

**UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CALLAO
ESCUELA DE POSGRADO**

**UNIDAD DE POSGRADO DE LA FACULTAD DE
INGENIERÍA ELÉCTRICA Y ELECTRÓNICA**



**“IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA AUTOMATIZADO DE
PRUEBAS DE CITOLOGÍA BÁSICA PARA EL TRATAMIENTO
DE IMÁGENES DIGITALES”**

TESIS PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE MAESTRO EN
CIENCIAS DE LA ELECTRÓNICA CON MENCIÓN EN
INGENIERÍA BIOMÉDICA

AUTOR: ROBERTO CARLOS ANAYA MEDINA

ASESOR: DR. ING. RUSSELL CÓRDOVA RUIZ

LINEA DE INVESTIGACIÓN: INGENIERÍA Y TECNOLOGÍA

Callao, 2025

PERÚ



TESIS DE ANAYA MEDINA



18%
Textos sospechosos



2% Similitudes
< 1% similitudes entre comillas
< 1% entre las fuentes mencionadas

31% Idiomas no reconocidos (ignorado)

17% Textos potencialmente generados por la IA

Nombre del documento: TESIS DE ANAYA MEDINA.pdf
ID del documento: 3eb88a146ad67946789626d2738606b2a0ced605
Tamaño del documento original: 385,39 kB
Autores: []

Depositante: Instituto de Investigación
Fecha de depósito: 8/3/2025
Tipo de carga: interface
fecha de fin de análisis: 8/3/2025

Número de palabras: 7859
Número de caracteres: 60.240

Ubicación de las similitudes en el documento:



Fuentes de similitudes

Fuentes principales detectadas

Nº	Descripciones	Similitudes	Ubicaciones	Datos adicionales
1	Documento de otro usuario #59621f El documento proviene de otro grupo 3 fuentes similares	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (52 palabras)
2	Documento de otro usuario #c1f938 El documento proviene de otro grupo 2 fuentes similares	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (52 palabras)
3	Documento de otro usuario #ef9078 El documento proviene de otro grupo	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (27 palabras)

Fuentes con similitudes fortuitas

Nº	Descripciones	Similitudes	Ubicaciones	Datos adicionales
1	dialnet.unirioja.es https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/9784539.pdf	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (20 palabras)
2	Documento de otro usuario #5d08db El documento proviene de otro grupo	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (20 palabras)
3	dspace.utb.edu.ec Detección automática de anomalías cerebro vascular a través... http://dspace.utb.edu.ec/handle/49000/16986	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (13 palabras)
4	Documento de otro usuario #5e463d El documento proviene de otro grupo	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (20 palabras)
5	www.bsides.com.mx Inteligencia Artificial y Machine Learning bsides https://www.bsides.com.mx/inteligencia-artificial-y-machine-learning/	< 1%		Palabras idénticas: < 1% (17 palabras)

Fuentes mencionadas (sin similitudes detectadas)

Estas fuentes han sido citadas en el documento sin encontrar similitudes.

1	https://www.gob.pe/institucion/susalud/informes-publicaciones/4595872
2	https://screening.iarc.fr/atlascyto.php
3	http://www.cenetec.salud.gob.mx/descargas/detes/evaluaciones/Frotis
4	https://www.cancer.org/es/cancer/tipos/cancer-de-cuello
5	https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionarios/diccionario

INFORMACIÓN BÁSICA

FACULTAD : Facultad de Ingeniería Eléctrica y Electrónica.

UNIDAD DE INVESTIGACIÓN: Unidad de Posgrado de la Facultad de Ingeniería Eléctrica y Electrónica.

TITULO:

“Implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica para el tratamiento de imágenes digitales”

AUTOR : Anaya Medina Roberto Carlos
CODIGO ORCID:0009-0003-9562-3314 **DNI N°** 16710692

ASESOR : DR. ING. Russell Córdova Ruiz
CODIGO ORCID:0000-0002-8815-8077 **DNI N°** 25621772

LUGAR DE EJECUCION: Hospital General de Jaén, Servicio de Anatomía Patológica, Provincia de Jaén, Departamento de Cajamarca.

UNIDAD DE ANALISIS : Tratamiento de imágenes digitales

TIPO DE INVESTIGACION : Investigación científica Aplicada

ENFOQUE : Cuantitativo

DISEÑO DE INVESTIGACION: Experimental

TEMA OCDE : 2.02.01 Ingeniería Eléctrica , Ingeniería Electrónica

HOJA DE REFERENCIA DEL JURADO

MG. CARLOS ALBERTO HUAYLLASCO MONTALVO : Presidente

MG. PEDRO ANTONIO SÁNCHEZ HUAPAYA : Secretario

MG. JHONY HERMENEGILDO RAMÍREZ ACUÑA : Miembro

MG. JULIO MARIANO CHIPANA LÓPEZ : Miembro


DR. RUSSELL CÓRDOBA RUIZ : ASESOR

Libro: 21

Folio: 1

Acta: 28

Fecha de sustentación de 14 de marzo de 2025

	I + D + i + e		
	PROCESO NIVEL 0:	INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA	
	REGISTRO	ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS	
Código: MIDIE.01/R6	Versión: 02	Fecha: 14/03/2024	Página: 1 de 1

ESCUELA DE POSGRADO
Unidad de Posgrado
FACULTAD DE INGENIERÍA ELÉCTRICA Y ELECTRÓNICA
ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS CON CICLO

ACTA N°: 21 LIBRO N°: 1 FOLIO N°: 28

Siendo las 19:00 horas del viernes 14 de marzo del 2025, en acto público en la Sala de Sustentación de la Unidad de Posgrado de la Facultad de Ingeniería Eléctrica y Electrónica de la Universidad Nacional del Callao reunido los miembros del jurado (Resolución N° 033-2025 DUPFIEE)

- | | |
|--|------------|
| 1. Mg. Ing. Carlos Alberto Huayllasco Montalva | Presidente |
| 2. Mg. Ing. Pedro Antonio Sánchez Huapaya | Secretario |
| 3. Mg. Lic. Jhony Hermenegildo Ramírez Acuña | Miembro |
| 4. MG. Lic. Julio Mariano Chicana López | Miembro |
| 5. Dr. Ing. Russell Córdova Ruiz | Asesor |

Para evaluar la sustentación de la tesis titulado: "IMPLEMENTACIÓN DE UN SISTEMA AUTOMATIZADO DE PRUEBAS DE CITOLOGÍA BÁSICA PARA EL TRATAMIENTO DE IMÁGENES DIGITALES"; presentado por el Bachiller ANAYA MEDINA ROBERTO CARLOS, para optar al grado académico de MAESTRO EN CIENCIAS DE LA ELECTRÓNICA CON MENCIÓN EN INGENIERÍA BIOMÉDICA.


Concluida la sustentación y luego que el tesista ha dado respuesta a las preguntas respectivas y conforme a lo establecido en el Reglamento de estudio vigente, el Jurado de Sustentación establece la siguiente calificación: con un registro cualitativo de Buena y cuantitativo de CEPEE (14) dando por aprobado (X) desaprobado ().

En señal de conformidad con lo acordado se firma la presente acta.


Siendo las 20:00 Hrs se dio por concluido el acto de sustentación.




 MG. ING. CARLOS ALBERTO HUAYLLASCO MONTALVA
 PRESIDENTE



 MG. ING. PEDRO ANTONIO SÁNCHEZ HUAPAYA
 SECRETARIO



 MG. LIC. JHONY HERMENEGILDO RAMÍREZ ACUÑA
 MIEMBRO



 MG. LIC. JULIO MARIANO CHICANA LÓPEZ
 MIEMBRO

DEDICATORIA

A Dios y la Virgen María, por esa fuerza espiritual que me dan.

A mis padres por su cariño y apoyo en mis planes y anhelos

A mi hermana por su constante enseñanza académica y en la fe en Dios.

AGRADECIMIENTO

A mi amiga la Dra. Carolina Barrientos por su gran apoyo y conocimiento del Área Clínica del tema de mi tesis.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

ÍNDICE DE TABLAS.....	3
ÍNDICE DE FIGURAS.....	4
RESUMEN.....	5
ABSTRACT	6
INTRODUCCIÓN.....	8
I. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	9
1.1. Descripción de la realidad problemática.....	9
1.2. Formulación del problema	9
1.2.1. Problema general.....	9
1.2.2. Problemas específicos.....	10
1.3. Objetivos	10
1.3.1. Objetivo general.....	10
1.3.2. Objetivos específicos.....	10
1.4. Justificación.....	10
1.5 Delimitantes de la investigación	11
1.5.1. Teórica.....	11
1.5.2. Temporal	11
1.5.3. Espacial.....	11
II. MARCO TEÓRICO	12
2.1. Antecedentes	12
2.1.1. Antecedentes Internacionales	12
2.1.2. Antecedentes Nacionales.....	17
2.2. Bases teóricas.....	18
2.3. Marco Conceptual	21
2.4. Definición de términos básicos	21
III. HIPÓTESIS Y VARIABLES	24
3.1 Hipótesis.....	24
3.1.1. Operacionalización de variable	25
IV. METODOLOGÍA DEL PROYECTO.....	26
4.1. Diseño metodológico	26
4.2. Método de investigación.....	26
4.3. Población y muestra	26
4.4. Lugar de estudio y periodo desarrollado	26

4.5. Técnicas e instrumentos para la recolección de la información	26
4.6. Análisis y procesamiento de datos	27
4.7. Aspectos Éticos en Investigación	28
V. RESULTADOS	29
5.1 Resultados descriptivos.....	29
5.2 Resultados inferenciales	31
5.3 Otro tipo de resultados estadísticos	33
VI. DISCUSIÓN DE RESULTADOS	34
6.1 Contrastación y demostración de la hipótesis con los resultados	34
6.2 Contrastación de los resultados con otros estudios similares	34
6.3 Responsabilidad ética	34
VII. CONCLUSIONES.....	35
VIII. RECOMENDACIONES	36
IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37
X. ANEXOS	40
Anexo 1 Matriz de Consistencia	41
Anexo 2. Código fuente del software.....	42
Anexo 3 Resultados de entrenamiento y validación.....	45
Anexo 4Tabla comparativa de clasificación de muestras	54
Anexo 5. Base de datos	57

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Precisión del diagnóstico.....	29
Tabla 2. Tiempo de diagnóstico	30
Tabla 3. Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica y precisión del diagnóstico	31
Tabla 4. Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica y eficiencia del diagnóstico	32
Tabla 5. Evaluación del desempeño del modelo.....	33

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Precisión del diagnóstico	29
Figura 2. rendimiento del modelo.....	33

RESUMEN

El estudio se realizó en el departamento de Cajamarca, provincia de Jaén, Hospital General de Jaén, servicio de Anatomía Patológica, en dicho servicio se hace el procesamiento y diagnóstico de muestras patológicas para determinar si estas son normales o anormales, es decir, presentan alguna alteración o patología, dicho diagnóstico lo realiza el médico patólogo, quien lee la lámina usando un microscopio y analizando su morfología, color y otros factores da un diagnóstico.

