



Identificación, detección y conteo automático del parásito protozoario *Giardia lamblia* en imágenes de muestras microscópicas utilizando aprendizaje profundo

Aspirante a grado de maestro en ciencias
L.C.C. Luis Alberto García Ochoa

Director de tesis
Dr. Luis Miguel Pellegrin Zazueta

Co-directora de tesis
Dra. Amelia Portillo López

Universidad Autónoma de Baja California
Maestría y Doctorado en Ciencias e Ingenierías (MyDCI)
Maestría en Ciencias
Ensenada, Baja California México
2025



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
FACULTAD DE CIENCIAS,
CAMPUS ENSENADA.



“Identificación, detección y conteo automático del parásito protozoario Giardia lamblia en imágenes de muestras microscópicas utilizando aprendizaje profundo”

TESIS

PARA CUBRIR LOS REQUISITOS NECESARIOS PARA OBTENER EL TÍTULO DE
MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA

LUIS ALBERTO GARCIA OCHOA
360445

A quien el Comité de Tesis autoriza el trabajo terminal y de acuerdo con el
Art. 19 del R.G.E.P.E.P, emite los siguientes votos aprobatorios mediante rubrica:

DR. LUIS MIGUEL
PELLEGRIN ZAZUETA
DIRECTOR

DR. JOSÉ ÁNGEL
GONZÁLEZ FRAGA
SINODAL

DRA. AMELIA PORTILLO
LÓPEZ
CODIRECTORA

DR. ALEJANDRO ROSALES
PÉREZ
SINODAL

“Por la Realización Plena del Ser”

Resumen

Los problemas ambientales y de infraestructura afectan significativamente la calidad del agua, incrementando el riesgo de transmisión de parásitos protozoarios como *Giardia lamblia* (también conocida como *Giardia duodenalis* o *Giardia intestinalis*) a través del consumo de agua y comida contaminada. Este parásito se reproduce en el intestino delgado, provocando síntomas como diarrea, fiebre, fatiga y mialgia. La microscopía de campo claro es una técnica común para su detección en muestras de agua y heces, pero presenta limitaciones en eficiencia y precisión. Con el objetivo de superar estas limitaciones, en este trabajo de tesis se desarrolló un método basado en aprendizaje profundo para la identificación, detección y conteo automatizado de *G. lamblia* en imágenes microscópicas. Las imágenes se recolectaron utilizando un microscopio comercial con un objetivo de 10x y una cámara de teléfono. Se construyeron dos conjuntos de datos, el conjunto positivo (con presencia del parásito) y el conjunto negativo (sin presencia del parásito). Posteriormente, se entrenaron modelos de detección utilizando YOLOv11. Se observó que entrenar únicamente con imágenes con presencia del parásito generaba un alto número de falsos positivos; este problema se mitigó incorporando imágenes sin presencia, reduciendo significativamente las detecciones incorrectas. Este trabajo contribuye principalmente de manera técnica, al usar una metodología de recolección accesible que casi no se ha usado, ofrecer un flujo de procesamiento y etiquetado de imágenes microscópicas que mejora la precisión de la detección automatizada de *G. lamblia*. La metodología desarrollada puede servir como base para futuras aplicaciones en la vigilancia de la calidad del agua y en estudios epidemiológicos de parásitos protozoarios. Este trabajo contribuye a la detección automatizada de *G. lamblia*. Se desarrolló una metodología accesible de recolección y procesamiento de muestras, escasamente documentada por su complejidad, para generar imágenes microscópicas de calidad; se construyó y anotó el conjunto de datos resultante de este protocolo; y se implementó un flujo de procesamiento de imágenes que incluye técnicas especializadas para imágenes microscópicas y la aplicación de YOLOv11, estableciendo un punto de referencia o benchmark reproducible que sirve como línea base para futuras investigaciones y como herramienta potencial para la vigilancia de la calidad del agua.

Palabras clave: Aprendizaje Profundo, *Giardia lamblia*, Microscopía, Detección, Parásito.

Agradecimientos

A la Universidad Autónoma de Baja California, Facultad de Ciencias, Ensenada por darme la oportunidad de estudiar en su programa de maestría.

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por el apoyo económico para realizar mis estudios de maestría.

A mis directores de tesis, Dr. Luis Miguel Pellegrin Zazueta por su asesoría, disposición y paciencia con todas las cosas que sacaba, por la confianza de haberme tenido como su estudiante y por su apoyo dentro de todo este periodo de verdad le agradezco por esta oportunidad, a la Dra. Amelia Portillo López por su asesoría para recolectar las muestras, por sus buenas vibras durante los avances y por su disposición para ser parte de mi dirección. A mi comité de tesis al Dr. José Angel Fraga por sus comentarios y observaciones que ayudaron a mejorar el contenido de mi tesis, e igualmente al Dr. Alejandro Rosales Pérez por sus correcciones y la hospitalidad que me brindó cuando estuve en Monterrey.

A mis padres quienes fueron los pilares principales en este periodo de mi vida, a mi hermana por todo su apoyo y por estar siempre al pendiente de mis estudios. A mi familia por todo el apoyo incondicional que me brindaron, muchas gracias.

A mis amigos Emil e Isaac quienes estuvieron desde el principio y el efecto mariposa que causaron al cual le agradezco mucho por todas las experiencias que pasamos. A Caro y Naty por ser amigas que siempre me apoyaron en diferentes aspectos. A David, Diego y Octavio por sus enseñanzas, tardes de películas y salidas al gimnasio. A Jonathan y Ari por sus consejos, amistad y tardes de juegos de mesa. A Demetrio, Benja y a Cris por su apoyo y amistad cuando estuve en Monterrey, y a mis demás amigos que conocí durante este capítulo de mi vida, muchas gracias a todos.

Índice

Resumen	I
---------	---

Agradecimientos	II
-----------------	----

Página

1. Introducción	1
------------------------	----------

1.1. Planteamiento del problema	4
---	---

1.2. Justificación	5
------------------------------	---

1.3. Hipótesis	6
--------------------------	---

1.4. Objetivos	6
--------------------------	---

1.4.1. General	6
--------------------------	---

1.4.2. Específicos	6
------------------------------	---

1.5. Organización de la tesis	7
---	---

2. Marco teórico	8
-------------------------	----------

2.1. Parásito protozario <i>G. lamblia</i>	8
--	---

2.2. Aprendizaje profundo para visión por computadora	11
---	----

2.2.1. Tareas principales del aprendizaje profundo en visión por compu- tadora	13
---	----

2.2.2. Arquitecturas para detección de objetos	15
--	----

2.2.3. YOLOv11	17
--------------------------	----

3. Trabajo Relacionado	22
3.1. Detección de <i>G. lamblia</i> usando técnicas de procesamiento digital de imágenes y aprendizaje automático	22
3.2. Detección de <i>G. lamblia</i> en imágenes de microscopía con aprendizaje profundo	24
4. Metodología	29
4.1. Construcción del conjunto de imágenes	31
4.2. Preprocesamiento	31
4.3. Generación de modelos	36
4.4. Evaluación de los modelos	40
5. Resultados	44
5.1. Curvas de entrenamiento y validación	44
5.1.1. Pérdida de caja	44
5.1.2. Pérdida de caja (<i>box loss</i>)	44
5.1.3. Pérdida de clase	45
5.1.4. Pérdida focal de distribución (DFLoss)	46
5.2. Resultados Cuantitativos en Validación	47
5.2.1. Análisis de las Métricas Precisión, Recuerdo, mAP@50, mAP@50-95	47
5.2.2. Análisis de matrices de confusión	49
5.3. Muestras de detecciones	52
5.4. Métricas de evaluación	54

5.5. Conteo automático	57
6. Conclusiones	59
6.1. Limitaciones	62
6.2. Contribuciones	62
6.3. Trabajo a futuro	63

Índice de figuras

1.	Quiste de <i>Giardia lamblia</i> teñido con yodo.	1
2.	Parásitos de <i>G. lamblia</i> a través de microscopía de campo claro	3
3.	Ciclo de vida y formas de <i>G. lamblia</i>	8
4.	Forma de infección de <i>G. lamblia</i>	9
5.	Análisis de microscopia tradicional para la detección de <i>G. lamblia</i> . . .	10
6.	Ejemplo de una red neuronal profunda.	11
7.	Ejemplo básico de una red neuronal convolucional.	12
8.	Ejemplo comparativo de tareas en visión por computadora con aprendi- zaje profundo.	14
9.	Diagrama general de un modelo de detección de dos etapas.	15
10.	Diagrama general de un modelo de detección de una etapa.	16
11.	Diagrama de un bloque C3K2.	18
12.	Ejemplo de la operación Maxpool.	19
13.	Diagrama de un bloque SPPF.	20
14.	Diagrama de un bloque C2PSA.	21
15.	Diagrama general del flujo de trabajo de la metodología propuesta. . .	30
16.	Montaje y fotos	32
17.	Ejemplos de imágenes de los conjuntos obtenidos a partir de la adquisi- ción de datos del microscopio.	32
18.	Ejemplo de las imágenes crudas con partes innecesarias.	33

19.	Borrosidad en las orillas del campo de visión de las imágenes.	34
20.	Imagen dividida en cuadrantes de 412x412 px.	34
21.	Ejemplo mostrando el problema de la división en cuatro cuadrantes. . .	35
22.	Herramienta usada para la anotación de las imágenes.	36
23.	Ejemplo de una matriz de confusión para dos clases.	40
24.	Curvas de entrenamiento y validación para los modelos	48
25.	Matrices de confusión de los modelos	51
26.	Comparación visual de fallos y aciertos	52
27.	Comparación visual de falsos positivos	53
28.	Curvas Precision-Recall y F1-Score	56
29.	Ejemplo de imagen completa con conteo automático	58

Índice de tablas

1.	Resumen de estudios sobre detección de <i>Giardia</i> con aprendizaje profundo	27
2.	Configuración de Hardware y Hiperparámetros	39
3.	Comparación de métricas de desempeño entre <code>Modelo1</code> y <code>Modelo2</code> . . .	47
4.	Métricas de rendimiento obtenido por los modelos	55

1. Introducción

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (WHO, 2023), la diarrea es la tercera causa de muerte en niños menores de cinco años, cobrando la vida de más de 400,000 menores anualmente. La principal causa de esta enfermedad es la ingesta de agua o alimentos contaminados con heces de humanos o animales.

En México, por ejemplo en Ensenada, Baja California, este riesgo puede agravarse debido a problemas locales asociados a la gestión del agua. Factores como inundaciones por eventos de alta precipitación, fugas en la red hidráulica por infraestructura deficiente, el crecimiento urbano acelerado (que supera la capacidad de los sistemas de alcantarillado) y la falta de drenaje adecuado incrementan la exposición a fuentes de contaminación, impactando directamente en la salud de la población (De Hoyos Salazar, 2017; Portillo-López et al. 2022). Estos flujos de agua no controlados facilitan el esparcimiento de patógenos, entre los cuales destaca *Giardia lamblia* (*G. lamblia*), que se muestra en la figura 1, y también conocido como *Giardia duodenalis* o *Giardia*



Figura 1: Quiste de *Giardia lamblia* teñido con yodo.

intestinalis. Este parásito protozoario es uno de los más comunes que se transmiten por el agua, está frecuentemente asociado con brotes por contaminación hídrica (Vázquez-Salvador et al. 2022), transmitiéndose por la ruta fecal-oral a través de agua, alimentos o tierra contaminada. *G. lamblia* en su forma de quiste, se encuentra en su etapa latente e infecciosa dentro de su ciclo de vida (figura 3), muestra notable resistencia a condiciones ambientales adversas. Esta resistencia, combinada con su pequeño tamaño, facilita su dispersión a través de descargas de aguas residuales, sistemas pluviales y escorrentía agrícola.

G. lamblia se reproduce en el intestino delgado después de ser ingerido en agua o alimentos contaminados, causando "*Giardiasis*" atacando tanto animales como seres humanos (Plutzer et al. 2010). Entre los síntomas que produce la giardiasis se encuentra la diarrea, fiebre moderada, fatiga y mialgia. En casos raros, los parásitos de *G. lamblia* pueden infectar los pulmones y tráquea, resultando en tos, deshidratación y pérdida de peso extrema en seres humanos (Plutzer et al. 2010). La dosis de infección es de aproximadamente 10 quistes, un individuo puede producir más de 1 millón de quistes (Dunn y Juergens, 2025). Los quistes de *G. lamblia* llegan frecuentemente a cuerpos de agua dulce y costeros, donde pueden permanecer viables por semanas o incluso meses, representando un riesgo persistente para la salud pública (CDC, 2023; Plutzer et al. 2010; Rosado-García et al. 2017). La falta de control y vigilancia de las fuentes de agua empeoran el problema, es por eso, que la implementación de sistemas robustos para reportar, prevenir y detectar brotes es esencial para evitar problemas de salud en la sociedad (Bourli et al. 2023).

Generalmente, la detección de *G. lamblia* es a través del análisis por microscópico. La microscopía de campo claro (figura 2 izq.) teñida con yodo y la inmunológica ELISA son las técnicas más utilizadas en el área clínica. Sin embargo, en muestras ambientales, el estándar de oro es la técnica de inmunofluorescencia (figura 2 der.), debido a que *G. lamblia* puede confundirse fácilmente con otros microorganismos (Plutzer et al. 2010; Rosado-García et al. 2017).

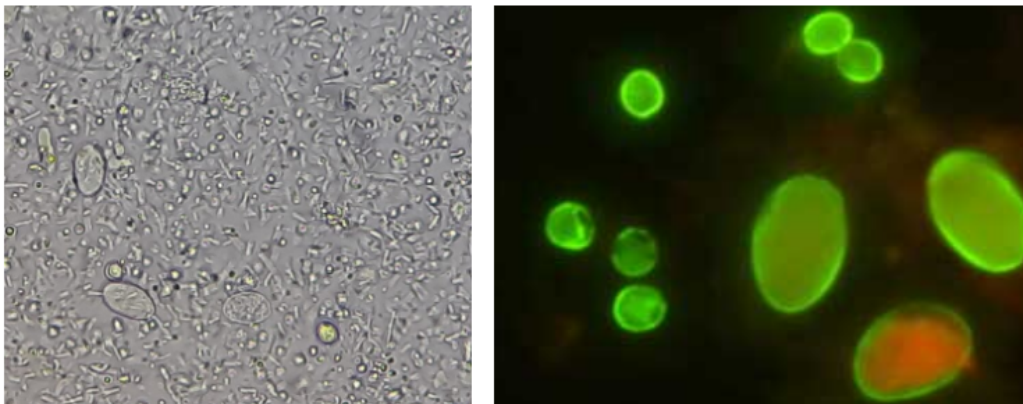


Figura 2: Parásitos de *G. lamblia* a través de microscopía de campo claro (izquierda, imagen tomada de: <https://dropconnect.com/giardia-lamblia-in-drinking-water/>); a través de inmunofluorescencia (derecha, imagen tomada de: <https://www.cdc.gov/dpdx/giardiasis/index.html>).

Aunque las técnicas de inmunofluorescencia ofrecen ventajas significativas, requieren equipo especializado y personal entrenado. A diferencia de la técnica de inmunofluorescencia, el análisis del parásito *G. lamblia* mediante microscopía de campo claro (figura 2 izq.) tiene la ventaja de ser fácil de implementar y ser más accesible. Sin embargo esta técnica, presenta ciertas desventajas, como un alto consumo de tiempo, baja precisión y dificultad de identificación de quistes de *G. lamblia* con otros microorganismos, espe-

cialmente si no se tiene la experiencia necesaria por parte del técnico (Ma et al. 2023).

Para tratar las desventajas anteriormente mencionadas, diferentes propuestas se han trabajado utilizando herramientas computacionales con el fin de automatizar y mejorar el análisis que se hace por medio del microscopio.

1.1. Planteamiento del problema

Se han desarrollado métodos computacionales para el análisis de imágenes con presencia de *G. lamblia*, pero la mayoría se limita a su clasificación o, si hacen detección, utilizan herramientas que no suelen ser accesibles o prácticas para llevarlas a cabo. Si bien estos enfoques son útiles y precisos, todavía existe la necesidad de herramientas que sean accesibles y que puedan incorporar métricas más robustas, como el conteo y la detección automatizada del parásito. Muchos de los métodos actuales emplean métodos de aprendizaje automático entrenados con características extraídas de la imágenes, lo que puede no ser la mejor opción debido a su dependencia de criterios subjetivos, su escalabilidad limitada y su posible falta de adaptabilidad a distintas condiciones de imagen.

Por otro lado, el aprendizaje profundo ha demostrado ser una herramienta poderosa para el análisis de imágenes. Si bien existen estudios que aplican este enfoque a *G. lamblia*, la mayoría se centra en clasificación, mientras que los que hacen detección utilizan muestras en agua clara y requieren magnificaciones altas ($\geq 40\times$). Además, la mayoría utiliza herramientas poco accesibles para recolectar las muestras y analizarlas. Estas limitaciones resaltan la necesidad de desarrollar modelos más versátiles y accesibles,

capaces de realizar la identificación, detección y conteo automatizado de quistes de *G. lamblia* en un campo de visión amplio que sean robustos a variaciones en la iluminación, enfoque o presencia de objetos similares en la microscopía de campo claro.

1.2. Justificación

La detección de *G. lamblia* es crucial para indicar la contaminación antropogénica y asegurar la calidad del agua, como lo establece la Norma Oficial Mexicana 014-CONAGUA. En América Latina, la falta de una metodología coherente para la detección de protozoarios en muestras de agua es preocupante, especialmente en zonas vulnerables a eventos climáticos extremos que pueden causar brotes infecciosos (Rosado-García et al. 2017). Además, en regiones como Baja California, donde la escasez de agua lleva al uso de aguas residuales tratadas para riego, la presencia de *G. lamblia* es una amenaza constante. La Comisión Nacional del Agua (CONAGUA, 2014) establece que el agua destinada al consumo humano no debe contener este parásito, subrayando la importancia de su detección en fuentes como la presa Emilio López Zamora de Ensenada, utilizada como agua potable después de un tratamiento que puede no eliminar completamente los quistes resistentes.

