



ESPE

**UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA**

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA ENERGÍA Y MECÁNICA

CARRERA DE INGENIERÍA MECATRÓNICA

TRABAJO DE TITULACIÓN, PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERO EN MECATRÓNICA

**TEMA: INVESTIGACIÓN DE UN SISTEMA PARA LA
DETECCIÓN DE TRYPANOSOMA CRUZI EN MUESTRAS
SEROLÓGICAS USANDO TÉCNICAS DE VISIÓN ARTIFICIAL**

AUTOR: SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS

DIRECTOR: ING. PATRICIA CONSTANTE PRÓCEL, M.SC.

LATACUNGA

2016



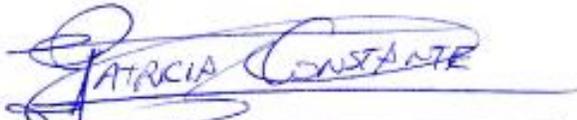
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA ENERGÍA Y MECÁNICA

CARRERA DE INGENIERÍA MECATRÓNICA

CERTIFICACIÓN

Certifico que el trabajo de titulación, “**INVESTIGACIÓN DE UN SISTEMA PARA LA DETECCIÓN DE TRYPANOSOMA CRUZI EN MUESTRAS SEROLÓGICAS USANDO TÉCNICAS DE VISIÓN ARTIFICIAL**”, realizado por **SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS**, ha sido revisado en su totalidad y analizado por el software anti-plagio, el mismo cumple con los requisitos teóricos, científicos, técnicos, metodológicos y legales establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, y por lo tanto me permito acreditarlo y autorizar al señor **SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS** para que lo sustente públicamente.

Latacunga, 20 de diciembre del 2016



Ing. Patricia Constante Prócel, M.Sc.
DIRECTOR



DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA ENERGÍA Y MECÁNICA
CARRERA DE INGENIERÍA MECATRÓNICA

AUTORÍA DE RESPONSABILIDAD

Yo, **SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS**, con cédula de identidad N° 050400091-0, declaro que este trabajo de titulación "**INVESTIGACIÓN DE UN SISTEMA PARA LA DETECCIÓN DE TRYPANOSOMA CRUZI EN MUESTRAS SEROLÓGICAS USANDO TÉCNICAS DE VISIÓN ARTIFICIAL**", ha sido desarrollado considerando los métodos de investigación existentes, así como también se ha respetado los derechos intelectuales de terceros considerándose en las citas bibliográficas.

Consecuentemente declaro que este trabajo es de mi autoría, en virtud de ello me declaro responsable del contenido, veracidad y alcance de la investigación mencionada.

Latacunga, 20 de diciembre del 2016



Santiago David Zurita Armijos
C.C. 050400091-0



DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA ENERGÍA Y MECÁNICA
CARRERA DE INGENIERÍA MECATRÓNICA

AUTORIZACIÓN

Yo, **SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS**, autorizo a la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE publicar en la biblioteca Virtual de la institución el presente trabajo de titulación "**INVESTIGACIÓN DE UN SISTEMA PARA LA DETECCIÓN DE TRYPANOSOMA CRUZI EN MUESTRAS SEROLÓGICAS USANDO TÉCNICAS DE VISIÓN ARTIFICIAL**", cuyo contenido, ideas y criterios son de autoría y responsabilidad.

Latacunga, 20 de diciembre del 2016



Santiago David Zurita Armijos
C.C.: 050400091-0

DEDICATORIA

*No nos atrevemos a hacer muchas cosas porque son difíciles, pero son
difíciles porque no nos atrevemos.*

Dedicado a todas las personas que han dejado su marca en mí vida.

AGRADECIMIENTO

*Sí oyes una voz dentro de tí diciéndote no sabes
píntar, pínta y la voz callará.*

van Gogh

Agradezco a todas las personas que han confiado en mí.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

CARÁTULA	i
CERTIFICACIÓN	ii
AUTORÍA DE RESPONSABILIDAD	iii
AUTORIZACIÓN	iv
DEDICATORIA	v
AGRADECIMIENTO	vi
ÍNDICE DE CONTENIDOS	vii
ÍNDICE DE TABLAS	x
ÍNDICE DE FIGURAS	xi
RESUMEN	xiii
ABSTRACT	xiv

CAPÍTULO I

MARCO TEÓRICO	1
1.1. Mal de Chagas.....	1
1.1.1 Antecedentes Históricos	1
1.1.2 Descripción de la enfermedad	2
1.1.3 Parásito causante de la enfermedad.....	2
1.1.4 Períodos de evolución de la enfermedad	5
1.1.5 Enfermedad de Chagas en el Ecuador	6
1.2. Introducción a la Visión por Computador	7
1.2.1 Etapas de un sistema de Visión Artificial.....	9
1.2.2 Captura y Digitalización	10
1.2.3 Procesamiento Previo.....	11
1.2.4 Segmentación.....	12
1.2.5 Reconocimiento	14
1.3. Introducción a OpenCV.....	15
1.3.1 Cargar y desplegar una imagen en OpenCV	16
1.4. Redes neuronales artificiales	17
1.4.1 Arquitectura de las redes neuronales artificiales	19
1.4.2 Características de las redes neuronales artificiales	20
1.4.3 Clasificación redes neuronales artificiales.....	21
1.4.4 Función de activación	22
1.4.5 Entrenamiento	22
1.4.6 Aplicaciones de las redes neuronales	24
1.5. Aprendizaje profundo.....	25
1.5.1 Categorización de las redes neuronales profundas	26

1.5.2 Aprendizaje profundo en la práctica	27
1.5.3 Aprendizaje profundo aplicado a problemas de visión	28
1.5.4 Aprendizaje profundo en la actualidad	30

CAPÍTULO II

DISEÑO DEL SISTEMA DE VISIÓN ARTIFICIAL.....31

2.1. Captura de la imagen.....	31
2.2. Procesamiento previo y Segmentación	35
2.2.1 Segmentación.....	36
2.2.2 Procesamiento previo	39
2.3. Reconocimiento	43
2.3.1 Primer agente inteligente	43
2.3.2 Segundo agente inteligente	48
2.4. Esquemático y Diagrama de flujo.....	53

CAPÍTULO III

PRUEBAS Y RESULTADOS57

3.1. Pruebas de funcionamiento de la etapa de captura	57
3.2. Pruebas de funcionamiento de segmentación y procesamiento previo	60
3.3. Pruebas de salida de la matriz espacio-tiempo del 1er. agente	62
3.4. Pruebas de funcionamiento del sistema con banco de imágenes	64
3.4.1 Definición de los objetivos de la prueba	65
3.4.2 Diseño de la prueba de funcionamiento del sistema	65
3.4.3 Planificación de la prueba de funcionamiento del sistema	65
3.4.4 Prototipo y banco de pruebas	67
3.4.5 Interpretación y validación de resultados de la prueba.....	67
3.5. Pruebas de funcionamiento del sistema con imágenes en tiempo real	69
3.5.1 Definición de los objetivos de la prueba	70
3.5.2 Diseño de la prueba de funcionamiento del sistema	70
3.5.3 Planificación de la prueba de funcionamiento del sistema	70
3.5.4 Prototipo y banco de pruebas	71
3.5.5 Interpretación y validación de resultados de la prueba.....	72
3.6. Alcances y Limitaciones.....	73
3.6.1 Alcances	73
3.6.2 Limitaciones.....	74
3.7. Validación de la Hipótesis	74
3.8. Costos	75
3.9. Proyectos futuros.....	75

CAPÍTULO IV

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....77

4.1. Conclusiones77

4.2. Recomendaciones79

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....81

ANEXOS86

ANEXO A: FUNCIONES INTRODUCTORIAS OPENCV

ANEXO B: IMÁGENES DE MUESTRAS DE T.CRUZI PARA PRUEBAS

ANEXO C: MANUAL DE FUNCIONAMIENTO DEL SISTEMA

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Código para cargar y desplegar una imagen	16
Tabla 2 Funciones de Activación.....	22
Tabla 3 Tiempos de entrenamiento	47
Tabla 4 Imágenes Tipo de parásitos de T. Cruzi	50
Tabla 5 Imágenes Tipo contraejemplos.....	51
Tabla 6 Pruebas de la etapa de Captura	59
Tabla 7 Pruebas de la etapa de Segmentación y Procesamiento previo	61
Tabla 8 Pruebas del Primer Agente Inteligente	64
Tabla 9 Pruebas de funcionamiento del sistema con banco de imágenes.....	68
Tabla 10 Pruebas de funcionamiento con imágenes en tiempo real.....	72
Tabla 11 Costos del sistema	75

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 T. Cruzi fotografía electrónica	2
Figura 2 Amastigote de T. Cruzi.....	3
Figura 3 Epimastigote de T. Cruzi	3
Figura 4 Tripomastigote sanguíneo de T. Cruzi teñido con Giemsa	4
Figura 5 Ciclo de transmisión del T. Cruzi.....	5
Figura 6 Casos y tasas de enfermedad de Chagas 1990 – 2013	7
Figura 7 Etapas de un sistema de visión artificial.....	10
Figura 8 Influencia de la resolución para representar una imagen.	11
Figura 9 Esquema de un filtro	12
Figura 10 Segmentación por contornos	13
Figura 11 Ejemplo de Segmentación por regiones.....	13
Figura 12 Esquema del funcionamiento de un clasificador.....	14
Figura 13 OpenCV en la interfaz de Microsoft® Visual C++ 2010 Express	15
Figura 14 Salto Sináptico	18
Figura 15 Neurona biológica versus Neurona Artificial	19
Figura 16 Arquitectura de una red neuronal	20
Figura 17 Características de una Red Neuronal Artificial	21
Figura 18 Red: a) Una capa. b) Multicapa.....	21
Figura 19 Etapas fundamentales del procesamiento digital de imágenes	31
Figura 20 Tripomastigotes de T. Cruzi: a) 40x. b) 100x. c) 400x. d) 1000x	32
Figura 21 Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B.....	33
Figura 22 Cámara digital para microscopio AmScope, modelo M200	34
Figura 23 Imagen de una frotis infectada con T. Cruzi	35
Figura 24 Comparación BGR – HSV.....	37
Figura 25 a) Imagen original. b) Histograma H-S resultante.....	38
Figura 26 Comparación imágenes: Capturada – Umbralizada	38
Figura 27 Imagen segmentada	39
Figura 28 Comparación imágenes: Segmentada - Erosionada	40
Figura 29 Comparación imágenes: Segmentada - Dilatada	41
Figura 30 Comparación imágenes: Segmentada – Apertura.....	41
Figura 31 Comparación imágenes: Segmentada – Cierre.....	42
Figura 32 Comparación imágenes: Segmentada - Procesada	42
Figura 33 Arquitectura del 1er. Agente inteligente.....	44
Figura 34 ROI estándar.....	44
Figura 35 Matriz de pesos de neurona escondida del 1er. Agente.....	45
Figura 36 Coordenadas para el seguimiento del Primer Agente	46
Figura 37 a) Capa de Salida 1er. Agente b) Objetivo	46
Figura 38 Arquitectura del 2do. Agente inteligente.....	49
Figura 39 Neuronas de entrada del segundo agente inteligente	49
Figura 40 Matriz de pesos de neurona de capa escondida del 2do agente	50
Figura 41 Diagrama de flujo del Sistema de Detección de T. Cruzi.....	55
Figura 42 Esquemático del Sistema de Detección de T. Cruzi.....	56
Figura 43 Prueba de Captura de la muestra 1	58
Figura 44 Prueba de Captura de la muestra 2	59

Figura 45 Prueba Segmentación y Procesamiento de la muestra 1	61
Figura 46 Prueba Segmentación y Procesamiento de la muestra 2	61
Figura 47 a) Parásito de la muestra 1. b) Matriz espacio-tiempo 1.....	63
Figura 48 Banco de pruebas	67
Figura 49 Elemento falso-positivo	68
Figura 50 Banco de Pruebas	72
Figura 51 Esquema del posicionador automático de platina	76

RESUMEN

El proyecto nace con la idea de desarrollar una herramienta de diagnóstico médico asistido por computador para la detección de parásitos de Trypanosoma Cruzi presentes en frotis sanguíneos, estos parásitos son los causantes de la enfermedad conocida como Mal de Chagas, padecimiento endémico de 21 países de América latina, en Ecuador la población vulnerable y en riesgo de transmisión de Chagas se estima en 3'500.000 habitantes y se considera que existirían aproximadamente 197.000 Chagásicos según el MSP. Es por ello que se desarrolló una herramienta que aporta al diagnóstico de esta enfermedad. El sistema realizado consta de 2 elementos muy importantes dentro de la Inteligencia Artificial (IA): la Visión Artificial (VA) y las Redes Neuronales Artificiales (RNA). La VA permite procesar digitalmente la imagen con la finalidad de resaltar los elementos de interés para su posterior detección, en este caso se destaca los parásitos y se elimina los demás elementos propios de la sangre. Para el reconocimiento se ha establecido una RNA compuesta de dos agentes inteligentes, cada agente está compuesto por una red de 3 capas que ha sido entrenado por separado y que en conjunto forman una estructura profunda de 6 capas. El sistema busca posicionarse como una herramienta de apoyo para facilitar la detección de parásitos de T. Cruzi, más no como un sistema que tiene la capacidad de diagnosticar directamente a un paciente, los resultados del sistema siempre deben ser validados por un técnico especializado en el campo de la salud.

PALABRAS CLAVE:

- **VISIÓN ARTIFICIAL**
- **REDES NEURONALES ARTIFICIALES**
- **SOFTWARE OPENCV**
- **TRYPANOSOMA CRUZI**
- **PROCESAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES**

ABSTRACT

The project was born with the idea of developing a computer-aided diagnostic tool for the detection of *Trypanosoma cruzi* parasites present in blood smears. These parasites are responsible for the disease known as Mal de Chagas, an endemic disease in 21 countries in Latin America, in Ecuador the population vulnerable and at risk of transmission of Chagas disease is estimated at 3'500.000 habitants and it is considered that there would be approximately 197,000 Chagasics according to the MSP. That is why a tool was developed that contributes to the diagnosis of this disease. The system consists of two very important elements within Artificial Intelligence (AI): Artificial Vision (AV) and Artificial Neural Networks (ANNs). The AV allows to digitally process the image with the purpose of highlighting the elements of interest for further detection, in this case highlights the parasites and eliminates the other elements of the blood. For the recognition an ANN composed of two intelligent agents has been established, each agent is composed of a network of 3 layers that has been trained separately and that together they form a deep structure of 6 layers. The system seeks to position itself as a support tool to facilitate the detection of *T. Cruzi* parasites, but not as a system that has the ability to directly diagnose a patient, the results of the system should always be validated by a technician specialized in the Field of health.

KEY WORDS:

- **ARTIFICIAL VISION**
- **ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS**
- **SOFTWARE OPENCV**
- **TRYPANOSOMA CRUZI**
- **DIGITAL IMAGE PROCESSING**

CAPÍTULO I

1. MARCO TEÓRICO

En este capítulo se describen las características del parásito Trypanosoma Cruzi causante de la enfermedad del Mal de Chagas, y la teoría de las herramientas que se utilizan para la elaboración del sistema de detección tanto Visión Artificial, Redes Neuronales Artificiales y Aprendizaje Profundo.

1.1. Mal de Chagas

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2016), se considera que la enfermedad de Chagas, también llamada tripanosomiasis americana, es un padecimiento potencialmente mortal causado por el parásito protozoo Trypanosoma Cruzi (T. Cruzi).

Se encuentra sobre todo en zonas endémicas de 21 países de América Latina, donde se transmite a los seres humanos principalmente por las heces de insectos triatomíneos conocidos como chinchorros, chinches o con otros nombres, según la zona geográfica.

1.1.1 Antecedentes Históricos

El descubrimiento de la enfermedad de Chagas recae en el científico de origen Brasileño Carlos Justiniano Riveiro Chagas (Sociedad Aragonesa de Cardiología, 2014), el padecimiento nace en el año de 1909 con la detección del agente causal denominado T. Cruzi, el mismo que se alberga en los intestinos de las chinches que son los principales portadores.

Se presenta en comunidades rurales en las que las condiciones de vivienda son muy precarias, es por ello que también es conocida como la enfermedad de la pobreza u olvidada. Según el SNEM (2013), la población vulnerable y en riesgo de transmisión de Chagas se estima en 3'500.000 habitantes en el Ecuador.

1.1.2 Descripción de la enfermedad

El mal de Chagas es producido por un parásito unicelular microscópico conocido como T. Cruzi. Se lo halla en la sangre y en los tejidos de las personas y animales enfermos. Se multiplica en el interior de las células de algunos órganos, por ejemplo, el corazón, a los que daña seriamente.

La dolencia no tratada a tiempo ataca a los órganos vitales del cuerpo infectado y provoca lesiones invalidantes y un lento deterioro que conduce a la muerte. El enfermo en muchos casos no sabe que lo está (Alcha, 2014).

1.1.3 Parásito causante de la enfermedad

- **Trypanosoma Cruzi:** Es un parásito flagelado (Figura 1), pertenece a la familia de los tripanosomatídeos (Yu, 2015).



Figura 1 T. Cruzi fotografía electrónica

Fuente: (Yu, 2015)

a) Ciclo de vida del Trypanosoma Cruzi

El T. Cruzi presenta tres estados de evolución y cambio, los cuales son:

- Amastigote: Dentro de las células hospedadoras, los parásitos se localizan en vacuolas acídicas y toman una forma redondeada (Canepa, 2010). Su morfología se muestra en la Figura 2.

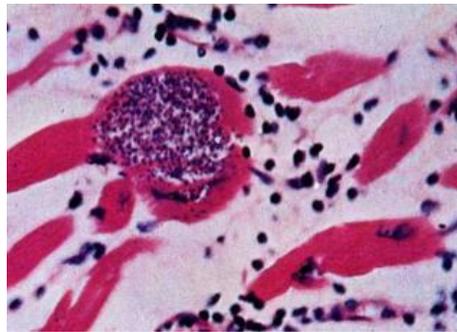


Figura 2 Amastigote de T. Cruzi

Fuente: (Cruz, s.f.).

- Epimastigote: De forma alargada, son capaces de dividirse y se observan en la fase logarítmica de cultivos axénicos y en el intestino del hospedador invertebrado (Canepa, 2010). Su morfología se muestra en la Figura 3.



Figura 3 Epimastigote de T. Cruzi

Fuente: (Cruz, s.f.).

- Tripomastigote: Es la forma flagelada no replicativa dentro de ambos hospedadores. Se denominan tripomastigotes sanguíneos a

las formas circulantes en el mamífero y tripomastigotes metacíclicos a las formas diferenciadas en el insecto (Canepa, 2010). Su morfología se muestra en la Figura 4.

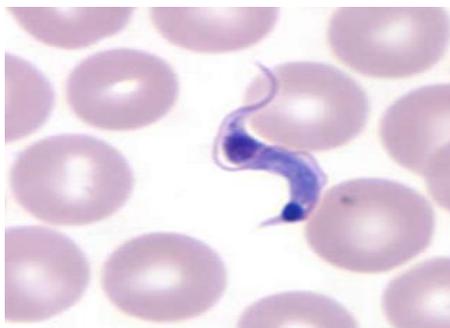


Figura 4 Tripomastigote sanguíneo de *T. Cruzi* teñido con Giemsa

Fuente: (CDC, 2013).

b) Mecanismos de transmisión

La transmisión vectorial de la enfermedad de Chagas es la vía de contagio más común, alrededor del 80% (SNEM, 2013). Los trypanosomas se introducen en el organismo de la persona a través de la piel o por perforación de las mucosas (ocular, nasal, bucal). Una vez en la sangre continúan su crecimiento y al poco tiempo comienzan a reproducirse de forma veloz.

El contagio se da generalmente en la oscuridad porque es cuando el chinchorro suele picar. La picadura es indolora, por lo que generalmente pasa desapercibida (Alcha, 2014).

No se contagia por contacto sexual ni a través de la saliva. La mayor parte de los afectados son niños por estar más expuestos a ser infectados. Según (Ramirez, 2011) otras fuentes de transmisión no tan frecuentes son:

- Transfusiones de sangre, se ha confirmado la viabilidad del *T. Cruzi* en sangre conservada a temperatura de 4 °C por varios días.
- Trasplante de órganos de donantes infectados

- Chagas congénito, transmisión que se da por medio de la madre al niño en el útero.
- Por el aparato digestivo: ingesta de alimentos altamente contaminados, también por la leche materna o carne poco cocida.
- Accidentalmente: por contacto directo con la sangre de personas o animales parasitados.

En la Figura 5 se aprecia el ciclo de transmisión del T. Cruzi tanto en el hombre como en el insecto triatómino:

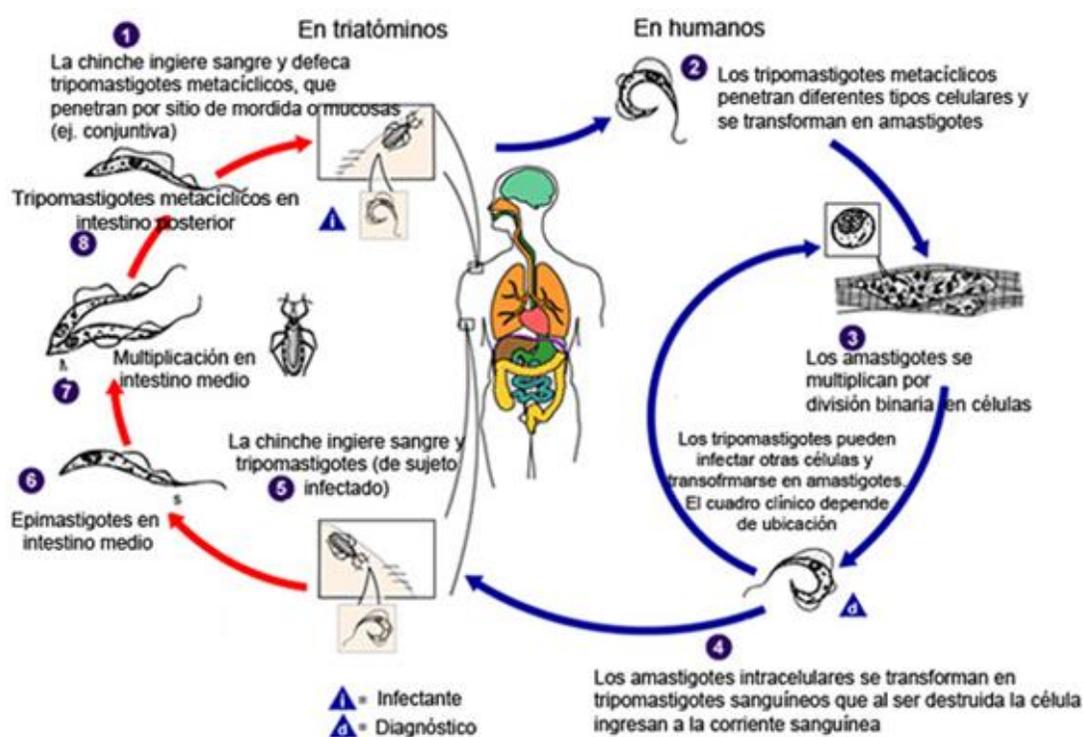


Figura 5 Ciclo de transmisión del T. Cruzi

Fuente: (Uribarren, 2016)

1.1.4 Períodos de evolución de la enfermedad

Se han determinado tres etapas de evolución de la enfermedad de Chagas, las mismas son: aguda, crónica intermedia y crónica con patología determinada.