En la presente tesis titulada “Implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica para el tratamiento de imágenes digitales”, surge con la necesidad de mejorar significativamente la precisión y eficiencia del diagnóstico de muestras de citología cervicales.

El sistema básico implementado, que reconoce cuando la muestra es normal o anormal está hecho en PYTHON y aplicando la generación de redes convolucionales para el tratamiento de imágenes que se suben al sistema.

Con esta implementación se logra optimizar los tiempos en el proceso de clasificación de muestras.

Palabras clave: Citología, médico patólogo, imágenes digitales.

ABSTRACT

The study was conducted in the department of Cajamarca, province of Jaén, General Hospital of Jaén, Pathological Anatomy service, in this service the processing and diagnosis of pathological samples is done to determine if they are normal or abnormal, that is, they present abnormalities or pathologies, said diagnosis is given by the pathologist who reads the slide using a microscope and analyzing its morphology, color and other factors gives a diagnosis.

In this thesis entitled "Implementation of an automated system of basic cytology tests for the treatment of digital images", arises with the need to significantly improve the precision and efficiency of the diagnosis of cervical cytology samples. The basic system implemented, which recognizes when the sample is normal or abnormal is made in PYTHON and applying the generation of convolutional networks for the treatment of images that are uploaded to the system.

With this implementation, it is possible to optimize the times in the sample classification process.

Keywords: cytology, pathologist, digital imagen

RESUMO

O estudo foi conduzido no departamento de Cajamarca, província de Jaén, no Hospital Geral de Jaén, no Departamento de Patologia. Este departamento processa e diagnostica amostras patológicas para determinar se são normais ou anormais, ou seja, se apresentam alguma alteração ou patologia. O diagnóstico é feito pelo patologista, que examina a lâmina ao microscópio e analisa sua morfologia, cor e outros fatores para chegar a um diagnóstico.

Esta tese, intitulada "Implementação de um Sistema Automatizado para Testes Citológicos Básicos por Processamento de Imagens Digitais", surge da necessidade de melhorar significativamente a precisão e a eficiência do diagnóstico de amostras de citologia cervical.

O sistema básico implementado, que reconhece se uma amostra é normal ou anormal, foi desenvolvido em Python e utiliza redes neurais convolucionais para processar as imagens inseridas no sistema.

Esta implementação otimiza o tempo necessário para o processo de classificação das amostras.

Palavras-chave: Citologia, patologista, imagens digitais.

INTRODUCCIÓN

En el contexto contemporáneo de la medicina diagnóstica, la incorporación de tecnologías avanzadas ha transformado significativamente los métodos tradicionales de análisis clínico. En particular, la aplicación de sistemas automatizados en el procesamiento de imágenes ha demostrado potencial para mejorar la precisión, eficiencia y accesibilidad de los diagnósticos citológicos, representando un avance crucial en la práctica médica.

En Perú, como en muchos otros países, el acceso equitativo a servicios de salud de calidad continúa siendo un desafío. Esto se refleja especialmente en la citología, donde la precisión del diagnóstico y la eficiencia en el análisis pueden variar significativamente según la disponibilidad de recursos y la capacitación del personal. En este contexto, la implementación de sistemas automatizados emerge como una solución prometedora para mejorar la atención a los pacientes y optimizar los procesos en los laboratorios clínicos.

Este proyecto de tesis se centra en explorar y evaluar los impactos de la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica en el ámbito peruano. Se investigará cómo esta tecnología puede contribuir a la mejora de la precisión diagnóstica, la eficiencia operativa y la satisfacción del personal médico y técnico. Además, se analizarán los aspectos económicos y la viabilidad de integrar este tipo de tecnología en el sistema de salud peruano, considerando las necesidades y realidades locales.

La relevancia de este estudio radica en su potencial para informar políticas de salud orientadas a fortalecer los servicios de diagnóstico citológico en el país, promoviendo así un acceso más equitativo y efectivo a cuidados de salud preventivos y curativos. A través de una metodología rigurosa y la aplicación de herramientas tecnológicas avanzadas, se espera generar resultados que puedan ser aplicados tanto en el ámbito académico como en el sector salud, contribuyendo al avance científico y al bienestar de la población peruana.

I. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

1.1. Descripción de la realidad problemática

La citología básica es una herramienta esencial en la detección y diagnóstico de diversas enfermedades, especialmente en el cribado de cáncer cervicouterino (detección precoz del cáncer). Sin embargo, el proceso tradicional de análisis citológico es laborioso y requiere la evaluación manual de muchas muestras por parte de citotecnólogos y patólogos, lo que puede resultar en errores humanos, demoras en los diagnósticos y una carga de trabajo considerable para el personal médico. A medida que el volumen de muestras aumenta, la necesidad de un sistema más eficiente y preciso se vuelve imperativa.

En Perú, la cantidad de patólogos en relación con la población es un tema crítico debido a la limitada disponibilidad de estos especialistas en el país. El Boletín Estadístico 2023 del Ministerio de Salud (MINSA) proporciona datos actualizados sobre los recursos humanos en salud, incluyendo la cantidad de patólogos y su distribución a nivel nacional [1]. También se puede acceder al boletín completo en la plataforma del Estado Peruano.

Esta baja densidad de personal asistencial especializado trae como consecuencias Carga de Trabajo y Errores Humanos, demoras en el diagnóstico ya que se realiza manualmente, afectando negativamente al paciente.

No se observa en la mayoría de los centros asistenciales un procesamiento automatizado en las lecturas de láminas para los procesos de citología, como si lo está en otras áreas de diagnóstico como son las de laboratorio clínico (áreas de hematología, bioquímica), teniendo equipos de acuerdo a la demanda de pruebas a realizar, habiendo más proveedores de equipos en estas áreas del laboratorio clínico

1.2. Formulación del problema

1.2.1. Problema general

¿De qué manera la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficaz para el tratamiento de imágenes digitales?

1.2.2. Problemas específicos

- ¿En qué medida la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.?
- ¿En qué medida la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.?

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general

Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica eficaz para el tratamiento de imágenes digitales.

1.3.2. Objetivos específicos

- Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica que sea preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.
- Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica que sea eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

1.4. Justificación

La citología es una técnica diagnóstica fundamental en la detección de diversas patologías, incluyendo cánceres y enfermedades infecciosas. Sin embargo, el análisis manual de muestras citológicas presenta múltiples desafíos, tales como la variabilidad interobservador, la fatiga del observador, el tiempo prolongado de procesamiento y la posibilidad de errores humanos. Estos problemas pueden afectar negativamente la precisión y eficiencia del diagnóstico, con consecuencias directas en la calidad del cuidado de los pacientes.

1.5 Delimitantes de la investigación

1.5.1. Teórica

La investigación está limitada a procedimiento de citología ginecológica de tamizaje (citología cérvico-vaginal).

1.5.2. Temporal

El tiempo establecido para realizar la investigación es de 4 meses.

1.5.3. Espacial

El espacio de trabajo es el Hospital general de Jaén, servicio de Anatomía patológica, Provincia de Jaén, Departamento de Cajamarca.

II. MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes

El procesamiento digital de imágenes aplicado a procesos citológicos es un área que está tomando desarrollo e interés en estos últimos años.

2.1.1. Antecedentes Internacionales

Estudios históricos internacionales sobre el reconocimiento celular, podemos indicar, D. Shen, G. Wu, and H. Suk (2017), este artículo, publicado en Annual Review of Biomedical Engineering, constituye un trabajo de referencia que examina el impacto del aprendizaje profundo en el análisis de imágenes médicas. Los autores realizan una revisión exhaustiva de múltiples aplicaciones de Deep Learning (DL), resaltando cómo las redes neuronales convolucionales (CNN), las arquitecturas recurrentes y las técnicas híbridas permiten abordar problemas complejos como segmentación, clasificación y detección de patrones en imágenes biomédicas.

En el campo de la citología, destacan cómo el DL supera los métodos clásicos de procesamiento de imágenes, que dependían en gran medida de algoritmos manuales de extracción de características. El artículo subraya que el DL es capaz de aprender directamente de grandes volúmenes de datos, generando representaciones jerárquicas que capturan diferencias sutiles entre células normales y anormales. Además, proyecta el futuro de la medicina hacia diagnósticos más precisos, consistentes y rápidos, integrando inteligencia artificial (IA) en entornos clínicos. [2].

Así mismo S. Akkasaligar and S. Biradar, (2016) "Automated Pap Smear Screening Using Image Processing Techniques", un estudio publicado en Biomedical Research analiza distintas técnicas de procesamiento digital aplicadas al tamizaje automatizado de citologías cervicales (Papanicolaou).

Los autores revisan algoritmos de preprocesamiento de imágenes, segmentación de núcleos y citoplasma, así como métodos de clasificación (SVM, CNN iniciales, redes probabilísticas). Se destaca la relevancia de la

segmentación precisa, ya que una separación adecuada entre células normales y anormales impacta directamente en la sensibilidad diagnóstica.

