exportar historial Medico

ID-13 Obtener árbol de diagnóstico y tratamiento		
Versión	1.0.0	
Prioridad	Alta	
Estabilidad	Alta	
Precondición	El usuario debe existir en la BBDD y tener una sesión activa	
Descripción	El obtiene un diagrama en forma de árbol jerárquico mostrando el tratamiento más acorde a su caso.	
Entrada	El número del historial	
Salida	Diagrama en forma de árbol jerárquico	
Secuencia Normal	Paso	Acción
	1	Acceso correcto del usuario con las credenciales.
	2	El usuario pulsará el botón de obtener predicción en el header.
	3	El usuario escribirá un número de historial en la barra de búsqueda y pulsará buscar.
	4	El sistema comprobará que el número de historial existe y devolverá la tarjeta del historial.
	5	El usuario pulsará el botón de obtener predicción.
	6	El sistema calculará la predicción en base la información del historial médico.
	7	El usuario pulsará el botón de diagnóstico.
	8	El sistema mostrará el árbol jerárquico con los tratamientos más acordes.
Postcondición	NA	
Excepciones	Paso	Acción
	4	El número del historial no existe, no se devolverá nada.
	5	Puede que algún dato sea incorrecto en el historial y no se realice la predicción.
Comentarios	NA	

Tabla 13: Obtener árbol de diagnostico

## 5. Arquitectura y modelo de Datos

En este capítulo se describe la arquitectura y modelo de datos de la aplicación que se ha utilizado para cumplir con los requisitos que se han establecido.

### 5.1.1 Modelo Cliente – Servidor

La arquitectura cliente servidor tiene dos partes claramente diferenciadas, por un lado, la parte del cliente o grupo de clientes que en este caso se encuentra implementado con React y por otro, la parte del servidor que se encuentra implementado en Django.

En la figura 10 se, como están conectados el cliente con el servidor y como se llevan a cabo todas las peticiones para el correcto funcionamiento de la aplicación web.

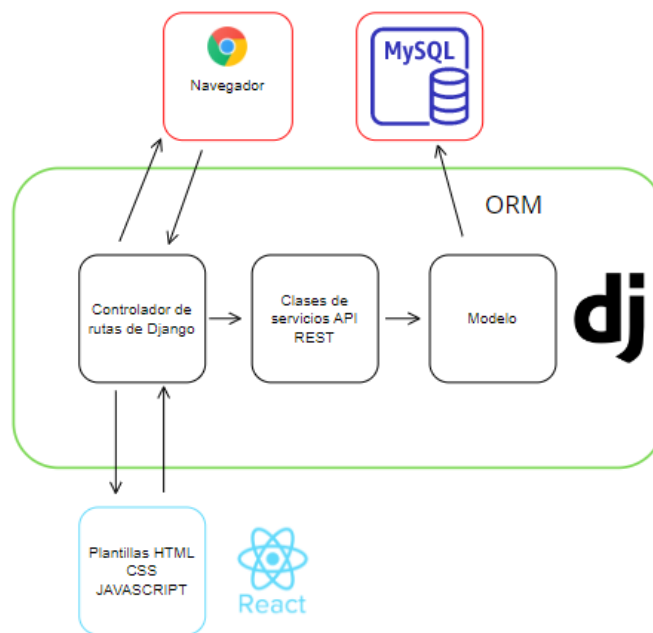


Figura 10: Esquema de arquitectura del sistema

El funcionamiento es el siguiente: El usuario al interactuar sobre la aplicación web realiza peticiones que son recogidas por el controlador. Este las distribuye dependiendo de su ruta (Ver figura 11) y son procesadas por los servicios del API REST. El cual envía una respuesta al cliente.



Los servicios están vinculados con el modelo de datos, que contiene la representación de la información y a través del ORM lleva a cabo la creación de tablas de la BBDD.

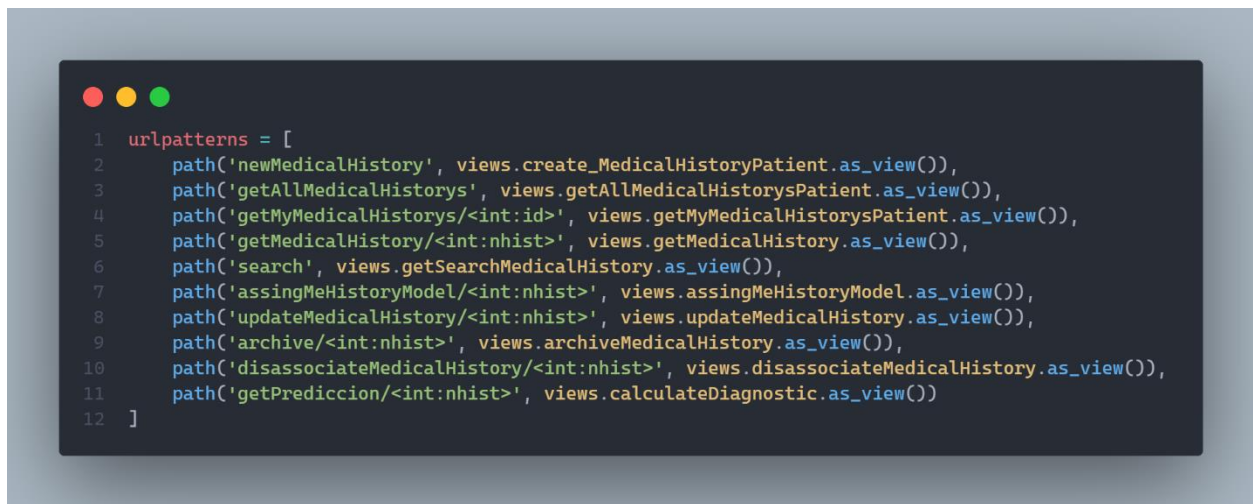


Figura 11: Rutas del módulo Medical History

## 5.1.2 Patrones de Diseño

Para el desarrollo de la aplicación se han utilizado los siguientes patrones de diseño:

**a. Modelo-Vista-Controlador (MVC) o (MTV)** [16], este patrón divide la aplicación web en 3 partes formadas por:

- **Modelo:** Es el que contiene la representación de los datos que son manejados en la aplicación Web, además de la lógica de negocio y los mecanismos de persistencia de datos, gracias al modelo el ORM es el encargado de interpretar estos datos y transformarlos en tablas en la BBDD.
- **Vistas:** Son las encargadas de mostrar la información y los mecanismos de iteración con el usuario, está formada por todas plantillas html, css y clases js.
- **Controlador:** Es el encargado de actuar como intermediario entre el Modelo y la Vista, gestiona la comunicación entre ellos y adapta los datos según sus necesidades, este se encuentra implementado con React y es el que se encargado de manejar todas las rutas y peticiones solicitadas por el usuario.

En la figura 12 se muestra de forma detallada y visual el funcionamiento de este patrón.

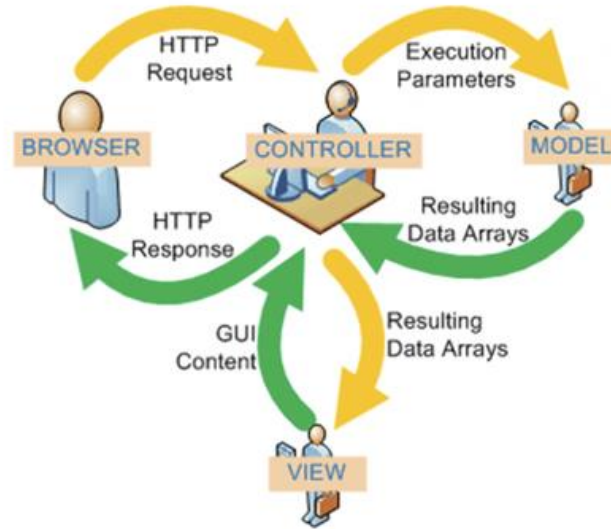


Figura 12: Modelo-Vista-Controlador

- b. Composite [17]** En esta aplicación web el uso de este patrón es el que permite reutilizar componentes en otras pantallas, por ejemplo, la tarjeta de las historias clínicas aparece en diferentes pantallas, pero este es un único componente que se reutiliza, y cuando se pulsa sobre ella te muestra la información en detalle de esta historia clínica.

## 5.2 Modelo Entidad Relación

En esta sección, se describe el modelo de datos definido para mantener la persistencia de la información gestionada por la aplicación web.

