



Universidad
Señor de Sipán

**FACULTAD DE INGENIERÍA, ARQUITECTURA Y
URBANISMO**

ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA DE SISTEMAS

TRABAJO DE INVESTIGACIÓN

**Identificación de patógenos causantes de
infecciones intestinales mediante redes neuronales:
Una revisión sistemática**

**PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE BACHILLER
EN INGENIERÍA DE SISTEMAS**

Autores:

Altamirano Chavez Dilmer

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2083-8033>

Villanueva Rojas Angel Obed

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8702-0431>

Asesor:

Mg. Arcila Diaz Juan Carlos

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7788-951X>

Línea de Investigación:

**Ciencias de la información como herramientas multidisciplinares
y estratégicas en el contexto industrial y de organizaciones**

Sublínea de Investigación:

**Informática y transformación digital en el contexto industrial y
organizacional**

Pimentel – Perú

2025



DECLARACIÓN JURADA DE ORIGINALIDAD

Quienes suscribimos la **DECLARACIÓN JURADA**, somos Altamirano Chavez Dilmer y Villanueva Rojas Angel Obed de los egresados, del programa de estudios de Ingeniería de Sistemas, de la Universidad Señor de Sipán S.A.C, declaramos bajo juramento que somos autores del trabajo titulado:

Identificación de patógenos causantes de infecciones intestinales mediante redes neuronales: Una revisión sistemática

El texto de mi trabajo de investigación responde y respeta lo indicado en el Código de Ética del Comité Institucional de Ética en Investigación de la Universidad Señor de Sipán (CIEI USS) conforme a los principios y lineamientos detallados en dicho documento, en relación a las citas y referencias bibliográficas, respetando al derecho de propiedad intelectual, por lo cual informo que la investigación cumple con ser inédito, original y auténtico.

En virtud de lo antes mencionado, firman:

Altamirano Chavez Dilmer	DNI: 71063956	
Villanueva Rojas Angel Obed	DNI: 74124977	

Pimentel, 12 de enero del 2025

Dedicatoria

A mis hermanos, padres y a Dios por su apoyo constante y por ser la piedra angular de cada uno de los pequeños pasos que nos permitieron obtener este logro.

A nuestros docentes por sus enseñanzas y su compromiso con nuestra formación académica y personal a lo largo de estos cinco años.

Agradecimientos

A Dios por concedernos la salud, fortaleza y conocimiento necesario para alcanzar esta meta tan importante para nosotros.

A nuestros padres por su apoyo incesante e incondicional.

A nuestro asesor Mg. Arcila Díaz Juan Carlos por su orientación y respaldo en cada paso de esta investigación.

Índice

Dedicatoria.....	3
Agradecimientos.....	4
Índice de tablas.....	6
Índice de figuras.....	6
Resumen.....	7
I. INTRODUCCIÓN.....	9
1.1. Realidad problemática.....	9
1.2. Formulación del problema.....	12
1.3. Hipótesis.....	12
1.4. Objetivos.....	12
1.5. Teorías relacionadas al tema.....	12
II. MÉTODO DE INVESTIGACIÓN.....	20
III. RESULTADOS.....	26
IV. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES.....	44
V. REFERENCIAS.....	48
ANEXOS.....	59

Índice de tablas

Tabla 1 Cadenas de búsqueda	22
Tabla 2 Datos extraídos.	23
Tabla 3 Artículos seleccionados.....	28

Índice de figuras

Figura 1. Diagrama de Venn de conceptos y clases de Machine Learning.....	14
Figura 2. Componentes CNN	16
Figura 3. Proceso de detección de objetos basado en YOLO	17
Figura 4. Proceso de Faster-R-CNN y Mask-RCNN.....	18
Figura 5. Proceso de mapeo sistemático utilizado.	21
Figura 6. Proceso de clasificación de artículos.....	25
Figura 7. Procesamiento de artículos.....	26
Figura 8. Modelos usados.....	38
Figura 9. Patógenos estudiados.....	39
Figura 10. Publicaciones por año.....	41

Resumen

Esta revisión sistemática examina la aplicación de Redes Neuronales Convolucionales (CNN) en la identificación de patógenos causantes de enfermedades. Haciendo uso de la metodología PRISMA con mapeo sistemático se analizaron 52 artículos publicados entre 2021 y 2025, seleccionados de un total inicial de 1915 artículos de tres bases de datos científicas. El objetivo fue identificar arquitecturas más efectivas en la detección de patógenos intestinales. Los resultados revelaron que los modelos YOLO, Faster R-CNN y ResNet tienen rendimientos superiores, mostrando exactitudes entre 71-99.9% y métricas promedio de precisión del 85-98%. Gran parte de los estudios se centraron en Plasmodium, bacterias, virus, parásitos y hongos, utilizando mayormente imágenes microscópicas RGB. Las arquitecturas más destacadas incluyeron YOLO para Plasmodium (mAP 96.32%), ResNet para bacterias (exactitud 97.78%) y RF-CNN-GRU para parásitos (exactitud 99.8%). Se pudo identificar una evidente evolución hacia modelos híbridos más eficientes, con potencial significativo para mejorar diagnósticos en entornos con recursos limitados. La investigación concluye que el campo de la detección de patógenos mediante CNN está en rápida evolución, con una inclinación por las arquitecturas más robustas, profundas, rápidas y ligeras como es el caso de MobileNet una CNN enfocada más para dispositivos móviles, debido a su baja capacidad computacional. Asimismo, las tendencias metodológicas apuntan hacia un enfoque híbrido que combina múltiples arquitecturas y técnicas de preprocesamiento estandarizadas.

Palabras Clave: Redes Neuronales Convolucionales, Parásitos, Bacterias, Patógenos, Detección, Imágenes RGB.

Abstract

This systematic review examines the application of Convolutional Neural Networks (CNN) in the identification of disease-causing pathogens. Using PRISMA methodology with systematic mapping, 52 articles published between 2021 and 2025 were analyzed, selected from an initial total of 1915 articles from three scientific databases. The objective was to identify more effective architectures in the detection of intestinal pathogens. The results revealed that YOLO, Faster R-CNN and ResNet models have superior performances, showing accuracies between 71-99.9% and average accuracy metrics of 85-98%. Most of the studies focused on Plasmodium, bacteria, viruses, parasites and fungi, using mostly RGB microscopic images. The most prominent architectures included YOLO for Plasmodium (mAP 96.32%), ResNet for bacteria (accuracy 97.78%) and RF-CNN-GRU for parasites (accuracy 99.8%). A clear evolution towards more efficient hybrid models could be identified, with significant potential to improve diagnostics in resource-limited settings. The research concludes that the field of pathogen detection using CNNs is rapidly evolving, with an inclination towards more robust, deeper, faster and lighter architectures such as MobileNet, a CNN focused more on mobile devices, due to its low computational capacity. Also, methodological trends point towards a hybrid approach combining multiple architectures and standardized preprocessing techniques.

Keywords: Convolutional Neural Networks, Parasites, Bacteria, Pathogens, Detection, RGB Images.

I. INTRODUCCIÓN

1.1. Realidad problemática.

La detección de patógenos en el cuerpo humano es de suma importancia, pues ha permitido identificar, clasificar y estudiar su forma exterior e interior, así como su comportamiento y reacciones en un determinado entorno. A lo largo de los años, su estudio y las investigaciones constantes han permitido, no sólo identificarlos de manera precisa, sino conocer su origen, síntomas e incluso crear fármacos que controlen, eliminen [1] o enseñen a nuestro cuerpo a hacerlo [2]. Es importante destacar que estos microorganismos pueden causar entre leves a graves síntomas, que tienen consecuencias sociales y económicas significativas para la población. Históricamente, incluso hasta en la actualidad, el proceso de detección ha sido realizado de forma manual, lo cual también es conocido como método tradicional, requiriendo un esfuerzo considerable por parte de los profesionales de la salud.

Por otro lado, las enfermedades causadas por patógenos intestinales continúan siendo un desafío significativo para la salud pública global, debido a la gran cantidad de infecciones. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), estas infecciones gastrointestinales causan aproximadamente 1.7 mil millones de casos de diarrea infantil anualmente, lo que resulta en más de 440 mil muertes en niños menores de cinco años [3]. Asimismo, en regiones en desarrollo y de baja economía, el impacto es particularmente severo, donde factores como el acceso limitado a diagnósticos rápidos y precisos agravan la situación. Por lo que, los métodos tradicionales de diagnóstico microscópico, aunque efectivos, requieren tiempo considerable y están sujetos a la variabilidad en la interpretación entre profesionales.

Sin embargo, la emergencia de las Redes Neuronales Convolucionales (CNN) ha transformado el campo del diagnóstico médico automatizado [4], pues estas arquitecturas de inteligencia artificial han demostrado capacidades excepcionales en la identificación de patrones complejos en imágenes microscópicas, tanto que han alcanzado en algunos casos precisiones superiores al 95% en la detección de ciertos patógenos [5]. Por otro lado, existe

una notable heterogeneidad en los resultados obtenidos por diferentes estudios, con variaciones significativas en el rendimiento según la arquitectura específica empleada y las condiciones en las que fueron implementadas.

Un desafío crucial en este campo es la falta de consenso sobre qué arquitecturas CNN son más efectivas para tipos específicos de patógenos intestinales, puesto que existen miles de estos unos más abundantes que otros en determinados contextos. Bajo una perspectiva holística, los estudios actuales presentan resultados divergentes: mientras algunas investigaciones reportan éxitos significativos con arquitecturas profundas como Faster RCNN o rápidos como YOLO, otras sugieren que modelos más ligeros como MobileNet podrían ser igualmente efectivos y más eficientes en términos de recursos computacionales [6]. Por ende, esta disparidad en los hallazgos genera incertidumbre en la comunidad médica sobre qué aproximación adoptar en la práctica clínica.

Adicionalmente, persisten vacíos significativos en el conocimiento relacionados con la adaptabilidad de estas tecnologías a diferentes contextos clínicos. Cabe destacar que, gran parte de los estudios se han realizado en condiciones controladas de laboratorio, con conjuntos de datos curados o sanitizados, pero, a su vez, existe menos evidencia sobre su desempeño en entornos clínicos reales, donde las condiciones de imagen pueden variar significativamente, a tal punto de obtener resultados indeseables como un exceso de falsos positivos y/o negativos [7]. También hay una notable escasez de investigaciones que aborden la interpretabilidad de estos modelos, lo cual, viene a ser un aspecto crucial para su adopción en la práctica médica.

En el contexto de Latinoamérica, y particularmente en Perú, donde las infecciones parasitarias afectan principalmente a la población infantil en gran medida, la implementación de sistemas automatizados de diagnóstico podría tener un impacto relevante y transformador. Sin embargo, las investigaciones sobre la aplicabilidad de diferentes arquitecturas CNN en este contexto específico son limitadas [8], [9], creando una brecha entre el potencial de la tecnología actual y su implementación efectiva en sistemas de salud con recursos limitados.

La optimización de estas herramientas tecnológicas resulta particularmente relevante considerando las disparidades existentes en el acceso a diagnósticos especializados. Teniendo en cuenta que, mientras algunos centros urbanos cuentan con tecnología avanzada, muchas áreas rurales y periurbanas carecen de acceso a diagnósticos básicos [10]. Esta situación plantea la necesidad de identificar no solo las arquitecturas más precisas, sino también aquellas que sean más eficientes en términos de recursos computacionales para que, en la medida que sea posible, disminuyan los costos.

Tras una minuciosa búsqueda, no se ha logrado encontrar ninguna revisión sistemática que abarque las Redes Neuronales Convolucionales aplicadas a la identificación o clasificación de patógenos causantes de enfermedades intestinales, por ende, existe un vacío del conocimiento en este ámbito, haciendo relevante la investigación actual

La presente investigación resulta fundamental no solo desde una perspectiva científica, sino también desde un enfoque práctico y social aplicable en el contexto nacional. Del mismo modo, el análisis sistemático de las arquitecturas CNN y metodologías de análisis para la detección de patógenos intestinales permitirá establecer pautas claras y fundamentadas para la implementación de sistemas de diagnóstico automatizado en diferentes contextos clínicos. Cabe añadir que, la identificación de las arquitecturas más efectivas y eficientes contribuirá directamente a la optimización de recursos en centros de salud, reduciendo los tiempos de diagnóstico y mejorando la precisión en la detección de patógenos, para que posteriormente se pueda tomar acción. Es por ello que, esta mejora en la eficiencia diagnóstica tendrá un impacto directo en la calidad de atención al paciente, especialmente en zonas con recursos limitados, donde la rapidez y precisión en el diagnóstico pueden marcar la diferencia entre un tratamiento oportuno y complicaciones graves. Esta investigación no solo aportará conocimiento valioso para la comunidad científica, sino que también sentará las bases para la implementación práctica de soluciones tecnológicas que mejoren la calidad de vida de la población, especialmente en comunidades vulnerables donde las enfermedades parasitarias representan un desafío significativo para la salud pública.

1.2. Formulación del problema

¿Qué arquitecturas de Redes Neuronales Convolucionales y tendencias de análisis son más frecuentemente utilizadas en la detección exitosa de patógenos causantes de infecciones intestinales?

1.3. Hipótesis

Las arquitecturas CNN profundas especializadas en análisis de imágenes microscópicas son las más utilizadas y efectivas para la identificación de patógenos intestinales en comparación con otros tipos de arquitecturas y métodos de análisis.

1.4. Objetivos

1.4.1. Objetivo general

Identificar y analizar las arquitecturas CNN y tendencias metodológicas más utilizadas en la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales.

