

Automatización del recuento diferencial de leucocitos en extendido de sangre periférica a partir
de aprendizaje profundo

Michelle Alexandra García Martínez

Trabajo de Grado para Optar al Título de Ingeniera Electrónica

Director

Jaime Guillermo Barrero Pérez

Magister en Potencia Eléctrica

Codirector

Diego Fernando Rincón Reyes

Magister en Microbiología

Universidad Industrial de Santander

Facultad de Fisicomecánicas

Escuela de Ingenierías Eléctrica, Electrónica y de Telecomunicaciones

Ingeniería Electrónica

Bucaramanga - Santander

2025

Dedicatoria

El mayor motivo que he tenido para seguir adelante, incluso en medio de la adversidad y los múltiples obstáculos que se me han presentado no solo en la carrera, sino en la vida misma, ha sido mi querida madre, Elsa Martínez Luengas. Mami, aunque sé que no podrás leer estas palabras ni estar presente el día en que reciba mi diploma, dejo aquí constancia de la gran mujer que fuiste, de lo maravillosa que eras y de la gran luz que proporcionaste a mi vida.

Gracias, mamá, por escucharme con paciencia en mis días difíciles, por tu apoyo incondicional cuando llegué sola a una ciudad desconocida, por enviarme esos mercados cuando sabías que pasaba hambre, por cocinarme mi comida favorita cada vez que volvía a casa. Gracias por tu sacrificio, por tu entrega, y por creer siempre en mí, incluso cuando yo misma dudaba.

Este trabajo de grado y cada uno de los logros que vengan en mi camino están dedicados a ti. Fuiste, eres y serás el motor que me impulsa a dar lo mejor de mí. Te amo profundamente, mamá. A ti te dedico todos mis éxitos.

Agradecimientos

En primer lugar, quiero expresar mi más profundo agradecimiento a mi madre, porque sin ella nada de lo que he logrado hasta hoy habría sido posible. A mi familia, gracias por acompañarme y brindarme su apoyo en esta etapa tan importante.

Agradezco profundamente a todos mis profesores, quienes con paciencia y dedicación me guiaron en el aprendizaje de conocimientos que, en un principio, eran completamente nuevos para mí. En especial, extiendo mi gratitud al profesor Carlos Fajardo, por su acompañamiento constante durante mi formación académica y por su valiosa orientación en el desarrollo de este trabajo de grado. Asimismo, agradezco a mi director de trabajo de grado, Jaime Barrero, por cada una de sus recomendaciones y por la guía brindada a lo largo de este proceso. De igual forma, a mi codirector Diego Rincón, gracias por su compromiso, su enseñanza constante y la paciencia con la que me acompañó en cada etapa de este proyecto.

También extiendo mi gratitud a la Universidad Industrial de Santander por brindarme la oportunidad de formarme académicamente y por proporcionarme los recursos necesarios para alcanzar este logro.

A mis amigos, gracias por ser parte esencial de este camino. Compartimos aprendizajes, desafíos y aventuras que siempre llevaré conmigo. A Jouver Delgado, mi confidente y gran amigo, gracias por escucharme, aconsejarme y estar siempre presente cuando más lo necesitaba.

Tabla de Contenido

	Pág.
Introducción	13
1. Objetivos	16
1.1 Objetivo General	16
1.2 Objetivos Específicos.....	16
2. Sección 1: Conceptos Previos.....	17
2.1 La sangre y sus componentes.....	17
2.2 Leucocitos: Función Inmunológica y métodos de conteo.....	17
2.3 Aplicación de inteligencia artificial en el análisis sanguíneo	19
2.4 Entrenamiento de modelos con aprendizaje automático.....	20
2.5 Herramientas y modelos utilizados en visión por computadora	20
2.6 Evaluación de modelos de IA	23
3. Sección 2: Desarrollo de la solución.....	26
3.1 Metodología	26
3.1.1 Construcción de la base de datos	26
3.1.2 Etiquetado de la base de datos	30
3.1.3 Elección del modelo.....	32
3.1.4 Desarrollo final	35
3.2 Resultados	36
4. Sección 3: Conclusiones	39
5. Sección 4: Recomendaciones.....	41
Referencias Bibliográficas	43

Apéndices..... 47

Lista de Tablas

	Pág.
Tabla 1 Base de datos propia.	32
Tabla 2 Resultados del entrenamiento con los modelos Yolov8m, YOLOv8x, YOLOv11m y YOLOv11x.	34

Lista de Figuras

	Pág.
Figura 1 Ubicación de los equipos.....	27
Figura 2 Proceso de toma de fotografía de la placa.....	28
Figura 3 Fotografía de frotis de sangre con células separadas.....	29
Figura 4 Fotografía de frotis de sangre con células amontonadas.....	29
Figura 5 Etiquetado de la imagen 33 con el uso de la herramienta LabelImg.....	30
Figura 6 Archivo de texto generado por LabelImg de la imagen 33.....	31
Figura 7 Porcentaje y cantidad de imágenes de los diferentes conjuntos de datos.....	32
Figura 8 Preentrenamiento del modelo YOLO v8x.....	33
Figura 9 Matriz de confusión.....	36
Figura 10 Matriz de confusión con los resultados del testeó.....	37

Lista de Apéndices

	pág.
Apéndice A. Repositorio Github.....	47

Glosario

Aceite de inmersión: líquido viscoso y transparente que tiene un alto índice de refracción, usado en observaciones microscópicas para mejorar la resolución al reducir la dispersión de la luz entre la lente y la muestra.

BatchNorm: técnica usada en redes neuronales para normalizar las activaciones de una capa, con el fin de acelerar el entrenamiento y mejorar la escalabilidad del modelo.

Fluorocromos: compuestos fluorescentes que se unen a anticuerpos específicos y permiten la identificación y cuantificación de distintos tipos de glóbulos blancos en la citometría de flujo. Al ser excitados por un láser, emiten luz de diferentes longitudes de onda, lo que permite diferenciar las células según sus marcadores de superficie.

GANs (Generative Adversarial Networks): tipo de red neuronal que genera datos nuevos y realistas mediante un proceso de competencia entre dos redes: una generadora y una discriminadora.

Kaggle: plataforma en línea para la ciencia de datos y aprendizaje automático donde usuarios pueden participar en competencias, compartir proyectos, explorar conjunto de datos y aprender con notebooks colaborativos.

LabelImg: herramienta de código abierto que permite anotar imágenes manualmente dibujando cuadros delimitadores alrededor de objetos, y asignarles etiquetas, para crear un conjunto de datos utilizados en el entrenamiento de modelos de visión por computadora.

Macrófagos: tipo de glóbulo blanco cuya función es destruir e ingerir microorganismos, células muertas y desechos celulares.

Mediadores químicos: sustancias liberadas por los glóbulos blancos y otras células del sistema inmunológico que regulan la respuesta inflamatoria e inmune.

Resumen

Título: Automatización del recuento diferencial de leucocitos en extendido de sangre periférica a partir de aprendizaje profundo *

Autor: Michelle Alexandra García Martínez**

Palabras Clave: Aprendizaje Profundo, Conteo de leucocitos, Detección de células.

Descripción: Los glóbulos blancos, también conocidos como leucocitos, desempeñan un papel crucial en el sistema inmunológico, defendiendo al cuerpo contra infecciones y otras enfermedades. Debido a su importancia, el conteo de estas células es esencial para el diagnóstico y monitoreo de la salud de los pacientes. Tradicionalmente, este proceso se realiza de forma manual por profesionales de la salud, lo que puede resultar laborioso, consumir mucho tiempo y ocasionar errores en la clasificación. En este proyecto, se abordó la necesidad de facilitar el conteo mediante el uso de un modelo de *Deep learning*. Para ello, se desarrolló una base de datos con imágenes de dos clases de leucocitos, neutrófilos y linfocitos, en el laboratorio clínico de la Universidad Industrial de Santander, que se utilizó para entrenar algunas versiones del modelo YOLO como YOLOv8m, YOLOv8x, YOLOv11m y YOLOv11x. Después de un análisis de resultados entre las diferentes versiones, se seleccionó YOLOv8x que alcanzó una precisión del 97.27 %, lo que representa una mejora significativa en comparación con los métodos tradicionales. La solución propuesta no solo facilita la tarea de los profesionales de la salud, sino que también contribuye a obtener resultados más confiables.

