

**UNIVERSIDAD NACIONAL AMAZÓNICA DE MADRE
DE DIOS**

FACULTAD DE INGENIERÍA

**ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE
SISTEMAS E INFORMÁTICA**



TESIS

**“Redes Neuronales Convolucionales para la detección de Bacilos de
Koch en el hospital Santa Rosa, 2025”**

**PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERO DE SISTEMAS
E INFORMÁTICA**

AUTOR(ES):

Bach. VELA QUISPE, Mariana

Bach. SAIRE RIMACHI, Vladimir
Wilber

ASESOR(A):

- Dr. HOLGADO APAZA, Luis Alberto

CO-ASESOR(A):

- M. Sc. PRIETO LUNA, Jaime Cesar

Puerto Maldonado, Agosto 2026

**UNIVERSIDAD NACIONAL AMAZÓNICA DE MADRE
DE DIOS**

FACULTAD DE INGENIERÍA

**ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE
SISTEMAS E INFORMÁTICA**



TESIS

**“Redes Neuronales Convolucionales para la detección de Bacilos de
Koch en el hospital Santa Rosa, 2025”**

**PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERO DE SISTEMAS
E INFORMÁTICA**

AUTOR(ES):

Bach. VELA QUISPE, Mariana

Bach. SAIRE RIMACHI, Vladimir
Wilber

ASESOR(A):

- Dr. HOLGADO APAZA, Luis Alberto

CO-ASESOR(A):

- M. Sc. PRIETO LUNA, Jaime Cesar

Puerto Maldonado, Agosto 2026

RST-RI_Ne redes neuronales convolucionales para la detección de bacilos de Koch en el hospital Santa Rosa, 2025

Informe de originalidad

2%	2%	3%	2%
Índice de similitud	Fuentes de Internet	Publicaciones	Trabajos del estudiante

Fuentes primarias

1	hdl.handle.net	1%
	Fuente de Internet	
2	Submitted to Universidad Nacional Amazonica de Madre de Dios	1%
	Trabajo del estudiante	

Excluir citas	Activo	Excluir coincidencias	< 1%
Excluir bibliografía	Activo		

DEDICATORIA

Dedicamos este trabajo de investigación, en primer lugar, a Dios, por brindarnos la fortaleza, la sabiduría y la perseverancia necesarias para culminar esta importante etapa de nuestras vidas.

A nuestros padres y familiares, quienes con su amor, apoyo incondicional, comprensión y constantes palabras de aliento fueron el pilar fundamental para seguir adelante, incluso en los momentos más difíciles.

A nuestros docentes y asesores, por compartir sus conocimientos, orientarnos durante el desarrollo de esta investigación y motivarnos a alcanzar nuestros objetivos académicos y profesionales.

Finalmente, dedicamos este logro a todas las personas que, de una u otra manera, contribuyeron a nuestra formación y nos impulsaron a no rendirnos. Este trabajo representa el esfuerzo, la constancia y el compromiso que compartimos para hacer realidad una meta más en nuestras vidas.

VELA QUISPE, Mariana

SAIRE RIMACHI, Vladimir
Wilber

AGRADECIMIENTO

Expresamos nuestro más sincero agradecimiento a Dios por guiarnos en cada etapa de este camino, brindándonos fortaleza, salud y sabiduría para superar los desafíos presentados durante el desarrollo de esta investigación.

Agradecemos a la Universidad Nacional Amazónica de Madre de Dios por habernos brindado la formación académica y los conocimientos necesarios para nuestro desarrollo profesional.

Nuestro especial reconocimiento a nuestros asesores de tesis, por su orientación, dedicación, paciencia y valiosos aportes, los cuales fueron fundamentales para la realización y culminación de este trabajo de investigación.

Asimismo, expresamos nuestro agradecimiento a los docentes que contribuyeron a nuestra formación profesional, compartiendo sus conocimientos y experiencias a lo largo de nuestra etapa universitaria.

Finalmente, agradecemos a nuestras familias y a todas las personas que, de manera directa o indirecta, nos brindaron su apoyo, comprensión y motivación constante para alcanzar esta meta académica.

VELA QUISPE, Mariana

SAIRE RIMACHI, Vladimir
Wilber

PRESENTACIÓN

De conformidad con el Reglamento de Grados y Títulos de la Universidad Nacional Amazónica de Madre de Dios, someto a consideración del jurado la tesis titulada: “REDES NEURONALES CONVOLUCIONALES PARA LA DETECCIÓN DE BACILOS DE KOCH EN EL HOSPITAL SANTA ROSA, 2025”, con el fin de optar el título profesional de Ingeniero de Sistemas e Informática.

La investigación aborda la necesidad de optimizar el diagnóstico de tuberculosis (TB) en la región, el cual se realiza actualmente de forma manual mediante baciloscopía convencional. Este proceso es laborioso, demanda un alto tiempo operativo y está sujeto a la fatiga visual del laboratorista. Para solucionar esta problemática, se desarrolló un sistema informático basado en Redes Neuronales Convolucionales utilizando arquitecturas YOLO (v8, v9 y v11) para automatizar la detección y el conteo de bacilos.

Los resultados obtenidos demuestran la eficacia de la solución, destacando el modelo YOLOv11 con una Precisión Media (AP) de 85.02% y una sensibilidad clínica del 100%. El trabajo se estructura en cuatro capítulos que detallan la formulación del problema, el marco teórico, la metodología de segmentación y el análisis estadístico de los resultados validados en el entorno hospitalario.

Finalmente, esta tesis se presenta como una herramienta tecnológica innovadora que busca fortalecer el diagnóstico de TB en el Hospital Santa Rosa y servir de base para futuras aplicaciones de inteligencia artificial en la salud pública regional.

RESUMEN

La presente investigación tuvo como propósito desarrollar un sistema informático basado en redes neuronales convolucionales para optimizar la detección y el conteo de bacilos de Koch en el Hospital Santa Rosa. El estudio surge ante la necesidad de modernizar el diagnóstico de tuberculosis (TB), el cual se realiza de forma manual mediante baciloscopía convencional, un procedimiento laborioso que demanda un promedio de 50 minutos por muestra y está sujeto a la fatiga visual y variabilidad subjetiva del laboratorista.

La metodología empleada fue de tipo aplicada, con un enfoque cuantitativo y un diseño transversal. La población y muestra estuvo conformada por 691 imágenes de campos microscópicos digitales, obtenidas de 15 muestras de esputo teñidas con la técnica de Ziehl–Neelsen y capturadas mediante una cámara adaptada a un microscopio óptico. Para el desarrollo de la solución, se utilizaron las arquitecturas de segmentación de instancias YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11, empleando herramientas como Python y SQLite.

El tratamiento de datos incluyó la verificación de supuestos de normalidad (Shapiro-Wilk) y homogeneidad de varianzas (Levene), seguidos de un ANOVA de un factor y una prueba post-hoc de Tukey. Los resultados mostraron que el modelo YOLOv11 alcanzó el desempeño más elevado con una Precisión Media (AP) de 85.02%, demostrando ser estadísticamente superior a la versión YOLOv8 (81.15%). Asimismo, las pruebas t de Student confirmaron que todos los modelos superaron significativamente el umbral de éxito del 80%. La validación clínica final arrojó una sensibilidad y especificidad del 100%. Se concluye que la implementación de esta tecnología constituye una herramienta válida y precisa que estandariza el proceso, reduce tiempos de respuesta y fortalece el diagnóstico de TB en la región.

Palabras claves: Bacilo de Koch, tuberculosis, Redes Neuronales Convolucionales, YOLO, segmentación de instancias, Hospital Santa Rosa

ABSTRACT

The purpose of this research was to develop a computer system based on convolutional neural networks to optimize the detection and counting of Koch bacilli at Hospital Santa Rosa. The study arose from the need to modernize the diagnosis of tuberculosis (TB), which is currently performed manually through conventional bacilloscopy, a laborious procedure that takes an average of 50 minutes per sample and is subject to visual fatigue and subjective variability of the laboratory technician.

The methodology employed was of an applied type, with a quantitative approach and a cross-sectional design. The population and sample consisted of 691 digital microscopic field images, obtained from 15 sputum samples stained with the Ziehl–Neelsen technique and captured using a camera adapted to an optical microscope. For the development of the solution, YOLOv8, YOLOv9, and YOLOv11 instance segmentation architectures were utilized, using tools such as Python and SQLite.

Data processing included the verification of normality (Shapiro-Wilk) and homogeneity of variances (Levene) assumptions, followed by a one-way ANOVA and a Tukey post-hoc test. The results showed that the YOLOv11 model achieved the highest performance with an Average Precision (AP) of 85.02%, proving to be statistically superior to the YOLOv8 version (81.15%). Additionally, Student's t-tests confirmed that all models significantly exceeded the 80% success threshold. The final clinical validation yielded a sensitivity and specificity of 100%. It is concluded that the implementation of this technology constitutes a valid and precise tool that standardizes the process, reduces response times, and strengthens TB diagnosis in the region.

Keywords: Koch bacillus, tuberculosis, Convolutional Neural Networks, YOLO, instance segmentation, Hospital Santa Rosa.

INTRODUCCIÓN

La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa bacteriana causada por una bacteria llamada *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) o bacilo de Koch el cual afecta principalmente los pulmones, pero también puede afectar otros órganos (Santos et al. 2023). El bacilo de Koch es el agente responsable de la tuberculosis y se transmite de una persona infectada a otra a través del aire, principalmente cuando una persona infectada tose, estornuda o habla, liberando pequeñas gotas de saliva que contienen las bacterias (Dos Santos Reist et al. 2021). La TB puede causar síntomas como tos persistente, fiebre, sudoración nocturna, pérdida de peso y fatiga, y si no se trata adecuadamente, puede ser grave e incluso mortal (Andueza Orduna et al. 2000).

En cuanto a las formas de detectar la tuberculosis, se utilizan métodos como la microscopía convencional de esputo (CM), también conocida como baciloscopía, y la microscopía de fluorescencia (FM). La baciloscopía convencional continúa siendo la prueba más utilizada debido a su bajo costo y facilidad de implementación. Sin embargo, la identificación y el recuento manual de bacilos requieren la observación sistemática de múltiples campos microscópicos, lo que convierte el procedimiento en una tarea laboriosa e intensiva para el personal de laboratorio. Diversos estudios reportan que el proceso completo de análisis puede requerir, en promedio, alrededor de 50 minutos por muestra, dependiendo de factores como la calidad de la muestra, la carga bacilar y la experiencia del laboratorista (Shah et al. 2016). Por otro lado, aunque la microscopía de fluorescencia ofrece una mayor sensibilidad diagnóstica, su implementación en el sistema de salud pública local continúa siendo limitada debido a los elevados costos de adquisición y mantenimiento de los equipos, lo que dificulta su sostenibilidad en entornos regionales.

Aunque investigaciones internacionales han explorado el uso de la Inteligencia Artificial para la detección automatizada, la literatura actual presenta limitaciones al centrarse mayoritariamente en conjuntos de datos genéricos o entornos controlados de laboratorio. En este contexto, se identifica un vacío científico crítico respecto a la ausencia de sistemas automáticos de segmentación de bajo costo validados específicamente con

muestras reales del Hospital Santa Rosa. Esta investigación pretende cubrir dicha brecha mediante el uso de arquitecturas de última generación como YOLO, adaptando esta tecnología a la realidad operativa de la Amazonía peruana para reducir la carga operativa y la variabilidad subjetiva en el diagnóstico.

El trabajo se divide en cuatro capítulos: El capítulo uno detalla la descripción y formulación del problema, así como los objetivos del trabajo, las variables e hipótesis relacionadas a los problemas y objetivos. El capítulo dos detalla y muestra información sobre antecedentes de estudio similares a nuestra propuesta, así como el marco teórico fundamental para entender todo el estudio. El capítulo tres detalla el tipo y diseño de estudio, la población, muestra y la metodología propia propuesta para la elaboración de la investigación. Finalmente, el capítulo cuatro presenta el análisis de resultados obtenidos con los modelos YOLOv8, v9 y v11, validando la eficacia del sistema en el entorno hospitalario.

INDICE

DEDICATORIA	
AGRADECIMIENTO	
PRESENTACIÓN.....	
RESUMEN	
ABSTRACT	
INTRODUCCIÓN	
ÍNDICE DE TABLAS	
ÍNDICE DE FIGURAS	
CAPITULO I: PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN	1
1.1. Descripción del problema	1
1.2. Formulación del problema	3
1.2.1. Problema general	3
1.2.2. Problemas específicos	3
1.3. Objetivos.....	4
1.3.1. Objetivo general	4
1.3.2. Objetivos específicos.....	4
1.4. Variables.....	4
1.4.1. Variable Independiente.....	4
1.4.2. Variable Dependiente	4
1.5. Operacionalización de variables	4
1.6. Hipótesis.....	6
1.6.1. Hipótesis general.....	6
1.6.2. Hipótesis específicas.....	6
1.7. Justificación	6
1.8. Consideraciones éticas.....	7
CAPITULO II: MARCO TEÓRICO	8

2.1. Antecedentes de estudio	8
2.1.1. Antecedentes internacionales	8
2.1.2. Antecedentes nacionales	10
2.2. Marco teórico	12
2.2.1. Redes Neuronales	12
2.2.2. Tuberculosis	21
2.3. Definición de términos	30
CAPITULO III: METODOLOGÍA DE INVESTIGACIÓN	33
3.1. Tipo de estudio	33
3.2. Diseño del estudio	33
3.3. Población y muestra	34
3.3.1. Población	34
3.3.2. Muestra	34
3.4. Métodos y técnicas	35
3.4.1. Métodos	35
3.4.2. Técnicas	36
3.5. Tratamiento de los datos	36
CAPITULO IV: RESULTADOS DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN	38
4.1. Entendimiento del negocio	38
4.1.1. Determinación de objetivos del negocio	38
4.1.2. Evaluación de la situación	38
4.2. Entendimiento de los datos	39
4.2.1. Adquisición de los datos	39
4.2.2. Descripción de los datos	40
4.3. Preparación de los datos	41
4.3.1. Selección de datos	41
4.3.2. Preprocesamiento de los datos	42

4.4. Modelado.....	45
4.4.1. Entrenamiento	46
4.4.2. Métricas	49
4.4.3. Comparación gráfica.....	50
4.4.4. Promedio y desviación estándar	53
4.5. Despliegue	55
4.5.1. Análisis	55
4.5.2. Diseño de la solución.....	57
4.5.3. Desarrollo de la solución.....	59
4.6. Análisis inferencial.....	63
4.6.1. Nivel de significancia	63
4.6.2. Supuesto de normalidad	63
4.6.3. Supuesto de homogeneidad de varianzas.....	64
4.6.4. Análisis de Varianza (ANOVA) de un factor.....	65
4.6.5. Comparaciones múltiples (Prueba Post-hoc de Tukey)	66
4.6.6. Prueba de hipótesis específica 1	67
4.6.7. Prueba de hipótesis específica 2	68
4.6.8. Prueba de hipótesis específica 3	69
4.6.9. Hipótesis general	70
4.7. Evaluación de la validez diagnóstica del sistema.....	70
CONCLUSIONES	72
SUGERENCIAS.....	74
REFERENCIA BIBLIOGRÁFICA	75
ANEXOS.....	88

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Operacionalización de variables.....	
Tabla 2. Distribución del conjunto de datos.....	
Tabla 3. Rango de variación aplicada en cada hiperparámetro.	
Tabla 4. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V8.	
Tabla 5. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V9.	
Tabla 6. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V11.	
Tabla 7. Promedio y desviación estándar por cada métrica de las 3 versiones de YOLO.....	
Tabla 8. Requisitos funcionales.....	
Tabla 9. Requisitos no funcionales.....	
Tabla 10. Prueba de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro-Wilk para la variable Precisión Media (AP).	
Tabla 11: Resultados de la prueba de homogeneidad de varianzas.....	
Tabla 12: Resultados de la prueba ANOVA de un factor para la métrica Precisión Media (AP)	
Tabla 13: Resultados de la prueba de comparaciones múltiples de Tukey HSD para la métrica Precisión Media (AP).....	
Tabla 14. Resultados de la Prueba t de Student para la muestra del modelo Yolo v8.....	
Tabla 15. Resultados de la Prueba t de Student para la muestra del modelo Yolo v9.....	
Tabla 16. Resultados de la Prueba t de Student para la muestra del modelo Yolo v11.....	
Tabla 17. Resultados de la validez diagnóstica del sistema.....	

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Ejemplo de arquitectura de una red neuronal
Figura 2.	Ejemplo de neurona artificial.....
Figura 3.	Arquitectura de un perceptrón.....
Figura 4.	Arquitectura del perceptrón multicapa.....
Figura 5.	Arquitectura del funcionamiento de una RNC.
Figura 6.	Ejemplo de la aplicación de un Kernel.
Figura 7.	Arquitectura de las capas de una Red Neuronal Convolucional.
Figura 8.	Arquitectura de la transferencia de aprendizaje.....
Figura 9.	Matriz de confusión.
Figura 10:	Baciloscopia.....
Figura 11.	Cultivo de bacilos.....
Figura 12.	Reacción de Tuberculina PPD.
Figura 13.	Tinción con Auramina.
Figura 14.	Tinción de Ziehl-Neelsen.
Figura 15.	Marco de trabajo para la detección de Bacilos de Koch.
Figura 16.	Una cruz (+).
Figura 17.	Dos cruces (++).....
Figura 18.	Tres cruces (+++).....
Figura 19.	Total de imágenes obtenidas inicialmente.
Figura 20.	Campo con bacilos segmentados.
Figura 21.	División del conjunto de datos.
Figura 22.	Cantidad final de imágenes obtenidas.
Figura 23.	Estructura del entrenamiento.
Figura 24.	Matriz de confusión de YOLOv8.
Figura 25.	Matriz de confusión de YOLOv9.
Figura 26.	Matriz de confusión de YOLOv11.
Figura 27.	Diagrama de caso de uso.
Figura 28.	Diagrama de actividad para captura de imagen.....
Figura 29.	Diagrama de actividad para la generación de reporte.....
Figura 30.	Interfaz de registro de paciente.....
Figura 31.	Interfaz de captura de campos.....
Figura 32.	Campos tomados para segmentación.....

Figura 33. Campos segmentados por el modelo entrenado.

CAPITULO I: PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

1.1. Descripción del problema

El informe de la Organización Mundial de la Salud (OMS) correspondiente al año 2022 señaló que la tuberculosis ocupó el segundo lugar entre las enfermedades infecciosas con mayor mortalidad a nivel mundial, después de la COVID-19. Se estimó que aproximadamente 10.6 millones de personas contrajeron tuberculosis y que 1.3 millones fallecieron a causa de esta enfermedad (Bagcchi 2023). En la región de las Américas, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) reportó para el mismo año alrededor de 325 000 nuevos casos y un total de 35 000 fallecimientos relacionados con esta enfermedad (OPS 2023).

En el Perú se registran aproximadamente 27 000 nuevos casos de tuberculosis activa cada año. De acuerdo con el Ministerio de Salud (MINSA), el país presenta una de las incidencias más altas de tuberculosis en la región de las Américas, concentrándose el 57 % de los casos en Lima Metropolitana y el Callao (MINSA 2022).

En la región Madre de Dios, el informe de la Dirección Regional de Salud (DIRESA) reportó que durante el año 2023 se registraron 364 casos de tuberculosis en todas sus formas, alcanzando una tasa de incidencia de 182.3 casos por cada 100 000 habitantes. Asimismo, se reportaron 279 casos de tuberculosis pulmonar con resultado positivo mediante pruebas de frotis de esputo (DIRESA 2024). Aunque existen métodos diagnósticos más avanzados, como la microscopía de fluorescencia (FM), que ofrece una mayor sensibilidad que la microscopía convencional, su implementación en el

sistema de salud pública regional continúa siendo limitada debido a los elevados costos de adquisición, mantenimiento y operación de los equipos. En consecuencia, la baciloscopía convencional sigue siendo el método de diagnóstico más utilizado en establecimientos de salud de la región.

Las redes neuronales convolucionales (CNN) constituyen modelos computacionales inspirados en el funcionamiento del cerebro humano, diseñados para procesar información representada en matrices bidimensionales, tridimensionales o n-dimensionales (Chua y Roska 1993). Gracias a su capacidad para reconocer patrones complejos, estas redes se han aplicado exitosamente en diferentes áreas de la medicina, como la detección de cáncer de mama (Desai y Shah 2021), la identificación de COVID-19 mediante radiografías de tórax (Heidari et al. 2020) y la detección de neumonía a partir de imágenes radiográficas (Rahman et al. 2020).

En el diagnóstico de la tuberculosis mediante baciloscopía, la identificación y el recuento manual de bacilos requieren la observación sistemática de múltiples campos microscópicos, convirtiéndose en un procedimiento laborioso e intensivo para el personal de laboratorio. Diversos estudios reportan que el proceso completo de análisis puede requerir, en promedio, alrededor de 50 minutos por muestra, dependiendo de factores como la calidad de la muestra, la carga bacilar y la experiencia del laboratorista (Shah et al. 2016). Además, la observación prolongada a través del microscopio puede ocasionar fatiga visual, disminución del rendimiento y mayor variabilidad en la interpretación de los resultados.

Frente a esta problemática, diversas investigaciones han empleado redes neuronales convolucionales para automatizar la detección de *Mycobacterium tuberculosis* en imágenes de baciloscopía (Aulia et al. 2024; Ayma et al. 2013; Serrao et al. 2020; Khutlang et al. 2010). Estos estudios demuestran el potencial de la inteligencia artificial para apoyar el diagnóstico de tuberculosis; sin embargo, la mayoría fue desarrollada utilizando conjuntos de datos públicos o muestras obtenidas en condiciones diferentes a la realidad operativa del Hospital Santa Rosa. Asimismo, se emplearon arquitecturas distintas a las evaluadas en la presente investigación, lo que evidencia la

necesidad de validar modelos de última generación con datos reales obtenidos en el contexto amazónico peruano.

En este contexto, la principal brecha de investigación identificada radicó en la ausencia de sistemas automáticos de segmentación de bajo costo validados específicamente con muestras reales del Hospital Santa Rosa. Por ello, la presente investigación desarrolló un sistema informático basado en arquitecturas YOLO para la detección automática de bacilos de Koch en muestras de esputo. El sistema tuvo como propósito apoyar el trabajo del laboratorista, mejorar la rapidez y consistencia del diagnóstico, reducir la carga operativa y disminuir la variabilidad inherente al análisis manual, constituyéndose como una herramienta de apoyo al diagnóstico clínico y no como un reemplazo del profesional de salud.

1.2. Formulación del problema

1.2.1. Problema general

¿Cuál es el nivel de Precisión Media (AP) en la detección de bacilos de Koch utilizando un sistema informático con redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa?

1.2.2. Problemas específicos

- ¿Cuál es el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa?
- ¿Cuál es el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa?
- ¿Cuál es el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa?

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general

Determinar el nivel de Precisión Media (AP) en la detección de bacilos de Koch utilizando un sistema informático con redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa.

1.3.2. Objetivos específicos

- Determinar el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa.
- Determinar el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa.
- Determinar el nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa.

1.4. Variables

1.4.1. Variable Independiente

Redes neuronales convolucionales.

1.4.2. Variable Dependiente

Detección de bacilos de Koch.

1.5. Operacionalización de variables

Tabla 1. Operacionalización de variables

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensiones	Indicadores
Variable independiente	Redes neuronales convolucionales	La variable se medirá mediante una ficha de registro para evaluar las redes neuronales mediante las métricas señaladas.	YOLOv11	- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
				- Precisión media (AP)
				- Precisión media promedio (mAP)
			YOLOv9	- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
				- Precisión media (AP)
				- Precisión media promedio (mAP)
			YOLOv8	- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
				- Precisión media (AP)
				- Precisión media promedio (mAP)
Variable dependiente	La detección del Bacilo de Koch se refiere a la identificación de la población de los bacilos de tuberculosis en el esputo (Romo Romero et al. 2007)	La variable de detección de Bacilos de Koch se medirá a través de parámetros de evaluación de pruebas de diagnóstico clínico y de laboratorio mediante una ficha de registro.	Sensibilidad de la detección de bacilos de koch	- Tasa de Sensibilidad
	Según la Organización Panamericana de la Salud, los parámetros que indican la validez de una prueba de diagnóstico de TB son: Sensibilidad y Especificidad (Barrera et al. 2018).		Especificidad de la detección de bacilos de koch	- Tasa de Especificidad

1.6. Hipótesis

1.6.1. Hipótesis general

El nivel de Precisión Media (AP) en la detección de bacilos de Koch utilizando las redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa será mayor que el 80%.

1.6.2. Hipótesis específicas

- El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80%.
- El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80%.
- El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de Koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80%.

1.7. Justificación

La tuberculosis es una de las enfermedades infecciosas más graves y mortales a nivel global (Shao et al. 2021; Herrera M. 2020). De acuerdo con (Ruperti-Macias y Cañarte-Vélez 2024) la baciloscopia permite una detección temprana en muestras de esputo, siendo uno de los métodos más usados para su detección. La investigación se realiza porque las innovaciones en herramientas de Redes Neuronales Convolucionales pueden optimizar el proceso para el diagnóstico de tuberculosis (Curioso y Brunette 2020). Según (Silva Carnero 2021), se destacan por su capacidad para extraer características espaciales de imágenes o frames de un video, en la detección de bacilos de Koch.

La investigación planteada contribuirá a generar una base en las investigaciones que hacen uso de las Redes Neuronales Convolucionales para su aplicación en la detección de la tuberculosis.

El estudio busca mejorar la detección de tuberculosis mediante la implementación de RNC, optimizando el trabajo del laboratorista al reducir

tiempos de diagnóstico. Esto permitirá intervenciones médicas más rápidas, disminuyendo el riesgo de transmisión y beneficiando la salud pública.