Período agudo: Se presenta inmediatamente después del momento de la adquisición de la infección, independientemente de la vía de adquisición del T. Cruzi. La característica sobresaliente, que la diferencia del resto de las etapas, es la parasitemia elevada y, por ende, el riesgo de transmisión es mayor.

Los síntomas característicos son muy inespecíficos, tales como fiebre, escalofríos, dolor de cabeza y de los músculos, malestar general e inapetencia, los casos más graves pueden producir insuficiencia cardíaca o meningoencefalitis, puede llevar a la muerte en pocos días (Fabrizio, 2011).

Período crónico indeterminado: Pasado el período agudo, prácticamente todos los infectados se sumergen por años en el aparente “silencio clínico”, debido a que las características que presentan los individuos son:

- Estudio serológico positivo para T. Cruzi.
- Ausencia de signos fácilmente detectables de la enfermedad.
- Electrocardiograma normal.

Los individuos que atraviesan esta etapa actúan como reservorios naturales de la infección y contribuyen a mantener el ciclo de vida del parásito (Fabrizio, 2011).

Período crónico con patología determinada: Período en que se presentan las manifestaciones más evidentes de la enfermedad como la miocarditis chagásica crónica, el mega esófago o mega colon, lesiones encefálicas crónicas o daños en el aparato respiratorio. Estos tipos de afecciones tienen elevada morbilidad y mortalidad (Fabrizio, 2011).

1.1.5 Enfermedad de Chagas en el Ecuador

En el país cerca de 8.5 millones de personas habitan en zona de riesgo donde la transmisión vectorial existe o es muy probable que exista. Además se

considere que actualmente en el país existen 197.000 chagásicos (SNEM, 2013).

Según Garzón (2015), en Ecuador se determinó que existe una alta variabilidad genética y biológica de este parásito que repercute en la severidad y las formas clínicas de la enfermedad. Las áreas endémicas de propagación del parásito están en las regiones de la Costa y de la Amazonía, en la provincia de Loja y en las zonas subtropicales de las provincias de la Sierra.

Como se puede apreciar en la Figura 6, el número de casos de la enfermedad de Chagas tiende a incrementar con el paso de los años.

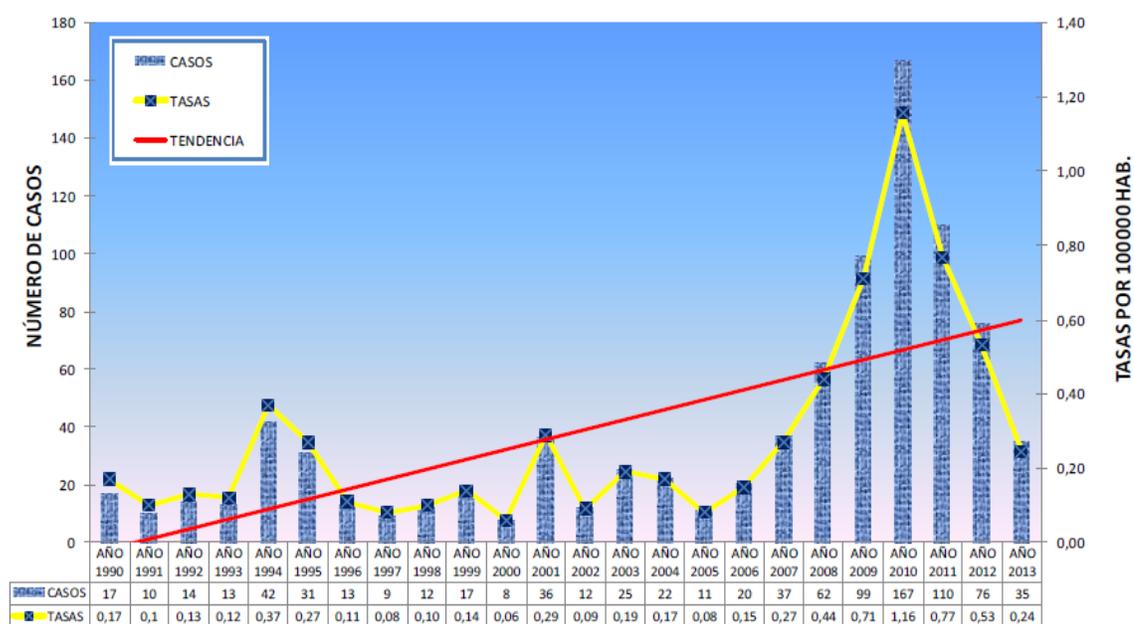


Figura 6 Casos y tasas de enfermedad de Chagas 1990 – 2013

Fuente: (Monroy, 2013).

1.2. Introducción a la Visión por Computador

Visión se refiere a la percepción de algo material a través de la vista, el cerebro es el encargado de identificar los objetos de interés y su posición en el entorno a través de la información que los ojos reciben; debido a esto es que se

puede realizar un sinnúmero de actividades en la vida cotidiana. La visión por computadora es el intento de la inteligencia artificial para emular la visión humana mediante la interpretación de imágenes (Sucar & Gómez, 2011), lo que puede llegar a ser un problema muy complejo.

En los últimos años se han producido avances muy significativos tanto en equipos como en algoritmos y técnicas que han permitido la resolución de varios problemas complejos. Se enuncia los principales factores que han permitido grandes avances en este campo en los últimos años:

- Las capacidades de procesamiento y la memoria de los computadores han aumentado, lo que facilita el almacenamiento y procesamiento de imágenes.
- Se han desarrollado nuevos algoritmos y técnicas para el análisis y procesamiento de las imágenes.
- El alto nivel de requerimiento de procesamiento de imágenes en varios campos como la medicina, seguridad, clasificación, reconocimiento, etc.

Según Sucar & Gómez (2011), se debe tomar muy en cuenta la diferencia entre procesamiento de imágenes y visión por computador, la primera se refiere al mejoramiento de una imagen para la posterior interpretación por una persona; mientras que la visión por computador se refiere a la interpretación de imágenes por una máquina.

Se mencionan varios campos de aplicación para la visión por computadora:

- Análisis e interpretación de imágenes médicas: Interpretación de imágenes de rayos X, tomografías, frotis de sangre, etc.
- Robótica móvil y vehículos autónomos: Cámaras y otros sensores identifican los objetos del entorno para así poder encontrar el camino correcto.
- Manufactura: Para control de calidad e identificación de piezas.

- Interpretación de imágenes aéreas y de satélite: Identificación de cultivos y para predicción del clima.
- Interpretación de escritura, dibujos: Reconocimiento de textos y caracteres.
- Análisis de imágenes de astronomía: Para la localización e identificación de objetos en el espacio.

1.2.1 Etapas de un sistema de Visión Artificial

Un sistema de visión artificial intenta emular el funcionamiento de un sistema de visión biológico que funciona de la siguiente manera: el ojo captura la luz proveniente del entorno, esta información recorre el nervio óptico hasta llegar al cerebro que es donde se procesa la información; en el procesamiento se descompone la imagen en elementos más simples como segmentos y arcos, luego el cerebro interpreta la escena y por último opera en consecuencia.

Según Alonso & Domínguez (2014) son cuatro las etapas principales de un sistema de visión artificial: captura, procesamiento previo, segmentación y reconocimiento.

- Primera Etapa: Captura o adquisición de la imagen digital mediante un dispositivo.
- Segunda Etapa: Procesamiento previo de la imagen, aquí se usa filtros, transformaciones, etc. con la finalidad de eliminar partes indeseables de la imagen o para realzar partes interesantes de la misma.
- Tercera Etapa: Segmentación, aísla las regiones de interés para ser estudiados.
- Cuarta Etapa: Reconocimiento o clasificación, se distingue los objetos debido al algoritmo fijado previamente.

Estas etapas pueden resultar ser un proceso secuencial, se puede incluir retroalimentaciones de las etapas previas como se muestra en la Figura 7, para poder corregir errores en caso de que alguna de las etapas posteriores falle.

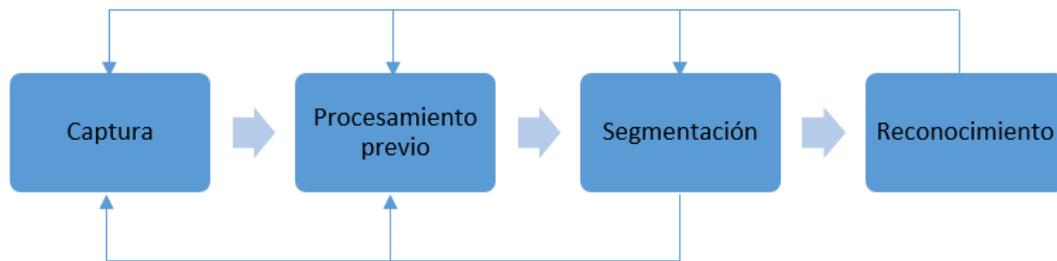


Figura 7 Etapas de un sistema de visión artificial

1.2.2 Captura y Digitalización

La primera etapa de un sistema de visión artificial corresponde a la captura y adquisición de la imagen, la captura es realizada mediante un dispositivo generalmente óptico con el que se obtiene información de una escena, este tipo de información es del tipo continua, en la digitalización esa información se transforma a un tipo discreto. Cuando se digitaliza una imagen, esta se constituye por unos elementos denominados “pixel” (picture element), cada uno de estos elementos almacena información fundamental para la representación de la imagen como el nivel de brillo, color, entre otros.

Según Marugán (2011), se debe tener claro algunas definiciones cuando se maneja imágenes digitales, entre los cuales se puede enunciar:

- Resolución: Cantidad de pixeles que hay en una determinada longitud puede ser en centímetros o pulgadas. Mientras mayor sea este valor, mejor se verá la imagen.
- Tamaño: Se refiere a la dimensión en pixeles de ancho y alto de una imagen; las imágenes son generalmente rectangulares.

- Modo de color: Es el tipo de método usado para dar el color a un pixel. Entre los más usados se encuentra el RGB (Rojo - Verde - Azul) y el CMYK (Cian - Magenta – Amarillo - Negro).
- Profundidad de color: Se refiere al número de colores diferentes que puede tener un pixel, mientras mayor sea la profundidad de color mayor será la gama de colores que se puede usar para representar a la imagen.

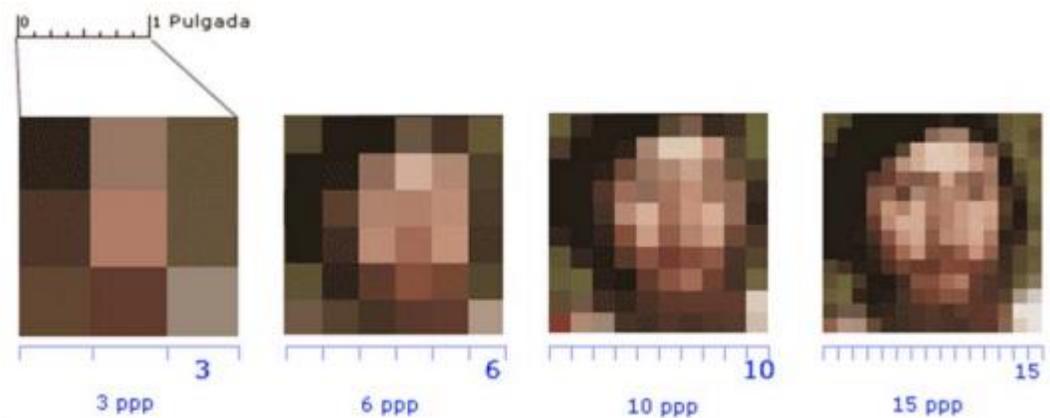


Figura 8 Influencia de la resolución para representar una imagen.

Fuente: (Marugán, 2011)

En la Figura 8 se muestra un rostro humano que es presentado en imágenes a diferente valor de resolución, mientras esta aumenta se puede reconocer mejor los elementos de la imagen.

1.2.3 Procesamiento Previo

La etapa de procesamiento previo o pre procesamiento permite eliminar partes indeseables de la imagen o realzar partes de la misma para que la imagen pueda continuar con las siguientes etapas, en ella se realizan todas las operaciones y transformaciones necesarias. Es común referirse a los filtros, que es un elemento para convertir una señal de entrada en una señal de salida mediante una función de transferencia.

En la Figura 9, se esquematiza el funcionamiento de un filtro. La letra “E” representa la señal de entrada, “H” la función de transferencia y “S” la señal de salida.

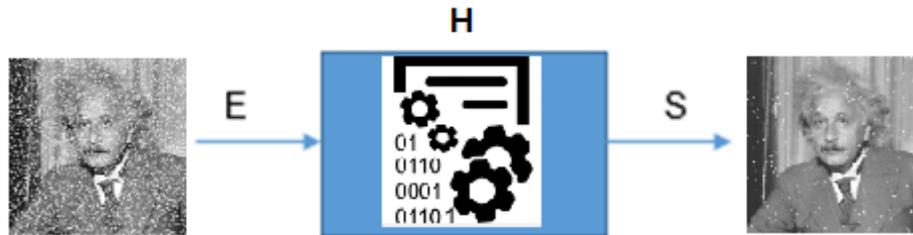


Figura 9 Esquema de un filtro

1.2.4 Segmentación

La segmentación es un proceso que permite dividir una imagen en regiones que sean de mayor utilidad para la etapa de reconocimiento, se las agrupa con respecto a características que tengan en común, como parámetros de color, brillo, entre otros. Cuando se realiza la segmentación de una imagen, se obtiene objetos extraídos de la misma que solo poseen una única correspondencia con las distintas regiones disjuntas a localizar.

Se enuncia las diferentes técnicas que se puede usar para la segmentación:

Segmentación basada en umbralización.- La umbralización es una técnica de segmentación rápida que consiste en convertir la imagen original en una imagen binaria, se marca un límite conocido como nivel de umbral, si un pixel sobrepasa este nivel se le asignará el valor de 1 caso contrario se le asignará 0.

$$B(i, j) = \begin{cases} 1, & \text{si } I(i, j) \geq U \\ 0, & \text{si } I(i, j) < U \end{cases}$$

Ecuación 1. Umbralización

Dónde $B(i, j)$ se refiere a la imagen binaria resultante e $I(i, j)$ a la imagen de entrada original.

Segmentación basada en la detección de contornos.- Esta técnica se basa en lograr encontrar el contorno de los objetos y a partir de allí separar la imagen, esto se puede lograr cuando los objetos tienen un color homogéneo y distinto del color de fondo; si es que esto no se logra se usan técnicas que permiten detectar cambios entre los valores de los píxeles de la imagen. Un ejemplo de esta segmentación es presentada en la Figura 10.

En este tema se introduce

Figura 10 Segmentación por contornos

Fuente: (Serrano, s.f.)

Segmentación basada en el crecimiento de regiones.- Esta técnica se basa en la similitud de píxeles que están próximos uno del otro, esto permite unir o dividir distintas regiones, esta segmentación tiene grandes beneficios cuando se trabaja en imágenes con ruido aunque también se puede combinar con otras técnicas de segmentación para mejorar los resultados. Un ejemplo de esta segmentación es presentada en la Figura 11.

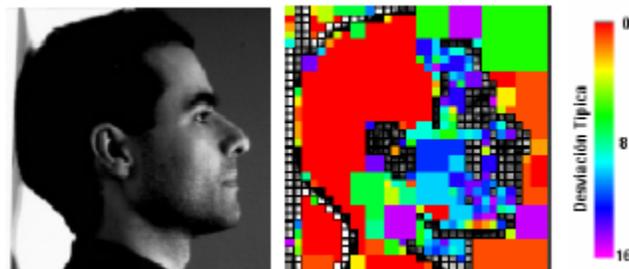


Figura 11 Ejemplo de Segmentación por regiones

Fuente: (Serrano, s.f.)

1.2.5 Reconocimiento

El reconocimiento es la última etapa de un sistema de visión artificial, consiste en los métodos para clasificar los elementos de interés que se encuentran en el ambiente en el que se está trabajando, para poder clasificar estos objetos se deben tener elementos “patrón”, que contendrán las instancias particulares de los objetos que se deben clasificar; luego se lo compara con el objeto que se intenta clasificar y se determina un grado de pertenencia, si el grado de pertenencia es positivo el objeto a clasificar pertenece a esa clase, caso contrario se puede usar otro patrón para comparar y obtener su clase. El esquema de un clasificador es presentado en la Figura 12.

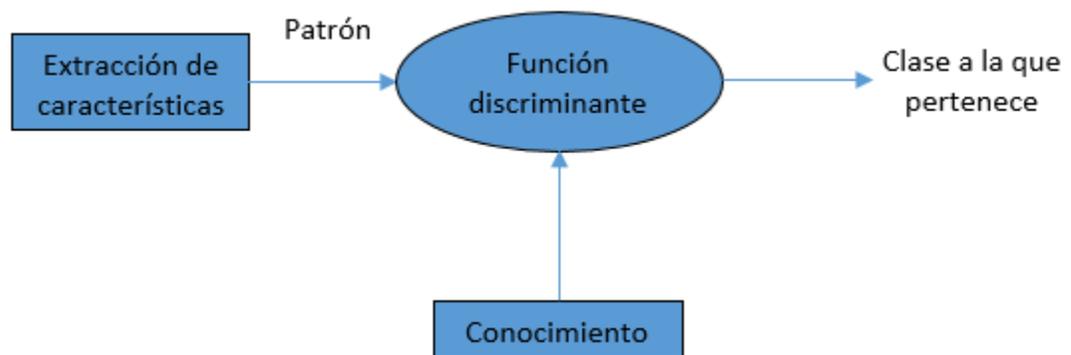


Figura 12 Esquema del funcionamiento de un clasificador

Esta etapa culmina la resolución del problema de visión, por ende aquí se avalan los resultados de las etapas anteriores, si no se obtiene una solución satisfactoria, se puede realimentar a las etapas de: captura, procesamiento previo o segmentación, y cambiar su enfoque para poder obtener mejores resultados. Cabe recalcar que el grado de éxito o no del sistema de visión dependerá del valor de error máximo que se obtenga a la salida del clasificador; además, este debe ser validado por un técnico especializado en el campo en el que se desee aplicar el sistema.

1.3. Introducción a OpenCV

Para el presente proyecto se usa las librerías de OpenCV versión 2.4.10, bajo la interfaz de Microsoft® Visual C++ 2010 Express, se describen los fundamentos teóricos de estas librerías para su mejor entendimiento.

Como sus siglas lo indican OpenCV (Open Source Computer Vision Library) es una librería abierta bajo licencia BSD; que es una licencia libre y permisiva que libera el uso tanto académico como comercial, para el tratamiento de imágenes, con enfoque a aplicaciones en tiempo real. Sus interfaces son: C, C++, Python y Java; posee compatibilidad con varios Sistemas Operativos como Windows, Linux, Mac OS, iOS y Android (OpenCV, Open Source Computer Vision, 2016).

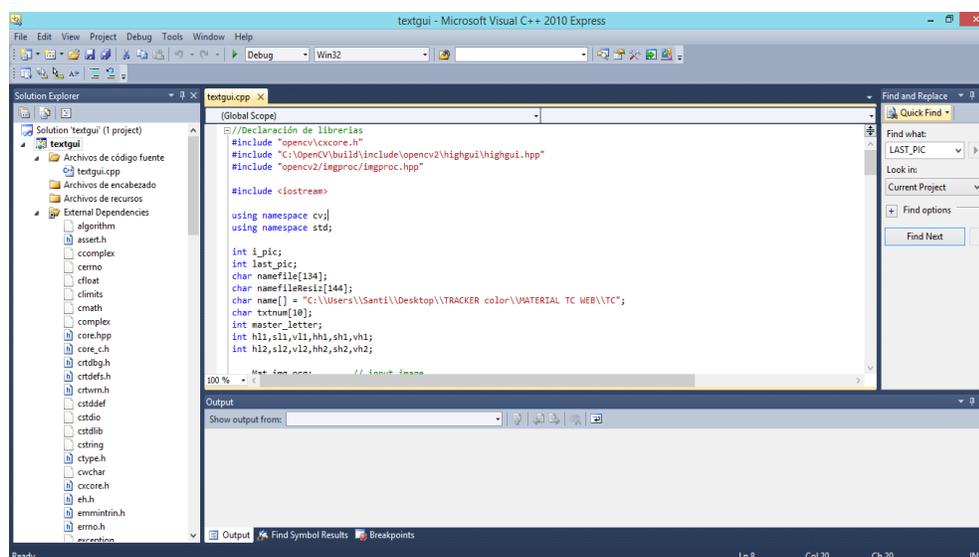


Figura 13 OpenCV en la interfaz de Microsoft® Visual C++ 2010 Express

OpenCV contiene más de 500 funciones abarcando gran terreno en campos como el procesamiento visual, reconocimiento, visión estéreo y visión robótica, entre otros (Wikipedia, OpenCV, 2016), la interfaz donde se desarrolla este proyecto se muestra en la Figura 13.

1.3.1 Cargar y desplegar una imagen en OpenCV

En el Anexo A del proyecto se enlistan de forma detallada varias funciones básicas; además, en el sitio web oficial de OpenCV se encuentra la documentación de cada una de las librerías y de sus respectivas funciones (OpenCV, Open Source Computer Vision, 2016), igualmente se puede encontrar muchos ejemplos que permiten iniciarse en este entorno.

