

Desarrollo de un prototipo de detección de células blásticas en muestras de sangre periférica mediante visión por computadora para contribuir al diagnóstico clínico de leucemia

A. Hernández-Gómez¹
I.M. Velasco-Rodríguez²
F.G. Martínez-Rangel³
L.A. Alonso-Hernández⁴

DOI: 10.56643/rcia.v3il.173

Como citar este artículo: Hernández-Gómez, A., Velasco-Rodríguez, I. M., Martínez-Rangel, F. G., Alonso-Hernández L.A. (2024) Desarrollo de un prototipo de detección de células blásticas en muestras de sangre periférica mediante visión por computadora para contribuir al diagnóstico clínico de leucemia. Revista Científica de Ingenierías y Arquitectura. 3(1). 25-43. DOI: <https://doi.org/10.56643/rcia.v3il.173>

RESUMEN

La leucemia es una enfermedad que se distingue por el crecimiento desmesurado y descontrolado de células sanguíneas anómalas en la médula ósea. Este trastorno representa un desafío médico significativo a nivel global. La enfermedad afecta a personas de todas las edades, incluyendo a niños y adultos. Si no se diagnostica y trata oportunamente, puede llevar a complicaciones severas y potencialmente mortales para la salud del individuo. En este trabajo se aborda la problemática crítica del diagnóstico oportuno de la leucemia en México y en todo el mundo y se propone una solución potencial a partir de la implementación de algoritmos de detección de patrones basados en inteligencia artificial en imágenes médicas para la detección temprana y el diagnóstico preciso de la enfermedad.

La visión por computadora se presenta como una herramienta precisa y consistente para el procesamiento de información visual. El prototipo funcional busca contribuir de manera sustancial a la mejora de la atención médica y de la calidad de vida de los pacientes mediante la detección temprana de células blásticas en las muestras de sangre.

En el presente trabajo se destacan los beneficios del prototipo funcional para la detección temprana de células blásticas en las muestras de sangre. Además, se expone la metodología de desarrollo adoptada, para garantizar una estructura organizada y coherente durante el diseño, la construcción y la validación del prototipo. Los resultados obtenidos demuestran que la implementación del algoritmo de Canny tiene un impacto favorable en la identificación de blastos en imágenes digitales, por lo que facilita la detección temprana de las células responsables de la leucemia.

PALABRAS CLAVE: Algoritmo de Canny, Área médica, Blastos, Diagnóstico de enfermedades, Leucemia.

¹ Egresado en Ingeniería de Software y Sistemas Computacionales, Universidad La Salle Oaxaca. ORCID: 0009-0002-6613-9948. Correo electrónico: angelhgl405@gmail.com

² Egresado en Ingeniería de Software y Sistemas Computacionales, Universidad La Salle Oaxaca. ORCID: 0009-0005-6558-1912

³ Estudiante en Ingeniería de Software y Sistemas Computacionales, Universidad La Salle Oaxaca. ORCID: 0009-0001-3182-7428

⁴ Maestro en Ciencias en Desarrollo Regional y Tecnológico, Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Oaxaca. ORCID: 0000-0003-1697-9084. Correo electrónico: luis_alonsoh@outlook.com

Recibido: 23/11/2023 | Aceptado: 11/03/24 | Publicado: 08/06/2024

Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés. La investigación fue financiada con recursos de los autores.

ABSTRACT

Leukemia is a disease characterized by the excessive and uncontrolled growth of abnormal blood cells in the bone marrow. This disorder poses a significant medical challenge globally. It affects individuals of all ages, including both children and adults. If not diagnosed and treated promptly, it can lead to severe and potentially life-threatening complications. This study addresses the critical issue of timely leukemia diagnosis in Mexico and worldwide and proposes a potential solution through the implementation of pattern detection algorithms based on artificial intelligence in medical imaging for the early detection and accurate diagnosis of this disease.

Computer vision emerges as a precise and consistent tool in visual information processing. The functional prototype aims to substantially contribute to improving medical care and the quality of life of patients through early detection of blast cells in blood samples.

This paper highlights the benefits of the functional prototype for early detection of blast cells in blood samples. Additionally, it outlines the adopted development methodology, ensuring an organized and coherent structure during the design, construction, and validation of the prototype. Finally, the results demonstrate that the implementation of the Canny algorithm has a favorable impact on the identification of blasts in digital images, thereby facilitating the early detection of cells responsible for leukemia.

KEYWORDS: *Canny algorithm, Medical field, Blasts, Disease diagnosis, Leukemia.*

INTRODUCCIÓN

Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2022), “el cáncer es la principal causa de muerte en el mundo: en 2020 se atribuyeron a esta enfermedad casi 10 millones de defunciones, es decir, casi una de cada seis de las que se registran” (párr. 1). Este alto número de muertes subraya la necesidad imperiosa de mejorar los métodos de diagnóstico y tratamiento de la leucemia, una de las principales causas de mortalidad por cáncer en el ámbito global.

En América Latina, los niños son un sector afectado de manera importante por la leucemia. Según la Organización Panamericana de la Salud (OPS, 2022) “la gran mayoría de los niños con cáncer viven en países de ingresos bajos y medianos, donde enfrentan inequidades inaceptables en aspectos como la detección temprana, el diagnóstico y el acceso a tratamientos de calidad y cuidados paliativos” (párr. 3). Aunado a este panorama, la situación se agrava aún más debido a que la región enfrenta desafíos significativos en el acceso a atención médica de calidad y en la disponibilidad de recursos para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades como la leucemia, lo que ha dado como resultado diagnósticos tardíos y tasas de supervivencia más bajas.

Por otra parte, la tasa de supervivencia a esta enfermedad en México es de tan sólo 50%, a pesar de lo cual es considerada la segunda más baja en toda América Latina. Cabe señalar que esta tasa es muy baja si se la compara con la de países más desarrollados, por ejemplo, Estados Unidos de América, donde alcanza 90% (Sánchez, 2020).