Así mismo, se propone un enfoque riguroso para entrenar y evaluar modelos de RNC en baciloscopias. Este esquema se sustenta en alcanzar un nivel de Precisión Media (AP) superior al 80%, umbral crítico establecido para asegurar que el sistema actúe como una herramienta de apoyo confiable. El criterio de desempeño superior al 80% se definió considerando que la detección de bacilos de *Mycobacterium tuberculosis* constituye un problema complejo de detección de objetos pequeños (Nikouei et al. 2025; Hua y Chen 2025). La literatura especializada en visión por computadora reconoce que los objetos de dimensiones reducidas representan uno de los desafíos más críticos, ya que la métrica de Precisión Media (AP) es altamente sensible a los errores de localización en estas escalas (Borji, Ai y Francisco 2022; Chandrashekhar et al. 2025).

Dicho estándar servirá como guía para futuros estudios, asegurando que la replicabilidad y eficacia de los métodos aplicados se traduzcan en una mejora tangible de la capacidad diagnóstica hospitalaria.

1.8. Consideraciones éticas

La presente investigación fue desarrollada cumpliendo la ética profesional, los estudios previos fueron citados de acuerdo con las normas ISO-690. Los investigadores se comprometieron a la confidencialidad de la información proporcionada por el personal del Hospital Santa Rosa en el marco de la implementación del estudio.

CAPITULO II: MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes de estudio

2.1.1. Antecedentes internacionales

Li et al. (2023), en su investigación titulada "Identification Of Imaging Features Of Diabetes Mellitus And Tuberculosis Based On YOLOv8x Model Combined With RepEca Network Structure", abordaron la interacción preocupante entre la tuberculosis y la diabetes mellitus. Con el propósito de mejorar la detección automática de lesiones asociadas con estas enfermedades, se desarrollaron y optimizaron varios modelos de algoritmos de aprendizaje profundo, incluyendo YOLOv5, YOLOv8x, Faster R-CNN y Mask R-CNN. Tras entrenarlos con imágenes médicas, se seleccionó el modelo YOLOv8x basado en la estructura de red RepEca y el mecanismo de atención ESE, demostrando una mejora significativa en la identificación de características de lesiones, con un valor métrico F1 del 71,19%. Estos resultados sugieren que el modelo propuesto tiene el potencial de mejorar la precisión del diagnóstico y el tratamiento de pacientes afectados por tuberculosis y diabetes mellitus, proporcionando una herramienta efectiva para los profesionales de la salud en la toma de decisiones clínicas.

An et al. (2022), presentaron en su estudio titulado "Automated Detection of Tuberculosis Bacilli Using Deep Neural Networks with Sputum Smear Images" un enfoque para la detección automatizada de bacilos de tuberculosis utilizando redes neuronales profundas. Se mejoró el algoritmo YOLOv5 (DA-YOLO) para lograr una detección precisa y rápida de *Mycobacterium tuberculosis* en imágenes de esputo. Mediante la incorporación de bloques de

atención coordinada y autoatención, el modelo alcanzó una precisión general del 87.6%, superando a los métodos actuales. Este enfoque tiene el potencial de mejorar significativamente el diagnóstico asistido por computadora de la tuberculosis.

Dos Santos et al. (2024), en su investigación titulada “KochDet: BiFPN-based deep architecture for tuberculosis diagnosis”, cuyo objetivo fue asistir en el diagnóstico de la tuberculosis a través del desarrollo de un método automático para la identificación de Mtb en imágenes. La investigación contó con los siguientes procesos: (1) Obtención del conjunto de datos de imágenes SSM, (2) Aplicación de preprocesamiento de imágenes con cuatro esquemas de colores, (3) Realización de los experimentos con EfficientDet y sus Backbones. Los autores concluyeron que el método de detección desarrollado obtuvo un rendimiento competitivo con sus siguientes resultados: mAP de 0.650, IoU de 0.523, Sensibilidad de 0.925, una precisión de 0.694 y una Puntuación F1 de 0.774.

Mithra y Sam Emmanuel (2021), propusieron en su estudio titulado “GFNN: Gaussian-Fuzzy-Neural network for diagnosis of tuberculosis using sputum smear microscopic images” una red Gaussiana-Fuzzy-Neural (GFNN), que combinó el modelo de mezcla gaussiana (GMM) con la red difusa y neuronal para la detección de TB. En su metodología, la imagen microscópica de frotis de esputo se transformó inicialmente al espacio de color, aplicando un umbral para obtener la segmentación. Luego, se extrajeron características de textura para una clasificación basada en GFNN, que distingue entre pocos bacilos, no bacilos y bacilos superpuestos, clasificando nuevamente los bacilos superpuestos para determinar su número exacto. La experimentación utilizó la base de datos Zeihl-Neelson (ZN) de imágenes de frotis de esputo. Los resultados experimentales mostraron que el modelo GFNN logró un rendimiento superior con una precisión de segmentación (SA) de 0.91379, un error cuadrático medio (MSE) de 0.04596 y un recuento faltante (MC) de 1.55714, sugiriendo que la combinación del modelo de mezcla gaussiana con la red difusa y neuronal ofrece una solución robusta y precisa para la detección de TB.

Chang et al. (2020), en su investigación titulada "Two-stage classification of tuberculosis culture diagnosis using convolutional neural network with transfer learning", desarrollaron un sistema de diagnóstico asistido por computadora para acelerar el diagnóstico de tuberculosis (TB). Se utilizó una red neuronal convolucional y aprendizaje profundo para clasificar las imágenes de la prueba de cultivo de TB, que es el estándar de oro en el diagnóstico de TB. Dado que el conjunto de datos fue pequeño y desequilibrado, se aplicó un enfoque de transferencia de aprendizaje. Además, como el recuerdo de la clase no negativa es una métrica importante para esta aplicación, se propuso un método de clasificación de dos etapas para mejorar los resultados. Los resultados experimentales en un conjunto de datos real de pruebas de cultivo de TB (1727 muestras con 16,503 imágenes del Hospital General de Tao-Yuan, Taiwán) mostraron que el método propuesto puede lograr una precisión del 99% y un recuerdo del 98% en la clase no negativa.

Del Carpio et al. (2019), en su trabajo "An algorithm for detection of Tuberculosis bacilli in Ziehl-Neelsen sputum smear images", propusieron un algoritmo para detectar bacilos de tuberculosis en imágenes digitales de muestras de esputo teñidas con Ziehl-Neelsen, utilizando los métodos de preparación directo, pellet y pellet diluido. El algoritmo mejoró el contraste, umbral de la imagen, segmenta y etiqueta los bacilos, y utiliza descriptores geométricos y fotométricos para entrenar una máquina de soporte vectorial (SVM). Con 225 imágenes para entrenamiento, el algoritmo alcanzó sensibilidades de 93.67%, 92.13% y 92.81%, y especificidades de 89.23%, 82.58% y 83.61% para los métodos directo, pellet y pellet diluido, respectivamente. Estos resultados sugieren que el algoritmo puede mejorar significativamente el diagnóstico automatizado de tuberculosis.

2.1.2. Antecedentes nacionales

Ticona Huaroto (2017), en su estudio "Análisis de características de forma del bacilo de Koch para detección automática de tuberculosis en imágenes digitales", propuso identificar bacilos en imágenes digitales de microscopio. Se almacenaron y etiquetaron imágenes de bacilos y artefactos, y se analizó el espectro de magnitudes de los descriptores de Fourier para seleccionar los

más adecuados. Mediante el método de selección de características hacia atrás, se identificaron 14 descriptores clave. Un programa diseñado para procesar 480 estructuras logró un 96.86% de acierto, 100% de sensibilidad y 91.47% de especificidad. Los resultados indicaron que es posible agilizar el diagnóstico de tuberculosis con técnicas de procesamiento de imágenes digitales.

Dianderas Caut (2018), propuso en su investigación "Un algoritmo de detección de bacilos de Koch en imágenes de baciloscopia fluorescente basado en máquina de soporte vectorial para telediagnóstico" el desarrollo de algoritmos computacionales capaces de procesar imágenes de esputo obtenidas por microscopía fluorescente para detectar bacilos de Koch, independientemente del método de preparación de muestras o el ambiente. Se emplearon imágenes obtenidas por microscopía fluorescente, se desarrollaron algoritmos para eliminar objetos no deseados y se utilizaron descriptores (momentos de Hu, descriptores geométricos y fotométricos) para entrenar una máquina de soporte vectorial (SVM) que pudiera discernir si un objeto es un bacilo. Dos tecnólogos médicos validaron aproximadamente mil objetos candidatos, logrando porcentajes de sensibilidad y especificidad superiores al 90%. Estos resultados sugieren que el sistema propuesto podría mejorar significativamente la calidad del diagnóstico de TB y apoyar la toma de decisiones de los tecnólogos médicos.

Sato Yamada (2013), propuso en su investigación "Microscopio automatizado: conteo de bacilos de tuberculosis" desarrollar un algoritmo automatizado para detectar y contar bacilos de tuberculosis en imágenes de muestras de esputo, utilizando técnicas de procesamiento de imágenes digitales. Se exploraron diferentes espacios de color y se implementó una técnica de umbralización adaptativa para la segmentación de los bacilos. Además, se diseñó un árbol de clasificación para distinguir entre bacilos y no-bacilos. El algoritmo logró niveles de sensibilidad, especificidad y exactitud superiores al 90%, con un tiempo de ejecución promedio de aproximadamente 9 segundos por campo de visión. La implementación exitosa en un microscopio automatizado sugiere su potencial para mejorar el diagnóstico de tuberculosis en tiempo real,

sirviendo como base para futuras investigaciones en la automatización del proceso diagnóstico de la enfermedad.

2.2. Marco teórico

2.2.1. Redes Neuronales

Las redes neuronales pueden ser definidas de diversas maneras: Como una forma de computación innovadora inspirada en modelos biológicos. Un modelo matemático que consiste en numerosos elementos procesales organizados en niveles. Un sistema de computación compuesto por elementos simples altamente interconectados, que procesan información dinámicamente en respuesta a entradas externas (Jorge Matich 2001). Y en redes interconectadas en paralelo, compuestas por elementos simples adaptativos y organizadas jerárquicamente, que imitan la interacción del sistema nervioso biológico con objetos del mundo real. La Figura 1 muestra la arquitectura de una red neuronal.

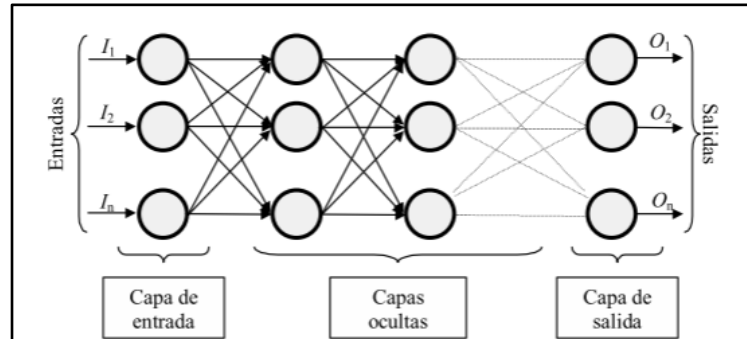


Figura 1. Ejemplo de arquitectura de una red neuronal, por Jorge Matich 2001.

Neurona artificial

Entidad computacional fundamental en el contexto de las redes neuronales artificiales. Similar a las neuronas biológicas, una neurona artificial tiene un estado interno, conocido como nivel de activación, que puede cambiar en respuesta a las señales que recibe. Estas señales son ponderadas y sumadas, y luego pasan por una función específica llamada función de activación. La función de activación determina cómo se modifica el nivel de activación de la neurona artificial en función de las entradas recibidas, y es

crucial para la capacidad de la neurona para procesar información y generar salidas adecuadas dentro de una red neuronal artificial (Jorge Matich 2001). La Figura 2 muestra la arquitectura de una neurona artificial.

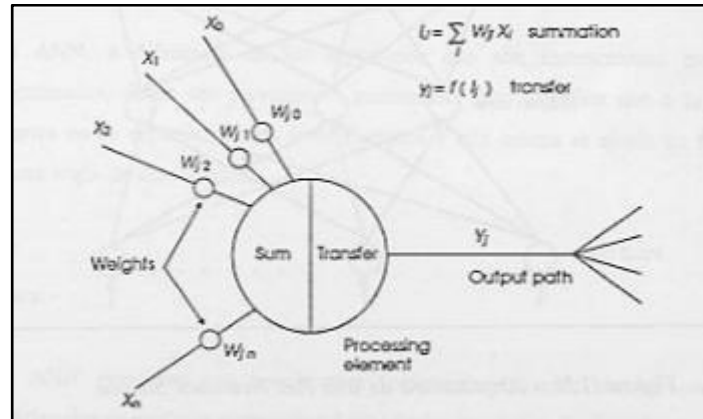


Figura 2. Ejemplo de neurona artificial, por Olabe 2008.

Perceptrón

Modelo de clasificación automática. El perceptrón es un sistema que, a partir de un conjunto de ejemplos de diferentes clases, aprende a determinar las fronteras de decisión entre estas clases. Estas fronteras son ecuaciones de superficies que separan las clases en el espacio de características (Isasi Viñuela y Galván León 2004). El perceptrón utiliza la información contenida en los ejemplos de entrenamiento para ajustar sus pesos y umbrales internos, de modo que pueda clasificar correctamente nuevos ejemplos que no formaron parte del entrenamiento. Actúa como un discriminador que, al final del proceso de entrenamiento, puede asignar una clase a cualquier nuevo ejemplo basándose en las características que extrae de él. La Figura 3 muestra la arquitectura de un perceptrón.

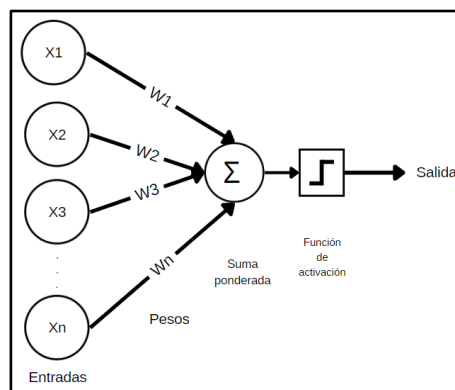


Figura 3. Arquitectura de un perceptrón.

Perceptrón multicapa

Un perceptrón multicapa (MLP) es una red neuronal artificial que extiende el modelo de perceptrón simple al incluir múltiples capas de neuronas organizadas jerárquicamente. A diferencia del perceptrón simple, que solo tiene una capa de entrada y una de salida, el MLP incorpora una o más capas ocultas entre la entrada y la salida. El aprendizaje se realiza mediante el algoritmo de retro propagación del error, que ajusta los pesos de las conexiones para minimizar los errores (Isasi Viñuela y Galván León 2004). Los MLP se utilizan para resolver problemas de clasificación, regresión y reconocimiento de patrones en diversas áreas. La Figura 4 muestra la arquitectura de una red neuronal con sus capas.

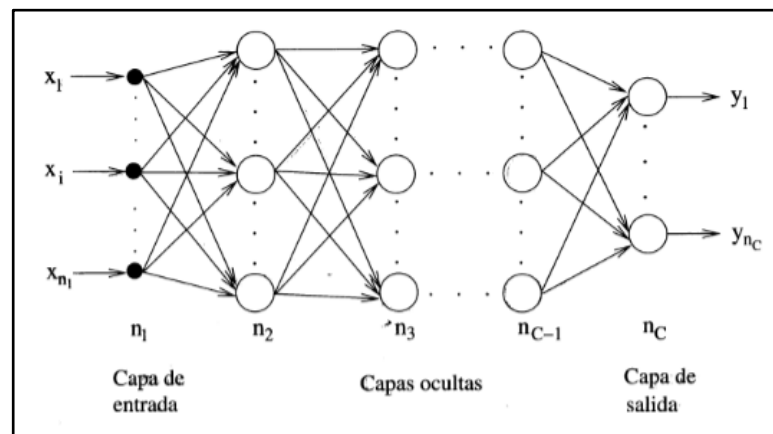


Figura 4. Arquitectura del perceptrón multicapa, por Isasi Viñuela y Galván León 2004.

Redes Neuronales Convolucionales

Inspiración de la corteza visual y que adoptan la arquitectura de redes neuronales multicapa de perceptrón (DMLP), pero con la diferencia de que cada neurona se conecta solo a un área local de la siguiente capa. Esta estructura jerárquica permite ensamblar patrones complejos a partir de patrones simples. Las CNNs utilizan el operador matemático de convolución para realizar operaciones complejas de manera más sencilla (Sarmiento Ramos 2020). Los datos de entrada se convolucionan con diferentes filtros que comparten los mismos parámetros, reduciendo así la cantidad de parámetros del algoritmo. Las principales aplicaciones de las CNNs son en

tareas de visión artificial, como la clasificación y segmentación de imágenes. La Figura 5 muestra la arquitectura de una Red Neuronal Convolutiva.

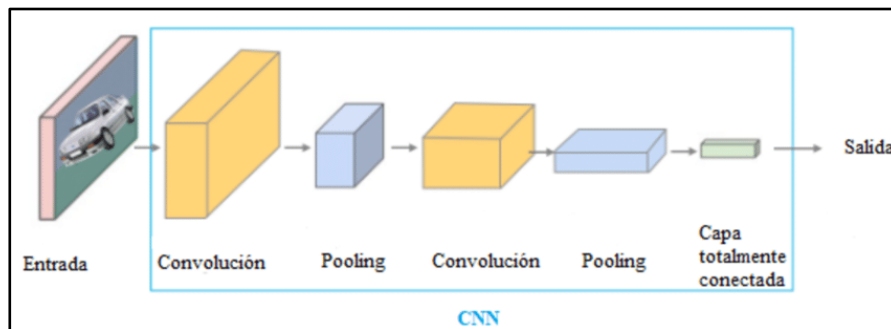


Figura 5. Arquitectura del funcionamiento de una red neuronal convolutiva, por Sarmiento Ramos 2020.

Funciones de activación

Una función de activación calcula el estado de actividad de una neurona transformando la entrada global (menos un umbral) en un valor de activación. Este valor, que suele estar entre 0 y 1 o entre -1 y 1, determina si la neurona está activa o inactiva. Las funciones de activación más comunes son la lineal, sigmoidea y tangente hiperbólica (Jorge Matich 2001).

Kernels

Un kernel también conocido como filtro, es una pequeña matriz de números (pesos) que se desliza sobre la entrada como una imagen para realizar operaciones matemáticas. Cada posición del kernel sobre la entrada genera un valor en una nueva matriz llamada "mapa de características" o "mapa de activación", que representa la presencia de ciertas características en la entrada (Jorge Matich 2001). La Figura 6 muestra la aplicación de un Kernel en una matriz de entrada.

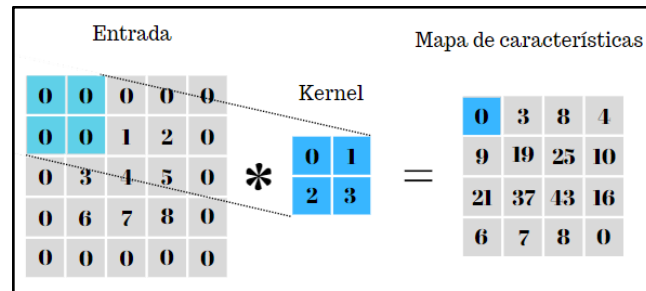


Figura 6. Ejemplo de la aplicación de un Kernel.

Capa de entrada

Es la primera capa de la red neuronal que recibe directamente la información proveniente de fuentes externas. Esta capa no realiza ningún procesamiento, solo pasa la información a las capas siguientes (Jorge Matich 2001).

Capas ocultas

Las capas internas de la red que no tienen contacto directo con el entorno exterior. El número de capas ocultas puede variar desde cero hasta varios niveles, dependiendo de la complejidad de la red. Las neuronas en estas capas pueden estar interconectadas de diferentes maneras, lo que define la topología de la red. Las capas ocultas son responsables de la mayor parte del procesamiento y la extracción de características (Jorge Matich 2001).

Capa de salida

La última capa de la red neuronal que transfiere la información procesada desde las capas ocultas hacia el exterior. Esta capa genera las predicciones o resultados finales de la red (Jorge Matich 2001). La Figura 7 muestra las capas de una Red Neuronal Convolutiva.

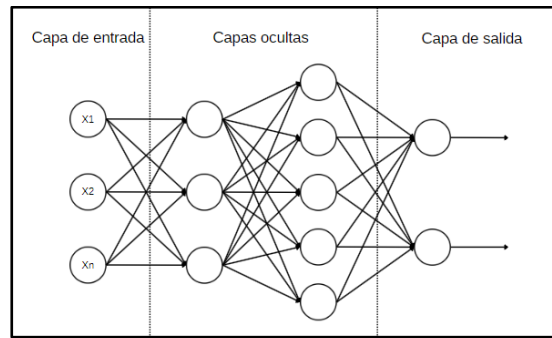


Figura 7. Arquitectura de las capas de una Red Neuronal Convolutional.

Transfer Learning

Técnica en el ámbito del aprendizaje automático y profundo que aprovecha el conocimiento obtenido de una tarea y su conjunto de datos para mejorar el rendimiento y disminuir los costos de aprendizaje en una nueva tarea. Esta estrategia es especialmente valiosa cuando no se cuenta con una gran cantidad de datos etiquetados, indispensables para entrenar modelos de aprendizaje profundo desde el principio (Iman et al. 2023). La Figura 8 muestra la arquitectura de la transferencia de aprendizaje.

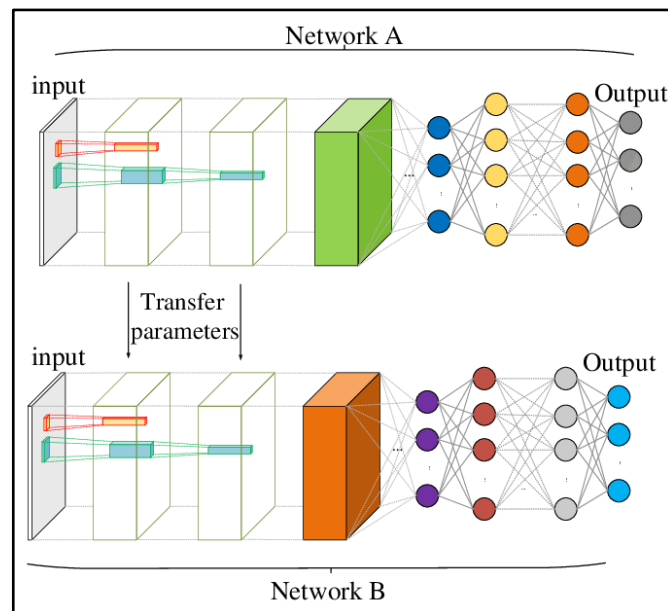


Figura 8. Arquitectura de la transferencia de aprendizaje, por Iman et al. 2023.

Ajuste de Hiperparámetros (Hyperparameter Tuning)

El ajuste de hiperparámetros es el proceso de selección de los valores óptimos para los parámetros que rigen el proceso de aprendizaje del modelo, los

cuales no se aprenden directamente de los datos durante el entrenamiento. Esta técnica busca encontrar el equilibrio adecuado entre la complejidad del modelo y su capacidad de generalización, evitando el sobreajuste (Claesen y De Moor 2015). En modelos de visión artificial como YOLO, el ajuste de parámetros como la paciencia (patience), las variaciones cromáticas (hsv) y el desplazamiento (translate) permite que la red neuronal sea más robusta ante las variaciones morfológicas y de color de los bacilos de Koch) (ultralitics 2025).

Métricas de evaluación

Las métricas de evaluación son esenciales en problemas de clasificación, ya que permiten comparar diferentes algoritmos de Machine Learning y Deep Learning. Estas métricas facilitan la selección del algoritmo más adecuado según el objetivo de la investigación, asegurando que el algoritmo elegido ofrezca el mejor rendimiento para las necesidades específicas del estudio (Borja-Robalino et al. 2020).

Matriz de confusión

Es una Tabla de frecuencias en la que las filas representan las clases predichas y las columnas las clases reales (Borja-Robalino et al. 2020). Los verdaderos positivos y verdaderos negativos son clasificaciones correctas que coinciden con su clase, mientras que los falsos positivos y falsos negativos son clasificaciones incorrectas que no coinciden con su clase real. Así mismo se puede usar para calcular otras métricas (Erickson y Kitamura 2021). La Figura 9 muestra la matriz de confusión para un problema de clasificación binaria.

Valores de predicción	(VP) Verdadero positivo	(FN) Falso negativo
	(FP) Falso positivo	(VN) Verdadero negativo
Valores reales		

Figura 9. Matriz de confusión.

Donde:

- **VP** es la cantidad de positivos que fueron clasificados correctamente como positivos por el modelo.
- **VN** es la cantidad de negativos que fueron clasificados correctamente como negativos por el modelo.
- **FN** es la cantidad de positivos que fueron clasificados incorrectamente como negativos.
- **FP** es la cantidad de negativos que fueron clasificados incorrectamente como positivos.