En la Tabla 1 se describe un ejemplo para cargar y desplegar una imagen a modo de familiarizarse con algunas de las funciones.

Tabla 1
Código para cargar y desplegar una imagen

Código	Descripción
<code>#include <opencv2/core/core.hpp></code> <code>#include <opencv2/highgui/highgui.hpp></code> <code>#include <iostream></code>	Encabezado. Aquí se incluyen las librerías a usar.
<code>using namespace cv;</code> <code>using namespace std;</code>	Se lo coloca para evitar conflictos con funciones de otras librerías.
<code>int main(int argc, char** argv)</code> <code>{</code>	Inicialización del cuerpo Principal
<code>if(argc != 2)</code> <code>{</code> <code> cout <<" Usage: display_image</code> <code>ImageTo</code> <code>LoadAnd Display" << enAP;</code> <code> return -1;</code> <code>}</code>	Se asume que se adquiere una imagen con un nombre de argumento válido
<code>Mat image;</code>	Objeto Mat que almacena los datos de la imagen.
<code>image =imread (argv[1],</code> <code>CV_LOAD_IMAGE</code> <code>_COLOR);</code>	Carga la imagen especificada en "argv[1]" en el formato BGR (Azul – Verde - Rojo)
<code>if(! image.data)</code> <code>{</code> <code> cout << "No se puede abrir "</code> <code><< std::endl ;</code> <code> return -1;</code> <code>}</code>	Revisa si la imagen adquirida es válida
<code>namedWindow("Display</code> <code>window",WINDOW_ AUTOSIZE);</code>	Crea una ventana para desplegar la imagen.
<code>imshow("Display window", image);</code>	Muestra la imagen en la ventana creada previamente.
<code>waitKey(0);</code>	Para detener el programa cuando el usuario pulse una tecla
<code>return 0;</code>	

Fuente: (OpenCV, Load and Display an Image, 2016).

1.4. Redes neuronales artificiales

Para realizar el reconocimiento de los parásitos de T. Cruzi se usa un conjunto de Redes Neuronales Artificiales (RNA) en estructura profunda en base a trabajos previos indicados en Chang , Constante & Gordon (2015) y Deng & Yu (2013). Se establece los fundamentos teóricos de las Redes Neuronales Artificiales en la Sección 1.4 y del Aprendizaje Profundo (AP) en la Sección 1.5.

El cerebro humano es uno de los sistemas de tratamiento de información más complejo que se conoce. El computador y las personas realizan sus tareas de forma muy diferente, por ejemplo, reconocer el rostro de una persona resulta una tarea relativamente sencilla para una persona y difícil para un computador; mientras que, la contabilidad de una empresa puede resultar complicada para un experto contable pero una rutina sencilla para un computador básico.

Es debido a la capacidad del cerebro humano de pensar, recordar y resolver problemas lo que ha inspirado a muchos científicos intentar o procurar modelar en el computador el funcionamiento del cerebro humano. Estas actividades están inspiradas en realizar este modelamiento de procesamiento de información en base a sistemas nerviosos biológicos.

En un sistema nervioso biológico, las neuronas codifican sus salidas como una serie de breves pulsos periódicos, llamados potenciales de acción, que se originan cercanos al soma de la célula y se propagan a través del axón. Luego, este pulso llega a las sinapsis y de ahí a las dendritas de la neurona siguiente.

Una sinapsis es una interconexión entre dos neuronas, como se observa en la Figura 14. En la sinapsis química la señal se transporta de forma unidireccional desde una neurona llamada pre-sináptica la cual secreta el neurotransmisor; esta sustancia varía durante el proceso de aprendizaje y es aquí donde la información es almacenada, hacia la neurona post-sináptica en la cual el neurotransmisor actúa (Cubides, 2013).

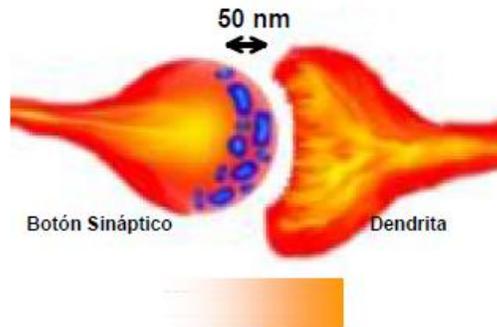


Figura 14 Salto Sináptico

Fuente: (Izaurieta & Saavedra, s.f.).

Se debe tomar en cuenta los siguientes aspectos de una red neuronal biológica que son la base para la construcción de un modelo neuronal artificial:

- El impulso que llega a una sinapsis y el que sale de ella no son iguales en general. El tipo de pulso que saldrá depende de la cantidad de neurotransmisor. Una sinapsis puede actuar reforzando el impulso o debilitándolo. En una neurona artificial equivaldría al valor del peso que posea una neurona.
- En el soma se suman las entradas de todas las dendritas. Si estas entradas sobrepasan un cierto umbral, entonces se transmitirá un pulso a lo largo del axón, en caso contrario no transmitirá. Después de transmitir un impulso, la neurona no puede transmitir durante un tiempo de entre 0,5 ms a 2 ms. A este tiempo se le llama período refractario. En una neurona artificial todas las entradas de una neurona son sumadas algebraicamente y multiplicadas por el peso de las misma, si el valor supera el valor de umbral la neurona se dispara caso contrario no se dispara.

La comparación entre la neurona biológica y la artificial se muestra en la Figura 15.

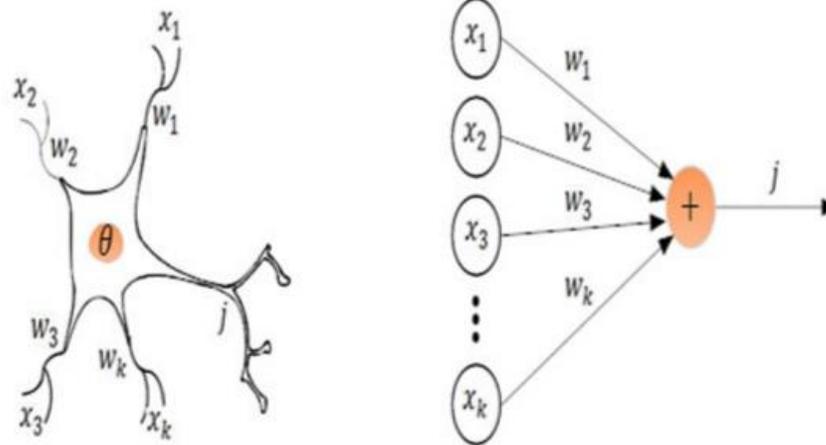


Figura 15 Neurona biológica versus Neurona Artificial

Fuente: (Guerra & Lomaña, 2013)

1.4.1 Arquitectura de las redes neuronales artificiales

En las RNA, la unidad análoga a la neurona biológica es el Elemento Procesador (EP). Un EP tiene varias entradas y las combina, normalmente con una suma básica. La suma de las entradas es modificada por una función de transferencia y el valor de la salida de esta función de transferencia se pasa directamente a la salida del EP.

Una RNA consiste en un conjunto de unidades elementales conectadas de una forma concreta. Generalmente estos elementos están organizados en grupos llamados niveles o capas. Una red típica consiste en una secuencia de capas con conexiones entre capas adyacentes consecutivas. Existen dos capas con conexiones con el mundo exterior, la capa de entrada donde se presentan los datos a la red, y la capa de salida que mantiene la respuesta de la red a una entrada. El resto de las capas reciben el nombre de capas ocultas. En la Figura 16 se muestra una arquitectura de red neuronal de 4 capas.

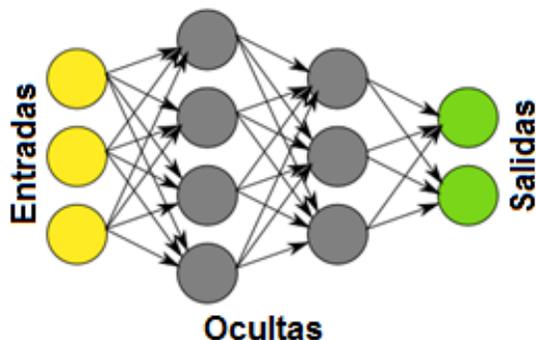


Figura 16 Arquitectura de una red neuronal

Fuente: (López, 2014).

1.4.2 Características de las redes neuronales artificiales

Las RNA presentan una serie de características propias del cerebro humano; según Basogain (2014) estas características son:

- Aprenden de la experiencia, pueden cambiar su comportamiento en función del entorno, el conocimiento es almacenado en los pesos de las conexiones inter-neuronales.
- Generalizan para ofrecer dentro de un margen respuestas correctas a entradas que presentan variaciones debido a ruidos y distorsión, poseen un alto nivel de tolerancia a fallos.
- Abstraen mentalmente o consideran por separado las cualidades de un objeto; es decir, abstraen la esencia de un conjunto de entradas que aparentemente no presentan aspectos comunes o relativos, poseen una altísima adaptabilidad; es decir, cambian dinámicamente en conjunto con el medio.

La relación existente entre las características de las RNA se muestra en la Figura 17.

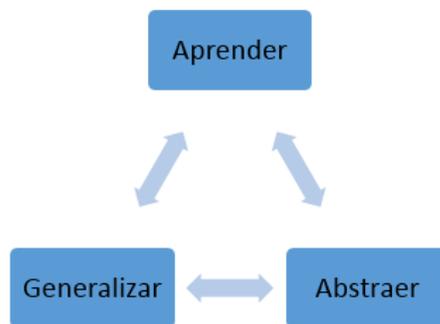


Figura 17 Características de una Red Neuronal Artificial

1.4.3 Clasificación redes neuronales artificiales

De la cantidad de conexiones existentes en una red neuronal depende la potencia de la misma. El modelo más simple de una red neuronal artificial son las redes de una sola capa en la que sus nodos de entrada no “hacen nada”, las entradas se conectan directamente con las salidas sin procesamiento previo.

Las redes multicapa son aquellas que están conformadas por una capa de entrada, una de salida, y capas escondida; es decir, pueden ir una o varias de estas capas para que la red pueda capturar características más complejas del problema a resolver; aunque se ha demostrado que basta una sola capa escondida para resolver la mayoría de los problemas (Beltrán, 2012).

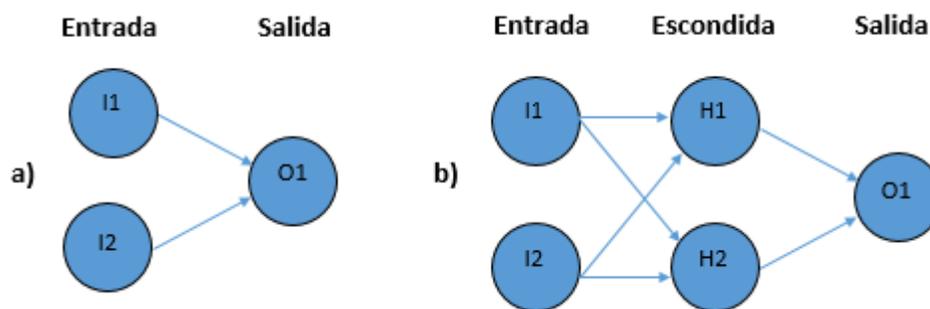


Figura 18 Red: a) Una capa. b) Multicapa

En la Figura 18 se muestra la conformación de redes de una capa y multicapa; se debe notar que en la red multicapa el número de conexiones entre

neuronas es mucho mayor en comparación a la red de una sola capa, por lo que la capacidad de cálculo de la red aumenta.

1.4.4 Función de activación

Una función de activación permite a una neurona pre-sináptica activar o no a una neurona post-sináptica, para esto se debe calcular la entrada neta de la red transformando su valor mediante una función que puede ser lineal o no lineal, para obtener un nuevo valor de salida.

La función más usada es la Sigmoide cuyo objetivo es el de mantener el valor de salida en un rango fijo como por ejemplo $[0,1]$, a la manera del modelo de MacCulloch y Pitts (Escobar, 2014).

En la Tabla 2 se detalla alguna de las funciones de activación más comunes:

Tabla 2
Funciones de Activación

Función de activación	Definición
Función Lineal	$Y(z) = k(z)$; k es una constante
Función Sigmoide	$Y(z) = \frac{1}{(1 + e^{-z})}$
Función Tangente hiperbólica	$Y(z) = \text{Tanh}(z)$
Función Umbral	$Y(z) = \begin{cases} 1 & \text{si } z > T \\ 0 & \text{si } z < T \end{cases}$; T valor de umbral

1.4.5 Entrenamiento

El objetivo del entrenamiento consiste ajustar los pesos de las neuronas para obtener la salida adecuada; se debe recordar que en los pesos se guarda la información adquirida por la red. El aprendizaje puede ser supervisado o no

supervisado, las redes supervisadas son las más comunes debido a que con estas se pueden resolver la mayoría de los problemas.

En las redes supervisadas se conoce la respuesta que debería salir de una red acorde a determinada entrada, de esta forma se puede comparar y obtener un valor de error. El aprendizaje se realiza acorde a un conjunto de entrenamiento (Beltrán, 2012), que consta de un grupo de entradas asociados a sus correspondientes salidas. En el entrenamiento no supervisado se desconoce la salida, lo que se busca es generar entradas que lleven a obtener salidas estables.

La técnica más común para reducir el error es la Retropropagación; Backpropagation en inglés, aunque existen otras técnicas como: gradiente conjugado, Levenberg - Marquardt, algoritmos genéticos (Escobar, 2014).

Retropropagación.- Sirve para entrenar redes de varias capas, esta técnica reduce el error promedio al cuadrado entre la salida real y la que se espera.

La retropropagación posee dos fases, una de propagación hacia adelante y otra de propagación hacia atrás. En la primera fase se calcula el valor de activación de la salida acorde a una determinada entrada; una vez concluida la primera fase inicia la corrección en la que los cálculos inician desde la capa de salida hasta llegar a la capa de entrada, aquí es donde se ajustan los pesos tanto en la capa de salida como en las capas escondidas.

Esta técnica intenta reducir el error a la mayor velocidad posible variando los pesos de las neuronas, la velocidad de cambio es calculada con derivadas parciales. La regla de aprendizaje de la retropropagación (Escobar, 2014) es:

$$\Delta w_t = \epsilon \left(\frac{\partial E}{\partial w_t} + \alpha \Delta w_{t-1} \right)$$

Ecuación 2. Retropropagación

Donde Δw_t se refiere al cambio en el peso t ; que además sirve para representar las repeticiones o iteraciones. ϵ es una constante que se conoce

como tasa de aprendizaje que cumple con $0 < \epsilon < 1$ y determina la magnitud de cambio de los pesos. α es una constante conocida como “momentum” y produce un valor mínimo de cambio constante (Escobar, 2014).

Se debe definir un valor de umbral de error que permita decir que la red se aproxima a la salida deseada y que la red se encuentra entrenada. Durante el entrenamiento el error se aproxima a cero, esto quiere decir que la red está convergiendo, esto no puede llegar a durar mucho tiempo incluso existen ocasiones en las que la red alcanza un mínimo local y deja de aprender (Basogain, 2014). Para solucionar los mínimos locales se recomienda cambiar el conjunto de entrenamiento y añadir ruido aleatorio en las entradas.

El principal problema de la retropropagación es que cuando la red posee varias capas, el error disminuye de forma exponencial a medida que atraviesa las capas, por lo que las últimas capas se entrenan mientras que las primeras apenas sufrirían cambios.

Se recomienda usar redes con pocas capas ocultas que contengan muchas neuronas en vez de usar redes que contengan muchas capas ocultas con pocas neuronas.

1.4.6 Aplicaciones de las redes neuronales

Según Basogain (2014) las redes neuronales artificiales presentan resultados razonables en aplicaciones donde las entradas presentan ruido o las entradas están incompletas. Entre las áreas de aplicación de las redes neuronales se puede mencionar:

- Análisis y procesamiento de señales.
- Control de procesos
- Clasificación
- Robótica

- Diagnóstico médico
- Predicción
- Reconocimiento y procesamiento de imágenes
- Visión computacional
- Filtrado de ruido
- Modelado económico y financiero
- Reconocimiento de datos escritos y de voz, etc.

1.5. Aprendizaje profundo

La idea del Aprendizaje Profundo (AP) nació a partir de los años ochenta por parte del investigador japonés Kunihiko Fukushima que propuso un modelo neuronal de entre cinco y seis capas al que denominó neocognitrón (García B. , 2015), en aquella época esta propuesta resultaba muy compleja y costosa por lo que fue relegada; hace aproximadamente una década el tema del AP ha retomado fuerza y ha despertado el interés de empresas con capacidad global como lo son: Google, Microsoft, Apple, Facebook, Yahoo, Flickr. Baidu entre otros.

El uso de la Retropropagación para el entrenamiento de redes neuronales con muchas capas tuvo gran dificultad en los años ochenta, para los noventa este problema se convirtió en un tema de investigación explícita, debido a esto y con el uso de aprendizaje no supervisado es que el AP se volvió prácticamente factible.

El objetivo principal de las investigaciones de arquitecturas profundas es el de modelar abstracciones de alto nivel de datos usando transformaciones no lineales (Chang , Constante, & Gordon, 2015).

Existen un sinnúmero de definiciones del AP, se exponen algunas de estas:

Deng & Yu (2013) exponen que el AP es un tipo de técnicas de aprendizaje de máquina en la que muchas capas de etapas de procesamiento de

información en arquitecturas jerárquicas supervisadas son explotados para el aprendizaje y la supervisión de análisis de patrones y clasificación.

Por otro lado García (2015), en su trabajo de fin de grado manifiesta que el AP es un conjunto de técnicas y algoritmos basados en aprendizaje de máquina que se enfocan en lograr que una máquina o dispositivo pueda aprender de la misma manera que lo haría un ser humano.

Ambas definiciones manifiestan que el AP es un conjunto de técnicas del aprendizaje de máquina que permite el procesamiento de la información por etapas. La esencia del AP es calcular de forma jerárquica las características o las representaciones de la data observada, en donde las características de alto nivel son definidas por los niveles inferiores, este tipo de representación y abstracción permite que las redes de aprendizaje profundo puedan darle sentido a datos como imágenes, sonido y texto.

Las técnicas con AP han ido creciendo cada vez más abarcando no solo redes neuronales, sino que modelos probabilísticos jerárquicos, y una variedad de algoritmos de aprendizaje supervisado y no supervisado (Deng & Yu, 2013).

1.5.1 Categorización de las redes neuronales profundas

El AP usa muchas capas de tratamiento para información que no es lineal y de naturaleza jerárquica, estas redes se pueden categorizar en tres grandes grupos dependiendo a factores como su arquitectura de red, la técnica y el uso que se le va a dar a la misma como por ejemplo: síntesis, generación, reconocimiento, clasificación, entre otros; a continuación se mencionan estas categorías:

- Redes profundas de aprendizaje no supervisado o generativo.- El aprendizaje no supervisado se refiere a no usar información específica en el proceso de aprendizaje.

- Redes profundas de aprendizaje supervisado.- Muchas de las técnicas de aprendizaje supervisado en procesamiento de señales e información son redes poco profundas como las Modelo Oculto de Markov (HMM) y Campos Aleatorios Condicionales (CRF). Este tipo de red es aplicada para reconocimiento de voz, identificación de lenguaje hablado y el procesamiento de lenguaje natural.
- Redes profundas híbridas.- Según Deng & Yu (2013), las redes híbridas se refieren a arquitecturas profundas que comprenden el uso de componentes de las dos categorías previas; es decir, de los modelos generativos y discriminativos. La meta de estas redes es lograr que el componente generativo sea explotado para ayudar lo discriminativo.

1.5.2 Aprendizaje profundo en la práctica

Las arquitecturas de poca profundidad se han demostrado eficaces en la solución de muchos problemas simples o bien limitados, esto puede acarrear complicaciones cuando se los traslada al mundo real, como por ejemplo señales como la voz, el sonido natural, el lenguaje, las imágenes, etc. Dependiendo el problema a resolver y de cómo están conectadas las neuronas, la solución puede requerir de largas etapas computacionales, el AP asigna de forma precisa el crédito de muchas de estas etapas (Schmidhuber, 2014).

Uno de los objetivos principales de las arquitecturas profundas es el de modelar abstracciones de datos de alto nivel usando múltiples transformaciones no lineales. Por lo cual investigadores han reportado resultados superiores usando innovadores modelos profundos y abstracciones de datos por lo que estas son muy usadas en problemas de visión artificial (Chang , Constante, & Gordon, 2015).

Según Deng & Yu (2013), existen tres razones importantes para la popularidad del Aprendizaje Profundo actualmente: el incremento de las

habilidades de procesamiento de los chips; como por ejemplo las unidades de procesamiento gráfico de propósito general (GPGPU), el incremento del tamaño de la data usada para el entrenamiento y los recientes avances en el aprendizaje de máquina y las investigaciones del procesamiento de señales e información.

1.5.3 Aprendizaje profundo aplicado a problemas de visión

El procesamiento de información de data proveniente de visión y audición requiere de arquitecturas profundas para lograr obtener la extracción de estructuras complejas y su respectiva representación interna. En nivel de complejidad, el sistema visual presenta una estructura jerárquica tanto en el lado de la percepción como el de la generación. Mediante algoritmos de AP se puede llegar a procesar este tipo de señales “naturales” y llegar a resolver problemas muy complejos. Es muy importante aclarar que debido a la experiencia de los investigadores, una sola técnica de AP no puede ser usada con éxito para todas las tareas de clasificación.

Las investigaciones recientes han demostrado que en las Redes Neuronales Profundas se preservan la similitud de los vectores característicos en una variedad de capas, lo que es muy beneficioso para procesos de filtrado de señal (Deng & Yu, 2013).

a) Aprendizaje no supervisado o generativo en visión por computadora

El aprendizaje no supervisado es aplicado cuando los datos etiquetados son relativamente escasos, de esta forma se logra el aprendizaje de características jerárquicas útiles para poder ser aplicados en arquitecturas profundas.