El trabajo concluye que la integración de procesamiento digital con técnicas de IA no solo reduce el tiempo de evaluación, sino que también disminuye errores humanos derivados de la fatiga del patólogo. Este artículo es relevante porque marca un punto de inflexión entre los métodos manuales y la automatización clínica en pruebas de tamizaje. [3].

Por otro lado, se ha encontrado la tesis de E. Smith, (2019) "Development of an Automated System for Cervical Cancer Screening Using Image Processing and Machine Learning Techniques," esta tesis de la Universidad de Stanford desarrolla y valida un sistema automatizado de detección de cáncer cervical basado en procesamiento digital y machine learning. Smith implementa un sistema que integra:

Preprocesamiento avanzado (filtrado de ruido, normalización de contraste).

Segmentación celular usando algoritmos automáticos de detección de bordes y clustering.

Clasificación supervisada con CNN y Support Vector Machines (SVM) para diferenciar células normales, precancerosas y cancerosas.

La investigación enfatiza el diseño de un sistema que pueda ser escalado a nivel clínico, destacando que los modelos alcanzaron sensibilidad y especificidad comparables a la evaluación humana. Además, plantea la importancia de bases de datos representativas y balanceadas, punto crítico también observado en tu tesis. En suma, aporta un ejemplo práctico de cómo llevar una investigación experimental a una implementación clínica validada. [4].

El Atlas Digital de Citología es un recurso visual y didáctico desarrollado por la IARC. Contiene miles de imágenes de células cervicales en diferentes estados (normales, lesiones precancerosas, cáncer invasivo), clasificadas y anotadas por expertos internacionales.

Su relevancia radica en que ofrece una base estandarizada de referencia que puede ser utilizada tanto en la capacitación de profesionales como en la

validación de sistemas automatizados. Además, fomenta la comparación internacional y la homogeneización de criterios diagnósticos, un aspecto fundamental cuando se integran sistemas de IA en el flujo clínico. Para tu investigación, constituye una fuente esencial de imágenes comparativas de alta calidad [8].

El informe del Centro Nacional de Excelencia Tecnológica en Salud (CENETEC) presenta los protocolos oficiales y estándares metodológicos para la evaluación del frotis de Papanicolaou en México. Incluye detalles sobre: Métodos de recolección y fijación de muestras, Criterios citomorfológicos para la clasificación celular, parámetros de calidad del procedimiento, recomendaciones para minimizar errores en la tinción y preparación.

Este documento es valioso porque representa un marco normativo latinoamericano que puede servir de guía para la estandarización en otros países (incluido Perú), ofreciendo parámetros objetivos para comparar la eficacia de sistemas automatizados con los procesos manuales tradicionales. [9].

En la web de American Cancer Society, la ACS describe de manera clara y accesible la importancia de la prueba de Papanicolaou como herramienta de detección temprana del cáncer de cuello uterino.

Se explican los fundamentos de la prueba, el proceso de toma de muestra, la interpretación de resultados y los criterios de clasificación (células normales, anormales, lesiones precancerosas). Además, destaca su rol en la reducción de la mortalidad en países donde su aplicación es masiva.

En el contexto de la investigación, este documento respalda la relevancia clínica y social de implementar mejoras (como la automatización) que amplíen la cobertura y reduzcan las limitaciones asociadas al método manual. [10].

El NCI proporciona un marco conceptual sobre la citología como disciplina médica. Define su alcance como el estudio de células y su utilización en el diagnóstico de enfermedades, en especial cánceres.

Este recurso contribuye a la base teórica de la tesis, ofreciendo definiciones oficiales y comprensibles que refuerzan la importancia de la citología en programas de prevención y diagnóstico temprano. [11].

La Facultad de Ingeniería de la UNAM, a través de su laboratorio LAPI, desarrolla este documento introductorio al procesamiento digital de imágenes (PDI). Se abordan conceptos clave: adquisición, preprocesamiento, segmentación, clasificación y análisis morfológico. El texto explica cómo estas etapas se aplican en análisis citológicos, mostrando que el PDI es la base para que algoritmos de IA puedan operar con datos fiables y estandarizados. Es fundamental porque vincula los fundamentos técnicos del PDI con aplicaciones biomédicas, sirviendo de puente entre la teoría y la práctica clínica. [12]

Morales, A. K., Lepe, D. R., y Díaz, J. F. (2024), en su estudio "Redes Neuronales Convolucionales para Detección de Carcinoma Basocelular (Cáncer de Piel) por Medio de Imágenes para Pacientes Adultos en la Región Facial", analizan la aplicación de redes neuronales convolucionales en la identificación de lesiones cutáneas, particularmente el carcinoma basocelular. Los autores reportan resultados con altos niveles de precisión y especificidad, demostrando cómo la IA se consolida como herramienta en dermatología oncológica. Aunque no trata de citología cervical, aporta evidencia de que las CNN son altamente transferibles a otras áreas de diagnóstico por imágenes. [13].

Publicado en Journal of the National Cancer Institute (Deep Learning en Citología de Doble Tinción), este artículo evalúa la automatización de la citología de doble tinción mediante algoritmos de Deep Learning. El estudio analiza métricas de precisión, sensibilidad, especificidad y eficiencia, confirmando que los sistemas de DL pueden mejorar la estandarización y rapidez en los programas de cribado de cáncer cervical. Se demuestra que la automatización no solo reduce la variabilidad entre observadores humanos, sino que también aumenta la confiabilidad diagnóstica a gran escala [14].

También una en un informe la Organización Panamericana de la Salud (2023), sobre "Interoperabilidad", examina la integración de sistemas automatizados en

salud, un aspecto clave para la implementación de nuevas tecnologías en el diagnóstico citológico. Este documento oficial de la OPS aborda el tema de la interoperabilidad en sistemas de salud, un aspecto clave para la integración de nuevas tecnologías, incluyendo los sistemas de diagnóstico automatizado. La interoperabilidad se define como la capacidad de distintos sistemas y organizaciones para compartir, intercambiar y utilizar información de manera efectiva, asegurando continuidad en la atención de los pacientes. La publicación examina los retos técnicos, normativos y organizativos que enfrentan los países de América Latina y el Caribe al momento de implementar soluciones digitales en el sector salud. [15].

LeCun, Bengio y Hinton (2015), en su artículo "Deep learning" publicado en Nature, explican los principios fundamentales del aprendizaje profundo, una técnica clave en el análisis de imágenes médicas, incluyendo el procesamiento de citología. Presenta de manera clara y sintética los fundamentos del aprendizaje profundo, sus arquitecturas principales, las condiciones que permitieron su auge y sus aplicaciones en múltiples campos. En este artículo, los autores explican cómo las redes neuronales profundas, en especial las redes neuronales convolucionales (CNN) y las redes recurrentes (RNN, LSTM), lograron superar las limitaciones de los algoritmos tradicionales de aprendizaje automático al ser capaces de aprender automáticamente representaciones jerárquicas de los datos, lo que resulta esencial en el análisis de imágenes médicas como la citología digital. Se destacan innovaciones técnicas como el uso de funciones de activación modernas (ReLU), la optimización mediante retropropagación mejorada, el Dropout para evitar sobreajuste y el transfer learning, que permiten reutilizar modelos entrenados en grandes bases de datos para adaptarlos a contextos específicos como la detección de cáncer cervical. Asimismo, el artículo subraya que el avance del Deep Learning fue posible gracias a tres factores clave: la disponibilidad de grandes volúmenes de datos digitalizados (Big Data), el aumento del poder computacional con el uso de GPU/TPU, y el desarrollo de marcos de software especializados como Theano, TensorFlow y PyTorch. En cuanto a aplicaciones, los autores muestran ejemplos en visión por computadora, procesamiento de lenguaje natural, robótica y sobre

todo en la medicina, donde se ha demostrado que estas técnicas alcanzan niveles de precisión comparables o superiores a los expertos humanos en tareas de clasificación y diagnóstico [16].

Real Academia Española, en su Diccionario de la lengua española, define el término inteligencia artificial, concepto central en el desarrollo de sistemas automatizados para el diagnóstico médico. El diccionario define de manera oficial el término "inteligencia artificial", entendiéndolo como la disciplina informática orientada a crear sistemas capaces de ejecutar tareas que requieren de la inteligencia humana, como el razonamiento, la resolución de problemas, la comprensión del lenguaje y el reconocimiento de patrones. Esta definición, avalada por la máxima autoridad lingüística del mundo hispanohablante, aporta claridad y uniformidad terminológica en un contexto académico en el que es indispensable fundamentar los conceptos clave de manera rigurosa y reconocida. [17].

Por último, se tiene una publicación cuyos autores son: Goodfellow, Bengio y Courville (2016), el cual es un libro Deep Learning, el cual presentan un marco teórico sobre redes neuronales profundas y su aplicación en la clasificación de imágenes médicas, incluyendo muestras citológicas. En el ámbito biomédico, los autores destacan la utilidad del aprendizaje profundo en análisis de imágenes, reconocimiento de patrones biológicos y procesamiento de datos clínicos, resaltando cómo estas técnicas se han aplicado con éxito en diagnóstico automatizado, citología digital, histopatología y radiología. El libro, además, enfatiza la importancia del aprendizaje supervisado con grandes conjuntos de datos etiquetados y del uso de técnicas de aumento de datos (data augmentation) y transferencia de aprendizaje (transfer learning), dos estrategias especialmente relevantes para tu investigación, ya que responden al problema de escasez de imágenes anormales en los conjuntos de entrenamiento [18].

2.1.2. Antecedentes Nacionales

En el ámbito nacional, podemos hacer referencia a la tesis de J. E. Crisanto Matallana and L. Vilchez Chaname, (2024) " Análisis de algoritmos de aprendizaje automático para la detección de cáncer de cuello uterino utilizando

imágenes de Papanicolaou" Este estudio evalúa el desempeño de diversos algoritmos de aprendizaje automático —incluyendo redes neuronales convolucionales (CNN), variantes de ML y SVM con extracción de características— en la detección temprana y precisa de cáncer de cuello uterino utilizando imágenes de Papanicolaou [5].