* Trabajo de Grado

** Facultad de Fisicomecánicas. Escuela de Ingeniería Eléctrica, Electrónica y Telecomunicaciones. Ingeniería Electrónica. Director: Jaime Guillermo Barrero Pérez. Magister en Potencia Eléctrica. Codirector: Diego Fernando Rincón Reyes. Magister en Microbiología.

Abstract

Title: Automation of Differential Leukocyte Count in Peripheral Blood Smears Using Deep Learning *

Author(s): Michelle Alexandra García Martínez **

Key Words: Deep Learning, Leukocyte Count, Cell Detection.

Description: White blood cells, also known as leukocytes, play a crucial role in the immune system by defending the body against infections and other diseases. Due to their importance, the count of these cells is essential for diagnosing and monitoring patient health. Traditionally, this process is performed manually by healthcare professionals, which can be labor-intensive, time-consuming, and prone to classification errors. In this project, the need to facilitate the counting process was addressed by using a deep learning model. To achieve this, a database was developed containing images of two types of leukocytes, neutrophils and lymphocytes, at the Clinical Laboratory of the Industrial University of Santander, which was used to train several versions of the YOLO model, including YOLOv8m, YOLOv8x, YOLOv11m, and YOLOv11x. After analyzing the results across the different versions, YOLOv8x was selected, as it achieved an accuracy of 97.27%, representing a significant improvement over traditional methods. The proposed solution not only simplifies the task for healthcare professionals but also contributes to more reliable results.

* Degree Work

** Faculty of Physical and Mechanical Engineering, School of Electrical, Electronic and Telecommunications Engineering. Electronic Engineering. Director: Jaime Guillermo Barrero Pérez. Master in Electric Power. Co – director: Diego Fernando Rincón Reyes. Master in Microbiology.

Introducción

La sangre es un líquido esencial que recorre todo nuestro cuerpo por medio de las arterias y venas, transportando oxígeno, nutrientes a las células y eliminando desechos como el dióxido de carbono. Además, regula el equilibrio de los líquidos, electrolitos, temperatura corporal y pH. Está formada por plasma, glóbulos rojos, glóbulos blancos y plaquetas, cada uno desempeñando funciones específicas que aseguran el buen funcionamiento del organismo (Saha et al., 2023a).

Los leucocitos son células que se producen principalmente en la médula ósea y son cruciales para el sistema inmunológico, responsables de proteger el cuerpo de infecciones y enfermedades (Kumari Kakumani et al., 2023). Circulan por la sangre y los tejidos, identificando y destruyendo patógenos como bacterias, virus y otros microorganismos dañinos. Existen varios tipos de leucocitos, cada uno con funciones específicas: los neutrófilos atacan y digieren bacterias y hongos, los linfocitos (incluyendo las células T y B) coordinan la respuesta inmunitaria y producen anticuerpos, los monocitos se convierten en macrófagos que eliminan las células muertas y desechos, por último, los eosinófilos y basófilos participan en la respuesta alérgica y la defensa contra parásitos (Saha et al., 2023a).

Para evaluar la salud de un paciente, es crucial conocer la cantidad de glóbulos blancos, lo cual se logra mediante el conteo. Si una persona tiene un exceso de leucocitos, puede padecer enfermedades como leucemia, tuberculosis o infecciones. Por otro lado, un número reducido de leucocitos puede indicar enfermedades relacionadas con infecciones virales como el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), dengue o incluso cáncer (Lalitha et al., 2020). Existen dos métodos para realizar este conteo: el primero utiliza la citometría de flujo, que utiliza un láser para iluminar los leucocitos y mide la luz refractada para determinar su distribución, este es un proceso

costoso debido al equipo y los reactivos necesarios (Kumari Kakumani et al., 2023). El segundo método consiste en realizar el extendido de sangre periférica (ESP) y contar leucocitos manualmente, aunque este proceso es económico puede ser propenso a errores humanos y requiere de mucho tiempo (Lalitha et al., 2020).

Al abordar el problema, algunos autores implementaron un modelo de aprendizaje profundo utilizando DenseNet121 para clasificar los diferentes tipos de glóbulos blancos. Este modelo también emplea técnicas de preprocesamiento de datos, como normalización y aumento de datos utilizando el optimizador Adam con una base de datos pública de Kaggle (Intelligence and Neuroscience, 2023). Otros autores, realizaron una comparación entre los modelos InceptionV3, MobileNetV3 y VGG-19, para determinar cuál ofrecía una mayor precisión y evaluar los resultados de cada uno (Kumari Kakumani et al., 2023). Además, otros investigadores llevaron a cabo proyectos similares de clasificación de glóbulos blancos, realizando ajustes en los hiperparámetros en diferentes redes neuronales que se trabajaron (Kousalya et al., 2021; Rubin et al., 2023; Saha et al., 2023b; Singh et al., 2023).

Este proyecto propone una solución basada en un modelo de *Deep learning* para la detección y recuento de leucocitos en extendidos de sangre periférica. La decisión de utilizar esta tecnología responde a la necesidad de facilitar la clasificación y conteo de leucocitos. Para desarrollar esta solución, se construyó una base de datos propia en el laboratorio clínico de la Universidad Industrial de Santander, la cual contiene imágenes de dos clases de leucocitos: neutrófilos y linfocitos, lo que proporcionó una base sólida y representativa para entrenar el modelo.

En cuanto a la selección del modelo, se entrenaron diversas versiones del modelo YOLO, tales como YOLOv8m, YOLOv8x, YOLOv11m y YOLOv11x, permitiendo una comparación de

los resultados en cada uno. Tras haber pasado el proceso comparativo, se identificó que el modelo YOLOv8x logró los mejores resultados durante el entrenamiento, con una precisión del 97.27 % en las pruebas finales. La herramienta desarrollada no solo facilita el proceso de conteo de leucocitos, sino que también contribuye al ahorro de tiempo y recursos, mejorando la calidad del diagnóstico y reduciendo los costos asociados a los métodos tradicionales.

A continuación, se presenta la estructura del documento. La sección 1 abarca los conceptos previos, proporcionando una aclaración de los términos claves utilizados en este proyecto. La sección 2 detalla el desarrollo del proyecto, explicando el proceso paso a paso. La sección 3 se enfoca en las conclusiones, donde presenta hallazgos del proyecto. Finalmente, la sección 4 que contiene las recomendaciones del trabajo de grado.

1. Objetivos

1.1 Objetivo General

Implementar un modelo de *Deep Learning* para la detección y recuento de leucocitos en extendido de sangre periférica.

1.2 Objetivos Específicos

- Implementar una base de datos propia, con un conjunto de imágenes mediante la captura de fotografías en el laboratorio clínico de la Universidad Industrial de Santander.
- Seleccionar un modelo de aprendizaje profundo para la detección y conteo de leucocitos.
- Evaluar el rendimiento del modelo seleccionado, utilizando métricas fundamentales como precisión, *recall* y AUC-ROC, con el propósito de determinar su eficacia en la detección y conteo de objetos o características de interés en las imágenes clínicas.

2. Sección 1: Conceptos Previos

2.1 La sangre y sus componentes

La sangre circula a través de los vasos sanguíneos, y realiza funciones como el transporte de oxígeno y nutrientes a las células, la eliminación de desechos metabólicos, la regulación del equilibrio tanto ácido-base, como la temperatura corporal y la protección contra hemorragias e infecciones (Visible Body, 2023). Está formada por plasma, encargada del transporte de los nutrientes, hormonas y desechos metabólicos, así como a su vez contiene proteínas importantes para la coagulación. Los eritrocitos (glóbulos rojos) transportan oxígeno desde los pulmones hacia los tejidos, y eliminan dióxido de carbono. Las plaquetas desempeñan un papel clave en el proceso de coagulación sanguínea, ayudando a detener el sangrado, y facilitando la cicatrización de heridas. Finalmente, los leucocitos (glóbulos blancos) son cruciales para el sistema inmunológico, defendiendo el cuerpo contra infecciones y enfermedades (Saha et al., 2023b).