Asimismo, según lo reportado por la Secretaría de Salud (2019), se estima la aparición de “entre cinco y seis mil nuevos casos anuales de cáncer en menores de 18 años” (párr. 1). Entre estos casos, las leucemias representan aproximadamente 50%, seguidas por los linfomas con 15% y los tumores del sistema nervioso central con 10% (Secretaría de Salud, 2019).

Este escenario, sumado a la escasa conciencia pública sobre los síntomas y la limitada disponibilidad de pruebas de detección temprana, implica que muchos pacientes sean diagnosticados en etapas avanzadas de la enfermedad. La demora en el diagnóstico reduce considerablemente sus probabilidades de recuperación, constituyendo un serio problema tanto para el sector salud como para la población en general. Según el doctor Etienne Krug, director del departamento de Enfermedades no Transmisibles, Discapacidad, Violencia y Prevención de Lesiones de la oms, el diagnóstico tardío del cáncer y la falta de acceso a tratamientos adecuados da lugar a sufrimientos innecesarios y a la muerte prematura de muchas personas. Como afirmó en una declaración citada por Garwood en 2017, “el diagnóstico del cáncer en una fase tardía y la imposibilidad de recibir tratamiento condenan a muchas personas a sufrimientos innecesarios y a una muerte precoz” (Garwood, 2017, párr. 3).

Una solución potencial para abordar este problema se relaciona con la implementación de algoritmos de detección de patrones de células con deformaciones (células blásticas) que preceden la enfermedad en imágenes digitales médicas. Esta perspectiva es compartida por Castro (2009), quien señala que “estas características fueron analizadas mediante diversos algoritmos de clasificación y selección de atributos, lo que permitió la creación de modelos capaces de identificar el tipo y subtipo de leucemia aguda de cada célula en la colección” (p. 4).

En otro ámbito, la iniciativa de AstraZeneca México ha introducido una inteligencia artificial (ia) llamada qTrack para la detección temprana de cáncer de pulmón. Esta ia se basa en una vasta base de datos que incluye miles de imágenes de tomografías computarizadas, biopsias y registros médicos nacionales e internacionales (Zamarrón, 2023).

Para operar qTrack, los médicos cargan radiografías o tomografías pulmonares, las cuales son analizadas en tiempo real por la ia y detectan posibles lesiones, incluso nódulos tan pequeños como de tres milímetros, que suelen ser casi indetectables a simple vista. Posteriormente, la ia genera un informe detallado que permite a los médicos tomar decisiones informadas (Zamarrón, 2023).

Los algoritmos basados en inteligencia artificial tienen el potencial de analizar de manera precisa y exhaustiva las imágenes digitales. Ejemplo de ello son los algoritmos de decisión, que determinan “el diagnóstico del paciente con leucemia aguda según un conjunto de reglas diseñadas considerando las predicciones consistentes en votos mayoritarios de distintas clasificaciones para las células identificadas” (Castro, 2009, p. 77). Este avance podría facilitar la detección temprana y el diagnóstico preciso de la leucemia, mejorando significativamente los pronósticos de los pacientes.

En el contexto de esta investigación, la importancia de encontrar una solución al problema planteado es innegable. En este sentido, la elección de la visión por computadora como solución se fundamenta en su capacidad para procesar información visual con cierta precisión y consistencia, lo que posibilita un funcionamiento ininterrumpido y a gran escala.

La presente investigación constituye un paso previo, que implica la creación de un prototipo funcional mediante algoritmos de procesamiento digital de imágenes y sistemas de visión por computadora. Es decir, representa un primer paso en el sentido de abordar esta problemática crítica en el diagnóstico de enfermedades hematológicas como la leucemia. Además, considera el uso de muestras más accesibles y se orienta hacia el diagnóstico oportuno de la leucemia para incidir en la reducción del margen de error y con ello aumentar la posibilidad de identificación de células blásticas en las muestras de sangre.

La implementación de un prototipo capaz de detectar blastos en frotis de sangre periférica promete beneficios para la medicina, especialmente para el diagnóstico de enfermedades hematológicas como la leucemia. Esto resulta importante porque suele ser complicado detectar la leucemia en fases

tempranas. “La mejor estrategia para un diagnóstico temprano es tomar en cuenta los signos y síntomas que presenta el paciente, pero es necesario realizar una serie de análisis clínicos, que detecten la presencia de las células anormales” (Galindo, 2008, p. 17).

Entre las aportaciones del presente estudio figura la creación de un sólido fundamento teórico que beneficie futuras investigaciones en el campo de visión por computadora aplicado al ámbito médico. En el ámbito práctico, el desarrollo de un prototipo funcional que pueda llevar a cabo pruebas de detección temprana de manera efectiva y eficiente constituirá una herramienta invaluable para la identificación automática de condiciones médicas. Este avance tiene el potencial de mejorar significativamente la atención médica y la calidad de vida de los pacientes en el futuro.

En el proceso de construcción del prototipo señalado se implementa una metodología de desarrollo de *software*. Esta elección metodológica es fundamental para el desarrollo del mismo, en tanto aporta una estructura organizada y coherente para su diseño, construcción y validación, lo que garantiza que el prototipo sea realizado de manera rigurosa y eficiente. A su vez, esta rigurosidad contribuye a dar credibilidad y confianza al trabajo en posteriores investigaciones que permitan encontrar soluciones eficientes y de vanguardia para la detección temprana de células blásticas en las muestras de sangre, abonando a la descripción de las condiciones médicas de las personas.

MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Obtención de muestras

Debido a la carencia de imágenes proporcionadas por un hospital, un laboratorio clínico u otra fuente similar, las muestras de sangre periférica se obtuvieron empleando el buscador web Google. La razón fundamental que sustenta la recopilación de estas imágenes tiene que ver con la preparación y entrenamiento del modelo de detección del prototipo diseñado. El entrenamiento del modelo principal busca mejorar la precisión del prototipo para analizar células blásticas en las imágenes digitales. La disponibilidad de un conjunto de datos amplio y representativo permite entrenar al modelo, a fin de que reconozca con mayor precisión y confiabilidad este tipo de células en diferentes contextos y condiciones.

2.2 Hardware utilizado

- Procesador Intel Core de i5-11 2.40GHz
- Memoria ram de 12 GB
- Almacenamiento de 512 de SSD

2.3 Diseño del algoritmo

Para la codificación del prototipo de visión por computadora, se optó por el lenguaje de programación Python, debido a su amplio conjunto de librerías especializadas. En particular, para implementar el algoritmo de máquinas de vectores de soporte (svm) y entrenar al modelo, se utilizó Scikit-learn (Sklearn) (Pedregosa et al., 2011). Asimismo, para guardar dicho modelo entrenado en

un archivo, se empleó Joblib. Ello posibilitó su uso posterior sin necesidad de repetir el proceso de entrenamiento desde cero cada vez que se requería su uso (Joblib, 2021).

En lo que respecta al procesamiento de las imágenes digitales, se empleó OpenCV, una biblioteca de visión por computadora que proporciona una variedad de funciones y algoritmos destinados al tratamiento de imágenes (OpenCV, 2024). Además, se hizo uso de NumPy, una librería especializada en la creación y manipulación eficiente de arreglos numéricos en Python (Harris, 2020).

2.4 Desarrollo del algoritmo

Una vez definidas las tecnologías y el entorno de trabajo, se realiza la codificación de las funciones esenciales del prototipo, las cuales se dividieron en: entrenar al modelo (*train_svm_model*) e identificar blastos (*predict_blastos*).

Para el entrenamiento del modelo se definieron dos directorios que contienen imágenes de blastos y no blastos, los cuales corresponden, respectivamente, a una detección positiva y a una detección negativa. Para identificar blastos en imágenes digitales y descartar los elementos que no lo son mediante la obtención de características importantes y del uso de las muestras recolectadas con la librería OpenCV, se utiliza como base el algoritmo Canny.

Todo el proceso de detección de características se sustenta en el uso de arreglos numéricos, los cuales concentran gran cantidad de información de los píxeles de las imágenes correspondientes. Por lo anterior, el trabajo con arreglos se efectúa utilizando la librería Numpy. Después, se definen los conjuntos de datos para los procesos de entrenamiento y de prueba. Posteriormente se lleva a cabo el entrenamiento del modelo utilizando Sklearn (como se ve en el Código 1. Entrenamiento y generación del modelo), lo que permite predecir el conjunto de prueba utilizando la función *predict* y calcular la exactitud del modelo con la función *accuracy_score*. Finalmente, el modelo se guarda en el archivo especificado en *model_path* empleando la función *joblib.dump*.

```

# Arreglos con las características de blastos y no blastos
X = np.array([feature.flatten() for feature in features])
y = np.array(labels)

# Selección de datos de entrenamiento y prueba
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)

clf = svm.SVC(kernel='linear')
clf.fit(X_train, y_train)

# Generación del modelo
y_pred = clf.predict(X_test)
accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred)
print(f'Exactitud: {accuracy}')

joblib.dump(clf, model_path)
    
```

Código 1. Entrenamiento y generación del modelo.

Una vez obtenido el modelo entrenado, se define la función para identificar los blastos en las imágenes digitales. La función se encarga de leer la imagen digital y de realizar el procesamiento de la misma para detectar las características de las células en las imágenes.

Luego se realiza una predicción con base en las características obtenidas utilizando el modelo svm previamente entrenado (como se ve en el Código 2. Identificación de blastos). Si la predicción es 1, la función devuelve True, lo que indica que la imagen contiene blastos. Si la predicción es 0, la función devuelve False, lo que indica que la imagen no contiene blastos.

```
# Carga el modelo
clf = joblib.load(model_path)

# Cargar la imagen
image_path = os.path.join(os.path.dirname(__file__), "test\\" + image_name)
print("Ruta de la imagen:", image_path)

# Procesar la imagen y realizar algoritmo Canny
img = cv2.imread(image_path, cv2.IMREAD_GRAYSCALE)
if img is None:
    raise FileNotFoundError(f"No se pudo cargar la imagen '{image_path}'")
if img.shape[0] == 0 or img.shape[1] == 0:
    raise ValueError("La imagen tiene dimensiones vacías")

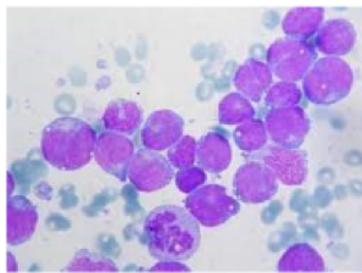
img = cv2.resize(img, target_shape)
edges = cv2.Canny(img, 100, 200)
features = edges.flatten()

# Evaluar la imagen con el modelo
prediction = clf.predict([features])
```

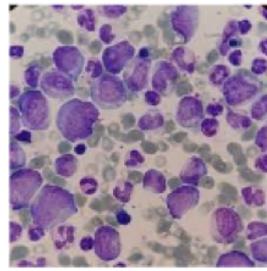
Código 2. Identificación de blastos.

2.5 Ejecución de pruebas para la detección de células blásticas

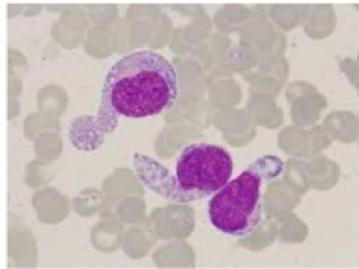
Se realizó un proceso de entrenamiento del modelo que incluyó 12 imágenes de sangre periférica. De éstas, siete imágenes contienen rasgos representativos de blastos (véase figura 1), mientras que cinco no cumplen con los requisitos necesarios para ser consideradas en esta categoría (véase figura 2).