Exactitud

Es una métrica utilizada para evaluar la efectividad de un algoritmo de clasificación. Se calcula como la proporción de predicciones correctas (tanto verdaderos positivos como verdaderos negativos) sobre el total de predicciones realizadas. Aunque es fácil de calcular y entender, su desventaja es que puede no ser una medida adecuada en escenarios con clases desbalanceadas, ya que puede dar una falsa impresión de rendimiento elevado (Borja-Robalino et al. 2020). En la ecuación (1) se muestra la definición formal de la métrica de Exactitud.

$$Exactitud = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (1)$$

Recall

Es una métrica en clasificación que mide la capacidad de un algoritmo para identificar correctamente las instancias positivas. Como la proporción de verdaderos positivos respecto al total de instancias realmente positivas. En otras palabras, la sensibilidad evalúa cuán eficaz es un modelo para detectar las instancias positivas (Borja-Robalino et al. 2020). En la ecuación (2) se muestra la definición formal de la métrica de Sensibilidad.

$$Recall = \frac{VP}{VP + FN} \quad (2)$$

Puntuación F1

Métrica utilizada que combina la precisión y la sensibilidad calculando la media armónica de estas dos métricas (Borja-Robalino et al. 2020). En la ecuación (3) se muestra la definición formal de la métrica de Puntuación F1.

$$PF1 = 2 * \frac{Precisión * Sensibilidad}{Precisión + Sensibilidad} \quad (3)$$

Intersección sobre la unión (IoU)

La intersección sobre la Unión (IoU) es una métrica utilizada para evaluar la precisión de la superposición entre dos conjuntos de píxeles: la máscara predicha por un modelo y la máscara real o de referencia. Se calcula dividiendo el número de píxeles comunes entre ambas máscaras (intersección) por el número total de píxeles presentes en ambas (unión). Un valor de IoU más alto indica una mejor coincidencia y, por lo tanto, una mayor precisión del modelo (Astudillo Delgado y Revelo Luna 2021). En la ecuación (4) se muestra la definición formal de la métrica de Intersección sobre la unión.

$$IoU = \frac{\text{Área de la intersección}}{\text{Área de la unión}} \quad (4)$$

Precisión media (PA)

Refleja la relación entre la precisión y la sensibilidad a lo largo de diferentes umbrales de confianza. Evalúa la habilidad del modelo de detección para diferenciar entre clases positivas y negativas. Se obtiene a partir de la curva de Precisión-Sensibilidad (PS Curva). Su valor oscila entre 0 y 1, donde un AP de 1 representa una detección perfecta y un AP de 0 indica una detección aleatoria. Matemáticamente, se calcula como el área bajo la curva de Precisión-Sensibilidad (Holgado-Apaza et al. 2024). La ecuación (5) muestra la definición formal de la métrica de precisión media.

$$AP = \int_0^1 P_i(R_i) dR_i \quad (5)$$

Precisión media promedio (mAP)

Esta métrica se determina al promediar los valores de Precisión Media (AP) para cada clase en el conjunto de datos. Su valor varía entre 0 y 1, donde un valor de 1 representa un rendimiento perfecto, es decir, todas las detecciones son correctas y no existen falsos positivos ni falsos negativos (Holgado-Apaza et al. 2024). La ecuación (6) muestra la definición formal de la métrica de precisión media promedio (mAP).

$$mAP = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n AP_i \quad (6)$$

2.2.2. Tuberculosis

La tuberculosis, causada por *Mycobacterium tuberculosis* o bacilo de Koch, mayormente afecta los pulmones, conocida como tuberculosis pulmonar, la

forma más prevalente globalmente (MINSA 2006). Los síntomas incluyen tos con expectoración, pérdida de peso, fiebre, sudoración, cansancio, dolor torácico, dificultad respiratoria y hemoptisis (P. Fanlo 2007). La transmisión ocurre cuando una persona infectada exhala bacilos mediante tos, estornudos, o canto, propagando diminutas gotas de saliva que pueden ser inhaladas por otros, transmitiendo así la enfermedad (MINSA 2014).

Cuando la TB afecta órganos distintos de los pulmones, como nódulos linfáticos, huesos, articulaciones, tracto genitourinario, meninges, pleura o intestinos, se conoce como tuberculosis extrapulmonar, generalmente no siendo infecciosa (Luna 2003). Es común que una persona pueda tener TB pulmonar y extrapulmonar simultáneamente.

Bacilos de Koch

El bacilo de Koch, científicamente conocido como *Mycobacterium tuberculosis*, es el agente bacteriano causante de la tuberculosis en los seres humanos. Es una bacteria aerobia, ácido-alcohol resistente, que se transmite principalmente por vía aerógena y afecta principalmente los pulmones, aunque puede también causar tuberculosis en otros órganos (Dorransoro y Torroba 2007). La capacidad del bacilo de Koch para persistir en forma latente en el organismo humano, resistiendo las defensas inmunitarias y reactivándose años después, subraya su significativa adaptación y su impacto persistente en la salud pública a nivel mundial (Cardona 2018).

Métodos de diagnóstico

Son técnicas utilizadas para detectar la presencia de la bacteria *Mycobacterium tuberculosis* en el organismo. Estos métodos incluyen pruebas de Baciloscopia, Cultivo, Reacción de Tuberculina, Medición en sangre de Interferón Gamma, Tinción de Uramina, Tinción de Ziehl-Neelsen.

Baciloscopia

La baciloscopia es un procedimiento de laboratorio utilizado para detectar la presencia de bacilos, bacterias de forma cilíndrica, en muestras de esputo, fluidos o tejidos del organismo (Nava Paz et al.

2005). Este método requiere la observación directa bajo un microscopio óptico y es la técnica fundamental en la investigación bacteriológica de la tuberculosis (P. Fanlo 2007), es crucial para la detección de casos y el control del tratamiento, ya que ofrece un costo bajo y una ejecución rápida. Además, permite identificar entre el 70-80% de los casos pulmonares positivos (OMS 2018).

El procedimiento de la baciloscopia comienza con la recolección de una muestra biológica, como esputo, fluidos o tejidos del organismo. Esta muestra es tratada con tinciones específicas, como la tinción de Ziehl-Neelsen, que permite resaltar los bacilos ácido-alcohol resistentes (OMS 2018). Luego, la muestra teñida se coloca en un portaobjetos y se observa bajo un microscopio óptico. El técnico de laboratorio busca la presencia de bacilos, que aparecerán como bastones rojos en un fondo azul o verde. Este método, al permitir la observación directa de las bacterias, facilita la detección rápida de la tuberculosis y es esencial para el diagnóstico y control del tratamiento de la enfermedad (Lozano 2002). La Figura 10 muestra la imagen tomada de un microscopio en Baciloscopia.

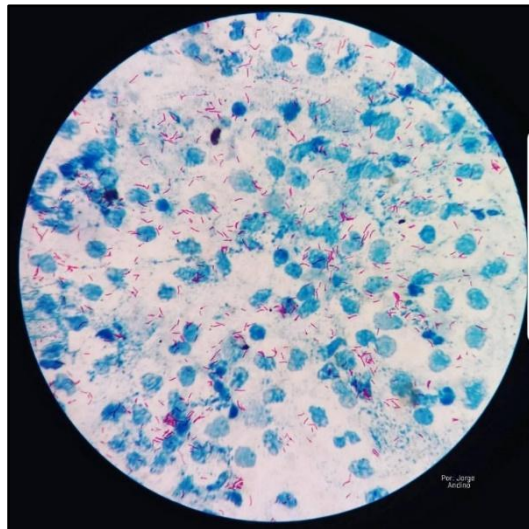


Figura 10: Baciloscopia, por Gonzalez 2020.

Cultivo

Es una técnica de diagnóstico bacteriológico que se utiliza para detectar la presencia de bacilos, como en el caso de la tuberculosis.

Esta técnica es más sensible que la baciloscopia, con una sensibilidad del 70-90%, y puede ser positiva con más de 10 bacilos/ml en muestras digeridas y concentradas (Nava et. al 2005). A diferencia de la baciloscopia, que examina un volumen menor de la muestra y menos campos microscópicos, el cultivo procesa un mayor volumen y permite un análisis más extenso. Sin embargo, el cultivo tiene la desventaja de requerir un tiempo de incubación prolongado, aproximadamente 4 semanas en medios convencionales, antes de que se pueda detectar crecimiento bacteriano (Sequeira de Latini y Barrera 2008). Esto limita su utilidad en situaciones donde se necesita un diagnóstico rápido para iniciar un tratamiento efectivo. La Figura 11 muestra dos cultivos de los Bacilos de Koch.



Figura 11. Cultivo de bacilos, por Nava Paz et al. 2005.

Reacción de Tuberculina PPD

La reacción de tuberculina PPD (Derivado Proteico Purificado) es una prueba cutánea utilizada para detectar la infección por *Mycobacterium tuberculosis*, el agente causante de la tuberculosis (TB) (Flores 2009). El procedimiento implica inyectar una pequeña cantidad de PPD justo debajo de la piel en el antebrazo y observar la reacción 48 a 72 horas después. La prueba se evalúa midiendo la induración (endurecimiento) en el sitio de la inyección, con diferentes umbrales de tamaño de la induración considerados positivos según el riesgo del paciente: 5 mm

o más en personas con alto riesgo, 10 mm o más en aquellos con riesgo moderado, y 15 mm o más en personas sin factores de riesgo conocidos (Sant'Anna 2015).

Un resultado positivo indica una infección con *M. tuberculosis*, aunque no distingue entre infección activa y latente y puede verse influido por una vacunación previa con BCG. Un resultado negativo sugiere la ausencia de infección activa o latente, aunque pueden ocurrir falsos negativos, especialmente en personas inmunosuprimidas o en las etapas iniciales de la infección (Dorronsoro y Torroba 2007). La prueba de tuberculina PPD es esencial para diagnosticar infecciones latentes, evaluar la necesidad de tratamiento preventivo en personas de alto riesgo y controlar la TB en poblaciones vulnerables, complementando otras pruebas diagnósticas como la baciloscopia y los cultivos bacteriológicos (Sant'Anna 2015). La Figura 12 muestra la aplicación de la inyección para la Reacción de Tuberculina.



Figura 12. *Reacción de Tuberculina PPD, por Sant'Anna 2015.*

Medición en sangre de interferón Gamma IGRAs

La medición en sangre de interferón gamma, conocida como IGRAs (Interferon-Gamma Release Assays), es una técnica diagnóstica moderna utilizada para detectar la infección por *Mycobacterium tuberculosis*, la bacteria responsable de la tuberculosis (TB). Esta prueba mide de forma indirecta la respuesta del sistema inmunológico a los antígenos específicos derivados de esta bacteria, ofreciendo una herramienta crucial en la identificación de infecciones tuberculosas. Las

IGRAs se basan en la estimulación de los linfocitos T presentes en la sangre venosa del paciente con antígenos específicos del *M. tuberculosis* (Diel et al. 2011). Si los linfocitos T han estado previamente sensibilizados por la infección, responderán liberando interferón gamma (IFN- γ), cuya cantidad es medida para indicar la infección (Gutiérrez Saborido et al. 2018).

El procedimiento de las IGRAs comienza con la obtención de una muestra de sangre venosa del paciente. Luego, esta muestra es incubada con antígenos específicos del *M. tuberculosis*, seleccionados para evitar la reactividad cruzada con las cepas de *Mycobacterium bovis* usadas en la vacuna BCG y otras micobacterias no tuberculosas. Después de un período de incubación, se mide la cantidad de IFN- γ liberada por los linfocitos T mediante técnicas como ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) o ELISPOT (Enzyme-Linked ImmunoSpot) (Machado-Villarroel et al. 2015).

Las aplicaciones clínicas de las IGRAs son especialmente útiles para identificar individuos con alto riesgo de desarrollar TB. Esto incluye a personas con sistemas inmunitarios comprometidos, como aquellos con VIH/SIDA o bajo tratamientos inmunosupresores, contactos de casos de TB activa, y migrantes de zonas endémicas de tuberculosis (Gutiérrez Saborido et al. 2018).

Tinción con Auramina

La tinción con auramina-rodamina es un método rápido y eficaz para detectar micobacterias, este procedimiento se basa en la afinidad de los ácidos micólicos presentes en la pared celular de las micobacterias por los colorantes fluorescentes auramina y rodamina, lo que hace que las bacterias se vean de color amarillo brillante bajo un microscopio de fluorescencia (Girón Moreno et al. 2008). Esta técnica es especialmente útil para identificar microorganismos resistentes al ácido-alcohol, como los que causan la tuberculosis. El proceso implica el uso de calor para fijar el colorante a la pared celular, seguido de una

decoloración para distinguir entre células resistentes y no resistentes al ácido (Barrón et al. 2006). Finalmente, se aplica un colorante secundario para contrastar las estructuras teñidas en el primer paso. La Figura 13 muestra el resultado de aplicar la Tinción con Auramina en los Bacilos de Koch.

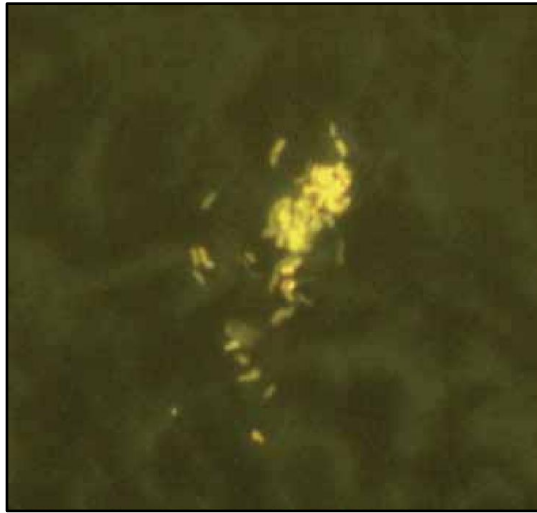


Figura 13. Tinción con Auramina, por Girón Moreno et al. 2008.

Tinción de Ziehl-Neelsen

La tinción de Ziehl-Neelsen es una técnica de coloración diferencial rápida y económica utilizada para identificar bacterias ácido-alcohol resistentes (BAAR) (Kurup y Chester 2014). Este método emplea el compuesto fenólico carbol fucsina como colorante principal, la técnica se basa en las propiedades de la pared celular de estas bacterias, que contienen ácidos micólicos. La tinción con carbol fucsina se potencia mediante el uso de calor, seguido de una aplicación de ácido para decolorar las células que no han retenido el colorante (Trusov et al. 2009). Las células que resisten esta decoloración se denominan ácido-resistentes. Finalmente, se utiliza un colorante secundario para proporcionar contraste a la muestra. Esta técnica es especialmente eficaz para identificar *Mycobacterium tuberculosis* y otras bacterias ácido-alcohol resistentes. La Figura 14 muestra el resultado de aplicar la Tinción de Ziehl-Neelsen en los Bacilo de Koch.

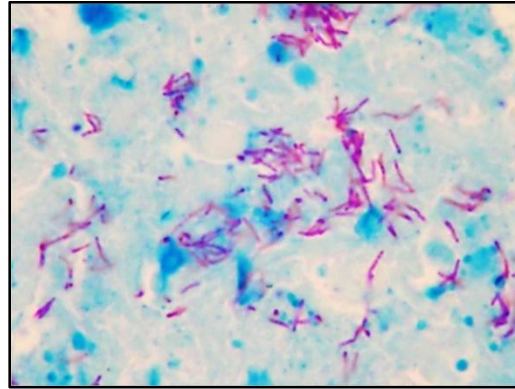


Figura 14. Tinción de Ziehl-Neelsen, por Trusov et al. 2009.

Imagenología médica

La imagenología médica combina el conocimiento anatómico con la práctica clínica, utilizando técnicas como radiografías, tomografías computarizadas y resonancias magnéticas para visualizar estructuras internas de forma no invasiva (Andrés et al. 2022). Cada técnica tiene sus ventajas y se elige según la estructura a examinar. La tecnología ha avanzado desde el descubrimiento de los rayos X, y la imagenología es fundamental en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades, así como en procedimientos intervencionistas (Huérfano et al. 2016). Es crucial para identificar anomalías y monitorear lesiones, convirtiéndose en los “ojos” de la medicina. La comunicación entre clínicos e imagenólogos es esencial para evitar información perjudicial en la atención al paciente. Además, las imágenes médicas son valiosas para el aprendizaje de la anatomía y su integración con la radiología enriquece la educación médica.

Parámetros de prueba

Una prueba dicotómica clasifica a los pacientes como sanos o enfermos basándose en resultados positivos o negativos. Los resultados se comparan con el estado real del paciente o una prueba de referencia para determinar si son verdaderos o falsos positivos/negativos (Pita Fernández 2010). La validez de la prueba se mide calculando la sensibilidad y especificidad.

Tasa de sensibilidad

Es la proporción de individuos enfermos que poseen una prueba positiva (Vizcaíno Salazar 2020). Una prueba 100% sensible detecta a todos los pacientes con la enfermedad; una con 80% de sensibilidad reconoce al 80% de los enfermos, dejando un 20% sin detectar (Ghaaliq et al. 2008). En la ecuación (7) se muestra la definición formal de la tasa de sensibilidad.

$$Tasa\ de\ Sensibilidad = \frac{VP}{VP + FN} \quad (7)$$

Donde:

Verdadero positivo (VP): El paciente tiene la enfermedad y el resultado de la prueba es positivo.

Falso negativo (FN): El paciente tiene la enfermedad, pero el resultado de la prueba es negativo.

Tasa de especificidad

Es la proporción de individuos sin la enfermedad que poseen una prueba negativa o normal (Vizcaíno Salazar 2020). Una prueba 100% específica reconoce a todos los pacientes sin la enfermedad; una con 80% de especificidad reporta correctamente al 80% como negativos en la prueba, pero un 20% sin la enfermedad son identificados incorrectamente como positivos (Ghaaliq et al. 2008). En la ecuación (8) se muestra la definición formal de la tasa de especificidad.

$$Tasa\ de\ Especificidad = \frac{VN}{VN + FP} \quad (8)$$

Donde:

Falso positivo (FP): El paciente no tiene la enfermedad, pero el resultado de la prueba es positivo.

Verdadero negativo (VN): El paciente no tiene la enfermedad y el resultado de la prueba es negativo.

2.3. Definición de términos

Mapa de características

Es una representación transformada de los datos de entrada en un espacio donde las características relevantes son más fácilmente identificables y manejables para tareas de aprendizaje automático. En las redes neuronales convolucionales, es la salida de una operación de convolución que resalta características locales, mientras que en los métodos basados en Kernel, es una transformación a un espacio de mayor dimensión para facilitar la clasificación o regresión (Ultralytics 2024).

Función de activación

Es una función matemática que se aplica a la salida de una neurona, transformando la suma ponderada de sus entradas en una salida no lineal. Esta transformación permite que la red neuronal capture y modelice relaciones complejas en los datos, introduciendo no linealidades esenciales para el aprendizaje de patrones sofisticados. Ejemplos comunes de funciones de activación incluyen la sigmoide, la tangente hiperbólica (tanh) y la rectificadora lineal unitaria (ReLU) (Datacamp 2024).

Convolución

Es una operación matemática que aplica un kernel sobre una entrada, como una imagen, para extraer características relevantes. Consiste en deslizar el filtro sobre la entrada, multiplicando y sumando los valores en cada posición, generando así un mapa de características que resalta patrones importantes. Es fundamental en las redes neuronales convolucionales (CNNs) para tareas de visión por computadora (MathWorks 2023).

Pooling

Es una operación en redes neuronales que reduce la dimensionalidad de los mapas de características, resumiendo la información y manteniendo las

características más relevantes. Comúnmente se utiliza en redes neuronales convolucionales (CNNs) y puede incluir técnicas como max pooling, que selecciona el valor máximo en una ventana, y average pooling, que calcula el promedio. Su propósito es mejorar la eficiencia del modelo y prevenir el sobreajuste (DataScientest 2024).

Parámetros

Los parámetros son los valores ajustables que la red aprende durante el entrenamiento, incluyendo pesos y sesgos, que determinan la influencia de las entradas en las activaciones y permiten que el modelo aprenda patrones a partir de los datos (Ultralytics 2024).

Prueba cutánea

Es un método de diagnóstico utilizado para detectar reacciones alérgicas inmediatas a diversas sustancias. También conocida como "prueba de punción" o "prueba de raspado". La prueba se realiza aplicando pequeñas cantidades de alérgenos en la piel y observando las reacciones locales que pueden manifestarse en forma de hinchazón, enrojecimiento o picazón en el sitio de aplicación (MedlinePlus 2022).

Ácidos micólicos

Son ácidos grasos de cadena larga característicos de las paredes celulares de las micobacterias, incluyendo *Mycobacterium tuberculosis*, el agente causante de la tuberculosis humana. Estos ácidos juegan un papel crucial en la estructura y resistencia de la pared celular bacteriana, contribuyendo a la virulencia y resistencia a desinfectantes y antibióticos de estas bacterias (Nataraj et al. 2015).

Granuloma tuberculoso

Es una lesión característica causada por *Mycobacterium tuberculosis*, el agente infeccioso de la tuberculosis. Histológicamente, presenta un centro de necrosis caseosa, rodeado de macrófagos epitelioides activados, linfocitos, fibroblastos, células gigantes de Langhans y micobacterias. Este tipo de

formación granulomatosa es un hallazgo diagnóstico clave que sugiere fuertemente la presencia de tuberculosis (Silva Miranda et al. 2012).

CRISP-DM

CRISP-DM (Cross-Industry Standard Process for Data Mining) es una metodología estándar para el desarrollo de proyectos de minería de datos que proporciona un proceso estructurado e independiente del sector de aplicación. Está compuesta por seis fases: comprensión del negocio, comprensión de los datos, preparación de los datos, modelado, evaluación y despliegue, las cuales permiten planificar, desarrollar y gestionar proyectos de análisis de datos de manera sistemática e iterativa (Chapman et al., 2000).

CAPITULO III: METODOLOGÍA DE INVESTIGACIÓN

3.1. Tipo de estudio

El tipo de estudio de una investigación se define por su finalidad y la naturaleza de los datos recopilados y analizados. Hernández Sampieri, Fernández Collado y del Pilar Baptista Lucio (2010), la investigación aplicada busca resolver problemas prácticos y concretos, con el objetivo de aplicar de inmediato los conocimientos para mejorar prácticas y procesos. Además Hernández Sampieri et al. (2014) describen la investigación cuantitativa como un proceso sistemático, controlado y empírico que utiliza datos numéricos para describir, explicar y predecir fenómenos.

La presente investigación es de tipo aplicada, ya que se desarrolló una red neuronal convolucional para la detección de Bacilos de Koch, mejorando así el diagnóstico de tuberculosis en el Hospital Santa Rosa. Asimismo, el estudio es cuantitativo, pues recopila y analiza datos numéricos obtenidos de imágenes digitales para poder evaluar la eficacia del sistema informático en la detección de Bacilos de Koch.

3.2. Diseño del estudio

Según Hernández Sampieri et al. (2014), un diseño transversal recolecta datos en un solo momento en el tiempo, con el propósito de describir variables y analizar su incidencia e interrelación en un momento dado. Por lo que el presente estudio emplea un diseño transversal, caracterizado por la recolección de datos en un único momento en el tiempo. Este diseño permitió evaluar cómo el sistema informático con redes neuronales convolucionales desarrollado afecta la Precisión Media (AP) en la detección de Bacilos de

Koch, observando el impacto directo del sistema sobre las muestras analizadas. Este enfoque fue adecuado para obtener una "instantánea" de la efectividad del sistema en el entorno hospitalario.

3.3. Población y muestra

3.3.1. Población

Según F. Arias (2012) la población está compuesta por un grupo limitado o ilimitado de elementos que comparten características comunes y a los cuales se aplicarán las conclusiones del estudio. En el presente estudio, la población está conformada por 691 imágenes de campos microscópicos obtenidas de 15 muestras de esputo teñidas mediante la técnica de Ziehl–Neelsen (ZN). Estas imágenes presentan presencia de bacilos de Koch, debido a que el modelo desarrollado corresponde a una tarea de segmentación de instancias, lo que requiere de muestras que contengan imágenes de los bacilos para su entrenamiento. Las imágenes fueron capturadas mediante una cámara acoplada a un microscopio óptico.

3.3.2. Muestra

El muestreo no probabilístico se refiere a los métodos de selección en los cuales no todos los elementos de la población tienen la misma probabilidad de ser seleccionados. Según Hernández Sampieri et al. (2014) en el muestreo no probabilístico, la elección de los elementos no depende de la probabilidad, sino de las características del fenómeno a investigar. Para este estudio, se utilizó una muestra censal, que implica la selección de todos los elementos disponibles en la población de estudio.

En este caso, se utilizaron todas las imágenes disponibles obtenidas. Esto se debe a que, para el desarrollo y validación de las redes neuronales convolucionales, es crucial disponer del mayor número posible de imágenes que representen diversas condiciones y características de las muestras.

3.4. Métodos y técnicas

3.4.1. Métodos

Para el desarrollo de las redes neuronales convolucionales para la detección de Bacilos de Koch, se empleó un método estructurado que aseguró la eficiencia y efectividad del proceso. El marco de trabajo propuesto para la detección de Bacilos de Koch se presenta en la Figura 16.

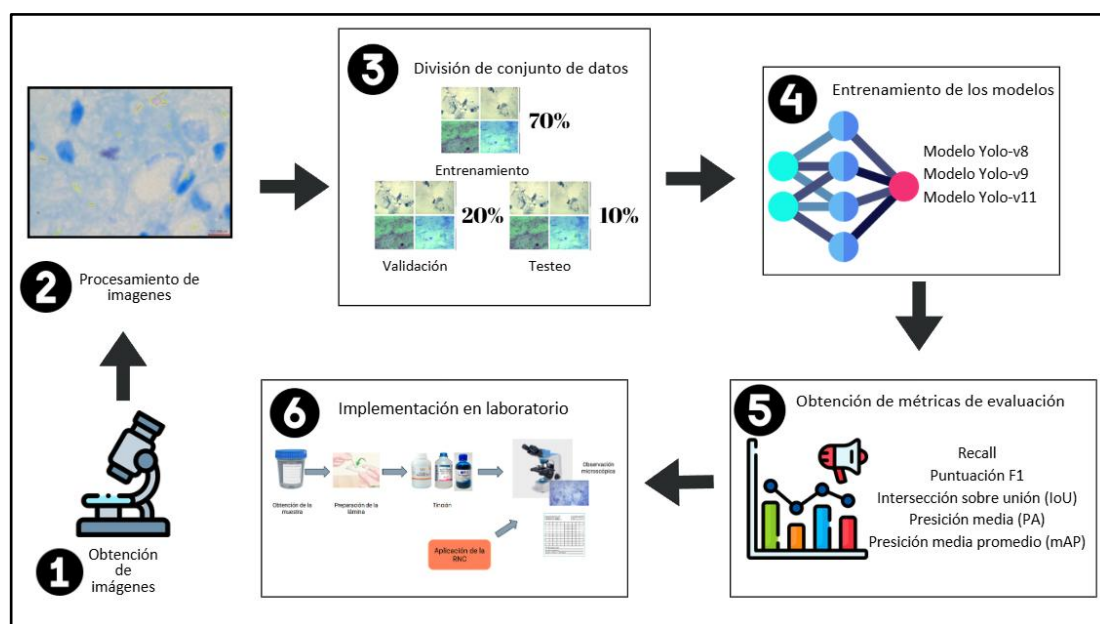


Figura 15. Marco de trabajo para la detección de Bacilos de Koch.