2.2 Leucocitos: Función Inmunológica y métodos de conteo

Los leucocitos, son componentes importantes de la sangre y desempeñan un papel vital en el sistema inmunológico del cuerpo, su capacidad radica en identificar y neutralizar amenazas, manteniendo la homeostasis y facilitando la reparación de tejidos. Estas células, que se producen en la médula ósea y en el tejido linfático, son responsables de proteger al organismo contra enfermedades e infecciones (Kumari Kakumani et al., 2023). Los leucocitos no tienen color; sin embargo, pueden adquirir un tono leve de púrpura a rosado, al ser teñidos y observados bajo el microscopio (Singh et al., 2023). Existen cinco tipos principales de leucocitos, cada uno con funciones específicas: neutrófilos, linfocitos, monocitos, eosinófilos y basófilos. El primero de ellos, que es el más abundante, actúa como la primera línea de defensa del organismo, atacando y

eliminando tanto hongos como bacterias. Por su parte, los linfocitos son esenciales para la respuesta inmunitaria adaptativa, los cuales se subdividen en células T y B; donde las células T destruyen células infectadas por virus y regulan la respuesta inmune, mientras que las células B producen anticuerpos que neutralizan patógenos. Mientras que los monocitos se transforman en macrófagos al entrar en los tejidos, donde ingieren tanto las células muertas como los microorganismos. Los eosinófilos combaten parásitos y participan en reacciones alérgicas, liberando así sustancias que pueden destruir los parásitos, pero también causar inflamación. Finalmente, los basófilos liberan mediadores químicos durante las reacciones alérgicas, contribuyendo a la inflamación y la respuesta inmune (Sangeetha et al., 2023; Singh et al., 2023).

En la actualidad, existen dos formas distintas de detectar los diferentes tipos de leucocitos. El primer método es mediante citometría de flujo con láser, el cual implica un proceso avanzado de varios pasos. Primero, se prepara la muestra de sangre y se marcan los leucocitos con anticuerpos fluorescentes específicos, luego, la muestra se inyecta en el citómetro de flujo, donde las células pasan una a una por medio de un rayo láser. El láser excita los fluorocromos, haciendo que se emita luz fluorescente y la luz dispersada muestra la información sobre el tamaño y la complejidad de las células. Los detectores capturan estas señales, que se convierten en datos electrónicos y se analizan mediante un software especializado. Aunque este método resulta ser muy efectivo, al mismo tiempo es costoso debido al equipamiento avanzado, los reactivos especializados, el personal capacitado y el mantenimiento regular del equipo (Kumari Kakumani et al., 2023).

El segundo método se trata de la detección manual de leucocitos a través de un frotis de sangre, donde una gota de sangre se extiende sobre un portaobjetos de vidrio, se tiñe con colorantes específicos y se examina al microscopio. Este proceso permite observar y contar los diferentes

tipos de leucocitos, tomando en cuenta características como su tamaño, color, textura, morfología y las propiedades del citoplasma. Sin embargo, este proceso es laborioso y requiere de mucho tiempo, dependiendo de la habilidad y la experiencia del profesional a cargo. Hay que tener en cuenta que con este proceso existe una mayor probabilidad de error humano en comparación con métodos automatizados (Hussain et al., 2021).

2.3 Aplicación de inteligencia artificial en el análisis sanguíneo

La inteligencia artificial (IA) mediante el análisis de imágenes de muestras de sangre, ha transformado la detección y la clasificación de leucocitos. Utilizando técnicas avanzadas de procesamiento de imágenes y algoritmos de aprendizaje profundo, la IA clasifica e identifica los leucocitos a base de características morfológicas como tamaño, forma y estructura del núcleo. Los modelos de aprendizaje profundo, entrenados con grandes conjuntos de datos etiquetados, reconocen patrones específicos de cada tipo de leucocito. Estos sistemas se integran con equipos de laboratorio automatizados, permitiendo un análisis rápido, mejorando la eficiencia y reduciendo el error humano (Ruiz & Nava, 2016).

La IA es una disciplina de la informática que se dedica a crear sistemas capaces de realizar tareas que normalmente requieren inteligencia humana. Esto incluye habilidades como el aprendizaje, el razonamiento, la resolución de problemas, la percepción y el procesamiento del lenguaje natural. Los sistemas de IA pueden analizar grandes cantidades de datos, tomar decisiones e identificar patrones basados en esa información, además aprenden de los datos mediante modelos de aprendizaje automático (Lu, 2019).

2.4 Entrenamiento de modelos con aprendizaje automático

Los modelos de aprendizaje automático son algoritmos diseñados para aprender y hacer predicciones, o tomar decisiones basadas en datos. Estos modelos se entrenan con grandes conjuntos de datos para identificar patrones, y relaciones dentro de los datos. Existen diferentes tipos de aprendizaje automático, como el aprendizaje supervisado, donde el modelo se entrena con datos etiquetados; el aprendizaje no supervisado, el modelo busca patrones en datos no etiquetados; y el aprendizaje por refuerzo, cuyo modelo aprende a través de prueba y error. En el caso del aprendizaje supervisado, se trata de una técnica en la que un modelo se entrena con un conjunto de datos etiquetados, permitiéndole aprender a mapear entradas a salidas correctas. Cuando se entrena con imágenes, el proceso comienza con la recolección de grandes cantidades de imágenes etiquetadas, seguidas del preprocesamiento para mejorar la calidad y uniformidad de los datos. Luego, el conjunto de datos se divide en partes para entrenamiento, validación y prueba. Se selecciona un algoritmo y se entrena ajustando sus parámetros para minimizar errores. Durante el entrenamiento, el modelo se evalúa y ajusta utilizando el conjunto de validación y, finalmente, se evalúa su rendimiento con el conjunto de prueba. Una vez que este entrenado el modelo, se puede implementar aplicaciones en el mundo real, como diagnósticos médicos o sistemas de seguridad, donde analiza nuevas imágenes y hace predicciones precisas basadas en lo aprendido durante el entrenamiento (Lu, 2019).

2.5 Herramientas y modelos utilizados en visión por computadora

Para los datos requeridos en los modelos, por ejemplo, las imágenes se etiquetan usando herramientas como *LabelImg*, una aplicación gráfica de anotación de imágenes gratuita y de código abierto. Esta herramienta esta desarrollada en *Python*, que utiliza QT para su interfaz

gráfica y permite la creación de cuadros delimitadores alrededor de objetos en las imágenes. *LabelImg* es ideal para etiquetar imágenes que se usan en modelos con tareas de detección y segmentación, además, soporta diversos formatos de exportación, como *PASCAL VOC* y *YOLO*, lo que la hace compatible con múltiples aplicaciones de aprendizaje profundo (Abhishri Medewar, 2023; Aljabri et al., 2022).

En el ámbito del aprendizaje profundo, especialmente en visión por computadora, el aumento de datos se logra mediante diversas técnicas que amplían y diversifican los conjuntos de datos de entrenamiento. Existen dos categorías para estos métodos: enfoques básicos y avanzado. En los enfoques básicos, se destacan las manipulaciones de imágenes, incluyendo transformaciones como rotación, volteo, y recorte, las cuales mejoran la diversidad de los datos de entrenamiento y son fáciles de implementar. Por otro lado, los enfoques avanzados abarcan técnicas más elaboradas, como los métodos basados en *Auto – Augment*, los cuales usan algoritmos automáticos para seleccionar transformaciones óptimas de manera adaptativa. También, se involucran técnicas de aumento de características y el uso de modelos generativos profundos, como *GANs (Generative Adversarial Networks)*, que permite generar datos sintéticos (Yang et al., 2022).

Existen bibliotecas como *Albumentations* que ofrece transformaciones efectivas para el aumento de datos en imágenes, mejorando el rendimiento de modelos. Entre sus técnicas más destacadas se encuentran el *Blur* y el *MedianBlur*, que aplican desenfoces controlados a las imágenes para suavizar detalles y eliminar ruido. La función *ToGray* convierte las imágenes a escalas de grises, generando imágenes con tres canales. La técnica *CLAHE (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization)* mejora el contraste con las imágenes de manera adaptativa,

evitando la sobreexposición en áreas homogéneas, lo cual es importante en entornos con iluminación variable (Buslaev et al., 2018).