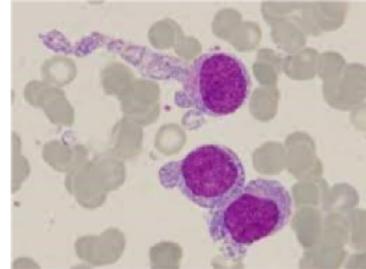
(a) Primera imagen con blastos.



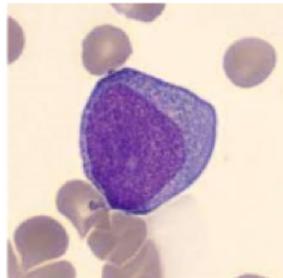
(b) Segunda imagen con blastos.



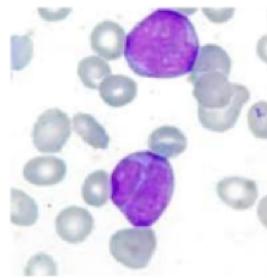
(c) Tercera imagen con blastos.



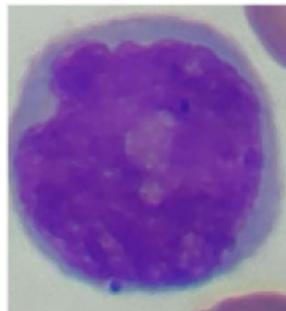
(d) Cuarta imagen con blastos.



(e) Quinta imagen con blastos.

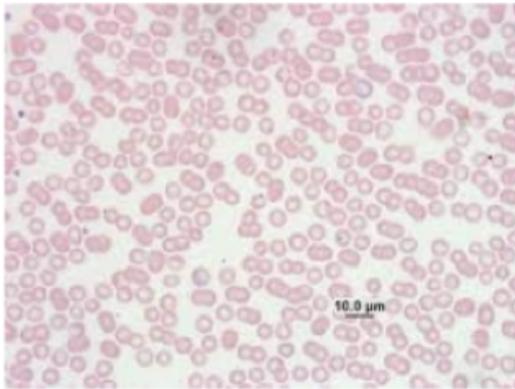


(f) Sexta imagen con blastos.

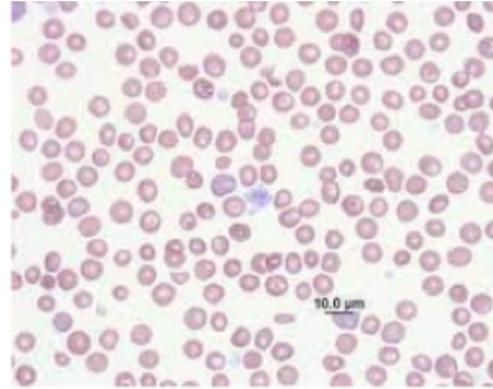


(g) Séptima imagen con blastos.

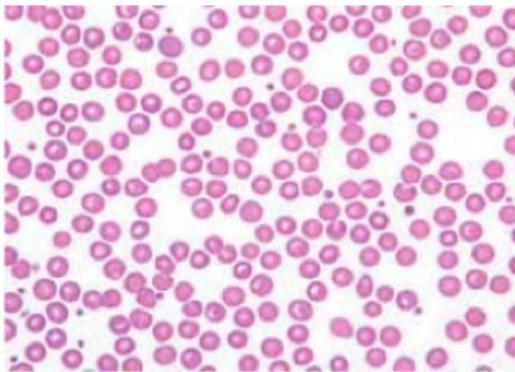
Figura 1. Imágenes con blastos.
Fuente: Google Images.



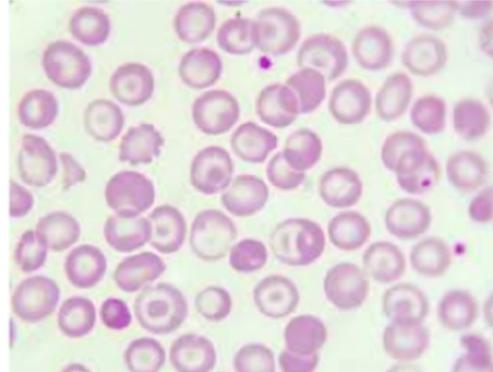
(a) Primera imagen sin blastos.



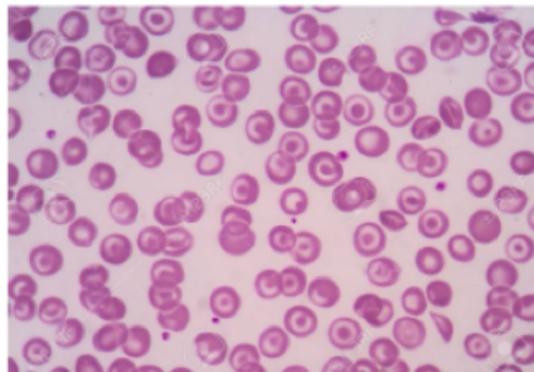
(b) Segunda imagen sin blastos.



(c) Tercera imagen sin blastos.



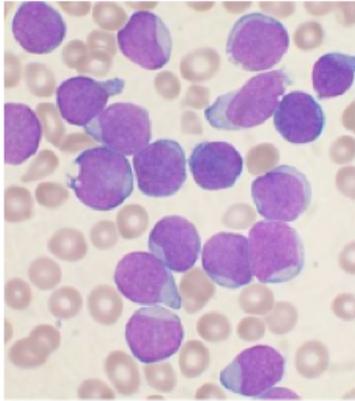
(d) Cuarta imagen sin blastos.