Obtención de imágenes: Se recolectaron imágenes digitales de muestras de esputo teñidas con Ziehl–Neelsen, se hizo uso de un microscopio con cámara digital, obteniendo al inicio un total de 800 imágenes de 15 muestras de esputo.

Procesamiento de Imágenes: Las imágenes fueron sometidas a una etapa de procesamiento y preprocesamiento que incluyó la eliminación de aquellas que presentaron bacilos excesivamente difuminados o con una calidad insuficiente para su análisis. Posteriormente, se realizó la segmentación de los bacilos y la reducción. Finalmente, se aplicaron técnicas de aumentación de datos, tales como rotaciones y giros de las imágenes, con el fin de incrementar la variabilidad del conjunto de datos y fortalecer la capacidad de generalización del modelo.

División del conjunto de datos: Una vez que las imágenes fueron procesadas, se procedió a dividir las imágenes en 3 conjuntos para realizar el entrenamiento con el método de ajuste de hiperparámetros.

Entrenamiento de los modelos: Utilizando el conjunto de datos etiquetados, se procedió al entrenamiento de la CNN en las diferentes versiones de YOLO. Este proceso incluyó la configuración y ajuste de parámetros para mejorar la precisión media (AP) en la detección de Bacilos de Koch.

Obtención de las métricas de evaluación: El modelo entrenado fue validado con un conjunto de datos separado para garantizar su Recall y Precisión Media (AP). Se realizaron pruebas exhaustivas para evaluar el desempeño del sistema.

Implementación en laboratorio: Se implementó la red neuronal convolucional y fue evaluada por los laboratoristas.

3.4.2. Técnicas

Para evaluar el desempeño de las redes neuronales convolucionales, se empleó una técnica de observación, que incluye el uso de fichas de registro para las métricas técnicas como la recall, puntuación F1, intersección sobre unión, precisión media y precisión media promedio del modelo de redes neuronales, proporcionando datos detallados sobre el rendimiento técnico de las redes neuronales.

3.5. Tratamiento de los datos

Para evaluar el rendimiento de los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11, se utilizó el método de Ajuste de Hiperparámetros. Se realizaron 10 ejecuciones experimentales por cada versión del algoritmo, lo que permitió obtener una estimación más estable y generalizable de su desempeño. Se evaluaron los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11 y, al finalizar, se calculó el promedio y la desviación estándar de las métricas obtenidas en cada iteración para comparar su desempeño. Las métricas utilizadas fueron recall, puntuación F1, intersección sobre unión (IoU), precisión media (AP) y precisión media promedio (mAP). Esto permitió analizar la capacidad de cada

modelo para detectar correctamente los bacilos de Koch en las imágenes y su precisión media (AP) en la segmentación.

Tras ello, se realizó una prueba de normalidad de Shapiro-Wilk para determinar el estadístico de contraste de hipótesis más adecuado. Complementariamente, para determinar si las variaciones de rendimiento observadas entre los tres modelos fueron estadísticamente significativas, se aplicó un análisis de varianza (ANOVA) de un factor. Previo a este análisis, se verificó el supuesto de homocedasticidad mediante la prueba de Levene. En los casos donde se detectaron diferencias significativas ($p\text{-valor} < 0.05$), se procedió a realizar una prueba post-hoc (Tukey o Duncan), con el fin de identificar específicamente qué pares de modelos presentaron diferencias de rendimiento relevantes, fortaleciendo así la validación científica de la arquitectura superior. Finalmente, para el contraste de las hipótesis de investigación frente al umbral establecido del 80%, se empleó la prueba paramétrica T de Student para una muestra.

CAPITULO IV: RESULTADOS DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN

4.1. Entendimiento del negocio

4.1.1. Determinación de objetivos del negocio

El objetivo primordial de este estudio es desarrollar e implementar una herramienta de software basada en redes neuronales convolucionales (específicamente la arquitectura YOLO) que funcione como un sistema de apoyo al diagnóstico para la detección automática de bacilos de Koch.

El sistema tiene como finalidad optimizar la labor de los especialistas al reducir significativamente el tiempo de respuesta diagnóstica, el cual actualmente demanda un promedio de 50 minutos por muestra.

De igual manera, se busca estandarizar la precisión del análisis, minimizando la variabilidad subjetiva entre laboratoristas y priorizando una precisión media superior al 80% para evitar falsos negativos en la identificación de la *Mycobacterium tuberculosis*.

4.1.2. Evaluación de la situación

En la actualidad, el diagnóstico de tuberculosis en el laboratorio del Hospital Santa Rosa se basa primordialmente en la técnica de la baciloscopia convencional mediante la tinción de Ziehl-Neelsen.

Este procedimiento es estrictamente manual e intensivo en mano de obra, lo que conlleva a que el especialista deba realizar la identificación y el recuento de bacilos de forma visual directa a través del microscopio óptico.

Se ha identificado que esta situación genera los siguientes puntos críticos que justifican la intervención tecnológica:

- Alta carga operativa y fatiga visual: El diagnóstico de una sola muestra requiere, en promedio, 50 minutos de trabajo especializado desde la preparación de la muestra hasta su observación, lo que agota físicamente al laboratorista y puede afectar su salud ocular a largo plazo debido a las extensas jornadas de observación.
- Riesgo de error humano: La fatiga visual acumulada y la subjetividad inherente al conteo manual aumentan la probabilidad de variabilidad en los resultados diagnósticos y el riesgo de subdiagnóstico.
- Limitaciones tecnológicas: Si bien existen equipos de última generación para diagnósticos rápidos, estos conllevan elevados costos de mantenimiento y uso, lo que dificulta su sostenibilidad en entornos de salud pública local. Actualmente, el hospital carece de herramientas de software que permitan el procesamiento digital de imágenes para dar soporte objetivo al especialista.
- Complejidad de los datos: El conjunto de datos de 691 imágenes capturadas presenta desafíos técnicos, como variaciones en la intensidad de la tinción y presencia de ruido o artefactos en las muestras de esputo, lo que requiere un sistema robusto capaz de diferenciar con precisión los bacilos del fondo contrastado.

En este contexto, la situación demanda la implementación de una solución de escritorio conectada vía USB a microscopios digitales que permita realizar una inferencia en tiempo real, estandarizando el proceso de detección y optimizando los tiempos de respuesta del laboratorio clínico.

4.2. Entendimiento de los datos

4.2.1. Adquisición de los datos

En la actualidad, el laboratorio del Hospital Santa Rosa cuenta con un microscopio convencional que carece de sistema de captura digital integrado. Esta limitación tecnológica obliga a que el diagnóstico sea exclusivamente

visual y dependiente del observador. Para superar esta brecha técnica en la presente investigación, se optó por la implementación una cámara adaptativa de alta resolución al microscopio LED Carl Zeiss Primo Star HAL que se encuentra en el laboratorio de baciloscopia, permitiendo la digitalización de las muestras para su posterior procesamiento por las redes neuronales convolucionales.

4.2.2. Descripción de los datos

La recolección de datos se llevó a cabo en estrecha colaboración con el personal del laboratorio clínico, quienes suministraron un total de 15 muestras de frotis de esputo. Utilizando el microscopio Carl Zeiss y la cámara adaptativa, se capturó una población inicial de 800 imágenes digitales.

Es importante destacar que el dataset posee una alta relevancia diagnóstica, ya que las capturas se distribuyeron de forma balanceada entre muestras categorizadas según la escala clínica. Como se muestra en la Figura 16, correspondiente a una cruz (+), existe una escasa presencia de bacilos; la Figura 17, de dos cruces (++), presenta una carga bacilar moderada; y la Figura 18, de tres cruces (+++), corresponde a una muestra con alta carga bacilar:

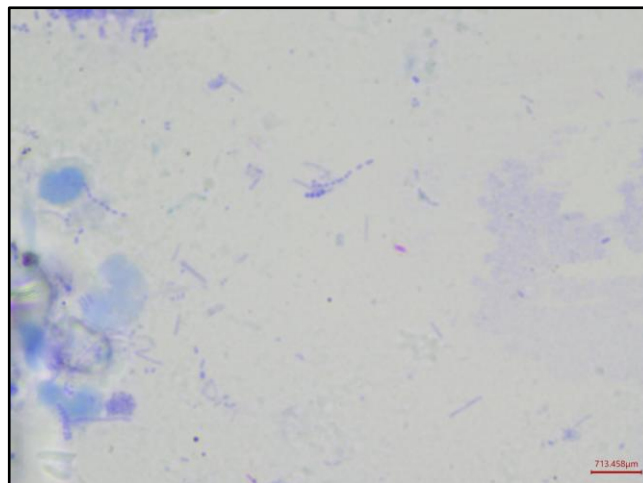


Figura 16. Una cruz (+).

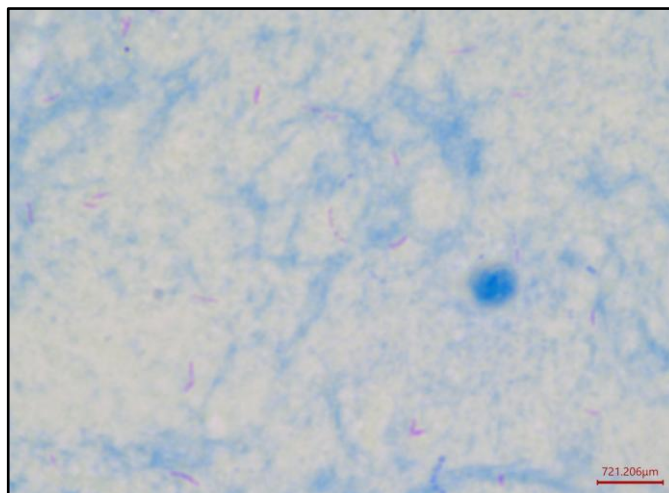


Figura 17. Dos cruces (++).

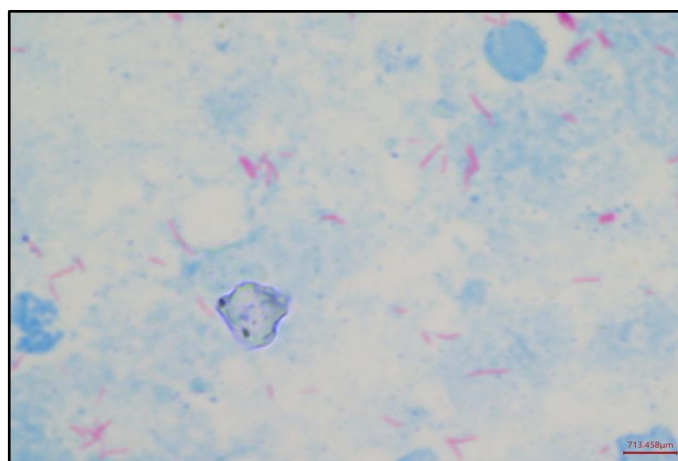


Figura 18. Tres cruces (+++).

Este volumen de 800 imágenes garantiza que los modelos YOLOv8, v9 y v11 sean entrenados para detectar el bacilo de Koch en diversos niveles de severidad de la enfermedad, mejorando la robustez del sistema de apoyo al diagnóstico.

4.3. Preparación de los datos

4.3.1. Selección de datos

Se realizó una eliminación manual de imágenes a partir del total de 800 imágenes capturadas en el laboratorio. Durante este proceso se descartaron las imágenes repetidas, aquellas que presentaban desenfoque y las que no permitían visualizar adecuadamente los bacilos de tuberculosis. Esta etapa

tuvo como finalidad garantizar la calidad del conjunto de datos, asegurando que las imágenes utilizadas en el entrenamiento del modelo contaran con suficiente nitidez y claridad para una correcta segmentación de los bacilos, quedando un total de 691 imágenes finales. La Figura 19 muestra las imágenes obtenidas de la captura en 15 muestras.

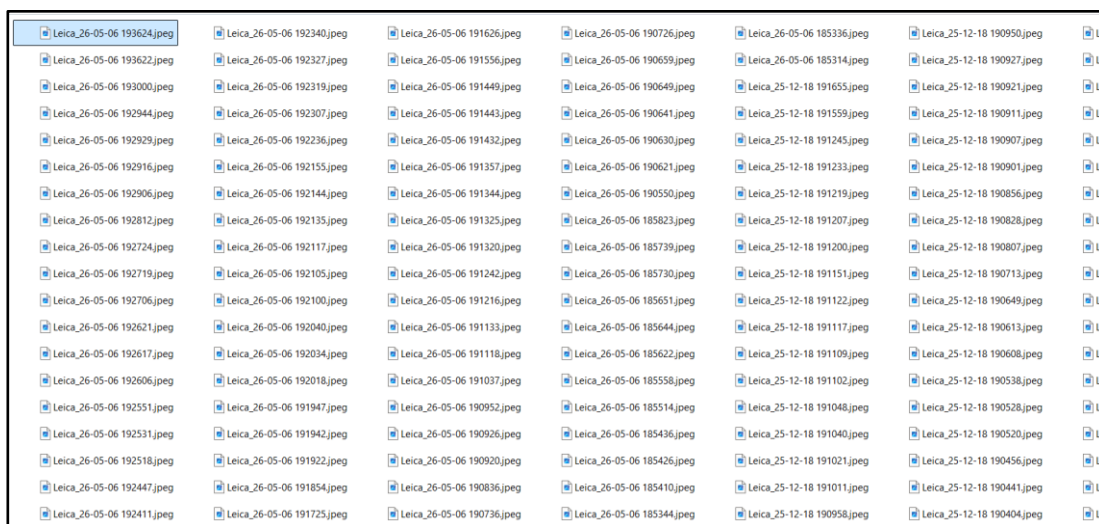


Figura 19. Total de imágenes obtenidas inicialmente.

4.3.2. Preprocesamiento de los datos

En esta etapa se realizó la segmentación manual de los bacilos de tuberculosis presentes en las 691 imágenes del conjunto de datos. Para ello, se delimitó cuidadosamente el contorno de cada bacilo utilizando la plataforma de anotación de Roboflow, permitiendo generar máscaras precisas para cada instancia detectada. Este procedimiento tuvo como objetivo proporcionar al modelo información detallada sobre la forma y ubicación exacta de los bacilos. La Figura 20 muestra un campo con los bacilos segmentados.

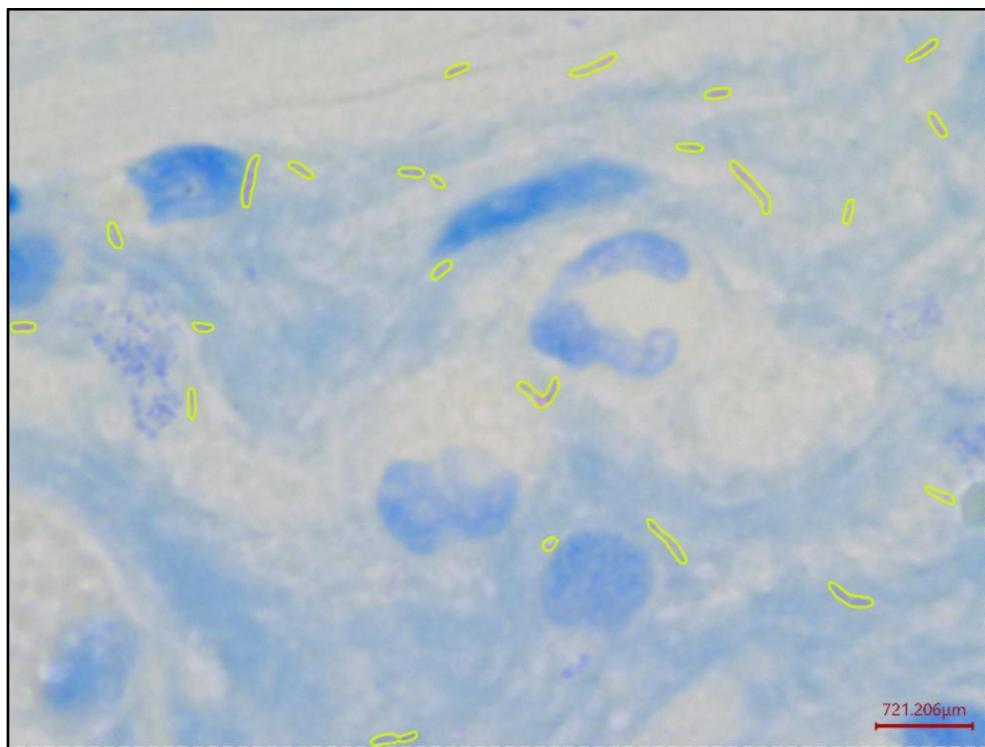


Figura 20. Campo con bacilos segmentados.

La base de datos fue dividida en tres subconjuntos en una proporción de 70% para entrenamiento, 20% para validación y 10% para testeo. El conjunto de entrenamiento se utilizó para el aprendizaje del modelo, el conjunto de validación permitió evaluar y ajustar el desempeño durante el proceso de entrenamiento, mientras que el conjunto de pruebas se empleó para realizar la evaluación final del modelo utilizando imágenes no vistas previamente, garantizando así una medición objetiva de su capacidad de generalización. La Figura 21 muestra la división del conjunto de datos.

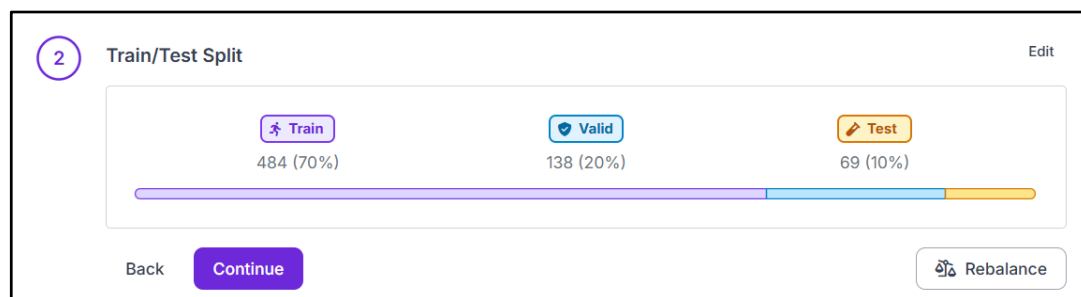


Figura 21. División del conjunto de datos.

4.3.3 Aumento de datos

En esta fase se aplicaron técnicas de aumentación de datos al conjunto de entrenamiento con el objetivo de incrementar la cantidad y variabilidad de las imágenes utilizadas por el modelo durante el entrenamiento. Entre las transformaciones aplicadas se incluyeron el volteo horizontal y vertical de las imágenes, así como rotaciones de 90° en sentido horario, antihorario y en posición invertida, realizadas de manera aleatoria. Estas técnicas permitieron generar nuevas variantes de las imágenes originales, contribuyendo a mejorar la capacidad de generalización del modelo y reducir el sobreajuste. Como resultado del proceso de aumentación, el conjunto final quedó conformado por 968 imágenes para entrenamiento (82%), 138 imágenes para validación (12%) y 69 imágenes para testeo (6%). La Figura 22 muestra la cantidad final de imágenes obtenidas tras la aumentación de datos.

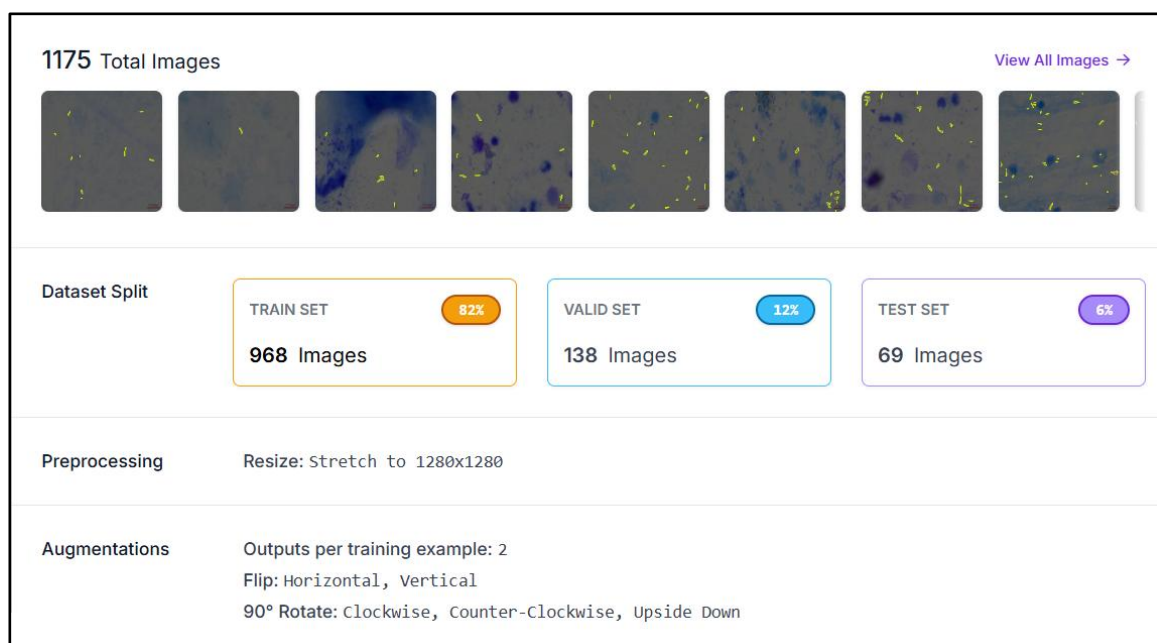


Figura 22. Cantidad final de imágenes obtenidas.

La tabla 1 muestra la distribución final del conjunto de imágenes para el entrenamiento de los modelos.

Tabla 2. Distribución del conjunto de datos

Conjunto de datos	Número de imágenes	Porcentaje %
Entrenamiento (Después de la aumentación)	968	82
Validación	138	12
Test	69	6
Total	1175	100

El conjunto de datos empleado en la investigación estuvo conformado por una única clase denominada M.tb, correspondiente a bacilos de *Mycobacterium tuberculosis*. Después de aplicar técnicas de aumentación de datos, se obtuvo un total de 1,175 imágenes, distribuidas en 968 imágenes para entrenamiento, 138 para validación y 69 para prueba. Asimismo, el conjunto de datos contiene un total de 13,131 instancias etiquetadas de bacilos, utilizadas para el entrenamiento y evaluación de los modelos de segmentación.

4.4. Modelado

En esta etapa se seleccionaron y emplearon los modelos YOLO versión 8, YOLO versión 9 y YOLO versión 11. La elección de esta familia de algoritmos frente a otras tecnologías como Faster R-CNN o EfficientDet se fundamenta en dos argumentos técnicos críticos:

- Segmentación de Instancias: A diferencia de los detectores basados únicamente en cajas delimitadoras (bounding boxes) como Faster R-CNN, las versiones de YOLO utilizadas incorporan nativamente la tarea de segmentación de instancias. Esto permite identificar y delimitar de manera precisa el contorno morfológico de cada bacilo, lo cual es indispensable para la lógica de conteo automatizado basada en el área de píxeles implementada en este estudio.
- Eficiencia y Precisión: Mientras que modelos como EfficientDet han reportado en antecedentes un mAP de 0.650 para la detección de bacilos, los resultados obtenidos en este trabajo con YOLOv11 alcanzaron un mAP de 0.888. Asimismo, al ser detectores de un solo

paso (one-stage detectors), los modelos YOLO ofrecen una velocidad de inferencia superior a Faster R-CNN, facilitando el despliegue de la solución en tiempo real conectada al microscopio del laboratorio.

Durante el entrenamiento, se realizó un ajuste de hiperparámetros para optimizar estos resultados: patience (configurado en 19) para reducir el sobreajuste al detener el proceso si no hay mejoras; translate (0.2) para mejorar la generalización ante cambios de posición; y las variaciones cromáticas hsv_s y hsv_v (0.1) para dotar al modelo de robustez frente a variaciones en la intensidad de la tinción de Ziehl-Neelsen. Finalmente, el parámetro close_mosaic (10) permitió que el aprendizaje finalizara con imágenes cercanas a las condiciones reales, garantizando estabilidad y precisión en la segmentación clínica. La Tabla 3 muestra el rango de variación aplicada en cada hiperparámetro.

Tabla 3. Rango de variación aplicada en cada hiperparámetro.

Modelo	Hiperparámetros	Valor base	Rango de variación
YOLO v8	Patience	19	± 3
	Traslate	0.2	± 0.02
	hsv_s	0.1	± 0.04
	hsv_v	0.1	± 0.04
	close_mosaic	10	± 2
YOLO v9	Patience	19	± 3
	Traslate	0.2	± 0.02
	hsv_s	0.1	± 0.04
	hsv_v	0.1	± 0.04
	close_mosaic	10	± 2
YOLO v11	Patience	19	± 3
	Traslate	0.2	± 0.02
	hsv_s	0.1	± 0.04
	hsv_v	0.1	± 0.04
	close_mosaic	10	± 2

4.4.1. Entrenamiento

En esta fase de entrenamiento se conFiguraron diversos hiperparámetros con la finalidad de optimizar el desempeño del modelo en la segmentación de los bacilos de Koch. Se establecieron un total de 65 épocas (*epochs*=65), permitiendo que el modelo realice múltiples iteraciones sobre el conjunto de datos para mejorar progresivamente el aprendizaje. Asimismo, se utilizó una

resolución de entrada de 1280×1280 píxeles ($imgsz=1280$), debido a que los bacilos representan objetos microscópicos y requieren imágenes de alta resolución para preservar sus características morfológicas.