Quizás el ejemplo más notable del aprendizaje no supervisado en visión por computadora sea el de: Le, Ranzato, Monga (2012); se trata de una red de nueve capas conectadas en autoencoder con punto común y normalización de contraste local, este modelo tiene mil millones de conexiones entrenados con un set de datos de alrededor de diez millones de imágenes descargadas de internet.

El aprendizaje no supervisado en el trabajo de Le, Ranzato, Monga permitió al sistema entrenar un detector de rostros sin haber etiquetados imágenes que contengan rostros o no, este sistema logró ser lo suficientemente robusto tanto para traslación de la imagen, escalado y rotación (Deng & Yu, 2013).

b) Aprendizaje supervisado y clasificación en visión por computadora

El origen de las aplicaciones de aprendizaje profundo para tareas de reconocimiento se remonta a las Redes Neuronales Convolucionales en los noventa; actualmente hay muchos debates acerca de cómo redes CNN basados en AP pueden ser adaptados a aplicaciones de visión por computadora y de cómo los modelos y sus datos de entrenamiento pueden ser ampliados.

Uno de los más notables trabajos en este campo fue el desarrollado por Krizhevsky, Sutskever y Hinton (2012), la tarea consistía en entrenar el modelo con 1.2 millones de imágenes de alta resolución para clasificar imágenes no vistas en mil diferentes clases, en las pruebas se usó un set de ciento cincuenta mil imágenes y se obtuvo un error menor en comparación a trabajos anteriores (Deng & Yu, 2013).

1.5.4 Aprendizaje profundo en la actualidad

En el libro “Deep Learning in Neural Networks: An Overview” de Jürgen Schmidhuber (2014) se presenta algunos de los trabajos con AP que se han ido desarrollando a través de los años. Se enuncian algunos de los trabajos presentados:

En el año 2006 Ranzato logró un nuevo record en el reconocimiento de caracteres MNIST con un error de 0.39%, usando entrenamiento de deformación de patrones.

En el 2011/2012 los excelentes resultados obtenidos de AP en reconocimiento y clasificación de imágenes levantó el interés para realizar diagnósticos biomédicos, la meta fue detectar tumores en muestras de tejido humano. En el 2012 un ensamble de GPU-MPCNN ganó un concurso de detección de objetos en imágenes de varios millones de pixeles para la detección de cáncer de mama en imágenes histológicas.

La automatización parcial de diagnóstico biomédico no solo ahorraría sustanciales cantidades de dinero, sino que permitirá hacer diagnósticos expertos a personas que lo necesiten y que no puedan pagarlos.

Estos y muchos otros trabajos, no solo han permitido desarrollar técnicas para la resolución de problemas de mucha complejidad, sino que también han brindado a la neurociencia ayuda para comprender de mejor forma las redes de neuronas biológicas (Schmidhuber, 2014).

CAPÍTULO II

2. DISEÑO DEL SISTEMA DE VISIÓN ARTIFICIAL

Este capítulo trata sobre el diseño del sistema de visión artificial para la identificación de los parásitos de T. Cruzi en muestras serológicas, se describe el desarrollo de las etapas para la propuesta de resolución del problema.

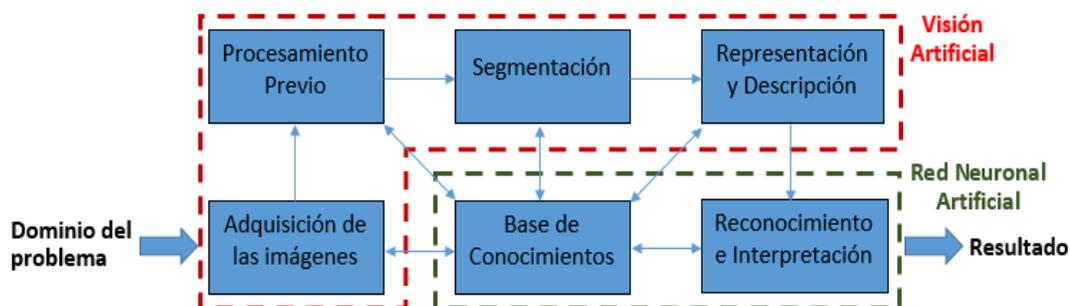


Figura 19 Etapas fundamentales del procesamiento digital de imágenes

La resolución del problema de identificación de parásitos en muestras serológicas, se enfoca en dos elementos: Visión artificial y Redes Neuronales Artificiales, como se observa en la Figura 19, cada uno de estos elementos posee una secuencia de pasos necesarios que van desde el dominio del problema hasta la obtención de resultados, para este proyecto esta secuencia de pasos va a ser comprimida en cuatro etapas que se especifican en el Capítulo I: captura, procesamiento previo, segmentación y reconocimiento; según lo expuesto en trabajos previos de Alonso & Domínguez (2014) y BIASONI, Larcher, Cattaneo, Ruggeri, & Herrera, (2011).

2.1. Captura de la imagen

La primera etapa de un sistema de visión artificial es la captura o adquisición de la imagen digital, por lo tanto se requiere digitalizar las muestras serológicas.

Debido al tamaño reducido que poseen los parásitos de *T. Cruzi* en su forma de tripomastigote, forma en la que se los encuentra en las muestras serológicas; se debe ampliar significativamente la muestra para la capturar una imagen válida. Para lo cual es necesario utilizar un microscopio, cuyos requerimientos principales deben ser:

- Poseer fuente de luz, esto no solo es una parte fundamental para poder visualizar elementos con el microscopio, sino que también permite que la luz externa no afecte la captura de las imágenes.
- Poseer varias configuraciones de aumentos, los tripomastigotes de *T. Cruzi* pueden ser observados por el ojo humano con ampliaciones de alrededor de 100x y superiores (Higuera, 2016).

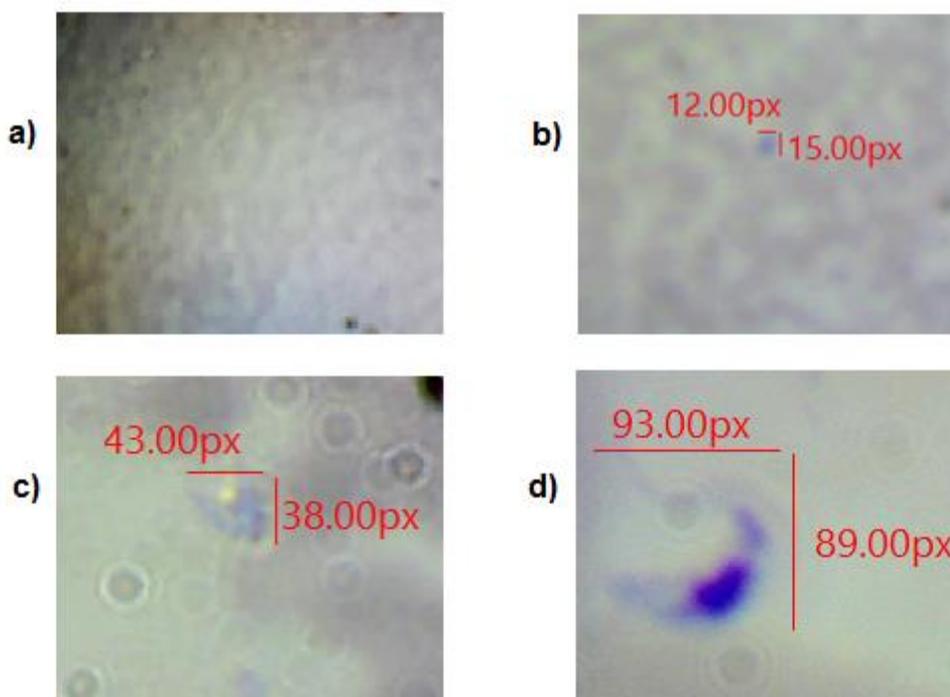


Figura 20 Tripomastigotes de *T. Cruzi*: a) 40x. b) 100x. c) 400x. d) 1000x

- Poseer condensador y diafragma; el condensador permite centrar la luz a través de la muestra, mientras que el diafragma se encarga de ajustar el paso de esta luz. Ambos elementos son utilizados para proporcionar una iluminación adecuada. Según García (2014), en

su guía para selección de microscopios se recomienda que para aumentos iguales o mayores a 400x es imprescindible el uso de estos elementos. En la Figura 20 se muestra las distintas dimensiones de parásitos a diferentes aumentos, cabe recalcar que para los aumentos de 40x y 100x resulta muy complejo la identificación de parásitos, a partir de 400x es que se puede identificar la morfología del parásito.

Para el presente proyecto se usa el microscopio Marca AmScope, modelo B120B presentado en la Figura 21, el cuál es un Microscopio Binocular Compuesto cuyas características son enunciadas a continuación:

- Oculares de campo amplio (WF): WF10X y WF20X
- Objetivos: DIN acromáticos 4X, 10X, 40X, 100X.
- Ocho configuraciones de aumentos: 40X, 80X, 100X, 200X, 400X, 800X, 1000X & 2000X
- Recorrido: 70mm x 30mm.
- Condensador : Abbe NA1.25 con diafragma iris
- Iluminación: LED
- Fuente de alimentación: 100-240 V CA, 50 / 60Hz.



Figura 21 Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B

Fuente: (AmScope, 2016).

Este microscopio cumple con todo los requerimientos, tanto de configuración de aumentos disponibles, iluminación, condensador y de diafragma, inclusive su costo es relativamente bajo en comparación a otros de las mismas características; además, según los fabricantes fue diseñado para la enseñanza, demostraciones, exámenes clínicos y aplicaciones de laboratorio, lo cual lo hace adecuado para este proyecto debido a que se manejan muestras serológicas.

Para la digitalización de la imagen se ha optado por usar una cámara digital, la cual es presentada en la Figura 22, la misma que se puede adaptar a uno de los lentes del microscopio y se pueda comunicar con la PC mediante cable USB 2.0, sus principales características son las siguientes:

- Sensor: Aptina
- Tipo de Sensor: CMOS
- Tamaño del Sensor: 4.73x3.52mm
- Resolución: 2.0MP
- Cuadros por segundo: 5 @1600x1200, 7.5 @1280x1024, 7.5 @1280x960, 20 @800x600.



Figura 22 Cámara digital para microscopio AmScope, modelo M200

Fuente: (AmScope, 2016).

Al conectar la cámara en uno de los oculares del microscopio, se puede digitalizar directamente la frotis obteniéndose imágenes similares a la Figura 23,

en la que se observa una muestra serológica infectada por *T. Cruzi* en su etapa tripomastigote; además de elementos propios de una frotis serológica normal como hematíes, leucocitos, etc.

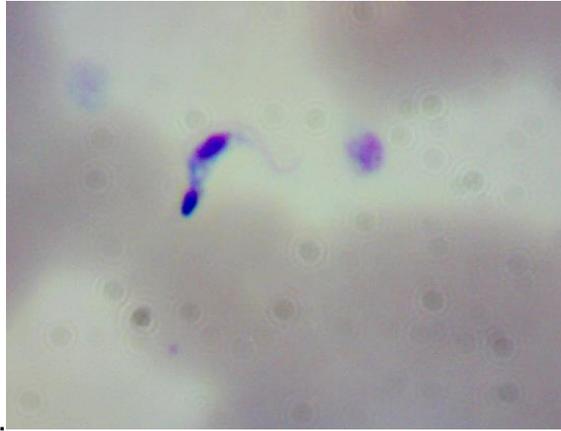


Figura 23 Imagen de una frotis infectada con *T. Cruzi*

2.2. Procesamiento previo y Segmentación

Las etapas previas al reconocimiento realizan todos los procedimientos necesarios de preparación de la imagen; el procesamiento previo efectúa todas las operaciones necesarias para destacar información contenida en la imagen de modo que se facilite su análisis en las etapas siguientes del sistema; mientras que la segmentación permite dividir a la imagen en regiones de mayor utilidad.

Según Bradski & Kaehler (2008), al trabajar con imágenes de microscopio es conveniente separar las regiones para eliminar ruido no deseado, esta separación se recomienda realizarla con operaciones morfológicas sobre imágenes segmentadas; por lo cual, en este proyecto se ha decidido segmentar la imagen antes de proceder a modificarla con operaciones de apertura y cierre que serán explicadas en la Sección 2.2.2, con la finalidad de eliminar regiones que no tengan importancia para el posterior reconocimiento.

2.2.1 Segmentación

Se realiza una segmentación basada en umbralización, la cual es una técnica rápida de bajo coste computacional que permite convertir la imagen original en una imagen binaria.

La umbralización se expresa matemáticamente con la siguiente ecuación:

$$B(i, j) = \begin{cases} 1, & \text{si } I(i, j) \in R \\ 0, & \text{si } I(i, j) \notin R \end{cases}$$

Ecuación 3. Conversión para la segmentación por umbralización

Dónde $B(i, j)$ se refiere a la imagen binaria resultante, $I(i, j)$ a la imagen de entrada original y R al valor de rango de umbral.

El éxito de esta técnica consiste en la selección de un rango de umbral correcto, esta selección suele basarse en el histograma de la imagen, este es una representación de la distribución del color de una imagen; es decir permite conocer los rangos de valores de colores que más se encuentran dentro de la imagen.

Para poder segmentar las imágenes de muestras serológicas enfocándose en la búsqueda de T. Cruzi se debe tomar en cuenta que a las frotis sanguíneas se las colorea con la finalidad de que puedan ser analizadas de mejor manera. Se usa generalmente tinción de Giemsa (SNEM, 2013) que ocasiona que muchas de las estructuras se tiñan de azul o morado. Los resultados de esta tinción son los siguientes:

- Citoplasma: morado
- Núcleos: azul
- Eritrocitos: rosa - naranja
- Gránulos de las células cebadas: púrpura
- Bacterias: azul
- Parásitos: azul

Dentro de una frotis sanguínea coloreada, los parásitos de *T. Cruzi* poseen una gama de colores que los va a diferenciar de los demás elementos que se pueden encontrar dentro de una muestra serológica.

Para poder establecer el rango de umbralización se ha convertido la imagen original a una con modelo de color HSV, este modelo es muy usado para segmentación de imágenes (Chernov, Alander, & Bochko, 2015).

Con la ayuda de las librerías de OpenCV, se realiza esta conversión con una sola sentencia: `cvtColor(img_BGR, img_HSV, COLOR_BGR2HSV)`; donde `img_BGR` es el nombre de la imagen de entrada, `img_HSV` es el nombre de la imagen de salida y `COLOR_BGR2HSV` es el tipo de conversión que se realiza, el resultado se lo muestra en la Figura 24.

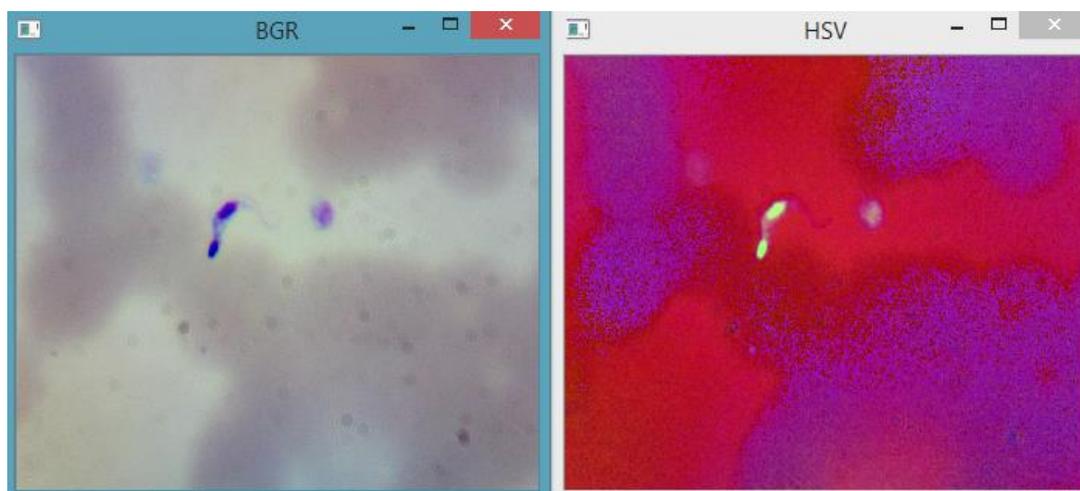


Figura 24 Comparación BGR – HSV

Cabe recalcar que en OpenCV por defecto el modo de color cuando se trabaja con imágenes o videos es BGR y sus variables se manejan en el siguiente orden: azul, verde y rojo.

A pesar de que la imagen resultante cambie su modo de color, aún se puede identificar la morfología del parásito con una tonalidad violeta principalmente, para obtener el rango de umbral adecuado se procede a obtener el histograma de la imagen con la ayuda de OpenCV.

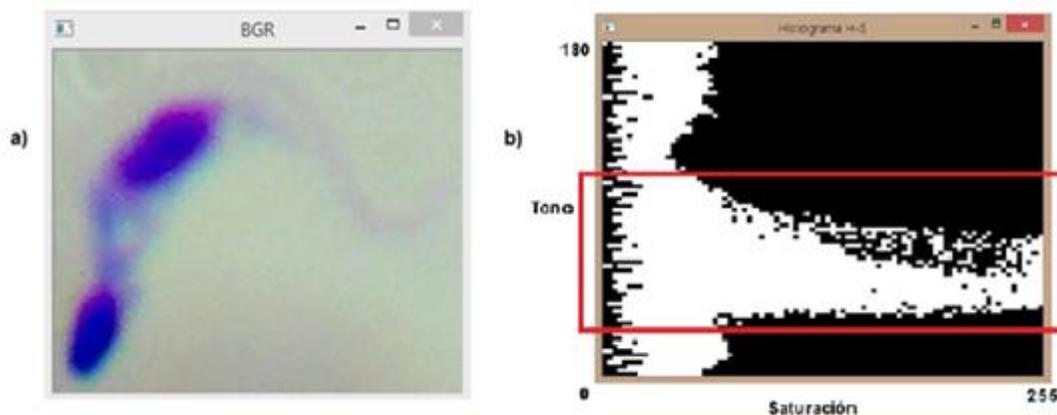


Figura 25 a) Imagen original. b) Histograma H-S resultante

El histograma H-S compara los valores de Saturación en el eje X y los de Tono en el eje Y. El recuadro ubicado en la Figura 25 literal b) es colocado para enmarcar la región del histograma en la que se encuentra la mayor cantidad de pixeles que comparten valores similares de tono y saturación dentro de la imagen del parásito Figura 25 literal a); cabe destacar que en el histograma el rango del Tono van desde 0 hasta 180, para la segmentación por umbral se maneja valores de 0 a 255 por lo que se debe realizar un escalamiento.

A partir de los valores obtenidos del histograma y con la ayuda de OpenCV se obtiene la imagen de la Figura 26.

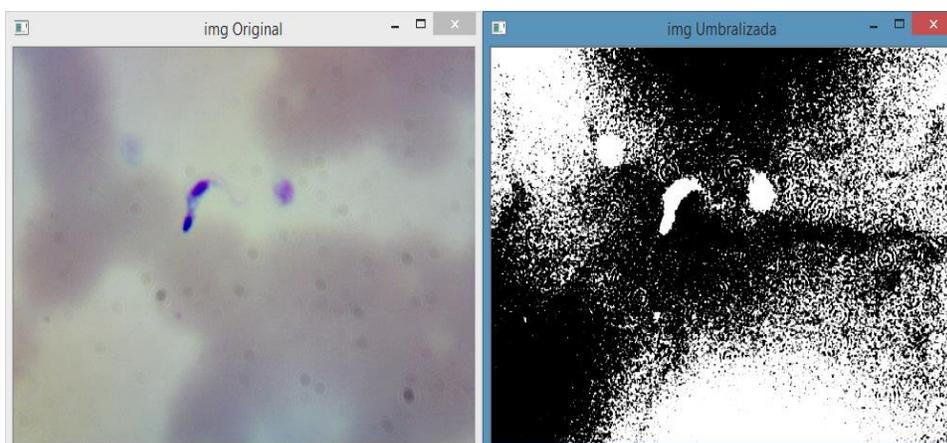


Figura 26 Comparación imágenes: Capturada – Umbralizada

La imagen segmentada no es la adecuada para continuar a la siguiente etapa del sistema debido a la presencia excesiva de ruido que complicaría el

reconocimiento de los parásitos. Es necesario realizar un afinamiento de los rangos de umbral tanto para el tono, la saturación y el brillo obteniéndose la Figura 27, dentro de esta imagen existe ruido ocasionado en las etapas de captura y segmentación.



Figura 27 Imagen segmentada

2.2.2 Procesamiento previo

Una vez segmentada la imagen, se procede a destacar los parásitos de T. Cruzi contenidos en las imágenes de frotis serológicos infectados y eliminar el ruido procedente de las etapas anteriores; para eliminar el ruido y realzar las características del parásito se usa operaciones morfológicas, estas operaciones son un conjunto de técnicas matemáticas que tratan directamente con las formas de una imagen, a continuación se enuncian algunas de estas operaciones:

Para todos las definiciones matemáticas, sea E un espacio euclidiano o una cuadrícula entera, A y B imágenes binarias en E .

- **Erosión.**- está definida por:

$$A \ominus B = \{z \in E / B_z \subseteq A\}$$

Ecuación 4. Erosión de A por B.

Donde B_z es la traslación de B por el vector z :

$$B_z = \{b + z/b \in B\}, \forall z \in E$$

Ecuación 5. Definición del vector B_z .

En la Figura 28 se observa que la operación de erosión elimina la mayor cantidad de ruido, pero a su vez también afecta la morfología de los tripomastigotes haciéndolos más delgados.

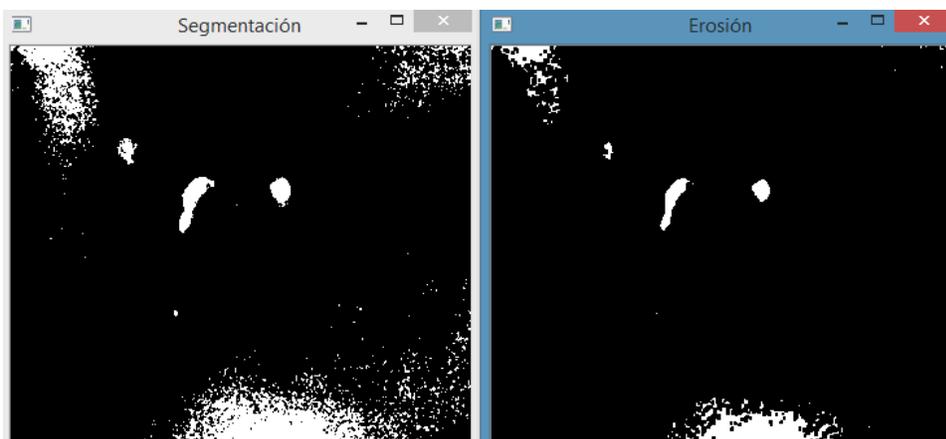


Figura 28 Comparación imágenes: Segmentada - Erosionada

- **Dilatación.**- se refiere al aumento de píxeles, es una operación que cumple con la propiedad conmutativa y está definida por:

$$A \oplus B = \{z \in E / (B^s)_z \cap A \neq \emptyset\}$$

Ecuación 6. Dilatación de A por B.