El desarrollo de un método computacional para automatizar la detección, identificación y conteo de *G. lamblia* basado en aprendizaje profundo, ofrecería apoyo al análisis de muestras mediante un muestreo estandarizado y económico. Este enfoque no solo reduciría el tiempo invertido por los técnicos, sino que también eliminaría la necesidad de equipo y personal especializado, asegurando una detección oportuna y eficiente.

1.3. Hipótesis

El desarrollo de un método computacional basado en aprendizaje profundo para la identificación, detección y conteo de la bacteria *G. lamblia* en imágenes microscópicas, permitirá una detección eficiente y precisa sin la necesidad de utilizar filtros o técnicas de extracción de características manuales.

1.4. Objetivos

1.4.1. General

Desarrollar un método basado en aprendizaje profundo que realice la identificación, detección y el conteo de *G. lamblia* a partir del análisis de imágenes microscópicas provenientes de un muestreo estandarizado, sencillo y económico.

1.4.2. Específicos

- Construir un conjunto de datos de imágenes microscópicas con presencia del parásito *G. lamblia*, que sean provenientes de un muestreo accesible y estandarizado.
- Implementar estrategias de procesamiento para imágenes microscópicas que permitan optimizar la generación de los modelos para la identificación, detección y conteo de *G. lamblia*.
- Evaluar los modelos generados bajo diferentes escenarios de la problemática para validar su utilidad en la identificación, detección y conteo de *G. lamblia*.

1.5. Organización de la tesis

La tesis se divide de la siguiente manera: El **Capítulo 2** está destinado para el marco teórico y es donde se abordan los fundamentos necesarios para comprender el desarrollo del presente trabajo. Se describen aspectos generales de la microscopía, incluyendo sus tipos y su uso en el diagnóstico de parásitos. Continúa con una introducción al parásito *G. lamblia*, sus características morfológicas, ciclo de vida y relevancia médica. Posteriormente, se explican los conceptos de visión por computadora y aprendizaje profundo, así como las técnicas actuales de detección de objetos. Finalmente, se muestran aplicaciones del aprendizaje profundo en el análisis de imágenes microscópicas. En el **Capítulo 3** se revisa el trabajo relacionado incluyendo aquellas investigaciones relevantes en la detección automática de *G. lamblia*. En el **Capítulo 4** se presenta la metodología, la cual se explica a detalle cubriendo los pasos de adquisición y tratamiento de las imágenes, además de procesamiento adicionales empleados en el modelado por medio de aprendizaje profundo. En el **Capítulo 5** cubre los resultados obtenidos en los experimentos realizados. Finalmente, en el **Capítulo 6** se derivan las conclusiones resultantes del trabajo, y se presentan limitaciones y el trabajo a futuro.

2. Marco teórico

En este capítulo se proporciona el material teórico necesario sobre los conceptos y tecnologías en los que se fundamenta este trabajo de tesis, con el fin de facilitar la comprensión y contextualizar adecuadamente el problema abordado. Particularmente, se describen las características esenciales del parásito *G. lamblia*; asimismo, se presentan fundamentos del aprendizaje profundo, siendo este enfoque parte de la base metodológica que se usó para abordar la problemática planteada.

2.1. Parásito protozoario *G. lamblia*

G. lamblia tiene dos formas que componen su **ciclo de vida**, su forma de trofozoíto la cual es su forma activa y multiplicativa, y su forma de quiste (figura 3). En forma de trofozoíto tiene una forma ovoide de aproximadamente $12-15\mu m$ de longitud y $5-9\mu m$ de ancho. En forma de quiste la cual es su forma infecciosa, puede medir de 5 a $10\mu m$ de diámetro y cuentan con una pared de $.03\mu m$ a $0.5\mu m$ de espesor; en esta forma es resistente a temperaturas de hasta $4^{\circ}C$ (Bingham et al. 1975; Karanis, 2006). La forma de quiste es la que se trabaja en la detección para este trabajo de tesis.

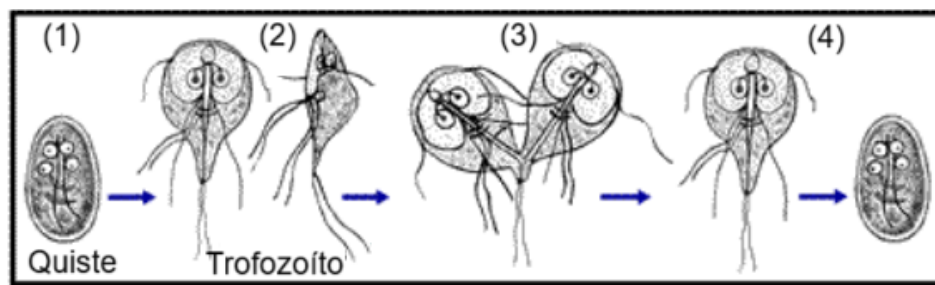


Figura 3: Ciclo de vida de *G. lamblia* las formas que lo componen. De izquierda a derecha, (1) quiste infecciosa (2) trofozoíto activa (3) reproducción (4) forma quiste.

La **infección** por *G. lamblia* (figura 4) es por medio de la ingesta de agua o comida contaminada, una vez ingerido el quiste, este cambia a su forma de trofozoíto y se adhiere al intestino delgado en donde se reproduce asexualmente mediante la fisión binaria (Cabello, 2007; Kabnick y Peattie, 1990; Kudo, 1985). El parásito *G. lamblia* puede permanecer semanas e incluso meses en el intestino. El tráfico intestinal es lo que mueve los trofozoítos donde posteriormente se enquistan para salir al medio ambiente por medio de materia fecal (Cabello, 2007). En este estudio se hace énfasis en muestras en estado líquido, ya que son las formas prioritarias para la detección del parásito.

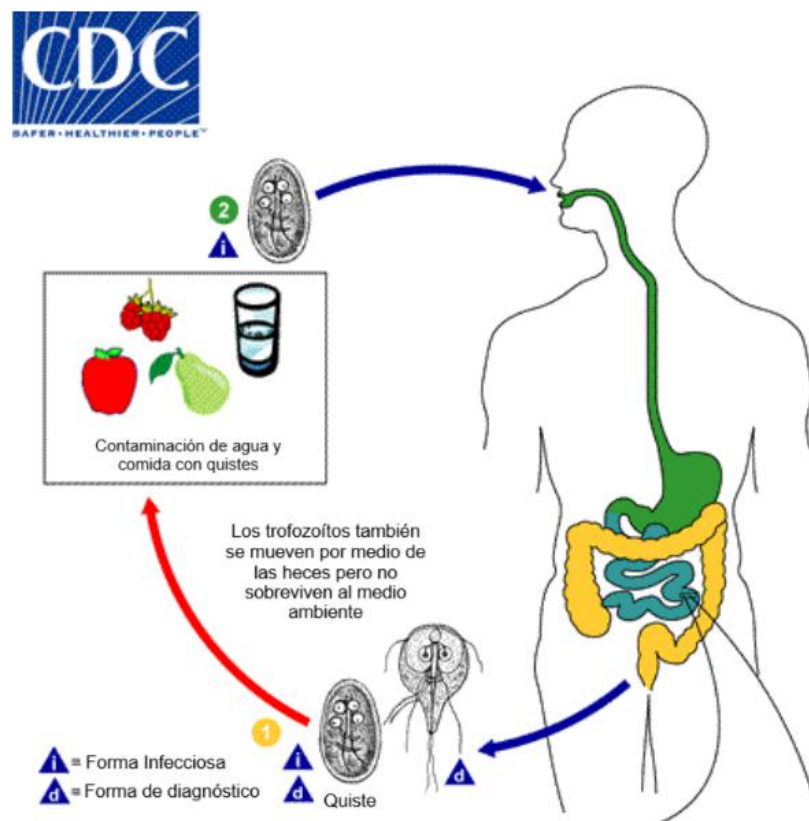


Figura 4: Forma de infección de *G. lamblia* mediante la ruta fecal-oral.

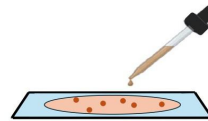
Tradicionalmente, la identificación de *G. lamblia* suele ser diagnosticada por medio

del uso de métodos microscópicos después de utilizar técnicas de concentración (Olivas, 2012). El proceso general implica la recolección de la muestra, preparación de la muestra (filtración, concentración, tinción), observación y análisis (figura 5).

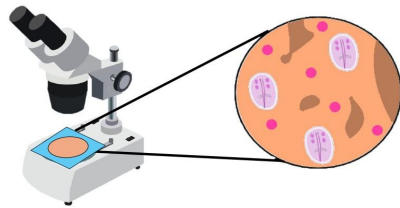
1) Toma de la muestra



2) Preparación de la muestra



3) Observación de la muestra



4) Análisis

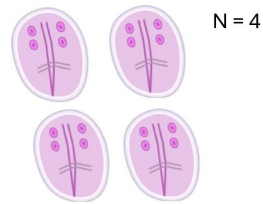


Figura 5: Análisis de microscopia tradicional para la detección de *G. lamblia*.

Los métodos más comunes son la microscopía de campo claro IMF y el estándar de oro, la técnica de inmunofluorescencia (IF):

- **Microscopía con merthiolate - yodo - formol (IMF) sIMF:** Se aplica una coloración directa a los quistes y se hace la observación bajo un microscopio de campo claro (Olivas, 2012).
- **Inmunofluorescencia:** La técnica de inmunofluorescencia permite la identificación precisa de quistes de *Giardia lamblia*, es mediante la reacción de un anticuerpo fluorescente de *G. lamblia*. Esto provoca una mejora en la visualización de los quistes con fluorescencia uniforme (figura 2 der.) (Rose et al. 1989).

En este estudio, se trabajó utilizando imágenes provenientes de un muestreo de campo claro.

Red Neuronal Profunda

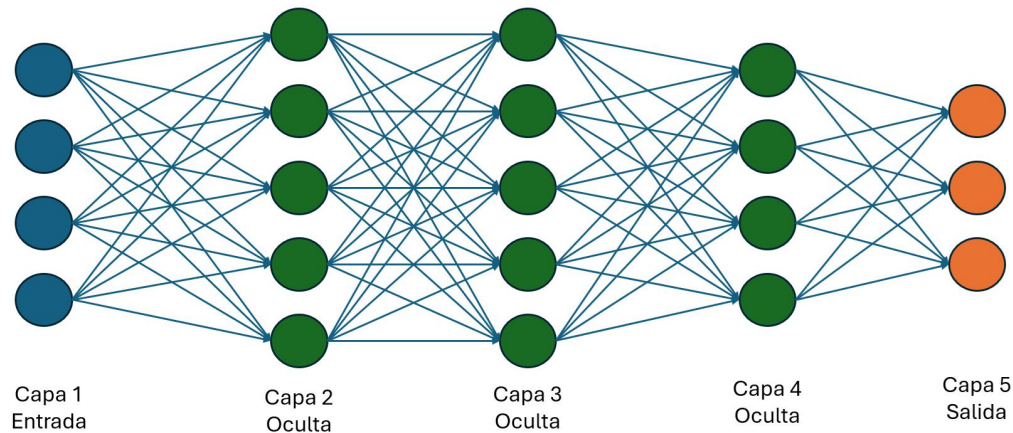


Figura 6: Ejemplo de una red neuronal profunda.

2.2. Aprendizaje profundo para visión por computadora

El aprendizaje profundo (*deep learning*, *DL*) es un área del aprendizaje automático que tiene como base las redes neuronales artificiales (RNA). A diferencia de las RNA, en las arquitecturas DL se cuenta con múltiples capas ocultas, de ahí su nombre de profundo, que sirven para modelar representaciones jerárquicas de los datos (Goodfellow et al. 2016). Las redes neuronales profundas (*deep neural networks*, *DNN*), tienen la capacidad de aprender de manera automática características o patrones relevantes directamente de los datos sin la necesidad de utilizar extracción de características manual como lo hacen los enfoques tradicionales. La DNN más básica se puede definir como

una arquitectura que consta de una capa de entrada, múltiples capas ocultas y una capa de salida (figura 6).

El aprendizaje profundo ha demostrado tener un desempeño sobresaliente en tareas complejas de visión por computadora, procesamiento de lenguaje natural y reconocimiento de voz, entre otras (Goodfellow et al. 2016). En este trabajo se hará énfasis en una de sus variantes más utilizadas en el procesamiento de imágenes: las redes neuronales convolucionales (*convolutional neural networks, CNN*), las cuales son la base de los detectores de objetos modernos, como YOLO (*You Only Look Once*) el cual fue usado en esta investigación.

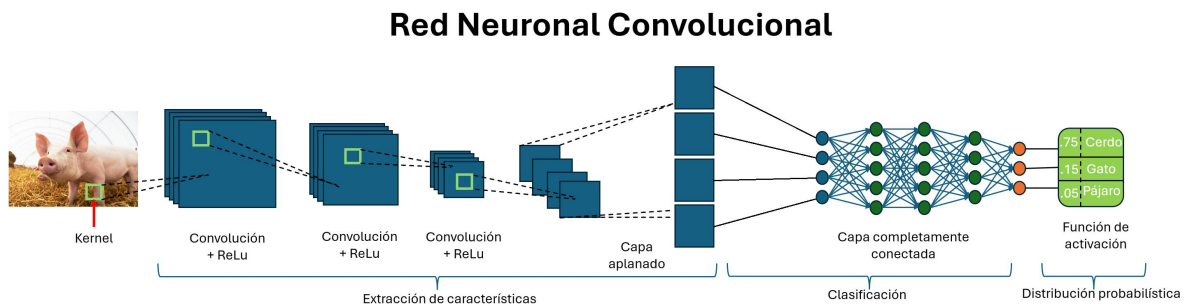


Figura 7: Ejemplo básico de una red neuronal convolucional.

El aprendizaje profundo aplicado a tareas de visión por computadora se basa principalmente en el uso de redes neuronales convolucionales. Las CNNs procesan las imágenes mediante una serie de transformaciones convolucionales que permiten extraer y aprender automáticamente las características relevantes para la tarea específica. A diferencia de los métodos tradicionales de aprendizaje automático, las CNNs reciben directamente las imágenes crudas como entrada, y las capas convolucionales se encargan de identificar patrones y características de forma automática. En cada capa las arquitecturas

CNN aplican transformaciones no lineales (funciones como ReLU, Sigmoid, Tanh) a sus entradas mediante funciones de activación, lo que permite a la red aprender representaciones jerárquicas (figura 7). Las representaciones que se aprenden van de lo básico como líneas y bordes, a representaciones con jerarquías más complejas como rostros y autos. Las jerarquías permiten modelar relaciones complejas entre los datos. El entrenamiento de arquitecturas de redes neuronales se suele realizar mediante el algoritmo de retropropagación del error, el cual calcula gradientes que son usados para optimizar los parámetros de la red a través de métodos como el descenso del gradiente o optimizadores como Adam, minimizando una función de pérdida que cuantifica el error en las predicciones.

2.2.1. Tareas principales del aprendizaje profundo en visión por computadora

Dentro del área de visión por computadora, existen diferentes tareas según el objetivo del estudio. En el caso de imágenes, las más comunes son la clasificación de imágenes, la detección de objetos y la segmentación. Tomando como ejemplo la figura 8, la tarea de **clasificación** de imágenes tiene como objetivo asignar una etiqueta o clase a una imagen, el modelo identifica qué objeto principal aparece en la imagen distinguiendo entre diferentes categorías de objetos. En cambio, la **detección** de objetos no solo busca identificar qué objetos hay sino que también busca localizar la posición de los objetos mediante cajas delimitadoras (*bounding boxes*) que muestran las coordenadas x, y , ancho y alto. Se pueden detectar múltiples objetos de diferente clase en una imagen. Finalmente, la **segmentación** de imágenes se enfoca en delimitar con precisión los

bordes de cada objeto dentro de la imagen, esto genera una máscara de píxeles que separa el objeto del fondo.



Figura 8: Ejemplo comparativo de tareas en visión por computadora con aprendizaje profundo.

Para cada una de estas tareas se han diseñado arquitecturas de aprendizaje profundo específicas que varían entre sí. Y por medio de la transferencia del conocimiento, es decir, modelos ya entrenados con conjuntos de datos grandes es posible reutilizarlos. En clasificación, es posible usar modelos ya entrenados como AlexNet, VGG o ResNet (Krizhevsky et al. 2012, Simonyan y Zisserman, 2014, He et al. 2016). Para detección de objetos, destacan arquitecturas como YOLO (*You Only Look Once*) y Faster R-CNN (Redmon et al. 2016, Ren et al. 2015), estos últimos permiten localizar objetos dentro de una imagen mediante cuadros delimitadores. En el caso de la segmentación, se utilizan redes como U-Net y Mask R-CNN (Ronneberger et al. 2015, He et al. 2017), diseñadas para identificar con precisión los contornos de los objetos en cada píxel de la imagen.

2.2.2. Arquitecturas para detección de objetos

El enfoque principal que tuvo este trabajo fue la detección de objetos; en esta sección se describen los métodos de aprendizaje profundo que se usan para esta tarea en el contexto de visión por computadora, así como el modelo específico empleado en esta investigación.

Métodos de dos etapas

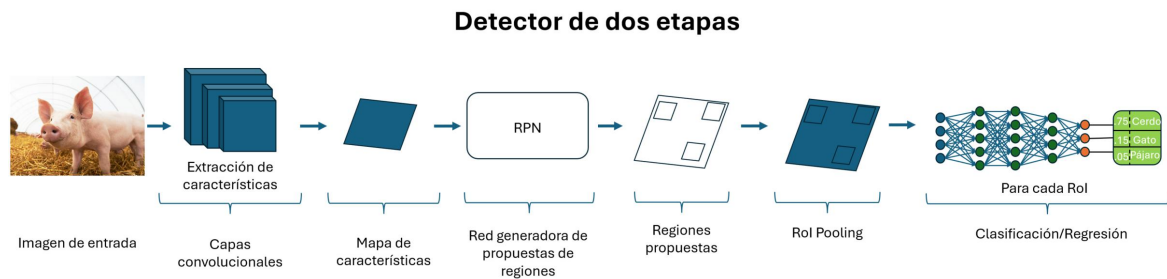


Figura 9: Diagrama general de un modelo de detección de dos etapas.