1.4.2. Objetivos específicos

- a) Determinar qué arquitecturas CNN son más frecuentemente empleadas en la identificación de patógenos intestinales y su tasa de éxito.
- b) Analizar las tendencias actuales en el preprocesamiento y análisis de datos para la detección de patógenos mediante CNN.
- c) Identificar las combinaciones de métodos y técnicas que han demostrado mayor efectividad en la práctica.
- d) Evaluar la evolución y adopción de diferentes arquitecturas CNN en el campo de la detección de patógenos intestinales.

1.5. Teorías relacionadas al tema

Inteligencia Artificial

Según [11], la Inteligencia Artificial comprende una serie de metodologías y procedimientos rigurosamente estructurados que permiten a los sistemas

computacionales realizar tareas que tradicionalmente requerían inteligencia humana. Asimismo, su capacidad de aprendizaje basado en experiencias previas les permite, en diversos casos, superar la eficiencia humana en la resolución de problemas específicos, pero a su vez, tiende a ser este sus limitantes. Sin embargo, la principal diferencia radica en la sofisticada capacidad de abstracción del cerebro humano, pues los sistemas de IA dependen fundamentalmente de patrones y estructuras predefinidas, lo que restringe su capacidad de razonamiento genuino y creatividad original. De la misma manera, mientras las máquinas sobresalen en el procesamiento de datos estructurados y la identificación de patrones, aún no pueden replicar la flexibilidad cognitiva y el pensamiento abstracto característico de la mente humana.

Machine Learning

De acuerdo con [12], el aprendizaje profundo constituye una colección de técnicas, procedimientos y algoritmos que dotan a los sistemas computacionales de la capacidad de aprender y mejorar a través de la experiencia acumulada, sin necesidad de programación explícita para cada tarea específica. Estos sistemas algorítmicos destacan por su habilidad para detectar y extraer patrones significativos de grandes volúmenes de datos, aplicando posteriormente este conocimiento adquirido para la toma de decisiones en situaciones análogas a las previamente encontradas. Es por ello que, lo que distingue fundamentalmente al aprendizaje profundo del aprendizaje automático tradicional es su notable capacidad de adaptación frente a problemas de alta complejidad, característica que lo convierte en una herramienta de extraordinario potencial y utilidad práctica para sus usuarios.

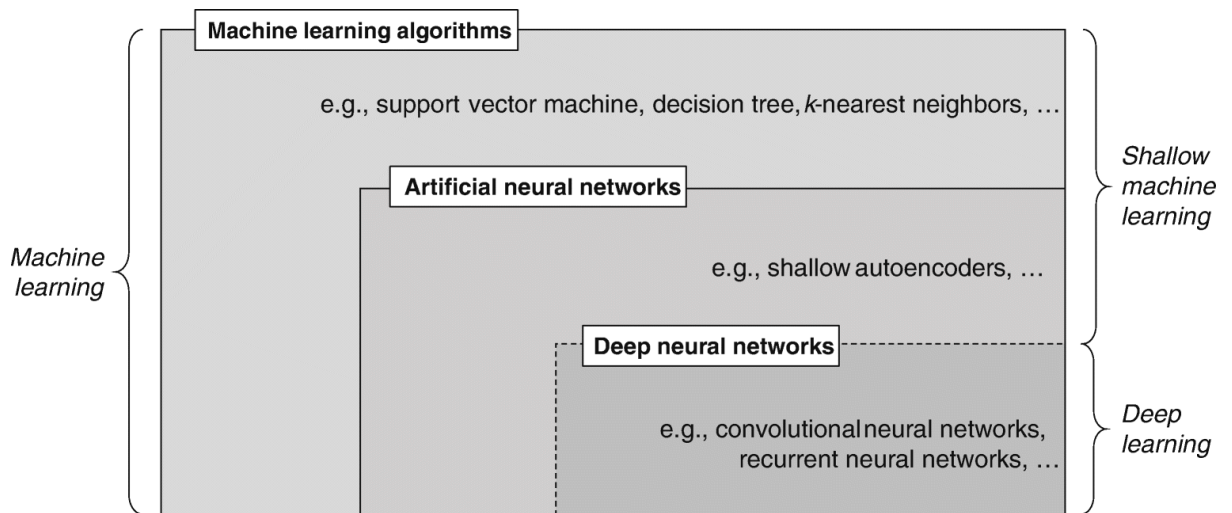


Figura 1. Diagrama de Venn de conceptos y clases de Machine Learning

Fuente: [13]

Aprendizaje supervisado

De acuerdo con [14], el aprendizaje supervisado constituye una subdivisión fundamental del aprendizaje automático caracterizada por el uso de conjuntos de datos previamente etiquetados para el entrenamiento de modelos. Durante el proceso de aprendizaje, los algoritmos iterativamente ajustan y optimizan los parámetros del modelo con el objetivo de reducir la discrepancia entre las predicciones generadas y los resultados esperados para cada entrada. Esta metodología resulta particularmente efectiva en dos categorías principales de problemas: la clasificación, donde se busca categorizar datos en clases predefinidas, y la regresión, que se enfoca en la predicción de valores continuos. El éxito de este enfoque radica en la capacidad del modelo para generalizar patrones aprendidos a partir de ejemplos etiquetados y aplicarlos a nuevos datos no vistos previamente.

No supervisado

De acuerdo con [14], el aprendizaje no supervisado representa una rama del aprendizaje automático que se distingue por su capacidad de operar sin requerir datos previamente etiquetados. Esta metodología se fundamenta en algoritmos que examinan

y procesan conjuntos de datos para identificar y agrupar elementos basándose en sus características compartidas de forma autónoma. Su aplicación es especialmente relevante en tareas de agrupamiento (clustering), donde los datos se organizan naturalmente en grupos o clusters según sus similitudes inherentes. Además, esta técnica resulta particularmente valiosa en el análisis de asociaciones, donde se busca descubrir y establecer reglas que evidencien patrones significativos y relaciones subyacentes entre diferentes elementos del conjunto de datos, permitiendo así extraer conocimiento valioso de información no estructurada.

Por refuerzo

En base a lo que [15] afirma, el aprendizaje por refuerzo representa una rama distintiva del aprendizaje automático que se fundamenta en el principio de aprendizaje a través de la interacción con un entorno dinámico. En este enfoque, un agente aprende a tomar decisiones óptimas mediante un proceso de prueba y error, donde recibe recompensas o penalizaciones según las acciones realizadas. El sistema va refinando sus estrategias de manera iterativa, buscando maximizar las recompensas acumuladas a largo plazo. A diferencia del aprendizaje supervisado y no supervisado, el agente no requiere datos etiquetados ni patrones preestablecidos, sino que desarrolla su política de actuación a través de la exploración activa del entorno y la explotación de las experiencias adquiridas. Este paradigma de aprendizaje resulta particularmente efectivo en escenarios donde las decisiones actuales influyen en estados futuros, como en juegos, robótica, sistemas de control autónomo y optimización de procesos industriales.

Redes Neuronales Convolucionales

Según [16], las Redes Neuronales Convolucionales (CNN) representan una variante especializada de las redes neuronales profundas, distinguiéndose principalmente por su arquitectura optimizada para el procesamiento y reconocimiento de imágenes, aunque su aplicabilidad se extiende también al análisis de datos secuenciales como

series temporales y procesamiento de texto. Su arquitectura característica está constituida por múltiples capas de procesamiento jerárquico, donde cada nivel ejecuta operaciones de convolución seguidas por funciones de activación específicas, como ReLU (Unidad Lineal Rectificada) y sus derivados. En el contexto de los sistemas de comunicación contemporáneos, estas redes implementan una estructura en cascada de capas de computación y agrupamiento (pooling). El proceso culmina con capas totalmente conectadas que realizan la clasificación final, permitiendo así una interpretación completa de las características extraídas en las capas anteriores.

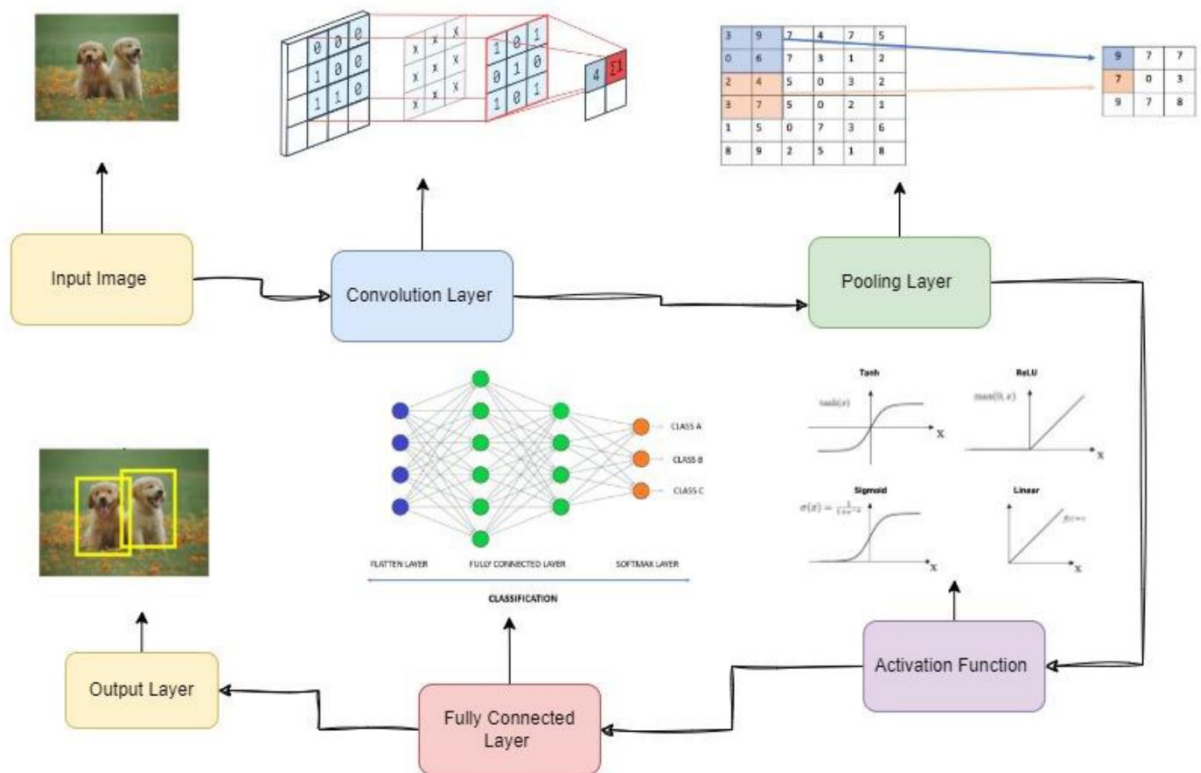


Figura 2. Componentes CNN

Fuente: [17]

Detección en Tiempo Real

YOLO

YOLO, del inglés You Only Look Once, es un modelo de detección de objetos de una etapa que ha cambiado la cosmovisión de identificar objetos de manera precisa en poco

tiempo. Dado a su rapidez y eficacia, le convierte en una opción por excelencia para tareas de detección de objetos en tiempo real, alcanzando un rendimiento puntero en diversas pruebas de referencia, siendo mejorado por sus recientes versiones, y ha sido ampliamente adoptado en diversas aplicaciones del mundo real [18] .

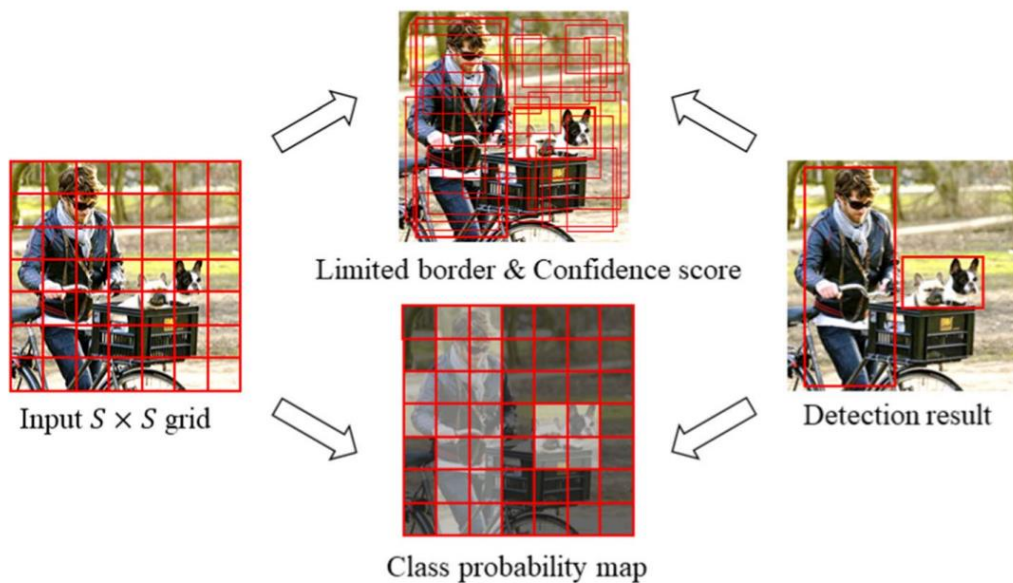


Figura 3. Proceso de detección de objetos basado en YOLO

Fuente: [19]

Alta precisión

Faster RCNN

Faster R-CNN es un modelo de detección de objetos que identifica objetos en una imagen y dibuja cuadros delimitadores a su alrededor, a la vez que clasifica cuáles son esos objetos. Es un detector en dos etapas donde primero, propone posibles regiones de la imagen que podrían contener objetos, de ello se encarga la Red de Propuesta de Regiones (RPN), luego utiliza estas regiones propuestas para predecir la clase del objeto y refina el cuadro delimitador para que se ajuste mejor al objeto en cuestión [20]

Mask RCNN

La red Mask R-CNN constituye un avance en el aprendizaje profundo que unifica la identificación de elementos y el proceso de segmentación individual. Este desarrollo surge como una versión mejorada y ampliada del sistema Faster R-CNN. La innovación clave de Mask R-CNN reside en su capacidad para realizar la segmentación de instancias por píxeles junto con la detección de objetos. Esto se consigue añadiendo una rama adicional de «cabeza de máscara», que genera máscaras de segmentación precisas para cada objeto detectado. De este modo, es posible establecer límites precisos a nivel de píxel para una segmentación de instancias precisa y detallada [21].