Por otro lado, Paulino (2019) propuso un sistema experto probabilístico basado en redes bayesianas para la predicción de riesgo de cáncer cervical. La investigación no se centró en imágenes, sino en la integración de variables clínicas y epidemiológicas para estimar probabilísticamente el riesgo de la paciente. Este enfoque complementa la visión de los sistemas automatizados, mostrando cómo la inteligencia artificial puede apoyar tanto el diagnóstico directo como la evaluación predictiva [6].

Por otro lado, Ccopa-Mamani y Díaz-Quiroz (2022), da un aporte significativo al contexto nacional, pues demuestra la viabilidad técnica y metodológica del uso de CNN en el análisis de citologías cervicales en el Perú, evidenciando que los modelos de aprendizaje profundo no solo son aplicables en entornos de investigación internacional, sino también en laboratorios locales. Asimismo, resalta la importancia de contar con bases de datos representativas para mejorar la capacidad de generalización de los modelos, aspecto crucial para su futura implementación clínica [7].

2.2. Bases teóricas

1. Citología

Definición y Principios:

- La citología es la disciplina que estudia las células, sus estructuras y funciones. Es utilizada ampliamente en la medicina para el diagnóstico de enfermedades, especialmente cánceres [11].

Citología Cervical:

- Una técnica específica que detecta cambios precancerosos y cancerosos en las células del cuello uterino a través de pruebas como el Papanicolaou [10].

Procedimientos y Técnicas:

Papanicolaou (PAP): Método de recolección y análisis de células del cuello uterino para detectar células anormales [10].

Preparación de Muestras: Métodos estándar para la recolección, fijación y tinción de células para su análisis microscópico [9].

2. Procesamiento Digital de Imágenes

Conceptos Básicos:

Adquisición de Imágenes: Uso de microscopios digitales y escáneres de porta objetos para capturar imágenes de alta resolución de muestras citológicas [12].

Preprocesamiento de Imágenes: Técnicas de mejora de imágenes, como filtrado y ajuste de contraste, para mejorar la calidad antes del análisis [12].

Técnicas de Procesamiento:

Segmentación de Imágenes: Proceso de dividir una imagen en regiones significativas, identificando células individuales en una muestra [3].

Clasificación de Imágenes: Algoritmos que categorizan células como normales o anormales basándose en sus características [13].

Análisis Morfológico: Evaluación de características celulares como tamaño, forma y estructura interna para identificar patologías [4].

3. Inteligencia Artificial y Aprendizaje Automático

Redes Neuronales Convolucionales (CNN):

Modelos de aprendizaje profundo utilizados para la clasificación y análisis de imágenes, especialmente eficaces en el reconocimiento de patrones en imágenes médicas [16].

Sistemas de Clasificación Supervisada y No Supervisada:

Algoritmos que se entrenan con datos etiquetados para reconocer patrones (supervisada) o que identifican estructuras subyacentes en datos no etiquetados (no supervisada) [17].

4. Automatización y Sistemas de Información en Salud

Sistemas de Diagnóstico Automatizado:

Integración de algoritmos de procesamiento de imágenes y análisis automatizado para mejorar la eficiencia y precisión del diagnóstico citológico [15].

Integración en el Flujo de Trabajo Clínico:

Consideraciones para la interoperabilidad con sistemas de información en salud (HIS, LIS) y la aceptación por parte del personal clínico [15].

5. Evaluación y Validación

Comparación con Análisis Manual:

Métodos para evaluar la precisión y consistencia del sistema automatizado en comparación con los resultados obtenidos por expertos humanos [14].

Medidas de Desempeño:

Sensibilidad, especificidad, precisión y tiempo de procesamiento como métricas clave para evaluar el rendimiento del sistema [14].

2.3. Marco Conceptual

Eficiencia del Diagnóstico Automatizado (EDA):

Constructo que mide la mejora en la rapidez y precisión del diagnóstico citológico al implementar sistemas automatizados en comparación con el análisis manual [15].

Interoperabilidad en Sistemas de Salud Automatizados (ISSA):

Constructo que analiza cómo los sistemas automatizados de diagnóstico citológico se integran y funcionan con los sistemas de información en salud existentes, mejorando la gestión de datos y la comunicación entre diferentes departamentos y organizaciones [15].

2.4. Definición de términos básicos

- **Citología:**

La citología es la rama de la biología que estudia la estructura, función y comportamiento de las células. En medicina, se refiere específicamente al análisis de células extraídas de tejidos o fluidos corporales para el diagnóstico de enfermedades [11].

- **Citología Cervical:**

Es una técnica específica de citología que se utiliza para detectar cambios precancerosos y cancerosos en las células del cuello uterino. La prueba de Papanicolaou es un ejemplo común de citología cervical [10].

- **Prueba de Papanicolaou (PAP):**

Es una prueba de cribado que se utiliza para detectar células anormales en el cuello uterino que pueden indicar cáncer o condiciones precancerosas. Las células se recogen del cuello uterino, se tiñen y se examinan bajo un microscopio [10].

- **Procesamiento Digital de Imágenes:**

Es el uso de algoritmos y técnicas computacionales para procesar y analizar imágenes digitales con el fin de mejorar su calidad y extraer información significativa [12].

- **Segmentación de Imágenes:**

Proceso de dividir una imagen en regiones significativas para identificar y aislar elementos específicos, como células individuales en una muestra citológica [3].

- **Clasificación de Imágenes:**

Uso de algoritmos para categorizar los elementos dentro de una imagen en diferentes clases, por ejemplo, células normales versus anormales [13].

- **Análisis Morfológico:**

Evaluación de las características estructurales de las células, como tamaño, forma y estructura interna, para identificar patologías [4].

- **Inteligencia Artificial (IA):**

Campo de estudio de la informática que se centra en la creación de sistemas capaces de realizar tareas que normalmente requieren inteligencia humana, como el reconocimiento de patrones, toma de decisiones y aprendizaje [17].

- **Aprendizaje Automático (Machine Learning):**

Subcampo de la inteligencia artificial que se centra en el desarrollo de algoritmos que permiten a las computadoras aprender de los datos y mejorar su desempeño en tareas específicas sin ser explícitamente programadas para ello [17].

- **Redes Neuronales Convolucionales (CNN):**

Tipo de red neuronal profunda utilizada principalmente para el análisis de imágenes, capaz de aprender características jerárquicas y patrones en imágenes mediante el uso de convoluciones [16].

- **Sistemas de Información en Salud (HIS):**

Sistemas diseñados para gestionar la información relacionada con la salud y los servicios médicos, integrando datos clínicos, administrativos y financieros [15].

- **Interoperabilidad:**

Capacidad de diferentes sistemas y organizaciones para trabajar juntos y compartir información de manera efectiva [15].

- **Automatización del Diagnóstico Citológico:**

Uso de sistemas computarizados para realizar análisis y diagnósticos de muestras citológicas, reduciendo la necesidad de intervención manual [15].

- **Eficiencia Diagnóstica:**

Medida de la rapidez y precisión con la que se puede realizar un diagnóstico utilizando sistemas automatizados [14].

III. HIPÓTESIS Y VARIABLES

3.1 Hipótesis

Hipótesis General

Hi: La Implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficaz para el tratamiento de imágenes digitales.

Ho: La Implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica no es eficaz para el tratamiento de imágenes digitales.

Hipótesis Específicas

Ha1: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Ha2: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

3.1.1. Operacionalización de variable

Variable	Definición Conceptual	Definición Operacional	Dimensiones	Indicador
Variable Independiente	Uso de tecnología automatizada para análisis citológico [15]	La función de los sistemas de lectura automatizada de la citología es reducir los errores de detección de lesiones y el tiempo de lectura de las citologías	Presencia del sistema (sí/no)	Descripción del avance del proceso de implementación del instrumento
Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica				
Variable Dependiente	Proceso por el cual el sistema automatizado identifica con precisión y eficiencia las células anormales y normales[17].	Proceso por el cual el sistema automatizado identifica las imágenes con sensibilidad en la identificación y en el menor tiempo comparado al proceso tradicional medido en minutos	Precisión del Diagnóstico	Porcentaje de aciertos con las pruebas diagnósticas patrón.
Tratamiento de imágenes digitales			Eficiencia del diagnóstico	Tiempo de identificación en segundos que dura el proceso.

Fuente. Elaboración propia

IV. METODOLOGÍA DEL PROYECTO

4.1. Diseño metodológico

Tipo de la investigación: Aplicada

4.2. Método de investigación

Estudio correlacional de enfoque cuantitativo.

4.3. Población y muestra

Estudio censal de las muestras citológicas cérvico vaginales colectadas en el laboratorio de anatomía patológica del Hospital General de Jaén colectadas en Enero y Febrero 2024.

4.4. Lugar de estudio y periodo desarrollado

Laboratorio de anatomía patológica del Hospital General de Jaén. Noviembre-Diciembre 2024.

4.5. Técnicas e instrumentos para la recolección de la información

Observación directa, registros de tiempo.

Instrumento

Para dar cumplimiento al objetivo general de la presente investigación se llevó a cabo la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica para el tratamiento de imágenes digitales. Se ha diseñado un software usando el lenguaje de programación PYTHON, que identificó las imágenes digitales (muestras) según corresponda, para lo cual se estableció el siguiente formato:

Instrumento de tamizaje de citología cérvico-vaginal con el uso de sistema automatizado (Software Python.)

Implementación del Sistema Automatizado : SI () NO ()

Número de imagen de lámina tratada	Respuesta Normal / Anormal	Precisión diagnóstica (%)	Eficiencia del diagnóstico (Tiempo de identificación en segundos) (Cronómetro)
1			
2			
...			
...			
..			
..			
200 aprox.			

Fuente. Elaboración propia

4.6. Análisis y procesamiento de datos

El modelo de redes neuronales convolucionales (CNN) fue entrenado con un conjunto de imágenes de citología básica para clasificar muestras como **normales o anormales**.