Principalmente se necesita almacenar la información de los usuarios y las historias clínicas, para ello se ha definido un modelo de datos formado únicamente por las tablas `users_userprofile` y `medicalHistorys`. Estas mantienen una relación tipo 1:N a través del campo `idDoctor`. Un usuario puede estar relacionado con varios historiales médicos, y un historial médico solo puede estar asignado a un usuario. El resto de tablas no tienen relevancia puesto que son las que proporcionan la configuración y el correcto funcionamiento de la aplicación web.

En la figura 13 se muestra el diagrama entidad relación generado a partir de las tablas de la BBDD de la aplicación web, en él se puede ver cada una de las entidades con sus atributos y las relaciones que mantienen unas con otras.

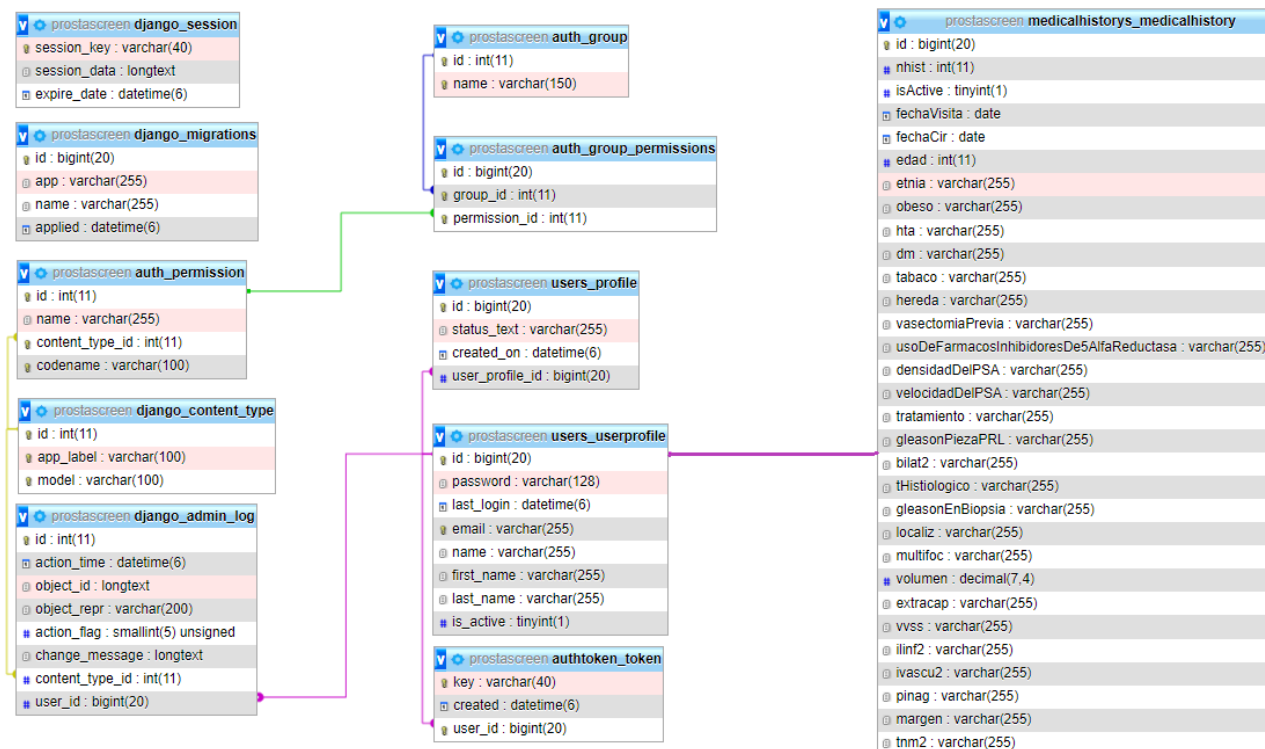


Figura 13: Modelo entidad relación

1. **Tabla Userprofile:** es la encargada de almacenar toda la información de los usuarios registrados en la aplicación web, sus campos son:
  - Id: Es el identificador del usuario.
  - password: Representa la contraseña del usuario.
  - last\_login: Representa la fecha de la última conexión.
  - Email: Representa el email del usuario el cual es único.
  - Name: Representa el nombre completo del usuario.
  - First\_name: Representa el nombre del usuario.
  - Last\_name: Representa el apellido del usuario.
  - Is\_active: Parámetro para determinar si el usuario está conectado en este momento.

2. **Tabla medicalHistory:** En ella se recogen todos los detalles de las historias clínicas de los pacientes. Esta tabla es algo compleja debido al gran número de parámetros que contiene, pero a su vez es la de mayor importancia ya que brinda la posibilidad de obtener una predicción de la evolución de los pacientes gracias al histórico del resto. Sus campos son:

- Id: Representa el identificador del historial.
- Nhist: Representa el número de historial.
- isActive: Representa si el historial está activo.
- fechaVisita: Representa la fecha de la visita del paciente.
- fechaCir: Representa la fecha en la que se realizará la cirugía.
- Edad: representa la edad del paciente.
- Etnia: Representa la etnia del paciente.
- Obeso: representa el IMC del paciente.
- Hta: Representa la hipertensión arterial.
- Dm: Representa la diabetes mellitus.
- Tabaco: Representa el número de cigarrillos que el paciente consume al día
- Hereda: representa si el paciente ha heredado el cáncer
- VasectomíaPrevia: representa si el paciente se ha realizado una vasectomía.
- usoDeFarmacosInhibidoresDe5AlfaReductasa: representa el uso de fármacos del paciente.
- densidadDelPSA: representa la densidad del psa.
- VelocidadDelPSA: representa la velocidad del psa.
- tratamiento = representa el posible tratamiento del paciente.
- gleasonPiezaPRL = representa el Gleason obtenido tras la prostatectomía.
- bilat2 =representa la bilateralidad tras prostatectomía.
- tHistiologico = representa le tipos histológico del cáncer.
- gleasonEnBiopsia = representa el valor de Gleason tras biopsia.
- localiz = representa la localización del cáncer.
- multifoc = representa la multifocalidad del cáncer.
- volumen = representa el volumen del cáncer.

- extracap = representa la extensión extracapsular del cáncer.
- vvss = representa la invasión de las vesículas seminales.
- ilinf2 = infiltración de la vesícula linfática tras prostatectomía.
- ivascu2 = infiltración vascular tras prostatectomía.
- pinag = representa el pin de alto grado.
- margen = representa los márgenes quirúrgicos positivos.
- tnm2 = representa el valor TNM tras prostatectomía.
- psapos = representa el valor psa postoperatorio.
- tduplit = representa el tiempo de duplicación del psa.
- numVisita = representa el número de visita del paciente.
- gleasonPrimarioBiopsiaProstática = representa el valor del Gleason primario en la biopsia.
- gleasonSecundarioBiopsiaProstática = representa el valor del Gleason secundario en la biopsia.
  - gleasonPrimarioTrasProctatectomia = representa el valor del Gleason primario tras la prostatectomía.
  - gleasonSecundarioTrasProctatectomia = representa el valor del Gleason secundario tras la prostatectomía.
- ctnmBiopsia = representa el valor del cTNM tras la biopsia.
- tactor = representa el resultado del tacto rectal.
- psapre = representa el valor del psa preoperatorio.
- psa = representa el valor del psa total.
- psaStratos = representa el valor del psa en estratos.
- psalt = representa el valor del psalt.
- tdupree = tiempo que tardará el psa en duplicarse.
- estadiajeRm = representa el estadio obtenido en la resonancia magnética.
- diametroMaximoLesionRm = representa el diámetro máximo de la lesión obtenido en la resonancia magnética.
- isupBiopsiaRmDirigida = representa el valor del isup en la resonancia magnética.
- hallazgosRadiologicos1 = representa el valor de la pi-rads pre-biopsia.
- hallazgosRadiologicos2 = representa el valor de la pi-rads tras una biopsia.

- nbiopsia = representa el número de la biopsia
- bilat = representa la bilateralidad del cáncer tras biopsia.
- iperin = representa la infiltración peri neural tras biopsia
- iperin2 = representa la filtración peri neural tras prostatectomía.
- ilinf = representa la infiltración linfática tras biopsia.
- ivascu = representa la infiltración vascular tras biopsia.
- cPositivoBiopsiaDirigida = % de cores positivos tras realizar la biopsia.
- afectacionCores = % de afectación de cada core positivo.
- isup = representa el valor del isup.
- t1mtx = representa el tiempo en meses hasta la primera metástasis.
- fechaFin = representa la fecha de la última revisión.
- tsegu = representa el tiempo de seguimiento desde PRL en meses.
- psafin = representa el valor del último psa en seguimiento.