Los métodos de detección de objetos basados en dos etapas, como Faster R-CNN, son conocidos por su alta precisión, especialmente en tareas complejas con objetos pequeños o múltiples clases (Ren et al. 2015). El proceso de detección para este tipo de método, se divide en dos etapas principales: en la primera, una red generadora de propuestas de regiones (*Region Proposal Network, RPN*) identifica regiones de interés (*Regions of Interest, RoIs*) en la imagen que potencialmente contienen objetos. En la segunda etapa, estas regiones propuestas se refinan mediante una red que clasifica el contenido de cada región y ajusta las coordenadas de los *bounding boxes* (figura 9). A este enfoque se le conoce como **predicción dispersa** (*sparse prediction*) ya que solo se realiza inferencia sobre un subconjunto de la imagen o sea, las regiones propuestas. Este tipo de métodos

suelen ser más lentos pero logran una mayor precisión.

Métodos de una etapa

Los métodos de una etapa, como los detectores YOLO (*You Only Look Once*), hacen el proceso de localización y clasificación en una sola etapa. En lugar de generar propuestas de regiones de interés, YOLO trata la detección como un problema de regresión directa de la imagen de entrada a las coordenadas de los objetos y sus clases. La imagen se divide en una cuadrícula de tamaño $S \times S$ y para cada celda se predicen B *bounding boxes* y sus correspondientes probabilidades de clase, junto con la confianza de que el objeto esté presente (figura 10). Este enfoque es conocido como **predicción densa** (*dense prediction*), ya que se realiza sobre todas las regiones posibles de la imagen. Aunque estos métodos son computacionalmente más eficientes y rápidos, pueden ser más propensos a falsos positivos en escenarios complejos.

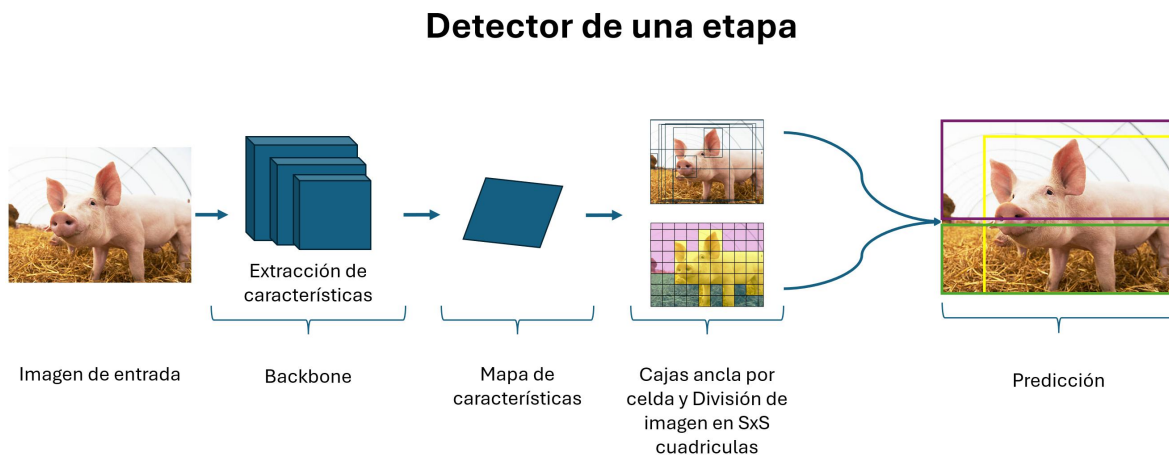


Figura 10: Diagrama general de un modelo de detección de una etapa.

2.2.3. YOLOv11

YOLOv11 es una de las versiones más recientes de los detectores *You Only Look Once* (YOLO) (Jocher y Qiu, 2024). Mantiene la estructura general de sus predecesores, pero introduce mejoras arquitectónicas para incrementar la precisión, reducir el tiempo de inferencia y optimizar el uso de recursos. Entre sus innovaciones destacan el bloque C3K2, una evolución eficiente del esquema *Cross Stage Partial* (CSP), y el bloque C2PSA, que integra mecanismos de atención espacial de forma paralela y eficiente.

Cross Stage Partial (CSP)

El bloque *Cross Stage Partial* (CSP) divide el flujo de información en dos partes: una se procesa mediante convoluciones y la otra se conserva intacta. Posteriormente, ambas se concatenan. Esta técnica reduce la redundancia del aprendizaje, mejora el flujo del gradiente y disminuye el número de parámetros y operaciones.

C3K2

El bloque C3K2 es una variante del bloques CSP que optimiza el equilibrio entre eficiencia y capacidad de representación. Primero aplica una convolución 1×1 para reducir canales, luego el tensor resultante que termina como entrada, se divide en dos partes $y[0]$ y $y[1]$; $y[0]$ se mantiene intacto y $y[1]$ se procesa como entrada para el bloque C3k que está compuesto de convolucionales y cuellos de botella generando $y[2]$. Finalmente, las tres se concatenan para combinar la información original y la transformada, después se aplica otra convolución 1×1 (figura 11). Esta estructura mejora el campo receptivo sin incrementar mucho el costo computacional y se emplea tanto en el cuello como en

la cabeza del modelo.

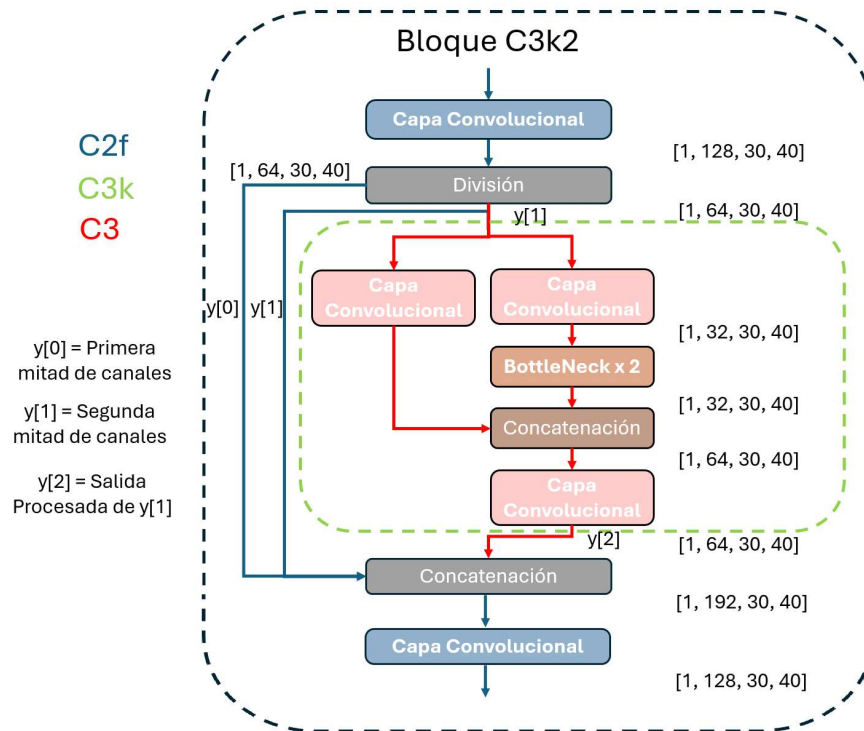


Figura 11: Diagrama de un bloque C3K2.

Agrupación máxima - *MaxPooling*

La agrupación máxima o comúnmente conocido como *MaxPooling* se usa en redes convolucionales para la reducción de dimensiones espaciales de los mapas de características. Primero divide el mapa de características en regiones pequeñas (2×2 por ejemplo) y posteriormente toma el valor máximo dentro de cada región, por último genera una nueva versión del mapa de características con menor resolución pero se conservan los valores más altos de cada región (figura 12).

Agrupación piramidal espacial rápida

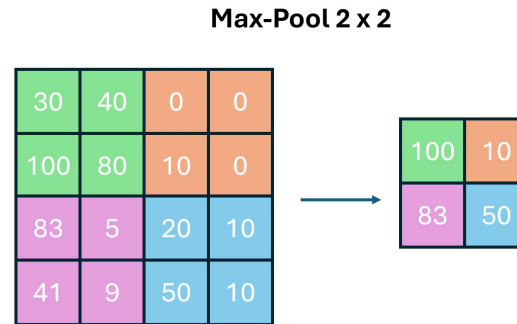


Figura 12: Ejemplo de la operación *MaxPooling*

La Agrupación Piramidal Espacial Rápida (SPPF, por sus siglas en inglés *Spatial Pyramid Pooling - Fast*) es un bloque que permite capturar información en múltiples escalas al aplicar operaciones de *MaxPooling* secuenciales con diferentes tamaños de receptiva sobre el mismo mapa de características (figura 13). Esta estructura mejora la capacidad del modelo para detectar objetos de distintos tamaños sin aumentar significativamente el costo computacional.

Atención espacial

La atención espacial es un mecanismo que genera un mapa que asigna diferentes pesos a distintas ubicaciones del mapa de características así, el modelo se enfoca en regiones relevantes de la imagen. Esto refina las representaciones internas, mejora la detección de objetos pequeños y reduce el impacto del ruido de fondo.

Atención espacial parcial (PSA)

La atención espacial parcial (PSA, por sus siglas en inglés *Partial Spatial Attention*) es una variante más eficiente del mecanismo anteriormente mencionado. En lugar de

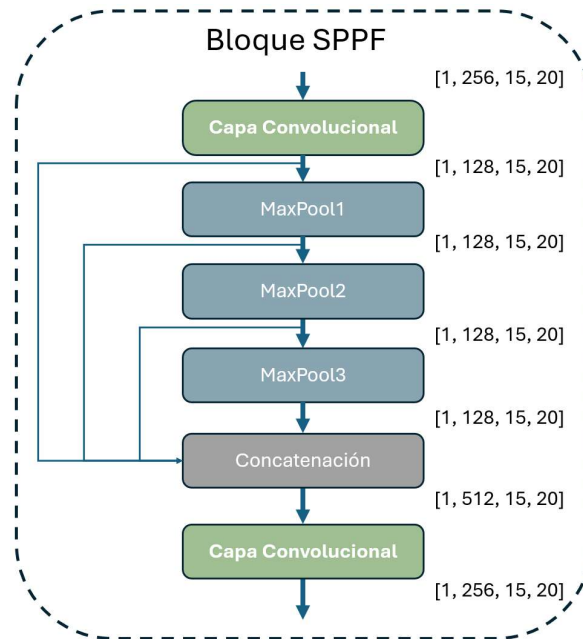


Figura 13: Diagrama de un bloque SPPF.

aplicarse a todo el mapa de características, se enfoca solo en ciertas regiones o ramas del flujo de datos, reduciendo así el costo computacional. Este enfoque intensifica la atención en zonas clave, mientras mantiene la información original sin alteración en rutas paralelas.

C2PSA (*Cross-Stage Partial Spatial Attention*)

Este bloque implementa atención espacial usando una estructura de transformador. A partir de una convolución 1×1 , el tensor de salida se divide en dos partes, una parte queda intacta mientras que la otra pasa por la atención y luego por bloques convolucionales. En una parte se aplican dos bloques PSA secuenciales, mientras que

la otra parte conserva la información original. Las salidas se concatenan y se procesan mediante otra convolución 1×1 (figura 14). Este diseño permite aplicar atención intensa a una parte del flujo manteniendo intacta la información base, optimizando así el balance entre eficiencia y representación.

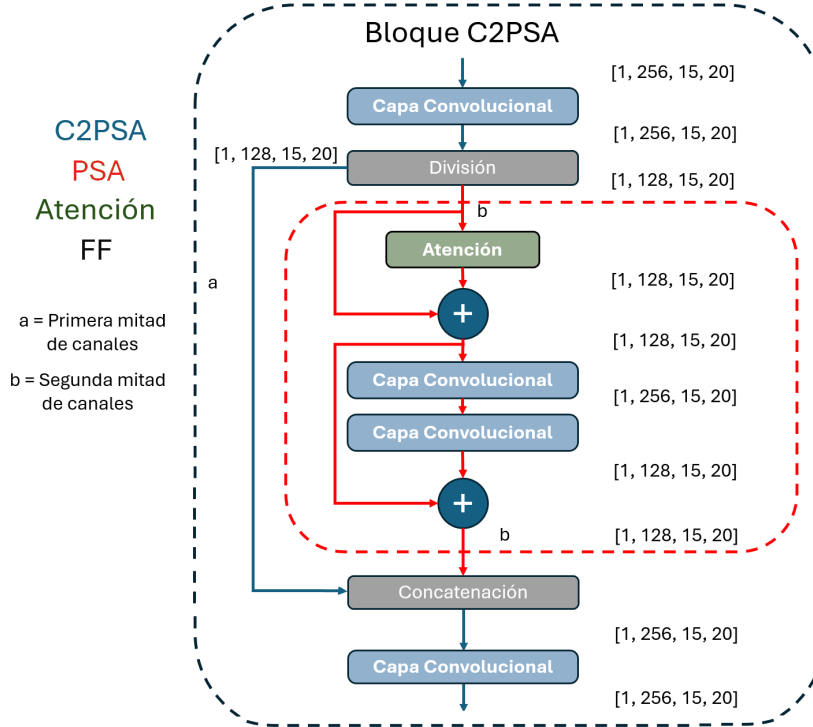


Figura 14: Diagrama de un bloque C2PSA. Una rama aplica atención intensiva con bloques PSA, la otra conserva la salida de la primera convolutiva.

En resumen, YOLOv11 combina bloques eficientes como C3K2, que mantienen la información original mientras aprenden nuevas características, con mecanismos de atención espacial parcial como C2PSA, que enfocan la atención en los cuadrantes donde se encuentran los quistes, y con SPPF, que permite detectar quistes de distintos tamaños. Gracias a estas propiedades, YOLOv11 se seleccionó como la implementación más adecuada para la detección automatizada de quistes de *G. lamblia*.

3. Trabajo Relacionado

Previamente, se han desarrollado propuestas destinadas a la detección de *G. lamblia* en la microscopía utilizando herramientas computacionales. Estas se pueden dividir en dos grupos principales:

- Técnicas de procesamiento digital de imágenes aplicadas a la detección de *G. lamblia* en conjunto con aprendizaje automático.
- Técnicas aplicadas a la detección de *G. lamblia* basadas en aprendizaje profundo.

3.1. Detección de *G. lamblia* usando técnicas de procesamiento digital de imágenes y aprendizaje automático

Las técnicas tradicionales de procesamiento digital de imágenes (PDI) que se han usado para la detección y clasificación de quistes de *G. lamblia*, por lo general dependen de la extracción de características y algoritmos de aprendizaje automático. En base a lo anterior, existen métodos que se centran resaltar de la imagen a las características de morfología y texturas como lo son el tamaño, perímetro y circularidad; estos métodos han demostrado resultados prometedores en la identificación de quistes de *G. lamblia* (Ma et al. 2023). Sin embargo, estos métodos suelen necesitar esfuerzo manual y experiencia para realizar la extracción de características lo cual limita su adaptabilidad a escenarios complejos. Por ejemplo, en el estudio de Koydemir et al. (2017), se usó máquinas de soporte de vectores y árboles de decisión para clasificar y contar quistes en

muestras de agua; extrajeron características espaciales de las imágenes capturadas con un microscopio fluorescente y un teléfono inteligente, obtuvieron una exactitud de 95 % usando un clasificador *bagging*. De igual manera en el trabajo de Belini et al. (2024) desarrollaron un sistema basado en aprendizaje automático que hace la detección y conteo de quistes de *G. lamblia* sin el uso de fluorescencia en muestras de agua. Ellos usaron un microscopio de campo oscuro, extrajeron características morfológicas y de textura (tamaño, perímetro y circularidad), y de igual forma usaron un clasificador *bagging*, obtuvieron una exactitud de 88 %. Ambos trabajos demuestran una automatización efectiva para la detección de quistes de *G. lamblia*, pero, a pesar de haber obtenido resultados prometedores, estos métodos todavía dependen de equipo específico y pueden enfrentarse a limitaciones cuando los escenarios son complejos.

Una alternativa para automatizar la detección de *G. lamblia* es el uso de la microscopía de campo claro ya que es una herramienta más accesible pero también tiene ciertas consideraciones. Como se menciona en el artículo de Luo et al. (2019), la detección de quistes de *G. lamblia* a través de la microscopía de campo claro, se enfrenta a diversos desafíos como: variaciones en orientación, forma, difuminación, agregación, oclusión e iluminación; esto hace que la tarea de detección sea más compleja. De hecho, en imágenes tomadas de muestras ambientales, las imágenes microscópicas suelen tener problemas con bajo contraste y altos niveles de ruido. Estos problemas son exacerbados por la baja concentración de quistes y la presencia de contaminantes. Dados los problemas mencionados anteriormente, las técnicas de procesamiento de imágenes podrían no ser la mejor opción para la detección de quistes de *G. lamblia* con microscopía de

campo claro.

3.2. Detección de *G. lamblia* en imágenes de microscopía con aprendizaje profundo

Las arquitecturas de aprendizaje profundo han surgido como una mejora para eliminar la necesidad de usar ingeniería manual de características, es decir, la extracción de características a elección del usuario. Estos métodos basados en aprendizaje profundo, pueden aprender patrones complejos directamente de las imágenes, lo cual los hace efectivos para la detección de quistes en ambientes de bajo contraste. Aunque los modelos de aprendizaje profundo, requieren grandes cantidades de datos etiquetados, estos sobresalen en la generalización y en el manejo de condiciones complejas, siendo una alternativa a los métodos tradicionales.