Donde B^s denota la simetría de B, que es:

$$B^s = \{x \in E / -x \in B\}$$

Ecuación 7. Definición de B^s .

En la Figura 29 se observa que la operación de dilatación otorga mayor volumen de píxeles blancos en la imagen, aunque no existe eliminación de ruido.

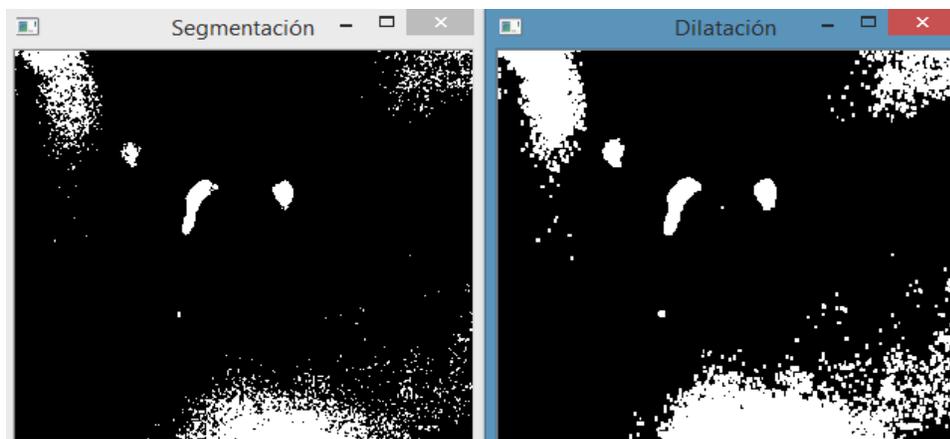


Figura 29 Comparación imágenes: Segmentada - Dilatada

- **Apertura.-** la apertura de A por B se obtiene por la erosión de A por B, seguida por la dilatación del resultado por B. Está definida por:

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B$$

Ecuación 8. Apertura de A por B.

En la Figura 30 se observa que la operación de apertura elimina puntos blancos que estén ubicados sobre secciones negras ayudando a eliminar ruido.

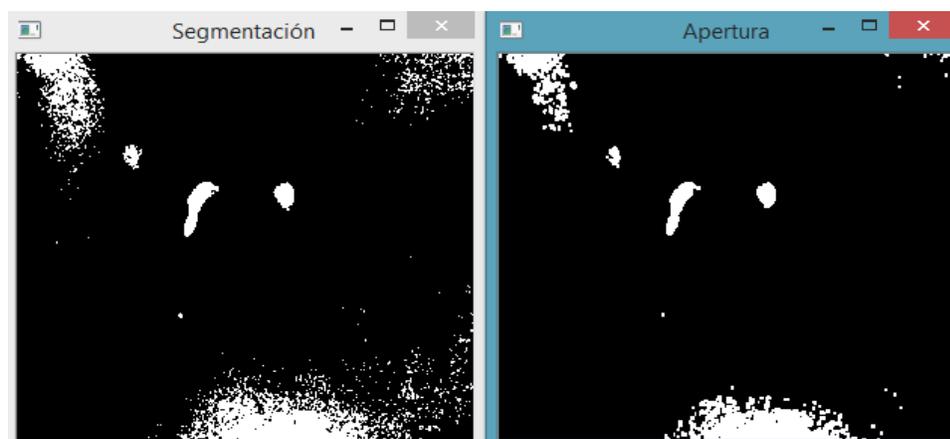


Figura 30 Comparación imágenes: Segmentada – Apertura

- **Cierre.-** el cierre de A por B se obtiene por la dilatación de A por B, seguida por la erosión del resultado por B. Está definida por:

$$A \cdot B = (A \oplus B) \ominus B$$

Ecuación 9. Cierre de A por B.

En la Figura 31 se observa que la operación de cierre elimina puntos negros que estén ubicados sobre secciones blancas, de la misma forma que “Apertura” esta operación ayuda a eliminar ruido y afecta en cierto grado la morfología del parásito.

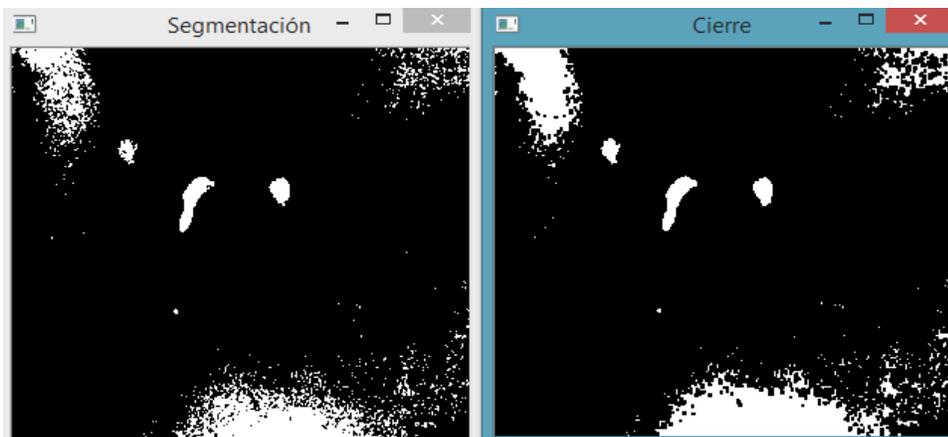


Figura 31 Comparación imágenes: Segmentada – Cierre

En la Figura 32, se compara la imagen final de la etapa de segmentación y la misma luego de haber sido operada mediante la combinación de operaciones morfológicas de apertura y cierre.

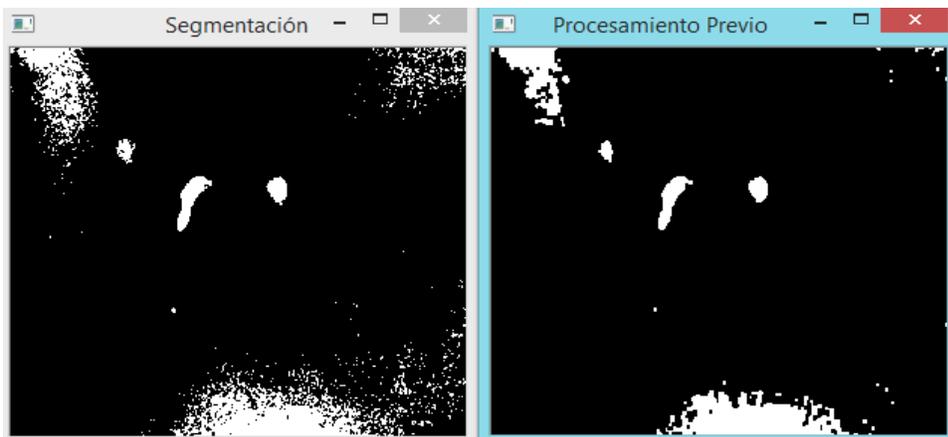


Figura 32 Comparación imágenes: Segmentada - Procesada

Como se puede notar el ruido blanco se redujo considerablemente y de esta manera se logra realzar las regiones de interés para continuar con el reconocimiento del parásito.

2.3. Reconocimiento

El reconocimiento es la última etapa de un sistema de visión artificial, es aquí en dónde se implementa un clasificador para identificar los parásitos de T. Cruzi. Cabe recalcar que las etapas anteriores han adquirido y preparado las imágenes digitales que se usan para el desarrollo y pruebas del sistema.

Para la etapa del reconocimiento se implementa una red neuronal artificial profunda, este método fue escogido debido a la gran cantidad de variaciones de un mismo parásito y de otros elementos que pueden ser encontrados en una muestra sanguínea, las arquitecturas profundas pueden lograr clasificadores fiables como los presentados en (Schmidhuber, 2014) y (Chang , Constante, & Gordon, 2015).

La arquitectura propuesta consta de dos agentes independientes, el primer agente se encarga del seguimiento del parásito; mientras que la segunda red se encargará del reconocimiento.

2.3.1 Primer agente inteligente

a) Descripción del primer agente

El primer agente está compuesto por una red neuronal artificial de 3 capas: 10000 neuronas en la capa de entrada, 200 en la capa escondida y 42 en la capa de salida. La arquitectura del primer agente se muestra en la Figura 33.

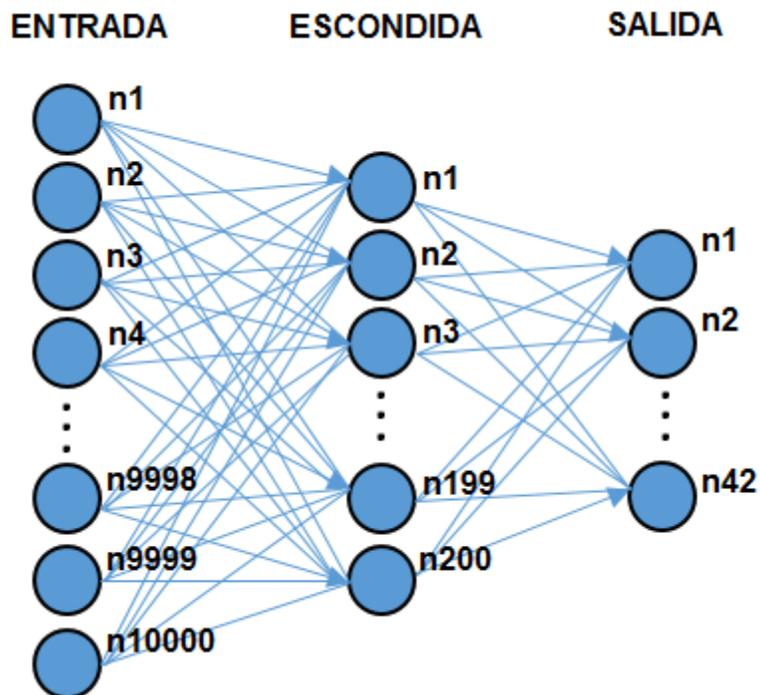


Figura 33 Arquitectura del 1er. Agente inteligente.

La capa de entrada posee 10000 neuronas, cada una de ellas representa uno de los píxeles de la “Región de interés” (ROI – Region Of Interest) la misma que está compuesta por un recuadro de 100 x 100 píxeles, este tamaño fue determinado para que pueda contener un parásito de T. Cruzi, cabe destacar que la imagen obtenida desde la etapa de captura; que es la imagen con la que se trabaja, tiene un tamaño total de 800 x 600 píxeles. La ROI debe desplazarse de tal forma que recorra toda la imagen.

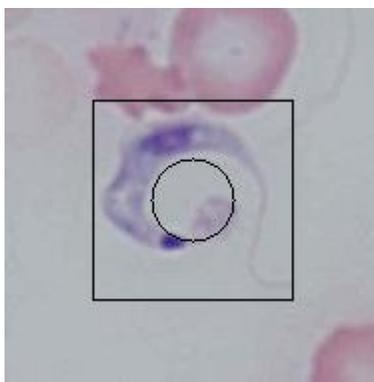


Figura 34 ROI estándar

En la Figura 34 se representa el área que abarca la ROI, en base a este tamaño se desarrolla la totalidad del sistema. Debido a que las imágenes son adquiridas en un microscopio con un aumento de 1000x fijos, otros parásitos mantendrán una relación de tamaño similar.

La capa escondida contiene 200 neuronas, con esto se obtiene una primera compresión de información de 10000 a 200, es decir 50:1; es en estas neuronas de capa escondida que se almacenará toda la data relevante para que este primer agente pueda realizar el seguimiento de los parásitos, cabe recalcar que en esta capa se va a manejar una gran cantidad de variables: $10000 \times 200 = 2'000000$ correspondientes a los pesos provenientes de las neuronas de entrada.

Dentro de las neuronas de capa escondida se encuentra las características que han sido extraídas de la capa de entrada durante la fase de entrenamiento de la red. En la Figura 35 se presenta la matriz de pesos de una de las 200 neuronas de capa escondida, en ella se observa como es representada las características extraídas de las imágenes con las que ha sido entrenado el primer agente; cabe destacar que cada una de las neuronas contiene una matriz de pesos única y diferente de las demás .

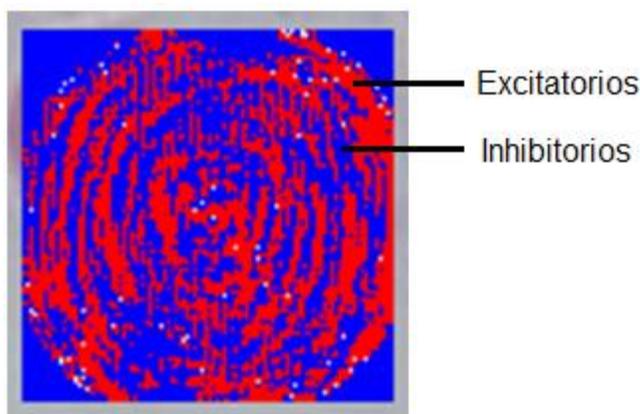


Figura 35 Matriz de pesos de neurona escondida del 1er. Agente

Los pesos positivos o excitatorios son representados en la Figura 35 por el color rojo, mientras que los inhibitorios están en color azul; estos pesos representan el grado de conexión con las demás neuronas (Basogain, 2014).

El objetivo del primer agente es el de poder realizar un seguimiento del parásito tanto en desplazamientos verticales como en horizontales aproximadamente de hasta 10 píxeles en sus extremos superior, inferior, derecho e izquierdo. Es por ello que se ha definido 42 neuronas, 21 para cada uno de los ejes.

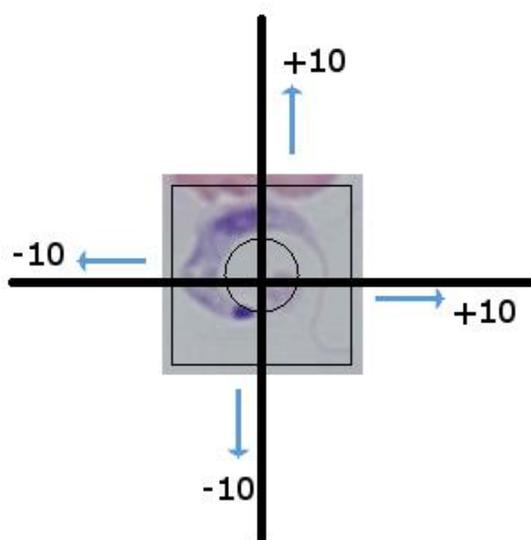


Figura 36 Coordenadas para el seguimiento del Primer Agente

El primer agente al seguir la posición de un parásito con un rango de hasta 10 píxeles en cada uno de sus extremos (Figura 36) entrega una variación de espacio-tiempo único al siguiente agente cada vez que se desplace la ROI. Cada uno de los desplazamientos está relacionado a un objetivo específico que es usado para el entrenamiento.

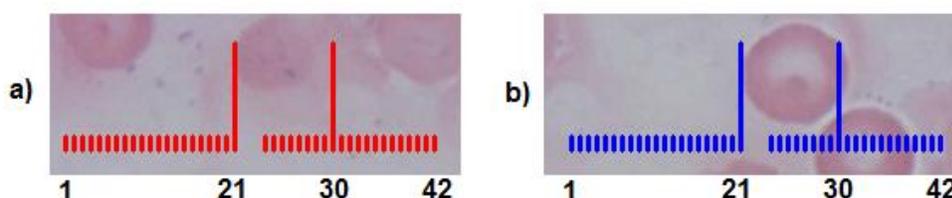


Figura 37 a) Capa de Salida 1er. Agente b) Objetivo

La salida del primer agente se expone en la Figura 37 a), su respectivo objetivo es representado en la Figura 37 b), cabe destacar que una vez que el 1er. Agente ha sido entrenado está en la capacidad de seguir fielmente el objetivo que se le indique, en este caso el disparo de las neuronas 21 y 30.

b) Entrenamiento del primer agente

El proceso de entrenamiento es expresado en forma de pseudocódigo a continuación:

```

Etapa 1
Posicionar Imágen_Parásito;
Leer Imágen_Parásito;
Mover ROI; //De forma aleatoria 10 pixeles en cada extremos
Asignar Objetivos (Posiciones respectivas en X e Y); //Un Objetivo por
                                                    cada eje, acorde el
                                                    movimiento de la ROI

Hacer Retropropagación;
Hasta red_entrenada();

Etapa 2
Posicionar Imágen_Parásito;
Leer Imágen_Parásito;
Rotar Imágen_Parásito; //Rotar cada 20°, 10°, 5° y aleatorio 5°.
Mover ROI;
Asignar Objetivos (Posiciones respectivas en X e Y);
Hacer Retropropagación;
Hasta red_entrenada();

```

c) Tiempos de entrenamiento del primer agente

El tiempo de entrenamiento del 1er. Agente está cuantificado en la Tabla 3:

Tabla 3
Tiempos de entrenamiento

Orden	Etapa de entrenamiento	Tiempo en horas
1	ROI estática	2

CONTINÚA 

2	ROI giro de 20° por ciclo	8
3	ROI giro de 10° por ciclo	8
4	ROI giro de 5° por ciclo	12
5	ROI giro aleatorio de 5° por ciclo	14
TOTAL:		44

Fueron necesarias aproximadamente 44 horas de entrenamiento, usando una computadora con un procesador Intel(R) Core(TM) i5-3230M CPU 2.6Ghz, cabe destacar que el tipo de computador influye directamente en los tiempos.

2.3.2 Segundo agente inteligente

a) Descripción del segundo agente

El segundo agente inteligente es el encargado del reconocimiento del parásito, su arquitectura está compuesta por una red neuronal artificial de 3 capas: 420 neuronas en la capa de entrada, 37 en la capa escondida y 3 en la capa de salida. La arquitectura del segundo agente se muestra en la Figura 38.

El primer agente inteligente entrega su salida al segundo agente; las 42 neuronas de salida del primer agente cuando recorran un pixel a la vez sobre la imagen del parásito se activarán en forma de barrido debido a que en su etapa de entrenamiento aprendieron a seguir su posición desde 10 pixeles antes del centro hasta 10 pixeles después.

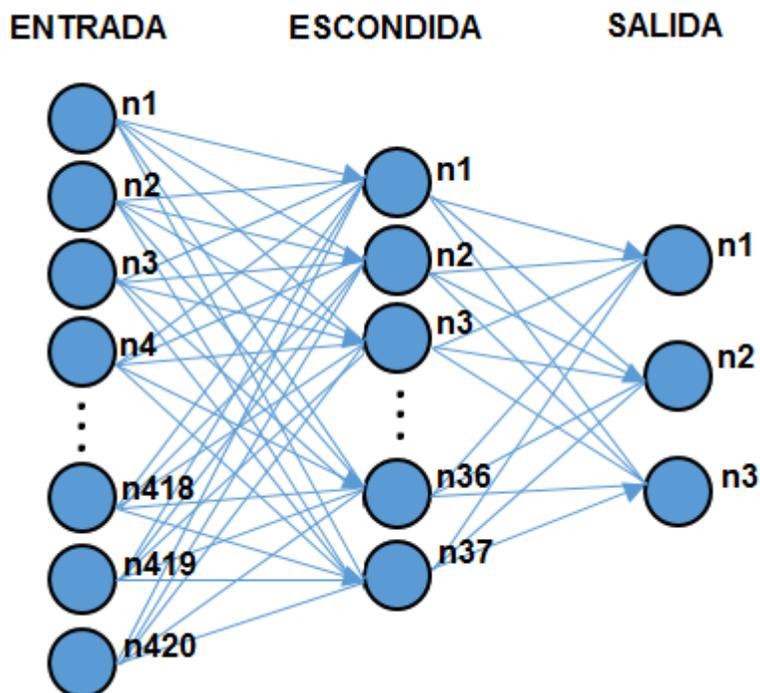


Figura 38 Arquitectura del 2do. Agente inteligente

Cada vez que se mueve un pixel sobre la imagen la salida de la primera red crea una variación espacio-tiempo única, tras 10 de estas versiones es necesario suponer que la ROI se encuentra pasando por el centro horizontal de su objetivo; es por esta razón que se necesitan de: $42 \times 10 = 420$ neuronas de entrada. Es esta particular forma de activación en barrido la que se busca que la red aprenda. En la Figura 39 se expone un ejemplo de como la salida del primer agente crea esta forma de activación:

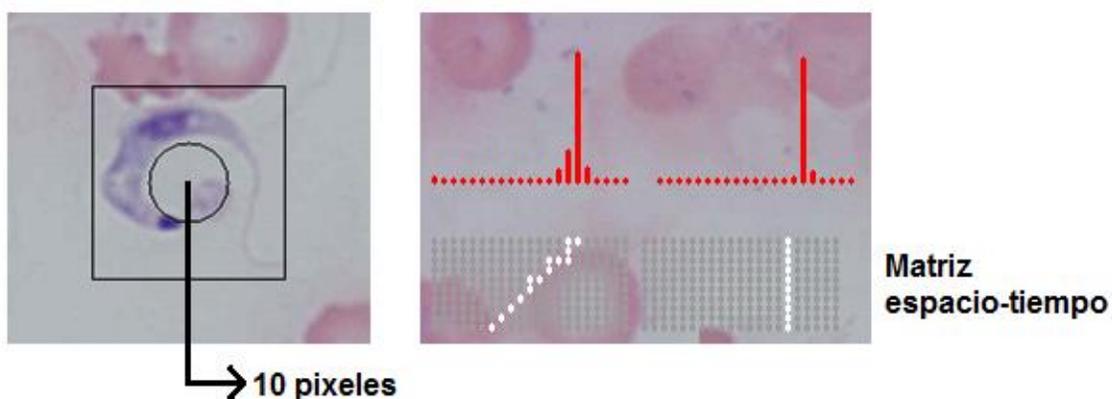


Figura 39 Neuronas de entrada del segundo agente inteligente

La capa escondida contiene 37 neuronas, con esto se obtiene una primera compresión de información de 420 a 37, es decir aproximadamente 11:1; es en estas neuronas de capa escondida que se almacenará toda la data relevante para que el segundo agente pueda realizar el reconocimiento de los parásitos, se va a manejar: $420 \times 37 = 15540$ variables, una cantidad de variables relativamente menor en comparación con el primer agente.