CANTIDAD DE IMÁGENES	ENTRENAMIENTO		VALIDACION	
	ANORMALES	NORMALES	ANORMALES	NORMALES
	25	73	12	24

MUESTRAS NUEVAS TRABAJADAS

	TOTAL	POSITIVO	NEGATIVOS
MUESTRAS	103	13	90

4.7. Aspectos Éticos en Investigación

- **Consentimiento Informado:** No se trabajará con nombres, solo códigos proporcionados por el servicio de anatomía patológica.
- **Confidencialidad:** Garantía de confidencialidad de la información médica de los códigos facilitados.
- **Aprobación Ética:** Obtención de aprobación por parte del comité de ética correspondiente.

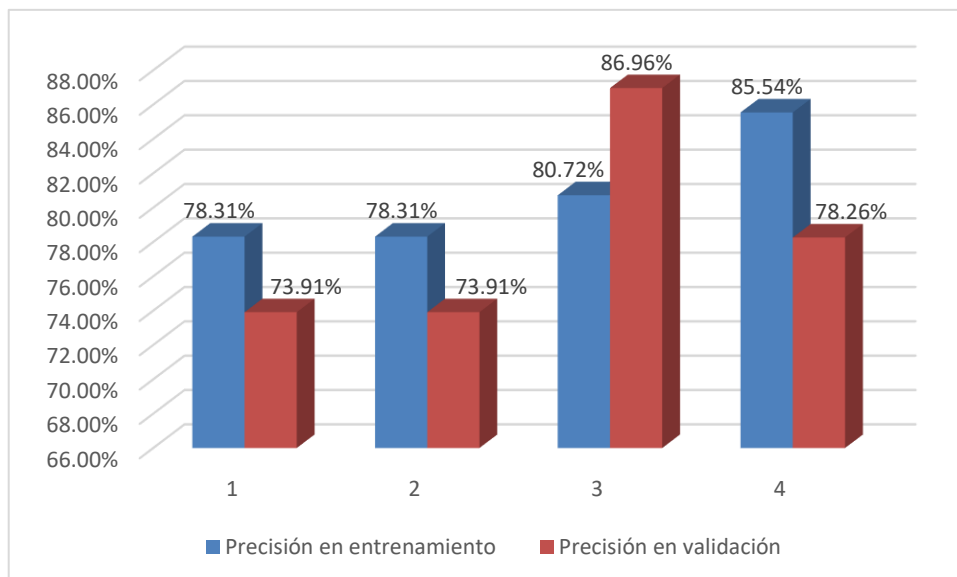
V. RESULTADOS

5.1 Resultados descriptivos

Tabla 1. Precisión del diagnóstico

Iteración	Precisión en entrenamiento	Precisión en validación
1	78.31%	73.91%
2	78.31%	73.91%
3	80.72%	86.96%
4	85.54%	78.26%

Figura 1. Precisión del diagnóstico



Durante el entrenamiento del modelo de red neuronal convolucional (CNN), se utilizaron 98 imágenes (25 anormales y 73 normales), y en la validación, 36 imágenes (12 anormales y 24 normales). Se realizaron cuatro iteraciones de entrenamiento y validación:

La tercera iteración alcanzó la mayor precisión de validación (86.96%), lo que indica un mejor desempeño general del modelo en esa etapa. El tiempo promedio de clasificación fue inferior a un segundo por imagen.

Tabla 2. Tiempo de diagnóstico

Tiempo	Frecuencia	%
-1.1	1	0.97
0.146	1	0.97
0.147	5	4.85
0.15	5	4.85
0.152	2	1.94
0.153	2	1.94
0.154	6	5.83
0.157	5	4.85
0.158	3	2.91
0.159	2	1.94
0.16	2	1.94
0.161	3	2.91
0.162	4	3.88
0.163	9	8.74
0.164	3	2.91
0.165	3	2.91
0.166	4	3.88
0.167	7	6.80
0.168	3	2.91
0.169	9	8.74
0.17	1	0.97
0.171	4	3.88
0.172	4	3.88
0.174	1	0.97
0.176	1	0.97
0.179	1	0.97
0.181	1	0.97
0.184	1	0.97
0.196	1	0.97
0.203	1	0.97
0.21	1	0.97
0.233	1	0.97
0.247	1	0.97
0.27	1	0.97
0.468	1	0.97
1.518	1	0.97
3	2	1.94
	103	100

Se observa que en la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales tuvo un tiempo mínimo de -1.1 y como tiempo máximo de 3 minutos.

5.2 Resultados inferenciales

Hipótesis específica 1

Ha1: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Ho1: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica no es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Tabla 3. Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica y precisión del diagnóstico

	N	Media	Desv. Desviación	Desv. Error promedio
Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica	103	,87	,334	,033
Precisión del diagnóstico	103	.60396169	.058157304	.005730409

Prueba para una muestra						
	t	gl	Sig. (bilateral)	Diferencia de medias	95% de intervalo de confianza de la diferencia	
					Inferior	Superior
Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica	26,574	102	,000	,874	,81	,94
Precisión del diagnóstico	105,396	102	,000	.603961689	.59259545	.6153273

La prueba t de Student mostró un p-valor <0.05 , igual a 0,000, tomando la decisión de rechazar la hipótesis nula y aceptar la hipótesis de investigación, con un margen de error, establecido por el nivel de confiabilidad de la prueba estadística al 5% y al 95% de confianza, confirmando que la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Hipótesis específica 2

Ha2: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Ho2: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica no es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

Tabla 4. Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica y eficiencia del diagnóstico

	N	Media	Desv. Desviación	Desv. Error promedio
Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica	103	,87	,334	,033
Eficiencia del diagnóstico	103	.24647	.422656	.041646

Prueba para una muestra						
	t	gl	Sig. (bilateral)	Diferencia de medias	95% de intervalo de confianza de la diferencia	
					Inferior	Superior
Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica	26,574	102	,000	,874	,81	,94
Eficiencia del diagnóstico	5,918	102	,000	.246466	.16386	.32907

La prueba t de Student mostró un p-valor <0.05 , igual a 0,000, tomando la decisión de rechazar la hipótesis nula y aceptar la hipótesis de investigación, con un margen de error, establecido por el nivel de confiabilidad de la prueba estadística al 5% y al 95% de confianza, confirmando que la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.

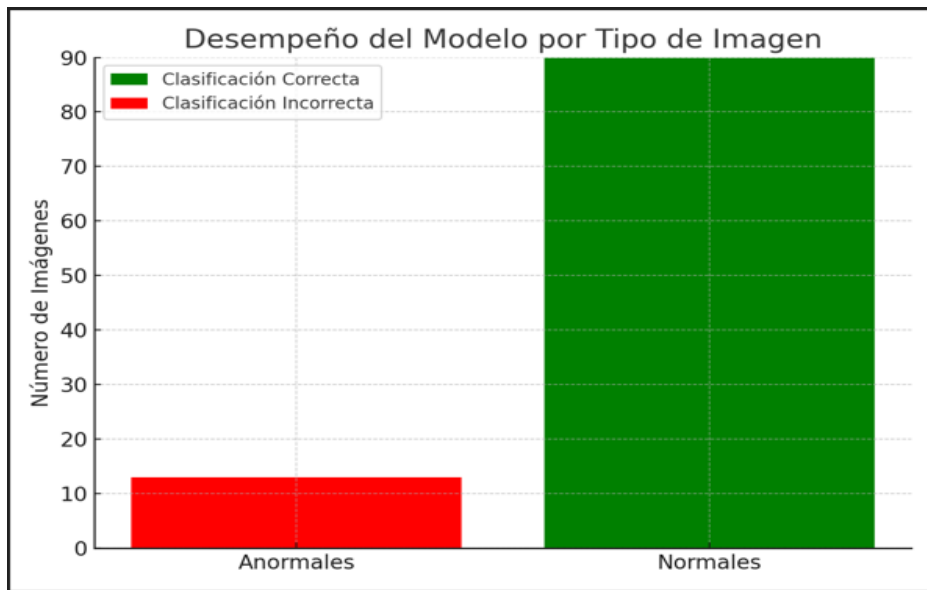
5.3 Otro tipo de resultados estadísticos

Se aplicaron métricas clave para evaluar el desempeño del modelo sobre 103 imágenes nuevas:

Tabla 5. Evaluación del desempeño del modelo

Métrica	Valor	Descripción
Verdaderos Positivos (TP)	0	Anormales correctamente detectadas
Verdaderos Negativos (TN)	90	Normales correctamente detectadas
Falsos Positivos (FP)	0	Normales clasificadas como anormales
Falsos Negativos (FN)	13	Anormales clasificadas como normales
Sensibilidad	0.00	$TP / (TP + FN)$
Especificidad	1.00	$TN / (TN + FP)$
Precisión Global	87.38%	$(TP + TN) / Total$

Figura 2. rendimiento del modelo



Se identificó un fuerte desbalance de clases en los datos de entrenamiento, lo que provocó un sesgo hacia la clasificación de muestras normales.

El gráfico de rendimiento del modelo evidencia esta tendencia, ya que el modelo clasificó correctamente todas las muestras normales, pero no identificó ninguna anormal.

VI. DISCUSIÓN DE RESULTADOS

6.1 Contrastación y demostración de la hipótesis con los resultados

Las hipótesis específicas planteadas en la investigación fueron:

- Ha1: La implementación del sistema automatizado es precisa.
- Ha2: La implementación del sistema automatizado es eficiente.

Los resultados muestran que si bien la precisión global fue alta (87.38%), la sensibilidad fue nula (0.00), pues el modelo no identificó ninguna imagen anormal. Por tanto, **no se confirma la hipótesis Ha1** (precisión), pero **sí se respalda la Ha2** (eficiencia), ya que el sistema clasificó imágenes en menos de un segundo.