## 6. Funcionalidad de la aplicación Web

En este capítulo se profundiza en el funcionamiento de las calculadoras y algoritmos de predicción, ya que son las herramientas que dan sentido y utilidad a este proyecto.

El comienzo por el análisis de los datos es clave, ya que serán nuestras variables durante todo el proceso de cálculo y sin ellos no se podrían realizar los cálculos.

A continuación, se explica como la aplicación, a partir de estos datos registrados en las historias clínicas, es capaz calcular la probabilidad de que un paciente tenga o no cáncer de próstata.

Seguidamente, se describe como a partir de esta probabilidad se puede obtener un tratamiento basándose en el histórico de los pacientes. Puesto que, sin este cálculo previo, carecería de sentido.

Y finalmente se muestra en un diagrama, en forma de árbol, las diferentes opciones de tratamiento, marcando el más favorable.

### 6.1 Calculadora Web

Su función es, obtener a partir de los parámetros de las historias clínicas, obtener el porcentaje de que un paciente padezca o no cáncer de próstata y como de grave es.

Antes de nada, hay que comprender algunos términos de importante relevancia como **PHI (Índice de salud de la próstata)** [18], este término se usa para determinar la probabilidad de cáncer de próstata en la biopsia en hombres con PSA total en la ratio de 4 a 10 ng/mL. Unas puntuaciones bajas en PHI determinan una baja probabilidad de padecer cáncer de próstata, y una puntuación alta determina una mayor probabilidad.

En la figura 14 se pueden observar los intervalos en los que se mueven las puntuaciones asociadas a la probabilidad de padecer o no cáncer de próstata.

Phi Range	Cancer Probability	95% Confidence
0-26.9	9.8%	5.2-15.4%
27.0-35.9	16.8%	11.3-22.2%
36.0-54.9	33.3%	26.8-39.9%
55.0 or greater	50.1%	39.8-61.0%

Figura 14: Probabilidad de padecer Cáncer de próstata según el PHI

Este índice de salud prostática se calcula cuando el PSA total está en el rango de 4 a 10ng/mL. Y este índice no se aplica si el PSA total es <4 o >10 ng/ML.

Este cálculo se basa en un modelo de regresión lineal, y su fórmula se presenta como:

$$(1/(1 + e^{-(b_0 + b_1 * x_1)}))$$

En las que b0 y b1 representan las diferentes variables del modelo.

En la calculadora implementada, se dan 2 formas diferentes de calcular el PHI dependiendo del resultado de la biopsia previa. Para ello se han definido 4 funciones diferentes que reciben los mismos parámetros, la edad, el PSA, el volumen, los hallazgos radiológicos y las pirads.

Estas funciones aplican el modelo de regresión lineal visto anteriormente y obtienen dicha probabilidad. A continuación, se describen los métodos usados.

- Si el paciente tiene unos indicadores de biopsia positiva, (hallazgos radiológicos positivos, pirads >= 3) entonces, se calcula la probabilidad de padecer esta anomalía y la probabilidad de que sea de alto grado, en base a estos indicios (Ver figura 15 y 16).
- Si el paciente tiene unos indicios de biopsia negativa, (hallazgos radiológicos negativos y pirads < 3) entonces, se calculan las probabilidades usando otras ponderaciones. (Ver figura 17 y 18).



➤ **Obtener una predicción si la biopsia anterior fue positiva**

- Primero se compara el valor de las pirads y se asignan unas ponderaciones dependiendo de este valor, estas ponderaciones son establecidas según el estudio del centro *Prostate Cancer Research Foundation*.
- Después se calcula las variables del modelo de regresión
- Se calculan los pesos.
- Se calcula la probabilidad, aplicando el modelo.

```
1 def pcrf_formula_prev_biopsy_pos(psa, dre_outcome, volume, age, pirads):
2     """ Get chance prediction if previous biopsy was positive previously """
3
4     # Volume class
5     volume_class = volume
6     wpirads = 0.0
7
8
9
10    if(int(pirads) == 3):
11        wpirads = -0.38169
12    elif(int(pirads) == 4):
13        wpirads = 0.61290
14    elif(int(pirads) == 5):
15        wpirads = 2.01363
16
17    # Based on logistic regression
18    psalog2 = math.log(psa) / math.log(2)
19    volumelog2 = math.log(volume_class) / math.log(2)
20
21    # Weights/bias
22    aux = ((-1.826 + 1.024 * (psalog2 - 2.0) - 1.50 * (volumelog2 - 5.4) + 0.992 * dre_outcome) * 1.139 ) + 1.325
23
24    val_prior = -3.52647 + (-1.165) + aux * 0.78810 + age * 0.04832 + wpirads;
25
26
27
28    PposRC45DRE_PHI = 1/(1+math.exp(-(val_prior)))
29
30    return PposRC45DRE_PHI
```

Figura 15: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue positiva previamente.

➤ **Obtener una predicción si la biopsia anterior fue positiva gravemente**

- Primero se compara el valor de las pirads y se asignan unas ponderaciones dependiendo de este valor, estas ponderaciones son establecidas según el estudio del centro *Prostate Cancer Research Foundation*.
- Después se calculan las variables del modelo de regresión, aquí a diferencia de la anterior, tiene gran relevancia la edad, pues será una variable más el modelo.
- Se calculan los pesos.
- Se calcula la probabilidad aplicando el modelo.

```
1 def pcrf_formula_prev_biopsy_pos_serious(psa, dre_outcome, volume, age, pirads):
2     """ Get chance prediction if previous biopsy was positive previously serious """
3
4     volume_class = volume
5     wpirads = 0.0
6
7     if(int(pirads) == 3):
8         wpirads = 0.44510
9     elif(int(pirads) == 4):
10        wpirads = 1.47778
11    elif(int(pirads) == 5):
12        wpirads = 2.61551
13
14    calc_age = age * 0.04055
15    calc_psaLog2 = ( ( math.log(psa) / math.log(2) ) - 2.0 ) * 1.177
16    calc_dre = 1.813 * dre_outcome
17    calc_volume = (math.log(volume_class) / math.log(2) - 5.4) * -1.526
18    intercept = -3.457
19
20    aux = -4.05287 + (-1.61) + ( ( intercept + calc_psaLog2 + calc_dre + calc_volume ) * 0.718 + 1.069 ) * 0.69846 + calc_age + wpirads
21    PposRC45DRE_PHI_ser = math.exp(aux)/(1+math.exp(aux))
22
23    return PposRC45DRE_PHI_ser
```

Figura 16: Cálculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue gravemente positiva.

➤ **Obtener una predicción si la biopsia anterior fue negativa**

La única diferencia de este método de cálculo, frente al primero, es que las ponderaciones establecidas por el centro de investigación son diferentes, puesto que en la biopsia no se reflejan indicios de cáncer.

```

1 def pcrf_formula_prev_biopsy_neg(psa, dre_outcome, volume, age, pirads):
2     """ Get chance prediction if previous biopsy was negative previously """
3
4     priorbiopsy = 1.0
5     # Volume class
6     volume_class = volume
7     wpirads = 0.0
8
9     if(int(pirads) == 3):
10         wpirads = 0.08258
11     elif(int(pirads) == 4):
12         wpirads = 1.40371
13     elif(int(pirads) == 5):
14         wpirads = 1.91967
15
16     psaLog2 = math.log(psa) / math.log(2)
17     volumeLog2 = math.log(volume_class) / math.log(2)
18
19     val_prior = -2.62636 + (-0.745) + ((((-1.470 - 0.677 * priorbiopsy + (0.576 - 0.423 * priorbiopsy) * (psaLog2 - 2)) - 1.043 * (volumeLog2 - 5.5)
20
21     PposRC45DRE_PHI = 1/(1+math.exp(-(val_prior)))
22
23     return PposRC45DRE_PHI

```

Figura 17: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue negativa.