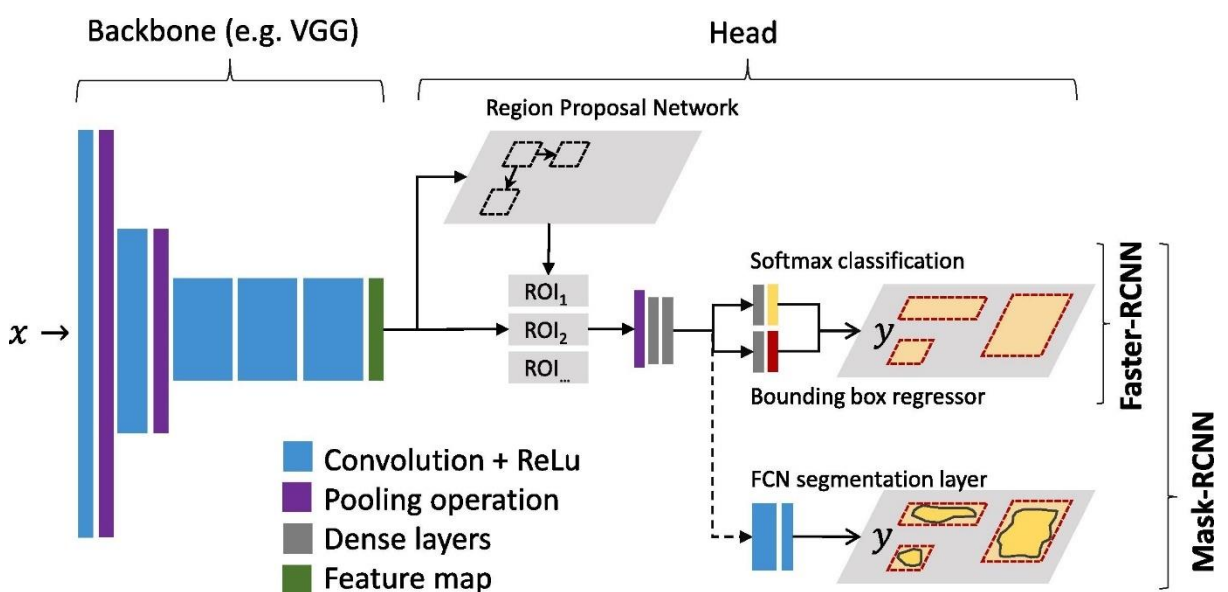


Figura 4. Proceso de Faster-R-CNN y Mask-RCNN

Fuente: [22]

Dispositivos Móviles

MobileNet

MobileNet es un tipo de red neuronal convolucional, el cual, está específicamente diseñada para aplicaciones de visión tanto móviles como integradas. Estos modelos se basan en una estructura simplificada que utiliza convoluciones que son capaces de subdividirse en profundidad para crear redes neuronales profundas ligeras de baja latencia para dispositivos móviles e integrados [23].

Patógenos

Los patógenos son microorganismos como bacterias, virus, hongos o parásitos capaces de causar enfermedades cuando invaden un organismo huésped. Estos agentes infecciosos se propagan por diferentes vías (aire, contacto directo, fluidos corporales, alimentos, agua) y pueden desencadenar respuestas inmunitarias al interactuar con las células y tejidos del huésped, provocando diversos síntomas y condiciones patológicas que varían según el tipo de patógeno y su mecanismo específico de infección [24].

II. MÉTODO DE INVESTIGACIÓN

2.1. Método de Investigación

Esta revisión sistemática se realizó siguiendo las directrices de PRISMA [25] y se complementa con un enfoque de mapeo sistemático que se muestra en la figura 5, utilizado por [26] para proporcionar una visión integral del campo de estudio, e identificar qué arquitecturas de redes neuronales son las que están en tendencia para la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales.

2.2 Preguntas de investigación

PI1. ¿Qué arquitecturas de redes neuronales están en tendencia para la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales?

Esta pregunta busca identificar las arquitecturas más utilizadas y su efectividad, orientando para su uso en futuras investigaciones.

PI2. ¿Qué tipos de datos de entrada se utilizan con mayor frecuencia para entrenar redes neuronales en la identificación de patógenos intestinales?

Esta pregunta busca conocer qué fuentes de datos, son más relevantes para entrenar modelos con la finalidad de obtener resultados precisos y confiables.

PI3. ¿Qué factores contribuyen al éxito de las redes neuronales en la detección de patógenos intestinales?

Esta pregunta busca conocer las características de los datos y/o metodologías de entrenamiento, que potencian el desempeño de los modelos.

PI4. ¿Cuáles son los patógenos más estudiados en investigaciones que hacen uso de las redes neuronales convolucionales?

Esta pregunta busca conocer qué patógeno ha sido mayormente estudiado.

PI5. ¿Qué retos se enfrenta en la adopción de redes neuronales en el diagnóstico de patógenos intestinales?

Esta pregunta pretende identificar los desafíos de la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales.

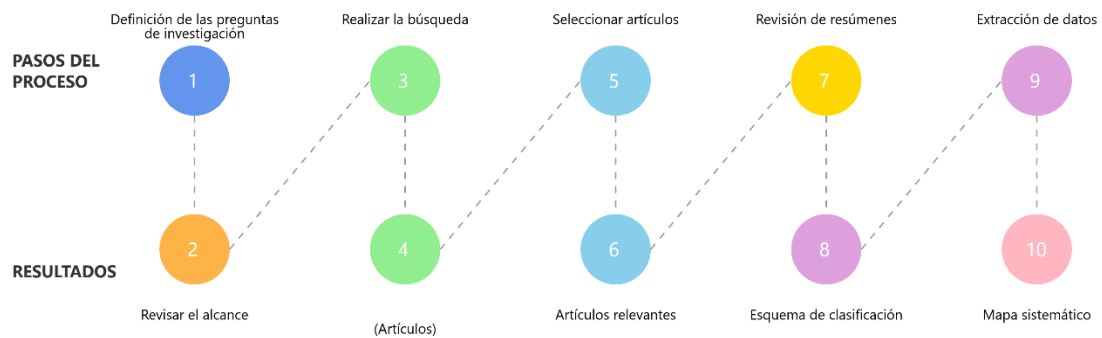


Figura 5. Proceso de mapeo sistemático utilizado.

Fuente: Elaboración propia

2.3. Criterios de elegibilidad

Se eligieron criterios inclusión y exclusión, para el primero se consideraron artículos con una antigüedad no mayor de 5 años, que estuviera escrito en inglés, y que tuviera revisión por pares, asimismo se aplicó el marco PICOC como se detalla a continuación:

P. Para la población son los patógenos, incluyendo bacterias y parásitos causantes de infecciones intestinales.

I. Artículos donde haya intervención de CNNs para la detección de los patógenos.

C. También se seleccionaron artículos donde comparan diferentes modelos o CNNs.

O. Se buscó que los artículos presentaran resultados de las métricas como precisión, tiempo de procesamiento y la eficacia de los modelos.

C. Para el contexto de los artículos se consideraron investigaciones desarrolladas en entornos clínicos y de laboratorio.

Para los criterios de exclusión se descartaron artículos duplicados, artículos incompletos, artículos no relacionados con CNNs, artículos retractados.

2.4. Fuentes de información

Como fuentes de información se consideraron 3 revistas de reconocido prestigio: IEEE Xplore, ScienceDirect, y Scopus. La elección de las bases de datos se fundamenta en la reputación que tiene cada una en sometimiento de los artículos a revisión de pares. Lo cual garantiza un alto rigor científico en el contenido.

2.5. Estrategia de búsqueda

Se desarrolló una cadena de búsqueda general utilizando términos claves para la investigación en combinación con operadores booleanos ("bacteria" OR "parasites" OR "pathogens") AND ("detection") AND ("cnn" OR "convolutional neural networks") y se fue adaptando según la sintaxis de cada una de las bases de datos seleccionadas (Tabla I), asimismo se aplicaron filtros en la fecha de publicación para obtener artículos solo de los últimos 5 años.

Tabla 1. Cadenas de búsqueda

Base de Datos	Cadena de búsqueda
ScientDirect	TITLE-ABS-KEY((bacteria OR parasites OR pathogens) AND detection AND ("convolutional neural network" OR cnn))
SCOPUS	TITLE-ABS-KEY((bacteria OR parasites OR pathogens) AND detection AND ("convolutional neural network*" OR cnn OR "deep learning") AND NOT ("conference review" OR "book chapter"))
IEEE Xplore	((("All Metadata":bacteria) OR ("All Metadata":parasites) OR ("All Metadata":pathogens)) AND ("All Metadata":detection))

	AND (("All Metadata":cnn) OR ("All Metadata":convolutional neural networks"))
--	---

2.6. Proceso de selección de estudios

Para la selección de artículos se hizo de la plataforma de Parsifal, la selección se llevó en diferentes etapas aplicando el cribado, en primera instancia se evaluó los títulos que estén en concordancia con el tema, descartando los artículos con títulos sin relación, luego se verificó que el resumen hiciera alusión al tema de investigación, descartando los que diferían.

A continuación, se aplicó los criterios de exclusión, (1) artículos duplicados, (2) artículos sin texto completo, (3) los trabajos que no eran artículos de investigación, (4) artículos que no están en inglés, (5) artículos que no están relacionados con el uso de redes neuronales para la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales, (6) artículos que no están revisado por pares y por último artículos que han sido retractados.

2.7. Proceso de extracción de datos

En esta etapa se extrajo 8 datos de cada uno de los artículos como se muestra en la tabla I, estos datos fueron evaluados de tal manera que respondan las preguntas de investigación, se extrajeron mediante la herramienta parsif.sl y posteriormente fueron plasmados en una matriz de Excel para facilitar la organización y análisis.

Tabla 2. Datos extraídos.

#	Dato	Descripción
1	Año	Año de publicación del artículo
2	Título	Título del artículo
3	Autores	Los autores del artículo

5	Canal de publicación	El canal a través del cual se publica el artículo [Considerar los nombres de los journal, simposios, conferencias, etc]
6	Citas	Número de veces que el artículo fue citado.
7	Input	Entradas para entrenar los modelos.
8	Patógeno	El patógeno que causa la enfermedad, que es objeto de estudio.
9	Resultados	Las métricas obtenidas en la investigación.
10	Resumen	Resumen o del artículo

2.8. Evaluación del riesgo de sesgo

Para evitar el sesgo se aplicó la clasificación sistemática mediante la herramienta Parsifal, de los artículos como lo describe [27], este proceso consiste en la extracción y análisis de resúmenes, palabras clave y conceptos principales, para luego aplicar una evaluación de calidad la cual consiste en evaluar en qué medida cada artículo responde a cada una de las 5 preguntas de investigación, si el artículo responde de manera satisfactoria a una pregunta se le asigna un puntaje de 1, si es de forma parcial 0.5 y si no es favorable se puntúa con 0, cada artículo puede obtener 5 puntos, y para ser considerado necesita un puntaje mayor a 3.

2.9. Métodos de síntesis

Para este apartado artículos que superaron los criterios de exclusión se clasificaron en categorías siguiendo el método de [27], ilustrado en la Figura 2. El proceso comenzó con la extracción de resúmenes, palabras clave y conceptos principales de cada artículo, realizando una agrupación inicial en categorías preliminares. para luego de una lectura detallada de cada artículo, reasignar categorías si era necesario. Las categorías existentes se actualizaron según los hallazgos, y solo se crearon nuevas categorías cuando un artículo no encajaba en ninguna de las existentes. Este enfoque sistemático permitió una categorización precisa y dinámica, reflejando fielmente el contenido de los artículos seleccionados.

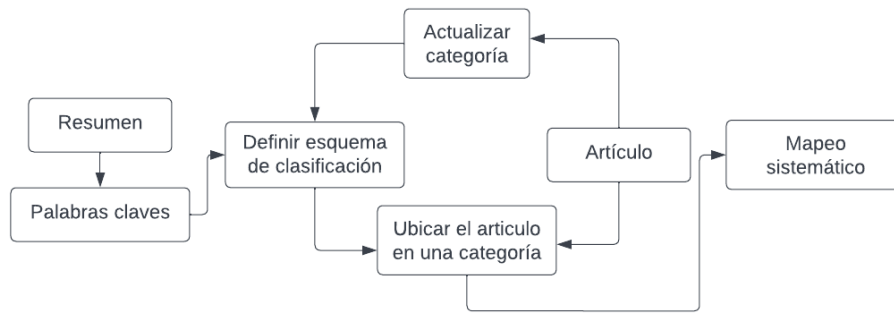


Figura 6. Proceso de clasificación de artículos.

Fuente: Elaboración propia.