En las últimas décadas, el aprendizaje profundo ha impactado de manera significativa el campo de visión por computadora, dando buenos resultados en diferentes campos como la medicina, pesca, construcción, cultivo y detección de parásitos que se transmiten por medio del agua, entre otros (Kim et al. 2023; Kumar et al. 2023; Ramcharan et al. 2017; Shamshirband et al. 2021; Yang et al. 2021). Al usar grandes conjuntos de datos, el aprendizaje profundo permite la automatización de problemas complejos sin la necesidad del conocimiento de un experto.

Varios trabajos han demostrado que el aprendizaje profundo sobresale más que los métodos tradicionales en el problema de la detección de microorganismos, como se

resalta por Ma et al. (2023), en su trabajo demuestra que los modelos generados por arquitecturas de aprendizaje profundo como Faster R-CNN, Mask R-CNN, y YOLO, muestran un mejor rendimiento en la detección de microorganismos comparado con técnicas tradicionales de procesamiento de imágenes y otras propuestas de aprendizaje de máquina. En el artículo de Widmer et al. (2005), se desarrollaron redes neuronales artificiales para automatizar la identificación de quistes de *Cryptosporidium parvum* y quistes de *G. lamblia* de imágenes digitalizadas, se obtuvieron tasas de hasta 99.6 % para *G. lamblia* en la validación.

Para la clasificación y detección de *G. lamblia*, las propuestas con aprendizaje profundo han demostrado avances significativos. Xu et al. (2020), proponen ParasNet, una red neuronal artificial para la detección de *G. lamblia* en agua purificada, obtuvo un 99.5 % de precisión y demostró tener mejores resultados que otros métodos como SVM. Göröcs et al. (2021), desarrollaron un citómetro portátil que no ocupa etiquetado para la detección de quistes de *G. lamblia* en muestras de agua. En el trabajo de Luo et al. (2019), comparan métodos tradicionales con su modelo de aprendizaje profundo, el cual obtuvo una precisión de 99 % y alta velocidad de procesamiento para la clasificación de *G. lamblia*. En el artículo de Nakarmi et al. (2024), implementan YOLO para analizar imágenes microscópicas de muestras de frutas utilizando un microscopio de teléfono inteligente, sobresaltando el potencial de estos métodos de toma de muestras combinado con técnicas de aprendizaje profundo. Recientemente Yarahmadi et al. (2025), compararon el rendimiento de clasificación de diferentes arquitecturas de aprendizaje profundo en imágenes de muestras de heces, obtuvieron un 95.99 % de precisión en la

clasificación de quistes de *G. lamblia*.

Si bien los trabajos anteriormente mencionados demuestran un buen rendimiento del aprendizaje profundo, algunos de estos dependen de equipamiento especializado (Göröcs et al. 2021), muestras muy puras, claras o controladas (Ma et al. 2023) o se enfocan solamente en la clasificación (Xu et al. 2020; Yarahmadi et al. 2025), dejando espacio para desarrollar propuestas que sean más accesibles, robustas a diferentes escenarios y que puedan realizar un conteo de quistes dentro de las muestras para dar un análisis y tratamiento más adecuado. En adición, la mayoría de estas propuestas, son basadas en microscopías de altos objetivos de aumento lo que puede limitar el campo de visión e incrementar el tiempo requerido por el análisis. La tabla 1 muestra un resumen sobre los estudios anteriormente mencionados.

Tabla 1: Resumen de estudios sobre la detección de *Giardia lamblia* mediante métodos basados en aprendizaje profundo.

Ref.	Método de recolección	Tarea	Método de aprendizaje	Métricas
Widmer et al. (2005)	Microscopía de fluorescencia (400x) con tinción IFA	Clasificación binaria de Quistes de <i>Giardia</i> en agua	ANN (5 capas ocultas)	Precisión: 98.9 % - 99.6 %, Recall: 91.8 %.
Xu et al. (2020)	Microscopía de campo claro avanzada (holografía de dispersión)	Clasificación multi-clase de <i>Giardia</i> y partículas interferentes	ParasNet (CNN personalizada)	Precisión: 99.5 %, F1-score: 99.4 %
Göröcs et al. (2021)	Citometría de flujo holográfica	Clasificación de quistes en agua dulce/marina	DenseNet-121	Precisión: 83 %, Recall: 74 %
Luo et al. (2019)	Citometría de flujo de agua potable	Clasificación de quistes	CytoNet-A (MobileNetV2 modificada)	Exactitud: 99.6 %, Precisión: 99.8 %
Nakarmi et al. (2024)	Microscopía de smartphone (200X) y campo claro (400X)	Detección y conteo de quistes en vegetales	YOLOv8	Precisión: 85.5 %, Recall: 81.1 %, F1-score: 83.7 %
Yarahmadi et al. (2025)	Microscopía de campo claro (heces, 40X)	Clasificación de fases (quistes, trofozoítos y muestras normales)	EfficientNet-B0	Exactitud: 96.29 %, Precisión: 95.99 %, Recall: 96.19 %, F1-score: 96.07 %

A diferencia de los trabajos previamente mencionados, esta tesis propone un flujo de trabajo para la detección y conteo de quistes de *G. lamblia* en imágenes microscópicas de muestras de heces teñidas con yodo, utilizando herramientas de aprendizaje profundo, específicamente la arquitectura YOLOv11. Se entrenaron modelos de aprendizaje profundo basados en YOLOv11 utilizando diferentes combinaciones del conjunto de datos. A diferencia de otros estudios, se empleó un objetivo con magnificación de 10x, lo que proporciona un campo de visión más amplio y, en la práctica, favorece un análisis más rápido y eficiente de las muestras. Este flujo de trabajo ofrece una solución económica, simple y automatizada, que reduce tiempos y costos asociados con la detección, mejora la precisión del proceso y brinda una herramienta más robusta para el apoyo clínico.

4. Metodología

En este capítulo se presenta la metodología empleada para la detección y el conteo de *G. lamblia*. La metodología sigue un diseño experimental que abarca desde la recolección de las muestras para la construcción del conjunto de imágenes hasta el entrenamiento y evaluación de los modelos de detección.

Como se muestra en la Figura 15, el proceso comienza con un protocolo estandarizado para la adquisición de imágenes, con lo que se construye el conjunto de datos. Posteriormente, a cada imagen se le aplican técnicas de recorte para después ser etiquetadas, luego se procede con la generación de los modelos de detección. Una vez generados, los modelos son evaluados y, finalmente, se valida su funcionamiento general.

Identificación, Detección y Conteo Automático del Parásito Protozoario Giardia lamblia en Imágenes de Muestras Microscópicas Utilizando Aprendizaje Profundo

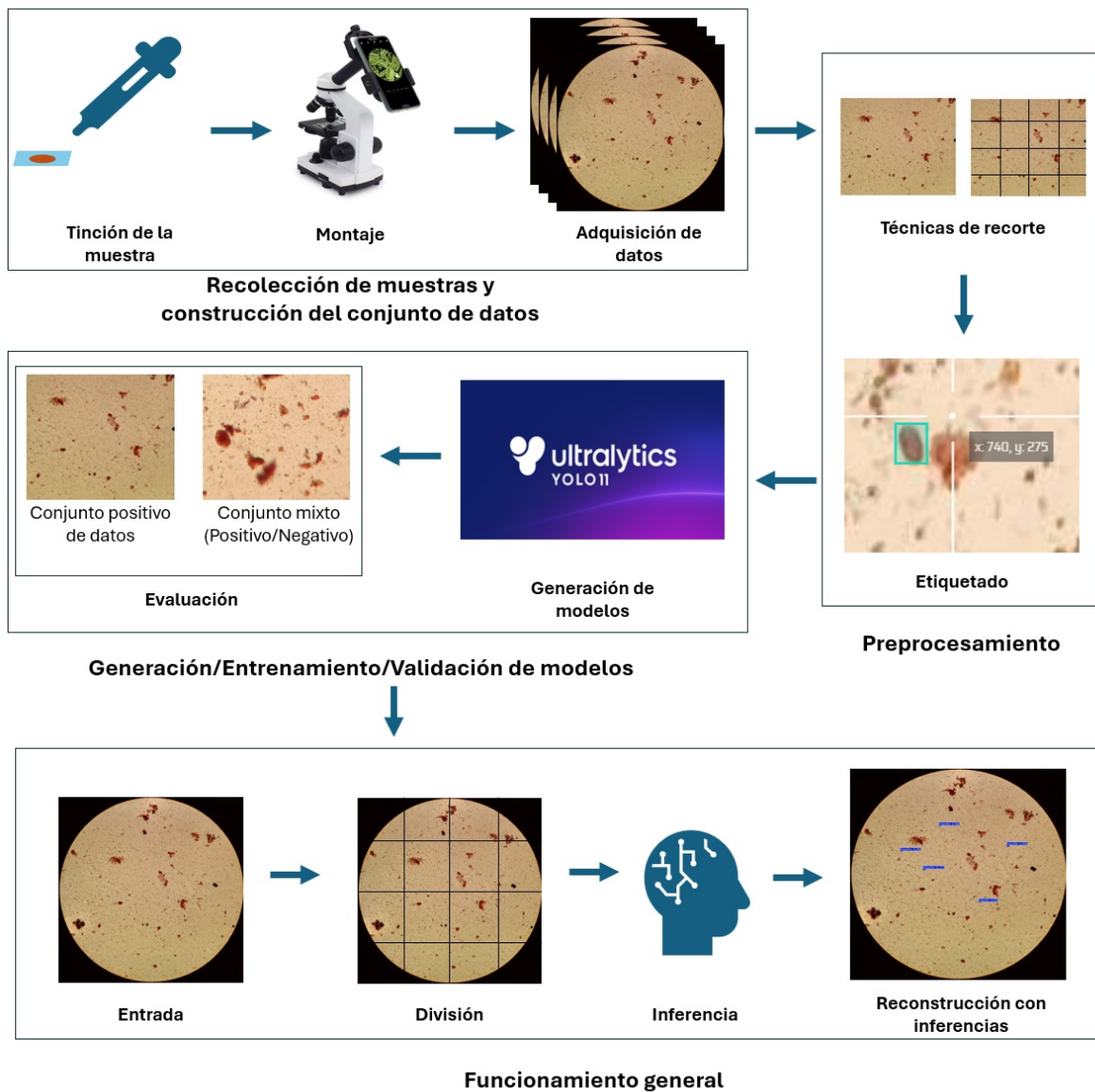


Figura 15: Diagrama general del flujo de trabajo de la metodología propuesta.

A continuación se detallan cada una de las etapas del proceso, incluyendo los criterios y técnicas empleadas en la recolección, preprocesamiento, aumento de datos, entrenamiento y evaluación de los modelos.

4.1. Construcción del conjunto de imágenes

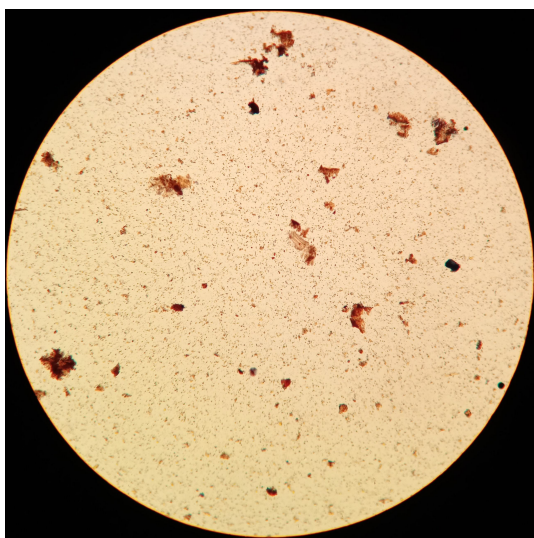
Las imágenes fueron recolectadas a partir de muestras de heces positivas y negativas de giardiasis, las muestras fueron proporcionadas por el Laboratorio de Microbiología de la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma de Baja California. Las muestras fueron teñidas con yodo y posteriormente se depositaron sobre un portaobjetos de vidrio y fueron cubiertas con un cubreobjetos para su observación con el microscopio.

Se utilizó un microscopio de campo claro ZEISS Primo Star al que se le adjuntó un adaptador de teléfono inteligente para microscopio, esto para mantener la estabilidad, reducir borrosidad y mantener el enfoque de la cámara; se utilizó un objetivo a 10x (figura 16). Las fotos se tomaron utilizando un teléfono inteligente Xiaomi Redmi9 con la configuración que venía por defecto, no se aplicó zoom ni filtros, y se utilizó la iluminación estándar que venía en el microscopio.

Se obtuvo un total de 911 imágenes con tamaño de resolución de $3,120 \times 4,160$ de las cuales: 729 pertenecen al conjunto positivo (tiene presencia del parásito) con *G. lamblia* (figura 17a), y 182 pertenecen al conjunto negativo (no tiene presencia del parásito) con *G. lamblia* (figura 17b).

4.2. Preprocesamiento

Antes de alimentar las imágenes como entrada para llevar a cabo el entrenamiento de la arquitectura de red neuronal profunda, se hicieron diferentes procesos de recorte

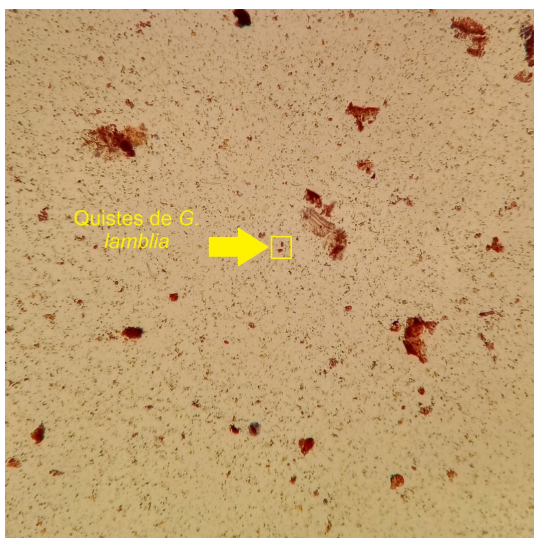


(a) Imagen tomada con objetivo a 10x.

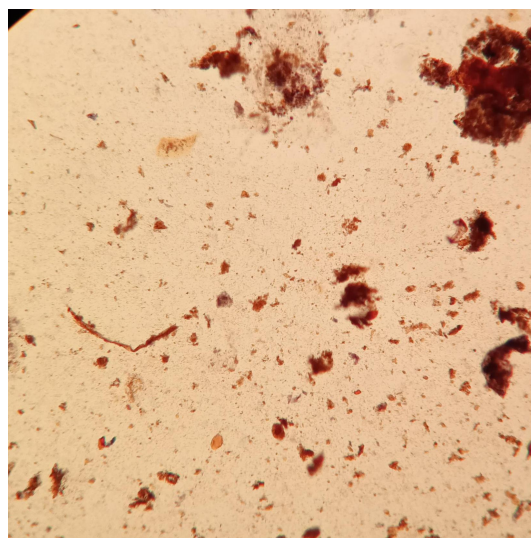


(b) Ejemplo del montaje que se usó.

Figura 16: Montaje y fotos



(a) Conjunto positivo (con presencia de *G. lamblia*) objetivo a 10x.



(b) Conjunto negativo (sin presencia de *G. lamblia*) objetivo a 10x.

Figura 17: Ejemplos de imágenes de los conjuntos obtenidos a partir de la adquisición de datos del microscopio.

para facilitar el análisis; los recortes se implementaron utilizando lenguaje Python.

Primero, las imágenes crudas tenían el problema de contener partes innecesarias que incluso abarcaban más de la mitad de la imagen, como se puede ver en la figura 18,

estas porciones de las imágenes se consideraron como innecesarias ya que no aportan información relevante para entrenar el modelo; es por eso que, se realizó un recorte para que las imágenes quedaran centradas, dejando a la mayoría en posiciones similares dejando las partes de interés.

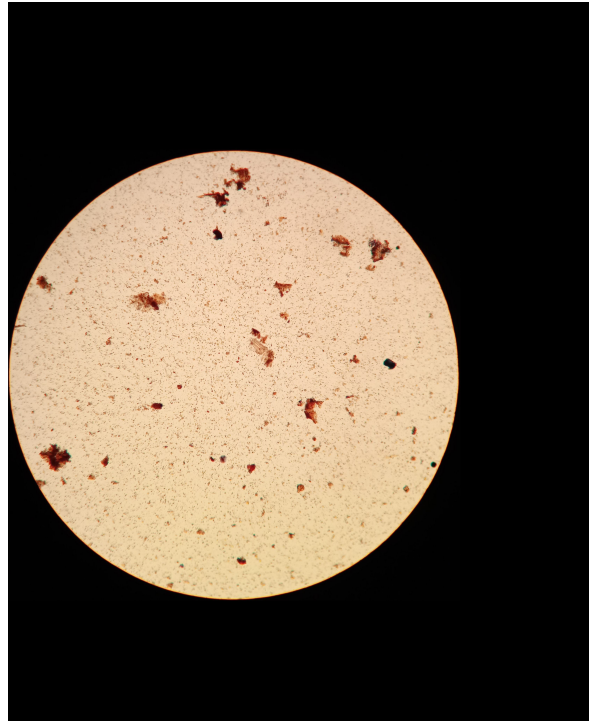


Figura 18: Ejemplo de las imágenes crudas con partes innecesarias.

Otro problema que se identificó fue la borrosidad, este efecto ocurre porque el lente del microscopio tiene una ligera distorsión en las orillas del campo de visión (figura 19), para esto, se utilizó un **segundo** recorte, el cual fue del borde de las imágenes a 18 %; este segundo recorte mejoró de manera significativa la claridad de las imágenes dejando la parte central que mantenía el enfoque que se usó para el análisis. Las imágenes resultantes tuvieron un tamaño de 1650×1650 píxeles.