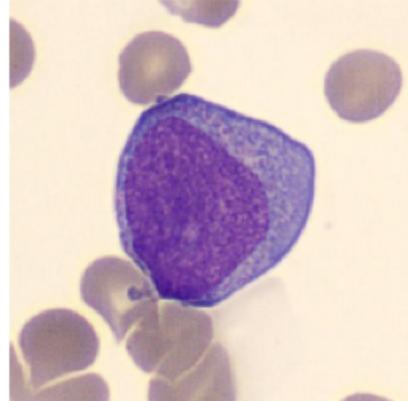
(e) Séptima imagen sin blastos.

Figura 2. Imágenes sin blastos.
Fuente: Google Images.

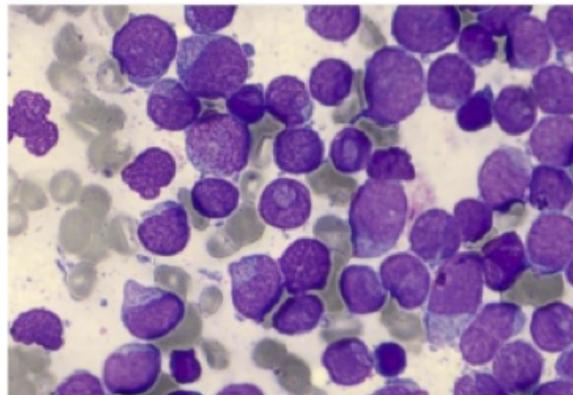
A partir de estas muestras iniciales, se evaluó la eficacia del prototipo para la detección de células blásticas en muestras de sangre periférica. A fin de ampliar el alcance de la evaluación, se procesaron cinco imágenes adicionales procedentes de Google Images, tres de las cuales contenían blastos (véase figura 3).



(a) Primera imagen de prueba con blastos.



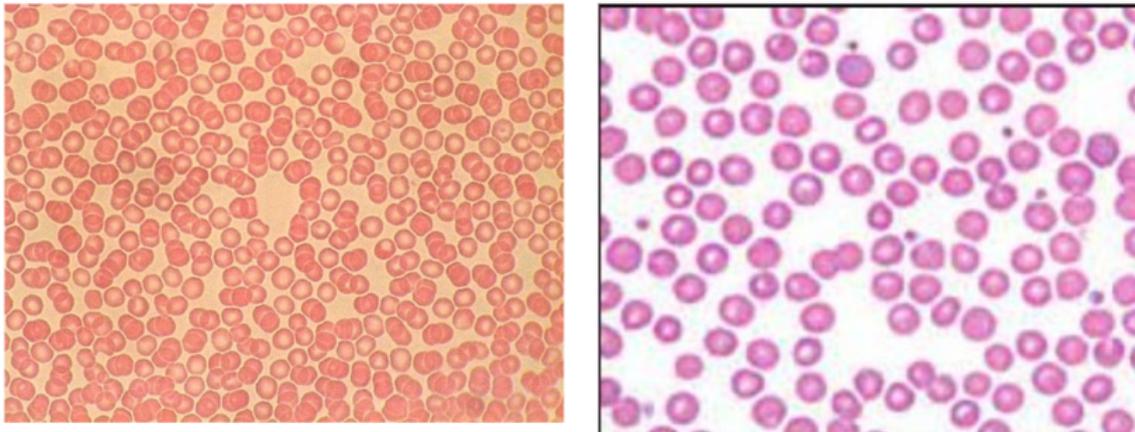
(b) Segunda imagen de prueba con blastos.



(c) Tercera imagen de prueba con blastos.

Figura 3. Imágenes con blastos para la evaluación del modelo.

Fuente: Google Images.



(a) Primera imagen de prueba sin blastos.

(b) Segunda imagen de prueba sin blastos.

Figura 4. Imágenes sin blastos para la evaluación del modelo.

Fuente: Google Images.

RESULTADOS

A partir del número de muestras, el modelo obtuvo un porcentaje de exactitud de 33% (véase figura 5) en la detección de blastos; dicho valor se muestra con la función *accuracy_score*:

```

C:\Users\DELL\AppData\Local\Programs\Python\Python312\python.exe C:\Users\DELL\Downloads\Canny\Canny\myenvcanny\training.py
Exactitud: 0.3333333333333333

Process finished with exit code 0
    
```

Figura 5. Al compilar el archivo training.py se obtiene una exactitud del 0.3333.

El valor de exactitud significa que el modelo acertó sólo en un tercio de las imágenes del conjunto de prueba. La exactitud se define como la proporción de clasificaciones correctas en relación con el total de clasificaciones. Aunque este valor es bajo, es importante considerar el contexto en el que se obtuvo este valor, sobre todo porque el modelo se entrenó con un pequeño conjunto de imágenes obtenidas en internet y no con una fuente más enriquecida (laboratorio clínico). A ello se suma el hecho de que la base de datos de imágenes utilizada es pequeña y sus atributos de tamaño y resolución son reducidos, lo cual hace que la exactitud inicial del modelo sea baja. Además, el hecho de que el modelo haya podido identificar correctamente un tercio de las imágenes en el conjunto de prueba demuestra cierto nivel de capacidad de aprendizaje y generalización.

En el procesamiento de las imágenes de prueba empleando el modelo anterior se obtuvieron los siguientes resultados:

La figura 6 es una imagen en formato .jpg con una resolución de 347x395 que muestra la presencia de blastos en sangre. Al ser analizada por el prototipo, devuelve un valor 'true', lo que indica que en ella se identificaron blastos.

La figura 7 es una imagen en formato .jpg con una resolución de 360x361 que presenta un blasto en sangre. Tras el análisis del prototipo, también devuelve un valor 'true', lo que confirma la detección de blastos en la muestra.

La figura 8 corresponde a otra imagen en formato .jpg, esta vez con una resolución de 800x556, que muestra la presencia de blastos en sangre. Al igual que en las imágenes anteriores, tras su análisis el prototipo devuelve un valor "true", lo que da cuenta de la detección exitosa de blastos en esta imagen.