En la Figura 40 se presenta una matriz de pesos de una de las 37 neuronas de capa escondida una vez que el segundo agente ha sido entrenado:

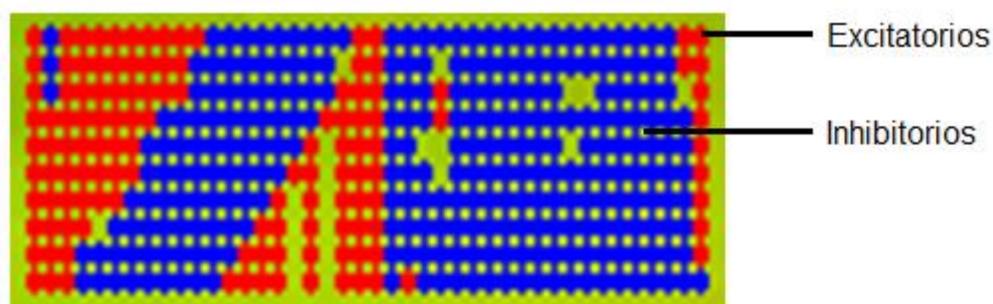


Figura 40 Matriz de pesos de neurona de capa escondida del 2do agente

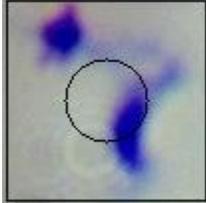
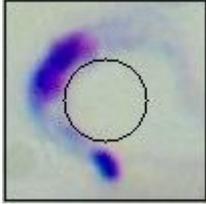
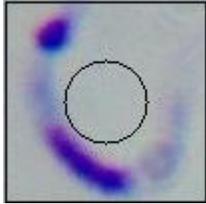
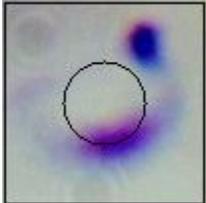
Los pesos positivos o excitatorios son representados por el color rojo, mientras que los inhibitorios están en color azul; se puede notar el patrón de barrido de las activaciones de las neuronas de salida del primer agente.

La capa de salida incorpora 3 neuronas, 1 neurona se activará cuando la ROI esté sobre un T. Cruzi, las otras dos se activarán cuando la ROI se encuentre sobre objetos extraños. En la Tabla 4 se indica algunos ejemplos del set de entrenamiento de parásitos de T. Cruzi.

Tabla 4
Imágenes Tipo de parásitos de T. Cruzi

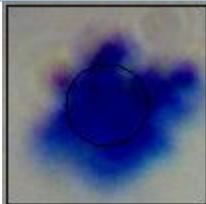
Orden	Imagen Parásito	Entrada al Sistema
1		

CONTINÚA

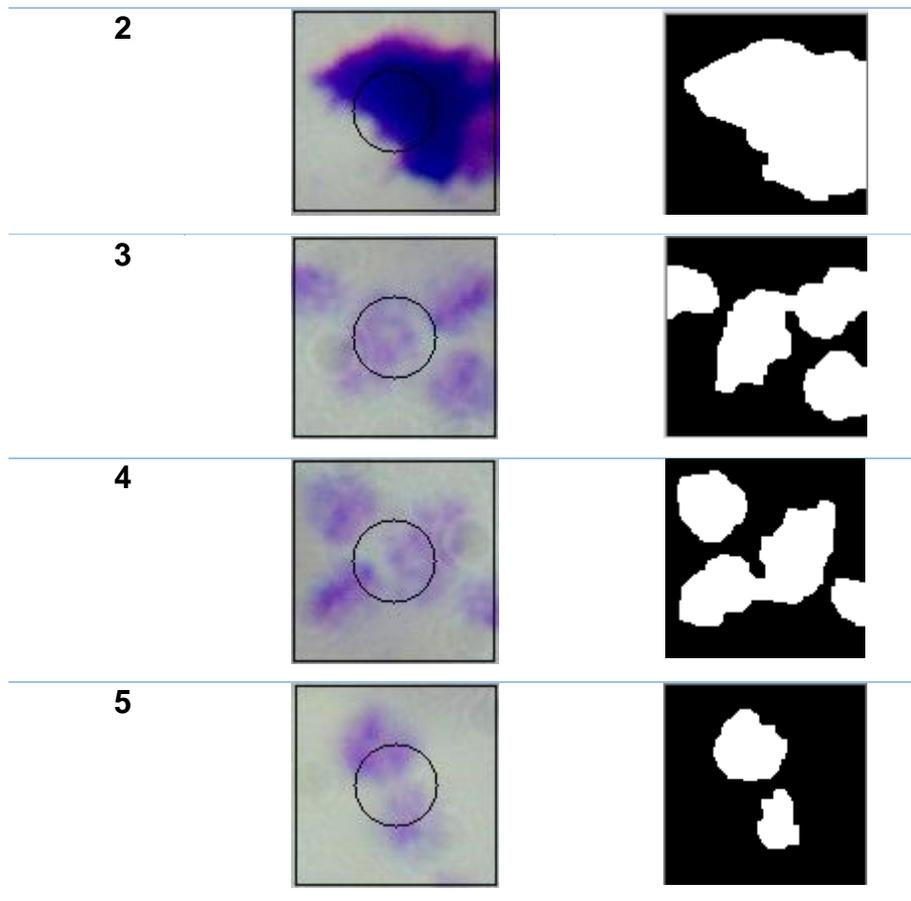
2		
3		
4		
5		

Durante el entrenamiento del segundo agente fue necesario el uso de contraejemplos; es decir, un set de imágenes distintas al parásito pero que se pueden encontrar en muestras serológicas con la finalidad de mejorar el desenvolvimiento del sistema, en la Tabla 5 se indica algunos ejemplos de estos elementos.

Tabla 5
Imágenes Tipo contraejemplos

Orden	Imagen Parásito	Entrada al Sistema
1		

CONTINÚA 



Cabe destacar que en el entrenamiento se usaron 7 imágenes de parásitos distintos, con ellas se obtuvo una data de entrenamiento de aproximadamente 1'111.320 de imágenes distintas; la cantidad de elementos obtenidos se define por:

Datos:

Parásito tipo: 7

Desplazamiento aleatorio en X e Y: 21

Número de grados aleatorios a rotar: 0° a 360°

$$\#imágenes = \#Parásitos \times DespX \times DespY \times \#Grados$$

$$\#imágenes = 7 \times 21 \times 21 \times 360$$

$$\#imágenes = 1'111.320$$

b) Entrenamiento del segundo agente

El proceso de entrenamiento es expresado en forma de pseudocódigo a continuación:

Etapa 1

Posicionar ROI; //Se posiciona 10 pixeles antes del centro del parásito

Hacer:

Mover ROI 1 pixel;

SÍ Neuronas #11 primer agente está activa: // #11=centro del parásito

Asignar Objetivos (Neurona Trypanosoma Cruzi activada)

CASO CONTRARIO:

Asignar Objetivos (Neuronas Objetos ajenos activadas)

Hacer Retropropagación;

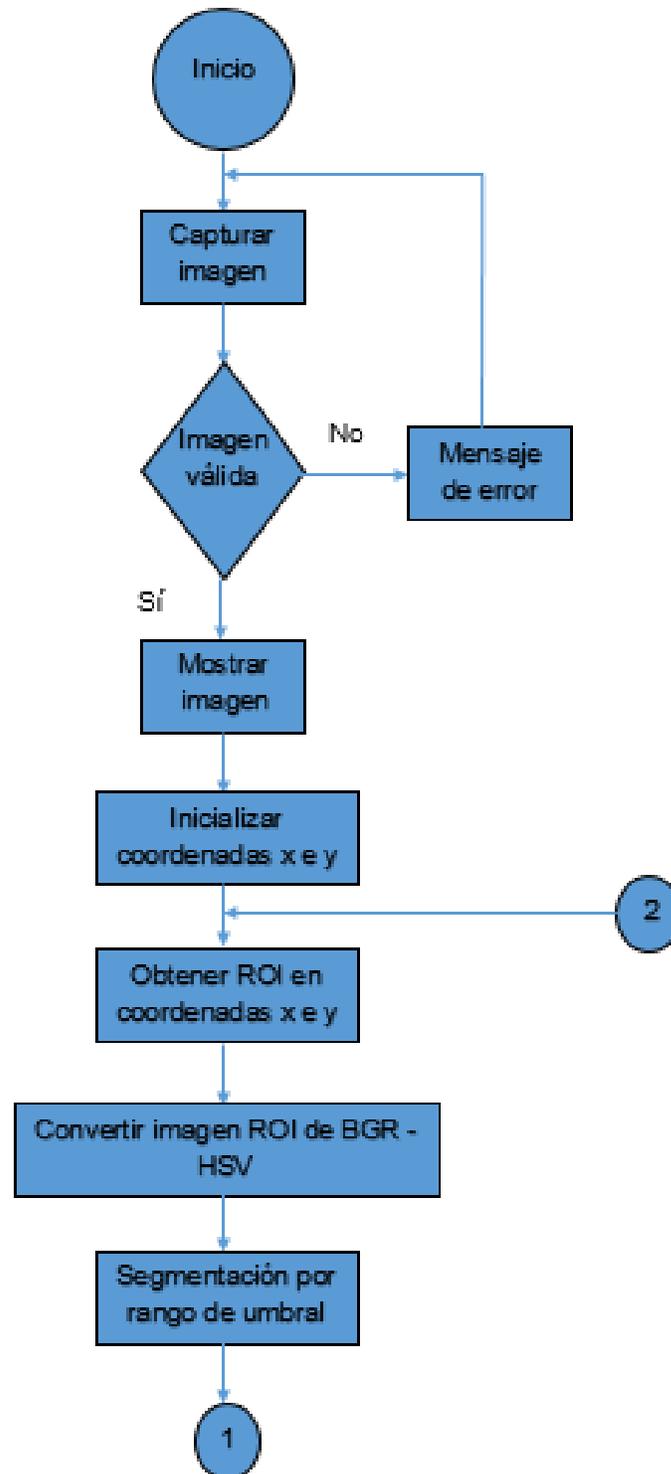
Hasta red_entrenada();

c) Tiempos de entrenamiento del segundo agente

El tiempo de entrenamiento del segundo agente se cuantificó en aproximadamente 4 horas.

2.4. Esquemático y Diagrama de flujo

En la Figura 41 se indica los procesos del sistema, comenzando por cada una de las etapas del sistema de detección hasta la presentación de resultados.



CONTINÚA 

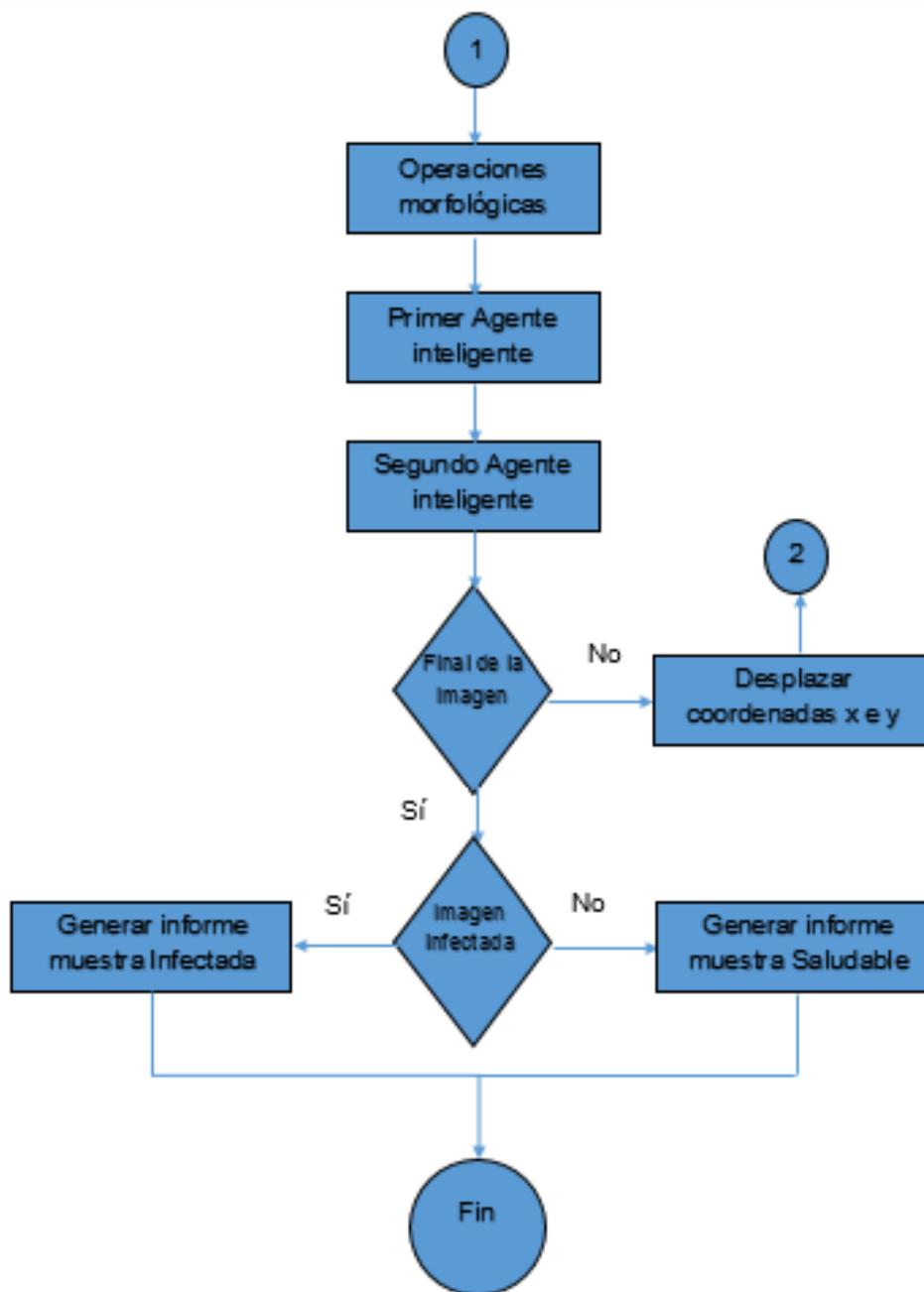


Figura 41 Diagrama de flujo del Sistema de Detección de T. Cruzi

En la Figura 42 se muestra la representación del conjunto de elementos que toman parte en cada una de las etapas del sistema de detección, desde la captura, la obtención de la ROI, la segmentación de la imagen, su

procesamiento, el reconocimiento con los dos agentes inteligentes y la presentación de resultados.

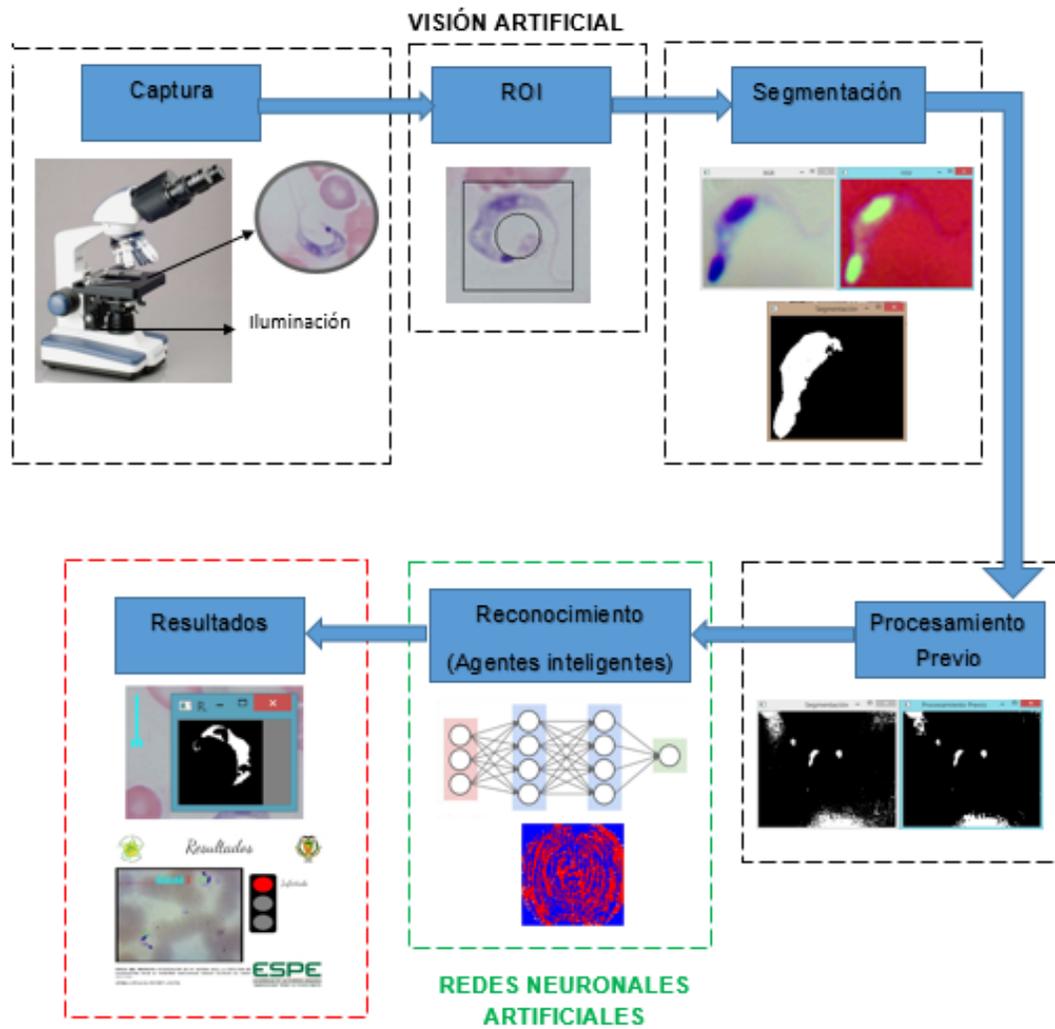


Figura 42 Esquemático del Sistema de Detección de T. Cruzi

CAPÍTULO III

3. PRUEBAS Y RESULTADOS

Este capítulo trata sobre las pruebas realizadas en el sistema para la detección de los parásitos de *Trypanosoma Cruzi* en imágenes de muestras serológicas, se describen los resultados obtenidos y se determina su error para validar la funcionalidad del sistema.

Entre las pruebas a realizar se encuentran:

- Pruebas de funcionamiento de la etapa de Captura.
- Pruebas de funcionamiento de las etapas de Segmentación y Procesamiento Previo.
- Pruebas de salida de la matriz espacio-tiempo del primer Agente Inteligente.
- Pruebas de funcionamiento del Sistema de detección con banco de imágenes.
- Pruebas de funcionamiento del Sistema de detección con imágenes en tiempo real.

3.1. Pruebas de funcionamiento de la etapa de captura

Se desea comprobar el estado de la captura de las imágenes de las muestras serológicas a través del Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B y de la cámara digital para microscopio AmScope, modelo M200 que posee una resolución de hasta 2.0MP y con conexión USB a la computadora. Se procede a fotografiar una frotis sanguínea con un aumento de 1000x en el dispositivo; para lo que se requiere usar aceite de inmersión en la frotis.

Una vez conectado la cámara a la computadora se inicia el sistema de captura, en el monitor se visualizará la frotis y se procede con la captura. Para la presente prueba se ha decidido capturar 10 imágenes en distintas ubicaciones de la frotis, para que los resultados de la prueba sean satisfactorios, las imágenes deben presentar características como:

- Tamaño adecuado (800 x 600).
- Uniformidad de color.
- No deben existir elementos extraños ajenos a la frotis que alteren completamente la posterior identificación de los parásitos.

En la Figuras 43 y 44 se visualiza las imágenes correspondientes a las muestras 1 y 2 respectivamente; en el Anexo B se presentan las demás imágenes usadas para esta prueba. En ambas figuras se observa que existe la presencia del parásito de T. Cruzi, elementos propios de la frotis y de unos elementos extraños de forma circular y de tonalidad marrón que son producto de la calidad reducida de la cámara digital que es usada para la captura de las imágenes del microscopio.