El tamaño de lote se configuró en 1 ($batch=1$) con el objetivo de optimizar el uso de memoria durante el entrenamiento y mantener una mayor estabilidad en el procesamiento de imágenes de alta resolución. La tasa de aprendizaje inicial ($lr=0.0008$) fue ajustada a un valor bajo para favorecer una convergencia más estable y evitar cambios bruscos en el aprendizaje del modelo. De igual manera, se empleó el parámetro $patience=19$, para detener automáticamente el entrenamiento si el modelo no mostraba mejoras durante 19 épocas consecutivas, reduciendo así el riesgo de sobreajuste.

En cuanto a las técnicas de aumentación de datos (*augmentations*), se desactivaron las rotaciones, inclinaciones y cambios de perspectiva debido a que previamente se habían realizado aumentaciones manuales sobre las imágenes originales en Roboflow. Sin embargo, se aplicaron desplazamientos leves mediante el parámetro $translate=0.2$, con el propósito de mejorar la capacidad de generalización del modelo frente a pequeñas variaciones en la ubicación de los bacilos. Asimismo, se configuró $scale=0.08$ para generar ligeras variaciones en el tamaño de los objetos durante el entrenamiento.

También se incorporaron variaciones leves de color mediante los parámetros $hsv_s=0.1$ y $hsv_v=0.1$, los cuales modifican de manera moderada la saturación y el brillo de las imágenes. Estos valores bajos fueron seleccionados considerando las características de las imágenes microscópicas y las posibles variaciones de iluminación presentes en las muestras. Adicionalmente, se utilizó una técnica de *mosaic augmentation* suave ($mosaic=0.1$), con el objetivo de incrementar la diversidad del conjunto de entrenamiento y mejorar la capacidad de generalización del modelo. El parámetro $close_mosaic=10$ permitió desactivar dicha técnica durante las últimas 10 épocas, favoreciendo que el modelo finalice el entrenamiento utilizando imágenes más cercanas a las condiciones reales.

Para la tarea de segmentación se emplearon los parámetros `overlap_mask=True` y `mask_ratio=1`, permitiendo una representación precisa de las máscaras segmentadas correspondientes a los bacilos. Finalmente, se configuró `freeze=10` con el propósito de congelar parcialmente las primeras capas del modelo preentrenado, reduciendo el riesgo de sobreajuste y aprovechando las características previamente aprendidas durante el entrenamiento inicial del modelo base. La Figura 23 muestra la estructura del entrenamiento de los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11.

```

results = model.train(
    data=data_path,

    # Parametros principales
    epochs=65,
    imgsz=1280,
    batch=1,
    lr=0.0008,
    patience=19,
    task="segment",

    # Aumentación de datos
    degrees=0.0,
    translate=0.2,
    scale=0.08,
    shear=0.0,
    perspective=0.0,
    flipud=0.0,
    fliplr=0.0,

    # Variaciones leves de color
    hsv_h=0.00,
    hsv_s=0.1,
    hsv_v=0.1,

    # Mosaico suave
    mosaic=0.1,
    mixup=0.0,
    copy_paste=0.0,
    close_mosaic=10,

    # Segmentación
    overlap_mask=True,
    mask_ratio=1,

    # Para reducir overfitting
    freeze=10,

    # Guardar resultados
    project=save_dir,
    name="entrenamiento"
)

```

Figura 23. Estructura del entrenamiento.

Los entrenamientos de los modelos YOLO se realizaron en entornos de ejecución de Google Colab, utilizando recursos computacionales de alto rendimiento proporcionados en la nube. El entorno empleado contó con un procesador AMD EPYC 9B45 de arquitectura de 64 bits, con 24 núcleos físicos

y 48 núcleos lógicos. Asimismo, se dispuso de una memoria RAM total de 176.88 GB, permitiendo ejecutar los procesos de entrenamiento y segmentación de imágenes microscópicas de alta resolución de manera eficiente y estable.

4.4.2. Métricas

En esta fase se realizaron 10 entrenamientos por cada modelo de YOLO, con la finalidad de evaluar el rendimiento de cada versión durante el proceso de segmentación. La Tabla 4 muestra los resultados obtenidos en las 10 ejecuciones realizadas para la versión de YOLO 8.

Tabla 4. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V8.

Modelo	N° Ejecución	Recall	Puntuación F1	Intersección sobre unión (IoU)	Precisión media (PA)	Precisión media promedio (mAP)
YOLO v8	1	0.84603	0.82648	0.87239	0.80781	0.87239
	2	0.82716	0.82308	0.87594	0.81903	0.87594
	3	0.84398	0.82702	0.87815	0.81074	0.87815
	4	0.84075	0.82030	0.88002	0.80082	0.88002
	5	0.83595	0.82956	0.87596	0.80963	0.87965
	6	0.84096	0.82195	0.88054	0.81746	0.88056
	7	0.84295	0.82948	0.88104	0.81615	0.88182
	8	0.83965	0.82596	0.87698	0.81596	0.87698
	9	0.84365	0.82485	0.87258	0.81589	0.87965
	10	0.83955	0.82694	0.87849	0.80158	0.87914

La Tabla 5 muestra los resultados obtenidos en las 10 ejecuciones realizadas para la versión de YOLO 9.

Tabla 5. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V9.

Modelo	Nº Ejecución	Recall	Puntuación F1	Intersección sobre unión (IoU)	Precisión media (PA)	Precisión media promedio (mAP)
YOLO v9	1	0.84707	0.84617	0.88857	0.84527	0.88857
	2	0.83570	0.84012	0.87589	0.84459	0.87589
	3	0.81649	0.83734	0.87881	0.85928	0.87881
	4	0.83570	0.84012	0.87589	0.84459	0.87589
	5	0.82968	0.83658	0.87247	0.84965	0.87685
	6	0.83184	0.84698	0.88591	0.85748	0.88248
	7	0.84245	0.84514	0.87695	0.84578	0.87698
	8	0.83987	0.84158	0.87152	0.84698	0.87459
	9	0.82845	0.83885	0.88961	0.85245	0.87948
	10	0.83559	0.84485	0.87364	0.85321	0.88758

La Tabla 6 muestra los resultados obtenidos en las 10 ejecuciones realizadas para la versión de YOLO 11.

Tabla 6. Resultados obtenidos en 10 ejecuciones para YOLO V11.

Modelo	Nº Ejecución	Recall	Puntuación F1	Intersección sobre unión (IoU)	Precisión media (PA)	Precisión media promedio (mAP)
YOLO v11	1	0.82147	0.83102	0.88423	0.84079	0.88423
	2	0.85561	0.84163	0.89032	0.82810	0.89032
	3	0.84352	0.85354	0.88751	0.86380	0.88751
	4	0.84352	0.85354	0.88751	0.86380	0.88751
	5	0.84910	0.84680	0.88810	0.85230	0.88900
	6	0.83740	0.84260	0.88590	0.84870	0.88820
	7	0.85320	0.84930	0.88950	0.85510	0.88980
	8	0.84680	0.84490	0.88670	0.85040	0.88870
	9	0.83950	0.83820	0.88540	0.84610	0.88790
	10	0.85130	0.84750	0.88880	0.85390	0.88950

4.4.3. Comparación gráfica

Se analizaron visualmente el desempeño de los modelos entrenados mediante la evaluación de sus respectivas matrices de confusión. A continuación, se presentan las matrices correspondientes a una de las diez ejecuciones efectuadas para cada versión de YOLO (YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11) durante la fase de validación. La Figura 24 muestra la matriz de

confusión del mejor modelo entrenado de YOLOv8 basándonos en la Precisión media promedio (mAP).

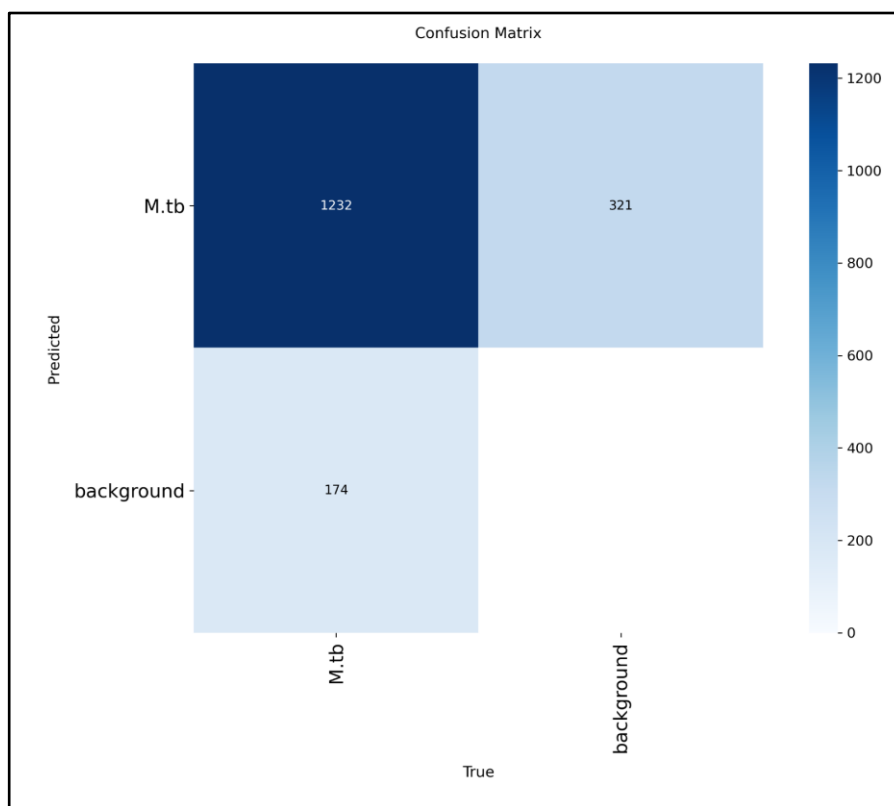


Figura 24. Matriz de confusión de YOLOv8.

El desempeño del modelo en la detección de la clase *M.tb* dentro del conjunto de prueba muestra que el modelo logró identificar correctamente 1232 bacilos, mientras que 174 bacilos reales no fueron detectados y 321 regiones de fondo (background) fueron clasificadas erróneamente como bacilos. Los resultados evidencian un buen rendimiento del modelo, ya que las detecciones correctas son considerablemente mayores que los errores de clasificación. La Figura 25 muestra la matriz de confusión del mejor modelo entrenado de YOLOv9 basándonos en la Precisión media promedio (mAP).

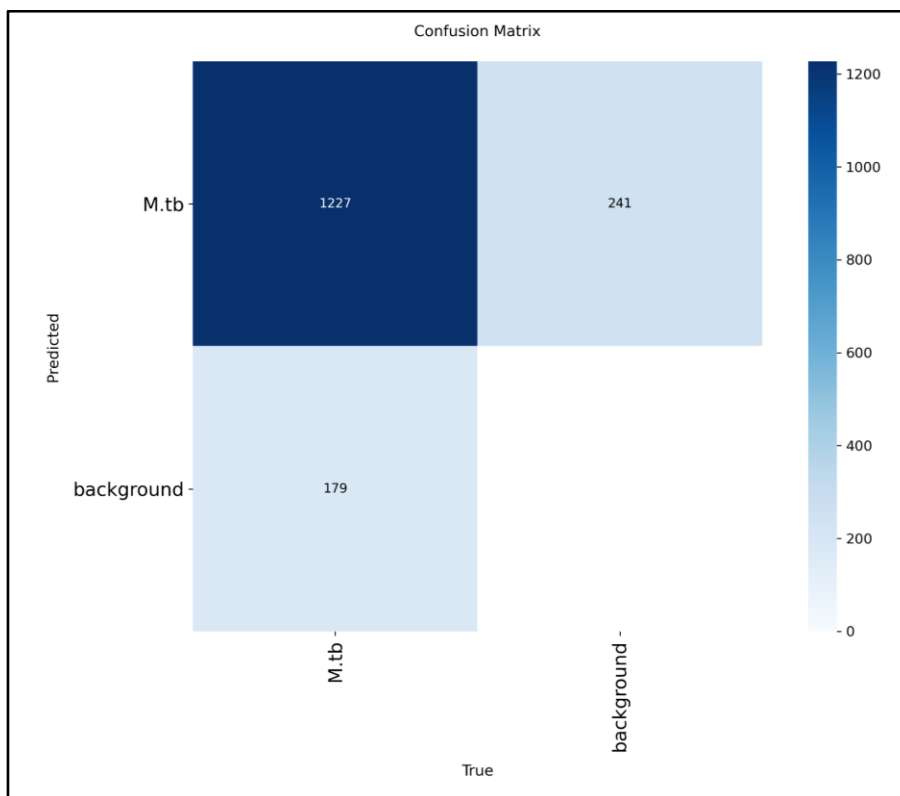


Figura 25. Matriz de confusión de YOLOv9.

El desempeño del modelo en la detección de la clase *M.tb* dentro del conjunto de prueba muestra que el modelo logró identificar correctamente 1227 bacilos, mientras que 179 bacilos reales no fueron detectados y 241 regiones de fondo (background) fueron clasificadas erróneamente como bacilos. Los resultados evidencian un buen rendimiento del modelo, ya que las detecciones correctas son considerablemente mayores que los errores de clasificación. La Figura 26 muestra la matriz de confusión del mejor modelo entrenado de YOLOv11 basándonos en la Precisión media promedio (mAP).

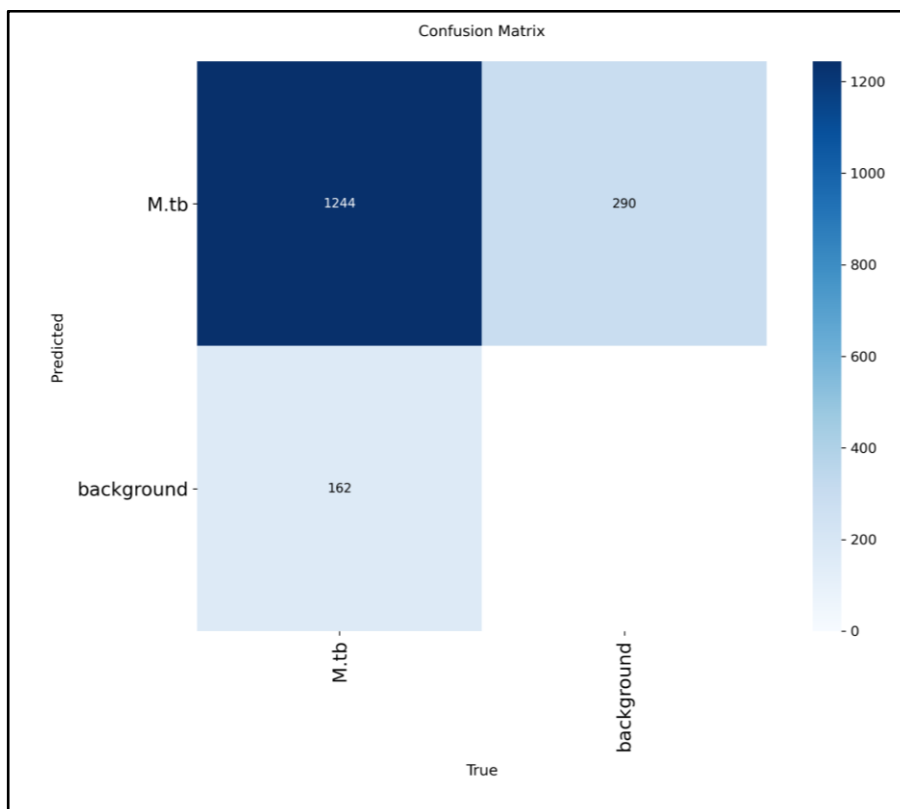


Figura 26. Matriz de confusión de YOLOv11.

El desempeño del modelo en la detección de la clase *M.tb* dentro del conjunto de prueba muestra que el modelo logró identificar correctamente 1244 bacilos, mientras que 162 bacilos reales no fueron detectados y 290 regiones de fondo (background) fueron clasificadas erróneamente como bacilos. Los resultados evidencian un buen rendimiento del modelo, ya que las detecciones correctas son considerablemente mayores que los errores de clasificación.

4.4.4. Promedio y desviación estándar

La media aritmética o promedio se define como la suma de todos los valores dividida por el número de observaciones (Walpole et al. 2012). En nuestro caso, el promedio de las 10 ejecuciones de cada métrica (Recall, F1, IoU, AP y mAP) permite obtener el desempeño típico de cada versión de YOLO, suavizando las variaciones entre corridas individuales.

La desviación estándar, por su parte, es una medida de dispersión que indica cuánto se alejan, en promedio, los datos respecto de la media. En este trabajo, la desviación estándar de las 10 ejecuciones para cada métrica cuantifica la

estabilidad del modelo: valores bajos implican resultados consistentes entre ejecuciones, mientras que valores altos indican mayor variabilidad. La desviación estándar se define como la raíz cuadrada de la varianza, entendida esta como la media de los cuadrados de las desviaciones respecto de la media (C. Montgomery y C. Runger 2014). La Tabla 7 muestra el promedio y la desviación estándar de las métricas de las 3 versiones de YOLO.

Tabla 7. Promedio y desviación estándar por cada métrica de las 3 versiones de YOLO.

Modelo	Métrica	Promedio	Desviación estándar
YOLO v8	Recall	0.840063	± 0.005346
	Puntuación F1	0.825562	± 0.003050
	Intersección sobre union (IoU)	0.877209	± 0.003056
	Precisión media (AP)	0.811507	± 0.006524
	Precisión media promedio (mAP)	0.878430	± 0.002726
YOLO v9	Recall	0.834284	± 0.008465
	Puntuación F1	0.841773	± 0.003770
	Intersección sobre union (IoU)	0.878926	± 0.006689
	Precisión media (AP)	0.849928	± 0.005439
	Precisión media promedio (mAP)	0.879712	± 0.004944
YOLO v11	Recall	0.844142	± 0.009878
	Puntuación F1	0.844903	± 0.006932
	Intersección sobre union (IoU)	0.887397	± 0.001891
	Precisión media (AP)	0.850299	± 0.010582
	Precisión media promedio (mAP)	0.888267	± 0.001712

Los resultados obtenidos evidencian que los modelos YOLO utilizados alcanzaron un desempeño elevado en la segmentación de bacilos de Koch. Las métricas obtenidas presentan valores altos acompañados de desviaciones estándar bajas entre las distintas ejecuciones, lo que demuestra estabilidad y capacidad de generalización del modelo. Asimismo, la baja variabilidad observada sugiere la ausencia de sobreajuste significativo y

confirma la efectividad de la configuración de hiperparámetros durante el entrenamiento.

4.5. Despliegue

4.5.1. Análisis

Casos de uso principales:

1. Ingresar Nuevo Registro: El laboratorista accede al sistema informático e ingresa datos generales del paciente.
2. Capturar imagen: El laboratorista realiza una captura de la imagen en tiempo real que observa.
3. Procesar Imagen: El sistema recibe los datos, los escala automáticamente y consulta el modelo de IA.
4. Generar Reporte: El sistema genera un reporte con los datos del paciente y la detección de bacilos.

La Figura 27 presenta el diagrama de casos de uso del sistema de detección de bacilos de Koch.

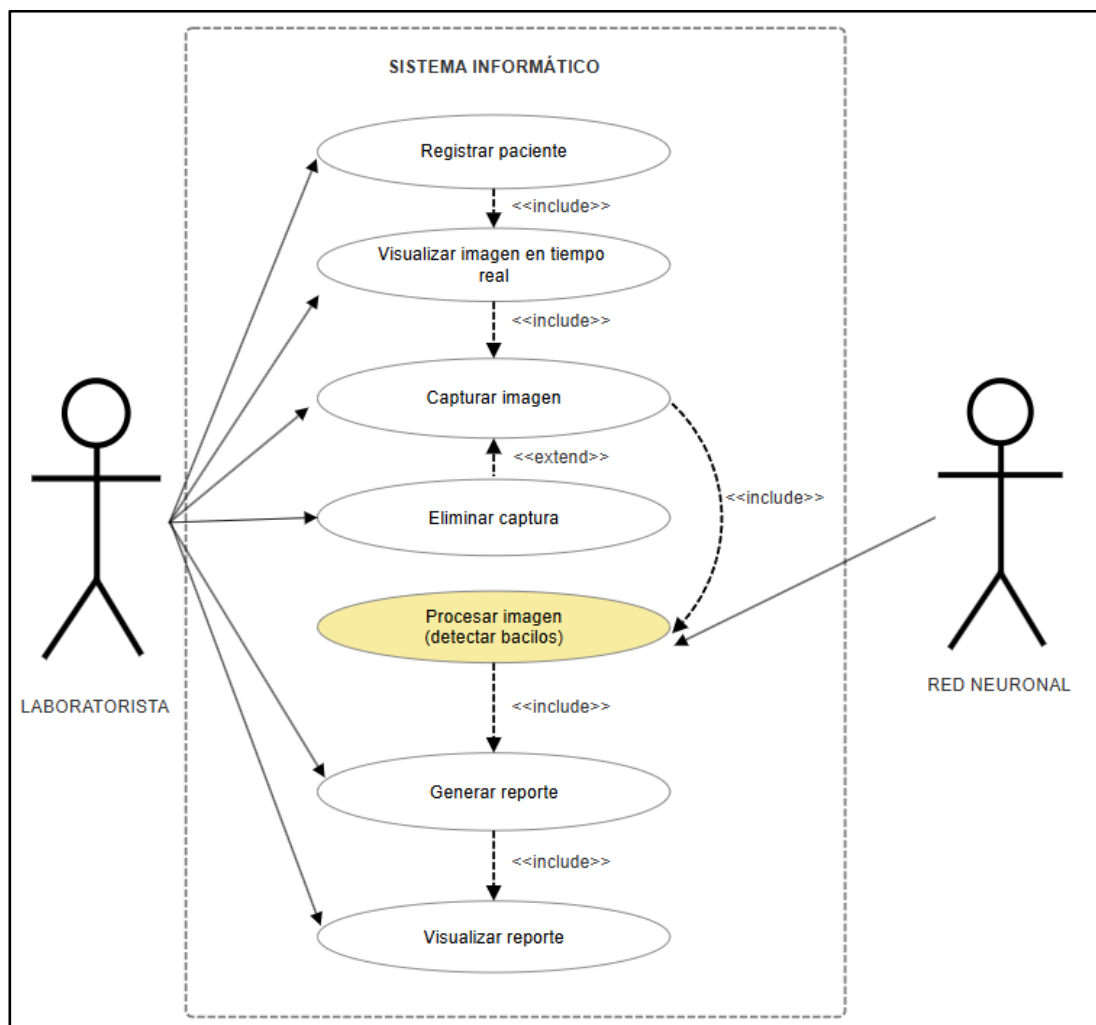


Figura 27. Diagrama de caso de uso.

A continuación, la Tabla 8 y 9 definen los requisitos funcionales y no funcionales del sistema de detección de bacilos de Koch.

Tabla 8. Requisitos funcionales

Código	Descripción
RF01	El sistema debe permitir el ingreso de nuevos registros de pacientes con sus datos demográficos y clínicos.
RF02	Debe visualizar en tiempo real el flujo de video proveniente de la cámara adaptativa del microscopio Carl Zeiss Primo Star HAL.
RF03	Debe permitir la captura manual de campos específicos (screenshots) para su análisis posterior por la red neuronal.
RF04	Realizar la segmentación de instancias y el conteo automático de bacilos basado en el área de píxeles.
RF05	Generar reportes diagnósticos consolidados en formato PDF que incluyan el promedio de bacilos por campo y la clasificación por cruces (+, ++, +++).

Tabla 9. Requisitos no funcionales

Código	Descripción
RNF01	La interfaz debe ser intuitiva y de fácil uso para laboratoristas con mínima capacitación en software.
RNF02	El sistema debe manejar el almacenamiento de datos local de forma segura mediante SQLite.
RNF03	La generación del reporte PDF no debe exceder los 5 segundos tras finalizar la evaluación.

4.5.2. Diseño de la solución

Diagrama de actividades

El diagrama representa el proceso de captura y procesamiento de imágenes microscópicas dentro del sistema. Inicialmente, se visualiza una vista previa en tiempo real y se capturan hasta 20 imágenes, las cuales son almacenadas y mostradas mediante miniaturas. Posteriormente, las imágenes son enviadas al modelo entrenado *best.pt* basado en YOLOv11, encargado de detectar automáticamente los bacilos presentes en cada imagen. Finalmente, el sistema realiza el conteo total de bacilos y genera el diagnóstico correspondiente de manera offline. La Figura 28 muestra el diagrama de actividades para la captura de imágenes y detección de bacilos.