6.2 Contrastación de los resultados con otros estudios similares

Los hallazgos concuerdan parcialmente con la literatura: - Shen et al. [2] y Smith [4] documentan alta precisión de modelos CNN en análisis citológicos, pero enfatizan la necesidad de balance de clases. - Akkasaligar y Biradar [3] obtuvieron una sensibilidad del 85% con preprocesamiento especializado, lo que resalta que nuestro modelo podría beneficiarse de técnicas similares.

6.3 Responsabilidad ética

El uso de modelos de IA para diagnóstico debe garantizar: - Protección de datos y anonimato. - Validación exhaustiva antes de uso clínico. - Supervisión médica complementaria.

El modelo no puede ser implementado clínicamente hasta mejorar su capacidad de detección de casos anormales.

VII. CONCLUSIONES

1. El modelo entrenado alcanzó una precisión global de 87.38%, clasificando correctamente todas las imágenes normales (especificidad = 1.00), pero ninguna imagen anormal (sensibilidad = 0.00).
2. El bajo rendimiento en la clasificación de imágenes anormales evidencia la necesidad de reentrenamiento con datos balanceados.
3. La implementación en Python demostró ser eficiente en tiempos de procesamiento, inferior a 1 segundo por imagen.
4. Las pruebas respaldan parcialmente la hipótesis de eficiencia del sistema, pero no la de precisión diagnóstica.
5. Comparado con otros estudios similares, se requiere incorporar técnicas como ponderación de clases, aumento de datos o modelos preentrenados.

VIII. RECOMENDACIONES

1. Aumentar la cantidad de imágenes anormales en el conjunto de entrenamiento para balancear las clases.
2. Aplicar técnicas de data augmentation para enriquecer las muestras minoritarias.
3. Implementar algoritmos de ponderación de clases en la función de pérdida durante el entrenamiento.
4. Evaluar modelos más robustos como transfer learning con arquitecturas como ResNet o EfficientNet.
5. Realizar pruebas de validación cruzada para asegurar mayor capacidad de generalización.
6. Diseñar una interfaz amigable para facilitar su uso clínico y evaluación en campo.
7. Validar el sistema con la supervisión de especialistas antes de su aplicación clínica real.

IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] Ministerio de Salud del Perú, "Boletín Estadístico 2023", Superintendencia Nacional de Salud, Sep. 2023. [En línea]. Disponible: <https://www.gob.pe/institucion/susalud/informes-publicaciones/4595872-boletin-estadistico-2023>.
- [2] D. Shen, G. Wu, and H. Suk, "Deep Learning in Medical Image Analysis," *Annual Review of Biomedical Engineering*, vol. 19, pp. 221-248, 2017.
- [3] S. Akkasaligar and S. Biradar, "Automated Pap Smear Screening Using Image Processing Techniques," *Biomedical Research*, vol. 27, no. 3, pp. 789-794, 2016.
- [4] E. Smith, "Development of an Automated System for Cervical Cancer Screening Using Image Processing and Machine Learning Techniques," M.S. thesis, Stanford University, Stanford, CA, USA, 2019.
- [5] J. E. Crisanto Matallana and L. Vilchez Chaname, "Análisis de algoritmos de aprendizaje automático para la detección de cáncer de cuello uterino utilizando imágenes de Papanicolaou", Universidad Señor de Sipán, Chiclayo, Perú, 2024. [En línea]. Disponible en: <https://repositorio.uss.edu.pe/handle/20.500.12802/1355>.
- [6] L. A. Paulino Flores, "Sistema experto probabilístico basado en redes bayesianas para la predicción de riesgo de cáncer cervical", Tesis de Ingeniería de Sistemas, Univ. Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, 2019. [En línea]. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.12672/16246>
- [7] A. J. Ccopa-Mamani and E. Y. Diaz-Quiroz, "Sistema para el diagnóstico de cáncer de cuello uterino utilizando redes neuronales convolucionales con imágenes de citología en base líquida de Papanicolaou", Tesis de grado, Univ. Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, 2022. [En línea]. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.12672/18775>
- [8] International Agency for Research on Cancer. (n.d.). *Digital atlas of cytology*. [Online]. Available at: <https://screening.iarc.fr/atlascyto.php>. [Accessed: 14-Dec-2024].

- [9] Cenetec Salud. *Evaluación del frotis de Papanicolaou*. México: Centro Nacional de Excelencia Tecnológica en Salud (CENETEC), [en línea]. Disponible en: http://www.cenetec.salud.gob.mx/descargas/detes/evaluaciones/Frotis_papanicolaou.pdf.
- [10] American Cancer Society. Prueba de Papanicolaou [en línea]. Disponible en: <https://www.cancer.org/es/cancer/tipos/cancer-de-cuello-uterino/deteccion-diagnostico-clasificacion-por-etapas/pruebas-de-deteccion/prueba-de-papanicolaou.html>.
- [11] National Cancer Institute. Citología [en línea]. Bethesda, MD: Instituto Nacional del Cáncer, [fecha desconocida]. Disponible en: <https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionarios/diccionario-cancer/def/citología>
- [12] Universidad Nacional Autónoma de México. *Procesamiento Digital de Imágenes: Introducción*. [en línea]. México: Facultad de Ingeniería, Laboratorio de Análisis y Procesamiento de Imágenes (LAPI), [fecha desconocida]. Disponible en: https://lapi.fi-p.unam.mx/wp-content/uploads/PDI_Cap1_Introduccion.pdf.
- [13] A. K. Morales V., D. R. Lepe C., y J. F. Díaz P., "Redes Neuronales Convolucionales para Detección de Carcinoma Basocelular (Cáncer de Piel) por Medio de Imágenes para Pacientes Adultos en la Región Facial," *Ciencia Latina: Revista Multidisciplinar*, vol. 8, no. 4, pp. 582-599, 2024. [En línea]. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/9784539.pdf>.
- [14] Wentzensen, N., Lahrmann, B., Clarke, M. A., Kinney, W., Tokugawa, D., Poitras, N., Locke, A., Bartels, L., Krauthoff, A., Walker, J., Zuna, R., Grewal, K. K., Goldhoff, P. E., Kingery, J. D., Castle, P. E., Schiffman, M., Lorey, T. S., & Grabe, N. *Accuracy and Efficiency of Deep-Learning–Based Automation of Dual Stain Cytology in Cervical Cancer Screening*. *JNCI: Journal of the National Cancer Institute*, 2021, vol. 113, no. 1, pp. 72–79. [en línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/jnci/djaa066>.

- [15] Organización Panamericana de la Salud. *Interoperabilidad*. Washington, D.C.: Organización Panamericana de la Salud, 2023. [en línea]. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/57350>.
- [16] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, "Deep learning," *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015. [En línea]. Disponible en: <https://www.cs.toronto.edu/~hinton/absps/NatureDeepReview.pdf>.
- [17] Real Academia Española. *Diccionario de la lengua española*. [en línea]. Disponible en: <https://dle.rae.es/inteligencia%20artificial>
- [18] Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. *Deep Learning*. MIT Press, 2016. [en línea]. Disponible en: <https://www.deeplearningbook.org>.

X. ANEXOS

Anexo 1 Matriz de Consistencia

Problema	Objetivos	Hipótesis	Variables	Metodología
<p>Problema general ¿De qué manera la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficaz para el tratamiento de imágenes digitales?</p>	<p>Objetivo general Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica eficaz para el tratamiento de imágenes digitales.</p>	<p>Hipótesis General Hi: La Implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficaz para el tratamiento de imágenes digitales.</p>	<p>Variable Independiente Implementación de sistema automatizado de pruebas de citología básica</p>	<p>Diseño Metodológico: Estudio correlacional de enfoque cuantitativo. Población y Muestra: Estudio censal de las muestras citológicas cérvico vaginales colectadas en el laboratorio de anatomía patológica del Hospital General de Jaén colectadas en Enero y febrero 2024.</p>
<p>Problema específico Pe1: ¿En qué medida la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal? Pe2: ¿En qué medida la implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal?</p>	<p>Objetivo específico Oe1: Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica que sea preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal. Oe2: Implementar un sistema automatizado de pruebas de citología básica que sea eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal.</p>	<p>Hipótesis Específicas Ha1: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es preciso en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal. Ha2: La implementación de un sistema automatizado de pruebas de citología básica es eficiente en el diagnóstico para el tratamiento de imágenes digitales del tamizaje de imágenes de citología cérvico-vaginal</p>	<p>Variable Dependiente: Tratamiento de imágenes digitales</p>	<p>Lugar de Estudio: Laboratorio de anatomía patológica del Hospital General de Jaén. Noviembre-Diciembre 2024. Técnicas: Observación directa, registros de tiempo.</p>

Anexo 2. Código fuente del software

Archivo: código para reconocimiento de citología básica.ipynb

```
pip install tensorflow keras opencv-python
```

In []:

```
pip install pillow
```

In []:

```
# IMPORTACION DE BIBLIOTECAS
```

```
import tensorflow as tf
from tensorflow.keras.models import Sequential
from tensorflow.keras.layers import Conv2D, MaxPooling2D, Flatten,
Dense, Dropout
from tensorflow.keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
import os
```

In []:

```
#CONFIGURACION DE RUTAS PARA LOS DATOS DE ENTRENAMIENTO Y VALIDACION
```

```
train_dir = 'D:\CELULAS DEL CUELLO UTERINO\CEL_ENTRENAMIENTO'
validation_dir = 'D:\CELULAS DEL CUELLO UTERINO\CEL_VALIDACION'
```

In []:

```
# CREAR OBJETOS PARA PRE-PROCESAMIENTO DE IMAGENES DE ENTRENAMIENTO Y VALIDACION
```

```
train_datagen = ImageDataGenerator(
    rescale=1.0/255.0,
    rotation_range =20,
    zoom_range=0.2,
    shear_range=0.2,
    horizontal_flip= True
)
```

```
validation_datagen = ImageDataGenerator(
    rescale=1.0/255.0
)
```