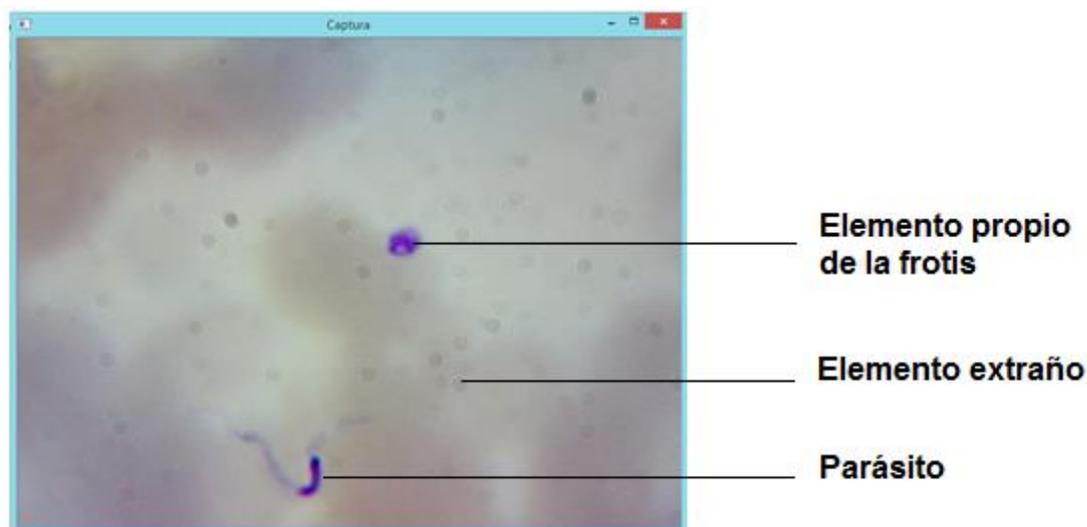


Figura 43 Prueba de Captura de la muestra 1

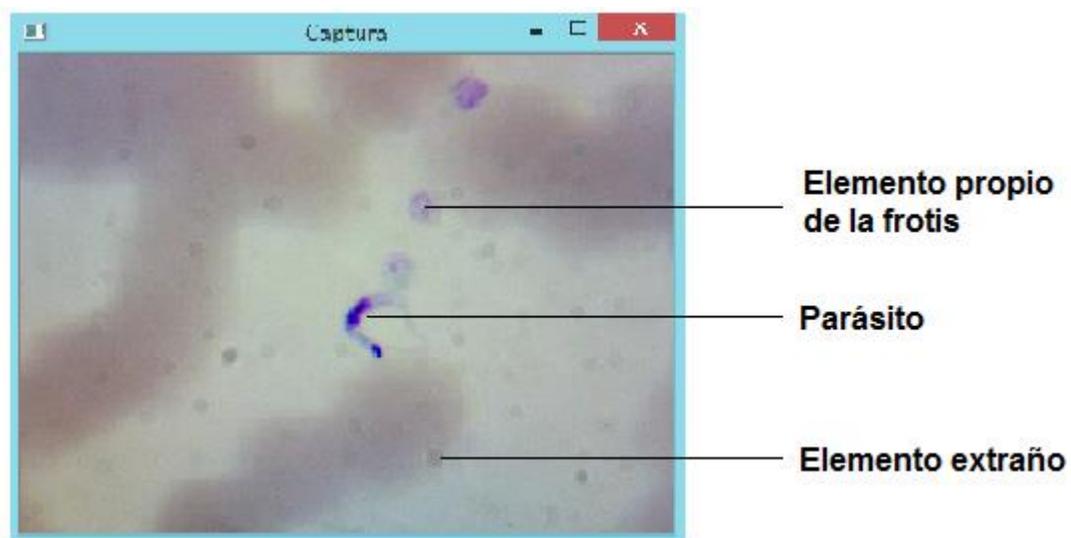


Figura 44 Prueba de Captura de la muestra 2

En la Tabla 6 se indican los resultados de la prueba de la etapa de captura.

Tabla 6
Pruebas de la etapa de Captura

# Muestra	Tamaño	Color	Elementos extraños	
			Altera	No altera
1	OK	OK		X
2	OK	OK		X
3	OK	OK		X
4	OK	OK		X
5	OK	OK		X
6	OK	OK		X
7	OK	OK		X
8	OK	OK		X
9	OK	OK		X
10	OK	OK		X

Los elementos extraños presentes en las imágenes de las muestras son pequeños y no alteran significativamente la imagen, por lo que se considera que los resultados de las pruebas de la etapa de captura del sistema son satisfactorios.

3.2. Pruebas de funcionamiento de segmentación y procesamiento previo

Se desea comprobar las etapas de segmentación y procesamiento previo del sistema con la finalidad de comprobar que los rangos de valores de umbralización establecidos permitan resaltar los parásitos de T. Cruzi de los demás elementos de la misma imagen y para evidenciar que el procesamiento previo realce los elementos resultantes de la segmentación, además de eliminar parte del ruido que pueda existir para así otorgar imágenes más “limpias” para que puedan ser identificados los parásitos.

Para lo cual se parte de las imágenes capturadas de la prueba anterior y se procede a la segmentación y posterior eliminación de ruido con operaciones morfológicas.

Para esta prueba se va a trabajar con la imagen completa de 800 x 600 pixeles, en el sistema ambas etapas son realizadas únicamente sobre la ROI de 100 x 100 pixeles.

Para que los resultados de la prueba sean satisfactorios, las imágenes deben presentar características como:

- Tamaño adecuado.
- No debe existir alteración en la morfología del parásito en el grado que impida su posterior reconocimiento.
- Eliminación de la mayor cantidad de ruido.

En las Figuras 45 y 46 se visualiza las imágenes correspondientes a las pruebas realizadas en las muestras 1 y 2 respectivamente.

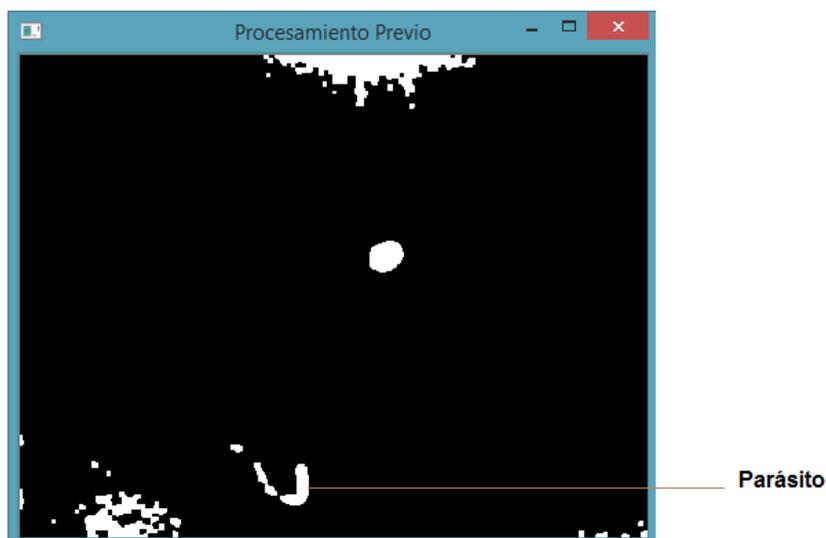


Figura 45 Prueba Segmentación y Procesamiento de la muestra 1



Figura 46 Prueba Segmentación y Procesamiento de la muestra 2

En la Tabla 7 se indican los resultados de la prueba de las etapas de segmentación y procesamiento previo.

Tabla 7
Pruebas de la etapa de Segmentación y Procesamiento previo

# Muestra	Tamaño	Alteraciones morfológicas considerables	Eliminación de ruido adecuado
1	OK	OK	OK
2	OK	OK	OK

CONTINÚA 

3	OK	OK	OK
4	OK	OK	OK
5	OK	OK	OK
6	OK	OK	OK
7	OK	OK	OK
8	OK	OK	OK
9	OK	OK	OK
10	OK	OK	OK

Con los resultados obtenidos se puede establecer dos cosas: la primera es que se observa que las imágenes segmentadas resultantes están conformadas por el parásito y restos de otros objetos de mayor y menor tamaño, por lo cual se confirma que los rangos de valores de umbralización han permitido descartar la mayor parte de los elementos de la imagen y ha permitido que se resalte la presencia de los parásitos de T. Cruzi; la segunda es que se observa que las imágenes resultantes poseen una cantidad de ruido muy reducido debido a las operaciones de procesamiento realizadas, de esta manera se puede entregar a la red neuronal profunda una entrada más “limpia”. Es por ambos motivos que se considera que los resultados de las pruebas de segmentación y procesamiento previo son satisfactorios.

3.3. Pruebas de salida de la matriz espacio-tiempo del 1er. agente

El primer agente inteligente se encarga del seguimiento del parásito, por lo cual es fundamental verificar el funcionamiento del mismo debido a que su salida será la entrada del segundo agente que es el que se encarga del reconocimiento.

Se desea comprobar que la salida del primer agente entregue al segundo agente una matriz de espacio-tiempo adecuada que permita discriminar en la etapa de reconocimiento si la imagen de entrada a la primera red corresponde o no a la de un parásito de T. Cruzi.

Para lo cual se procede a ingresar las imágenes (ROI) de 10 parásitos; que se han sido obtenidos en las pruebas anteriores, a la primera red del sistema. Se debe seguir los siguientes pasos:

- Ubicar la ROI 10 pixeles aproximadamente a la izquierda del centro del parásito.
- Desplazar un pixel a la derecha la ROI.
- Repetir el paso anterior 10 veces.

Cada vez que se ubica la ROI en una posición distinta automáticamente el sistema ingresa la data a la primera red. Con la realización de los pasos anteriores la salida del primer agente será una matriz de espacio-tiempo que será entregado al segundo agente.

En la Figura 47 se visualiza las imágenes correspondientes a las pruebas realizadas en las imágenes de los parásitos de las muestras 1 y 2 respectivamente.

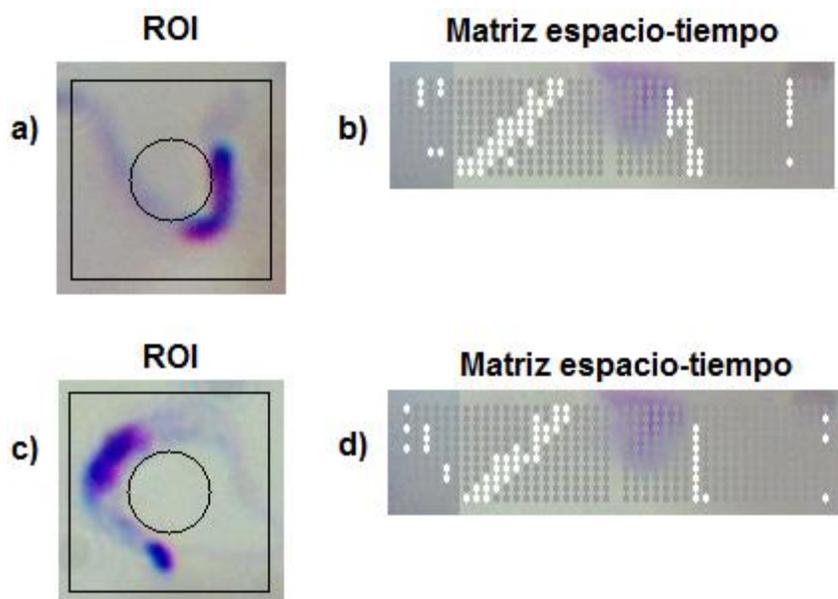


Figura 47 a) Parásito de la muestra 1. b) Matriz espacio-tiempo 1.
c) Parásito de la muestra 2. d) Matriz espacio-tiempo 2

En la Tabla 8 se indican los resultados de la prueba del primer agente inteligente.

Tabla 8
Pruebas del Primer Agente Inteligente

# Parásito	Matriz Espacio-Tiempo
1	OK
2	OK
3	OK
4	OK
5	OK
6	OK
7	OK
8	OK
9	OK
10	OK

Las matrices espacio-tiempo generadas por la salida del primer agente al desplazar la ROI por sobre el parásito son las adecuadas para que puedan ser ingresadas al segundo agente; cabe destacar que ambas matrices mantienen una similitud debido a que la primera red se encarga netamente del seguimiento. Es por ello que se considera que los resultados de las pruebas del primer agente inteligente son satisfactorios.

3.4. Pruebas de funcionamiento del sistema con banco de imágenes

Es necesario definir para la realización de la prueba de funcionamiento del sistema de detección con banco de imágenes los objetivos, la planificación, el banco de pruebas y la forma de interpretación y validación de los resultados que se obtendrán.

3.4.1 Definición de los objetivos de la prueba

Se desea comprobar el funcionamiento del sistema de detección de parásitos de T. Cruzi en imágenes adquiridas con el Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B y la cámara digital modelo M200, estas imágenes serán almacenadas en una carpeta dentro de la computadora y funcionarán como banco de imágenes para las pruebas.

3.4.2 Diseño de la prueba de funcionamiento del sistema

Para efectuar las pruebas de funcionamiento del sistema de detección se realizarán los ensayos en 100 imágenes capturadas previamente, 50 corresponde a imágenes infectadas con parásitos de T. Cruzi y 50 corresponden a imágenes saludables.

3.4.3 Planificación de la prueba de funcionamiento del sistema

Para la realización de la prueba es necesaria la obtención del banco de imágenes con la ayuda del microscopio y de la cámara digital se procede a fotografiar distintos campos microscópicos de la frotis sanguínea hasta obtener 50 imágenes infectadas con parásitos y 50 imágenes saludables. Dentro del programa se debe escoger en el menú la opción de ingreso con “Banco de imágenes”.

Para la toma de fotografías se procede de la siguiente forma con el microscopio:

1. Enchufar el microscopio y encender el microscopio.
2. Colocar en primera instancia el objetivo de menor aumento (4x) para lograr un enfoque correcto.

3. Subir el condensador utilizando el tornillo correspondiente y aumentar a la mayor intensidad de la lámpara.
4. Colocar un portaobjetos preparado con la frotis en la platina.
5. Enfocar la lámina mirando a través del ocular y lentamente mueva el tornillo macrométrico, si se desea obtener mayor precisión usar el tornillo micrométrico.
6. Una vez enfocado girar la rueda de objetivos hasta una posición intermedia, colocar una gota de aceite de inmersión directamente en la frotis y cambiar la rueda de objetivos hasta el más alto aumento (100x)
7. Si se han seguido los pasos anteriores correctamente, la muestra debe estar correctamente enfocada, caso contrario repetir desde el paso 2.
8. Una vez enfocado quitar uno de los lentes oculares y reemplazarlo por la cámara M200 y conectar el cable USB a la computadora.
9. Esperar que se reconozca la cámara y con las perillas de desplazamiento de la platina ubicar los campos visuales para la toma de fotografías.
10. Almacenar cada una de las fotografías en la carpeta del banco de pruebas dentro de la carpeta del proyecto.
11. Repetir el paso 9 y 10 hasta obtener la cantidad de fotografías deseadas.
12. Una vez finalizada la toma de fotografías desconectar la cámara, con el tornillo micrométrico desplazar la platina verticalmente de manera que el lente objetivo se aleje de la muestra.
13. Retirar la muestra y colocarla sobre papel absorbente para retirar los residuos del aceite de inmersión.
14. Apagar el microscopio.

3.4.4 Prototipo y banco de pruebas

Para realizar las pruebas de funcionamiento del sistema de detección es necesario de los siguientes elementos:

- Computadora portátil.
- Programa del Sistema de Detección de parásitos de T. Cruzi en muestras serológicas usando técnicas de visión artificial (Trypanosoma Cruzi Tracker).
- Banco de imágenes de las muestras.

En la Figura 48 se indica los elementos del banco de pruebas de funcionamiento del sistema con banco de imágenes.

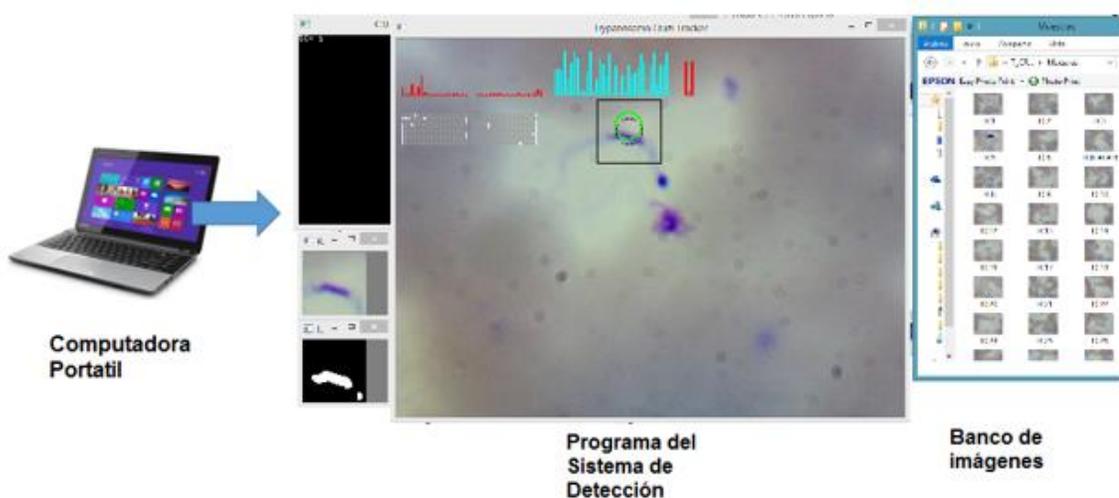


Figura 48 Banco de pruebas

3.4.5 Interpretación y validación de resultados de la prueba

El sistema de detección analizará de forma automática cada una de las imágenes del banco en busca de parásitos de T. Cruzi, una vez analizada la imagen se procede a generar un reporte de muestra infectada o saludable según sea el caso. Según la metodología de métodos de diagnóstico

parasitólogo del SNEM (2013) se establece que si el parásito es visualizado, se confirma el diagnóstico de infección por lo que no hay necesidad de realizar otros exámenes.

En la Tabla 9 se presentan los resultados obtenidos de la prueba.

Tabla 9
Pruebas de funcionamiento del sistema con banco de imágenes

Tipo de muestra	Cantidad	Correcto	Incorrecto
Infectada	50	47	3
Saludable	50	43	7
Total:	100	90	10

Dentro de los resultados del tipo de muestra infectada se encuentran elementos falso-positivos como los que se indican en la Figura 49. Aunque haya existido un error en su detección, el parásito contenido en el mismo campo microscópico fue detectado correctamente, por lo que el informe final emitido por el sistema es el de una muestra “Infectada” catalogando la prueba como correcta.

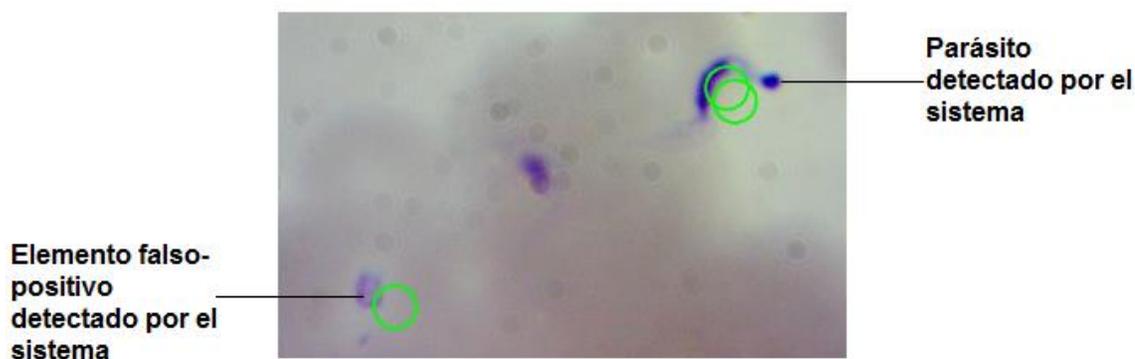


Figura 49 Elemento falso-positivo

Cabe destacar que el proyecto busca desarrollar una herramienta de apoyo para facilitar la detección de parásitos de *T. Cruzi*, más no es un sistema que tiene la capacidad de diagnosticar directamente a un paciente, los resultados

del sistema siempre deben ser validados por un técnico especializado en el campo de la salud.

La duración de la prueba fue de aproximadamente 57 minutos; es decir, alrededor de 34 segundos por campo microscópico.

Cálculo del error del sistema de detección para muestras infectadas y saludables en pruebas realizadas con banco de imágenes:

$$e_p = \frac{I_d - D_i}{I_d} \times 100$$

Ecuación 10 Error Porcentual

Donde:

e_p = Error porcentual, [%]

I_d = Imágenes detectadas

D_i = Detección Incorrecta

Reemplazando con los valores obtenidos:

$$e_p = \frac{100 - 90}{100} \times 100$$

$$e_p = 10\%$$

El error porcentual del funcionamiento del sistema con banco de imágenes es de 10%, por lo que su porcentaje de confiabilidad es de 90% en base a las pruebas realizadas con muestras infectadas y saludables.

3.5. Pruebas de funcionamiento del sistema con imágenes en tiempo real

Es necesario definir para la realización de la prueba de funcionamiento del sistema de detección con imágenes en tiempo real los objetivos, la

planificación, el banco de pruebas y la forma de interpretación y validación de los resultados que se obtendrán.

3.5.1 Definición de los objetivos de la prueba

Se desea comprobar el funcionamiento del sistema de detección de parásitos de *T. Cruzi* en imágenes adquiridas en tiempo real con el Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B y la cámara digital modelo M200, los campos microscópicos visualizados en la cámara ingresarán directamente al sistema de detección.

3.5.2 Diseño de la prueba de funcionamiento del sistema

Para efectuar las pruebas de funcionamiento del sistema de detección se realizarán los ensayos en 100 campos microscópicos visualizados en la cámara M200, 50 corresponden a campos que contengan parásitos de *T. Cruzi* y 50 corresponden a campos saludables.

3.5.3 Planificación de la prueba de funcionamiento del sistema

Para la realización de la prueba es necesaria realizar el enlace entre la cámara digital y el sistema de detección para lo cual en el menú del programa se debe escoger la opción de ingreso en “Tiempo Real”.

Es necesario realizar los pasos 1 al 8 de la Sección 3.4.3 para enfocar la muestra de forma adecuada, luego se procede de la siguiente forma:

1. Ubicar con las perillas de desplazamiento de la platina el campo microscópico que se desee analizar.
2. Inicializar el sistema y esperar que se generen los resultados.

3. Repetir los pasos 1 y 2 hasta analizar todos los campos microscópicos deseados.
4. Una vez finalizado el análisis, cerrar el programa del sistema de detección.
5. Desconectar la cámara, con el tornillo micrométrico desplazar la platina verticalmente de manera que el lente objetivo se aleje de la muestra.
6. Retirar la muestra y colocarla sobre papel absorbente para retirar los residuos del aceite de inmersión.
7. Apagar el microscopio.

3.5.4 Prototipo y banco de pruebas

Para realizar las pruebas de funcionamiento del sistema de detección es necesario de los siguientes elementos:

- Computadora portátil.
- Programa del Sistema de Detección de parásitos de T. Cruzi en muestras serológicas usando técnicas de visión artificial (Trypanosoma Cruzi Tracker).
- Microscopio Binocular Compuesto AmScope, modelo B120B
- Cámara digital modelo M200 conectada mediante USB a la computadora que contiene el sistema.

En la Figura 50 se indica los elementos del banco de pruebas de funcionamiento del sistema con imágenes en tiempo real.