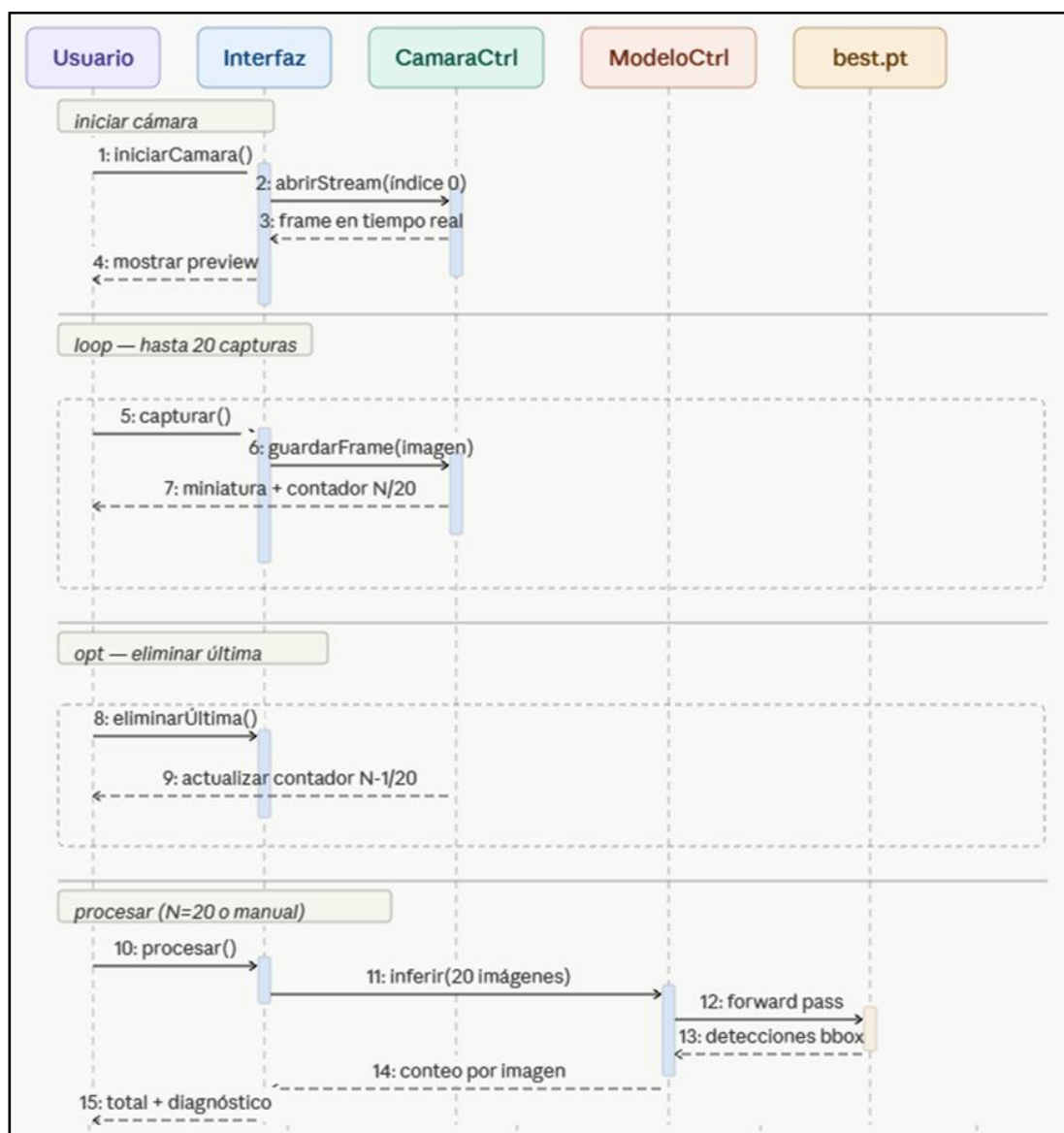


Figura 28. Diagrama de actividad para captura de imagen.

El diagrama de actividades representa el proceso de generación de reportes y creación de archivos PDF dentro del sistema. Inicialmente, el sistema calcula el promedio de bacilos por campo y genera automáticamente el diagnóstico según la escala cuantitativa. Posteriormente, los resultados y datos del paciente son almacenados en la base de datos. Finalmente, se genera un reporte en formato PDF utilizando la librería ReportLab y el archivo es guardado automáticamente para su visualización. La Figura 29 muestra el diagrama de actividades para el reporte de resultados.

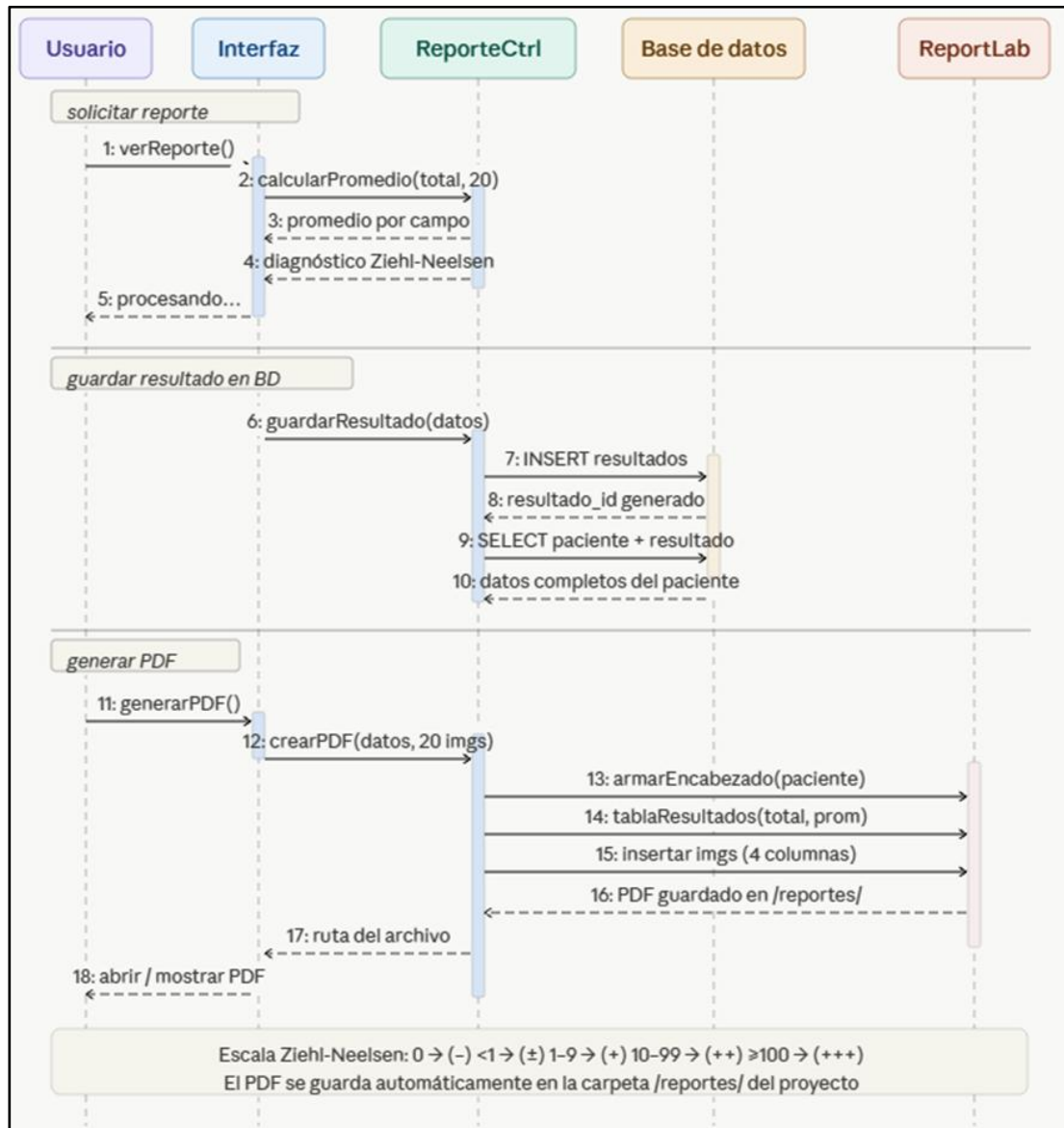


Figura 29. Diagrama de actividad para la generación de reporte.

4.5.3. Desarrollo de la solución

Herramientas de desarrollo:

- Lenguajes: Python
- Base de datos: SQLite
- Entrenamiento IA: YOLOv11

Interfaz gráfica del sistema:

La interfaz principal del sistema muestra los campos necesarios a rellenar para el registro del paciente, entre los que se incluyen nombres, apellidos,

DNI, edad, fecha de nacimiento, sexo, fecha de registro y domicilio. Una vez completado el registro, el usuario laboratorista accede a la interfaz de captura de campos microscópicos, donde se visualiza en tiempo real la imagen proveniente del microscopio. El laboratorista puede capturar las imágenes, revisarlas y eliminarlas si considera que la calidad no es adecuada. Cuando la captura es aceptada, esta es enviada al modelo entrenado para realizar la segmentación automática de los bacilos, completando un total de 20 capturas o también llamados campos microscópicos.

La lógica implementada en el sistema consiste en calcular la suma total de los píxeles segmentados como bacilos en las 20 imágenes analizadas. Posteriormente, dicho valor es dividido entre 894.8, correspondiente al promedio de píxeles que ocupa un bacilo, obteniendo así una estimación de la cantidad total de bacilos presentes. Finalmente, este resultado se divide entre 20 para calcular el promedio de bacilos por campo microscópico. De acuerdo con el valor obtenido, el sistema clasifica automáticamente el resultado como prueba negativa o positiva en las categorías +, ++ o +++, siguiendo los criterios de la escala Ziehl-Neelsen.

El método utilizado para determinar el promedio de píxeles ocupados por un bacilo consistió en seleccionar campos microscópicos que contuvieran un solo bacilo y obtener un reporte de la cantidad de píxeles detectados por el modelo en cada uno de ellos. Este procedimiento se realizó en 20 campos, y posteriormente se calculó la media de los resultados obtenidos. La Figura 30 muestra la interfaz del registro de pacientes, así mismo la Figura 31 muestra la interfaz de la captura de campos.

Sistema de Análisis de Bacilos

Registro de Paciente

Nombre	Apellido paterno	Apellido materno
DNI	Fecha de nacimiento	Edad
	dd/mm/aaaa	
Sexo	Celular (opcional)	
Seleccionar... ▼		
Médico solicitante	N° de muestra	Fecha del análisis
		18/05/2026
Domicilio		

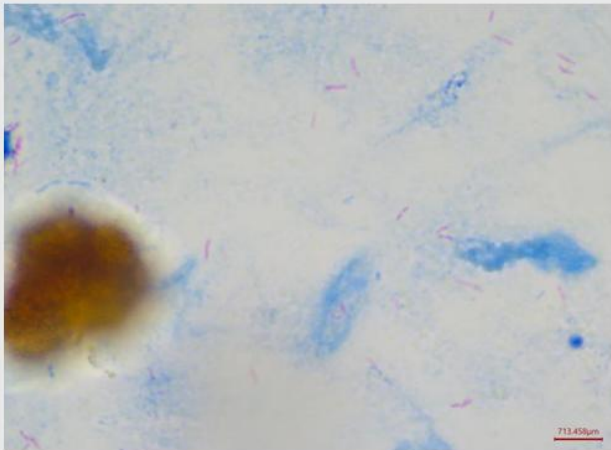
Figura 30. Interfaz de registro de paciente.

Sistema de Análisis de Bacilos

Paciente: test1 test — DNI: 80878985

Captura de imagen

Vista en tiempo real



713.458µm

● Cámara activa

Acciones

Capturas: 0 / 20

Última captura

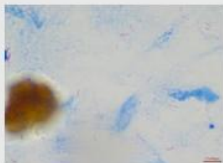


Figura 31. Interfaz de captura de campos.

4.5.4 Pruebas

Se presentan algunas muestras de campos microscópicos procesados por el modelo de segmentación. La Figura 32 muestra un par de campos microscópicos capturados originalmente, mientras que la Figura 33 presenta los mismos campos después del proceso de segmentación, donde se observan las máscaras generadas automáticamente para identificar los bacilos detectados por el modelo.

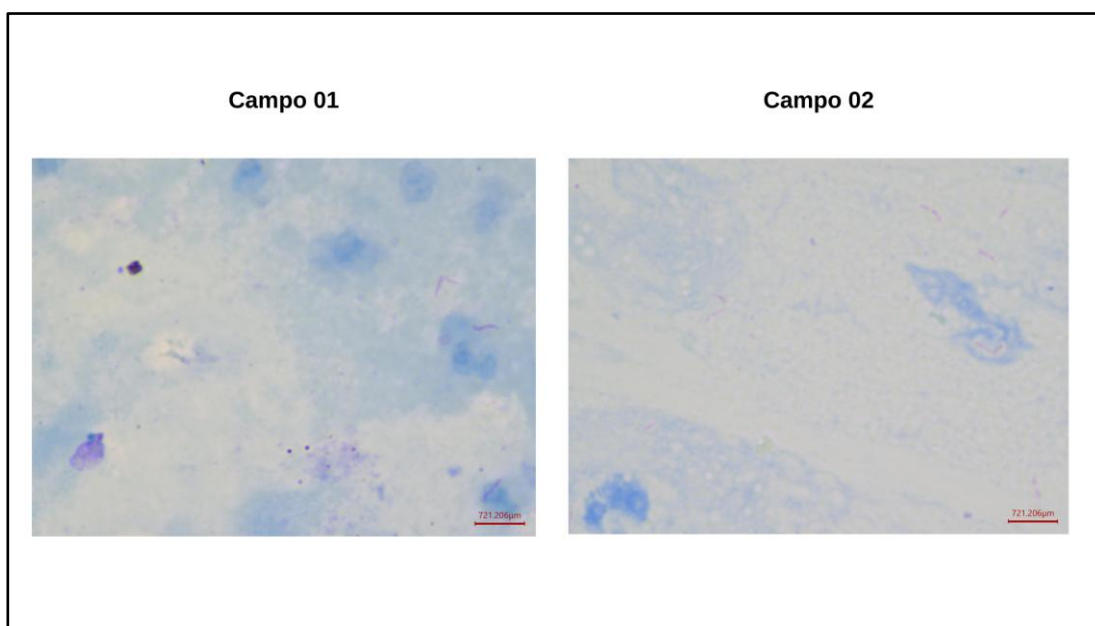


Figura 32. Campos tomados para segmentación.

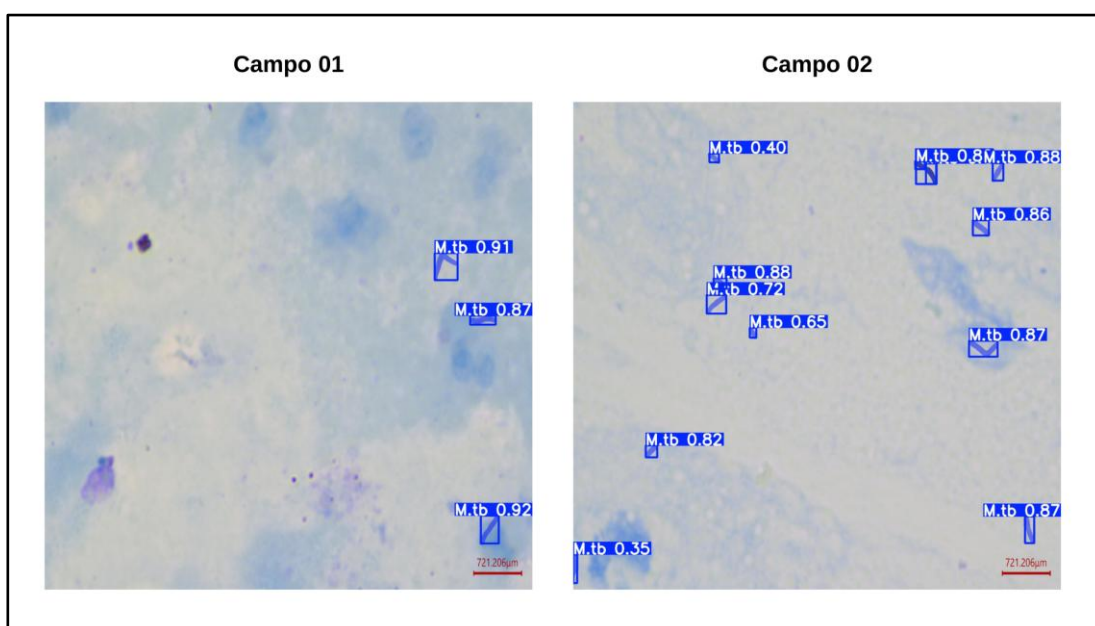


Figura 33. Campos segmentados por el modelo entrenado.

4.6. Análisis inferencial

El análisis inferencial tiene como finalidad validar estadísticamente las hipótesis planteadas a partir de los resultados obtenidos en las 10 ejecuciones experimentales de cada modelo. Para ello, se estableció una Precisión Media (AP) del 80% como criterio de referencia, considerando que los bacilos constituyen instancias pequeñas dentro de campos de gran tamaño, una condición que incrementa la dificultad de detección y puede afectar significativamente esta métrica.

Este umbral permite evaluar si los modelos de redes neuronales convolucionales presentan un desempeño superior a los métodos tradicionales empleados en el Hospital Santa Rosa. Alcanzar o superar dicho valor respalda la eficiencia y confiabilidad del sistema como herramienta de apoyo para la estandarización del diagnóstico de tuberculosis.

4.6.1. Nivel de significancia

Para todas las pruebas estadísticas se definió un nivel de confianza del 95%, estableciendo un nivel de significancia $\alpha = 0.05$. Este margen asegura que la probabilidad de cometer un error de tipo I sea mínima, garantizando la fiabilidad de la herramienta desarrollada.

4.6.2. Supuesto de normalidad

Previo al contraste de hipótesis, se evaluó la distribución de los datos de la variable Precisión Media (AP) mediante la prueba de Shapiro-Wilk, la cual es la más potente para muestras pequeñas ($n = 10$ por cada modelo). En la Tabla 10 se presentan los resultados de las pruebas de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro-Wilk aplicadas a la variable Precisión Media (AP) para los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11.

H0: Los datos de la variable Precisión Media (AP) de los modelos YOLOv8, v9 y v11 siguen una distribución normal.

H1: Los datos de la variable Precisión Media (AP) de los modelos YOLOv8, v9 y v11 no siguen una distribución normal.

Tabla 10. Prueba de Kolmogorov-Smirnov y Shapiro-Wilk para la variable Precisión Media (AP).

Modelo	Kolmogorov-Smirnov			Shapiro-Wilk		
	Estadístico	gl	Sig.	Estadístico	gl	Sig.
Yolo v8	.249	10	.079	.888	10	.160
Precisión Media (AP) Yolo v9	.206	10	.200	.879	10	.126
Yolo v11	.146	10	.200	.935	10	.496

Dado que en los tres modelos el p-valor fue superior al nivel de significancia establecido ($p > 0.05$), no se rechaza la hipótesis nula (H_0). Por consiguiente, se asume que los datos presentan una distribución normal, justificando el uso de la prueba paramétrica T de Student para una muestra para el contraste de las hipótesis de investigación.

4.6.3. Supuesto de homogeneidad de varianzas

Como paso previo a la realización del Análisis de Varianza (ANOVA) de un factor para determinar si las variaciones de rendimiento entre los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11 son estadísticamente significativas, se procedió a verificar el supuesto de homogeneidad de varianzas. Este análisis asegura que las varianzas de la variable dependiente (Precisión Media - AP) sean constantes entre los tres grupos de modelos comparados.

Para ello, se aplicó la Prueba de Levene, planteando las siguientes hipótesis:

- **H0:** Las varianzas de la Precisión Media (AP) son iguales entre los tres modelos (existe homogeneidad).
- **H1:** Las varianzas de la Precisión Media (AP) son diferentes en al menos uno de los modelos (no existe homogeneidad).

Los resultados se presentan en la Tabla 11:

Tabla 11: Resultados de la prueba de homogeneidad de varianzas

Métrica	Método de cálculo	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
AP	Se basa en la media	1.049	2	27	.364
	Se basa en la mediana	.943	2	27	.402

Al observar los resultados basados en la media, se obtuvo un estadístico de Levene de 1.049 con un nivel de significancia p-valor de 0.364. Dado que el p-valor es superior al nivel de significancia establecido ($\alpha=0.05$), no se rechaza la hipótesis nula (H_0). Por consiguiente, se concluye que existe homogeneidad de varianzas entre los grupos. El cumplimiento de este supuesto, junto con el supuesto de normalidad previamente validado, justifica de manera rigurosa la aplicación de la prueba paramétrica ANOVA de un factor para el contraste de los rendimientos de los modelos de inteligencia artificial desarrollados.

4.6.4. Análisis de Varianza (ANOVA) de un factor

Una vez validados los supuestos previos (normalidad y homogeneidad de varianzas), se ejecutó un Análisis de Varianza (ANOVA) para determinar si las variaciones de rendimiento observadas entre las arquitecturas YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11, cuyos promedios de AP fueron 81.15%, 84.99% y 85.02% respectivamente poseen significancia estadística.

Se contrastaron las siguientes hipótesis:

- **H0:** No existen diferencias significativas entre los promedios de AP de los modelos YOLO evaluados.
- **H1:** Existen diferencias significativas en al menos uno de los promedios de AP de los modelos.

Los resultados se presentan en la Tabla 12:

Tabla 12: Resultados de la prueba ANOVA de un factor para la métrica Precisión Media (AP)

Fuente de variación	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Entre grupos	.010	2	.005	80.939	<.001
Dentro de grupos	.002	27	.000		
Total	.012	29			

El análisis muestra un estadístico $F = 80.939$ con un nivel de significancia de $p < .001$. Al ser el p-valor menor al umbral crítico de 0.05, se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alterna. Esto confirma que existen diferencias estadísticamente significativas en el rendimiento de los modelos. Este resultado justifica de manera científica la superioridad del modelo YOLOv11 identificada en la fase descriptiva, y da paso al análisis de las hipótesis específicas frente al umbral del 80% mediante la prueba T de Student.

4.6.5. Comparaciones múltiples (Prueba Post-hoc de Tukey)

Debido a que el Análisis de Varianza (ANOVA) resultó estadísticamente significativo ($p < .001$) y se cumplió el supuesto de igualdad de varianzas en la prueba de Levene ($p = 0.364$), se aplicó la prueba Post-hoc de Tukey HSD. El propósito de este análisis es realizar comparaciones por pares entre los modelos YOLOv8, YOLOv9 y YOLOv11 para identificar dónde radican las diferencias de rendimiento en la métrica de Precisión Media (AP).

Los resultados de las comparaciones múltiples se detallan en la Tabla 13:

Tabla 13: Resultados de la prueba de comparaciones múltiples de Tukey HSD para la métrica Precisión Media (AP)

(I) Modelo	(J) Modelo	Diferencia de medias (I-J)	Error estándar	Sig.	Intervalo de confianza al 95%
YOLOv8	YOLOv9	-.03842*	.00350	<.001	[-.0471, -.0297]
	YOLOv11	-.03879*	.00350	<.001	[-.0475, -.0301]
YOLOv9	YOLOv8	.03842*	.00350	<.001	[.0297, .0471]
	YOLOv11	-.00037	.00350	.994	[-.0091, .0083]
YOLOv11	YOLOv8	.03879*	.00350	<.001	[.0301, .0475]
	YOLOv9	.00037	.00350	.994	[-.0083, .0091]

El análisis de comparaciones múltiples revela dos hallazgos fundamentales para la investigación:

1. **Superioridad de las versiones recientes frente a YOLOv8:** Existe una diferencia significativamente alta y estadísticamente relevante ($p < .001$) al comparar a YOLOv8 con los modelos YOLOv9 y YOLOv11. Las diferencias de medias de 0.0384 y 0.0388 respectivamente, confirman que el salto tecnológico hacia las versiones 9 y 11 representa una mejora real y no aleatoria en la capacidad de detección de bacilos.
2. **Paridad entre YOLOv9 y YOLOv11:** Al contrastar el rendimiento entre YOLOv9 y YOLOv11, se obtuvo una significancia de 0.994. Al ser este valor muy superior al nivel crítico de 0.05, se concluye que no existe una diferencia estadísticamente significativa entre estos dos modelos. Aunque YOLOv11 presenta el promedio de AP más alto (85.02%), desde una perspectiva estadística, ambos modelos ofrecen un rendimiento equivalente para esta tarea específica.

Estos resultados validan la conclusión de que la implementación de arquitecturas de última generación optimiza significativamente el diagnóstico frente a versiones anteriores, cumpliendo con el objetivo de identificar la arquitectura más robusta para el entorno del Hospital Santa Rosa.

4.6.6. Prueba de hipótesis específica 1

Hipótesis: El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo YOLOv8 en la detección de los bacilos de Koch será mayor al 80%.

Formulación estadística:

H0: $\mu \leq 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es menor o igual al 80%).

H1: $\mu > 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es significativamente mayor al 80%)

Para contrastar la hipótesis específica 1, se aplicó la prueba t de Student para una muestra, considerando como valor de prueba una Precisión Media (AP) del 80% (0.80). En la Tabla 14 se presentan los resultados de la prueba t de

Student para el modelo YOLOv8, donde se observa el estadístico t, los grados de libertad, el valor de significancia y el intervalo de confianza de la diferencia.

Tabla 14. Resultados de la Prueba t de Student para la muestra del modelo Yolo v8.

Prueba de muestra única						
Valor de prueba: 0.80						
				95% de intervalo de confianza de la diferencia		
	t	gl	Sig. (bilateral)	Diferencia de medias	Inferior	Superior
Precisión Media (AP)	5.577	9	<.001	.01150700	.0068394	.0161746

Se obtuvo un estadístico $t(9)=5.577$ con una significación bilateral $p<0.001$. La diferencia de medias fue de 0.0115, situando la Precisión Media (AP) real en 81.15%. Al ser el p-valor menor a 0.05, se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis específica 1.

4.6.7. Prueba de hipótesis específica 2

Hipótesis: El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo YOLOv9 en la detección de los bacilos de Koch será mayor al 80%.

Formulación estadística:

H0: $\mu \leq 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es menor o igual al 80%).

H1: $\mu > 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es significativamente mayor al 80%)

Para contrastar la hipótesis específica 2, se aplicó la prueba t de Student para una muestra, considerando como valor de prueba una Precisión Media (AP) del 80% (0.80). En la Tabla 15 se presentan los resultados de la prueba t de Student para el modelo YOLOv9, donde se reportan el estadístico t, los grados de libertad, el valor de significancia y el intervalo de confianza de la diferencia.