Finalmente, se realizó un **tercer** recorte, el cual consistió en dividir cada imagen en

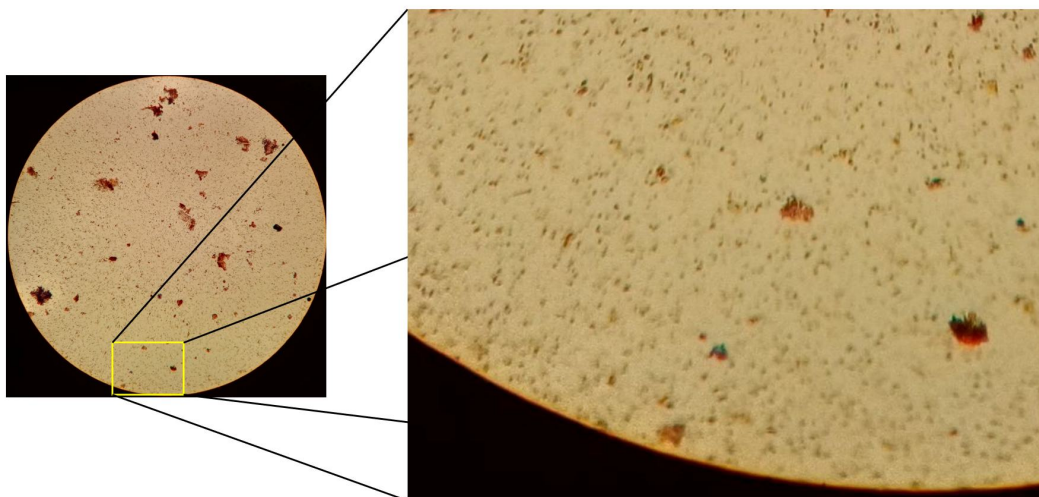


Figura 19: Borrosidad en las orillas del campo de visión de las imágenes.

16 sub-imágenes. Esta estrategia tiene como objetivo forzar a la red a concentrarse en regiones más pequeñas y, por lo tanto, a aprender patrones finos característicos de los quistes de *G. lamblia* y sus alrededores. Cada imagen se dividió en 16 sub-imágenes de tamaño 412×412 px.

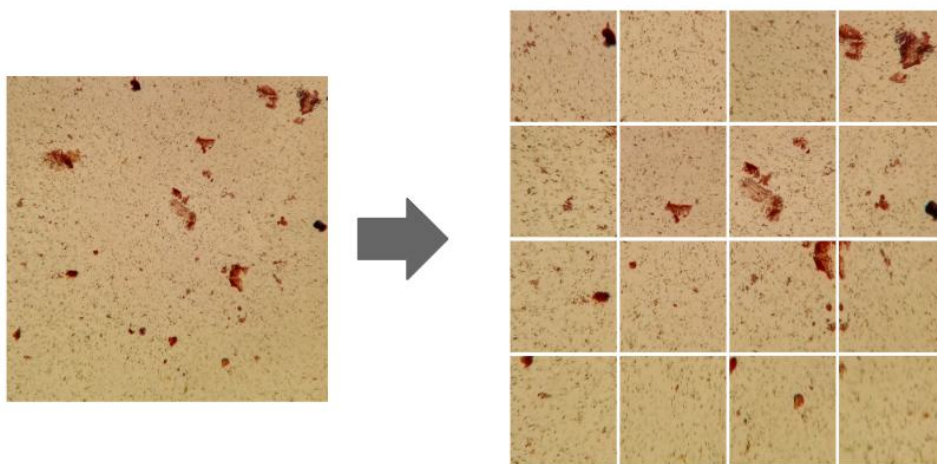


Figura 20: Imagen dividida en cuadrantes de 412×412 px.

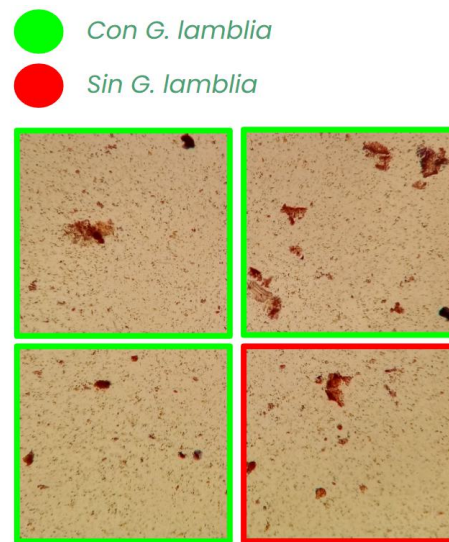


Figura 21: Ejemplo mostrando el problema de la división en cuatro cuadrantes. Uno de ellos, en rojo, no contiene al parásito.

Después del tercer recorte, se consiguió un total de 14,576 sub-imágenes de 412×412 px, donde: 11,664 pertenecen al conjunto positivo con *G. lamblia*. Y 2,912 pertenecen al conjunto negativo con *G. lamblia*. Después de la división se tuvo en cuenta que, de parte del conjunto positivo de *G. lamblia*, varias sub-imágenes ya no contenían al parásito, estas sub-imágenes sin el parásito fueron retiradas y por ende se redujo el conjunto positivo (figura 21). El conjunto final fue de 5,902 sub-imágenes donde: 2,990 pertenecen al conjunto positivo con *G. lamblia*. Y 2,912 pertenecen al conjunto negativo con *G. lamblia*.

Una vez obtenido el conjunto final de datos, se procedió a la anotación de las sub-imágenes con presencia de *G. lamblia*. Las anotaciones se hicieron con *bounding boxes* (cajas delimitadoras) utilizando el software **Label Studio** (Tkachenko et al. 2020) para generar archivos compatibles con la arquitectura (figura 22). Para llevar a cabo la ano-

tación se supervisó y capacitó al anotador para identificar los quistes, esta preparación fue supervisada por el Laboratorio de Microbiología de la UABC.

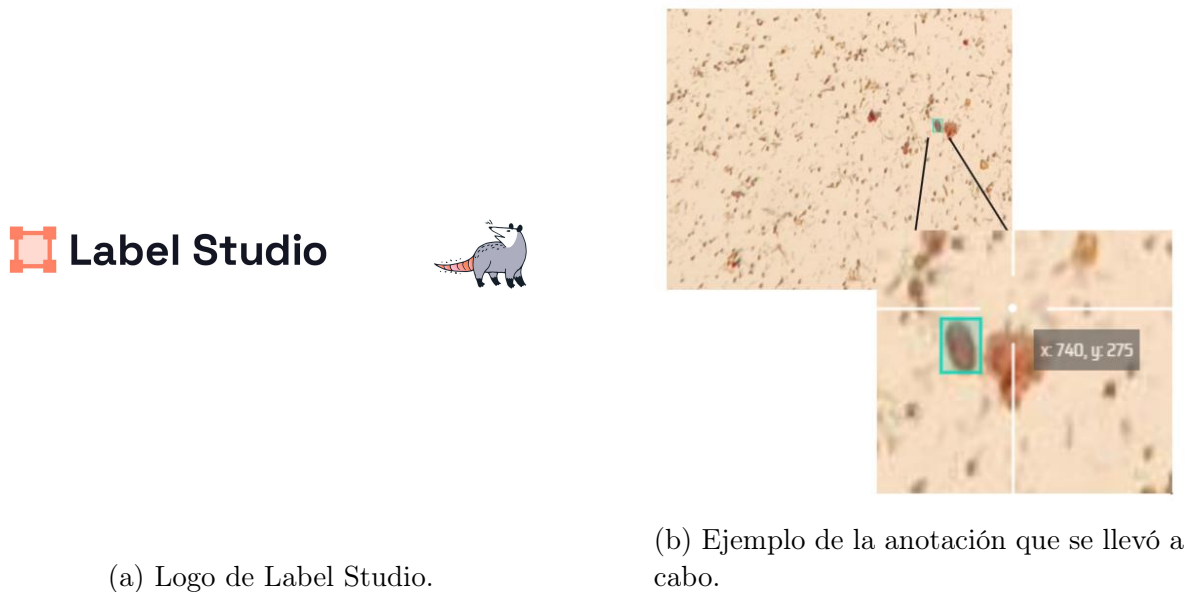


Figura 22: Herramienta usada para la anotación de las imágenes.

4.3. Generación de modelos

Para generar un modelo que realice la detección, identificación y el conteo de *G. lamblia*, se utilizó YOLOv11, esto porque en diferentes trabajos se han utilizado versiones anteriores de YOLO para tareas similares. Además, YOLOv11 es una versión reciente que tiene buen rendimiento en el conjunto de datos COCO (comparado a sus versiones anteriores) y se ajusta a las necesidades del proyecto. También, cabe mencionar que se experimentó con otras arquitecturas de aprendizaje profundo pero se obtuvieron rendimientos de detección menores al de YOLOv11.

Se generaron dos modelos diferentes basados en YOLOv11 utilizando dos conjuntos

de datos diferentes para su respectivo entrenamiento. El primer modelo fue generado utilizando solamente el conjunto positivo de *G. lamblia* y su objetivo fue establecer el rendimiento base del modelo: **Modelo1**. El conjunto de datos que se usó para entrenar el primer modelo consiste en un total de 2,990 sub-imágenes y se distribuyó de la siguiente manera:

- Conjunto de entrenamiento 72 %: 2,153 sub-imágenes positivas
- Conjunto de validación 18 %: 538 sub-imágenes positivas
- Conjunto de prueba 10 %: 299 sub-imágenes positivas

Después de analizar los resultados iniciales obtenidos por el **Modelo1**, se observó que tuvo problemas con los falsos negativos falsos positivos, esto es, que infería detecciones positivas de quistes falsas.

Para atacar este problema y mejorar la generalización del modelo, un tercer conjunto de sub-imágenes (conjunto mixto) fue creado combinando sub-imágenes del conjunto positivo y sub-imágenes del conjunto negativo, también se usaron algunas sub-imágenes que se habían retirado inicialmente esto para entrenar un segundo modelo: **Modelo2**. El conjunto mixto consiste en un total de 7,627 sub-imágenes y se distribuye de la siguiente manera:

- Conjunto de entrenamiento: 2,153 sub-imágenes positivas y 3300 sub-imágenes negativas (1203 pertenecían al conjunto positivo y fueron retiradas)
- Conjunto de validación: 538 sub-imágenes positivas y 793 sub-imágenes negativas

(269 pertenecían al conjunto positivo y fueron retiradas)

Para este nuevo conjunto de sub-imágenes, se esperó tener un mejor rendimiento de detección. Para ambos modelos, se utilizaron varios conjuntos de pruebas:

- Conjunto de prueba 1 (*10 % Conjunto Positivo*): 299 sub-imágenes positivas
- Conjunto de prueba 2 (*10 % Conjunto Negativo + 253 retiradas*): 544 sub-imágenes negativas
- Conjunto de prueba 3 (*Mixto*): 299 sub-imágenes positivas y 544 sub-imágenes negativas

Los conjuntos de sub-imágenes presentan un desbalance significativo entre ejemplos positivos (con quistes) y negativos (sin quistes). Aunque solo se define formalmente la clase *G. lamblia*, el detector YOLO debe aprender implícitamente a distinguir entre quiste y fondo.

La inclusión de sub-imágenes sin anotaciones durante el entrenamiento mitiga este desbalance y es especialmente importante durante el entrenamiento por mini-batches. En cada mini-batch, YOLO procesa múltiples imágenes simultáneamente; si un batch contiene solo imágenes positivas, el modelo no recibe señales de aprendizaje sobre qué regiones no deben detectarse, lo que puede llevar a sobreajuste y alta tasa de falsos positivos. Al incluir imágenes negativas en los batches, se garantiza que en cada paso de optimización el modelo reciba ejemplos de ambos tipos, mejorando la estabilidad del entrenamiento y la capacidad de generalización.

Este enfoque ayuda a que el modelo refine su representación del quiste, aprendiendo no solo sus características positivas, sino también a diferenciarlo de artefactos visuales similares en el medio microscópico. Así, se mejora el rendimiento final, pues el modelo aprende a ignorar regiones que no corresponden al quiste.

La tabla 2 muestra los hiperparámetros utilizados para entrenar ambos modelos.

Tabla 2: Configuración de Hardware y Hiperparámetros

Elemento	Descripción
Arquitectura	<i>YOLOv11l.pt</i> preentrenada
Optimizador	Adam (beta1=0.9, beta2=0.999)
Tasa de aprendizaje	Inicial: 0.01, Final: 0.001
Épocas	150
Batch Size	16 (determinado por memoria GPU)
Weight Decay	0.0005
Momentum	0.937
Función de Pérdida	Focal Loss ($\alpha=0.8$, $\gamma=2$)
Manejo de Desbalance	Sampling balanceado en mini-batches + Data Augmentation dirigida
Técnicas de aumento de datos	Ajustes HSV, transformaciones geométricas, mosaic, MixUp
División de datos	Entrenamiento: 72 %, Validación: 18 %, Prueba: 10 %
Hardware	
GPU	NVIDIA GeForce RTX 4060 Laptop (8GB VRAM)
CPU	AMD Ryzen 7 7840HS
RAM	16GB DDR5
Tiempo de entrenamiento	$\approx$ 10-12 horas por modelo (150 épocas)

4.4. Evaluación de los modelos

Para evaluar la efectividad de los modelos entrenados para detectar quistes de *G. lamblia*, se emplean métricas de desempeño basadas en la matriz de confusión, mostrada en la figura 23. En el caso de clasificación binaria, las columnas representan las clases predichas y los renglones las clases reales. Esta matriz también puede adaptarse al contexto de detección de objetos, donde se analiza la tasa de objetos correctamente detectados. Los verdaderos positivos (VP) y verdaderos negativos (VN) corresponden a inferencias correctas, mientras que los falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN) indican errores de clasificación.

		+ Clases Predichas -	
Clases Reales	+	VP Verdaderos Positivos	FN Falso Negativo
	-	FP Falso Positivos	VN Verdaderos Negativo

Figura 23: Ejemplo de una matriz de confusión para dos clases.

Dados los valores obtenidos en la matriz, se definen las siguientes métricas: precisión, exactitud (*accuracy*), exhaustividad (*recall*), especificidad, puntaje F1 (*F1-score*) y la media de la precisión promedio (*mean Average Precision, mAP*) en umbrales de IoU

(*Intersection over Union*) desde 50 % hasta 95 %. Estas métricas muestran qué tan precisos y confiables son los modelos en cuestión de la detección de objetos en diferentes escenarios. Las fórmulas para las métricas se describen a continuación:

- La **precisión** (ecuación 1), indica qué tan confiables son las detecciones positivas.

Una precisión baja implica que el modelo detecta muchos objetos que no son quistes (falsos positivos).

$$\text{precisión} = \frac{VP}{VP + FP} \quad (1)$$

- La **exhaustividad** (ecuación 2), indica qué proporción de quistes reales detecta el modelo. Una baja exhaustividad significa que el modelo no está detectando todos los quistes verdaderos (falsos negativos).

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

- La **especificidad** (ecuación 3), mide la capacidad del modelo para ignorar correctamente las regiones que no contienen quistes, es decir, refleja un bajo número de falsos positivos o, en otras palabras, menos falsas alarmas.

$$\text{especificidad} = \frac{VN}{VN + FP} \quad (3)$$

- El **F1-Score** (ecuación 4), es una métrica que combina la precisión y la exhaustivi-

dad. Es útil cuando existe un desequilibrio entre falsos positivos y falsos negativos, ya que busca un balance entre ambas.

$$\text{F1-Score} = 2 \times \frac{P \times R}{P + R} \quad (4)$$

- La **exactitud** (ecuación 5), indica la proporción de predicciones correctas, tanto positivas como negativas, respecto al total de casos evaluados.

$$\text{exactitud} = \frac{VP + VN}{VP + FP + VN + FN} \quad (5)$$

- La **intersección sobre la unión** (*Intersection over Union, IoU*) (ecuación 6), mide el grado de superposición entre la caja delimitadora predicha por el modelo y la caja real anotada manualmente que contiene el quiste.

$$\text{IoU} = \frac{\text{Área de intersección}}{\text{Área de la unión}} \quad (6)$$

- El ***mAP@*** representa la **media de la precisión promedio** calculada considerando una coincidencia correcta cuando el IoU es al menos igual o mayor a un umbral. Por ejemplo en 50 el modelo se evalúa de forma más permisiva, es decir, basta con que la caja detectada cubra razonablemente al quiste real para considerarse una detección correcta mientras que en 50:95 se exige una correspondencia más estricta. El valor de mAP se define como:

$$mAP = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N AP_i \quad (7)$$

donde N es el número total de clases y AP_i es la precisión promedio de la clase i .

En las ecuaciones, y para este trabajo, VP representa el conteo de *Verdaderos Positivos*, VN el conteo de *Verdaderos Negativos*, FP el conteo de *Falsos Positivos* y FN el conteo de *Falsos Negativos*. Para esta tarea, es fundamental lograr un número bajo de *Falsos Negativos* (FN), ya que esto indica que la mayoría de los quistes de *G. lamblia* están siendo detectados correctamente. De manera similar, minimizar los *Falsos Positivos* (FP) también es altamente deseable, ya que garantiza un análisis más preciso y confiable, lo que conlleva a obtener mejor información.

Posterior a la evaluación de los modelos, se implementa el funcionamiento general del método el cual inicia recibiendo una imagen completa de entrada, se aplican técnicas de recorte, y se ejecuta la inferencia sobre las sub-imágenes mediante los modelos entrenados, por último se reconstruye la imagen con la etiqueta, localización y conteo de los quistes detectados.

5. Resultados

En esta sección se analizan los resultados de los experimentos realizados para la detección y conteo de *G. lamblia* en sub-imágenes de muestras microscópicas. Los resultados de las pruebas están a nivel objeto, es decir, por cada quiste presente en el conjunto de sub-imágenes.

5.1. Curvas de entrenamiento y validación

Las curvas de entrenamiento y validación ayudan a entender si los modelos están convergiendo o si se están sobreajustando. En la figura 24 se muestran las curvas de pérdida del entrenamiento y métricas de desempeño para ambos modelos (*box loss*, *cls loss*, *DFLoss*, precisión, recall, mAP@50 y mAP@50-95). A continuación, se describen los comportamientos observados en cada tipo de pérdida.