III. RESULTADOS

Proceso de selección de estudios

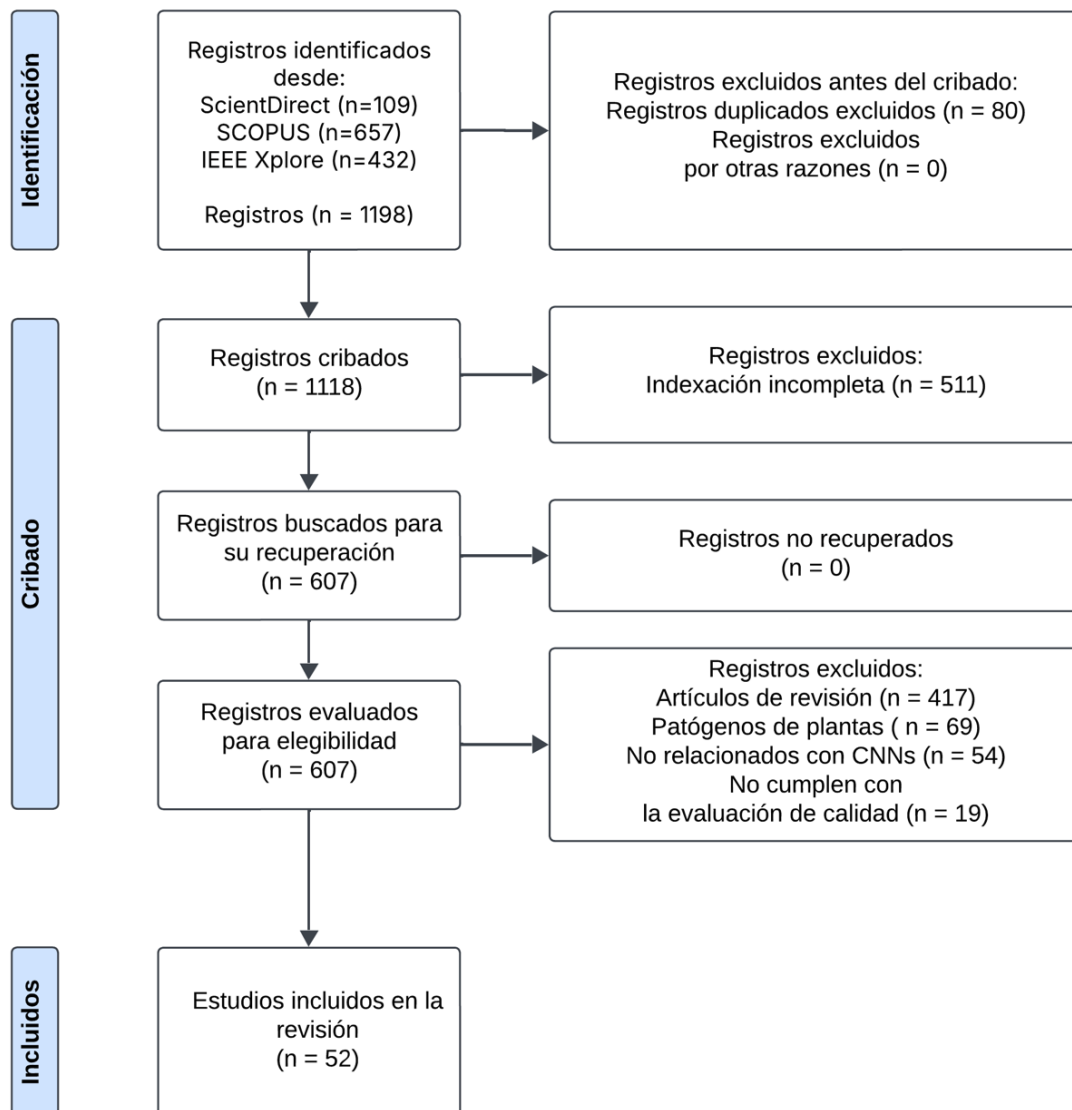


Figura 7. Procesamiento de artículos

Fuente: Elaboración propia.

En la figura 7 se muestra la aplicación de un mapeo sistemático en conjunto con la metodología PRISMA, los artículos 1198 encontrados en cada base de datos ya cumplen con criterios de exclusión, los cuales fueron importados a la plataforma de Parsifal, donde se eliminó 80 artículos duplicados y 511 con errores de indexación, para un total de 607 artículos que fueron sometidos a una última evaluación, donde se detectaron que 417 eran artículos

de revisión, 69 hacían referencia a patógenos en plantas y 54 artículos no estaban relacionados con CNNs, quedando un total de 71 artículos los cuales fueron sometidos a una evaluación de calidad para analizar en qué medida estos respondían las preguntas de investigación, obteniendo un puntaje aceptable sólo 52 artículos los cuales han sido seleccionados para esta investigación y se presentan a detalle en la tabla III.

Características de los estudios individuales

Tabla 3. Artículos seleccionados.

#	Patógeno	Modelo	Input	Resultados	Título	Año	Revista	# Citas
1	Plasmodium	Custom CNN	Imágenes RGB	A: 99.70%	IMPROVING MALARIA DETECTION USING L1 REGULARIZATION NEURAL NETWORK [28]	2022	JUCS - Journal of Universal Computer Science	8
2	Plasmodium	YOLO-VF	Imágenes RGB	Tiempo de inferencia: 29.772ms	RESEARCH ON MALARIA PARASITE DETECTION IN THICK BLOOD SMEARS BASED ON YOLO-VF[10]	2023	IEEE IAECS	-
3	Plasmodium	YOLOV3 y YOLOV4	Imágenes RGB	YOLOV4 mAP: 96.32% P: 95% R: 94% F1: 94% YOLOV3 mAP: 96.14%	MALARIA PARASITE DETECTION IN THICK BLOOD SMEAR MICROSCOPIC IMAGES USING MODIFIED YOLOV3 AND YOLOV4 MODELS [29]	2021	BMC Bioinformatics	86
4	Plasmodium	YOLO-PAM	Imágenes RGB	AP: 83.6% AP50: 91.8%	YOLO-PAM: PARASITE-ATTENTION-BASED MODEL FOR EFFICIENT MALARIA DETECTION [30]	2023	Journal of Imaging	6
5	Protozoa	YOLOv4	Imágenes RGB	F1: 95% P: 92% R: 98 % AP: 97.5%	REAL-TIME PROTOZOA DETECTION FROM MICROSCOPIC IMAGING USING YOLOV4 ALGORITHM [31]	2024	Applied Sciences	-
6	Parásitos	Faster-RCNN	Imágenes RGB	P = 81% R = 99% F1 = 89.4%	PARASITE DETECTION IN COPRO IMAGES WITH A	2023	IEEE CCE	-

					MODIFIED FASTER R-CNN [32]			
7	Microorganismos	YOLOv5 y Faster-RCNN	Imágenes RGB	YOLOv5 mAP: 77%	ANALYZING THE SECONDARY WASTEWATER-TREATMENT PROCESS USING FASTER R-CNN AND YOLOV5 OBJECT DETECTION ALGORITHMS [33]	2023	Journal of Cleaner Production	17
8	Microorganismos	YOLOv8, Mask R-CNN	Imágenes RGB	YOLOv8 P: 93% R: 97% Mask R-CNN P: 85% R: 88%	COMPARING YOLOV8 AND MASK R-CNN FOR INSTANCE SEGMENTATION IN COMPLEX ORCHARD ENVIRONMENTS [34]	2024	Artificial Intelligence in Agriculture	8
9	Microorganismos	EMViT-Net	Imágenes RGB	A: 71.17%	EMVIT-NET: A NOVEL TRANSFORMER-BASED NETWORK UTILIZING CNN AND MULTILAYER PERCEPTRON FOR THE CLASSIFICATION OF ENVIRONMENTAL MICROORGANISMS USING MICROSCOPIC IMAGES [35]	2024	Ecological Informatics	5
10	Mycobacterium tuberculosis	Artificial neural network (ANN), CNN	Imágenes RGB	A: >90% R: 95%	APPLICATION OF CNN AND ANN IN ASSESSMENT THE EFFECT OF CHEMICAL COMPONENTS OF BIOLOGICAL NANOMATERIALS IN TREATMENT OF INFECTION OF INNER EAR AND ENVIRONMENTAL SUSTAINABILITY [36]	2023	Chemosphere	2

11	Malaria	Falcon (DCNN)	Imágenes RGB	A: 95.2%	DEEP CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK (FALCON) AND TRANSFER LEARNING-BASED APPROACH TO DETECT MALARIAL [37]	2022	Multimedia Tools and Applications	15
12	Parásitos	RF-CNN-GRU	Imágenes RGB	A: 99.8%	INTEGRATED RF-CNN-GRU ENSEMBLE FOR ENHANCED BEEF QUALITY CLASSIFICATION: A MULTI-MODAL APPROACH [38]	2024	Journal of Food Composition and Analysis	-
13	Mycobacterium tuberculosis	Custom CNN	Imágenes HSV	A: 73.32%	CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK AS AN IMAGE PROCESSING TECHNIQUE FOR CLASSIFICATION OF BACILLI TUBERCULOSIS EXTRA PULMONARY (TBEP) DISEASE [39]	2022	TEM Journal	-
14	Bacterias y Virus	MOBILENET	Imágenes RGB	A:94.23%	DETECTION OF PNEUMONIA FROM CHEST X-RAY IMAGES UTILIZING MOBILENET MODEL [6]	2023	Healthcare	122
15	Plasmodium	Faster R-CNN y Single Shot Multibox Detector (SSD)	Imágenes RGB	$\rho = 0.998$	MOBILE-AWARE DEEP LEARNING ALGORITHMS FOR MALARIA PARASITES AND WHITE BLOOD CELLS LOCALIZATION IN THICK BLOOD SMEARS [40]	2021	Algorithms	27
16	Patógenos	TLENTNet	Imágenes RGB	A:97.72%	DEEP LEARNING ENHANCED MULTIPLEX DETECTION OF VIABLE FOODBORNE PATHOGENS IN DIGITAL MICROFLUIDIC CHIP [41]	2024	Biosensors and Bioelectronics	10

17	Patógenos	GRU	Imágenes RGB	A: 96.2%	DEEP LEARNING-BASED CHARACTERIZATION OF NEUTROPHIL ACTIVATION PHENOTYPES IN EX VIVO HUMAN CANDIDA BLOOD INFECTIONS [42]	2024	Computational and Structural Biotechnology	2
18	Hongos	VGG16, InceptionV3, ResNet, AlexNet, DenseNet, y EfficientNet	Imágenes microscópicas RGB	A MeFunX: 92.49% VGG16: 83.77% InceptionV3: 72.37% ResNet: 87.12% AlexNet: 72.97% DenseNet: 86.95% EfficientNet: 89.09%	MEFUNX: A NOVEL META-LEARNING-BASED DEEP LEARNING ARCHITECTURE TO DETECT FUNGAL INFECTION DIRECTLY FROM MICROSCOPIC IMAGES [43]	2024	Franklin Open	4
19	WBC	DenseNet-20, EfficientNet, ConvNeXt	Imágenes RGB	A: 97.8% P: 97.0% F1: 97.0%	A NEW FRONTIER IN HEMATOLOGY: ROBUST DEEP LEARNING ENSEMBLES FOR WHITE BLOOD CELL CLASSIFICATION [44]	2025	Biomedical Signal Processing and Control	-
20	Bacterias y Virus	MSD-Net, y ResNet	Imágenes RGB	A: 97.78% R: 95.22% P: 96.49% F1: 95.58%	MSD-NET: PNEUMONIA CLASSIFICATION MODEL BASED ON MULTI-SCALE DIRECTIONAL FEATURE ENHANCEMENT [45]	2024	Computers, Materials and Continua	-
21	Plasmodium	Res2Net	Imágenes RGB	A: 95.86% F1: 95.69% P: 95.86%	INTELLIGENT DEEP TRANSFER LEARNING BASED MALARIA PARASITE DETECTION AND CLASSIFICATION MODEL	2022	Computers, Materials and Continua	-

					USING BIOMEDICAL IMAGE [46]			
22	Plasmodium	Deep Neural Network (34 layers)	Imágenes RGB	P: 71.58% - 93.14%	A NEW APPROACH FOR MALARIA DIAGNOSIS IN THICK BLOOD SMEAR IMAGES [47]	2022	Biomedical Signal Processing and Control	9
23	Plasmodium	CenterNet, EfficientDet, FasterR-CNN, RetinaNet, and YOLOv8	Imágenes RGB de microscopio	mAP@50: 93.96%	ENSEMBLING OBJECT DETECTION MODELS FOR ROBUST AND RELIABLE MALARIA PARASITE DETECTION IN THIN BLOOD SMEAR MICROSCOPIC IMAGES [48]	2024	IEEE Access	2
24	Bacterias y Virus	ResNet152	Imágenes RGB de microscopio	P: 79.6% R: 97.9% F1: 87.8%	GENERATING CHEST X-RAY PROGRESSION OF PNEUMONIA USING CONDITIONAL CYCLE GENERATIVE ADVERSARIAL NETWORKS [49]	2023	IEEE Access	4
25	Hongos	HSFDCM, MobileNetV2, y ResNet50	Imágenes RGB y Escala de grises	HSFDCM A: 81% MobileNetV2 A: 81% ResNet50 A:86%	FUNGAL SKIN DISEASE CLASSIFICATION USING THE CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK [50]	2023	Journal of Healthcare Engineering	-
26	Helicobacter pylori	ResNet-50 ResNet-152	Imágenes RGB	ResNet-50 A: 87.43% ResNet-152 A: 90.62% Combinadas: A: 96.43%	GASTROINTESTINAL DISEASES CLASSIFICATION USING DEEP TRANSFER LEARNING AND FEATURES OPTIMIZATION [51]	2023	Computers, Materials & Continua	-