Tabla 15. Resultados de la Prueba t de Student para la muestra del modelo Yolov9.

Prueba de muestra única						
Valor de prueba: 0.80						
				95% de intervalo de confianza de la diferencia		
	t	gl	Sig. (bilateral)	Diferencia de medias	Inferior	Superior
Precisión Media (AP)	29.026	9	<.001	.04992800	.0460369	.0538191

El contraste arrojó un valor $t(9)=29.026$ con una significación $p<0.001$. El modelo presentó una diferencia de medias de 0.0499, alcanzando una Precisión Media (AP) de 84.99%. Dado que el valor de significancia es inferior a 0.05, se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis específica 2.

4.6.8. Prueba de hipótesis específica 3

Hipótesis: El nivel de Precisión Media (AP) utilizando el algoritmo YOLOv11 en la detección de los bacilos de Koch será mayor al 80%.

Formulación estadística:

H0: $\mu \leq 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es menor o igual al 80%).

H1: $\mu > 0.80$ (La media de Precisión Media (AP) es significativamente mayor al 80%)

De manera análoga, para la hipótesis específica 3 se empleó la prueba t de Student para una muestra, tomando como valor de prueba una Precisión Media (AP) del 80% (0.80). La Tabla 16 muestra los resultados de la prueba t de Student para el modelo YOLOv11, incluyendo el estadístico t, los grados de libertad, el valor de significancia y el intervalo de confianza de la diferencia.

Tabla 16. Resultados de la Prueba *t* de Student para la muestra del modelo Yolo v11.

Prueba de muestra única						
Valor de prueba: 0.80						
	t	gl	Sig. (bilateral)	Diferencia de medias	95% de intervalo de confianza de la diferencia	
					Inferior	Superior
Precisión Media (AP)	15.030	9	<.001	.05029900	.0427284	.0578696

Se obtuvo un valor $t(9)=15.030$ con una significación $p<0.001$. Este modelo alcanzó la mayor diferencia de medias (0.0502), consolidando una Precisión Media (AP) del 85.02%. Al cumplirse el criterio de decisión ($p<0.05$), se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis específica 3.

4.6.9. Hipótesis general

El nivel de Precisión Media (AP) en la detección de bacilos de Koch utilizando redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa será mayor que el 80%.

Tras el análisis individualizado, se observa que todos los modelos de aprendizaje automático evaluados presentaron valores de precisión significativamente superiores al umbral establecido. Por lo tanto, se acepta la hipótesis general, concluyendo que la implementación de esta tecnología basada en YOLO constituye una herramienta válida y altamente precisa para el apoyo al diagnóstico de tuberculosis.

4.7. Evaluación de la validez diagnóstica del sistema

Para determinar la eficacia del sistema informático en un entorno clínico real, se realizó una evaluación de la Variable Dependiente (Detección de bacilos de Koch) mediante el contraste entre el diagnóstico manual del especialista y la inferencia generada por el modelo YOLOv11. Esta evaluación se basó en el procesamiento de 15 muestras biológicas del Hospital Santa Rosa, cuyas

métricas de diagnóstico se detallan en la Ficha de Análisis (Anexo 7). Los resultados de esta validación clínica se resumen en la Tabla 17:

Tabla 17. Resultados de la validez diagnóstica del sistema

Métrica Clínica	Resultado	Interpretación
Tasa de Sensibilidad	100%	El sistema detectó correctamente a la totalidad de pacientes con TB.
Tasa de Especificidad	100%	El sistema identificó correctamente a la totalidad de los pacientes Sanos.
Verdaderos Positivos (VP)	10	Muestras con TB detectadas correctamente.
Verdaderos Negativos (VN)	5	Muestras sin TB descartadas correctamente.
Falsos Negativos (FN)	0	Muestras con TB no detectadas por el sistema.
Falsos Positivos (FP)	0	Muestras sanas clasificadas erróneamente como positivas.

De acuerdo con la lógica del sistema, la detección se basó en la segmentación de instancias y el conteo automatizado por área de píxeles (promediando 894.8 píxeles por bacilo). El haber alcanzado una Tasa de Especificidad del 100% es de suma relevancia para el Hospital Santa Rosa, ya que garantiza que ningún paciente sano sea sometido a un tratamiento innecesario debido a errores de la inteligencia artificial. Por otro lado, la Sensibilidad del 100% cumple con los estándares sugeridos por la literatura internacional para herramientas de apoyo al diagnóstico asistido por computadora.

CONCLUSIONES

PRIMERO: Se determinó que la implementación de un sistema informático basado en arquitecturas YOLO es altamente efectiva para la detección de bacilos de Koch en muestras de esputo teñidas con Ziehl-Neelsen. La investigación demuestra que la automatización mediante visión artificial no solo es viable, sino que constituye una herramienta de triaje con validez estadística para optimizar el diagnóstico de tuberculosis (TB) en el Hospital Santa Rosa, permitiendo mitigar la carga operativa y la fatiga visual del personal especializado.

SEGUNDO: El análisis comparativo de las versiones evaluadas evidencia una progresión ascendente en las métricas de Precisión Media (AP). El algoritmo YOLOv11 alcanzó el nivel de Precisión Media (AP) más elevado con un 85.02%, superando ligeramente a YOLOv9 (84.99%) y YOLOv8 (81.15%). Estos resultados, validados mediante la prueba t de Student con una significancia de $p < 0.001$, confirman que todos los modelos superaron significativamente el umbral crítico del 80% establecido en las hipótesis de investigación.

TERCERO: Se estableció una relación directa y positiva entre el uso de Redes Neuronales Convolucionales (variable independiente) y la Precisión Media (AP) en la detección de bacilos (variable dependiente). La robustez del sistema se refleja en desviaciones estándar bajas en las métricas de Recall y mAP (precisión media promedio), lo que indica una alta capacidad de generalización del modelo ante variaciones morfológicas y cromáticas de la bacteria *Mycobacterium tuberculosis* en las imágenes microscópicas.

CUARTO: El sistema desarrollado permite realizar el procesamiento y conteo automático de bacilos basándose en el área de píxeles (promediando 894.8 píxeles por bacilo), lo que estandariza los resultados bajo la escala de Ziehl-Neelsen. Esta automatización tiene el potencial de reducir drásticamente el tiempo de diagnóstico, que actualmente promedia los 50 minutos por muestra en procesos manuales, favoreciendo una intervención médica más oportuna y efectiva para el paciente

SUGERENCIAS

PRIMERO: Se recomienda incrementar el número de imágenes digitales incorporando muestras de otros centros de salud de la región Madre de Dios. Un dataset más extenso y heterogéneo, que incluya variaciones en la calidad de la tinción y diferentes condiciones de iluminación, permitiría realizar un fine-tuning más profundo de los modelos, elevando la precisión y la sensibilidad diagnóstica por encima del 90%.

SEGUNDO: Para mejorar la fase de adquisición de datos, se sugiere la adquisición de cámaras digitales de ultra alta resolución integradas de forma nativa en los microscopios. Esto evitaría las aberraciones ópticas y los problemas de desenfoque identificados durante la captura manual con cámaras adaptativas, facilitando una segmentación de instancias más precisa en campos con alta carga bacilar (categoría +++)

TERCERO: Es imperativo establecer un protocolo de capacitación para los tecnólogos médicos del Hospital Santa Rosa sobre el uso de la interfaz gráfica del sistema. Se sugiere iniciar una fase de pilotaje donde el software funcione de manera paralela al diagnóstico manual tradicional, permitiendo recolectar datos sobre la concordancia diagnóstica en tiempo real y la aceptación de la herramienta por parte del usuario final

CUARTO: Como línea de investigación futura, se propone explorar el uso de modelos de aprendizaje profundo más ligeros o arquitecturas híbridas que permitan el despliegue del sistema en dispositivos móviles robustos. Esto facilitaría el diagnóstico de tuberculosis en zonas rurales o periféricas de la Amazonía peruana, donde el acceso a microscopios de alta gama y personal especializado es limitado.

REFERENCIA BIBLIOGRÁFICA

- AN, L., PENG, K., YANG, X., FENG, P. y HUANG, P., 2022. Automated Detection of Tuberculosis Bacilli Using Deep Neural Networks with Sputum Smear Images. *2022 5th International Conference on Pattern Recognition and Artificial Intelligence, PRAI 2022*, pp. 1040-1045. DOI 10.1109/PRAI55851.2022.9904085.
- ANDRÉS, P., DELGADO, G., FREDDY, ;, CABEZAS DÍAZ, I., DIANE, ;, NIETO ESPAÑA, C., VIVIANA, ;, MOGROVEJO, N. y SALTÓ, D., 2022. Imagenología médica y anatomía radiológica. *RECIMUNDO* [en línea], vol. 6, no. 4, pp. 557-565. [consulta: 16 junio 2024]. ISSN 2588-073X. DOI 10.26820/recimundo/6.(4).octubre.2022.557-565. Disponible en: <https://www.recimundo.com/index.php/es/article/view/1878>.
- ANDUEZA ORDUNA, J.J., PÉREZ TRULLÉN, A. y MORENO IRIBAS, C., 2000. Estudio de las características clínicas de la tuberculosis respiratoria y su demora diagnóstica. *Atención Primaria*, vol. 26, no. 1, pp. 26-29. ISSN 0212-6567. DOI 10.1016/S0212-6567(00)78601-X.
- ASTUDILLO DELGADO, V.M. y REVELO LUNA, D.A., 2021. Apoyo al diagnóstico de neumonía y detección de opacidades pulmonares usando segmentación de instancias semánticas en imágenes de rayos X de tórax. *Ingeniería y Desarrollo* [en línea], vol. 39, no. 2, pp. 259-274. [consulta: 7 julio 2024]. ISSN 0122-3461. DOI 10.14482/INDE.39.2.621.367. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-34612021000200259&lng=en&nrm=iso&tlng=es.

- AULIA, S., SUKSMONO, A.B., MENGKO, T.R. y ALISJAHBANA, B., 2024. A Novel Digitized Microscopic Images of ZN-Stained Sputum Smear and Its Classification Based on IUATLD Grades. *IEEE Access*, ISSN 21693536. DOI 10.1109/ACCESS.2024.3386208.
- AYMA, V.A., VELLASCO, M.M.B.R. y CASTANEDA, B., 2013. Segmentation of Koch Bacilli's in Sputum Smear Samples, a Neural Network Approach. [en línea]. S.l.: Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/282367442>.
- BAGCCHI, S., 2023. WHO's Global Tuberculosis Report 2022. [en línea], [consulta: 23 abril 2024]. DOI 10.1016/S2666-5247(22)00359-7. Disponible en: <https://www.who.int/publications-detail/9789240069056>.
- BARRERA, L., TÉCNICOS, R., FERRAZOLI, L., DE TUBERCULOSIS, N., MICOBACTERIOSIS, A., LUTZ, S., PABLO, B., SIMBOLI, N., MICOBACTERIAS, S., ALICE, M., RODRÍGUEZ, M., NACIONAL, D., TUBERCULOSIS, D., DE SALUD, M., DOMINGO, S., DOMINICANA, R., CEDILLOS, R., DE INFECTOLOGÍA, S., ROSALES, N., SALVADOR, S., MATA, S.Z., MARTÍNEZ, C., THORMANN, M., INFECTOLOGÍA, D., GAUTIER, S.B. y MONTORO, E., 2018. Manual de Algoritmos para el Diagnóstico de Tuberculosis. [en línea], pp. 17465. [consulta: 12 mayo 2024]. Disponible en: www.imprentalatarjeta.com.
- BARRÓN, H., MONTEGHIRFO, M. y RIVERA, N., 2006. Diagnóstico molecular de Mycobacterium tuberculosis en biopsias pleurales embebidas en parafina. *Anales de la Facultad de Medicina* [en línea], vol. 67, no. 1, pp. 11-18. [consulta: 18 junio 2024]. ISSN 1025-5583. Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1025-55832006000100003&lng=es&nrm=iso&tlng=es.
- BORJA-ROBALINO, R., MONLEON-GETINO, A., MONLEÓN-GETINO, A. y RODELLAR, J., 2020. Estandarización de métricas de rendimiento para clasificadores Machine y Deep Learning. [en línea], [consulta: 18 junio 2024]. Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/358123456>.

2024]. Disponible en:
<https://www.researchgate.net/publication/342009715>.

C. MONTGOMERY, D. y C. RUNGER, G., 2014. *Applied Statistics and Probability for Engineering*. S.l.: s.n.

CARDONA, P.J., 2018. Patogénesis de la tuberculosis y otras micobacteriosis. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, vol. 36, no. 1, pp. 38-46. ISSN 0213-005X. DOI 10.1016/J.EIMC.2017.10.015.

CHANG, R.I., CHIU, Y.H. y LIN, J.W., 2020. Two-stage classification of tuberculosis culture diagnosis using convolutional neural network with transfer learning. *Journal of Supercomputing* [en línea], vol. 76, no. 11, pp. 8641-8656. [consulta: 25 mayo 2024]. ISSN 15730484. DOI 10.1007/S11227-020-03152-X/METRICS. Disponible en:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s11227-020-03152-x>.

CHAPMAN, Pete; CLINTON, Julian; KERBER, Randy; KHABAZA, Thomas; REINARTZ, Thomas; SHEARER, Colin y WIRTH, Rüdiger. CRISP-DM 1.0: Step-by-step Data Mining Guide. Chicago: SPSS Inc., 2000. Disponible en: <https://www.the-modeling-agency.com/crisp-dm.pdf>. [Consulta: 14 julio 2026].

CHUA, L.O. y ROSKA, T., 1993. The CNN Paradigm. *IEEE Transactions on Circuits and Systems I: Fundamental Theory and Applications*, vol. 40, no. 3, pp. 147-156. ISSN 10577122. DOI 10.1109/81.222795.

CLAESEN, M. y DE MOOR, B., 2015. Hyperparameter Search in Machine Learning. [en línea], Disponible en: <http://arxiv.org/abs/1502.02127>.

CURIOSO, W.H. y BRUNETTE, M.J., 2020. Inteligencia artificial e innovación para optimizar el proceso de diagnóstico de la tuberculosis. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública* [en línea], vol. 37, no. 3, pp. 554-558. [consulta: 23 mayo 2024]. ISSN 1726-4634. DOI 10.17843/RPMESP.2020.373.5585. Disponible en:
<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2020.373.5585>.

DATA CAMP, 2024. Introducción a las funciones de activación en las redes neuronales | DataCamp. [en línea]. [consulta: 19 abril 2025]. Disponible en: <https://www.datacamp.com/es/tutorial/introduction-to-activation-functions-in-neural-networks>.

DATASCIEN TEST, 2024. Convolutional Neural Network: definición y funcionamiento. [en línea]. [consulta: 19 abril 2025]. Disponible en: <https://datascientest.com/es/convolutional-neural-network-es>.

DEL CARPIO, C., DIANDERAS, E., ZIMIC, M., SHEEN, P., CORONEL, J., LAVARELLO, R. y KEMPER, G., 2019. An algorithm for detection of tuberculosis bacilli in Ziehl-Neelsen sputum smear images. *International Journal of Electrical and Computer Engineering (IJECE)* [en línea], vol. 9, no. 4, pp. 2968-2981. [consulta: 23 mayo 2024]. ISSN 2722-2578. DOI 10.11591/IJECE.V9I4.PP2968-2981. Disponible en: <https://ijece.iaescore.com/index.php/IJECE/article/view/17223>.

DESAI, M. y SHAH, M., 2021. An anatomization on breast cancer detection and diagnosis employing multi-layer perceptron neural network (MLP) and Convolutional neural network (CNN). *Clinical eHealth*, vol. 4, pp. 1-11. ISSN 2588-9141. DOI 10.1016/J.CEH.2020.11.002.

DIANDERAS CAUT, E.J., 2018. Un algoritmo de detección de bacilos de Koch en imágenes de baciloscopía fluorescente basado en máquina de soporte vectorial para telediagnóstico. *Universidad Nacional de Ingeniería* [en línea], [consulta: 26 mayo 2024]. Disponible en: <https://repositorio.uni.edu.pe/handle/20.500.14076/17685>.

DIEL, R., GOLETTI, D., FERRARA, G., BOTHAMLEY, G., CIRILLO, D., KAMPMANN, B., LANGE, C., LOSI, M., MARKOVA, R., MIGLIORI, G.B., NIENHAUS, A., RUHWALD, M., WAGNER, D., ZELLWEGGER, J.P., HUITRIC, E., SANDGREN, A. y MANISSERO, D., 2011. Interferon- γ release assays for the diagnosis of latent Mycobacterium tuberculosis infection: A systematic review and meta-analysis. *European Respiratory Journal*, vol. 37, no. 1, pp. 88-99. ISSN 09031936. DOI 10.1183/09031936.00115110.

- DIRESA, 2024. Dirección Regional de Salud Madre de Dios - Diresa Madre de Dios - Plataforma del Estado Peruano. [en línea]. [consulta: 28 abril 2024]. Disponible en: <https://www.gob.pe/regionmadrededios-diresa>.
- DORRONSORO, I. y TORROBA, L., 2007. Microbiology of tuberculosis. *An. Sist. Sanit. Navar*, vol. 30, no. 2,
- DOS SANTOS, P.R.S., DE CARVALHO BRITO, V., DE CARVALHO FILHO, A.O. y DINIZ, J.O.B., 2024. KochDet: BiFPN-based deep architecture for tuberculosis diagnosis. *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 91, pp. 106056. ISSN 1746-8094. DOI 10.1016/J.BSPC.2024.106056.
- DOS SANTOS REIST, F.J., VELOSO, M.A., MORAES RODRIGUES, F.M., DE CARVALHO BRITO, V., SALES DOS SANTOS, P.R., ARAUJO, J.D.L., DE ANDRADE LIRA RABELO, R. y DE CARVALHO FILHO, A.O., 2021. BacillusNet: An automated approach using RetinaNet for segmentation of pulmonary Tuberculosis bacillus. *Proceedings - IEEE Symposium on Computers and Communications*, vol. 2021- September, ISSN 15301346. DOI 10.1109/ISCC53001.2021.9631390.
- ERICKSON, B.J. y KITAMURA, F., 2021. Magician's corner: 9. performance metrics for machine learning models. *Radiology: Artificial Intelligence* [en línea], vol. 3, no. 3, [consulta: 18 junio 2024]. ISSN 26386100. DOI 10.1148/RYAI.2021200126/ASSET/IMAGES/LARGE/RYAI.2021200126.FIG6.JPEG. Disponible en: <https://pubs.rsna.org/doi/10.1148/ryai.2021200126>.
- F ARIAS, 2012. El Proyecto de Investigación. Introducción a la Metodología Científica. 6ta ... - Fidas G. Arias - Google Libros. [en línea]. [consulta: 7 julio 2024]. Disponible en: <https://books.google.es/books?hl=es&lr=&id=W5n0BgAAQBAJ&oi=fnd&pg=PA11&dq=arias+el+proyecto+de+investigaci%C3%B3n+6ta+edici%C3%B3n&ots=kZkHdnvnm2&sig=aBISLTdTMLuJ7QosIEHTbUTbV3c#v=onepage&q=arias%20el%20proyecto%20de%20investigaci%C3%B3n%206ta%20edici%C3%B3n&f=false>.

- FLORES, L.B., 2009. Prueba de la tuberculina (PPD) aspectos tecnicos y teoricos. *Revista Médica de Costa Rica y Centroamérica*, vol. 66, no. 588, pp. 193-196.
- GHAALIQ, A., MB, L., FRCA, C., MCCLUSKEY, A. y MB, B., 2008. Clinical tests: sensitivity and specificity. *Continuing Education in Anaesthesia Critical Care & Pain* [en línea], vol. 8, no. 6, pp. 221-223. [consulta: 16 junio 2024]. ISSN 1743-1816. DOI 10.1093/BJACEACCP/MKN041. Disponible en: <https://dx.doi.org/10.1093/bjaceaccp/mkn041>.
- GIRÓN MORENO, R.M., MÁIZ, L., BARRIO, I., MARTÍNEZ, M.T., SALCEDO, A. y PRADOS, C., 2008. Nontuberculous Mycobacterial Infection in Patients With Cystic Fibrosis: A Multicenter Prevalence Study. *Archivos de Bronconeumología ((English Edition))*, vol. 44, no. 12, pp. 679-684. ISSN 1579-2129. DOI 10.1016/S1579-2129(09)60006-9.
- GONZALEZ, J., 2020. Diseño e implementación de un sistema de baciloscopia automatizado de cuatro muestras de esputo para el diagnóstico de tuberculosis. [en línea], [consulta: 26 mayo 2024]. Disponible en: <https://tesis.pucp.edu.pe/repositorio/handle/20.500.12404/15587>.
- GUTIÉRREZ SABORIDO, D., SOLER GÓMEZ, A., FÁBREGAS RUANO, M.T. y CÁCERES GESTOSO, A., 2018. Indicaciones de quimioprofilaxis en la infección por Mycobacterium tuberculosis. Interpretación de las pruebas diagnósticas. *Medicine - Programa de Formación Médica Continuada Acreditado*, vol. 12, no. 53, pp. 3153-3156. ISSN 0304-5412. DOI 10.1016/J.MED.2018.03.024.
- HEIDARI, M., MIRNIAHARIKANDEHEI, S., KHUZANI, A.Z., DANALA, G., QIU, Y. y ZHENG, B., 2020. Improving the performance of CNN to predict the likelihood of COVID-19 using chest X-ray images with preprocessing algorithms. *International Journal of Medical Informatics*, vol. 144, pp. 104284. ISSN 1386-5056. DOI 10.1016/J.IJMEDINF.2020.104284.
- HERNÁNDEZ SAMPIERI, R., FERÁNADEZ COLLADO, C. y BAPTISTA LUCIO, M.D.P., 2014. *Metodología de la investigación* [en línea]. S.I.:

McGraw Hill España. [consulta: 7 julio 2024]. ISBN 978-1-4562-2396-0. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/libro?codigo=775008&info=resumen&idoma=SPA>.

HERNÁNDEZ SAMPIERI, R., FERNÁNDEZ COLLADO, C. y DEL PILAR BAPTISTA LUCIO, M., 2010. *Metodología de la investigación* [en línea]. S.l.: s.n. [consulta: 7 julio 2024]. Disponible en: www.FreeLibros.com.

HERRERA M., T., 2020. Las posibles causas del aumento de la incidencia de la tuberculosis en Chile. *Revista chilena de enfermedades respiratorias* [en línea], vol. 36, no. 1, pp. 51-61. [consulta: 23 mayo 2024]. ISSN 0717-7348. DOI 10.4067/S0717-73482020000100051. Disponible en: http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0717-73482020000100051&lng=es&nrm=iso&tlng=en.

HOLGADO-APAZA, L., HOLGADO-APAZA, L.A., ARAGÓN-NAVARRETE, R.N., ANCCO-CALLOAPAZA, C.L., CARPIO-VARGAS, E.E., QUISPE-LAYME, M., BARRÓN-ADAME, J.M., GUZMAN-CABRERA, R. y QUISPE-LAYME, W., 2024. Detection of Wildlife Species in the Peruvian Amazon using Transfer Learning. *Computación y Sistemas* [en línea], vol. 28, no. 2, [consulta: 15 julio 2024]. ISSN 2007-9737. DOI 10.13053/cys-28-2-4715. Disponible en: <https://cys.cic.ipn.mx/ojs/index.php/CyS/article/view/4715>.

HUÉRFANO, Y., VERA, Miguel, DEL MAR, A., CHACÓN, J., VERA, María, BAUTISTA, N. y MARTÍNEZ, M.S., 2016. *Imagenología médica: Fundamentos y alcance*. [en línea]. [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0798-02642016000300002.

IMAN, M., ARABNIA, H.R. y RASHEED, K., 2023. A Review of Deep Transfer Learning and Recent Advancements. *Technologies 2023, Vol. 11, Page 40* [en línea], vol. 11, no. 2, pp. 40. [consulta: 8 julio 2024]. ISSN 2227-7080. DOI 10.3390/TECHNOLOGIES11020040. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2227-7080/11/2/40/htm>.

- ISASI VIÑUELA, P. y GALVÁN LEÓN, I., 2004. *Redes neuronales artificiales un enfoque practico*. Madrid: s.n. ISBN 84-205-4025-0.
- JORGE MATICH, D., 2001. *Redes Neuronales: Conceptos Básicos y Aplicaciones*. ,
- KHUTLANG, R., KRISHNAN, S., DENDERE, R., WHITELAW, A., VEROPOULOS, K., LEARMONTH, G. y DOUGLAS, T.S., 2010. Classification of mycobacterium tuberculosis in images of ZN-stained sputum smears. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, vol. 14, no. 4, pp. 949-957. ISSN 10897771. DOI 10.1109/TITB.2009.2028339.
- KURUP, R. y CHESTER, K., 2014. Comparative Evaluation of Ziehl Neelsen Staining and Knowledge, Attitudes and Practices of Laboratory Personnel in Relation to Ziehl Nielsen. *The West Indian Medical Journal* [en línea], vol. 63, no. 1, pp. 34. [consulta: 18 junio 2024]. ISSN 00433144. DOI 10.7727/WIMJ.2012.247. Disponible en: /pmc/articles/PMC4655639/.
- LEE, Joong y LEE, Junghye, 2023. A Study of Mycobacterium tuberculosis Detection Using Different Neural Networks in Autopsy Specimens. *Diagnostics*, vol. 13, no. 13, ISSN 20754418. DOI 10.3390/diagnostics13132230.
- LI, W., JIANG, L., ZHU, Z., LI, Y., PENG, H., LIANG, D., YANG, H. y LIANG, W., 2023. Identification of Imaging Features of Diabetes Mellitus and Tuberculosis Based on YOLOv8x Model Combined with RepEca Network Structure. *Proceedings - 2023 International Conference on Pattern Recognition, Machine Vision and Intelligent Algorithms, PRMVIA 2023*, pp. 155-162. DOI 10.1109/PRMVIA58252.2023.00032.
- LOZANO, J.A., 2002. Tuberculosis. Patogenia, diagnóstico y tratamiento. *OFFARM* [en línea], vol. 21, [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: <http://www.elsevier.es>.