5.1.1. Pérdida de caja

5.1.2. Pérdida de caja (*box loss*)

La pérdida de caja mide qué tan bien ajusta el modelo los rectángulos alrededor de los quistes.

Durante el entrenamiento, ambos modelos muestran una mejora gradual y estable. Esto significa que aprenden a ubicar correctamente los quistes. Ambos se comportan de forma similar porque ven las mismas imágenes con quistes.

En la validación, se puede ver que el `Modelo1` mantiene una pérdida casi constante.

Esta constancia puede ocurrir porque el **Modelo1** solo ha aprendido a detectar quistes en contextos muy similares a los de entrenamiento. Al no ver ejemplos negativos, no sabe adaptarse bien a las pequeñas variaciones de las imágenes nuevas.

Es importante destacar que una pérdida de caja de mayor a 1.0 no significa que el modelo falle completamente. El modelo puede estar detectando bien los quistes, pero sus rectángulos no son perfectamente exactos. Esto puede deberse a que las anotaciones manuales de los quistes tienen pequeñas variaciones en tamaño y posición, y el modelo aprende un "promedio" de estas anotaciones.

El **Modelo2** logra una mejor generalización porque al ver imágenes sin quistes, aprende a ser más cuidadoso al dibujar los rectángulos solo donde realmente hay quistes. Esto se refleja en su menor pérdida de caja en validación.

5.1.3. Pérdida de clase

La pérdida de clase indica la capacidad del modelo para distinguir entre clases, es decir, si cierto objeto pertenece a la clase *G. lamblia*.

Para el entrenamiento, ambos modelos muestran una disminución suave durante el entrenamiento, reflejando que aprenden a diferenciar quistes de *G. lamblia* de manera similar, esta similitud se debe a que ambos modelos utilizan las mismas sub-imágenes positivas para entrenar.

En la validación, la pérdida de clase del **Modelo1** tiende a valores cercanos al cero y esto puede ser debido a que solo puede aprender a identificar la clase *Giardia*. El **Modelo2** presenta oscilaciones pronunciadas y valores más altos, esto puede ser debido a la in-

clusión de sub-imágenes negativas que introducen mayor complejidad en la tarea de clasificación. Sin embargo, a pesar de tener una pérdida más elevada, el `Modelo2` se comporta mejor en la práctica, esto sugiere que al sub-imágenes sin presencia, el modelo aprende a distinguir o correlacionar características que no pertenecen a la clase `G.lamblia`, refinando el aprendizaje para no marcar objetos que no son como quistes.

5.1.4. Pérdida focal de distribución (DFLoss)

La pérdida focal de distribución mide la confianza de detección, valores bajos significan que el modelo tiene mucha confianza cuando detecta un quiste y cuando no lo detecta. Durante el entrenamiento, ambos modelos muestran una disminución gradual de esta pérdida. El `Modelo2` alcanza valores más bajos, lo que indica que aprende a tener más confianza en sus decisiones gracias a que también ve imágenes sin quistes.

En la validación, se observa una diferencia clara: el `Modelo1` mantiene una pérdida casi plana (no cambia mucho), mientras que el `Modelo2` sigue mejorando gradualmente. Esto significa que el `Modelo2` generaliza mejor a imágenes nuevas. Asigna probabilidades más precisas, lo que en la práctica se traduce en menos detecciones erróneas y mayor confiabilidad.

5.2. Resultados Cuantitativos en Validación

En la Tabla 3 se presenta un resumen comparativo de las métricas de desempeño para ambos modelos en el conjunto de validación.

Tabla 3: Comparación de métricas de desempeño entre **Modelo1** y **Modelo2**

Métrica	Modelo1	Modelo2
Precisión (Precision)	93.22 %	89.24 %
Exhaustividad (Recall)	92.78 %	90.20 %
mAP@50	97.08 %	93.98 %
mAP@50-95	58.34 %	56.61 %
F1-Score	89.52 %	87.91 %
Pérdida de Caja (Val)	1.3872	1.1947
Pérdida de Clase (Val)	0.66	1.6688
DFLoss (Val)	0.83	0.5345

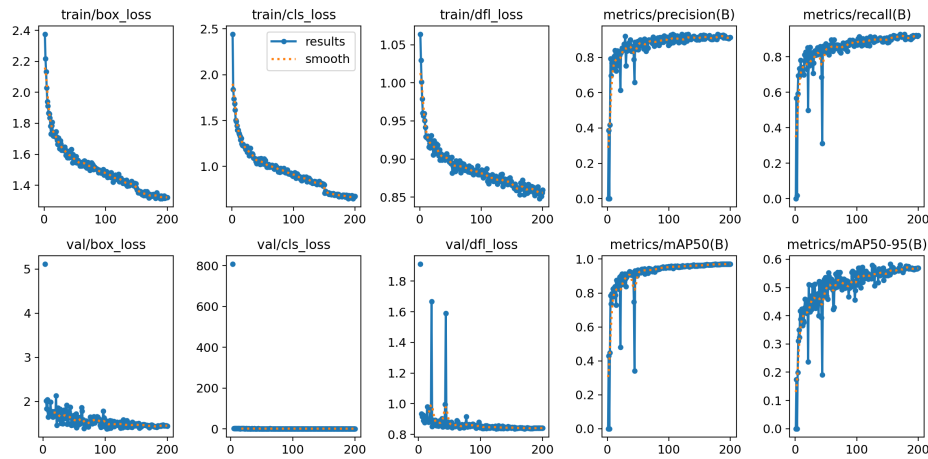
5.2.1. Análisis de las Métricas Precisión, Recuerdo, mAP@50, mAP@50-95

Precisión y Exhaustividad: El **Modelo1** obtiene mejores valores tanto en precisión (**M1:93.22 %** vs M2:89.24 %) como en exhaustividad (**M1:92.78 %** vs M2:90.20 %). Esto indica que el **Modelo1** es ligeramente más efectivo para identificar correctamente los quistes y encontrar la mayoría de ellos.

mAP@50: El **Modelo1** alcanza un **97.08 %** frente al 93.98 % del **Modelo2**, esto sugiere que el **Modelo1** tiene un mejor desempeño general en detección con un umbral de IoU del 50 %.

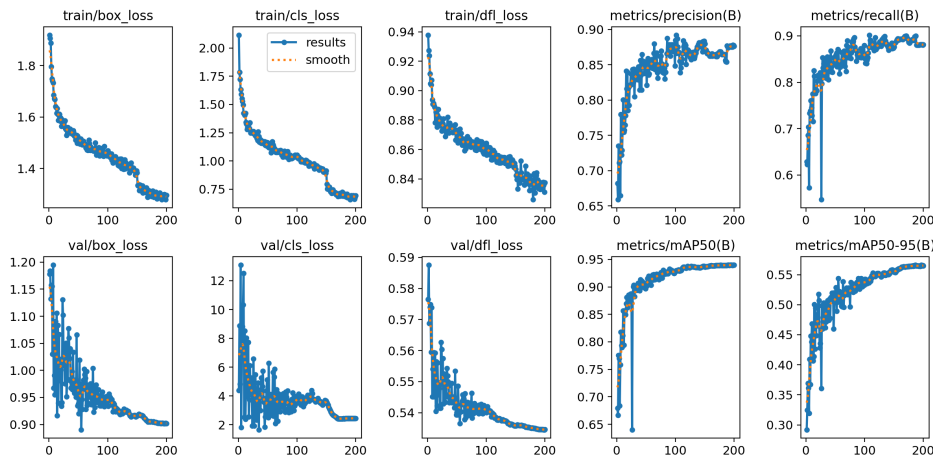
mAP@50-95: En esta métrica más estricta se observa que el **Modelo1** obtiene **58.34 %** mientras que el **Modelo2** 56.61 %, esto sugiere que el **Modelo1** mantiene mejor precisión espacial a diferentes umbrales de superposición.

Identificación, Detección y Conteo Automático del Parásito Protozooario Giardia lamblia en Imágenes de Muestras Microscópicas Utilizando Aprendizaje Profundo



(a) Curvas de entrenamiento y validación para el **Modelo1** que utiliza un conjunto de datos positivo.

Model 2: Trained on Mixed Images



(b) Curvas de entrenamiento y validación para el **Modelo2** que utiliza un conjunto de datos mixto.

Figura 24: Curvas de entrenamiento y validación para el **Modelo1** (arriba) y **Modelo2** (abajo). Cada modelo incluye: box loss, dfi loss, cls loss (entrenamiento/validación), precisión, recall, mAP@50 y mAP@50-95 (validación).

El análisis cuantitativo en el conjunto de validación sugiere que **Modelo1** tiene un mejor rendimiento general que el **Modelo2**. No obstante, las métricas de validación pueden estar sujetas al sobreajuste o pueden no capturar por completo la complejidad de los

datos en diferentes escenarios.

Por lo tanto, si bien los resultados de validación son positivos para el **Modelo1**, se considera prematuro declararlo como el modelo óptimo. La evaluación definitiva requiere contrastar estos resultados con las matrices de confusión y métricas derivadas del conjunto de pruebas, el cual servirá como base imparcial para determinar cuál modelo generaliza de manera más efectiva en la tarea de detección.

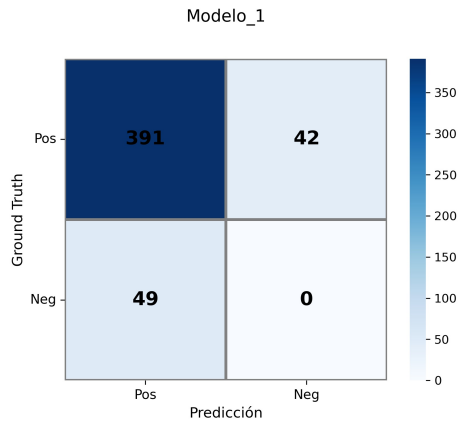
5.2.2. Análisis de matrices de confusión

Para tener un análisis más fiable de los modelos, se generaron matrices de confusión evaluando diferentes conjuntos de prueba. En la figura 25 se presentan cuatro matrices de confusión correspondientes a los modelos evaluados en los conjuntos de prueba positivo y mixto. Como se explicó anteriormente, estas matrices permiten visualizar el desempeño de los modelos de clasificación y detección mediante la comparación entre los conteos de detecciones del modelo y los valores reales. Específicamente para esta investigación, las matrices de confusión proporcionan información clave sobre:

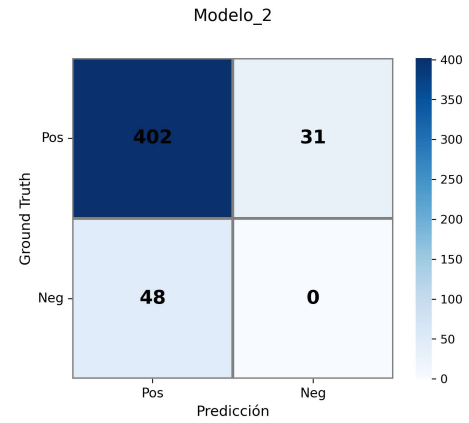
- Verdaderos positivos (VP): Número de quistes correctamente identificados dentro de todo el conjunto de sub-imágenes por el modelo.
- Falsos positivos (FP): Número de objetos que fueron incorrectamente identificados como quistes dentro de todo el conjunto de sub-imágenes por el modelo.
- Falsos negativos (FN): Número de quistes que el modelo falló en detectar dentro de todo el conjunto de sub-imágenes.

Al evaluar los modelos con el conjunto de pruebas positivo (figuras 25a y 25b), se observa que el **Modelo1** (entrenado exclusivamente con sub-imágenes con presencia *G. lamblia*) presenta una mayor tasa de falsos negativos, esto es, que no pudo detectar 42 quistes de *G. lamblia*. El **Modelo2** obtuvo una menor tasa con 31 falsos negativos. Esto sugiere que la inclusión de sub-imágenes sin presencia del parásito durante el entrenamiento sí reduce la tasa de falsos negativos.

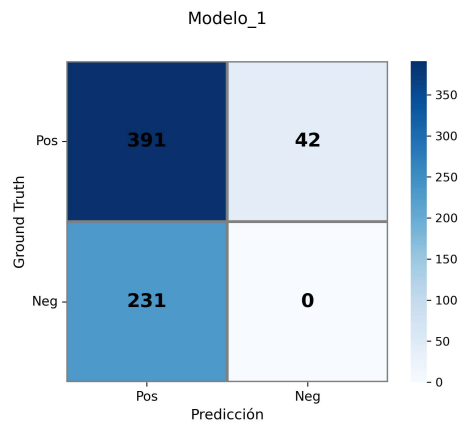
Por otra parte, al evaluar los modelos con el conjunto de pruebas mixto (figuras 25c y 25d), se puede observar que el conteo de falsos positivos es mayor en el **Modelo1** con 231 detecciones que con el **Modelo2** con 74 detecciones. Esta diferencia sugiere que la inclusión de sub-imágenes sin presencia del parásito sí reduce la tasa de falsos positivos.



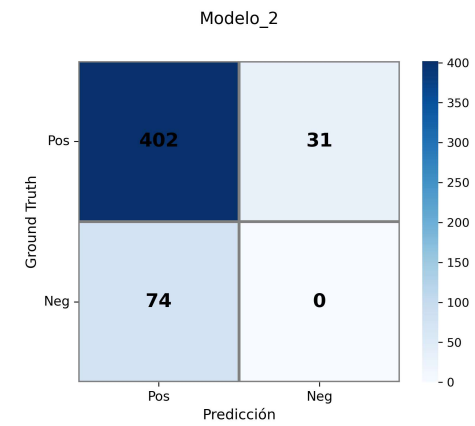
(a) Modelo1 entrenado con el dataset positivo y evaluado con el dataset positivo.



(b) Modelo2 entrenado con el dataset positivo y evaluado con el dataset mixto.



(c) Modelo1 entrenado con el dataset mixto y evaluado con el dataset positivo.



(d) Modelo2 entrenado con el dataset mixto y evaluado con el dataset mixto.

Figura 25: Matriz de confusión para cada modelo, mostrando el rendimiento bajo diferentes condiciones de entrenamiento y prueba.

Las matrices de confusión usadas dan un conteo de quistes en todo el conjunto de pruebas, como se usó el mismo conjunto positivo para crear el conjunto mixto, el total de quistes dentro de ambos conjuntos fue de 433.

5.3. Muestras de detecciones

En la figura 26 se presentan ejemplos representativos en los que ambos modelos fallaron en detectar quistes reales, así como casos en los que solo el **Modelo1** obtuvo falsos negativos. En los casos donde ninguno de los modelos detectó correctamente, se observó que las sub-imágenes presentan características desfavorables, como desenfoque o baja calidad visual, el **Modelo1** tiende a fallar cuando hay objetos similares a los quistes o cuando hay quistes visiblemente cercanos entre sí. Por otro lado el **Modelo2** (entrenado con sub-imágenes positivas y negativas) sí es capaz de realizar detecciones con quistes cercanos entre sí.

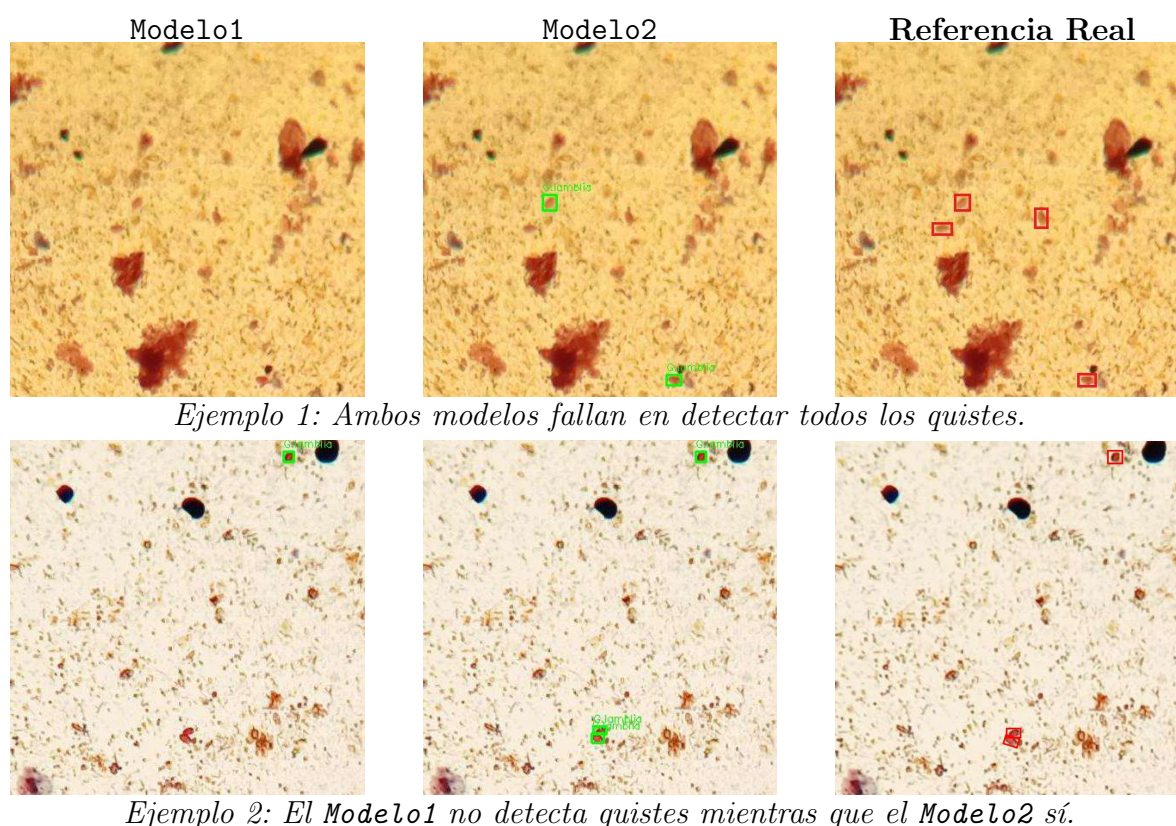
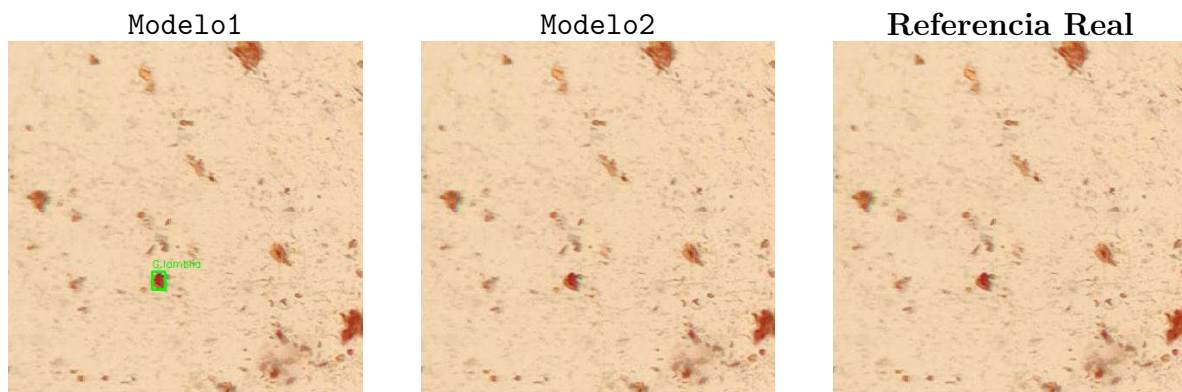
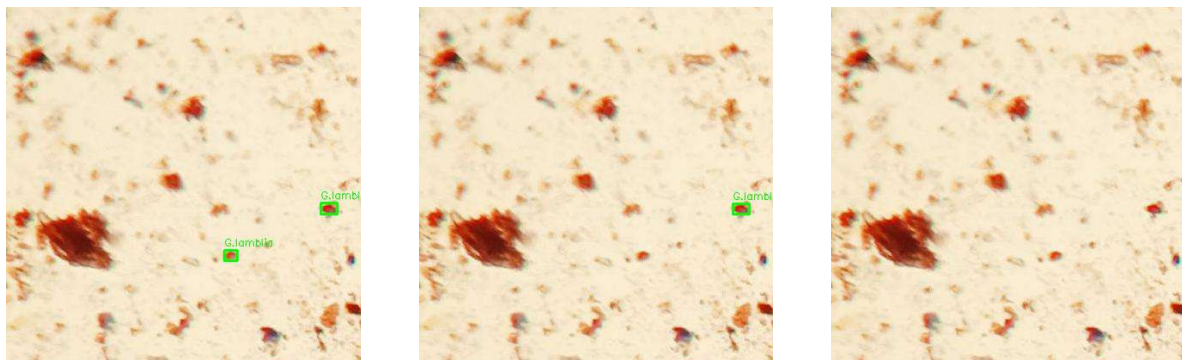