### ➤ Obtener una predicción si la biopsia anterior fue gravemente negativa

La única diferencia de este método de cálculo, frente al segundo, es que las ponderaciones establecidas por el centro de investigación son diferentes, puesto que en la biopsia no se reflejan indicios de cáncer.

```

1 priorbiopsy = 1.0
2 # Volume class
3 volume_class = volume
4 wpirads = 0.0
5
6 if(int(pirads) == 3):
7     wpirads = 0.94909
8 elif(int(pirads) == 4):
9     wpirads = 2.67536
10 elif(int(pirads) == 5):
11     wpirads = 3.05243
12
13 psaLog2 = math.log(psa) / math.log(2)
14 volumeLog2 = math.log(volume_class) / math.log(2)
15
16 val_prior_ser = -5.19208 + (-0.745) + ((((-3.489 - 1.136 * priorbiopsy + (1.075 - 0.434 * priorbiopsy) * (psaLog2 - 2)) - 1.501 * (volumeLog2 - 5.5)
17
18 PposRC45DRE_PHI_ser = 1/(1+math.exp(-(val_prior_ser)))
19
20 return PposRC45DRE_PHI_ser

```

Figura 18: Calculo del índice de PHI si la biopsia anterior fue gravemente negativa.

Finalmente, con los resultados calculados se aplica un redondeo y se comparan con los resultados obtenidos en la figura 13. Este será el resultado mostrado en la aplicación web.

## 6.2 Algoritmos de Predicción

Con el objetivo de obtener el tratamiento más acorde a cada paciente, se ha diseñado una red neuronal que aprende examinando los registros individuales, generando una predicción para cada registro y realizando ajustes a las ponderaciones cuando realiza una predicción incorrecta. Este proceso se itera muchas veces y la red sigue mejorando sus predicciones en cada iteración hasta haber alcanzado uno o varios criterios de parada.

A continuación, se explica de forma gradual, como a partir de los resultados obtenidos en la calculadora, y algunas variables como el Gleason, ctnmBiopsia, tratamiento previo, multifocalidad y el volumen del cáncer, parámetros con gran relevancia a la hora de aplicar un tratamiento, se puede obtener un resultado eficaz para el paciente.

Para ello, se usa como modelo a seguir, los datos registrados en la BBDD de otros pacientes tratados.

Primero se diagnostica al paciente (Ver figura 19):

- Cáncer localizado no significativo: Gleason  $\leq 6$ , ctnmBiopsia = Ct1, y probabilidad de cáncer  $> 60\%$
- Cáncer localizado significativo: Gleason  $> 6$ , ctnmBiopsia = Ct2b o Ct2c, y probabilidad de cáncer  $> 60\%$
- Cáncer extendido localmente avanzado: Gleason  $> 7$ , ctnmBiopsia = Ct3b, y probabilidad de cáncer  $> 60\%$
- Cáncer extendido con metástasis: Gleason = 9 o 10, ctnmBiopsia = Ct4, sin multifocalidad y probabilidad de cáncer  $> 60\%$
- Cáncer extendido con recidiva tras tratamiento primario: Gleason  $> 7$ , ctnmBiopsia = cualquier valor, tratamiento previo y probabilidad de cáncer  $> 60\%$
- Cáncer extendido Oligometastásico: Gleason = 9 o 10, ctnmBiopsia = Ct4, multifocalidad y probabilidad de cáncer  $> 60\%$

```

1 def diagnostic(gleason, ctnmBiopsia, tratamiento, multifocalidad, probabilidad):
2
3     diagnostico = ''
4     if(gleason ≤ 6 and ctnmBiopsia == 'CT1' and probabilidad > 60):
5         diagnostico = 'Cancer localizado no significativo'
6     elif(gleason > 6 and (ctnmBiopsia == 'CT2b' or ctnmBiopsia == 'CT2c') and probabilidad > 60):
7         diagnostico = 'Cancer localizado significativo'
8     elif(gleason > 7 and ctnmBiopsia == 'CT3b' and probabilidad > 60):
9         diagnostico = 'Cáncer extendido localmente avanzado'
10    elif((gleason == 9 or gleason == 10) and ctnmBiopsia == 'CT4' and multifocalidad == 'NO' and probabilidad > 60):
11        diagnostico = 'Cáncer extendido con metástasis'
12    elif(gleason > 7 and tratamiento ≠ NULL and probabilidad > 60):
13        diagnostico = 'Cáncer extendido con recidiva tras tratamiento primario'
14    elif((gleason == 9 or gleason == 10) and ctnmBiopsia == 'CT4' and multifocalidad == 'SI' and probabilidad > 60):
15        diagnostico = 'Cáncer extendido con metástasis'
16
17    return diagnostico

```

Figura 19: Diagnostico del Paciente

Una vez diagnosticado, se crea el modelo de la red neuronal. Para ello se hará uso de la librería **Tensorflow**, la cual permite el modelaje y cálculo de la red neuronal.

Nuestros **datos de entrada** dependerán del tipo de cáncer encontrado y estos son:

- Cáncer localizado no significativo → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Cáncer localizado Significativo → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Cáncer extendido localmente avanzado → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Cáncer extendido con metástasis → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Cáncer extendido con recidiva tras tratamiento primario → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Cáncer extendido Oligometastasis → 0 no aplica / 1 si aplica.

**Las salidas serán:**

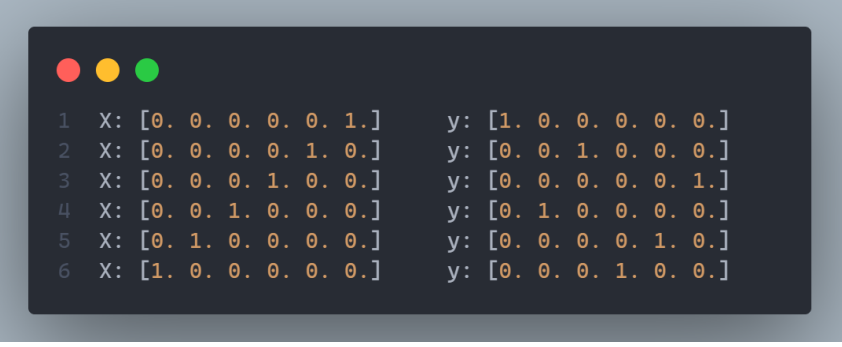
- Vigilancia Activa → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Prostatectomía Radical → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Radioterapia → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Radioterapia Local de la Metástasis → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Tratamiento Hormonal → 0 no aplica / 1 si aplica.
- Tratamiento Hormonal 2ª Línea → 0 no aplica / 1 si aplica.

Para comenzar, se adaptan los resultados al tipo de dato que recibe el modelo. Para esto se transforma el diagnóstico y el tratamiento obtenido de cada paciente a una matriz (Ver figura 20).

```
1 def construyeMatriz(UserProfile, array):
2
3
4     # Entradas
5     x1 = 0
6     x2 = 0
7     x3 = 0
8     x4 = 0
9     x5 = 0
10    x6 = 0
11
12    # Salidas
13    y1 = 0
14    y2 = 0
15    y3 = 0
16    y4 = 0
17    y5 = 0
18    y6 = 0
19
20    diagnostico = UserProfile(MedicalHistoryData.get('diagnostico'))
21    tratamiento = UserProfile(MedicalHistoryData.get('tratamiento'))
22
23
24    if diagnostico == 'Cancer localizado no significativo':
25        x1 = 1
26    elif diagnostico == 'Cancer localizado significativo':
27        x2 = 1
28    elif diagnostico == 'Cáncer extendido localmente avanzado':
29        x3 = 1
30    elif diagnostico == 'Cáncer extendido con metástasis':
31        x4 = 1
32    elif diagnostico == 'Cáncer extendido con recidiva tras tratamiento primario':
33        x5 = 1
34    elif diagnostico == 'Cáncer extendido con metástasis':
35        x6 = 1
36
37    if tratamiento == 'Vigilancia Activa ':
38        y1 = 1
39    elif tratamiento == 'Prostatectomía Radical ':
40        y2 = 1
41    elif tratamiento == 'Radioterapia':
42        y3 = 1
43    elif tratamiento == 'Radioterapia Local de la Metástasis':
44        y4 = 1
45    elif tratamiento == 'Tratamiento Hormonal':
46        y5 = 1
47    elif tratamiento == 'Tratamiento Hormonal 2ª Línea':
48        y6 = 1
49
50    X = [x1,x2,x3,x4,x5,x6]
51    Y = [y1,y2,y3,y4,y5,y6]
52
53    array.append([X,Y])
```

Figura 20: Función para adaptar los datos a la entrada del modelo

A continuación, tras iterar en todos los pacientes, se obtiene una matriz con los datos organizados, esta tiene una dimensión de  $N \times 2$  ya que cada fila contiene la entrada y la salida que ha producido ese paciente. (Ver figura 21)



1	X: [0. 0. 0. 0. 0. 1.]	y: [1. 0. 0. 0. 0. 0.]
2	X: [0. 0. 0. 0. 1. 0.]	y: [0. 0. 1. 0. 0. 0.]
3	X: [0. 0. 0. 1. 0. 0.]	y: [0. 0. 0. 0. 0. 1.]
4	X: [0. 0. 1. 0. 0. 0.]	y: [0. 1. 0. 0. 0. 0.]
5	X: [0. 1. 0. 0. 0. 0.]	y: [0. 0. 0. 0. 1. 0.]
6	X: [1. 0. 0. 0. 0. 0.]	y: [0. 0. 0. 1. 0. 0.]