- LUNA, J.A.C., 2003. Guía de la Tuberculosis para Médicos Especialistas. *Unión Internacional Contra la Tuberculosis y Enfermedades Respiratorias*,
- MACHADO-VILLARROEL, L., ACOSTA-LOYA, J.A., OROZCO-ANDRADE, I., BRAVO-RODRÍGUEZ, G. y DIMAKIS-RAMÍREZ, D.A., 2015. Determinación del interferón-gamma en tuberculosis: Principios básicos y utilidad. *NCT Neumología y Cirugía de Tórax*, vol. 74, no. 3, pp. 197-206. ISSN 0028-3746. DOI 10.35366/62385.
- MATHWORKS, 2023. Convolución - MATLAB & Simulink. [en línea]. [consulta: 19 abril 2025]. Disponible en: <https://la.mathworks.com/discovery/convolution.html>.
- MEDLINEPLUS, 2022. Prueba de tuberculosis: Prueba de laboratorio de MedlinePlus. [en línea]. [consulta: 19 abril 2025]. Disponible en: <https://medlineplus.gov/spanish/pruebas-de-laboratorio/prueba-de-tuberculosis/>.
- MINSA, 2006. La Tuberculosis: Introducción. ,
- MINSA, 2014. Diagnóstico de Tuberculosis. [en línea], [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: www.msal.gov.ar.
- MINSA, 2022. INS continúa fortaleciendo servicios para combatir a la Tuberculosis en el Perú. [en línea]. [consulta: 23 abril 2024]. Disponible en: http://www.tuberculosis.minsa.gob.pe/portaldpctb/noticias/detalle_noticia.aspx?not=1119.
- MITHRA, K.S. y SAM EMMANUEL, W.R., 2021. GFNN: Gaussian-Fuzzy-Neural network for diagnosis of tuberculosis using sputum smear microscopic images. *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, vol. 33, no. 9, pp. 1084-1095. ISSN 1319-1578. DOI 10.1016/J.JKSUCI.2018.08.004.
- NATARAJ, V., VARELA, C., JAVID, A., SINGH, A., BESRA, G.S. y BHATT, A., 2015. Mycolic acids: deciphering and targeting the Achilles' heel of the

tubercle bacillus. *Molecular Microbiology* [en línea], vol. 98, no. 1, pp. 7. [consulta: 19 abril 2025]. ISSN 13652958. DOI 10.1111/MMI.13101. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4949712/>.

NAVA PAZ, O., HASSANHI, M. y PRIETO, L., 2005. Evaluación de la baciloscopia, cultivo y reacción en cadena de la polimerasa para el diagnóstico de tuberculosis pulmonar. *Kasmera* [en línea], vol. 33, no. 2, pp. 119-131. [consulta: 16 junio 2024]. ISSN 0075-5222. Disponible en: http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0075-52222005000200005&lng=es&nrm=iso&tlng=es.

OLABE, X.B., 2008. REDES NEURONALES ARTIFICIALES Y SUS APLICACIONES. . S.I.:

OMS, 2018. Manual para el Diagnóstico Bacteriológico de la Tuberculosis. Parte 1: Manual de actualización de la Baciloscopia. [en línea]. [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/manual-para-diagnostico-bacteriologico-tuberculosis-parte-1-manual-actualizacion>.

OPS, 2023. Tuberculosis - OPS | Organización Panamericana de la Salud. [en línea]. [consulta: 23 abril 2024]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/temas/tuberculosis>.

P. FANLO, G.T., 2007. Tuberculosis extrapulmonar. [en línea]. [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: https://scielo.isciii.es/scielo.php?pid=S1137-66272007000400011&script=sci_arttext.

PITA FERNÁNDEZ, S., P.D.S., 2010. Pruebas diagnósticas: Sensibilidad y especificidad. [en línea]. [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: <https://www.fisterra.com/formacion/metodologia-investigacion/pruebas-diagnosticas-sensibilidad-especificidad/>.

RAHMAN, T., CHOWDHURY, M.E.H., KHANDAKAR, A., ISLAM, K.R., ISLAM, K.F., MAHBUB, Z.B., KADIR, M.A. y KASHEM, S., 2020. Transfer Learning with Deep Convolutional Neural Network (CNN) for Pneumonia Detection Using Chest X-ray. *Applied Sciences* 2020, Vol. 10, Page 3233

[en línea], vol. 10, no. 9, pp. 3233. [consulta: 11 mayo 2024]. ISSN 2076-3417. DOI 10.3390/APP10093233. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-3417/10/9/3233/htm>.

ROMO ROMERO, H.A., RAMÍREZ M., F. y VALDIVIESO B., R., 2007. Detección del bacilo mycobacterium tuberculosis mediante reconocimiento de patrones. [en línea], [consulta: 12 mayo 2024]. Disponible en: <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/24287>.

RUPERTI-MACIAS, G.E. y CAÑARTE-VÉLEZ, J.C., 2024. Baciloscopias para el diagnóstico de Tuberculosis Pulmonar en pacientes atendidos en el Laboratorio Clínico de Loreto, 2022. *Revista Científica de Salud BIOSANA* [en línea], vol. 4, no. 1, pp. 201-214. [consulta: 23 mayo 2024]. ISSN 2960-8481. DOI 10.62305/BIOSANA.V4I1.120. Disponible en: <https://soeici.org/index.php/biosana/article/view/120>.

SANT'ANNA, C.C., 2015. UTILIDAD DE LA REACCIÓN DE TUBERCULINA. *Neumología Pediátrica* [en línea], vol. 10, no. 4, pp. 169-173. [consulta: 16 junio 2024]. ISSN 0718-333X. DOI 10.51451/NP.V10I4.337. Disponible en: <https://neumologia-pediatrica.cl/index.php/NP/article/view/337>.

SANTOS, P.R.S. dos, BRITO, V. de C., FILHO, A.O. de C., SOUSA, A.D. de, DINIZ, J.O.B. y LUZ, D. de S., 2023. EfficientBacillus: uma arquitetura profunda para detecção dos bacilos de Koch. *Simpósio Brasileiro de Computação Aplicada à Saúde (SBCAS)* [en línea], pp. 198-209. [consulta: 28 abril 2024]. ISSN 2763-8952. DOI 10.5753/SBCAS.2023.229608. Disponible en: <https://sol.sbc.org.br/index.php/sbcas/article/view/25289>.

SARMIENTO RAMOS, J.L., 2020. Aplicaciones de las redes neuronales y el deep learning a la ingeniería biomédica. *Revista UIS Ingenierías* [en línea], vol. 19, pp. 1-18. [consulta: 8 julio 2024]. ISSN 2145-8456. DOI 10.18273/revuin.v19n4-2020001. Disponible en: <https://doi.org/10.18273/revuin.v19n4-2020001>.

- SATO YAMADA, J.J., 2013. Microscopio automatizado: conteo de bacilos de tuberculosis. [en línea], [consulta: 26 mayo 2024]. Disponible en: <https://tesis.pucp.edu.pe/repositorio//handle/20.500.12404/4919>.
- SEQUEIRA DE LATINI, M.Delfina. y BARRERA, Lucia., 2008. Manual para el diagnóstico bacteriológico de la tuberculosis: normas y guía técnica, Parte I, Baciloscopia. [en línea], pp. 64. [consulta: 16 junio 2024]. Disponible en: https://books.google.com/books/about/MANUAL_PARA_EL_DIAGN%C3%93STICO_BACTERIOL%C3%93G.html?hl=es&id=1uitCuYu1KQC.
- SERRAO, M.K.M., COSTA, M.G.F., FUJIMOTO, L.B., OGUSKU, M.M. y FILHO, C.F.F.C., 2020. Automatic Bacillus Detection in Light Field Microscopy Images Using Convolutional Neural Networks and Mosaic Imaging Approach. *Proceedings of the Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBS*, vol. 2020- July, pp. 1903-1906. ISSN 1557170X. DOI 10.1109/EMBC44109.2020.9176105.
- SHAH, M.I., MISHRA, S., SARKAR, M. y SUDARSHAN, S.K., 2016. Automatic Detection and Classification of Tuberculosis Bacilli from Camera-enabled Smartphone Microscopic Images. . S.l.:
- SHAO, Y., SONG, H., LI, G., LI, Yan, LI, Yishu, ZHU, L., LU, W. y CHEN, C., 2021. Relapse or Re-Infection, the Situation of Recurrent Tuberculosis in Eastern China. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, vol. 11, pp. 638990. ISSN 22352988. DOI 10.3389/FCIMB.2021.638990/BIBTEX.
- SILVA CARNERO, D.A., 2021. ANÁLISIS DE ARQUITECTURAS CNN DEL ESTADO DEL ARTE EN EL RECONOCIMIENTO DE ACTIVIDADES POR VIDEO. ,
- SILVA MIRANDA, M., BREIMAN, A., ALLAIN, S., DEKNUYDT, F. y ALTARE, F., 2012. The Tuberculous Granuloma: An Unsuccessful Host Defence Mechanism Providing a Safety Shelter for the Bacteria? *Clinical and Developmental Immunology* [en línea], vol. 2012, pp. 139127. [consulta:

19 abril 2025]. ISSN 17402522. DOI 10.1155/2012/139127. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3395138/>.

TICONA HUAROTO, J.E., 2017. Análisis de características de forma del bacilo de koch para detección automática de tuberculosis en imágenes digitales. [en línea]. [consulta: 23 mayo 2024]. Disponible en: https://books.google.com.pe/books/about/An%C3%A1lisis_de_caracter%C3%ADsticas_de_forma_d.html?id=bWgvswEACAAJ&redir_esc=y.

TRUSOV, A., BUMGARNER, R., VALIJEV, R., CHESTNOVA, R., TALEVSKI, S., VRAGOTEROVA, C. y NEELEY, E.S., 2009. Comparison of Lumin LED fluorescent attachment, fluorescent microscopy and Ziehl-Neelsen for AFB diagnosis. ,

ULTRALYTICS, 2024. Mapas de características en las CNN: Una Guía de Aprendizaje Profundo | Ultralytics. [en línea]. [consulta: 19 abril 2025]. Disponible en: <https://www.ultralytics.com/es/glossary/feature-maps>.

ULTRALYTICS, 2025. Ultralytics YOLO. [en línea]. [consulta: 12 mayo 2025]. Disponible en: <https://docs.ultralytics.com/es/#yolo-a-brief-history>.

VIZCAÍNO SALAZAR, Gilberto., 2020. *Medicina basada en la evidencia y análisis de diseños de investigación clínica* [en línea]. Colombia: s.n. [consulta: 16 junio 2024]. ISBN 9789585237667. Disponible en: <https://unilibros.co/gpd-medicina-basada-en-la-evidencia-y-analisis-de-disenos-de-investigacion-clinica.html>.

WALPOLE, R.E., MYERS, R.H., MYERS, S.L. y YE, K., 2012. Probabilidad y estadística para ingeniería y ciencias. . S.l.:

ANEXOS

ANEXO 1: MATRIZ DE OPERACIONALIZACIÓN

Desarrollo De Un Sistema Informático Con Redes Neuronales Convolucionales Para La Detección Y Conteo De Bacilos De Koch En El Hospital Santa Rosa, 2025.

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensiones	Indicadores
Variable independiente	(Isasi Viñuela y Galván León 2004) mencionan que las Redes Neuronales son modelos computacionales que se comportan de manera similar al cerebro en sus funciones más comunes. Los autores califican el desempeño de una red neuronal mediante la exactitud, sensibilidad y puntuación f1.	La variable se medirá mediante una ficha de registro para evaluar las redes neuronales mediante las métricas señaladas.	YOLOv11	- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
				- Precisión media (PA)
				- Precisión media promedio (mAP)
			YOLOv9	- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
				- Precisión media (PA)
Redes neuronales convolucionales	YOLO es un modelo de red neuronal utilizado para la detección de objetos y la segmentación de imágenes. Actualmente cuenta con más de 10 versiones, siendo las más recientes las versiones 8, 9 y 11 (ultralytics 2025).		YOLOv9	- Precisión media promedio (mAP)
				- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
			YOLOv8	- Precisión media (PA)
				- Precisión media promedio (mAP)
				- Recall
				- Puntuación f1
				- Intersección sobre unión (IoU)
Variable dependiente	La detección del Bacilo de Koch se refiere a la identificación de la población de los bacilos de tuberculosis en el esputo (Romo Romero, Ramírez M. y Valdivieso B. 2007)	La variable de detección y conteo de Bacilos de Koch se medirán a través de parámetros de evaluación de pruebas de diagnóstico clínico y de laboratorio mediante una ficha de registro.	Sensibilidad de la detección y conteo de bacilos de koch	
			Tasa de Sensibilidad	
			Especificidad de la detección y conteo de bacilos de koch	
			Tasa de Especificidad	
Detección de bacilos de koch	Según la Organización Panamericana de la Salud, los parámetros que indican la validez de una prueba de diagnóstico de TB son: Sensibilidad y Especificidad (Barrera et al. 2018).			

ANEXO 2: MATRIZ DE CONSISTENCIA

Desarrollo De Un Sistema Informático Con Redes Neuronales Convolucionales Para La Detección Y Conteo De Bacilos De Koch En El Hospital Santa Rosa, 2025

PROBLEMA GENERAL	OBJETIVO	HIPÓTESIS	VARIABLES	METODOLOGÍA
Principal	Objetivo general	Hipótesis general	Variable Independiente	Tipo de investigación: Aplicada Nivel de investigación: Descriptivo Diseño de investigación: Transversal Población Y Muestra: Población: 691 imágenes Muestra: 691 imágenes Técnicas e instrumentos Técnicas: Observación Instrumentos: Ficha de registro Métodos de análisis de datos - Análisis Descriptivo - Análisis Estadístico
¿Cuál es el nivel de precisión media AP en la detección de bacilos de Koch utilizando un sistema informático con redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa?	Determinar el nivel de precisión media AP en la detección de bacilos de Koch utilizando un sistema informático con redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa.	El nivel de precisión media AP en la detección de bacilos de Koch utilizando un sistema informático con redes neuronales convolucionales en el Hospital Santa Rosa será mayor que el 80%.	X1 = Redes neuronales convolucionales.	
Problemas específicos	Objetivos específicos	Hipótesis específicas	Variable Dependiente	
¿Cuál es el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa? ¿Cuál es el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa? ¿Cuál es el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa?	- Determinar el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa. - Determinar el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa. - Determinar el nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa.	- El nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v8 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80% - El nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v9 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80% - El nivel de precisión media AP utilizando el algoritmo de Yolo-v11 en la detección de los bacilos de koch del hospital Santa Rosa será mayor a 80%	X2 = Detección de bacilos de Koch	

ANEXO 3: RECOLECCIÓN DE DATOS



UNIVERSIDAD NACIONAL AMAZONICA DE MADRE DE DIOS
FACULTAD DE INGENIERÍA
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

"Madre de Dios, Capital de la Biodiversidad del Perú"

Puerto Maldonado, 24 de abril del 2024

OFICIO N° 070-2024-UNAMAD-R-VRA-DFI-EPISI

Señor:

Luis Humberto Chávez Celis

DIRECTOR EJECUTIVO DEL HOSPITAL SANTA ROSA

Presente. -

ASUNTO: SOLICITO AUTORIZACIÓN PARA REALIZAR
INVESTIGACIÓN ACADÉMICA.

REF: REGLAMENTO DE GRADOS Y TÍTULOS DE LA UNAMAD

Tengo el agrado de dirigirme a Usted, para saludarlo cordialmente y en atención al documento en referencia, AUTORIZO el ingreso al Departamento de Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica, como también a la Unidad de Epidemiología del Hospital Santa Rosa, a los estudiantes: **Mariana Vela Quispe y Vladimir Wilber Saire Rimachi** de la Carrera Profesional de Ingeniería de Sistemas e Informática de la Universidad Nacional Amazónica de Madre de Dios; con la finalidad de aplicar su instrumento de investigación (uso y análisis de datos) de los pacientes pertenecientes a los indicadores del ámbito del Hospital Santa Rosa.

Información que se requiere para el Proyecto de Investigación denominada: **"Desarrollo de un prototipo de software con redes neuronales para la detección y conteo de los bacilos de Koch en el Hospital Santa Rosa, 2024"**, con fines únicamente académicos y respetando y actuando conforme a la ley de protección de datos 29733.

Hago propicia la ocasión para expresarle mi consideración más distinguida, estima personal y mi agradecimiento por el apoyo al desarrollo académico y promoción de la investigación.

Sin otro en particular, me suscribo de Usted, no sin antes expresarle los sentimientos de mi especial consideración.

Atentamente,

UNIVERSIDAD NACIONAL AMAZONICA DE MADRE DE DIOS
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

M.Sc. YVAN VILCHEZ NAVARRO
DIRECTOR

CC:
Archivos
DND/EPISI
FAC/MC/secret.

GOBIERNO REGIONAL DE MADRE DE DIOS	
HOSPITAL II SANTA ROSA	
DIRECCIÓN EJECUTIVA	
RECEPCIÓN	
SISTEMA DE TRÁMITE DOCUMENTARIO	
MESA DE PARTE	
Registro Exp. N°:	
Folios:	
Fecha:	25 ABR 2024
Hora:	11:10
Firma:	

UNAMAD
Acreditando
Calidad



CARGO

ANEXO 4: RECOLECCIÓN DE DATOS





ANEXO 5: CODIGO DEL MODELO DE ENTRENAMIENTO

```
!pip install ultralytics roboflow pandas openpyxl matplotlib
from ultralytics import YOLO
import pandas as pd
import numpy as np
import os
from google.colab import drive
drive.mount('/content/drive')

save_dir = "/content/drive/MyDrive/TESIS 2.0/PRUEBAS-Y11/PRUEBA-10"
os.makedirs(save_dir, exist_ok=True)
data_path = "/content/drive/MyDrive/TESIS 2.0/Yolov11--X2/data.yaml"
model = YOLO("yolo11x-seg.pt")

results = model.train(
    data=data_path,
    epochs=65,
    imgsz=1280,
    batch=1,
    lr0=0.0008,
    patience=20,
    task="segment",
    degrees=0.0,
    translate=0.08, #0.03
    scale=0.08,
    shear=0.0,
    perspective=0.0,
    flipud=0.0,
    fliplr=0.0,
    hsv_h=0.00,
    hsv_s=0.10,
    hsv_v=0.10,
    mosaic=0.1,
    mixup=0.0,
    copy_paste=0.0,
    close_mosaic=10,
    overlap_mask=True,
    mask_ratio=1,
    freeze=10,
    project=save_dir,
    name="entrenamiento"
)

best_model_path = os.path.join(
    save_dir,
    "entrenamiento",
    "weights",
    "best.pt"
)
```

```

    )
    print("\nMejor modelo:")
    print(best_model_path)
    best_model = YOLO(best_model_path)

    metrics = best_model.val(
        data=data_path,
        split="test",
        project=save_dir,
        name="validacion_test"
    )
    precision = float(metrics.box.p.mean())
    recall = float(metrics.box.r.mean())
    f1 = 2 * (precision * recall) / (precision + recall)
    iou = float(metrics.box.map50)
    map50 = float(metrics.box.map50)
    map5095 = float(metrics.box.map)
    print(f"Precision media (PA): {precision:.4f}")
    print(f"Sensibilidad (Recall): {recall:.4f}")
    print(f"F1-score: {f1:.4f}")
    print(f"IoU: {iou:.4f}")
    print(f"mAP@50: {map50:.4f}")
    print(f"mAP@50-95: {map5095:.4f}")

    data = {
        "Metrica": [
            "Precision media (PA)",
            "Sensibilidad (Recall)",
            "F1-score",
            "IoU",
            "mAP@50",
            "mAP@50-95"
        ],
        "Valor": [
            precision,
            recall,
            f1,
            iou,
            map50,
            map5095
        ]
    }
    df = pd.DataFrame(data)
    excel_path = os.path.join(save_dir, "resultados_metricas.xlsx")
    df.to_excel(excel_path, index=False)

```

ANEXO 6: FICHA DE REGISTRO DE METRICAS OBTENIDAS

FICHA DE REGISTRO N°1

I. DATOS DEL EXPERIMENTO

- **Modelo de Red Neuronal:** YOLOv8 (X) YOLOv9 () YOLOv11()
- **N° de epocas:** 65
- **Entorno de ejecución:** Google Colab (Procesador AMD EPYC 9B45 / RAM 176.88 GB).
- **Fecha:** 01/04/2026

II. EVALUACIÓN DE LAS REDES NEURONALES CONVOLUCIONALES

Indicador Técnico	N° DE EJECUCIÓN									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Sensibilidad (Recall)	0.8460	0.8271	0.8439	0.8407	0.8359	0.8409	0.8429	0.8396	0.8436	0.8395
Puntuación F1 (F1-Score)	0.8264	0.8230	0.8270	0.8203	0.8295	0.8219	0.8294	0.8259	0.8248	0.8269
Intersección sobre Unión (IoU)	0.8723	0.8759	0.8781	0.8800	0.8759	0.8805	0.8810	0.8769	0.8725	0.8784
Precisión Media (PA)	0.8078	0.8190	0.8107	0.8008	0.8096	0.8174	0.8161	0.8159	0.8158	0.8015
Precisión Media Promedio (mAP)	0.8723	0.8759	0.8781	0.8800	0.8796	0.8805	0.8818	0.8769	0.8796	0.8791

FICHA DE REGISTRO N° 2

I. DATOS DEL EXPERIMENTO

- **Modelo de Red Neuronal:** YOLOv8 () YOLOv9 (X) YOLOv11()
- **N° de epocas:** 65
- **Entorno de ejecución:** Google Colab (Procesador AMD EPYC 9B45 / RAM 176.88 GB).
- **Fecha:** 04/04/2026

II. EVALUACIÓN DE LAS REDES NEURONALES CONVOLUCIONALES

Indicador Técnico	N° DE EJECUCIÓN									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Sensibilidad (Recall)	0.8470	0.8357	0.8164	0.8357	0.8296	0.8318	0.8424	0.8398	0.8284	0.8355
Puntuación F1 (F1-Score)	0.8461	0.8401	0.8373	0.8401	0.8365	0.8469	0.8451	0.8415	0.8388	0.8448
Intersección sobre Unión (IoU)	0.8885	0.8758	0.8788	0.8758	0.8724	0.8859	0.8769	0.8715	0.8896	0.8736
Precisión Media (PA)	0.8452	0.8445	0.8592	0.8445	0.8496	0.8574	0.8457	0.8469	0.8524	0.8532
Precisión Media Promedio (mAP)	0.8885	0.8758	0.8788	0.8758	0.8768	0.8824	0.8769	0.8745	0.8794	0.8875

FICHA DE REGISTRO N° 3

I. DATOS DEL EXPERIMENTO

- Modelo de Red Neuronal: YOLOv8 () YOLOv9 () YOLOv11(X)
- N° de epocas: 65
- Entorno de ejecución: Google Colab (Procesador AMD EPYC 9B45 / RAM 176.88 GB).
- Fecha: 08/04/2026

II. EVALUACIÓN DE LAS REDES NEURONALES CONVOLUCIONALES

Indicador Técnico	N° DE EJECUCIÓN									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Sensibilidad (Recall)	0.8214	0.8556	0.8435	0.8435	0.8491	0.8374	0.8532	0.8468	0.8395	0.8513
Puntuación F1 (F1-Score)	0.8310	0.8416	0.8535	0.8535	0.8468	0.8426	0.8493	0.8449	0.8382	0.8475
Intersección sobre Unión (IoU)	0.8842	0.8903	0.8875	0.8875	0.8881	0.8859	0.8895	0.8867	0.8854	0.8888
Precisión Media (PA)	0.8407	0.8281	0.8638	0.8638	0.8523	0.8487	0.8551	0.8504	0.8461	0.8539
Precisión Media Promedio (mAP)	0.8842	0.8903	0.8875	0.8875	0.8890	0.8882	0.8898	0.8887	0.8879	0.8895

ANEXO 7: FICHA DE ANÁLISIS PARA TASA DE SENSIBILIDAD Y TASA DE ESPECIFICIDAD

FICHA DE ANÁLISIS

I. DATOS DEL EXPERIMENTO

- Fecha: 17/04/2026

II. EVALUACIÓN DE LA VARIABLE DEPENDIENTE: DETECCIÓN DE BACIOS DE KOCH

Muestra N°	Diagnóstico Manual	Diagnóstico con el Modelo
1	No tiene Tb	Negativo
2	Tiene Tb	Positivo
3	No tiene Tb	Negativo
4	Tiene Tb	Positivo
5	Tiene Tb	Positivo
6	Tiene Tb	Positivo
7	Tiene Tb	Positivo
8	Tiene Tb	Positivo
9	Tiene Tb	Positivo
10	No tiene Tb	Negativo
11	Tiene Tb	Positivo
12	Tiene Tb	Positivo
13	Tiene Tb	Positivo
14	No tiene Tb	Negativo
15	No tiene Tb	Negativo

VP	10
VN	5
FP	0
FN	0

II. TASA DE SENSIBILIDAD Y ESPECIFICIDAD

$$\text{Sensibilidad} = \frac{VP}{VP + FN} = \frac{10}{10 + 0} = 1 = 100\%$$

Una prueba 100% sensible reconoce a todos los enfermos.

$$Especificidad = \frac{VN}{VN+FP} = \frac{5}{5+0} = 1 = 100\%$$

Una prueba 100% específica reconoce a todos los pacientes sin la enfermedad