En la actualidad, existen diversos modelos de aprendizaje profundo. Un ejemplo es *Inception v3*, una red neuronal convolucional (CNN) desarrollada por *Google*, diseñada específicamente para el análisis de imágenes y la detección de objetos. La tercera versión de la familia de redes *Inception* se destaca por su eficiencia y precisión. *Inception v3* introduce varias innovaciones clave como: las convoluciones factorizadas, que descomponen las convoluciones estándar en operaciones más pequeñas; el uso de técnicas como *RMSProp* para la optimización; *Batch Normalization (BatchNorm)*, que sirve tanto para estabilizar como acelerar el entrenamiento; y el suavizado de etiquetas, que mejora la generalización del modelo. Además, su diseño modular permite una escalabilidad eficiente, dividiendo la red en tres partes principales: el “*Steam*” que maneja la ingestión inicial de datos, el “*Body*” que realiza el procesamiento principal mediante múltiples capas convolucionales, y el “*Head*” que se encarga de la predicción final. Estas características hacen de *Inception v3* una herramienta versátil para aplicaciones en visión por computadora, desde la clasificación de imágenes hasta la detección de objetos y el reconocimiento de patrones complejos (Quintero et al., 2018; Sik-Ho Tsang, 2018).

Otro ejemplo de modelo de aprendizaje profundo es *YOLO*, que significa “*You Only Look Once*”. Se trata de una red neuronal convolucional diseñada para la detección de objetos en tiempo real. En el conjunto de imágenes que se usa en *YOLO*, cada una está acompañada de un archivo de texto que especifica las coordenadas y la clase a la que pertenece cada objeto (enrique a., 2018). En la serie de *YOLO* desarrollada por *Ultralytics*, la versión más reciente es *YOLO11*, que posee mejoras tanto en su arquitectura como en las técnicas de entrenamiento. Los modelos de *YOLO* de *Ultralytics* están disponibles en diferentes tamaños: nano (n), pequeño (s), mediano (m), grande

(l) y extragrande (x). Los modelos más grandes necesitan de más recursos, operando a un ritmo más lento y, aunque son complejos llegan a ser potentes. En cuanto a la comparación entre las versiones *YOLOv8* y *YOLOv11*, es que en algunos casos *YOLOv8* ha identificado un cuadro delimitador adicional que *YOLOv11* no ha detectado, lo que demuestra un porcentaje de confianza superior (Deepak N R, 2024).

Ultralytics es una plataforma que optimiza el desarrollo y la implementación de modelos de aprendizaje profundo, como la serie de *YOLO*. Para gestionar y entrenar modelos, la plataforma cuenta con *Ultralytics Hub Beta*, la cual da a los usuarios acceso a versiones mejoradas de modelos como *YOLOv11*, con distintas configuraciones de tamaño. Esta herramienta facilita la implementación escalable de modelos complejos, permitiendo a los usuarios aprovechar los recursos computacionales de manera eficiente para la detección de objetos en tiempo real y otras aplicaciones avanzadas (Chanon Krittapholchai, 2022).

Además, existen otras herramientas como *Google Colab (Google Collaboratory)*, una plataforma gratuita en la nube que permite ejecutar código *Python* directamente desde un navegador web. Gracias a su potente hardware, *Colab* resulta ser una opción ideal para proyectos de *Deep learning*, facilitando la integración de bibliotecas populares como *Tensorflow*, *Keras* y *PyTorch*, lo que optimiza el desarrollo y la experimentación con modelos complejos (UATeam, 2024).

2.6 Evaluación de modelos de IA

Para evaluar los modelos de aprendizaje automático, se usan varias métricas de rendimiento que son cruciales para determinar la efectividad, al igual que la precisión de modelos. Por ejemplo, la exactitud mide el porcentaje de predicciones correctas realizadas por el modelo, en comparación

con el total de predicciones. Esta métrica es útil cuando las clases están equilibradas, ya que da información de que tan bien está funcionando el modelo.

La precisión indica la proporción de verdaderos positivos entre el total de predicciones positivas. Esta es importante en situaciones donde el costo de los falsos positivos es alto, por ejemplo, la detección de fraudes o aplicaciones médicas donde se pueden tener consecuencias graves, si se tiene un diagnóstico incorrecto. Cuando se tiene pocos falsos positivos, es debido a que se tiene una alta precisión.

La sensibilidad (*Recall*) mide la relación de verdaderos positivos entre el total de los casos positivos reales. Es fundamental en casos donde es crucial identificar todos los casos positivos, como en el diagnóstico de enfermedades. Una alta sensibilidad implica que el modelo es capaz de identificar la mayoría de los casos positivos.

La puntuación F1 (*F1 score*) es la media armónica de la precisión y la sensibilidad. Para la comparación entre modelos, la puntuación F1 proporciona una única métrica que combina precisión y sensibilidad. Resulta ser útil cuando se necesita un equilibrio en ambos aspectos, especialmente, en conjuntos de datos desbalanceados.

El área bajo la curva ROC (*AUC-ROC*) evalúa la capacidad del modelo para distinguir entre clases. Un valor alto indica un mejor rendimiento del modelo en la clasificación de clases positivas y negativas. Es necesario para evaluar modelos de clasificación binaria y proporciona un panorama completo del rendimiento del modelo en diferentes umbrales de decisión.

La matriz de confusión es una tabla que muestra información acerca de las predicciones correctas e incorrectas del modelo, desglosadas por cada clase. Ayuda a identificar patrones de error y muestra de una mejor manera el rendimiento del modelo. En problemas de clasificación multiclase, la matriz de confusión es útil para visualizar el rendimiento del modelo.

Estas métricas son esenciales para evaluar y comparar diferentes modelos de aprendizaje automático, permitiendo seleccionar el mejor modelo que se adapte a las necesidades y objetivos del problema a resolver (Barrios, 2019).

3. Sección 2: Desarrollo de la solución

3.1 Metodología

Esta sección se divide en cuatro partes: construcción de la base de datos, etiquetado de la base de datos, elección del modelo y desarrollo final. En cada una de ellas se detallará la metodología utilizada para el desarrollo del proyecto.

3.1.1 Construcción de la base de datos

Para crear la base de datos, se utilizó un microscopio Olympus CX23, un soporte para celular con conexión Bluetooth, del cual no se dispone de especificaciones detalladas, un celular Samsung Galaxy M52 5G, aceite de inmersión, papel absorbente y 40 láminas proporcionadas por la clínica de la universidad. Las láminas ya contaban con un extendido de sangre, lo que las hizo adecuadas para su observación bajo microscopio.

Una vez que los implementos estuvieron listos, el procedimiento comenzó colocando una lámina sobre la platina del microscopio. Luego, se añadió una gota de aceite de inmersión para mejorar la visualización de las células. A continuación, se ajustó la apertura del foco del microscopio al máximo para obtener mayor iluminación sobre la lámina. Posteriormente, se utilizó el lente 100x/1,25 Oil, ya que permitía observar las células con más claridad. Para tener una imagen más nítida y detallada de las células, se afinó la resolución del microscopio mediante los tornillos macrométrico y micrométrico.

Respecto al soporte para el celular, se ajustó a una altura de aproximadamente 25,5 centímetros, ubicando el celular en la pinza de sujeción. Para lograr un enfoque adecuado entre la cámara del celular y el ocular del microscopio, fue necesario mover el soporte a diferentes

distancias, buscando la posición que ofreciera la mejor resolución de la imagen en la pantalla del celular. Con este ajuste, se pudo obtener una imagen más clara y nítida para la captura fotográfica.

Con los equipos listos, se procedió a tomar imágenes utilizando el control remoto Bluetooth del soporte. Para explorar otras áreas de la lámina y continuar con la captura de fotografías, se usaron las perillas coaxiales de movimiento $x - y$, lo que permitió desplazar la muestra con precisión. Una vez que se capturaron la mayor cantidad posible de imágenes de cada lámina, se retiró cuidadosamente la muestra y se limpió con el papel absorbente. Del mismo modo, el lente del microscopio fue limpiado para asegurar que no quedaran restos que pudieran afectar la calidad de las observaciones posteriores. Las evidencias del montaje experimental se ven en las figuras **Figura 1**, **Figura 2** (García, 2025).

Figura 1

Ubicación de los equipos.