Figura 21: Ejemplo de entrada – salida

En este punto, se pasa a construir el modelo de la red neuronal. La arquitectura propuesta es la siguiente:

- **$X(i)$**  son las entradas
- **$a(i)$**  activación en la capa 2
- **$y(i)$**  son las salidas

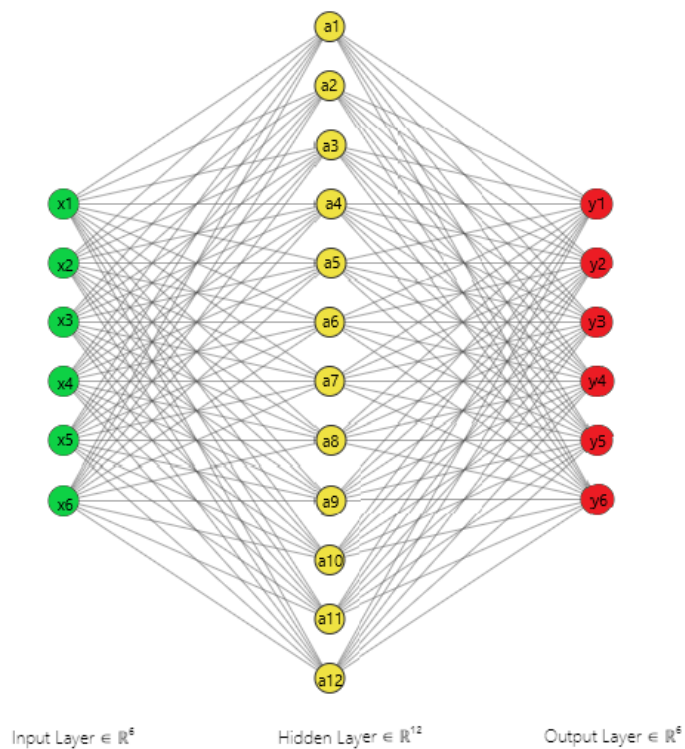



Figura 22: Red Neuronal para obtener el mejor tratamiento

Para llevar a cabo su implementación, se siguen estos pasos (Ver figura 22):

1. Se divide la matriz construida en 2 listas, una que contiene todas las entradas y otra todas las salidas.
2. Se añade la función de activación del rectificador (relu) en la primera capa y la función de activación sigmoide en la capa de salida.
3. Se continua con la etapa de compilación, en este caso, se utiliza la pérdida logarítmica, que para un problema de clasificación binaria se define como "binary\_crossentropy". Y También se utiliza el algoritmo de descenso de gradiente eficiente "adam" por su alta eficiencia en estos problemas.
4. Se procede al ajuste del modelo con la función `model.fit()`, aquí se ejecutará para un número fijo de iteraciones denominado epochs. También se establecen el número de instancias que se evalúan antes de la actualización de peso en la red a través del parámetro `batch_size`.
5. Por último, ahora que el modelo esta entrenado, se predice la salida de la nueva entrada con la función `model.predict()`, este resultado es el representado en el diagrama de árbol.





```

1  def tratamiento(pacientes,newPaciente):
2      primero = True
3      entrada = []
4      salida = []
5
6      for paciente in pacientes:
7          if(primerero):
8              entrada.append(paciente)
9          else: salida.append(paciente)
10
11         primero = not(primerero)
12
13     # crea el modelo
14     model = Sequential()
15     model.add(Dense(12, input_dim=6, activation='relu'))
16     model.add(Dense(6, activation='sigmoid'))
17
18     # Compila el modelo
19     model.compile(loss='binary_crossentropy', optimizer='adam', metrics=['accuracy'])
20
21     # Ajusta el modelo
22     model.fit(entrada, salida, epochs=150, batch_size=10)
23
24     predictions = model.predict(newPaciente)
25     # redondeamos las predicciones
26     rounded = [round(x[0]) for x in predictions]
27
28     return rounded

```

Figura 23: Función de Red Neuronal

Como conclusión, se tiene una red neuronal que tiene 6 entradas, estas se multiplican por los pesos de las conexiones, y cada neurona en la capa oculta suma esos productos y les aplica la función de activación, para emitir un resultado a la siguiente conexión.

Finalmente, tras un número de iteraciones, la red neuronal llega a un estado de parada, y concluye obteniendo una predicción para el paciente seleccionado, marcando de color rojo en el diagrama jerárquico, el tratamiento más eficaz tal y como se muestra en la figura 24, esto se ha conseguido tras comparar los valores de nuestra salida con los de la Red Neuronal.



Figura 24: Elección del tratamiento más eficaz por la Red Neuronal

## 7. Conclusiones y trabajo a futuro

### 7.1 Conclusiones

Gracias a este proyecto se ha desarrollado una aplicación web capaz de gestionar usuarios y visitas de sus pacientes. Los usuarios podrán llevar a cabo un seguimiento de la evolución de los pacientes en las diferentes visitas, también podrán modificarlas, archivarlas o expórtalas si así lo desean.

Por otro lado, se ha implementado una calculadora capaz de obtener la probabilidad de que el paciente padezca un cáncer de próstata y aplicarle el tratamiento más acorde a su caso. Con un solo vistazo se podrá saber el tratamiento más eficaz a través de un diagrama de árbol jerárquico.

El análisis de probabilidad se hace automáticamente con el consiguiente ahorro de tiempo por parte del especialista. Además de la reducción de errores en el diagnóstico.

Adicionalmente se tiene en cuenta si el paciente ya se ha realizado una biopsia prostática y ha dado positivo, la aplicación mostrará información extra sobre el resultado de la biopsia y en base al resultado, recomendará acciones a seguir. Por último, si el paciente se ha sometido a una prostatectomía la aplicación mostrará la información de esta.

El código del proyecto se puede encontrar en el siguiente enlace:

<https://github.com/SirTorresDev/prostascreeen-view>

## 7.2 Trabajo a futuro

El trabajo puede mejorarse de acuerdo a las siguientes líneas de trabajo futuras:

- **Unificación de BBDD de varios hospitales y centros médicos** para disponer de un histórico mayor y así proporcionar una mayor precisión a la hora de obtener un tratamiento.
- **Mejora de la eficacia de la Red Neuronal**, para ello se tendrían que añadir otras capas ocultas y manipular el número de neuronas por capa.
- **Aumento de parámetros en la Calculadora** con el fin de obtener más casos que tuvieran relevancia para nosotros, con el fin de conseguir una calculadora más precisa.
- **Carga masiva de datos**, el sistema solo permite la entrada de datos a través de los formularios implementados. Una mejora que se considera como desarrollo futuro es la de poder cargar en el sistema la información relativa a cursos y preguntas de forma masiva desde fuentes externas como pueden ser ficheros CSV u otro formato de datos.

## 8. Consideraciones con proyecto previo

Este proyecto guarda una gran relación con un proyecto presentado por Gonzalo Hernández Hernández en la convocatoria de junio 2022 y de título “Aplicación web para la predicción y recomendación de tratamiento para el cáncer de próstata”. Inicialmente ambos empezamos a trabajar en un único proyecto, pero finalmente se dividió en dos partes. Una parte desarrollada por Gonzalo Hernández Hernández y otra por mí. En este sentido ambos proyectos tienen en común que tratan pacientes con cáncer de próstata y se diferencian en que se ocupan de pacientes con evolución positiva o negativa como es este caso.