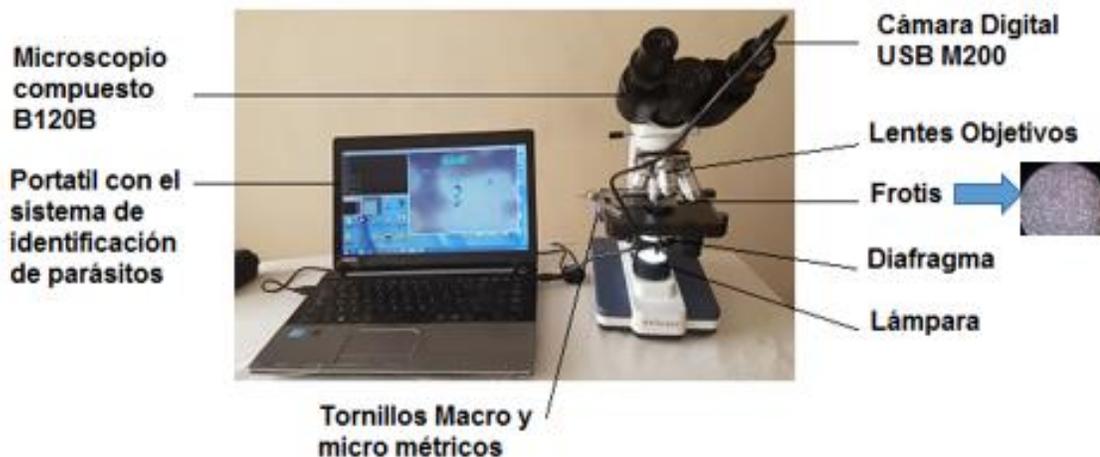


Figura 50 Banco de Pruebas

3.5.5 Interpretación y validación de resultados de la prueba

El sistema de detección analizará cada uno de los campos microscópicos que se seleccionen de forma automática, una vez analizado el campo se procede a generar un reporte de muestra infectada o saludable según sea el caso. Según la metodología de métodos de diagnóstico parasitólogo del SNEM (2013) se establece que si el parásito es visualizado, se confirma el diagnóstico de infección por lo que no hay necesidad de realizar otros exámenes.

En la Tabla 10 se presentan los resultados obtenidos de la prueba.

Tabla 10
Pruebas de funcionamiento con imágenes en tiempo real

Tipo de muestra	Cantidad	Correcto	Incorrecto
Infectada	50	43	7
Saludable	50	46	4
Total:	100	89	11

De las 100 muestras usadas para el sistema, el sistema identificó y discriminó correctamente 43 del tipo infectada y 46 del saludable, obteniendo un

total de 89 muestras correctas. Para calcular el error se reemplaza los valores obtenidos en la Ecuación 10:

$$e_p = \frac{100 - 89}{100} \times 100$$

$$e_p = 11\%$$

El error porcentual del funcionamiento del sistema con imágenes en tiempo real es de 11%, por lo que su porcentaje de confiabilidad es de 89% en base a las pruebas realizadas con muestras infectadas y saludables.

Cabe destacar que los resultados obtenidos en las pruebas de funcionamiento del sistema tanto con banco de imágenes e imágenes en tiempo real son similares.

3.6. Alcances y Limitaciones

3.6.1 Alcances

- El sistema puede analizar imágenes de campos microscópicos que estén almacenados en la PC o capturando imágenes en “tiempo real” usando la cámara para microscopio M200.
- El sistema emite informes para su posterior revisión por parte del técnico especializado en salud de cada uno de las imágenes que analice.
- El sistema puede trabajar las 24 horas del día sin limitaciones de tiempo.
- Una imagen de un campo microscópico puede ser analizado en aproximadamente 34 segundos.

3.6.2 Limitaciones

- El tamaño de las imágenes para que sean analizadas por el sistema debe ser de 800 x 600 píxeles.
- Las imágenes de los campos microscópicos deben ser realizadas con un aumento de 1000x y usando aceite de inmersión.
- El sistema trabaja con frotis sanguíneos que hayan sido preparadas previamente por personal debidamente calificado.
- El sistema no fue desarrollado para diagnosticar, sino más bien como una herramienta de diagnóstico asistido por computador para ayudar en la detección de parásitos de *T. Cruzi* en muestras serológicas por lo que siempre debe usarse bajo la supervisión de personal calificado en el campo de la salud para validar los resultados.

3.7. Validación de la Hipótesis

La hipótesis formulada para la realización del presente proyecto es:

El sistema de Visión Artificial desarrollado tendrá la capacidad de detectar parásitos de *Trypanosoma* en las imágenes de muestras serológicas de manera rápida y eficaz.

La hipótesis ha sido validada en base a las siguientes razones:

- El sistema desarrollado tiene la capacidad de analizar una imagen de campo microscópico en aproximadamente 34 segundos; el sistema puede trabajar continuamente por lo que no necesita descanso aprovechándose de mejor manera el tiempo. Este valor fue obtenido mediante las pruebas realizadas en una computadora Intel(R) Core(TM) i5-3230M CPU 2.6Ghz; una computadora de mejores prestaciones analizaría las imágenes más rápido.
- El sistema ha sido capaz de identificar y discriminar de manera exitosa imágenes saludables de infectadas con *T. Cruzi* con un error

porcentual de aproximadamente 11%, valor que ha sido obtenido mediante pruebas de funcionamiento del sistema tanto con imágenes procedentes de un banco u obtenidas en tiempo real.

- El sistema automatiza el procesamiento de grandes volúmenes de información y es ideado como una herramienta para facilitar la detección de parásitos de T. Cruzi en muestras serológicas, sin embargo, debe usarse siempre bajo la supervisión de personal calificado.

3.8. Costos

Los costos del sistema son mostrados en la Tabla 11.

Tabla 11
Costos del sistema

Orden	Descripción	Cantidad	Valor Unitario	Valor
1	Microscopio Binocular Compuesto (B120B)	1	330.00	330.00
2	Cámara para microscopio (M200)	1	90.00	90.00
3	Licencia Software	2	0.00	0.00
4	Horas Ingeniería	500	2.47	1233.09
5	Varios	1	150.00	150.00
TOTAL:				\$1803.09

3.9. Proyectos futuros

El actual proyecto sirve de base para el desarrollo de sistemas de diagnóstico asistido por computadora de otras enfermedades como:

- Mal del sueño, es causada por un parásito protista denominado Trypanosoma brucei y se encuentra en el flujo sanguíneo de la persona.

- Leishmaniasis, es causada por el protozoo del género Leishmania, afecta a las poblaciones más pobres del planeta.
- Tuberculosis, es una infección bacteriana que ataca principalmente a los pulmones.

En general cualquier enfermedad cuyo diagnóstico sea realizado con la ayuda de imágenes médicas.

Además se plantea el desarrollo de un sistema de movimiento automático de la platina del microscopio, con la finalidad de automatizar en mayor nivel el análisis de las muestras serológicas; es decir, luego de analizar un campo microscópico, la platina se desplazará a la siguiente posición para continuar con el análisis. Un bosquejo se muestra en la Figura 51.

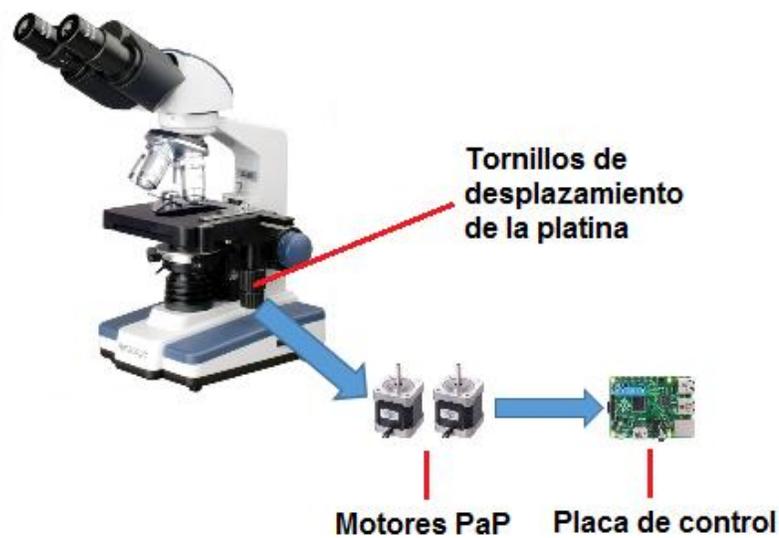


Figura 51 Esquema del posicionador automático de platina

CAPÍTULO IV

4. Conclusiones y Recomendaciones

En este capítulo se enuncias las conclusiones y recomendaciones que se obtuvieron a partir del desarrollo del presente trabajo de identificación de parásitos de Trypanosoma Cruzi en imágenes de muestras serológicas.

4.1. Conclusiones

- Se desarrolló un sistema para la detección de parásitos de Trypanosoma Cruzi en muestras serológicas usando elementos de Inteligencia Artificial (IA): Visión Artificial (VA) y Redes Neuronales Artificiales (RNA).
- El sistema desarrollado no es invasivo de ninguna forma, por lo que no afecta la composición ni la estructura de las frotis sanguíneas que sean analizadas con el mismo.
- Se ha logrado entrenar dos agentes inteligentes, cada uno de los agentes está conformado por una RNA de 3 capas entrenadas de forma individual, que en conjunto forman una estructura profunda de 6 capas.
- El sistema tiene la capacidad de analizar la fotografía de un campo microscópico tomado a 1000x y generar los resultados correspondientes en aproximadamente 34 segundos. Este tiempo puede acortarse con el uso de una computadora con mejores prestaciones.
- El sistema puede funcionar sin límite de tiempo, y no necesita tiempos de descanso por lo que se optimiza tiempos de análisis de frotis sanguíneas.

- El sistema fue desarrollado como una herramienta para el diagnóstico asistido por computador, no puede diagnosticar la enfermedad al paciente de forma autónoma, todos los resultados obtenidos del sistema deben ser validados personal calificado en el área de la salud.
- Se ha establecido un porcentaje de confiabilidad de 89.5% tanto para muestras analizadas procedentes de Banco de Imágenes e imágenes obtenidas con un microscopio y una cámara en tiempo real.
- El uso de Visión Artificial y redes neuronales profundas permitió desarrollar una herramienta que semi-automatiza el procesamiento de grandes cantidades de información.
- Las RNA han sido realizadas en lenguaje C++ y el procesamiento digital de las imágenes fue realizado con el uso de librerías de OpenCV versión 2.4.10.
- La mejor opción siempre será la visión humana, pero hay factores positivos para el uso de la visión por computador y es que una persona está expuesta a cometer errores, puede dar respuestas lentas, la persona se cansa y algunos otros inconvenientes que conllevaría a la no solución del problema.
- El desarrollo de sistemas puede resultar tan complejo que incluso no se podría llegar a conseguir los resultados deseados., es por ello que se tuvo que definir un error máximo aceptable que le permita al sistema ser liberado.
- Las investigaciones en el campo de la visión artificial aumentan cada día, una muestra de eso es la creciente ola de aplicaciones en clasificación, reconocimiento de objetos, en robótica, en la medicina y muchos otros más.
- El sistema puede ser migrado y adaptado para la identificación de otro tipo de parásitos y/o bacterias que causen enfermedades cuya

diagnóstico se realice en base de imágenes, como el Mal del Sueño, Leishmaniasis, etc.

4.2. Recomendaciones

- En la conformación de los Bancos de Imágenes o en el análisis en tiempo real de las muestras, las frotis deben ser manipuladas con mucho cuidado y evitando su contaminación con objetos extraños como polvo, debido a que por el aumento (1000x) necesario en los campos microscópicos, partículas muy pequeñas pueden llegar a alterar significativamente los resultados.
- Se recomienda usar computadoras con procesadores similares a la gama I7 o superiores para reducir los tiempos de análisis por imagen de campo microscópico, mejorando así la eficiencia del sistema.
- En el mercado existen dispositivos para la obtención de fotografías microscópicas de mejor calidad y de mejores marcas, si se deseara cambiar los dispositivos usados en este proyecto se recomienda realizar previamente un análisis costo-beneficio.
- Se puede disminuir el aumento usado en el microscopio para abarcar mayor área por campo microscópico, pero se debe tomar en cuenta que las RNA deben ser reentrenadas debido a que el tamaño de los parásitos de *T. Cruzi* se reducirían proporcionalmente al aumento usado.
- Se sugiere limpiar el lente objetivo del microscopio con alcohol industrial y algodón luego de cada análisis en tiempo real o en la conformación del banco de imágenes debido a que se añade aceite de inmersión directamente en la frotis para el uso de aumentos de 1000x y sus residuos pueden alterar los resultados de futuros análisis.

- Se recomienda no usar iluminación externa directamente sobre la frotis sanguínea, debido a que el microscopio cuenta con su propia lámpara para iluminación.
- Aunque el sistema puede trabajar sin límite de tiempo se recomienda planificar su tiempo de funcionamiento para evitar que tanto la computadora, el microscopio y la cámara sufran daños.
- Se recomienda el desarrollo de este tipo de sistemas de diagnóstico asistido por computador para otras enfermedades, como el Mal del Sueño, Leishmaniasis, entre otras cuyo diagnóstico se base en la toma y análisis de imágenes médicas.
- Se recomienda el desarrollo de un posicionador automático de la platina en el microscopio, con la finalidad de automatizar en mayor grado el análisis de las frotis sanguíneas y de esta forma reducir su tiempo de análisis.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alcha. (2014). *La Enfermedad de Chagas - Mazza*. Buenos Aires: Telecom.
- Alonso, R. R., & Domínguez, V. (2014). *Reconocimiento de Caracteres en Imagen Digital, una Aplicación al Reconocimiento Automático de Placas de Vehículos*. Recuperado el 09 de Septiembre de 2016, de www.une.edu.py:82/fpune_scientific/index.php/fpunescientific/article/.../41/46
- AmScope. (2016). Recuperado el 23 de Mayo de 2016, de <http://www.amscope.com/40x-2000x-led-digital-binocular-compound-microscope-w-3d-stage-2mp-usb-camera.html>.
- AmScope. (2016). *40X-2000X LED Lab Binocular Compound Microscope*. Recuperado el 23 de Mayo de 2016, de <http://www.amscope.com/40x-2000x-led-lab-binocular-compound-microscope-w-3d-two-layer-mechanical-stage.html>
- Basogain, X. (2014). *Introducción a la Computación Neuronal*. Escuela Superior de Ingeniería de Bilbao. Recuperado el 14 de Marzo de 2014, de http://www.ciberesquina.una.edu.ve:8080/2014_2/350_E.pdf
- Beltrán, C. (2012). Aplicación de redes neuronales artificiales en la clasificación de textos académicos según disciplina: Biometría, Filosofía y Lingüística informática. *Revista de Epistemología y Ciencias Humanas*, 15-25.
- Biasoni , E., Larcher, L., Cattaneo, C., Ruggeri, A., & Herrera, C. (01 de Noviembre de 2011). *Algoritmo para detección de bordes y ulterior determinación de objetos en imágenes digitales*. Recuperado el 09 de Septiembre de 2016, de <http://www.cimec.org.ar/ojs/index.php/mc/article/viewFile/3955/3872>
- Bradski, G., & Kaehler, A. (2008). *Learning OpenCV: Computer Vision with the OpenCV Library*. O'Reilly.

- Canepa, G. E. (2010). *Trypanosoma cruzi*. Buenos Aires: Universidad de Buenos Aires.
- CDC. (29 de Noviembre de 2013). *American Trypanosomiasis*. Recuperado el 17 de Abril de 2016, de <http://www.cdc.gov/dpdx/trypanosomiasisAmerican/gallery.html>
- Chang , O., Constante, P., & Gordon, A. (2015). A deep architecture for visually analyze Pap cells. *Automatic Control (CCAC), 2015 IEEE 2nd Colombian Conference on* (págs. 1 - 6). Manizales: IEEE. doi:10.1109/CCAC.2015.7345210
- Chernov, V., Alander, J., & Bochko, V. (19 de Agosto de 2015). Integer-based accurate conversion between RGB and HSV color spaces. *Elsevier Computers and Electrical Engineering*.
- Cruz, O. (s.f.). *Morphology*. Recuperado el 17 de Abril de 2016, de stanford.edu: <https://web.stanford.edu/class/humbio103/ParaSites2004/Trypanosomiasis/morphology.htm>
- Cubides, J. (16 de Agosto de 2013). *Tipos de sinapsis y neurotransmisores*. Recuperado el 31 de Marzo de 2016, de <http://fisiologiagralmvzcartagena.blogspot.com/2013/02/tipos-de-sinapsis-y-neurotransmisores.html>
- Deng, L., & Yu, D. (05 de 2013). *DEEP LEARNING: Methods and Applications* (Vol. 7). Redmond, WA: Foundations and Trends. doi:10.1561/20000000039
- Escobar, R. (01 de Abril de 2014). *Redes neuronales, procesos cognoscitivos y análisis de la conducta*. (Conductual, Ed.) Recuperado el 30 de Marzo de 2016, de <http://conductual.com/content/redes-neuronales-procesos-cognoscitivos-y-analisis-de-la-conducta>
- Fabrizio, M. d. (2011). *Tesis Doctoral: Modelización y estudio de la propagación de la infección por Trypanosoma cruzi en escenarios rural y urbano*.

Buenos Aires: Universidad de Buenos Aires. Obtenido de http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/Tesis/Tesis_4927_Fabrizio.pdf

García, B. (25 de Noviembre de 2015). *Implementación de Técnicas de Deep Learning*. (ULL, Ed.) Recuperado el 31 de Marzo de 2016, de <http://riull.ull.es/xmlui/handle/915/1409>

García, V. (22 de Febrero de 2014). *¿Cuáles son las funciones de los condensadores en los microscopios?* Recuperado el 09 de Septiembre de 2016, de http://www.ehowenespanol.com/cuales-son-funciones-condensadores-microscopios-info_233266/

Garzón, E. (2015). *Ecuador le hace frente a la enfermedad de Chagas*. Quito: Universidad Católica del Ecuador (PUCE).

Guerra, S., & Lomaña, Y. (Enero de 2013). *Optimización de la Estimación de DOA en Sistemas de Antenas Inteligentes usando criterios de Redes Neuronales*. Recuperado el 28 de Octubre de 2016, de http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1815-59282013000100006

Higuita, L. (30 de Abril de 2016). *Trypanosoma cruzi*. Recuperado el 09 de Septiembre de 2016, de <http://aprendeonline.udea.edu.co/lms/moodle/mod/page/view.php?id=101140>

Izaurieta, F., & Saavedra, C. (s.f.). *Redes neuronales artificiales*. Concepción: Departamento de Física, Universidad de Concepción Chile. Recuperado el 14 de Marzo de 2016

Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. (2012). Imagenet classification with deep convolutional neural networks. *Proceedings of Neural Information Processing Systems (NIPS)*.

- Le, Q., Ranzato, M., & Monga, R. (2012). Building high-level features using large scale unsupervised learning. *Proceedings of International Conference on Machine Learning (ICML)*.
- López, R. (07 de Mayo de 2014). *¿Qué es y cómo funciona “Deep Learning”?* Recuperado el 14 de Marzo de 2016, de <https://rubenlopezg.wordpress.com/2014/05/07/que-es-y-como-funciona-deep-learning/>
- Marugán, F. (19 de Noviembre de 2011). *Imagen Digital*. Recuperado el 19 de Abril de 2016, de <http://instituto.iescla.org/wp-content/uploads/2011/11/Integraci...pdf>
- Monroy, J. (2013). *COMPONENTE CHAGAS-LEISHMANIASIS-ONCOCERCOSIS*.
- OMS. (Marzo de 2016). *La Enfermedad de Chagas*. Recuperado el 17 de Abril de 2016, de <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs340/es/>
- OpenCV. (2016). *Load and Display an Image*. Recuperado el 19 de Abril de 2016, de http://docs.opencv.org/2.4/doc/tutorials/introduction/display_image/display_image.html
- OpenCV. (2016). *Open Source Computer Vision*. Recuperado el 13 de Abril de 2016, de <http://opencv.org/>
- Ramirez, I. M. (2011). *Incidencia de la Enfermedad de Mal de Chagas*. Babahoyo - Los Rios: Universidad Técnica de Babahoyo.
- Schmidhuber, J. (2014). Deep Learning in Neural Networks: An Overview. *CoRR, IEEE Transactions*. Recuperado el 31 de Marzo de 2016, de <http://arxiv.org/abs/1404.7828>
- Serrano, V. (s.f.). *Visión por Computador* (2da ed.). S.L. - DYKINSON. Recuperado el 17 de Abril de 2016

SNEM. (2013). *PROYECTO DE VIGILANCIA Y CONTROL DE VECTORES PARA LA PREVENCIÓN DE LA TRANSMISIÓN DE ENFERMEDADES METAXENICAS EN EL ECUADOR*. Guayaquil.

Sociedad Aragonesa de Cardiología. (2014). *Enfermedad de Chagas*. Zaragoza.

Sucar, L. E., & Gómez, G. (2011). *Visión computacional*. Puebla: Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica.

Uribarren, T. (24 de Octubre de 2016). *ENFERMEDAD DE CHAGAS*. Recuperado el 08 de Noviembre de 2016, de <http://www.facmed.unam.mx/deptos/microbiologia/parasitologia/trypanosomosis.html>

Wikipedia. (03 de Abril de 2016). *Enfermedad de Chagas*. Recuperado el 17 de Abril de 2016, de https://es.wikipedia.org/wiki/Enfermedad_de_Chagas

Wikipedia. (08 de Marzo de 2016). *OpenCV*. (L. e. Wikipedia, Editor) Recuperado el 13 de Abril de 2016, de <https://es.wikipedia.org/w/index.php?title=OpenCV&oldid=89679957>

Yu, A. (2015). *Trypanosoma Cruzi - Enfermedad de Chagas*. México D. F. : MEDICINA CLÍNICA Y QUIRÚRGICA. Obtenido de <http://medicinaclinicaquirurgica.blogspot.com/2015/11/trypanosoma-cruzi-enfermedad-de-chagas.html>

ANEXOS



ESPE

UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA ENERGÍA Y MECÁNICA

CARRERA DE INGENIERÍA MECATRÓNICA

CERTIFICACIÓN

Se certifica que el presente trabajo fue desarrollado por el señor: **SANTIAGO DAVID ZURITA ARMIJOS**.

En la ciudad de Latacunga, a los **20 días del mes de diciembre del 2016**.

Ing. Patricia Constante, M.Sc.

DIRECTOR DEL PROYECTO

Aprobado por:

Ing. Vicente Hallo

DIRECTOR DE CARRERA

SECRETARIO ACADÉMICO