Figura 2

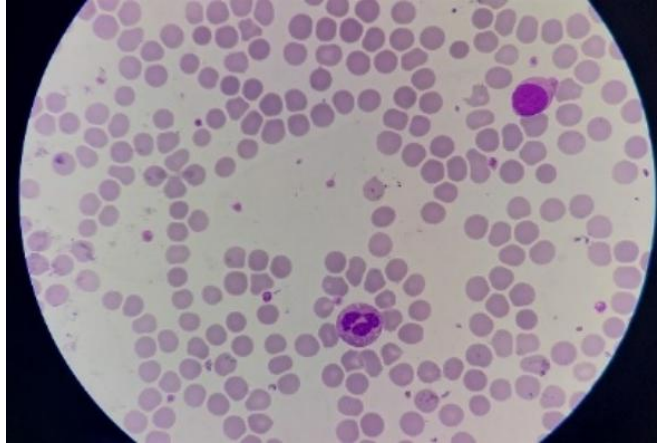
Proceso de toma de fotografía de la placa.



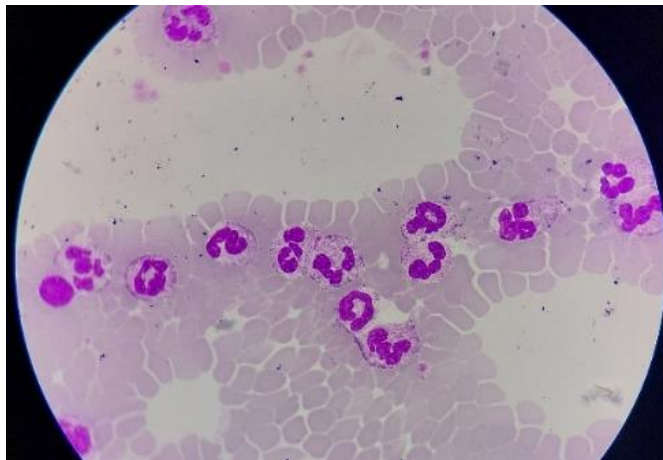
Para que las imágenes pudieran formar parte de la base de datos, fue necesario asegurar que los leucocitos estuvieran adecuadamente separados, tal como lo muestra en la **Figura 3**. Esto se debió a que algunas láminas presentaron largas cadenas de células amontonadas, lo que dificultó la visualización clara de las características de los leucocitos, impidiendo así una identificación precisa del tipo de leucocito, como se observa en la **Figura 4**. Para la base de datos fue clave considerar solo los leucocitos normales, ya que la inclusión de leucocitos anormales o de otros tipos podrían haber complicado aún más la detección en el modelo, reduciendo la precisión y efectividad del análisis.

Figura 3

Fotografía de frotis de sangre con células separadas.

**Figura 4**

Fotografía de frotis de sangre con células amontonadas.



En el proceso de captura de fotografías requirió un total de 30 horas, distribuidas en 10 días. Durante este tiempo, también se realizó un primer filtrado de imágenes, seleccionando aquellas más apropiadas para el modelo seleccionado. La cantidad de fotografías por lámina varió debido al extendido de sangre periférica, ya que en algunas láminas presentaron muchas áreas con células amontonadas, mientras que en otras las características de los leucocitos eran claramente visibles.

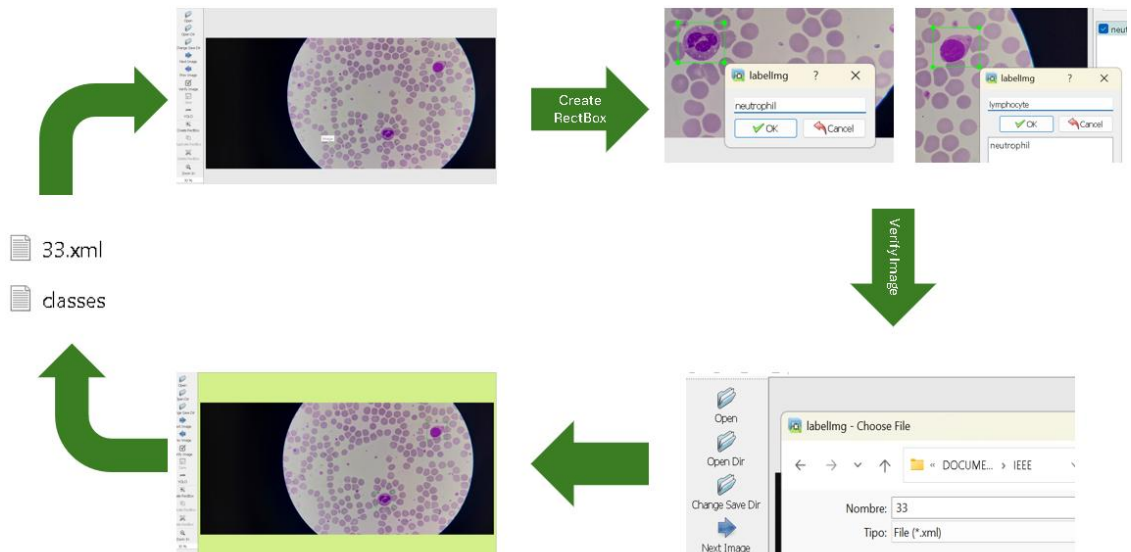
Para la identificación de las células en las imágenes, se contó con la ayuda de un profesional en el área, quien señaló la clase de leucocito presente en cada imagen y la cantidad de estos. Las imágenes que no se identificaron correspondían a aquellas donde aparecían leucocitos inmaduros.

3.1.2 Etiquetado de la base de datos

En el proceso de etiquetado de las imágenes, se utilizó la herramienta de anotación gráfica *LabelImg*. Este procedimiento se llevó a cabo en varias etapas. Primero, se realizó la búsqueda de la imagen, luego, se creó un cuadro delimitador en la imagen, que marcaba la ubicación del leucocito, usando la opción *Create RectBox*. A continuación, emergió un cuadro de diálogo donde se especificó el tipo de leucocito contenido dentro del cuadro recién creado. Finalmente, para verificar los objetos de interés y almacenar las etiquetas en la carpeta labels, se usó la opción *Verify Image*, tal como se muestra en la **Figura 5**.

Figura 5

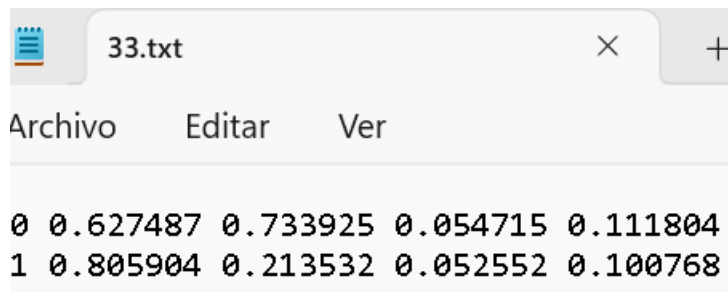
Etiquetado de la imagen 33 con el uso de la herramienta LabelImg.



Como resultado, se generó un archivo de texto en formato *YOLO*, que contiene la clase de leucocito presente en la imagen. Los neutrófilos se representan con el valor 0 y los linfocitos con el valor 1. Además, el archivo incluye la cantidad de leucocitos identificados y las coordenadas de cada uno, como se observa en la **Figura 6**.

Figura 6

Archivo de texto generado por *LabelImg* de la imagen 33.



Para el análisis, solo se tuvieron en cuenta los neutrófilos y los linfocitos, ya que la cantidad de datos recolectados para los monocitos, basófilos y eosinófilos fue muy limitada. Esto se debe a que, en el contexto médico, los neutrófilos son los leucocitos más abundantes de la sangre, representando entre el 40% y el 60% del total de leucocitos. Los linfocitos constituyen entre el 20% y el 40% de los leucocitos. En contraste, los monocitos representan entre el 2% y el 8%, los eosinófilos entre el 1% y el 4%, y los basófilos entre el 0.5% y el 1% (Pietrangelo, 2022).

Se obtuvo un total de 759 imágenes con una resolución de 4624 X 2084 píxeles, las cuales se organizaron en tres carpetas: *train*, *val* y *test*. Las imágenes se encuentran almacenadas en una carpeta principal llamada *images*, que contiene las subcarpetas mencionadas, mientras que las etiquetas están en la carpeta *labels*, que a su vez está subdividida en las mismas tres carpetas (*train*, *val* y *test*) (García, 2025).

Se generó un archivo YALM que contiene la ruta de las imágenes y el mapeo de clases identificadas en el conjunto. En la **Tabla 1** y **Figura 7** se detalla la cantidad de imágenes en cada conjunto de datos.