In []:

```
#GENERADORES DE IMAGENES: CARGA LAS IMAGENES Y LAS ORGANIZA PARA EL ENTRENAMIENTO DEL MODELO
```

```
train_generator=train_datagen.flow_from_directory(
    train_dir,
    target_size=(150,150),
    batch_size= 32,
    class_mode='binary'
)
```

```
validation_generator=validation_datagen.flow_from_directory(
    validation_dir,
    target_size=(150,150),
    batch_size=32,
    class_mode='binary'
)
```

In []:

```
#CREACION DEL MODELO CONVOLUCIONAL
```

```
model = Sequential([
    Conv2D(filters=32, kernel_size=(3, 3), activation ='relu',
input_shape=(150, 150, 3)),
    MaxPooling2D(2,2),
    Conv2D(64, (3,3),activation= 'relu'),
    MaxPooling2D(3,3),
```

```

Conv2D(128, (3,3), activation = 'relu'),
MaxPooling2D(2,2),
Flatten(),
Dense(512, activation='relu'),
Dropout(0.5),
Dense(1, activation='sigmoid')

])

import tensorflow as tf
print(tf.__version__)

# COMPILACION DEL MODELO.
# LA FUNCIÓN MODEL.COMPILE() ES ESENCIAL PARA PREPARAR EL MODELO ANTES
DEL ENTRENAMIENTO.
# DEFINE CÓMO SE OPTIMIZARÁ EL MODELO, CÓMO CALCULARÁ LA PÉRDIDA Y QUÉ
MÉTRICAS USARÁ PARA EVALUAR SU DESEMPEÑO.
model.compile(

#EL OPTIMIZADOR CONTROLA CÓMO EL MODELO AJUSTA LOS PESOS DURANTE EL
ENTRENAMIENTO PARA MINIMIZAR LA PÉRDIDA.
    optimizer='adam',

#LA FUNCIÓN DE PÉRDIDA EVALÚA QUÉ TAN LEJOS ESTÁN LAS PREDICCIONES DEL
MODELO DE LAS ETIQUETAS REALES.
#SU OBJETIVO ES MINIMIZAR ESTA PÉRDIDA DURANTE EL ENTRENAMIENTO.
#'BINARY_CROSSENTROPY, ES IDEAL PARA MODELOS CON UNA CAPA DE SALIDA
SIGMOIDAL, QUE PRODUCE VALORES ENTRE 0 Y 1,
# INTERPRETADOS COMO PROBABILIDADES.
    loss='binary_crossentropy',

#LAS MÉTRICAS NO AFECTAN EL ENTRENAMIENTO, PERO SE UTILIZAN PARA
EVALUAR EL RENDIMIENTO DEL MODELO.
    metrics=['accuracy']
)

#ENTRENAMIENTO DEL MODELO
history = model.fit(
    train_generator,
    epochs=20,
    validation_data=validation_generator
)

#GUARDAR EL MODELO ENTRENADO
model.save('Modelo_citología_cancer.h5')

#EVALUACION DEL MODELO
loss, accuracy=model.evaluate(validation_generator)
print(f"Precision del modelo:{accuracy*100:.2f}%")

```

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

Archivo: evaluar la imagen de muestra_.ipynb

```
import numpy as np
from tensorflow.keras.models import load_model
from tensorflow.keras.preprocessing.image import load_img,
img_to_array
import stat
import os

pip install pillow

from PIL import Image
import os

#CARGAR EL MODELO ENTRENADO
modelo_cargado = load_model('Modelo_citología_cancer.h5')

#CONFIGURACION DE RUTAS PARA LOS DATOS DE EVALUACION
evalua_dir = r'D:\evaluar\scyt14681.jpg'

#FUNCION PARA CARGAR Y PREPROCESAR LA IMAGEN
def preprocesar_imagen (evalua_dir, tamano=(150,150)):

    #CARGAR LA IMAGEN Y REDIMENSIONARLA
    img=load_img(evalua_dir,target_size=tamano)
    #img=load_img('D:\evaluar\cyto5940.jpg', target_size=tamano)

    #CONVERTIR LA IMAGEN A UN ARREGLO NUMPY
    img_array=img_to_array(img)

    #EXPANDIR LAS DIMENSIONES PARA QUE COINCIDAN CON EL FORMATO DEL
MODELO (batch_size, height, width, channels)
    img_array =np.expand_dims(img_array,axis=0)

    #NORMALIZAR LOS VALORES DE LOS PÍXELES
    img_array=img_array/255.0

    return img_array

#RUTA DE LA IMAGEN QUE SE DESEA ANALIZAR
ruta_imagen = evalua_dir

#PROCESA LA IMAGEN
imagen_preprocesada = preprocesar_imagen(evalua_dir, tamano=(150,150))

#REALIZAR LA PREDICCIÓN
prediccion = modelo_cargado.predict(imagen_preprocesada)

#INTERPRETAR EL RESULTADO
if prediccion[0][0]>=0.5:
    print(f"La imagen es NORMAL con una probabilidad de
{prediccion[0][0]:2f}")

else:
    print(f"La imagen es ANORMAL con una probabilidad de {1 -
prediccion[0][0]:2f}")
```

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

In []:

Anexo 3 Resultados de entrenamiento y validación

RESULTADOS DE ENTRENAMIENTO N° 1(primera vez)

Epoch 1/20

3/3 [=====] - 29s 10s/step - loss: 0.5458 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5825 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 2/20

3/3 [=====] - 26s 8s/step - loss: 0.5505 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5995 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 3/20

3/3 [=====] - 27s 9s/step - loss: 0.5500 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.6182 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 4/20

3/3 [=====] - 27s 7s/step - loss: 0.5511 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5710 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 5/20

3/3 [=====] - 26s 8s/step - loss: 0.5546 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5677 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 6/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5376 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5902 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 7/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.5235 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5529 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 8/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5344 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5790 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 9/20

3/3 [=====] - 24s 8s/step - loss: 0.5064 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5333 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 10/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4860 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5117 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 11/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4838 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4908 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 12/20

3/3 [=====] - 25s 8s/step - loss: 0.4503 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5196 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 13/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4874 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4907 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 14/20
3/3 [=====] - 23s 9s/step - loss: 0.4438 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4720 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 15/20
3/3 [=====] - 23s 7s/step - loss: 0.4246 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4282 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 16/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4226 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4219 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 17/20
3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.5066 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4779 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 18/20
3/3 [=====] - 23s 7s/step - loss: 0.3805 -
accuracy: 0.7952 - val_loss: 0.7089 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 19/20
3/3 [=====] - 28s 9s/step - loss: 0.4494 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5016 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 20/20
3/3 [=====] - 24s 7s/step - loss: 0.4492 -
accuracy: 0.8434 - val_loss: 0.4145 - val_accuracy: 0.7826

RESULTADOS DE VALIDACION Nª 1(primer vez)

1/1 [=====] - 2s 2s/step - loss: 0.4145 -
accuracy: 0.7826
Precision del modelo:78.26%

RESULTADOS DE ENTRENAMIENTO N^o 2 (segunda vez)

Epoch 1/20

3/3 [=====] - 30s 8s/step - loss: 1.0636 - accuracy: 0.7590 - val_loss: 0.5916 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 2/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.7007 - accuracy: 0.4699 - val_loss: 0.6115 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 3/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5482 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.6496 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 4/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.6022 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5977 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 5/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.5662 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5895 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 6/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5693 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5856 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 7/20

3/3 [=====] - 21s 7s/step - loss: 0.5450 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5920 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 8/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.5535 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5701 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 9/20

3/3 [=====] - 24s 8s/step - loss: 0.5338 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5652 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 10/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5107 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.6034 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 11/20

3/3 [=====] - 24s 8s/step - loss: 0.5407 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5555 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 12/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5301 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5763 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 13/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.5316 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5226 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 14/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4951 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5223 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 15/20

3/3 [=====] - 31s 10s/step - loss: 0.4952 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5292 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 16/20
3/3 [=====] - 26s 9s/step - loss: 0.4651 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.6036 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 17/20
3/3 [=====] - 27s 11s/step - loss: 0.4606 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5498 - val_accuracy: 0.7826
Epoch 18/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.5122 -
accuracy: 0.7590 - val_loss: 0.6283 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 19/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.6969 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4894 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 20/20
3/3 [=====] - 26s 9s/step - loss: 0.5133 -
accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.6190 - val_accuracy: 0.7391

RESULTADOS DE VALIDACION N^a 2 (segunda vez)

1/1 [=====] - 2s 2s/step - loss: 0.4145 -
accuracy: 0.7826
Precision del modelo:78.26%

RESULTADOS DE ENTRENAMIENTO N° 3 (tercera vez)

Epoch 1/20

3/3 [=====] - 23s 7s/step - loss: 0.5177 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5303 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 2/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.4896 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5734 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 3/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.5006 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5557 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 4/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4619 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5313 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 5/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.4564 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.5312 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 6/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.4406 - accuracy: 0.7831 - val_loss: 0.4931 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 7/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.3867 - accuracy: 0.7952 - val_loss: 0.4705 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 8/20

3/3 [=====] - 29s 10s/step - loss: 0.3640 - accuracy: 0.8193 - val_loss: 0.4654 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 9/20

3/3 [=====] - 32s 8s/step - loss: 0.3833 - accuracy: 0.7952 - val_loss: 0.4645 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 10/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3352 - accuracy: 0.8072 - val_loss: 0.4932 - val_accuracy: 0.8696

Epoch 11/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3904 - accuracy: 0.7952 - val_loss: 0.4979 - val_accuracy: 0.8696

Epoch 12/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3449 - accuracy: 0.8434 - val_loss: 0.4858 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 13/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3376 - accuracy: 0.8072 - val_loss: 0.4567 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 14/20
3/3 [=====] - 23s 9s/step - loss: 0.2860 - accuracy: 0.8916 - val_loss: 0.4340 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 15/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.2610 - accuracy: 0.9036 - val_loss: 0.4099 - val_accuracy: 0.8696
Epoch 16/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.2345 - accuracy: 0.9157 - val_loss: 0.9674 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 17/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3526 - accuracy: 0.8795 - val_loss: 0.4656 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 18/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3182 - accuracy: 0.8675 - val_loss: 0.5618 - val_accuracy: 0.7826
Epoch 19/20
3/3 [=====] - 24s 7s/step - loss: 0.2733 - accuracy: 0.8916 - val_loss: 0.4236 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 20/20
3/3 [=====] - 21s 7s/step - loss: 0.2665 - accuracy: 0.9036 - val_loss: 0.7714 - val_accuracy: 0.7391