27	Plasmodium	CSN	Imágenes RGB	A: 87.38%	CONVOLUTIONAL SIAMESE NETWORKS FOR ONE-SHOT MALARIA PARASITE RECOGNITION IN MICROSCOPIC IMAGES [52]	2021	Demystifying Big Data, Machine Learning, and Deep Learning for Healthcare Analytics	3
28	Salmonela	SG, SNV	Imágenes RGB	A: 98.7%	RAPID IDENTIFICATION OF SALMONELLA SEROVARS BY USING RAMAN SPECTROSCOPY AND MACHINE LEARNING ALGORITHM [53]	2023	Talanta	28
29	Patógenos	CNN, RandomForest	Imágenes RGB	CNN A: 98.37% P: 98.54% R: 98.81% F1: 98.61% RF A: 96.38% P: 96.38% R: 96.84% F1: 96.97%	IDENTIFICATION OF BACTERIAL PATHOGENS AT GENUS AND SPECIES LEVELS THROUGH COMBINATION OF RAMAN SPECTROMETRY AND DEEP-LEARNING ALGORITHMS [54]	2022	Microbiology Spectrum	29
30	Bacterias	3D-GhostNet y 1D-CNN	Imágenes RGB	3D-GhostNet A: 100% 1D-CNN A: 98%	3D-GHOSTNET: A NOVEL SPATIAL-SPECTRAL ALGORITHM TO IMPROVE FOODBORNE BACTERIA CLASSIFICATION COUPLED WITH HYPERSPECTRAL MICROSCOPIC IMAGING TECHNOLOGY [55]	2024	Sensors and Actuators B: Chemical	2
31	Bacterias y Virus	Stacked ensemble learning model	Imágenes RGB	A: 98.3% P: 99.29% R: 98.36% F1: 98.83%	STACKED ENSEMBLE LEARNING BASED ON DEEP CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS FOR PEDIATRIC	2023	Neural Computing and Applications	21

				AUC: 98.24%	PNEUMONIA DIAGNOSIS USING CHEST X-RAY IMAGES [56]			
32	Patógenos	1D-CNN	Imágenes RGB	AUC: 97.09%	DETECTION OF CARDIOVASCULAR DISEASE USING EXPLAINABLE ARTIFICIAL INTELLIGENCE AND GUT MICROBIOTA DATA [57]	2024	Intelligence-Based Medicine	3
33	Bacterias	Faster R-CNN, Mask R-CNN, RetinaNet	Imágenes RGB	Faster R-CNN F1: 0.91 Mask R-CNN F1: 91.43% RetinaNet F1: 90.56	SPEED MEETS ACCURACY: ADVANCED DEEP LEARNING FOR EFFICIENT ORIENTIA TSUTSUGAMUSHI4BACTERIA ASSESSMENT IN RNAI SCREENING [58]	2024	Intelligent Systems with Applications	27
34	Mycobacterium tuberculosis	Lite-YOLOv8	Imágenes RGB	mAP: 86.3%	LITE-YOLOV8: A MORE LIGHTWEIGHT ALGORITHM FOR TUBERCLE BACILLI DETECTION [59]	2025	Medical & Biological Engineering & Computing	-
35	Parásitos	KU-F40	Imágenes RGB	R: 71.2%	EVALUATION OF ALARM NOTIFICATION OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN AUTOMATED ANALYZER DETECTION OF PARASITES [60]	2024	Medicine	-
36	COVID	Hypergraph-CNN	Imágenes RGB	A: 99.8% R: 99.5%	HYPERGRAPH CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK FOR FAST AND ACCURATE DIAGNOSIS (FAT) OF COVID FROM X-RAY IMAGES [61]	2022	International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence	-
37	Parásitos	U-Net	Imágenes RGB	A: 99.8% R: 97%	A SUPERVISED U-NET BASED COLOR IMAGE	2022	e-Prime - Advances in	2

					SEMANTIC SEGMENTATION FOR DETECTION & CLASSIFICATION OF HUMAN INTESTINAL PARASITES [62]		Electrical Engineering, Electronics and Energy	
38	Plasmodium	DAGCNN y DACNN	Imágenes RGB	DACNN A: 94.79% DAGCNN A: 68.61%	A NOVEL DATA AUGMENTATION CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK FOR DETECTING MALARIA PARASITE IN BLOOD SMEAR IMAGES [63]	2022	Applied Artificial Intelligence	44
39	Plasmodium	VGG-19 y ResNet50	Imágenes RGB	VGG-19 A:99.28% F1: 96.48% ResNet50 A: 97.35% F1:89.35%	A COMPARATIVE ANALYSIS OF DEEP LEARNING ARCHITECTURES ON HIGH VARIATION MALARIA PARASITE CLASSIFICATION DATASET [64]	2021	Tissue and Cell	36
40	Parásitos	YOLO-V4	Imágenes RGB	A: 91.2% R: 92.2%	AUTOMATIC DETECTION OF SMALL INTESTINAL HOOKWORMS IN CAPSULE ENDOSCOPY IMAGES BASED ON A CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK [65]	2021	Gastroenterology Research and Practice	11
41	Parásitos	CNN-DELM	Imágenes RGB	A: 99.66%	DIAGNOSIS OF MALARIA USING DOUBLE HIDDEN LAYER EXTREME LEARNING MACHINE ALGORITHM WITH CNN FEATURE EXTRACTION AND PARASITE INFLATOR [66]	2023	IEEE Access	14
42	Fluido Retinal	nnUNet y nnUNet_RASPP	Imágenes RGB	nnUNet_RASPP Mean DS: 0.823 nnUNet Mean DS: 0.817	PERFORMANCE EVALUATION OF RETINAL OCT FLUID SEGMENTATION, DETECTION, AND GENERALIZATION OVER	2024	IEEE Access	3

					VARIATIONS OF DATA SOURCES [63]			
43	Riñon enfermo	Custom CNN-SVM	Imágenes RGB	A: 96.8%	HYBRID CNN-SVM MODEL FOR ENHANCED EARLY DETECTION OF CHRONIC KIDNEY DISEASE [67]	2025	Biomedical Signal Processing and Control	23
44	Ecoli	EfficientNetV2	Imágenes RGB	A: 97.1%	DETECTION OF VIABLE BUT NONCULTURABLE E. COLI INDUCED BY LOW-LEVEL ANTIMICROBIALS USING AI-ENABLED HYPERSPECTRAL MICROSCOPY [68]	2025	Journal of Food Protection	-
45	Bacteria	1D-CNN	Imágenes RGB	A: 99.9%	INTELLIGENT IDENTIFICATION OF FOODBORNE PATHOGENIC BACTERIA BY SELF-TRANSFER DEEP LEARNING AND ENSEMBLE PREDICTION BASED ON SINGLE-CELL RAMAN SPECTRUM [69]	2025	Talanta	-
46	Parásitos	BLGSNet	Imágenes RGB	A: 99.25%	AN INNOVATIVE APPROACH TO PARASITE CLASSIFICATION IN BIOMEDICAL IMAGING USING NEURAL NETWORKS [70]	2025	Engineering Applications of Artificial Intelligence	-
47	Bacteria	UNet, WUNet y U2Net	Imágenes RGB	A: 96% AOC: 94%	CYCLE GENERATIVE ADVERSARIAL NETWORK APPROACH FOR NORMALIZATION OF GRAM-STAIN IMAGES FOR BACTERIA DETECTION [71]	2024	Intelligence-Based Medicine	8
48	Filariasis	MobileNet V2	Imágenes RGB	P: 94.14% R: 91.90% F1: 93.01%	EDGE ARTIFICIAL INTELLIGENCE (AI) FOR REAL-TIME AUTOMATIC QUANTIFICATION OF	2024	PLOS Neglected Tropical Diseases	3

					FILARIASIS IN MOBILE MICROSCOPY [72]			
49	Mycobacterium tuberculosis	AlexNet, VGG16 y VGG19	Imágenes RGB	AlexNet P = 89.55% VGG16 P = 89.99% VGG19 P = 86.57%	EVALUATION OF IMAGE PROCESSING TECHNOLOGIES FOR PULMONARY TUBERCULOSIS DETECTION BASED ON DEEP LEARNING CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS [73]	2021	Journal of Advances in Information Technology	-
50	Plasmodium	VGG-16	Imágenes RGB	VGG16 P = 99.7% F1 = 99.3% A = 99.3%	AUTOMATIC IDENTIFICATION OF MALARIA AND OTHER RED BLOOD CELL INCLUSIONS USING CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS [74]	2021	Computers in Biology and Medicine	33
51	Parásito	VGG16 y 7-layer CNN	Imágenes RGB	VGG16 P = 82.57% R = 89.2% F1 = 87.93% A = 87.93% 7-layer CNN P = 96.71% R = 96.48% F1 = 96.53% A = 96.53%	AUTOMATIC IDENTIFICATION OF CHAGAS DISEASE VECTORS USING DATA MINING AND DEEP LEARNING TECHNIQUES [75]	2021	Ecological Informatics	16
52	Plasmodium	RAL-CNN50-SVM y ResNet50	Imágenes RGB	P = 99.7%	RESIDUAL ATTENTION LEARNING NETWORK AND SVM FOR MALARIA PARASITE DETECTION [76]	2022	Multimedia Tools and Applications	-

modo ResNet en sus versiones 50 y 152 destaca en la identificación de hongos, Helicobacter pylori y bacterias, alcanzando exactitud del 87.43-97.35% y precisión hasta 99.7%. Asimismo, MobileNet en su versión v2 ofrece una alternativa liviana con precisión del 94.23% en detección de neumonía, mientras que modelos personalizados logran exactitudes del 98.37-99.8% en identificación de patógenos, superando frecuentemente el 95% de rendimiento en métricas clave.

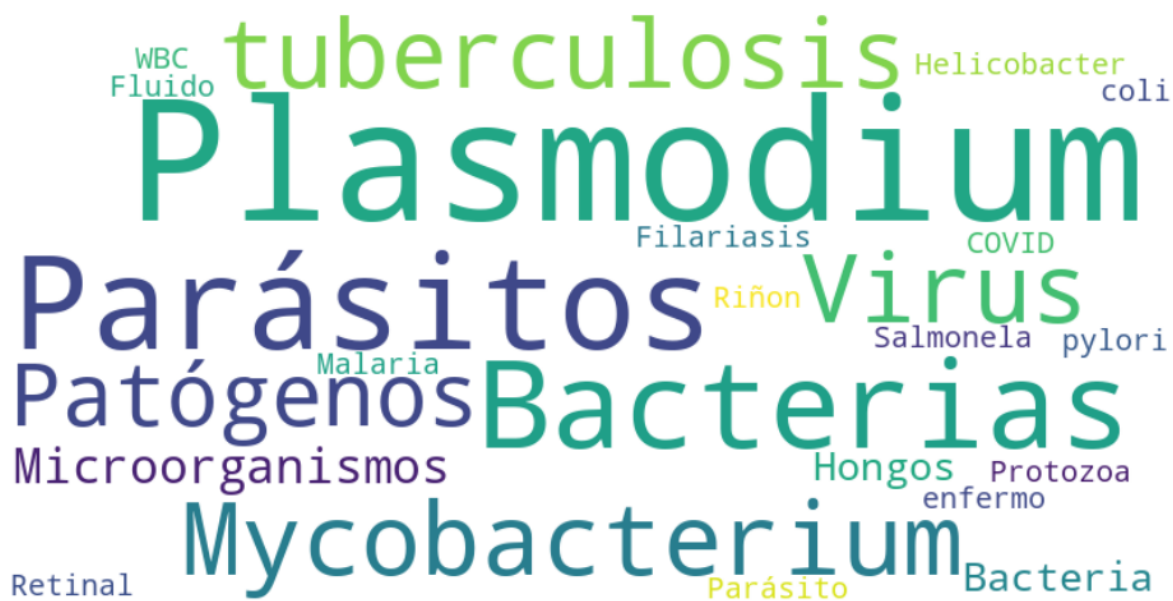


Figura 9. Patógenos estudiados

Fuente: Elaboración propia.

La figura 9 muestra los patógenos más estudiados en los artículos seleccionados incluyendo al Plasmodium, causante de la Malaria. Para este patógeno se emplearon diversos modelos destacados, entre ellos: un modelo CNN personalizado propuesto por [28], que alcanzó una exactitud del 99.7%; el modelo YOLO-VF utilizado por [10], que logró un tiempo de inferencia de 29.77 ms; y el modelo Res2Net empleado por [46], con una exactitud del 95.86%, un F1-score del 95.69% y una precisión del 95.86%. Por su parte, YOLO en sus versiones v3 y v4, utilizado por [29], obtuvo una mAP del 96.14% en la versión v3 y una mAP del 96.32%, precisión del 95%, sensibilidad del 94% y F1-score del 94% en la versión v4. La versión PAM, empleada por [30] alcanzó un AP del 83.6% y un AP50 del 91.8%. Además, [48] implementó

una combinación de modelos como CenterNet, EfficientDet, Faster-RCNN, RetinaNet y YOLOv8, logrando en conjunto un mAP@50 del 93.96%.

Los parásitos también fueron ampliamente estudiados. En este caso, el modelo YOLOv4, utilizado por [31], para detectar protozoarios logró un F1-score del 95%, una precisión del 92%, una sensibilidad del 98% y un AP del 97.5%. Por otro lado, el modelo Faster-RCNN, empleado por [32], obtuvo una recuperación del 99%, aunque su precisión fue menor, con un 81%, resultando en un F1-score de 89.4%. Finalmente, el modelo RF-CNN-GRU utilizado por [38] sobresale con una exactitud del 99.8%, demostrando cómo el uso de técnicas ensemble puede maximizar el rendimiento en tareas de clasificación.

Los microorganismos fueron abordados mediante diversas arquitecturas. El modelo YOLOv5, según [33], obtuvo un mAP del 77%. En contraste, YOLOv8, utilizado por [34], logró métricas superiores con una precisión del 93% y una sensibilidad del 97%. Mask R-CNN, implementado también por [34], obtuvo una precisión del 85% y una sensibilidad del 88%. Por su parte, el modelo EMViT-Net, empleado por [35], obtuvo una exactitud del 71.17%, destacando las limitaciones de las arquitecturas basadas en Transformers en este contexto específico.

Para *Mycobacterium tuberculosis*, un modelo CNN personalizado, utilizado por [77], alcanzó una exactitud del 73.32%, resultados que podrían estar influenciados por el uso de imágenes HSV en lugar de RGB. En cambio, la combinación de ANN y CNN, empleada por [36], logró métricas superiores, con una exactitud mayor al 90% y una sensibilidad del 95%.