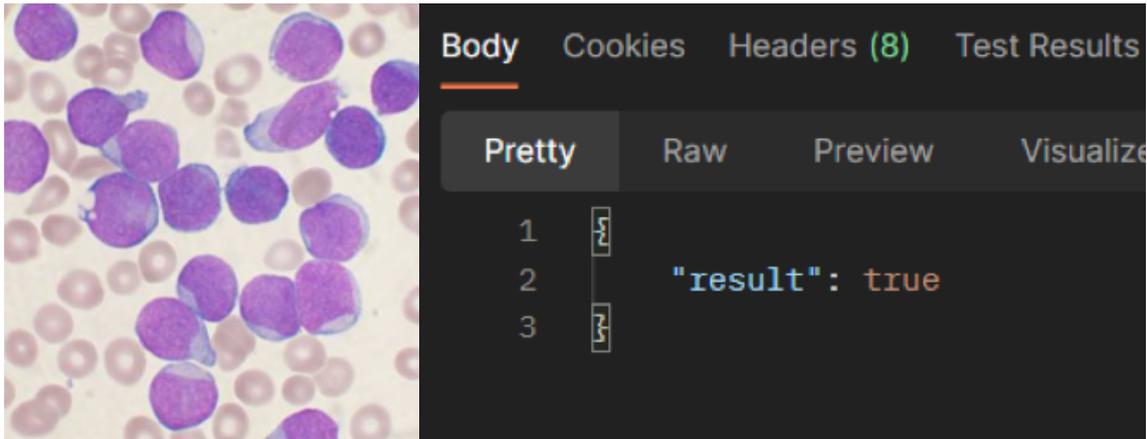


Figura 6. Prueba con el archivo Blastol.jpg, tuvo un resultado True.

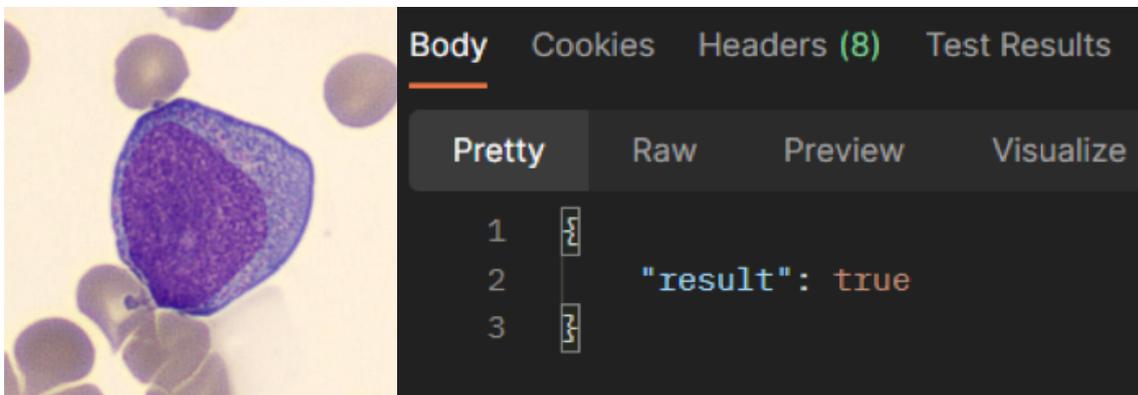


Figura 7. Prueba con el archivo Blasto2.jpg, tuvo un resultado True.

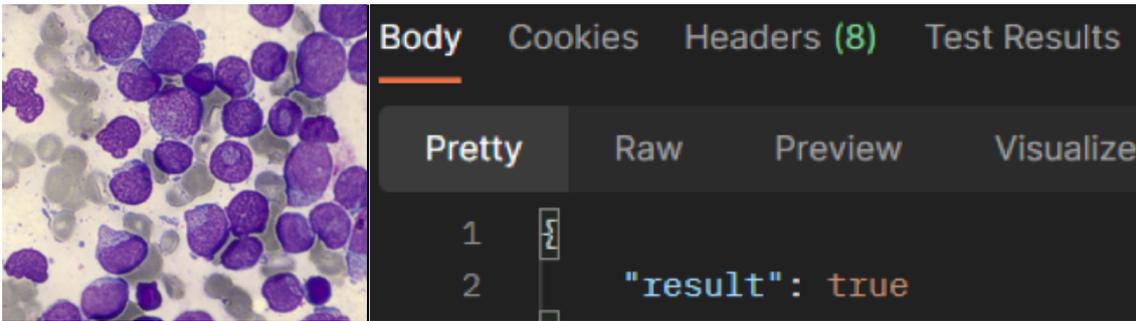


Figura 8. Prueba con el archivo Blasto3.jpg, tuvo un resultado True.

La figura 9 es una imagen en formato .jpg con una resolución de 2048x1536, la cual no muestra la presencia de blastos en la muestra de sangre. Tras ser analizada por el prototipo, devuelve un valor 'false', indicando que no se identificaron blastos en la imagen.

La figura 10 es otra imagen en formato .jpg con una resolución de 271x218, también sin presencia de blastos en la muestra de sangre. Tras el análisis realizado por el prototipo, arroja un resultado 'false', confirmando la ausencia de blastos en la imagen.