*Las principales diferencias frente al otro proyecto son:*

- Implementación del cálculo del algoritmo de las probabilidades en función de una definición de cáncer de próstata clínicamente significativo que incluya información sobre el crecimiento cribiforme y el carcinoma intraductal.
- Creación del Árbol de Diagnostico basado en la predicción, obtenido por otros pacientes, enfocándonos en la evolución negativa del paciente.
- Elaboración de la Red Neuronal, para determinar el tratamiento más eficaz.
- Modelar los resultados de la red neuronal a través de pacientes los previos, y marcando en rojo la decisión más favorable a tomar en el diagrama jerárquico.
- Capacidad de exportar la historia clínica del Paciente en formato PDF.

## Bibliografía

- [1] H. v. Vugt, «Impacto de la evaluación de riesgo individuales sobre el diagnóstico de cáncer de próstata,» [En línea].

Available:

[https://swopresearch.nl/wp-content/uploads/2018/04/Tekst\\_proefschrift\\_dr.\\_Van\\_Vugt\\_-\\_Impact\\_studie.pdf](https://swopresearch.nl/wp-content/uploads/2018/04/Tekst_proefschrift_dr._Van_Vugt_-_Impact_studie.pdf).

- [2] «Regresión Lineal,» [En línea]. Available: <https://aws.amazon.com/es/what-is/linear-regression/>.

- [3] «Prostate Cancer Research Foundation,» SWOP, [En línea].

Available:

<https://www.prostatecancer-riskcalculator.com/swop-prostate-cancer-research-foundation>.

- [4] «Evidencio,» [En línea].

Available: <https://www.evidencio.com/home>.

- [5] «Predicción de la afectación de los ganglios linfáticos en pacientes con cáncer de próstata,» [En línea].

Available: <https://www.evidencio.com/models/show/670>.

- [6] «React,» [En línea].

Available: <https://es.reactjs.org/>.

- [7] «react D3 Tree,» [En línea].

Available: <https://bkrem.github.io/react-d3-tree/>.

- [8] «Django,» [En línea].

Available: <https://www.djangoproject.com/>.

[9] «Modelo vista cotrolador,» [En línea].

Available: <https://si.ua.es/es/documentacion/asp-net-mvc-3/1-dia/modelo-vista-controlador-mv>

[10] «ORM,» [En línea].

Available: [https://es.wikipedia.org/wiki/Asignaci%C3%B3n\\_objeto-relacional](https://es.wikipedia.org/wiki/Asignaci%C3%B3n_objeto-relacional).

[11] «tensorflow,» [En línea].

Available: <https://www.tensorflow.org/?hl=es-419>.

[12] «Heroku,» [En línea].

Available: <https://www.heroku.com/platform>.

[13] «Xampp,» [En línea].

Available: <https://es.wikipedia.org/wiki/XAMPP>.

[14] «MySQL Workbench,» [En línea].

Available: <https://www.mysql.com/products/workbench/>.

[15] «Git,» [En línea].

Available: <https://git-scm.com/>.

[16] «Modelo Vista Controlador,» [En línea].

Available: <https://si.ua.es/es/documentacion/asp-net-mvc-3/1-dia/modelo-vista-controlador-mv>

[17] «Patron Composite,» [En línea].

Available: <https://refactoring.guru/es/design-patterns/composite>.

[18] «PHI,» [En línea].

Available: <http://www.clinlabnavigator.com/prostate-health-index.html>.

[19] «¿Que es Scrum?,» [En línea].

Available: <https://www.apd.es/metodologia-scrum-que-es/>.

[20] «Trello,» [En línea].

Available: <https://trello.com/es/tour>.

[21] «GPL,» [En línea].

Available: [https://es.wikipedia.org/wiki/GNU\\_General\\_Public\\_License](https://es.wikipedia.org/wiki/GNU_General_Public_License).

[22] «Qué es Frontend y Backend: diferencias y características - Platzi,» [En línea].

Available: <https://platzi.com/blog/que-es-frontend-y-backend/>.

[23] «función sigmoide,» [En línea].

Available: [https://es.wikipedia.org/wiki/Funci%C3%B3n\\_sigmoide](https://es.wikipedia.org/wiki/Funci%C3%B3n_sigmoide).

[24] «Dom Virtual,» [En línea].

Available: <https://es.reactjs.org/docs/faq-i20como%20reconciliaci%C3%B3n..>



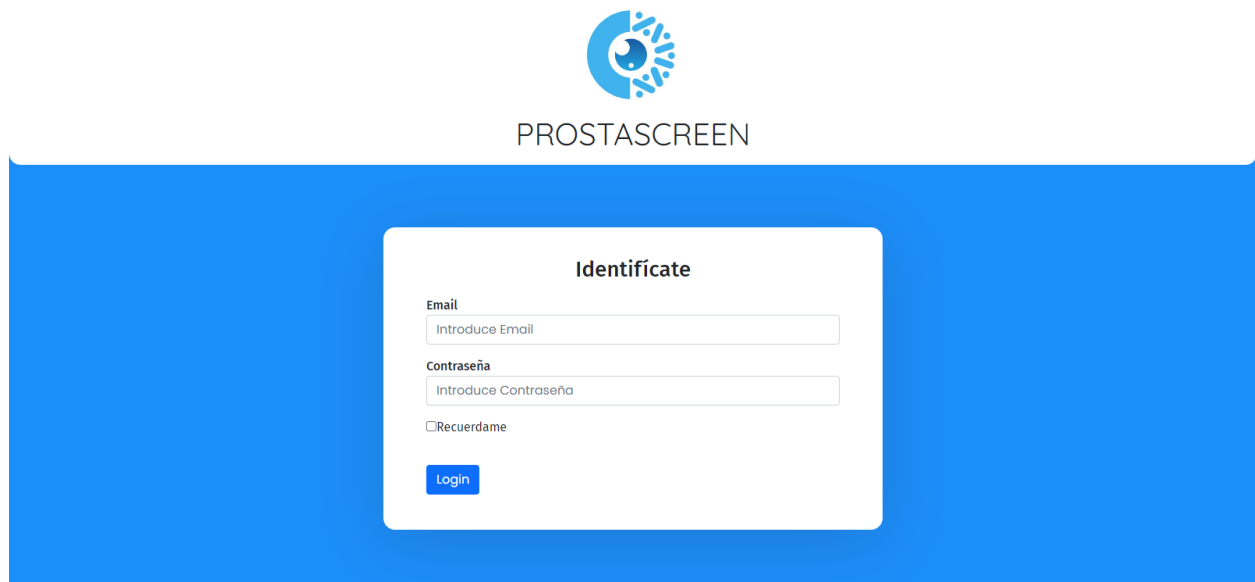
## ANEXO

### Guía del Usuario

#### 1.- Registro e Inicio de Sesión

Introducir URL: <https://prostascreen.herokuapp.com/> para acceder a la web.

Se mostrará la pantalla de acceso. Se accede con las credenciales de acceso facilitadas por el administrador. (Ver figura 25)



*Figura 25: Pantalla de Login*

Tras ingresar las credenciales se pulsa Login, si el usuario está registrado se generará un token de acceso valido para la sesión.

En caso de que las credenciales sean erróneas, la aplicación te devolverá a la pantalla de inicio e indicará que las credenciales introducidas son incorrectas (Figura 26).



## PROSTASCREEN

The screenshot shows a login form titled "Identifícate" on a blue background. The form has two input fields: "Email" with the value "omegaskyres9@gmail.com" and "Contraseña" with three dots. Below the password field is a checkbox labeled "Recuérdame". A red error message "Usuario o Contraseña Incorrecta" is displayed to the right of the password field. A blue "Login" button is at the bottom left of the form.

*Figura 26: Pantalla de Login con credenciales incorrectos.*

Si las credenciales son correctas, el usuario será redirigido a la pantalla principal, también llamada home, la cual permite el acceso, a través de su header, a todas las funciones de la aplicación Web. También se podrá cambiar entre pantallas o cerrar la sesión activa (Figura 27).