RESULTADOS DE VALIDACION Nª 3 (tercera vez)

1/1 [=====] - 2s 2s/step - loss: 0.4145 - accuracy: 0.7826
Precision del modelo:78.26%

RESULTADOS DE ENTRENAMIENTO N^a 4 (cuarta vez)

Epoch 1/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3924 - accuracy: 0.8554 - val_loss: 0.6369 - val_accuracy: 0.5652

Epoch 2/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.4969 - accuracy: 0.7711 - val_loss: 0.4939 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 3/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.3680 - accuracy: 0.8434 - val_loss: 0.7195 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 4/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.5028 - accuracy: 0.8193 - val_loss: 0.5015 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 5/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3418 - accuracy: 0.8434 - val_loss: 0.4702 - val_accuracy: 0.8261

Epoch 6/20

3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.3636 - accuracy: 0.9277 - val_loss: 0.4241 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 7/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.3680 - accuracy: 0.8193 - val_loss: 0.3860 - val_accuracy: 0.8261

Epoch 8/20

3/3 [=====] - 23s 8s/step - loss: 0.3181 - accuracy: 0.9036 - val_loss: 0.4478 - val_accuracy: 0.7826

Epoch 9/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.2463 - accuracy: 0.9277 - val_loss: 0.5134 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 10/20

3/3 [=====] - 21s 8s/step - loss: 0.2555 - accuracy: 0.8916 - val_loss: 0.5663 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 11/20

3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.1962 - accuracy: 0.9518 - val_loss: 0.4217 - val_accuracy: 0.8696

Epoch 12/20

3/3 [=====] - 24s 9s/step - loss: 0.1775 - accuracy: 0.9398 - val_loss: 0.6701 - val_accuracy: 0.7391

Epoch 13/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.1970 -
accuracy: 0.9036 - val_loss: 0.4372 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 14/20
3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.1989 -
accuracy: 0.8916 - val_loss: 0.5060 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 15/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.1321 -
accuracy: 0.9398 - val_loss: 0.4344 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 16/20
3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.1271 -
accuracy: 0.9639 - val_loss: 0.4087 - val_accuracy: 0.8696
Epoch 17/20
3/3 [=====] - 22s 8s/step - loss: 0.1145 -
accuracy: 0.9518 - val_loss: 0.4499 - val_accuracy: 0.7391
Epoch 18/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.1373 -
accuracy: 0.9398 - val_loss: 0.3896 - val_accuracy: 0.8261
Epoch 19/20
3/3 [=====] - 22s 7s/step - loss: 0.1459 -
accuracy: 0.9398 - val_loss: 0.4225 - val_accuracy: 0.7826
Epoch 20/20
3/3 [=====] - 32s 11s/step - loss: 0.1334 -
accuracy: 0.9398 - val_loss: 0.5338 - val_accuracy: 0.7826

RESULTADOS DE VALIDACION Nª 4 (cuarta vez)

1/1 [=====] - 2s 2s/step - loss: 0.4145 -
accuracy: 0.7826

Precision del modelo:78.26%

Anexo 4 Tabla comparativa de clasificación de muestras

Número de imagen de lámina tratada	Clasificación del modelo	Clasificación Real	Resultado
A006 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A086 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A140 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A158 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A390 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A408 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A452 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A563 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A573 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A612 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A649 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A654 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
A926 .JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO
N001.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N002.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N003.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N004.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N005.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N006.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N007.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N008.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N009.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N010.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N011.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N012.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N013.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N014.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N015.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N016.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N017.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N018.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N019.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N020.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N021.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N022.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N023.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N024.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N025.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N026.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO

N027.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N028.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N029.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N030.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N031.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N032.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N033.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N034.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N035.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N036.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N037.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N038.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N039.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N040.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N041.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N042.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N043.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N044.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N045.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N046.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N047.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N048.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N049.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N050.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N051.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N053.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N054.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N055.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N056.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N057.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N058.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N059.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N060.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N061.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N062.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N063.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N064.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N065.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N066.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N067.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N068.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N069.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N070.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO

N071.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N072.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N073.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N074.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N075.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N076.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N077.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N078.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N079.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N080.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N081.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N082.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N083.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N084.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N085.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N086.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N087.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N088.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N089.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N090.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO
N091.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO

Anexo 5. Base de datos

N°	Número de imagen de lámina tratada	Clasificación del modelo	Clasificación Real	Resultado	Precision Diagnostica (%)	Tiempo (Cronometro)
1	A006_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.577229	- 1s 1s/step
2	A086_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.642141	0s 468ms/step
3	A140_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.524932	0s 172ms/step
4	A158_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.724318	0s 162ms/step
5	A390_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.562016	0s 247ms/step
6	A408_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.597287	0s 163ms/step
7	A452_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.587628	0s 163ms/step
8	A563_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.585456	0s 169ms/step
9	A573_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.781883	0s 147ms/step
10	A612_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.746306	0s 163ms/step
11	A649_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.736263	0s 170ms/step
12	A654_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.762804	0s 163ms/step
13	A926_.JPG	NORMAL	ANORMAL	INCORRECTO	0.692298	0s 150ms/step
14	N001.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.650601	0s 169ms/step
15	N002.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.555864	0s 157ms/step
16	N003.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.689832	0s 169ms/step
17	N004.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.639149	0s 169ms/step
18	N005.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.558426	0s 163ms/step
19	N006.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.559032	0s 157ms/step
20	N007.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.685856	0s 162ms/step
21	N008.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.771801	0s 150ms/step
22	N009.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.647497	0s 152ms/step
23	N010.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.623834	0s 163ms/step
24	N011.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.559939	0s 154ms/step
25	N012.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.699954	0s 169ms/step
26	N013.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.539137	0s 157ms/step
27	N014.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.545958	0s 163ms/step
28	N015.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.642426	0s 169ms/step
29	N016.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.559967	0s 161ms/step
30	N017.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.52741	0s 169ms/step
31	N018.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.605272	0s 169ms/step
32	N019.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.63058	0s 163ms/step
33	N020.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.545537	0s 171ms/step
34	N021.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.619991	0s 270ms/step
35	N022.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.558289	3s
36	N023.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.583944	1s 518ms/step
37	N024.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.584522	0s 169ms/step
38	N025.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.571208	0s 147ms/step

39	N026.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.620179	0s 172ms/step
40	N027.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.528102	0s 233ms/step
41	N028.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.539964	0s 159ms/step
42	N029.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.554529	0s 154ms/step
43	N030.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.674034	0s 152ms/step
44	N031.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.665888	0s 154ms/step
45	N032.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.629282	0s 146ms/step
46	N033.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.563153	0s 147ms/step
47	N034.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.657378	0s 154ms/step
48	N035.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.559862	0s 147ms/step
49	N036.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.574097	0s 160ms/step
50	N037.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.582732	0s 163ms/step
51	N038.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.624265	0s 154ms/step
52	N039.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.632369	0s 147ms/step
53	N040.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.57615	3s
54	N041.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.594281	0s 166ms/step
55	N042.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.615187	0s 179ms/step
56	N043.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.545842	0s 171ms/step
57	N044.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.537542	0s 171ms/step
58	N045.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.529408	0s 158ms/step
59	N046.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.582615	0s 164ms/step
60	N047.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.639718	0s 166ms/step
61	N048.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.602749	0s 154ms/step
62	N049.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.584866	0s 171ms/step
63	N050.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.58484	0s 167ms/step
64	N051.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.585642	0s 172ms/step
65	N053.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.548712	0s 203ms/step
66	N054.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.528789	0s 168ms/step
67	N055.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.559798	0s 153ms/step
68	N056.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.611096	0s 166ms/step
69	N057.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.577152	0s 150ms/step
70	N058.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.578555	0s 164ms/step
71	N059.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.60994	0s 164ms/step
72	N060.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.634766	0s 153ms/step
73	N061.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.591491	0s 167ms/step
74	N062.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.554868	0s 161ms/step
75	N063.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.574547	0s 165ms/step
76	N064.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.564278	0s 150ms/step
77	N065.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.581475	0s 160ms/step
78	N066.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.567489	0s 167ms/step
79	N067.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.588154	0s 167ms/step
80	N068.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.596685	0s 166ms/step
81	N069.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.587042	0s 165ms/step

82	N070.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.701383	0s 168ms/step
83	N071.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.677413	0s 176ms/step
84	N072.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.601351	0s 174ms/step
85	N073.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.645307	0s 167ms/step
86	N074.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.537237	0s 157ms/step
87	N075.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.560917	0s 161ms/step
88	N076.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.616845	0s 168ms/step
89	N077.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.586798	0s 167ms/step
90	N078.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.561757	0s 184ms/step
91	N079.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.572312	0s 172ms/step
92	N080.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.703039	0s 162ms/step
93	N081.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.522177	0s 181ms/step
94	N082.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.579238	0s 162ms/step
95	N083.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.606278	0s 210ms/step
96	N084.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.629107	0s 196ms/step
97	N085.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.563308	0s 150ms/step
98	N086.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.62661	0s 158ms/step
99	N087.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.674485	0s 159ms/step
100	N088.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.529061	0s 158ms/step
101	N089.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.57497	0s 167ms/step
102	N090.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.597896	0s 157ms/step
103	N091.JPG	NORMAL	NORMAL	CORRECTO	0.624467	0s 165ms/step

NOTA:

Las muestras que están en la columna “NÚMERO DE IMAGEN DE LÁMINA TRATADA”, que empiezan con A, son muestras anormales y las que empiezan con N, son muestras normales