En el caso de bacterias y virus, el modelo MobileNet, utilizado por [6], alcanzó una exactitud del 94.23%, siendo eficiente y ligero para la clasificación de neumonía. Por otro lado, MSD-Net y ResNet, empleados por [45], demostraron un excelente rendimiento general con una exactitud del 97.78%, una precisión del 96.49%, una sensibilidad del 95.22% y un F1-score del 95.58%. Asimismo, el modelo 3D-GhostNet, implementado por [55], logró una exactitud

perfecta del 100%, mientras que 1D-CNN, también por [55], obtuvo un 98%, subrayando la efectividad de GhostNet en datos tridimensionales.

Por último, los hongos fueron analizados mediante modelos como MeFunX, VGG16, InceptionV3, ResNet, AlexNet, DenseNet y EfficientNet. MeFunX, empleado por [43], obtuvo la mejor exactitud con un 92.49%, superando a modelos tradicionales como VGG16 (83.77%) y EfficientNet (89.09%). Adicionalmente, modelos como HSFDCM, MobileNetV2 y ResNet50, utilizados por [50], mostraron resultados diversos, destacando ResNet50 con una exactitud del 86%, siendo superior a HSFDCM (81%) y MobileNetV2.

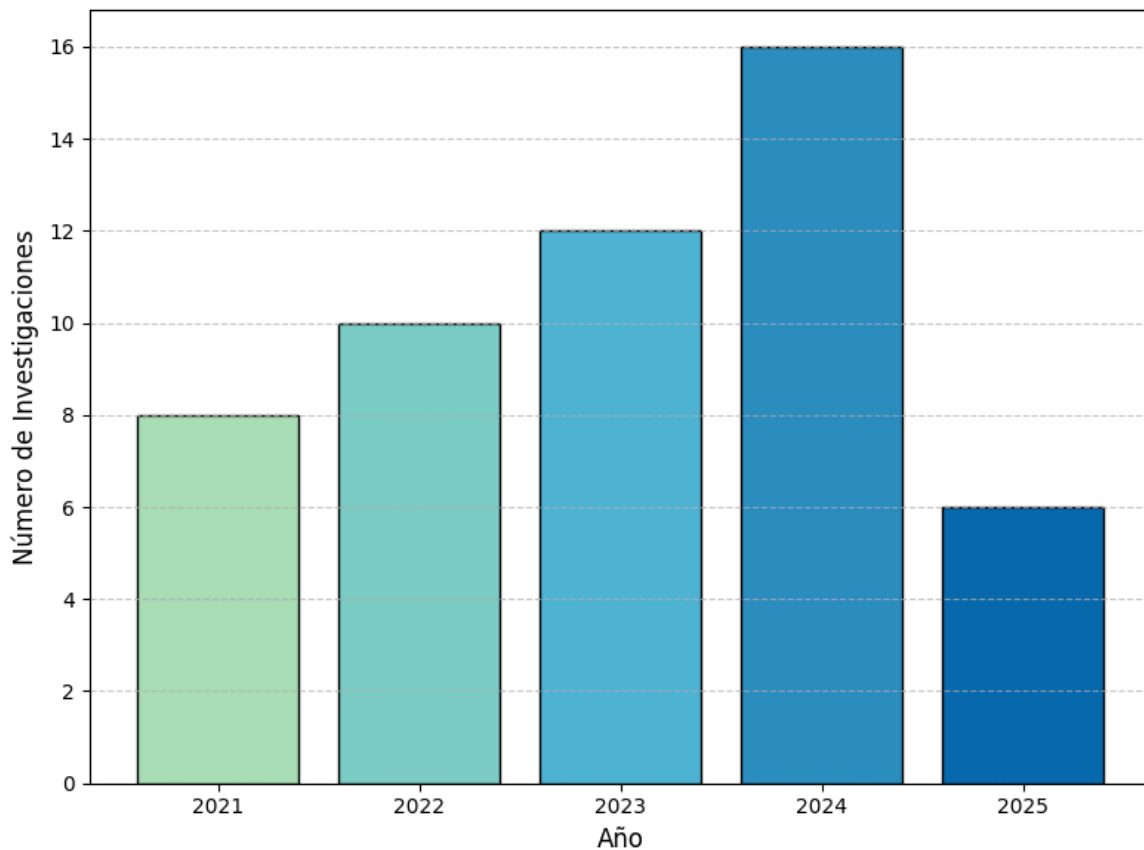


Figura 10. Publicaciones por año

Fuente: Elaboración propia.

En la figura 10 se muestra la distribución de investigaciones por año, sobresaliendo los 2 últimos años, con 12 en el 2023 y 16 el 2024 esa concentración de artículos en los años especificados es un indicativo que el uso de CNN para la detección de patógenos está en

auge y/o tendencia, garantizado por los 6 artículos ya publicados en el 2025 habiendo transcurrido solo días del inicio de año. Asimismo, analizando el contenido de los artículos se evidencia que entre 2021 y 2025, existe una evolución significativa hacia modelos más rápidos y precisos como YOLOv8, del mismo modo las publicaciones más recientes (2023-2025) destacan el uso de modelos híbridos y optimizaciones de arquitecturas clásicas (como ResNet y DenseNet).

Síntesis de los resultados

El rendimiento global de los modelos de redes neuronales convolucionales (CNN) en la detección de patógenos ha mostrado un rango de exactitud que oscila entre el 71% y el 99.9%, con métricas promedio que incluyen una precisión entre el 85% y el 98%, sensibilidad entre el 84% y el 97%, y un F1-score de entre el 84% y el 96%.

Los modelos más efectivos para detectar patógenos específicos, se destacan los siguientes: para Plasmodium, el modelo YOLO alcanza un mAP del 96.32%, para las bacterias, ResNet ofrece una exactitud de 97.78%, para los parásitos, el modelo RF-CNN-GRU logra una exactitud del 99.8%, y para los microorganismos, YOLOv8 presenta una precisión del 93%.

Las tendencias más relevantes, se observa un incremento significativo en el número de publicaciones sobre el tema entre 2021 y 2025, además de una evolución hacia el uso de modelos híbridos y una optimización de las arquitecturas clásicas de CNN. También ha habido una clara preferencia por el uso de imágenes microscópicas en formato RGB.

Existe una heterogeneidad en las métricas obtenidas, debido a variaciones en los conjuntos de datos, las técnicas de preprocesamiento y las arquitecturas de modelos utilizadas en los estudios.

Evaluación del riesgo de sesgo

Entre los factores que podrían influir en la interpretación de los resultados. Se observó un predominio de estudios en inglés y la concentración de publicaciones en ScienceDirect

(59.6%) e IEEE Xplore (15.4%), así como un sesgo de medición relacionado con la variabilidad en las métricas de evaluación. La heterogeneidad en los conjuntos de datos y la falta de estandarización en los protocolos de validación complican la generalización de resultados, el sesgo temporal es influenciado por la concentración de estudios en 2023-2024. La reproducibilidad sigue siendo un desafío debido a la variabilidad en las condiciones experimentales, lo cual sugiere que, a pesar de ser prometedores, deben interpretarse considerando estas limitaciones metodológicas.

IV. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

4.1. Discusión

La arquitectura con mayor tendencia para la detección de patógenos, en base a los resultados obtenidos, es YOLO, en sus versiones 3, 4, 5, 8 y sus variantes, las cuales lograron métricas superiores al 96% en cuanto a la identificación de Plasmodium, microorganismos y parásitos. Asimismo, RestNet, en sus versiones 50 y 152, destaca por su exactitud entre el 87 y 97% en la identificación de hongos, Helicobacter pylori y bacterias. Además, Faster R-CNN ha demostrado un rendimiento sólido en comparación con otros modelos en la detección de parásitos y bacterias, pues ha alcanzado precisiones entre el 81% y el 91%. De la misma manera, MobileNer v2 ha logrado posicionarse como una alternativa liviana en cuanto a la detección de neumonía, con una precisión del 94.23%, lo que le hace especialmente eficaz en cuanto a costos computacionales y beneficio, mientras que modelos personalizados han logrado superar el 98% de exactitud en la identificación de patógenos.

En cuanto a los tipos de datos de entrada que se utilizan con mayor frecuencia, el estudio evidencia una predominancia por el uso de imágenes microscópicas RGB para el entrenamiento de los modelos de redes neuronales convolucionales, que, a su vez, con el uso de técnicas de preprocesamiento, se busca garantizar la consistencia y calidad de las imágenes. Cabe añadir que, la selección de estas técnicas juega un papel importante para el rendimiento de los modelos, implicando severamente en los tiempos de respuesta en caso de que no se cuente con imágenes lo suficientemente consistentes.

Entre los factores que contribuyen al éxito de las redes neuronales en la detección de patógenos está la selección adecuada de modelos, entre ellos YOLO, Faster R-CNN, RestNet y CNN personalizadas, asimismo, la diversidad de estos modelos también influye significativamente, como los ensemble y los híbridos. De la misma forma, el preprocesamiento de imágenes, la optimización de hiperparámetros y el tipo de entrada, como HSV en lugar de

RGB, hacen que algunos modelos sean mucho más óptimos y precisos, esto se evidencia en el modelo ensemble GhostNet, pues este logro alcanzar precisiones superiores al 95%.

Los patógenos más investigados con redes neuronales convolucionales son: Plasmodium, con modelos CNN personalizados, YOLO-VF y Res2Net, parásitos en general, estudiados con YOLOv4 y Faster-RCNN, microorganismos en general, abordados por YOLOv5 y YOLOv8, Mycobacterium tuberculosis, bacterias y virus, utilizando MobileNet, MSD-Net y ResNet, y hongos, analizados con modelos como MeFunX, VGG16, InceptionV3, ResNet, AlexNet, DenseNet y EfficientNet, cada uno con rendimientos que oscilan entre el 71% y el 99.8% de precisión en su detección.

Así mismo, la adopción de redes neuronales para el diagnóstico de patógenos, en base a los resultados, enfrenta retos significativos en cuanto a la variabilidad en métricas de evaluación, conjuntos de datos, técnicas de preprocesamiento y arquitecturas de modelos. Asimismo, existen limitaciones prácticas de reproducibilidad, incluyendo la ausencia de especificaciones detalladas de equipos computacionales para implementación local o especificaciones de los potenciales costos, los cuales podrían ser elevados, de implementación en infraestructura en la nube, lo que puede restringir su adopción en entornos con recursos limitados.

Tras revisar a detalle los resultados obtenidos, es importante esta revisión sistemática debido a que, la alta precisión de los modelos o arquitecturas encontradas, donde, tras una respectiva implementación de modelos ligeros, permitirían dar soporte diagnóstico, incluso en regiones con presupuesto o especialistas limitados, donde los modelos ligeros destacarían por su rapidez y eficacia.

4.2. Conclusiones

En primer lugar, entre las arquitecturas CNN más utilizadas en la detección de patógenos se destacan YOLO, versiones v3, v4, v5, v8, y Faster R-CNN, con tasas de éxito altas. YOLO sobresale especialmente en la identificación de Plasmodium, microorganismos y parásitos,

mientras que ResNet, muestra excelentes resultados en la detección de hongos, *Helicobacter pylori* y bacterias. MobileNet v2 emerge como una alternativa eficiente para dispositivos con recursos computacionales limitados, logrando una precisión alta en la detección de neumonía.

En segunda instancia, la tendencia actual en el preprocesamiento es realizar normalizaciones específicas según el modelo CNN utilizado, implementando técnicas como resizing, ajuste de color, estandarización de escalas y otras transformaciones adaptadas a cada arquitectura. Cabe añadir que, en el preprocesamiento de datos, se observa una marcada preferencia por imágenes microscópicas en formato RGB. Por lo mencionado anteriormente, la selección cuidadosa de técnicas de preprocesamiento resulta crítica, ya que influye directamente en el rendimiento de los modelos y sus tiempos de respuesta.

En tercera instancia, las investigaciones revelan que las combinaciones de métodos pueden incrementar significativamente la precisión y velocidad de detección, las cuales, destacan las combinaciones de Faster R-CNN con YOLO, aprovechando la precisión y velocidad respectivamente. Asimismo, los modelos híbridos como RF-CNN-GRU y EMViT-Net han mostrado resultados prometedores, especialmente en entornos clínicos complejos. Cabe destacar que, modelos ensemble como GhostNet han logrado precisiones superiores al 95%.

En cuarto lugar, se evidencia una clara evolución hacia arquitecturas más sofisticadas y eficientes, con un incremento significativo de publicaciones en los años 2023-2025. Así también, la tendencia se dirige hacia modelos más rápidos y ligeros como YOLOv8, que utiliza menos recursos computacionales manteniendo alta precisión, lo que genera mayor confianza para su adopción en centros clínicos.

En conclusión, en la investigación se determinó que el campo de la detección de patógenos mediante CNN está en rápida evolución, con una inclinación por las arquitecturas más robustas, profundas, rápidas y ligeras, como lo son Faster R-CNN, ResNet, YOLO y MobileNet respectivamente, siendo este último enfocado más para dispositivos móviles,

debido a su baja capacidad computacional en contraste con las computadoras. Asimismo, las tendencias metodológicas apuntan hacia un enfoque híbrido que combina múltiples arquitecturas y técnicas de preprocesamiento estandarizadas.

La investigación realizó un análisis sistemático de 52 estudios publicados entre 2021 y 2025, examinando las arquitecturas de redes neuronales convolucionales (CNN) empleadas en la detección de patógenos. Así también, se identificaron modelos con precisiones entre el 71% y 99.9%, destacando la versatilidad y potencial de estas tecnologías en el diagnóstico médico. Sin embargo, es crucial señalar que aún existen brechas significativas en la investigación, específicamente se requieren más estudios enfocados en patógenos causantes de enfermedades intestinales, el cual, es un aspecto de relevancia en el Perú, puesto que representan un problema importante que afecta principalmente a los niños en las zonas rurales.