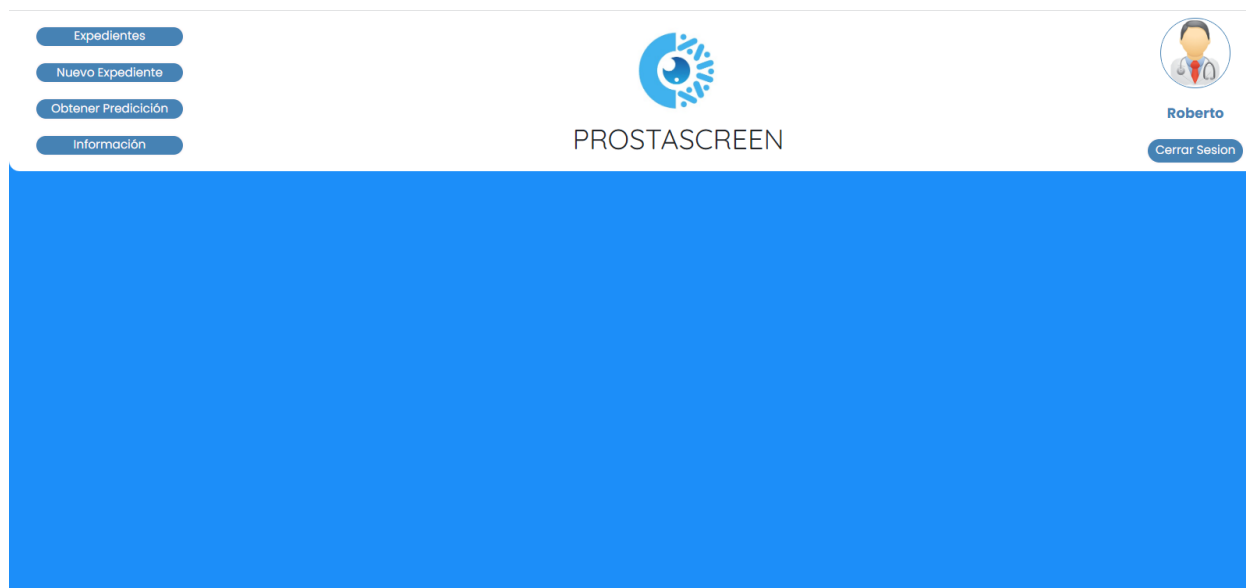


Figura 27: Pantalla de Home.

Para acceder al menú de configuración del perfil del usuario y visualizar toda la información almacenada del usuario activo pulsaremos sobre el nombre del usuario mostrado en el header y resaltado en color azul (Figura 28).

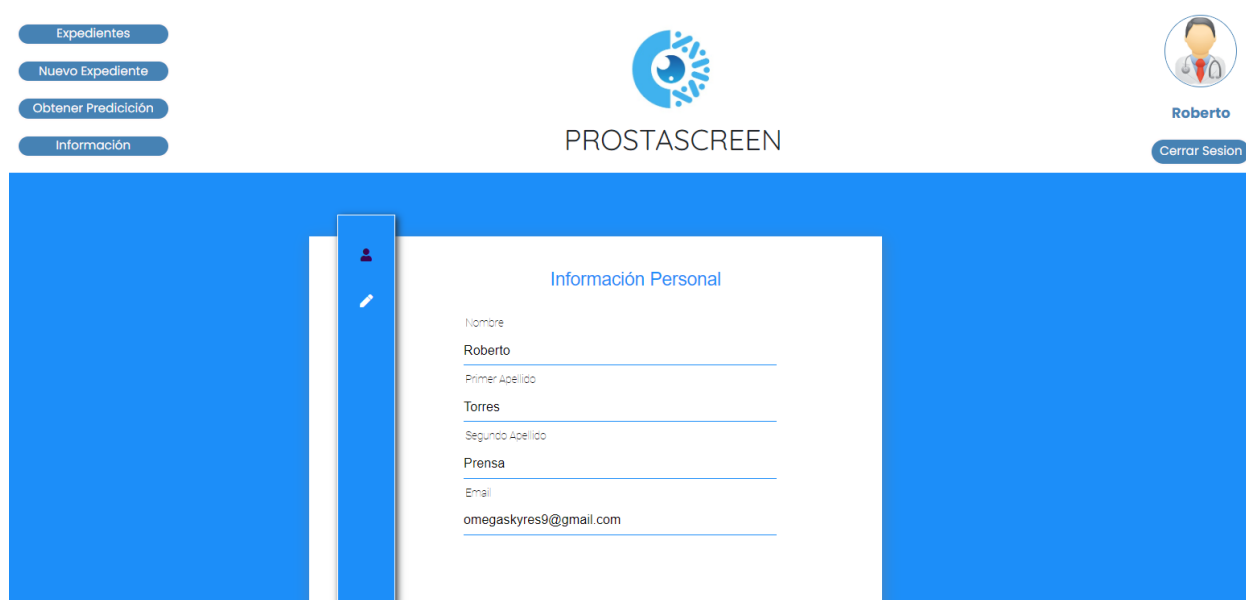


Figura 28: Pantalla de Información Personal


Pulsar sobre el icono del lápiz, para habilitar los campos de edición y modificación de los datos del usuario activo, pulsar el botón de actualizar y el sistema comprobará estos datos y los actualizará en la BBDD, volviendo a la vista anterior. (Figura 29).


Expedientes



Nuevo Expediente

Obtener Predicción

Información

  
PROSTASCREEN

  
Roberto  
Cerrar Sesión

Actualizar información Personal

Nombre

omegaskyres9@gmail.com

Primer Apellido

Torres

Segundo Apellido

Prensa

Contraseña

\*\*\*\*

Confirmar Contraseña

ACTUALIZAR

Figura 29: Pantalla de Modificar Información Personal.

## 2.- Historias clínicas

Una vez identificado el usuario, se tendrá acceso a los expedientes en el header. El sistema le redirecciona a la pantalla de “Historiales Médicos”, donde se muestra una lista con todas las historias clínicas asignadas al usuario que se encuentra activo en la sesión (Figura 30).



Figura 30: Historiales Médicos

Si pulsamos sobre la tarjeta de un historial podremos acceder a la información detallada del historial. En la Figura 30 se nos muestra la primera parte del historial completo junto con un menú. Desde aquí existen diferentes de opciones:

1. Modificar algún campo del historial, pulsar el botón de modificar en la parte izquierda. Una vez realizados los cambios al pulsar el botón de enviar formulario se validan los campos y se modifican en la BBDD.
2. Archivar el expediente y hacer que no se vuelva a mostrar en la aplicación al pulsare botón con el icono del ojo.
3. Descargar el historial en formato pdf al hacer clic en el último botón.

4. Consultar el número de visitas que ha realizado el paciente al final de la página.(Figura 31). Se podrá ir a una visita específica simplemente clicando en el número qué queramos.

Antes de Enviar el formulario, revisa que todos los campos son correctos, y que no hay ningun campo obligatorio en blanco

Otras Visitas: 1

Figura 31: Diferentes Visitas

The screenshot displays the PROSTASCREEN web application. On the left, a vertical blue sidebar contains navigation buttons: 'Expedientes', 'Nuevo Expediente', 'Obtener Predicción', and 'Información'. The main header area includes the PROSTASCREEN logo, a user profile for 'Roberto' with a 'Cerrar Sesión' button, and a blue horizontal bar. The central content area is titled 'Filiación' and contains two rows of input fields. The first row has 'Número de historial' (value: 1) and 'Fecha Cirugía' (format: dd/mm/aaaa). The second row has 'Número de visita' (value: 2) and 'Fecha de Visita' (value: 07/02/2022). Below this is a section titled 'SOCIODEMOGRÁFICAS' with 'Edad' (value: 65) and 'Etnia' (dropdown menu showing '-- SELECCIONA UNA OPCIÓN --').

Figura 32: Pantalla detalle historial médicos

5. Crear un nuevo expediente: pulsar en el botón de nuevo expediente en la parte izquierda se mostrará la visita para poder crear un nuevo historial médico.

La Figura 33 muestra como la pantalla está dividida en dos partes: la parte izquierda está formada por los distintos grupos de variables (Figura 34). Mientras que en la zona central se encuentra la vista para poder introducir los datos del historial. Algunos datos tienen valores seleccionables mientras que algunos otros se introducen manualmente.