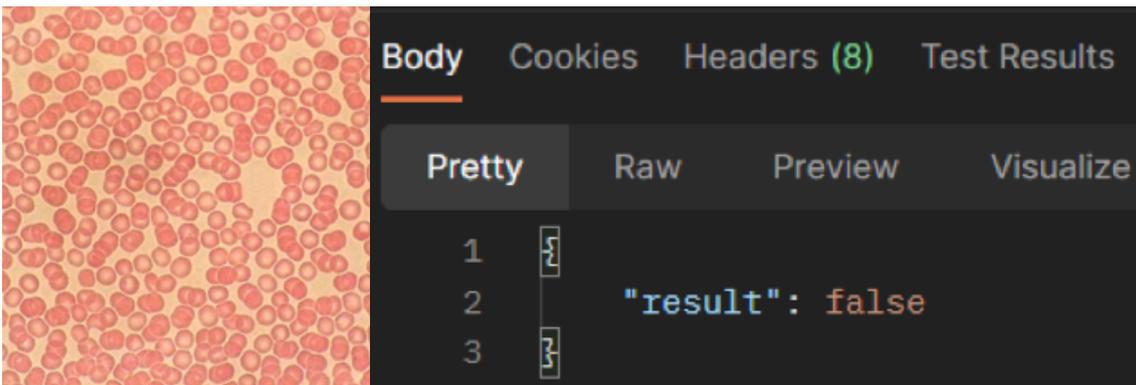


Figura 9. Imagen de prueba noBlasto.jpg, tuvo un resultado False.

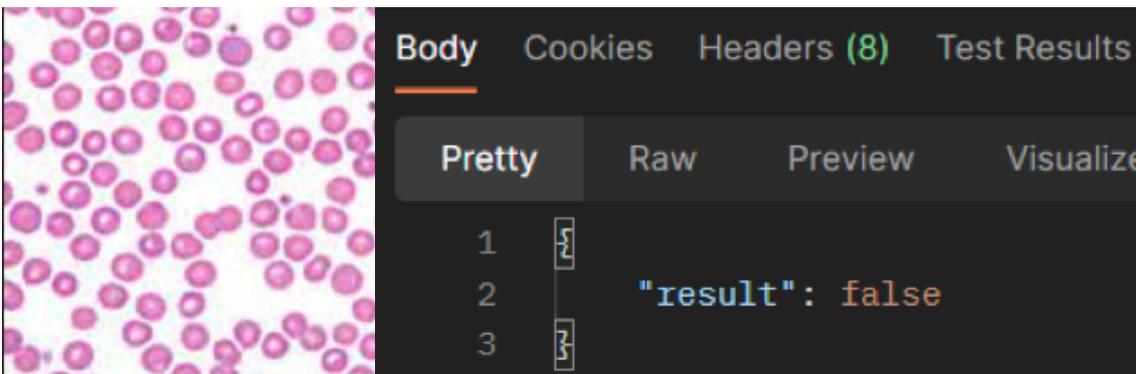


Figura 10. Prueba con el archivo noBlasto2.jpg, tuvo un resultado False.

Las pruebas realizadas demuestran que el modelo tiene una precisión cercana al 50% para identificar con claridad ciertos patrones de las células blásticas en imágenes digitales. Es decir, este valor indica que el prototipo tiene la capacidad de identificar la mitad de las imágenes (con blastos) que analiza. Teniendo en cuenta la base de conocimiento de imágenes, el *hardware* utilizado y los algoritmos definidos para el entrenamiento y análisis de imágenes, lo anterior supone un avance significativo en el proceso de identificación de blastos. Semejante capacidad es un indicador prometedor de los resultados esperados del prototipo, por lo que se puede evaluar positivamente el presente desarrollo considerando las limitaciones, relacionadas principalmente con la base de datos de imágenes utilizadas para su entrenamiento y análisis.

Además, los resultados obtenidos posibilitan la realización de recomendaciones valiosas para mejorar el modelo de detección del prototipo actual. Estas sugerencias incluyen realizar ajustes precisos y ampliar el conjunto de datos empleados en el entrenamiento del modelo de aprendizaje automático. La implementación de estas mejoras podría conducir a una optimización considerable de la precisión del modelo en futuras evaluaciones de imágenes digitales.

También se han identificado posibles mejoras a realizar en la aplicación del algoritmo de procesamiento de imágenes digitales, sobre todo en lo que tiene que ver con la optimización de los algoritmos de reducción y eliminación de ruido en las imágenes para evolución. Lo anterior permitirá incrementar el porcentaje de precisión para los análisis futuros al mejorar la calidad de las imágenes a ser analizadas por el prototipo.

Se debe tener en cuenta que las características del equipo de cómputo utilizado para la evaluación de imágenes son las siguientes: un procesador Intel Core de i5-11, memoria ram de 12GB y almacenamiento de 512 de ssd. El incremento en capacidades computacionales del equipo en cuestión permitirá reducir los tiempos de ejecución de los análisis correspondientes.

Finalmente, los resultados indican que la implementación del algoritmo de Canny tiene un efecto positivo para la identificación de blastos en imágenes digitales. Esto contribuye significativamente a la detección temprana de las células responsables de la leucemia.

4. CONCLUSIONES

El estudio realizado aborda de manera significativa la problemática crítica que supone el diagnóstico oportuno de la leucemia en México, donde las tasas de supervivencia son considerablemente más bajas en comparación con las de países más desarrollados. La implementación de algoritmos de detección de patrones en imágenes médicas mediante visión por computadora se presenta como una solución potencial para mejorar las tasas de diagnóstico temprano.

La elección de la visión por computadora, basada en algoritmos de inteligencia artificial, para abordar este problema proporciona una herramienta precisa y consistente de apoyo al área médica, que permite agilizar el diagnóstico de la enfermedad e incide en la precisión de los tratamientos, reduciendo los costos de la atención médica.

La creación del prototipo funcional para la detección de blastos en frotis de sangre periférica representa un avance significativo en este campo y promete beneficios sustanciales en el diagnóstico de enfermedades hematológicas, principalmente la leucemia.

La metodología de desarrollo de *software* adoptada garantiza la estructura organizada y coherente en el diseño, construcción y validación del prototipo, contribuyendo a la credibilidad del trabajo y proporcionando una base sólida para investigaciones futuras en el ámbito de la visión por computadora en medicina.