Tabla 1

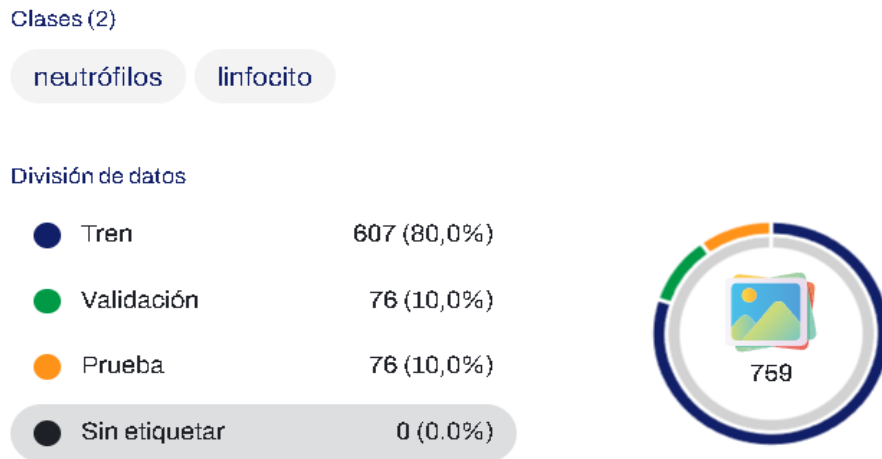
Base de datos propia.

	Train	Val	Val
Cantidad de imágenes	607	76	76

Nota. La tabla muestra la cantidad de imágenes en la base de datos propia.

Figura 7

Porcentaje y cantidad de imágenes de los diferentes conjuntos de datos.



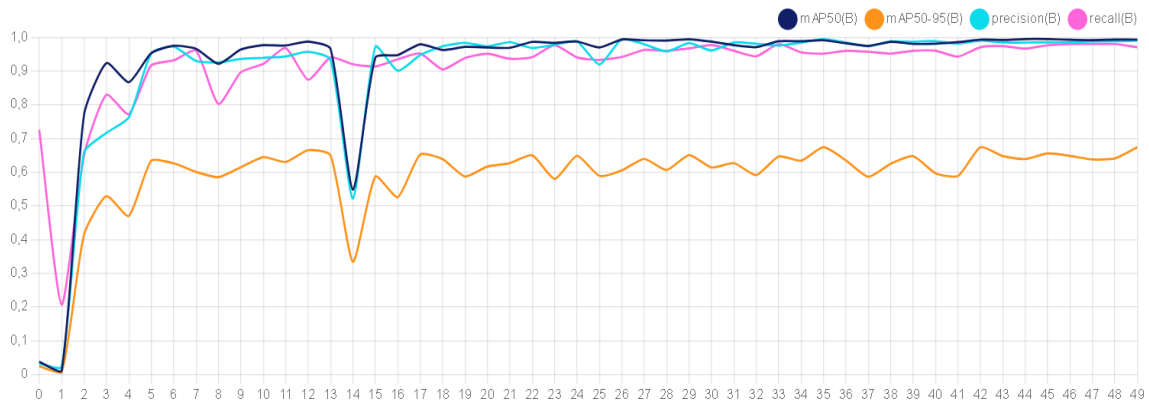
3.1.3 Elección del modelo

Para el desarrollo del proyecto, se realizó una revisión del estado del arte para identificar las técnicas y los modelos más adecuados para la detección y clasificación de leucocitos. Tras la evaluación de diversas alternativas, se optó por usar el modelo *YOLO* debido a sus características excepcionales como velocidad y alta precisión, que lo hacen ideal para tareas de detección en tiempo real.

En la inclusión de las clases de leucocitos, se realizó un preentrenamiento usando la plataforma *Ultralytics Hub Beta* y *Google Colab*. En este proceso, la base de datos se cargó en formato ZIP. Posteriormente, se utilizaron los modelos *YOLOv8m*, *YOLOv8x*, *YOLOv11m* y *YOLOv11x*, los cuales fueron entrenados con el conjunto de datos COCO (García, 2025). Para ajuste de estos modelos, se hizo la configuración de parámetros para trabajar a 50 épocas con una paciencia de 50. La elección de 50 épocas se basó en que, en todos los modelos, los valores de la precisión y *recall* mostraron pocos cambios significativos a partir de la época 25 como se muestra en la **Figura 8**.

Figura 8

Preentrenamiento del modelo YOLO v8x.



Después del preentrenamiento, los modelos fueron entrenados con las siguientes configuraciones: 20 épocas ya que, debido al preentrenamiento previo, no fue necesario un número mayor de épocas. Se redimensionaron las imágenes a 640 x 640 píxeles, que es el tamaño estándar con el que generalmente trabaja el modelo. Se estableció una paciencia de 10, aplicando *early stopping* con el fin de evitar el sobre entrenamiento y detener el proceso si no se observaban mejoras significativas en las métricas. Además, se empleó un aumento de datos utilizando la librería *Albumentations*, lo que permitió aplicar una serie de transformaciones a las imágenes para

mejorar la generalización del modelo y hacerlo más robusto frente a variaciones en los datos de entrada.

El optimizador utilizado fue *AdamW*, el cual incluye un término de regularización L2 para prevenir el sobreajuste. Este optimizador fue configurado con una tasa de aprendizaje (*learning rate*) de 0.001667, que determina la velocidad a la que se ajustan los pesos del modelo, y un *momentum* de 0.9, una técnica que acelera la convergencia al suavizar las actualizaciones de los pesos a lo largo del tiempo. Cabe destacar que estos valores fueron asignados automáticamente por el propio sistema, basándose en el modelo y la configuración del entrenamiento. Este proceso de entrenamiento se aplicó a todos los modelos seleccionados. Finalmente, se obtuvieron los resultados correspondientes a cada modelo, los cuales se presentarán en la **Tabla 2**:

Tabla 2

Resultados del entrenamiento con los modelos YOLOv8m, YOLOv8x, YOLOv11m y YOLOv11x.

Parámetro	YOLOv8m	YOLOv8x	YOLOv11m	YOLOv11x
Precisión	0,782	0,947	0,947	0,815
Recall	0,963	0,96	0,96	0,9
F1	0,863	0,953	0,953	0,855

Nota. La tabla muestra los valores de los modelos después del entrenamiento.

Con base en los resultados obtenidos, se observó que el modelo YOLOv8x y YOLOv11m presentaron los mismos resultados. No obstante, se optó por utilizar YOLOv8x en este proyecto debido a que es un modelo más sencillo, menos complejo y con mayor velocidad de procesamiento. Por estas razones, se seleccionó como la mejor opción para la detección de leucocitos. Debido a su rendimiento, este modelo será utilizado para realizar las pruebas con los datos.

3.1.4 Desarrollo final

Teniendo en cuenta el modelo seleccionado, se realizó una última validación antes de proceder con el testeo utilizando datos que el modelo no ha visto previamente. En el conjunto de datos de testeo, se emplean 76 imágenes, donde el modelo debe identificar la clase de leucocito presente en cada una de ellas, así como realizar el conteo de los leucocitos de acuerdo con las clases detectadas.

Una vez realizado el testeo, se obtienen los resultados finales del modelo evaluando métricas como precisión, *recall* y *F1-score*. En este caso, el enfoque de evaluación se centra no solo en la detección de células, sino en la exactitud del conteo de células por imagen. Para este propósito, la matriz de confusión fue adaptada, considerando que los verdaderos positivos son aquellos casos en los que el número de células detectadas por el modelo coinciden con el número de células etiquetadas como verdaderas. Los falsos positivos corresponden a las imágenes en las que el modelo predice una cantidad de células mayor o menor que la realmente presente en las etiquetas, mientras que los falsos negativos se refieren a aquellas imágenes en las que el modelo no detecta ninguna célula, a pesar de que en las etiquetas reales si están presentes. Finalmente, los verdaderos negativos, son aquellas imágenes donde no hay leucocitos ni en la predicción ni en las etiquetas reales, en este caso este valor no se considera relevante, ya que todas las imágenes contienen al menos un leucocito. En la **Figura 9** se ilustra la representación de la matriz de confusión.

Figura 9

Matriz de confusión.