V. REFERENCIAS

- [1] V. Singh and K. Chibale, "Strategies to Combat Multi-Drug Resistance in Tuberculosis," *Acc Chem Res*, vol. 54, no. 10, pp. 2361–2376, May 2021, doi: 10.1021/ACS.ACCOUNTS.0C00878/ASSET/IMAGES/LARGE/AR0C00878_0007.JPG.
- [2] H. O. Kaya, A. E. Cetin, M. Azimzadeh, and S. N. Topkaya, "Pathogen detection with electrochemical biosensors: Advantages, challenges and future perspectives," *Journal of Electroanalytical Chemistry*, vol. 882, p. 114989, Feb. 2021, doi: 10.1016/J.JELECHEM.2021.114989.
- [3] OMS, "Enfermedades diarreicas." Accessed: Jan. 10, 2025. [Online]. Available: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>
- [4] S. Kumar, T. Arif, A. S. Alotaibi, M. B. Malik, and J. Manhas, "Advances Towards Automatic Detection and Classification of Parasites Microscopic Images Using Deep Convolutional Neural Network: Methods, Models and Research Directions," *Archives of Computational Methods in Engineering*, vol. 30, no. 3, pp. 2013–2039, Apr. 2023, doi: 10.1007/S11831-022-09858-W/FIGURES/22.
- [5] S. Trivedi, N. Patel, and N. Faruqui, "Bacterial Strain Classification using Convolutional Neural Network for Automatic Bacterial Disease Diagnosis," *Proceedings of the 13th International Conference on Cloud Computing, Data Science and Engineering, Confluence 2023*, pp. 325–332, Feb. 2023, doi: 10.1109/CONFLUENCE56041.2023.10048859.
- [6] M. S. Al Reshan *et al.*, "Detection of Pneumonia from Chest X-ray Images Utilizing MobileNet Model," *Healthcare 2023, Vol. 11, Page 1561*, vol. 11, no. 11, p. 1561, May 2023, doi: 10.3390/HEALTHCARE11111561.
- [7] H. Yu, L. T. Yang, Q. Zhang, D. Armstrong, and M. J. Deen, "Convolutional neural networks for medical image analysis: State-of-the-art, comparisons, improvement and

- perspectives,” *Neurocomputing*, vol. 444, pp. 92–110, Jul. 2021, doi: 10.1016/J.NEUCOM.2020.04.157.
- [8] M. Benavides, C. Montenegro, C. Rojas, and C. Lucero, “Association of fascioliasis to nutritional status and enteroparasite coinfection in children.” Accessed: Jan. 10, 2025. [Online]. Available: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=105760>
- [9] M. del Carmen Segoviano-Lorenzo, E. Trigo-Esteban, T. W. Gyorkos, K. St-Denis, F. M. De Guzmán, and M. Casapía-Morales, “Prevalence of malnutrition, anemia, and soil-transmitted helminthiasis in preschool-age children living in peri-urban populations in the Peruvian Amazon,” *Cad Saude Publica*, vol. 38, no. 11, p. e00248221, Nov. 2022, doi: 10.1590/0102-311XEN248221.
- [10] X. Zhang and B. Chen, “Research on Malaria Parasite Detection in Thick Blood Smears Based on YOLO-VF,” in *2023 5th International Academic Exchange Conference on Science and Technology Innovation (IAECST)*, IEEE, Dec. 2023, pp. 1486–1490. doi: 10.1109/IAECST60924.2023.10502526.
- [11] M. Cobo Cano and L. Lloret Iglesias, *Inteligencia artificial y medicina*. Editorial CSIC Consejo Superior de Investigaciones Científicas, 2023. [Online]. Available: <https://elibro.net/es/lc/bibsipan/titulos/230641>
- [12] D. A. Restrepo Leal, J. P. Vilorio Porto, and C. A. Robles Algarin, *El camino a las redes neuronales artificiales*. Editorial Unimagdalena, 2021. [Online]. Available: <https://elibro.net/es/lc/bibsipan/titulos/222347>
- [13] C. Janiesch, P. Zschech, and K. Heinrich, “Machine learning and deep learning,” *Electronic Markets*, vol. 31, no. 3, pp. 685–695, Sep. 2021, doi: 10.1007/S12525-021-00475-2/TABLES/2.

- [14] S. Tejedor Calvo, *La inteligencia artificial en el periodismo: mapping de conceptos, casos y recomendaciones*. Editorial UOC, 2023. [Online]. Available: <https://elibro.net/es/lc/bibsipan/titulos/231421>
- [15] Y. Matsuo *et al.*, “Deep learning, reinforcement learning, and world models,” *Neural Networks*, vol. 152, pp. 267–275, Aug. 2022, doi: 10.1016/J.NEUNET.2022.03.037.
- [16] E. Soria Olivas, M. A. Sanchez-Montanes Isla, and R. Gamero Cruz, *Sistemas de Aprendizaje Automatico*. RA-MA Editorial, 2023. [Online]. Available: <https://elibro.net/es/lc/bibsipan/titulos/235049>
- [17] M. M. Taye, “Theoretical Understanding of Convolutional Neural Network: Concepts, Architectures, Applications, Future Directions,” *Computation*, vol. 11, no. 3, p. 52, Mar. 2023, doi: 10.3390/computation11030052.
- [18] P. Jiang, D. Ergu, F. Liu, Y. Cai, and B. Ma, “A Review of Yolo Algorithm Developments,” *Procedia Comput Sci*, vol. 199, pp. 1066–1073, Jan. 2022, doi: 10.1016/J.PROCS.2022.01.135.
- [19] S. Cong and Y. Zhou, “A review of convolutional neural network architectures and their optimizations,” *Artif Intell Rev*, vol. 56, no. 3, pp. 1905–1969, Mar. 2023, doi: 10.1007/S10462-022-10213-5/METRICS.
- [20] S. Widiyanto, D. T. Wardani, and S. W. Pranata, “Image-Based Tomato Maturity Classification and Detection Using Faster R-CNN Method,” *ISMSIT 2021 - 5th International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, Proceedings*, pp. 130–134, 2021, doi: 10.1109/ISMSIT52890.2021.9604534.
- [21] R. W. Bello, A. S. A. Mohamed, and A. Z. Talib, “Contour Extraction of Individual Cattle from an Image Using Enhanced Mask R-CNN Instance Segmentation Method,” *IEEE Access*, vol. 9, pp. 56984–57000, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2021.3072636.

- [22] T. Kattenborn, J. Leitloff, F. Schiefer, and S. Hinz, "Review on Convolutional Neural Networks (CNN) in vegetation remote sensing," *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing*, vol. 173, pp. 24–49, Mar. 2021, doi: 10.1016/J.ISPRSJPRS.2020.12.010.
- [23] U. Kulkarni, S. M. Meena, S. V. Gurlahosur, and G. Bhogar, "Quantization Friendly MobileNet (QF-MobileNet) Architecture for Vision Based Applications on Embedded Platforms," *Neural Networks*, vol. 136, pp. 28–39, Apr. 2021, doi: 10.1016/J.NEUNET.2020.12.022.
- [24] J. M. Ackerman, J. M. Tybur, and A. D. Blackwell, "What Role Does Pathogen-Avoidance Psychology Play in Pandemics?," *Trends Cogn Sci*, vol. 25, no. 3, pp. 177–186, Mar. 2021, doi: 10.1016/J.TICS.2020.11.008/ASSET/184A6709-44BC-4A28-BA59-E66989E65BF8/MAIN.ASSETS/GR2.JPG.
- [25] M. J. Page *et al.*, "The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews," *J Clin Epidemiol*, vol. 134, pp. 178–189, Jun. 2021, doi: 10.1016/J.JCLINEPI.2021.03.001.
- [26] M. Pawlicki, A. Pawlicka, R. Kozik, and M. Choraś, "Advanced insights through systematic analysis," *Neurocomputing*, vol. 590, Jul. 2024, doi: 10.1016/J.NEUCOM.2024.127759.
- [27] M. A. Olivero, A. Bertolino, F. J. Dominguez-Mayo, M. J. Escalona, and I. Matteucci, "A systematic mapping study on security for systems of systems," *Int J Inf Secur*, vol. 23, no. 2, pp. 787–817, Apr. 2024, doi: 10.1007/S10207-023-00757-0/TABLES/5.
- [28] G. Hcini, I. Jdey, and H. Ltifi, "Improving Malaria Detection Using L1 Regularization Neural Network," *JUCS - Journal of Universal Computer Science*, vol. 28, no. 10, pp. 1087–1107, Oct. 2022, doi: 10.3897/jucs.81681.

- [29] F. Abdurahman, K. A. Fante, and M. Aliy, "Malaria parasite detection in thick blood smear microscopic images using modified YOLOV3 and YOLOV4 models," *BMC Bioinformatics*, vol. 22, no. 1, p. 112, Dec. 2021, doi: 10.1186/s12859-021-04036-4.
- [30] L. Zedda, A. Loddo, and C. Di Ruberto, "YOLO-PAM: Parasite-Attention-Based Model for Efficient Malaria Detection," *J Imaging*, vol. 9, no. 12, p. 266, Nov. 2023, doi: 10.3390/jimaging9120266.
- [31] İ. Kahraman, İ. R. Kardeş, and M. K. Turan, "Real-Time Protozoa Detection from Microscopic Imaging Using YOLOv4 Algorithm," *Applied Sciences*, vol. 14, no. 2, p. 607, Jan. 2024, doi: 10.3390/app14020607.
- [32] M. A. Gutierrez-Velazquez and M. I. Chacon-Murguia, "Parasite Detection in Copro Images with a modified Faster R-CNN," in *2023 20th International Conference on Electrical Engineering, Computing Science and Automatic Control (CCE)*, IEEE, Oct. 2023, pp. 1–6. doi: 10.1109/CCE60043.2023.10332855.
- [33] O. Inbar, M. Shahar, J. Gidron, I. Cohen, O. Menashe, and D. Avisar, "Analyzing the secondary wastewater-treatment process using Faster R-CNN and YOLOv5 object detection algorithms," *J Clean Prod*, vol. 416, p. 137913, Sep. 2023, doi: 10.1016/j.jclepro.2023.137913.
- [34] R. Sapkota, D. Ahmed, and M. Karkee, "Comparing YOLOv8 and Mask R-CNN for instance segmentation in complex orchard environments," *Artificial Intelligence in Agriculture*, vol. 13, pp. 84–99, Sep. 2024, doi: 10.1016/j.aiia.2024.07.001.
- [35] K. Dwivedi, M. K. Dutta, and J. P. Pandey, "EMViT-Net: A novel transformer-based network utilizing CNN and multilayer perceptron for the classification of environmental microorganisms using microscopic images," *Ecol Inform*, vol. 79, p. 102451, Mar. 2024, doi: 10.1016/j.ecoinf.2023.102451.

- [36] Z. Huang *et al.*, "Application of CNN and ANN in assessment the effect of chemical components of biological nanomaterials in treatment of infection of inner ear and environmental sustainability," *Chemosphere*, vol. 331, p. 138458, Aug. 2023, doi: 10.1016/j.chemosphere.2023.138458.
- [37] T. Banerjee, A. Jain, S. C. Sethuraman, S. C. Satapathy, S. Karthikeyan, and A. Jubilson, "Deep Convolutional Neural Network (Falcon) and transfer learning-based approach to detect malarial parasite," *Multimed Tools Appl*, vol. 81, no. 10, pp. 13237–13251, Apr. 2022, doi: 10.1007/s11042-021-10946-5.
- [38] S. S, G. R, and A. R. S M, "Integrated RF-CNN-GRU Ensemble for Enhanced Beef Quality Classification: A Multi-Modal Approach," *Journal of Food Composition and Analysis*, p. 106503, Jul. 2024, doi: 10.1016/J.JFCA.2024.106503.
- [39] B. S. Riza and J. N. S Sumijan, "Convolutional Neural Network as an Image Processing Technique for Classification of Bacilli Tuberculosis Extra Pulmonary (TBEP) Disease," *TEM Journal*, vol. 11, no. 3, pp. 1331–1340, Aug. 2022, doi: 10.18421/TEM113-43.
- [40] R. Nakasi, E. Mwebaze, and A. Zawedde, "Mobile-Aware Deep Learning Algorithms for Malaria Parasites and White Blood Cells Localization in Thick Blood Smears," *Algorithms 2021, Vol. 14, Page 17*, vol. 14, no. 1, p. 17, Jan. 2021, doi: 10.3390/A14010017.
- [41] H. Quan *et al.*, "Deep learning enhanced multiplex detection of viable foodborne pathogens in digital microfluidic chip," *Biosens Bioelectron*, vol. 245, p. 115837, Feb. 2024, doi: 10.1016/J.BIOS.2023.115837.
- [42] A. Sarkar, J.-P. Praetorius, and M. T. Figge, "Deep learning-based characterization of neutrophil activation phenotypes in ex vivo human Candida blood infections," *Comput Struct Biotechnol J*, vol. 23, pp. 1260–1273, Dec. 2024, doi: 10.1016/j.csbj.2024.03.006.