The screenshot shows the PROSTASCREEN web application. At the top, there is a header with a navigation menu on the left containing buttons for 'Expedientes', 'Nuevo Expediente', 'Obtener Predicción', and 'Información'. In the center of the header is the PROSTASCREEN logo, and on the right is a user profile for 'Roberto' with a 'Cerrar Sesión' button. Below the header is a blue horizontal bar. On the left side, there is a vertical sidebar with a list of menu items: 'FILIACIÓN', 'SOCIODEMOGRÁFICAS', 'ANTECEDENTES', 'CLÍNICO-PATOLÓGICAS', 'BIOPSIA PROSTÁTICAS', 'TRAS PROSTATECTOMÍA', 'EVOLUTIVOS', and 'ENVIAR FORMULARIO'. The 'FILIACIÓN' item is currently selected. The main content area displays a form titled 'Filiación' with four input fields: 'NHIS' (with a placeholder 'dd/mm/aaaa'), 'FECHACIR' (with a placeholder 'dd/mm/aaaa' and a calendar icon), 'Nº DE VISITA', and 'FECHA DE VISITA' (with a placeholder 'dd/mm/aaaa' and a calendar icon).

Figura 33: Crear Historial Medico

This image is a close-up of the sidebar menu from the previous screenshot. It shows a vertical list of menu items: 'FILIACIÓN', 'SOCIODEMOGRÁFICAS', 'ANTECEDENTES', 'CLÍNICO-PATOLÓGICAS', 'BIOPSIA PROSTÁTICAS', 'TRAS PROSTATECTOMÍA', 'EVOLUTIVOS', and 'ENVIAR FORMULARIO'. The 'FILIACIÓN' item is highlighted with a red vertical bar to its left, indicating it is the active selection.

Figura 34: Pestañas creación de expedientes

### 3.- Obtener la predicción de un paciente

Pulsar en el botón de “Obtener Predicción” en la parte del header, y se muestra una ventana (figura 35) donde aparece una barra de búsqueda. Se introduce el número del historial del que deseamos obtener una predicción, después al pulsar el botón de “Obtener predicción”, aparecen unos gráficos de barras con información sobre los

distintos parámetros a tener en cuenta y unos gráficos circulares con los porcentajes de desarrollar un cáncer indolente y/o un cáncer de alto grado.

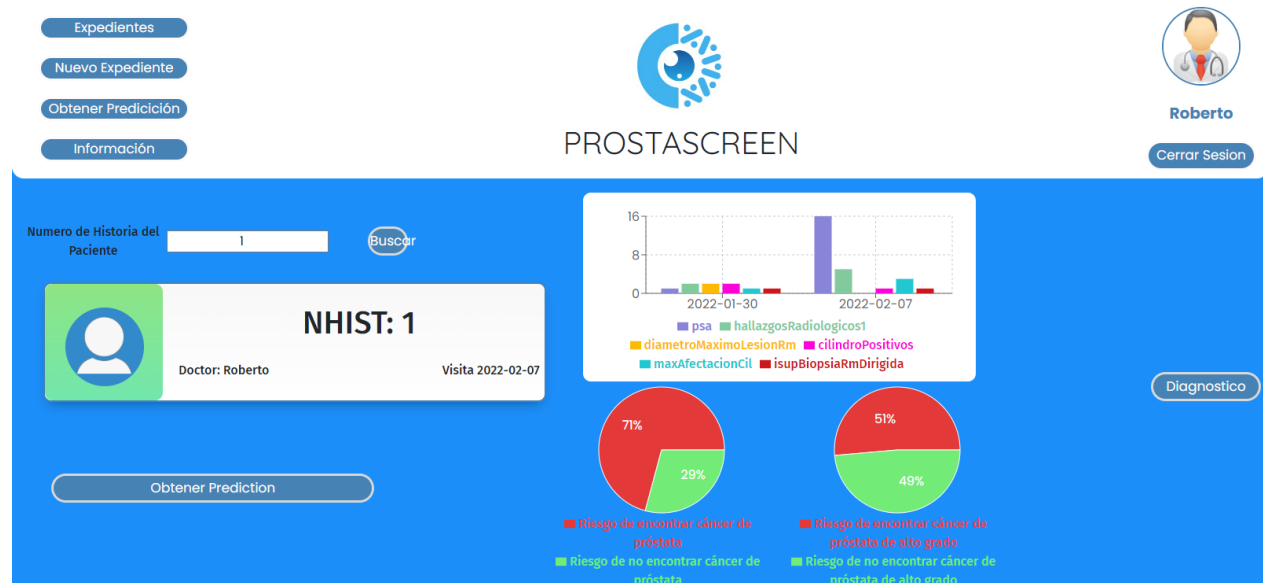


Figura 35: Pantalla obtener predicción

#### 4.- Tratamiento

Según se ve en la figura 36, aparece un diagrama jerárquico en forma de árbol con los distintos tratamientos. Al pulsar el botón "iniciar" el sistema marcará cuál es el tratamiento más eficaz para el paciente seleccionado. Tras procesarlo y compararlo, el nodo del tratamiento quedará marcado de color rojo.



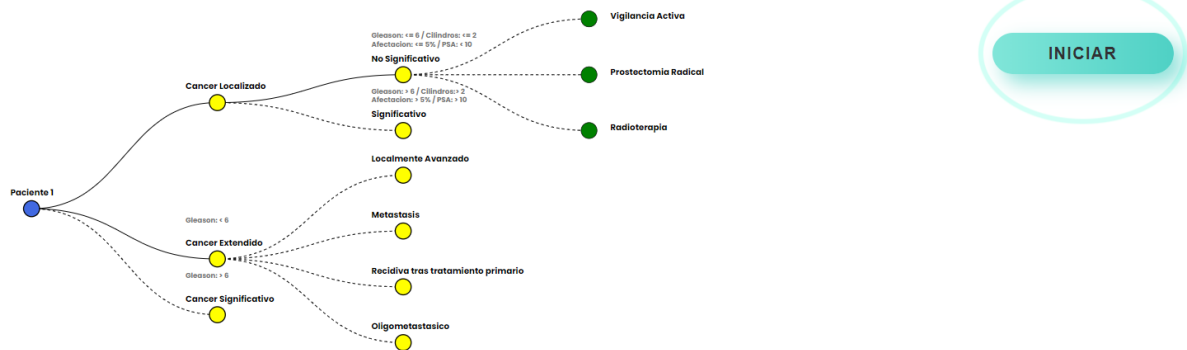


Figura 36: Pantalla Tratamiento

Al pulsar el botón de Información de la cabecera, se muestra una pantalla similar a la anterior, donde aparecen 4 botones:

1er. Botón: Muestra la información relativa al cálculo de la probabilidad y las acciones a seguir en función del resultado.

2do. Botón: Muestra la información de los parámetros clínico-patológicos de historial.

3er. Botón: Muestra la información del resultado obtenido de la biopsia y si el paciente se la ha realizado además de tratamientos recomendados.

4to. Botón: Muestra la información de la prostatectomía, si el paciente se ha sometido a la operación.

En las Figuras 37 podemos consultar el resultado de realizar una predicción mientras que en la Figura 38 se muestra los cuatro botones de información.



Figura 37: Pantalla con información adicional

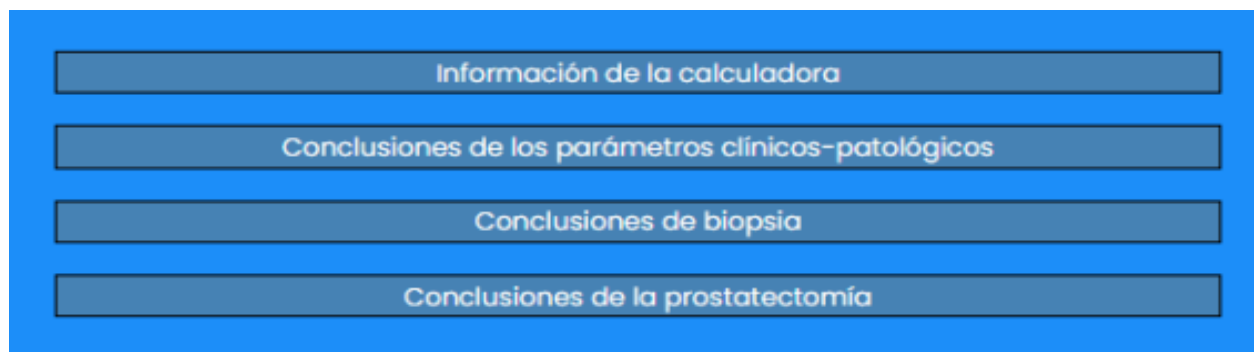


Figura 38: - Botones con la información de la calculadora y la historia