Valores Predicción	Verdaderos Positivos (TP)	Falsos Positivos (FP)
	Falsos Negativos (FN)	Verdaderos Negativos (TN)
	Valores Reales	

Para el cálculo de la AUC – ROC, también se utilizaron las imágenes de testeo, pero para esta métrica, se basaron en las probabilidades que el modelo asignó a cada imagen. Estas probabilidades reflejan el nivel de confianza del modelo respecto a la clasificación de cada leucocito como neutrófilo o linfocito. El AUC – ROC se calculó utilizando las predicciones probabilísticas del modelo en comparación con las etiquetas reales de las imágenes, y se evaluó individualmente para cada clase. Posteriormente, se obtuvo un valor promedio de AUC – ROC al combinar los resultados de ambas clases (neutrófilos y linfocitos).

3.2 Resultados

Durante la fase de prueba del modelo, se le proporcionaron las imágenes de testeo, y el modelo procesó cada una de ellas, identificando la clase de leucocitos presentes, la cantidad de cada clase y el tiempo que se tardó en procesar cada imagen, expresado en milisegundos. Además, en el testeo se especificó una ruta donde se almacenaron los resultados obtenidos. En esta

ubicación, se guardaron las etiquetas predichas para cada imagen, incluyendo la clase de leucocitos y las coordenadas de ubicación. Asimismo, se generaron imágenes en las que señalaba la ubicación de los leucocitos y se indicaba una probabilidad, reflejando que tan probable era que el objeto detectado fuera un neutrófilo o un linfocito.

Con los resultados obtenidos, se procedió a generar una matriz de confusión. Donde 72 imágenes analizadas, la cantidad de células predicha coincidió con la cantidad real de células etiquetadas, hubo dos imágenes en las cuales el modelo predijo una cantidad de leucocitos superior o inferior a la cantidad real, y 2 en las que el modelo no detectó los leucocitos presentes. No se registraron imágenes en las que el modelo no detectara leucocitos y, al mismo tiempo, no estuvieran en las etiquetas reales. A continuación, se presenta la matriz de confusión con sus respectivos valores en la **Figura 10**.

Figura 10

Matriz de confusión con los resultados del testeo.

Valores Predicción	72	2
	2	0
	Valores Reales	

Con base en la figura anterior, a continuación, se calculan las métricas de *accuracy*, *precision*, *recall* y *F1 – score* utilizando las siguientes fórmulas:

$$Accuracy = \frac{TN + TP}{TN + FP + TP + FN} \tag{1}$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2)$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3)$$

$$F1 - score = \frac{2}{\frac{1}{Precision} + \frac{1}{Recall}} \quad (4)$$

Al aplicar las fórmulas previamente mencionadas, se obtuvo un valor de 0.9473 para el *accuracy*, 0.9729 para la *precision*, 0.9729 para el *recall* y 0.9729 para *F1 – score*. Esto indica que, aunque el modelo no es el más complejo dentro de la línea de *YOLO*, los resultados obtenidos son buenos, incluso considerando que los datos utilizados son desbalanceados.

El cálculo de la *AUC – ROC* se realizó de forma individual para cada clase. En el caso de los neutrófilos, se obtuvo un valor de 1, ya que esta clase está más representada en los datos. Además, al calcular el promedio de las probabilidades, los neutrófilos tienen un valor aproximado de 0.8225. Por otro lado, para los linfocitos, la *AUC – ROC* fue de 0.85, lo que refleja la escasez de datos de esta clase de leucocitos. Al calcular la probabilidad promedio de los linfocitos, se obtuvo un valor cercano a 0.6994. Sin embargo, al promediar los valores de ambas clases, se alcanzó una *AUC – ROC* de 0.925, lo que, a pesar de la limitada cantidad de datos, indica una precisión notablemente alta (García, 2025).

4. Sección 3: Conclusiones

El proyecto se desarrolló con el objetivo de crear una base de datos de imágenes de leucocitos y, a partir de ella, entrenar un modelo de *Deep Learning* capaz de detectar, clasificar y contar las células. Utilizando un microscopio Olympus CX23, un celular Samsung Galaxy M52 5G y una herramienta de soporte para celular con Bluetooth, se capturaron imágenes de láminas de sangre con extendidos de leucocitos proporcionados por la clínica de la Universidad industrial de Santander. A lo largo de un proceso meticuloso de observación y captura, se tomó un total de 759 imágenes, las cuales fueron etiquetadas por un profesional del área para identificar los leucocitos en cada una. Para mejorar la precisión del modelo, se decidió trabajar solo con las clases de neutrófilos y linfocitos, debido a su escasez de datos de otras clases como monocitos, eosinófilos y basófilos.

A pesar de la limitada cantidad de datos de estas últimas clases, los resultados obtenidos con los neutrófilos y linfocitos fueron bastantes positivos. Este hecho subraya la importancia de contar con una base de datos amplia y bien estructurada, ya que, al tener más datos de una clase específica, como los neutrófilos, los resultados en términos de precisión y *recall* fueron notablemente mejores. Este fenómeno resalta una de las principales conclusiones del estudio: cuanto mayor es la cantidad de datos de una clase, más robusto es el modelo en su capacidad para realizar predicciones acertadas.

El modelo elegido para la detección y conteo de leucocitos fue *YOLOv8x*, que, aunque no es el más avanzado en la familia *YOLO*, mostró ser el más adecuado para esta tarea en particular. A pesar de que algunos modelos más complejos, como el *YOLOv11x*, también fueron evaluados, *YOLOv8x* fue el más adecuado.

Sin embargo, uno de los principales desafíos fue la recolección de datos. Las imágenes que no fueron correctamente identificadas en las predicciones generalmente contenían pequeñas manchas que el modelo confundió con leucocitos, lo que subraya la importancia de tener imágenes limpias. Además, las imágenes que durante el testeo no se detectó ninguna célula eran predominantemente aquellas con linfocitos, lo que resalta la necesidad de obtener más datos específicos de esta clase para mejorar la precisión y efectividad del modelo.

En cuanto a las implicaciones del proyecto para el campo de la medicina, especialmente en la microbiología, se puede afirmar que esta herramienta para el conteo de leucocitos es una contribución significativa. Los profesionales de la salud podrán contar con un sistema que no solo identifica y clasifica leucocitos, sino que también facilita el conteo exacto de las células, lo que agiliza el proceso y reduce la carga de trabajo manual.

Durante el desarrollo, se aprendió que la recolección y preparación de los datos son elementos fundamentales. No solo se deben tener suficientes imágenes, sino asegurar de que estas estén correctamente etiquetadas y libres de imperfecciones que puedan influir en los resultados. Además, es necesario contar con una cantidad adecuada de datos para cada clase, lo que permitirá mejorar las métricas del modelo.

Finalmente, este proyecto ofrece una mejora notable al no solo identificar y clasificar células, sino también contar la cantidad de leucocitos en cada imagen. Esta capacidad de conteo representa un avance sobre los estudios previos, los cuales se centran en la clasificación, sin abordar de manera tan específica el conteo.

5. Sección 4: Recomendaciones

Para futuros trabajos, una mejora importante sería ampliar la base de datos, no solo incorporando neutrófilos y linfocitos, sino también incluyendo monocitos, eosinófilos y basófilos. De esta manera, se lograría una base de datos más completa que represente en su totalidad las cinco clases de células que componen los glóbulos blancos. Esta ampliación permitiría un mejor rendimiento del modelo, especialmente en la identificación de células menos representadas.

Otra mejora fundamental es asegurar que la base de datos esté balanceada. Actualmente, las clases de neutrófilos y linfocitos tienen una mayor cantidad de imágenes en comparación con las otras clases. Este desbalance influyó en la efectividad del modelo, ya que el modelo favoreció a las clases más representadas. Para solucionar esto, se pueden añadir más datos para las clases faltantes, garantizando que todas las clases tengan una representación equitativa. Este balance es esencial para lograr una detección más precisa y justa de todas las células.

Aunque en contextos reales es común encontrar células apiladas, no se recomienda incluir este tipo de imágenes, ya que la superposición celular puede dificultar el proceso de detección generando ambigüedad, afectando negativamente el rendimiento del modelo. Si bien es importante evaluar la robustez del modelo ante escenarios complejos, se sugiere que las imágenes usadas cuenten con buena separación celular para garantizar una base sólida y confiable.