Los resultados preliminares del prototipo muestran una exactitud de 33% en la detección de blastos en las imágenes de prueba, lo que supone un primer paso crucial en el desarrollo de esta tecnología. Se evidencia la capacidad del prototipo para identificar células blásticas en algunas de las imágenes de prueba, lo que sugiere un potencial significativo para mejorar a medida que se optimiza y se le suministran más datos.

Con los resultados obtenidos, las recomendaciones para futuras investigaciones son utilizar una base de conocimiento de imágenes de células blásticas de mayor tamaño para entrenar el modelo de identificación. Ello proporcionará mayor precisión en la detección de los patrones de la enfermedad en las imágenes digitales.

En síntesis, la implementación de este prototipo, aunada a su enfoque en la detección temprana de la leucemia, podría incidir positivamente en la detección de esta enfermedad en la sangre, lo que posibilitará un incremento de las tasas de supervivencia y de la calidad de vida de los pacientes en México y otras regiones que enfrentan desafíos similares en el acceso a la atención médica. Este trabajo proporciona información teórica para futuras investigaciones en visión por computadora dirigidas a detectar células blásticas en la sangre para el área médica. Además, supone un paso concreto hacia soluciones eficientes para la detección temprana de la leucemia en las personas.

REFERENCIAS

- Alonso, A. D. C., y Jara, E. A. M. (2016). *Visión por computadora: identificación, clasificación y seguimiento de objetos*. fpune Scientific.
- Arai, K., y Kapoor, S. (2020). Advances in Computer Vision. *Advances in Intelligent Systems and Computing*, Springer, 943. doi:10.1007/978-3-030-17795-9.
- Castro, C. R. (2009). *Segmentación y clasificación de células con leucemia a partir de información contextual en imágenes digitales*. Tesis de maestría. Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica (inaoe). <https://inaoe.repositorioinstitucional.mx/jspui/handle/1009/439>
- Galindo, M. C. (2008). *Obtención de características de subtipos de leucemia en imágenes digitales de células sanguíneas para su clasificación*. Tesis de maestría. Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica (inaoe). <https://inaoe.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1009/435/1/GalindoDMC.pdf>
- Garwood, P. (2017). *El diagnóstico temprano del cáncer salva vidas y reduce los costos de tratamiento*. oms. <https://www.who.int/es/news/item/03-02-2017-early-cancer-diagnosis-saves-lives-cuts-treatment-costs>
- Harris, C. R., Millman, K. J., y van der Walt, S. J. Array programming with NumPy. *Nature* 585, 357-362 (2020). DOI: 10.1038/s41586-020-2649-2.
- Joblib (2021). *Joblib: running Python functions as pipeline jobs*. <https://joblib.readthedocs.io/>
- Márquez, J. E. (2020). Visión artificial profunda aplicada a la identificación temprana de cáncer no melanoma y queratosis actínica. *Computación y Sistemas*, 24(2), 751-766. Epub 04 de octubre de 2021. <https://doi.org/10.13053/cys-24-2-2901>
- Martin, J. (2017). *simd: Optimización de un detector Canny*. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales-uba.
- National Comprehensive Cancer (2022). *nccn Guidelines*. https://www.nccn.org/docs/default-source/about/annual-report-2022.pdf?sfvrsn=8411082_22
- OpenCV (2024). *Open Source Computer Vision Library*. <https://opencv.org>
- Organización Mundial de la Salud (2022). *Cáncer*. oms. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/cancer>
- Organización Panamericana de la Salud (2022). El 55% de los niños y adolescentes con cáncer se curan en América Latina y el Caribe. ops. <https://www.paho.org/es/noticias/15-2-2022-55-ninos-adolescentes-con-cancer-se-curan-america-latina-caribe>
- Palomino, N. y Concha, U. (2009, julio-diciembre). Técnicas de segmentación en procesamiento digital de imágenes. *Revista de Ingeniería de Sistemas e Informática*, 6(2), 9-16.
- Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., Blondel, M., Prettenhofer, P., Weiss, R., Dubourg, V., Vanderplas, J., Passos, A., Cournapeau, D., Brucher, M., Perrot, M., y Duchesnay, E. (2011). Scikit-learn: Machine Learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 12, 2825-2830.
- Rudas C. J., Toscano C. R. y Sánchez Torres, G. (2011). Una técnica para la localización del disco óptico en retinografías. *Revista Avances en Sistemas e Informática*, 8(3), 85-88.
- Sánchez V. N. (2020). *Evaluación de las células natural killer y el estado de metilación de sus marcadores de activación en pacientes pediátricos con leucemia linfoblástica aguda al diagnóstico*. Facultad de Medicina y Cirugía-uabjo.
- Secretaría de Salud (2019). *La leucemia representa el 50 por ciento de los casos de cáncer infantil*. Gobierno de México. <https://www.gob.mx/salud/prensa/055-la-leucemia-representa-el-50-por-ciento-de-los-casos-de-cancer-infantil>
- Sucar, L. E., y Gómez, G. (2011). *Visión computacional*. inaoe/Helmholtz Zentrum Munchen.
- Zamarrón, I. (2023). AstraZeneca: ¿ia para acelerar el diagnóstico de cáncer? *Forbes México*. <https://www.forbes.com.mx/astrazeneca-ia-para-acelerar-el-diagnostico-de-cancer/>

Derechos de Autor© 2024 Hernández Gómez, Ángel, Velasco Rodríguez, Isamayi Meyli, Martínez Rangel, Fabiola Guadalupe, Alonso Hernández, Luis Alberto.



Este texto está protegido por una licencia [Creative Commons 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). Usted es libre para Compartir, copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato y adaptar el documento, remezclar, transformar y crear a partir del material— para cualquier propósito, incluso para fines comerciales, siempre que cumpla la condición de: Atribución: Usted debe dar crédito a la obra original de manera adecuada, proporcionar un enlace a la licencia, e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que tiene el apoyo del licenciante o lo recibe por el uso que hace de la obra.