Figura 26: Comparación visual de detecciones de quistes de *G. lamblia* en sub-imágenes de prueba. Se muestran ejemplos donde los modelos no lograron detectar correctamente en distintas condiciones.

En la figura 27 se presentan ejemplos donde los modelos detectan falsos positivos en el conjunto de prueba negativo. En este conjunto ninguna de las sub-imágenes contiene quistes en la referencia real. El **Modelo1** realiza bastantes detecciones incorrectas, suele detectar como quiste objetos que incluso llegan a ser más grandes que los quistes u objetos que tienen una tinción similar pero con forma diferente a la de los quistes como se ve en el ejemplo 1 de la figura 27. El **Modelo2** también realiza detecciones erróneas en este conjunto, principalmente con objetos visualmente similares a los quistes tanto en forma como en coloración esto se puede observar en el ejemplo 2 de la figura 27.



Ejemplo 1: Solo el Modelo1 produjo un falso positivo.



Ejemplo 2: Ambos modelos realizaron por lo menos una detección incorrecta (falso positivo).

Figura 27: Ejemplos visuales donde los modelos detectaron quistes inexistentes (falsos positivos) en sub-imágenes sin presencia real de *G. lamblia*.

Estos resultados sugieren que la exposición a ejemplos sin quistes durante el entrenamiento mejora la capacidad del modelo para evitar detecciones erróneas.

5.4. Métricas de evaluación

En la tabla 4 se muestran los valores de las métricas de rendimiento para cada modelo, evaluados con los dos conjuntos de prueba. Las métricas fueron calculadas en base a los valores obtenidos del conteo de las matrices de confusión anteriormente presentadas.

Conjunto de prueba positivo: Ambos modelos obtuvieron resultados similares, con el **Modelo2** mostrando valores ligeramente superiores en la mayoría de métricas. Esto puede indicar que los modelos no tienen mucha diferencia en sus rendimientos.

Conjunto de prueba mixto: Se observa una diferencia en el rendimiento de los modelos. El **Modelo1** experimenta una caída notable en sus métricas: precisión (**M1:88 %** $\rightarrow$ **62 %**), exactitud (**81 %** $\rightarrow$ **58 %**) y especificidad (**88 %** $\rightarrow$ **62 %**), mientras que el recall se mantuvo en 90 % y el F1-score bajó de 89 % a 74 %. Por otro lado el **Modelo2** mantiene un rendimiento más estable: precisión (**M2:89 %** $\rightarrow$ **84 %**), exactitud (**83 %** $\rightarrow$ **79 %**), especificidad (**89 %** $\rightarrow$ **84 %**), con recall constante en 92 % y F1-score de 91 % a 88 %.

Esta diferencia demuestra que el **Modelo2** generaliza mejor al enfrentarse a muestras mixtas (con y sin quistes), manteniendo su efectividad, mientras que el **Modelo1** presenta mayor sensibilidad al contexto de las imágenes.

Con estos resultados, se puede observar que el **Modelo2** tuvo resultados favorables ante el conjunto de pruebas mixto mientras que el **Modelo1** empeoró de forma notoria.

Tabla 4: Métricas de rendimiento para modelos entrenados con diferentes conjuntos de datos y evaluados en dos conjuntos de prueba que utilizan el 10 % de los datos.

Modelo	Prueba	Precisión	Exactitud	Recall	Especificidad	F1-score
Modelo1	Positivo	88	81	90	88	89
Modelo1	Mixto	62	58	90	62	74
Modelo2	Positivo	89	83	92	89	91
Modelo2	Mixto	84	79	92	84	88

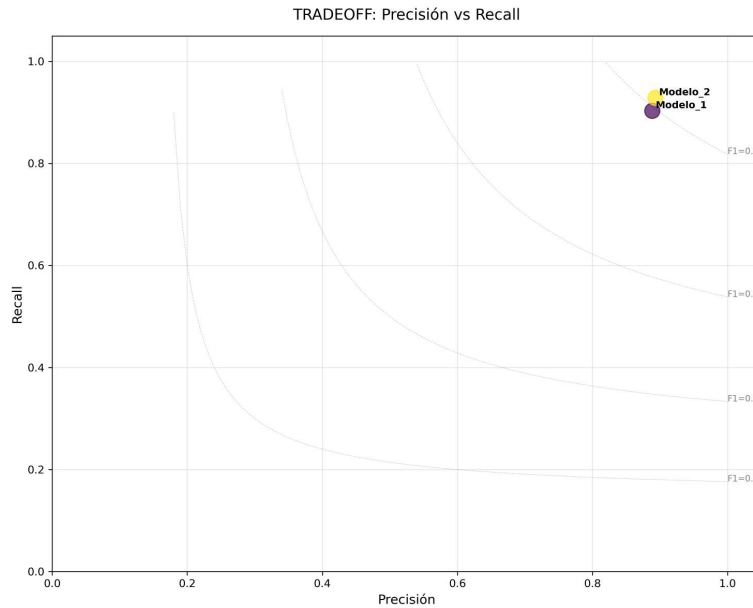
El objetivo del conjunto de pruebas mixto fue evaluar los modelos en escenarios sin quistes, lo cual es crucial ya que un modelo con muchos falsos termina siendo redundante.

Una alta precisión indica baja tasa de falsos positivos.

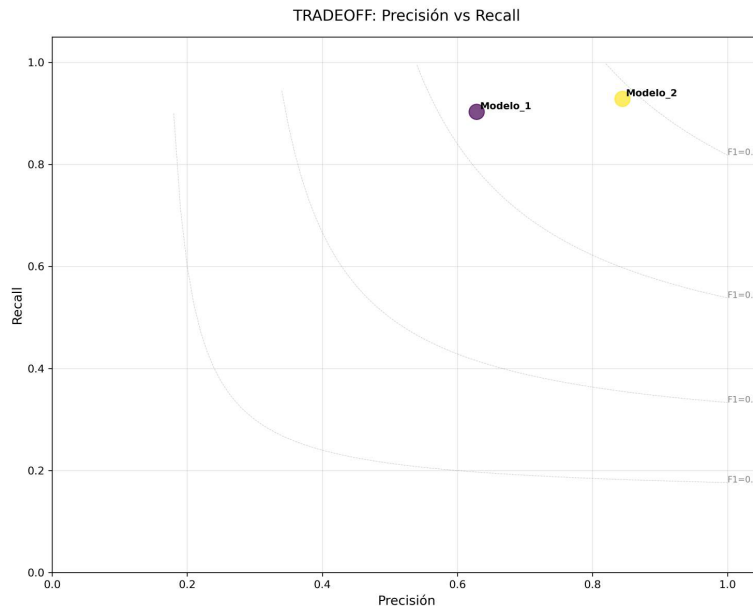
Con el conjunto de pruebas mixto, el **Modelo2** muestra mayor confiabilidad evitando detecciones falsas, con una precisión de **84 %** frente al **62 %** del **Modelo1**.

Como era esperado, el recall se mantuvo estable en ambos modelos, ya que al no haber quistes en las sub-imágenes negativas, no hay detecciones faltantes. Aún así, el **Modelo2** mantiene un recall ligeramente superior, confirmando su mejor equilibrio entre evitar falsos positivos y no perder quistes reales.

El f1-score es la métrica más confiable y balanceada para determinar la fiabilidad de un modelo, ya que equilibra los dos errores más relevantes: falsos positivos (precisión) y falsos negativos (recall). Un f1-score alto indica que el modelo no genera muchas detecciones erróneas ni deja escapar quistes reales. A continuación en la figura 28 muestran las curvas de f1-score para los modelos evaluados en ambos conjuntos:



(a) Curva Precision-Recall y F1-Score del conjunto de prueba positivo. **Modelo1**(Punto púrpura) y **Modelo2**(Punto amarillo)



(b) Curva Precision-Recall y F1-Score del conjunto de prueba mixto. **Modelo1**(Punto púrpura) y **Modelo2**(Punto amarillo)

Figura 28: Curvas de trade-off entre Precisión y Recall con líneas de F1-Score constante para los dos modelos evaluados.

Como se muestra en la figura 28a, ambos modelos tienen rendimiento similar con el conjunto positivo (**M1:89 %** vs **M2:91 %**).

Pero en la figura 28b se puede observar una separación entre los modelos principalmente por la precisión dejando al **Modelo1** con un f1-score menor de 74 % para el conjunto mixto al del **Modelo2** de 88 % para el conjunto mixto, con esto se puede decir que **el Modelo2 tiene un mejor rendimiento general**.

Los resultados sugieren que la inclusión de sub-imágenes sin presencia del quiste al entrenamiento mejoran los resultados en el rendimiento de los modelos. Se redujo ligeramente la cantidad de falsos negativos y se redujo de gran manera la cantidad de falsos positivos. En aplicaciones clínicas, un alto número de falsos positivos puede derivar en procedimientos innecesarios provocando costos innecesarios, mientras que un número alto de falsos negativos puede ser peligroso al dejar pasar quistes u otros objetos de interés, ambos errores pueden ocasionar una pérdida de confianza en el sistema automatizado. El **Modelo2**, a parte de tener una detección mayor de quistes, también logró reducir considerablemente los falsos positivos, lo que lo convierte en una opción más robusta y adecuada para escenarios reales donde no todas las sub-imágenes contienen quistes de los parásitos.

5.5. Conteo automático

Para implementar el método de aprendizaje profundo que realice el conteo automático de quistes de *G. lamblia* en imágenes microscópicas, se seleccionó el **Modelo2** por su mejor rendimiento en detección y menor tasa de falsos positivos. El método recibe

de entrada las imágenes y procesa cada una de ellas aplicando las técnicas de recorte dejando 16 sub-imágenes por imagen; para cada una se hace la detección por el modelo y se guardan las coordenadas; por último se reconstruye la imagen y se colocan los bounding boxes en la imagen completa con el conteo de quistes por imagen (figura 29).

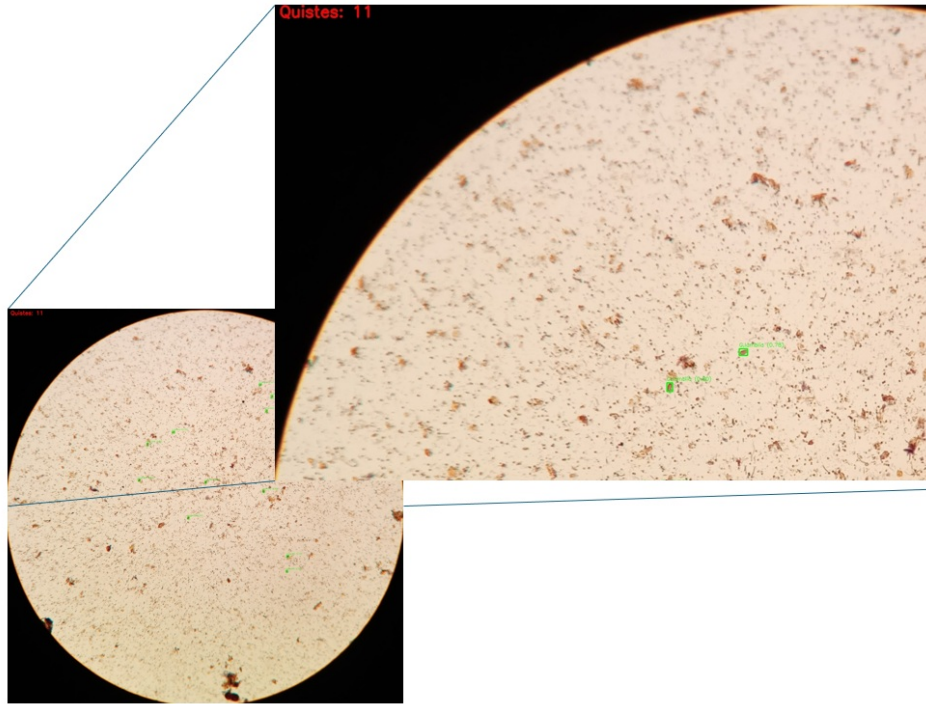


Figura 29: Ejemplo de imagen microscópica completa con conteo automático de quistes de *G. lamblia*. Se observan los *bounding boxes* verdes alrededor de cada quiste detectado y el conteo total en la esquina superior izquierda.

Aunque no se dispone de un conjunto de imágenes completas con conteos manuales de referencia para validación una cuantitativa, se realizó una evaluación cualitativa visual que confirma la capacidad del sistema para identificar y contar quistes en imágenes reconstruidas. El método genera mapas de detección coherentes donde los bounding boxes se superponen correctamente con los quistes visibles.

6. Conclusiones

En este trabajo se cumplió con los objetivos estipulados anteriormente, primero se construyó un conjunto de datos, el cual consiste de 729 imágenes con presencia del quiste de *G. lamblia* y 211 sin presencia del quiste. Posteriormente se definieron, implementaron y evaluaron diferentes estrategias basadas de procesamiento de imágenes basadas en recortes, con el objetivo de encontrar la mejor manera de entrenar modelos de aprendizaje profundo para la identificación, detección y conteo de *G. lamblia*. Por último, para dar cumplimiento al tercer objetivo, se evaluaron los modelos generados por la arquitecturas de aprendizaje profundo ante diferentes escenarios para validar su rendimiento.

En este estudio, se encontró que los modelos de aprendizaje profundo basados en YOLOv11 permiten identificar quistes de *G. lamblia* en imágenes de muestras microscópicas de heces a un objetivo de 10x capturadas con una cámara de celular utilizando la metodología propuesta. El proceso empezó con la adquisición de las imágenes microscópicas y fue seguido por estrategias de recorte de imágenes que contribuyeron al análisis, diversificación de los datos y a la mejora del rendimiento de los modelos. Las imágenes fueron anotadas y utilizadas como entrada para la arquitectura YOLOv11 para entrenar dos modelos de detección. Cada uno de los modelos fue entrenado con conjuntos diferentes de datos. Al final, el modelo con mejor desempeño fue el **Modelo2**, con una exactitud del 81 %, precisión del 84 %, Recall del 93 % y un F1-score del 88 %, evaluado sobre el conjunto de pruebas mixto. Si bien estos resultados se obtuvieron bajo la metodología propuesta, también se pueden comparar con las investigaciones previas

en el mismo campo.

La mayoría de los trabajos están enfocados en la tarea de clasificación o emplean métodos de adquisición de datos distintos al que se utilizó en nuestro estudio. Por ejemplo, Widmer et al. (2005) utiliza la microscopía fluorescente con tinción a un objetivo de 400x alcanzando una precisión de 98.9 % a 99.6 %, en la clasificación de *G. lamblia* en agua potable. Xu et al. (2020) realiza la tarea de clasificación donde obtiene una precisión de 99.5 % y un f1-score de 99.4 %. A diferencia de nuestro estudio, ellos utilizan holografía de dispersión, una técnica de microscopía de campo claro avanzada, y analizan muestras de agua potable.