- [43] S. Rawat, B. Bisht, V. Bisht, N. Rawat, and A. Rawat, "MeFunX: A novel meta-learning-based deep learning architecture to detect fungal infection directly from microscopic images," *Franklin Open*, vol. 6, p. 100069, Mar. 2024, doi: 10.1016/j.fraope.2023.100069.
- [44] A. Panthakkan, S. M. Anzar, W. Mansoor, and H. Al Ahmad, "A new frontier in hematology: Robust deep learning ensembles for white blood cell classification," *Biomed Signal Process Control*, vol. 100, p. 106995, Feb. 2025, doi: 10.1016/J.BSPC.2024.106995.
- [45] T. Zhou, Y. Guo, C. Peng, Y. Niu, Y. Pan, and H. Lu, "MSD-Net: Pneumonia Classification Model Based on Multi-Scale Directional Feature Enhancement," *Computers, Materials and Continua*, vol. 79, no. 3, pp. 4863–4882, Jun. 2024, doi: 10.32604/CMC.2024.050767.
- [46] A. Alassaf and M. Y. Sikkandar, "Intelligent Deep Transfer Learning Based Malaria Parasite Detection and Classification Model Using Biomedical Image," *Computers, Materials and Continua*, vol. 72, no. 3, pp. 5273–5285, Apr. 2022, doi: 10.32604/CMC.2022.025577.
- [47] A. de Souza Oliveira, M. Guimarães Fernandes Costa, M. das Graças Vale Barbosa, and C. Ferreira Fernandes Costa Filho, "A new approach for malaria diagnosis in thick blood smear images," *Biomed Signal Process Control*, vol. 78, p. 103931, Sep. 2022, doi: 10.1016/j.bspc.2022.103931.
- [48] E. Özbilge, E. Güler, and E. Ozbilge, "Ensembling Object Detection Models for Robust and Reliable Malaria Parasite Detection in Thin Blood Smear Microscopic Images," *IEEE Access*, vol. 12, pp. 60747–60764, 2024, doi: 10.1109/ACCESS.2024.3393410.
- [49] Y. Jin, W. Chang, and B. Ko, "Generating Chest X-Ray Progression of Pneumonia Using Conditional Cycle Generative Adversarial Networks," *IEEE Access*, vol. 11, pp. 88152–88160, 2023, doi: 10.1109/ACCESS.2023.3305994.

- [50] T. D. Nigat, T. M. Sitote, and B. M. Gedefaw, "Fungal Skin Disease Classification Using the Convolutional Neural Network," *J Healthc Eng*, vol. 2023, no. 1, Jan. 2023, doi: 10.1155/2023/6370416.
- [51] M. Alhajlah, M. Nouman Noor, M. Nazir, A. Mahmood, I. Ashraf, and T. Karamat, "Gastrointestinal Diseases Classification Using Deep Transfer Learning and Features Optimization," *Computers, Materials & Continua*, vol. 75, no. 1, pp. 2227–2245, Jan. 2023, doi: 10.32604/cmc.2023.031890.
- [52] G. Madhu, B. Lalith Bharadwaj, B. Rohit, K. Sai Vardhan, S. Kautish, and N. Pradeep, "Convolutional Siamese networks for one-shot malaria parasite recognition in microscopic images," *Demystifying Big Data, Machine Learning, and Deep Learning for Healthcare Analytics*, pp. 277–306, Jan. 2021, doi: 10.1016/B978-0-12-821633-0.00007-6.
- [53] J. Sun *et al.*, "Rapid identification of salmonella serovars by using Raman spectroscopy and machine learning algorithm," *Talanta*, vol. 253, p. 123807, Feb. 2023, doi: 10.1016/j.talanta.2022.123807.
- [54] L. Wang *et al.*, "Identification of Bacterial Pathogens at Genus and Species Levels through Combination of Raman Spectrometry and Deep-Learning Algorithms," *Microbiol Spectr*, vol. 10, no. 6, Dec. 2022, doi: 10.1128/spectrum.02580-22.
- [55] R. Kang, S. Sun, Q. Ouyang, J. Huang, and B. Park, "3D-GhostNet: A novel spatial-spectral algorithm to improve foodborne bacteria classification coupled with hyperspectral microscopic imaging technology," *Sens Actuators B Chem*, vol. 411, p. 135706, Jul. 2024, doi: 10.1016/j.snb.2024.135706.
- [56] J. A. Prakash, V. Ravi, V. Sowmya, and K. P. Soman, "Stacked ensemble learning based on deep convolutional neural networks for pediatric pneumonia diagnosis using chest X-ray images," *Neural Comput Appl*, vol. 35, no. 11, pp. 8259–8279, Apr. 2023, doi: 10.1007/s00521-022-08099-z.

- [57] C. Duyar, S. O. Senica, and H. Kalkan, "Detection of cardiovascular disease using explainable artificial intelligence and gut microbiota data," *Intell Based Med*, vol. 10, p. 100180, Jan. 2024, doi: 10.1016/j.ibmed.2024.100180.
- [58] P. Kanchanapiboon, C. Songsaksuppachok, P. Chusorn, and P. Ritthipravat, "Speed meets accuracy: Advanced deep learning for efficient *Orientia tsutsugamushi* bacteria assessment in RNAi screening," *Intelligent Systems with Applications*, vol. 22, p. 200356, Jun. 2024, doi: 10.1016/j.iswa.2024.200356.
- [59] Y. Li *et al.*, "Lite-YOLOv8: a more lightweight algorithm for Tubercle Bacilli detection," *Med Biol Eng Comput*, vol. 63, no. 1, pp. 195–211, Jan. 2025, doi: 10.1007/s11517-024-03187-9.
- [60] Z. Wang, L. Liao, X. Huang, J. Tang, and F. Lin, "Evaluation of alarm notification of artificial intelligence in automated analyzer detection of parasites," *Medicine*, vol. 103, no. 39, p. e39788, Sep. 2024, doi: 10.1097/MD.0000000000039788.
- [61] N. Sasikaladevi and A. Revathi, "Hypergraph Convolutional Neural Network for Fast and Accurate Diagnosis (FAT) of COVID From X-ray Images," *Intern J Pattern Recognit Artif Intell*, vol. 36, no. 10, Aug. 2022, doi: 10.1142/S0218001422570051.
- [62] I. O. Libouga, L. Bitjoka, D. L. L. Gwet, O. Boukar, and A. M. N. Niôga, "A supervised U-Net based color image semantic segmentation for detection & classification of human intestinal parasites," *e-Prime - Advances in Electrical Engineering, Electronics and Energy*, vol. 2, p. 100069, Jan. 2022, doi: 10.1016/j.prime.2022.100069.
- [63] D. O. Oyewola, E. G. Dada, S. Misra, and R. Damaševičius, "A Novel Data Augmentation Convolutional Neural Network for Detecting Malaria Parasite in Blood Smear Images," *Applied Artificial Intelligence*, vol. 36, no. 1, Dec. 2022, doi: 10.1080/08839514.2022.2033473.

- [64] A. Rahman, H. Zunair, T. R. Reme, M. S. Rahman, and M. R. C. Mahdy, "A comparative analysis of deep learning architectures on high variation malaria parasite classification dataset," *Tissue Cell*, vol. 69, p. 101473, Apr. 2021, doi: 10.1016/j.tice.2020.101473.
- [65] T. Gan *et al.*, "Automatic Detection of Small Intestinal Hookworms in Capsule Endoscopy Images Based on a Convolutional Neural Network," *Gastroenterol Res Pract*, vol. 2021, pp. 1–8, Nov. 2021, doi: 10.1155/2021/5682288.
- [66] Md. Omaer Faruq Goni *et al.*, "Diagnosis of Malaria Using Double Hidden Layer Extreme Learning Machine Algorithm With CNN Feature Extraction and Parasite Inflator," *IEEE Access*, vol. 11, pp. 4117–4130, 2023, doi: 10.1109/ACCESS.2023.3234279.
- [67] K. Ramu *et al.*, "Hybrid CNN-SVM model for enhanced early detection of Chronic kidney disease," *Biomed Signal Process Control*, vol. 100, p. 107084, Feb. 2025, doi: 10.1016/j.bspc.2024.107084.
- [68] M. Papa, A. Wasit, J. Pecora, T. M. Bergholz, and J. Yi, "Detection of Viable but Nonculturable E. coli Induced by Low-Level Antimicrobials Using AI-Enabled Hyperspectral Microscopy," *J Food Prot*, vol. 88, no. 1, p. 100430, Jan. 2025, doi: 10.1016/j.jfp.2024.100430.
- [69] D. Li, Y. Zhu, A. Mehmood, Y. Liu, X. Qin, and Q. Dong, "Intelligent identification of foodborne pathogenic bacteria by self-transfer deep learning and ensemble prediction based on single-cell Raman spectrum," *Talanta*, vol. 285, p. 127268, Apr. 2025, doi: 10.1016/j.talanta.2024.127268.
- [70] O. Aytac, F. F. Senol, I. Tuncer, S. Dogan, and T. Tuncer, "An innovative approach to parasite classification in biomedical imaging using neural networks," *Eng Appl Artif Intell*, vol. 143, p. 110014, Mar. 2025, doi: 10.1016/j.engappai.2025.110014.


- [71] S. V, K. Prasad, C. Mukhopadhyay, and B. Banerjee, "Cycle Generative Adversarial Network approach for normalization of Gram-stain images for bacteria detection," *Intell Based Med*, vol. 9, p. 100138, Jan. 2024, doi: 10.1016/j.ibmed.2024.100138.
- [72] L. Lin *et al.*, "Edge Artificial Intelligence (AI) for real-time automatic quantification of filariasis in mobile microscopy," *PLoS Negl Trop Dis*, vol. 18, no. 4, p. e0012117, Apr. 2024, doi: 10.1371/journal.pntd.0012117.
- [73] M. J. Norval, Z. Wang, and Y. Sun, "Evaluation of Image Processing Technologies for Pulmonary Tuberculosis Detection Based on Deep Learning Convolutional Neural Networks," *Journal of Advances in Information Technology*, vol. 12, no. 3, pp. 253–259, Aug. 2021, doi: 10.12720/jait.12.3.253-259.
- [74] A. Molina, J. Rodellar, L. Boldú, A. Acevedo, S. Alférez, and A. Merino, "Automatic identification of malaria and other red blood cell inclusions using convolutional neural networks," *Comput Biol Med*, vol. 136, p. 104680, Sep. 2021, doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104680.
- [75] Z. Parsons and S. Banitaan, "Automatic identification of Chagas disease vectors using data mining and deep learning techniques," *Ecol Inform*, vol. 62, p. 101270, May 2021, doi: 10.1016/j.ecoinf.2021.101270.
- [76] D. Li and Z. Ma, "Residual attention learning network and SVM for malaria parasite detection," *Multimed Tools Appl*, vol. 81, no. 8, pp. 10935–10960, Mar. 2022, doi: 10.1007/s11042-022-12373-6.
- [77] A. U. Ibrahim, E. Guler, M. Guvenir, K. Suer, S. Serte, and M. Ozsoz, "Automated detection of Mycobacterium tuberculosis using transfer learning," *The Journal of Infection in Developing Countries*, vol. 15, no. 05, pp. 678–686, May 2021, doi: 10.3855/jidc.13532.

ANEXOS

Anexo 1: Reporte de similitud

Altamirano Chavez Dilmer Villanueva Rojas Angel O...

Identificación de patógenos causantes de infecciones intestinales mediante redes neuronales: Una rev

 Universidad Señor de Sipan

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::26396:424359088

Fecha de entrega

28 ene 2025, 11:39 a.m. GMT-5

Fecha de descarga

28 ene 2025, 11:41 a.m. GMT-5

Nombre de archivo

TURNITIN_TI_Altamirano_Chavez_Villanueva_Rojas_V4.docx

Tamaño de archivo

2.9 MB

39 Páginas

7,635 Palabras

44,510 Caracteres



Página 2 of 47 - Descripción general de integridad

Identificador de la entrega trn:oid:::26396:424359088




16% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- ▶ Bibliografía
- ▶ Texto mencionado
- ▶ Coincidencias menores (menos de 8 palabras)

Fuentes principales

- 13%  Fuentes de Internet
- 10%  Publicaciones
- 9%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

No se han detectado manipulaciones de texto sospechosas.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

Identificación de patógenos causantes de infecciones intestinales mediante redes neuronales

~~achavezdilmer, AngelObedVR~~

Planning

PICOC

- **Population:** Pathogen, Parasites, Bacteria
- **Intervention:** CNN, Convolutional Neural Network
- **Comparison:** CNN
- **Outcome:** Precision, Recall, F1-score
- **Context:** laboratory, clinic

Research Questions

1. ¿Qué arquitecturas de redes neuronales están en tendencia para la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales?
2. ¿Qué tipos de datos de entrada se utilizan con mayor frecuencia para entrenar redes neuronales en la identificación de patógenos intestinales?
3. ¿Qué factores contribuyen al éxito de las redes neuronales en la detección de patógenos intestinales?
4. ¿Qué aplicaciones basadas en redes neuronales han sido implementadas con éxito en entornos clínicos reales?
5. ¿Qué retos se enfrenta en la adopción de redes neuronales en el diagnóstico de patógenos intestinales?

Keywords and Synonyms

Keyword	Synonyms
Bacteria	
CNN	
Convolutional Neural Network	
F1-score	
Parasites	
Pathogen	

Precision

Recall

Search String

("Bacteria" OR "Parasites" OR "Pathogen") AND ("CNN" OR "Convolutional Neural Network")

Sources

- IEEE Digital Library (<http://ieeexplore.ieee.org>)
- Science@Direct (<http://www.sciencedirect.com>)
- Scopus (<http://www.scopus.com>)

Quality Assessment Checklist

Questions:

- ¿Qué arquitecturas de redes neuronales están en tendencia para la detección de patógenos causantes de infecciones intestinales?
- ¿Qué tipos de datos de entrada se utilizan con mayor frecuencia para entrenar redes neuronales en la identificación de patógenos intestinales?
- ¿Qué factores contribuyen al éxito de las redes neuronales en la detección de patógenos intestinales?
- ¿Qué aplicaciones basadas en redes neuronales han sido implementadas con éxito en entornos clínicos reales?
- ¿Qué retos se enfrenta en la adopción de redes neuronales en el diagnóstico de patógenos intestinales?

Answers:

- Yes
- Partially
- No