En futuros proyectos, también se espera trabajar con imágenes provenientes de diversas fuentes, lo cual no solo diversificaría la base de datos, sino que también permitiría evaluar cómo el modelo se desempeña con datos de distintas calidades y condiciones de observación.

Además, un avance a futuro sería ampliar el proyecto más allá del conteo y la clasificación de glóbulos blancos. Se espera poder extender el modelo para realizar el conteo de glóbulos rojos y plaquetas, lo cual agregaría un valor significativo al proyecto, pues se lograría una visualización

más completa del hemograma. Esto permitiría no solo el diagnóstico más rápido, sino también una mejora significativa en la precisión y el ahorro de tiempo en los procesos de análisis de muestras sanguíneas.

Referencias Bibliográficas

- Abhishri Medewar. (2023). *LabelImg The Ultimate Tool for Efficient Data Annotation*. <https://abhishri-medewar.medium.com/labelimg-the-ultimate-tool-for-efficient-data-annotation-b2fea57fce83>
- Aljabri, M., AlAmir, M., AlGhamdi, M., Abdel-Mottaleb, M., & Collado-Mesa, F. (2022). Towards a better understanding of annotation tools for medical imaging: a survey. *Multimedia Tools and Applications*, 81(18), 25877–25911. <https://doi.org/10.1007/s11042-022-12100-1>
- Barrios, J. (2019). *La matriz de confusión y sus métricas*. https://www.juanbarrios.com/la-matriz-de-confusion-y-sus-metricas/?utm_source=chatgpt.com
- Buslaev, A., Parinov, A., Khvedchenya, E., Iglovikov, V. I., & Kalinin, A. A. (2018). *Albumentations: fast and flexible image augmentations*. <https://doi.org/10.3390/info11020125>
- Chanon Krittapholchai. (2022). *NO code YOLOv5 model with Ultralytics HUB*. <https://medium.com/%40chanon.krittapholchai/no-code-yolov5-model-with-ultralytics-hub-c8f1323af2d9>
- Deepak N R. (2024). *YOLOv8 vs YOLOv11 A Comparison*. <https://medium.com/python-in-plain-english/yolov8-vs-yolov11-a-comparison-94426b382367>
- enrique a. (2018). *Detección de objetos con YOLO implementaciones y como usarlas*. <https://medium.com/@enriqueav/detecci%C3%B3n-de-objetos-con-yolo-implementaciones-y-como-usarlas-c73ca2489246>
- García, A. (2025). *Deep Learning model for leukocyte counting*. https://github.com/AlexandraGarci/Globulos_Blancos.git
- Hussain, M. A., Ahmad, I., Shaukat, A., & Islam, Z. U. I. (2021). Leukocytes Segmentation and Classification in Digital Microscopic Images. *Proceedings - 2021 IEEE 4th International*

Conference on Computing and Information Sciences, ICCIS 2021.

<https://doi.org/10.1109/ICCIS54243.2021.9676191>

Intelligence and Neuroscience, C. (2023). Retracted: Deep Learning Model for the Automatic Classification of White Blood Cells. *Computational Intelligence and Neuroscience*, 2023(1).

<https://doi.org/10.1155/2023/9873421>

Kousalya, K., Krishnakumar, B., Mohana, R. S., & Karthikeyan, N. (2021). Comparative analysis of White Blood Cells Classification using Deep Learning Architectures. *Proceedings - 2nd International Conference on Smart Electronics and Communication, ICOSEC 2021*, 1220–1225.

<https://doi.org/10.1109/ICOSEC51865.2021.9591771>

Kumari Kakumani, A., Katla, V., Rekhawar, V., & Reddy Yellakonda, A. (2023). A Comparative Analysis for Leukocyte Classification Based on Various Deep Learning Models Using Transfer Learning. *2023 4th International Conference for Emerging Technology, INCET 2023.*

<https://doi.org/10.1109/INCET57972.2023.10170443>

Lalitha, V., Raghul, G., & Premkumar, A. R. (2020, December 10). Leukocyte Counting and Reporting Using Densenet-Deep Learning. *ICPECTS 2020 - IEEE 2nd International Conference on Power, Energy, Control and Transmission Systems, Proceedings.*

<https://doi.org/10.1109/ICPECTS49113.2020.9337022>

Lu, Y. (2019). Artificial intelligence: a survey on evolution, models, applications and future trends. In *Journal of Management Analytics* (Vol. 6, Issue 1, pp. 1–29). Taylor and Francis Ltd.

<https://doi.org/10.1080/23270012.2019.1570365>

Pietrangelo, A. (2022). *¿Qué significa un nivel alto de monocitos?*

https://www.healthline.com/health/es/monocitos-altos?utm_source=chatgpt.com

- Quintero, C., Merchán, F., Cornejo, A., & Galán, J. S. (2018). Uso de Redes Neuronales Convolucionales para el Reconocimiento Automático de Imágenes de Macroinvertebrados para el Biomonitorio Participativo. *KnE Engineering*, 3(1), 585. <https://doi.org/10.18502/keg.v3i1.1462>
- Rubin, R., Anzar, S. M., Panthakkan, A., & Mansoor, W. (2023). Transforming Healthcare: Raabin White Blood Cell Classification with Deep Vision Transformer. *2023 6th International Conference on Signal Processing and Information Security, ICSPIS 2023*, 212–217. <https://doi.org/10.1109/ICSPIS60075.2023.10344258>
- Ruiz, J., & Nava, J. (2016). *ArticuloConteoAutomatizadodeLeucocitosv210716*. https://www.researchgate.net/publication/353020302_APLICACION_DE_TECNICAS_DE_VISION_ARTIFICIAL_PARA_EL_CONTEO_AUTOMATIZADO_DE_LEUCOCITOS
- Saha, K. G., Jyoti Garodia, D., Kalal, P., Saraogi, D., & Badri Prasad, V. R. (2023a). Facilitating Leucocyte Count Using Deep Learning: A Paradigm Shift. *2023 IEEE 8th International Conference for Convergence in Technology, I2CT 2023*. <https://doi.org/10.1109/I2CT57861.2023.10126331>
- Saha, K. G., Jyoti Garodia, D., Kalal, P., Saraogi, D., & Badri Prasad, V. R. (2023b). Facilitating Leucocyte Count Using Deep Learning: A Paradigm Shift. *2023 IEEE 8th International Conference for Convergence in Technology, I2CT 2023*. <https://doi.org/10.1109/I2CT57861.2023.10126331>
- Sangeetha, M., Tamizarasu, K., Devi, R. M., Arokiaraj, R. M. E., Sudha, K., & Kumar, K. K. (2023). An Automated Multi-Level Convolutional Neural Network Approach for Classification of White Blood Cells. *2023 14th International Conference on Computing Communication and Networking Technologies, ICCCNT 2023*. <https://doi.org/10.1109/ICCCNT56998.2023.10307001>

Sik-Ho Tsang. (2018). *Review Inception-v3 — 1st Runner Up (Image Classification) in ILSVRC 2015*.

<https://sh-tsang.medium.com/review-inception-v3-1st-runner-up-image-classification-in-ilsvrc-2015-17915421f77c>

Singh, R., Sharma, A., Sharma, N., & Gupta, R. (2023). Impact of Adam, Adadelta, SGD on CNN for

White Blood Cell Classification. *Proceedings - 5th International Conference on Smart Systems and Inventive Technology, ICSSIT 2023*, 1702–1709.

<https://doi.org/10.1109/ICSSIT55814.2023.10061068>

UATeam. (2024). *What is Google Colab and How to Use It for Data Science and Machine Learning*.

<https://medium.com/@aleksej.gudkov/what-is-google-colab-and-how-to-use-it-for-data-science-and-machine-learning-20aaa61afc2e>

Visible Body. (2023). *Funciones de la sangre Ocho datos acerca de la sangre*.

<https://www.visiblebody.com/es/learn/circulatory/circulatory-functions-of-the-blood>

Yang, S., Xiao, W., Zhang, M., Guo, S., Zhao, J., & Shen, F. (2022). *Image Data Augmentation for*

Deep Learning: A Survey. <http://arxiv.org/abs/2204.08610>

Apéndices

Apéndice A. Repositorio Github

En el siguiente enlace se presentará el código utilizado en el desarrollo del proyecto, con el objetivo de facilitar una mejor comprensión del contenido del documento.

https://github.com/AlexandraGarci/Globulos_Blancos.git