Por otro lado, Göröcs et al. (2021) y Luo et al. (2019) emplean citometría de flujo. El primer estudio reporta una precisión de 83 % mientras que el segundo obtuvo una precisión de 99.5 %. Ambos trabajos usan equipo especializado y realizan solamente clasificación. Además, Göröcs et al. (2021) evalúa su modelo con muestras recolectadas en lagos y mar, mientras que Luo et al. (2019) utiliza agua potable, un medio con menor cantidad de partículas o microorganismos que dificulten la detección de *G. lamblia*. En el trabajo de Nakarmi et al. 2024, realizan la tarea de detección utilizando imágenes de frutas y agua potable capturadas a una magnitud de 400x mediante microscopía de campo claro. Obtienen una precisión de 85.5 % y un F1-score de 83.7 %, el uso de una magnificación muy alta reduce significativamente mucho el campo de visión de la muestra e incluso hace que la tarea de identificación sea sencilla. En contraste, este estudio emplea un objetivo de magnificación a 10x para abarcar una mayor área de la

muestra, lo cual permite un análisis más eficiente en menos tiempo.

Finalmente, el trabajo más reciente, Yarahmadi et al. 2025, emplean el mismo tipo de muestras que nuestro estudio (heces), pero a una magnificación de 40x. Se enfocan en la clasificación de etapas del quiste, alcanzando una exactitud de 96.29 %, una precisión de 95.99 %, un recall de 96.19 % y un F1-score de 96.07 %.

Si bien la mayoría obtiene un f1-score mayor que el nuestro sus tareas están enfocadas solamente en la clasificación aparte, la magnificación que usan es mayor, lo cual reduce el campo de visión y podría aumentar el tiempo de análisis por muestra. Es importante recordar que algunos de estos trabajos dependen de equipo especializado, trabajan con muestras de agua potable (donde hay menor interferencia de impurezas o microorganismos), o utilizan objetivos de magnificación elevados que reducen considerablemente el campo de visión lo que implica un mayor tiempo para analizar cada muestra. Nuestro enfoque, en cambio, busca mayor funcionalidad en entornos reales con recursos limitados y condiciones menos controladas.

Este trabajo demostró que es posible implementar modelos de detección basados en YOLOv11 para identificar y contar quistes de *G. lamblia* en imágenes microscópicas de muestras fecales de forma automática sin recurrir a equipos especializados ni técnicas avanzadas de preprocesamiento. A lo largo del estudio, se evaluaron distintas estrategias de entrenamiento, comprobando que la inclusión de muestras negativas durante el entrenamiento mejora la capacidad del modelo para generalizar en contextos variados y reduce significativamente los falsos positivos.

6.1. Limitaciones

Si bien los resultados obtenidos fueron favorables, todavía existen limitaciones que deben considerarse. En primer lugar, el modelo fue entrenado y validado únicamente con imágenes obtenidas bajo una configuración específica: objetivo de 10x y tinción con yodo. Cambios en la magnificación podrían afectar su rendimiento.

Además, el sistema actual está diseñado exclusivamente para la detección binaria de quistes de *G. lamblia*, sin contemplar otras etapas del parásito ni la detección multiclase.

Estas restricciones limitan su aplicabilidad directa en escenarios clínicos más complejos.

El `Modelo2` obtuvo un f1-score de 88 % ante un conjunto de pruebas diverso, si bien es un resultado favorable, en el contexto clínico todavía no se podría depender del modelo de forma autónoma, esto es debido a que todavía tiende a no detectar algunos quistes, esto se traduce a decir que una muestra no presenta quistes cuando realmente si tiene. Finalmente, la falta de control preciso sobre la iluminación del microscopio durante la adquisición de imágenes representa una fuente potencial de variabilidad en la detección.

6.2. Contribuciones

Las contribuciones de este trabajo al estado del arte en la detección automática de quistes de *G. lamblia*:

Metodología práctica para recolección de muestras: Se propone y valida un metodología accesible para la construcción de conjuntos de datos microscópicos, generando sub-imágenes etiquetadas de muestras infectadas y no infectadas de *G. lamblia* a 10x

de muestras de heces que cubren extensamente el área de las muestras.

Demostración del impacto del recorte de imágenes: Mediante un artículo en producción, se evidencia que el preprocesamiento mediante recorte de imágenes microscópicas mejora significativamente el rendimiento en la clasificación de quistes de *G. lamblia* con modelos de aprendizaje profundo.

Validación del uso de muestras negativas: Se demuestra que, para imágenes teñidas con yodo a 10x de muestras de heces, la inclusión de sub-imágenes sin quistes durante el entrenamiento de modelos YOLOv11 mejora sustancialmente su capacidad de generalización y reduce falsos positivos.

Desarrollo de modelos de referencia (benchmark): Se generaron modelos capaces de detectar, identificar y contar quistes de *G. lamblia* en imágenes microscópicas de muestras de heces, cuyos resultados establecen un punto de referencia para futuras investigaciones en este dominio.

6.3. Trabajo a futuro

Las limitaciones identificadas en este estudio abren diversas líneas de investigación y desarrollo futuro:

Expansión y diversificación del conjunto de datos:

- Incorporación de otros parásitos intestinales (ej. *Cryptosporidium*, *Entamoeba histolytica*) para sistemas de diagnóstico múltiple.
- Recopilación de imágenes con diferentes aumentos (40x, 100x) para análisis mul-

tiescala.

- Adquisición de imágenes con variaciones de iluminación y calidad microscópica para mayor robustez.

Mejoras metodológicas y técnicas:

- Evaluación de otras arquitecturas de detección (Faster R-CNN, DETR, Efficient-Det) para comparación con YOLOv11.

Validación clínica y aplicaciones:

- Validación prospectiva con muestras frescas de diferentes centros de salud.
- Desarrollo de interfaces amigables para técnicos de laboratorio.
- Estudios de costo-efectividad comparando el sistema automatizado con el diagnóstico manual.

Investigación de técnicas avanzadas:

- Uso de aprendizaje por transferencia con modelos preentrenados en dominios similares.
- Exploración de métodos de aumento de datos específicos para microscopía.

Estas direcciones permitirían no solo mejorar el sistema actual, sino también expandir su aplicabilidad a otros contextos diagnósticos y validar su utilidad en escenarios clínicos reales.

Referencias

- Adam, R. D. (2001). Biology of *Giardia lamblia*. *Clinical Microbiology Reviews*, 14(3), 447-475. <https://doi.org/10.1128/CMR.14.3.447-475.2001>
- Badsha, S., Mokhtar, N., Arof, H., Lim, Y. A. L., Mubin, M., & Ibrahim, Z. (2013). Automatic Cryptosporidium and Giardia viability detection in treated water. *J Image Video Proc*, 56. <https://doi.org/https://doi.org/10.1186/1687-5281-2013-56>
- Bayoudh, K. (2024). A survey of multimodal hybrid deep learning for computer vision: Architectures, applications, trends, and challenges. *Information Fusion*, 105, 102217. <https://doi.org/10.1016/j.inffus.2023.102217>
- Belini, V. L., Fava, N. d. M. N., & Sabogal-Paz, L. P. (2024). Reducing costs of Giardia spp. cyst enumeration using machine learning-based systems. *Water Practice and Technology*, 19(4), 1542-1558. <https://doi.org/10.2166/wpt.2024.087>
- Bingham, A., Jarroll, E., Meyer, E., & Radulescu, S. (1975). Giardia spp. physical factors of excystation in vitro, and excystation vs eosin exclusion as determinants of viability. *Experimental Parasitology*, 47, 284-291.
- Bourli, P., Eslahi, A. V., Tzoraki, O., & Karanis, P. (2023). Waterborne transmission of protozoan parasites: a review of worldwide outbreaks - an update 2017-2022. *Journal of Water and Health*, 21(10), 1421-1447. <https://doi.org/10.2166/wh.2023.094>

- Cabello, R. (2007). *Microbiología y parasitología humana* (3.^a ed.). Editorial Médica Panamericana.
- CDC, C. (2023). Parasites - Giardia [Última actualización: 2023]. Consultado el 15 de noviembre de 2023, desde <https://www.cdc.gov/dpdx/giardiasis/index.html>
- CONAGUA, C. (2014). *Inventario nacional de plantas municipales de potabilización y de tratamiento de aguas residuales en operación*. SEMARNAT.
- De Hoyos Salazar, L. (2017). *DETECCIÓN DE GIARDIA SPP. EN AGUAS RESIDUALES DE LA CIUDAD DE ENSENADA, BAJA CALIFORNIA, MÉXICO* [Tesis de maestría, Universidad Autónoma de Baja California]. <https://repositorioinstitucional.uabc.mx/server/api/core/bitstreams/7c8154da-cff8-4e92-a6f6-329cf4874dc8/content>
- Dobell, C. (1920). *The Discovery of the Intestinal Protozoa of Man* [Disponible en archivos históricos de la Royal Society of Medicine]. Proceedings of the Royal Society of Medicine.
- Dunn, N., & Juergens, A. (2025). Giardiasis [[Updated 2024 Feb 12]]. *StatPearls [Internet]*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513239/>
- Elhalid, O., Isık, A., & Özmen, Ö. (2024). Enhancing Giardia intestinalis Image Detection through YOLOv8-Based Deep Learning Techniques. *International Journal of Engineering and Innovative Research*, 6(2), 64-85. <https://doi.org/10.47933/ijeir.1403833>
- Fernandez-Canque, H., Beggs, B., Clafferty, E., Boutaleb, T., Smith, H., & Hintea, S. (2006). MicroOrganisms Detection in Drinking Water Using Image Proces-

- sing. *6th International IEEE EMBS Special Topic Conference on Information Technology Applications in Biomedicine (ITAB) Conference*.
- García-Ochoa, A., & Pellegrin, L. (2024). Effects of Preprocessing on Microscopic Images for the Giardia lamblia Detection. *CORE*.
- Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). *Deep Learning* [<http://www.deeplearningbook.org>]. MIT Press.
- Göröcs, Z., Baum, D., Song, F., de Haan, K., Koydemir, H., Qiu, Y., Cai, Z., Skandakumar, T., Peterman, S., Tamamitsu, M., & Ozcan, A. (2021). Deep Learning-enabled Holographic Imaging Flow-Cytometry for Label-Free Detection of Giardia Lamblia in Water Samples. *OSA Imaging and Applied Optics Congress 2021 (3D, COSI, DH, ISA, pcAOP)*, DF4C.1. <https://doi.org/10.1364/DH.2021.DF4C.1>
- He, K., Gkioxari, G., Dollár, P., & Girshick, R. (2017). Mask R-CNN. *2017 IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, 2980-2988. <https://doi.org/10.1109/ICCV.2017.322>
- He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 770-778.
- Jocher, G., & Qiu, J. (2024). *Ultralytics YOLO11* (Ver. 11.0.0). <https://github.com/ultralytics/ultralytics>
- Kabnick, K., & Peattie, D. (1990). In situ analyses reveal that the two nuclei of *Giardia lamblia* are equivalent. *Journal of Cell Science*, 95, 353-360.

- Karanis, P. (2006). A review of an emerging waterborne medically important parasitic protozoan. *Japanese Journal of Protozoology*, 39, 5-19.
- Kaur, J., & Singh, W. (2023). A systematic review of object detection from images using deep learning. *Multimedia Tools and Applications*, 83, 1-86. <https://doi.org/10.1007/s11042-023-15981-y>
- Kim, K., Kim, K., & Jeong, S. (2023). Application of YOLO v5 and v8 for Recognition of Safety Risk Factors at Construction Sites. *Sustainability*, 15(20). <https://doi.org/10.3390/su152015179>
- Kofoed, C. A., & Christiansen, E. (1920). A critical review of the nomenclature of human intestinal flagellates: Cercomonas, Chilomastix, Trichomonas, Tetratrichomonas, and Giardia [Seminal work on Giardia taxonomy]. *University of California Publications in Zoology*, 20, 142-168.
- Koydemir, H., Feng, S., Liang, K., Nadkarni, R., Benien, P., & Ozcan, A. (2017). Comparison of supervised machine learning algorithms for waterborne pathogen detection using mobile phone fluorescence microscopy. *Nanophotonics*, 6. <https://doi.org/10.1515/nanoph-2017-0001>
- Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. E. (2012). ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Advances in Neural Information Processing Systems (NeurIPS)*, 25, 1097-1105.
- Kudo, R. (1985). *Protozoología*. Editorial Continental.
- Kumar, S., Arif, T., Alotaibi, A., Malik, M., & Manhas, J. (2023). 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*, 30(3), 2013-2039. <https://doi.org/10.1007/s11831-022-09858-w>
- Luo, S., Nguyen, K., Jiang, X., Wu, J., Wen, B., Zhang, Y., Chierchia, G., Talbot, H., Bourouina, T., Kwong, D., & Liu, A. (2019). A High Performance of Single Cell Imaging Detection with Deep Learning. *2019 IEEE 4th International Conference on Image, Vision and Computing (ICIVC)*, 356-360. <https://doi.org/10.1109/ICIVC47709.2019.8981372>
- Ma, P., Li, C., Rahaman, M., Yao, Y., Zhang, J., Zou, S., Zhao, X., & Grzegorzec, M. (2023). A State-of-the-art Survey of Object Detection Techniques in Microorganism Image Analysis: from Traditional Image Processing and Classical Machine Learning to Current Deep Convolutional Neural Networks and Potential Visual Transformers. *Artificial Intelligence Review*, 1627-1698.
- Nakarmi, S., Pudasaini, S., Thapaliya, S., Upreti, P., Shrestha, R., Giri, B., Neupane, B. B., & Khanal, B. (2024). Deep-learning assisted detection and quantification of (oo)cysts of Giardia and Cryptosporidium on smartphone microscopy images. *Machine Learning for Biomedical Imaging*, 2, 956-976. <https://doi.org/10.59275/j.melba.2024-a333>
- Olivas, E. (2012). *Manual de prácticas laboratorio de parasitología clínica*. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez.

- Plutzer, J., Ongerth, J., & Karanis, P. (2010). Giardia taxonomy, phylogeny and epidemiology: Facts and open questions. *International journal of hygiene and environmental health*, 213, 321-33. <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2010.06.005>
- Portillo-López, A., Torrentera, K. P., Sánchez-González, A., & Cabazos-Marín, A. R. (2022). First report of Giardia lamblia in coastal waters of Ensenada, Baja California, Mexico. *Journal of Microbiology & Experimentation*, 10(3), 95-97. <https://doi.org/10.15406/jmen.2022.10.00358>
- Ramcharan, A., Baranowski, K., McCloskey, P., Ahmed, B., Legg, J., & Hughes, D. P. (2017). Deep Learning for Image-Based Cassava Disease Detection. *Frontiers in Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01852>
- Redmon, J., Divvala, S., Girshick, R., & Farhadi, A. (2016). You Only Look Once: Unified, Real-Time Object Detection. *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 779-788. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.91>
- Ren, S., He, K., Girshick, R., & Sun, J. (2015). Faster r-cnn: Towards real-time object detection with region proposal networks. *Advances in neural information processing systems*, 28.
- Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015). U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, 234-241.
- Rosado-García, F. M., Guerrero-Flórez, M., Karanis, G., Hinojosa, M. d. C., & Karanis, P. (2017). Water-borne protozoa parasites: The Latin American perspective.

- International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 220(5), 783-798.
<https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2017.03.008>
- Rose, J., Landeen, L., Riley, K., & Geba, C. (1989). Evaluation of immunofluorescence techniques for detection of *Cryptosporidium* oocysts and *Giardia* cysts from environmental samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 55, 3189-3196.
- Sandler, M., Howard, A., Zhu, M., Zhmoginov, A., & Chen, L.-C. (2018). MobileNetV2: Inverted Residuals and Linear Bottlenecks. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 4510-4520.
- Shamshirband, S., Fathi, M., Dehzangi, A., Chronopoulos, A. T., & Alinejad-Rokny, H. (2021). A review on deep learning approaches in healthcare systems: Taxonomies, challenges, and open issues. *Journal of Biomedical Informatics*, 113, 103627.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jbi.2020.103627>
- Simonyan, K., & Zisserman, A. (2014). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *arXiv preprint arXiv:1409.1556*.
- Stiles, C. W. (1902). The type-species of certain genera of parasitic flagellates, particularly Grassi's genera of 1879 and 1881 [Historical taxonomy of parasitic flagellates including *Giardia*]. *Zoologischer Anzeiger*, 25, 689-695.
- Szegedy, C., Vanhoucke, V., Ioffe, S., Shlens, J., & Wojna, Z. (2016). Rethinking the Inception Architecture for Computer Vision. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2818-2826.

- Tkachenko, M., Malyuk, M., Holmanyuk, A., & Liubimov, N. (2020). Label Studio: Data Labeling Software [Open source software available from <https://github.com/HumanSignal/label-studio>]. <https://github.com/HumanSignal/label-studio>
- Vázquez-Salvador, N., Silva-Magaña, M., Tapia, A., Mazari-Hiriart, M., Mora-López, M., & Miquelajauregui, Y. (2022). Giardia lamblia infection risk modeling in Mexico city's flood water. *Water Science and Technology*, 85. <https://doi.org/10.2166/wst.2022.094>
- WHO, W. (2023). Diarrhoeal disease [Accessed: 2023-10-30]. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>
- Widmer, K., Srikumar, D., & Pillai, S. (2005). Use of Artificial Neural Networks To Accurately Identify Cryptosporidium Oocyst and Giardia Cyst Images. *Applied and environmental microbiology*, 71, 80-4. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.1.80-84.2005>
- Xu, X. F., Talbot, S., & Selvaraja, T. (2020). ParasNet: Fast Parasites Detection with Neural Networks. <https://arxiv.org/abs/2002.11327>
- Yang, X., Zhang, S., Liu, J., Gao, Q., Dong, S., & Zhou, C. (2021). Deep learning for smart fish farming: applications, opportunities and challenges. *Reviews in Aquaculture*, 13(1), 66-90. [https://doi.org/https://doi.org/10.1111/raq.12464](https://doi.org/10.1111/raq.12464)
- Yarahmadi, P., Ahmadpour, E., Moradi, P., & Samadzadehaghdam, N. (2025). Automatic classification of Giardia infection from stool microscopic images using deep neural networks. *Bioimpacts*, 15(1), 30272-30272. <https://doi.org/10.34172/bi.30272>